



HAL
open science

Outils d'imagerie multimodalité pour la neuroradiologie interventionnelle

Erwan Kerrien

► **To cite this version:**

Erwan Kerrien. Outils d'imagerie multimodalité pour la neuroradiologie interventionnelle. Informatique [cs]. Institut National Polytechnique de Lorraine, 2000. Français. NNT : 2000INPL003N . tel-01749938

HAL Id: tel-01749938

<https://hal.univ-lorraine.fr/tel-01749938v1>

Submitted on 29 Mar 2018

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



AVERTISSEMENT

Ce document est le fruit d'un long travail approuvé par le jury de soutenance et mis à disposition de l'ensemble de la communauté universitaire élargie.

Il est soumis à la propriété intellectuelle de l'auteur. Ceci implique une obligation de citation et de référencement lors de l'utilisation de ce document.

D'autre part, toute contrefaçon, plagiat, reproduction illicite encourt une poursuite pénale.

Contact : ddoc-theses-contact@univ-lorraine.fr

LIENS

Code de la Propriété Intellectuelle. articles L 122. 4

Code de la Propriété Intellectuelle. articles L 335.2- L 335.10

http://www.cfcopies.com/V2/leg/leg_droi.php

<http://www.culture.gouv.fr/culture/infos-pratiques/droits/protection.htm>



Institut National
Polytechnique de Lorraine

Département de formation doctorale en informatique

École doctorale IAE + M

Outils d'imagerie multimodalité pour la neuroradiologie interventionnelle

THÈSE

présentée et soutenue publiquement le 10 janvier 2000

pour l'obtention du

Doctorat de l'Institut National Polytechnique de Lorraine
(spécialité informatique)

par

Erwan Kerrien

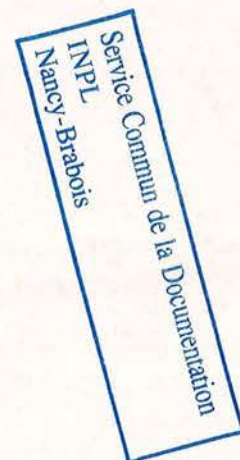
Composition du jury

Président : Luc Picard
Rapporteurs : Nicholas Ayache
Michael Brady
Jean-Laurent Mallet
: Marie-Odile Berger
Eric Maurincomme



D 136 019606 2

Laboratoire Lorrain de Recherche en Informatique et ses Applications -- UMR 7503





1360196062

00INPL003N

Département de formation doctorale en informatique

Institut National
Polytechnique de Lorraine

École doctorale IAE + M

[7] 2000 KERRIEN, E.

Outils d'imagerie multimodalité pour la neuroradiologie interventionnelle

THÈSE

présentée et soutenue publiquement le 10 janvier 2000

pour l'obtention du

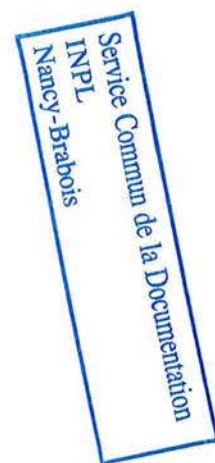
Doctorat de l'Institut National Polytechnique de Lorraine
(spécialité informatique)

par

Erwan Kerrien

Composition du jury

Président : Luc Picard
Rapporteurs : Nicholas Ayache
Michael Brady
Jean-Laurent Mallet
Examineurs : Marie-Odile Berger
Éric Maurincomme



Mis en page avec la classe thloria.

Remerciements

Je tiens en premier lieu à exprimer ma respectueuse reconnaissance au Professeur Luc Picard, chef du service de Neuroradiologie Interventionnelle Diagnostique et Thérapeutique de l'hôpital neurologique de Nancy : sa vision a porté cette thèse, sa profonde humanité l'a inspirée.

Je remercie vivement Éric Maurincomme pour la qualité d'écoute et la compréhension aigüe dont il m'a entouré tout au long de ce travail.

J'exprime ma profonde gratitude à Marie-Odile Berger pour sa passion de la recherche ainsi que pour l'équilibre subtil qu'elle a su établir dans son encadrement entre liberté d'imaginer et rigueur scientifique raisonnée.

Je suis très reconnaissant aux professeurs Nicholas Ayache, Michael Brady et Jean-Laurent Mallet d'avoir accepté de lire cette thèse et d'en être rapporteurs, malgré leurs nombreuses occupations.

Une aide précieuse et toujours efficace m'a été apportée par de nombreuses personnes de la société General Electric Medical Systems. Merci en particulier à Laurent Launay, mon illustre prédécesseur, pour son indéfectible gentillesse et son inébranlable sûreté d'analyse ; et à Régis Vaillant, grand-prêtre de la matrice de calibration.

Je remercie les membres de l'équipe ISA du Loria pour leur accueil, leur bonne humeur et leur incroyable capacité à justifier l'organisation d'un pot ; et particulièrement Marie-Odile, Gilles, Vincent et Brigitte qui constituent l'axe Réalité Augmentée de l'équipe.

Je tiens à adresser un vibrant et sincère merci à tous les membres du service de neuroradiologie. Merci au Professeur Marc Braun et au Docteur René Anxionnat pour l'amitié dont ils m'honorent et la constante disponibilité dont ils ont fait preuve. Citer les vingt manipulateurs radio du service est malheureusement impossible : leur gentillesse, leur gaieté, leur passion ont fait de chacun de mes passages dans le service un instant privilégié de mes journées nancéiennes. Merci à Alain Grégoire grâce à qui j'ai appris beaucoup de choses, bien au-delà des seuls systèmes vasculaires. Merci enfin à tous : médecins, en particulier le professeur Serge Bracard et le docteur Catherine Moret pour avoir accepté sans broncher mon accaparement de certaines stations de revue d'images ; secrétaires, en premier lieu Madame Garbani, pour leur efficacité et leur dévouement ; infirmières et personnel d'entretien pour leur constante gentillesse.

Merci enfin à Andréas pour les discussions scientifiques, pas toujours raisonnables et à Gérald pour les discussions rarement raisonnables. Il est enfin certaines personnes pour lesquelles des remerciements n'auraient pas de sens si ce n'est pour consacrer leur simple existence : merci à Emmanuel et Valérie, à Kathy et Gildas, à Bénédicte et Vincent, à mes parents et mes beaux-parents, à Stéphane et Sarah, à Philippe et Ann-Gaëlle, merci à Tiphaine...

À Tiphaine, unique et multiple.

Table des matières

Introduction générale	1
I La neuroradiologie	3
Introduction	5
1 Les techniques d'imagerie médicale	7
1.1 Angiographie numérique soustraite (DSA)	7
1.1.1 Les rayons X	7
1.1.2 Des rayons X à l'imagerie	8
1.1.3 L'angiographie	10
1.1.4 La machine d'angiographie	13
1.2 Angiographie tridimensionnelle (3DXA)	13
1.2.1 Acquisition rotationnelle	13
1.2.2 Angiographie rotationnelle soustraite et reconstruction	15
1.2.3 Visualisation	15
1.3 Imagerie par résonance magnétique (IRM)	17
1.3.1 Brefs rappels physiques	17
1.3.2 Types d'acquisition	18
1.3.3 Caractéristiques des différents contrastes	19
1.3.4 Visualisation des vaisseaux sanguins	19
1.4 Autres modalités	20
1.4.1 Modalités anatomiques	20
1.4.2 Modalités fonctionnelles	21
1.5 Conclusion	22
2 Bases médicales	25
2.1 Un peu d'anatomie cérébrale	25
2.1.1 Les types de tissus	25
2.1.2 Les zones anatomiques	25
2.1.3 Le système vasculaire	26
2.1.4 Les zones fonctionnelles	30

2.2	Les pathologies vasculaires	31
2.2.1	Les anévrismes	31
2.2.2	Les malformations artério-veineuses (MAV)	32
2.2.3	Les fistules artério-veineuses	33
2.2.4	Les thromboses vasculaires	34
2.2.5	Les tumeurs	34
2.3	Les traitements médicaux	35
2.3.1	La neurochirurgie	35
2.3.2	La neuroradiologie interventionnelle	36
2.3.3	La radiochirurgie	38
2.3.4	Conclusion	39
3	Mise en pratique	41
3.1	Contexte clinique	41
3.2	Les protocoles suivis en neuroradiologie interventionnelle	44
3.2.1	Schéma général	44
3.2.2	Cas des anévrismes	45
3.2.3	Cas de MAVs	47
3.2.4	Cas de la radiochirurgie	47
3.3	La problématique	49
3.3.1	Intégration DSA/3DXA	49
3.3.2	Intégration 3DXA/IRM	50
3.3.3	Intégration DSA/IRM	50
3.3.4	Conclusion	50
II	La multimodalité	53
	Introduction	55
4	Analyse du problème de la multimodalité	57
4.1	Définitions	57
4.1.1	Recalage	57
4.1.2	Fusion	57
4.1.3	Intégration	58
4.2	Recalage	58
4.2.1	La formalisation	58
4.2.2	Critique	60
4.2.3	Formalisation retenue	61
4.3	Fusion	62
4.3.1	Classification des problèmes de fusion	62
4.3.2	Méthodes pour la fusion	63
4.4	Focalisation de l'étude	65

5	Méthodes de recalage	67
5.1	Types de transformation	67
5.1.1	Transformation rigide	67
5.1.2	Transformation affine	68
5.1.3	Transformation courbe	68
5.1.4	Transformation projective	69
5.2	Méthodes basées sur des points	71
5.2.1	Principe	71
5.2.2	Extension au recalage non-rigide	72
5.2.3	Spécification des points de recalage	73
5.3	Méthodes basées sur des primitives d'ordre supérieur	76
5.3.1	Spécification des primitives	76
5.3.2	Principe	78
5.3.3	Cas du recalage 2D/3D	81
5.3.4	Extension au recalage non-rigide	83
5.3.5	Remarques	83
5.4	Fonctions de similarité	83
5.4.1	Principe et critères	83
5.4.2	Extension au recalage non-rigide	89
5.4.3	Calcul des critères	90
5.5	Conclusion	93
6	Choix de la méthode	95
6.1	Méthodes de validation	95
6.1.1	Validation in vivo	95
6.1.2	Validation sur fantôme	96
6.1.3	Définition d'un fantôme synthétique – Simulations	96
6.1.4	Cadre de stéréotaxie	96
6.1.5	Recalage basé sur des points	97
6.1.6	Inspection visuelle	97
6.2	Évaluation de la précision	98
6.2.1	Erreurs sur la précision	98
6.2.2	Définition de la précision	98
6.3	Synthèse et choix	99
6.3.1	Points	100
6.3.2	Primitives d'ordre supérieur	100
6.3.3	Fonctions de similarité	101
6.4	Conclusion	101

III Étude de la machine d'angiographie	103
7 Introduction	105
7.1 Le 3DXA comme point de départ	105
7.1.1 Analogie entre le recalage et la calibration	105
7.1.2 Calibration pour la 3DXA	105
7.2 Description de la machine d'angiographie	107
7.2.1 Capteurs de position	107
7.2.2 Capteurs d'état	108
7.3 Plan de travail	109
7.3.1 Distorsions	109
7.3.2 Projection conique	110
7.3.3 Procédure de calibration	110
7.3.4 Erreur de recalage	110
8 Les distorsions	111
8.1 Introduction	111
8.1.1 Caractérisation de la distorsion	111
8.1.2 Méthodologie	111
8.1.3 Capteurs concernés	112
8.1.4 Précision recherchée	112
8.2 Étude sur une dimension	113
8.2.1 Définition formelle de l'interpolation	113
8.2.2 Expérimentation	114
8.2.3 Conclusion	114
8.3 Étude de l'interpolation quadratique sur deux dimensions	115
8.3.1 Définition des positions de contrôle	115
8.3.2 Non-linéarité des paramètres d'interpolation	115
8.3.3 Fonction polynômiale	117
8.3.4 Fonction sinusoïdale	117
8.3.5 Comparaison des fonctions	118
8.4 Stabilité des résultats dans le temps	119
8.5 Interpolation des distorsions ramenées à une origine fixe	120
8.5.1 Principe	120
8.5.2 Expérimentations	120
8.5.3 Conclusion	120
8.6 Conclusion de l'étude	122
9 La projection conique	123
9.1 Paramètres de la géométrie conique	123
9.1.1 Modélisation et repères	123
9.1.2 Paramètres intrinsèques	123

9.1.3	Paramètres extrinsèques	124
9.1.4	Estimation de la matrice de projection	124
9.2	Données capteurs	124
9.2.1	Capteurs d'état	124
9.2.2	Capteurs de position	125
9.3	Lien entre paramètres de la géométrie conique et données capteurs	125
9.3.1	Paramètres intrinsèques	125
9.3.2	Paramètres extrinsèques	126
9.3.3	Signification du lien	127
9.4	Calibration	127
9.4.1	Calibration des paramètres intrinsèques	127
9.4.2	Calibration des paramètres extrinsèques	128
9.4.3	Interprétation des résultats	131
9.4.4	Erreur induite par la calibration des paramètres intrinsèques	136
9.5	Données capteurs	138
9.5.1	Coefficients linéaires d'influence	138
9.5.2	Incertitude sur les données capteur	140
9.5.3	Erreur de reprojection due aux données capteurs	141
9.6	Conclusion de l'étude	141
10	Protocole de calibration	143
10.1	Validation	143
10.1.1	Principe	143
10.1.2	Conclusion	143
10.2	Hypothèses de base de la calibration	144
10.2.1	Capteurs non-pris en compte	144
10.2.2	Capteurs d'état	144
10.2.3	Projection conique	145
10.2.4	Distorsions	146
10.3	Protocole de calibration	146
10.3.1	Positions de référence	146
10.3.2	Calibration à l'installation	146
10.3.3	Calibration régulière	148
10.3.4	Implantation logicielle	148
10.4	Conclusion	148
IV	Recalage d'images DSA avec un volume 3DXA	149
11	Principe et études préliminaires	151
11.1	Principe	151
11.1.1	Un algorithme en deux étapes	151

11.1.2 Images à comparer	152
11.2 Projection du volume 3DXA	154
11.2.1 Raisons de l'étude	154
11.2.2 Le <i>splatting</i>	154
11.2.3 Application à notre cas	159
11.3 Conclusion	160
12 Description de l'algorithme	161
12.1 Estimation de la translation	161
12.1.1 Critère de similarité	161
12.1.2 Accélération	161
12.1.3 Optimisation	162
12.2 Estimation du déplacement rigide résiduel	164
12.2.1 Modélisation de l'erreur	164
12.2.2 Notations	164
12.2.3 Projection d'un déplacement 3D : déplacement apparent	165
12.2.4 Flux optique	166
12.2.5 Notre contrainte	168
12.2.6 Application à notre problème	169
12.2.7 Accélération	170
12.3 Conclusion	171
13 Validation du recalage 3DXA/DSA	173
13.1 Remarques sur l'implantation	173
13.1.1 Application	173
13.1.2 Implantation du flux optique	174
13.1.3 Collimation	174
13.2 Protocole d'expérimentation	177
13.2.1 Travaux précédents	177
13.2.2 Définition de l'erreur	178
13.2.3 Expérimentation	179
13.3 Conclusion	182
13.3.1 Faiblesses	182
13.3.2 Points forts	183
V Recalage d'un volume 3DXA avec une acquisition IRM	187
14 Études préliminaires	189
14.1 Nature des données	189
14.1.1 Image	189
14.1.2 Objet	191
14.1.3 Cause du décalage	191

14.2	Méthode de résolution	192
14.2.1	Classe de transformation	192
14.2.2	Base de recalage	193
14.2.3	Interaction	198
14.2.4	Calcul	198
14.3	Conclusion	198
15	Description de l'algorithme	201
15.1	Estimation de la rotation	201
15.1.1	Extraction d'une couronne tridimensionnelle	201
15.1.2	Projection MIP	203
15.1.3	Couronne tronquée	203
15.1.4	Représentation plane	203
15.1.5	Expression de la rotation comme transformation de l'image	205
15.1.6	Autres possibilités de représentation plane	206
15.2	Estimation de la translation	207
15.2.1	Extraction d'un sous-cube de données	207
15.2.2	Projections MIP	207
15.2.3	Effet d'une translation	207
15.3	Critères de similarité	207
15.3.1	Translation	207
15.3.2	Rotation	210
15.3.3	Critique	210
15.4	Algorithme	212
15.4.1	Initialisation	212
15.4.2	Optimisation itérative	213
15.4.3	Choix des paramètres	216
15.5	Résultat	217
16	Validation du recalage 3DXA/IRM	219
16.1	Description du protocole de validation	219
16.1.1	Définition de la référence	219
16.1.2	Logiciel de recalage manuel	219
16.1.3	Données utilisées	220
16.1.4	Mise en œuvre du protocole	222
16.2	Résultats	222
16.2.1	Résultats qualitatifs	222
16.2.2	Résultats quantitatifs	223
16.3	Conclusion	229
16.3.1	Résultats	229
16.3.2	Perspectives	230

Conclusion générale	231
1 Conclusion	231
1.1 Recalage 3DXA/DSA	231
1.2 Recalage 3DXA/IRM	232
1.3 Points communs	232
2 Perspectives	233
 Annexes	 235
A La physique des rayons X	237
A.1 La diffusion	238
A.2 L'absorption	238
B L'imagerie par résonance magnétique (IRM)	241
B.1 Résonance magnétique nucléaire	241
B.1.1 Le spin et le proton	241
B.1.2 Relaxation spin-réseau (T_1)	242
B.1.3 Précession	242
B.1.4 Relaxation spin-spin (T_2)	242
B.1.5 Référentiel tournant	243
B.1.6 Création de la magnétisation : le champ pulsé	243
B.1.7 Équations de Bloch	243
B.2 Du principe physique à l'imagerie	243
B.2.1 Sélection de la coupe	243
B.2.2 Lecture de la magnétisation	244
B.2.3 Lecture	244
C Détermination d'un axe de mouvement moyen	247
C.1 Rotation	247
C.2 Translation	250
D Configurations pour la validation de la calibration de la machine	251
E Validation du recalage 3DXA/DSA : images de patients	257
F Acquisitions 3DXA utilisés pour la validation du recalage 3DXA/IRM	275
Bibliographie	279

Table des figures

1.1	Principe de l'amplificateur de brillance	9
1.2	Principe de la soustraction des images angiographiques : à gauche, l'image masque non-injectée, au centre l'image injectée mais non soustraite, à droite l'image injectée soustraite	11
1.3	Phases artérielles lors d'une injection de produit de contraste : images de graphie soustraite d'une carotide interne gauche.	12
1.4	Description d'une salle de type LCN (GE Medical Systems)	14
1.5	Modes de visualisation d'un volume 3DXA sous Voxtool	16
2.1	Coupe IRM axiale en T1 montrant les différents tissus présents dans le cerveau	27
2.2	Coupe IRM sagittale médiane en T1 montrant quelques structures profondes remarquables du cerveau	27
2.3	Lobes et sillons principaux du cortex cérébral (vues en profil gauche et supérieure)	28
2.4	L'aorte et les artères principales qui en sont issues	28
2.5	Axes intra-crâniens majeurs : vue de face et profil gauche	28
2.6	Polygone de Willis	29
2.7	Visualisation des artères en DSA	29
2.8	Principaux types d'anévrismes	31
3.1	Plan d'une salle d'angiographie	43
3.2	Les différentes phases du traitement d'un anévrisme par pose de coils	46
3.3	Les différentes phases de l'embolisation d'une MAV par injection d'histoacryl	48
4.1	Processus implémentant le curseur commun pour la fusion de N images recalées.	64
5.1	Effets d'un mauvais recalage sur l'histogramme 2D. Ces histogrammes ont été calculés par requantification sur 8 bits des niveaux de gris	84
5.2	Exemple de bon fonctionnement du rapport de corrélation	88
5.3	Exemple de mauvais fonctionnement du rapport de corrélation	89
7.1	Images du fantôme de grille	106
7.2	Images du fantôme d'hélice	107
7.3	Capteurs de position de la salle d'angiographie	108
8.1	Non linéarité du paramètre d'interpolation	115
8.2	Évolution du paramètre d'interpolation en fonction de l'angle	116
8.3	Variation polynômiale du paramètre	117
8.4	Variation sinusoïdale du paramètre	118
8.5	Comparaison des deux fonctions optimales	119
9.1	Évolution de l'amplitude du vissage en fonction de l'angle de rotation (3 axes) en dixièmes de millimètre.	132
9.2	Influence de la prise en compte du vissage résiduel pour les rotations (3 axes) en dixièmes de millimètre.	133

9.3	Interprétation du vissage en terme de vibration autour du plan de rotation (exemple d'une rotation selon le C)	134
9.4	Torsion de l'arceau due au poids de la chaîne image (les distances ne sont pas à l'échelle) : vues de côté	135
9.5	Translation orthogonale résiduelle pour le P	136
9.6	Influence des erreurs sur la reprojection : les distances sont données en dixièmes de millimètre et les angles en centièmes de degré	138
9.7	Influence des erreurs des données capteurs sur la reprojection : les distances sont données en millimètres et les angles en degrés	139
9.8	Influence des erreurs des données capteurs sur la reprojection pour des diamètre de la sphère de contrôle différents : les distances sont données en millimètres et les angles en degrés	139
9.9	Erreur observée sur les données capteurs pour notre ensemble de positions : les erreurs pour la position de la table sont données en dixièmes de millimètres et les erreurs angulaires en degrés	140
9.10	Compensation des différentes erreurs entre elles : erreurs de reprojection observées en pratique sur les rotations et translations	142
11.1	Principe du recalage 3D/2D et hypothèses à l'issue de la calibration	152
11.2	Comparaison d'une image de projection "Xray" et d'une image de projection "MIP" en regard de l'image de maximum d'opacification	153
11.3	Zone d'influence d'un voxel sphérique dans le plan image	156
11.4	Détermination de l'orientation de l'ellipse	157
11.5	Détermination de la taille des axes de l'ellipse	157
11.6	Définition de l'empreinte et de l'empreinte générique	158
11.7	Comparaison de la projection MIP obtenue idéalement par <i>splattting</i> et de la projection MIP rapide issue d'approximations	160
12.1	Présence de nombreux optima locaux dans le critère de similarité de pixels pour le recalage de l'arbre vasculaire	163
12.2	Indétermination des paramètres 3D du mouvement à partir du mouvement apparent	168
13.1	Vue d'écran du programme de visualisation conjointe 3DXA/DSA.	175
13.2	Gradients utilisés pour le calcul du flux optique.	176
13.3	Résultat de notre procédure de détection de la collimation dans les images d'angiographie.	178
13.4	Procédure de définition d'un point test pour le recalage 3DXA/DSA à partir de deux coupes reformattées orthogonales.	180
13.5	Images MIP aux différentes étapes de l'algorithme de recalage 3DXA/DSA et résultat final.	181
13.6	Exemple d'échec de la phase d'estimation de la translation.	182
13.7	Exemple d'échec du recalage 3DXA/DSA à cause d'un fort bouger patient.	183
13.8	Exemple d'échec de la phase de correction du déplacement résiduel	184
13.9	Exemple de succès de notre algorithme de recalage dans un cas difficile : MAV	185
13.10	Exemple de succès de notre algorithme de recalage dans un cas difficile : forte collimation et superpositions multiples d'artères	186
14.1	Le repère anatomique RAS	191
14.2	Les petits vaisseaux sanguins (flèches) présentent une intensité similaire à la substance blanche ou grise	194
14.3	Évaluation visuelle d'un filtrage des structures tubulaires [FNVV98] : $\sigma \in \{0,5; 0,75; 1,0; 1,5\}$, $\alpha = 0,5$, $\beta = 0,5$ et $c = 60$	197
14.4	Résultat du recalage par corrélation d'un volume 3DXA avec la version d'un volume IRM filtré par le filtre de rehaussement de vaisseaux de Frangi.	198
15.1	Extraction d'une couronne tronquée	202
15.2	Représentation plane de la couronne tronquée	204

15.3	Résultat de la représentation MIP plane de la couronne tronquée	205
15.4	Extraction d'un sous-cube	208
15.5	Projections MIP du sous-cube extrait d'un volume 3DXA	209
15.6	Projections MIP du sous-cube extrait d'un volume IRM pour le recalage optimal	209
15.7	Application d'un opérateur "chapeau haut de forme" aux images de représentation plane	211
15.8	Représentation plane d'une couronne tronquée pour une carotide interne droite (avant et après le filtre chapeau haut de forme)	214
15.9	Projections MIP de sous-cubes pour une carotide interne droite	215
15.10	Interprétation graphique du paramètre φ_{\max} pour une vertébrale (ligne continue) et une carotide (ligne en pointillés). Vue MIP du volume IRM en vue inférieure.	216
15.11	Résultat du recalage par notre algorithme d'un volume 3DXA avec un volume IRM.	218
16.1	Logiciel de recalage manuel 3DXA/IRM (vue d'écran).	221
16.2	Fenêtres pour les fonctionnalités de recalage.	221
16.3	Qualité du recalage manuel: FRE et FLE.	224
16.4	Qualité du recalage manuel: TRE.	225
16.5	Mesures de répétabilité des deux méthodes de recalage (manuelle et automatique).	226
16.6	Évaluation du recalage automatique: calculs des résidus angulaires et en translation.	227
16.7	Évaluation du recalage automatique: calcul de la TRE	228
16.8	Évaluation de la robustesse du recalage automatique par rapport à l'imprécision sur l'indication de la paire de points initiale	229
A.1	Principe du tube à rayons X	237
D.1	Validation sur fantôme: images 1 à 3	252
D.2	Validation sur fantôme: images 4 à 7	253
D.3	Validation sur fantôme: images 8 à 11	254
D.4	Validation sur fantôme: images 12 à 15	255
E.1	Cas #1: série de face. Erreur maximale = 1,71 pixels.	258
E.2	Cas #2: série de face. Erreur maximale = 2,01 pixels.	259
E.3	Cas #3: série de face. Erreur maximale = 2,87 pixels.	260
E.4	Cas #4: série de face. Erreur maximale = 2,12 pixels.	261
E.5	Cas #5: série de face. Erreur maximale = 1,63 pixels.	262
E.6	Cas #6: série de face. Erreur maximale = 1,56 pixels.	263
E.7	Cas #7: série de face. Erreur maximale = 0,77 pixels.	264
E.8	Cas #8: série de face. Erreur maximale = 0,94 pixels.	265
E.9	Cas #1: série de profil. Erreur maximale = 1,26 pixels.	266
E.10	Cas #2: série de profil. Erreur maximale = 2,34 pixels.	267
E.11	Cas #3: série de profil. Erreur maximale = 1,85 pixels.	268
E.12	Cas #4: série de profil. Erreur maximale = 2,00 pixels.	269
E.13	Cas #5: série de profil. Erreur maximale = 1,87 pixels.	270
E.14	Cas #6: série de profil. Erreur maximale = 1,45 pixels.	271
E.15	Cas #7: série de profil. Erreur maximale = 1,33 pixels.	272
E.16	Cas #8: série de profil. Erreur maximale = 1,55 pixels.	273
F.1	Validation du recalage 3DXA/IRM: cas 1 à 3	276
F.2	Validation du recalage 3DXA/IRM: cas 4 à 7	277
F.3	Validation du recalage 3DXA/IRM: cas 8 à 11	278

Introduction générale

La neuroradiologie interventionnelle est l'archétype de la pratique thérapeutique moderne : elle allie la haute technicité et la miniaturisation des outils, c'est en partie une médecine d'urgence qui réalise des interventions chirurgicales les moins invasives et les plus courtes possibles. Le geste du neuroradiologue doit donc se baser sur des connaissances pointues dans divers domaines tant médicaux que techniques afin d'être précis, rapide et sûr.

Comme tout édifice remarquable, la neuroradiologie interventionnelle repose sur quatre pierres angulaires :

- Tout d'abord, la compétence du médecin est essentielle. Son extrême maîtrise de tous les paramètres intervenant au cours d'un traitement est seule garante de la pertinence de la stratégie qu'il (ou elle) adoptera et de la sagesse de ses décisions.
- La qualité croissante des micro-outils utilisés lors d'un traitement permet chaque jour d'étendre le domaine d'action, tant anatomique que pathologique, de cette pratique interventionnelle.
- Les diverses techniques d'imagerie médicale, notamment l'angiographie numérique et l'imagerie par résonance magnétique, sont vitales pour le diagnostic, le traitement et le suivi des pathologies.
- Enfin, il ne faut pas oublier que les importants progrès réalisés en anesthésie permettent de soigner plus, de soigner mieux, en prenant toujours moins de risques.

Ce domaine situé à la pointe du progrès médical connaît un développement soutenu grâce à une recherche active dans chacune de ses bases. Faisant appel aux plus récents progrès en imagerie médicale, le neuroradiologue tire profit, dans sa pratique clinique, de la multimodalité : utilisation conjointe de plusieurs techniques (modalités) d'imagerie. Cette thèse a pour ambition de participer à cet effort, en définissant et en élaborant un ensemble d'outils qui devraient permettre une exploitation plus efficace des différentes techniques d'imagerie dont dispose le médecin.

Ce mémoire débute par un portrait plus détaillé de la neuroradiologie interventionnelle et fait ensuite le point sur la recherche en imagerie médicale multimodalité. Ces deux domaines ont en effet en commun d'avoir atteint une certaine maturité qui permet à l'un de sauver de plus en plus de vies chaque année et à l'autre d'être effectivement utilisé en routine clinique. Comprendre chacun d'eux, connaître les théories qui les sous-tendent, devenir familier avec les divers aspects de leur pratique, a été un souci constant tout au long de cette thèse afin que le travail réalisé atteigne son seul vrai but : être utile aux médecins et utilisé par les médecins. Cette étude nous a permis de cerner les deux modalités qui apportent le plus d'informations au neuroradiologue : l'angiographie numérique soustraite (ou DSA pour *Digital Subtracted Angiography*), avec son corollaire l'angiographie tridimensionnelle (ou 3DXA pour *3-Dimensional Xray Angiography*) et l'imagerie par résonance magnétique (ou IRM). D'un autre côté, nous avons pu définir l'étape essentielle vers l'intégration de ces trois types d'imagerie à travers la multimodalité : le recalage.

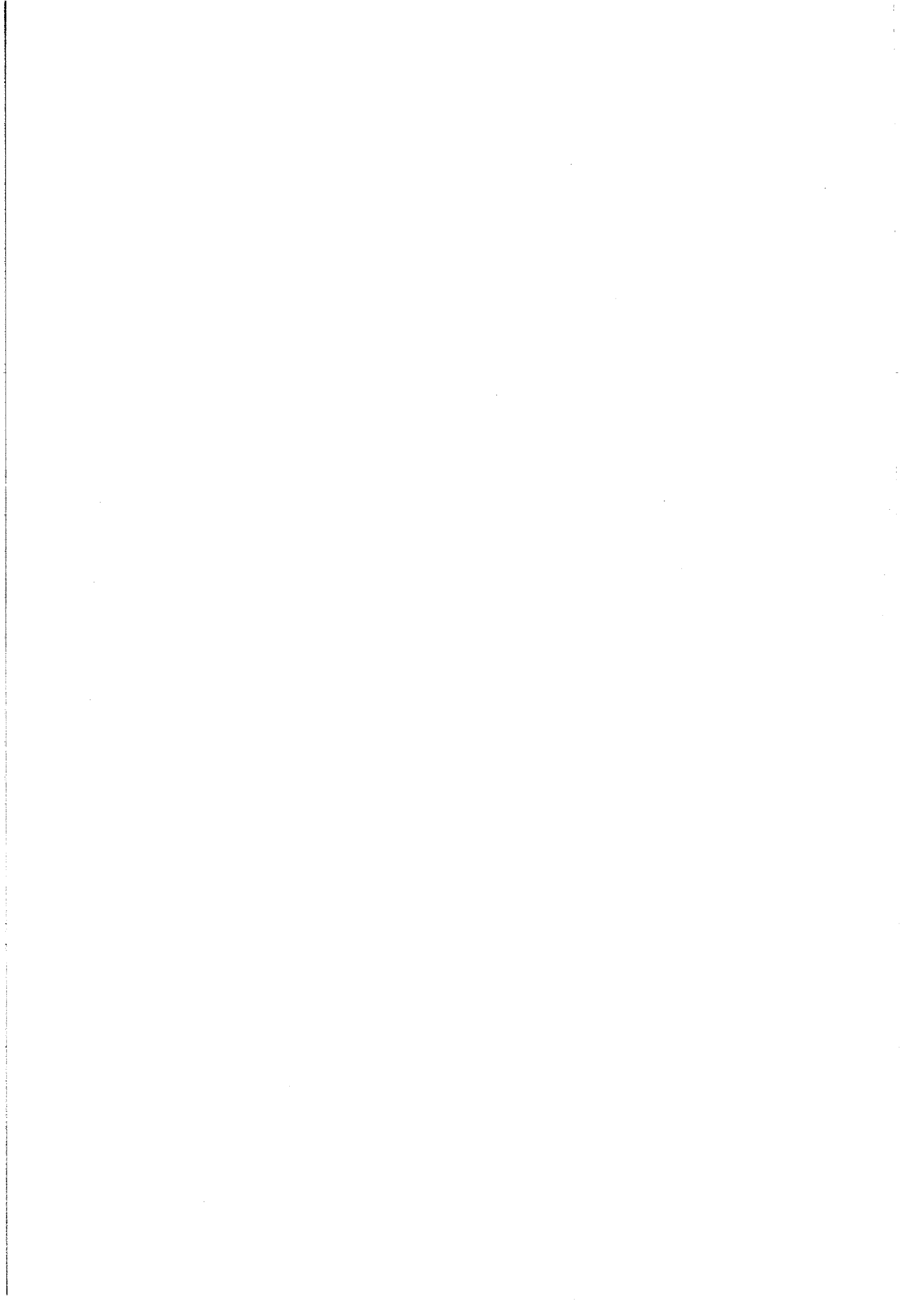
La 3DXA est rapidement apparue comme la passerelle qui devait nous permettre de recalibrer la DSA et l'IRM. Ce document se poursuit (et termine) donc par la description des deux étapes qui ont caractérisé notre approche : le recalage DSA/3DXA puis le recalage 3DXA/IRM. La démarche a été similaire dans les deux cas : définition rapide d'un estimé initial, puis affinage du recalage par des algorithmes implémentant des critères de similarité inter-modalités. Dans le cas du recalage DSA/3DXA, l'estimé initial est tiré des informations qui donnent à tout instant l'état de la machine d'angiographie. Un chapitre est ainsi consacré à l'étude de cette machine, l'accent étant porté sur la précision de chacune des informations et de leur influence sur la qualité du recalage initial qui peut en être déduit. Concernant le recalage

3DXA/IRM, un estimé initial manuel s'avère extrêmement aisé à définir. La phase d'affinage du recalage en comparant les données image a mené dans les deux cas à l'élaboration d'algorithmes originaux pour pallier les inconvénients des méthodes que propose la bibliographie traitant de la multimodalité : manque de précision, manque d'automatisme, mais aussi temps de calcul prohibitif. L'objectif étant, encore une fois, d'aboutir à des méthodes de recalage qui soient compatibles avec les protocoles suivis par l'équipe médicale et les contraintes associées à une activité chirurgicale où le temps est un facteur vital.

L'applicabilité des techniques auxquelles ce travail a donné naissance a été vérifiée par des campagnes de validation menées en milieu clinique.

Cette thèse, à défaut d'être multimodale, est multidisciplinaire. Elle s'inscrit dans un projet qui a débuté avec la thèse de Laurent Launay [Lau96] en 1993 et fait collaborer trois mondes différents mais dont la complémentarité peut s'avérer extrêmement fertile : les mondes hospitalier, industriel et universitaire. Un des grands aspects, qui n'apparaît nulle part dans la table des matières mais qui, nous l'espérons, dessine le filigrane de ce texte, a donc été de plonger dans chacun d'eux pour tisser les liens solides d'un dialogue dont l'établissement s'avère ardu mais dont la pérennité est synonyme de succès.

Première partie
La neuroradiologie



Introduction

Cette première partie introduit succinctement à la neuroradiologie. Ce faisant, nous poursuivons deux buts principaux :

- définir un certain nombre de termes, tant médicaux que techniques, qui seront largement utilisés par la suite ;
- décrire plus précisément l'utilisation faite de l'imagerie dans les phases diagnostiques, thérapeutiques et de suivi. L'accent sera mis sur le traitement des deux principales pathologies auxquelles s'adresse la neuroradiologie interventionnelle : les anévrismes et les malformations artério-veineuses.

L'intention n'est pas simplement lexicale ou descriptive : la diversité raisonnable du jargon et la protocolisation poussée du geste thérapeutique sont des indicateurs du taux de maturité que la neuroradiologie interventionnelle a atteint aujourd'hui. Ce n'est plus seulement une activité de recherche qui ne va s'adresser qu'aux cas ayant conduit les techniques traditionnelles dans une impasse, c'est aussi une pratique chirurgicale dont chaque patient peut bénéficier pour un soin mieux adapté à la pathologie qu'il présente, moins lourd physiquement et psychologiquement, aux conséquences post-opératoires réduites, en un mot pour son plus grand confort.

L'expression "neuroradiologie interventionnelle" donne les trois aspects définissant cette technique : l'adjectif "interventionnelle" indique une pratique chirurgicale ; cette pratique est basée sur la "radiologie", c'est-à-dire qu'elle repose sur l'utilisation de l'imagerie par rayons X, mais nous verrons que le terme a été étendu dans le domaine médical à toute technique d'imagerie (à l'exception de l'imagerie dans le visible) ; enfin, le préfixe "neuro" précise la zone anatomique visée par cette pratique (colonne vertébrale ou *rachis* et crâne), les pathologies intracrâniennes étant les seules auxquelles nous nous intéresserons (on les retrouve d'ailleurs en partie au niveau du rachis).

Le premier chapitre expose les différentes techniques d'imagerie médicale dont le médecin dispose. L'accent sera mis sur les trois principales techniques utilisées en routine : l'angiographie numérique soustraite, l'angiographie numérique soustraite 3D et l'imagerie par résonance magnétique. La quatrième grande modalité dont le neuroradiologue tire parti, le scanner, ne sera que brièvement décrite, bien que celle-ci soit actuellement la plus utilisée pour le diagnostic d'accident vasculaire cérébral.

Un deuxième chapitre constitue le pendant médical de ce premier chapitre technique. Nous décrirons de manière succincte l'anatomie cérébrale, dans une mesure qui nous permettra d'introduire les termes médicaux et de nommer les régions anatomiques auxquels il sera largement fait référence dans la suite de ce document. Nous situerons la neuroradiologie dans son contexte médical en caractérisant les pathologies auxquelles elle s'adresse, ainsi que les traitements qui ont été mis en place pour les soigner, et vis-à-vis desquels la neuroradiologie interventionnelle se pose en complément et/ou en concurrent.

Ces bases techniques et médicales ayant été jetées, nous consacrerons un chapitre à la mise en pratique de ces connaissances à travers l'exposé des protocoles suivis en neuroradiologie interventionnelle. L'aspect imagerie des procédures sera décrit dans le détail et surtout chaque geste, chaque acquisition d'image sera justifié et commenté. Les limitations imposées par l'utilisation des rayons X seuls apparaîtront alors, mettant à jour les difficultés rencontrées par le personnel soignant durant une intervention et dévoilant les besoins, exprimés par les médecins, et les voies d'amélioration, qu'un spécialiste technique peut envisager.

Ce constat nous permettra alors de conclure en exposant précisément la problématique à laquelle cette observation quotidienne de la neuroradiologie nous a clairement menés.

Chapitre 1

Les techniques d'imagerie médicale

Ce chapitre présente les différentes techniques (ou **modalités**) d'imagerie médicale, en particulier celles qui sont utilisées en routine par le neuroradiologue interventionnel. Il est en effet extrêmement important de bien comprendre le processus de formation d'images selon une modalité d'imagerie dont le traitement et la manipulation sont envisagés.

1.1 Angiographie numérique soustraite (DSA)

L'angiographie numérique soustraite (DSA pour *Digital Subtracted Angiography*) est la modalité sur laquelle repose la neuroradiologie interventionnelle. C'est une technique basée sur le principe physique de l'absorption partielle des rayons X par la matière. Nous exposons donc dans un premier temps brièvement ce principe. Nous verrons ensuite comment passer du principe physique à l'imagerie, puis son application à la visualisation des vaisseaux sanguins (*angio-graphie*). Les différentes améliorations qui ont été successivement apportées à la technique (soustraction, numérisation) seront exposées avant de conclure par une description succincte de la machine d'angiographie par rayons X.

1.1.1 Les rayons X

Un exposé détaillé de la physique des rayons X n'a certes pas sa place dans le corps du texte de ce manuscrit : à chacun son rôle et nous ne sommes pas physiciens. Son abord est cependant aisé et en comprendre les bases peut s'avérer essentiel pour l'analyse des images qu'elle nous permet de réaliser. Nous proposons donc au lecteur intéressé une introduction un peu plus poussée à ce domaine en annexe de ce document (annexe A), son appétit de savoir pouvant être finalement rassasié à la lecture de l'ouvrage de Steve Webb [Web88].

La physique des rayons X est extrêmement bien connue : ce sont des ondes électromagnétiques de haute énergie (plus énergétiques que les ultra-violets mais moins que les rayons gamma) et, en tant que telles, interagissent faiblement avec la matière. Cette interaction est de deux types : l'absorption (effet photoélectrique) et la diffusion (effets Compton et Thomson-Rayleigh). La première est bien entendu le phénomène intéressant en imagerie tandis que la deuxième s'apparente à du bruit.

Les rayons X peuvent être produits artificiellement dans un tube à rayons X (ou *tube RX*) (voir annexe A) dont ils sortent en faisceau de forme conique selon une direction privilégiée (direction de visée). On suppose donc en général que :

- chaque rayon X se déplace en ligne droite à travers les objets qu'il traverse ;
- tous les rayons X d'un même faisceau sont issus d'un même point appelé *foyer* ;
- le faisceau est parfaitement monochromatique ;
- le diffusé peut être négligé ;

Dans ces conditions, pour un faisceau incident d'énergie I_0 qui traverse un objet, l'énergie émergente

reçue au point P d'un capteur est donnée par la formule suivante (voir annexe A) :

$$I(x,y) = I_0 e^{-\int_{\Delta} \mu(x) dx} \quad (1.1)$$

où Δ est la droite reliant le foyer à P et $\mu(x)$ est le *coefficient linéaire d'absorption local*. Cette équation modélise l'absorption des rayons X lors de leur traversée de la matière.

Le coefficient d'absorption linéaire local étant lié à la densité locale à l'intérieur de l'objet (en fait au numéro atomique Z du matériau composant localement l'objet, voir annexe A), l'analyse du faisceau émergent donne des informations d'ordre densitométrique sur la structure interne de l'objet. De plus, l'équation (1.1) relie le faisceau émergent à l'intégrale de l'absorption du rayon : l'information densitométrique tridimensionnelle est intégrée le long d'espaces monodimensionnels (chaque rayon X). L'information est donc de type projectif.

1.1.2 Des rayons X à l'imagerie

Trois sortes de capteurs sont utilisés pour analyser le faisceau émergent :

- le film radiologique ;
- l'amplificateur de brillance ;
- le détecteur numérique.

Ces capteurs sont tous bidimensionnels, conformément à la nature projective (intégration le long d'une ligne) de l'information que l'on cherche à capter.

Le film radiologique

C'est le plus utilisé mais aussi le premier des capteurs : Röntgen, découvreur des rayons X le 8 novembre 1895, pu obtenir une image de la main de sa femme le 22 décembre de la même année en exposant des plaques photographiques. Les films radiographiques sont aujourd'hui des pellicules spécialement conçues pour une sensibilité maximale dans le domaine de longueur d'ondes des rayons X. En France, une radiographie apparaît en négatif (parties denses claires), alors qu'aux États-Unis par exemple l'image est en positif (parties denses sombres).

Le film est peu coûteux, peu encombrant, présente une très haute résolution mais un contraste moyen et ne montre pas de distorsion. Il se conserve bien mais cela requiert de la place (en général une salle entière) et certaines précautions (sensibilité au feu, variations de température, humidité). Sa nature analogique interdit tout post-traitement (excepté si l'on dispose d'un scanner de films, instrument de conception assez récente mais qui induit une perte de résolution). C'est un détecteur non-linéaire (du point de vue de sa fonction de transfert) qui ne permet pas l'imagerie en temps réel (les chargeurs de film ne permettent d'effectuer une image qu'en un peu plus d'une seconde mais ce temps est donné sans le temps de développement du film). Enfin, le résultat est toujours donné en différé ce qui rend les réglages de l'image extrêmement difficiles.

L'amplificateur de brillance

Le principe de l'amplificateur de brillance (ou *II* pour *Image Intensifier*) est présenté sur la figure 1.1.

Les rayons X, après avoir traversé l'objet, viennent frapper l'entrée de l'II. Ils sont alors absorbés et un faisceau d'électrons est réémis qui transmet l'information. Ce faisceau est collimaté par application de champs magnétiques (tube cathodique) pour finalement heurter un écran phosphorescent. Cet écran possède la propriété de transformer les électrons qu'il reçoit en photons lumineux dont le trajet est redressé de manière optique avant qu'ils soient captés par une caméra vidéo.

L'amplificateur de brillance transforme donc l'information X en signal vidéo. Dans les systèmes actuels, ce signal est numérisé pour pouvoir être manipulé par la suite mais de récents systèmes remplacent désormais la caméra vidéo par une caméra numérique type CCD (*Charged Coupled Device*).

L'II est un capteur beaucoup plus coûteux que le film et qui ne convient qu'à des systèmes relativement lourds car il est très encombrant (pour donner un ordre d'idée, la distance entre l'entrée de l'II et la sortie de la caméra vidéo est de l'ordre de 80 centimètres). Il présente cependant l'immense avantage de

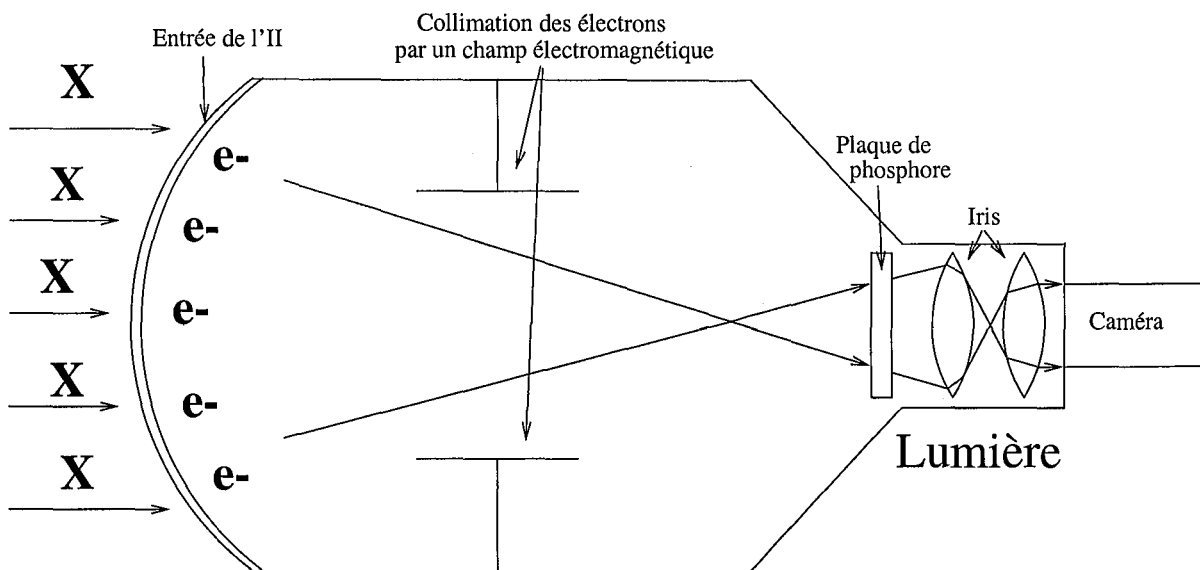


FIG. 1.1 - Principe de l'amplificateur de brillance

produire des images numériques et permet donc les post-traitements, le stockage, la duplication parfaite des images et l'imagerie en temps réel. Sa résolution est en revanche un peu inférieure au film pour un meilleur contraste, grâce notamment aux post-traitements. C'est un détecteur non-linéaire qui souffre de distorsions importantes dites "géométriques". D'abord, l'entrée de l'II n'est pas plane, ce qui déforme le faisceau et y induit une distorsion bien connue en vision classique, dite "en coussin". Ensuite, le faisceau X est transformé en faisceau d'électrons : un ensemble de charges se déplaçant dans un champ électromagnétique est dévié (c'est le principe de la collimation). Le trajet des électrons à l'intérieur de l'II étant assez long (plusieurs dizaines de centimètres), l'influence du champ magnétique local (dont une grande composante est le champ magnétique terrestre) est sensible. Cette influence se traduit par une distorsion dite "en S" qui va dépendre de l'orientation de l'II dans l'espace. Nous reparlerons plus longuement de ces distorsions dans la troisième partie de ce manuscrit, où le lecteur pourra visualiser leur effet sur les images d'un fantôme spécifiquement dédié à leur étude.

Nous appellerons *chaîne image* le système d'imagerie qui regroupe un tube RX, un amplificateur de brillance et toute l'électronique associée.

Le détecteur numérique

Le détecteur numérique est l'équivalent pour les rayons X de la caméra CCD dans le domaine visible : il est constitué d'une matrice de micro-capteurs qui transforment les photons X en signal électrique d'intensité proportionnelle au nombre de photons (donc à l'énergie) captés. C'est donc une évolution supplémentaire de l'II qui, après avoir ajouté la caméra CCD à l'arrière du tube cathodique, le fait disparaître lui-même. Nous avons alors tous les avantages de l'amplificateur de brillance sans en avoir les inconvénients : il est beaucoup moins encombrant, le détecteur numérique se présentant sous forme d'une plaque de quelques centimètres d'épaisseur ; les images sont numériques, avec tout ce que cela implique, et ne présentent aucune distorsion géométrique. C'est de plus un détecteur linéaire qui, par son adéquation à des modèles de signaux bien maîtrisés, permet une amélioration spectaculaire des post-traitements, tant en diversité qu'en qualité, avec pour corollaire une diminution de la dose reçue par le patient pour acquérir une image.

Sa résolution est pour l'instant équivalente à l'II et la cadence d'acquisition d'images encore inférieure. Ceci justifie qu'à l'heure actuelle ces détecteurs numériques sont produits sur des machines à vocation ambulatoire, peu encombrantes, comme les appareils de mammographie et de radiologie conventionnelle.

À terme, ce type de détecteur est appelé à remplacer l'II et le film radiographique, si ce n'est que ce

dernier bénéficiera encore longtemps des faveurs d'utilisateurs occasionnels, en tout cas jusqu'à ce que la technologie permette de fabriquer des détecteurs numériques à plus faible coût.

1.1.3 L'angiographie

Définition

Nous avons vu que l'absorption des rayons X par un objet donnait des informations d'ordre densitométrique sur l'intérieur de cet objet. Dans le corps humain, les structures denses sont essentiellement les os. L'utilisation des rayons X dans le domaine médical serait donc limitée à leur étude si le médecin n'avait à sa disposition des produits de contraste. Le concept du produit de contraste est d'aller augmenter temporairement la densité en un endroit du corps qui intéresse le médecin grâce à l'injection d'une substance opaque aux rayons X. Nous nous limiterons ici à l'utilisation d'un produit de contraste pour la visualisation des vaisseaux sanguins : donc à l'*angio-graphie*, un complément d'information sur les produits de contraste et leur utilisation étant disponible en annexe A.

L'angiographie est donc une technique de visualisation des vaisseaux sanguins par injection d'un produit de contraste (à base d'iode) qui va se mélanger au sang et le rendre temporairement opaque aux rayons X. Cette injection peut se faire soit par intra-veineuse, soit par injection intra-artérielle à partir d'un cathéter. Un cathéter est un tuyau très fin et très long qui peut être introduit dans la lumière des artères. L'introduction d'un cathéter et son guidage jusqu'à l'artère qui l'intéresse permet au médecin de n'injecter le produit de contraste que localement : l'examen est bien sûr plus invasif qu'une intra-veineuse mais la quantité de produit de contraste utilisée est moins importante et surtout la qualité de l'image est meilleure car la visualisation n'est pas perturbée par l'opacification d'artères et/ou de veines proches et le produit de contraste est nettement moins dilué dans le sang. En angiographie, on appelle *image injectée* une image prise alors que le produit de contraste est présent dans le corps du patient. Par opposition, nous appellerons *image non-injectée* une image prise sans utilisation de produit de contraste.

Cette technique d'angiographie est utilisée dans tout le corps : membres, abdomen, rachis, cœur, cou, tête. Sa mise en œuvre par cathétérisme et son association avec les possibilités d'imagerie en temps réel des systèmes portant une chaîne image ont de plus donné naissance à des techniques chirurgicales de soin des pathologies vasculaires : l'angiographie est alors dite *interventionnelle*. Dans le cas particulier du cœur, on parle de cardiologie interventionnelle et dans celui du crâne, de *neuroradiologie interventionnelle*. Nous décrirons bien évidemment plus amplement cette dernière tout au long de ce manuscrit, en particulier dans la section 2.3.2 qui lui est consacrée.

L'angiographie en neuroradiologie interventionnelle

Voyons à présent comment en pratique l'angiographie est appliquée en neuroradiologie interventionnelle. Le premier obstacle qui se dresse est l'omniprésence de l'os au niveau du crâne. Loin de nous l'idée de nous en plaindre, mais constatons tout de même que la dilution du produit de contraste dans le sang et la faible épaisseur de produit de contraste traversée comparée à la masse osseuse (le diamètre maximale d'une artère intra-cranienne est de l'ordre de 3-4 mm), font apparaître les artères par angiographie à peine plus denses que le crâne. Les images sont donc très peu contrastées et seuls les vaisseaux principaux sont visibles. Cet inconvénient est spécifique au crâne (la cage thoracique peut s'avérer également gênante en cardiaque) mais comme tout inconvénient, il a son pendant positif : la présence du crâne apporte à l'objet visualisé une rigidité exceptionnelle. Il est alors possible de gommer les structures osseuses en soustrayant à l'image injectée une image non-injectée prise dans les mêmes conditions : cette image non-injectée est alors appelée *image masque* et l'image résultat est dite *soustraite*. Ne restent alors visibles que les artères contenant du produit de contraste (voir figure 1.2) : on parle alors d'*angiographie soustraite*.

Cette angiographie soustraite n'a pas attendu la numérisation des images pour être utilisée : des appareils pionniers se basaient sur des changeurs de film utilisant un masque ou encore sur un système de lecture vidéo à double tête (une fixe pour l'image injectée et une mobile qui suivait l'image masque sur la bande vidéo) permettant la soustraction des images. La numérisation a en revanche permis d'améliorer cette soustraction de deux manières. D'une part, il est possible de corriger en post-traitement une mauvaise

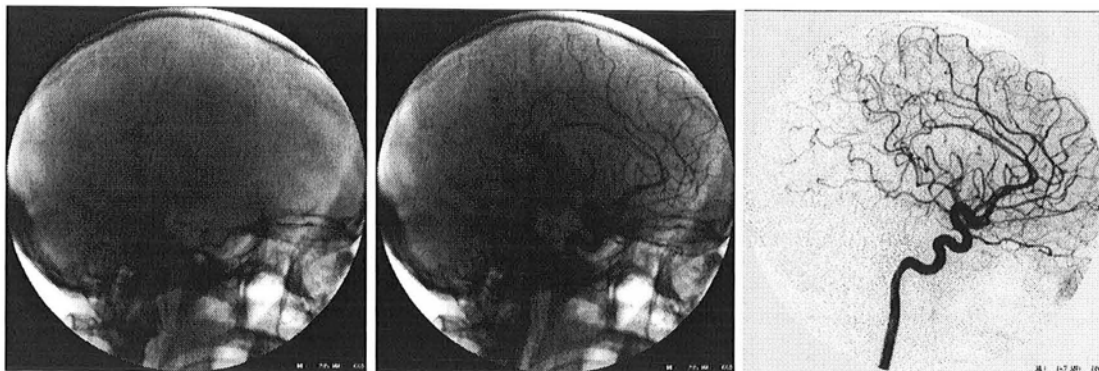


FIG. 1.2 – Principe de la soustraction des images angiographiques : à gauche, l'image masque non-injectée, au centre l'image injectée mais non soustraite, à droite l'image injectée soustraite

soustraction due par exemple au bouger patient (*pixel shift*). D'autre part plusieurs types de soustractions peuvent être utilisés :

- **linéaire** : $\forall(x,y)$ sur le capteur, $I_s(x,y) = I_m(x,y) - I_i(x,y)$;
- **logarithmique** : $\forall(x,y)$ sur le capteur, $I_s(x,y) = \log(I_m(x,y)) - \log(I_i(x,y))$;
- **en racine carrée** : $\forall(x,y)$ sur le capteur, $I_s(x,y) = \sqrt{I_m(x,y)} - \sqrt{I_i(x,y)}$;

où I_m est l'image masque, I_i est l'image injectée et I_s l'image soustraite.

La soustraction logarithmique est la seule qui soit juste théoriquement. En effet, l'image représente la répartition d'énergie du faisceau émergent. Si nous voulons que l'image soustraite représente l'énergie du faisceau émergent en faisant abstraction du crâne (c'est-à-dire en considérant que le crâne et tout ce qu'il contient, hormis le produit de contraste, a une densité nulle), l'équation établie en (1.1) nous force à compenser le terme exponentiel par un logarithme. Mais ceci est bien sûr en supposant le détecteur linéaire, ce qui n'est pas parfaitement le cas comme nous l'avons vu. Il devient alors envisageable d'utiliser les autres types de soustraction pour l'améliorer par rapport à un critère : la soustraction linéaire renforce les structures à faible contraste tandis que la soustraction en racine carrée produit une image soustraite à bruit de fond réduit.

Une image n'est jamais acquise seule : l'acquisition angiographique consiste en une séquence d'images pendant tout le temps que met le produit de contraste à circuler dans les artères du cerveau puis à disparaître, dilué dans tout le corps. Une séquence dure ainsi entre 10 et 15 secondes. La circulation sanguine intra-cérébrale fait qu'on peut distinguer trois phases lors d'une injection de produit de contraste dans une artère :

- Une **phase artérielle** où seules les artères sont injectées. On y distingue deux sous-phases : une *phase précoce* qui correspond à la montée du produit de contraste dans les artères (1-2 secondes) et une *phase tardive* pendant les 2 à 3 secondes de stabilité du produit de contraste.
- Puis vient une **phase parenchymateuse** pendant laquelle le produit de contraste diffuse dans les tissus cérébraux (2 secondes).
- enfin la **phase veineuse** qui correspond à l'évacuation par les veines du sang alimentant les tissus.

La figure 1.3 reprend ces phases sur un exemple angiographique.

Deux grands modes d'acquisition existent sur les appareils d'angiographie :

- **la graphie** : acquisition d'images angiographiques à dose relativement élevée afin d'obtenir la meilleure qualité image. En neuroradiologie interventionnelle la cadence maximale d'acquisition en graphie utilisée en pratique est de 3 images par seconde. L'acquisition est donc de très bonne qualité mais saccadée.
- **la fluoroscopie** : acquisition d'images angiographiques à faible dose. Ce mode permet une cadence d'acquisition de 25 images par seconde, c'est-à-dire une visualisation en temps réel, mais le bruit de fond dans les images est plus important.

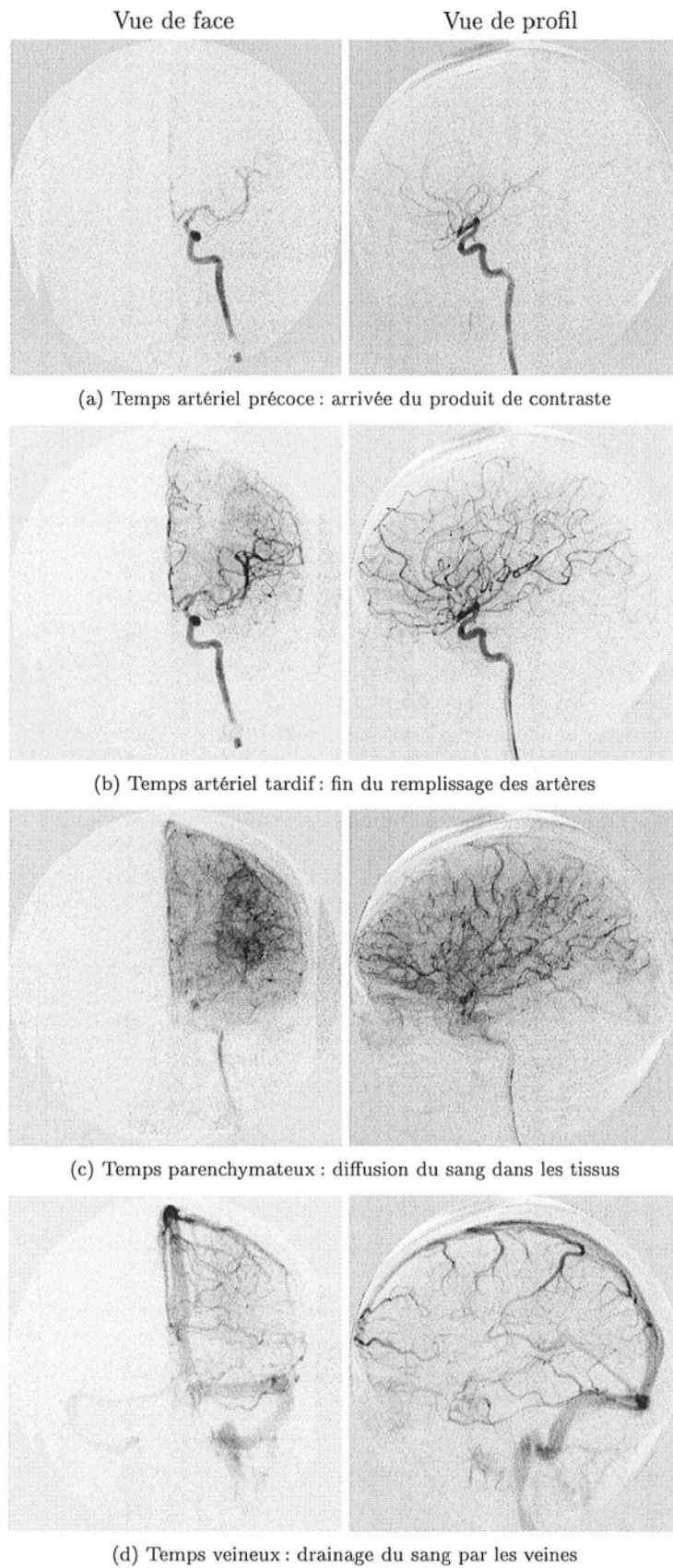


FIG. 1.3 – Phases artérielles lors d'une injection de produit de contraste : images de graphie soustraite d'une carotide interne gauche.

Chacun de ces modes autorise la soustraction en temps réel mais seules les images de graphie sont disponibles pour un post-traitement.

1.1.4 La machine d'angiographie

L'acquisition d'images angiographiques est effectuée sur un appareil d'angiographie. Trois éléments essentiels le composent :

- un arceau qui porte une chaîne image. Cet arceau comporte trois degrés de liberté en rotation, ce qui permet d'orienter la chaîne image dans n'importe quelle direction de l'espace. La distance entre l'II et le tube RX peut également être réglée. Une machine avec un seul arceau est dite *monoplan* mais il est courant en neuroradiologie interventionnelle d'utiliser des machines dites *biplan* qui associent un arceau supplémentaire (qui porte également une chaîne image). Dans ce cas, le premier arceau est appelé **plan frontal** et le deuxième **plan latéral**. Le médecin a ainsi à sa disposition un système de visualisation stéréoscopique. Ce deuxième plan ne possède lui que deux degrés de liberté. Un arceau ne possédant qu'une liberté de mouvement en rotation, il existe dans l'espace de la salle un point fixe (centre des rotations) qui doit être commun aux deux arceaux dans le cas d'un système biplan si l'on veut conserver leur utilisation conjointe à tout moment. Ce point fixe est appelé **isocentre** : c'est l'endroit de l'espace que doit occuper l'objet que l'on désire imager.
- une table sur laquelle va reposer le patient. Cette table est réglable selon les trois directions de l'espace (en hauteur, en longitudinal et en latéral) et peut pivoter sur elle-même dans le plan horizontal. Cette mobilité de la table permet de placer la zone du corps du patient que l'on veut voir entre le tube RX et l'II, à l'isocentre.
- un système informatique qui permet de gérer les paramètres d'acquisition des images, leur visualisation (grâce notamment à des écrans de contrôle en salle que le médecin peut consulter en permanence), leur stockage et leur traitement.

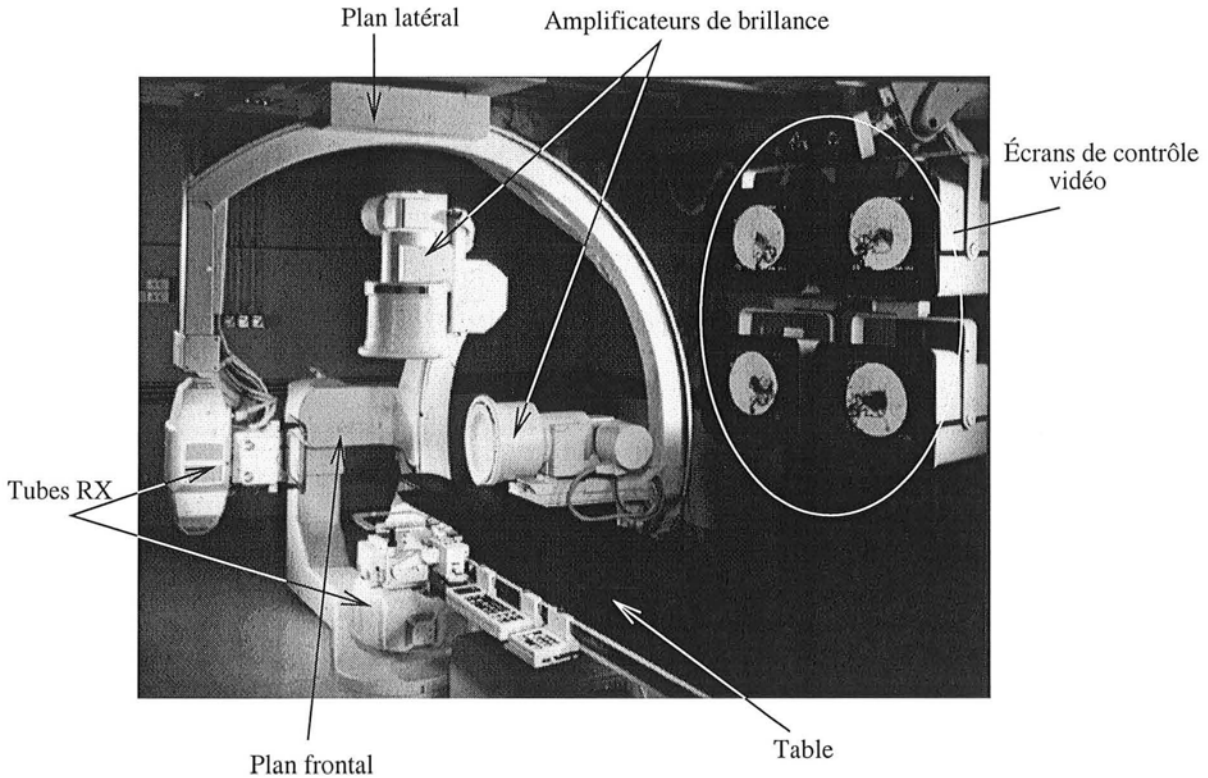
La figure 1.4 reprend de manière schématique cette description pour une salle de type LCN (GE Medical Systems), similaire à celle que nous avons utilisée. On remarque très rapidement que les mouvements du plan frontal sont plus réduits dans le cas d'un système biplan qu'en monoplan (une des positions en profil est impossible à atteindre car l'II du plan latéral, trop grand, heurterait le sol de la salle). Il existe donc sur les systèmes biplan la possibilité de parquer le plan latéral. La machine biplan peut alors être utilisée en monoplan.

En neuroradiologie, quatre tailles de champ (ou *FOV* pour *Field of View*) sont couramment utilisées : 30 cm, 22 cm, 16 cm et 11 cm. Ces tailles sont approximatives et donnent plutôt un ordre de grandeur de la taille réelle du champ (de nombreux paramètres comme par exemple les distorsions ou encore la variation de la distance focale peuvent la faire varier). Les images acquises en graphie sont le plus souvent numérisées sur une matrice de 1024×1024 pixels mais il arrive dans certains cas que cette matrice soit réduite à 512×512 pixels, notamment lors de l'acquisition d'images à une cadence très élevée (c'est le cas pour les images de fluoroscopie).

1.2 Angiographie tridimensionnelle (3DXA)

1.2.1 Acquisition rotationnelle

En fonctionnement monoplan, le plan frontal d'un appareil d'angiographie peut prendre des positions allant d'un profil à l'autre. Suivant cette idée, il existe un troisième type d'acquisition d'images angiographiques qui est dit *dynamique* (par opposition aux acquisitions en graphie et fluoroscopie qui sont faites sans bouger l'arceau et sont donc dites *statiques*). Les images sont acquises en mode graphie pendant que l'arceau tourne autour de la tête du patient d'un profil à l'autre. Si une injection est effectuée pendant cette acquisition on obtient ainsi une première impression d'imagerie tridimensionnelle des vaisseaux sanguins. Une telle acquisition est dite **rotationnelle**.



(a) Photographie de la salle

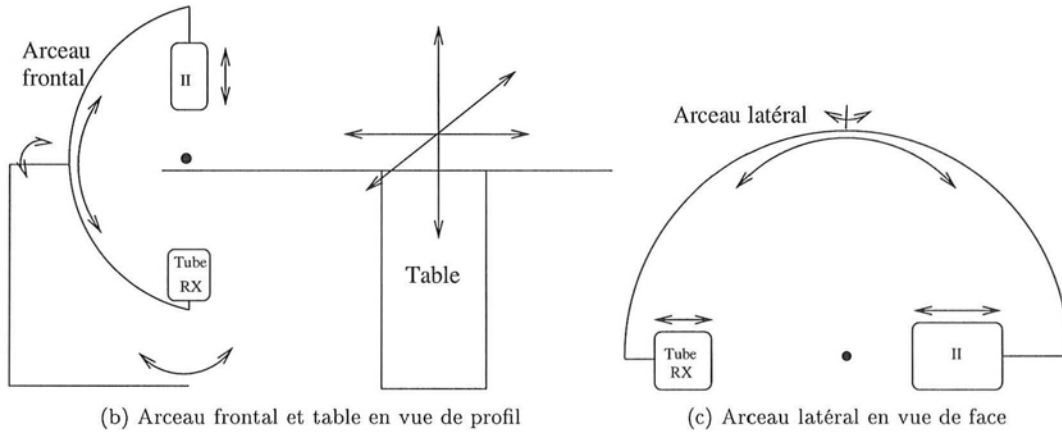


FIG. 1.4 – Description d'une salle de type LCN (GE Medical Systems). Sur le schéma du bas, les degrés de liberté des arceaux (3 en rotation pour le frontal et 2 en rotation pour le latéral) et de la table (3 en translation) sont matérialisés par les flèches à double sens. Est indiquée de la même manière la possibilité de modifier l'éloignement tube RX/II dans chaque chaîne image. L'isocentre est indiqué par un cercle noir (les deux cercles des schémas indiquent un seul et même isocentre).

1.2.2 Angiographie rotationnelle soustraite et reconstruction

Sur la machine d'angiographie biplan LCN+ (GE Medical Systems) sur laquelle nous avons travaillé, la rotation s'effectue sur 200 degrés à la vitesse angulaire de 40 degrés par secondes. Pendant les 5 secondes que dure donc l'acquisition, 44 images de matrice 512×512 sont acquises. L'option 3DSPIN, disponible sur le LCN+, impose à l'arceau une stabilité exceptionnelle qui permet à la séquence rotationnelle d'être extrêmement répétable : les positions auxquelles les images sont prises pendant la rotation sont toujours les mêmes. Ceci permet alors des acquisitions *rotationnelles soustraites* : une première acquisition rotationnelle est effectuée sans injection de produit de contraste (acquisition des images masques), puis l'arceau revient à sa position initiale et une deuxième acquisition en rotation est effectuée mais cette fois avec injection de produit de contraste (acquisition des images injectées). Le médecin peut visualiser en temps réel les images soustraites lors de la deuxième rotation : la qualité de la visualisation des artères est grandement améliorée avec toujours cette première impression d'imagerie volumique.

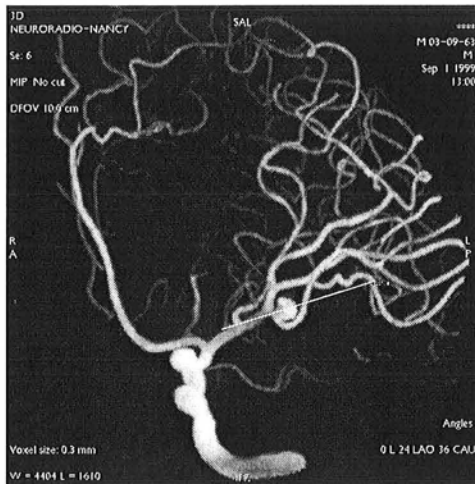
Mais cette stabilité permet aussi de calibrer une acquisition rotationnelle. Nous parlerons plus amplement de la procédure de calibration dans la troisième partie de ce manuscrit mais disons que la calibration permet de connaître la fonction de projection qui relie l'objet 3D imagé (en l'occurrence l'artère injectée) à l'image d'angiographie soustraite. Tous ces éléments sont alors regroupés et injectés en entrée d'un algorithme de reconstruction tomographique de type ART (voir [Lau96] par exemple pour de plus amples détails sur la reconstruction tomographique des artères cérébrales). L'impression volumique se confirme et le neuroradiologue peut à présent, pendant l'intervention, produire et consulter sur une machine d'angiographie classique des volumes reconstruits de l'artère qu'il explore. Cette technique étant très récente, aucun nom officiel n'est reconnu. Nous y ferons référence dans la suite de ce document par le terme **3DXA** (*3-D Xray Angiography*). Ces volumes sont stockés dans une matrice de $512 \times 512 \times 512$ voxels (*Volume Elements*) codés sur 2 octets, isotropes et dont le côté mesure 0,26 mm.

1.2.3 Visualisation

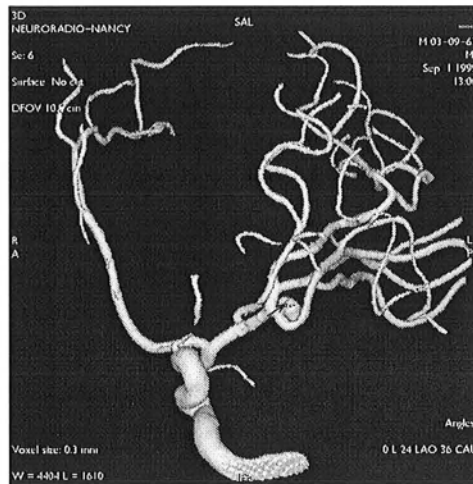
Les volumes 3DXA sont visualisés sur une station Advantage Workstation (GE Medical Systems) grâce au logiciel Voxtool. Une grande variété de types de visualisation volumique sont possibles basées sur le même principe : un faisceau de rayons parallèles est lancé dans la direction de visée et traverse le volume (un rayon par pixel de l'image résultat). Les quatre principaux modes de visualisation sont (figure 1.5) :

- la vue MIP (*Maximum Intensity Projection*) : la valeur du pixel est égale à la densité maximale rencontrée par le rayon correspondant. Figure 1.5(a).
- la vue de surface (ou SSD pour *Surface Shaded Display*) : le rayon est bloqué dès qu'il rencontre un voxel de densité supérieure à un seuil déterminé par l'utilisateur. L'énergie de ce rayon est renvoyé dans une direction qui prend en compte la normale à l'isosurface correspondant au seuil en ce voxel. La valeur du pixel est la portion d'énergie renvoyée dans la direction du rayon incident. Figure 1.5(b).
- le rendu volumique (ou VR pour *Volume Rendering*) : chaque voxel présente une certaine opacité au rayon (fonction de sa densité ainsi que de certains seuils définis par l'utilisateur) qui va s'atténuer en traversant le volume. La valeur finale du pixel est l'énergie du rayon qui lui parvient. Figure 1.5(c).
- la vue endovasculaire (EV) : "l'œil" de l'ordinateur est placé à l'intérieur d'un vaisseau et un faisceau de rayons conique est lancé à partir de ce point dans une direction de visée. Chaque rayon est bloqué dès qu'il rencontre une densité inférieure à un certain seuil défini par l'utilisateur et est renvoyé dans une direction qui prend en compte la normale à l'isosurface correspondant au seuil au point de rencontre. C'est en fait une vue SSD "de l'intérieur". Figure 1.5(d).

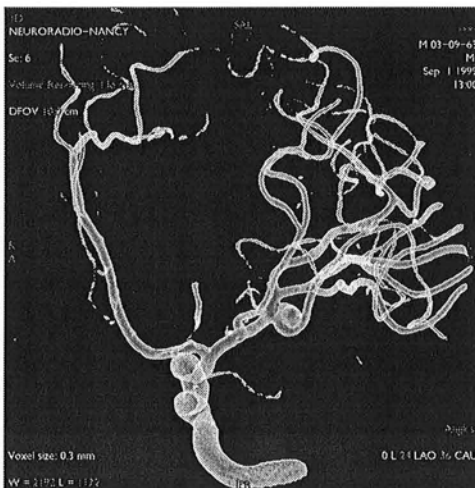
L'utilisateur a aussi la possibilité de définir des plans de coupe dans n'importe quelle direction (voir figure 1.5(e)). Ce dernier type de vue peut être intéressant pour l'analyse de certaines structures 3D complexes mais est surtout utilisé pour effectuer des mesures. En effet, un des premiers avantages que les médecins ont découvert à cette nouvelle technique fut la possibilité d'effectuer des mesures précises des structures vasculaires (figure 1.5(e)) : l'angiographie étant une modalité d'imagerie projective, la mesure d'objets à partir de telles images est très subjective (on pourrait dire que chaque médecin a développé sa propre méthode d'estimation de la taille des structures vasculaires à partir d'angiographies).



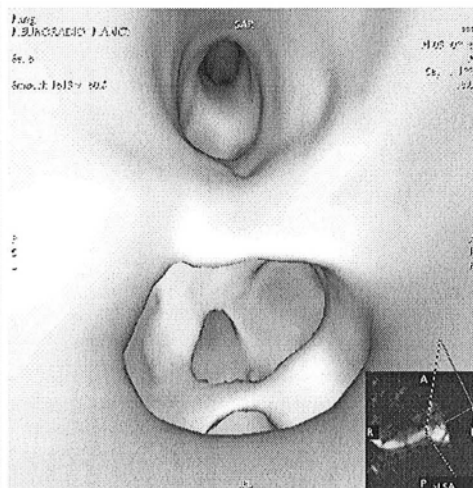
(a) Vue MIP.



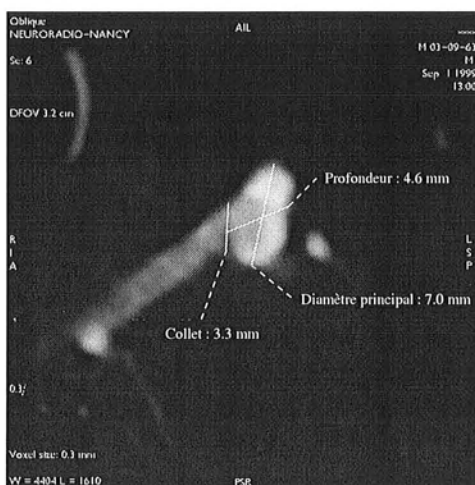
(b) Vue de surface.



(c) Vue en rendu volumique (mode par transparence).



(d) Vue endovasculaire: la flèche sur la vue SSD indique la position de l'œil (extrémité gauche) et la direction de visée.



(e) Vue en coupe: la ligne sur la vue MIP indique le plan de coupe correspondant. Les mesures ont été effectuées sur le sac anévrysmal.



(f) Image d'angiographie acquise par 3DPOS: les angles donnant l'angulation de l'arcue sont indiqués en bas à droite de la vue MIP.

FIG. 1.5 – Modes de visualisation d'un volume 3DXA sous Voxelool

Enfin, un volume 3DXA étant produit à partir du plan frontal d'une machine d'angiographie calibrée, il est possible de relier une direction de visée déterminée par ordinateur à une incidence du plan frontal. On peut alors déterminer une angulation optimale pour l'analyse ou le traitement d'une pathologie en manipulant le volume sous Voxtool et reproduire cette angulation sur arceau afin d'acquérir des images d'angiographie classique sous cette incidence (voir figure 1.5(f)). Cette fonctionnalité est le positionnement de l'arceau assisté par ordinateur (*3DPOS*).

1.3 Imagerie par résonance magnétique (IRM)

Le phénomène physique se lequel se base l'imagerie par résonance magnétique (IRM) s'avère très complexe. N'ayant toujours pas entrepris d'études plus sérieuses en physique depuis le moment où nous avons rédigé la section consacrée aux rayons X, nous avons à nouveau préféré renvoyer en annexe B l'exposé des bases physiques élémentaires à son abord et nous focaliser, dans le corps du texte de ce manuscrit, à l'aspect pratique de l'emploi de la résonance magnétique pour l'imagerie du corps humain. Ici encore, le lecteur intéressé par un exposé plus complet pourra se référer à l'ouvrage de Steve Webb [Web88]. Nous conseillons aussi la lecture du très bon livre de Verdun et Marshall [VM95] pour une approche originale et limpide de la résonance magnétique nucléaire et de son application à l'imagerie.

1.3.1 Brefs rappels physiques

Cas d'un atome

Certains atomes sont dotés d'une propriété appelée *spin*. Elle a pour premier effet de leur associer un petit champ magnétique intrinsèque. Ainsi, de tels atomes, quand ils sont plongés dans un champ magnétique B_0 , vont s'aligner avec lui comme autant de microscopiques boussoles.

Le deuxième effet est d'attribuer à chaque type d'atome possédant un spin (auquel on donnera également le nom de spin par abus de langage) une fréquence dite *de Larmor* qui est à la base du phénomène de résonance magnétique. En effet, si après avoir appliqué un champ magnétique B_0 et tout en le maintenant (ce qui a pour effet d'aligner le spin avec B_0), on applique un champ magnétique B_1 orthogonal à B_0 et tournant autour de la direction de B_0 à la fréquence de Larmor du spin, ce dernier va être perturbé.

Avant de voir comment s'exprime cette perturbation, faisons une courte pause pour établir quelques termes techniques. La direction de B_0 est suivant un axe fixe que l'on appelle *axe Z*. Le champ B_1 tourne donc dans un plan orthogonal à l'axe Z qui est alors nommé *plan transverse*.

Ceci étant établi, la perturbation subie par un spin initialement aligné sur l'axe Z et soumis à un champ B_1 tournant à la fréquence du Larmor dans le plan transverse, va basculer dans le plan transverse et se mettre lui aussi à tourner dans ce plan à la fréquence de Larmor. On dit que le spin a un mouvement de *précession* autour de l'axe Z .

Si maintenant on arrête d'appliquer B_1 (le champ B_1 est alors dit *pulsé*), le spin va progressivement revenir à sa position initiale (aligné avec B_0). Ce retour s'effectue suivant un mouvement de précession (le spin ne revient pas brutalement se réaligner mais continue à tourner autour de l'axe Z). Le réalignement progressif du spin se traduit par une augmentation de la composante suivant Z du champ magnétique associé au spin selon une loi exponentielle. Cette loi est paramétrée par une constante de temps, T_1 , caractéristique du type d'atome. On parle alors de *relaxation* T_1 (voir l'annexe B pour de plus amples détails).

Cas d'un ensemble d'atomes

Considérons à présent le cas d'un objet contenant un ensemble, ou *réseau*, de spins. L'application d'un champ B_0 a pour effet de créer dans la matière un champ magnétique global auquel on se réfère par le terme *vecteur de magnétisation*. Ce champ magnétique réagit comme un spin isolé à l'application d'un champ tournant pulsé : le vecteur de magnétisation, initialement aligné sur l'axe Z bascule dans le plan transverse puis revient à sa position d'équilibre suivant un mouvement de précession associé à une relaxation T_1 (augmentation suivant une loi exponentielle de la composante selon Z du vecteur de magnétisation).

Cependant, le phénomène physique se complique. En effet, un spin, appartenant à un réseau et qui revient à sa position d'équilibre, va, au cours de la précession, se déphaser par rapport au champ pulsé. Ce déphasage n'est pas uniforme et va varier d'un spin à l'autre. Ainsi, la composante transverse du vecteur de magnétisation (complémentaire de la composante suivant Z) va s'annuler plus vite que si nous avions considéré un spin isolé. Ce phénomène de disparition prématurée de la composante transverse s'effectue selon une loi exponentielle paramétrée par une constante de temps appelée T_2 (elle aussi dépendante du type de spins mis en jeu). On parle alors de *relaxation* T_2 .

Le phénomène de résonance magnétique combine ainsi trois effets (précession, relaxation T_1 et relaxation T_2). Ils sont résumés dans les *équations de Bloch* (voir annexe B) qui gouvernent l'évolution du vecteur de magnétisation lors de son retour à l'équilibre.

Imagerie

Deux constatations simples mènent directement à la possibilité d'obtenir une image du corps humain (dans le sens d'une cartographie d'un paramètre physique) en se basant sur le phénomène de résonance magnétique.

Tout d'abord, le proton, noyau d'un atome d'hydrogène, possède un spin. Il est donc sensible à la résonance magnétique. Or le corps humain, essentiellement composé d'eau et de plus ou moins de graisse, contient énormément d'atomes d'hydrogène. Si une partie du corps humain est donc plongée dans un champ électromagnétique, un vecteur de magnétisation s'y crée. Si de plus l'amplitude du champ B_0 est suffisante, la magnétisation induite sera détectable. L'application d'un champ magnétique puissant provoque donc une réaction du corps humain que nous pouvons détecter.

Ensuite, la fréquence de Larmor d'un type de spin dépend de l'amplitude du champ magnétique B_0 appliqué. On peut donc, en appliquant un champ B_0 variable dans l'espace, attribuer à chaque endroit du corps une fréquence de Larmor différente. L'application d'un champ pulsé tournant à la fréquence adéquate aura donc pour conséquence de ne faire résonner qu'une toute petite partie du corps. La puissance du vecteur de magnétisation induit dépendant du type et du nombre de spins en résonance, on peut de cette manière caractériser localement le contenu en spins du corps humain, construisant de ce fait une image des tissus le composant.

Ce principe, qui permet de tirer parti de la résonance magnétique pour l'imagerie médicale, a été exposé ici de manière simpliste pour des raisons pédagogiques. Une description plus technique et rigoureuse est fournie en annexe B.

1.3.2 Types d'acquisition

Trois mesures sont possibles pour caractériser un tissu par RMN :

- la norme du vecteur de magnétisation qui donne la *densité de protons* ;
- le temps de relaxation spin-réseau T_1 ;
- le temps de relaxation spin-spin T_2 .

Chaque type de mesure donne un type d'acquisition différent.

Contraste en densité de protons : la décroissance en précession libre

Un champ pulsé est appliqué (impulsion), ce qui amène le vecteur de magnétisation dans le plan transverse (impulsion à 90°). Le vecteur de magnétisation précesse dans le plan transverse jusqu'à son annulation (effet T_2). Le signal a la forme :

$$S \propto \rho(1 - \exp(-TR/T_1)) \quad (1.2)$$

où ρ est la densité de spins.

Contraste en T_2 : la séquence en écho de spin

Une impulsion à 90° est envoyée. Les spins commencent à précesser en se déphasant progressivement. Avant l'annulation de la magnétisation par effet T_2 , une autre impulsion est envoyée, suffisamment longue

pour faire basculer le vecteur de magnétisation de 180° (impulsion à 180°) : le résultat est un vecteur de magnétisation purement transverse, dont les spins sont déphasés. Cependant, lors du basculement, un rephasage des spins intervient, ce qui crée un écho de signal après un temps appelé le *temps d'écho* (TE). Le signal reçu a la forme :

$$S \propto \rho(1 - \exp(-TR/T_1)) \exp(-TE/T_2) \quad (1.3)$$

Contraste en T_1 : la séquence en inversion-récupération

Une impulsion à 180° est d'abord envoyée. Avant le retour du vecteur de magnétisation à l'équilibre par effet T_1 , une impulsion à 90° est envoyée, ce qui amène les spins dans le plan transverse. Le vecteur décroît alors en précession libre. Le signal prend la forme :

$$S \propto \rho(1 - 2 \exp(-TI/T_1)) \quad (1.4)$$

Le temps TI est le temps d'inversion (temps entre l'impulsion à 180° et l'impulsion à 90°). En pratique, l'impulsion est couplée à une impulsion à 180° qui la suit afin de créer un écho qui amplifie le signal.

1.3.3 Caractéristiques des différents contrastes

En écho de spin, les tissus ayant un T_1 inférieur au TR seront hyperintenses et ceux ayant un T_1 supérieur au TR seront hypointenses. En ce qui concerne le contraste en T_2 , les tissus ayant un T_2 inférieur au TE seront hypointenses, tandis que ceux ayant un T_2 supérieur au TE seront hyperintenses.

Ainsi en écho de spin :

- le contraste en T_1 est obtenu en choisissant un TE le plus court possible et un TR voisin du T_1 des tissus à dissocier ;
- le contraste en T_2 est obtenu en choisissant un TE voisin du T_2 des tissus à dissocier et un TR très long ;
- une séquence à la fois pondérée en T_1 et en T_2 voit ces deux effets s'annuler et ne reste alors que le contraste dépendant de la densité de protons.

Les séquences en inversion-récupération sont pondérées en T_1 , ainsi que les séquences en écho de gradient (séquences classiques mais dont nous ne parlerons pas ici afin d'alléger l'exposé).

En première approximation, nous pouvons prévoir les contrastes dans une image en nous basant sur la différence graisse/eau (liquides purs). La graisse possède un T_1 court et un T_2 long alors que le T_1 et le T_2 de l'eau sont tous les deux longs. Ainsi, dans une image contrastée en T_1 , les tissus riches en graisse (graisse, peau, et dans une moindre mesure substance blanche) apparaîtront hyperintenses, tandis que les tissus pauvres en graisses (LCR, et substance grise) apparaîtront hypointenses. Dans une image contrastée en T_2 , les tissus riches en eau (LCR dont la composition est proche de celle de l'eau, substance grise riche en neurones) seront hyperintenses tandis que les tissus pauvres en eau (graisse, peau et substance blanche) seront hypointenses. On remarque donc que dans une certaine mesure, une image en T_2 sera le négatif d'une image en T_1 . Nous nous efforçons de préciser que cela constitue une approximation : il existe des différences entre ces deux contrastes, notamment en ce qui concerne la sensibilité au sein de zones quasi homogènes et bien sûr dans la caractérisation des lésions.

L'os ne produit jamais de signal RMN, d'une part parce qu'il est pauvre en protons mais surtout à cause de sa structure cristalline dans laquelle les protons sont figés de telle sorte qu'ils ne peuvent résoner. L'air ne produit pas non plus de signal RMN pour une raison inverse : la RMN suppose que les protons excités ne bougent pas entre l'excitation et la lecture, ce qui ne saurait être vrai pour un gaz tel que l'air. De même, la réponse des liquides mobiles déroge quelque peu aux règles que nous venons d'énoncer. L'exemple typique étant les vaisseaux sanguins, nous allons quelque peu détailler leur aspect en IRM.

1.3.4 Visualisation des vaisseaux sanguins

Les vaisseaux sanguins sont un cas particulier parmi les différents tissus car ils contiennent un fluide en mouvement. Leur aspect va donc dépendre de la vitesse du flux et surtout de son orientation par rapport au champ magnétique d'excitation.

En écho de gradient, les flux apparaissent en hypersignal. En écho de spin et inversion-récupération, les flux rapides apparaissent en hyposignal. Les flux lents sont hypointenses lorsque le vaisseau est dans le plan de coupe mais peuvent apparaître rehaussés lorsque le vaisseau est oblique sur la coupe que le sens du flux rencontre en premier, ainsi que sur les échos pairs. Les flux pulsatiles peuvent présenter des difficultés si le TR est voisin du cycle cardiaque. Les gros vaisseaux apparaîtront hypointenses sur les coupes synchrones avec la systole et hyperintenses au niveau de la diastole.

Enfin, on remarque de nombreuses perturbations dans les vaisseaux hyperintenses qui sont dues à des phénomènes de flux. Ainsi, en écho de gradient, le diamètre des vaisseaux est souvent sous-estimé à cause d'une annulation du signal au voisinage de la paroi artérielle où se créent des tourbillons par viscosité.

Deux techniques ont donc été mises au point pour visualiser les vaisseaux en IRM :

- utilisation d'un produit de contraste : du gadolinium est injecté par intra-veineuse juste avant l'acquisition d'une séquence en inversion-récupération. Le gadolinium produit un signal RMN très intense en T_1 . Ce type de séquence permet de conserver une image pondérée en T_1 sur laquelle les artères apparaissent hyperintenses. La très forte intensité du signal produit par le gadolinium réduit cependant un peu le contraste de l'image sur les tissus non injectés. De plus, des artefacts peuvent apparaître au voisinage des flux rapides. Enfin, certains structures montrent une prise de contraste (les sinus par exemple, ce qui rend la visibilité en arrière du nez difficile). Un grand parti est cependant tiré de ce dernier phénomène car il permet de caractériser certaines pathologies (premier pas vers l'IRM fonctionnelle). Ainsi, une tumeur maligne montrera une prise de contraste (elles sont fortement vascularisées) alors qu'une tumeur bénigne ne le fera pas (ou peu).
- angiographie IRM (MRA pour *Magnetic Resonance Angiography*) : imagerie de flux. C'est une séquence pondérée en T_1 mais avec des temps caractéristiques extrêmement courts afin de pouvoir lire le signal produit par les protons dans le sang. Le contraste est renforcé en allant saturer au préalable la coupe que l'on veut acquérir (les protons de cette coupe sont excités plusieurs fois et de façon rapprochée de telle manière que le vecteur de magnétisation soit nul). Ainsi, seuls les protons entrant dans la coupe (portés par le flux sanguins) sont capables de renvoyer un signal RMN. C'est ce qu'on appelle l'imagerie du *temps de vol* (ou TOF pour *Time Of Flight*). Enfin, on obtient un meilleur contraste (surtout pour les vaisseaux parallèles aux coupes) en injectant du gadolinium. Le résultat est une image montrant les vaisseaux sanguins en hypersignal. Les autres tissus intra-cérébraux sont à peine visibles.

1.4 Autres modalités

Nous venons de présenter les trois modalités (DSA, 3DXA, IRM) auxquelles nous nous sommes intéressés dans cette thèse. De nombreuses autres modalités d'imagerie sont cependant utilisées, parfois plus que les trois précédentes, dans la pratique radiologique courante. Il nous a donc semblé indispensable de les mentionner et d'en exposer, au moins brièvement, le principe.

1.4.1 Modalités anatomiques

Les trois modalités que nous venons de présenter sont anatomiques, c'est-à-dire qu'elle fournissent une information sur l'anatomie du patient en spécifiant les zones anatomiques par le type de tissu qui les forme. Deux autres grandes modalités anatomiques existent, que nous allons présenter.

Le scanner (CT)

Le scanner ou CT (pour *Computed Tomography*) est certainement la modalité la plus utilisée à l'heure actuelle avec la radiographie conventionnelle. Son principe est similaire à celui de la 3DXA : le scanner est l'archétype de l'imagerie par reconstruction tomographique et le 3DXA n'en est qu'un, certes brillant, héritier.

Le scanner est une imagerie de coupe. L'acquisition d'une coupe est effectuée en émettant des rayons X grâce à un tube en rotation autour du patient (dans un plan orthogonal à l'axe pieds-tête, avec quelques possibilités d'inclinaison). Pour chaque position (connue par calibration) où le tube envoie un faisceau

de rayons X, une barette de détecteurs, placée en vis-à-vis du tube par rapport au corps du patient, va recueillir l'énergie transmise pour en évaluer l'atténuation. Cet ensemble de détecteurs forme une ligne et tourne à la même vitesse que le tube autour du patient. Le résultat brut de l'acquisition est donc un ensemble de rayons X coplanaires (plan de rotation du tube) qui ont traversé le corps du patient, subissant une atténuation lue par les détecteurs. Ces données sont combinées dans un algorithme de reconstruction tomographique (voir la thèse de L. Launay [Lau96] pour plus de détails sur ce type de reconstruction) qui génère une image de coupe dans le plan des rayons X, montrant la densité locale des tissus traversés.

Le manipulateur peut créer une reconstruction en trois dimensions de la partie imagée en empilant les coupes. Cette reconstruction sera d'une autant plus grande qualité que l'intervalle spatial laissé entre les coupes sera fin.

Les densités locales élevées seront rendues par des pixels brillants dans l'image scanner. Cette modalité est donc très performante pour l'imagerie des os ou plus généralement des parties denses. Le scanner est ainsi très utilisé pour un diagnostic d'accident vasculaire cérébral car il présente un très bon compromis entre la vitesse d'acquisition (quelques secondes contre quelques minutes pour une IRM) et le pouvoir diagnostique : le caillot formé par le sang libéré par l'hémorragie est très dense et donc bien visible dans une image scanner.

L'échographie (US)

L'échographie ou US (pour *UltraSound*) n'est autre qu'un mini radar pour l'imagerie du corps humain : des ultrasons sont envoyés par une sonde, réfléchis à différentes profondeurs et renvoyés vers la sonde qui calcule ces profondeurs en mesurant les délais de réception des échos.

La sonde étant en général linéaire, l'échographie est également une imagerie de coupe. L'image présentera une forte réponse au niveau des interfaces entre tissus de densités différentes. Le radiologue peut ainsi aisément visualiser les muscles, os, ou encore les cavités remplies de liquide.

Le matériel nécessaire à ce type d'imagerie est très peu encombrant, ce qui explique en partie sa grande diffusion, l'autre raison étant que c'est une imagerie non irradiante en temps réel. Elle est ainsi utilisée pour l'imagerie du fœtus, de la vessie, de l'abdomen, du cœur (la liste est non exhaustive) mais également pour guider certains gestes thérapeutiques tels que le placement d'une aiguille pour une biopsie ou l'injection d'un médicament.

Son principe, basé sur celui du radar, permet de tirer parti de l'effet Doppler : augmentation ou diminution de la fréquence de l'onde reçue par rapport à l'onde émise, représentative respectivement de du rapprochement ou l'éloignement de l'objet réfléchissant et fonction de sa vitesse de déplacement. Cet effet est notamment utilisé dans l'imagerie des vaisseaux sanguins : elle permet de calculer le flux sanguin et d'en détecter les perturbations, sources potentielles de pathologies vasculaires.

Il existe à présent des possibilités d'imagerie tri-dimensionnelle par échographie (*échographie 3D*) soit à partir des sondes traditionnelles (acquisitions manuelles sous différents angles calibrées), soit à partir de sondes spécialement dédiées à cet exercice. La qualité de telles images, au début médiocre, est aujourd'hui impressionnante.

1.4.2 Modalités fonctionnelles

Avant l'apparition de l'imagerie médicale, la médecine était essentiellement fonctionnelle : elle caractérisait les maladies par les troubles qu'elles provoquaient chez le patient dans la jouissance de ses fonctions naturelles. L'imagerie médicale a montré que les troubles fonctionnels, et donc les maladies, étaient bien souvent associés à une modification physique d'une ou plusieurs zones anatomiques (cette modification pouvant être la cause, aussi bien que l'effet de la maladie). Ce n'est pourtant pas toujours le cas et certaines pathologies ne vont pas apparaître dans une image anatomique.

Des techniques dites d'imagerie fonctionnelles ont donc été développées (certaines très récemment) pour transcrire dans une image l'intensité du fonctionnement d'un organe. Un principe de base relie ces techniques : l'idée qu'une zone en fonctionnement va augmenter sa consommation en oxygène par rapport à cette même zone au repos. L'oxygène étant convoyé par le sang dans le corps humain, l'imagerie fonctionnelle, dans sa pratique courante car la recherche explore de nouvelles voies, va en fait générer des images qui montrent les zones vers lesquelles le sang a afflué alors que le patient effectuait une tâche

précise (dont le pouvoir discriminant influe largement sur la qualité de l'image fonctionnelle). Nous allons passer en revue les trois principales méthodes qui sont utilisées pour l'imagerie fonctionnelle cérébrale. Chacune met en pratique un principe physique différent pour mesurer l'afflux sanguin dans les tissus.

La tomographie par émission d'un simple photon (SPECT)

L'imagerie SPECT (pour *Single Photon Emission Computed Tomography*) requiert l'injection par intra-veineuse d'un traceur radioactif : produit formé d'atomes instables qui se désintègrent spontanément en émettant un photon dans le domaine des ondes gamma. Après un certain temps d'attente correspondant à la diffusion du traceur dans le sang, des caméras sensibles aux rayonnements gamma vont recueillir les photons émis depuis l'intérieur du corps du patient. En enregistrant la direction de réception des photons (par collimation), on peut reconstruire la densité des sources rayonnantes dans le patient et détecter ainsi les zones "allumées" par l'activité fonctionnelle.

Contrairement au scanner où la position des sources est connue, les sources du rayonnement sont ici à l'intérieur du corps du patient et sont en fait ce que l'on cherche à reconstruire. Les algorithmes de reconstruction doivent donc être plus élaborés mais en même temps ne peuvent mener à une image de très haute résolution (qui dépend par ailleurs de la qualité de la collimation des détecteurs).

La tomographie par émission de positrons (PET)

La tomographie par émission de positrons repose sur le même principe que l'imagerie SPECT, si ce n'est que les atomes du traceur, en se désintégrant n'émettent pas un photon mais un positron. Chaque positron va très rapidement (dans un rayon de moins d'un millimètre en général) rencontrer un électron (son anti-particule), ce qui provoque une désintégration de la matière et l'émission de deux photons gamma dans deux directions opposées. De la même manière qu'en SPECT, ces photons sont détectés par des caméras gamma si ce n'est qu'ici les photons sont reliés par paires en fonction de leur direction d'incidence. On peut ainsi déduire la profondeur de la source dans le corps du patient en mesurant le temps qui sépare la réception de deux photons appariés.

L'imagerie PET est donc bien plus précise que l'imagerie SPECT. C'est pourquoi aujourd'hui, elle a la faveur des radiologues.

L'imagerie par résonance magnétique fonctionnelle (IRMf)

Le principal problème des techniques d'imagerie dite nucléaire (c'est-à-dire l'imagerie SPECT et PET) est la faible résolution temporelle. Ces techniques requièrent en effet un temps d'attente, temps que le traceur met à diffuser dans le sang. Le temps d'examen est donc plus long et l'activité fonctionnelle du patient plus difficile à contrôler. Cette difficulté dans le cadrage temporel de l'image peut se traduire par une mauvaise localisation des sources (parfois d'un ou plusieurs centimètres). L'IRM étant une technique d'imagerie plus rapide et pouvant aujourd'hui se faire en temps réel, une méthode d'imagerie fonctionnelle a été mise au point qui permet une bien meilleure localisation des zones fonctionnelles.

La méthode d'IRM fonctionnelle (IRMf) suppose que l'augmentation de l'afflux sanguin va modifier légèrement la composition du parenchyme. Le champ électromagnétique est donc perturbé de façon différente dans une zone fonctionnelle au repos et lorsque le patient est actif : le signal RMN est donc modifié si la zone participe de l'activité du patient.

L'IRMf jouit à l'heure actuelle d'un succès considérable car elle génère des images de meilleure résolution qui présentent une meilleure localisation des zones fonctionnelles. La résolution est cependant encore très éloignée de celle que montrent les images anatomiques mais les progrès constants de l'IRM en temps réel permettent de prévoir sans grand risque l'avènement prochain d'une imagerie fonctionnelle à très bonne résolution.

1.5 Conclusion

En guise de conclusion nous présentons dans le tableau 1.1 un comparatif des quatre modalités les plus utilisées en neuroradiologie interventionnelle : l'angiographie numérique soustraite (DSA), l'angiographie

	DSA	3DXA	CT	IRM
Spécificité (tissus visualisés) 0 : invisibles 5 : excellent	Artères : 5 Veines : 3	Artères : 4	Tissus denses : 4 Tissus mous : 1 Vaisseaux (injection) : 2	Tissus denses : 3 Tissus mous : 4 Vaisseaux : 3
Dimensionnalité	2	3	2 ou 3	2 ou 3
Résolution maximale (mm)	0,1 × 0,1	0,3 × 0,3 × 0,3	0,4 × 0,4 × 0,7	0,4 × 0,4 × 0,8
Distorsions 0 : aucune 5 : très gênantes	3	0	0	1 à 2
Invasivité 0 : nulle 5 : chirurgicale	4	4	1 2 si injection	0 1 si injection
Temps d'examen	>2 heures (cathétérisme)	>2 heures (cathétérisme)	15 minutes	30 minutes
Coût (Machine en millions de francs) (Examen en francs)	Machine : 7-10 Examen : 1Z de base +1Z par série (1 coil : 5000)	Machine : 10 Examen : 1Z de base +1Z par série (cf DSA)	Machine : 5 Examen : 680 +19Z	Machine : 10 (1.5 T) Examen : 1580 +3 CS

TAB. 1.1 – Tableau comparatif des 4 modalités les plus utilisées en neuroradiologie interventionnelle

rayons X 3D (3DXA), l'imagerie par résonance magnétique (IRM) et le scanner (CT). Nous avons noté par "CS" le prix d'une consultation spécialiste. Elle est aujourd'hui (1999) de 150 francs. Les autres actes radiologiques sont cotés en nombre de "Z" par la sécurité sociale. Aujourd'hui (1999), 1 Z vaut environ 10 francs. Enfin, la partie fixe du prix des examens CT et IRM correspond au forfait technique. Il est à noter que le faible prix de la DSA et de la 3DXA est trompeur : nous n'avons compté ici que l'acte radiologique. Il faut lui ajouter le prix de l'acte chirurgical (compté en "K" par la sécurité sociale), avec une éventuelle anesthésie et le prix du matériel (nous donnons, à titre d'exemple le prix moyen d'un coil. Les prix des cathéters se comptant aussi en milliers de francs).

Pour un simple diagnostic, l'IRM et le scanner, par leur caractère très peu invasif, tendent à remplacer l'angiographie. Le scanner présente aujourd'hui le meilleur compromis coût/durée/accès. Les nouvelles possibilités d'acquisition en temps réel et la résolution grandissante des images produites font de l'IRM la modalité de plus en plus utilisée pour le diagnostic. Ces deux modalités sont parfois couplées avec d'autres imageries comme l'échographie Doppler. L'angiographie est, quant à elle, à présent réservée à des examens de deuxième intention, notamment quand les images acquises en première intention (IRM, scanner ou écho-Doppler) se contredisent.

Un acte interventionnel sur une pathologie vasculaire est actuellement réalisé en angiographie pour l'abord endovasculaire. Des expériences d'actes interventionnel, pour l'instant très limitées et relevant du domaine de la recherche, sont menées en scanner et surtout en IRM (modalité la plus prometteuse).

Les actes interventionnels non-vasculaires (tissus mous et os) sont actuellement essentiellement réalisés sous contrôle par scanner. Des recherches visent à effectuer des interventions sous IRM mais de nombreux problèmes pratiques restent à résoudre.

Chapitre 2

Bases médicales

2.1 Un peu d'anatomie cérébrale

Nous n'avons pas ici la prétention de faire un exposé détaillé de l'anatomie cérébrale : plusieurs livres d'un volume honorable y seraient nécessaires. L'anatomie est cependant importante car elle fournit la base du "jargon" que chaque médecin utilise quotidiennement, sans s'apercevoir que les termes qu'il emploie sont totalement abscons pour un non-spécialiste (je me souviens à ce sujet d'une discussion que nous avons eue avec certains médecins au cours de laquelle nous nous étions mutuellement fait remarquer et prendre conscience que nous utilisions, médecins ou informaticiens, un ensemble de termes qui nous semblaient vulgaires, au sens étymologique du terme, alors qu'ils étaient extrêmement spécialisés). Cette science est donc un prérequis au dialogue avec les médecins. De plus, connaître ne serait-ce que des bribes de l'organisation du cerveau donne la réponse à bien des questions que l'on peut se poser lorsqu'on suit une intervention chirurgicale. C'est pourquoi nous avons jugé indispensable de faire un petit détour pour présenter le savoir anatomique qu'il nous a été essentiel d'acquérir avant de comprendre quels étaient les vraies difficultés rencontrées par les médecins et de quelle manière, avec quelle liberté nous pouvions agir pour les aider. D'un point de vue plus personnel, cette étude m'a fait entrevoir l'extraordinaire qui se cache dans tout un chacun et la merveilleuse organisation qui fut établie pour faire du fonctionnement de chaque cerveau l'archétype, au sens platonique, de l'intelligence. Nous conseillons donc au lecteur qui voudrait se laisser entraîner plus outre dans cette étude la lecture du livre de Duvernoy [Duv92] et la consultation d'un traité d'anatomie comme celui de [Gun75].

2.1.1 Les types de tissus

Le cœur du cerveau est constitué de **substance blanche** de forme torturée et complexe, recouverte d'une couche de **substance grise** de quelques millimètres d'épaisseur (2 à 5 millimètres) qui en forme la surface (ou *cortex*). Le cerveau baigne dans le **liquide céphalo-rachidien** (*LCR*, dont la composition est proche de celle de l'eau) et le tout est enfermé dans la boîte crânienne (**os**), elle-même recouverte de **peau**. Il est alimenté par un réseau vasculaire (**artères, veines**) et est le point d'attache de nombreux **nerfs**. La colonne vertébrale (*rachis*) formée essentiellement d'os (vertèbres) et de **moëlle épinière** n'est visible sur les images intra-crâniennes que dans sa partie haute. Enfin, un dernier "tissu" n'est pas à négliger en imagerie : il s'agit de l'**air** environnant. La figure 2.1 montre sur une coupe IRM axiale en T1 ces différents tissus.

2.1.2 Les zones anatomiques

Au premier abord, le cerveau présente une surface que les anatomistes ont découpée en **lobes** séparés par des **scissures** (voir figure 2.3). Chaque lobe est lui-même découpé par un ensemble de **sillons** (petites scissures) qui définissent les **gyrus** qui peuvent regrouper plusieurs *circonvolutions*. Nous verrons plus loin que la surface du cerveau en est la partie la plus active : c'est en effet dans la substance grise que se situent les neurones et il existe un lien fort entre les gyrus et les zones fonctionnelles.

Un certain nombre de structures profondes peuvent également être remarquées (voir figure 2.2) :

- les **ventricules** latéraux sont deux cavités remplies de LCR, situées chacune dans un hémisphère cérébral ;
- le **corps calleux** "recouvre" chaque ventricule latéral et surtout assure la connexion entre les deux hémisphères ;
- une cavité très fine et allongée forme dans le plan inter-hémisphérique une sorte de lamelle remplie de LCR. Elle forme, à son extrémité supérieure, entre le corps calleux et le tronc cérébral, le **troisième ventricule**, puis longe la face postérieure du tronc cérébral pour former, au niveau du cervelet, le **quatrième ventricule** ;
- le **chiasma optique** est l'endroit où se croisent les deux nerfs optiques au niveau du plancher du troisième ventricule ;
- le **tronc cérébral** regroupe tous les nerfs destinés à la face et tous les faisceaux moteurs et sensitifs destinés au tronc et aux membres. Il se raccorde aux hémisphères cérébraux sous les ventricules et se poursuit par la moëlle épinière ;
- le **cervelet** est une structure en dérivation située en arrière du tronc cérébral. Il contrôle l'équilibre et le mouvement.

2.1.3 Le système vasculaire

L'aorte est à l'origine de toute la circulation systémique (voir figure 2.4). Son diamètre au niveau du cœur varie de 20 à 30 mm selon l'âge. À sa sortie du cœur, elle forme une crosse (*crosse aortique*) qui l'orienté vers l'abdomen. Elle suit alors un trajet parallèle à la colonne vertébrale jusqu'à sa division au niveau de l'abdomen (*aorte abdominale*) en deux *artères fémorales* qui alimentent chacune un membre inférieur. De nombreuses artères sont issues de l'aorte abdominale (par exemple les artères rénales ou l'artère hépatique). Les *artères sous-clavières* vont chacune alimenter un membre supérieur.

À droite, l'*artère carotide primitive* et l'artère sous-clavière naissent de la division d'un tronc commun (le tronc artériel brachio-céphalique), lui-même émergeant de la portion droite de la crosse. L'artère sub-clavière droite donne ensuite naissance à l'*artère vertébrale* droite. À gauche, une artère vertébrale est également issue de la sub-clavière mais la carotide primitive gauche se branche directement sur la crosse aortique. Chaque artère carotide primitive se sépare au niveau du *bulbe carotidien* (dans le cou) en une *artère carotide externe* et une *artère carotide interne*. Ce réseau symétrique de quatre artères (deux vertébrales et deux carotides internes) assure la circulation intra-cérébrale. Chacune de ces artères est appelée un *axe*. Les artères carotides externes sont destinées à la vascularisation de la face et du cou.

La situation respective de ces quatre axes est montrée de manière schématique sur la figure 2.5. Les deux artères vertébrales se rejoignent à la jonction crânio-vertébrale pour former le tronc basilaire. Les carotides internes rejoignent le tronc basilaire à la base du cerveau pour former le cercle artériel de la base (*polygone de Willis*). Le polygone de Willis (voir figure 2.6) est très important pour la circulation cérébrale : c'est l'*anastomose* principale (une anastomose est une connexion naturelle, mais parfois artificielle (chirurgicale), entre vaisseaux sanguins) où se rejoignent les quatre axes principaux assurant la circulation intra-cérébrale. Si chaque axe, comme nous allons le voir, irrigue de préférence un territoire bien défini du cerveau, la présence du polygone de Willis lui en retire l'exclusivité : c'est à son niveau que la déficience éventuelle d'un des axes va pouvoir être compensée par les autres, assurant ainsi une irrigation égale de chaque partie du cerveau.

Malgré l'anastomose, chaque vaisseau sortant du polygone vient, dans le cadre d'une circulation intra-cérébrale normale, naturellement prolonger un axe (voir la figure 2.6). On le constate aisément sur les images angiographiques (voir figure 2.7).

Les artères cérébrales alimentent le cerveau. Les artères vertébrales puis le tronc basilaire alimentent le tronc cérébral et le cervelet (via les artères cérébelleuses). Les artères cérébrales postérieures longent la face inférieure du cerveau pour rejoindre sa face postérieure. Les cérébrales moyennes suivent la fissure latérale (vallée de Sylvius) vers les faces latérales du cerveau. Enfin, les artères cérébrales antérieures contournent le corps calleux par le dessus et vascularisent la face médiale des hémisphères.

La circulation intra-cérébrale est complétée par le drainage veineux assuré par les veines cérébrales se jetant dans les *sinus de la dure-mère* qui sont visibles sur les images DSA de temps veineux (voir la

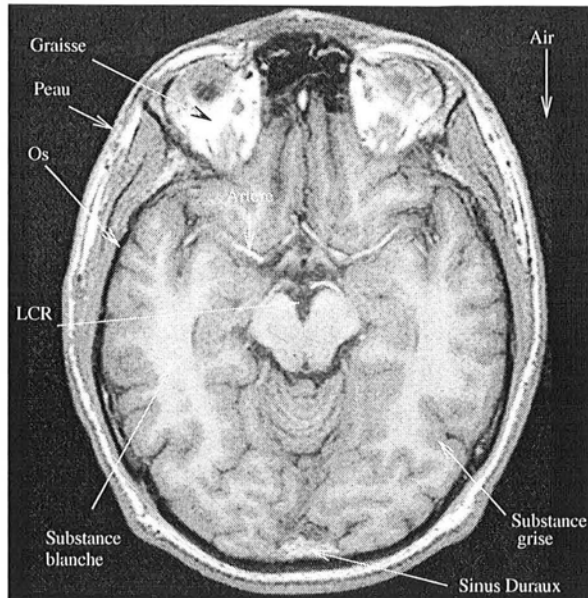


FIG. 2.1 – Coupe IRM axiale en T1 montrant les différents tissus présents dans le cerveau

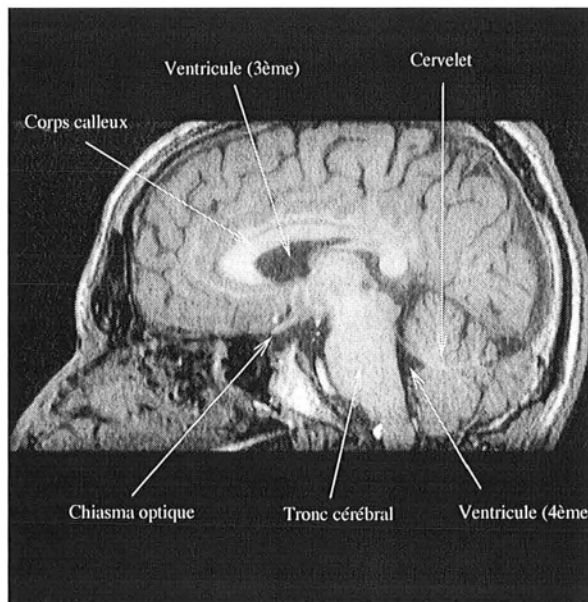


FIG. 2.2 – Coupe IRM sagittale médiane en T1 montrant quelques structures profondes remarquables du cerveau

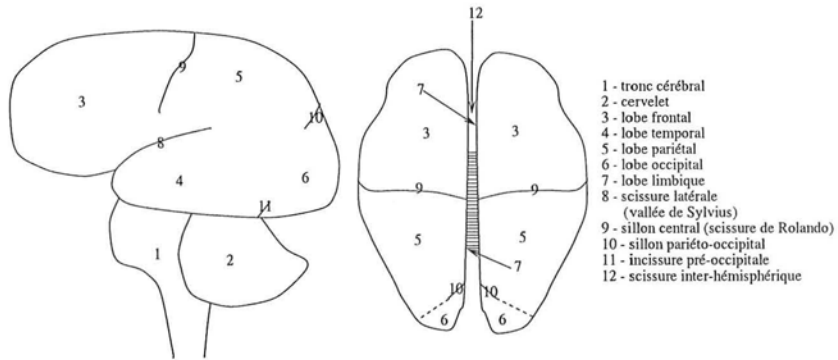


FIG. 2.3 – Lobes et sillons principaux du cortex cérébral (vues en profil gauche et supérieure)

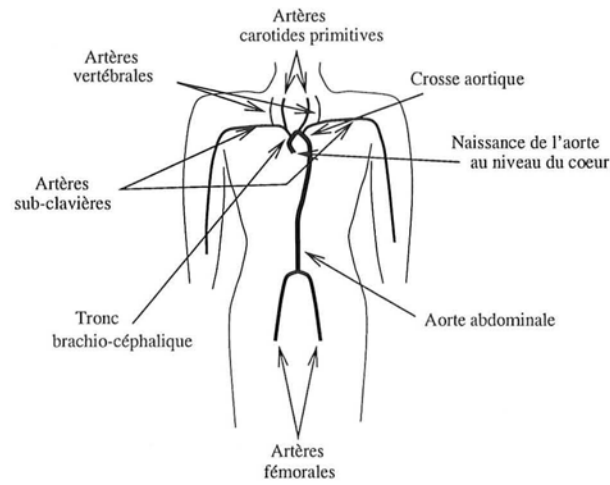


FIG. 2.4 – L'aorte et les artères principales qui en sont issues

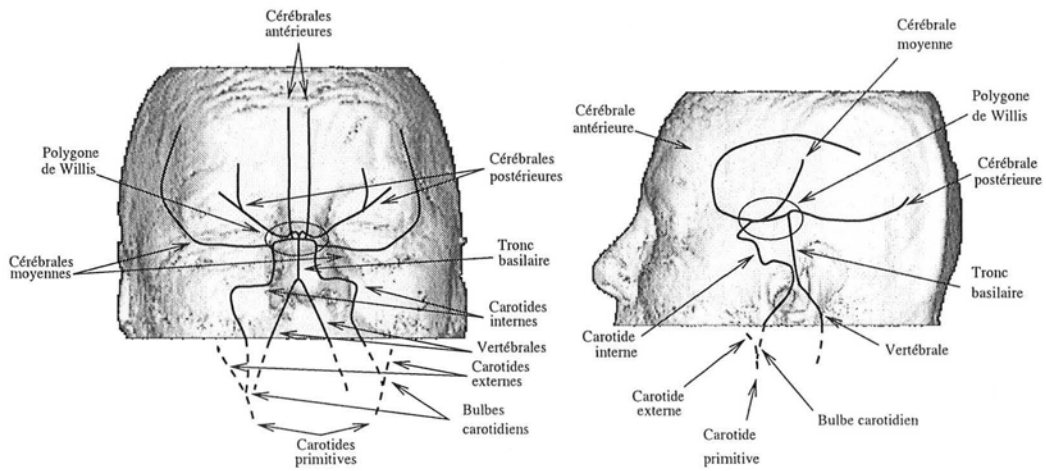


FIG. 2.5 – Axes intra-crâniens majeurs : vue de face et profil gauche

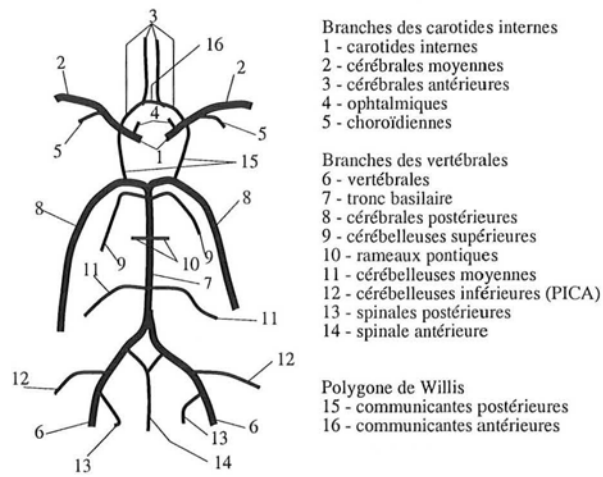
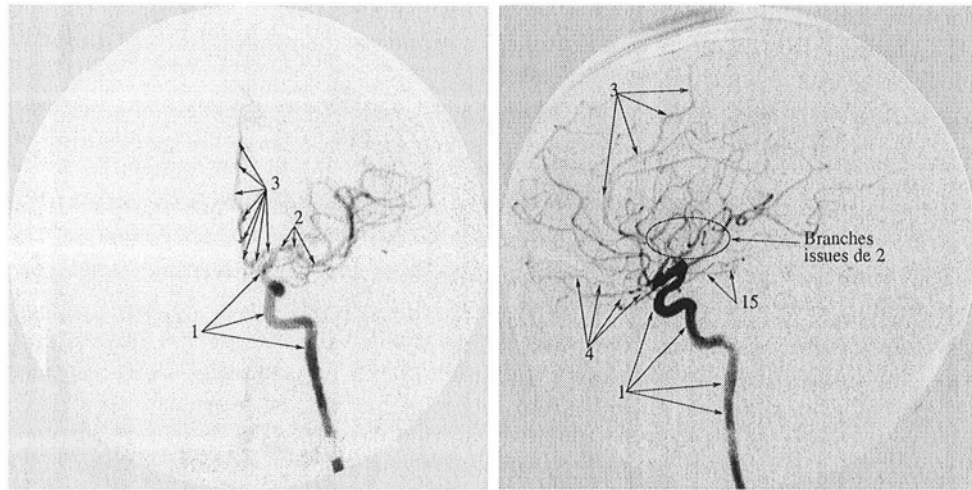
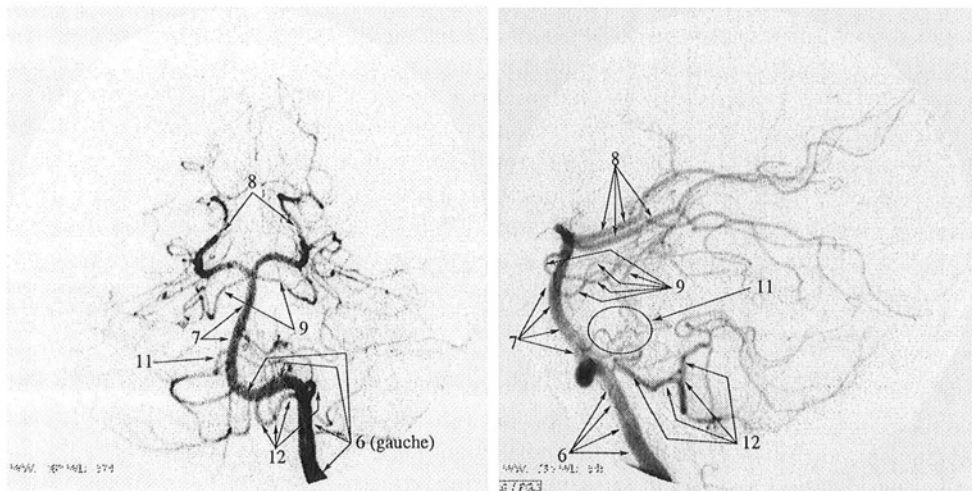


FIG. 2.6 – Polygone de Willis



(a) Carotide interne (gauche)



(b) Vertébrale (gauche)

FIG. 2.7 – Visualisation des artères en DSA

figure 1.3(d)).

Nous avons vu que la taille de l'aorte variait entre 20 et 30 mm. Concernant les autres artères, leurs diamètres sont en général :

- 4,5-5 mm pour une carotide interne ;
- 4 mm pour une vertébrale ;
- 4 mm pour le tronc basilaire ;
- 2-2,5 mm pour une cérébrale postérieure
- 3 mm pour une cérébrale moyenne ;
- 2 mm pour une cérébrale antérieure ;
- les autres artères ont un diamètre inférieur ou égal au millimètre.

Cette liste donne un ordre d'idée de la taille des objets d'intérêt. Ceci explique aussi la supériorité du 3DXA sur l'IRM : la résolution du premier (environ 0,25 mm) est bien adaptée à la visualisation des artères tandis que celle du deuxième (0,8 mm au mieux) les place rapidement en limite de visibilité.

2.1.4 Les zones fonctionnelles

La localisation des fonctions cérébrales est encore mal connue. Les récents progrès en imagerie fonctionnelle (PET, SPECT, IRMf) ont permis d'avancer à grand pas dans la découverte du fonctionnement du cerveau mais son étude est encore semée d'embûches :

- l'imagerie d'une part, ne montre qu'indirectement les zones fonctionnelles : elle mesure en général l'afflux de sang dans le cerveau, l'hypothèse sous-jacente consistant à dire que l'activité du cerveau (comme tout organe ou muscle) tire son énergie de la combustion de matière organique, ce qui nécessite l'oxygène véhiculé par le sang. L'hypothèse semble une évidence mais l'activité neuronale pourrait être si peu gourmande en énergie (consommation d'oxygène) que l'augmentation du débit sanguin ne serait pas détectable. Une part active de la recherche tente donc de mettre au point de nouvelles méthodes de détection (plus directes) de l'activité cérébrale.
- voir l'activité cérébrale est une chose mais il faut d'autre part la relier à une activité du corps (motrice, intellectuelle, etc.). Cela requiert la mise au point de protocoles d'expérimentation rigoureux et extrêmement difficiles à définir. Tout médecin s'intéressant au sujet rêve de prononcer une phrase comme "nous allons vous demander de ne rien faire (ni penser, ni respirer, ni cligner des yeux) hormis bouger la dernière phalange de votre petit doigt de la main gauche". Ils n'ont malheureusement pas encore trouvé de patient suffisamment coopératif. L'étude des conséquences de lésions cérébrales chez des malades est donc un complément vital à l'imagerie, même si elle dépend fortement des circonstances et ne permet pas l'étude exhaustive du domaine.

Le cortex est la partie fonctionnelle du cerveau. Nous avons assimilé plus haut le cortex à la surface du cerveau mais en fait la surface n'en est que la partie visible et le jeu des nombreuses circonvolutions fait que seul un tiers du cortex est visible. Les moyens d'imagerie permettent à présent d'étudier la partie profonde du cortex cérébral mais seule la surface est bien connue d'un point de vue fonctionnel. Nous nous limiterons donc ici à un bref exposé des fonctions qui lui sont associées.

Nous avons vu que la surface du cerveau était découpée en lobes anatomiques. Dans le domaine fonctionnel, un découpage plus précis en *aires* a été défini. Chaque lobe contient bien sûr un certain nombre d'aires mais il existe entre les lobes des zones de transition, et donc des aires, qui ne peuvent pas être associées à un unique lobe. Ceci étant précisé, nous allons tenter d'attribuer à chaque lobe un ensemble de fonctions.

Le lobe frontal est relié au mouvement dans son exécution (image du corps musculaire dans l'aire 4 : Homunculus de Penfield) et dans sa coordination (aire du langage de Broca, programmation des mouvements et ajustements posturaux). On y trouve également certains centres viscéraux.

Le lobe temporal contient trois fonctions : une fonction auditive primaire et associative (aire du langage de Wernicke) qui est cependant difficile à situer ; une fonction de mémorisation pour le langage (noms de personnes, de lieux, etc.) ; une fonction de reconnaissance visuelle de la forme des objets.

Le lobe pariétal a un rôle somatosensible : on y trouve une représentation du corps sensible (Homunculus sensible). Le sens gustatif y est en particulier géré. La perception tactile tridimensionnelle loge dans

le lobe pariétal avec notamment la localisation des objets avec l'élaboration de programmes moteurs pour les atteindre. Ce lobe collabore avec le lobe occipital pour la perception et la mémoire spatiale et avec le lobe temporal dont il complète l'aire du langage de Wernicke.

Le lobe occipital contient le cortex visuel primaire, où est projeté l'image rétinienne, et le cortex visuel associatif qui joue un rôle dans la perception spatiale (localisation) des objets ainsi que dans leur identification. On y trouve ainsi le contrôle des mouvements oculaires.

Le lobe limbique enfin regroupe les fonctions olfactives, de mémorisation et de contrôle du comportement (en particulier le comportement émotionnel). Il a aussi des fonctions végétatives (circulation, métabolisme, etc.).

2.2 Les pathologies vasculaires

2.2.1 Les anévrismes

Définition

Un *anévrisme* (l'orthographe anévrisme est également correcte) est une dilatation segmentaire d'une artère à l'origine d'une cavité remplie de sang et de caillots, communiquant avec la lumière vasculaire. Un anévrisme peut être *sacculaire* quand la dilatation se traduit par l'apparition d'une poche (*sac anévrysmal*) en un endroit précis de la paroi vasculaire, comme une hernie dans un pneu de bicyclette. La zone de connection entre le sac anévrysmal et la paroi vasculaire est le *collet* (voir figure 2.8(b)). Un anévrisme peut aussi être *fusiforme*. Dans ce cas, la dilatation produit une augmentation localisée du diamètre vasculaire (voir figure 2.8(a)).

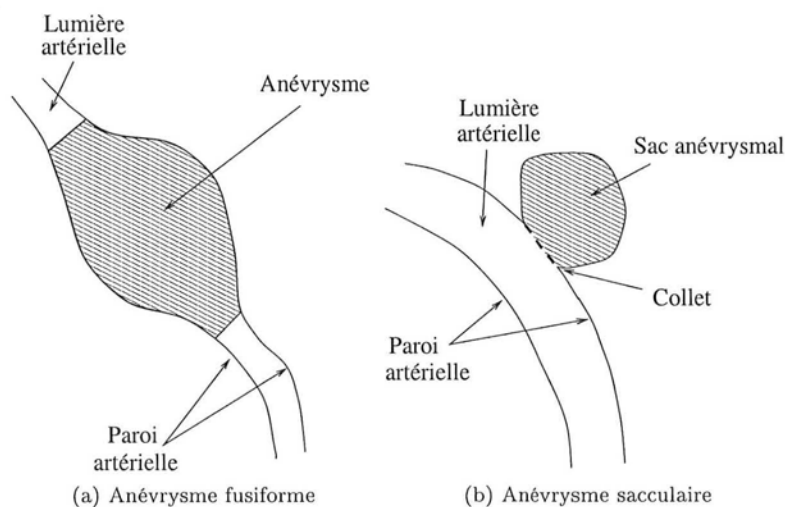


FIG. 2.8 - Principaux types d'anévrismes

On trouve essentiellement des anévrismes sacculaires dans le cerveau. Nous ne nous intéresserons donc qu'à ce type d'anévrisme.

Les anévrismes sont de taille variable qui dépend entre autres de leur âge, de la pression vasculaire locale et de leur localisation. Un anévrisme peut atteindre plusieurs centimètres de taille caractéristique (longueur pour les fusiformes, diamètre du sac pour les sacculaires).

Conditions d'apparition

La genèse et l'apparition des anévrismes sont mal connues. Une des hypothèses avancées est que la présence d'un anévrisme traduit une faiblesse de la paroi vasculaire. Celle-ci pourrait trouver son origine dans le patrimoine génétique du patient mais également être accidentelle (coupure superficielle de la

paroi interne). Cette faiblesse empêcherait la paroi vasculaire de bien résister à la pression sanguine. Elle se déformerait donc progressivement, donnant naissance à l'anévrisme. Cette hypothèse est encore loin d'être confirmée, et représente d'ailleurs certainement une vue très partielle de la réalité. Elle a cependant l'avantage de fournir au patient une explication satisfaisante de sa maladie.

Risque médical

L'origine évolutive des anévrysmes explique que cette pathologie concerne principalement les personnes d'âge mûr (entre 30 et 40 ans). Le risque médical est essentiellement de type hémorragique : la paroi vasculaire se rompt (atteignant sa limite d'élasticité, si nous suivons la théorie développée ci-dessus), on parle alors de *rupture d'anévrisme* ; mais le sac anévrysmal peut également écraser certaines structures voisines (un nerf par exemple), cause d'une gêne chez le patient. Ces deux risques donnent les deux pistes principales de détection d'un anévrisme : hémorragie, en général sub-arachnoïdienne ou méningée, ou examen d'imagerie visant à trouver l'origine d'un autre trouble clinique en rapport ou non avec l'anévrisme (maux de tête, perte d'acuité visuelle, etc.), on parle alors de détection fortuite. L'hémorragie représente tout de même une grande majorité des cas, expliquant l'urgence souvent associée à cette pathologie. Dans le cas d'un anévrisme intra-cérébral qui saigne, la survie est de l'ordre de 50%. En général, l'hémorragie s'arrête spontanément. Le traitement vise alors à prévenir une deuxième rupture (quasi-systématique).

Tout le monde porte des micro-anévrysmes mais d'une part tout micro-anévrisme ne se développe pas en anévrisme et d'autre part, tout anévrisme ne saigne pas. On considère en général qu'un anévrisme intra-crânien donc le sac a un diamètre inférieur à deux millimètres n'est pas dangereux mais ce fait est contesté par certaines personnes (dont les médecins avec lesquels j'ai travaillé) qui font face à un viol hebdomadaire (pour ne pas dire quotidien) des statistiques reliant le risque de saignement et la taille d'un anévrisme. La prédisposition génétique pourrait jouer un rôle dans le risque médical.

Situations les plus fréquentes dans le cerveau

L'anévrisme naît d'une faiblesse de la paroi vasculaire que rencontre un flux sanguin perturbé. On trouvera donc essentiellement les anévrysmes sur les artères et plus précisément aux bifurcations artérielles. Quelques lieux classiques :

- extrémité supérieure du tronc basilaire ou origine des cérébelleuses pour le système vertébro-basilaire ;
- origine de l'artère ophtalmique ou des choroïdiennes, communicante antérieure, ainsi que les bifurcations de l'artère sylvienne pour les carotides.

Il est à noter qu'une symétrie existe pour les anévrysmes de la carotide : si un anévrisme est détecté sur une carotide, on trouvera souvent un anévrisme sur l'autre carotide, au même endroit. On parle alors d'*anévrisme en miroir*. Ce phénomène plaide en faveur du rôle de la génétique dans l'apparition de cette pathologie.

2.2.2 Les malformations artério-veineuses (MAV)

Définition

Aussi appelées *angiomes*, les *malformations artério-veineuses* (ou MAV) sont des tumeurs bénignes constituées par la prolifération de divers types de vaisseaux sanguins. Une MAV est constituée d'une zone de vaisseaux anormaux appelée *nidus* alimentée par une ou plusieurs artères et drainée par une ou plusieurs veines. En général, une MAV est compartimentée en zones faiblement connectées. Chaque compartiment est alimenté par une artère et drainé par une veine.

Conditions d'apparition

Les MAV sont généralement d'origine génétique, ce qui explique la relative jeunesse de la population souffrant de cette pathologie. On a longtemps pensé qu'une MAV n'évoluait pas (elle ne pouvait ni apparaître, ni disparaître) mais aujourd'hui certains cas tendent à prouver qu'une MAV soignée peut

réapparaître, de même qu'une MAV peut se résorber spontanément. Cette évolution reste quand même extrêmement rare et peut être qualifiée d'anecdotique.

Risque médical

L'origine du risque médical tient au fait que la zone anatomique correspondant à la MAV n'est pas irriguée : le sang traverse la MAV sans pénétrer le parenchyme musculaire ou cérébral. Deux conséquences apparaissent alors. D'abord, la pression sanguine est très importante dans la MAV, ce qui en fait une zone à fort risque hémorragique. Ensuite, le flux sanguin important dans la MAV crée à son niveau comme une "fuite" dans le système vasculaire – appelée *hémodétournement* (la MAV "aspire" le sang) – provoquant des déficits en sang (*ischémies*), et donc en oxygène dans le réseau sanguin parallèle à la MAV. Dans le cerveau ces deux conséquences peuvent prendre un caractère dramatique : la première pour le risque mortel lié à l'hémorragie cérébrale (hématome) dont nous avons déjà parlé lorsque nous avons présenté les anévrysmes ; la deuxième quand la zone cérébrale qui souffre d'ischémie est fonctionnelle : des troubles neurologiques parfois graves apparaissent alors. Enfin, une MAV intra-cérébrale, n'irriguant pas le parenchyme qu'elle traverse, correspond à une zone cérébrale atrophiée qui peut être un foyer épileptique.

À la différence des anévrysmes, l'hémorragie n'est donc pas le signe principal de la présence d'une MAV. Ce sont souvent des patients relativement jeunes et souffrant de troubles neurologiques (avec les conséquences sociales que l'on imagine aisément) qui viennent consulter.

Situations les plus fréquentes dans le cerveau

Les MAV intra-cérébrales n'ont pas de zone de prédilection. La difficulté, et donc le risque thérapeutique auquel nous pouvons les associer tient plutôt à leur particularité d'être très bien délimitées dans l'espace, contrairement aux tumeurs malignes qui contaminent progressivement leur entourage. La frontière entre la zone malade, sans aucun danger thérapeutique puisqu'elle ne fonctionne pas, et une zone saine, potentiellement fonctionnelle (par exemple, une MAV peut avoir élu domicile dans une partie du tronc cérébral sans provoquer pour autant de déficit fonctionnel) est donc très nette, ce qui nous permet déjà d'évoquer le très haut degré de précision que le médecin devra mettre dans son geste thérapeutique.

2.2.3 Les fistules artério-veineuses

Définition

Une *fistule vasculaire* est un canal anormal faisant communiquer directement une (ou plusieurs) artère(s) et une (ou plusieurs) veines.

Conditions d'apparition

Les fistules peuvent être des malformations de naissance, découvertes chez le sujet jeune, ou acquises, se révélant alors chez le sujet plus âgé.

Risque médical

On retrouve les risques liés aux MAV : risque hémorragique dû à la pression sanguine élevée et création de zones ischémiques.

Situations les plus fréquentes dans le cerveau

Pas de zone privilégiée chez les sujets jeunes, souvent au niveau de la dure mère chez les plus âgés.

2.2.4 Les thromboses vasculaires

Définition

Une *thrombose* est une coagulation du sang *in vivo* dans une cavité vasculaire ou le cœur. Le produit de cette coagulation s'appelle un *thrombus*.

Conditions d'apparition

Le sang coagule naturellement au contact d'une substance étrangère ou anormale. Parmi les causes, on trouve donc les *plaques d'athérome* ou les micro-coupures de la paroi artérielle. Il nous faut souligner le cas particulier de la neuroradiologie interventionnelle qui utilise la technique de cathétérisme : un tuyau très long et très fin est introduit dans les artères. C'est donc un objet étranger qui entre au contact du sang. En réaction, le sang coagule et forme des caillots (thrombus). Cette réaction naturelle est prévenue par l'utilisation d'anti-coagulant lors d'une intervention de neuroradiologie interventionnelle.

Risque médical

L'apparition du thrombus a pour effet de boucher le vaisseau sanguin. Le phénomène est donc progressif mais s'exprime de manière brusque et violente. Soit le thrombus a grossi, attaché à la paroi vasculaire jusqu'à ce que la lumière soit insuffisante pour alimenter les tissus en aval de l'artère (ischémie progressive) : c'est l'infarctus, avec les conséquences que l'on connaît pour le cœur ou l'apparition d'un déficit neurologique dans le cerveau. Soit la pression sanguine arrache une partie du caillot. Le thrombus est alors emporté par le sang plus en aval dans le réseau artériel jusqu'à venir boucher une artère ayant son diamètre : on parle de *projection*. L'ischémie est alors brutale, mais le déficit associé peut s'avérer tout aussi grave (une projection dans l'artère ophthalmique entraîne la cécité de l'œil en aval).

Il existe différentes méthodes pour se débarrasser du thrombus. Nous pouvons par exemple citer la chirurgie, ou encore la *fibrinolyse* : injection d'un produit qui va lyser le thrombus en défaisant en quelque sorte les nœuds qui tenaient serré le paquet de fibres. L'important est d'agir vite : par exemple dans le cerveau, le déficit disparaîtra totalement si l'opération a lieu dans les quatre heures qui suivent la projection et sera au contraire irréversible si rien n'est fait dans les neuf heures (ces chiffres étant modulés par l'âge ou encore l'état général de santé du patient).

Situations les plus fréquentes dans le cerveau

Il n'existe pas de zone privilégiée si ce n'est qu'une thrombose ne sera détectée que si elle apparaît dans une artère alimentant une zone fonctionnelle.

2.2.5 Les tumeurs

Définition

Une *tumeur* est une masse tissulaire en excès constituée par une prolifération tissulaire ou cellulaire anormale, échappant aux mécanismes de régulation de l'organisme. Une tumeur peut être maligne : elle est active et contamine progressivement son entourage, ou bénigne : son développement s'arrêtera spontanément, le risque étant alors plutôt lié aux conséquences de sa présence sur les organes environnants (pression anormale, déplacement, etc.). Ce n'est pas à proprement parler une pathologie vasculaire. Certaines tumeurs sont cependant fortement vascularisées.

Conditions d'apparition

Malgré un aspect génétique (prédisposition des personnes), une tumeur peut se développer sous l'influence de facteurs extérieures (l'exemple bien connu est celui du cancer du poumon chez les fumeurs ou le cancer de la peau chez les personnes soucieuses de la perfection de leur hâle).

Risque médical

Une tumeur maligne est létale par sa prolifération et son invasion progressive de l'organe (ou des organes) hôte(s). Une tumeur bénigne n'est généralement pas létale mais devra être régulièrement contrôlée. L'ablation d'une tumeur bénigne est parfois rendue nécessaire par la gêne qu'elle cause en perturbant son entourage.

À cause de leur forte vascularisation, certaines tumeurs peuvent présenter un risque hémorragique. Ce risque est d'ailleurs particulièrement présent lors d'une chirurgie d'exérèse de la tumeur. On va donc chercher à réduire la vascularisation de la tumeur avant l'opération, en injectant, par exemple, des micro-billes dans les artères afférentes par micro-cathétérisme (ex : méningiomes).

Situations les plus fréquentes dans le cerveau

Pas de zone privilégiée.

2.3 Les traitements médicaux

Les pathologies que nous venons de présenter peuvent toutes se déclarer dans le cerveau. Cette partie du corps humain est à la base de nombreux phantasmes et craintes de l'imaginaire collectif à cause du rôle central qu'elle joue dans la définition de la personnalité voire de l'être humain même. L'observation des patients présentant une lésion cérébrale a montré une disproportion terrifiante entre l'ampleur de la lésion et les signes cliniques : un petit caillot dans une artère peut rendre hémiparétique alors que Phineas Gage, jeune contremaître de Nouvelle-Angleterre, dont la boîte crânienne fut littéralement transpercée par une barre en fer de 1,10 m de long sur 3 cm de diamètre se retrouva intact physiquement mais beaucoup plus irascible qu'avant. Le cerveau apparaissait alors comme un terrain miné où l'explorateur devait avancer à pas comptés car chaque mouvement, aussi infime fût-il, pouvait avoir des conséquences dramatiques pour son patient.

L'activité médicale autour du cerveau fut donc pendant longtemps de deux types. D'une part, une chirurgie simple, la trépanation, permettait la survivance de certaines personnes. Bien que très ancienne (les hommes préhistoriques la pratiquait déjà avec un certain succès), elle resta longtemps uniquement pragmatique et extrêmement létale. D'autre part, l'observation des patients avec des lésions cérébrales était le seul moyen de progresser vers une meilleure compréhension de cet organe mythique à travers l'élaboration d'une cartographie cérébrale.

Ce n'est donc qu'au siècle dernier que le pas a enfin pu être franchi. La carte fut suffisamment avancée, presque telle que nous l'avons présentée dans la section 2.1, pour que les pionniers de la neurochirurgie se sentent prêts à franchir le cap et passer de l'observation du cerveau à son opération.

Nous allons dans cette section présenter les modes opératoires qui ont été progressivement définis pour soigner le cerveau. La neurochirurgie en premier lieu, principale voie de traitement mais très invasive. Ce caractère invasif est réduit pour les pathologies vasculaires avec l'élaboration de la neuroradiologie interventionnelle. Enfin, la radiothérapie améliore encore l'ergonomie du soin.

2.3.1 La neurochirurgie

La neurochirurgie est la chirurgie du cerveau et du rachis. Nous pouvons dégager deux grands actes : la biopsie et la chirurgie. La biopsie consiste à aller extraire un échantillon de tissu dans la zone suspecte pour l'analyser. La chirurgie consiste à ouvrir la boîte crânienne du malade pour travailler directement sur la zone pathologique et la soigner. Le lecteur désireux d'en savoir plus sur cette technique peut, par exemple, se référer à la thèse d'É. Cuchet [Cuc96].

Dans les deux cas, le problème du chirurgien est de mener un ou plusieurs outils vers la pathologie. Une grande partie de la difficulté de l'acte réside donc dans la définition d'une *voie d'accès* : quel chemin emprunter pour atteindre sa cible à partir de la peau ? La voie d'accès doit être rectiligne afin de pouvoir manipuler les instruments, et elle ne doit traverser aucune zone dangereuse (zone fonctionnelle ou veine par exemple). Les progrès de l'imagerie médicale ont ainsi été à la source d'une amélioration considérable de la sécurité d'une opération de neurochirurgie. L'image permet d'une part de situer précisément la

pathologie dans le cerveau du patient et d'autre part fournit une carte individualisée du cerveau que le chirurgien s'apprête à opérer. Il est alors possible de planifier l'opération, de la simuler même grâce à certains systèmes récents, et de minimiser ainsi le temps passé en salle d'opération.

Les avantages de la neurochirurgie sont sa relative simplicité de mise en œuvre d'une part : elle ne nécessite rien de plus qu'une salle d'opération ordinaire ; d'autre part, son efficacité : une pathologie est traitée, dans la grande majorité des cas, en une seule séance, et la guérison est totale.

En revanche, cette technique est extrêmement invasive : si une toute petite ouverture est nécessaire pour une biopsie (elle doit être suffisante pour laisser passer le tube qui guidera la pince extractrice vers la pathologie), c'est en général un carré (*volet*) osseux de plusieurs centimètres de côté qui doit être oté afin de pouvoir créer une sorte de pyramide de travail, dont le sommet plonge dans la pathologie. L'utilisation de microscopes permet cependant de réduire la base de cette pyramide. Un autre grand inconvénient concerne le patient : une opération de neurochirurgie est une opération lourde qui nécessite un long temps de convalescence. Nous avons également déjà souligné les appréhensions que peut susciter la chirurgie du cerveau. De plus, le patient est partie défigurée (imposante cicatrice et crâne en partie rasé) pendant quelques semaines après l'opération, ce qui n'est pas toujours facile à supporter, même si, à distance, les traces sont souvent minimales sur le plan esthétique. Enfin, une voie d'accès n'est pas toujours possible à définir, ce qui rend alors le traitement par neurochirurgie impossible.

Les anévrismes sacculaires sont traités en plaçant une pince (*clip*) au niveau du collet afin d'isoler le sac de l'artère porteuse. Les tumeurs (MAV et autres) sont soignées par ablation. Là encore l'imagerie est très utile car une tumeur présente rarement à l'œil une couleur ou une texture différente des tissus qui l'environnent, alors que l'IRM, par exemple, la différencie très nettement. Une simple ouverture de l'artère permet de retirer un thrombus. Les fistules sont soit bouchées par ligature, soit brûlées.

2.3.2 La neuroradiologie interventionnelle

La neuroradiologie interventionnelle est née de l'idée que les pathologies vasculaires pouvaient être soignées *de l'intérieur*. Le principe de cette technique est donc d'apporter des micro-outils sur le lieu de la pathologie en suivant l'intérieur du réseau artériel et de les utiliser pour soigner le patient.

Dans un premier temps, le neuroradiologue procède au *cathétérisme* des artères :

- un premier tuyau court et rigide, l'introducteur (*désilet*) est inséré au niveau de l'artère fémorale (*point de ponction* au niveau de l'aîne, les autres endroits possibles étant l'artère humérale dans le pli du coude ou une ponction directe dans les artères du cou).
- un long tuyau, le *cathéter porteur*, est ensuite introduit dans le désilet et poussé depuis l'artère fémorale jusqu'à l'aorte abdominale. Au niveau du cœur, le médecin l'introduit dans l'aorte puis une sub-clavière pour enfin atteindre la base d'un des quatre axes de vascularisation cérébrale (les deux carotides et les deux vertébrales). La partie distale (la plus éloignée du point de ponction) du cathéter est plus fine que sa partie proximale (la plus proche du point de ponction).
- enfin, un tuyau encore plus fin, le *micro-cathéter* est amené par l'intérieur du cathéter jusqu'à la base de l'axe puis guidé jusqu'à la pathologie. C'est par l'intérieur de ce micro-cathéter que seront envoyés les micro-outils.

La partie proximale des cathéters reste en dehors du patient, de telle sorte que le médecin peut les manipuler pour placer à sa guise (ou presque!) leurs parties distales.

Toutes ces opérations sont bien entendu délicates. Elles sont réalisées sous le contrôle de l'angiographie que nous avons présentée dans le premier chapitre. La pratique de la neuroradiologie interventionnelle requiert donc une salle spécialisée comportant un appareil d'angiographie. Le produit de contraste (iode) est injecté dans le cathéter porteur pour les acquisitions de graphie ou de roadmap, mais le neuroradiologue peut également injecter dans le micro-cathéter afin de visualiser les artères en aval de sa partie distale (*injection distale*). L'injection peut se faire manuellement (roadmap, scopie, injection distale) ou par l'intermédiaire d'une pompe (uniquement pour les injections dans le cathéter porteur sous graphie), ce qui permet de bénéficier d'une injection franche et régulière, et au médecin de s'abriter derrière un paravent plombé durant les acquisitions en graphie. Enfin, la manipulation du (micro-)cathéter se fait sous scopie. Il n'est cependant pas visible, étant donné la faible opacité qu'oppose le plastique aux rayons X et surtout l'épaisseur microscopique traversée. Ainsi, l'extrémité distale de chaque (micro-)cathéter

est cerclée d'une petite bague en or afin de la rendre opaque (voir annexe A) et de la localiser dans les images. De plus, une deuxième bague est placée à quelques centimètres en amont de l'extrémité distale de manière à pouvoir en estimer l'orientation.

Il existe plusieurs sortes de micro-outils :

- le *guide* est un long fil très fin (aussi fin qu'un cheveu) et assez rigide que le médecin peut insérer dans son (micro)-cathéter à la manière d'un tuteur, pour rigidifier son (micro)-cathéter et, par exemple, l'aider à suivre la bonne artère au niveau d'une bifurcation ou placer l'extrémité de son micro-cathéter à l'intérieur du sac anévrysmal. Un guide n'est pas toujours utile car il existe des cathéters dits "flux-dépendants", c'est-à-dire qu'ils suivent le cours principal du sang dans le réseau artériel : nous avons en effet vu que certaines pathologies vasculaires, notamment les MAV, avaient tendance à aspirer en quelque sorte le sang, détournant ainsi le cours principal pour l'attirer à elles.
- le *coil* est une sorte de ressort, généralement en platine. En fait, quand le médecin choisit un coil, il choisit un micro-cathéter dans lequel se trouve un guide auquel est attaché un coil par une micro-soudure (système d'attache des *Guglielmi Detachable Coils* (GDC), mais il existe également des systèmes d'attache mécaniques en forme de pince). Le coil a la forme d'un fil dans le micro-cathéter mais il s'enroule sur lui-même dès qu'on l'en fait sortir (en poussant sur le guide), formant ainsi une bobine (le coil est alors dit "déployé"). Un coil est caractérisé par son diamètre d'enroulement (diamètre de la bobine) qui varie de 2 à 30 mm, et par sa longueur qui varie de 2 à 30 cm. Le GDC se libère en faisant fondre la micro-soudure par application d'un courant faible (pile de 9 V) pendant environ une minute.
- le *stent* est un tube court et rigide. Il est présenté, comme le coil, dans un cathéter, tourné sur lui-même ("tire-bouchonné") de façon à n'avoir qu'un diamètre très faible. Quand il sort du cathéter, il se déploie et reprend sa forme de tube. Les stents sont actuellement utilisés dans des artères du cou, cardiaques ou abdominales. La plupart des stents ont une paroi grillagée, et sont visibles par rayons X.
- l'*histoacryl*^{FM} n'est pas à proprement parler un outil. C'est une sorte de colle qui polymérise au contact du sang. Injectée par micro-cathéter, l'histoacryl va pouvoir boucher l'artère en aval. Elle est en général mélangée à du produit de contraste (20% dans la plupart des cas) afin de la rendre opaque aux rayons X.

Les stents sont surtout utilisés en neuroradiologie dans les artères du cou (autour du bulbe carotidien) et commencent à l'être au niveau des vaisseaux intracrâniens. Des recherches actives portent en effet sur la mise au point de stents plus petits (compatibles avec les vaisseaux intra-crâniens) qui pourraient être utilisés pour le traitement de certains anévrysmes fusiformes, ainsi que pour certains anévrysmes sacculaires difficiles. Les coils sont employés dans le traitement des anévrysmes sacculaires, ainsi que les anévrysmes fusiformes quand l'artère en aval peut être sacrifiée. Ils sont également parfois utilisés pour boucher une fistule. L'emploi de l'histoacryl permet de traiter les MAV (en bouchant les artères afférentes) ainsi que les fistules.

Les avantages de la neuroradiologie interventionnelle sont multiples. Elle est d'abord faiblement invasive : une simple ponction est pratiquée, ce qui permet de n'avoir recours qu'à une anesthésie locale pour tous les examens à but purement diagnostique, l'anesthésie générale étant en général demandée lors d'un traitement pour le confort du malade (temps d'examen parfois long) et du médecin : elle assure l'immobilité du patient (important pour la qualité des images angiographiques) et donne un plus grand contrôle des paramètres physiologiques (notamment de la tension artérielle). Le temps d'hospitalisation est court (le patient peut sortir un jour après l'examen) et le patient ne porte aucune marque post-opératoire (si ce n'est un hématome au niveau du point de ponction, aisément dissimulable au niveau de l'aîne qui se résorbe en quelques jours).

Le premier inconvénient est l'exposition importante aux rayons X, prix à payer pour une plus faible invasivité. Chaque nouvelle génération de machine d'angiographie bénéficie cependant des progrès constants dans le domaine de la réduction de la dose et les alopecies (chûte, le plus souvent temporaire et partielle, des cheveux) dues à une trop forte exposition aux rayons X sont à présents très rares. Le deuxième inconvénient est la longueur du traitement par neuroradiologie interventionnelle. D'une part le traitement se fait souvent sur plusieurs séances (cela est surtout vrai pour les MAV et beaucoup moins pour les anévrysmes, sauf en cas d'anévrysmes multiples). D'autre part, ce genre de traitement demande un suivi

régulier (examens d'angiographie diagnostique) pendant jusqu'à cinq ans après la dernière intervention, afin d'apprécier la stabilité du traitement réalisé. Enfin, toutes les pathologies ne peuvent être traitées par neuroradiologie interventionnelle. S'il est souvent facile de suivre le réseau artériel jusqu'au polygone de Willis, les parties distales de la circulation cérébrale sont très difficiles à atteindre : l'extrémité distale du cathéter, manipulée à plus d'un mètre de distance à travers des vaisseaux extrêmement fins (moins de 500 microns) et de nombreuses bifurcations et boucles, ne répond plus aux doigts, pourtant très habiles, du neuroradiologue.

2.3.3 La radiochirurgie

Le principe de la radiothérapie est d'aller littéralement griller la zone pathologique en y concentrant des rayons X émis sous différentes incidences. Ces rayons sont d'énergie définie et focalisés de manière à se présenter sous forme de faisceaux directionnels fins et concourants en un point appelé *isocentre*. En irradiant une zone par ce moyen, un champ d'irradiation y est obtenu dont la forme est décrite par un ensemble de surfaces fermées et emboîtées appelées *isodoses* : une isodose à 60%, par exemple, est donnée par le lieu des points de la zone irradiée qui ont reçu en fin de traitement une dose de rayons X égale à 60% de la dose maximale reçue dans cette zone, c'est-à-dire de la dose reçue à l'isocentre. On parle plus volontiers de radiochirurgie lorsque le traitement se fait en une seule séance.

La radiochirurgie nécessite donc une première phase de *planification*. Durant cette phase, le médecin définit d'abord sur des images de la pathologie (scanner, IRM ou angiographie par exemple) la zone pathologique, c'est-à-dire qu'il dessine le contour de la zone à traiter sur toutes les images la montrant. On obtient ainsi une *cible*. Dans un deuxième temps, les radiophysiciens calculent la configuration (énergie et incidence) des rayons X à émettre de façon à ce que le champ d'irradiation plonge les cellules pathologiques (contenues dans la cible) dans une zone létale à très haute dose et laisse les cellules saines (à l'extérieur de la cible) dans une zone à faible dose. Deux conditions sont nécessaires à la satisfaction de ce critère. D'une part, le contour de la cible doit correspondre à une isodose donnée (en général l'isodose à 80%). D'autre part, les isodoses doivent être extrêmement rapprochées autour de cette isodose, ce qui assure une diminution de grande amplitude et brutale de la dose entre l'intérieur et l'extérieur de la cible. Ce calcul d'isodoses se fait à partir d'images dans lesquelles la cible a été soit directement dessinée par le médecin, soit remplacé par des techniques de mise en correspondance dont nous allons largement reparler dans la suite de ce manuscrit. En général la modalité utilisée pour acquérir ces images est le scanner ou l'IRM : les images doivent en effet montrer la boîte crânienne du patient car, l'os présentant une forte absorption aux rayons X, l'énergie de chaque faisceau devra être modulée en fonction de l'épaisseur d'os traversée.

La deuxième phase est le traitement proprement dit. Il faut pour cela placer le patient de telle manière que l'isocentre soit à l'endroit calculé lors de la phase de planification. D'autre part, le patient doit être immobilisé pendant le temps du traitement (qui peut durer plusieurs heures).

Nous voyons immédiatement que la radiochirurgie se base sur la multimodalité : elle demande une mise en correspondance entre la (éventuellement les) modalité(s) qui a (ont) servi au médecin pour définir la cible, la modalité utilisée pour le calcul des isodoses, la machine de radiothérapie qui émet des rayons X concourants en son isocentre et bien entendu le patient qui porte la zone à traiter. Cette mise en correspondance est réalisée au moyen d'un *cadre de stéréotaxie*. L'utilisation est plus amplement décrite dans la deuxième partie de ce manuscrit, mais nous exhortons le lecteur à consulter la thèse de L. Launay [Lau96] pour son application dans le cadre particulier de la neuroradiologie interventionnelle et la thèse d'É. Cuchet pour son utilisation en neurochirurgie. Brièvement, le cadre de stéréotaxie a deux fonctions en radiochirurgie. Premièrement, il porte un ensemble de marqueurs (petits objets de forme caractéristique) visibles dans chaque modalité, en nombre suffisant et assez espacés de manière à définir un repère de référence robuste et fiable appelé *repère stéréotaxique*. Les marqueurs peuvent être différents d'une modalité à l'autre, l'essentiel étant que chaque ensemble se réfère au même repère (autrement dit les coordonnées de chaque marqueur sont connues dans le repère stéréotaxique). On peut ainsi attribuer à chaque point de chaque modalité des coordonnées dans le repère stéréotaxique en comparant sa position avec celles des marqueurs du cadre, ce qui assure la mise en correspondance de ces modalités. Le lien entre le repère stéréotaxique et le repère propre à la machine de radiothérapie est effectué grâce à l'acquisition d'images rayons X montrant les marqueurs du cadre de stéréotaxie par un système d'acquisition solidaire

de la machine et calibré (images portales). Deuxièmement, le cadre de stéréotaxie, vissé dans le crâne du patient, forme un système de contention qui assure d'une part l'immobilité du patient (le cadre est fixé aux tables des différents systèmes d'imagerie et de radiothérapie) et place d'autre part de manière rigide le patient dans le repère stéréotaxique.

L'avantage de la radiochirurgie est sa faible invasivité. Le port du cadre de stéréotaxie est certes très éprouvant mais de nombreux travaux, dans la lignée desquels cette thèse s'inscrit, ont pour but d'effectuer la mise en correspondance des différentes modalités sans utiliser ce cadre. D'autre part, il existe à présent des systèmes, malheureusement fort rares et fort coûteux, qui assurent une contention tout à fait satisfaisante du patient durant la phase de traitement. Cette faible invasivité, accentuant la tendance remarquée avec la neuroradiologie interventionnelle, est obtenue au détriment de la dose de rayons X reçue par le patient. Là encore cependant, les progrès des sciences radiophysiques améliorent en permanence le calcul des isodoses afin que celles-ci soit plus précises et que la dose à l'extérieur de la cible soit négligeable. De plus, si la journée du traitement est difficile à supporter pour le patient, celui-ci peut sortir de l'hôpital après seulement une nuit de repos, ne portant que quelques discrètes cicatrices sur le front, en rapport avec la fixation du cadre.

La radiothérapie nécessite cependant un équipement lourd et coûteux. De plus, la volume de la cible ne doit pas dépasser un certain seuil (par exemple, à Nancy, les cibles doivent être d'un volume inférieur à celui d'une sphère de 3 cm de diamètre), ce qui fait de la radiochirurgie un traitement qui vient souvent en complément d'une opération préalable de neurochirurgie ou de neuroradiologie interventionnelle.

La radiochirurgie s'adresse au traitement de certaines tumeurs et de certaines MAV mais pas à celui des anévrismes. Certaines fistules peuvent également être soignées par ce biais. Pour les MAV de plus de 3 cm de diamètre, la radiochirurgie intervient en complément d'un traitement préalable par neuroradiologie interventionnelle durant lequel le médecin a progressivement réduit la taille du nidus. Dans tous les cas, un traitement par radiochirurgie nécessite un suivi ultérieur régulier pour s'assurer de l'inactivation de la zone tumorale traitée.

2.3.4 Conclusion

Nous avons présenté ci-dessus les principaux traitements médicaux qu'un médecin peut proposer à son patient atteint d'une pathologie vasculaire. Chacun d'entre eux bénéficie d'avantages particuliers mais également présente un certain nombre d'inconvénients. De plus, s'ils ont chacun leur domaine d'excellence, nombre de pathologies peuvent être traitées de manière tout aussi efficace par l'un comme par l'autre. Il s'ensuit une sorte de concurrence entre tous ces traitements. Selon le centre médical, telle technique aura donc la faveur de l'équipe soignante, le choix dépendant de plusieurs facteurs tels que la compétence du médecin, l'historique du département, une décision stratégique ou, comme c'est le plus souvent le cas, l'intime conviction d'agir pour le plus grand bien du patient.

Cette concurrence a pour effet principal de motiver les personnels soignants pour l'amélioration permanente de leur pratique, dont toute une partie vise à mieux comprendre chaque technique afin de mieux les combiner pour un traitement optimal. Le patient, lui, ne doit pas voir cette concurrence mais seulement la diversité des pratiques qui lui garantit la liberté de choisir le traitement qui lui conviendra le mieux d'un point de vue émotionnel et psychologique. Cette richesse est ainsi un facteur non négligeable de l'augmentation du bien-être du patient, élément essentiel d'une intervention réussie.

Chapitre 3

Mise en pratique

Nous venons de décrire, dans les deux chapitres qui précèdent, d'un point de vue abstrait, universitaire, deux des bases de la neuroradiologie interventionnelle : l'imagerie et la médecine. Cette description n'est bien entendu pas exhaustive mais s'est limitée à l'exposé des notions essentielles à la compréhension du déroulement d'une opération et à l'appréhension de la complexité et du nombre de facteurs qu'il faut prendre en compte pour qu'elle se passe bien.

Répetons-le, nous avons cheminé dans cette thèse avec pour but d'être utiles aux médecins. Ceci signifie que notre travail devait pouvoir s'insérer de manière naturelle dans le déroulement d'une opération avec pour effet d'en améliorer certains aspects (temps, sécurité, efficacité, etc.). Le dernier point à aborder afin de pouvoir clairement énoncer notre problématique est d'observer comment se passe une opération, comprendre la signification de chaque geste, apprendre à reconnaître les difficultés que rencontre le médecin.

Dans cette optique, la thèse est basée sur une entente tripartite entre un centre de recherche, le LORIA, pour les aspects théoriques, informatiques et universitaires, le département de recherche et développement d'un acteur industriel majeur, GE Medical Systems, pour la maîtrise des machines, la prise en compte des contraintes industrielles et la qualité du dialogue avec les médecins et enfin un département de recherche médicale spécialisé dans la neuroradiologie interventionnelle, le département de neuroradiologie interventionnelle diagnostique et thérapeutique du CHRU de Nancy, pour le côté médical, la possibilité de valider notre travail, et l'observation quotidienne d'opérations.

Dans ce chapitre, nous allons dans un premier temps présenter le service de neuroradiologie interventionnelle dans lequel nous avons passé une bonne partie de notre temps de thèse. Nous exposerons ensuite dans le détail le déroulement d'une intervention en insistant particulièrement sur le rôle de l'imagerie et son utilisation. Nous nous attarderons sur les protocoles suivis pour l'opération d'un anévrisme, d'une MAV et une séance de radiochirurgie. Ces descriptions feront apparaître les possibilités d'amélioration, notamment par la mise en place d'une utilisation intégrée des différents types d'imagerie par le biais de la multimodalité.

3.1 Contexte clinique

Le département de neuroradiologie interventionnelle et diagnostique de l'hôpital neurologique de Nancy est dirigé depuis son origine, il y a plus de trente ans, par le professeur Luc Picard, spécialiste mondialement reconnu et pionnier de la discipline. Ce service est depuis sa création un des acteurs majeurs de la recherche en neuroradiologie interventionnelle et de son développement en tant qu'alternative chirurgicale viable.

Le personnel soignant est composé de cinq médecins permanents (trois professeurs et deux praticiens hospitaliers) aidés de deux internes et deux à trois médecins attachés (en général de jeunes médecins étrangers qui viennent suivre une formation de quelques années). Leur activité est soutenue par vingt manipulateurs radio (personnel chargé de la manipulation des machines d'imagerie et du traitement des images) et par une équipe de médecins et infirmières anesthésistes, infirmières de bloc et secrétaires.

Deux interventions de traitement et un à deux examens de contrôle sont réalisés par neuroradiologie interventionnelle, en moyenne et par jour, dans le service.

Le département de neuroradiologie interventionnelle a toujours disposé des dernières avancées en matière d'appareils d'imagerie. Il dispose à l'heure actuelle de trois machines d'angiographie biplan dont deux peuvent être utilisées pour des examens de stéréotaxie et une permet d'acquérir des images 3DXA, une machine d'IRM à 1.5 T ainsi qu'un appareil à 0.5 T en partage avec les autres services de neuroradiologie, un scanner hélicoïdal ainsi que des appareils de radiographie conventionnelle. Le service devrait bientôt se porter acquéreur d'un échographe.

Un grand nombre d'images sont donc générées (la capacité de production a été estimée à 17 teraoctets par an). Leur traitement et interprétation se fait donc grâce à cinq stations de travail de la dernière génération (elles ont toutes moins d'un an) et un PC (relié à un scanner de film) tous mis en relation par un réseau rapide (100 Mb/s). Un centre de radiothérapie est à proximité (5 kilomètres) relié par réseau avec le service de neuroradiologie interventionnelle.

On compte un nombre moyen de quatre examens d'angiographie par jour dont 80% concernent le traitement ou le suivi des anévrysmes.

Au niveau de l'hôpital neurologique, 90% des anévrysmes sont traités par neuroradiologie interventionnelle (les 10% restant sont traités par neurochirurgie ou ne sont pas traités). Toutes les MAV en revanche sont traitées par neuroradiologie interventionnelle, le traitement étant finalisé par une séance de radiochirurgie.

Puisque nous allons parler ici des protocoles suivis lors d'une intervention d'angiographie, il est important de donner une idée de la disposition d'une salle d'opération. La figure 3.1 montre un plan schématique de la salle d'angiographie biplan où les volumes 3DXA peuvent être acquis.

Les salles d'angiographie sont situées dans une zone stérile. C'est pourquoi le personnel soignant (habillé en stérile) emprunte une entrée différente des brancardiers (amenant le patient ou venant le chercher depuis la zone non stérile). En entrant dans la salle, un long bureau, placé derrière une vitre de radio-protection plombée, apparaît sur quasiment toute la longueur de la salle. C'est le lieu de travail des manipulateurs radio ainsi qu'un refuge pour le reste du personnel soignant. Sur ce bureau, nous trouvons de gauche à droite :

- Une station de travail : c'est la station qui sert à la reconstruction et la visualisation des volumes 3DXA. Cette station permet également de visualiser des images DSA, IRM ou scanner. Elle n'est bien entendu pas présente dans les autres salles (qui n'ont pas l'option 3DSPIN).
- Des écrans de revue d'images : il y en a deux par plan (donc quatre dans une salle biplan). Pour chaque plan, un écran va servir soit à la revue d'une série, soit à la visualisation des images lors de leurs acquisitions (graphie ou scopie). Le deuxième écran sert au stockage et rappel des images intéressantes (nous verrons dans ce qui suit comment doit être compris ce terme) mais peut également présenter une image en temps réel complémentaire de celle présentée sur le premier écran (par exemple, les images non soustraites pendant une séquence de fluoroscopie soustraite ou de roadmap).
- Une console d'acquisition : royaume du manipulateur radio pendant l'examen. C'est là que se fait le contrôle de la machine (réglage des paramètres d'acquisition, indication de la scopie/graphie/roadmap etc.). Le traitement des images (réglage et impression sur film) est également effectué à ce poste.
- Un écran de programmation de la pompe à injection : l'infirmière de bloc indique la quantité de produit de contraste à injecter avec quel débit.
- Un écran de monitoring que le médecin ou l'infirmière anesthésiste surveille en permanence pour contrôler les paramètres physiologiques du patient (pouls, tension artérielle, taux d'oxygène dans le sang).

La machine d'angiographie se trouve derrière la vitre plombée. Le patient est allongé sur la table (pieds vers la droite du plan) et le médecin se positionne à l'endroit indiqué par une croix. Face au médecin, des écrans de contrôle, répliques des écrans de revue d'images, sont suspendus et lui permettent de contrôler son cathéter et son geste interventionnel mais aussi de revoir les séries d'images acquises quand cela peut l'aider à prendre une décision (images stockées par exemple). Juste à côté, se trouve le chariot d'anesthésie qui va régulièrement contrôler le médecin ou l'infirmière anesthésiste et la pompe à

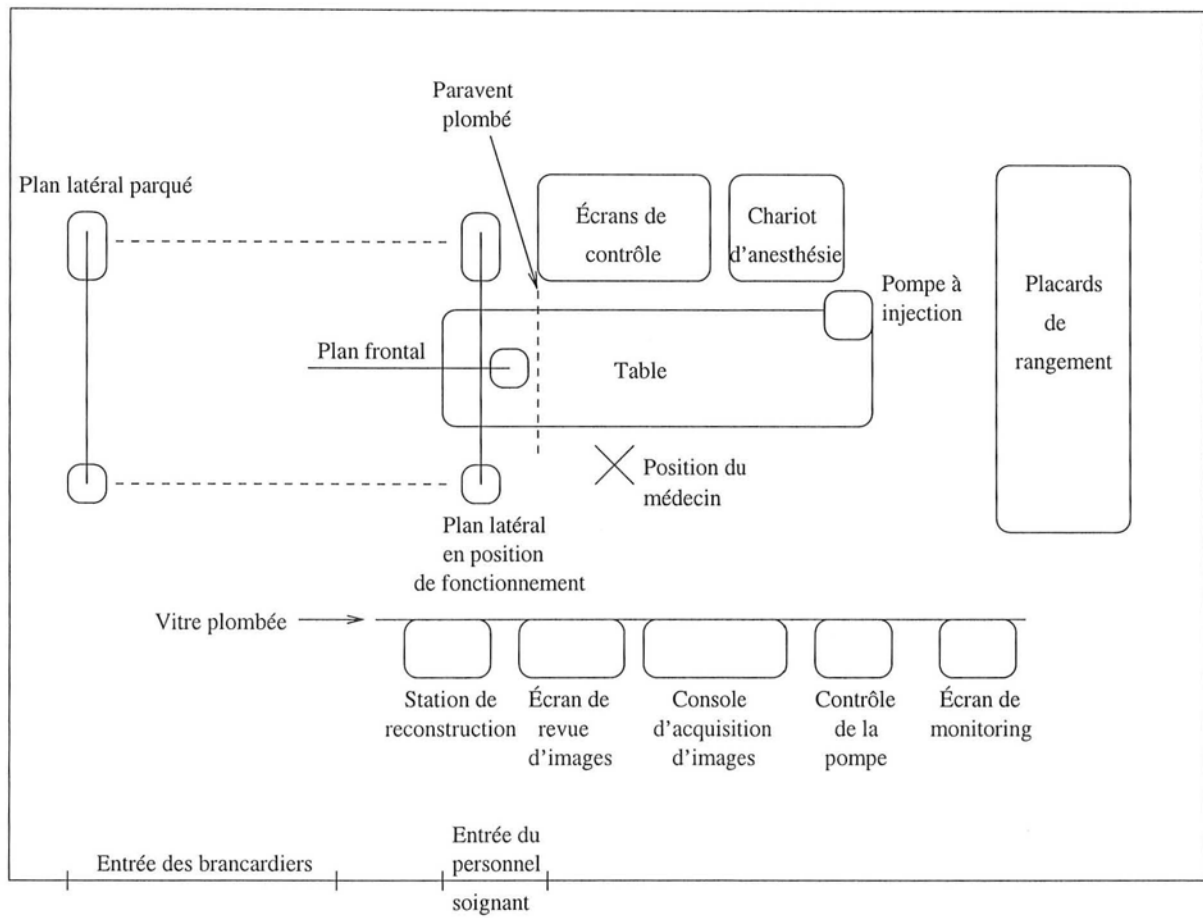


FIG. 3.1 – Plan d'une salle d'angiographie

injection, accrochée à la table au niveau des pieds du malade, dont est chargée (mais ce n'est pas là sa seule occupation !) l'infirmière de bloc. Enfin, des placards servent de rangement pour les tenues stériles des médecins, les médicaments ou autres.

3.2 Les protocoles suivis en neuroradiologie interventionnelle

Dans cette section, nous entrons dans une salle d'opération où se déroule une intervention de neuroradiologie et nous observons. Nous allons dans un premier temps décrire une intervention dans le cas où seul un diagnostic est fait (suite à un accident vasculaire cérébral ou pour le suivi d'une pathologie traitée) et donner le schéma général suivi lors d'un traitement. Dans un deuxième temps, nous nous intéresserons de plus près à l'utilisation des images lors d'une intervention pour le traitement d'un anévrisme puis d'une MAV. Nous finirons sur la description d'une séance de radiochirurgie en mettant à nouveau l'accent sur le type d'images requises et leur utilisation.

Les protocoles décrits sont ceux pratiqués dans le service de neuroradiologie du Pr. Picard : la pratique clinique de groupes différents est certainement variable dans le détail mais les problèmes rencontrés sont les mêmes.

3.2.1 Schéma général

- les bracardiers amènent le patient et l'installent sur la table ;
- les infirmières de bloc installent les différents capteurs pour le monitoring ;
- le médecin anesthésiste place le patient sous anesthésie générale si un traitement est envisagé ;
- début de l'examen d'angiographie ;
- dans le cas d'un examen diagnostique, le médecin radiologue fait une anesthésie locale au niveau du point de ponction (aine à droite) ;
- ponction et installation du désilet ;
- pour chaque artère à imager les séries diagnostiques sont acquises :
 - montée du cathéter porteur jusqu'à l'origine de l'artère sous fluoroscopie. Utilisation éventuelle du roadmap ;
 - remplissage du cathéter avec du produit de contraste grâce à une brève injection manuelle pour vérifier le bon positionnement du cathéter ;
 - branchement du cathéter à la pompe ;
 - le personnel soignant vient se réfugier derrière la vitre plombée ;
 - le manipulateur prépare son acquisition (trial ou *set*) et lance l'acquisition en graphie ;
 - revue des images par le médecin. À ce stade, le médecin va stocker les images qui résument bien la situation en début d'examen. Il pourra y faire appel lorsque le besoin s'en fera sentir (visualisation sur le deuxième écran de contrôle) ;
 - le personnel soignant retourne auprès du patient

Une série diagnostique cérébrale est une acquisition biplan face/profil en champ de 22 pour une carotide et en champ de 16 pour une vertébrale. Dans le cas d'un examen de suivi, une série sera acquise dans la même incidence que celle qui aura été utilisée pour le traitement (voir la description du traitement d'un anévrisme) ;

- dans le cas d'un traitement :
 - choix de la stratégie de soin (choix de l'artère à rejoindre et explorer) ;
 - soin : nécessite plusieurs acquisitions graphie et de la fluoroscopie (voir ci-dessous) ;
 - en fin d'examen, des acquisitions sont faites dans les mêmes conditions que les acquisitions de graphie de début d'examen, afin de vérifier qu'il n'y a pas eu d'accident à distance (projection) pendant l'examen, ainsi que l'étendue de la modification de l'hémodynamique (selon le cas, on veut s'assurer qu'elle a bien eu lieu - MAV -, ou au contraire qu'il n'y en a effectivement pas eu - anévrisme) ;
 - réveil du patient

- retrait des cathéters et du désilet ;
- le point de ponction est comprimé par le médecin qui y exerce une forte pression pendant 15 minutes. Au bout de ce temps, si le point de ponction saigne encore, 15 minutes de pression sont à nouveau requises, et ce jusqu'à l'arrêt complet du saignement ;
- le patient part en salle de réveil ;
- fin de l'examen.

3.2.2 Cas des anévrismes

Pour un anévrisme, les acquisitions diagnostiques consistent en une acquisition systématique face/profil (champ de 22 pour une carotide et champ de 16 pour une vertébrale) et une acquisition 3DXA. Lors d'un premier examen, si un anévrisme à traiter est découvert, le médecin fait un bilan complet des quatre axes (entre autres pour détecter un éventuel anévrisme en miroir). À cause de la symétrie des axes, il est impossible de déterminer à partir de la vue latérale seule quel axe (gauche ou droite) a été injecté. Pour faciliter la lecture future des films du compte-rendu d'intervention, une convention, locale au département de neuroradiologie de Nancy, veut que, dans le cas des anévrismes, le patient regarde à gauche sur les images latérales quand l'injection est faite dans un axe à gauche et à droite dans le cas contraire. Or il est physiquement impossible d'échanger les positions du tube et de l'II sur les arceaux (en particulier pour le latéral qui nous intéresse ici). Ceci est donc réalisé sur la machine d'angiographie en inversant le sens du balayage de la caméra (inversion caméra) : le résultat est une inversion horizontale de l'image (gauche-droite)².

La stratégie de traitement est définie en se basant sur les images DSA et 3DXA. Le médecin cherche à définir :

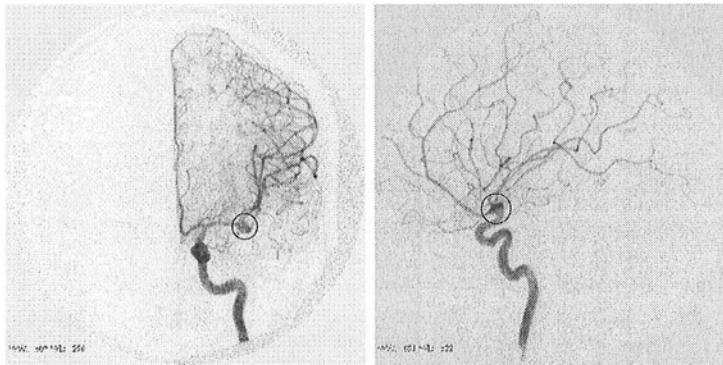
- les dimensions de l'anévrisme : profondeur et largeur maximale du sac, largeur du collet. Ces informations permettent de décider ou non de la possibilité d'un traitement. La présence effective d'un collet est en particulier un prérequis nécessaire : la largeur du collet doit être inférieure à la largeur maximale du sac afin que les coils puissent s'appuyer sur les parois du sac et ne glisser à l'extérieur de l'anévrisme. D'autre part elles aident à choisir, dans le cas où la décision de traitement est prise, la taille du coil. Un coil est défini par un diamètre d'enroulement : il doit être légèrement supérieur à la largeur maximale du sac, et une longueur, qui va définir le volume qu'occupera le coil une fois à l'intérieur de l'anévrisme. Ce volume est donné en première approximation par l'ellipsoïde de grand axe égal à la profondeur du sac et de petit axe égal à la largeur maximale du sac.
- l'angle optimal de traitement : c'est à dire l'incidence qui permet de bien dégager le collet de l'artère porteuse. Cet incidence optimale est celle qui doit permettre la présence du maximum d'information dont le médecin a besoin, dans l'image DSA (graphie et fluoroscopie) à partir de laquelle il va travailler en temps réel.

Plusieurs coils peuvent être placés. Chaque coil est introduit sous fluoroscopie et sous roadmap. Une fois en place, une série de graphie est acquise avant et après le lâcher de chaque coil (champ de 16 voire 11). La première série permet de vérifier que le coil ne déborde pas du sac dans la lumière artérielle : tout débordement provoquerait une coagulation qui peut être source de complications per- ou post-opératoires (projections, perturbation du flux sanguin). Si tel est le cas, le coil est retiré et remplacé par un autre coil de taille plus adaptée. La deuxième série permet de vérifier que le coil n'a pas bougé après le largage et fait le point sur l'avancée du traitement pour décider de la fin de l'opération ou de l'ajout d'un coil supplémentaire afin de parfaire le "packing" des coils (il faut que la boule des coils soit suffisamment serrée pour empêcher tout flux sanguin à l'intérieur de la poche anévrysmale). Une seule incidence est utilisée pour tout le traitement afin de pouvoir à tout moment évaluer l'avancée du traitement en comparant avec les images acquises en début d'examen.

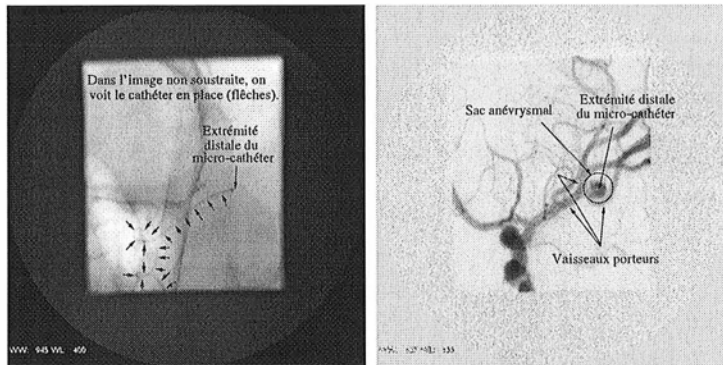
Lors des examens de contrôle qui suivront, les séries face/profil, 3D et l'oblique de traitement seront acquises afin de détecter une évolution possible de la pathologie.

La figure 3.2.2 montre les différentes étapes d'un traitement d'un anévrisme par GDC à travers une sélection d'images DSA acquises durant une intervention.

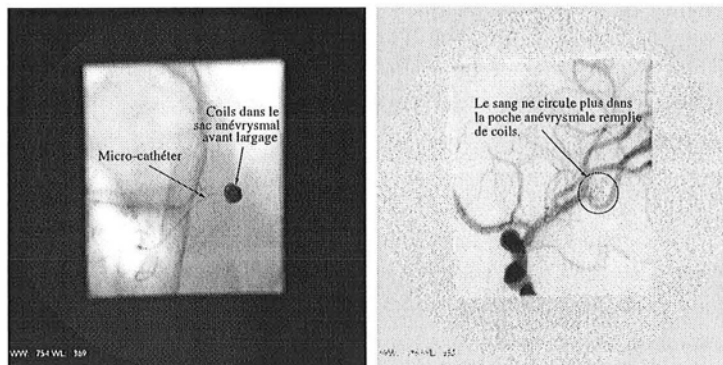
2. Une inversion caméra verticale est également possible mais elle n'est pas utilisée en neuroradiologie.



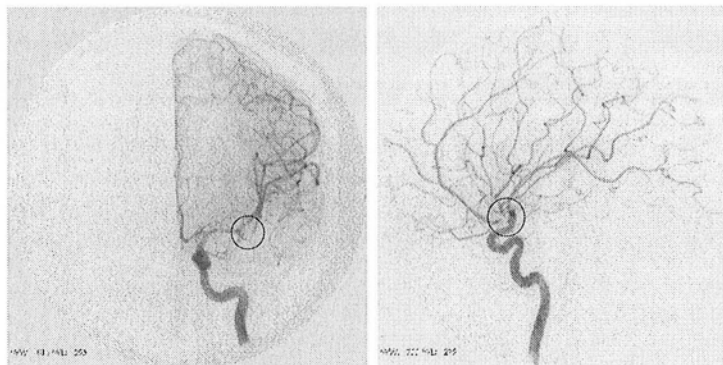
(a) Début de l'examen : images DSA face/profil de la carotide interne gauche. L'anévrisme est à l'intérieur du cercle.



(b) Une incidence dégagant le collet anévrysmal est obtenue.



(c) Même incidence après traitement.



(d) Fin de l'examen : images DSA face/profil de la carotide interne gauche. Comparer avec les images de début d'examen.

FIG. 3.2 – Les différentes phases du traitement d'un anévrisme par pose de coils

3.2.3 Cas de MAVs

Pour les MAVs, les séries diagnostiques consistent d'abord en des acquisitions face/profil de chaque axe qui alimente la MAV (lors du premier examen, tous les axes sont imagés). À la différence des anévrysmes, le patient regardera du côté de la MAV sur les acquisitions latérales (par inversion caméra horizontale) : à gauche si la MAV est située dans l'hémisphère gauche et à droite dans le cas contraire. Ces acquisitions dépeignent un état des lieux qui pourra être évalué au début et à la fin de chaque examen. En effet, la différence entre les séries de début et de fin d'examen permettent : de vérifier qu'il n'y a pas eu de projection, d'évaluer la zone qui a été traitée, et de mesurer l'ampleur des modifications hémodynamiques que le traitement a impliquées. La différence entre la série de fin d'un examen avec la série de début de l'examen suivant indique dans quelle mesure la pathologie a évolué. En effet, chaque séance d'embolisation provoque un changement de l'hémodynamique qui va à son tour entraîner soit une atrophie progressive d'une partie de la MAV (cette partie n'étant plus alimentée par une artère suffisamment grosse) ou au contraire une revascularisation de la MAV par une voie détournée (si les artéioles qui alimentent encore la MAV sont suffisamment nombreuses pour la faire demeurer active). Éventuellement, une acquisition oblique sera effectuée si elle permet de mieux dégager le réseau artériel alimentant la MAV (afin d'éviter certaines superpositions avec les veines de drainage par exemple).

Une acquisition 3DXA est parfois réalisée et permet de mieux analyser le volume de la MAV afin par exemple de pouvoir préparer plus aisément une séance de radiothérapie.

Enfin, un micro-cathéter est monté dans toutes les artères afférentes à la MAV afin de réaliser des séries d'angiographie hypersélective du nidus associé à chaque artère (injection manuelle en graphie biplan).

Les gestes thérapeutiques consistent en la montée du micro-cathéter dans l'artère à emboliser (*i.e.* à boucher) en fluoroscopie soustraite associée à des injections manuelles et avec l'aide du roadmap. Avant chaque embolisation, une acquisition en graphie biplan hypersélective est réalisée. Cette acquisition permet de simuler l'embolisation. L'embolisation est ensuite effectuée sous graphie biplan soustraite. L'histoacryl est mélangée au produit de contraste afin d'être opaque aux rayons X, ce qui permet de suivre en temps réel sur l'écran l'embolisation de la contrôler. Après embolisation, une série en graphie biplan globale est acquise dans les mêmes positions que celles réalisées en phase diagnostique : leur comparaison permet d'évaluer les modifications apportées par l'embolisation sur la MAV et sur l'hémodynamique globale. Les modifications hémodynamiques importantes que chaque embolisation provoque entraînent des risques hémorragiques. Les MAV sont donc souvent traitées en plusieurs séances espacées dans le temps.

La figure 3.2.3 montre les différentes étapes d'une embolisation de MAV par injection d'histoacryl à travers une sélection d'images DSA acquises lors d'une intervention.

3.2.4 Cas de la radiochirurgie

Chaque séance de traitement d'une MAV se traduit par la réduction progressive de la tumeur. Cependant, chaque nouvelle séance devient plus difficile : les artères afférentes sont de plus en plus petites et de plus, la pression sanguine est de plus en plus faible dans la MAV. Ces deux raisons rendent la micro-cathétérisation de la MAV de plus en plus ardue. Le but des séances d'embolisation d'une MAV est donc de la faire disparaître quand c'est possible, mais sera en général de lui donner une forme et de la réduire suffisamment pour qu'elle soit traitable par une séance de radiochirurgie. En effet, le service de radiothérapie associé au service de neuroradiologie interventionnelle dispose d'un appareil de radiothérapie du type "accélérateur linéaire". Ce type d'appareil ne permet de traiter que des cibles ayant une forme sphérique de moins de 3 centimètres de diamètre. L'acquisition récente d'un nouvel appareil doté d'un collimateur multilames devrait permettre de traiter des cibles de forme complexe mais la limite en volume restera.

Une séance de radiochirurgie va donc avoir pour but de traiter un résidu de MAV. Elle se déroule sur une journée. Au petit matin (8h), le neurochirurgien installe le cadre de stéréotaxie sur le crâne du patient. Ce dernier est ensuite conduit en salle d'angiographie. Une série biplan face/profil en champ de 22 (parfois, mais c'est plus rare, en champ de 16) est acquise par axe alimentant la MAV. Pour chaque série DSA, une série d'images de grille est acquise en vue de la correction des distorsions (voir la partie 3 de ce document pour plus de détails sur le fantôme en forme de grille et son utilisation). Le patient est ensuite mené au scanner pendant que les images acquises en salle d'angiographie sont transférées par réseau sur

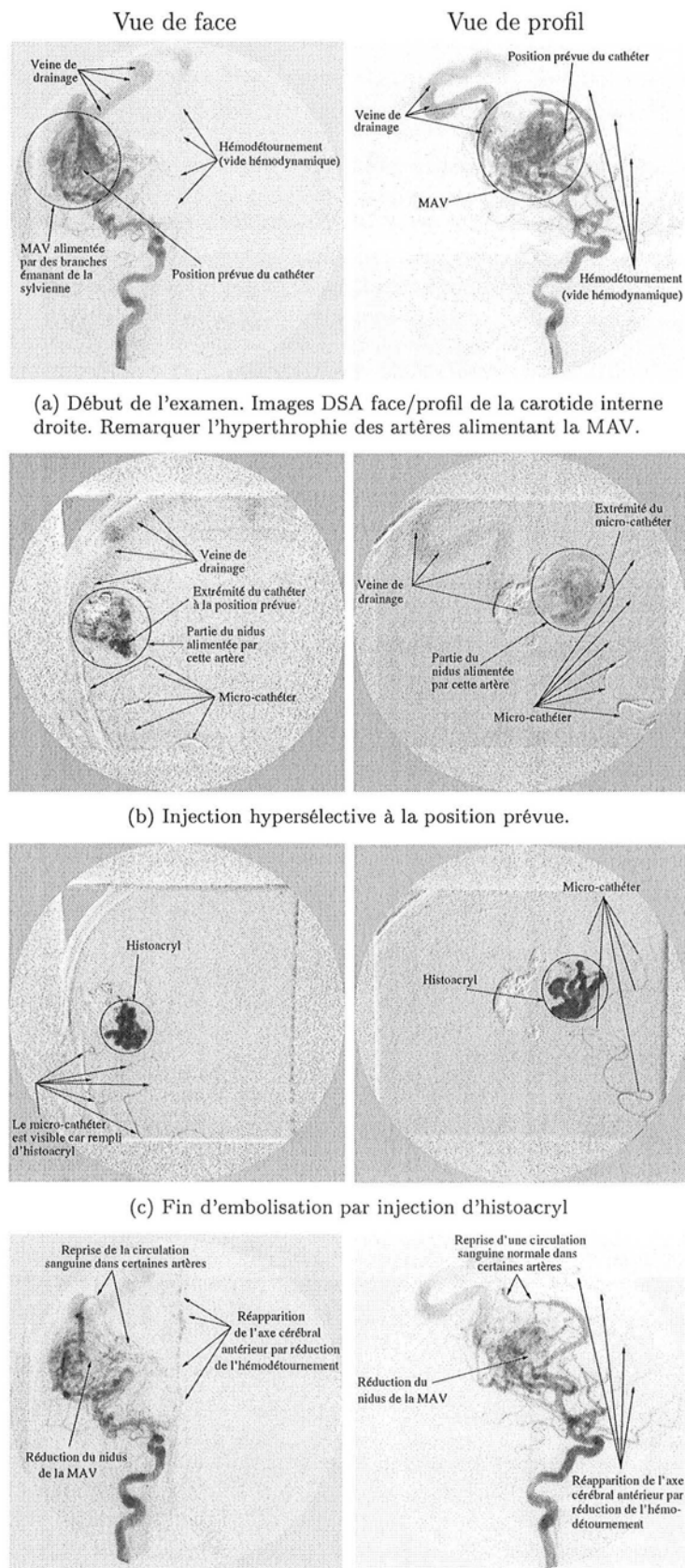


FIG. 3.3 – Les différentes phases de l'embolisation d'une MAV par injection d'histoacryl

une station de travail. Une volume scanner couvrant tout le crâne et le cadre de stéréotaxie est acquis et les images sont transférées par réseau au centre de radiothérapie. Le patient est ensuite conduit dans une salle où il pourra prendre un repas (il conserve cependant le cadre de stéréotaxie). Pendant ce temps, les images DSA sont corrigées des distorsions grâce au logiciel Advantage Straight (GE Medical Systems). Le médecin peut alors dessiner sa cible. Pour cela, le cadre de stéréotaxie est détecté automatiquement dans chaque série, ce qui permet de placer chaque couple d'image (système stéréoscopique) dans le repère du cadre. Le médecin dessine ensuite la cible en contournant la MAV sur chaque image de chaque série biplan avec l'aide de la géométrie épipolaire définie par la détection du cadre. Le résultat est transféré par réseau au centre de radiothérapie.

Pendant que le patient, à présent restauré, est conduit au centre de radiothérapie, les radiophysiciens utilisent les images de scanner et les images DSA contenant la cible pour effectuer les calculs d'isodoses. Lorsque le patient arrive, la machine est calibrée par rapport au cadre (images portales) et la radiochirurgie proprement dite peut commencer. Le cadre est retiré du crâne du patient vers 18h le soir.

3.3 La problématique

Notre problématique découle naturellement de l'étude de ces protocoles : les volumes 3DXA et les images IRM sont utilisés (et très utiles) pendant les phases de diagnostique, de planning et de suivi. Il faut développer leur rôle dans les protocoles thérapeutiques : le médecin doit pouvoir bénéficier des informations que ces images contiennent pendant l'acte chirurgical. Ces informations doivent bien entendu être présentées de façon cohérente pour leur utilisation optimale. Or, l'information sur laquelle se basent actuellement les neuroradiologues est apportée par les images DSA prises durant le traitement. L'amélioration de l'utilisation des images 3DXA et IRM passe donc par une intégration de ces données avec les images DSA inter-opératoires.

3.3.1 Intégration DSA/3DXA

Pour le traitement des anévrismes, il est important de pouvoir à tout instant mettre en relation les séries graphie DSA avec la 3DXA car ces séries sont complémentaires dans le diagnostique (nous avons vu que la 3DXA était devenue un complément essentiel de la DSA dans l'élaboration de la stratégie de traitement), mais elles le sont aussi potentiellement durant le traitement. En effet, une fois que les coils sont en place, la forme de la poche anévrysmale initiale n'est plus disponible. On pourrait imaginer de superposer la série de départ mais :

- le patient peut avoir bougé ;
- on imagine aisément l'apport que pourrait consister la superposition d'une vue de surface à la vue de graphie après pose de coils (en soustrait et non soustrait).

Pour le traitement des MAV, nous avons vu l'importance de pouvoir bien définir les différents compartiments du nidus ainsi que leurs relations et importances respectives. Une intégration des images d'angiographie hypersélective avec un volume 3DXA montrant la MAV pourrait permettre, par exemple, la coloration des différents compartiments du nidus en 3D. Le médecin pourrait alors mieux mesurer l'importance de chacun d'eux, leurs éventuels canaux de communication, pour in fine nettement mieux appréhender la pathologie.

Pour les examens de suivi, on se rend aisément compte de l'intérêt que présente la comparaison des séries acquises à des instants différents, potentiellement très distants dans le temps. La méthode de comparaison la plus sûre et efficace est bien entendu la superposition des séries. Ceci est actuellement réalisé par la superposition manuelle des films radiologiques mais utiliser un volume 3DXA comme passerelle entre deux séries DSA apporterait une meilleure qualité de superposition.

Nous avons vu qu'en radiochirurgie, la cible était définie exclusivement à partir de deux vues orthogonales projectives. Or, la cible finale est un volume dans l'espace 3D. L'intégration du volume 3DXA avec les séries DSA permettrait de segmenter manuellement la cible en 3D en bénéficiant d'un rétro-contrôle par projection de la cible sur les vues DSA. La zone irradiée serait alors potentiellement réduite.

Enfin, l'intégration des images DSA avec un volume 3DXA permettrait de mixer les images de fluoroscopie avec ce volume et de faire ainsi une sorte de road-mapping 3D : le cathéter, visualisé en fluoroscopie

par le système stéréoscopique biplan pourrait être localisé en permanence dans le volume 3DXA.

3.3.2 Intégration 3DXA/IRM

Le suivi des anévrismes est en partie réalisé par angiographie IRM. Il serait intéressant de pouvoir comparer le volume 3DXA avant traitement avec le volume 3DXA de fin de traitement et le volume MRA de contrôle.

Pour le traitement des MAV, intégrer la 3DXA à l'IRM permettrait de bénéficier de la très bonne résolution vasculaire du 3DXA et du contenu anatomique de l'IRM : le médecin aurait ainsi une information à la fois anatomique et vasculaire optimale.

En radiochirurgie, l'IRM est souvent utilisée pour définir la MAV car elle donne l'information anatomique, et donc fonctionnelle, sur la zone pathologique. Le détournement de la MAV, devant éviter les zones fonctionnelles est donc plus aisé. En revanche, la meilleure résolution de la 3DXA mènerait à un contour plus précis. La combinaison des deux apporterait alors une précision inégalée et donc une sécurité supplémentaire au médecin.

3.3.3 Intégration DSA/IRM

La question de l'importance d'une intégration DSA/IRM dans le cas des anévrismes, posée aux médecins, a reçu une réponse négative. En revanche, cette possibilité a été qualifiée d'essentielle pour le traitement des MAV.

L'information cruciale qui manque au médecin en angiographie est l'information de nature anatomique (il ne voit que les vaisseaux sanguins) mais surtout de nature fonctionnelle. La question vitale est la suivante : "est-ce que le nidus est dans une zone fonctionnelle?" Une autre version, plus explicite, étant : "si je bouche ce nidus, l'embolisation va-t-elle se dérouler dans une zone fonctionnelle?" Le seul moyen dont dispose actuellement le médecin pour répondre à cette question cruciale (une mauvaise réponse ne pardonne pas et peut entraîner des troubles fonctionnels graves pour la patient) est de se baser sur sa connaissance anatomo-fonctionnelle, appuyée par des examens préalables d'IRM. Le Prof. Picard, associé au Prof. Moret du service de neuroradiologie interventionnelle de l'hôpital Rotschild à Paris, a remodelé, en travail précurseur de la neuroradiologie, l'atlas anatomo-fonctionnel entier du cerveau, en se basant sur des tests de Wada (injection locale d'anesthésique par cathétérisation hypersélective sous anesthésie locale suivie de tests fonctionnels). L'idée d'un tel travail est que chez un sujet sain, on peut établir une correspondance stable entre l'anatomie et les zones fonctionnelles du cerveau. L'information anatomique est donc extrêmement importante durant le traitement des MAV. L'intégration de l'IRM avec les images DSA permettrait de mieux localiser la MAV dans le volume IRM, notamment chacun des compartiments déterminés par injection hypersélective, et de pouvoir, comme pour l'intégration DSA/3DXA, localiser en temps réel le bout du cathéter dans le volume IRM. C'est cependant un premier pas, le but final étant d'apporter l'information fonctionnelle (IRMf par exemple).

La radiochirurgie pourrait également bénéficier d'un tel recalage, le contour de la cible étant fait en IRM, avec un rétro-contrôle par projection de la cible sur les images DSA.

3.3.4 Conclusion

La multimodalité peut donc grandement améliorer l'utilisation des images médicales lors d'une intervention de neuroradiologie interventionnelle en apportant une meilleure intégration des trois modalités les plus utiles : les images DSA, les volumes 3DXA et les images IRM.

L'utilisation du cadre, acceptée en radiochirurgie, est un moyen d'y parvenir mais, comme nous allons à présent le voir dans la deuxième partie, les progrès récents des techniques de multimodalité ouvrent la porte à l'élaboration d'une solution à l'intégration des images DSA, 3DXA et IRM, sans avoir besoin du cadre de stéréotaxie.

La problématique de cette thèse a donc été posée comme visant à résoudre les trois problèmes d'intégration ci-dessus. Le troisième (intégration DSA/IRM) est loin d'être aisé alors que les deux autres peuvent être abordés grâce à des travaux antérieurs. De plus, les intégrations DSA/3DXA et 3DXA/IRM

mènent naturellement au DSA/IRM, leur étude pouvant permettre de mieux poser le problème de l'intégration directe DSA/IRM.

Nous avons donc défini deux buts à ce travail :

- élaborer une procédure d'intégration des images DSA avec un volume 3DXA chez un même patient sans avoir recours au cadre de stéréotaxie (parties 3 et 4) ;
- mettre au point un algorithme de recalage d'un volume IRM avec un volume 3DXA chez un même patient, le type d'acquisition IRM restant à définir (partie 5).

Ces intégrations doivent pouvoir être effectuées durant un examen, c'est à dire qu'elles doivent être utilisables avec des acquisitions classiquement réalisées durant une intervention et être compatibles avec la durée de l'intervention. La modalité 3DXA sera utilisée comme passerelle entre les images DSA et les images IRM.

Un dernier mot concerne le choix des modalités que nous avons fait. Outre leur utilité lors de l'acte angiographique (DSA, 3DXA), nous avons préféré l'IRM au scanner car la richesse du contenu informationnel de l'IRM permet à présent d'intégrer cette modalité à presque toutes les autres (scanner, PET, SPECT, voir la partie 2 de ce document). L'IRM a donc elle-même été choisie comme une passerelle potentielle vers toutes les autres modalités.

Deuxième partie

La multimodalité

Introduction

Dans cette deuxième partie, nous proposons de dresser un portrait de la multimodalité telle qu'elle est à présent envisagée par la communauté des spécialistes du traitement des images. La multimodalité, sous-entendu *l'imagerie multimodale*, est au domaine de la fusion multi-capteurs ce que le traitement d'images est au domaine du traitement du signal : un sous-ensemble qui a développé des méthodes spécifiques, parfois exclusives, et une formalisation qui dépasse et déborde de celle de son contenant.

Nous ferons dans une première partie l'analyse du problème de l'imagerie médicale multimodalité. Nous verrons ainsi que, comme dans l'analyse de données multi-capteurs, une décomposition en deux sous-problèmes distincts s'impose : d'une part celui de la mise en correspondance des données par leur expression dans un même espace de représentation (*recalage*), d'autre part celui de la présentation des données de natures diverses dans cet espace (*fusion*). Si l'analyse de données multi-capteurs s'est d'abord posé le problème de la fusion des données (obtenues à partir de capteurs calibrés), le contraire s'est produit avec l'imagerie multimodalité où le recalage est de loin le problème le plus étudié et le mieux maîtrisé. Cette thèse s'intéresse principalement à l'aspect recalage. Nous présenterons donc la formalisation qui en a été faite, en définissant notamment les notions de *recalage rigide* et *recalage non-rigide*, puis nous concluerons sur un bref tour d'horizon du problème de la fusion d'images multimodales.

Cette analyse faite, nous consacrerons le chapitre suivant à l'étude des différentes solutions élaborées par nos prédécesseurs et confrères. Nous proposons une classification des algorithmes en trois groupes :

- les méthodes définissant un recalage à partir de l'alignement géométrique d'un ensemble de points appariés ;
- les méthodes déduisant le recalage de la mise en correspondance de primitives d'ordre supérieur (lignes, surfaces) extraites des images ;
- les méthodes considérant le recalage qui rend optimale une mesure de similarité des images considérées comme des cartes d'intensité, sans extraction préalable d'indices dans les images.

Chaque groupe de techniques sera présenté dans le cadre de son utilisation pour un recalage rigide. Cette modélisation nous intéresse particulièrement car elle bien adaptée a priori au problème du recalage d'images prises chez un même patient, notamment les images du crâne, zone rigide par excellence du corps humain. Nous exposerons ensuite les différentes orientations envisagées pour son extension au recalage non-rigide.

Nous nous pencherons dans un troisième chapitre sur la délicate question de la validation des techniques de recalage. Les avis divergent encore, notamment entre scientifiques et médecins, sur cet aspect, en particulier sur le rôle du cadre de stéréotaxie³. Il est pourtant vital de répondre à cette question avant d'espérer voir notre technique de recalage adoptée par les médecins. Ainsi, la résolution de ce problème est une partie non négligeable de l'imagerie médicale multimodalité, les industriels impliqués dans notre projet lui accordant d'ailleurs une importance toute particulière.

La conclusion de cette partie cueillera les fruits alors mûrs de notre étude pour non seulement poser enfin clairement la problématique de ce travail de thèse, en précisant les caractéristiques que devra exhiber notre solution pour satisfaire les contraintes que nous avons exposées en conclusion de la première partie, mais pour également tracer le chemin que nous avons suivi pour atteindre notre but.

3. Peut-on encore considérer que le recalage qu'il fournit est d'une précision telle qu'elle l'impose comme référence?

Chapitre 4

Analyse du problème de la multimodalité

4.1 Définitions

Un médecin demande la réalisation d'examens d'imagerie médicale dans un but d'évaluation. Cette évaluation peut concerner le diagnostic ou l'évolution d'une pathologie chez un seul patient. Dans ce cas, une seule ou plusieurs modalités seront impliquées en fonction de leur niveau de spécificité par rapport à la pathologie. Mais cette évaluation peut également être à but statistique pour, par exemple, mieux connaître une pathologie. Dans ce cas, un groupe de patients est concerné et, ici encore, une ou plusieurs modalités peuvent être employées pour une mesure optimale des critères soumis à l'étude.

L'utilisation de données provenant de sources diverses, acquises à des temps potentiellement fort éloignés, concernant des objets différents, est donc pratique courante pour le radiologue. Son travail consiste à *intégrer* toutes ces données afin de réaliser un diagnostic. Ceci n'est possible que s'il est en mesure de *comparer* ces différentes données. La comparaison implique d'une part une *mise en correspondance* de toutes ces données, afin de les rendre cohérentes, et d'autre part la définition de *critères de comparaison*, ou autrement dit d'un *mode de présentation* des résultats de la comparaison.

4.1.1 Recalage

La première étape est connue sous le nom de *recalage* des données. Elle consiste d'abord en la définition d'un espace de représentation ou *espace de référence* dans lequel les données sont exprimées de façon cohérente et où des critères de comparaison significatifs peuvent être définis⁴. Cette étape concerne aussi la mise en correspondance proprement dite des données, c'est-à-dire la recherche des transformations qui permettent de passer du repère propre à chaque donnée à l'espace de référence.

4.1.2 Fusion

La deuxième étape est connue sous le nom de *fusion*. Elle consiste en la définition des modes de comparaison qui seront utilisés. La fusion des données est souvent restreinte, dans le domaine de l'imagerie, à la représentation graphique conjointe des données mais elle est bien plus que cela : c'est la représentation *intégrée* des données. Un exemple va nous permettre d'explicitier cette nuance. Un patient subira, dans le suivi d'une tumeur intra-cérébrale, un examen d'IRM à intervalles réguliers. Le but de ces examens est de contrôler l'évolution de la pathologie. Une représentation graphique conjointe des données semble difficile à réaliser : on cherchera sans doute à segmenter la tumeur dans chaque image, puis à superposer dans un même volume, avec des couleurs différentes, chaque tumeur. Cette représentation est certes esthétique mais n'est pas utile. Le médecin préférera de loin une simple courbe montrant le volume de la tumeur à chaque étape. Des informations complémentaires pouvant lui être fournies par la position du centre de

4. Par exemple, un espace de référence orthonormé est préférable pour comparer des distances euclidiennes ou des volumes.

gravité et/ou des caractéristiques sur la forme de la tumeur (excentricité, rayon moyen, etc...) qui peuvent également se représenter sous forme de courbes. Dans le premier cas, les données sont représentées de manière conjointe, alors que dans le deuxième cas, une philosophie d'intégration (synthèse) des données a été adoptée.

4.1.3 Intégration

Il règne une certaine confusion sémantique dans les articles traitant de la multimodalité. Ces deux étapes bien distinctes sont appelées tantôt recalage, tantôt fusion. Ailleurs, la fusion sera en fait du recalage et vice-versa. Suivant l'exemple de Viergever et al. [VMS97], nous nommerons la réunion de ces deux étapes *intégration* des données.

En imagerie médicale, l'intégration des données peut, comme nous l'avons vu, concerner un ou plusieurs patients et une ou plusieurs modalités. Une première classification des problèmes d'intégration d'images médicales vient alors naturellement [MV98] :

- dans le cas où un seul patient et une seule modalité sont impliqués, le problème est dit de *monomodalité intra-patient* ;
- dans le cas où plusieurs patients mais une seule modalité sont impliqués, le problème est dit de *monomodalité inter-patient* ;
- dans le cas où un seul patient mais plusieurs modalités sont impliqués, le problème est dit de *multimodalité intra-patient* ;
- dans le cas où plusieurs patients et plusieurs modalités sont impliqués, le problème est dit de *multimodalité inter-patient*.

4.2 Recalage

Ainsi que nous l'avons dit en introduction de cette partie, la question du recalage a été largement étudiée dans le domaine de l'imagerie en général, médicale en particulier. Au long de ces différents travaux, une formalisation du problème a pu être dégagée à travers l'énoncé de critères permettant de classer complètement tout problème de recalage. Nous n'aborderons ici que la présentation de ces critères. Le recalage étant le thème principal de ce travail, nous avons jugé intéressant de détailler chacune des grandes solutions proposées dans les chapitres qui suivent.

4.2.1 La formalisation

Dès 1992, Brown [Bro92] dresse une synthèse des travaux en recalage d'images. Partie avec un but très généraliste, la profusion déjà importante des études sur le sujet la force à se restreindre à trois domaines du traitement d'images : la vision par ordinateur et la reconnaissance des formes, l'imagerie médicale, et la télédétection. De plus, elle ne parle que des problèmes liés au recalage d'images 2D.

Dans cette étude, l'auteur définit quatre classes de problèmes de recalage :

1. recalage multimodalité ;
2. ajustement d'un gabarit ;
3. estimation de pose ;
4. mise en correspondance temporelle.

Un problème sera en général une combinaison de ces quatre classes. Pour les méthodes, trois critères sont définis :

1. la *transformation* : fonction de correspondance spatiale entre les pixels des images ;
2. les *variations* : différences en intensité et en position pour les pixels des images ;
3. les *calculs* effectués pour déterminer les paramètres de la transformation.

Chacun de ces critères sera soit *global* soit *local*. En conséquence, Brown classe *in fine* les problèmes de recalage entre les méthodes locales et les méthodes globales.

L'auteur conclue en formalisant le recalage en deux étapes : d'abord les variations doivent être étudiées et spécifiées, ensuite on peut déterminer la méthode de recalage qui sera utilisée en répondant à quatre questions :

1. Quel type d'attribut sera utilisé? (points, lignes, régions, pixels, etc.)
2. Quelle classe de transformations choisir? (translation, rotation, affine, etc.)
3. Quelle stratégie adopter pour la détermination des paramètres de la transformation?
4. Quelle métrique de similarité utiliser pour définir le recalage optimal?

Les *variations* guident donc le choix de la *transformation* (points (1) et (2)) et des *calculs* (points (3) et (4)).

L'article de van den Elsen et al [vdEPV93], contemporain de celui de Brown, se focalise différemment sur le problème du recalage en ne se restreignant plus à la deuxième dimension mais ne traitant que du domaine de l'imagerie médicale. La formalisation reprend certains points de celle de Brown mais s'en détache tout de même fortement. La caractérisation d'un *problème* de recalage se fait suivant la grille d'analyse suivante :

1. la dimensionalité des données : 1D (signaux physiologiques, ECG), 2D (images rayons X ou images de coupe), 3D (volumes obtenus en CT, IRM, PET, SPECT, etc. ou imagerie temporelle 2D, dite alors 2D+t), 4D (imagerie temporelle volumique, dite aussi 3D+t) ;
2. l'origine des propriétés à recaler : attributs utilisés, souvent après une étape d'extraction ou *segmentation*, pour effectuer le recalage ;
3. le domaine de la transformation : une transformation peut être globale (la variation d'un paramètre influence le recalage sur tout l'image) ou locale (seule une partie de l'image est atteinte) ;
4. l'élasticité de la transformation : type de la transformation qui exprime la correspondance. Les types de transformations sont classés en :
 - rigide : combinaison d'une rotation et d'une translation, caractérisée par la conservation des longueurs ;
 - affine : transformation rigide associée à une variation du facteur d'échelle, caractérisée par la conservation des droites et du parallélisme ;
 - projective : perte d'une dimension, caractérisée par la conservation des droites ;
 - non-rigide : transformation définie par une fonction générale.
5. niveau de confiance dans l'information locale pour en tirer un recalage global (*Tightness of property coupling*) : interpolation si la localisation des attributs est considérée comme parfaite, approximation si l'erreur du recalage est distribuée sur tous les attributs utilisés pour le définir ;
6. la détermination des paramètres : direct (inclut la recherche exhaustive) ou par l'intermédiaire d'une heuristique (inclut la recherche itérative) ;
7. niveau d'interaction demandé à l'utilisateur :
 - interactif : la procédure est entièrement manuelle ;
 - semi-interactif : seule l'initialisation est fournie manuellement et/ou l'utilisateur doit guider ou corriger le recalage ;
 - automatique : aucune action n'est requise de la part de l'utilisateur.

Les *méthodes* sont séparées entre les méthodes *extrinsèques* (utilisant des attributs externes au patient, comme des marqueurs externes ou la calibration des appareils) et les méthodes *intrinsèques* (les attributs sont reliés à l'anatomie du patient). Viergever et al. [VMS97] reprend cette classification pour le recalage d'images anatomiques et fonctionnelles du cerveau.

En 1998, Maintz et al. [MV98] publient un article qui finalise la formalisation du problème posé par le recalage en imagerie médicale. S'il évoque encore une classification des méthodes entre extrinsèques et intrinsèques, on retient essentiellement une classification générale en neuf points, fortement inspirée de celle de van den Elsen et al., permettant de caractériser tout problème de recalage :

1. Dimensionnalité : même sens que chez van den Elsen ;

2. Nature de la base de recalage : élargit la notion d'attributs. Cette base peut être :
 - extrinsèque : utilisation d'objets externes au patient (marqueurs) mais visible dans les images ;
 - intrinsèque : détermination d'attributs "anatomiques" ;
 - non-basé image : un système de calibration des appareils produisant les images à recalcer est utilisé.
3. Nature de la transformation : on retrouve la classification de van den Elsen en :
 - rigide ;
 - affine ;
 - projective ;
 - courbe.
4. Domaine de la transformation : la transformation est locale ou globale ;
5. interaction : cf van den Elsen :
 - interactive ;
 - semi-interactive ;
 - automatique.
6. Procédure d'optimisation : manière employée pour calculer les paramètres de la transformation :
 - calcul direct ;
 - recherche.

Cette caractéristique inclut la définition d'une mesure de similarité qui sera optimale pour les paramètres menant à la transformation qui résout le problème de recalage.
7. Types des modalités concernées : ainsi que le nombre des modalités
 - monomodal ;
 - multimodal ;
 - modalité et modèle ;
 - modalité et patient.
8. Sujet : spécifie si le problème est :
 - intra-patient ;
 - inter-patient ;
 - implique un atlas.
9. Objet : précise la partie du corps imagée.

4.2.2 Critique

À nos yeux, le point important de l'analyse de Brown est qu'elle ne cherche pas seulement à classer les études faites sur le recalage mais qu'elle veut également présenter une grille d'évaluation d'un problème de recalage qui aide à la définition d'une solution. Ainsi, la séparation entre l'analyse du problème par rapport à certains critères et l'élaboration d'une solution à travers les réponses à quatre questions nous semble excellent d'un point de vue démarche scientifique et très utile en tant que base au lancement de toute étude portant sur la question du recalage.

En revanche, les critères retenus sont incomplets. Il est vrai qu'elle s'est restreinte au cas des images 2D pour s'intéresser à un très vaste domaine et que les techniques utilisées ont mûri depuis 1992, mais on note quelques imprécisions, notamment dans la classification des transformations et dans le rôle des distorsions.

La formalisation élaborée par le groupe d'Utrecht (dirigé par Max Viergever), a atteint aujourd'hui un niveau de maturité très intéressant. Les neuf points retenus permettent effectivement de classer tout problème de recalage rencontré et sans doute à venir. Deux points négatifs sont à relever cependant.

Premièrement, on peut déplorer d'une part certaines omissions, comme celle du problème des distorsions qui est pourtant un point important dans l'analyse⁵ ou encore la question, pourtant soulevée par

5. Nous pouvons au mieux considérer que les distorsions seraient implicites dans la transformation non-rigide.

Brown, de la cause du décalage. On remarque d'autre part un trop grand niveau de détail dans certains points. Ainsi, un atlas peut parfaitement être considéré comme un patient examiné à travers une modalité spéciale. Il en va de même pour les types de modalités concernées où la distinction mono/multi-modale nous semble suffisante.

Deuxièmement, les poids des différents critères ne nous paraissent pas toujours équilibrés. Ainsi, le domaine et le type de la transformation pourraient être regroupés comme caractérisant la transformation. De même, sujet et objet sont tous deux relatifs à l'objet imagé. Enfin, la relative indépendance qui existe entre le critère de similarité choisi et la méthode d'estimation des paramètres utilisée justifierait une séparation en deux points distincts.

Les points positifs prédominent cependant. Ainsi, une rapide analyse permet de se rendre compte que tous les points apparaissant dans la conclusion de Brown se retrouvent dans la formalisation de Maintz. Cette dernière enrichit énormément la précédente en introduisant la notion de dimensionnalité ainsi que celle d'interactivité, et en définissant des points de caractérisation spécifiques à l'imagerie médicale (sujet, objet et modalité). La généralisation de la notion d'attributs à celle de base de recalage permet en plus de prendre en compte les problèmes où une calibration du capteur est possible.

Enfin, il est dommage que la notion d'aide à la caractérisation d'un nouveau problème ait été perdue. Mais Maintz est clair sur son but qui consiste à "dessiner une image compréhensible des méthodes de recalage actuellement utilisées en imagerie médicale". Ainsi, nous retrouvons une classification globale des méthodes (et non pas des problèmes) en extrinsèques et intrinsèques.

Nous concluons ces critiques sur une louange sous forme de conseil au lecteur. Nous conseillons vivement la lecture de ces articles au néophyte mais également à toute personne désireuse d'avoir une meilleure appréhension de la variété des problèmes posés en recalage d'images médicales multimodalité. L'article de Maintz a notre préférence, bien entendu parce qu'il est le plus récent, mais aussi pour son exhaustivité et son imposante bibliographie.

4.2.3 Formalisation retenue

L'étude de l'élaboration d'une formalisation pour classer les problèmes de recalage en imagerie médicale, ainsi que les tentatives personnelles que nous avons menées et les questions que nous nous sommes posées sur notre démarche scientifique tout au long de cette thèse, nous a amené à formaliser l'approche d'un problème de recalage en deux temps (à la manière de Brown).

Dans un premier temps il faut étudier la **nature des données** selon trois directions :

1. *image* : en spécifier les dimensions, les résolutions ; se demander si des distorsions sont présentes et si oui si elles doivent être prises en compte, en précisant si elles peuvent être modélisées ou calibrées, ou si cela est impossible ; noter quelles sont les modalités impliquées, quel est le principe physique mis en œuvre, afin de savoir si le signal a une réelle signification ou si c'est simplement affaire de convention (atlas, modèle) ou, par exemple, obtenir une caractérisation du bruit présent dans les images.
2. *objet* : préciser si un seul et même objet (un seul patient) est représenté dans les images ou si c'est un même type d'objet (plusieurs patients, patient et atlas, etc.) ; spécifier la partie du corps humain qui est imagée, est-elle susceptible d'avoir bougé entre les différents examens ? pendant un même examen ?
3. *cause du décalage* : ce point dépend des deux autres mais les hypothèses qui sont émises à ce niveau guident énormément les choix qui seront faits dans le deuxième temps de l'étude, une question importante étant de savoir si nous voulons corriger toutes les variations présentes entre les différentes modalités ou non (l'exemple typique est celui de l'évolution d'une tumeur : on veut recaler pour pouvoir comparer mais il faut conserver les différences liées au grossissement éventuel de la tumeur).

C'est à l'issue de cette première étape que notre problème d'intégration des données sera entre autres situé dans une des quatre classes définies en 4.1.3.

Dans un deuxième temps, nous pourrons alors définir la **méthode de résolution** que nous emploierons, en spécifiant quatre points :

1. *classe de transformation* : rigide, affine ou courbe ; globale ou locale. À notre avis, le cas de la transformation projective n'entre pas dans un quelconque choix : nous n'avons pas rencontré d'études

recherchant une transformation projective dans laquelle les auteurs ne l'aient pas modélisée par une projection centrale (ou projection conique). La nature projective de la transformation est donc en pratique imposée par la nature des données dès que celles-ci présentent des dimensionalités différentes. En revanche, comme nous le verrons dans le chapitre suivant (dans le paragraphe 5.1.4), la notion de transformation rigide, affine ou courbe, globale ou locale, existe également dans le cas projectif, caractérisant en fin de compte la transformation recherchée.

2. *base de recalage*: extrinsèque (utilisation de marqueurs dans les images), intrinsèque (utilisation exclusive de l'information présente dans les images de patient), ou non-basée image (calibration).
3. *interaction*: interactive, semi-interactive ou automatique.
4. *calcul*: initialisation ; mesure de similarité employée ; méthode d'optimisation (calcul direct ou itératif).

Tous ces points ne sont pas totalement indépendants mais ils offrent chacun un certain panel de possibilités parmi lesquelles le chercheur doit faire un choix.

Cette formalisation est sans doute tout aussi (voire plus) critiquable que celles que nous avons étudiées ci-dessus mais nous la proposons au lecteur comme étant celle qui décrit le mieux la démarche scientifique que nous avons suivie (en partie inconsciemment au début) pour aborder les problèmes de recalage auxquels nous nous sommes trouvés confrontés. Les points retenus ne mènent pas à une classification des problèmes de recalage mais forment une sorte de *check-list* qu'il est bon de s'astreindre à remplir pour bien aborder, à notre avis, un sujet portant sur l'intégration de données médicales.

4.3 Fusion

Dans [BGBG94], Barillot définit le but du processus d'intégration d'images médicales comme étant "d'améliorer l'accès et l'utilisation médicale des images" (c'est nous qui soulignons). Dans cette optique, le critère auquel doit satisfaire le recalage est la précision (nous verrons dans le chapitre 6 que ce terme peut avoir diverses acceptions). Concernant la fusion des images, le diagnostic est plus délicat. Ce processus vise en effet à produire le résultat de l'intégration qui sera présenté au médecin. Nous avons déjà vu, avec l'exemple de la tumeur (voir section 4.1.2), que le nombre de modes de présentation pour un même résultat n'était limité que par notre imagination mais que le nombre de ceux qui satisfaisaient effectivement le médecin⁶ était extrêmement restreint.

Ainsi, la première caractéristique à prendre en compte dans le processus de fusion des images est qu'elle dépend énormément (totalement) de la tâche que le médecin désire accomplir. En conséquence, la comparaison de différentes méthodes de fusion ne devra se faire qu'après avoir défini un but bien précis à l'intégration des images et sa conclusion ne devra s'établir que dans les limites de ce but [VMS97] (voir aussi [PvG98] où l'on s'aperçoit que les mêmes questions doivent être posées pour la fusion d'images en télédétection).

Le problème de la fusion ne fut pas la question centrale de cette thèse mais nous y avons forcément été confrontés ne serait-ce que pour l'évaluation de nos méthodes de recalage ou plus simplement la présentation de nos résultats. Nous ne faisons donc ici que brièvement évoquer le sujet en proposant dans un premier temps une classification des problèmes de fusion en imagerie médicale. Nous verrons ensuite quelques méthodes représentatives qui sont utilisées dans la littérature du domaine en mettant l'accent sur le concept de curseur commun dont nous avons largement tiré parti dans notre travail.

4.3.1 Classification des problèmes de fusion

Une méthode de fusion doit être élaborée et mise en œuvre par rapport à un but défini par le médecin. La classification que nous proposons se fait donc par rapport à ce but. De plus, nous nous restreignons au problème de fusion entre deux modalités, l'extension à plus de modalités pouvant aisément se faire en combinant les classes que nous avons déterminées. Nous distinguons donc trois grands buts à la fusion

6. Pouvant lui faire dire que l'intégration n'est bonne que dans ces seuls cas, malgré une qualité de recalage équivalente

multimodale :

1. Extraction de paramètres physiologiques concernant un organe ou une pathologie :
 - suivi d'une pathologie (fusion temporelle intra-patient mono-modalité) : suivi d'une tumeur, étude du mouvement d'une plaque d'athérome dans la carotide primitive [SBS93] ;
 - études statistiques (fusion inter-patients mono-modalité, la multi-modalité étant plus rare, de par la complexité d'analyse qu'elle engendre) : comparaison entre patients sains et malades [HPS⁺99], étude des plaques de sclérose en plaques (SEP) ;
 - caractérisation d'une pathologie (fusion intra-patient mono- ou multi-modalité) : étude du mouvement du cœur [PMA96, SSC⁺98], quantification de sténoses ;
2. Une des modalités sert à la localisation et l'autre au diagnostic : c'est souvent le cas pour l'intégration d'images anatomiques (localisation) et fonctionnelles (diagnostic) mais c'est aussi le cas pour le recalage entre une image anatomique et un atlas, visant à un étiquetage de l'image anatomique afin de créer un atlas personnalisé.
3. Les deux modalités sont complémentaires dans la localisation et/ou pour le diagnostic : c'est en général le cas du recalage d'images anatomiques entre elles ou fonctionnelles entre elles mais certains problèmes d'intégration anatomo-fonctionnelle entrent dans cette catégorie.

Enfin, la relation entre recalage et fusion d'images n'est pas uniquement causale. L'alternance entre ces deux phases permet de bénéficier de l'information synthétisée par fusion pour améliorer le recalage, notamment quand une des images présente une information éparse [PvG98].

4.3.2 Méthodes pour la fusion

Au niveau des techniques utilisées pour présenter le résultat d'une intégration d'images, on peut distinguer deux grandes familles :

1. les méthodes non-infographiques ;
2. les méthodes infographiques.

Pour relier cette distinction avec la classification effectuée ci-dessus, les méthodes non-infographiques seront utilisées exclusivement pour les problèmes de la première classe. Le résultat est alors présenté sous forme de courbes, de chiffres, en résumé sous forme de compte-rendu diagnostic. La détermination des paramètres passe obligatoirement par une phase de segmentation, souvent au moyen de modèles déformables qui donnent directement accès à ces paramètres.

Les méthodes infographiques, quant à elles, seront réservées aux deux autres classes. On peut y distinguer deux sous-méthodes :

- la *superposition des données* : pour les problèmes de la deuxième classe, la modalité qui sert à la localisation sera segmentée et le résultat superposé à l'image diagnostique ; dans la troisième classe, la superposition pourra se faire par le biais de la couleur en affectant un canal différent (en décomposition RGB (*Red, Green, Blue* : couleurs primaires rouges, vert et bleu) ou HSV (*Hue, Saturation, Value* : modèle de décomposition en teinte, saturation et valeur)) ou en affectant chaque pixel de la zone de visualisation soit à une modalité, soit à l'autre [VMS97] ou plus généralement par des techniques de rendu volumique [PvG98, VMS97].
- le *mélange des données* : la fusion proprement dite au sens traitement du signal. Utilisée exclusivement pour la troisième classe de problèmes, elle vise à créer une nouvelle image synthétisant le contenu informationnel dispersé à travers les modalités. Le signal est alors modélisé de manière statistique (modélisation markovienne, bayésienne ou floue) et une classification, modulée par des probabilités d'appartenance est obtenue [BGBG94, Blo95, BM94, PvG98]. Cette nouvelle image peut ensuite être affichée par les moyens classiques de visualisation.

Parmi les articles présentant des résultats d'intégration d'images médicales, la grande majorité tire profit de la superposition des données. Cette méthode propose en effet des techniques dont certaines sont simples à mettre en œuvre alors que le mélange des données est un domaine de recherche très important à lui seul. Parmi celles-ci, la plus simple, directe et triviale implémente le concept de *curseur commun*. Cette technique est utilisée dans les problèmes de classe 2 et 3. Nous en exposons ici le principe car c'est

la méthode sur laquelle nous avons basé l'évaluation de nos algorithmes. L'idée du curseur commun est la suivante :

- considérons N images recalées : $\forall (i,j) \in [1..N] \times [1..N]$ on connaît $F_{i,j}$ telle que $\forall P_i$, point de l'image i , le point $P_j = F_{i,j}(P_i)$ est le point de l'image j qui lui correspond anatomiquement (les $\{F_{i,j}\}$ sont les transformations obtenues à l'issue de la phase de recalage) ;
- chaque modalité est affichée dans une fenêtre qui contient un curseur ;
- l'utilisateur a la possibilité de bouger le curseur dans n'importe quelle fenêtre (mais dans une seule fenêtre à la fois à cause de l'unicité du périphérique adapté (souris en général) sur l'ordinateur) ;
- soit P'_i la nouvelle position du curseur déterminée manuellement par l'utilisateur dans l'image i ($P'_i \neq P_i$), alors dans chaque image $j \in [1..N]/\{i\}$ la nouvelle position P'_j est calculée telle que $P'_j = F_{i,j}(P'_i)$.

Le processus est repris sur la figure 4.1.

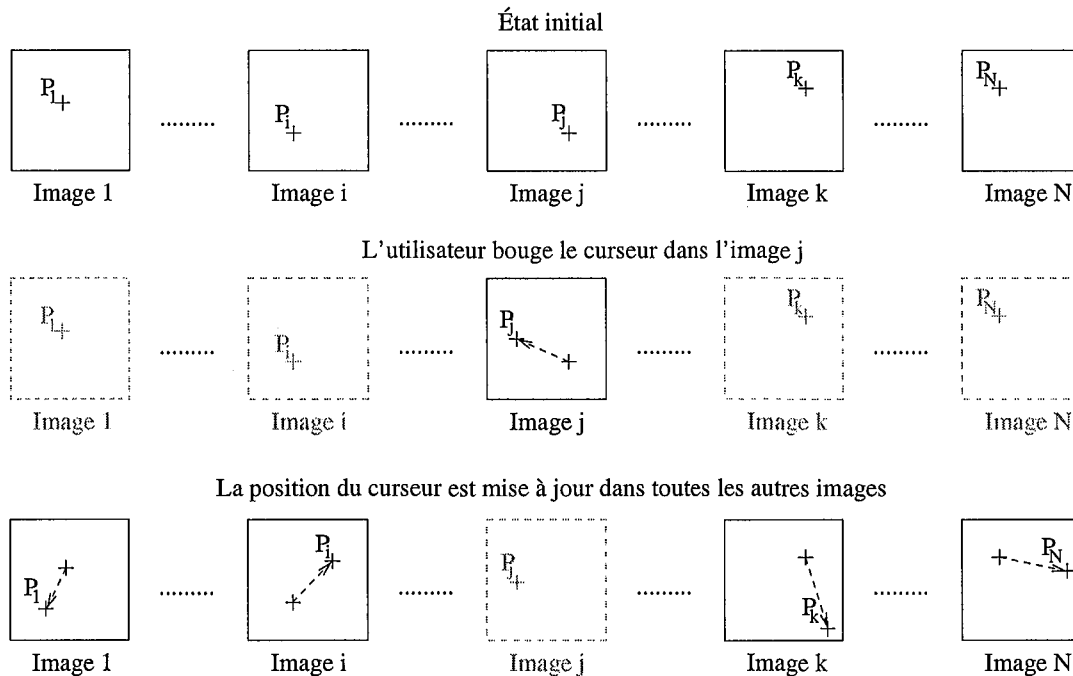


FIG. 4.1 – Processus implémentant le curseur commun pour la fusion de N images recalées.

Remarquons enfin que la fusion d'images médicales est en général abordée dans le cas où deux modalités au plus sont recalées. La plupart des méthodes infographiques voient actuellement leurs performances chûter lorsque l'on tente de les appliquer à la fusion de trois modalités ou plus, la visualisation devenant alors extrêmement confuse et difficile à analyser. Le curseur commun permet de gérer autant d'images que l'on souhaite. De plus, certaines méthodes de fusion peuvent être à la source de bruit (artéfacts) qui gênent l'évaluation d'un algorithme de recalage : le curseur commun n'en génère pas. Ces avantages, ajoutés à sa simplicité de mise en œuvre, nous ont poussés à choisir le curseur commun comme la méthode de fusion privilégiée pour présenter et évaluer nos algorithmes. Soulignons toutefois l'inconvénient majeur du curseur commun qui ne fait qu'améliorer moyennement l'accès et l'utilisation des données médicales (but principal de la fusion, comme nous l'avons défini en accord avec Barillot) par le fait qu'il demande à l'utilisateur un assez long temps d'analyse des images. La fusion des images recalées par nos algorithmes demandera donc une étude supplémentaire.

4.4 Focalisation de l'étude

Dans les chapitres qui suivent, nous allons porter une attention particulière aux méthodes de recalage. Pour reprendre notre classification, et considérant les questions plus particulièrement posées dans cette thèse, nous nous intéresserons principalement, concernant la nature des données, aux études ayant porté sur des images cérébrales anatomiques. La présence de la boîte crânienne nous autorise à exclure toute déformation de l'objet (ceci sera nuancé par la suite). La cause du décalage est alors uniquement due à une différence sur la position du patient dans le repère propre au système d'acquisition de chaque modalité.

Cette analyse nous permet de spécifier le type de méthodes sur lesquelles nous allons nous attarder : celles qui cherchent à déterminer une transformation rigide (problèmes de recalage rigide). Outre la nature rigide de l'objet, une hypothèse supplémentaire est faite : chaque modalité est reliée à un repère intrinsèque orthonormé. Pour les systèmes d'imagerie volumique ou de coupe (IRM, 3DXA, par exemple), ceci suppose que l'appareil d'acquisition est calibré : la représentation des données en voxels (ou pixels + coupes) est réalisée dans un repère orthonormé, la taille des voxels (ou taille pixel + espace inter-coupes) délivrée par la machine étant en particulier jugée fiable. L'imagerie projective (DSA par exemple) constitue un cas un peu particulier. Nous verrons plus en détail les hypothèses que nous sommes autorisés à faire dans la troisième partie de ce document mais disons d'ores et déjà que la notion de repère orthogonal est conservée, des facteurs d'échelle allant rejoindre le groupe des inconnues dans l'expression de la transformation. Cette hypothèse d'orthonormalité des repères fait donc abstraction des distorsions éventuelles dans les images. Nous la suivrons cependant, évoquant le problème des distorsions dans la partie du chapitre 6 traitant de la validation. La réponse à la question concernant le besoin de corriger les distorsions dépend fortement des modalités en jeu. Elle sera donc fournie dans les troisième et cinquième parties de ce document dans lesquels le problème de recalage sera totalement spécifié dans sa partie "nature des données".

Le chapitre suivant expose donc les méthodes employées pour le recalage en les classifiant selon la base de recalage utilisée (suivant en cela Maintz). Trois cas sont distingués :

- utilisation de points : ces méthodes sont les plus anciennes car le formalisme qui leur est associé est très simple. Nous verrons que les méthodes extrinsèques appartiennent en général à ce groupe de méthode, ainsi que certaines méthodes intrinsèques.
- base comprenant des primitives d'ordre supérieur (lignes, surfaces, volumes) : ces primitives sont en général extraites des images. Ces techniques sont donc principalement intrinsèques.
- méthodes se basant sur l'intensité de tous les pixels (voxels) dans les images : la grande majorité de ces méthodes définissent un critère de similarité entre les signaux-images.

Nous verrons dans chacun de ces cas les méthodes d'estimation (interaction et calculs) qui ont été envisagées, en abordant à chaque fois les principales extensions qui en ont été faites au problème du recalage non-rigide. Nous prendrons surtout nos exemples dans la littérature traitant du recalage 2D/3D (spécialement des images des vaisseaux intra-cérébraux) et 3D/3D (spécialement d'images anatomiques) afin de rester proches de la problématique que nous avons posée en fin de première partie de ce document.

Enfin, nous poserons l'épineuse question de la validation en passant en revue les principales méthodes de validation des algorithmes de recalage qui ont été imaginées par nos prédécesseurs.

Chapitre 5

Méthodes de recalage

Les méthodes de recalage sont classiquement classées entre extrinsèques et intrinsèques [MV98]. Cette séparation met en avant des différences concernant essentiellement l'aspect pratique de ces méthodes :

- une méthode *extrinsèque* demandera un équipement spécifique et la décision d'effectuer un recalage sera prise avant l'examen, la partie traitement d'images étant en général très simple ;
- une méthode *intrinsèque* reportera toute la complexité sur les algorithmes de traitement d'images. Le protocole suivi pour l'acquisition des données étant, dans la mesure du possible conservé, ne subira aucune modification spécifique au besoin en recalage. On dit alors que le recalage est possible *a posteriori* : il peut être effectué même entre des images issues d'examens anciens, postérieurs à l'idée et même parfois à la technique de recalage.

Dans ce chapitre, nous avons décidé de suivre une classification différente en : méthodes basées sur des *points*, méthodes basées sur des *primitives d'ordre supérieur* et méthodes basées sur l'*intensité* des pixels (voxels). Nous n'accordons pas une valeur absolue et universelle à cette classification. Notre choix s'est porté sur elle car elle nous semble la mieux adaptée à mettre en évidence l'affinité qui existe entre le type d'attributs utilisé comme base de recalage et la complexité algorithmique associée répartie entre l'*extraction* des attributs, l'*expression du critère de similarité* déterminant le recalage recherché et son *optimisation*.

Nous considérerons le problème de deux modalités pour présenter les différentes méthodes. Cette restriction n'entraîne aucune perte de généralité d'un point de vue théorique, le recalage consistant en la recherche d'une formule de changement de repère. Par ailleurs, seuls de très récents travaux envisagent le problème du recalage de trois modalités différentes [BM99], l'intérêt étant de manière évidente essentiellement pratique : l'utilisation simultanée de deux modalités aisément mises en correspondance permet de mieux contraindre le problème du recalage de ces modalités avec des données plus bruitées ou distordues, en résumé plus difficilement exploitables.

5.1 Types de transformation

Chaque modalité est rapportée à un repère. L'un d'entre eux est le repère de référence \mathcal{R}_r (celui où s'effectuera la fusion de données). Dans la littérature, la modalité associée est appelée *modalité de référence* (*reference image*). L'autre modalité est alors appelée *modalité flottante* (*floating image*) car c'est elle qui va être en quelque sorte bougée, voire déformée si le recalage est non-rigide, en appliquant la transformation déterminant le recalage. Le repère qui lui est associé est le repère flottant \mathcal{R}_f .

La transformation recherchée permet le passage du repère flottant au repère de référence. Les propriétés de ces repères va donc définir le type de cette transformation.

5.1.1 Transformation rigide

La transformation rigide correspond au cas où aucune déformation géométrique n'est admise. Les repères, flottant et de référence, sont tous deux orthonormés directs et de même dimension. Les données

ne pouvant être déformées par rapport à aucun repère, le recalage est donné par la mise en correspondance des deux repères. Ce changement de repère s'exprime comme la combinaison d'une translation, permettant de mettre en correspondance les origines des repères, et d'une rotation, exprimant le passage de la base du repère flottant en celle du repère de référence.

La translation s'exprime sous la forme de l'addition d'un vecteur constant T . La rotation s'exprime sous la forme de la multiplication par une matrice orthogonale directe R . Ainsi, un point P^f du repère flottant et un point P^r du repère de référence se correspondront si et seulement si :

$$P^r = RP^f + T \quad (5.1)$$

La translation est définie par N paramètres (où N est la dimension commune des repères \mathcal{R}_r et \mathcal{R}_f , c'est-à-dire 2 ou 3 pour les cas classiques). Les contraintes d'orthonormalité des colonnes de la matrice de rotation réduisent également à N le nombre de paramètres nécessaires à sa définition (nous verrons un peu plus loin dans la section 5.2.1 quelques paramétrisations canoniques d'une matrice de rotation). Ainsi, une transformation rigide est totalement définie par un ensemble de $2 \times N$ paramètres.

Une telle transformation sera utilisée si nous estimons que les axes des repères flottant et de références sont orthogonaux et qu'ils sont normés, ce qui revient à considérer que la taille voxel (pixel) est parfaitement connue et fiable pour les deux modalités.

5.1.2 Transformation affine

Nous nous plaçons à nouveau ici dans le cas où les deux repères ont même dimension. La notion d'orthonormalité est perdue mais les espaces considérés sont encore des espaces vectoriels. Une transformation affine généralise la transformation rigide en ce qu'elle s'exprime sous la forme d'une fonction affine générale (la partie linéaire n'est plus unitaire). Ainsi un point P^f du repère flottant correspond au point P^r du repère de référence si et seulement si :

$$P^r = AP^f + T \quad (5.2)$$

où A est une matrice carrée inversible quelconque. Une transformation affine est donc paramétrisée par 12 valeurs (en 3 dimensions, 6 en 2 dimensions) : en plus des 6 paramètres usuels pour une transformation rigide (3 pour la translation, 3 pour la rotation), on considère usuellement 3 facteurs d'échelle (taille voxel selon les 3 axes) et 3 angles (obliquité des axes du repère entre eux).

Une telle transformation sera employée si des doutes existent concernant la calibration⁷ d'une au moins des machines d'imagerie, induisant des erreurs sur la taille voxel indiquée ainsi que sur les axes du système d'acquisition.

5.1.3 Transformation courbe

La transformation courbe est une généralisation supplémentaire des transformations rigide et affine. Elle caractérise un recalage non-rigide. On ne suppose qu'une relation de type fonctionnel entre les points appariés P^f et P^r :

$$P^r = F(P^f) \quad (5.3)$$

où F est une fonction quelconque. En général, on attribuera à F des propriétés qui lui donneront une certaine réalité physique comme une continuité C^∞ et/ou des variations bornées. On considèrera également qu'elle est inversible afin que le recalage soit indépendant du choix qui est fait de la modalité de référence (difféomorphisme [Chr99]).

F est toujours choisie comme une fonction paramétrée définie dans le cadre d'une modélisation [LA99] :

- F peut exprimer les forces régissant l'évolution d'un *modèle déformable*, en général défini par un ensemble de points de contrôle et des fonctions interpolantes (splines, notamment celles dites "de

7. La calibration d'une machine consiste en une procédure de réglage qui permet de rapprocher au mieux le comportement de la machine d'un modèle théorique. Pour un appareil d'imagerie 3D, le repère associé aux données (qui donne les coordonnées (i,j,k) de chaque voxel) présente des axes orthogonaux ainsi qu'une origine définie et la taille voxel est parfaitement connue. Le modèle de transformation affine permet de corriger un défaut d'orthogonalité des axes du repère ainsi qu'une imprécision sur la taille voxel

plaque mince" (*thin plate splines*), car modélisant le comportement d'une plaque mince sous l'effet d'une flexion);

- F peut aussi être une fonction *élastique*, c'est-à-dire être solution de l'équation aux dérivées partielles linéaire élastique de Navier : le recalage est alors dit *élastique*;
- enfin, F peut être contrainte à appartenir à l'ensemble des solutions de l'équation aux dérivées partielles pour les fluides de Navier-Stokes : le recalage est alors dit *visqueux*.

Une alternative fréquente à la transformation courbe est l'emploi d'une transformation locale, rigide ou affine par morceaux.

L'optimisation d'une transformation courbe porte toujours sur de nombreux paramètres. La grande permissivité qui en découle rend donc sa manipulation délicate. On utilisera donc ce type de transformation dans les cas de recalage non-rigide, après avoir défini un bon estimé initial (souvent par recalage rigide ou affine).

5.1.4 Transformation projective

Nous allons ici montrer que, puisqu'en pratique la transformation projective est toujours modélisée par une projection centrale, l'utilisation d'une transformation projective est imposée par dimensionalité des données et que le choix sous-jacent concerne une transformation rigide, affine ou courbe.

Nous considérons ici l'exemple d'un recalage 3D/2D. Nous allons partir de la modélisation classique qui en est faite et la décomposer pour faire ressortir l'aspect rigide et affine de la transformation. Le repère de référence \mathcal{R}_r possède donc 2 dimensions tandis que le repère flottant \mathcal{R}_f en compte 3. Un point P^f de l'espace flottant s'exprime donc au moyen de 3 réels (x_f, y_f, z_f) . Un point P^r de l'espace de référence s'exprime grâce à 2 réels (x_r, y_r) .

Pour cette étude, nous faisons appel aux développements théoriques effectués dans le domaine de la vision par ordinateur. La transformation projective est l'expression mathématique du processus de formation d'image mis en œuvre dans le modèle de caméra idéal appelé *modèle sténopé*. Elle se traduit par une transformation homographique $\mathcal{M} = (m_{i,j})_{i \in [0..2], j \in [0..3]}$:

$$\begin{cases} x_r &= \frac{m_{0,0}x_f + m_{0,1}y_f + m_{0,2}z_f + m_{0,3}}{m_{2,0}x_f + m_{2,1}y_f + m_{2,2}z_f + m_{2,3}} \\ y_r &= \frac{m_{1,0}x_f + m_{1,1}y_f + m_{1,2}z_f + m_{1,3}}{m_{2,0}x_f + m_{2,1}y_f + m_{2,2}z_f + m_{2,3}} \end{cases} \quad (5.4)$$

Il est à remarquer que ces relations montrent que les paramètres $(m_{i,j})$ de la transformation sont définis à une constante multiplicative près. La transformation projective dépend donc de 11 paramètres.

Cette formule se linéarise en exprimant les points en coordonnées homogènes :

$$\begin{pmatrix} sx_r \\ sy_r \\ s \end{pmatrix} = \mathbf{M} \begin{pmatrix} x_f \\ y_f \\ z_f \\ 1 \end{pmatrix} \quad (5.5)$$

où $\mathbf{M} = [m_{i,j}]_{i \in [0..2], j \in [0..3]}$ est une matrice 3×4 définie à une constante multiplicative près.

La matrice \mathbf{M} , en apparence banale, a été largement étudiée et décortiquée, notamment dans les travaux d'O. Faugeras [Fau93] et ceux de Toscani [Tos87]. Le résultat de ces études théoriques est une décomposition canonique de cette matrice, dont l'exposé est à présent incontournable dans tout cours, même introductif, traitant de la vision par ordinateur. Ainsi, on peut aisément montrer que la matrice \mathbf{M} peut s'écrire comme produit de trois matrices :

$$\mathbf{M} = \mathbf{IPE} \quad (5.6)$$

La matrice \mathcal{E} est la matrice des *paramètres extrinsèques*. C'est une matrice 4×4 de la forme :

$$\mathcal{E} = \left[\begin{array}{c|c} R & T \\ \hline (0) & 1 \end{array} \right] \quad (5.7)$$

où R est une matrice de rotation (orthogonale directe 3×3) et T est un vecteur de translation. D'après la section précédente 5.1.1, nous avons donc 6 paramètres extrinsèques. Nous voyons ainsi que d'une part le repère flottant est ici supposé orthonormé et d'autre part nous pouvons définir un repère \mathcal{R}_i , également orthonormé, *intrinsèque* à la caméra. La matrice \mathcal{E} s'interprète alors comme la matrice de changement de repère entre \mathcal{R}_f et \mathcal{R}_i . La matrice des extrinsèques a donc pour effet d'exprimer de manière canonique l'objet à projeter. Inversement, la matrice des extrinsèques indique la position de la caméra dans le repère flottant, celle-là étant déplacée selon un mouvement rigide.

La matrice \mathcal{P} est une matrice 3×4 constante :

$$\mathcal{P} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} \quad (5.8)$$

C'est par son application qu'une dimension est perdue : les données sont projetées dans le plan rapporté au repère \mathcal{R}'_i (2 dimensions) ayant même origine que le repère intrinsèque et une base formée par les deux premiers vecteurs de la base de \mathcal{R}_i . Elle caractérise la projection.

Enfin, la matrice \mathcal{I} est la matrice des *paramètres intrinsèques*. C'est une matrice 3×3 de la forme :

$$\mathcal{I} = \left[\begin{array}{c|c} A & V \\ \hline (0) & 1 \end{array} \right] \quad (5.9)$$

La valeur 1 sur la dernière ligne est licite car la matrice M est définie à une constante multiplicative près. La matrice A et le vecteur V sont quelconques et définissent une *transformation affine* qui permet de passer du repère \mathcal{R}'_i au repère de référence (repère image). Si le repère intrinsèque a été convenablement choisi (c'est-à-dire si un des axes de \mathcal{R}'_i est parallèle à un des axes de \mathcal{R}_r), la matrice A prend la forme canonique suivante :

$$A = \begin{bmatrix} a & b \\ 0 & c \end{bmatrix} \quad (5.10)$$

La matrice A s'exprime donc au moyen de 3 paramètres, auxquels s'ajoutent les deux composantes du vecteur V . Nous avons ainsi 5 paramètres intrinsèques.

Nous venons de présenter brièvement la décomposition canonique qui peut être faite de la matrice de projection M , en séparant les 11 paramètres la définissant en 6 paramètres extrinsèques et 5 paramètres intrinsèques. Nous parlerons plus longuement de cette décomposition dans la troisième partie de ce manuscrit. Pour l'instant, il est important de noter que la partie proprement projective de la décomposition est constante. Le modèle sténopé de la caméra suppose en revanche que :

- le repère flottant est orthonormé ;
- nous pouvons définir un repère intrinsèque à la caméra, lui aussi orthonormé, et dont un des axes est parallèle à un axe du repère de référence.

La paramétrisation de la transformation projective se fait au travers :

- d'une *transformation rigide* mettant en correspondance le repère flottant et le repère intrinsèque à la caméra ;
- et d'une *transformation affine* permettant de passer du plan canonique du repère intrinsèque, vers lequel s'effectue la projection, au repère de référence.

Même s'il existe un choix possible pour modéliser la fonction de projection, le formalisme de la projection centrale est en pratique choisi, dans les problèmes de recalage d'images médicales, dès qu'il existe une différence de dimensionalité entre le repère flottant et le repère de référence (le repère flottant possède toujours plus de dimensions que le repère de référence). En revanche, la conception canonique de la transformation projective fait apparaître une paramétrisation répartie entre une transformation rigide (paramètres extrinsèques) et une transformation affine (paramètres intrinsèques). Rien ne nous empêche de remplacer la transformation rigide par une transformation courbe (la transformation affine est exclue car elle peut se modéliser dans les intrinsèques) : nous pourrions ainsi prendre en compte des distorsions dans la modalité flottante. De même, rien ne nous empêche de remplacer la transformation affine par une transformation courbe : nous pourrions ainsi prendre en compte les distorsions dans la modalité de référence. De même ces transformations peuvent être modélisées de manière globale ou locale.

5.2 Méthodes basées sur des points

5.2.1 Principe

Soit $\{P_i^r\}_{i \in [1..N]}$ un ensemble de points du repère de référence \mathcal{R}_r . Supposons que par un moyen quelconque, nous connaissons leurs positions dans le repère flottant \mathcal{R}_f . Notons $\{P_i^f\}_{i \in [1..N]}$ les points correspondant à ces positions.

Soit F la transformation recherchée par le recalage. Nous pouvons alors poser :

$$\forall i \in [1..N], \quad P_i^r = F(P_i^f) \quad (5.11)$$

Un système d'équations est ainsi formé. Pourvu que la transformation soit paramétrée (ce qui est toujours le cas comme nous l'avons vu), et que le nombre de points soit suffisamment important, le système peut être inversé⁸ et la transformation par conséquent déterminée. Bien entendu, le système est rarement linéaire. Si des solutions par inversion directes existent, nous aurons parfois besoin de résoudre ce système au moyen d'un algorithme itératif d'optimisation.

Deux cas particuliers de transformation nous intéressent dans le cas du recalage rigide : la transformation rigide (pour le recalage 3D/3D) et la transformation projective (pour le recalage 3D/2D). Nous verrons enfin sur l'exemple d'une transformation modélisée par une spline dite "de plaque mince" comment l'usage de points peut être étendu à la résolution du problème du recalage non-rigide.

Transformation rigide

Dans le cas du recalage 3D/3D, une transformation rigide est déterminée par 6 paramètres. Deux paires de points devraient donc suffire à définir la transformation rigide recherchée⁹. Or deux paires de points appariés vont mettre en correspondance deux droites. Il reste donc un degré de liberté dans l'angle de la rotation ayant pour axe la droite du repère de référence (après recalage les deux droites sont confondues). Ceci s'explique par le fait que le système n'est pas linéaire en fonction des trois angles de rotation. Vice-versa, le fait que deux paires de points appariés soient insuffisantes pour spécifier une transformation rigide prouve qu'il n'existe pas de paramétrisation minimale (à 6 paramètres) de la transformation rigide menant à un système linéaire inversible.

Plusieurs solutions ont donc été élaborées pour inverser le système de manière robuste. Elles sont toutes analytiques et se basent sur différentes paramétrisations de la rotation [FH86]. Horn [Hor87] utilise la représentation en quaternions. Deux autres techniques, équivalentes, se basent sur la décomposition de la matrice de corrélation, l'une en décomposition en valeurs singulières [AHB87], l'autre en polaire [HHN87]. Il est à noter que ces solutions peuvent mener à des rotations impropres (dont le déterminant vaut -1) dans le cas de données bruitées [Kan94]. Kanatani [Kan94] reprend toutes ces méthodes dans un formalisme unifié et donne une expression de la matrice de covariance qui permet d'en étudier la robustesse.

Transformation projective

Dans le cas du recalage 2D/3D, la transformation est projective, paramétrée par 11 paramètres. L'utilisation des coordonnées homogènes permet, nous l'avons vu de linéariser le problème. Ainsi, si nous considérons un ensemble de N paires de points appariés $\{(P_i^r, P_i^f)\}_{i \in [1..N]}$ telles que $\forall i P_i^r \in \mathcal{R}_r$ et $P_i^f \in \mathcal{R}_f$, nous obtenons, en nous basant sur l'équation (5.4) :

$$\forall i \in [1..N], \quad \begin{cases} \langle \vec{m}_0 | P_i^f \rangle + m_{0,3} - x_i^r (\langle \vec{m}_2 | P_i^f \rangle + m_{2,3}) = 0 \\ \langle \vec{m}_1 | P_i^f \rangle + m_{1,3} - y_i^r (\langle \vec{m}_2 | P_i^f \rangle + m_{2,3}) = 0 \end{cases} \quad (5.12)$$

où

$$\begin{array}{ll} \forall i \in [1..N], & \langle \bullet | \bullet \rangle \quad \text{désigne le produit scalaire dans } \mathbb{R}^3, \\ \forall j \in \{0,1,2\}, & P_i^r = (x_i^r, y_i^r) \\ & \vec{m}_j = (m_{j,0}, m_{j,1}, m_{j,2})^t \\ \text{et} & \mathbf{M} = [m_{j,k}]_{j \in [0..2], k \in [0..3]} \text{ est la matrice de projection.} \end{array}$$

8. Nous entendons par là qu'une solution au moindres carrés peut être trouvée, avec un résidu acceptable

9. La question de la précision n'est pas posée ici !

Le système d'équations formé par (5.12) est linéaire en fonction des paramètres de la transformation. Il peut donc être inversé dès que nous avons 6 paires de points appariés (en fait 5 et demi) puisque nous avons seulement 11 paramètres à déterminer. La méthode la plus classiquement utilisée pour inverser ce système est une méthode aux moindres carrés, formant le pseudo-inverse de la matrice associée au système [Tos87]. En se rappelant que la matrice M est définie à une constante multiplicative près, une contrainte de normalisation doit être au préalable posée sur cette matrice. On peut simplement fixer $m_{2,3} = 1$ mais Toscani a montré que des paramètres intrinsèques invariants étaient obtenus en imposant comme contrainte $\|\vec{m}_2\| = 1$ [Tos87]. Il est cependant à noter que certains auteurs ne contraignent pas le système et font porter leur optimisation sur les 12 paramètres [ØLL⁺98, PHM⁺94, VVM⁺93].

Nous pouvons souvent faire des hypothèses simplificatrices sur la transformation projective, ce qui permet de réduire le nombre de paramètres la définissant (voir la troisième partie de ce manuscrit) en imposant des relations de dépendance entre certains paramètres. La résolution du système d'équations passe donc par la minimisation d'un critère. Le critère le plus souvent choisi est l'erreur quadratique de projection. Si nous notons \hat{P}_i^r la projection du point P_i^f par l'estimation courante de la matrice de projection \hat{M} , l'erreur quadratique de projection est donnée par :

$$E = \sum_{i=1}^N \|\hat{P}_i^r - P_i^f\|^2 \quad (5.13)$$

La minimisation de ce critère peut se faire par l'intermédiaire d'algorithmes itératifs classiques tels que celui de Powell [Pow76]. Ces techniques itératives sont plus lourdes qu'une inversion directe mais elle ont été reconnues plus stables et plus précises, en particulier lorsque le nombre N de points appariés est faible [Vai90, Lau96], le critère d'erreur étant plus conforme à la perception.

5.2.2 Extension au recalage non-rigide

Tout recalage, nous l'avons vu, se modélise par une transformation paramétrée. Dans le cas du recalage rigide, le nombre de degrés de liberté est faible et quelques points appariés suffisent à déterminer la transformation. Ainsi, d'une information locale on déduit une transformation globale. Suivant ce principe, les points ont de prime abord été utilisés pour le recalage non-rigide de type élastique dans lequel la définition globale de la transformation est obtenue par interpolation, la déformation observée sur les paires de points servant de points de contrôle [Flu92, Boo89, LAJ⁺99, MNR⁺91]. La modélisation par splines de plaque mince, est apparue adéquate pour les problèmes de recalage avec atlas ou pour prendre en compte les distorsions dans l'IRM [RSS⁺96].

Le problème de l'approche par interpolation est que la transformation finale sera égale au déplacement local trouvé au niveau des paires de points. Ainsi, la localisation de ces points est considérée comme exacte et n'est aucunement régularisée par l'algorithme. De nombreuses erreurs de localisation sont cependant possibles, ne serait-ce que l'incertitude liée à la taille finie des voxels (ou pixels). C'est pourquoi Rohr s'est attaché depuis 1996 [RSS⁺96, RSS⁺97, Roh98, RFS99] à définir un procédé de recalage élastique basé sur des points appariés qui soit plus robuste vis à vis de l'erreur de localisation des points. L'idée est de toujours utiliser les splines de plaque mince mais cette fois en tant que fonctions approximantes : la fonction spline est une somme pondérée entre la spline de plaque mince interpolante et la distance quadratique observée entre le transformé d'un point et son point apparié. L'introduction d'un terme de régularisation quadratique a permis de successivement contraindre l'optimisation de la transformation par la prise en compte de l'erreur anisotropique liée à la localisation de chaque point [Roh98] ainsi que par la prise en compte de l'orientation locale autour de chaque point [RFS99]. Cet algorithme offre une procédure robuste pour définir une transformation élastique à partir de paires de points appariés. Si aucun nombre n'est clairement indiqué dans les articles de Rohr, les exemples présentés laissent supposer qu'un nombre assez important de points doivent être identifiés (environ 20 si nous nous basons sur les exemples présentés dans [RFS99]).

Une base de recalage non-rigide composée de points a aussi été utilisée pour rechercher des transformations modélisées par éléments finis, une fonction élastique ou visqueuse [LAJ⁺99, LA99].

Il est enfin à noter que les points n'ont pas été utilisés comme base d'un recalage projectif non-rigide.

5.2.3 Spécification des points de recalage

Chaque paire de points correspond à un *marqueur*, c'est-à-dire à un site anatomique ou à certains points particuliers d'un objet dédié à la réalisation du recalage. Les deux préalables au recalage sont donc d'une part l'*extraction* des marqueurs, c'est-à-dire la détermination de leur position dans le repère de référence et le repère flottant, et d'autre part l'*appariement* des points extraits, c'est-à-dire la formation de paires de points qui vont chacune définir un marqueur.

Dans ce qui suit, nous allons passer en revue les quatre principales méthodes qui sont utilisées pour résoudre ces deux problèmes : le cadre de stéréotaxie, l'emploi de systèmes calibrés, l'utilisation de marqueurs externes et enfin la définition de marqueurs intrinsèques ou anatomiques.

Cadre de stéréotaxie

Le principe du cadre de stéréotaxie est décrit exhaustivement dans de nombreux articles (voir [Lau96, Cuc96, VVM⁺93]). Plusieurs cadres existent (BRW [Nau94, VVM⁺93, KLJ97] (Brown-Robert-Wells), Leksell [KLJ97, ØLL⁺98], Fischer [PEMS⁺97], OBT [ZLW⁺90] (Tipa Instruments, Montréal: cadre de Leksell modifié), Z-D [VZB⁺97] (Zamorano-Dujovny)) mais ils reposent tous sur le même principe : un cercle de métal sert de base à des plaques en plastique renfermant des marqueurs. Le cercle est fixé au patient au moyen de vis qui viennent prendre appui sur son crâne (elles ne font qu'entamer l'os sans toutefois traverser la boîte crânienne). Les marqueurs sont des objets (billes [PHM⁺94] ou tiges [VVM⁺93, ZLW⁺90]) dont les coordonnées sont parfaitement connues dans un repère dit stéréotaxique (repère de référence). À une modalité donnée correspondra un jeu de marqueurs qui seront visibles dans cette modalité. Ainsi, après détection et appariement, ils permettent d'obtenir un recalage entre le repère flottant, lié à la modalité, et le repère de référence, stéréotaxique. Le recalage de deux modalités passe donc par une étape intermédiaire consistant à exprimer séparément chaque modalité dans le repère stéréotaxique. Enfin, quand bien même certains marqueurs sont linéaires (motifs formés de tiges pour le scanner ou l'IRM par exemple) le principe sous-jacent utilise des marqueurs en forme de points (ces marqueurs apparaissent dans les images par intersection des tiges avec les plan de coupes).

Le cadre de stéréotaxie offre donc un système de repérage indépendant du patient (ce qui permet des études intra-patients, comme celle qui a mené au fameux atlas de Talairach [TT88]). De plus, un jeu de marqueurs est spécialement conçu pour chaque modalité, afin de permettre une extraction facile (les marqueurs sont clairement visibles sur les images) et un appariement aisé (les marqueurs sont de formes différentes, des indices sont portés sur chaque plaque pour les reconnaître aisément (cadre de Fischer pour l'angiographie) ou encore leur placement est fait de manière à ce qu'ils apparaissent toujours dans le même ordre dans les images (scanner ou IRM)). Enfin, le cadre de stéréotaxie est très précis¹⁰. Tous ces avantages, associés au fait que le cadre de stéréotaxie offre aussi un très bon moyen de contention, font qu'il est largement utilisé en pratique clinique, notamment pour la radiochirurgie et en per-opératoire pour des opérations de neurochirurgie.

De nombreux travaux ont cependant été menés afin de pallier les inconvénients certains que le cadre de stéréotaxie présente. Tout d'abord, le port du cadre est extrêmement pénible pour le patient¹¹. De plus, d'un point de vue recalage, le cadre de stéréotaxie présente un nombre limité de marqueurs, placés dans des positions prédéfinies : un cadre de stéréotaxie n'est donc en général utilisable que pour des protocoles d'acquisition bien définis (acquisitions axiales pour le scanner ou l'IRM ou vues antéro-postérieures et latérales pour la DSA). Enfin, le cadre de stéréotaxie ne peut être utilisé pour effectuer un recalage a posteriori (la décision de réaliser un recalage par ce moyen est toujours prise avant chaque examen d'imagerie et de chirurgie).

Systèmes calibrés

En chirurgie, le but du médecin est de placer son instrument par rapport à une pathologie. Cette pathologie est visible sur une image pré-opératoire (scanner ou IRM par exemple). Si certaines opérations

10. D'après les constructeurs mais certaines études tendent à moduler ce fait, mais nous en reparlerons dans la partie du chapitre 6 consacrée à la validation

11. Rappelons-nous qu'un patient subissant une intervention en radiochirurgie doit le porter pendant au moins une demi-journée

sont réalisées sous le contrôle permanent d'images (angiographie ou examen en IRM interventionnelle), la localisation est en général difficile dans l'espace (imagerie projective pour l'angiographie, résolution encore insuffisante en IRM interventionnelle). De nombreux systèmes ont donc été imaginés dans le cadre de la robotique médicale pour permettre de localiser les instruments dans l'espace [TPD98].

Cinquin et al. [CBB⁺95] font une revue de ces différents "localisateurs" :

- bras articulés passifs : des capteurs indiquent l'état du bras selon chacun de ses degrés de liberté mais le bras est manipulé par le médecin. Ex : Surgicom (Faro Medical Technologies) [ZTL⁺93], Operating Arm System (Radionics) [Elj97], Viewing Wand (ISG, Elekta) [Nau94, PHM⁺94, BVM⁺97, PS97], Mayfield Localizer [ŠD99] ;
- bras articulés actifs ou semi-passifs (robots) : des capteurs indiquent l'état du bras selon chacun de ses degrés de liberté mais en plus, des moteurs sont incorporés afin d'automatiser la procédure préalablement planifiée. Ex : SurgiScope [ØLL⁺98] ;
- localisateurs optiques : par exemple le système Polaris [GHY⁺99, GCP99] permet la localisation par triangulation de marqueurs réfléchissants placés sur la peau du patient et sur les outils de chirurgie ;
- localisateurs optiques actifs : le plus connu et utilisé est l'Optotrak (Northern Digital) qui permet de localiser en temps réel des marqueurs portant des diodes électroluminescentes (LEDs) [VZB⁺97, MTE⁺97] ou émettant dans l'infra-rouge (IREDs) [MJGH⁺99] mais il existe beaucoup d'autres systèmes basés sur ce principe de localisation de LEDs, par exemple : EasyGuide Neuro (Philips Medical Systems) [DAD⁺97] ou encore NeuroStation (Sofamor Danek) [GQ98], Flashpoint [KWB⁺99] ;
- localisateurs ultrasonores : les marqueurs émettent des ultrasons qui sont captés et dont l'analyse permet la localisation 3D des marqueurs ;
- localisateurs électro-magnétiques : ils suivent le même principe que les localisateurs ultrasonores si ce n'est que les marqueurs émettent un champ magnétique basse fréquence ;
- d'autres systèmes sont capables de reconstruire par triangulation la surface d'un objet : le recalage fait alors intervenir cette surface. Nous en reparlerons donc dans la prochaine section.

La plupart de ces systèmes requièrent l'utilisation de marqueurs externes : ces marqueurs sont visibles sur l'image ayant servi à la planification de l'opération. Ils sont localisés en début d'opération par le chirurgien qui va les toucher l'un après l'autre au moyen d'un outil dont la position est connue dans le repère du localisateur. Une fois les marqueurs détectés dans l'image et repérés par le système de localisation, un recalage basé sur ces points est possible.

Dans le cas du bras articulé passif, semi-passif ou actif, le pointage est fait au moyen de ce bras. Avec cette méthode, le patient est supposé ne pas bouger. Ainsi, le médecin devra recommencer le recalage en cas de suspicion de bouger patient mais de nombreux auteurs utilisent un cadre de stéréotaxie [ØLL⁺98], ou un système de contention plus léger [ZTL⁺93, BVM⁺97, DAD⁺97]. Le seul avantage de la technique réside alors dans la plus grande liberté de mouvement permise au chirurgien.

Les localisateurs (passifs ou actifs) résolvent ce problème. En effet, des marqueurs sont placés sur le patient, permettant de suivre son mouvement dans l'espace (recalage 3D/3D des marqueurs entre deux estimations de position). La contention peut donc être évitée. L'avantage des localisateurs actifs sur les localisateurs passifs est leur moins grande sensibilité au bruit. L'utilisation des marqueurs réfléchissants est en effet grandement gênée par les reflets éventuels sur les instruments de chirurgie ou sur les objets de l'environnement. Les systèmes à base de LEDs ou IREds sont très précis (0,3 mm pour l'Optotrak) mais il réside encore une gêne pour le médecin : rien ne doit s'interposer entre les marqueurs et le système de localisation (la lumière visible ou infra-rouge ne traverse pas les objets opaques).

Ce dernier point explique les efforts réalisés pour le développement de localisateurs actifs basés sur des marqueurs émettant des ultrasons ou des champs magnétiques. Les systèmes ultrasonores ont une précision théorique très intéressante (0,1 mm) mais en pratique la précision n'est que de 5 mm de par la sensibilité extrême des ultrasons aux variations de température, aux mouvements de l'air ambiant et à son inhomogénéité ou encore de par la taille relativement grande des marqueurs. Les marqueurs magnétiques font mieux (3 mm) mais sont malheureusement très sensibles à la présence d'objets métalliques dans leur voisinage.

Cependant, si la précision sur la localisation d'objets rigides, tels les outils de chirurgie, est très bonne, le plus important problème lié à ces localisateurs est la nécessité d'employer un système de marqueurs liés au patient. Nous verrons dans le prochain point quelles sont les limitations d'un tel système. Citons tout

de même le cas du système LOCALITE [KWB⁺99] où un système de localisation des outils chirurgicaux est couplé (et calibré par rapport) à un appareil d'IRM interventionnelle, donnant un recalage direct entre les images per-opératoires et les outils. La seule hypothèse formulée est que le patient ne bouge pas entre deux acquisitions IRM.

Marqueurs externes

L'idée d'utiliser un système de marqueurs externes est similaire à celle portant le cadre de stéréotaxie. Nous allons donc retrouver le même but : pouvoir localiser une cible en trois dimensions avec précision mais avec une invasivité (pour le patient) et une gêne (pour le geste chirurgical) moindre que le cadre.

Nous avons vu dans ce qui précède que les marqueurs pouvaient être actifs ou passifs, l'avantage des marqueurs actifs étant, en l'absence d'un contrôle par l'image, de pouvoir suivre le mouvement du patient et le compenser pour conserver la même qualité de recalage. Les marqueurs sont utilisés en conjonction avec un système de localisation par bras articulé (voir ci-dessus) mais également pour recalibrer deux modalités d'imagerie (en dehors de toute activité chirurgicale). Chaque marqueur sera fonction de la modalité choisie :

- pour les rayons X (CT, DSA) : billes en or [VZB⁺97] ou en acier [MFS⁺96, EKMJ⁺99], agrafes [Elj97] ;
- pour l'IRM : capsules remplies d'huile [MFS⁺96, Elj97] ou de gadolinium [Hil93] ;
- pour l'imagerie nucléaire (PET, SPECT) : capsules remplies de traceur [Hil93, VZB⁺97].

Ces marqueurs seront collés sur la peau [Hil93, MFS⁺96, DAD⁺97, GQ98]. Cependant, cette dernière étant très mobile (plus de 5 mm), le placement des marqueurs est très délicat. On définira donc a priori des sites anatomiques fixes sur la peau du patient et facilement repérables afin de pouvoir aisément, et avec suffisamment de précision, recoller un marqueur qui se serait déplacé ou serait tombé entre les deux acquisitions [Hil93, Elj97].

Pour pallier le problème de la mobilité de la peau, les marqueurs sont parfois montés sur des cadres atraumatiques (souvent fixés aux dents) [Hil93, BVM⁺97, EKMJ⁺99]. Enfin, certains auteurs proposent une solution plus invasive de marqueurs agrafés [Elj97] ou vissés [VZB⁺97] dans le crâne du patient. Ces solutions mènent bien entendu à un recalage plus précis mais sont presque aussi invasives que le cadre de stéréotaxie.

L'avantage d'utiliser un système de marqueurs est la facilité avec laquelle leur extraction peut s'effectuer dans les images. Elle est relativement aisée à mettre en œuvre et son utilisation est possible pendant une opération si elle est couplée avec un système de localisation (voir ci-dessus). Étant fixés à la peau, les marqueurs sont en général présents sur les images. De plus, la configuration peut être choisie afin de pouvoir les utiliser dans n'importe quelle incidence (contrairement au cadre de stéréotaxie pour lequel des positions canoniques sont requises).

En revanche, nous avons déjà souligné le problème de précision provenant de la mobilité de la peau. Le problème de l'appariement n'est pas non plus réglé et il se fera en général à la main. Des techniques existent pour effectuer l'appariement automatique mais elles ont en général été mises en œuvre avec des ensembles de marqueurs plus importants, comme ceux obtenus par discrétisation d'une ligne ou d'une surface (voir la section suivante pour plus de précision). Enfin, une erreur est souvent présente dans la localisation des marqueurs : la taille du marqueur doit être au moins égale à la plus grande taille voxel et même dans ces conditions, l'erreur ne pourra être inférieure à cette taille [Hil93]. C'est dans le but d'améliorer cette localisation que des marqueurs non-sphériques, présentant une forme en trois dimensions, mais menant à la définition précise d'un point dans l'espace, ont été dessinés. Ainsi, van den Elsen a mis au point des marqueurs en forme de flèches (le marqueur étant à la pointe de la flèche) adaptés au scanner et l'IRM en coupes axiales [vdEVvH⁺91].

Le nombre de marqueurs utilisés varie de 4 à 6 [WBK⁺97, VZB⁺97, ZTL⁺93] mais plus souvent de 6 à 13 [MNR⁺91, MFS⁺96, GQ98, EKMJ⁺99]. Un recalage a posteriori reste cependant impossible à partir de marqueurs externes.

Marqueurs intrinsèques

Les marqueurs intrinsèques sont directement liés à l'anatomie du patient. Ils peuvent en particulier être choisis à l'intérieur de celui-ci. Les avantages sont immédiats : nombre de points potentiellement grand, points bien répartis dans les images, contraignant mieux le recalage, et recalage a posteriori possible. Les premiers articles rapportant une expérience avec une telle base de recalage emploient une méthode d'extraction manuelle [HHC⁺91, MNR⁺91, HHG⁺94]. L'utilisation d'une base de points intrinsèques est également possible en chirurgie, couplée avec un système de localisation [ZTL⁺93, ŠD99]. Nous allons cependant chercher à utiliser le plus de points possible. En conséquence, des techniques d'extraction automatique de marqueurs anatomiques ont été testées. En se basant sur les travaux effectués en vision par ordinateur visant à l'extraction de points "intéressants" dans une image, Rohr et ses collègues ont ainsi testé plusieurs opérateurs différentiels invariants par transformation rigide pour extraire de tels points [Roh99, HRS99b].

En général, les méthodes automatiques sont très difficiles à mettre en œuvre quand les images sont très différentes et l'appariement reste encore une tâche très ardue, demandant en particulier une gestion délicate des points aberrants (points détectés dans une seule modalité). Ceci fait que les techniques automatiques basées sur des points ont en quelque sorte migré vers des techniques basées sur des primitives d'ordre supérieur (discrétisées comme des ensembles de points à recalcer) qui feront l'objet de la section suivante.

Le recalage rigide basé sur des marqueurs intrinsèques est cependant très étudié [MJMF93, FHS⁺98, FWMJ99, WF99]. Il jouit en effet d'une extrême confiance auprès de la communauté scientifique et médicale car il correspond à ce que nous entendons intuitivement par recalage. Ainsi, ce type de recalage est souvent considéré comme une référence (*gold standard*) faisant de plus en plus concurrence au cadre de stéréotaxie [WFW⁺97]. Nous reparlerons donc plus longuement de la précision théorique que l'on peut en attendre dans la partie du chapitre 6 traitant plus spécifiquement du problème de la validation.

5.3 Méthodes basées sur des primitives d'ordre supérieur

Hormis le point, trois autres classes de primitives peuvent être utilisées pour recalcer deux images : courbes (une dimension), surfaces (deux dimensions) ou volumes (trois dimensions), qui correspondent à des structures significatives extraites des images. Le recalage est donc caractérisé par son aspect structurel (les images doivent présenter des objets de forme similaire) et par une phase préalable de segmentation.

Deux modes se dégagent pour décrire ces primitives : elles sont représentées soit comme des ensembles de points, soit au moyen de modèles déformables. Comme leur nom l'indique, les modèles déformables n'ont été utilisés, à notre connaissance, que dans un but de recalage non-rigide. Or, nous nous intéressons ici principalement au recalage rigide.

Nous allons donc nous pencher dans un premier temps sur le problème de la segmentation des structures sous forme d'ensembles de points. Puis nous verrons quelles méthodes ont été développées pour atteindre un recalage rigide, à partir de la comparaison de ces ensembles de points. Puis nous envisagerons quelques extensions au recalage non-rigide.

5.3.1 Spécification des primitives

Le recalage basé sur des primitives d'ordre supérieur repose bien entendu sur une étape préalable d'extraction ou *segmentation* de ces primitives. Nous présentons ici quelques méthodes employées dans les articles pour effectuer cette tâche. Nous ne prétendons nullement être exhaustifs, notre but étant simplement de donner une idée de la diversité des techniques existantes, révélatrice des difficultés de l'exercice.

Méthodes

La première technique, assez simple mais primitive, est l'extraction manuelle. Elle est employée dans deux cas : d'abord des articles anciens [PCS⁺89, ABKC90] ainsi que dans des articles où soit la phase de segmentation n'a pas encore été envisagée (préférant tester d'abord la faisabilité du recalage par leur

méthode [HH94]), soit son étude est jugée triviale (extraire la surface osseuse d'une image de scanner ne semble pas insurmontable [LSB91]) ou au contraire si complexe qu'elle mérite une étude indépendante (par exemple l'extraction des lignes sulcales du cerveau [CRD⁺99]). Cette segmentation manuelle peut éventuellement être améliorée ou la surface extraite rendue continue par la suite grâce à des algorithmes d'interpolation [PCS⁺89, HC97, KL99].

Dans le domaine de la robotique médicale, ou plus généralement lorsque le recalage doit servir en per-opératoire, des capteurs sont utilisés : bras mécaniques [MEF99], systèmes de localisation optique (Optotrak) [MJGH⁺99, HD99, HMJM⁺99a, MTE⁺97] ou des systèmes optiques de numérisation de surfaces (*range finder*) [CKDM95, Cuc96, ASP99].

Des algorithmes simples de traitement d'images donnent également de bon résultats comme le seuillage [vHK94], éventuellement par hystérésis [Mal92], associé à des filtres de morphologie mathématique [CKDM95, Cuc96, ICM⁺97] ou à un algorithme de croissance de région [HH94].

Enfin, des techniques plus évoluées sont aussi utilisées : classification floue [TB96], contours actifs (suivis d'une reconstruction de la surface triangulée [GKWT98] ou modélisation de la surface comme la courbe implicite de niveau zéro (*zero level-set*) d'un front mobile 4D dont l'évolution est contrainte par une équation différentielle [AP99]), *marching cube* [HD99, HMJM⁺99a] (surface triangulée) ou résultat d'opérateurs différentiels (extraction des lignes de crêtes à partir du calcul dérivées spatiales d'ordre 1 à 3 directement sur les données image [MLD94] ou à partir d'une représentation B-spline de l'image de gradient [GPA97]).

Dans le cas particulier d'un recalage d'images angiographiques, les objets d'intérêt à segmenter sont bien sûr les vaisseaux sanguins. Ils possèdent une structure en arbre et nous allons chercher à extraire leur ligne centrale (aussi bien dans une image 2D que 3D). Les méthodes les plus souvent adoptées sont :

- le suivi de vaisseau (recherche du point suivant en examinant le profil de l'image dans un voisinage du point courant après initialisation manuelle [ALP94, SHC⁺99] ou par croissance de région [MMD96]) ;
- la classification basée sur un modèle du signal [CN99] ;
- d'ordre topologiques [DLPB99] ;
- ou enfin basées sur des opérateurs différentiels du second d'ordre [KS96, FMA⁺97], à présent de plus en plus dans un contexte multi-échelles [SNA⁺97, LCB⁺97, KMA96, LBP98, FNVV98, KMA98, FNH⁺99] (voir également le chapitre 14).

Nous avons donc deux grandes familles de méthodes :

- des méthodes statiques d'extraction par *filtrage* des données : la primitive est formée des points de forte réponse au filtre ;
- des méthodes dynamiques faisant intervenir un modèle *évolutif* de la primitive : le résultat est à nouveau un ensemble de points (numérisation de la primitive).

Dans le deuxième cas, la modélisation sous-jacente permet de connaître la topologie de la structure et fournit la notion de voisinage. Une interpolation des points de la primitive sera nécessaire dans le premier cas pour accéder à cette connaissance.

Problèmes

Les méthodes statiques sont sensibles au bruit et aux variations de contraste dans les images (par exemple d'angiographie). Il est donc extrêmement difficile de fixer des paramètres pour le filtre utilisé qui soient toujours valables. Il s'ensuit de nombreux cas de sous-segmentation [KWN98] (le recalage risque alors d'être peu précis car basé sur peu d'information) ou de sur-segmentation (il est alors nécessaire de pratiquer un tri manuel des primitives pertinentes [FMA⁺97]).

Les techniques dynamiques améliorent la robustesse de la segmentation face à ces deux problèmes mais ceci ne peut se faire que par une paramétrisation judicieuse du modèle de primitive. Ainsi, il faut que le modèle prédomine sur les données image aux endroits bruités mais que les données image prennent le dessus dans les zones pertinentes afin de bien "coller" aux données image. De fait, ces méthodes mènent souvent à une segmentation qui s'éloigne des données image en certains endroits. Cette information erronée ne peut a priori pas être distinguée d'une information pertinente et va dégrader la qualité du recalage.

Arrêtons-nous sur le cas particulier du recalage d'images angiographiques (qui nous intéresse au premier plan). En 2D (images DSA), l'extraction de la ligne centrale des vaisseaux peut également être perturbée par la superposition des vaisseaux sanguins [LBP98] :

- deux vaisseaux, séparés dans l'espace 3D, peuvent se projeter de manière tangentielle: ils apparaissent donc localement comme un vaisseau plus gros et le processus de squelettisation extraiera une ligne centrale là où il en aurait fallu physiquement deux ;
- deux vaisseaux, séparés dans l'espace 3D, peuvent se croiser dans l'image de projection : la situation est contraire au principe de suivi de vaisseau, pourtant valable en 3D (structure en arbre) qui peut soit perdre un vaisseau, soit choisir le mauvais vaisseau, créant une fausse continuité et des valeurs erronées des dérivées locales.

En 3D, le problème n'est pas si simple qu'il n'y paraît, même pour des images aussi sympathiques, a priori, que des volumes d'angiographie IRM. Les algorithmes de suivi de vaisseau vont souvent s'arrêter prématurément, à cause de la perte de signal dans le vaisseau quand celui-ci est parallèle au plan de coupe. De plus, le faible diamètre des vaisseaux (au mieux 3 à 4 voxels) mènent à une ligne centrale qui peut être perturbée et pour laquelle le calcul des dérivées locales peut s'avérer complexe.

Enfin, un dernier grand obstacle à la segmentation est de pouvoir segmenter les mêmes objets et dans les mêmes proportions dans les deux images : une primitive peut n'être extraite que dans une seule modalité. De plus, l'extraction de certaines primitives, bien que présentes dans les deux modalités peut n'être que partielle dans l'une d'entre elles. Cette différence de performance de la segmentation en fonction de la modalité imposera qu'un algorithme robuste soit utilisé pour le recalage.

En conclusion, l'utilisation de primitives comporte trois problèmes inhérents à la phase de segmentation :

- La *sous-segmentation* : absence de certaines primitives dans l'une au moins des modalités. L'information pertinente est alors mal distribuée et le recalage sera moins précis dans les parties de l'image vide de primitives.
- La *sur-segmentation* : complémentaire de la précédente, elle induit un grand nombre de points aberrants. La fonction de similarité entre les deux primitives (dont la maximisation conduit au recalage) devra donc être robuste.
- La *segmentation partielle* : certaines primitives n'apparaissent que partiellement dans une modalité. Le calcul de la distance entre ces primitives devra prendre en compte ce fait [ALP94] mais cet obstacle est souvent considéré comme induisant de nouveaux points aberrants.

5.3.2 Principe

Deux cas de recalage nous intéressent plus particulièrement (3D/3D et 2D/3D) mais ils se ramènent au même problème. Nous avons en effet vu que le recalage 2D/3D se formalise en la recherche d'une matrice de projection. Cette matrice de projection synthétise deux aspects : intrinsèque, qui caractérise la fonction de projection, et extrinsèque, qui indique la position de l'objet 3D par rapport à la caméra réalisant cette projection (voir la section 5.1.4). Tous les auteurs considèrent les intrinsèques connus. Certains précisent la manière dont ils calibrent leur système d'imagerie, en obtenant ainsi les intrinsèques et en corrigeant les distorsions (voir la troisième partie de ce manuscrit) [LSB91, HC97, GKWT98, GKW⁺98, GWW⁺99], mais la plupart des auteurs n'évoque même pas la question. Ainsi, le problème du recalage 2D/3D se ramène à la recherche des extrinsèques, autrement dit à la recherche d'une transformation rigide dans l'espace tridimensionnel.

Nous allons donc dans un premier temps présenter les méthodes de recalage en considérant que l'espace de référence et l'espace flottant ont même dimension. Nous verrons ensuite comment généraliser au cas plus complexe du recalage 2D/3D.

Alignement des axes principaux

Considérons un objet \mathcal{O} exprimé dans deux espaces différents (de référence et flottant) de même dimension D . Si cet objet est rigide, la théorie des corps rigides nous indique que sa position dans un

espace donné est entièrement définie par la connaissance de la position de son centre de masse et sa matrice d'inertie (moments du premier et second ordre).

La position du centre de masse \bar{P} est donnée par la moyenne de la position de tous les points de l'objet :

$$\bar{P} = \frac{1}{\mathcal{V}} \int_{P \in \mathcal{O}} P dP \quad \text{où } \mathcal{V} = \int_{P \in \mathcal{O}} dP \text{ est le volume de l'objet } \mathcal{O} \quad (5.14)$$

La matrice d'inertie $\mathbf{I} = [I_{i,j}]$ est une matrice carrée symétrique $D \times D$ telle que :

$$\forall i \in [0..D-1] \quad I_{i,i} = \frac{1}{\mathcal{V}} \int_{P \in \mathcal{O}} (x_i - \bar{x}_i)^2 dP \quad (5.15)$$

et

$$\forall (i,j) \in [0..D-1]^2 \quad I_{i,j} = \frac{1}{\mathcal{V}} \int_{P \in \mathcal{O}} (x_i - \bar{x}_i)(x_j - \bar{x}_j) dP \quad (5.16)$$

avec $\bar{P} = (\bar{x}_i)_{i \in [0..D-1]}$ et $P = (x_i)_{i \in [0..D-1]}$ pour tout point P de l'objet.

La matrice d'inertie est carrée symétrique, donc diagonalisable :

$$\mathbf{I} = \mathbf{U} \mathbf{D} \mathbf{U}^t \quad (5.17)$$

où \mathbf{U} est une matrice orthogonale (donc de rotation) donc les colonnes donnent les *axes principaux* de l'objet \mathcal{O} dans le repère choisi pour l'exprimer. \mathbf{D} est une matrice diagonale de valeurs propres qui donne une information sur l'extension spatiale de l'objet dans les directions de chacun de ses axes principaux. La décomposition est unique si les valeurs propres sont toutes différentes et ordonnées dans \mathbf{D} (par exemple de manière croissante).

Ainsi, le centre de masse donne la position de l'objet dans l'espace et les vecteurs propres de la matrice d'inertie indiquent son orientation. Connaissant ces informations dans deux repères différents, il est aisé d'en déduire la correspondance rigide en exprimant que la matrice \mathbf{D} est caractéristique de l'objet et ne dépend donc pas du repère choisi :

$$\mathbf{U}_r^t (P_r - \bar{P}_r) = \mathbf{U}_f^t (P_f - \bar{P}_f) \quad (5.18)$$

où P est un point quelconque et l'indice r se rapporte au repère de référence et l'indice f au repère flottant. La transformation rigide, exprimant P_r en fonction de P_f est alors triviale :

– la rotation \mathbf{R} aligne les axes d'inertie et s'obtient par composition des deux matrices de vecteurs propres :

$$\mathbf{R} = \mathbf{U}_r \mathbf{U}_f^t \quad (5.19)$$

– la translation T fait correspondre les deux centres de masse :

$$T = \bar{P}_r - \mathbf{R} \bar{P}_f \quad (5.20)$$

Cette description théorique souligne le premier inconvénient de cette méthode : elle ne pourra s'appliquer si l'objet présente une certaine symétrie, la matrice d'inertie présentant alors au moins deux valeurs propres égales (presqu'égales si l'objet est presque symétrique).

Cette méthode a principalement été utilisée dans le cadre du recalage rigide 3D/3D. Alpert [ABKC90] l'emploie sur des surfaces et des volumes binarisés. Les ensembles de points n'ont pas besoin d'être denses mais doivent bien représenter la forme de l'objet, c'est-à-dire présenter une couverture spatiale homogène de l'objet. Ainsi, cette méthode, globale, offre une grande robustesse vis à vis du bruit, local. En revanche, le problème du volume partiel est extrêmement gênant : lorsque seule une partie de l'objet visible dans la première modalité est visible dans la seconde, le calcul des moments est alors fragilisé. Arata [AD92] résout ce problème en appliquant la méthode originale de manière exhaustive, ne considérant à chaque étape qu'un sous-ensemble des coupes IRM afin de simuler le volume partiel imagé en PET. Enfin, une

version plus élaborée, mais selon nous basée sur le même principe, en a été proposée par Burel [BHC96] : la surface y est décrite par une fonction en coordonnées sphériques, le recalage s'effectuant alors par inversion d'une matrice comparant les premières harmoniques sphériques de cette fonction descriptive.

Le principal avantage des axes principaux est son extrême simplicité de mise en œuvre et son faible coût en temps de calcul. Elle manque cependant de précision, notamment par manque de robustesse face aux différences inévitablement présentes entre les modalités si elles sont issues de moyens d'imagerie différents. Son efficacité fait d'elle une méthode de choix pour initialiser des algorithmes de recalage minimisant de manière itérative une fonction de coût [TB96, ICM⁺97]. Ce type d'algorithmes regroupe la vaste majorité des méthodes proposées pour recalculer des primitives complexes. Nous allons à présent en exposer le principe.

Minimisation d'une énergie

Une grande majorité des techniques de recalage impliquant des primitives de haut niveau considère qu'une des deux primitives, que nous appellerons désormais \mathcal{P}_r , est une surface ou une courbe, c'est-à-dire qu'elle est topologiquement connue, ce qui permet le calcul de la distance d'un point à cette primitive (distance point à surface ou point à courbe) et fournit la notion de voisinage. Cette propriété n'est pas obligatoire pour l'autre primitive, que nous nommerons \mathcal{P}_f , qui peut donc être considéré comme un simple ensemble de points. L'idée qui guide toutes ces méthodes de recalage est que la connaissance de la topologie de \mathcal{P}_r va définir un champ de force d'attraction vers cette primitive dans l'espace. En plongeant \mathcal{P}_f dans ce champ, une fonction d'énergie potentielle va lui être associée. Cette fonction est paramétrée par les déformations qu'il peut subir. Elle sera minimale pour le recalage recherché.

Une des entités considérées (\mathcal{P}_r) crée un champ de force dans l'espace entier, dotant ainsi l'autre entité (\mathcal{P}_f) d'une énergie potentielle. L'expression de cette énergie peut être déduite de la dynamique du mouvement rapprochant les deux ensembles [MFVR95] mais la force d'attraction sera dans l'immense majorité des cas proportionnelle à la distance à l'entité génératrice. Le calcul de la distance d'un point P_f de \mathcal{P}_f à la surface \mathcal{P}_r peut varier. Pelizzari [PCS⁺89] trace la droite qui relie P_f au centroïde de \mathcal{P}_r , et calcule la distance quadratique entre P_f et l'intersection de cette droite avec \mathcal{P}_r . Cette technique d'appariement est cependant anecdotique. La plupart des auteurs appariant P_f au point P_r de \mathcal{P}_r le plus proche de lui (son projeté orthogonal sur \mathcal{P}_r).

Ce calcul de distance est gourmand en temps de calcul, c'est pourquoi les auteurs effectuent en général un pré-calcul d'une carte de distance. Elle est dans de nombreux cas établie de manière approchée en employant la distance du chanfrein [HH94, vHK94, CKDM95, ICM⁺97] (voir [vHGdMT97] pour une étude de la robustesse du calcul de cette distance) mais Lavallée [LSB91] propose d'utiliser des splines d'octrees pour la bâtir.

Nous voyons donc que le calcul de la fonction d'énergie comprend une phase d'appariement point à point. Cette phase est parfois explicite : pour chaque point P_f , une paire de points homologues est créée en lui associant le point P_r de \mathcal{P}_r tel que la distance de P_f à P_r est égale à la distance de P_f à \mathcal{P}_r . On se ramène ainsi à un problème de recalage basé sur des points (avec un très grand nombre de points appariés) et les méthodes classiques de résolution directe que nous avons vues dans la section précédente peuvent être appliquées pour déterminer le recalage [CKDM95, Cuc96, KWN98, HHS⁺99, HD99, HMJM⁺99a]. L'appariement est cependant approximatif. La résolution du recalage va donc consister à appliquer itérativement la procédure suivante :

1. appariement de chaque point de \mathcal{P}_f avec un point de \mathcal{P}_r ;
2. résolution du recalage par une méthode basée sur des points ;
3. application du déplacement correspondant au recalage trouvé à \mathcal{P}_f dans l'espace de référence.

L'exemple typique est le cas où chaque point de \mathcal{P}_f est apparié au point le plus proche sur la surface \mathcal{P}_r : on obtient ainsi la technique d'appariement itératif au point le plus proche qui est couramment employée et est connue par le diminutif ICP (*Iterative Closest Point*) [BM92].

Nous avons vu que des points aberrants pouvaient résider dans les primitives. Une des manières de les éviter consiste à améliorer la phase d'appariement. Chez Guéziec [GPA97], un point n'est plus défini par ses seules coordonnées spatiales mais va apparaître sous la forme d'un n-uplets contenant également un certain nombre d'invariants différentiels locaux à l'entité à laquelle il appartient. La fonction de

distance est donc modifiée de manière à être capable de détecter une dissimilarité entre ces invariants. Tarel [TB96] alterne l'optimisation avec une classification floue par régions. L'appariement peut donc imposer une certaine similarité de formes entre les régions appariées (la forme est dans ce cas modélisée par les axes principaux de la région). Nous précisons que Tarel s'intéresse au recalage 2D/2D, mais cette technique pourrait s'étendre au recalage 3D/3D de volumes. Ces techniques ne sont cependant applicables que si la topologie des deux primitives est connue (calcul d'invariants différentiels ou de paramètres de forme sur les deux ensembles).

L'approche la plus fréquente est cependant de rendre l'appariement implicite dans la fonction d'énergie. Nous avons alors à minimiser une fonction paramétrée par les six paramètres du déplacement rigide. Chui [CRD⁺99] introduit un terme de qualité de l'appariement : la norme de la matrice d'appariement permet de gérer les points aberrants. Mais le plus souvent, la somme des distances est pondérée : probabilités [HH94], taille des ensembles [ICM⁺97], variance [LSB91], vraisemblance incluant une information sur les tangentes [HC97, GWW⁺99].

Enfin, divers algorithmes classiques d'optimisation sont utilisés pour minimiser la fonction : simplex [vHK94], M-estimateurs [GKWT98, GWW⁺99, MEF99], Levenberg-Marquardt [LSB91, HC97], Newton [LBP98], Powell [PCS⁺89, ICM⁺97], algorithme génétique [HH94], filtre de Kalman [GPA97, FMA⁺97] ou un exotique algorithme de recuit déterministe [CRD⁺99]. Le problème commun à tous ces algorithmes itératifs est celui de l'initialisation. Presque tous les auteurs se basent sur une initialisation manuelle grâce à une interface utilisateur permettant de mobiliser l'objet flottant dans l'espace de référence [CKDM95] ou en considérant un recalage basé sur des points indiqués manuellement [HC97]. Dans ce cas, les positions des points peuvent être approximatives, le tout étant de se placer à l'initialisation aux environs du bassin d'attraction du minimum global de la fonction d'énergie. Il est intéressant de noter que Itti [ICM⁺97] utilise le résultat d'un alignement des axes principaux comme initialisation (la segmentation étant de toute façon requise) et propose aussi d'utiliser les paramètres de positionnement du scanner.

5.3.3 Cas du recalage 2D/3D

Le cas du recalage 2D/3D est intéressant car nous avons le choix du repère dans lequel travailler pour déterminer le recalage. Il est cependant plus complexe car les primitives sont exprimées dans des espaces de dimensions différentes. Dans le cas où la primitive 3D est une surface, tous les auteurs ont choisi d'effectuer leurs calculs dans l'espace à trois dimensions : la primitive 3D est la surface de l'objet d'intérêt (crâne [LSB91], vertèbre [HC97], fémur [GKWT98, GWW⁺99]), la primitive 2D est un ensemble de points de contour (zones linéaires et plus sombres dans les images rayons X). Chaque point de la primitive 2D correspond dans l'espace 3D à une droite (joignant le point image du centre optique du système d'imagerie). La primitive 2D "émet" donc en quelque sorte un faisceau de droite. L'algorithme de recalage recherche alors la position de l'objet 3D qui rend la surface de l'objet la plus tangente au faisceau de droites.

Le cas qui nous intéresse est celui du recalage d'une image angiographique 3D (typiquement une image d'angiographie IRM dans la littérature mais cette thèse s'intéressera surtout aux acquisitions 3DXA) avec une image angiographique 2D (typiquement une image DSA). Nous pouvons remarquer des constantes dans les méthodes :

- les primitives extraites représentent la ligne centrale des vaisseaux sanguins ;
- les calculs sont effectués en 2D ;
- tous les calculs sont itératifs.

La technique classique consiste donc à extraire les lignes centrales (squelettes) des vaisseaux en 3D et en 2D, projeter le squelette 3D dans le plan image et maximiser la superposition de ces deux squelettes dans le plan image.

Les méthodes diffèrent cependant concernant les phases de segmentation, appariement et calcul du déplacement. Nous allons en voir quelques exemples.

Segmentation

Alperin et al. [ALP94] sélectionnent certaines artères dans l'image 2D et en extraient la ligne centrale par un algorithme de suivi de vaisseaux après indication manuelle de 2 points sur chaque artère. Le même algorithme est appliqué sur la projection en maximum d'intensité (MIP pour *Maximum Intensity Projection*) de l'angiographie IRM. Un algorithme de suivi de vaisseaux est également utilisé chez Kita et al. [KWN98] pour le 3D. Le squelette 2D est ensuite extrait en observant l'histogramme local dans le voisinage de la projection du squelette 3D. Feldmar et al. [FMA⁺97] emploie un seuillage par hystérésis pour extraire le squelette 3D et seuille le résultat d'un filtre multi-échelle dépendant de l'orientation locale (vecteur propre de la plus grande valeur propre du Hessien). Ces deux images binaires subissent ensuite une squelettisation puis une classification topologique. Enfin, Liu et al. [LBP98] emploient également un filtrage multi-échelle dans les deux modalités pour extraire la ligne centrale des vaisseaux.

Le filtrage multi-échelle semble clairement donner de meilleurs résultats, même si une phase manuelle est parfois nécessaire pour effacer quelques primitives aberrantes (issues par exemple d'une mauvaise soustraction dans l'image DSA).

Appariement

Chez Alperin et al. [ALP94], l'appariement des vaisseaux est donné par la phase manuelle. L'appariement entre deux lignes centrales est réalisé comme suit : une droite orthogonale à la ligne centrale du vaisseau en DSA est tracée à partir de chaque pixel et son intersection avec la ligne en MRA est trouvée. Liu et al. [LBP98] reprennent cette technique mais pour un recalage des squelettes en entier : en cas d'intersection multiples, le point le plus proche est choisi. Feldmar et al. [FMA⁺97] utilisent le point le plus proche (ICP) tandis que Kita et al. [KWN98] appariant chaque point du squelette 3D projeté avec le point du squelette 2D le plus proche dans une région dont la forme et l'étendue dépend de la topologie locale de la projection du squelette 3D. Cette zone de recherche s'apparente à une cellule d'un diagramme de Voronoï.

Calcul du déplacement – Fonction d'énergie

Dans la majorité des articles considérés, une somme de distances au point le plus proche est utilisée. Alperin et al. [ALP94] robustifient leur fonction d'énergie en la pondérant par le pourcentage de lignes orthogonales au squelette 2D qui intersectent la ligne correspondante dans le squelette 3D. L'algorithme de Brent est alors utilisé pour minimiser la fonction. Liu et al. [LBP98] utilisent une formule des dérivées partielles de la fonction d'énergie dans un algorithme de minimisation de Newton.

Feldmar et al. [FMA⁺97] incluent un nouveau terme dans la somme des carrés des distances qui expriment la distance entre les tangentes aux squelettes aux deux points appariés. Ils mettent également en place des tests de χ^2 sur la moyenne et variance de la distance de Mahalanobis, ainsi que sur les tangentes, pour exclure les points aberrants issus de la segmentation ou les paires erronées provenant de la phase d'appariement. La fonction est alors minimisée par filtrage de Kalman.

Enfin, Kita et al. [KWN98] considère le problème comme un recalage basé sur des points : contrairement aux autres travaux, une première phase effectue explicitement l'appariement de chaque points du squelette 3D avec un point du squelette 2D. L'algorithme utilisé dans cette phase étant complexe et soigné, une assez bonne confiance est placée par les auteurs dans les paires définies. La résolution du recalage est alors effectuée par une méthode classique d'estimation directe à partir des paires de points homologues (modélisation de la rotation au moyen de quaternions).

Initialisation

Un aspect important de ces méthodes est également l'initialisation des algorithmes itératifs. Dans [ALP94] et [LBP98], cette phase est manuelle : elle consiste à indiquer au programme quelle partie du squelette 2D correspond à quelle partie du squelette 3D (appariement des artères). Dans [FMA⁺97], l'initialisation est également réalisée manuellement grâce à une interface utilisateur permettant de manipuler le squelette 3D. Enfin, Kita et al. [KWN98] se servent des indications fournies par les capteurs de la machine d'angiographie pour déterminer une pose approximative qui est par la suite corrigée en estimant

la translation dans le plan image qui fait se superposer la projection du squelette 3D avec le plus de pixels sombres (potentiellement des vaisseaux sanguins en DSA).

5.3.4 Extension au recalage non-rigide

L'extension au recalage non-rigide se fait dans la plupart des cas par l'expression des primitives à recaler sous forme de modèles déformables. La variété des méthodes repose sur le principe qui va guider les déformations acceptées par le modèle (voir [LA99] pour une revue). La modélisation par splines est bien sûr employée [EHL⁺95, OME99, ASP99], mais beaucoup d'auteurs contraignent la transformation recherchée en la faisant obéir à certaines lois physiques. Les primitives adoptent donc un comportement analogue à une membrane semi-perméable (démons) [Thi95, CPA99, PCA99, HPS⁺99], à un fluide visqueux [MkDPK⁺99, LAJ⁺99], ou à une matière élastique [DPB96, VD99, GT99, FWG⁺99]. Enfin, quelques auteurs recherchent une modélisation très proche de la réalité et supposent les déformations mécaniques [HRS⁺99a] ou au contraire décomposent la transformation de manière abstraite selon les modes de vibrations d'un maillage sphérique [NHA99].

5.3.5 Remarques

En conclusion de cette revue, il nous semble utile de faire quelques remarques. Tout d'abord, le lecteur peut avoir l'impression que nous faisons l'hypothèse implicite qu'une seule entité de l'espace flottant était à recaler avec une seule modalité de l'espace de référence. C'est en général la manière dont le problème du recalage est posé dans les articles mais le cas de plusieurs primitives a été abordé. Il pose un problème supplémentaire d'appariement qui peut être résolu par exemple, par un algorithme de recalage de graphes [LA98, MD99]. Ensuite, nous avons peut-être paru supposer qu'un seul type de primitive était employé (soit des points, soit des lignes, soit des surfaces par modalité). C'est le plus souvent le cas mais Meyer et al. [MLB⁺95] proposent un formalisme permettant d'utiliser simultanément des primitives de dimensions différentes.

5.4 Fonctions de similarité

Un dernier groupe de méthodes se base sur une fonction de comparaison qui indique un niveau de similarité entre deux images considérées comme des cartes d'intensité, c'est-à-dire comme des signaux multi-dimensionnels. Nous allons voir dans un premier temps quels sont ces critères de similarité, tous ayant été à leurs débuts utilisés dans le cadre du recalage rigide (rappelons-nous que le recalage 2D/3D se ramène trivialement à un problème de recalage rigide). Nous verrons ensuite quelques idées pour les utiliser pour résoudre un recalage non-rigide. Enfin, nous n'avons ici aucune primitive à extraire : la difficulté réside dans le calcul du critère. Nous mettrons donc en évidence les principales difficultés rencontrées lors de leur mise en œuvre.

5.4.1 Principe et critères

Le principe général des méthodes que nous allons exposer repose sur la définition d'un critère de similarité \mathcal{C} qui permet de comparer deux images de même dimensionalité. Ainsi, si T est la transformation recherchée, le score attribué à un estimé \hat{T} de cette transformation est $\mathcal{C}(\hat{T}(I_f), I_r)$, I_f étant l'image dans le repère flottant et I_r l'image dans le repère de référence. Nous voyons donc qu'un tel critère compare naturellement deux images de mêmes dimensions : autant que dans le repère de référence. Par souci de clarté, l'exposé du principe et la définition des différents critères seront donnés en considérant que l'espace de référence est à trois dimensions, l'extension au cas bidimensionnel étant triviale.

De nombreux critères de similarité existent pour comparer deux images qui sont censées être égales. Ces critères peuvent en général aisément s'interpréter comme une mesure de niveau de bruit dans l'image formée par la différence des deux images à comparer. Plus que des critères de similarité, ces fonctions sont des critères d'égalité entre les images (ces critères sont beaucoup utilisés pour le recalage 2D/2D, voir [MNV99] pour une revue). Cette thèse s'intéresse plus particulièrement au problème du recalage

multimodal, dans lequel les images à comparer sont différentes. Nous n'allons donc exposer dans cette section que les critères qui sont en mesure de comparer efficacement deux images homologues mais potentiellement fort différentes.

Histogramme 2D

Toutes les fonctions indiquant un niveau de similarité (de voxels) entre deux images sont basées ou s'interprètent sur l'histogramme 2D. Nous allons voir ce qu'est cet objet et comment s'exprime visuellement un bon ou mauvais recalage entre deux images.

La notion est très simple: l'histogramme est une fonction h de deux variables (f,r) qui donne le nombre de voxels de la zone commune aux deux modalités qui ont pour valeur f dans la première modalité (flottante) et pour valeur r dans la deuxième (référence). Si on normalise l'histogramme, on doit ainsi obtenir la probabilité pour qu'un voxel ait pour valeur f dans la première modalité et r dans la deuxième.

Nous montrons sur la figure 5.1 un exemple d'histogramme 2D entre deux images identiques, les deux images séparées par une translation, et les deux images séparées par une rotation. Le volume considéré est un sous-volume d'IRM en T1 injecté autour de la séparation de l'artère cérébrale moyenne (M1) en M2 et M3 (à droite). Nous avons utilisé une requantification sur 8 bits pour créer ces histogrammes (voir plus bas la section 5.4.3).

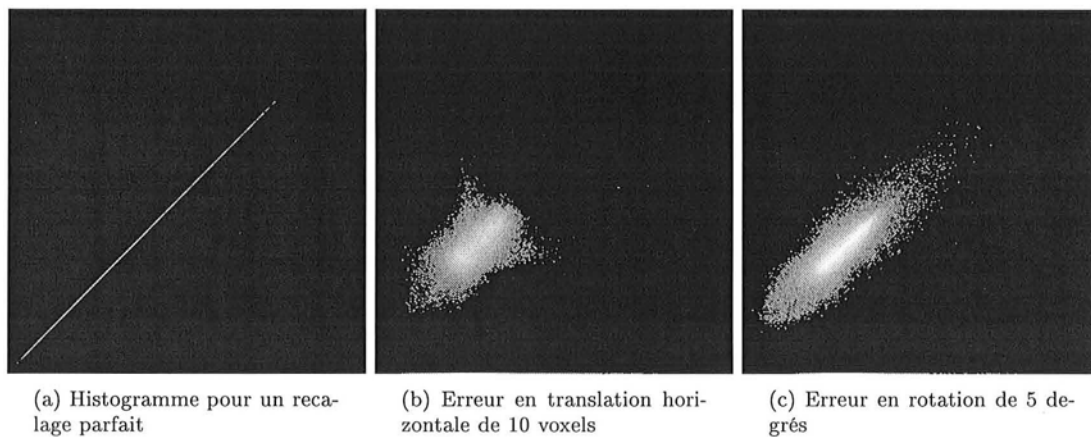


FIG. 5.1 – Effets d'un mauvais recalage sur l'histogramme 2D. Ces histogrammes ont été calculés par requantification sur 8 bits des niveaux de gris

Dans ce qui suit, nous utiliserons les notations suivantes: la probabilité de trouver la valeur f en un voxel de la modalité flottante est $p(f)$; de même, la probabilité de trouver la valeur r en un voxel de la modalité de référence est $p(r)$; enfin la probabilité de trouver en un voxel de l'espace de référence, et pour une transformation donnée, une valeur f dans la modalité flottante et une valeur r dans la modalité de référence est $p(f,r)$. Les fonctions $p(f)$ et $p(r)$ sont les *probabilités marginales* associées aux distributions de valeurs de niveaux de gris pour la modalité flottante et de référence respectivement. La fonction $p(f,r)$ est appelée quant à elle *probabilité conjointe* aux deux modalités.

Ces fonctions se calculent en ne considérant que les voxels de la zone (partie de l'espace de référence) commune aux deux modalités I_r et $\hat{T}(I_f)$. Nous avons vu que l'histogramme 2D normalisé donne la probabilité conjointe. Les probabilités marginales s'en déduisent aisément :

$$\forall f, \quad p(f) = \sum_r p(f,r) \quad (5.21)$$

$$\forall r, \quad p(r) = \sum_f p(f,r) \quad (5.22)$$

Corrélation

La fonction d'intercorrélation est connue depuis longtemps pour sa capacité à détecter une translation entre deux images. Apicella [AKN89] dérive les équations et diverses transformations (transformée de Fourier et représentation polaire) qui permettent de l'utiliser dans le cadre plus général de la recherche d'une transformation affine. La fonction d'intercorrélation consiste à exploiter les diagonales que l'on retrouve dans l'histogramme 2D (cf. histogramme au recalage parfait sur la figure 5.1). La fonction est alors donnée par le coefficient d'intercorrélation centré normalisé :

$$\gamma_{st} = \frac{\sum_{f,r} (f - \bar{f}) \cdot (r - \bar{r}) \cdot p(f,r)}{\{(\sum_{f,r} p(f,r)(r - \bar{r})^2)(\sum_{f,r} p(f,r)(f - \bar{f})^2)\}^{1/2}} \quad (5.23)$$

Ce critère sera optimal quand les images comparées seront égales à une transformation affine près.

Cependant, la corrélation est souvent utilisée sur des images seuillées (pour en accélérer le calcul) ou les gradients des images (pour accentuer le pic de corrélation). Ainsi, chez van den Elsen [vdEPS⁺94], seules les densités correspondant aux tissus mous (entre -500 et 900 unités Hounsfield) sont considérées dans le scanner : la croissance est linéaire de 0 à 255 pour les densités entre -500 et 100 et la décroissance linéaire de 255 à 0 entre 100 et 900 : l'histogramme de l'image CT est modifié afin de la rapprocher de l'image IRM transformée par une fonction affine. L'histogramme 2D est donc modélisé par une transformation affine par morceaux et la modification de l'histogramme de l'image CT "redresse" en quelque sorte chaque morceau et les met bout à bout afin de former une diagonale dans l'histogramme 2D, rendant ainsi le critère d'intercorrélation efficace. On retrouve ce critère sur des images apparentées aux gradients de l'image (les crêtes (*ridges*) [vdEMPV95, MvdEV96]).

Moments de l'histogramme 2D

Cette méthode a été proposée par Hill [Hil93]. Il étudie les moments de plusieurs ordres pour l'histogramme. L'idée est que lorsque l'on s'approche du recalage idéal, les pics de l'histogramme se font plus haut et la surface occupée par les petites valeurs se fait moindre. Il y a plus de hautes valeurs de probabilité conjointe et les petites valeurs décroissent encore. On remarque donc que les taches se regroupent, ou plus précisément, des lignes se forment à la place des nuages de points (l'histogramme n'a plus besoin d'être redressé). Ceci peut se mesurer par les moments de la distribution représentée par l'histogramme. Le moment d'ordre n s'exprime par :

$$M_n = \sum_p u(p)p^n \quad (5.24)$$

où $u(p)$ est le nombre d'occurrences de la valeur p dans l'histogramme 2D. Ce critère peut se normaliser de la manière suivante :

$$M_n = \frac{\sum_p u(p)p^n}{\sum_p u(p)} \quad (5.25)$$

étant donné que $\sum_{f,r} p(f,r) = 1$. Il doit alors être maximisé.

Dans sa thèse [Hil93], Hill utilise surtout le moment d'ordre 3. Ce critère ne donne pas de très bons résultats car l'hypothèse d'obliquité (présence de lignes dans l'histogramme) peut être vérifiée loin du recalage lorsqu'une importante partie d'un des volumes est superposée à une zone uniforme dans l'autre (par exemple, de l'air dans l'IRM : problème de la superposition partielle des volumes).

Variance

Woods [WMC93] a été le premier à proposer un tel critère. Son idée s'applique au recalage IRM/PET et semble encore de nos jours la meilleure fonction pour ce type de recalage. L'auteur utilise une classification simple d'une des modalités en 256 niveaux de gris. Chaque classe ainsi définie correspond à un ensemble de voxels dont l'ensemble des valeurs correspondantes dans l'autre modalité constitue une population statistique dont on va chercher à minimiser la variance : on cherche à minimiser la dispersion des taches

de l'histogramme 2D. Par exemple, nous classifions notre modalité flottante en classes de valeur moyenne f . Pour chaque classe, Woods calcule une variance normalisée :

$$\sigma'_r(f) = \sigma_r(f)/\bar{r}(f) \quad (5.26)$$

où $\sigma_r(f)$ est la variance des valeurs rencontrées dans la modalité de référence pour les voxels de la classe f dans la modalité flottante, et $\bar{r}(f)$ est la moyenne de ces valeurs. En termes d'histogramme 2D, cette variance normalisée peut s'exprimer par :

$$\sigma'_r(f) = \frac{1}{\bar{r}(f)} \sqrt{\frac{\sum_r p(f,r)(r - \bar{r}(f))^2}{\sum_r p(f,r)}} \quad (5.27)$$

Le critère final est une somme pondérée de ces variances :

$$\sigma_r'' = \sum_f [\sigma'_r(f) \frac{\sum_r p(f,r)}{V}] \quad (5.28)$$

avec $V = \sum_{f,r} p(f,r) = 1$ dans notre cas d'histogramme normalisé. Cette méthode fonctionne très bien à condition que la boîte crânienne ait été retirée au préalable de l'image (cette étape est manuelle chez Woods).

Hill [Hil93] propose une variante où seules certaines valeurs de niveaux de gris dans l'image d'IRM sont prises en compte (on ne considère que certains types de tissus) en fonction du protocole d'IRM, de la pathologie, etc... Nikou [NHAn98] propose d'introduire des M-estimateurs dans le calcul de la variance pour rendre cette mesure robuste. Sa méthode permet de s'affranchir de l'étape de segmentation préalable.

Ce critère suppose qu'un type de tissu vu dans la modalité flottante correspondra à un seul type de réponse dans la modalité de référence.

Entropie conjointe

Ce critère a été importé de la théorie de l'information par Collignon et Maes [CMD⁺95] en parallèle avec Wells et Viola [WIVK95, WIVA⁺96]. Tous les critères précédents (hormis Woods) reposent sur l'hypothèse que le passage d'une modalité à l'autre est une fonction. Ce n'est pas vrai dans le cas général. Les auteurs ont cherché une mesure de dispersion dans l'histogramme. La première qu'ils ont exprimée est celle de l'entropie :

$$H(F,R) = - \sum_{f,r} p(f,r) \log(p(f,r)) \quad (5.29)$$

Elle atteint son maximum pour une distribution aléatoire des valeurs dans l'histogramme. Or nous avons vu que l'histogramme doit présenter une certaine organisation de ses valeurs en classes au recalage. Ce critère devra donc être minimisé pour trouver le recalage.

Information Mutuelle

Les mêmes auteurs [CMD⁺95, WIVK95, WIVA⁺96] ont très rapidement introduit une autre mesure basée sur l'histogramme 2D. Il s'agit de l'information mutuelle qui a par la suite été largement étudiée par Studholme, Hill et Hawkes (équipe de l'UMDS, Guys Hospital de Londres : [SHH95b, SHH95a, SHH96, SLP⁺96]). L'idée est ici que l'information des deux modalités est issue de la même anatomie. On doit donc retrouver une certaine redondance entre les deux modalités. L'information mutuelle est une mesure de cette redondance qui devra être maximisée. Ceci se traduit en termes d'histogramme 2D par le fait que non seulement les classes présentes devront être bien définies mais de plus leur nombre devra être minimal. Ceci était déjà présent dans l'entropie mais nous allons voir en quoi ces deux mesures diffèrent. La formule de l'information mutuelle est :

$$I(F,R) = \sum_{f,r} p(f,r) \log\left(\frac{p(f,r)}{p(f)p(r)}\right) \quad (5.30)$$

Elle est aussi connue sous le nom d'information de Shannon. Collignon [CMD⁺95] et Maes [Mae98] en dérivent les intéressantes propriétés, et Wells [WIVA⁺96] présente son calcul ainsi que celui de ses dérivées (voir aussi [Mae98]). De Wells [WIVA⁺96] et Studholme [SHH96], on retient cependant une expression simplifiée de l'information mutuelle :

$$I(F,R) = H(F) + H(R) - H(F,R) \quad (5.31)$$

où $H(F)$ et $H(R)$ sont respectivement les entropies marginales dans les images flottante et de référence. Ces entropies ne dépendent a priori pas du recalage courant. Dans ces conditions, maximiser l'information mutuelle revient à minimiser l'entropie conjointe. Cependant, le fait de recalculer les entropies marginales en ne considérant que les voxels de la zone commune, permet de rendre cette mesure d'information mutuelle plus robuste au problème du volume commun partiel.

L'histoire de l'information mutuelle avait débuté par une découverte simultanée de deux équipes indépendantes. Maes [Mae98] et Studholme [SHH98, SCD99] n'ont pas failli à cette tradition en soulevant parallèlement (mais indépendamment) un problème présent dans l'information mutuelle : l'entropie avait rapidement été délaissée à cause de sa grande sensibilité au problème du volume partiel. Ce problème, que nous avons déjà évoqué, intervient lorsque la couverture anatomique est différente dans les deux modalités : seules une partie des données de la modalité flottante et une partie des données de la modalité de référence sont à mettre en correspondance. Certains voxels ne doivent donc pas être pris en compte mais nous ne savons pas a priori lesquels. L'entropie présente un biais qui ne la rend pas indépendante de la taille de la zone commune. Ainsi, elle aura tendance à favoriser les solutions (minima locaux) qui maximisent cette taille. L'information mutuelle a été préférée car elle permet d'atteindre la bonne solution même dans le cas où la zone commune est restreinte. Ce n'est en fait pas une qualité miraculeuse mais un défaut pratique. Studholme [SCD99] explique très bien ce phénomène en considérant l'influence du fond de l'image : les entropies marginales vont être maximales quand l'objet occupera l'espace de la zone commune en proportion égale au fond. L'information mutuelle aura donc tendance à favoriser les solutions menant à ce type de situation. Maes [Mae98] montre ainsi que l'information mutuelle peut être maximale pour un recalage sub-optimal (cette notion est plus grave que celle des maxima locaux : elle correspond à la présence de plusieurs maxima globaux de même intensité).

Pour résoudre ce problème, Maes et Studholme ont proposé un critère d'*information mutuelle normalisée* qui est indépendant de la taille de la zone commune. Les deux critères proposés sont différents dans leurs expressions mais la preuve de leur équivalence est triviale. Nous donnons ici la formule proposée par Studholme car c'est celle qui semble avoir retenu l'attention des auteurs, de par sa similitude avec la formule originale de l'information mutuelle :

$$Y(F,R) = \frac{H(F) + H(R)}{H(F,R)} \quad (5.32)$$

Rapport de Corrélation

Récemment, Roche [RMPA98a, RMPA98b] a proposé une nouvelle approche extrêmement intéressante car elle constitue à nos yeux une sorte de retour aux sources pragmatique. Il dévoile un exemple d'images que l'information mutuelle est incapable de recalculer. Ce ne sont pourtant pas des images rares ou compliquées : elles ont la simple particularité de présenter une variation de la moyenne locale à l'intérieur de chaque classe¹². Nous avons vu que l'information mutuelle recherchait dans l'histogramme 2D des amas (*clusters*) bien marqués et en faible nombre. L'hypothèse sous-jacente est que le recalage va permettre de classer l'image fusionnée, chaque classe étant définie par une valeur moyenne fixe (centre de l'amas) dans chaque modalité et dont la variance est minimale (variations minimales au sein de chaque classe).

12. L'image qu'il prend en exemple présente trois bandes verticales de même largeur : une sombre, une claire et à nouveau une sombre. Si l'intensité est constante dans chaque bande, le calcul de l'information mutuelle entre l'image originale et la même après une translation horizontale présente un maximum global pour une translation nulle. S'il ajoute une variation linéaire de l'intensité dans le sens horizontal : nous voyons toujours clairement trois bandes dans les mêmes rapports d'intensité, mise à part une variation linéaire à l'intérieur de chacune d'elles. Le calcul de l'information mutuelle va alors présenter un maximum global pour toute translation d'un nombre entier de pixels.

Ceci est en contradiction avec ce que nous pouvons remarquer dans le cas de la comparaison de deux volumes identiques (voir la figure 5.1(a)) : nous pouvons interpréter cette figure comme contenant un seul amas de variance nulle mais de valeur moyenne linéaire. La généralisation proposée par Roche est de considérer qu'il existe une relation fonctionnelle (quelconque) entre les deux modalités, ce qui se traduit par le fait que l'histogramme 2D doit représenter le graphe d'une fonction (encore une fois quelconque : elle peut n'être que C^0 par morceaux). Il en dérive l'expression d'un nouveau critère : le rapport de corrélation.

$$\eta(F|R) = \frac{\text{Var}(E(F|R))}{\text{Var}(F)} \quad (5.33)$$

où $\text{Var}()$ est la variance des valeurs des voxels, considérées comme les échantillons d'une variable aléatoire. Roche propose de plus une manière de calculer ce critère sans passer par un calcul explicite de l'histogramme (source de problèmes comme nous le verrons dans la section 5.4.3). Ainsi ce critère présente une variation plus lisse, et donc un maximum global associé à un bassin d'attraction plus large que celui de l'information mutuelle.

Roche souligne que ce critère n'est pas symétrique, contrairement aux autres critères cherchant une relation statistique entre les images (entropie, information mutuelle). Si nous poursuivons notre interprétation de ce critère en nous basant sur la forme désirée de l'histogramme 2D, nous pouvons comprendre les effets que cela peut avoir sur le recalage. L'histogramme est supposé dessiner le graphe d'une fonction, la modalité choisie préférentiellement étant en abscisse (R dans la formule (5.33)). Nous la nommerons I_a et nous nous référerons à l'autre modalité par I_o (o comme ordonnée : F dans l'équation (5.33)). Ainsi, nous supposons qu'à chaque valeur présente dans la modalité I_a , va correspondre une unique valeur parmi celles représentées dans la modalité I_o (l'inverse n'étant pas vérifié). Ceci est vrai si toute l'information contenue dans I_o se retrouve dans I_a (ce qui implique que I_a est plus informative que I_o). Si nous considérons maintenant que les deux modalités contiennent une information commune mais que *chacune d'entre elles apporte une information que l'autre ne contient pas*, l'histogramme ne dessine plus une fonction et le rapport de corrélation chute. Cette interprétation permet d'expliquer pourquoi le rapport de corrélation donne de meilleurs résultats que l'information mutuelle dans le cas où l'on cherche à recalage une modalité riche en information (IRM) avec une modalité pauvre (ultrasons, PET) mais en donne de moins bons quand les deux modalités sont riches (IRM/CT).

Prenons un exemple simple pour illustrer ce point. Dans un premier temps, considérons les deux modalités représentées sur la figure 5.2. La modalité I_o n'apporte aucune information supplémentaire par rapport à la modalité I_a . L'histogramme 2D est représenté à droite (figure 5.2(c)).

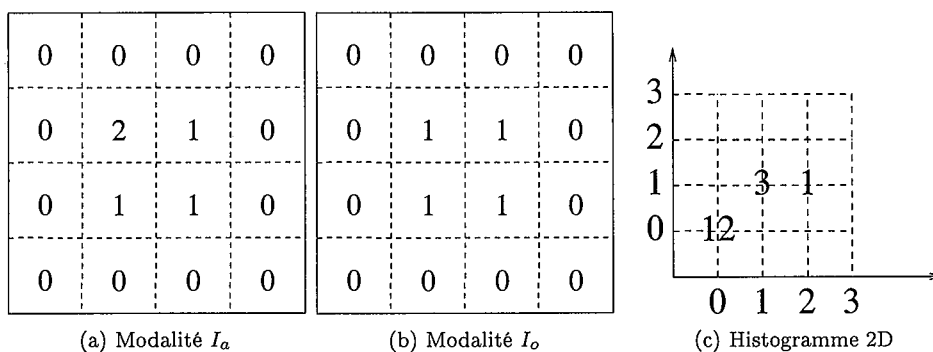


FIG. 5.2 – Exemple de bon fonctionnement du rapport de corrélation

Dans un deuxième temps, considérons le même exemple (figure 5.3) mais avec une modalité en ordonnée légèrement modifiée : elle apporte une information qui n'est pas contenue dans la modalité I_a . L'histogramme 2D est représenté à droite (figure 5.3(c)).

Dans le premier cas, l'histogramme 2D représente une fonction (les valeurs de I_o sont fonction des valeurs de I_a). Le rapport de corrélation est facile à calculer : il vaut 1 (valeur maximale). Dans le deuxième

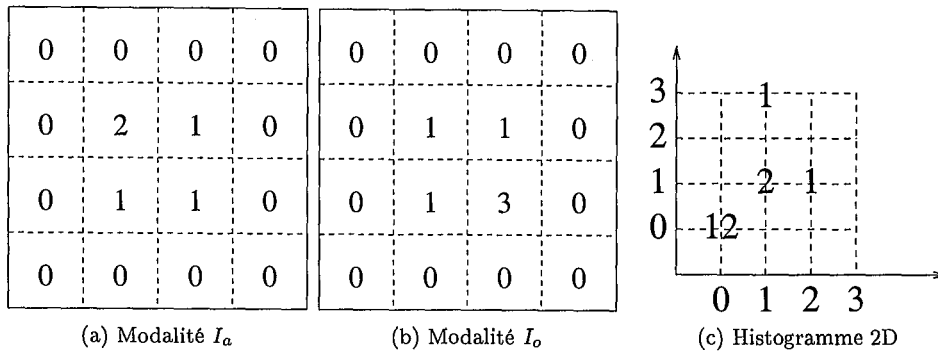


FIG. 5.3 – Exemple de mauvais fonctionnement du rapport de corrélation

cas, l'histogramme 2D ne représente pas une fonction (il y a deux associations possibles pour la valeur 1 de I_a). Le rapport de corrélation chute alors à 0,73. À titre d'indication, l'information mutuelle dans le premier cas est de 0,24 alors qu'il est de 0,25 dans le deuxième : elle est moins sensible à ce genre de problème, la tendance étant même inverse du rapport de corrélation.

Cette étude est passionnante mais dépasse le sujet de cette thèse. Nous nous contentons donc de proposer cette interprétation. L'information mutuelle et le rapport de corrélation prennent chacun en compte un aspect de la relation qui relie les deux images. Osons postuler qu'une combinaison de ces deux critères nous rapprocherait de la solution idéale?

5.4.2 Extension au recalage non-rigide

Les mesures de similarité ont largement été employées pour résoudre le problème du recalage non-rigide entre deux images semblables¹³. Nous n'en parlerons pas ici, le lecteur étant à nouveau renvoyé à la revue de ces méthodes rédigée par Meijering [MNV99]. Deux approches ressortent de la lecture d'articles traitant du recalage non-rigide sans passer par une phase de segmentation.

Une première approche est une véritable extension des mesures présentées ci-dessus. Le principe général est d'optimiser localement un de ces critères et d'en déduire un vecteur de déplacement local (corrélation locale [WRN⁺99] ou information mutuelle [GMVS98, MBKB99]). Le champ de déplacement global est régularisé soit par lissage passe-bas [GMVS98, MBKB99], soit en imposant une contrainte d'ordre topologique [McG99] ou géométrique [AN99], soit en contraignant la fonction de déformation à suivre un modèle [SBS93, FAF⁺95, VHS⁺97, MBKB99, HMJM⁺99b] qui peut être issu de considérations physiques sur le processus de formation d'image [SCD99] (il est à noter que dans les cas exposés dans [FAF⁺95] et [SCD99], les déformations géométriques et les distorsions en intensité sont prises en compte). Ces approches s'apparentent aux méthodes de flux optique classiquement utilisées en 2D. Le flux optique est parfois implicite [SBS93], mais de plus en plus souvent explicitement utilisé en tant que tel [HnW⁺99], que ce soit dans le contexte des démons de Thirion [Thi95, CPA99, PCA99, DHG99, HPS⁺99] ou dans un contexte de résolution multigrille [HBMP99]. Dans ces cas, nous retrouvons le problème bien connu en flux optique selon lequel seule la déformation orthogonale au gradient local peut être retrouvée [GMVS98].

Un deuxième type d'approches cherche à optimiser un critère défini globalement en contraignant la fonction de déformation à être solution d'une équation différentielle. Ces approches sont une extension de celles utilisées dans le cas du recalage non-rigide basé sur des primitives. Nous retrouvons donc les mêmes équations différentielles mais le critère global à minimiser change et n'est plus basé sur des distances mais est apparenté aux critères vus ci-dessus : somme des carrés des différences d'intensité (une décomposition des images dans la base de Fourier permet d'utiliser ce critère d'égalité [Chr99, CJH⁺99]), mesure de disparité [RWA94], ou maximum de vraisemblance [GBB95, Gee99, McG99].

Les mesures basées sur des calculs de probabilités sont délicates à mettre en œuvre (information mutuelle, corrélation ou maximum de vraisemblance), le nombre d'échantillons dans la zone considérée

13. Ce que nous avons appelé des critères d'égalité en introduction à cette section

localement ne menant pas à des statistiques robustes. Ce problème se résout en considérant les probabilités calculées globalement dans l'évaluation locale [MMV98, McG99].

Enfin, les déformations en intensité et en géométrie peuvent être retrouvées en décomposant des zones d'intérêt extraites des images dans une base d'images obtenues par analyse en composantes principales d'une base d'apprentissage (*Active Appearance Models* [CBET99]).

5.4.3 Calcul des critères

Calcul de l'histogramme 2D

Le fenêtrage de Parzen La quantification utilisée dans les images pouvant être très fine, les probabilités estimées par normalisation de l'histogramme ont tendance à s'uniformiser (plus le nombre de bits utilisés pour la quantification est grand, moins il y a de chances pour qu'un couple de valeurs de niveaux de gris se rencontre). Pour pallier ce problème, il est conseillé de se servir de la fenêtre de Parzen [CMD⁺95, WIVA⁺96]. Brièvement, ce fenêtrage approxime la probabilité de la manière suivante :

$$p(z) \approx \frac{1}{N_A} \sum_{z_j \in A} R(z - z_j) \quad (5.34)$$

où A est la zone commune aux deux modalités, N_A le nombre de voxels dans cette zone commune, et R fonction de fenêtrage qui dont l'intégrale sur l'espace entier vaut 1. Concernant cette fonction R , Wells [WIVA⁺96] la prend égale à une gaussienne :

$$G_\psi(z) = (2\pi)^{-\frac{n}{2}} |\psi|^{-\frac{1}{2}} \exp\left(-\frac{1}{2} z^T \psi^{-1} z\right) \quad (5.35)$$

où ψ est la (co)variance de la gaussienne. Une autre possibilité évoquée par les auteurs est la fonction de Cauchy ou une B-spline d'ordre n (Thévenaz indique un ordre optimal de 3 [TU96]). Le gros inconvénient de ce fenêtrage est son temps de calcul. Cependant, Wells [WIVA⁺96] affirme que son utilisation réduit les artefacts de rides (*ripple artefacts*) dans l'histogramme 2D. Il compense la charge de calcul en utilisant des échantillons de seulement 50 voxels dans chaque image pour calculer les probabilités. Cette technique connaît aujourd'hui un regain de popularité [BSC⁺99, MSN99], sans doute grâce à la puissance grandissante des ordinateurs mais également grâce au développement de techniques de calcul plus rapides comme le précalcul des valeurs de la gaussienne [MSN99].

La requantification (*binning*) Un autre artifice a beaucoup été utilisé pour obtenir une estimation non biaisée des probabilités : la requantification des images sur un nombre de bits plus faible (ce qui diminue l'univers des possibles pour les couples de valeurs de niveaux de gris et augmente la probabilité de rencontrer un couple donné). On peut prouver que la requantification, ou *binning*, constitue une première approximation du fenêtrage de Parzen [SHH96]. Studholme [SHH95b] requantifie linéairement sur 128 niveaux de gris en indiquant que les résultats sont similaires si on requantifie sur 64 ou 256 niveaux de gris. Collignon [CMD⁺95] utilise aussi une requantification mais sur seulement 16 niveaux de gris. La requantification linéaire n'est pas sans introduire un biais dans le calcul des probabilités plus important que le fenêtrage de Parzen. C'est pourquoi certains auteurs proposent des transformations non-linéaires de l'histogramme (comme la préservation de l'histogramme [CR99]) pour l'améliorer.

Enfin, si la requantification constitue une approximation grossière, le fenêtrage de Parzen en est également une (certainement meilleure). Ainsi, Thévenaz [TU96] combine les deux en utilisant une fenêtre de Parzen de forme B-spline et une requantification sur 16 valeurs de niveaux de gris.

Interpolation En fait le plus gros inconvénient lié à la requantification ne vient pas du fait qu'il constitue une piètre approximation de la fenêtre de Parzen, mais des difficultés liées au calcul de l'histogramme 2D par cette méthode.

Détaillons donc un peu le processus. Soit T la transformation (rigide) recherchée. Imaginons que nous désirons tester la validité d'un estimé \hat{T} en mesurant un certain critère de similarité. Pour ce faire, nous

établissons l'histogramme $h(f,r)$ de la manière suivante: pour chaque site s_r de l'espace de référence (numérisé sur une grille \mathcal{G}_r), nous déterminons son homologue dans l'espace flottant (numérisé sur une grille \mathcal{G}_f): $s_f = T^{-1}(s_r)$; le site s_r porte la valeur $r(s_r)$ et le site s_f porte la valeur $f(s_f)$, ces valeurs ayant été transformées par une transformation (en général linéaire) de l'histogramme de chacune des modalités; nous ajoutons 1 dans la "case" de l'histogramme correspondante $h(f(s_f),r(s_r)) \leftarrow h(f(s_f),r(s_r)) + 1$; en fin de processus, nous normalisons l'histogramme afin d'estimer les probabilités.

Le problème de ce processus provient du fait qu'il y a peu de chance pour que s_f soit une valeur entière (corresponde à un site de la grille \mathcal{G}_f). Comment déterminer alors la valeur de $f(s_f)$?

Il existe trois grandes manières de traiter le problème: approximation de s_f , approximation de $f(s_f)$, approximation de $h(f(s_f),r(s_r))$.

La première méthode travaille dans l'espace flottant. Le site s_f est approché par son *plus proche voisin* s_f^p . Par cascade, $f(s_f)$ est estimé par $f(s_f^p)$ et on ajoute 1 à $h(f(s_f^p),r(s_r))$.

La deuxième méthode travaille dans l'espace des valeurs de la modalité flottante en estimant $f(s_f)$ par *interpolation*. La plus couramment utilisée est l'interpolation linéaire (trilinéaire si l'espace flottant possède trois dimensions) [WIVA⁺96]. Selon cette interpolation, s_f est le barycentre de ses N plus proches voisins (4 en 2D, 8 en 3D):

$$s_f = \sum_{i=1}^N \alpha_i s_f^i \quad (5.36)$$

où les (s_f^i) sont les plus proches voisins de s_f et les (α_i) les poids barycentriques associés. L'interpolation linéaire suppose que $f()$ est une fonction linéaire localement, nous en déduisons donc que:

$$f(s_f) = \sum_{i=1}^N \alpha_i f(s_f^i). \quad (5.37)$$

La valeur du site étant ainsi déterminée, elle est requantifiée en $\hat{f}(s_f)$ et on ajoute 1 à $h(\hat{f}(s_f),r(s_r))$. L'interpolation linéaire n'est cependant pas la seule possible: Thévenaz [TU97] propose d'employer une interpolation par B-spline.

Enfin, Collignon [CMD⁺95] propose une autre approche qu'il qualifie de *distribution de volume partiel*. L'idée est de se servir des poids déduits de l'interpolation linéaire du site s_f . Chaque voisin s_f^i participant à l'interpolation linéaire correspond à un point de l'histogramme 2D: $h(f(s_f^i),r(s_r))$. L'hypothèse du volume partiel met alors à jour les valeurs en ces points en leur ajoutant le poids par lequel chaque s_f^i influence s_f : $\forall i \in [1..N], h(f(s_f^i),r(s_r)) \leftarrow h(f(s_f^i),r(s_r)) + \alpha_i$.

Wells ([WIVA⁺96]) utilise l'interpolation trilinéaire. Studholme ([SHH96]) affirme que le plus proche voisin est suffisant jusqu'à la plus haute résolution (1,5 mm). Pour la résolution 1,5 mm, il utilise lui aussi l'interpolation trilinéaire. Collignon ([CMD⁺95]) compare trois techniques: plus proche voisin, interpolation trilinéaire et volume partiel. En premier lieu, il affirme que le plus proche voisin est insuffisant si on veut obtenir un recalage subvoxelique (et il rejoint Hill en cela). Ensuite, il considère que l'interpolation trilinéaire apporte une instabilité dans l'estimation des probabilités car elle crée de nouvelles valeurs de niveaux de gris. Son article montre cependant que l'interpolation trilinéaire est la plus efficace des méthodes. Dans sa thèse, Maes [Mae98] montre que la distribution de volume partiel permet de lisser la courbe de l'évolution du critère, contrairement aux deux autres méthodes qui y introduisent des minima locaux. L'optimisation est donc favorisée par la méthode du volume partiel. Cependant, il montre aussi que cette méthode fait ressortir un artéfact de l'information mutuelle: on note des pics de maxima locaux pour les transformations qui font se superposer les grilles \mathcal{G}_r et \mathcal{G}_f , c'est-à-dire que pour tout site s_r , le site s_f est entier. L'information mutuelle prend donc en compte l'information contenue dans la numérisation des images. Plum [PMV99] compare de façon plus systématique les méthodes par interpolation et volume partiel. Elle retrouve cet artéfact du volume partiel mais découvre un artéfact similaire dans l'interpolation linéaire (on note simplement des minima locaux nombreux au lieu de maxima). Elle montre enfin que ces artéfacts disparaissent si les résolutions des grilles \mathcal{G}_r et \mathcal{G}_f sont choisies de manière à être légèrement différentes. En pratique, le calcul de l'information mutuelle se fait à présent de préférence en utilisant le volume partiel.

Échantillonnage des images

Nous venons de voir qu'un rééchantillonnage des images pouvait s'avérer bénéfique dans l'établissement de l'histogramme 2D. De plus, l'optimisation du critère se déroule souvent dans un contexte multi-échelle. Différentes techniques de rééchantillonnage, basées sur une interpolation, sont donc employées.

Collignon ([CMD⁺95]) utilise le plus proche voisin. Il utilise toutes les coupes de l'IRM mais soit 1 pixel sur 3 dans les coupes (recalage IRM/IRM), soit tous les pixels (IRM/IRM), soit enfin prend un échantillon tous les tiers de pixel (IRM/CT). Wells [WIVA⁺96] ne considère que quelques échantillons (50 voxels) pour calculer son critère, un fenêtrage de Parzen étant utilisé pour établir l'histogramme 2D. Enfin, Camp [CR99] ne considère que 1000 échantillons pour calculer son critère, une méthode de requantification non-linéaire, basée sur la préservation de l'histogramme des images étant employée.

L'équipe de Hawkes, Hill et Studholme utilise une approche multi-échelle. La grille \mathcal{G}_r est isotropique. Ils emploient une interpolation trilineaire pour le sur-échantillonnage et le moyennage de voxels pour le sous-échantillonnage. La pyramide de multi-résolutions peut être bâtie par interpolation par une gaussienne [WIVA⁺96] ou par approximation par B-splines [TU97, TRU98, TU98] ou enfin par interpolation en sinus cardinal [HHD⁺99]. Concernant les différentes méthodes d'interpolation, Meijering [MNPV99] teste 84 noyaux de convolutions et montre que le sinus cardinal tronqué donne parmi les pires résultats, alors qu'il représente la solution théorique à la question. L'interpolation linéaire est le meilleur noyau d'extension 2 pixels et l'interpolation cubique pour une extension de 4 pixels. Une conservation quasi-parfaite de l'information peut être obtenue en utilisant des noyaux plus gros.

Optimisation

Les auteurs emploient une grande variété de techniques pour optimiser leur critère. On trouve ainsi les techniques classiques (souvent modifiées de façon ad hoc) ne faisant pas appel au calcul des dérivées du critère : Powell [CMD⁺95, Mae98, RMAP99, CR99], le simplex [MBKB99], par interpolation parabolique inverse [DL98] ou encore un algorithme minimax dérivé d'une méthode d'espérance-minimisation (EM) [BSC⁺99].

Cependant, outre ses avantages quant à la qualité du calcul des probabilités, le fenêtrage de Parzen offre un moyen de rendre continue la fonction de densité de probabilité conjointe. Wells [WIVA⁺96] et Thévenaz [TU97] estiment ainsi les dérivées de l'information mutuelle (jusqu'au deuxième ordre chez Thévenaz) par rapport aux paramètres de la transformation rigide recherchée. Ils mettent à profit ce calcul dans l'emploi d'algorithmes d'optimisation tels qu'une descente de gradient stochastique [WIVA⁺96, RCL99] ou un Levenberg-Marquardt modifié pour tirer parti des dérivées premières et secondes [TU97] puis simplement premières [TU98]. Il est à noter que Maes [Mae98] donne un calcul des dérivées de l'information mutuelle dans le contexte de la requantification.

Enfin, nous mettons l'accent sur une technique que nous qualifions de pseudo-exhaustive, multi-résolution. L'idée est simple et ne requiert pas de calcul de dérivée du critère :

- **Initialisation** : soient \vec{p} un vecteur de N paramètres que nous recherchons et $\mathcal{C}(\vec{p})$ le critère à optimiser. Nous définissons un ensemble de K directions $(\vec{d}_k)_{k \in [1..K]}$ de recherche fixes dans l'espace des paramètres et nous fixons un pas (résolution) initial ϵ pour l'amplitude de la recherche.
- **À chaque étape** : \vec{p} étant la position pour l'optimum courant et $\mathcal{C}_0 = \mathcal{C}(\vec{p})$ la valeur de l'optimum courant, nous calculons les K valeurs du critère dans chacune des directions de recherche selon le pas considéré :

$$\forall k \in [1..K], \quad \mathcal{C}_k = \mathcal{C}(\vec{p} + \epsilon \vec{d}_k)$$

S'il existe un $k \in [1..K]$ tel que $\mathcal{C}_k > \mathcal{C}_0$ alors on met à jour l'optimum par : $\vec{p} \leftarrow \vec{p} + \epsilon \vec{d}_k$ et $\mathcal{C}_0 \leftarrow \mathcal{C}_k$. Sinon, on réduit la résolution en la multipliant par un facteur d'échelle $\lambda < 1$: $\epsilon \leftarrow \lambda \epsilon$.

- **L'arrêt** a lieu quand la résolution ϵ est passée sous un seuil prédéfini, en relation avec la précision du recalage recherché.

Thévenaz [TU96] emploie une telle technique due à Jeeves où les directions de recherche forment une étoile. Néanmoins, la version de ce type d'algorithme la plus utilisée est celle due à Studholme [SHH96] où les directions de recherche sont parallèles aux axes du repère de l'espace des paramètres (donc 6 directions

dans un espace à trois dimensions : $\pm\vec{O}x$, $\pm\vec{O}y$ et $\pm\vec{O}z$). L'algorithme de Studholme est couramment employée par ses collègues de l'UMDS [PWL⁺98, HHD⁺99, HDJ⁺99].

5.5 Conclusion

Nous venons de distinguer trois grandes méthodes qui sont utilisées pour résoudre les problèmes de recalage rigide multimodalité. La question de leur évaluation et de leur comparaison est complexe et fait l'objet du chapitre suivant. Il nous reste cependant, avant de clore ce chapitre, à faire le bilan de cette étude bibliographique vis à vis des deux problèmes dont cette thèse fait l'objet.

La technique d'acquisition 3DXA est très récente et peu de centres possèdent encore un appareil capable de fournir ce genre de d'images. Un seul cas d'étude emploie des images d'angiographie rayons X 3D acquises sur morphomètre¹⁴ [FAB97]. Le cas typique que nous avons donc recherché est celui du recalage d'images DSA ou d'un volume IRM avec une acquisition d'angiographie IRM.

Nous n'avons trouvé aucune référence s'intéressant au problème du recalage IRM/MRA : ces images étant acquises dans des temps proches et sur le même appareil, sont souvent considérées comme étant naturellement recalées. Nous verrons dans la dernière partie que cette hypothèse n'est pas toujours valide.

En revanche, le recalage DSA/MRA a fait l'objet de nombreuses études depuis plusieurs années [ALP94, FMA⁺97, FAB97, KWN98, LBP98]. Nous en avons déjà fait l'exposé et nous avons vu qu'elles se basaient toutes sur le recalage de la projection des lignes centrales des vaisseaux vus en MRA dans le plan image, avec les lignes centrales de vaisseaux vus dans l'image DSA. Le choix d'employer des primitives s'expliquent par le caractère foncièrement structurel des images. Les images étant acquises selon des modalités différentes, l'information n'est pas densitométrique mais est essentiellement binaire : en MRA, un voxel brillant indique la présence d'un vaisseau sanguin et un voxel sombre est caractéristique du fond de l'image (inversément pour les valeurs de pixels en DSA). Squelettiser cette information binaire et recalculer les squelettes semblent donc particulièrement judicieux. Nous avons cependant souligné les difficultés inhérentes à la phase de segmentation et la nécessaire gestion des points aberrants (au niveau de la fonction d'énergie et/ou d'une sélection des points pertinents pour le calcul de cette fonction). De plus, ces méthodes sont en général associées avec une étape manuelle (amélioration de la segmentation et/ou initialisation de l'algorithme d'optimisation itératif).

Enfin, un tel recalage doit être capable de fournir une grande précision (sub-millimétrique, comme la taille des artères d'intérêt). Or, il nous semble que les méthodes de segmentation ne sont pas suffisamment précises pour nous assurer une telle précision, ce à quoi il faut ajouter, comme le soulignent Liu et al. [LBP98], que la ligne centrale des vaisseaux sanguins en 3D n'est pas exactement invariante par projection (cas de superposition des vaisseaux sanguins).

Le recalage basé sur des points appariés ne saurait être appliqué à ce problème. D'une part les systèmes de marqueurs externes ne permettent pas de recalage *a posteriori*. D'autre part, les seuls points anatomiques aisément localisables en 3D sont les bifurcations artérielles. Elles ne sont malheureusement souvent pas précisément identifiables en 2D car les artères issues d'une bifurcation sont souvent tangentes dans le voisinage de celle-ci et se superposent donc par projection.

Nous avons donc cherché à utiliser une fonction de similarité. Le chapitre suivant va nous permettre de mieux cerner les avantages potentiels qu'une telle méthode (qui n'a, à notre connaissance, jamais été employée pour la résolution du recalage 2D/3D d'images angiographiques) oppose aux méthodes classiques se basant sur les lignes centrales des vaisseaux. Les trois dernières parties de cette thèse étant dédiées à l'exposé de la manière dont nous l'avons mise en œuvre.

14. Le morphomètre est un prototype dans lequel une chaîne image d'appareil d'angiographie est installé sur un arceau rotatif de scanner. Les images sont acquises dans des conditions similaires au 3DXA, mis à part le plus grand nombre d'images réalisées et la plus grande vitesse de rotation.

Chapitre 6

Choix de la méthode

Le précédent chapitre a décrit les méthodes qui sont utilisées aujourd'hui, en pratique courante pour certaines d'entre elles, pour améliorer, grâce à l'imagerie multimodalité, le geste diagnostique et thérapeutique des médecins, et assurer en conséquence au patient un meilleur soin. Pour atteindre ce but louable, il faut choisir la meilleure méthode de recalage. Cela implique une comparaison des méthodes entre elles. Mais si on peut tester des qualités comme la robustesse, la fiabilité, la répétabilité d'un algorithme, la précision, principale vertu recherchée, ne peut s'établir que par comparaison avec la vérité terrain (vérité "absolue"). Deux questions se posent immédiatement : comment connaître la vérité terrain et que signifie la notion de précision ?

La première interrogation pose en fait la question de la validation. La vérité terrain est représentée par une méthode de recalage qui a fait ses preuves, et peut être considérée comme une référence. Une telle méthode se voit alors attribuer le terme consacré de *gold standard*. Nous verrons dans une première section que de nombreux moyens existent pour y répondre, chacun ayant ses atouts et ses limitations. Nous étudierons dans un deuxième temps quel visage a été attribué à la précision à travers quelques portraits et études. Enfin, nous conclurons sur une revue des trois principaux groupes de méthodes en précisant quelles sont leurs places respectives, avec leurs qualités et leurs défauts, pour terminer par faire notre choix.

Nous ne nous intéressons dans ce chapitre qu'aux cas de recalage rigide : recalage d'images intracrâniennes, ou d'os (fémur, vertèbre (une par une)). Le problème de la validation, notamment dans le cas non-rigide (mesure, modélisation des déformations?) et surtout dans le cas d'images temporelles (comment connaître avec précision le mouvement du cœur?), est autrement plus épiqueux.

6.1 Méthodes de validation

Cette section expose les principales méthodes employées pour définir un *gold standard* sur lequel puisse se baser une validation des algorithmes. Ces techniques sont extraites de la bibliographie. Nous donnons pour chaque cas quelques références qui nous semblent intéressantes par leur originalité, le détail de leur description et illustrent bien notre propos, sans chercher à être exhaustifs : chaque auteur étaye son argumentation et justifie son choix en se basant sur les données objectives produites par l'expérimentation. Ils proposent donc tous une méthode de validation. Enfin, certaines références apparaissent dans plusieurs rubriques car la prudence est de règle et la plupart des auteurs usent de plusieurs méthodes pour valider leur algorithme.

6.1.1 Validation in vivo

La première méthode à laquelle nous pensons est d'aller tester directement sur le patient la qualité du recalage. Cette technique n'est bien sûr applicable que s'il y a lieu d'intervenir chirurgicalement et concerne donc principalement les méthodes employant un système de localisation : une pathologie est repérée sur la modalité d'imagerie, le geste thérapeutique ou diagnostique (par exemple une biopsie) est alors réalisé en

employant le système à valider [ZLW⁺90, VVM⁺93, BVM⁺97, Elj97, WBK⁺97, PS97, DAD⁺97, GQ98] et/ou le médecin utilise le système pour aller pointer des structures anatomiques aisément et précisément repérables dans la modalité d'imagerie [ZTL⁺93, WBK⁺97].

Cette méthode n'est d'une part pas toujours applicable, notamment dans le recalage multimodalité impliquant deux types d'imagerie, et pour lequel aucun geste thérapeutique n'est prévu, et d'autre part, elle ne permet pas une validation très approfondie, notamment les différentes influences intervenant dans le comportement de la méthode ne peuvent pas être étudiées séparément.

6.1.2 Validation sur fantôme

Un fantôme est, en imagerie médicale, un objet dont les caractéristiques lui permettent de se comporter pour l'essentiel comme la partie anatomique visée par l'application. La représentation matérielle du fantôme peut être réaliste ou non. La caractéristique commune à tous ces objets est qu'ils doivent porter leur propre système de marqueurs (externes ou anatomiques) sur lesquels la précision va pouvoir être évaluée. Le fantôme peut être : réaliste (crâne [PCS⁺89, TJGC92, GQ98, MJGH⁺99, CRK⁺99], vertèbre [MEF99, HD99], tibia [MEF99], artères intra-cérébrales [ALP94, MLZH95, MFS⁺96]) ; artificiel [MNR⁺91, ZTL⁺93, HHG⁺94, ØLL⁺98] ; mixte [AD92].

La grosse difficulté dans l'élaboration et la construction d'un fantôme est de faire en sorte qu'il soit représentatif des phénomènes potentiellement gênants pour le recalage, notamment dans les caractéristiques du signal qu'il produit dans le système d'imagerie. C'est pour pallier cela que certains auteurs emploient des cadavres dans lesquels ont été placés des marqueurs [HvdES⁺95, GKWT98]. Enfin, des techniques existent pour construire des fantômes élastiques qui permettent de valider les algorithmes de recalage non-rigide dans des conditions réalistes [ASP99].

6.1.3 Définition d'un fantôme synthétique – Simulations

Que ce soit dans des cas réels ou sur fantôme physique, l'expérimentation est toujours limitée par le matériel dont on dispose. Afin d'étudier un processus de recalage dans un cadre plus large, des simulations peuvent être effectuées. Des images de formes simples [AKN89, ZTL⁺93] ou encore des images réelles simulées [PWL⁺98, BM99, WRN⁺99, CRK⁺99, HHD⁺99] et/ou transformées [AD92, TU97, PWL⁺98, CZK⁺98], voire une seule image dupliquée [CMD⁺95, DL98, CR99] sont considérées en entrée du recalage. Enfin, le cas du recalage basé sur des primitives est particulier car plutôt que d'utiliser des images transformées, il est tout à fait viable de recalculer la primitive avec une version perturbée d'elle-même [ABKC90].

Cette dernière technique permet de tester la robustesse des algorithmes et la qualité du recalage auquel ils mènent dans des conditions extrêmes de bruit [SBS93] ou déformation. Les conditions d'expérimentation y sont parfaitement contrôlées mais les tests sont limités par le réalisme de la modélisation des phénomènes perturbateurs.

6.1.4 Cadre de stéréotaxie

La combinaison des trois méthodes présentées ci-dessus permet de définir une vérité terrain qui englobe tous les aspects d'un problème de recalage et permet d'en étudier une solution dans le détail. Elles sont cependant très longues à mettre en œuvre. C'est pourquoi les auteurs ont cherché à définir des procédés de recalage de référence. Le cadre de stéréotaxie fut le premier. Le système de contention qui lui est associé le laissait pressentir comme une méthode fiable de recalage rigide. Les fabricants de cadre assurent une précision inférieure au millimètre sur leurs cadres. Bien entendu, certaines études indépendantes ont vérifié ces dires et, si elles les ont autrefois trouvés en défaut (Zinreich [ZTL⁺93] trouve jusqu'à 7 mm d'erreur maximale sur certains systèmes), des études plus récentes prouvent que c'est généralement le cas (Hemler [HvdES⁺95] trouve jusqu'à 1,3 mm d'erreur pour un recalage CT/IRM si cette dernière est corrigée des distorsions (3,3 mm sinon)).

Le cadre de stéréotaxie est aujourd'hui le système le plus couramment utilisé pour les examens médicaux. Les années d'expérience ainsi que les innombrables études [VVM⁺93, ØLL⁺98], sans compter les critères imposés légalement aux constructeurs, font du cadre un système à présent reconnu comme une référence dans le monde médical et scientifique. Le recalage basé sur un cadre de stéréotaxie sert ainsi

de *gold standard* pour de nombreuses études visant à valider un système de localisation [Nau94], de marqueurs externes [VZB⁺97], un recalage de surface [Cuc96], ou par maximisation d'un critère [WMC93, CMD⁺95, DL98] ou encore pour le recalage 3D/2D [FMA⁺97].

6.1.5 Recalage basé sur des points

Le cadre de stéréotaxie nous mène naturellement à ce qui émerge aujourd'hui comme un nouveau *gold standard*: le recalage basé sur des points (identifiés par un praticien ou détecté automatiquement). La connaissance de points homologues peut servir à valider un recalage de deux façons.

La première consiste à calculer sur ces paires de points le critère d'erreur. Dans ce cas, on ne peut utiliser qu'un point (par exemple une cible ou un marqueur [BVM⁺97, GQ98]) ou tout un ensemble de marqueurs (externes [vdEMPV95, MvdEV96, CRK⁺99] ou internes [SHH95b, SHH95a, SHH96, RMAP99]). À y regarder de plus près, cette méthode est en fait celle qui est utilisée dans les deux premières techniques décrites dans cette section : la validation *in vivo* et sur fantôme physique. C'est donc une référence naturelle et universelle.

La deuxième méthode consiste à calculer un recalage à partir de ces points et de le comparer avec le recalage obtenu [HHD⁺99, MNPV99]. La troisième technique y fait référence. Nous verrons dans la section suivante qu'en fait cette interprétation se ramène à la première dès lors qu'il s'agit de fournir un estimé qualitatif de l'erreur.

Enfin, il est à noter que dans le même esprit, certains auteurs évaluent la qualité d'un algorithme de recalage basé sur des primitives en séparant leurs ensembles de primitives en deux : une partie sert au recalage et l'autre sert à la mesure de l'erreur [ALP94] (validation croisée).

Le recalage basé sur des points est donc devenu également une référence naturelle à laquelle nous pouvons nous rapporter pour évaluer un recalage. West et Fitzpatrick [WFW⁺97] ont en particulier été à l'origine d'une évaluation globale des algorithmes les plus performants. Le recalage de référence est obtenu par un système de 4 marqueurs externes validé par comparaison avec un cadre de stéréotaxie et l'utilisation d'un fantôme. L'erreur moyenne est de l'ordre du demi-millimètre et maximale de l'ordre du millimètre. Nous parlerons plus longuement dans la prochaine section de la manière dont l'erreur est finalement calculée. Il est important de noter pour l'instant qu'une base de données regroupant des images de scanner, IRM et PET pour lesquelles on connaît le recalage rigide parfait a ainsi été constituée. Nous avons déjà mentionné la première comparaison globale qu'elle a permis de réaliser mais aujourd'hui de nombreux articles s'en servent pour présenter leurs expériences de validation [TU98, RMAP99].

6.1.6 Inspection visuelle

Hill dans sa thèse [Hil93] souligne l'importance de l'inspection visuelle dans la validation d'un recalage. La première qualité d'un algorithme est de fournir un résultat qui satisfait le médecin en ce sens qu'il est au moins aussi bon que ce qu'il aurait pu produire par sa technique habituelle de comparaison d'image. De plus, Fitzpatrick [FHS⁺98] met l'accent sur le fait qu'un algorithme, même de bonne qualité, peut diverger. Il propose donc une étude où la sensibilité de l'inspection visuelle est évaluée¹⁵. Pour cela, il se sert de la base de données mentionnée ci-dessus pour laquelle un recalage est connu avec une précision moyenne de 0,5 mm. Trois méthodes d'inspection visuelle sont envisagées. Elles sont toutes capables de détecter une erreur de recalage supérieure ou égale à deux millimètres, la possibilité de pouvoir utiliser un curseur commun sur un ou plusieurs points augmentant la répétabilité de l'inspection visuelle. Donner au médecin la possibilité de valider un recalage ("bon" ou "mauvais") est absolument nécessaire : elle permet d'affirmer le succès ou l'échec d'un processus de recalage. En revanche, un procédé supplémentaire doit être employé quand une précision submillimétrique est requise. La simplicité de mise en œuvre de cette technique fait qu'elle est souvent utilisée, l'inspection visuelle étant réalisée par des experts [WMC93, WIVA⁺96, DL98, HBMP99, HHD⁺99, LPW⁺99, RCL99].

15. Il est important de noter que cette étude est réalisée dans l'optique d'un recalage CT/MR : les deux modalités présentent donc une haute résolution (millimétrique), certainement à relier avec l'ordre de grandeur des erreurs de précision trouvées

6.2 Évaluation de la précision

Quand un médecin utilise un système de recalage multimodalité, il insiste pour savoir quelle en est la précision. Cette connaissance fait naturellement partie des paramètres qu'il doit prendre en compte lors de son geste (diagnostique ou thérapeutique) afin d'évaluer le risque inhérent à la décision qu'il prend.

6.2.1 Erreurs sur la précision

Tout auteur présente des résultats, censés valider son algorithme, sous forme de chiffres et de courbes mettant en valeur les qualités du processus exposé. Nous pourrions nous attendre à pouvoir en retirer une idée de la précision de l'algorithme, mais ce n'est pas toujours le cas.

Maguire [MNR⁺91] décrit un impressionnant appareillage de simulation mais ne fournit aucun chiffre. D'autres auteurs n'indiquent qu'un résultat visuel de type "avant-après" [SBS93]. Des chiffres apparaissent où la puissance de l'algorithme est censée ressortir du simple fait que le critère optimisé est effectivement optimal [HHC⁺91, Chr99] : il nous semble que cela ne fait que prouver que l'algorithme d'optimisation choisi fonctionne. En fait, ce comportement n'est pas si critiquable : si le critère choisi a un sens, il est tout à fait viable de se baser sur celui-ci pour montrer, en résultat d'une étude préliminaire, son potentiel et justifier ainsi la poursuite des recherches.

D'autres procédés sont en revanche plus suspects. Herk [vHK94] calcul un pourcentage de réussite par simulation en considérant qu'un recalage de moins de 5 mm d'erreur est un succès. Plus subtil, Alperin [ALP94] utilise certaines primitives pour déterminer le recalage et d'autres pour en évaluer la précision, le critère étant le même dans les deux cas. Il nous semble qu'en aucun cas nous ne pouvons déduire une précision de recalage de la valeur d'un critère sous prétexte qu'il est exprimé en millimètre. Dans l'exemple d'Alperin, il mesure une distance moyenne. Or, il nous paraît plus important, du point de vue du médecin, de qualifier un recalage par l'erreur de recalage maximale. L'intérêt de la méthode d'Alperin n'est cependant pas à mettre en cause étant donné qu'il la valide également sur fantôme (ce qui lui permet d'indiquer une erreur valide pour son procédé de recalage) et par inspection visuelle.

6.2.2 Définition de la précision

Absence de *gold standard*

Considérons que votre algorithme conduit, pour un exemple particulier, à une transformation T . Vous désirez en connaître la précision (qui sera intégrée sur toute une base de données de test afin de mener à une précision globale). Le cas original correspond à la situation où vous n'avez aucun *gold standard* à votre disposition. Comment faire ? Il faut s'intéresser à l'application que l'on va faire du recalage : comparer, point par point, les deux modalités. La précision peut donc être définie comme l'erreur de correspondance qui va être faite sur tous les points que l'on va désirer comparer (points des images décrivant l'intérieur du patient). Cette erreur de correspondance est donnée par la distance euclidienne entre ces points. En théorie, il nous faudrait donc pouvoir déterminer, pour tout point P_r de l'espace de référence à l'intérieur du patient, son point homologue P_f dans l'espace flottant. Si nous avons N points appariés (P_r^i, P_f^i) , les distances dans chaque paire ($d_i = d(P_r^i, T(P_f^i))$ où d est la distance quadratique dans l'espace de référence) fournit une population statistique que l'on peut étudier, fournissant une définition de la précision. La connaissance de la valeur moyenne \bar{d} , des écarts-types dans chaque direction de l'espace (σ_x , σ_y et σ_z dans un espace de référence à trois dimensions), ainsi que de la valeur maximale d_M sont des caractéristiques qui permettent d'avoir une idée fiable de la précision. Hill [HHG⁺94] a d'ailleurs montré par des simulations couplées à des tests intra- et inter-observateurs que la distance moyenne \bar{d} diminuait comme la racine carrée du nombre de paires de points employées.

La réaction naturelle pour définir une précision en l'absence de *gold standard* est donc en fin de compte de définir un recalage basé sur un (si possible grand) nombre de paires de points homologues et de considérer celui-ci comme le *gold standard*. La distance moyenne \bar{d} correspond ainsi à l'erreur quadratique moyenne du recalage basé sur les points, c'est-à-dire le critère minimisé dans ce cas de recalage.

Présence d'un *gold standard* parfait

La présence d'un *gold standard* est donc indispensable mais également toujours fournie (paires de points homologues fournies par un ou plusieurs experts). Considérons à présent que nous disposons d'un *gold standard* parfait ($\bar{d} = 0$, $\sigma_x = \sigma_y = \sigma_z = 0$ et $d_M = 0$). C'est le cas lorsque les auteurs se basent sur des simulations. L'avantage d'un tel *gold standard* est qu'il fournit l'appariement idéal. Ainsi, on peut obtenir une carte de l'erreur dense dans l'espace de référence en entier. Ainsi, pour tout point P_f de l'espace flottant, son homologue est défini par $P_r = T_0(P_f)$ où T_0 est la transformation idéale fournie par le *gold standard*. Si T est la transformation à évaluer, la précision pour tout point P_r de l'espace de référence est donnée par $d(P_r, T \times T_0^{-1}(P_r))$. On obtient ainsi une *cartographie* de l'erreur dans l'espace de référence [HHD⁺99, CRK⁺99]. Mais ici encore, le principe de base est de comparer la transformation à évaluer au résultat fourni par un *gold standard* sur un certain nombre de points appariés (tous).

Présence d'un *gold standard* imparfait

Le définition de l'erreur peut donc s'établir à partir de la distribution de la distance, observée sur un certain nombre de points, entre le résultat fourni par un *gold standard* et celui proposé par la transformation à évaluer. Fitzpatrick a développé depuis plusieurs années un attirail théorique qui fixe une définition de la précision et en permet l'analyse statistique [MJMF93, FHS⁺98, FWMJ99, WF99]. Le cadre théorique considère un recalage à évaluer qui est basé sur des *marqueurs fiduciaires*. La précision est évaluée sur un ensemble de points-cibles (points définis anatomiquement sans ambiguïté et aisément localisable dans les deux modalités)¹⁶. Les travaux de Fitzpatrick ont abouti à la considération de quatre types d'erreurs :

- l'erreur de recalage sur les marqueurs fiduciaires (FRE: *Fiducial Registration Error*): résidu de l'estimation du recalage; dans un cadre plus général, ceci s'apparente à la valeur du critère à optimiser;
- l'erreur de localisation des marqueurs fiduciaires (FLE: *Fiducial Localization Error*): imprécision du repérage des marqueurs dans les modalités; dans un cadre de segmentation de primitives (dont les points), ceci s'apparente à l'imprécision de l'algorithme de segmentation (jauge);
- l'erreur de recalage sur les points-cibles (TRE: *Target Registration Error*): elle définit la précision; ceci correspond à notre distance moyenne \bar{d} ;
- l'erreur de localisation des points-cibles (TLE: *Target Localization Error*): imprécision liée à la détection des points-cibles; elle donne le niveau de qualité de l'ensemble de points choisis pour l'évaluation.

L'intérêt du travail de Fitzpatrick et de son équipe est d'avoir établi que ces erreurs ne sont pas indépendantes (d'un point de vue statistique). Ainsi, il retrouve le résultat de Hill [HHG⁺94] comme quoi la FRE varie en proportion inverse de la racine carrée du nombre de marqueurs. Mais son résultat est plus précis et il montre d'une part que la FRE varie proportionnellement à la FLE et d'autre part que la FRE, contrairement à ce qu'on pourrait intuitivement penser, ne dépend pas de la configuration des marqueurs. Attention, rappelons-nous que la précision du recalage est donnée par la TRE et non par la FRE. Il relie proportionnellement la TRE et la FLE, cette relation dépendant, elle, de la configuration des marqueurs fiduciaires. Ainsi, une relation d'ordre statistique peut être établie entre la précision (TRE) et le critère optimisé au recalage (FRE).

Grâce à ces notions, il est possible de réellement mesurer la précision apportée par un recalage et de pouvoir le comparer à un *gold standard*, même imparfait.

6.3 Synthèse et choix

Cette dernière section n'a pas pour but de prononcer un jugement irrévocable en faveur de telle ou telle méthode. Les comparaisons, concernant la précision, se trouvent en grande quantité et qualité dans la littérature (voir [SHH95b, RMPA98a, HHD⁺99]) pour ce concerne les critères de similarité pour le recalage

¹⁶. Dans les travaux de Fitzpatrick concernant le recalage CT/IRM, les points cibles sont définis comme les centroïdes de zones anatomiques segmentées manuellement par des experts dans les deux modalités

rigide 3D/3D, [PWL⁺98] pour ces mêmes critères en 3D/2D ; voir [HvdES⁺95] et surtout [WFW⁺97] pour une comparaison entre les trois groupes de méthodes en 3D ; voir enfin [LA99] pour le recalage non-rigide, plus spécialement [MNV99] pour le 2D/2D). Nous préférons ici souligner les avantages et limitations de chaque type de méthode afin de mieux cibler leurs domaines de compétences. Enfin, ces techniques sont rarement utilisées seules mais plus souvent en combinaison : la moins précise, mais plus rapide (si possible instantanée) servant à l'initialisation, la plus lente mais très précise menant au recalage final.

6.3.1 Points

L'utilisation des points correspond à une simplification extrême des données de l'image : d'une part elle est uniquement structurale et d'autre part elle est très éparse. Nous avons vu cependant que c'est ce type de recalage qui est le plus précis, et le résultat est considéré explicitement ou implicitement comme celui vers lequel il faut tendre : la référence.

Les raisons pour lesquelles il n'est pas systématiquement utilisé sont nombreuses. Il demande tout d'abord un long temps de mise en œuvre, ce qui le rend incompatible avec certaines pratiques médicales¹⁷. La deuxième raison est qu'il requiert un personnel technique formé : que ce soit un médecin pour placer des marqueurs externes, des techniciens pour fixer un cadre de contention (entre autres stéréotaxie) ou une personne bien formée pour utiliser un système de localisation. Enfin, les systèmes basés sur des points qui sont les plus précis (justifiant la nomination de ce type de méthode comme *gold standard*) sont ceux basés sur des marqueurs externes vissés dans le crâne du patient (dont le cadre de stéréotaxie). Ce genre de procédé est pénible pour le patient, ce que nous chercherons à éviter, et de plus, ne permet pas un recalage a posteriori.

Cependant, le recalage basé sur les points est le seul qui permet d'utiliser à l'heure actuelle un recalage multimodalité dans le cadre d'une opération effectuée hors du contrôle de l'image, même si l'évolution des localisateurs optiques permet aujourd'hui l'apparition du recalage basé sur des surfaces dans la salle d'opération.

6.3.2 Primitives d'ordre supérieur

Le choix de se baser sur des primitives pour réaliser le recalage suppose une appréhension de l'image de type structurale : la distinction entre les sous-objets qui composent l'objet imagé se fait au niveau de leurs interfaces. Ces techniques vont donc bien fonctionner quand un certain nombre de structures se retrouvent dans les deux modalités.

Ces méthodes sont utilisables dans le cadre d'un recalage a posteriori et peuvent être, dans certains cas¹⁸, entièrement automatisées. L'idée sous-jacente est de porter tous ses efforts sur l'extraction précise des primitives afin de bénéficier d'un algorithme d'optimisation robuste et rapide. C'est là que se situent ses deux principaux inconvénients. D'une part l'extraction automatique de primitives intéressantes est une question extrêmement délicate. De plus, elle produit un résultat qui simplifie l'image et contient un erreur intrinsèque qui va limiter la précision du recalage. Enfin, l'extraction des primitives aboutit souvent à une sur-segmentation et de nombreuses primitives aberrantes (*outliers*) doivent être éliminées pour ne pas perturber l'optimisation.

Les algorithmes associés à ce type de méthodes sont cependant rapides (une fois la segmentation réalisée). De plus, ils produisent de meilleurs résultats que les critères de similarité quand un des objets 3D présente une faible résolution dans une direction. C'est souvent le cas pour les examens du fémur ou des vertèbres, l'objet 3D étant un tas de coupes scanner dont la distance inter-coupes est souvent large (5 à 10 mm). L'usage de primitives est donc avantageux face aux techniques de similarité qui échouent, empêtrées dans des problèmes d'artefacts d'interpolation.

17. Urgences, cas où l'utilisation d'un système de contention ou du système de marqueurs, outre qu'elle présente parfois un caractère plus invasif que l'opération elle-même, requiert un temps d'installation plus long que le temps d'intervention usuel.

18. Images de bonne qualité comme le CT ou l'IRM qui ne posent pas de problème de segmentation pour certaines structures comme les os ou la peau.

6.3.3 Fonctions de similarité

Le choix d'un critère de similarité correspond à un refus de simplification des images, et sera pertinent, particulièrement dans le cas où les images sont très différentes (il y a peu d'information commune, donc autant ne pas la réduire). Tout est significatif dans une image, et tout est contenu dans les valeurs d'intensité. Ce genre de techniques est aujourd'hui le préféré des auteurs. Les performances grandissantes des systèmes d'imagerie médicale fournissent en effet des images dont la résolution est de plus en plus fine, réduisant d'autant les limitations dont nous avons parlé liées aux problèmes d'interpolation. Ainsi, des critères comme l'information mutuelle ont largement prouvé leur capacité à fournir un recalage de précision équivalent aux *gold standards* utilisés et certains auteurs [VMS97] n'hésitent pas à la proposer comme nouveau *gold standard* dans le cas particulier du recalage CT/IRM.

Le gros inconvénient de ces méthodes est leur lourdeur en temps de calcul. Nous avons ainsi vu que des efforts de recherche étaient en cours pour améliorer cet aspect. De plus, la croissance exponentielle des ordinateurs en puissance de calcul permet de prédire un avenir radieux à ce genre de techniques (il n'est que d'observer le regain de popularité de la corrélation). Un autre inconvénient est la difficulté de définir une mesure de similarité. Les propriétés qu'elle doit satisfaire sont connues [HV99] :

- ce doit être une métrique ;
- le critère doit être invariant pour le groupe de transformations considéré ;
- la mesure doit s'avérer robuste aux perturbations ;
- elle doit bien se comporter dans le cas d'occlusions ;

Enfin, un algorithme d'optimisation fiable et efficace doit lui être associé.

Les méthodes basées sur l'optimisation d'un critère de similarité permettent d'atteindre des recalages, de façon entièrement automatique, dont la précision est exceptionnelle. Le fait d'utiliser jusqu'aux moindres détails des images (voxels ou pixels) permet d'espérer des précisions submillimétriques. Ceci ne pourra cependant pas être prouvé tant qu'un *gold standard* de précision de l'ordre du dixième de millimètre ne sera pas établi.

6.4 Conclusion

Deux problèmes nous intéressent dans cette thèse : le recalage 2D/3D et le recalage 3D/3D d'artères intra-cérébrales. Dans le premier cas, la très grande résolution des deux imageries considérées (DSA et 3DXA) rend attractif l'utilisation des mesures de similarité. À notre connaissance, l'approche suivie pour ce problème fut toujours basée sur la segmentation de la ligne centrale des vaisseaux et leur mise en correspondance. Ce n'est que récemment que Penney [PWL⁺98] a publié une étude sur le comportement des critères de similarité dans le cas du recalage 2D/3D de vertèbres, lui aussi à partir d'imageries à haute résolution. Sa conclusion fut positive et nous a encouragé à poursuivre dans la voie que nous nous étions déjà tracée.

L'utilisation du recalage 2D/3D pendant une intervention requiert un temps de convergence court pour l'algorithme (ce qui n'est pas disponible a priori avec les fonctions de similarité), ainsi qu'un comportement totalement automatique. Notre premier réflexe fut d'étudier quelle précision pouvait être atteinte en se basant uniquement sur les données des capteurs disposés sur la machine d'angiographie (utilisée à la fois pour acquérir les images DSA et les volumes 3DXA). Ceci fait l'objet de la prochaine partie. Nous verrons que le résultat est intéressant mais insuffisant vis à vis de notre grande exigence en précision. Nous avons donc mis au point un algorithme de recalage, basé sur des critères de similarité de pixels permettant d'atteindre un recalage de très bonne qualité dans un temps acceptable. La description de cet algorithme et sa validation font l'objet de la quatrième partie de ce document.

Enfin, le deuxième aspect de cette thèse concerne le recalage 3D/3D d'un volume 3DXA avec un volume IRM. Étant donné la finesse de taille des objets d'intérêt (artères, pouvant n'occuper qu'un voxel en largeur en IRM) nous avons également opté pour une méthode basée sur l'optimisation d'un critère de similarité de voxels. Nous verrons dans la cinquième partie les obstacles que nous avons dû surmonter, notamment à cause du volume des données à traiter, et nous exposerons l'algorithme dédié mais simple et rapide que nous avons mis au point.

Troisième partie

Étude de la machine d'angiographie

Chapitre 7

Introduction

Ce chapitre interprète le recalage 3DXA/DSA comme une calibration de l'acquisition de l'image DSA par la machine d'angiographie. Le processus de formation d'image par l'appareil d'angiographie est modélisé par une fonction de projection conique perturbée par un champ de distorsions.

En suivant l'exemple de la 3DXA, nous allons voir comment nous pouvons calibrer la machine d'angiographie afin de retrouver la fonction de projection, ainsi que le champ de distorsions, dans toutes les configurations de la machine. Chaque configuration est définie par un ensemble de données issues de capteurs. Nous y associons un modèle du comportement de la machine et exposons le principe d'une calibration de ses différents paramètres en utilisant des fantômes.

7.1 Le 3DXA comme point de départ

7.1.1 Analogie entre le recalage et la calibration

Toute reconstruction tomographique se base sur trois bases :

- un **objet**, ou partie d'un objet, à reconstruire ;
- un ensemble de **projections** (au sens de Radon) ;
- un ensemble de **fonctions** dites de projection (une par projection) qui lie l'objet à reconstruire à cette projection.

La connaissance de deux de ces trois bases mène à la troisième. On se retrouve ainsi dans trois situations :

- Si on connaît les projections et les fonctions, on obtient l'objet par **reconstruction**.
- Si on connaît l'objet et les projections, on obtient les fonctions par **calibration**. L'objet est dans ce cas appelé un *fantôme de calibration*.
- Si on connaît l'objet et les fonctions, on obtient les projections par **projection**.

Le recalage 2D/3D s'insère parfaitement dans ce schéma : il consiste à rechercher une fonction de projection qui relie un objet 3D à une projection 2D. Il s'apparente donc à une procédure de calibration. Cette troisième partie développe un modèle de la machine d'angiographie ainsi qu'une procédure de calibration (inspirée de la calibration effectuée en préalable à une reconstruction 3DXA) basée sur ce modèle, qui permet de trouver pour toute position, ou plus généralement, toute *configuration* de la machine la fonction de projection qui permet de relier le volume 3DXA aux images DSA prises dans cette configuration.

7.1.2 Calibration pour la 3DXA

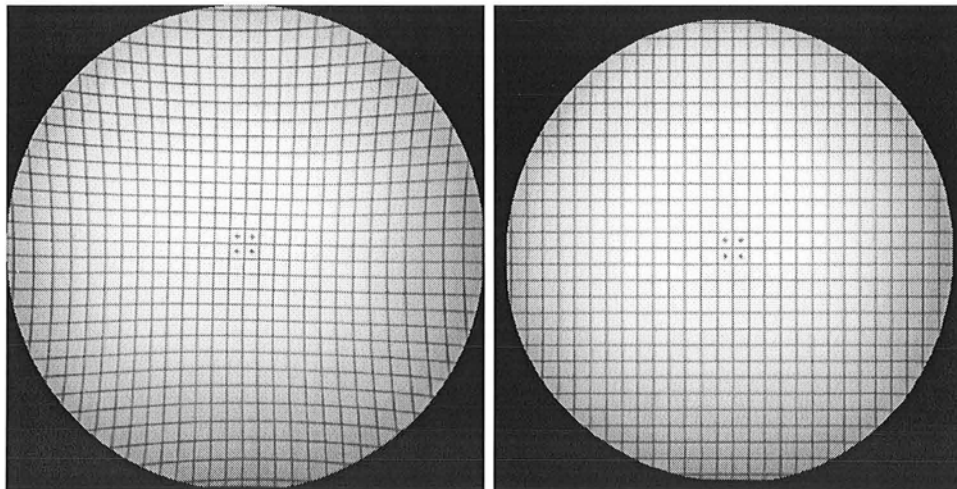
Une acquisition 3DXA est réalisée dans le but de *reconstruire* un objet (artère injectée). Elle nécessite donc une calibration préalable de la machine d'angiographie.

La calibration se base sur un modèle de fonction de projection. Les rayons X qui traversent l'objet pour former l'image sont issus du foyer du tube, supposé ponctuel. Ceci nous mène au formalisme pratique de la projection conique. Il est cependant connu que l'intensificateur d'image (II) est sensible au

champ électromagnétique environnant. Ceci induit des distorsions dans l'image par rapport au modèle de projection conique. Une fonction de projection est donc vue comme *la combinaison d'une projection conique et d'une fonction de distorsion* qui vont dépendre toutes deux de la configuration de la machine. Ce modèle de fonction de projection en une composante distorsion et une composante projection conique est classique en vision par ordinateur [LT88, Bey92, Peu94, SHL95] et a été reconnu très tôt comme convenant parfaitement à la modélisation de la formation d'une image DSA [ZLW⁺90, Lau96].

La distorsion

La distorsion est une fonction du plan image dans lui-même. On suppose qu'elle est suffisamment lisse (continue mais difficilement décrite paramétriquement). On peut alors l'estimer de façon très précise en la calculant sur un nombre épars de points dans l'image, sa valeur sur les autres pixels en étant déduite par interpolation. Un fantôme est utilisé pour la calibration des distorsions [Lau96]. Il consiste en une *grille* (figure 7.1) dont les montants sont opaques aux rayons X. Chaque intersection de montant est appelée *nœud*. La position de chaque nœud est détectée dans l'image puis la distorsion en ce point est définie comme l'écart entre sa position dans l'image et celle qu'il doit avoir dans le modèle idéal de la grille. Ce modèle précise que les montants de la grille sont, par conception du fantôme physique utilisé, droits, régulièrement espacés et que chaque montant vertical est perpendiculaire à chaque montant horizontal. La correction des distorsions, appliquée à l'image de grille, va donc "redresser" la grille et faire en sorte qu'un quadrillage régulier apparaisse dans l'image (figure 7.1(b)). Chaque case de ce quadrillage est un carré dont le côté est constant et connu en millimètres, ainsi qu'en pixels (cette dernière dépend du FOV considéré). De plus, le centre de la grille est détecté automatiquement (entouré par quatre croix, voir la figure 7.1) et placé, lors de la correction des distorsions, au centre de l'image corrigée.



(a) Grille distordue (FOV 30 cm): résultat brut de l'acquisition

(b) Grille corrigée des distorsions (modèle idéal)

FIG. 7.1 – Images du fantôme de grille

Projection conique

Quand la distorsion est corrigée, l'hypothèse de projection conique est applicable. Cette dernière est une fonction homographique de l'espace 3D dans lequel est exprimé l'objet vers le plan image. Elle se traduit donc par l'estimation d'une matrice 3×4 à une constante multiplicative près. Nous avons ainsi onze paramètres à estimer (voir la section 5.1.4). Ceci est fait grâce à un fantôme. Il est composé d'un cylindre en plastique transparent aux rayons X sur lequel sont portées des billes en plomb disposées en hélice [RPTP93]. Cette *hélice* (figure 7.2) permet d'avoir une trentaine de points visibles dans l'image. La

détection de ces points et leur appariement avec ceux du modèle parfait de l'hélice permet de déterminer les paramètres de la projection conique.

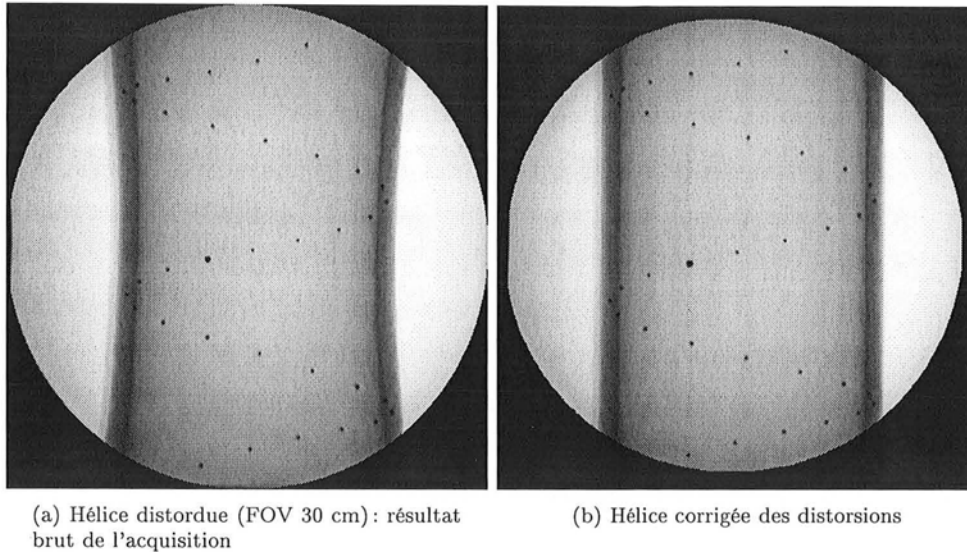


FIG. 7.2 – Images du fantôme d'hélice

Utilisation des fantômes – Calibration pour la 3DXA

In fine chaque fonction de projection est donc une fonction du repère lié à l'hélice (appelé désormais repère hélice) vers le plan image. Le repère hélice est le repère de reconstruction de la 3DXA¹⁹. Chaque fonction se décompose en une fonction de distorsion et une projection conique. Si nous connaissons a priori la position de la machine dans laquelle sera prise l'image, nous savons déterminer avec une grande précision la fonction de distorsion (grâce à la grille) et la projection conique (grâce à l'hélice).

Lors d'une acquisition 3DXA, 44 images sont acquises dans 44 positions (donc configurations) différentes de la machine. Cependant ces positions sont connues a priori et hautement répétables : la preuve en est que la soustraction est possible entre les images de masque acquises lors de la première rotation et les images injectées de la deuxième rotation. La calibration consiste donc à estimer les distorsions dans les images, au moyen de la grille, pour chacune des 44 positions et chacun des 4 champs (FOV : 30, 22, 16 et 11 cm). En effet, le changement de FOV n'est pas un simple zoom : il implique une variation de la fréquence de balayage de la caméra, induisant de possibles effets non-linéaires. La mesure des distorsions doit donc s'effectuer dans tous les FOV disponibles. La fonction de distorsions inclut ces effets non-linéaires. Mais nous avons vu que la correction des distorsions ramenait l'image de grille à un modèle idéal (un modèle par FOV). Après correction des distorsions, le changement de FOV peut donc s'effectuer par un simple zoom (déterminer par la taille relative du quadrillage en fonction de la FOV dans les modèles idéaux de grille) et par suite la projection conique devient indépendante du FOV. Les paramètres de la projection conique sont alors estimés sur toutes les positions mais seulement en FOV de 30 cm au moyen de l'hélice.

7.2 Description de la machine d'angiographie

7.2.1 Capteurs de position

Nous avons déjà décrit de manière formelle la machine d'angiographie (voir la figure 1.4). Ce paragraphe va nous permettre de préciser ce que nous entendons par configuration de la machine en commandant par annoter la figure 1.4 (voir figure 7.3).

19. Modulo en fait un déplacement rigide parfaitement connu à l'acquisition destiné à recentrer le volume final.

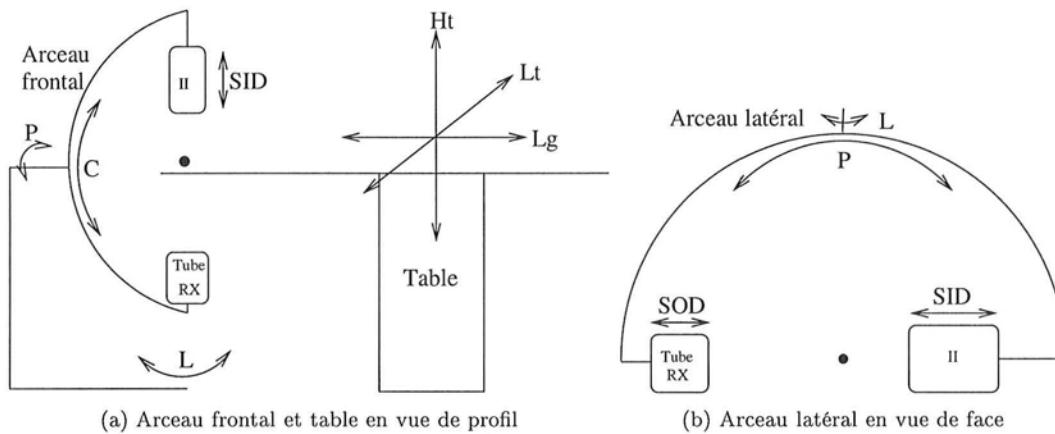


FIG. 7.3 – Capteurs de position de la salle d'angiographie

La configuration de la machine d'angiographie est connue grâce à un ensemble de capteurs. La figure 7.3 en représente un sous-ensemble :

- La table peut être bougée selon trois directions orthogonales : longitudinal (**Lg**), latéral (**Lt**) et en hauteur (**Ht**) ;
- Chaque arceau peut être placé sous une incidence quelconque par combinaison de rotations dont les axes sont orthogonaux : 3 pour l'arceau frontal et 2 pour l'arceau latéral. Les angles de ces rotations sont connus par des capteurs (5 en tout) : l'angle **P** pour la rotation autour d'un axe horizontal correspondant à l'axe longitudinal de la table (seulement pour le frontal), l'angle **C** pour la rotation autour d'un axe horizontal correspondant à l'axe latéral de la table (frontal et latéral) et l'angle **L** pour la rotation autour d'un axe vertical correspondant à l'axe pour le mouvement en hauteur de la table (frontal et latéral). Les angles **L** et **C** sont nommés d'après la forme des éléments du plan frontal qui leur sert de base (voir la figure 7.3). L'angle **P** correspond à la rotation du pivot qui les unit.
- L'II peut être soit approché soit éloigné de l'isocentre. Le capteur associé mesure la distance entre l'II et le tube RX : c'est la SID (*Source to Image Distance*).
- Pour l'arceau latéral seulement, le tube RX peut également être approché ou éloigné de l'isocentre. Le capteur associé mesure la distance entre le tube RX et l'isocentre : c'est la SOD (*Source to Object Distance*). Dans le cas de l'arceau frontal, par compatibilité, la SOD existe aussi mais elle est fixe.

Ces capteurs vont donc permettre de connaître la position de la machine par rapport à une position de référence. Ils en offrent une mesure : ce sont les *capteurs de position*.

7.2.2 Capteurs d'état

Il existe un deuxième groupe de capteurs participant à la configuration de la machine : ce sont les *capteurs d'état*. Ils ne mesurent pas une distance ou un angle mais indiquent l'état de certains paramètres d'acquisition, cet état étant pris dans un ensemble restreint et prédéfini de valeurs. Nous pouvons isoler ceux qui sont susceptibles d'avoir un impact sur la qualité du recalage :

- Nous avons déjà cité le FOV : les distorsions en dépendent mais également la précision du recalage. Plus le FOV est petit, plus la zone visualisée est proche du centre des rotations (isocentre), donc moins nous sommes sensibles à une erreur de rotation. D'un autre côté, plus le FOV est petit, plus la taille pixel diminue. L'erreur de reprojection en pixels, et par conséquent son effet visuel dans l'image, augmente donc.
- La matrice de l'image : deux matrices sont classiquement utilisées en neuroradiologie interventionnelle : 512×512 pixels et 1024×1024 pixels.
- L'inversion caméra : l'image peut être inversée horizontalement et/ou verticalement.

- La rotation caméra: lorsque le L est non nul sur le plan frontal, la tête du patient se retrouve penchée dans l'image (il suffit d'imaginer partir d'une position frontale à $L = 0$ puis progressivement augmenter la valeur du L : la position est toujours frontale mais la tête du patient tourne autour d'un point situé approximativement au centre de l'image). On peut autoriser la caméra à tourner pour corriger cet effet. La rotation se fait autour de son axe (donc environ autour du centre de l'image) selon un angle défini en fonction des angles L , P et C (la formule se retrouve aisément en étudiant la variation des axes du repère image par rapport à un repère absolu sous l'effet d'une rotation).

Ces paramètres influent tous sur le comportement de la caméra de l'II. Tout un autre groupe de paramètres d'acquisition permettent de régler le tube RX (kV, mAs, dose, etc.). Ils ne vont cependant agir qu'au niveau de la qualité de l'image (contraste, bruit) mais ne vont pas en modifier la géométrie a priori. C'est pourquoi nous ne les considérerons pas.

Nous appellerons la *position* de la machine, une instance des capteurs de position et une *configuration* de la machine une instance des capteurs de position et des capteurs d'état.

7.3 Plan de travail

Nous venons de voir que déterminer un recalage entre un volume 3DXA et une image DSA prise dans une certaine configuration de la machine revient à trouver le champ de distorsions et la projection conique pour cette configuration. Si nous connaissons la configuration de la machine a priori (c'est à dire avant l'examen) nous pouvons utiliser les fantômes de grille et d'hélice pour la calibrer. Or nous ne connaissons malheureusement pas a priori sous quelle incidence et dans quelles conditions une image DSA va être acquise. Il nous faut donc être capables de déterminer le champ de distorsions et la projection conique correspondant à toute configuration possible de la machine. Nous avons donc réalisé toute une série d'expérimentations dont le but fut de décrire une procédure de calibration de la machine d'angiographie qui permette de retrouver la fonction de projection (distorsions et projection conique) pour toute configuration de la machine (et non plus pour les seuls 44 positions de l'acquisition rotationnelle). Cette calibration doit être simple à mettre en œuvre dans un milieu hospitalier et mener à une bonne précision de recalage.

Nous allons dans un premier temps ne pas considérer les capteurs d'état: on suppose que l'on sait passer d'une configuration à une autre si ces deux configurations de la machine ne diffèrent que par un paramètre d'acquisition. Nous avons toujours travaillé en matrice 512×512 (conditions d'acquisition de la 3DXA: la résolution correspondante est donc suffisante pour notre problème), sans inversion caméra et sans rotation caméra.

7.3.1 Distorsions

Une exception fut cependant faite: nous avons vu que l'effet du FOV pouvait être pris en compte par le champ de distorsion afin de se ramener, par correction des distorsions, à une fonction de projection conique indépendante du FOV. Nous avons donc commencé par une étude des distorsions dans trois FOV: 30, 22 et 16 cm. Les FOV de 22 et 16 sont les plus utilisés en neuroradiologie interventionnelle. Le champ de 30 l'est moins que le champ de 11 mais nous l'avons quand même préféré au plus petit champ car le champ de distorsions observé en champ de 30 est très complexe alors que celui observé en champ de 11 a un comportement proche de celui en FOV de 16: on pourrait le modéliser par une transformation affine (rotation, translation et zoom). Une autre raison pour avoir délaissé le champ de 11 est d'ordre plus pratique. Nous avons commencé par une étude du comportement de la distorsion sur des acquisitions rotationnelles. Or, au temps où cette étude fut réalisée, l'appareil d'angiographie permettant des acquisitions 3DXA n'en était qu'au stade de prototype: c'était un appareil monoplan et seuls les FOV de 30, 22 et 16 étaient calibrés²⁰. Il nous faut aussi préciser que dans cette version prototype, 55 images étaient acquises lors d'une acquisition rotationnelle, et non 44 comme c'est le cas dans la version produit.

20. Aujourd'hui, dans sa version produit, tous les FOV sont disponibles.

7.3.2 Projection conique

La deuxième partie de l'étude porte sur la projection conique. Nous n'avons encore ici considéré que les capteurs de position. En supposant les distorsions corrigées, nous pouvions donc réaliser notre étude en champ de 30 uniquement. Nous n'avons réalisé nos expérimentations que sur le plan frontal, pour la raison que l'appareil utilisé était monoplan, mais également parce que nous savons que le plan frontal d'un appareil capable de produire des volumes 3DXA est extrêmement stable mécaniquement. Si nous concluons que la précision du recalage issu de la seule calibration et basée sur les capteurs de la machine ne saurait être satisfaisante (et ce sera notre conclusion), il était inutile de multiplier les expériences avec un plan latéral connu de tous les concepteurs de la machine pour être doté d'un positionnement moins précis²¹.

7.3.3 Procédure de calibration

Enfin, nous verrons dans le dernier chapitre de cette partie comment rendre valide l'hypothèse faite en début d'étude sur les capteurs d'état, à savoir que nous montrerons comment nous avons en pratique pris en compte le changement de taille de la matrice, l'inversion horizontale/verticale de la caméra et la rotation. Ce chapitre explicitera, au vu des résultats de précision obtenus, la procédure de calibration de la salle à laquelle nous avons aboutie et donnera les caractéristiques du recalage, en terme d'erreur, que l'on peut obtenir en nous basant sur une telle calibration et les données des capteurs de la machines.

7.3.4 Erreur de recalage

L'erreur que nous considérons dans ce qui suit est l'erreur de reprojection. C'est en effet la seule mesure pertinente pour la projection du volume angiographique. Ce n'est pas ce qui est fait habituellement. Les études précédentes considèrent en effet l'erreur de reconstruction 3D que l'on peut déduire de l'estimation des géométries coniques. Nous travaillons cependant en monoplan. La détermination 3D d'un point de l'image est donc impossible sans information supplémentaire (par exemple un second plan...). Nous pouvons toutefois donner une idée de l'erreur 3D correspondant à chaque erreur 2D. Si nous recherchons une erreur maximale d'un millimètre, pour une SID de 1200 mm (SOD = 705 mm), cela correspond à une erreur dans le plan image d'environ 1.7 mm (au voisinage de l'isocentre). Exprimée en pixels, et pour une matrice de 512×512 , l'erreur millimétrique est donc de 2.9 en FOV de 30, 3.9 en FOV de 22 et 5.8 en FOV de 16.

21. Cela ne veut aucunement dire qu'il est de mauvaise qualité! Cela signifie simplement que la contrainte de repositionnement à la fraction de degré près demandée au plan frontal serait une aberration pour le plan latéral, étant donné son utilité pratique.

Chapitre 8

Les distorsions

8.1 Introduction

8.1.1 Caractérisation de la distorsion

La nature de ces distorsions est bien connue [Bou, Lau96]: elles se décrivent en une composante statique (ne dépendant pas de la position de l'arceau dans l'espace) due à la courbure de l'écran d'entrée de l'II, qui est constituée des distorsions radiale et tangentielle classiques en vision par ordinateur (distorsion dite "en coussin"), et d'une partie plus difficile à appréhender dont la cause est principalement l'influence du champ magnétique terrestre (ou plus généralement local) qui dévie les électrons en perturbant le champ qui les accélèrent entre l'entrée de l'II et la caméra en sortie. La première composante peut être modélisée [WCH92]. La seconde l'est aussi théoriquement mais la variabilité imprévisible du champ magnétique terrestre fait dramatiquement chûter les performances des modèles.

L'idée qui porte cette étude est que le champ magnétique terrestre est localement uniforme, varie finalement peu sur une journée et sans doute pas assez sur une semaine. La quantité à estimer est donc un vecteur dans l'espace, ce qui se réduit à seulement trois variables a priori. Les lois de la physique étant généralement issues d'une hypothèse de régularité des champs, il nous a semblé réaliste de considérer qu'un faible nombre d'échantillons devrait suffire à estimer de façon raisonnable la distorsion par interpolation. Dans notre cas, nous considérons que le champ de distorsions estimé au moyen du fantôme de grille est suffisamment proche du champ réel pour être considéré comme notre référence. D'autres fantômes en forme de grille [ZLW⁺90] ou de plaque portant des billes [ØLL⁺98] ont été proposés comme pouvant mener à une bonne estimation des distorsions mais notre fantôme de grille nous semble d'autant plus fiable qu'il a été validé dans le cadre d'un processus de validation industriel sévère. Un échantillon correspond donc pour nous à une image de grille, ou plus exactement nous considérerons comme équivalentes la donnée d'un champ de distorsions et celle de l'ensemble des positions des nœuds de la grille observée en présence de ce champ.

8.1.2 Méthodologie

Concrètement, l'objet de cette étude est de tester différentes techniques d'interpolation permettant de retrouver la distorsion pour n'importe quelle incidence de l'arceau. Les variables décrivant la position de l'arceau sont au nombre de deux (équivalentes aux deux angles en coordonnées cylindriques) et nous avons choisi arbitrairement les angles anatomiques (cranio-caudal ou droite-gauche ou en pratique les angles P et C si le L est à zéro). L'interpolation porte sur les positions des nœuds (équivalentes au champ de distorsions dans toute l'image). Ainsi, l'interpolation se basera sur un certain nombre d'images de grilles (points de contrôle). Dans chaque image, les nœuds seront détectés, ce qui est équivalent à mesurer la distorsion. Chaque nœud physique de la grille qui est visible sur toutes les images de contrôle sera considéré: sa position dans l'image pour une angulation quelconque sera déterminée en interpolant ses positions détectées dans les images de contrôle. Nous aurons donc en fin d'interpolation un ensemble de positions pour les nœuds visibles de la grille qui définiront le champ de distorsions interpolé.

Différentes techniques d'interpolation seront étudiées: bilinéaire, biquadratique, bicubique et déplacement rigide (rotation et translation) associé à un résidu bilinéaire. La dernière est issue de l'observation des grilles lors d'un spin, qui semblent tourner sur elles-mêmes tandis qu'elles subissent une translation (donc semblent subir un déplacement rigide), le résidu étant interpolé linéairement. Enfin, rappelons que cette étude portera sur les trois FOV de 30, 22 et 16 cm.

8.1.3 Capteurs concernés

Nous considérons que seuls les paramètres de position de l'arceau (angles L , P et C) influent sur la distorsion. Il est évident que la position de la table n'a aucun effet mais nous pourrions nous poser la question quant à la SID. Nous avons donc effectué l'expérience suivante : pour diverses incidences choisies au hasard, nous avons fait varier la SID seule, en ayant monté la grille sur l'II, et observé l'image en fluoroscopie : aucun changement n'a pu être détecté alors que l'œil est très sensible à ces variations. Nous avons de plus acquis des images non soustraites pour deux SID différentes et les avons soustraites l'une à l'autre : rappelons que l'œil est capable de percevoir une erreur de soustraction d'un dixième de pixel. Une différence extrêmement mineure apparaît : elle fut interprétée comme l'effet de la perturbation créée dans le champ électromagnétique local par la mise en marche du moteur (électrique) commandant le mouvement de l'II. La faible amplitude de cette perturbation nous a décidé à considérer que la SID avait une influence négligeable sur le champ de distorsions.

8.1.4 Précision recherchée

L'évaluation de la précision se basera sur les éléments suivants :

- N images de grille (positions) interpolées (les images de contrôle ne sont pas incluses dans cet ensemble) ;
- K nœuds par image : ne seront interpolés que les nœuds qui apparaissent dans toutes les images de contrôle (c'est-à-dire la très grande majorité des nœuds visibles au moins une fois : très peu de nœuds disparaissent lors d'un changement d'incidence de l'arceau).

Nous noterons $\mathcal{N}_{k,n}^0$ ($k \in [1..K], n \in [1..N]$) la position du nœud numéro k dans l'image numéro n et $\mathcal{N}_{k,n}$ la position interpolée de ce nœud dans l'image numéro n .

Le calcul d'erreur se fait en mesurant la distance euclidienne pour chaque nœud entre sa position interpolée et sa position détectée dans l'image réelle, pour les images ne servant pas à l'interpolation :

$$d_{k,n} = \|\mathcal{N}_{k,n} - \mathcal{N}_{k,n}^0\| \quad (8.1)$$

On peut ainsi définir trois mesures d'erreurs :

- l'**erreur moyenne** : moyenne globale des erreurs faites sur tous les nœuds dans toutes les images

$$\bar{\mathcal{E}} = \frac{1}{NK} \sum_{\substack{1 \leq n \leq N \\ 1 \leq k \leq K}} d_{k,n} \quad (8.2)$$

- l'**erreur maximale** : maximum des erreurs faites sur tous les nœuds dans toutes les images

$$\mathcal{E}_{\max} = \max_{\substack{1 \leq n \leq N \\ 1 \leq k \leq K}} \{d_{k,n}\} \quad (8.3)$$

- l'**erreur moyenne maximale** : maximum des erreurs moyennes calculées image par image

$$\bar{\mathcal{E}}_{\max} = \max_{1 \leq n \leq N} \left\{ \frac{1}{K} \sum_{1 \leq k \leq K} d_{k,n} \right\} \quad (8.4)$$

Nous nous fixerons comme but de pouvoir retrouver la distorsion avec une erreur moyenne inférieure au pixel.

8.2 Étude sur une dimension

Le but est de pouvoir retrouver le champ de distorsions à partir d'une procédure de calibration la plus simple et rapide possible. Il nous a semblé évident que 4 images (interpolation bilinéaire de base) serait insuffisant. Nous nous sommes donc fixé comme objectif de nous baser sur 9 images. L'étude abordera tout de même le cas de 16 images dans le cas bicubique.

8.2.1 Définition formelle de l'interpolation

Les différentes calibrations pour les acquisitions rotationnelles nous fournissent une base de données importante qui va nous permettre d'étudier l'efficacité de chaque type d'interpolation en une dimension. Le passage en 2D se faisant de manière naturelle (le cas déplacement rigide associé à un résidu linéaire que nous appellerons *interpolation dep+lin* dorénavant ne rentre pas dans cette affirmation). En effet pour les interpolations classiques (linéaire, quadratique et cubique) la formule générale en 1D est donnée par:

$$Q = T^t M P$$

où si on note D la dimension associée à l'interpolation ($D = 2$ pour la linéaire, $D = 3$ pour la quadratique et $D = 4$ pour la cubique)

- Q est le nouveau point interpolé;
- T est le vecteur paramètre. Il est composé des puissances décroissantes du paramètre d'interpolation t : $T = (t^i)_{i=D-1}^0$ à 0;
- M est la matrice $D \times D$ caractéristique de l'interpolation;
- P est le vecteur formé par les D points de contrôle.

Prenons par exemple l'interpolation linéaire entre deux points P_1 et P_2 . Cette interpolation s'obtient en faisant varier un paramètre t entre 0 et 1. Nous avons alors:

$$Q(t) = (1-t)P_1 + tP_2$$

ce qui s'exprime également par :

$$Q(t) = (t \ 1) \begin{bmatrix} -1 & 1 \\ 1 & 0 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} P_1 \\ P_2 \end{pmatrix} = T^t M P$$

avec $T = (t \ 1)^t = (t^1 \ t^0)^t$, $M = \begin{bmatrix} -1 & 1 \\ 1 & 0 \end{bmatrix}$ et $P = (P_1 \ P_2)^t$. L'interpolation quadratique se base sur trois points ($D = 3$). Nous aurons donc $T = (t^2 \ t^1 \ t^0)^t$ et $P = (P_1 \ P_2 \ P_3)^t$. La matrice caractéristique de l'interpolation quadratique étant

$$M = \begin{bmatrix} 2 & -4 & 2 \\ -3 & 4 & -1 \\ 1 & 0 & 0 \end{bmatrix}$$

Ce formalisme est très puissant pour définir les formules de l'interpolation satisfaisant à un groupe de contraintes de continuité d'ordres divers sur la courbe interpolante.

Étant donnée une telle interpolation, la généralisation au 2D s'obtient par la formule:

$$Q = V^t M P M^t U$$

où V et U sont les équivalents de T pour les paramètres d'interpolation v et u et P est à présent une matrice $D \times D$ de points de contrôle.

Ainsi, pour ne reprendre que l'exemple de l'interpolation linéaire, l'interpolation bilinéaire se base sur quatre points $(P_{1,1}, P_{1,2}, P_{2,1}, P_{2,2})$ ($D = 2$). La formule du cas monodimensionnel généralisé au cas bidimensionnel donne:

$$Q(u,v) = (v \ 1) \begin{bmatrix} -1 & 1 \\ 1 & 0 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} P_{1,1} & P_{1,2} \\ P_{2,1} & P_{2,2} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} -1 & 1 \\ 1 & 0 \end{bmatrix} \begin{pmatrix} u \\ 1 \end{pmatrix}$$

FOV	Interpolation	linéaire	quadratique	cubique	dep+lin
30		0.74	0.43	0.42	0.74
22		0.95	0.57	0.51	0.95
16		1.00	0.57	0.49	0.99

(a) Erreur moyenne $\bar{\mathcal{E}}$ (en pixels)

FOV	Interpolation	linéaire	quadratique	cubique	dep+lin
30		1.98	1.17	1.51	1.96
22		2.62	1.40	1.91	2.62
16		2.77	1.47	1.76	2.77

(b) Erreur maximale \mathcal{E}_{max} (en pixels)

TAB. 8.1 – Comparaison des performances des différents types d'interpolation en une dimension

soit :

$$Q(u,v) = (1-u)(1-v)P_{1,1} + u(1-v)P_{1,2} + (1-u)vP_{2,1} + uvP_{2,2}$$

ce qui est bien la formule classique de l'interpolation bilinéaire.

Nous aurions aussi, dans le cas de 16 images de base, pu nous intéresser aux B-splines mais il faut rappeler que contrairement aux interpolations étudiées, les B-splines ne passent pas par les points de contrôle. Il y a bien sûr le cas des splines interpolantes (cardinal-splines par exemple) mais même dans ce cas les points extrémaux ne sont pas atteints. De plus, il nous semble qu'il valait mieux démontrer en premier lieu d'une part que 9 images de base étaient manifestement insuffisantes et d'autre part que 16 images de base apportaient une réelle amélioration des performances.

8.2.2 Expérimentation

Lors d'une acquisition en rotation, nous avons à notre disposition 55 images dans les 3 champs (rappelons que nous avons utilisé une version prototype de la machine). La comparaison se fait en prenant 4 images de bases les plus éloignées possible afin de bien montrer les effets de chaque interpolation. Ces 4 images sont donc les numéros: 1, 19, 37 et 55. Elles sont espacées régulièrement afin de bénéficier de matrices M classiques. Les résultats sont rapportés dans le tableau 8.1

8.2.3 Conclusion

Les conclusions de cette première étude sont simples et assez directes:

- l'interpolation linéaire est insuffisante;
- l'interpolation dep+lin est équivalente à l'interpolation linéaire;
- l'interpolation cubique n'apporte pas d'amélioration flagrante par rapport à la performance de l'interpolation quadratique;
- enfin l'interpolation quadratique, qui apporte une précision de l'ordre du demi-pixel (avec 4 images), semble être la meilleure candidate.

Nous allons donc dans ce qui suit montrer comment étendre l'usage de l'interpolation quadratique à deux dimensions (les deux angles P et C) tout en conservant une erreur inférieure au pixel.

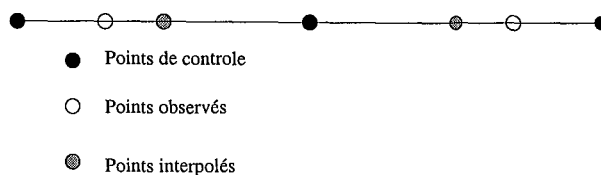


FIG. 8.1 – Non linéarité du paramètre d'interpolation

8.3 Étude de l'interpolation quadratique sur deux dimensions

8.3.1 Définition des positions de contrôle

Le passage à deux dimensions s'effectue en considérant les angles anatomiques, ce qui revient à se baser sur les angles P et C pour $L = 0$ (nous n'avons alors pas à nous préoccuper de la rotation caméra). L'espace des paramètres peut donc se réduire à $[-90,90]$ pour le P en degrés et $[-40,40]$ pour le C : ces angles sont proches des positions maximales autorisées pour le plan frontal. Les positions de contrôle (celles où sont acquises les images de grille qui servent de points de contrôle à l'interpolation) seront choisies régulièrement espacées et symétriques par rapport à l'origine, ceci afin d'avoir une répartition la plus uniforme possible des positions dans l'espace des paramètres. Un ensemble de positions sera donc donné par un P_0 et un C_0 tous deux strictement positifs, qui définissent l'ensemble des points de contrôle dans l'espace des (P,C) : $\{(0,0); (-P_0,0); (P_0,0); (-C_0,0); (C_0,0); (-P_0, -C_0); (-P_0,C_0); (P_0, -C_0); (P_0,C_0)\}$.

On choisit dans un premier temps l'ensemble ($P_0 = 60, C_0 = 30$). La majeure partie de l'espace sera couvert par une interpolation biquadratique, le reste s'obtenant par extrapolation (c'est-à-dire que nous autoriserons les poids d'interpolation à être en dehors de l'intervalle $[0,1]$). Le résultat donne une erreur moyenne de 0.38 pixels sur la partie interpolée. Cependant, la partie extrapolée donne une erreur moyenne de 1.53 pixels, avec en particulier une erreur moyenne de 1.90 pixels pour $P = 90$ degrés. Il va donc nous falloir à tout prix éviter l'extrapolation. Et c'est donc logiquement que nous nous tournons vers l'ensemble ($P_0 = 90, C_0 = 40$) qui ne donnera lieu qu'à une interpolation.

Les statistiques suivantes seront calculées pour des images correspondant aux positions intermédiaires déterminées pour $P \in \{-90, -60, -30, 0, 30, 60, 90\}$ et $C \in \{-40, -20, 0, 20, 40\}$. Naturellement les positions correspondant aux points de contrôle de l'interpolation sont exclus (on les retrouvera forcément par interpolation).

Les résultats obtenus présentent une erreur moyenne de 0.87 pixels mais encore une erreur moyenne maximale de 1.69 pixels. On remarque aussi un maximum global de 2.11 pixels.

8.3.2 Non-linéarité des paramètres d'interpolation

En observant la trajectoire des nœuds de la grille à travers les images, on remarque cependant qu'elle ne semble pas être régulière. La figure 8.1 représente le même phénomène en projetant la trajectoire d'un nœud sur une ligne.

Ce phénomène traduit le fait que le paramètre d'interpolation (u,v) n'est pas linéaire par rapport aux variables (P,C) que l'on s'est fixées. En effet, l'interpolation biquadratique nous donne dans notre cas les relations suivantes :

$$u = \frac{P + P_0}{2P_0} = \frac{1}{2} \frac{P}{P_0} + \frac{1}{2} \quad \text{et} \quad v = \frac{C + C_0}{2C_0} = \frac{1}{2} \frac{C}{C_0} + \frac{1}{2} \quad (8.5)$$

On peut également représenter le phénomène précédent de la manière indiquée sur la figure 8.2.

L'idée qui nous vient donc est d'essayer de trouver une fonction qui nous donne le paramètre d'interpolation u (ou v) en fonction de l'angle P (ou C). Les critères que cette fonction f devra respecter ont été choisis comme suit (ce choix n'étant bien sûr justifié que de manière empirique en nous basant sur notre interprétation exprimée dans la figure 8.2) :

- f impaire ;

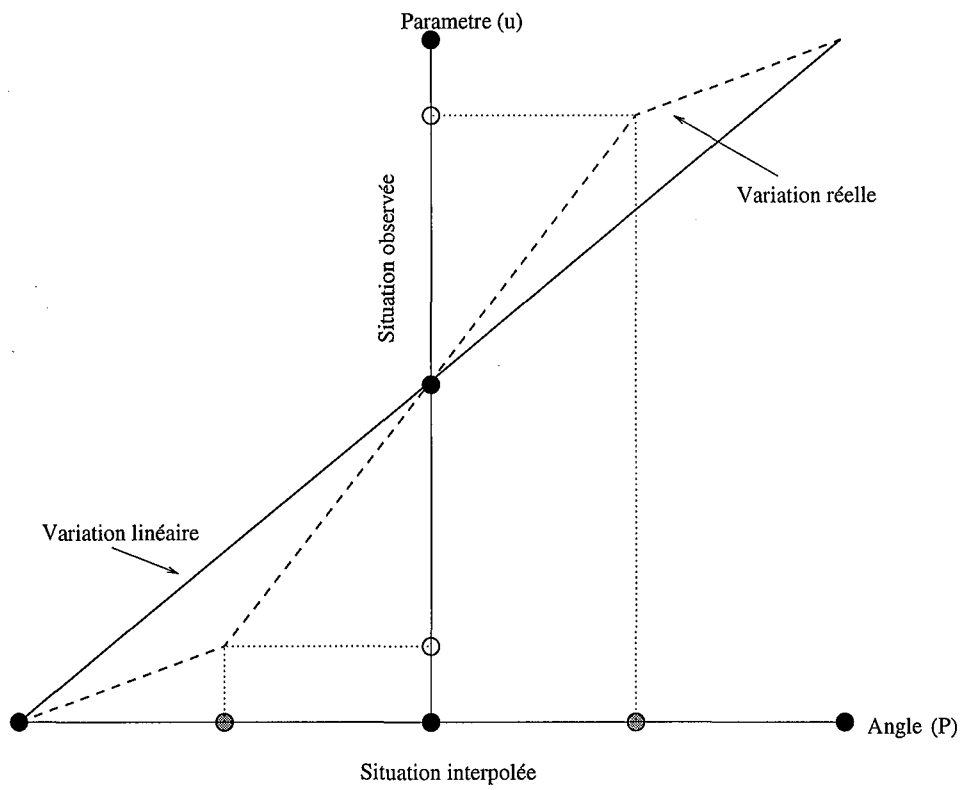


FIG. 8.2 – Évolution du paramètre d'interpolation en fonction de l'angle

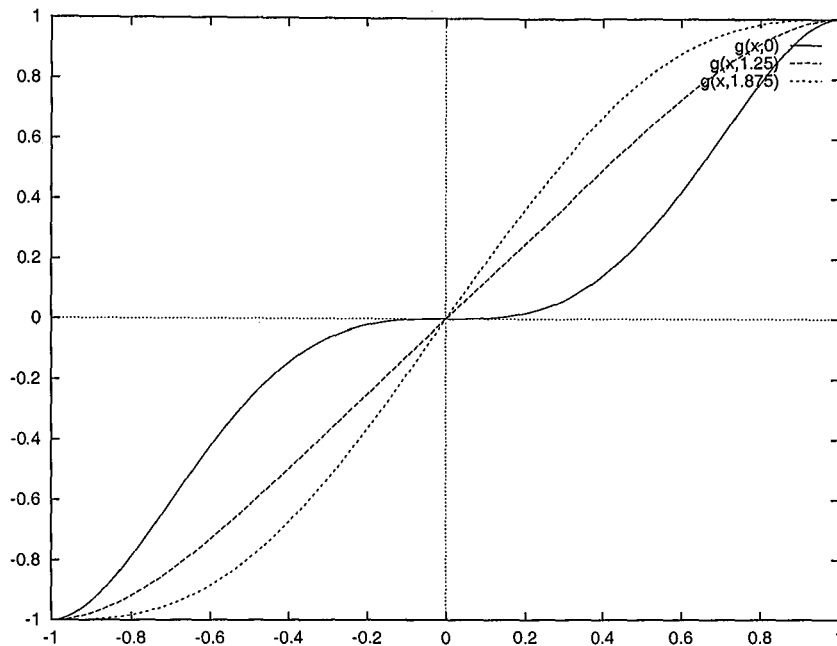


FIG. 8.3 - Variation polynômiale du paramètre

- $f(1) = 1$;
- $f'(1) = 0$;
- f croissante.

En pratique, la fonction à appliquer s'obtiendra par changement de variable en fonction de P_0 (C_0).

8.3.3 Fonction polynômiale

Le premier réflexe est d'essayer de trouver une fonction polynômiale. Les critères précédents imposent un degré minimal de 5. On trouve la fonction générique suivante:

$$f(x,A) = \left(A - \frac{3}{2}\right)x^5 + \left(\frac{5}{2} - 2A\right)x^3 + Ax \quad (8.6)$$

avec $A \in [0, 15/8]$ pour que f soit croissante. La pente maximale à l'origine est obtenue pour $A = 15/8$. (cf Figure 8.3)

Les résultats sont les suivants pour différentes valeurs de A et en champ de 16, qui est le plus sensible a priori (effet de zoom):

A	0	1	1.2	1.25	1.3	1.35	1.4	1.5	1.875=15/8
\mathcal{E}	2.56	1.01	0.85	0.82	0.81	0.81	0.82	0.87	1.37
\mathcal{E}_{\max}	5.34	2.43	1.91	1.96	2.02	2.11	2.21	2.45	3.70
\mathcal{E}_{\max}	3.99	1.69	1.38	1.41	1.45	1.50	1.60	1.83	2.97

On remarque que le minimum pour l'erreur moyenne et l'erreur maximale ne se situe pas au même endroit. Mais on peut atteindre 0.82 pixels d'erreur moyenne avec 1.95 pixels d'erreur maximale. Nous garderons la valeur $A = 1.25$. On obtient pour le champ de 22 une erreur moyenne de 0.74 pixels et maximale de 1.65; et pour le champ de 30 une erreur moyenne de 0.62 et maximale de 1.42 pixels.

8.3.4 Fonction sinusoïdale

Une autre idée de fonction est une sinusoïde. Les mêmes critères sont remplis par la fonction :

$$g_0(x) = \sin\left(\frac{\pi}{2}x\right). \quad (8.7)$$

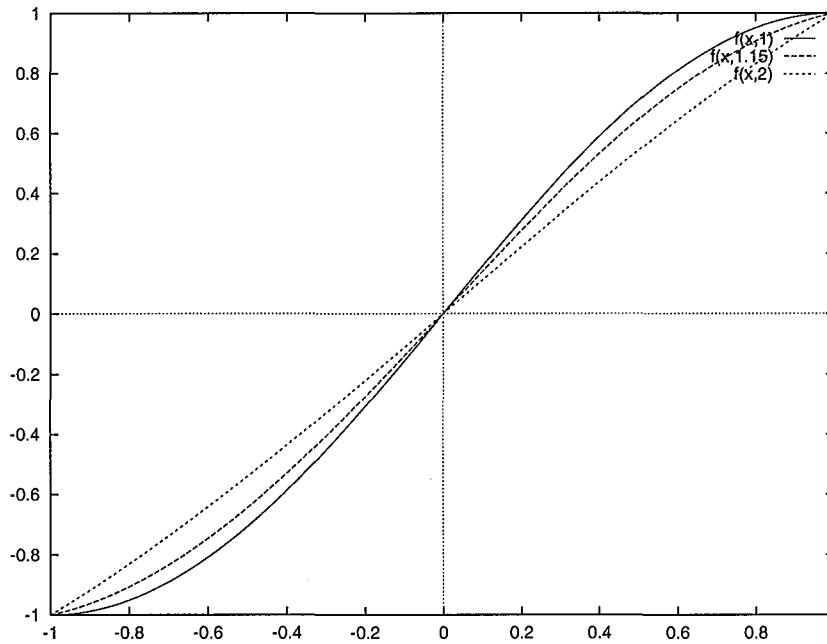


FIG. 8.4 – Variation sinusoidale du paramètre

En généralisant, on trouve une autre famille de fonctions:

$$g(x,A) = \frac{\sin\left(\frac{\pi x}{2A}\right)}{\sin\left(\frac{\pi}{2A}\right)} \quad (8.8)$$

On perd ici le critère des dérivées nulles en 1 et -1.

$A = 1$ donne la fonction g_0 . La fonction g est représentée sur la figure 8.4 pour trois valeurs de A : il semble qu'à partir de $A = 2$, la fonction se rapproche beaucoup de l'identité.

De même que précédemment, on fait varier le paramètre A en champ de 16 et on obtient les résultats suivants:

A	1	1.1	1.15	1.2	1.25	1.3	1.5	2
\mathcal{E}	0.93	0.81	0.80	0.80	0.81	0.83	0.92	1.06
\mathcal{E}_{\max}	2.64	2.13	1.99	2.03	2.06	2.10	2.30	2.67
\mathcal{E}_{\max}	2.01	1.52	1.43	1.39	1.37	1.35	1.43	1.84

Ici, une même valeur minimise l'erreur moyenne et maximale: $A = 1.15$. C'est la valeur que nous prendrons par la suite. En champ de 22, on trouve pour cette valeur une erreur moyenne de 0.72 et maximale de 1.68 pixels; en champ de 30, on a une erreur moyenne de 0.61 et maximale de 1.57 pixels.

8.3.5 Comparaison des fonctions

Les deux fonctions mènent à des résultats équivalents. On peut enfin comparer le maximum d'erreur moyenne par image. Les résultats sont les suivants (le chiffre entre parenthèse représente le nombre d'images dont l'erreur moyenne est sous 1 pixel. On rappelle que le nombre total d'images est 26):

FOV	16	22	30
Polynôme	1.41 (8)	1.25 (4)	1.05 (2)
Sinusoïde	1.43 (7)	1.27 (5)	1.10 (2)

Encore une fois des résultats très similaires.

Nous pouvons enfin comparer les deux fonctions optimales sur la figure 8.5.

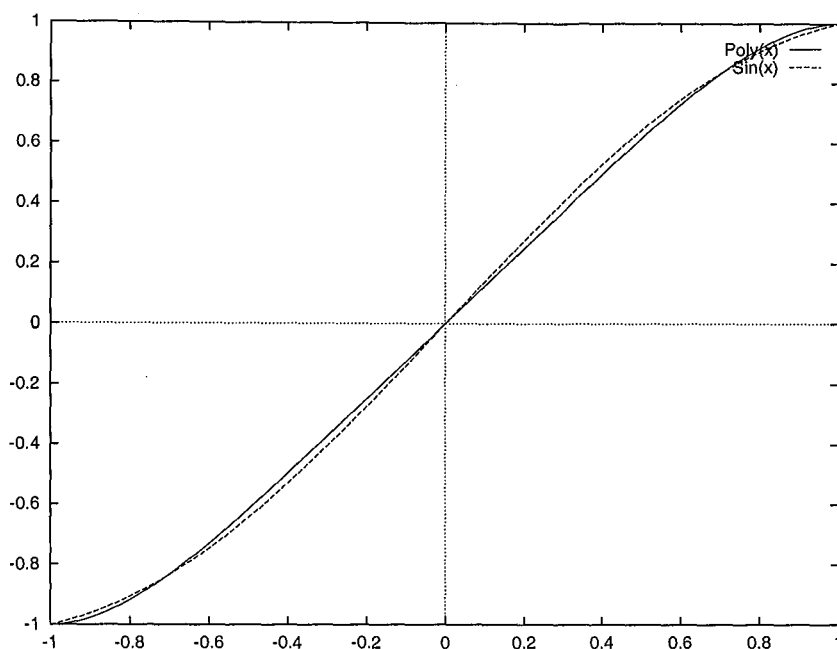


FIG. 8.5 – Comparaison des deux fonctions optimales

8.4 Stabilité des résultats dans le temps

La première stabilité à vérifier est celle des coefficients A trouvés. Nous avons donc refait la même série de mesure quatre jours plus tard après utilisation normale de la salle pendant la semaine. L'erreur est obtenue en comparant les images de test de la deuxième série avec les images interpolées en utilisant les images de contrôle de la deuxième série et les paramètres A optimaux trouvés pour la première série. Voici les résultats obtenus pour les deux fonctions trouvées dans la section précédente (on indique l'erreur moyenne avec l'erreur maximale entre parenthèses) :

	FOV (cm)		
fonction	32	22	16
Polynôme	0.61 (1.42)	0.75 (1.77)	0.84 (1.99)
Sinusoïde	0.59 (1.55)	0.73 (1.80)	0.82 (2.03)

Il semble donc que la stabilité des paramètres soit conservée. Il conviendra bien évidemment de mettre au point une procédure d'estimation automatique de ce paramètre. Nous verrons dans le chapitre 10 comment nous l'avons mise en œuvre.

La deuxième chose à vérifier est la stabilité de l'interpolation. Peut-on en effet retrouver les distorsions observées dans la deuxième série d'observations à partir de la première? Cette fois, l'erreur est calculée en comparant les images de test de la deuxième série avec les images interpolées en utilisant les images de contrôle de la première série et les paramètres A optimaux trouvés pour la première série (mais nous venons de montrer qu'ils étaient aussi valables pour la deuxième série). Les résultats obtenus sont les suivants :

	FOV (cm)		
Fonction	32	22	16
Polynôme	0.76 (2.76)	0.85 (3.24)	0.89 (3.33)
Sinusoïde	0.75 (2.63)	0.83 (3.11)	0.87 (3.19)

Ces résultats sont acceptables : l'erreur moyenne est inférieure au pixel et l'erreur maximale reste bien inférieure à la contrainte du millimètre pour les champs de 22 et surtout 16 cm) ; mais peut-être pourrait-on

faire mieux. La dernière série de manipulations que nous avons effectuées ouvre la porte à une amélioration possible. Nous en exposons le principe et les résultats dans la section suivante.

8.5 Interpolation des distorsions ramenées à une origine fixe

8.5.1 Principe

Une idée pour faire mieux est de se ramener à une sorte d'origine pour les distorsions. On peut imaginer que le champ magnétique terrestre varie en force mais peu en direction, du moins localement. Le fait de se ramener à une origine pour les distorsions permettrait de n'interpoler que l'évolution des distorsions d'une position à une autre, et non plus le champ de distorsions lui-même, ce qui pourrait être plus stable dans le temps.

Cette intuition peut se formaliser en formulant l'hypothèse que le champ de distorsions est séparable en un champ de distorsions caractéristique du champ magnétique local et un champ de distorsions caractéristique de l'incidence de l'arceau. Tout champ de distorsions peut se formaliser sous la forme d'une fonction inversible du plan image dans lui-même. Si $\mathcal{D}(x,y)$ est le champ de distorsions global pour une incidence de l'arceau et un champ électromagnétique local donnés, on suppose donc qu'il existe un champ de distorsions $\mathcal{D}_0(x,y)$ et un champ de distorsions $\mathcal{D}_{L,P,C}(x,y)$ tels que :

$$\forall(x,y) \text{ dans l'image, } \quad \mathcal{D}(x,y) = \mathcal{D}_0 \circ \mathcal{D}_{L,P,C}(x,y) \quad (8.9)$$

Le champ de distorsions \mathcal{D}_0 ne variera que si le champ magnétique local change et le champ de distorsions $\mathcal{D}_{L,P,C}$ ne varie que si l'incidence de l'arceau est modifiée.

8.5.2 Expérimentations

Se ramener à une origine fixe, signifie en pratique que nous allons corriger chaque série d'images de la distorsion observée dans la position la plus moyenne de notre espace de variables P et C qui est la position $(0,0)$: c'est le champ de distorsions \mathcal{D}_0 . Corriger de la distorsion \mathcal{D}_0 signifie appliquer l'inverse de ce champ \mathcal{D}_0^{-1} à toutes les images. Nous obtenons ainsi un champ $\mathcal{D}_{L,P,C}$ que l'on peut qualifier de différentiel dans les images de contrôle. Nous avons cherché à savoir si ce champ différentiel $\mathcal{D}_{L,P,C}$ était plus stable que le champ de distorsions brut \mathcal{D} .

La manipulation est simple: nous corrigeons toutes nos images de la distorsion observée en $(0,0)$ puis faisons les mêmes mesures que précédemment sur ces nouvelles images de distorsion. Les valeurs de A prises sont les mêmes que pour l'étude précédente. Nous avons résumé dans les tableaux 8.2, 8.3 et 8.4 l'ensemble des expériences réalisées. L'expérience initiale avec correction basée sur des images du même jour est nommée E_0 (images de contrôle prises dans les images de E_0). La même expérience réalisée quatre jours plus tard est nommée E_4 (images de contrôle prises parmi les images de E_4). L'interpolation des images de E_4 à partir des images de contrôle de E_0 est nommée E_{diff} et enfin, toutes ces expériences quand elles ont été interpolées en corrigeant des distorsions observées à la position $(0,0)$ (prises dans E_0 pour E_0 et dans E_4 pour E_4) sont affublées du suffixe "cor".

8.5.3 Conclusion

La première conclusion est une nouvelle vérification de la stabilité du paramètre A dans le temps pour les deux types de fonctions (comparer les colonnes 1 et 2 de chaque tableau : les résultats sont similaires).

La deuxième conclusion est que l'interpolation du champ de distorsions différentiel donne des résultats aussi bons que l'interpolation du champ brut (voir les résultats similaires dans les colonnes 1 et 3 et les colonnes 2 et 4).

Enfin, la dernière conclusion s'établit en comparant les deux dernières colonnes de chaque tableau (colonnes 5 et 6) avec la première colonne : la différence entre les colonnes 1 et 5 exprime la dégradation de la qualité de l'interpolation du champ de distorsions brut : même si l'erreur moyenne est toujours acceptable, l'erreur maximale est presque doublée. En revanche, la similarité entre les colonnes 1 et 6 montre la stabilité temporelle de l'interpolation du champ différentiel.

Expérience	E_0	E_4	E_0 cor	E_4 cor	E_{diff}	E_{diff} cor
\mathcal{E}	0.82	0.84	0.81	0.83	0.89	0.75
\mathcal{E}_{max}	1.96	1.99	1.89	1.96	3.33	2.24
\mathcal{E}_{max}	1.41	1.41	1.39	1.37	1.68	1.50

(a) Fonction Polynômiale pour $A = 1.25$

Expérience	E_0	E_4	E_0 cor	E_4 cor	E_{diff}	E_{diff} cor
\mathcal{E}	0.80	0.82	0.78	0.80	0.87	0.73
\mathcal{E}_{max}	1.99	2.03	1.92	1.99	3.19	2.27
\mathcal{E}_{max}	1.43	1.44	1.41	1.40	1.69	1.53

(b) Fonction Sinusoïdale pour $A = 1.15$

TAB. 8.2 – Évaluation de l'interpolation du champ différentiel pour le champ de 16 cm

Expérience	E_0	E_4	E_0 cor	E_4 cor	E_{diff}	E_{diff} cor
\mathcal{E}	0.74	0.75	0.71	0.72	0.85	0.68
\mathcal{E}_{max}	1.65	1.77	1.61	1.73	3.24	1.95
\mathcal{E}_{max}	1.25	1.25	1.19	1.18	1.59	1.29

(a) Fonction Polynômiale pour $A = 1.25$

Expérience	E_0	E_4	E_0 cor	E_4 cor	E_{diff}	E_{diff} cor
\mathcal{E}	0.72	0.73	0.69	0.72	0.83	0.67
\mathcal{E}_{max}	1.68	1.79	1.63	1.75	3.11	1.93
\mathcal{E}_{max}	1.27	1.27	1.21	1.20	1.57	1.31

(b) Fonction Sinusoïdale pour $A = 1.15$

TAB. 8.3 – Évaluation de l'interpolation du champ différentiel pour le champ de 22 cm

Expérience	E_0	E_4	E_0 cor	E_4 cor	E_{diff}	E_{diff} cor
\mathcal{E}	0.62	0.61	0.61	0.59	0.76	0.59
\mathcal{E}_{max}	1.42	1.42	1.47	1.46	2.76	1.88
\mathcal{E}_{max}	1.05	0.98	1.02	0.96	1.41	1.08

(a) Fonction Polynômiale pour $A = 1.25$

Expérience	E_0	E_4	E_0 cor	E_4 cor	E_{diff}	E_{diff} cor
\mathcal{E}	0.61	0.59	0.59	0.58	0.75	0.59
\mathcal{E}_{max}	1.57	1.55	1.52	1.48	2.63	1.88
\mathcal{E}_{max}	1.10	1.07	1.07	1.04	1.45	1.10

(b) Fonction Sinusoïdale pour $A = 1.15$

TAB. 8.4 – Évaluation de l'interpolation du champ différentiel pour le champ de 30 cm

D'un point de vue protocole de calibration, l'interpolation du champ brut demanderait que 9 images de grille soient prises dans chaque FOV toutes les semaines. La stabilité de l'interpolation différentielle laisse présager que l'acquisition de 9 images pourrait ne s'effectuer que tous les mois, une seule image (celle servant d'origine) devant être prise toutes les semaines. Il s'ensuit un allègement potentiel considérable de la calibration. Nous en reparlerons d'un point de vue pratique dans le chapitre 10.

8.6 Conclusion de l'étude

La première chose à conclure est que l'interpolation quadratique est suffisante modulo une évolution non affine des paramètres u et v de l'interpolation. Nous en avons déduit deux fonctions définissant deux types d'interpolation quadratique: polynômiale et sinusoïdale.

Les tableaux précédents montrent clairement d'une part que l'interpolation polynômiale et sinusoïdale sont équivalentes. Ils montrent d'autre part que les coefficients A trouvés semblent être bien stables dans le temps.

On remarque que le fait de corriger ou non de la distorsion observée à l'origine ne change pas la qualité de l'interpolation de manière concluante si on interpole le même jour. En revanche, le fait de corriger de la distorsion à l'origine permet de stabiliser les résultats dans le temps.

Nous avons donc deux fonctions à performance équivalente que nous pourrions utiliser. L'avantage de la fonction polynômiale est sa continuité plus forte que la fonction sinusoïdale (dont la dérivée n'est pas continue sur l'espace entier des positions, notamment en cas d'extrapolation). L'avantage de la fonction sinusoïdale est qu'elle est légèrement meilleure en moyenne alors qu'elle ne l'est pas en maximum. Ceci semble indiquer qu'elle apporterait une meilleure correction au centre de l'image (le maximum d'erreur devant se trouver a priori sur le bord de l'image).

Pour un FOV, une calibration de la salle d'angiographie consistant à acquérir des images de grille dans 9 positions prédéfinies de l'arceau permet donc de retrouver par interpolation le champ de distorsions pour toute incidence de l'arceau avec une précision inférieure en moyenne à un pixel. Même si le FOV de 11 cm ne fut pas considéré dans cette étude, il va de soi que cette procédure s'applique également à ce cas.

Il est enfin à noter que les valeurs de A trouvées pourraient être améliorées et notamment il faudra écrire une procédure d'estimation automatique de ce paramètre en fonction des données d'une calibration composée de 9 images (voir le chapitre 10). Il pourrait être également intéressant de déterminer un paramètre A pour chaque variable u et v de l'interpolation.

Chapitre 9

La projection conique

Le chapitre précédent a montré comment les distorsions pouvaient être estimées avec précision pour toute incidence de l'arceau et pour tout FOV. L'autre partie de la fonction de projection est la projection conique. Nous allons voir dans ce chapitre comment nous pouvons la retrouver à partir des données capteurs et avec quelle précision.

9.1 Paramètres de la géométrie conique

Nous considérerons dans ce chapitre que toute image d'hélice sera corrigée des distorsions. Bien entendu nous ne sommes pas dans ce cas limité par la présence d'un patient ou l'urgence d'un examen. La correction des distorsions des images d'hélice est donc toujours effectuée au moyen de la grille et non en appliquant le processus d'interpolation décrit dans le chapitre précédent.

9.1.1 Modélisation et repères

Une projection permet de passer d'un espace à trois dimensions vers un espace à deux dimensions. Dans l'hypothèse de géométrie conique, autrement désignée comme le modèle sténopé en vision par ordinateur, il s'agit d'une fonction homographique. Il est donc naturel de l'exprimer sous forme matricielle en étendant les espaces aux coordonnées homogènes. La matrice décrivant la projection est une matrice 3×4 connue à une constante multiplicative près [Tos87] (voir la section 5.1.4).

La projection conique peut donc se résumer à 11 paramètres. La connaissance des positions des billes portées sur l'hélice dans un repère dit *repère hélice* et leur détection dans l'image permet d'estimer ces 11 paramètres (voir à nouveau la section 5.1.4 pour plus de détails). On distingue en général les paramètres intrinsèques qui sont au nombre de 5 et les paramètres extrinsèques (6). La frontière entre ces deux types de paramètres se dessine en définissant le repère propre de la caméra : \mathcal{R}_c . Les axes de ce repère sont : les deux axes du plan image (\vec{u}, \vec{v}) auxquels s'ajoutent la normale \vec{w} à ce plan telle que la base $(\vec{u}, \vec{v}, \vec{w})$ soit orthonormée. L'origine est déposée au point focal de la caméra.

9.1.2 Paramètres intrinsèques

Dans le repère \mathcal{R}_c , la projection peut s'exprimer de manière canonique au moyen des 5 paramètres intrinsèques :

- α_u et α_v : distance focale en pixels horizontaux et verticaux respectivement²².
- u_0 et v_0 : coordonnées dans l'image (donc en pixels) de la projection orthogonale de l'origine du repère sur le plan image.

²². Ces paramètres sont plus classiquement connus comme les inverses des tailles pixel normalisées par rapport à la distance focale (tailles du pixel rectangle si la distance focale était unitaire).

- c : paramètre de non-orthogonalité des axes de l'image. Si $c = 0$, les axes sont orthogonaux. Dans le cas contraire, les axes du repère caméra ne sont pas exactement parallèle à ceux du plan image mais en sont proches.

Elle prend alors la forme suivante :

$$\text{projection : } \mathcal{R}_c \longrightarrow \text{Image} \equiv \begin{bmatrix} \alpha_u & -c\alpha_u\alpha_v & u_0 - c\alpha_v v_0 & 0 \\ 0 & \alpha_v & v_0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} \quad (9.1)$$

Des hypothèses simplificatrices permettent en général de limiter le nombre de ces paramètres. Les modèles classiquement utilisés prennent en compte au plus 4 paramètres (les axes du repère image sont supposés comme orthogonaux, ce qui implique que c est souvent considéré comme nul).

9.1.3 Paramètres extrinsèques

Les 6 paramètres extrinsèques décrivent le changement de repère entre le repère objet (ici le repère hélice que nous noterons \mathcal{R}_h) et le repère propre de la caméra \mathcal{R}_c . Il s'exprime sous la forme d'un déplacement rigide avec 3 paramètres de rotation et 3 paramètres de translation.

9.1.4 Estimation de la matrice de projection

Pour l'estimation des paramètres de la matrice de projection à partir des positions détectées des billes dans l'image, nous avons utilisé une procédure de minimisation itérative (Powell) de l'erreur de reprojection (voir la formule (5.13)). En fonction des hypothèses faites sur la projection conique, nous pouvons avoir :

- une minimisation à 11 paramètres : tous les paramètres sont considérés ;
- une minimisation à 9 paramètres : $c = 0$ et $\alpha_u = \alpha_v$;
- une minimisation à 7 paramètres : $c = 0$, u_0 et v_0 fixés et $\alpha_u = \alpha_v$;
- une minimisation à 6 paramètres : comme une minimisation à 7 paramètres, la valeur de α_u étant de surcroît donnée.

9.2 Données capteurs

9.2.1 Capteurs d'état

De même que pour l'étude sur la distorsion, nous ne considérerons pas les capteurs d'état : nous supposons que les effets de leurs variations sont parfaitement connus. Nous travaillerons donc à nouveau avec des images 512×512 par souci de compatibilité avec les images 3DXA (dont c'est également la dimension), la rotation caméra ne sera pas activée de même qu'aucune inversion caméra ne sera appliquée.

Concernant le FOV, nous avons déjà vu que la correction des distorsions prenait en compte ce problème. Prenons deux images de grilles prises pour deux FOV différents. Corrigeons-les des distorsions : chaque image est identique au modèle idéal de grille pour chaque FOV considéré. Passer d'une image corrigée à une autre équivaut donc à passer d'un modèle de grille à un autre. Ceci se fait donc par une simple homothétie par rapport au centre de l'image (la position du nœud central est connue dans les deux images corrigées). La facteur d'agrandissement de cette homothétie est le rapport des tailles des côtés des cases (en pixels) dont sont formés les modèles idéaux de grille. Ces tailles étant parfaitement connues, la transformation permettant de changer de FOV, après correction des distorsions, est également parfaitement connue.

En conséquence, et comme c'est d'ailleurs fait pour la calibration de la machine pour le 3DXA, nous pouvons ne travailler qu'avec des images d'hélice acquises en FOV de 30 cm.

9.2.2 Capteurs de position

Tous les paramètres de position seront considérés exceptée la SOD : nous avons effectué ces études en nous basant sur une version prototype de la machine d'angiographie qui ne possédait qu'un seul plan, le plan frontal sur lequel la SOD est fixe.

Nous connaissons en temps réel la valeur de ces données de position. La précision annoncée des capteurs est la suivante :

- pour la SID, la donnée est en millimètres et est connue à ± 1 mm ;
- pour chaque angle (L , P et C), la donnée est en degrés et est connue à ± 0.1 degré. La spécification constructeur sur chaque capteur d'angle est cependant de 0.5 degrés ;
- pour chaque position de table (Lt , Lg et Ht), la donnée est en millimètres et est connue à ± 1 mm près. Cependant, seul le mouvement selon Lg est donné par un encodeur et est donc vraiment fiable.

Il est enfin intéressant de noter que la SID ne concerne que la chaîne image, c'est-à-dire notre caméra : nous pouvons donc dire que la SID est une donnée capteur *intrinsèque*. D'autre part, les angles et positions de la table vont plutôt contrôler la position relative de la chaîne image (caméra) et du patient (objet) : ce sont donc des données capteurs *extrinsèques*.

9.3 Lien entre paramètres de la géométrie conique et données capteurs

9.3.1 Paramètres intrinsèques

Nous pouvons faire certaines hypothèses ou remarques simplificatrices sur les paramètres intrinsèques. Nous venons de voir que la correction des distorsions transformait l'image de telle façon qu'une image de grille corrigée est semblable à un modèle dont les caractéristiques sont parfaitement connues. Ainsi, après correction des distorsions, l'écartement entre deux montants (c'est-à-dire la taille du côté d'une case) est connu à la fois en pixels mais également en millimètres (par le modèle CAO du fantôme de grille). La taille pixel s_p est ainsi connue. De plus, l'écartement vertical est égal à l'écartement horizontal, à la fois dans le modèle idéal et pour le fantôme physique : chaque pixel de l'image est donc carré, ce qui se traduit par $\alpha_u = \alpha_v$. Nous noterons désormais α cette valeur commune. En outre, chaque montant vertical est orthogonal à chaque montant horizontal à la fois dans le modèle idéal de grille et dans le fantôme physique : les axes du repère image sont donc orthogonaux, ce qui implique que $c = 0$. Enfin, il est connu que les valeurs de u_0 et v_0 influent peu sur la reprojection. Or, c'est l'erreur de reprojection que nous cherchons à minimiser. Nous avons donc fixé $u_0 = v_0 = 256$ (milieu de l'image), les valeurs réelles s'écartant en pratique peu de cette position. α est donc le seul paramètre intrinsèque à rester en lice. Plus précisément, si f est la distance focale du système, nous savons que : $\alpha = f/s_p$. La taille pixel s_p étant connue, seule la distance focale f reste à déterminer.

D'un autre côté, nous avons vu que seule la SID variait dans nos expériences. Les capteurs d'état délaissés n'ont de plus aucune influence sur la distance focale : la matrice utilisée ainsi que le FOV n'agissent que sur la taille pixel. L'inversion ou la rotation caméra n'agissent que sur l'orientation des axes du repère caméra.

L'estimation des paramètres intrinsèques se ramène donc à celle de la distance focale, qui ne peut dépendre que de la SID. Sa relation avec la distance focale est immédiate : la distance focale est la distance entre le plan image (plan de la grille) et le point focal (foyer du tube RX) alors que la SID est la distance entre la surface de l'II (située à une distance fixe de la grille) et celle du capot du tube RX (également situé à une distance fixe du foyer du tube). Les deux paramètres sont donnés dans la même unité. Nous avons au final la relation simple :

$$f = SID + a \quad (9.2)$$

Le paramètre a ne va pas dépendre de l'état de la machine : il exprime la somme de la distance II-grille et de la distance capot-tube RX. C'est une constante qui devra être calibrée.

9.3.2 Paramètres extrinsèques

Notes préliminaires

Un déplacement rigide est composé d'une rotation \mathbf{R} (matrice 3×3 unitaire) et d'une translation T (vecteur à 3 composantes). Si D est un déplacement, nous pouvons donc l'exprimer en coordonnées homogènes sous forme matricielle (matrice 3×4):

$$D = \left[\begin{array}{c|c} \mathbf{R} & T \end{array} \right] \quad (9.3)$$

Nous exprimerons la composition de deux déplacements $D_1 = [\mathbf{R}_1|T_1]$ et $D_2 = [\mathbf{R}_2|T_2]$ de manière formelle par une multiplication :

$$D_1 D_2 = \left[\begin{array}{c|c} \mathbf{R}_1 \mathbf{R}_2 & \mathbf{R}_1 T_2 + T_1 \end{array} \right] \quad (9.4)$$

L'usage d'un signe de multiplication est justifié par l'équivalence avec la multiplication des matrices dans l'espace homogène 4D sous-jacent.

En conséquence nous pouvons exprimer à l'aide une puissance -1 l'inverse d'un déplacement $D = [\mathbf{R}|T]$:

$$D^{-1} = \left[\begin{array}{c|c} \mathbf{R}^{-1} & -\mathbf{R}^{-1}T \end{array} \right] \quad (9.5)$$

en se rappelant que la matrice \mathbf{R} est unitaire, son inverse égale sa transposée : $\mathbf{R}^{-1} = \mathbf{R}^t$.

Liens entre les paramètres extrinsèques et les capteurs de position

Les paramètres extrinsèques de la projection conique consistent en un changement de repère entre \mathcal{R}_h et \mathcal{R}_c . Si nous cherchons à comparer la matrice de projection M_1 obtenue pour une configuration 1 de la machine et la matrice de projection M_2 obtenue pour une configuration 2, grâce à l'hélice, et si ces configurations ne diffèrent que par les paramètres extrinsèques de la machine (seuls l'arceau et la table ont bougé entre les deux positions), alors la différence se situe seulement au niveau des paramètres extrinsèques des matrices. Nous considérons les décompositions suivantes, à une constante multiplicative près (la normalisation est faite par la méthode de Toscani [Tos87]) :

$$M_1 = \mathcal{I}_1 \mathcal{E}_1 \quad \text{et} \quad M_2 = \mathcal{I}_2 \mathcal{E}_2 \quad (9.6)$$

où \mathcal{I} représente les intrinsèques et \mathcal{E} les extrinsèques. La matrice \mathcal{E} est une matrice 3×4 , résultat de l'intégration de la matrice des extrinsèques (E) et de la projection centrale (P) (voir la formule (5.6) donnée dans la section 5.1.4). Nous avons donc $\mathcal{I}_1 = \mathcal{I}_2$. La matrice :

$$D = \mathcal{E}_1^{-1} \mathcal{E}_2 \quad (9.7)$$

est un déplacement rigide (composition de deux déplacements rigides) de \mathcal{R}_h dans lui-même. En faisant cette combinaison, nous supposons que \mathcal{R}_c reste fixe (espace image de \mathcal{E}_2 et de définition de \mathcal{E}_1^{-1}) alors que l'objet bouge dans \mathcal{R}_h .

Allons dans la position de face. Bougeons le P de 10 degrés vers la gauche du patient. L'image obtenue est la même que celle que l'on aurait prise si le patient avait tourné la tête de 10 degrés vers la droite, sans que l'arceau ne bouge. Nous voyons donc que pour chaque mouvement de l'arceau et/ou de la table, il existe un *mouvement patient équivalent*. Ce mouvement est un déplacement rigide qui est exprimé par la matrice D .

Les paramètres extrinsèques de la machine vont porter leur influence sur cette matrice D de la manière suivante : ce sera la composition de l'inverse des rotations de l'arceau (le patient n'est pas solidaire de

l'arceau donc son mouvement équivalent est opposé à celui de l'arceau) et des translations de la table (le patient est solidaire de la table donc bouger la table revient à effectivement bouger le patient dans \mathcal{R}_h) :

$$D = (R_L R_P R_C)^{-1} T_{Ht} T_{Lg} T_{Lt} \quad (9.8)$$

avec

- R_L, R_P et R_C les rotations de l'arceau suivant le L, P et C respectivement ;
- T_{Ht}, T_{Lg} et T_{Lt} les translations de la table en hauteur, longitudinal et latéral respectivement.

Définissons une position de référence et estimons-en, à l'aide de l'hélice, la matrice de projection (*i.e.* les paramètres intrinsèques \mathcal{I}_0 et extrinsèques \mathcal{E}_0). Nous pouvons retrouver les paramètres extrinsèques \mathcal{E} de n'importe quelle autre position en composant les extrinsèques de référence avec la matrice D correspondant au différentiel entre la position de référence et cette nouvelle position :

$$\mathcal{E} = \mathcal{E}_0 D \quad (9.9)$$

Cette matrice D peut être formée à condition que les paramètres des diverses rotations et translations soient connus ; à savoir pour les rotations : axe (vecteur unitaire et point fixe) et valeur d'angle donnée par capteur ; et pour les translations : vecteur unitaire et portée du mouvement donnée par capteur.

9.3.3 Signification du lien

Au début de ce chapitre, nous avons supposé que les données capteur offraient une description complète de la configuration de la machine. Nous venons de voir que cela supposait une modélisation sous-jacente de la machine : la SID comme distance focale d'une caméra, les mouvements de l'arceau comme des rotations et les mouvements de la table comme des translations.

Cette modélisation est caractéristique de la machine : les paramètres (a , axe des rotations et directions des translations) sont donc fixes et peuvent être calibrés. La notion de configuration est alors entièrement contenue dans la variabilité des données capteurs.

Mais cette modélisation est également théorique : en pratique, nous observerons une certaine divergence par rapport au modèle. Nous allons donc voir dans un premier temps comment ces paramètres caractéristiques peuvent être calibrés, puis nous validerons notre modèle en établissant la précision de cette calibration (ce faisant, nous verrons qu'il devra être légèrement modifié car certains phénomènes résiduels pourront être modélisés).

9.4 Calibration

Nous rappelons que ces calibrations doivent être les plus "légères" possibles, c'est-à-dire simples et réalisables en un temps raisonnable, étant donné qu'elle devront certainement être effectuées régulièrement dans un contexte hospitalier.

9.4.1 Calibration des paramètres intrinsèques

Principe

Nous avons vu dans la section 9.3.1 que nous pouvions ne considérer qu'un seul paramètre intrinsèque caractéristique : a . L'idée de base qui va nous permettre de calibrer ce paramètre est très simple : prendre un certain nombre d'images d'hélice pour des valeurs de SID différentes, en déduire la matrice de projection dont on extrait la focale connaissant la taille pixel. La valeur pour a est la moyenne des écarts trouvés entre la focale estimée et la SID lue (estimation aux moindres carrés).

L'estimation de la matrice de projection se fait en imposant $c = 0$, $u_0 = v_0 = 256$ (au milieu de l'image) et $\alpha_u = \alpha_v = \alpha$. Nous utilisons donc une minisation à 7 paramètres : les 6 paramètres extrinsèques et α . Des manipulations effectuées en interne chez GE Medical Systems, lors de la validation de la calibration de la salle pour le 3DXA, ont montré que l'estimation d' α était peu stable si nous considérons des images isolées. En revanche, elle est bien stabilisée si nous moyennons cette valeur sur un grand nombre d'images.

La méthodologie adoptée est donc d'effectuer un certain nombre N de spins (55 images par spin) avec à chaque fois une valeur différente de la SID. Pour chaque spin, nous estimons les 55 valeurs d' α trouvées et en faisons la moyenne pour obtenir la valeur α_n correspondant à SID_n ($n \in [1..N]$). La valeur finale retenue pour a est alors :

$$a_n = \frac{\alpha_n}{s_p} - SID_n \quad (9.10)$$

où s_p est la taille pixel.

Expérimentation

Nous n'avons étudié que la calibration minimale qui correspond à $N = 3$. Le choix des trois valeurs a été établi en prenant en compte deux considérations : elles devaient être régulièrement espacées et couvrir au mieux l'ensemble des valeurs possibles de SID (entre 935 et 1240 millimètres) ; nous devions cependant prendre attention à garder visibles un nombre de billes suffisant pour que l'estimation de la matrice de projection soit stable. Ainsi, les trois valeurs retenues sont : la valeur maximale 1240 mm, la minimale conservant un nombre raisonnable de billes, 1099 mm, et une troisième valeur intermédiaire, 1192 mm. Nous obtenons les résultats suivants :

SID (en mm)	1099	1192	1240
\bar{a}	-122.96	-122.04	-122.37
σ_a	2.18	7.23	7.55
a_{\min}	-118.48	-105.08	-105.76
a_{\max}	-127.33	-131.91	-132.61
$a_{\max} - a_{\min}$	8.85	26.83	26.85

où \bar{a} est la moyenne des $(a_n)_{n \in [1..N]}$, σ_a l'écart-type de ces valeurs, et a_{\min} et a_{\max} les valeurs minimales et maximales (respectivement) rencontrées.

Nous prendrons comme valeur finale de a : -122.46 (Moyenne des \bar{a}).

Remarques

Une valeur négative pour a , surprenante au premier abord, s'explique fort bien en considérant que le plan image, après correction des distorsions, n'est pas forcément, d'un point de vue localisation physique dans \mathcal{R}_h , le plan de la grille. Il peut très bien être situé en avant de l'entrée de l'II : il suffit pour cela d'attribuer au modèle idéal de grille une taille pixel un peu trop grande. Ce problème a depuis été corrigé pour la version produit de la machine d'angiographie.

Nous avons également vérifié que la valeur de la taille pixel prise a priori (rapport de la taille en pixels sur la taille en millimètres, pour le côté des cases du modèle idéal de grille pour le FOV considéré) était valide. Nous avons utilisé ces données pour estimer conjointement a et la taille pixel (estimation aux moindres carrés en considérant les deux variables a et s_p) : le résultat fut probant, à savoir que les valeurs de a étaient proches des précédentes et que la taille pixel correspondait avec une bonne précision à la taille théorique.

9.4.2 Calibration des paramètres extrinsèques

Principe de base

Nous avons vu que les paramètres extrinsèques s'exprimaient à travers le différentiel entre la position courante et une position de référence. Ce différentiel a été explicité dans la matrice D (cf section 9.3.2). La position de référence que nous avons choisie est définie comme suit :

- SID=1200, FOV=30, résolution 512² ;
- $L = P = C = 0$;
- la table est placée telle que l'hélice se retrouve à l'isocentre.

α est donné par la formule :

$$\alpha = s_p \text{SID} + a, \quad (9.11)$$

a ayant été calibré comme indiqué précédemment. Nous avons à nouveau fixé les valeurs de u_0 et v_0 à 256 et $c = 0$. Connaissant α , nous estimons notre *matrice de référence* M_0 par une minimisation à 6 degrés de liberté. Nous en extrayons les paramètres extrinsèques \mathcal{E}_0 .

Nous appellerons un *mouvement simple*, un mouvement de la machine qui ne modifie qu'une seule donnée capteur. Si nous allons dans une position qui ne diffère de la référence que par un tel mouvement simple, par exemple une rotation autour du P uniquement et nous prenons une image de l'hélice. Nous estimons la matrice de projection (6 degrés de liberté) pour cette position, d'où nous extrayons les extrinsèques \mathcal{E} . Nous pouvons former la matrice différentielle (voir l'équation (9.9)) :

$$D = \mathcal{E}_0^{-1} \mathcal{E} \quad (9.12)$$

D'après l'expression (9.8), nous avons :

$$D = R_P^{-1} \quad (9.13)$$

D est donc une matrice de rotation dont nous pouvons estimer l'axe et l'angle. Nous nous baserons sur le signe de l'angle (ou de l'amplitude de la translation) pour déterminer le sens du vecteur directeur : le signe de l'angle doit être opposé à celui de la donnée capteur correspondante tandis que la translation sera dans le même sens que le mouvement de la table.

Estimation des paramètres moyens

En considérant différentes configurations pour des mouvements simples concernant une seule donnée capteur, nous obtenons un ensemble de matrices D et donc de paramètres caractéristiques pour le mouvement étudié. Nous en tirons des paramètres moyens. D'un point de vue pratique, le souci d'alléger au maximum la calibration de la machine nous a menés à ne considérer que deux valeurs du capteur différentes de la valeur de référence : une de part et d'autre. Nous nous référerons à ces valeurs par les signes + et - en indice.

Pour reprendre notre exemple ci-dessus de la rotation selon le P, nous avons choisi : $P_- = -70$ degrés et $P_+ = 70$ degrés. Nous obtenons alors deux matrices D_- et D_+ en comparant avec la position de référence. Leur décomposition donne deux jeux de paramètres caractéristiques :

$$D_- \rightarrow \{\vec{v}_-, O_-, \varphi_-\} \quad (9.14)$$

$$D_+ \rightarrow \{\vec{v}_+, O_+, \varphi_+\} \quad (9.15)$$

où (O, \vec{v}) est l'axe de la rotation et φ son angle.

Nous utilisons les notations suivantes :

- $\varphi = \varphi_+ = -\varphi_-$;

- C le centre optique pour la position de référence, et C_+ et C_- le centre optique pour les positions P_+ et P_- respectivement.

Si nous nous référons à l'annexe C.1, nous notons :

$$\vec{v} = \sin \varphi (C_- - C_+) \quad (9.16)$$

$$\vec{w} = 2(1 - \cos \varphi) \left(C - \frac{C_+ + C_-}{2} \right) \quad (9.17)$$

et

$$s = 2(1 - \cos \varphi) \quad (9.18)$$

Nous avons alors notre axe moyen (\vec{v}, \vec{O}) tel que :

$$\vec{v} = \frac{\vec{v} \times \vec{w}}{\|\vec{v} \times \vec{w}\|} \quad \text{et} \quad \vec{O} = C - \frac{1}{2s} (\vec{v} \times \vec{v} + \vec{w}) \quad (9.19)$$

Dans le cas de la translation, nous obtenons de même deux vecteurs \vec{v}_+ et \vec{v}_- associés aux distances d_+ et d_- . En se référant à l'annexe C.1, nous obtenons le vecteur de translation moyen :

$$\vec{v} = \frac{d_+^2 \vec{v}_+ + d_-^2 \vec{v}_-}{\|d_+^2 \vec{v}_+ + d_-^2 \vec{v}_-\|} \quad (9.20)$$

Expérimentation

Nous avons utilisé les formules précédentes pour calibrer la machine. L'expérience s'est déroulée comme suit. Nous avons commencé par poser l'hélice à l'isocentre du système, définissant ainsi notre position de référence. Nous en prenons une image et en déduisons notre matrice de projection de référence M_0 .

Nous avons six axes à calibrer (trois rotations et trois translations). Pour chacun de ces axes, nous définissons un ensemble \mathcal{V} de valeurs de la donnée capteur associée. Chaque élément V de cet ensemble définit une position de la machine (la valeur sur les autres axes est celle de la position de référence) à laquelle nous pouvons associer une matrice de projection M_V en prenant une image de l'hélice. Nous choisissons dans \mathcal{V} deux valeurs symétriques par rapport à la position de référence, V_+ et V_- , qui vont nous permettre de calibrer la machine grâce aux formules données ci-dessus. Nous obtenons ainsi les paramètres caractéristiques recherchés : \vec{v} , \vec{O} (ce dernier seulement si le mouvement est une rotation, cas pour P , L et C).

La matrice D de déplacement que nous trouvons pour un mouvement simple n'est jamais une pure rotation ou translation. Nous aurons une partie résiduelle. Dans le cas d'une translation, la partie résiduelle est une rotation dont nous évaluons l'ampleur en calculant l'angle β_r . Dans le cas d'une rotation, nous avons remplacé le mouvement de rotation par un vissage. Nous conservons la même rotation et la translation résiduelle \vec{t}_r est considérée parallèle à l'axe \vec{v} (nous négligeons pour le moment la translation résiduelle perpendiculaire à l'axe de rotation). Nous en mesurons l'ampleur par le paramètre λ qui correspond au produit scalaire de la translation résiduelle avec l'axe de rotation : $\lambda_r = \langle \vec{t}_r | \vec{v} \rangle$.

Enfin, nous avons calibré la machine en utilisant toutes les positions données par \mathcal{V} afin de vérifier que la limitation à deux valeurs de calibration n'introduit pas d'erreur a priori significative.

Mesures d'erreur :

Nous nous sommes servis de l'ensemble \mathcal{V} pour effectuer deux mesures d'erreur. La machine étant calibrée (soit avec les deux valeurs V_+ et V_- , soit avec toutes les valeurs de \mathcal{V}), nous avons synthétisé les matrices de projection correspondant à chaque valeur de \mathcal{V} . Les données capteurs utilisées pour cette synthèse (angle ou amplitude de translation) pour chaque position sont celles déduites de la matrice différentielle de cette position par rapport à la position de référence (angle φ ou distance d) et non les données capteurs lues. Pour chaque valeur de \mathcal{V} , nous pouvons donc comparer la position du centre optique, dans la matrice synthétique et la matrice réelle, ainsi que la direction de l'axe optique dans les deux matrices. Cela nous mène à une erreur de positionnement du centre optique ($\mathcal{E}_{C_{tr}}$), ainsi qu'une erreur angulaire sur l'axe optique ($\mathcal{E}_{A_{oc}}$). Nous donnons pour chacune de ces erreurs la valeur minimale, maximale et moyenne.

Problèmes pratiques :

Il est à noter que la rotation autour du C pose des problèmes de manipulation. En effet, afin de pouvoir détecter et numéroter les billes de l'hélice, il faut que l'axe optique soit orthogonal à l'axe de l'hélice.

En pratique, pour la rotation autour du C, cela se traduit par le fait que l'axe de l'hélice doit coïncider (approximativement) avec l'axe de rotation du mouvement selon le C. Nous devons donc tourner l'hélice de 90 degrés dans le plan horizontal : l'axe de l'hélice va de la gauche à la droite d'un patient virtuel alors que dans le cas ordinaire, il va des pieds vers la tête. La matrice de projection trouvée est donc exprimée dans le repère de l'hélice tournée. Afin de l'exprimer dans le repère de l'hélice non tournée (et ainsi pouvoir créer la matrice différentielle avec la matrice de référence qui, elle, est exprimée dans le repère de l'hélice non tournée), nous nous servons de l'interprétation qui a été faite plus haut de cette matrice différentielle : prenons une image de l'hélice tournée avec la machine en position de référence, estimons-en la matrice de

calibration ; la matrice différentielle avec la matrice de référence indique le mouvement qui a été imprimé à l'hélice (l'hélice prend la place du patient et cette matrice différentielle donne le mouvement équivalent du patient) : c'est la matrice de passage du repère hélice non tournée vers le repère hélice tournée. Cette matrice peut donc être utilisée pour exprimer les paramètres caractéristiques trouvés pour le C avec l'hélice tournée dans le repère hélice non tournée \mathcal{R}_h .

Nous avons utilisé le même artifice pour le mouvement en longitudinal de la table afin de garder un nombre de billes visibles dans l'image optimal pour la détermination de la matrice de projection.

Résultat de la calibration

Le tableau 9.1 résulte de ces manipulations : les valeurs de \mathcal{V} sont données par rapport à la position de référence, l'unité angulaire est le degré et l'unité métrique le dixième de millimètre. Le résidu sera, comme cela a été exposé plus haut, le coefficient de vissage λ_r en dixièmes de millimètre par degré pour une rotation, ou l'angle de la rotation résiduelle β_r en degrés pour une translation. Les vecteurs et points sont exprimés dans \mathcal{R}_h .

9.4.3 Interprétation des résultats

Rotations

Nous trouvons un repère orthonormé direct. Nous avons effectué quelques mesures sur les axes trouvés :

	L ↔ P	L ↔ C	P ↔ C
Angle entre les axes	90.293680	90.133341	89.979422
Distance entre les axes	26.7745	26.2172	20.6568

Les axes sont bien orthogonaux mais ne sont pas concourants : on note une incertitude de 2 mm sur la position de l'isocentre. Ceci est totalement compatible avec la méthode de calibration de cet isocentre qui consiste à placer une bille de métal d'1 mm de diamètre sur la table et faire en sorte qu'elle bouge le moins possible dans l'image lors des rotations de l'arceau. Le point qui minimise la somme des distances aux axes (au carré) est : 38.07, 28.83, - 7016.67. Et peut donc être considéré comme étant l'isocentre (à 2 mm près) exprimé dans le repère caméra de référence.

En ce qui concerne la qualité de la calibration à partir de deux valeurs, nous remarquons qu'elle est très bonne excepté pour le L . En effet, on peut voir que la calibration avec toutes les valeurs mène à une erreur maximale sur la direction de l'axe optique qui est très grande (2.26 degrés), alors que la valeur maximale déterminée à partir de deux valeurs semble satisfaisante. Ceci indique que la calibration du L n'est pas stable : nous pouvons en effet retrouver une erreur angulaire de plus de 2 degrés si on change les valeurs V_+ et V_- (pour ± 60 par exemple). L'axe de mouvement du L est de piètre qualité.

On ne retrouve pas ce phénomène pour l'axe du C . L'axe du P en revanche montre que si l'on change la valeur de V_+ et V_- , on peut atteindre une erreur sur la position du centre optique de 1.5 mm (pour une seule position de \mathcal{V} cependant : $P = 90$), et une erreur sur la direction du centre optique de 0.08 degré (par exemple en prenant ± 60 degrés comme positions de calibration). Il est intéressant de noter que ce phénomène disparaît si on ne prend plus la translation résiduelle en compte à travers notre modèle de vissage mais si on considère la valeur effectivement trouvée dans la matrice différentielle. Enfin, remarquons que le résidu pour le P est le même avec deux valeurs ou toutes les valeurs de \mathcal{V} alors que qu'il est fortement réduit dans le cas du L et du C .

Translation résiduelle

Il nous a semblé intéressant de regarder cette translation résiduelle de plus près. Tout d'abord, si nous prenons en compte cette translation en modélisant un mouvement simple de rotation de l'arceau par un vissage, c'est à dire si nous négligeons la translation résiduelle orthogonale à l'axe de rotation, nous obtenons une amplitude qui évolue comme sur le graphique 9.1.

Afin de nous rendre compte de l'importance de la modélisation du vissage pour les divers axes de rotations, nous pouvons comparer l'erreur sur la position du centre optique (le vissage, étant une translation, ne change pas l'orientation de l'axe optique) pour les matrices synthétisées avec la vraie translation

Paramètre	P	L	C	Lt	Lg	Ht
\mathcal{V}	-90 à 90 tous les 10	-90 à 90 tous les 10	-40 à 40 tous les 10	-300, -200, -100, 100, 200	-360, -210, -110, 100, 190, 350	-920, -620, -320, 280, 580, 880
V_+	70	50	40	200	190	580
V_-	-70	-50	-40	-200	-210	-620
\vec{v}_x	0.016094	-0.005207	0.999872	0.999180	0.024626	-0.017400
y	-0.999860	0.000518	0.015722	0.034978	-0.999442	0.002388
z	0.004524	-0.999986	-0.002871	0.020389	-0.022554	-0.999846
O_x	7.50	68.64	-20.39			
y	-31.67	40.54	17.13			
z	-7027.02	-0.34	-7006.51			
Résidu	-0.248060	-0.017000	0.035270	0.067735	0.073210	0.088046
\mathcal{E}_{Ctr} min	2.99	1.04	1.11	2.08	1.05	5.24
max	9.83	8.94	8.45	4.43	9.06	8.78
moy	7.35	2.72	5.32	3.21	4.02	6.85
\mathcal{E}_{Axe} min	0.000995	0.067051	0.001661	0.003741	0.001352	0.047461
max	0.026526	0.403769	0.042125	0.026630	0.071826	0.087912
moy	0.011754	0.243399	0.019124	0.013106	0.021790	0.064264
<i>Résultats avec toutes les valeurs</i>						
\vec{v}_x	0.016101	-0.034279	-0.999867	0.999297	0.020813	-0.017338
y	-0.999860	-0.013886	-0.015991	0.035218	-0.999583	0.002121
z	0.004589	-0.999316	0.003305	0.012871	-0.020040	-0.999847
O_x	7.10	68.07	-23.45			
y	-32.14	40.44	17.99			
z	-7027.45	-2.90	-7008.06			
Résidu	-0.254716	-0.001802	0.006389			
\mathcal{E}_{Ctr} min	3.53	0.61	1.23	1.06	1.55	5.41
max	10.38	5.14	8.14	5.01	9.23	8.62
moy	7.32	2.60	5.26	2.41	4.10	6.86
\mathcal{E}_{Axe} min	0.001184	0.257557	0.005649	0.003741	0.001352	0.047461
max	0.028714	2.259510	0.047557	0.026630	0.071826	0.087912
moy	0.012063	1.294472	0.020215	0.013106	0.021790	0.064264

TAB. 9.1 – Évaluation de la calibration des paramètres caractéristiques

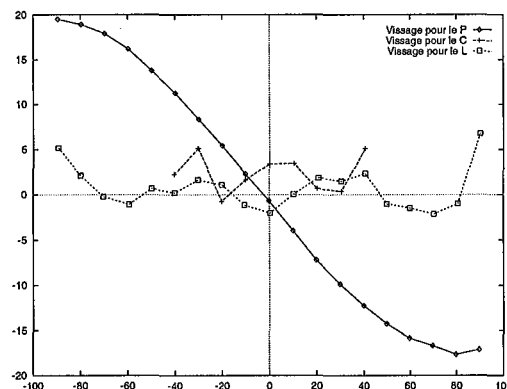


FIG. 9.1 – Évolution de l'amplitude du vissage en fonction de l'angle de rotation (3 axes) en dixièmes de millimètre.

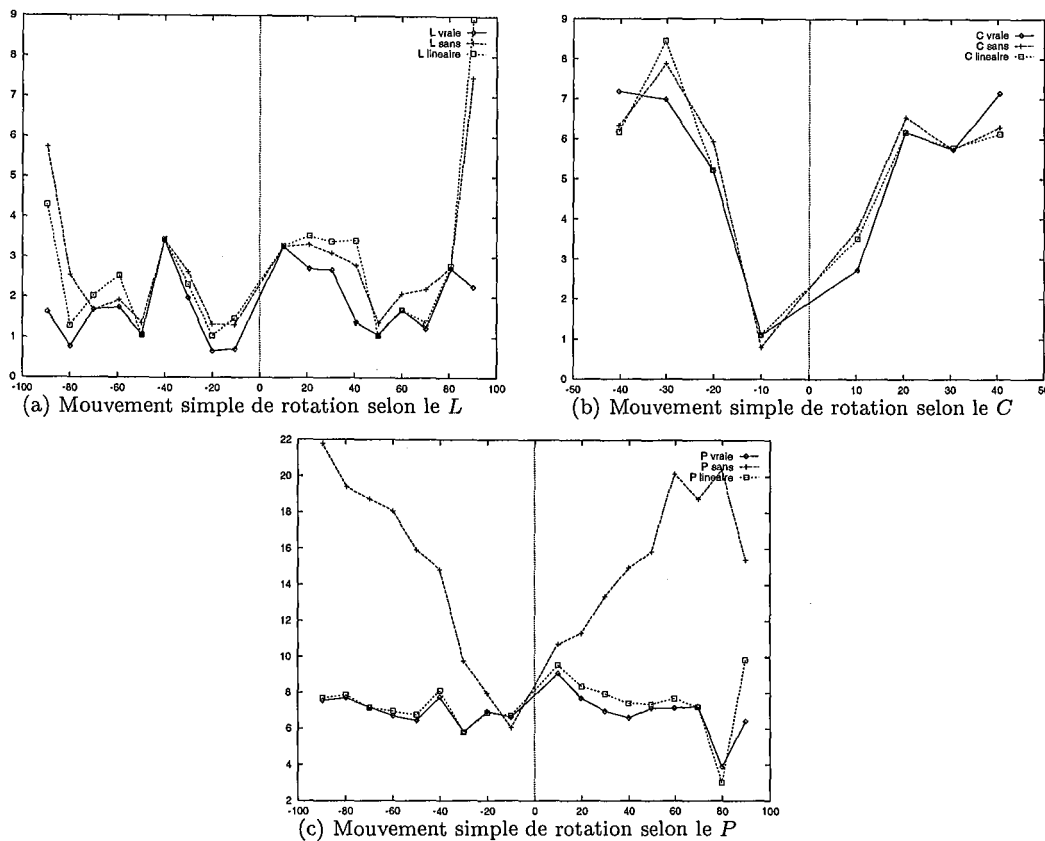


FIG. 9.2 – Influence de la prise en compte du vissage résiduel pour les rotations (3 axes) en dixièmes de millimètre.

résiduelle, la modélisation *linéaire* (i.e. vissage) et *sans* modélisation du phénomène (on le néglige). Les courbes obtenues pour les 3 axes sont présentées sur la figure 9.2.

On voit clairement que, si pour le C et le L ce vissage est un bruit que l'on pourra négliger, il semble correspondre à un phénomène physique pour le P . La courbe a l'allure d'une sinusoïde (figure 9.1) et sa modélisation améliore le résultat (figure 9.2). Il apparaît clairement également sur la partie concernant le P de la figure 9.2 que la modélisation linéaire, malgré la forme sinusoïdale de la courbe, est suffisante pour corriger l'erreur dans l'hypothèse où le phénomène physique rencontré est bien un vissage. Si nous souhaitons améliorer encore ce résultat, il nous faut changer de modélisation pour cette erreur. Nous nous sommes donc penchés sur ce qui pouvait en être la cause.

De manière générale, nous avons modélisé par un vissage l'éloignement du centre optique par rapport au plan orthogonal à l'axe de rotation : si c'est un bruit, ce sont les vibrations de l'arceau lors du mouvement. Ces vibrations, lorsqu'elles sont petites peuvent se modéliser par une translation parallèle à l'axe de rotation (dont la direction est orthogonale au plan des sources). Quand celles-ci deviennent plus importantes, cette approximation du premier ordre ne suffit plus et il faut utiliser le modèle de rotation pour bien prendre en compte le phénomène. Avant, d'aller plus loin, il nous semble utile d'éclaircir ces deux points par un schéma (cf figure 9.3). Sur ce schéma, nous prenons l'exemple d'une rotation autour du C . Nous voyons que si l'amplitude des vibrations est petite, nous obtenons une erreur qui s'apparente à une translation parallèle à l'axe de rotation : on a un vissage. Si ces vibrations s'accroissent, la partie de l'erreur orthogonale à l'axe de rotation n'est plus négligeable et ne peut donc pas être entièrement prise en compte par le vissage. Il faut noter que la forme sinusoïdale du vissage dans ce deuxième cas n'est pas à mettre en rapport avec la forme sinusoïdale rencontrée pour la translation résiduelle du P .

Revenons maintenant à la rotation autour du P . Nous avons donc d'après la figure 9.1 une "vibration"

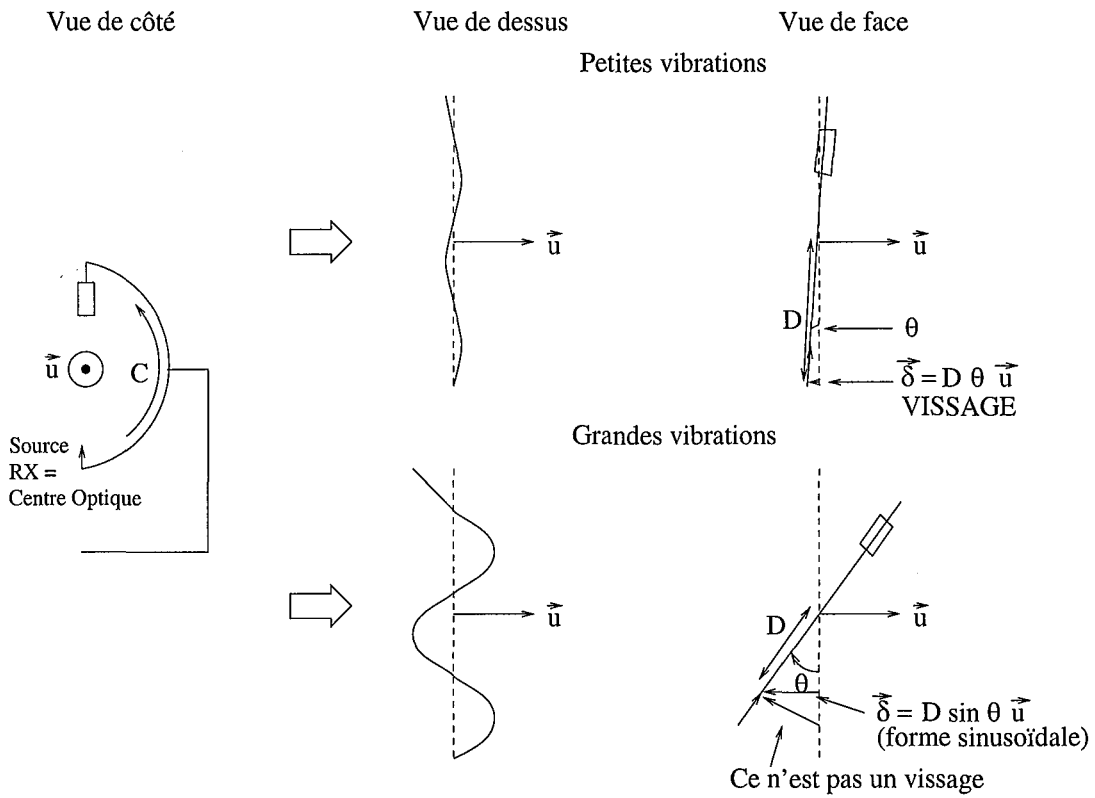


FIG. 9.3 – *Interprétation du vissage en terme de vibration autour du plan de rotation (exemple d'une rotation selon le C)*

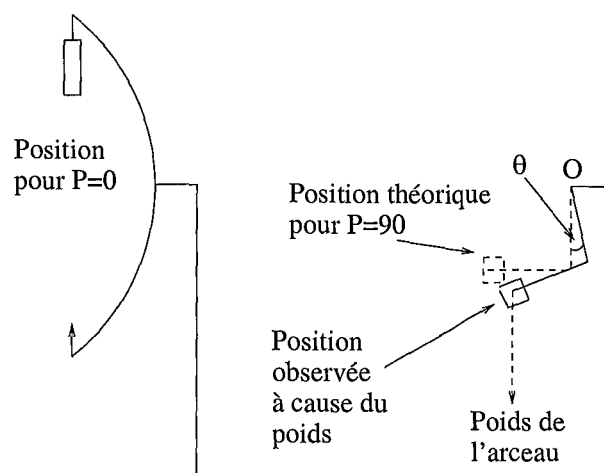


FIG. 9.4 – Torsion de l'arceau due au poids de la chaîne image (les distances ne sont pas à l'échelle): vues de côté

de période 180 degrés. Ce n'est pas une instabilité de l'arceau. Notre interprétation est que cette forme sinusoïdale est due au moment du poids de la chaîne image sur l'arceau. En effet, ceci se voit bien pour $P = 90$ (cf figure 9.4) : le point physique d'ancrage de l'arceau au support n'est pas à l'isocentre mais est décalé. Le moment du poids de la chaîne image n'est donc pas nul et agit en baissant la chaîne image par rapport à sa position théorique par un effet de torsion.

La figure 9.4 nous montre qu'une rotation autour d'un axe horizontal passant par le point d'ancrage O et orthogonal à l'axe de rotation du P s'effectue. L'amplitude de la sinusoïde observée est la distance Δ entre O et le centre optique du système. Nous avons calibré cette valeur pour différentes valeurs de V_+ et V_- (pour la rotation autour du P). Nous obtenons les valeurs suivantes (en dixièmes de millimètre), avec les erreurs associées :

V_+ / V_-	± 50	± 60	± 70
Δ	-18.33	-18.54	-18.44
\mathcal{E}_{Ctr} min	6.13	3.84	5.90
max	9.35	9.39	10.59
moy	7.54	7.32	8.31
\mathcal{E}_{Axe} min	0.001924	0.002955	0.004604
max	0.043424	0.039957	0.065277
moy	0.018031	0.018555	0.035883

La modélisation en sinusoïde ne change donc pas fondamentalement les résultats, comme cela était prévu. En revanche, elle les stabilise (1 mm de maximum au lieu de 1.5 en modélisation linéaire). Si nous cherchons à aller plus loin, il nous faut regarder l'évolution de la composante orthogonale de la translation résiduelle. On obtient la courbe de la figure 9.5.

Nous voyons que la partie orthogonale est plongée dans un bruit de niveau équivalent à celui observé dans la rotation autour du C : bruit de l'erreur sur la position du centre optique. Elle ne peut donc pas être prise en compte. Notre avis sur la question est que bien entendu il y a interférence entre l'erreur sur la position du centre optique et le vissage. Faut-il changer notre modèle de façon à pouvoir les estimer de manière indépendante? Nous ne pensons pas que cela apporterait des améliorations significatives : nous atteignons déjà une erreur de positionnement du centre optique inférieure au millimètre dans un système où la distance focale vaut environ 1m20. Le rayon de rotation du tube est de 70 cm et le poids du système fait quelques centaines de kilos : il semble très difficile de demander un bruit de positionnement nettement inférieur au millimètre dans ces conditions. Nous nous contenterons donc d'utiliser une modélisation de la translation résiduelle en vissage dont l'amplitude varie linéairement avec l'angle de rotation. Si cela

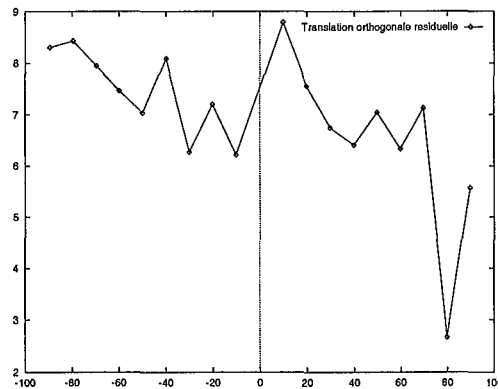


FIG. 9.5 – Translation orthogonale résiduelle pour le P

devait poser des problèmes de stabilité de la calibration pour le P, nous pourrions toujours utiliser la variation d’amplitude en sinusoïde pour le corriger.

Nous pouvons donc dire que nous obtenons une erreur maximale de positionnement du centre optique de 1 mm et une erreur angulaire sur la direction de l’axe optique de 0.05 degrés.

Translations

Nous trouvons un repère orthonormé direct. Ici encore nous faisons quelques mesures sur les directions trouvées :

	Lt ↔ Lg	Lt ↔ Ht	Lg ↔ Ht
Angle entre les directions	90.6195	92.1599	88.8692

On trouve donc une mauvaise perpendicularité : si les directions horizontales sont bien orthogonales, la direction de la hauteur penche par rapport au plan qu’elles forment. Nous trouvons ici aussi une erreur sur la position du centre optique inférieure au millimètre : cela sera certainement à mettre en relation avec la précision de la donnée capteur, qui est également d’un millimètre en théorie. Concernant, la direction de l’axe optique, on peut considérer qu’elle est inférieure à 0.09 degrés. On remarque que cette valeur est inchangée quand on augmente le nombre de matrices : ceci est tout à fait naturel. En effet, les matrices synthétiques ont exactement la même direction d’axe optique : celle de la matrice de référence M_0 . On calcule donc à chaque fois la variation de la direction de l’axe optique sur les positions de \mathcal{V} . Cette variation est due à l’instabilité de la table (par exemple, l’hélice est en bout de table, à l’endroit où celle-ci est la moins rigide) : c’est un bruit. Enfin, nous négligerons la rotation résiduelle : elle est toujours inférieure au dixième de degré.

Nous avons donc une erreur de positionnement du centre optique de 0.9 millimètres et une erreur angulaire sur la direction de l’axe optique de 0.09 degrés.

Il est enfin à noter pour l’étude de la table que nous n’avons pas pris en compte le fait qu’elle puisse pivoter dans le plan horizontal : on ne peut travailler que si la table est droite et nous avons considéré que le repositionnement était parfait. Cependant, il est connu que ce n’est pas vrai et nous pouvons nous attendre à une erreur sur la direction d’au moins un demi degré. Seulement, ceci est indétectable (pas de capteur associé). Le seul moyen éventuel serait de s’assurer que l’hélice est toujours replacée de la même manière par rapport à la table : nous pourrions alors déduire du défaut d’orientation de l’axe de l’hélice, l’erreur en rotation de la table... Mais nous pouvons déjà voir que même en négligeant ce pivotement, la calibration de la table est mauvaise : nous allons le préciser dans la section suivante.

9.4.4 Erreur induite par la calibration des paramètres intrinsèques

Nous avons effectué une calibration de la machine en nous basant sur deux erreurs : erreur maximale de positionnement du centre optique et erreur angulaire maximale sur la direction de l’axe optique. Nous en

avons déduit un “bruit de calibration” exprimé en termes de ces erreurs. Nous allons ici étudier l’influence que ce bruit a sur la qualité du recalage 3D/2D.

Principe

Nous allons regarder comment se comporte l’erreur de reprojection maximale par rapport à l’erreur que nous pouvons faire sur la position du centre optique (\mathcal{E}_{Ctr}) ainsi que sur la direction de l’axe optique (\mathcal{E}_{Axe}).

Il nous faut un moyen de calculer notre erreur de reprojection. Celui que nous avons choisi est le suivant :

- soit une matrice M_1 à comparer avec une matrice M_0 ;
- considérons la boule (virtuelle) de diamètre D posée à l’isocentre (en fait au centre de l’hélice, à l’origine de \mathcal{R}_h) ;
- nous déterminons un grand nombre de points dans cette boule comme étant les centres des N^3 voxels isotropes issus d’une numérisation de cette boule considérée comme incluse dans un cube de côté D : le côté de chaque voxel mesure D/N ;
- pour chaque point ainsi déterminé, nous le projetons selon M_1 pour obtenir le point p_1 de l’image et selon M_0 pour obtenir le point p_0 de l’image ;
- l’erreur de reprojection est le maximum sur tous les voxels de la distance observée entre p_1 et p_0 : l’erreur est donc donnée en pixels.

Cette méthode sera beaucoup utilisée par la suite : dans nos expériences, à moins qu’une précision l’infirmes, nous avons utilisé $D = 15$ cm (taille approximative de la tête) et $N = 128$ (nous pouvons montrer que prendre des valeurs supérieures (256 ou 512) ne fait pas beaucoup varier le résultat final mais en revanche augmente énormément le temps de calcul).

Expérimentation

Nous prenons alors la matrice de référence et en faisons varier par simulation le centre optique ou la direction de l’axe optique. En comparant la matrice obtenue avec la matrice initiale grâce à la méthode de la sphère décrite ci-dessus, nous déterminons l’erreur de reprojection associée.

En pratique, nous avons considéré que l’erreur de reprojection était surtout sensible à l’erreur sur la position du centre optique dans le plan orthogonal à l’axe optique. De plus, l’erreur sur la direction de l’axe optique est relative à la matrice initiale : ainsi, l’erreur de reprojection ne sera pas fonction de la matrice initiale. Nous l’avons vérifié en considérant des matrices initiales pour différentes configurations de la machine et n’avons observé que des différences minimales dues au fait que l’hélice est légèrement excentrée dans le système (son centre n’est pas exactement confondu avec l’isocentre).

La démarche est alors la suivante : prenons la matrice de référence M_0 ; nous synthétisons dans un premier temps des matrices qui en diffèrent par la seule position du centre optique (orthogonalement à l’axe optique) de distances allant de 0 à 1.5 mm ; ensuite nous faisons de même mais en faisant varier la direction de l’axe optique (le sens de variation n’a pas d’importance étant donnée la symétrie de révolution du système) pour des angulations allant de 0 à 0.12 degrés. Ces bornes sont compatibles avec les erreurs trouvées précédemment.

Résultats

Nous obtenons les courbes de la figure 9.6.

Nous observons une évolution parfaitement linéaire et pouvons donc définir un *coefficient linéaire d’influence* pour chacune de ces deux mesures :

$$\text{Erreur de reprojection max} = \lambda_{Ctr} \mathcal{E}_{Ctr} \quad (9.21)$$

et

$$\text{Erreur de reprojection max} = \lambda_{Axe} \mathcal{E}_{Axe} \quad (9.22)$$

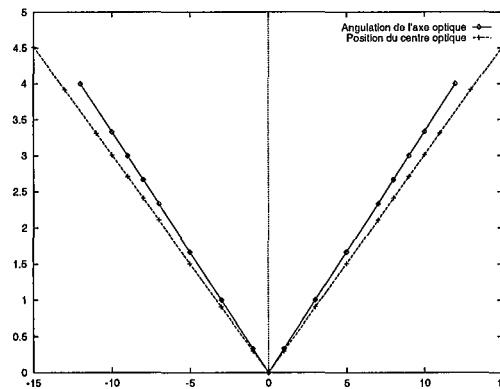


FIG. 9.6 – Influence des erreurs sur la reprojection : les distances sont données en dixièmes de millimètre et les angles en centièmes de degré

Les valeurs de ces coefficients d'influence sont déduites des mesures :

$$\lambda_{\text{Ctr}} = 3 \text{ pixels par millimètre} \quad \text{et} \quad \lambda_{\text{Axe}} = 3.31 \text{ pixels par dixième de degré} \quad (9.23)$$

Nous sommes à présent en mesure d'estimer l'erreur de reprojection maximale que l'on peut attendre de l'incertitude de notre calibration. Nous obtenons pour chaque axe de rotation :

$$\lambda_{\text{Ctr}} \mathcal{E}_{\text{Ctr}} \max + \lambda_{\text{Axe}} \mathcal{E}_{\text{Axe}} \max = 3 \times 1 + 3.31 \times 0.5 = \boxed{4.655 \text{ pixels}} \quad (9.24)$$

et pour chaque translation

$$\lambda_{\text{Ctr}} \mathcal{E}_{\text{Ctr}} \max + \lambda_{\text{Axe}} \mathcal{E}_{\text{Axe}} \max = 3 \times 0.9 + 3.31 \times 0.9 = \boxed{5.679 \text{ pixels}} \quad (9.25)$$

Pour donner une idée de ce que cela peut représenter en erreur 3D, nous avons une incertitude d'environ 1.6 mm pour chaque rotation et 2 mm pour chaque translation : c'est donc une grosse erreur comparée à notre objectif malgré la grande précision de la calibration.

9.5 Données capteurs

Nous venons de voir que nous pouvions calibrer la machine avec une grande précision. Cela entraîne déjà une erreur importante en terme de reprojection, c'est à dire pour un recalage 3D/2D. Cependant, les données capteurs sont elles aussi imprécises, et sont donc une autre source d'erreur. Nous nous proposons dans cette section d'évaluer la précision de chaque donnée capteur et d'en déduire une erreur en terme de reprojection.

Nous avons introduit dans ce qui précède, la notion de coefficient linéaire d'influence. Cela permet de faire le lien entre incertitude sur un paramètre et erreur de reprojection, et ainsi d'évaluer l'influence réelle de chaque paramètre sur le résultat final. Nous allons commencer par déterminer ce coefficient pour chaque donnée capteur.

9.5.1 Coefficients linéaires d'influence

Nous allons encore ici supposer que chaque donnée capteur agit indépendamment des autres paramètres sur l'erreur de reprojection. Cette action est supposée linéaire pour de petits écarts sur la donnée capteur. La symétrie du problème implique que nous aurons un coefficient linéaire d'influence commun aux données angulaires et un autre coefficient linéaire d'influence pour les données donnant la position de la table. De la même manière que précédemment, nous pouvons nous contenter d'utiliser la matrice de

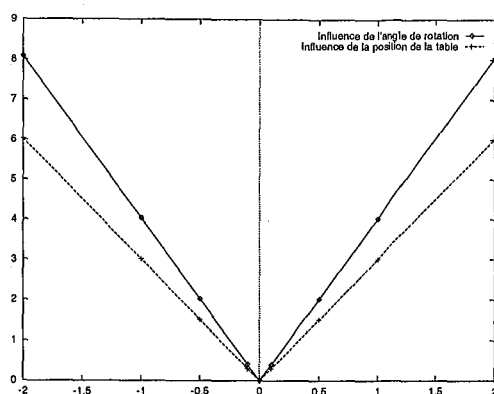


FIG. 9.7 – Influence des erreurs des données capteurs sur la reprojection : les distances sont données en millimètres et les angles en degrés

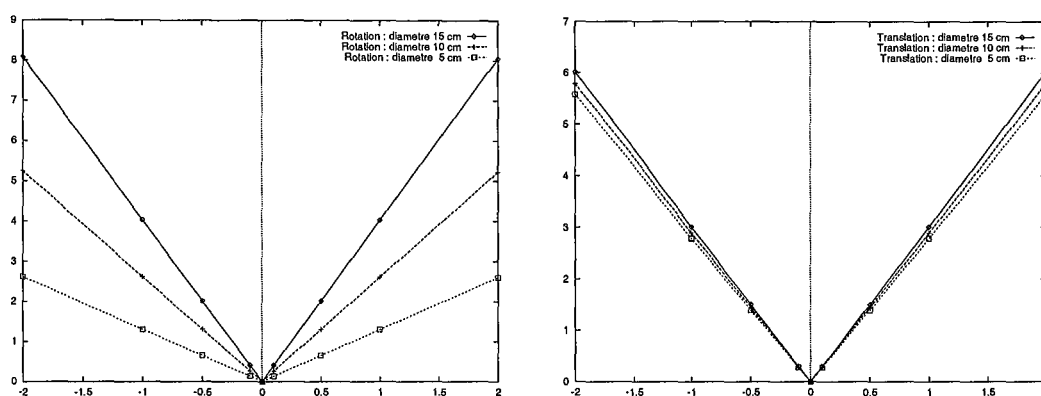


FIG. 9.8 – Influence des erreurs des données capteurs sur la reprojection pour des diamètres de la sphère de contrôle différents : les distances sont données en millimètres et les angles en degrés

référence que nous tournons, ou translatons légèrement selon le cas. En utilisant la mesure sur la sphère comme décrite plus haut, nous obtenons les courbes de la figure 9.7.

Nous vérifions que pour des petites variations des données capteurs, l'influence sur l'erreur de reprojection est bien linéaire. Nous trouvons donc un coefficient linéaire d'influence de 4 pixels/degré pour les données capteur de l'arceau (valeurs de P , L et C) et un coefficient linéaire d'influence de 3 pixels/mm pour les données capteur de la table (valeur de position en L_t , L_g et H_t).

Ces coefficients sont calculés sur une sphère de 15 cm de diamètre. Il semble intéressant ici de les estimer pour des diamètres plus faibles. Nous avons refait les calculs pour 10 cm et 5 cm de diamètre. Les résultats sont exposés sur la figure 9.8.

On trouve donc un coefficient linéaire d'influence qui ne change guère pour les translations tandis qu'il diminue fortement si on change de le diamètre de la sphère de contrôle (utilisée pour calculer l'erreur de reprojection). La conclusion que nous pouvons tirer de ces résultats est que le centrage de l'objet à imager (la pathologie en pratique) à l'isocentre est très important pour réduire l'erreur due à l'incertitude sur les données capteur relatives aux positions angulaires de l'arceau. Si le centrage est bien effectué, et si la pathologie reste confinée à une sphère de 5 cm, alors l'influence de l'angle de rotation n'est plus que de 1.3 pixels par degré.

Concernant la SID, le calcul du coefficient d'influence peut être faite formellement. Si nous considérons un point situé en bordure de sphère, soit à 75 mm de l'isocentre du système. Sachant que l'isocentre est situé à une distance de 705 mm du centre optique (SOD), et que l'erreur sur la SID (ou distance focale) est de 1 mm, on obtient une erreur de 0.1064 mm de reprojection, soit 0.18 pixels en FOV de 30. Le

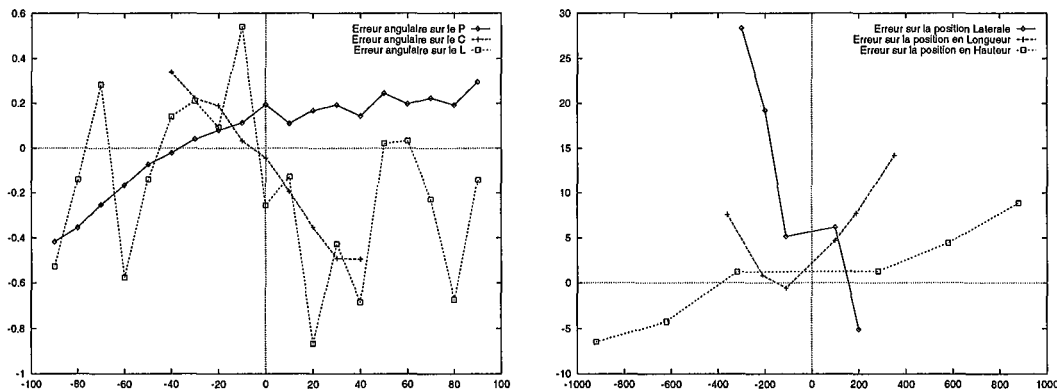


FIG. 9.9 – Erreur observée sur les données capteurs pour notre ensemble de positions : les erreurs pour la position de la table sont données en dixièmes de millimètres et les erreurs angulaires en degrés

coefficient linéaire d'influence pour la SID est donc au maximum (sphère de 15 cm de diamètre) de 0.18 pixels/mm.

9.5.2 Incertitude sur les données capteur

Il est possible d'avoir chaque valeur d'angle au dixième de degré près et chaque position de la table au millimètre près. Cependant, nous avons vu que les spécifications constructeur acceptaient une incertitude d'un demi degré sur les angles. De plus, les capteurs pour L , Lt et la Ht sont peu fiables par construction, dans le sens où leur rôle est purement informatif et n'est pas utilisé d'un point de vue fonctionnel par le système.

Il nous a semblé utile de vérifier ces données. Nous utilisons encore ici l'ensemble de positions donné par \mathcal{V} pour chaque mouvement. Nous obtenons les courbes d'erreur de la figure 9.9.

On peut donc vérifier sur le graphe des erreurs angulaires que le P et le C sont précis à un demi degré près tandis que le L semble chaotique. Peut-être n'est-ce qu'une coïncidence mais il semble qu'il y ait une erreur de 1% sur le C . Nous n'avons pas envisagé de correction à ce niveau car l'erreur reste petite comparée à l'incertitude que l'on trouve sur la table.

En effet, il n'y a qu'un axe qui vérifie une erreur inférieure au millimètre (la Hauteur pourtant réputée imprécise) et le Latéral apparaît vraiment problématique (presque 3 mm d'erreur). Cependant, la plage de valeurs que nous avons à notre disposition était plutôt réduite pour les directions latérale et en longitudinale : nous sommes contraints à toujours voir suffisamment bien notre hélice. Nous avons donc fait une expérience afin de vérifier en pratique la précision des axes de translation de la table.

Nous avons disposé en ligne sur une planche de contreplaqué des petites pointes verticalement tous les 5 mm. La grille est installée de manière à avoir un repère fixe sur l'II : le centre de la grille. En faisant en sorte de mettre la ligne des pointes en coïncidence avec l'axe du mouvement sous étude, nous pouvons bouger la table de demi centimètre en demi centimètre et comparer cet écart réel avec celui qui est lu à la sortie du capteur.

La précision de cette méthode n'est bien entendu pas aussi grande que celle qui se base sur l'hélice mais nous pouvons tout de même conclure à un assez bon positionnement de la table en hauteur et longitudinale (erreur de moins de 2 mm) alors qu'en revanche, on note une dérive du latéral : nous avons un décalage d'environ 10% entre la valeur lue et la valeur réelle. Il semble cependant que cet écart soit répétable : il serait dû à une dérive du potentiomètre du capteur. Ceci implique que ce n'est sans doute pas stable dans le temps. Toutefois, nous n'avons pas étudié suffisamment ce phénomène pour en tirer une loi générale de correction et en déduire une précision finale sur le latéral. Nous en déduisons que comme pour les rotations, un axe est peu précis (le latéral). Quant aux deux autres axes (hauteur et longitudinale), on peut leur attribuer une **précision inférieure à 1.5 millimètres** (la précision annoncée était de 1 mm pour le longitudinale).

9.5.3 Erreur de reprojection due aux données capteurs

Nous supposons que les deux axes imprécis ne sont pas utilisés : l'erreur qu'ils entraînent est de toute façon bien supérieure au but que l'on s'est fixé. Les translations de la table sont précises à 1.5 mm près. Le coefficient d'influence qui leur est attaché est de 3 pixels/mm. Nous en déduisons une erreur possible selon chaque axe de translation de la table de **4.5 pixels**, c'est à dire environ 1.5 mm d'erreur 3D et ceci quel que soit le centrage de la pathologie.

Les rotations quant à elles sont précises au demi degré près pour un coefficient linéaire d'influence de 4 pixels par degré. L'erreur que chacun peut entraîner est donc de **2 pixels**, c'est à dire environ 0.7 mm d'erreur 3D. Cette erreur descend à **0.65 pixels**, c'est à dire 0.2 mm d'erreur 3D si nous centrons bien (dans la limite de 2.5 cm) la pathologie.

Enfin, la SID, précise au millimètre près a une influence négligeable de 0.18 pixels.

Nous en concluons que les données capteur des angulations de l'arceau ont peu d'influence sur la qualité de la reprojection finale, et ce d'autant plus que le centrage de la pathologie dans le système est bien effectué. L'erreur due aux données capteur proviendra donc essentiellement du mauvais positionnement de la table. On peut ici s'attendre à une imprécision de 2.1 mm ($\sqrt{2} \times 1.5$ mm) sur le positionnement 3D de l'objet. **Ceci sera inévitable et cette erreur s'imposera comme minimum tant que la précision des capteurs de la table restera millimétrique.**

9.6 Conclusion de l'étude

Nous avons mis au point une méthode de calibration qui permet de retrouver avec une grande précision la géométrie conique de notre appareil dans le cas où nous avons une connaissance parfaite des angulations de l'arceau et positions de la table : le centre optique peut être atteint avec une précision millimétrique et l'axe optique ne s'écarte jamais de plus d'un dixième de degré de son orientation réelle. Nous avons d'autre part montré que le centrage de la pathologie dans la machine était important pour la précision du recalage et dans ce cas, seule l'erreur des données indiquant la position de la table avait une influence sur la reprojection.

Si nous récapitulons, les paramètres intrinsèques sont connus parfaitement sauf pour la distance focale qui sera connue au millimètre près, ce qui implique une erreur négligeable (fraction de pixel) sur la reprojection. La calibration des paramètres extrinsèques entraîne une erreur de 4.5 pixels par rotation (nous en avons deux puisque nous ne considérons pas le L). Cette erreur est essentiellement une erreur en translation (position du centre optique). Pour les translations, cette erreur est de 5.5 pixels. Nous avons également 2 translations puisque nous négligeons le latéral. En ce qui concerne les données capteurs, nous avons une erreur très faible sur les rotations (si le centrage est bon) et une erreur de 4.5 pixels par translation. In fine, si nous supposons que ces erreurs sont additives, nous obtenons une **erreur maximale de 29 pixels, c'est à dire 10 mm d'erreur 3D**. C'est beaucoup trop.

Nous pouvons cependant fortement critiquer ce que nous venons de dire. En effet, ces erreurs ne sont pas additives. Par exemple, pour les rotations, la méthode de calibration qui consiste à toujours viser le même point implique que l'erreur sur la position du centre optique doit être compensée par la direction de l'axe optique. De même pour les translations : il est difficile de séparer une erreur sur la position de la caméra (centre optique) par rapport à l'hélice de la position de l'hélice (mouvement de table) par rapport à la caméra. Nous allons donc observer une compensation des différentes erreurs en pratique. Nous avons vérifié cela sur les matrices que nous avons calculées sur les positions données par les divers ensembles \mathcal{V} (cf 9.10).

Pour cela, nous avons synthétisé toutes les matrices pour toutes ces positions grâce aux données axiales issues de la calibration et grâce aux données lues sur les capteurs. La comparaison avec la matrice effectivement estimée à partir de l'image d'hélice est obtenue par la méthode de la sphère pour un diamètre de 5 cm. La courbe de la hauteur n'est pas significative étant donné que le sens de translation est presque parallèle à l'axe optique. Cette courbe confirme cependant que c'est l'erreur de translation orthogonalement au centre optique qui prévaut. Sinon, nous remarquons pour toutes les courbes qu'elles sont inférieures à la limite fixée par la somme de l'erreur de calibration et de l'incertitude des capteurs. En ce qui concerne les rotations, l'erreur est, nous l'avons dit, essentiellement due à l'erreur de calibration.

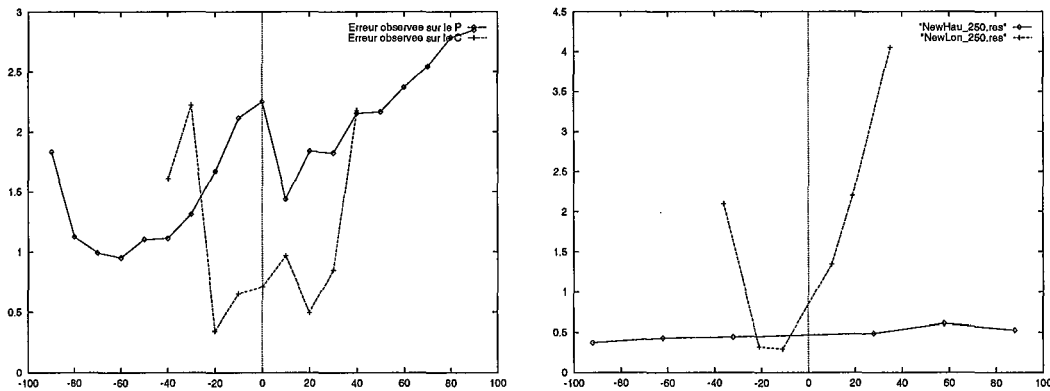


FIG. 9.10 – Compensation des différentes erreurs entre elles : erreurs de reprojection observées en pratique sur les rotations et translations

Nous observons donc une compensation entre l'erreur sur le positionnement du centre optique et la direction de l'axe optique. **L'erreur maximale est de 3 pixels par rotation.** Pour ce qui est des translations, on observe une erreur qui est celle qui serait obtenue en considérant uniquement l'erreur sur les données capteurs. **L'erreur maximale est de 4.5 pixels.** On remarque sur la courbe de la longueur, une erreur qui semble être proportionnelle à l'éloignement de la position de référence. Mais ceci est juste une remarque qui ne sera pas exploitée ici.

Pour ce qui est des rotations, nous ferons une dernière remarque avant de conclure : nous remarquons que l'erreur observée en pratique est celle due à l'erreur de calibration, une compensation pouvant donner lieu à une réduction de l'erreur théorique. Il n'est pas à notre avis judicieux d'additionner les erreurs sur les deux rotations. Nous pensons plutôt qu'une propriété générale est que quelque soit le mouvement de l'arceau, une imprécision de 1mm pèse sur la position du centre optique et que l'axe optique est connu à 5 centièmes de degré près, ceci encore une fois en se basant sur la manière dont est calibré l'isocentre. On peut donc s'attendre à 3 pixels d'erreur due à l'arceau, c'est à dire 1 mm d'erreur 3D si le centrage est bien fait.

Pour les translations, nous avons 1.5 mm d'erreur sur la hauteur et sur la longueur. Cette erreur est la seule responsable de l'erreur de reprojection. Nous avons donc une erreur de reprojection 6.5 pixels ($\sqrt{2} \times 4.5$) due à l'erreur de positionnement de la table, c'est à dire 2.2 mm d'erreur 3D.

En conclusion, nous pouvons nous attendre à 3 mm d'erreur 3D pour le recalage 3D/2D si nous ne bougeons ni le L ni le latéral de la table. Si on peut éviter facilement d'utiliser le L en neuroradiologie interventionnelle, il semble plus délicat de se passer du latéral. Ainsi nous pouvons conclure que **nous ne pourrions assurer en pratique clinique un recalage suffisamment précis en nous basant uniquement sur les données capteurs.**

Chapitre 10

Protocole de calibration

Nous allons voir dans ce chapitre comment a été en pratique défini le protocole de calibration de la salle.

10.1 Validation

10.1.1 Principe

Tous les paramètres entrant dans la modélisation de la salle ayant été calibrés à travers les diverses manipulations des deux derniers chapitres, nous avons voulu valider nos résultats. Dans ce but, nous avons utilisé un fantôme d'artères.

L'erreur de reprojection a été évaluée de la manière suivante : nous avons acquis une reconstruction 3DXA du fantôme ainsi que des images Xray pour 15 configurations différentes de la machine. Les images Xray furent corrigées des distorsions par notre méthode d'interpolation et les matrices correspondant aux 15 configurations estimées à partir de la calibration, la matrice de passage entre le repère hélice et le repère de reconstruction (déplacement rigide) ayant été déterminé en comparant les matrices de projection du repère de reconstruction (obtenues en fin de calibration de la salle pour la 3DXA) avec les matrices de projection estimées à partir des images de calibration dans le repère hélice. Le volume 3DXA est ensuite projeté suivant la matrice de projection de chaque configuration : nous avons utilisé un type de projection dit "Xray" où chaque pixel prend pour valeur la somme des densités rencontrées le long du rayon vecteur lui correspondant lors de sa traversée du volume 3DXA (une interpolation trilineaire est utilisée pour déterminer la valeur d'un point situé entre 8 voxels).

Les différentes configurations ainsi que les images sont données en annexe D.

La procédure de validation est manuelle : nous localisons (par pointage à la souris) dans l'image Xray et dans l'image de projection des points caractéristiques du fantôme. L'erreur de reprojection est la distance maximale en pixels trouvées entre les points homologues.

L'erreur maximale trouvée fut de 10 pixels. Elle est donc compatible avec les conclusions de notre étude mais toutefois trop importante pour que le recalage puisse être utilisé tel quel. Au cours de ces manipulations, le L ne fut pas testé et le latéral fut peu bougé. Nous avons cependant pu vérifier qu'un mouvement plus important du latéral augmentait l'erreur. Une conclusion importante est cependant que dans tous les cas, l'incidence est bien retrouvée, ainsi que le facteur de zoom : les angles des rotations ainsi que la SID sont donc fiables.

10.1.2 Conclusion

Le recalage basé uniquement sur les capteurs ne donne donc pas un résultat utilisable en pratique. Il n'est pas toutefois dénué d'intérêt : nous savons que l'erreur au pire sera d'un centimètre (en prenant en compte le latéral). Nous avons vu que les intrinsèques étaient très bien estimés et que l'erreur de reprojection était principalement due à l'estimation des paramètres extrinsèques, avec pour une grande part la translation (positionnement du centre optique ou translation de la table). En outre, nous avons

totalemment délaissé dans cette étude le fait que le patient peut bouger : en se rappelant l'équivalence entre les paramètres extrinsèques et le mouvement du patient, l'erreur pratique que nous trouverons sera d'autant plus la cause d'une mauvaise estimation des extrinsèques.

Le rôle que nous pouvons donc attribuer à ce genre de recalage est de fournir un estimé initial à un algorithme de recalage basé sur les données image. Cet algorithme pourra considérer que les distorsions sont corrigées, que les intrinsèques sont connus et que la partie rotation des extrinsèques est assez bien connue. La translation devra en revanche être considérée comme totalement inconnue : d'une part la précision de la table est mauvaise mais également, d'un point de vue plus pratique, les données capteur associées au mouvement de la table ne sont pas connues (nous avons utilisé un logiciel spécifique utilisé pour les maintenances afin d'y avoir accès).

Calibrer la salle est donc utile. Dans le but de rendre cette procédure la plus simple possible, nous avons dû faire des concessions. Prenant en compte ce que nous venons de dire, ces concessions ne doivent pas se faire au niveau des distorsions, ni au niveau des paramètres intrinsèques. En revanche, nous pouvons simplifier la modélisation utilisée pour les extrinsèques. Nous allons à présent voir comment en pratique fut conçue la procédure de calibration.

10.2 Hypothèses de base de la calibration

10.2.1 Capteurs non-pris en compte

Face à l'instabilité du L et au problème que sa prise en compte pose dans le cas où la rotation caméra est activée (comment traiter le champ de distorsions dans ce cas?), et en considérant que le L est peu utilisé en pratique, nous avons décidé de ne pas le considérer dans la calibration. Un recalage ne sera donc autorisé que si $L = 0$. En conséquence, la rotation caméra n'est plus un problème.

De même, la possible variation de la SOD pour le plan latéral pose un problème que nous n'avons pas pu étudier : nous avons modélisé le déplacement du plan image (SID) à travers la variation de la distance focale mais la variation de la SOD implique un mouvement du *centre optique*. Nous pouvons modéliser ce mouvement par une translation mais de quelle amplitude (vis à vis de la SOD) et dans quelle direction? Face à la faible utilisation de cette possibilité en pratique, nous avons décidé de ne pas la prendre en compte. Un recalage ne sera donc autorisé que si la SOD est à sa valeur habituelle (880 mm pour le latéral).

10.2.2 Capteurs d'état

Nous avons déjà largement traité le problème du FOV, qui est pris en compte dans la distorsion. En revanche, nous avons repoussé plusieurs fois le traitement de la matrice et de l'inversion caméra, elles fort utilisées en pratique.

L'idée est la même pour les deux problèmes : une fonction idéale existe (inversion par rapport à un axe central pour l'inversion caméra et sur- ou sous-échantillonnage pour le changement de matrice). Ce n'est malheureusement pas celle qui est réalisée dans le système. En effet, l'II dont nous disposons porte une caméra vidéo et non CCD, ces deux fonctions s'effectuent donc en modifiant le balayage caméra. Ainsi, nous avons supposé que le changement d'état de ces capteurs affectait l'image d'une manière qui ne dépend pas de la position de l'arceau (elle ne dépend évidemment pas de la position de la table). Nous prendrons ici l'exemple de l'inversion horizontale (droite-gauche) de la caméra, l'extension aux autres cas (y compris le changement de matrice) étant trivial.

Nous modélisons l'inversion horizontale comme une inversion horizontale (symétrie par rapport à l'axe vertical passant par le centre de l'image) perturbée par une fonction inversible du plan image dans lui-même, c'est-à-dire une distorsion. Nous estimons alors cette distorsion en comparant deux images de grille prises dans une position de référence avec et sans inversion horizontale. Invertissons par symétrie l'image de grille inversée et estimons le champ de distorsions : les nœuds de la grille sont bien numérotés lors de la détection automatique et on peut comparer leurs positions avec celles que nous détectons dans l'image non-inversée, estimant ainsi un champ de distorsions. Nous considérons donc ici que le modèle idéal de grille est l'image de grille prise sans inversion caméra.

De même que pour la distorsion, la calibration de l'inversion caméra et du changement de matrice se fait dans les 4 FOV.

Il est noter que cette calibration peut être considérée comme stable (caractéristique de la machine) et peut donc n'être effectuée que de temps en temps (voire seulement à l'installation).

10.2.3 Projection conique

La matrice de projection conique est estimée en FOV de 30 pour une matrice de 512×512 sans inversion caméra. La prise en compte d'un changement de valeur sur un capteur d'état étant parfaitement maîtrisée, en partie au niveau distorsions (modélisation du changement comme une distorsion) et en partie dans la matrice de projection (modification de u_0 et v_0 si la matrice change, mise à jour de α si la taille pixel change).

Capteurs de position intrinsèques

Comme nous l'avons fait dans l'étude précédente, nous fixons les paramètres intrinsèques de la projection conique comme suit : $c = 0$, $u_0 = v_0 = 256$ (milieu de l'image) et α est relié à la SID par l'équation (9.11). Nous devons donc calibrer a : ceci est fait en acquérant dans une position de référence 3 images de l'hélice en FOV de 30 à des SID différentes (nous ne faisons pas d'acquisition en rotation). Les différentes valeurs de la SID sont combinées aux différentes valeurs de α pour déterminer a comme dans la section 9.4.1.

Notons également que cette calibration est, comme pour l'inversion caméra et le changement de matrice, caractéristique de la machine. Elle peut donc a priori n'être menée que de temps en temps (voire seulement à l'installation).

Repère de référence

Nous avons jusqu'ici travaillé avec le repère hélice pour référence. En fait ce choix est peu judicieux car l'hélice peut tourner autour de son axe et les expressions des points et axes en être totalement bouleversées. De plus, nous voulons en fait une matrice de projection exprimée dans le repère de reconstruction de la 3DXA puisque nous désirons un recalage de cette modalité avec une image DSA.

Le repère hélice et le repère de reconstruction ne diffèrent en fait que par un déplacement rigide qui corrige un éventuel mauvais positionnement de l'hélice pour que les axes du repère de reconstruction soient compatibles avec les axes naturels du patient : devant-derrrière, droite-gauche et haut-bas. Ceci est fait en considérant que la matrice centrale de la calibration pour le 3DXA doit être acquise en position de face.

D'autre part, nous avons uniquement travaillé avec des matrices différentielles par rapport à une matrice de référence. Les intrinsèques n'étant pas modifiés lors du changement de repère, nous pouvons donc prendre indifféremment une matrice de projection de référence exprimée dans le repère de reconstruction : ainsi, nous n'avons pas à faire des manipulations à chaque nouvelle calibration pour la 3DXA de la salle qui aurait visé à mettre en rapport les deux repères. Nous travaillerons donc directement dans le repère de reconstruction.

Capteurs de position extrinsèques

Nous avons vu que l'erreur de reprojection était principalement due aux extrinsèques, et ce d'autant plus que le bouger patient s'apparente au même type d'erreur. Face au nombre très important d'images qu'il aurait été nécessaire d'acquérir pour la calibration (autant d'images que de valeurs dans les ensembles de configurations \mathcal{V}). Nous avons donc décidé de faire des hypothèses simplificatrices sur les mouvements de l'arceau et de la table.

Ainsi, nous avons considéré que les axes des rotations étaient orthogonaux, parallèles aux axes du repère de reconstruction et concourants en l'origine de ce repère. Nous avons donc les axes suivants :

- pour le L : vecteur directeur : $(0,1,0)$, point : $(0,0,0)$;
- pour le P : vecteur directeur : $(0,0,-1)$, point : $(0,0,0)$;

– pour le C : vecteur directeur : $(1,0,0)$, point : $(0,0,0)$;

le sens négatif pour le P vient que la rotation est indiquée en inverse pour cet angle sur le capteur.

Nous n'avons pas accès aux informations sur la position de la table. Nous avons donc fait pire pour la translation puisque nous ne la considérerons pas. En tant qu'initialisation pour l'algorithme de recalage que nous exposerons dans la prochaine partie, nous avons juste imposé que le centre du volume 3DXA se projette au centre de l'image DSA. Pour une matrice $\mathbf{M} = [m_{i,j}]_{i \in [0..2], j \in [0..3]}$, nous imposons donc (image 512×512) :

$$\begin{aligned} m_{0,3} &= 256m_{2,3} \\ m_{1,3} &= 256m_{2,3} \end{aligned} \quad (10.1)$$

Aucune calibration n'est donc nécessaire pour les rotations ni pour les translations.

10.2.4 Distorsions

Les distorsions doivent être proprement calibrées. Suite à notre conclusion, nous utilisons pour chaque FOV une interpolation biquadratique basée. Nous avons choisi la fonction polynômiale pour modéliser l'évolution des paramètres (u,v) de l'interpolation. Nous devons donc acquérir pour chaque FOV 9 images de grille dans 9 positions différentes. Cette calibration doit se faire régulièrement.

En ce qui concerne le paramètre A de la fonction polynômiale, nous avons implémenté une procédure d'estimation d'un paramètre par FOV. Le paramètre A est supposé être caractéristique de la machine. Sa calibration ne se fera donc que de temps en temps (voire seulement à l'installation de la machine). La procédure consiste à acquérir, en plus des 9 positions de contrôle, un certain nombre d'images de grille dans des positions intermédiaires. Un algorithme d'estimation itératif (Powell) est ensuite utilisé pour minimiser l'erreur moyenne faite lors de l'interpolation.

10.3 Protocole de calibration

Certaines manipulations visent à calibrer des paramètres caractéristiques de la machine. Ces paramètres sont stables et leur calibration n'interviendra en pratique que lors de l'installation de la salle ou après une maintenance susceptible de les avoir perturbés. Une autre procédure de calibration concerne les distorsions. Cette procédure devra être effectuée tous les mois (estimation empirique valable pour la salle dont nous disposons à Nancy mais qui devra être validée sur d'autres sites).

Nous allons conclure cette partie par la description pratique de ces deux procédures de calibration et une estimation de la difficulté à les mettre en place. Ces calibrations seront effectuées pour les deux plans du système dans le cas d'un système biplan : la généralisation de ce que nous avons vu pour le plan frontal au plan latéral est triviale.

10.3.1 Positions de référence

Nous avons à maintes reprises parlé d'une position de référence.

Pour la table, cette position est celle qui était en cours lors de la calibration de la salle pour le 3DXA. Comme de toute façon nous ne calibrons pas la table, ceci n'a guère d'importance.

Pour l'arceau frontal, la position de référence est définie par : $L = P = C = 0$, $SID = 1200$. Pour l'arceau latéral, cette position est définie par : $L = 0$, $P = 90$, $SID = 1400$, $SOD = 880$.

Nous n'autoriserons pas un recalage pour une SOD du plan latéral différente de la référence ou pour un L non-nul sur le plan frontal.

Toutes les acquisitions sont faites en matrice 512×512 .

10.3.2 Calibration à l'installation

Cette calibration utilise le fantôme d'hélice et de grille.

SID

L'hélice est utilisée pour la calibration de la SID. On pose l'hélice sur la table et on acquiert 3 images en position de référence et en FOV de 30 de l'hélice pour trois valeurs de SID différentes : 1240, 1120 et 1000 pour le frontal et : 1430, 1320 et 1200 pour le latéral.

Cette partie demande donc l'acquisition de : $2 \times 3 = 6$ images.

Inversion caméra

La grille est utilisée pour la calibration de l'inversion caméra. On place la grille sur l'II, en position de référence, et on acquiert une image sans inversion caméra, une image en inversion horizontale, une image en inversion verticale et une image en inversion horizonto/verticale (les deux inversions ensemble).

Cette manipulation est effectuée dans les 4 FOV (11, 16, 22 et 30) pour chaque plan.

Cette partie demande donc l'acquisition de : $2 \times 4 \times 4 = 32$ images.

Changement de matrice

La grille est utilisée pour la calibration du changement de matrice. Le changement est simplement calibré entre la résolution 512 et 1024. On place la grille sur l'II, en position de référence, et on acquiert une image en matrice 512 et une image en matrice 1024.

Cette manipulation est effectuée dans les 4 FOV pour chaque plan.

Cette partie demande donc l'acquisition de : $2 \times 4 \times 2 = 16$ images.

Positions de contrôle pour l'interpolation des distorsions

La grille est utilisée pour la calibration des position de contrôle. La grille est placée sur l'II et on acquiert une image dans chacune des positions de contrôle, à savoir (en angles anatomiques : RAO = *Right Anatomical Orientation*, LAO = *Left Anatomical Orientation*, CRA = *Cranial*, CAU = *Caudal*) :

- {90 RAO, 0 RAO, 90 LAO} \times {40 CAU, 0 CAU, 40 CRA}, pour le frontal ;
- {45 LAO, 90 LAO, 115 LAO} \times {35 CAU, 0 CAU, 30 CRA}, pour le latéral.

Cette manipulation est effectuée dans les 4 FOV pour chaque plan.

Cette partie demande donc l'acquisition de : $2 \times 4 \times 9 = 72$ images.

Positions intermédiaires pour la calibration de A

La grille est utilisée pour la calibration de A. La grille est placée sur l'II et on acquiert une image dans chacune des positions intermédiaires, à savoir (en angles anatomiques) :

- (45 LAO, 40 CAU) ; (45 LAO, 20 CAU) ; (45 LAO, 0 CAU) ; (45 LAO, 20 CRA) ; (45 LAO, 40 CRA) ; (0 LAO, 20 CRA) ; (0 LAO, 20 CAU) ; (45 RAO, 40 CAU) ; (45 RAO, 20 CAU) ; (45 RAO, 0 CAU) ; (45 RAO, 20 CRA) ; (45 RAO, 40 CRA) ; pour le frontal ;
- (45 LAO, 15 CAU) ; (65 LAO, 15 CAU) ; (90 LAO, 15 CAU) ; (100 LAO, 15 CAU) ; (115 LAO, 15 CAU) ; (65 LAO, 0 CAU) ; (100 LAO, 0 CAU) ; (45 LAO, 15 CRA) ; (65 LAO, 15 CRA) ; (90 LAO, 15 CRA) ; (100 LAO, 15 CRA) ; (115 LAO, 15 CRA) ; pour le latéral.

Cette manipulation est effectuée dans les 4 FOV pour chaque plan.

Cette partie demande donc l'acquisition de : $2 \times 4 \times 12 = 96$ images.

Conclusion

Cette première calibration demande donc l'acquisition de : $6 + 32 + 16 + 72 + 96 = 222$ images. Elle demande beaucoup de temps (2 heures de manipulation auxquelles il faut ajouter 1 heure de calcul (optimisation de A par Powell)).

Cependant, elle peut être effectuée par les techniciens de maintenance puisqu'elle n'est nécessaire qu'à l'installation ou après une maintenance susceptible d'avoir une incidence sur les paramètres caractéristiques de la machine.

10.3.3 Calibration régulière

Seules les distorsions sont susceptibles de changer, les autres paramètres étant caractéristiques de la machine. La calibration régulière est donc plus légère.

Elle consiste seulement en la phase d'acquisition des positions de contrôle pour l'interpolation des distorsions telle que nous l'avons vue ci-dessus.

Cette calibration demande donc l'acquisition de 72 images.

Elle peut être faite en une heure de manière manuelle par une personne connaissant bien la salle (par exemple un manipulateur radio). Nous avons décidé empiriquement de l'effectuer tous les mois à Nancy (la calibration pour le 3DXA doit être faite toutes les semaines). Ce délai semble correct mais il demande à être validé sur d'autres sites.

10.3.4 Implantation logicielle

Tous les calculs sont faits automatiquement : l'utilisateur doit simplement acquérir les images en suivant le protocole, les transférer par réseau sur la station de travail et lancer un programme.

Le programme est composé de modules écrits en C++ prenant en entrée un fichier de paramètres. Ces paramètres sont en fait les informations de configuration de la machine. Les images étant au format DICOM, ces informations sont extraites des en-têtes DICOM grâce à des scripts Python. Ces mêmes scripts écrivent les fichiers de paramètres et lancent et contrôlent les modules C++.

Le résultat de la calibration est un ensemble de fichiers : un fichier par plan contenant les informations géométriques (matrice de projection en position de référence et valeur de a), 9 fichiers par FOV et par plan pour les distorsions aux positions de contrôle, un fichier par FOV et par plan contenant la valeur de A et des fichiers contenant les différents champs de distorsions observés pour une matrice 1024, une inversion horizontale, verticale et horizonto/verticale.

10.4 Conclusion

Dans cette partie, nous avons mis sur pied un protocole de calibration de la salle d'angiographie, basé sur les fantômes classiquement fournis avec cette salle, qui permet :

- de retrouver avec une très bonne précision le champ de distorsions par interpolation ;
- de modéliser de manière fiable l'inversion caméra ainsi que le changement de matrice image sous forme de champ de distorsions ;
- d'estimer avec une très bonne précision les paramètres intrinsèques de la projection conique en reliant de manière linéaire la SID à la distance focale ;
- de connaître avec une assez bonne précision l'incidence sous laquelle une image DSA a été prise en considérant un modèle simple de mouvement de l'arceau.

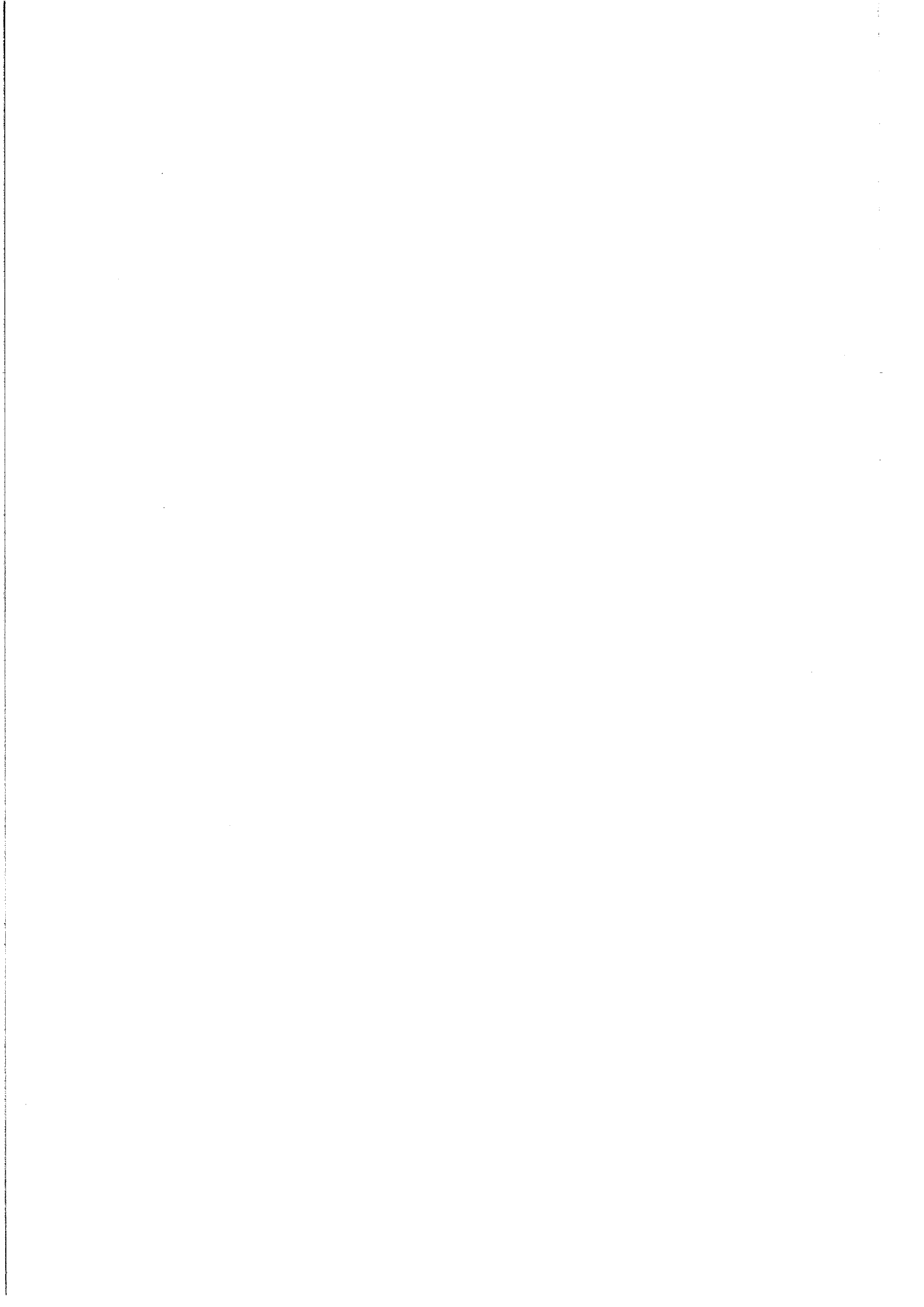
ceci, quelque soit la configuration de la machine.

Le résidu du recalage issu des données capteurs est donc entièrement dû à une imprécision sur l'estimation des paramètres extrinsèques de la projection conique. Cette imprécision est relative dans le cas de la rotation (l'incidence se retrouve assez bien et, concernant le bouger patient, la tête du patient est fixée à la table par une bande velcro : ses mouvements sont donc limités). Pour la partie translation en revanche, non seulement elle est imprécise (les capteurs de la table sont peu fiables en regard de nos contraintes de précision) mais on peut même considérer qu'elle est inconnue : les données relatives aux capteurs de la table n'apparaissent pas dans l'en-tête DICOM. Nous pouvons cependant l'initialiser en imposant le centre du volume 3DXA à se projeter au centre de l'image : manière d'exprimer le fait que des artères sont visibles dans l'image DSA.

Ainsi, nous avons dû développer un algorithme d'affinage du recalage qui se base sur les données image (DSA et 3DXA) pour retrouver la translation et affiner l'estimation de la rotation. Nous allons en faire l'exposé dans la partie suivante.

Quatrième partie

Recalage d'images DSA avec un volume 3DXA



Chapitre 11

Principe et études préliminaires

Nous venons de voir dans la partie précédente que nous pouvions obtenir un recalage entre un volume 3DXA et une image DSA avec une erreur de quelques millimètres en nous basant sur une calibration de la machine d'angiographie associée aux données fournies par les capteurs qui y sont installés. Notre but est cependant d'atteindre une précision de recalage inférieure au millimètre. Nous avons donc besoin d'une étape supplémentaire d'affinage du recalage. Cet chapitre expose le principe de l'algorithme que nous avons mis au point et en prépare l'exposé détaillé par l'étude de l'implantation d'une projection conique en maximum d'intensité (MIP) du volume 3DXA.

11.1 Principe

11.1.1 Un algorithme en deux étapes

Nous nous retrouvons donc dans le cas du problème classique du recalage d'une image vasculaire 3D avec une image DSA. La deuxième partie a passé en revue les différentes techniques qui ont été proposées pour y trouver une solution : elles reposent toutes sur l'utilisation de primitives d'ordre supérieur. Les inconvénients de ces techniques sont, nous l'avons vu, la segmentation difficile, dont le résultat requiert souvent d'être manuellement épuré, et une précision sous-optimale car incorporant l'erreur de la segmentation. Nous nous sommes donc orientés vers l'élaboration d'un algorithme ne nécessitant aucune phase de segmentation et se basant sur la comparaison d'une image DSA avec la projection conique du volume 3DXA.

La situation du recalage à l'issue de l'initialisation par calibration de la machine est la suivante :

- la chaîne image est modélisée comme une caméra réalisant une projection conique : ceci est valide car nous savons corriger les images DSA des distorsions géométriques ;
- cette caméra est calibrée : nous en connaissons les intrinsèques ;
- nous avons également un estimé des intrinsèques : la partie rotation contient une petite erreur tandis que l'erreur en translation est potentiellement infinie (translation inconnue).

Or les extrinsèques représentent la position relative de la caméra et de l'objet imagé. Si nous nous plaçons dans le repère propre de la caméra, nous pouvons donc modéliser la phase d'affinage du recalage comme la recherche de la position du volume 3DXA par rapport à la chaîne image. La figure 11.1 représente cette interprétation : affiner le recalage va donc consister à bouger le volume 3DXA en translation et un peu en rotation jusqu'à ce que sa projection par la matrice correspondant au recalage se superpose de manière optimale à l'image DSA.

Cette comparaison s'effectue en deux étapes qui correspondent aux caractéristiques de l'erreur résiduelle initiale :

- En premier lieu, la translation est estimée en considérant que la rotation est parfaitement connue. Le critère de similarité utilisé est l'intercorrélation centrée et normalisée entre l'image DSA et l'image de projection. Cette étape mène à un estimé pour le recalage qui diffère du recalage recherché par un petit déplacement rigide.

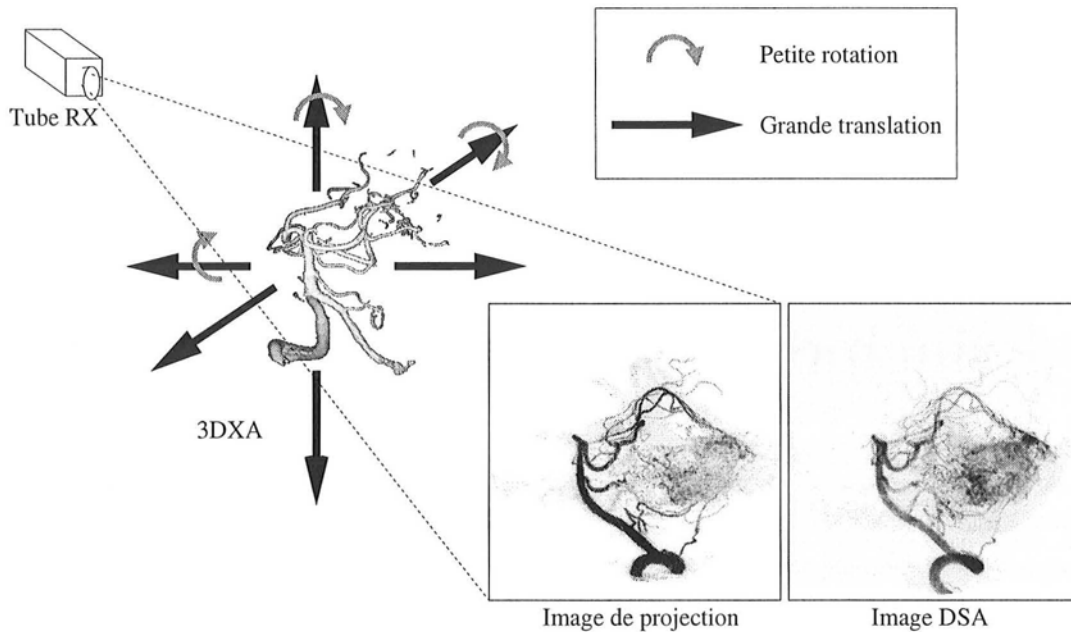


FIG. 11.1 – Principe du recalage 3D/2D et hypothèses à l'issue de la calibration

- Ce petit déplacement rigide est réduit dans une deuxième étape qui se base sur un algorithme original de flux optique modifié.

11.1.2 Images à comparer

Image DSA

Les articles traitant d'un recalage avec une image DSA ne précisent jamais comment celle-ci est choisie. En effet, l'image DSA fait partie d'une séquence d'images parmi lesquelles seulement un petit nombre présente des artères bien injectées (phase artérielle), sans bruit de fond (pas de diffusion du produit de contraste dans le parenchyme) et sans présence de veines. Il faut que l'image DSA montre les mêmes artères que le volume 3DXA pour bénéficier d'un bon cadre de comparaison.

Choisir une image dans la séquence n'est pas toujours possible : dans certaines séries, les images dans lesquelles les petites artères sont bien injectées (celles qui vont nous guider vers un résultat précis) ne montrent pas bien l'axe principal. C'est pourquoi nous avons choisi d'utiliser une image qui intègre toutes les informations de la phase artérielle : c'est l'image de maximum d'opacification jusqu'au rang N (pour laquelle nous emploierons désormais le diminutif "image maxop"). Dans une image DSA, les artères étant noires sur fond clair, cette image est le minimum, pixel à pixel, de toutes les images de début de séquence jusqu'à la numéro N . Formellement, soit une séquence DSA composée de K images $(I_k)_{k \in [1..K]}$, l'image maxop jusqu'au rang N , I_{maxop}^N , est telle que (voir l'image 11.2(b)) :

$$\forall (u,v) \text{ de l'image, } I_{\text{maxop}}^N(x,y) = \min_{n \in [1..N]} \{I_n(u,v)\} \quad (11.1)$$

Cette image est peu bruitée de par l'intégration de l'information sur plusieurs images. De plus, elle est proche du volume 3DXA dans le sens où ce dernier intègre également les informations de la phase artérielle : une acquisition en rotation dure 5 secondes pendant lesquelles le produit de contraste évolue dans les artères. Enfin, l'avantage d'utiliser une image de maximum d'opacification est que la qualité de l'image est moins sensible au rang N choisi. Ce rang N est pour l'instant fixé manuellement lors de la revue de la série mais pourrait dans le futur être déterminé automatiquement. Nous avons effectué

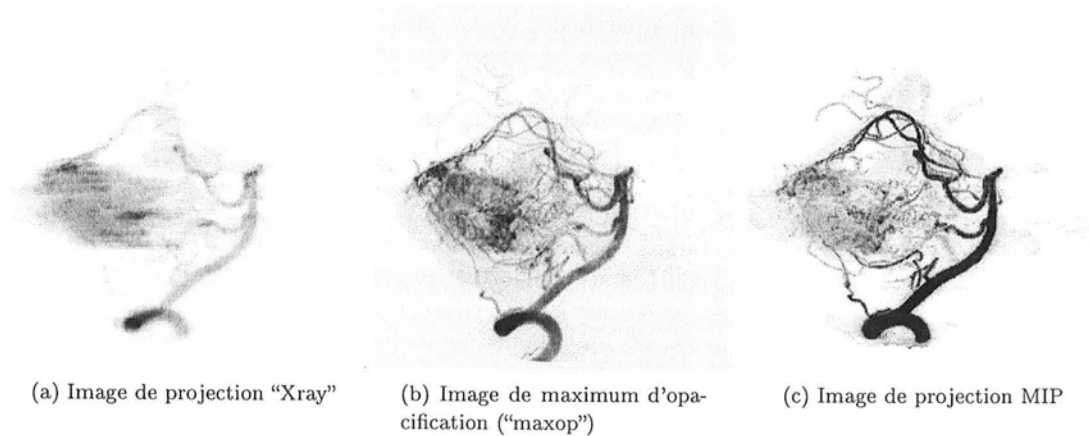


FIG. 11.2 – Comparaison d'une image de projection "Xray" et d'une image de projection "MIP" en regard de l'image de maximum d'opacification

quelques tentatives qui tentaient de localiser l'image de la séquence dans laquelle le produit est le plus stable (en étudiant l'évolution de la moyenne ou de l'entropie à travers la série) mais face aux résultats peu satisfaisants, nous avons opté pour la solution manuelle, sans toutefois désespérer qu'une telle fonctionnalité puisse un jour être implantée de manière fiable.

Enfin, nous avons vu dans la première partie que le processus de soustraction passait par une première phase de remplacement des intensités par leur logarithme dans l'image masque et l'image injectée, suivie par une deuxième phase de soustraction, pour terminer par une troisième phase de remplacement des intensités de l'image soustraite par leur exponentielle. Nous avons systématiquement omis la dernière passe afin d'avoir un processus de formation d'image plus linéaire: la valeur d'un pixel de l'image DSA est égale à la somme des densités rencontrées le long du rayon vecteur associé.

Image de projection

La logique voudrait que nous prenions une projection de type "Xray", c'est-à-dire que chaque pixel de l'image de projection prenne pour valeur la somme des densités rencontrées le long du rayon vecteur (droite reliant au centre optique de la caméra). De manière formelle, si I_{Xray} est l'image de projection "Xray" et $\mathcal{V}(x,y,z)$ est le volume 3DXA, nous avons :

$$\forall (u,v) \text{ de l'image, } I_{\text{Xray}}(u,v) = \int_{\vec{r} \in \Delta_{u,v}} \mathcal{V}(\vec{r}) d\vec{r} \quad (11.2)$$

où $\Delta_{u,v}$ est la droite joignant le centre optique au pixel (u,v) . Il s'avère cependant que cette image est peu contrastée et laisse apparaître trop fortement le bruit de fond présent dans la reconstruction 3DXA (voir l'image 11.2(a)).

Nous avons donc essayé avec une image de projection en maximum d'intensité (MIP pour *Maximum Intensity Projection*): chaque pixel de l'image de projection prend pour valeur la densité maximale rencontrée le long du rayon vecteur. Si I_{MIP} est l'image MIP, nous avons alors :

$$\forall (u,v) \text{ de l'image, } I_{\text{MIP}}(u,v) = \max_{\vec{r} \in \Delta_{u,v}} \{\mathcal{V}(\vec{r})\} \quad (11.3)$$

Cette image présente un contraste beaucoup plus proche de celui de l'image maxop, laissant une place moins importante au bruit de fond; cependant, elle gomme tous les effets de superpositions d'artères (voir l'image 11.2(c)).

La figure 11.2 offre une comparaison de la projection "Xray" et de la projection MIP en regard de l'image de maxop: l'image de projection MIP est visuellement plus proche de l'image DSA que la projection Xray. Nous pouvons proposer une explication à ce fait. L'algorithme tomographique utilisé

pour le 3DXA, reconstruit la densité locale à partir des images injectées soustraites. Un volume 3DXA devrait donc attribuer une valeur constante à tous les voxels atteints par le produit de contraste. On note cependant une distorsion en intensité : les artères de plus faible calibre présentent une intensité plus faible que les gros axes. Cette distorsion se remarque plus dans le cas d'un algorithme de reconstruction algébrique que lorsqu'on se sert d'un algorithme de rétroprojection filtrée.

Deux raisons peuvent être avancées (entre autres) pour justifier un tel artéfact. Les artères de plus petit calibre sont situées en aval des plus gros vaisseaux. Il s'ensuit que les petites artères sont injectées sur moins d'images de l'acquisition rotationnelle que les gros axes. La moyenne effectuée (surtout dans le cas d'une reconstruction algébrique) pour déterminer la valeur finale de chaque voxel attribue donc une valeur d'autant plus faible que le temps d'injection est court, celui-ci étant d'autant plus court que le chemin à parcourir pour atteindre l'artère est long, donc que le diamètre de l'artère est petit. L'autre raison est également liée au fait que les artères de petit calibre sont plus profondes que les gros vaisseaux. Le produit de contraste perfuse le parenchyme et a donc tendance à être plus dilué, sa densité plus faible, quand il atteint ces petits vaisseaux. En revanche, la différence essentielle entre l'image de maximum d'opacification et la vue MIP se retrouve aux endroits de l'image où des vaisseaux se superposent : l'image maxop laisse entrevoir les deux vaisseaux par transparence (addition des densités) alors que l'image MIP ne montre que le vaisseau de plus forte densité. Les zones de superposition représentent cependant une petite proportion des pixels de l'image. Nous avons donc choisi d'être gênés par cet effet mais de bénéficier du très bon contraste des images MIP pour la mise en correspondance des images.

11.2 Projection du volume 3DXA

11.2.1 Raisons de l'étude

Nous avons pour but de comparer une image DSA (ou plutôt de maximum d'opacification) $I_m(x,y)$ avec une image de projection $I_p(x,y)$ au moyen d'un critère de similarité de pixels \mathcal{C} . Le but du recalage est donc de maximiser $\mathcal{C}(I_m, I_p)$. Cette maximisation va se faire par rapport aux six paramètres du déplacement rigide qui représente l'erreur sur la projection à l'issue de l'initialisation par calibration de la machine. L'optimisation qui en découle va demander un assez grand nombre de calculs du critère pour différentes valeurs des paramètres. Or, un seul de ces calculs se fait en trois étapes :

- calcul de la matrice de projection à partir des paramètres (multiplication à droite de la matrice initiale par le déplacement correctif) ;
- projection du volume pour créer I_p ;
- calcul du critère $\mathcal{C}(I_m, I_p)$.

Nous voyons donc que chaque calcul du critère demande une projection du volume. Face à nos contraintes sur le temps de convergence de l'algorithme de recalage, il nous faut donc une procédure de projection qui soit rapide et peu artéfactée.

Dans ce qui suit, nous nous plaçons dans l'espace propre de la caméra modélisée par la projection conique. Dans cet espace, la matrice de projection s'exprime au seul moyen des paramètres intrinsèques. De plus, la phase d'affinage que nous allons décrire considère que les intrinsèques sont connus et ne vise donc à modifier que les extrinsèques. Nous pouvons donc considérer que les intrinsèques vérifient les hypothèses que nous avons faites dans la partie précédente, c'est-à-dire : $\alpha_u = \alpha_v = \alpha$, $c = 0$ et $u_0 = v_0$ tels que (u_0, v_0) est le pixel central de l'image. Nous avons donc :

$$\mathbf{M} = \begin{bmatrix} \alpha & 0 & u_0 & 0 \\ 0 & \alpha & v_0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \end{bmatrix} \quad (11.4)$$

11.2.2 Le *splattting*

Inadéquation des techniques de rétroprojection

Les volumes 3DXA sont stockés sous forme compressée. En effet, chaque volume est codé sur une matrice $512 \times 512 \times 512$ de voxels, chacun codé sur deux octets. Un rapide calcul prouve que la place

mémoire nécessaire pour stocker un volume 3DXA non comprimé est de 256 méga-octets. C'est énorme et même si nous avons à notre disposition un espace disque infini, le traitement d'un tel volume ne pourrait se faire rapidement sur une station de travail classique, par manque de place mémoire. Les volumes sont donc codés par segments : un seuil minimal est défini de telle façon qu'un faible pourcentage de voxels est gardé (typiquement de l'ordre de 7%, sachant que le nombre de voxels correspondant effectivement à des artères est deux fois moindre). Le volume présente alors de larges zones vides. Chaque ligne est considéré comme un ensemble de paires de segments (un vide, un plein) dont les longueurs sont stockées, ainsi que les densités appartenant aux segments pleins. Cette technique permet de réduire la taille des volumes à moins de 20 méga-octets.

Si cette technique de codage est avantageuse d'un point de vue stockage, elle l'est beaucoup moins dès que nous cherchons à réaliser des traitements sur le volume : l'accès à un voxel donné n'est pas donné par un décalage connu a priori comme dans le cas non comprimé. La première technique qui vient à l'esprit pour calculer une image de projection est celle de la rétro-projection : pour chaque pixel de l'image finale, l'équation du rayon-vecteur est établie, puis ce rayon vecteur est lancé à travers le volume. Les densités rencontrées sont extraites (nous utilisons une interpolation trilineaire pour ce faire) et la somme en est faite (projection Xray) ou le maximum déterminé afin d'établir la valeur du pixel. C'est une technique qui a pour avantage de ne créer aucun artéfact dans l'image : tous les pixels sont atteints. En revanche, elle est connue pour être lente et si des techniques d'accélération existent quand les données sont stockées dans un cube (octree par exemple), son implantation pour notre type de données est délicate et très lente (nous avons fait quelques essais et nous dépassions la minute de calcul).

Technique par lancer de rayon : le *splatting*

L'autre idée est de projeter chaque voxel sur l'image. Cette technique ne souffre aucunement de notre mode de stockage, bien au contraire puisque nous évitons de projeter tous les voxels nuls (qui ne participent aucunement au calcul des projections, que ce soit pour le Xray ou le MIP). La difficulté réside ici dans la différence de taille entre un voxel et un pixel : du fait du grossissement de la projection conique, nous aurons soit plusieurs voxels à projeter sur un seul pixel, soit un voxel à projeter sur plusieurs pixels. Dans notre cas, du fait des caractéristiques de la machine et des volumes 3DXA, un voxel se projettera toujours sur plusieurs pixels. La technique primitive qui consiste à associer le voxel courant seulement avec le pixel entourant la projection de son centre va donc mener à une image artéfactée dans laquelle beaucoup de pixels n'auront pas de valeur attribuée : il y a aura des "trous" dans la projection, ce qui est nuisible à un critère de similarité de pixels.

Il nous faut plutôt considérer que chaque voxel à une zone d'influence dans l'image : c'est la technique du *splatting* (par analogie avec une boule de neige qui, une fois lancée, va s'écraser contre un mur, laissant une tache blanche). Dans l'article original [Wes90], Westover expose cette technique dans un cadre infographique : la projection conique est décomposée selon les trois étapes classiques :

- *clipping* : calcul de l'intersection de la scène avec la pyramide de vue. Le résultat est le domaine de la pyramide de vue compris entre deux plans parallèles au plan image : plan passant par le point de la scène le plus proche du centre optique et point passant par le point de la scène le plus éloigné du centre optique ;
- *rectification* : transformation de cette pyramide de vue tronquée en un parallélépipède rectangle. Le centre optique est renvoyé à l'infini par cette transformation ;
- *projection parallèle* du parallélépipède sur le plan image.

L'étape de rectification est l'étape cruciale : c'est à son niveau qu'intervient la déformation du voxel. La zone d'influence du voxel est par la suite la projection parallèle du voxel déformé. La rectification est une transformation linéaire dans l'espace de coordonnées homogènes. La zone d'influence est ainsi définie de manière analytique par une formule matricielle.

Nous avons choisi de présenter ici une version plus géométrique, plus intuitive, plus en accord avec le cadre de la vision par ordinateur. Elle comporte cependant quelques petites approximations, qui n'ont pas de réelle importance dans notre cas, vu la faible taille de zone d'influence d'un voxel. Les formules rigoureuses sont fournies par Westover dans son article [Wes90]. Nous considérerons qu'un voxel occupe le volume d'une sphère de diamètre S_v dans l'espace propre de la caméra, où S_v est la taille voxel (les voxels

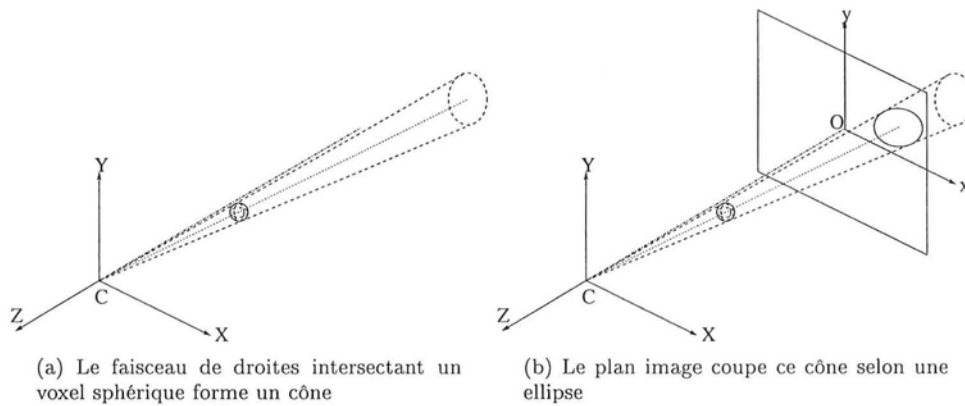


FIG. 11.3 – Zone d'influence d'un voxel sphérique dans le plan image

du 3DXA sont isotropes). La figure 11.3 montre comment déterminer la forme de cette zone d'influence dans ce cas :

- le voxel est traversé par un faisceau de rayons issus du centre optique qui forment un cône (figure 11.3(a)) ;
- la zone d'influence du voxel est donc déterminée par l'intersection de ce cône avec le plan image (figure 11.3(b)) : c'est donc une conique ;
- enfin, cette zone d'influence est entièrement contenue dans le domaine, fini, du plan image correspondant à l'image : c'est donc une conique dont l'étendue planaire est finie, ce que seule l'ellipse vérifie (cela peut ne pas être vrai pour certains voxels du bord mais considérant que la taille de la zone image (30 cm au maximum) est petite devant la distance focale (aux environs d'un mètre) et que de plus le centre optique se projette orthogonalement au centre de l'image ((u_0, v_0) est le centre de l'image), cette propriété sera toujours vérifiée dans la pratique).

Le problème présente une invariance par rotation autour de l'axe optique. Nous pouvons donc dire que le point (u_0, v_0) dans le plan image (centre de l'image pour notre cas) appartient à la droite définissant le grand axe de l'ellipse (ce point est approximativement l'intersection du plan image avec l'axe optique). On en déduit ainsi l'angle θ qui donne l'orientation de l'ellipse dans le plan image, comme le montre la figure 11.4. Le centre de l'ellipse est la projection du centre du voxel dans le plan image (intersection de l'axe principal du cône avec le plan image).

Enfin, pour trouver la taille du grand axe et du petit axe, nous considérons les deux plans passant par le centre du voxel ainsi que celui de l'ellipse et contenant respectivement le grand axe (\mathbf{P}_a) et le petit axe (\mathbf{P}_b) (voir la figure 11.5(a)).

Pour le demi petit axe b , nous obtenons la figure 11.5(c). Si nous notons $P = (X, Y, Z)$ le centre du voxel dans le repère propre de la caméra et $p = (x, y)$ la projection de P dans le plan image (en coordonnées pixels), nous en déduisons que :

$$b = \frac{\alpha' S_v}{2\rho} \tag{11.5}$$

où b est donné en pixels (nous faisons encore ici une approximation). Or d'après la figure 11.5(b), nous avons selon Thalès :

$$\frac{\alpha'}{\rho} = \frac{\alpha}{Z} \tag{11.6}$$

Nous avons donc la formule finale pour b en pixels :

$$\boxed{b = \frac{\alpha S_v}{2Z}} \tag{11.7}$$

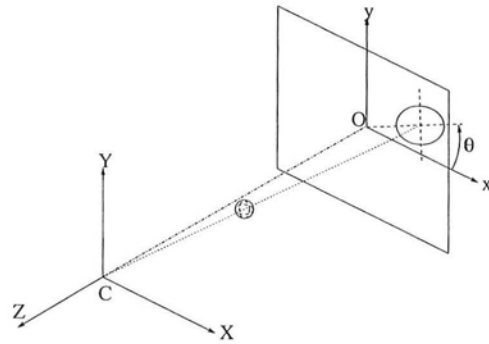
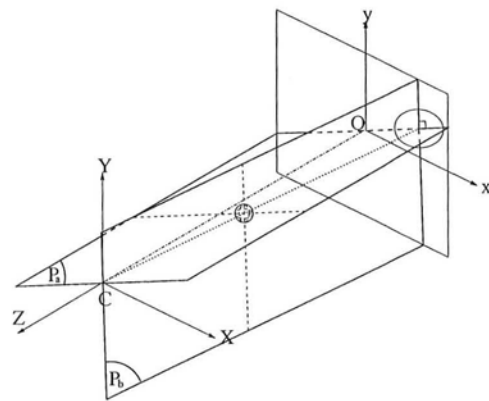
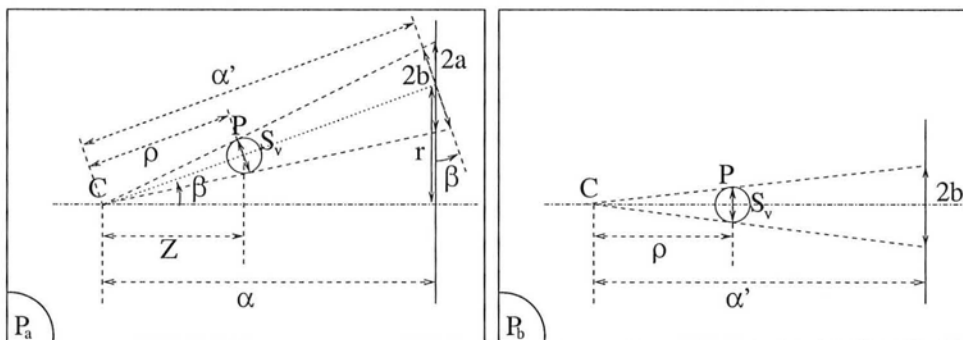


FIG. 11.4 – Détermination de l'orientation de l'ellipse



(a) Plans utilisés



(b) Grand axe

(c) Petit axe

FIG. 11.5 – Détermination de la taille des axes de l'ellipse

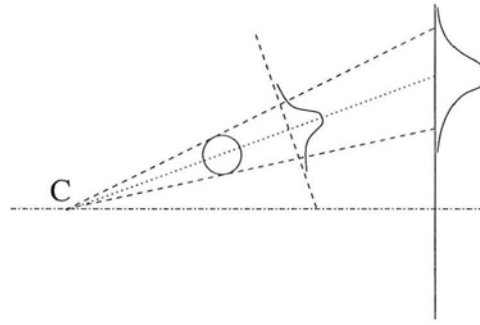


FIG. 11.6 – Définition de l’empreinte et de l’empreinte générique

Pour le grand axe, la figure est un peu modifiée car la droite représentant le plan image est inclinée d’un angle β avec la verticale (voir la figure 11.5(b)). Par comparaison avec la figure précédente, on en déduit :

$$\frac{b}{a} = \cos \beta \quad \text{avec} \quad \tan \beta = \frac{r}{\alpha} = \frac{\sqrt{x^2 + y^2}}{\alpha} \tag{11.8}$$

On en déduit donc :

$$a = \frac{b}{\cos \beta} = b \sqrt{1 + \frac{x^2 + y^2}{\alpha^2}} \tag{11.9}$$

La modélisation du voxel par une sphère peut cependant encore mener à des images artéfactées. Westover étudie donc un modèle plus réaliste du voxel en considérant la fonction de transfert du filtre de numérisation du volume, fonction qu’il suppose à symétrie sphérique. La projection d’une telle fonction est une fonction dans plan image que Westover appelle l’*empreinte* du voxel. Cette empreinte, au même titre que la zone d’influence, va dépendre de la position du voxel dans l’espace propre de la caméra.

Le calcul de cette projection serait fastidieux, devant être fait pour chaque voxel du volume, sans l’astuce suivante : imaginons, comme cela est dépeint sur la figure 11.6, que nous intercalons un plan image virtuel entre le voxel d’intérêt et le plan image tel que ce plan virtuel est orthogonal au rayon vecteur. La projection du voxel dans ce plan virtuel ne dépend pas de la position de ce voxel et se trouve être une fonction dans le plan à symétrie circulaire que Westover appelle l’*empreinte générique*. Si la taille S_v du voxel est définie par la largeur de la fonction de transfert à mi-hauteur, la sphère ainsi obtenue se projette dans le plan virtuel selon un cercle et dans le plan image selon une ellipse. Nous pouvons toujours choisir le plan virtuel de telle manière que le rayon du cercle dans le plan virtuel soit égal à 1. Le passage de l’empreinte générique à l’empreinte du voxel courant se fait alors en déformant l’empreinte générique de telle manière que le cercle se déforme en l’ellipse : expansion horizontale par un facteur b , expansion verticale par un facteur a et rotation autour du centre d’angle θ . L’empreinte n’a plus qu’à être ensuite placée autour de la projection p du centre du voxel P .

Nous avons alors une manière rapide de calculer une projection par lancer de rayon :

- l’empreinte générique est précalculée dans une imagerie : ce calcul fait intervenir la fonction de transfert ainsi que le type de projection (Xray ou MIP) choisi ;
- chaque voxel est passé en revue et projeté : l’empreinte est déduite de l’empreinte générique par une simple transformation affine dépendant de la profondeur Z du voxel courant dans le repère caméra et de la position (x,y) de la projection du centre du voxel dans le plan image. À noter que les coordonnées (x,y) sont reliées aux coordonnées (u,v) classiques (u pour le numéro de colonne et v pour le numéro de ligne, l’origine étant le coin supérieur gauche de l’image) par les formules :

$$\begin{cases} u = x + u_0 \\ v = v_0 - y \end{cases} \tag{11.10}$$

Les images 11.2(a) et 11.2(c) ont été calculées par ce biais : la fonction de transfert choisie est une gaussienne pour la projection Xray, l’empreinte générique étant obtenue par l’intégration de la gaussienne sur la sphère unité, tandis que pour le MIP, la fonction de transfert est constante à l’intérieur de la sphère unité, l’empreinte générique étant alors un simple disque uniforme.

L’algorithme de *splatting* est à présent un standard en synthèse d’images, ayant motivé très tôt des études pour son amélioration (calcul hiérarchique [LH91]). Il n’est pas cependant dénué d’artéfacts, notamment d’aliasing [MMI⁺98] et son implantation pour une projection MIP est délicate [CS98] : si l’on image assez aisément que la projection Xray présentera peu d’erreurs, de par le lissage du résultat contenu dans l’addition des valeurs rencontrées, le calcul d’une vue MIP est plus sensible à la fonction de transfert choisie et peut mener à des irrégularités dans les intensités. C’est pourquoi certains auteurs ont développé des techniques de projection MIP alternatives reposant sur un prétraitement du volume à projeter [ZKV94, OJ98].

11.2.3 Application à notre cas

Essayons d’estimer la taille a maximale que peut atteindre le grand axe de l’empreinte, ainsi que l’excentricité maximale de l’ellipse. Nous avons des images 512×512 . D’après la formule (11.9), nous aurons donc une valeur de a maximale en bord d’image, c’est-à-dire pour $x^2 + y^2 = 2 \times 256^2$. En remplaçant b dans (11.9) par sa valeur établie en (11.7), nous en déduisons que la valeur maximale de a sera trouvée pour α maximal. Or nous savons que $\alpha = f/s_p$ où f est la distance focale du système et s_p la taille pixel. La distance focale peut être estimée aux alentours d’un mètre soit 1000 mm. La taille pixel, quant à elle, est égale à la taille du FOV divisée par la taille de la matrice image (soit 512). Nous aurons donc une valeur de α maximale pour un FOV minimal, soit 11 cm = 110 mm. La taille voxel S_v est fixe à 0.25 mm. Enfin, il nous faut une profondeur Z minimale soit la SOD moins 10 cm (une demi-tête de patient), c’est-à-dire $Z = 705 - 100 = 605$ mm.

Nous trouvons donc une valeur maximale de α de $1000 \times 512/110 = 4654.5$ pixels. Ce qui donne une valeur maximale de a de :

$$a_{\max} = \frac{\alpha S_v}{2Z} \sqrt{1 + \frac{x^2 + y^2}{\alpha^2}} \quad (11.11)$$

Comme α est très grand devant la valeur maximale de $x^2 + y^2$ (21664370.25 face à 131072), nous avons donc :

$$a_{\max} \approx \frac{\alpha S_v}{2Z} \left(1 + \frac{x^2 + y^2}{2\alpha^2} \right) \quad (11.12)$$

Nous avons alors la valeur numérique :

$$a_{\max} = \frac{4654.5 \times 0.25}{2 \times 605} \left(1 + \frac{2 \times 256^2}{2 \times 4654.5^2} \right) = 0,96 \text{ pixels} \quad (11.13)$$

Le rapport de a sur b vaut, d’après l’équation (11.9) :

$$\frac{a}{b} = \sqrt{1 + \frac{x^2 + y^2}{\alpha^2}} \quad (11.14)$$

Nous pouvons à nouveau employer une approximation :

$$\frac{a}{b} \approx 1 + \frac{x^2 + y^2}{2\alpha^2} \quad (11.15)$$

Ce rapport sera donc maximal pour $x^2 + y^2$ maximal, c’est-à-dire en bord d’image, et α minimal, c’est-à-dire pour le plus grand FOV. La valeur maximal de $x^2 + y^2$ est donc à nouveau de 2×256^2 et la valeur minimale de α est $1000 \times 512/300 = 1706.7$ pixels. Nous avons alors un rapport maximal de :

$$\left(\frac{a}{b} \right)_{\max} = 1 + \frac{2 \times 256^2 \times 300^2}{2 \times 1000^2 \times 512^2} = 1.0225 \quad (11.16)$$

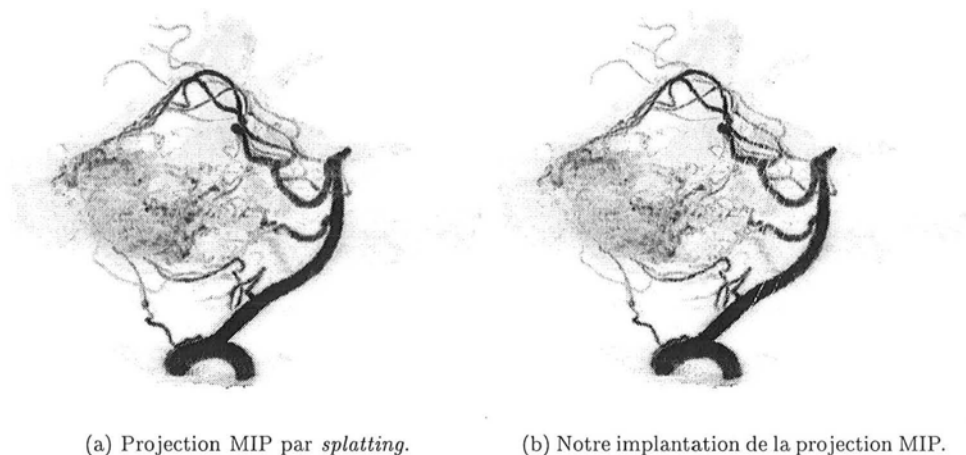


FIG. 11.7 – Comparaison de la projection MIP obtenue idéalement par *splatting* et de la projection MIP rapide issue d'approximations

En conclusion, l'empreinte d'un voxel sera en pratique un cercle de rayon au plus 1 pixels (éventuellement 1,5 pixels pour des SID plus petites que le mètre). Nous pouvons donc considérer que l'empreinte sera constante. Nous pouvons de plus, l'approcher par un carré (et non un cercle) de côté $2b = \alpha S_v / Z$, Z variant avec la position du voxel considéré. Ces considérations conduisent à une implantation beaucoup plus efficace de la projection MIP : notre code n'est sans doute pas optimal mais nous avons pu passer d'une vingtaine de secondes à un peu moins d'une seconde sur une station de travail UltraSparc (Sun) cadencée à 200 Mhz. Le résultat est cependant légèrement artéfacté : certains pixels ne sont pas atteints, ce qui crée des trous dans l'image. Nous avons cependant choisi de subir ce faible niveau d'artéfacts en regard de l'importante amélioration du temps de calcul. Afin que le lecteur se rende compte de la somme d'artéfacts avec lesquels nous devons compter, nous avons mis en vis à vis, sur la figure 11.7, le résultat de la projection MIP par *splatting* et le résultat par l'approximation que nous en avons faite (les artéfacts apparaissent dans l'image MIP approchée sous la forme des lignes obliques blanches).

11.3 Conclusion

Nos contraintes quant à la précision du recalage nous ont poussé à explorer l'emploi de critères de similarité de pixels pour l'affiner. Nous avons cependant vu que l'optimisation de tels critères requiert dans le cas du recalage 3D/2D de nombreux calculs de projection MIP.

Une étude préliminaire a donc porté sur la recherche d'une implantation de la projection MIP qui soit à la fois rapide et de bonne qualité. Nous avons ainsi abouti à la définition d'une approximation de la technique du *splatting* qui produit des images très faiblement artéfactées en une seconde. Ce temps est à la fois court (en absolu) et long (si de multiples calculs doivent être réalisés). Nous allons à présent voir comment minimiser le nombre de calculs de projections MIP dans le cadre de l'affinage du recalage d'images angiographiques 3D/2D par optimisation de critères de similarité de pixels.

Chapitre 12

Description de l'algorithme

Ce chapitre expose dans le détail l'algorithme d'affinage du recalage que nous avons mis au point. Il repose sur la comparaison d'une image de maximum d'opacification extraite de la séquence DSA et d'une image de projection conique MIP du volume 3DXA. À partir de l'estimé fourni par la calibration de la machine et les données capteurs, une première phase réduit l'erreur en translation, potentiellement très grande, puis une deuxième étape affine le recalage en déterminant le petit déplacement rigide résiduel grâce à une technique de flux optique modifiée.

Nous verrons pour chacune de ces phases quel en est le principe, quelles approximations peuvent être faites afin d'accélérer le calcul en minimisant le nombre de projections MIP, et enfin quelle procédure d'optimisation nous avons choisie.

12.1 Estimation de la translation

Nous supposons dans un premier temps que la rotation est parfaitement connue. Nous recherchons donc une translation, potentiellement très grande. Nous commençons par l'initialiser de telle manière que le centre du volume 3DXA se projette au centre de l'image (voir la formule (10.1)) : en l'absence de toute autre information (par exemple les données des capteurs de position de la table), cette initialisation est en une position moyenne qui nous assure de plus que nous verrons des artères dans l'image MIP initiale, sur lesquelles nous pourrions baser notre recalage, au moins dans un premier temps.

12.1.1 Critère de similarité

La comparaison de l'image MIP et de l'image maxop se fait par la fonction d'intercorrélation centrée normalisée. Les images étant bien contrastées, le centrage se fait par rapport à la moyenne des images dans la zone commune \mathcal{D} : cela évite de prendre en compte le bruit de fond dans le calcul du critère (erreurs de soustraction, etc.). La formule du critère de comparaison de l'image maxop, I_{\maxop} , et de l'image MIP I_{MIP} est donc :

$$\gamma = \frac{\sum_{(x,y) \in \mathcal{D}} (I_{\maxop}(x,y) - \bar{I}_{\maxop})(I_{\text{MIP}}(x,y) - \bar{I}_{\text{MIP}})}{\sqrt{\sum_{(x,y) \in \mathcal{D}} (I_{\maxop}(x,y) - \bar{I}_{\maxop})^2 \sum_{(x,y) \in \mathcal{D}} (I_{\text{MIP}}(x,y) - \bar{I}_{\text{MIP}})^2}} \quad (12.1)$$

où \bar{I}_{\maxop} et \bar{I}_{MIP} sont les moyennes respectives de I_{\maxop} et I_{MIP} sur le domaine commun \mathcal{D} .

12.1.2 Accélération

Chaque calcul du critère demande une projection MIP (calcul de I_{MIP}). Notre idée fut d'étudier la transformation qui permet de passer d'une image MIP, projetée par la matrice \mathbf{M} à une autre, projetée par la matrice \mathbf{M}' , lorsque ces deux matrices ne diffèrent que par une translation $T = (T_x, T_y, T_z)$.

Considérons un point $P = (x, y, z)$ de l'espace de référence. Il se projette sur la première image en (u, v) et sur la deuxième image en (u', v') . Nous avons alors :

$$\mathbf{M}'P = \begin{pmatrix} s'u' \\ s'v' \\ s' \end{pmatrix} = \mathbf{M}P + T = \begin{pmatrix} su \\ sv \\ s \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} T_x \\ T_y \\ T_z \end{pmatrix} \quad (12.2)$$

Nous rappelons que nos matrices de projection sont normalisées par la méthode de Toscani [Tos87].

On en déduit donc que :

$$\begin{cases} u' = \frac{s}{s + T_z}u + \frac{T_x}{s + T_z} \\ v' = \frac{s}{s + T_z}v + \frac{T_y}{s + T_z} \end{cases} \quad (12.3)$$

Cette formule permet une interprétation de T : T_x et T_y provoquent une translation de l'image initiale alors que T_z effectue un zoom. Cette homothétie a pour centre le coin supérieur gauche de l'image. Elle s'accompagne donc d'une translation des structures dans l'image. Cette dépendance des paramètres nuit à l'optimisation.

Si maintenant nous tentons de reparamétriser le problème par une translation $(\delta u, \delta v)$ parallèle au plan image, associée à un grossissement G par rapport au centre de l'image (u_c, v_c) , nous obtenons (ces paramètres sont, eux, indépendants) :

$$\begin{cases} u' = Gu + G\delta u + (1 - G)u_c \\ v' = Gv + G\delta v + (1 - G)v_c \end{cases} \quad (12.4)$$

Les paramètres δu , δv et G , plus intuitifs, se prêtent mieux à l'optimisation de la corrélation. Ils ne sont cependant pas équivalents au vecteur T . En effet, s dépend des coordonnées (x, y, z) du point P . Nous avons donc considéré que s était constant sur tout le volume, ce qui revient à considérer que ce volume est ponctuel. On peut estimer que la reconstruction 3DXA occupe une sphère de 15 cm de diamètre, située à mi-distance entre le point focal et le plan image, dans un système dont la distance focale est de l'ordre du mètre. L'approximation peut sembler grossière mais les matrices obtenues en pratique indiquent que la variation de s est de l'ordre de 1%. L'hypothèse est donc valide dans notre cas, et nous pouvons identifier (12.3) et (12.4) pour déterminer une bijection entre T et le triplet $(\delta u, \delta v, G)$:

$$\begin{cases} T_x = s \left(\delta u + \frac{1 - G}{G} u_c \right) \\ T_y = s \left(\delta v + \frac{1 - G}{G} v_c \right) \\ T_z = s \frac{1 - G}{G} \end{cases} \quad (12.5)$$

s étant une constante estimée au centre du volume, c'est-à-dire $s = m_{2,3}$, le composant de la matrice \mathbf{M} situé sur la dernière ligne et la dernière colonne.

À partir d'une projection initiale, nous pouvons donc déduire l'image que l'on obtiendrait si nous reprojeteons le volume après lui avoir fait subir une translation, au moyen d'une simple transformation dans le plan image. À titre indicatif, le calcul de la projection MIP suivi de la corrélation prend 1 seconde : ce temps descend à 40 millisecondes en employant l'approximation (pour des images 512×512 , sur une station de travail UltraSparc (Sun) cadencée à 200 Mhz).

12.1.3 Optimisation

Difficulté du problème

Le fait que les images contiennent des structures en arbre crée de nombreux maxima locaux du critère. La figure 12.1 prend un exemple simple d'artères et montre le profil de corrélation pour une translation

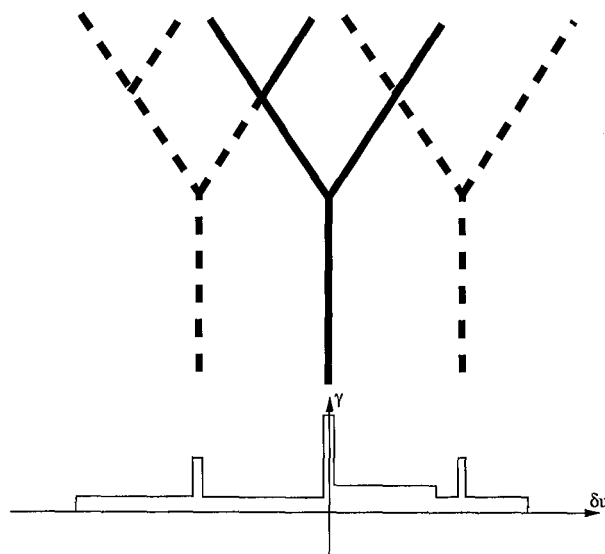


FIG. 12.1 – Présence de nombreux optima locaux dans le critère de similarité de pixels pour le recalage de l'arbre vasculaire

horizontale: on remarque deux pics de corrélation de part et d'autre du pic principal à cause d'un alignement temporaire de deux artères (positions en pointillés). Contrairement à l'usage qui voudrait que la réalité soit plus sympathique que les cas pathologiques sortis de l'esprit torturé du chercheur, cette configuration va se rencontrer dans tous les cas de recalage ou presque: l'alignement temporaire de deux artères ou plusieurs artères, pourtant non homologues, crée un pic de corrélation secondaire. Nous tenons à souligner le fait que cela sera vrai quelque soit le critère de similarité de pixels.

Initialisation exhaustive à basse résolution

La section précédente nous a apporté une manière très rapide d'effectuer un calcul de corrélation. Nous pouvons donc commencer par nous approcher de la position optimale à basse résolution en calculant le critère de manière exhaustive:

- la *résolution* est choisie de manière à ce que les artères principales (de diamètre supérieur ou égal à 2 mm) soient conservées: nous pouvons donc utiliser une **matrice de 64 × 64 pixels** (au pire, en FOV de 22 cm, nous obtenons une taille pixel de 2.3 mm (SID minimale de 900 mm). En FOV de 30 cm, très rarement utilisé en neuroradiologie interventionnelle, nous devons passer en matrice 128 × 128). Le temps de calcul de la corrélation en résolution 64 × 64 est un peu inférieur à la milliseconde;
- les *bornes* pour les paramètres sont contraintes par la machine d'angiographie: G est relié à T_z par l'intermédiaire de la formule (12.5), nous considérons G compris entre 0.75 et 1.3, ce qui correspond à des valeurs de T_z pouvant varier de +300 mm à -360 mm, pour une distance focale de l'ordre du mètre et sachant que le patient est toujours à une distance minimale du tube (de l'ordre de 500 mm); δu et δv sont quant à eux fixés par la contrainte que les images doivent se superposer sur au moins un quart de leur surface (compatible avec la contrainte que nous imageons toujours l'intérieur du crâne), ils varient donc de ± 16 pixels;
- les *pas de variations* sont le pixel pour δu et δv et pour G , nous avons considéré le pas qui permet d'obtenir par zoom une image d'une ligne et d'une colonne plus grosse que l'image originale: nous avons donc à explorer 32 valeurs pour δu , 32 valeurs pour δv et 35 valeurs pour G .

La phase d'initialisation exhaustive demande donc $32 \times 32 \times 35 = 35840$ calculs de corrélation à moins de 1 ms par calcul, ce qui mène à un temps de 30 secondes environ.

Affinage pseudo-exhaustif à pleine résolution

Nous nous sommes assurés de conserver les artères principales dans les images utilisées pour la première phase exhaustive. Nous savons donc que le recalage obtenu à l'issue de cette phase est situé dans le bassin d'attraction de l'optimum global. Nous nous en rapprochons par une recherche pseudo-exhaustive (algorithme de Studholme, voir la section 5.4.3) en utilisant des images à pleine résolution (512×512).

Il faut cependant noter que le paramètre G est très différent de δu et δv :

- de par son amplitude : G varie entre 0.75 à 1.3 alors que δu et δv peuvent prendre des valeurs allant de -128 à +128 ;
- de par sa nature : G a un effet multiplicatif (évolution exponentielle) alors que δu et δv sont additifs. Passer d'un zoom de 0.5 à 1.5 (+1) n'a pas le même effet visuel que passer d'un zoom 1 à 2 (+1), tandis que passer d'une translation 0 à 10 (+10) ne présente visuellement aucune différence avec un passage de 10 à 20 (+10) ;
- de par son influence : G aura un effet plus important en bord d'image qu'au centre, tandis que l'effet de δu et δv est le même en tout point de l'image.

Ce problème lié à la disparité des paramètres est bien connu en optimisation : Maes, dans sa thèse [Mae98], y fait aussi face pour le recalage 3D/3D pour lequel les paramètres qu'il place "dans le plan de coupe" (*in-plane parameters*: rotation autour de l'axe orthogonal au plan de coupe et les deux translations parallèles au plan de coupe) sont différents, en terme de résolution, de ceux que l'on retrouve "en-dehors du plan de coupe" (*out-of-plane parameters*: les deux rotations et la translation restantes). Il trouve une meilleure qualité de l'optimisation quand ces deux groupes de paramètres sont optimisés séparément. Nous faisons de même ici : nous alternons l'optimisation conjointe de δu et δv avec celle de G seul.

Cette phase pseudo-exhaustive est très rapide car nous sommes déjà très près de l'optimum à l'issue de la phase exhaustive. Elle prend moins de 10 secondes : projection MIP du volume par le recalage déduit de la phase exhaustive puis optimisation par l'algorithme de Studholme en utilisant notre approximation pour effectuer les calculs de corrélation (matrice 512×512).

12.2 Estimation du déplacement rigide résiduel

12.2.1 Modélisation de l'erreur

Les paramètres δu , δv et G étant trouvés, nous mettons à jour la matrice de projection M donnant le recalage et reprojeteons le volume 3DXA pour obtenir une nouvelle image MIP. Cette image est très proche de l'image maxop mais nous pouvons cependant noter une erreur résiduelle. Cette erreur regroupe l'erreur en rotation de la calibration de la machine mais aussi une erreur résiduelle en translation issue de la première phase : cette phase tente en effet de corriger l'erreur due à la rotation par une translation.

À ce niveau de l'algorithme, l'erreur du recalage, ou comme l'avons vu, l'erreur de positionnement du volume 3DXA dans le repère propre de la caméra, est un petit déplacement rigide. Cette modélisation est exacte dans la limite où nos images sont parfaitement corrigées des distorsions (l'image maxop corrigée est issue d'une projection conique idéale) et les paramètres intrinsèques de la matrice de projection sont parfaitement connus. L'image MIP est suffisamment proche de l'image maxop pour se prêter à un calcul de flux optique : les artères principales se chevauchent majoritairement. Nous allons à présent dériver les équations associées au champ de déplacement.

12.2.2 Notations

Pour un vecteur V , nous notons \tilde{V} la matrice 3×3 telle que quelque soit le point P de l'espace, nous avons :

$$\tilde{V}P = V \times P \quad (12.6)$$

Nous avons donc, si $V = (v_x, v_y, v_z)^t$:

$$\tilde{V} = \begin{bmatrix} 0 & -v_z & v_y \\ v_z & 0 & -v_x \\ -v_y & v_x & 0 \end{bmatrix} \quad (12.7)$$

De plus, nous utilisons le point pour indiquer une dérivation par rapport au temps. Par exemple:

$$\dot{X} = \frac{\partial X}{\partial t} \quad (12.8)$$

désigne la dérivée partielle de X par rapport au temps t , X étant supposée être une fonction du temps t .

12.2.3 Projection d'un déplacement 3D : déplacement apparent

Équation fondamentale

Soit un point $P = (X, Y, Z)^t$ dans l'espace. On lui applique un déplacement rigide $D = [\mathbf{R}|T]$ où $T = (U, V, W)^t$ est une translation dans l'espace et \mathbf{R} est une rotation qui se décompose en trois rotations élémentaires autour des axes du repère:

$$\mathbf{R} = \mathbf{R}_A \mathbf{R}_B \mathbf{R}_C \quad (12.9)$$

avec

$$\mathbf{R}_A = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & \cos A & -\sin A \\ 0 & \sin A & \cos A \end{bmatrix} \quad (12.10)$$

$$\mathbf{R}_B = \begin{bmatrix} \cos B & 0 & \sin B \\ 0 & 1 & 0 \\ -\sin B & 0 & \cos B \end{bmatrix} \quad (12.11)$$

$$\mathbf{R}_C = \begin{bmatrix} \cos C & -\sin C & 0 \\ \sin C & \cos C & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (12.12)$$

Soit $P' = (X', Y', Z')^t$ le point obtenu après le déplacement. Nous avons:

$$P' = \mathbf{R}P + T \quad (12.13)$$

soit

$$P' - P = (\mathbf{R} - \mathbf{I})P + T \quad (12.14)$$

Considérons maintenant que le mouvement est instantané. Ceci signifie que le temps mis pour que P se déplace en P' est très petit. Ceci implique également qu'on peut considérer les angles A, B et C comme petits. Nous pouvons alors noter:

$$P' - P = \dot{P} \quad (12.15)$$

et considérons:

$$\tilde{\Omega} = \mathbf{R} - \mathbf{I} \quad (12.16)$$

avec $\Omega = (A, B, C)^t$. D'où l'équation fondamentale associée au problème:

$$\dot{P} = \Omega \times P + T \quad (12.17)$$

Projection

Considérons que le point P est exprimé dans le repère propre de la caméra. Si P se projette dans le plan image en (u, v) , nous avons²³:

$$u = \alpha \frac{X}{Z} \quad (12.18)$$

$$v = \alpha \frac{Y}{Z} \quad (12.19)$$

Après le mouvement par D , le point P se transforme en P' qui se projette en (u', v') . En considérant que ce mouvement est instantané, nous obtenons :

$$u' - u = \dot{u} \quad \text{et} \quad v' - v = \dot{v} \quad (12.20)$$

Nous obtenons ainsi la projection du mouvement par D par dérivation de (12.18) et (12.19):

$$\begin{aligned} \dot{u} &= \alpha \frac{\dot{X}}{Z} - \alpha \frac{X}{Z} \frac{\dot{Z}}{Z} \\ &= \alpha \frac{\dot{X}}{Z} - u \frac{\dot{Z}}{Z} \end{aligned} \quad (12.21)$$

$$\begin{aligned} \dot{v} &= \alpha \frac{\dot{Y}}{Z} - \alpha \frac{Y}{Z} \frac{\dot{Z}}{Z} \\ &= \alpha \frac{\dot{Y}}{Z} - v \frac{\dot{Z}}{Z} \end{aligned} \quad (12.22)$$

L'expansion de (12.17) donne :

$$\dot{X} = BZ - CY + U \quad (12.23)$$

$$\dot{Y} = CX - AZ + V \quad (12.24)$$

$$\dot{Z} = AY - BX + W \quad (12.25)$$

Nous avons alors:

$$\dot{u} = \alpha \left(B - C \frac{Y}{Z} + \frac{U}{Z} \right) - u \left(A \frac{Y}{Z} - B \frac{X}{Z} + \frac{W}{Z} \right) \quad (12.26)$$

$$\dot{v} = \alpha \left(C \frac{X}{Z} - A + \frac{V}{Z} \right) - v \left(A \frac{Y}{Z} - B \frac{X}{Z} + \frac{W}{Z} \right) \quad (12.27)$$

Soit:

$$\dot{u} = \alpha B - Cv - \frac{A}{\alpha} uv + \frac{B}{\alpha} u^2 + \frac{1}{Z} (\alpha U - Wu) \quad (12.28)$$

$$\dot{v} = -\alpha A + Cu + \frac{B}{\alpha} uv - \frac{A}{\alpha} v^2 + \frac{1}{Z} (\alpha V - Wv) \quad (12.29)$$

Le champ de vecteurs (\dot{u}, \dot{v}) , ou champ des vitesses, représente la projection du déplacement D dans le plan image. Nous allons à présent voir comme le déterminer par un calcul de flux optique.

12.2.4 Flux optique

Dans l'hypothèse où l'intensité des objets dans les images est constante (c'est le cas typiquement dans une séquence vidéo), la projection du mouvement 3D génère un flux optique. Horn et Schunck [HS81], ont les premiers mis au point un algorithme efficace pour déterminer le flux optique entre deux images.

23. On suppose que le repère du plan image est tel que $u_0 = v_0 = 0$.

Le nom même de flux optique a par la suite été étendu à tout calcul de mouvement apparent dans une séquence d'images.

Le principe de base pour déterminer le flux optique entre deux images est l'hypothèse que l'intensité des objets visualisés ne change pas :

$$\frac{dI}{dt} = 0 \quad (12.30)$$

où I est l'intensité dans les images. Il est ainsi à noter qu'un objet en mouvement peut générer un flux optique nul : c'est le cas pour une sphère en rotation autour de son diamètre vertical. À l'opposé, un objet immobile peut s'entourer d'un flux optique si, par exemple, la source lumineuse varie, soit en position, soit en intensité.

L'équation (12.30) s'écrit également :

$$\frac{\partial I}{\partial u} \frac{\partial u}{\partial t} + \frac{\partial I}{\partial v} \frac{\partial v}{\partial t} = -\frac{\partial I}{\partial t} \quad (12.31)$$

ou encore:

$$I_u \dot{u} + I_v \dot{v} = -I_t \quad (12.32)$$

où I_u, I_v et I_t représentent les dérivées partielles de l'intensité par rapport à u, v et t respectivement, c'est-à-dire les gradients horizontaux, verticaux et temporels dans l'image.

Si maintenant on note $\vec{F}(u,v)$ le flux optique dans l'image, on en déduit:

$$\vec{\nabla} I(u,v) \cdot \vec{F}(u,v) = -I_t \quad (12.33)$$

on en déduit que la composante du flux le long du gradient spatial vaut :

$$-\frac{I_t}{\sqrt{I_u^2 + I_v^2}} \quad (12.34)$$

Cette équation, en revanche, ne nous donne aucune information sur la composante du flux parallèle aux contours d'iso-intensité (*id est* orthogonale au gradient spatial). Il nous faut donc des contraintes supplémentaires sur le flux optique pour pouvoir le déterminer.

On peut retrouver trois grandes familles de contraintes (liste non-exhaustive) à travers les trois articles suivants:

- Campani et Verri [CV90] supposent que le flux optique est linéaire sur une imagerie. Cette contrainte locale donne lieu à un système linéaire à 6 variables (4 paramètres pour plan local et 2 pour le flux optique au centre de l'imagerie) qu'ils résolvent par les moindres carrés.
- Rakshit et Anderson [RA97] décomposent leurs images dans une base de fonctions orthogonales (par exemple sur une base d'ondelettes). Ils en déduisent des équations que doivent satisfaire le flux optique en partant de l'équation de base (12.30).
- Horn et Schunck [HS81] imposent quant à eux des contraintes globales de lissage du flux optique. La première contrainte évoquée est la minimisation de la norme du gradient du flux optique dans les deux directions de l'image :

$$\left\| \frac{\partial F}{\partial u} \right\|^2 = \left(\frac{\partial \dot{u}}{\partial u} \right)^2 + \left(\frac{\partial \dot{v}}{\partial u} \right)^2 \quad \text{et} \quad \left\| \frac{\partial F}{\partial v} \right\|^2 = \left(\frac{\partial \dot{u}}{\partial v} \right)^2 + \left(\frac{\partial \dot{v}}{\partial v} \right)^2 \quad (12.35)$$

L'autre contrainte évoquée est la minimisation des laplaciens du flux:

$$\nabla^2 \dot{u} = \frac{\partial^2 \dot{u}}{\partial u^2} + \frac{\partial^2 \dot{u}}{\partial v^2} \quad \text{et} \quad \nabla^2 \dot{v} = \frac{\partial^2 \dot{v}}{\partial u^2} + \frac{\partial^2 \dot{v}}{\partial v^2} \quad (12.36)$$

Les deux auteurs optent dans leurs exemples pour le premier critère.

Il existe de nombreuses autres méthodes mais celles que nous venons de décrire brièvement ont l'avantage de fonctionner avec seulement deux images. Horn et Schunck dans leur article soulignent que l'estimation du flux optique est nettement plus stable si nous pouvons utiliser plusieurs images d'une séquence vidéo.

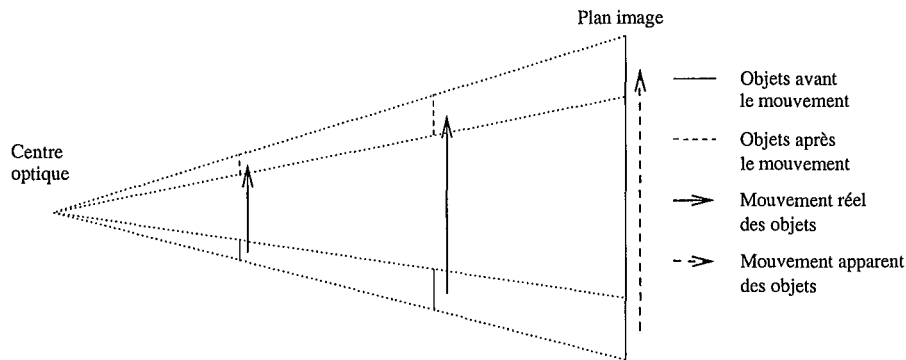


FIG. 12.2 – Indétermination des paramètres 3D du mouvement à partir du mouvement apparent

12.2.5 Notre contrainte

Le problème de la profondeur

Nous pouvons voir que si nous pouvons associer à chaque pixel une valeur de Z (profondeur de l'objet dans le repère propre de la caméra), nous pouvons alors, connaissant le champ de vecteurs (\dot{u}, \dot{v}) , déterminer le déplacement D qui l'a généré (voir les équations (12.28) et (12.29)).

Cependant, en règle générale, on ne peut pas déterminer un unique Z pour chaque pixel de l'image. Il s'ensuit une indétermination qui s'exprime dans le fait que seuls 5 degrés de liberté apparaissent dans le champ des vitesses. Ainsi, nous pouvons déterminer, par exemple, les valeurs des trois angles (A, B et C) et une direction de translation. Ceci se conçoit très bien en imaginant qu'un objet qui bouge en translation produira exactement le même champ de déplacement qu'un objet 2 fois plus gros, mais deux fois plus éloigné de la source que le premier objet, et bougeant deux fois plus vite (cf. figure 12.2).

Le lecteur trouvera un excellent exposé concernant les différentes combinaisons de paramètres qui peuvent être retrouvées, et avec quelles méthodes et quelle précision, dans l'article de Gupta [GK95]. Une autre référence incontournable étant l'article dans lequel Koenderink [KvD75] dérive les propriétés invariantes du champ des vitesses.

On peut d'autre part remarquer que les équations associées au flux optique pourraient permettre de ramener la projection d'un volume légèrement bougé à une simple transformation dans le plan image si ce n'était la présence du Z dans ces équations :

$$\begin{pmatrix} u' \\ v' \end{pmatrix} = f(u, v, Z) \quad (12.37)$$

Afin d'analyser son influence sur l'image, nous avons dans un premier temps dérivé une transformation 2D en considérant la profondeur constante (comme nous avons fait pour la corrélation) : $Z = Z_0$. La différence entre l'image transformée et l'image obtenue après avoir réellement déplacé le volume dans l'espace (puis reprojété) est flagrante : comme on pouvait s'y attendre, la transformation 2D est incapable de rendre compte des incohérences présentes dans l'image lors d'une rotation du volume (quand les parties du volume entre le centre optique et le centre de rotation "montent" dans l'image, les parties entre le centre de rotation et le plan image "descendent", et vice-versa).

Comment obtenir ce Z ? Waxman et al. [WKPS87] une résolution directe des paramètres du mouvement rigide en injectant dans les équations une hypothèse sur la forme de l'objet imagé : la surface de l'objet doit pouvoir être approchée à l'ordre 2. Aloimonos et al. [AT90] font quant à eux l'hypothèse que la profondeur Z d'un voxel dans le repère caméra est une fonction de ses deux autres coordonnées, c'est-à-dire qu'il existe g telle que $Z = g(X, Y)$. En fait, ils supposent simplement qu'à chaque pixel (u, v) de l'image, une unique profondeur Z peut être associée. Dans notre cas, rappelons-nous que la projection que nous utilisons est la projection MIP. Cette projection sous-entend que la valeur de chaque pixel est déduite d'un seul voxel (celui dont l'intensité est maximale le long du rayon vecteur associé au pixel). L'idée nous est donc venue que de la même manière, le Z associé au voxel d'intensité maximale était le

meilleur candidat pour servir dans les équations du flux optique :

$$\begin{pmatrix} u' \\ v' \end{pmatrix} = f(u,v) \quad \text{car} \quad Z = Z(u,v) \quad (12.38)$$

Il s'avère que la superposition est parfaite si on suit cette hypothèse (l'essai a été fait pour des angles jusqu'à une dizaine de degrés).

Inversions des équations du champ des vitesses

Déterminons le champ des vitesses (\dot{u}, \dot{v}) par une méthode de flux optique (par exemple celle de Horn et Schunck). Nous avons vu comment associer à chaque pixel une unique profondeur $Z(u,v)$: les équations (12.28) et (12.29), appliquées à chaque pixel de l'image, mènent alors à un système qui peut être inversé.

L'ennui de cette méthode est le passage par une résolution intermédiaire du flux optique qui implique des contraintes un peu "artificielles", ou en tout cas peu en rapport avec notre problème : nous n'avons que 6 paramètres à déterminer et beaucoup de pixels où l'effet du déplacement se fait sentir à travers le flux optique. Il serait plus judicieux d'utiliser comme contrainte celle qui est sous-entendue depuis le début de cette section : le champ des vitesses est issu d'un mouvement rigide.

Ceci se formalise très simplement : il suffit de combiner les équations (12.28) et (12.29) (qui expriment notre contrainte de mouvement rigide générateur du champ des vitesses) avec l'équation (12.32) (qui expriment que le champ des vitesses peut être approché par le flux optique). Nous obtenons alors une équation linéaire pour chaque pixel de l'image :

$$\begin{aligned} A \left[-I_u \frac{uv}{\alpha} - I_v \left(\alpha + \frac{v^2}{\alpha} \right) \right] + B \left[I_u \left(\alpha + \frac{u^2}{\alpha} \right) + I_v \frac{uv}{\alpha} \right] + C \left[uI_v - vI_u \right] \\ + U \left[I_u \frac{\alpha}{Z(u,v)} \right] + V \left[I_v \frac{\alpha}{Z(u,v)} \right] + W \left[-I_u \frac{u}{Z(u,v)} - I_v \frac{v}{Z(u,v)} \right] = -I_t \quad (12.39) \end{aligned}$$

où les gradients I_u , I_v et I_t sont calculés en (u,v) .

En considérant tous les pixels, nous obtenons ainsi un système linéaire à six inconnus et comprenant un très grand nombre d'équations. Nous pouvons l'inverser au moindres carrés²⁴.

12.2.6 Application à notre problème

Le mouvement résiduel est mieux formalisé par une rotation autour du centre du volume (ou en tout cas un point proche) et une translation. De plus, une rotation autour du centre optique (ce qui est le cas dans la section 12.2.3) nous ferait sortir de notre hypothèse de petits mouvements (il faudrait une grande translation pour compenser la rotation autour d'un point si éloigné du volume). Nous allons dans ce qui suit dériver l'équation correspondant à (12.39) si nous considérons un mouvement de rotation autour d'un point quelconque (en pratique, le centre du volume), potentiellement différent du centre optique .

Équations directes

Nous appelons C le centre de rotation et nous supposons que seule sa composante selon Z est non nulle (nous sommes dans le repère propre de la caméra). Nous avons donc : $C = (0,0,Z_0)^t$ avec $|Z_0|$ égal à la distance focale de la caméra²⁵. L'équation fondamentale (12.17) se réécrit alors :

$$\dot{P} = \Omega \times (P - C) + T \quad (12.40)$$

24. Par formation du pseudo-inverse, ce qui nécessite l'inversion d'une matrice 6×6 symétrique : nous utilisons pour cela la décomposition en valeur singulières.

25. En pratique on prendra la distance entre le centre optique de la caméra et le centre du volume mais ceci n'a que peu d'importance car nous cherchons simplement un point dans le voisinage du centre du volume

Ceci mène aux équations pour le champ des vitesses (remplaçant (12.28) et (12.29)) :

$$\dot{u} = \alpha B - C(v - v_0) - \frac{A}{\alpha}(u - u_0)(v - v_0) + \frac{B}{\alpha}(u - u_0)^2 + \frac{1}{Z}(\alpha U - \alpha B Z_0 - W(u - u_0)) \quad (12.41)$$

$$\dot{v} = -\alpha A + C(u - u_0) + \frac{B}{\alpha}(u - u_0)(v - v_0) - \frac{A}{\alpha}(v - v_0)^2 + \frac{1}{Z}(\alpha V + \alpha A Z_0 - W(v - v_0)) \quad (12.42)$$

Nous avons ici considéré les coordonnées image par rapport au coin supérieur gauche. u_0 et v_0 sont donc les coordonnées de la projection orthogonale du centre optique sur le plan image.

Équations inverses

Il peut être intéressant d'avoir à sa disposition les équations inverses à celles déterminées ci-dessus. L'inverse de l'équation (12.40) est triviale à établir :

$$\dot{P}' = -\Omega \times (P' - C) + \Omega \times T - T \quad (12.43)$$

Cette équation a la même forme que l'équation (12.40) : le signe des angles change ainsi que la translation. Les équations concernant le champ des vitesses sont donc elles aussi directes :

$$\begin{aligned} \dot{u}' = & -\alpha B + C(v' - v_0) + \frac{A}{\alpha}(u' - u_0)(v' - v_0) - \frac{B}{\alpha}(u' - u_0)^2 \\ & + \frac{1}{Z'}(\alpha(BW - CV - U) + \alpha B Z_0 - (AV - BU - W)(u' - u_0)) \end{aligned} \quad (12.44)$$

$$\begin{aligned} \dot{v}' = & \alpha A - C(u' - u_0) - \frac{B}{\alpha}(u' - u_0)(v' - v_0) + \frac{A}{\alpha}(v' - v_0)^2 \\ & + \frac{1}{Z'}(\alpha(CU - AW - V) - \alpha A Z_0 - (AV - BU - W)(v' - v_0)) \end{aligned} \quad (12.45)$$

Système linéaire

Il suffit alors de combiner les équations (12.41) et (12.42) avec l'équation (12.32) du flux optique pour obtenir une équation dérivée de (12.39). En l'établissant pour chaque pixel, nous obtenons à nouveau un système linéaire largement sur-déterminé que nous inversons aux moindres carrés.

12.2.7 Accélération

En pratique, nous sommes confrontés à un problème connu du flux optique : le déplacement que nous trouvons est certes bien orienté mais très sous-estimé. Nous avons tenté de minimiser ce problème en ne considérant que les pixels correspondant à des forts gradients : ce sont les seuls où l'assimilation du flux optique au champ des vitesses est bien conditionnée. Le test a été effectué sur quelques cas, en choisissant un seuillage de l'image de gradient manuellement (plusieurs seuils testés pour chaque cas) : le résultat n'a pas semblé très sensible au seuil choisi. Nous devons donc avoir recours à une procédure itérative pour retrouver le déplacement résiduel :

1. projection MIP du volume ;
2. estimation des paramètres du déplacement par inversion du système linéaire ;
3. mise à jour de la matrice de projection ;
4. retour au 1.

Nous utilisons un nombre fixe d'itérations (70), mais l'utilisation d'un critère d'arrêt n'est pas exclue et serait même préférable.

Nous avons donc ici encore un grand nombre de projection MIP à calculer. Le problème avait été résolu dans le cas de la translation en approchant la fonction complexe, combinant le mouvement du volume suivi d'une projection MIP, par une fonction du plan image dans lui-même. Malgré la complexité de la déformation de l'image lorsque le mouvement 3D est un déplacement rigide (il comprend une partie rotation), nous pouvons cependant également le faire dans ce cas.

Nous stockons, lors de la projection MIP, le Z associé à chaque pixel. Nous voulons à présent simuler l'image qui serait obtenue si nous avions tourné l'image par une petite rotation (donnée par Ω) et une

petite translation (donnée par T). Pour chaque pixel (u,v) , nous connaissons Z . Nous avons donc directement (c'est-à-dire sans avoir à reprojeter le volume) le déplacement, donné par (\dot{u},\dot{v}) , à appliquer au pixel (formules (12.41) et (12.42)).

La solution classique pour implanter une déformation de l'image en évitant les artéfacts (pixels non atteints par la transformation) est d'utiliser la formule inverse. Ceci n'est ici malheureusement pas possible. En effet, pour utiliser la formule inverse, il faut connaître le Z' associé au pixel cible (u',v') (voir les équations (12.44) et (12.45)). Or on ne peut pas connaître ce Z' car, même si nous avons stocké les trois coordonnées (X,Y,Z) du voxel d'intensité maximal, ces coordonnées ne sont accessibles que si nous connaissons le pixel (u,v) , et c'est précisément ce pixel que nous recherchons ! Nous utilisons donc la formule directe. Il s'avère que la superposition entre l'image MIP après déplacement et l'image MIP originale déformée est parfaite si on suit cette hypothèse (l'essai a été fait pour des angles jusqu'à une dizaine de degrés) hormis quelques artéfacts : les artères qui sont cachées dans l'image originale et sont découvertes après le déplacement n'apparaissent pas à l'issue de la déformation.

Une solution pour éviter les artéfacts est de sur-échantillonner notre image initiale. Un sur-échantillonnage raisonnable (deux fois plus fin par exemple) devrait fonctionner car nous travaillons avec de très petits déplacements (la plupart des pixels sont donc atteints). Nous n'avons cependant pas implanté cette solution : nous évitons simplement les zones artéfactées (pixels non-atteints) dans le calcul des gradients et l'établissement du système linéaire (il suffit de ne pas considérer les pixels qui n'ont pas de profondeur Z associée à l'issue de la transformation). N'ayant que 6 paramètres à estimer, nous avons toujours, pour des petits mouvements, une majorité de pixels valides, ce qui laisse l'inversion du système robuste.

Cette phase de résolution du déplacement résiduel au moyen de cette technique de flux optique modifiée demande 45 secondes environ.

12.3 Conclusion

Nous avons donc mis au point un algorithme d'affinage du recalage fourni par la calibration de la machine. Cet algorithme cherche à corriger le positionnement du volume 3DXA dans le repère caméra au moyen d'un déplacement rigide (paramètres extrinsèques). Il débute par estimer la translation, supposée inconnue, en optimisant la corrélation entre l'image de maximum d'opacification et l'image de projection MIP conique du volume 3DXA. Le petit déplacement rigide résiduel est ensuite corrigé grâce à une technique de flux optique modifiée.

Nous avons dérivé des approximations des équations fondamentales pour chacune de ces phases sous forme de transformation dans le plan image. Elles permettent une implantation rapide et cependant précise des procédures d'optimisation.

L'avantage de l'utilisation du flux optique et de la corrélation est que ce sont des méthodes éprouvées et suffisamment générales pour avoir suscité de nombreux travaux pour leur implantation en temps réel, notamment dans des systèmes robotiques. On peut en trouver un exemple pour le flux optique (mais nécessitant plus de deux images malheureusement) dans [CB95].

Une implantation logicielle a été réalisée. L'application successive des deux phases mène à un temps total pour l'algorithme de moins de 90 secondes sur une station de travail UltraSparc (Sun) cadencée à 200 Mhz. Ce temps est parfaitement compatible avec une utilisation en salle d'examen.

Le temps de convergence de la phase optimisant la corrélation pourrait être améliorée en passant dans le plan de Fourier²⁶ : le cas de la translation selon δu et δv est classique, et Apicella [AKN89] pose les équations concernant les facteurs d'échelle (donc le zoom G)²⁷.

Un moyen à court terme d'améliorer le temps de convergence de la technique du flux optique modifiée serait de déterminer un critère d'arrêt des itérations. Une amélioration supplémentaire consiste à réduire la sous-estimation des paramètres du mouvement. Des pistes existent pour remédier à ce problème (par exemple en calculant le gradient temporel sur des voisinages plus grands que celui que nous utilisons actuellement (voisinage 2×2)) et les explorer sera l'objet d'une étude future.

26. Rappelons que pour des mouvements de translation, la transformée de Fourier du critère de corrélation est le produit des transformées de Fourier des images.

27. Il dérive également l'expression de la transformée de Fourier de la corrélation dans le cas de rotations.

Enfin, nous ferons en conclusion une remarque générale. Nous avons utilisé la projection MIP : elle est plus proche de l'image maxop que la projection Xray, elle est plus rapide à calculer, et elle fournit la valeur de la profondeur pour chaque pixel de l'image. Rien cependant ne nous empêche d'utiliser une projection Xray, si nous disposons d'une procédure de calcul aussi rapide et fournissant une meilleure image : il suffit de stocker, lors du calcul, la profondeur du voxel maximal rencontré pour chaque pixel, comme pour la projection MIP, ce qui se fait sans surcoût de calcul.

Nous allons à présent consacrer le dernier chapitre de cette partie à la présentation de résultats de la méthode et de sa validation.

Chapitre 13

Validation du recalage 3DXA/DSA

Ce chapitre est consacré à la validation de la procédure complète de recalage 3DXA/DSA que nous avons développée. Après quelques précisions sur la mise en œuvre pratique de l'algorithme, nous exposons le protocole d'expérimentation pour lequel nous avons opté ainsi que les raisons de ce choix.

Après en avoir donné les résultats, nous concluerons sur les forces et faiblesses de l'algorithme à travers le commentaire de quelques cas difficiles.

13.1 Remarques sur l'implantation

13.1.1 Application

Nous avons implanté notre procédure de recalage complète et l'avons intégrée à la station Advantage Windows (GE Medical Systems) de revue d'images présente dans la salle d'opération (elle sert également pour les reconstructions 3DXA). Hormis le choix du rang de l'image maxop (choisi par l'utilisateur), la procédure est entièrement automatique :

- la série DSA et le volume 3DXA sont analysés : un champ de distorsions ainsi qu'une matrice de projection conique initiale sont estimés à partir des données capteurs²⁸ ;
- l'algorithme automatique est ensuite lancé : estimation de la translation par optimisation de la corrélation, puis correction du déplacement résiduel par notre technique de flux optique modifié ;
- en sortie, une série d'images est sauvegardée dans la base de données images de la station de revue : cette série est la série DSA initiale où toutes les images ont été corrigées des distorsions, toutes les images sont en matrice 512×512 (résolution utilisée pour le recalage), et trois champs DICOM sont modifiés dans l'en-tête :
 - la description contient la mention "RECALÉE" ;
 - un champ privé contient la matrice de projection issue du recalage ;
 - un champ privé contient la référence au volume 3DXA avec lequel cette série a été recalée.

Il nous fallait également intégrer cette procédure dans la mise en œuvre d'une application sur station de travail (c'est-à-dire qui n'est pas en temps réel) qui soit potentiellement utile au médecin, afin de prouver l'intérêt que peut présenter un tel recalage en pratique clinique. Les procédures de stéréotaxie furent en premier lieu évoquées mais également rejetées : aucune acquisition 3DXA n'est effectuée dans la procédure standard. Il était hors de question de faire subir au patient non seulement une acquisition supplémentaire mais également un temps d'examen plus long.

Nous avons donc opté pour une application de curseur commun, permettant d'analyser conjointement une série DSA biplan et un volume 3DXA : le recalage est effectué à la fois sur la série acquise sur l'arceau frontal et sur la série acquise sur l'arceau latéral. Un logiciel de visualisation de la série biplan,

28. Toutes les informations utilisées sont présentes dans l'en-tête des images (format DICOM).

que nous avons développé, communique avec le visualisateur 3D habituellement utilisé par les médecins pour analyser le volume 3DXA (Voxtool, GE Medical Systems) :

- le curseur 3D est projeté en temps réel sur chaque image DSA ;
- chaque image DSA contient un curseur 2D. Ces deux curseurs sont reliés par une ligne épipolaire : dans une des deux images, le curseur est libre (il peut être placé n'importe où), l'autre image contient alors la ligne épipolaire qui contraint les mouvements du curseur. La position du curseur 3D peut ainsi être reconstruite. Nous appuyons sur le fait que l'image contenant la ligne épipolaire n'est pas fixée a priori : l'utilisateur peut choisir l'image frontale ou latérale et modifier ce choix interactivement en cours de programme.

La figure 13.1 montre une vue d'écran du programme de visualisation conjointe.

13.1.2 Implantation du flux optique

L'implantation de la phase d'optimisation a déjà été suffisamment décrite. Il en est de même concernant le flux optique modifié mis à part le calcul des divers gradients intervenant dans l'équation (12.39).

Les gradients spatiaux (I_u et I_v) sont calculés sur l'image maxop : l'image est d'abord lissée par un filtre gaussien puis son gradient est extrait par convolution avec la dérivée d'une gaussienne. L'écart-type est dans les deux cas de 0,5 et la fenêtre de convolution est un carré de 3 pixels de côté.

Le gradient temporel est calculé à partir des images maxop et MIP, toutes deux normalisées. Nous avons utilisé la formule proposée par Horn et Schunck [HS81]. Le gradient temporel en (u,v) est évalué par :

$$\begin{aligned} \frac{\partial I}{\partial t}(u,v) \approx \frac{1}{4} & (I_{\text{maxop}}(u,v) - I_{\text{MIP}}(u,v) + \\ & I_{\text{maxop}}(u+1,v) - I_{\text{MIP}}(u+1,v) + \\ & I_{\text{maxop}}(u,v+1) - I_{\text{MIP}}(u,v+1) + \\ & I_{\text{maxop}}(u+1,v+1) - I_{\text{MIP}}(u+1,v+1)) \end{aligned} \quad (13.1)$$

Il n'est donc calculé que sur une fenêtre de 2 pixels de côté.

Enfin, seuls les pixels auxquels une profondeur peut être associée sont pris en compte dans la construction du système d'équations linéaires.

La figure 13.2 montre le résultat de ces différents filtres.

13.1.3 Collimation

Les images DSA sont collimatées de deux façon :

- collimation électronique : ensemble de pixels sombres ajoutés de manière électronique autour de la zone image (circulaire) afin de créer une image carrée. Tous les pixels ajoutés par cette collimation ont la même valeur. Cette collimation a une forme circulaire dans l'image.
- collimation physique : quatre plaques de cuivre (en haut, en bas, à gauche et à droite de l'image) peuvent venir masquer une partie du faisceau X en sortie du tube. Ceci permet de réduire le rayonnement quand seule une partie de l'image présente un intérêt pour le traitement (par exemple autour d'un anévrisme). Cette collimation a une forme rectangulaire dans l'image.

La collimation est gênante pour le recalage car elle va masquer certaines artères dans l'image maxop qui apparaissent dans l'image MIP. Nous devons donc la détecter automatiquement sur les images d'angiographie non-soustraite.

Si la collimation électronique ne présente pas de difficulté (détecter un cercle noir en bordure d'image, tous les pixels ayant une valeur uniforme), la collimation physique est plus problématique. Nous n'avons cependant pas besoin d'une détection précise : nous voulons simplement éliminer la majeure partie des pixels collimatés afin de ne pas les prendre en compte dans les calculs (corrélation et flux optique). La procédure que nous avons développée est simple : elle s'inspire d'une procédure développée par Jean Liénard au sein du groupe des Applications Avancées de GE Medical Systems, qui est basée sur la corrélation avec une image masque. Nous ne cherchons à détecter que des bords verticaux et horizontaux.

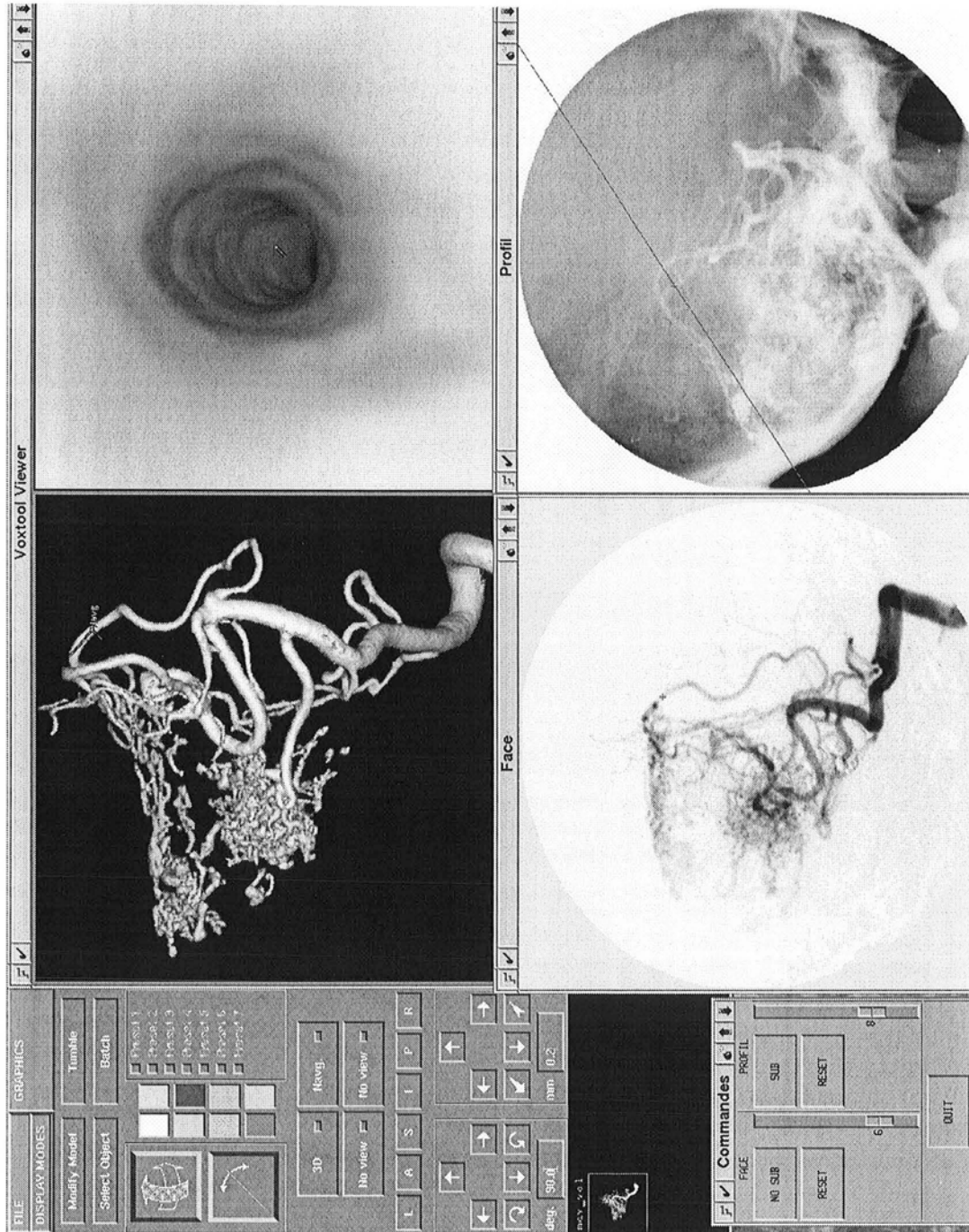


FIG. 13.1 – Vue d'écran du programme de visualisation conjointe 3DXA/DSA.

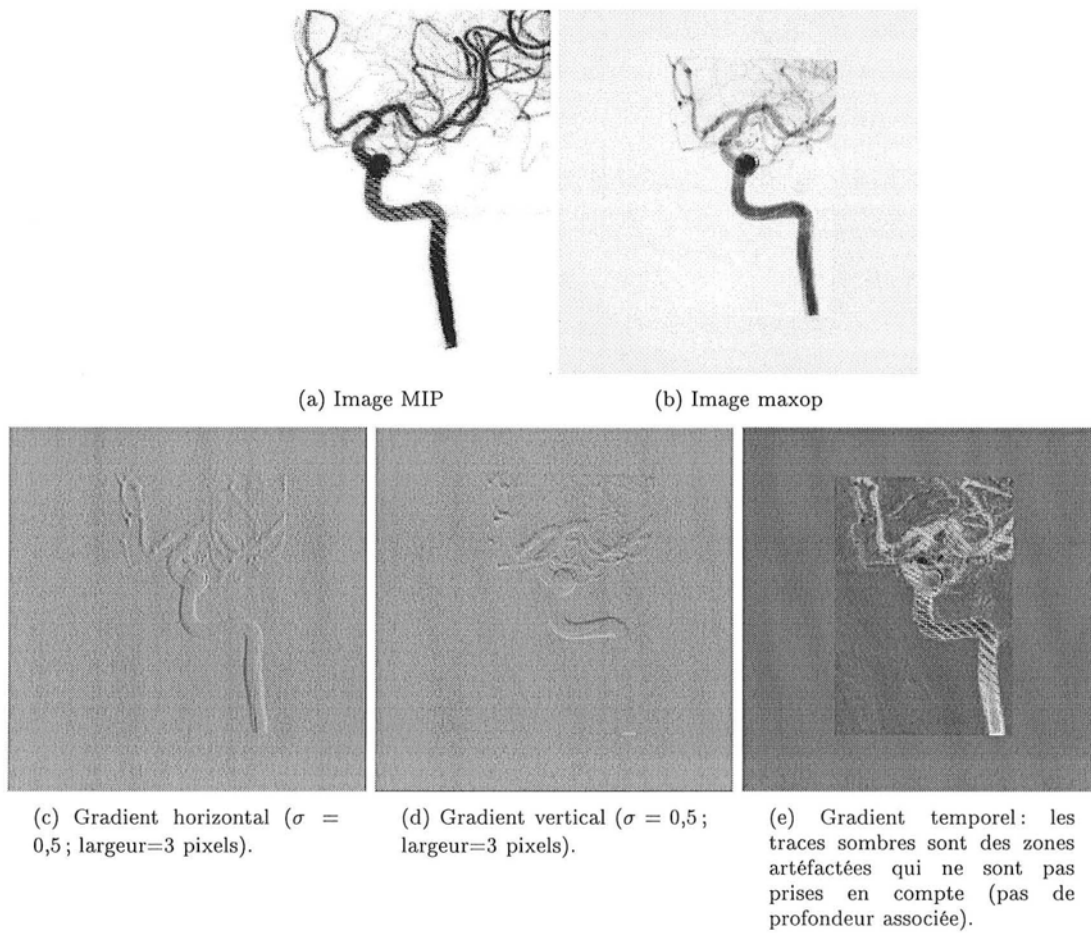


FIG. 13.2 – Gradients utilisés pour le calcul du flux optique.

Dans ce qui suit, nous exposons, pour la détection du bord vertical gauche, la version simplifiée de cet algorithme que nous utilisons. La généralisation aux autres bords est triviale.

La recherche du bord vertical gauche revient à déterminer à partir de quelle colonne de rang c de l'image ($c \in [1, 512]$ pour des images de matrice 512×512) nous sortons de la zone collimatée. Nous supposons que nous avons déjà détecté la collimation électronique. Nous travaillons donc sur une image en forme de disque. Pour la colonne c , nous créons une image masque telle que les pixels des colonnes de rang inférieur à c valent -1 et ceux des autres colonnes valent $+1$. La probabilité pour que la frontière entre la zone collimatée est fonction de la corrélation entre cette image masque et l'image d'angiographie non-soustraite (que nous notons I). Cette corrélation est donnée par :

$$\gamma(c) = \sum_{u=c}^{512} \sum_{v=\min(u)}^{\max(u)} I(u,v) - \sum_{u=1}^{c-1} \sum_{v=\min(u)}^{\max(u)} I(u,v) \quad (13.2)$$

où $(\min(u), \max(u))_{u \in [1, 512]}$ est la collimation électronique circulaire.

Si maintenant nous regardons l'évolution de la corrélation pour des colonnes croissantes :

$$\gamma(c+1) - \gamma(c) = -2 \sum_{v=\min(c)}^{\max(c)} I(c,v) \quad (13.3)$$

Le bord gauche correspond au premier pic de corrélation, c'est à dire à la plus petite valeur de c pour laquelle $\sum_{v=\min(c)}^{\max(c)} I(c,v)$ est positif.

Nous voyons tout de suite que cette valeur est toujours positive (les images d'angiographie sont codées sur des entier positifs, donc $\forall(u,v), I(u,v) \geq 0$). La solution est de centrer l'image d'angiographie I . Nous utilisons donc un seuil s et faisons la corrélation entre l'image masque et l'image I_s telle que $\forall(u,v), I_s(u,v) = I(u,v) - s$. Dans l'usage général de la corrélation, le centrage se fait par rapport à la moyenne de l'image. Nous avons cependant trouvé que cette valeur était un peu trop haute pour nos images. Nous avons donc empiriquement fixé le seuil s à la moitié de la valeur moyenne de l'image (calculée sur les pixels non cachés par la collimation électronique). Le bord est alors détecté pour la première colonne c telle que $\sum_{v=\min(c)}^{\max(c)} I_s(c,v) \geq 0$.

Nous répétons cette détection pour les quatre bords de la collimation.

Cette procédure est simple mais elle a jusqu'à présent donné de bons résultats. La figure 13.3 présente le résultat de la détection de la collimation.

13.2 Protocole d'expérimentation

13.2.1 Travaux précédents

Si nous reprenons les quatre articles s'intéressant au recalage 3D/2D d'images angiographiques que nous avons passés en revue dans la deuxième partie de ce manuscrit, nous remarquons à nouveau une certaine diversité dans les méthodes :

- Kita et al. [KWN98] se basent sur l'inspection visuelle. Aucun chiffre de précision n'est donné. La méthode est appliquée sur 9 images DSA et 2 volumes MRA. Un échec est rapporté. L'angulation des images n'est pas connue, si ce n'est pour les deux cas détaillés pour lesquels l'angulation est quasiment de face (à 15 degrés près).
- Liu et al. [LBP98] effectuent des tests de robustesse (amplitude du déplacement, choix des primitives) sur des données simulées : une image DSA est simulée en projetant le volume MRA suivant un recalage connu ; la procédure de recalage du volume MRA et de cette image DSA est ensuite testée pour différentes valeurs initiales de recalage et des perturbations croissantes du squelette utilisé. L'algorithme est comparé par inspection visuelle au résultat de la superposition manuelle du squelette 3D sur l'image DSA (image oblique de 3/4). Si les simulations peuvent fournir une idée sur la précision finale du recalage, aucune précision n'est donnée dans des cas réels. Un essai sur patient est rapporté.

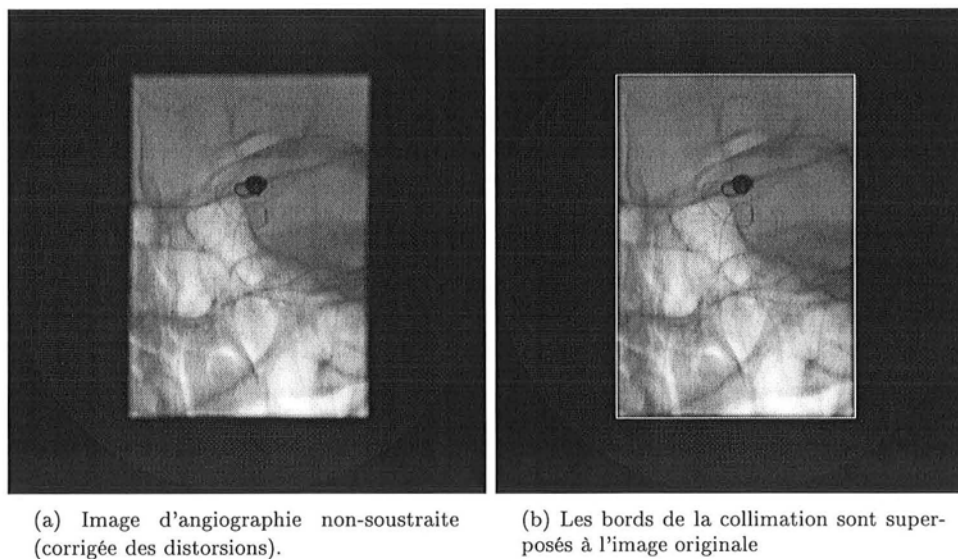


FIG. 13.3 – Résultat de notre procédure de détection de la collimation dans les images d'angiographie.

- Alperin et al. [ALP94] valident leur algorithme sur un fantôme. L'erreur est calculée comme la moyenne des erreurs de reprojection sur les marqueurs du fantôme (17 croix visibles dans les images DSA). Des expériences sont aussi rapportées sur patient (2 images DSA, dont une au moins de profil, et 2 volumes MRA). L'erreur est caractérisée par la valeur du critère à l'optimum d'une part, et par inspection avec l'aide d'un curseur commun d'autre part. La précision sur fantôme donne au mieux²⁹ 1,40 pixels, la taille d'un pixel étant de 0,347 mm (donc 0,49 mm de précision dans le plan image).
- Feldmar et al. [FMA⁺97] évaluent leur algorithme en le comparant au recalage obtenu en se basant sur le cadre de stéréotaxie. Rappelons que leur procédure recalcule simultanément la vue de face et la vue de profil avec l'imagerie vasculaire 3D. Ce système stéréoscopique permet de définir une erreur dans l'espace en trois dimensions. En effet, dans leur cas, en utilisant deux vues, le résultat du recalage n'est pas une matrice de projection mais un déplacement rigide, exprimant le changement de repère entre le repère propre dans lequel est exprimé le volume MRA et le repère de référence, propre à la machine d'angiographie (les intrinsèques sont supposés connus). D'autre part, le cadre de stéréotaxie permet également de trouver le déplacement rigide exprimant le passage entre ces deux repères. Un déplacement résiduel \mathcal{D} peut alors être formé, exprimant l'erreur entre les deux déplacements dans le repère propre au volume MRA. L'erreur est ensuite évaluée sur n points de ce repère à partir de la distance quadratique entre le point et son transformé par \mathcal{D} . Trois séries DSA biplan face/profil sont utilisées et une mesure moyenne ainsi qu'une mesure d'erreur maximale sont données. Ces mesures sont fournies dans tout le volume MRA ainsi que pour des points se projetant dans le voisinage du centre de l'image. Une erreur moyenne allant jusqu'à 1,87 mm et maximale jusqu'à 2,77 mm sont rapportées.

Nous faisons enfin remarquer que seules des images de carotides internes sont montrées.

13.2.2 Définition de l'erreur

Étant donné que nous n'utilisons pas de primitives, nous ne pouvons pas caractériser notre recalage sur le résidu de notre critère de similarité. La corrélation entre les deux images pourrait éventuellement être utilisée dans notre cas mais sa valeur nous semble extrêmement difficile à interpréter.

Nous avons appliqué notre algorithme aux 15 images de fantôme déjà utilisées pour estimer la précision du recalage initial fourni par la machine (voir le chapitre 10 ainsi que l'annexe D). L'inspection visuelle

²⁹. Utilisation de 9 segments artériels pour effectuer le recalage.

n'a permis de détecter aucun échec. L'erreur, évaluée comme au chapitre 10, fut de l'ordre de quelques pixels mais en l'absence de marqueurs clairement identifiables, cette erreur peut n'être qu'une erreur de détection des intersections des barres constituant le fantôme, la plus fine d'entre elles (visible sur la 3DXA) ayant un diamètre de 1 mm.

L'utilisation du cadre de stéréotaxie est une solution idéale. Malheureusement, la reconstruction d'un volume 3DXA se basant sur des images d'angiographie soustraite, les marqueurs du cadre ne sont pas reconstruits dans le volume 3DXA. Il n'existe donc pas de moyen reconnu pour sa précision, et éprouvé par maintes études, de détecter le cadre de stéréotaxie. Nous avons accueilli une stagiaire de DEA qui a travaillé sur ce problème : sa solution passe par une détection des marqueurs dans les images de l'acquisition en rotation non-soustraites et, connaissant les matrices de projection par l'intermédiaire de la calibration de la machine d'angiographie pour le 3DXA, nous pouvons déterminer une matrice de changement de repère entre le repère propre au volume 3DXA et le repère stéréotaxique [JI99]. La procédure de détection des points du cadre est cependant encore manuelle : la détection automatique est délicate à cause de la présence d'un flou cinétique dans les images de rotation, qui devient gênant, les marqueurs du cadre étant situés en périphérie du volume. De plus, cette procédure est encore insuffisamment validée et ne peut donc pas servir de référence pour l'instant.

Notre expérience nous indique que la comparaison des images maxop et MIP en fin de recalage, au moyen d'un logiciel qui les affiche alternativement dans la même fenêtre, constitue un moyen extrêmement sensible de détecter un mauvais recalage. Cette inspection visuelle ne fournit cependant pas de chiffre quant à la précision finale de l'algorithme. Nous avons donc opté pour la mesure d'erreur suivante :

1. étant donné un volume 3DXA et une série DSA ;
2. 10 points sont indiqués dans le volume 3DXA ;
3. ces 10 points sont reprojétés dans l'image maxop et l'image MIP obtenue en fin de recalage ;
4. le point d'erreur de reprojektion maximale est détecté par inspection visuelle ;
5. l'erreur est mesurée manuellement sur une version zoomée d'un voisinage de ce point.

Nous obtenons ainsi une erreur de reprojektion maximale en pixels. Nous pouvons estimer qu'à cause de l'aspect manuel de la mesure d'erreur, cette erreur est donnée au demi-pixel près.

Concernant le point 2, la procédure de définition des points est la suivante :

- le volume est chargé dans le visualisateur 3D et affiché en vue MIP sous une incidence comparable à celle utilisée pour l'image DSA (image 13.4(a));
- le curseur est placé sur une artère dans la vue MIP ;
- une coupe reformattée est affichée passant par le curseur et orientée le long de l'artère (image 13.4(a)) : l'image obtenue montre l'artère comme une ellipse allongée (image 13.4(b)) ;
- une coupe reformattée est affichée passant par le curseur et orientée orthogonalement au grand axe de l'ellipse (image 13.4(b)) : la vue obtenue est bien orthogonale à l'artère, vue en coupe comme un disque (image 13.4(c)) ;
- la position du curseur est corrigée de manière à se placer au centre du disque.

La figure 13.4 montre les différentes phases de l'extraction d'un point.

13.2.3 Expérimentation

Nous avons appliqué cette procédure à 5 patients : ils ont été choisis comme étant les 5 derniers patients à avoir eu une acquisition 3DXA dans la semaine où a eu lieu la validation. Ces 5 patients fournissent 8 séries DSA biplan face/profil avec une acquisition 3DXA associée à chaque série biplan, soit 16 séries DSA.

La salle d'angiographie avait été calibrée deux mois plus tôt selon la procédure décrite dans le chapitre 10.

Pour un même volume, les 10 points ont été choisis différents pour la série associée de face et la série associée de profil : nous voulions que les projections de ces points soient bien dispersées dans l'image afin que l'erreur finalement estimée ait un sens.

Les sites anatomiques retenus sont des petites artères. Les grosses artères ne mènent bien sûr pas à une mesure d'erreur suffisamment précise. D'autre part, les bifurcations artérielles sont à exclure, leur

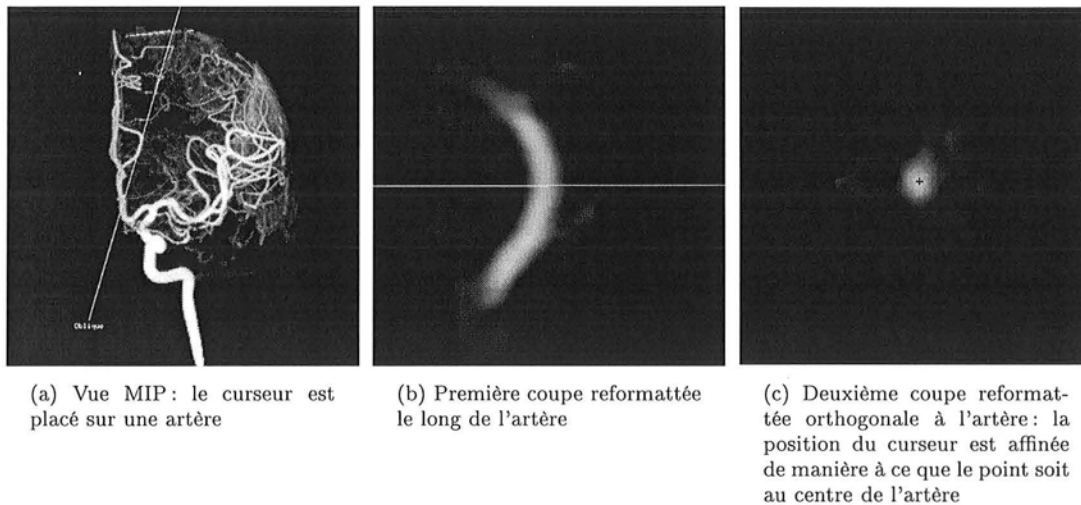


FIG. 13.4 – Procédure de définition d'un point test pour le recalage 3DXA/DSA à partir de deux coupes reformattées orthogonales.

localisation dans les images DSA étant par trop difficile et approximative: il y a souvent superposition des artères participant à la bifurcation en de tels points. Or, il nous faut retrouver la localisation de chaque site choisi dans l'image DSA afin d'apprécier l'erreur de reprojection. Il n'est certes pas possible de trouver un correspondant unique si nous prenons un point sur une artère, même petite, mais nous pouvons constater trois choses: primo, plus l'artère est petite, plus il est aisé de trouver un correspondant; secundo, l'inspection visuelle nous permet de facilement estimer le sens de la translation locale; tertio, l'erreur de reprojection étant a posteriori petite, considérer au pire la projection du point sur l'artère constitue une approximation tout à fait acceptable de l'erreur de reprojection.

Les résultats sont montrés en annexe E: pour chaque série DSA, nous montrons l'image maxop et l'image MIP à l'issue du recalage. Les 10 points sont reprojétés sur ces deux images et le point où l'erreur de reprojection est maximale est encadré par un carré de 41 pixels de côté. Nous montrons enfin une version zoomée de cette zone afin que le lecteur puisse apprécier l'erreur de reprojection.

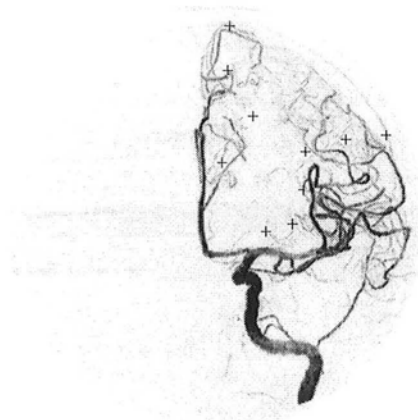
Aucun recalage n'a échoué. De plus, nous avons détecté, sur les 16 cas de recalage, une erreur de reprojection maximale de 2,87 pixels (image acquise en FOV de 22 cm, soit 1,23 mm d'erreur dans le plan image). Enfin, l'erreur maximale a toujours été détectée en bord d'image.

Nous pouvons donc en conclure que notre algorithme fournit un recalage entre une image DSA et un volume 3DXA avec une précision au pire de 1,23 mm, dans le plan image.

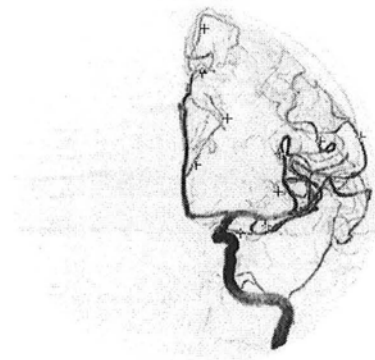
En guise d'illustration, nous montrons sur la figure 13.5 les images correspondant aux différentes étapes du recalage dans le pire cas (cas #3 de l'annexe E: erreur finale de 2,87 pixels):

- image à l'issue de l'initialisation en se basant sur les données capteur: la position de la table n'est pas prise en compte, ce qui explique la forte erreur initiale en translation;
- image à l'issue de la phase d'estimation de la translation;
- image MIP après correction du déplacement résiduel par flux optique modifié (image MIP finale);
- image maxop.

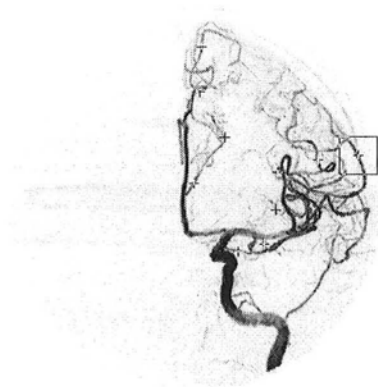
Nous avons reporté sur chacune des images la position des projections des 10 points test pour le recalage final. Le point menant à l'erreur maximale est encadré sur les images maxop ainsi que sur l'image MIP obtenue en fin de recalage et nous montrons un zoom sur le voisinage de ce point dans les deux images.



(a) Image MIP à l'initialisation.



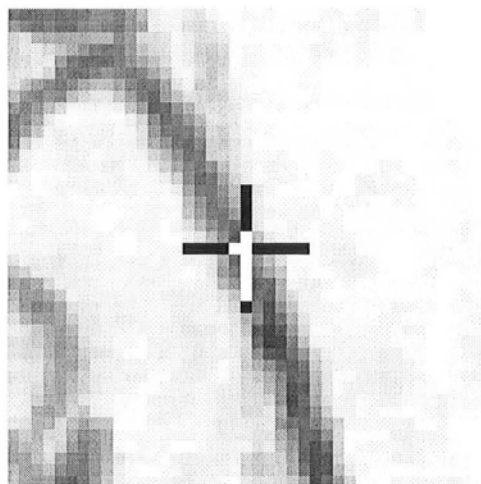
(b) Image MIP après la phase d'estimation de la translation



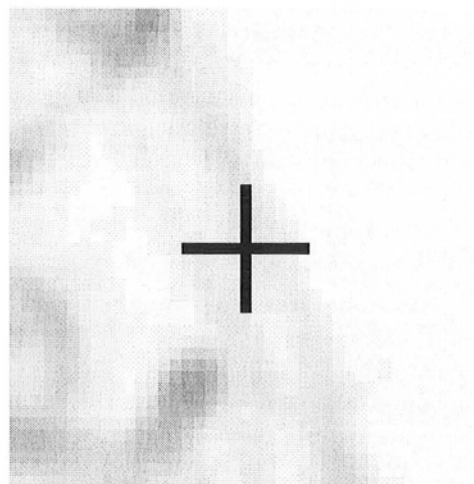
(c) Image MIP en fin de recalage.



(d) Image maxop.

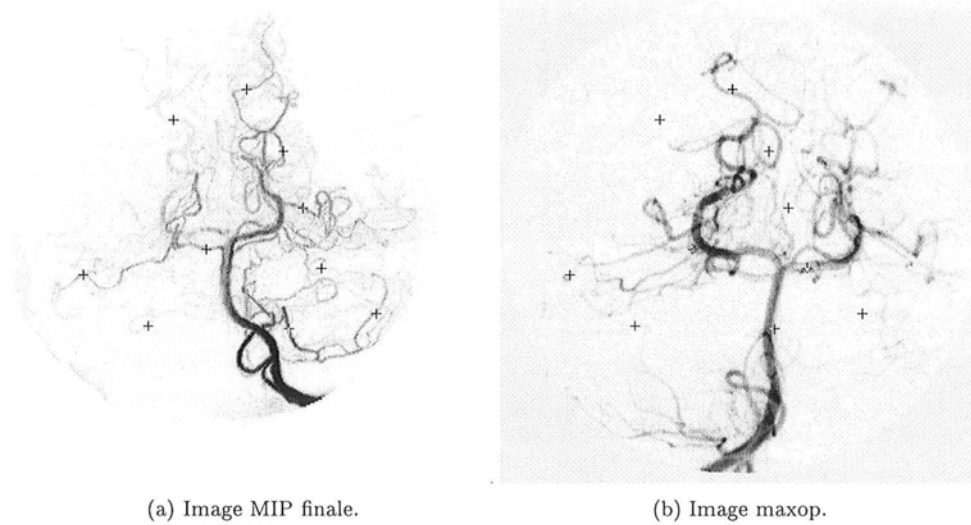


(e) Zoom de l'image MIP au voisinage du point d'erreur maximale.



(f) Zoom de l'image maxop au voisinage du point d'erreur maximale.

FIG. 13.5 – Images MIP aux différentes étapes de l'algorithme de recalage 3DXA/DSA et résultat final.



(a) Image MIP finale.

(b) Image maxop.

FIG. 13.6 – Exemple d'échec de la phase d'estimation de la translation. Nous avons reporté les projections des 10 points test par le recalage final sur les deux images.

13.3 Conclusion

13.3.1 Faiblesses

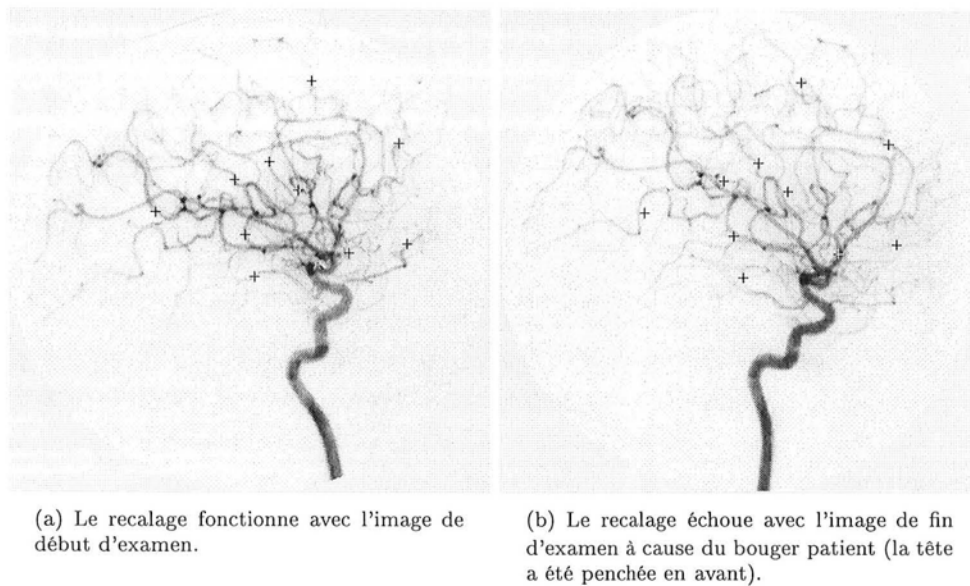
À ce jour, notre algorithme a été testé sur plus de cinquante séries DSA dans le cadre de l'application d'analyse conjointe d'un volume 3DXA et d'une série biplan DSA. Parmi la vaste majorité de succès, quelques échecs sont à regretter. Nous avons trouvé trois causes principales d'échec : échec de la procédure d'estimation de la translation, bouger patient et échec de la procédure de correction du déplacement résiduel.

Estimation de la translation

Dans un seul cas, l'estimation de la translation a échoué, menant à un résultat final totalement aberrant : il s'agit du recalage d'images d'une artère vertébrale. En fait, nous nous sommes aperçus que le volume 3DXA avait été acquis par injection dans la vertébrale gauche alors que la série DSA avait été acquise par injection dans la vertébrale droite (voir la figure 13.6). Le recalage final tente de recaler au mieux l'artère principale, à savoir le tronc basilaire.

Bouger patient

Il arrive parfois que la tête du patient, d'habitude maintenue par un velcro, soit bougée afin de pouvoir acquérir des images en position très crânielles (dans ce cas, le menton du patient est rapproché de sa poitrine) ou très caudales (dans ce cas, le menton du patient est éloigné de sa poitrine). Ces situations entraînent un bouger patient d'amplitude artificiellement exagérée. Nous avons noté une difficulté de notre procédure de recalage à recouvrir des angulations supérieures à 5 degrés. Un exemple d'une telle erreur est montré sur la figure 13.7 : l'image DSA de profil obtenue en début d'examen est bien recalée avec l'acquisition 3DXA avant traitement mais le recalage échoue avec l'acquisition 3DXA de fin d'examen. Nous avons reporté sur les deux images les projections des 10 points test sélectionnés dans le volume 3DXA pour le recalage qui a fonctionné (image 13.7(a)). Il est très intéressant de noter que le minimum local obtenu dans le cas d'échec (image 13.7(b)) porte presque tous les points sur une artère, prouvant que de telles situations ne se rencontrent pas que lors des simulations (revoir la figure 12.1).



(a) Le recalage fonctionne avec l'image de début d'examen.

(b) Le recalage échoue avec l'image de fin d'examen à cause du bouger patient (la tête a été penchée en avant).

FIG. 13.7 – Exemple d'échec du recalage 3DXA/DSA à cause d'un fort bouger patient. Nous avons reporté les projections des 10 points test pour le recalage qui a fonctionné sur les deux images.

Correction du déplacement résiduel

Il est enfin arrivé que la phase de correction du déplacement résiduel par notre technique de flux optique modifiée diverge. Il est très rare que l'erreur finale soit forte (comme sur la figure 13.8) mais nous avons noté que dans plusieurs cas, une erreur résiduelle en rotation était visible sur les petites artères en périphérie du volume. Le recalage n'est dans ce cas pas à proprement parler un échec puisque ces artères seront en pratique très difficiles à atteindre mais nous pensons que ces exemples sont symptomatiques de la plus grande faiblesse de notre algorithme.

En effet, il suffit de revoir l'image de gradient temporel sur la figure 13.2 pour s'apercevoir de la piètre qualité de cette image par rapport aux autres images de gradients. Nous y voyons deux causes principales :

- d'une part, les images MIP et maxop, même après normalisation, présentent encore des différences non négligeables : il conviendrait d'améliorer cela, par exemple en travaillant sur un rapprochement des histogrammes des deux images ;
- d'autre part, la petite taille de la fenêtre employée pour calculer le gradient temporel (fenêtre 2×2) réduit d'autant la largeur du bassin d'attraction de notre procédure d'estimation : une des améliorations à court terme de l'algorithme consistera à élargir cette fenêtre et/ou à travailler sur une pyramide de multirésolution (et non pas uniquement avec des images 512×512), ces deux techniques étant connues pour améliorer les performances du calcul du flux optique.

L'utilisation d'une pyramide de multirésolution aurait de plus l'avantage de rendre l'algorithme plus robuste aux erreurs d'angulations provenant du bouger patient.

Il serait enfin intéressant de tenter d'appliquer la méthode proposée par Aloimonos et al. [AT90] : suivant une hypothèse similaire à la nôtre qu'une unique profondeur Z peut être associée à chaque pixel (u,v) , ils en déduisent une manière de résoudre le mouvement 3D sans passer par un calcul des dérivées de l'image (notamment, sans calcul de la dérivée temporelle I_t).

13.3.2 Points forts

Malgré ces quelques faiblesses, qui laissent, nous l'avons vu, quelque place pour des améliorations futures, nous pensons que notre algorithme est plus performant que les algorithmes de recalage repérés

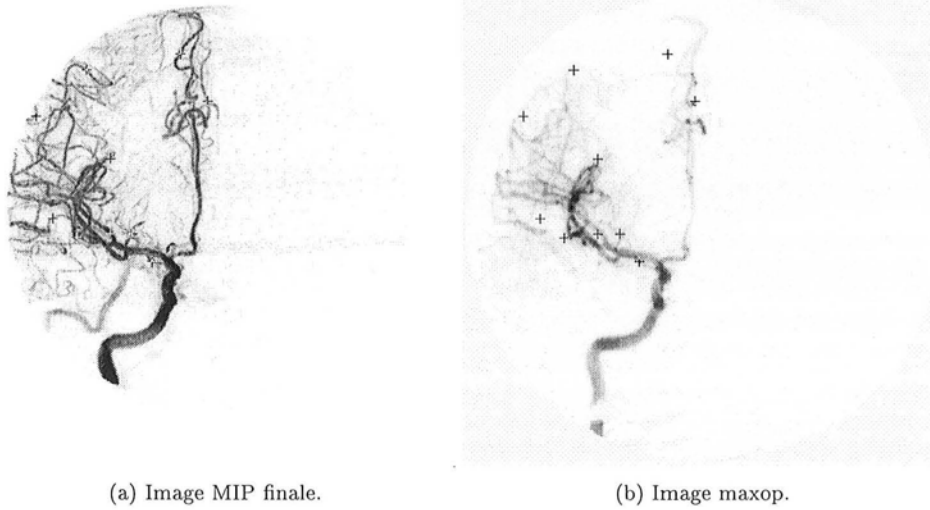


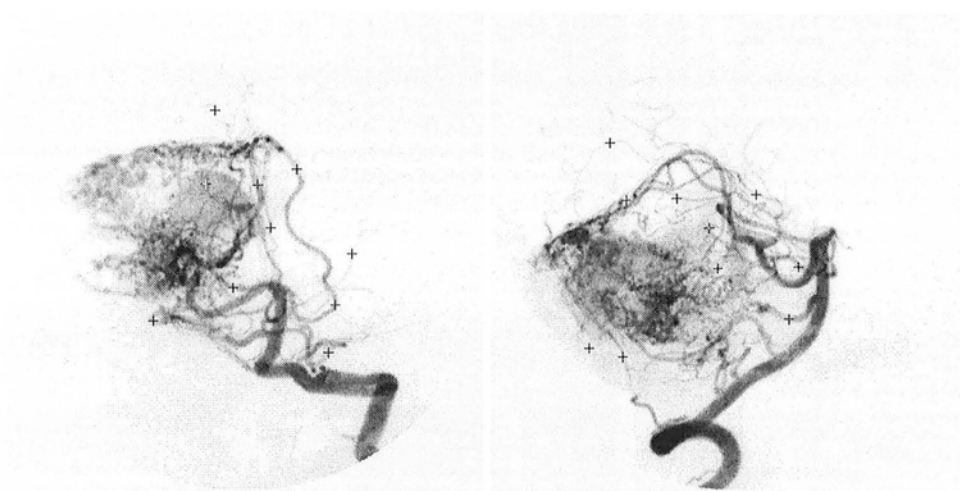
FIG. 13.8 – Exemple d'échec de la phase de correction du déplacement résiduel. Nous avons reporté les projections des 10 points test sur les deux images.

dans la littérature.

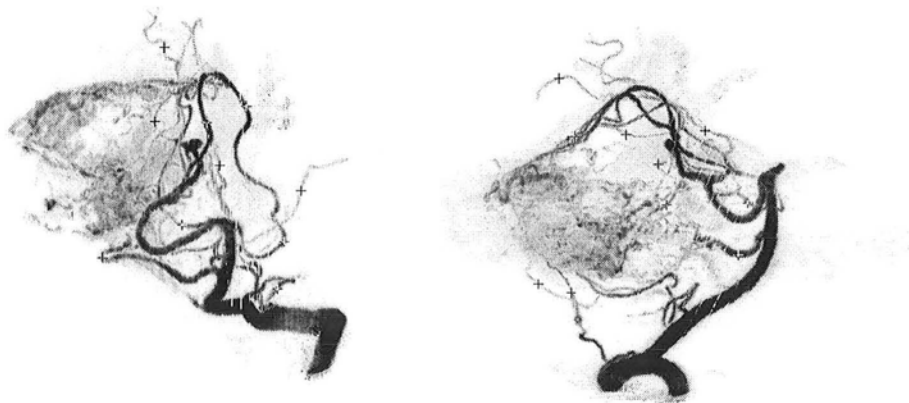
En premier lieu, la précision que notre algorithme peut atteindre est potentiellement supérieure car il ne se base pas sur le résultat d'une segmentation mais travaille directement sur les données image (utilisation de critère de similarité).

En second lieu, et surtout, notre algorithme présente tous les avantages pour fonctionner dans des cas réels, à savoir non pas uniquement des images de diagnostic face/profil mais également des images de traitement : images dévoilant une pathologie et images fortement collimatées, zoomées, présentant de multiples superpositions d'artères. Afin d'illustrer notre propos, la figure 13.9 montre le cas d'une MAV visualisée en face et en profil : la phase d'extraction du squelette a toutes les chances d'être fortement perturbée par l'énorme blush de la malformation. Pour l'autre cas, la figure 13.10 présente le cas d'une image typiquement utilisée pour le traitement d'un anévrisme : non seulement le squelette extrait serait médiocre à cause des superpositions multiples mais l'appariement des points des squelettes pourrait s'avérer ardu.

Notre algorithme est donc prometteur dans le but d'atteindre des précisions de recalage sub-millimétriques. Les perspectives à court terme visent à y inclure les améliorations évoquées plus haut afin de le rendre suffisamment robuste pour être utilisé en pratique clinique. Mais la phase de validation devra également être étendue à plus de cas. Enfin, et surtout, il faudra en comparer les performances avec celles obtenues par le biais du cadre de stéréotaxie.

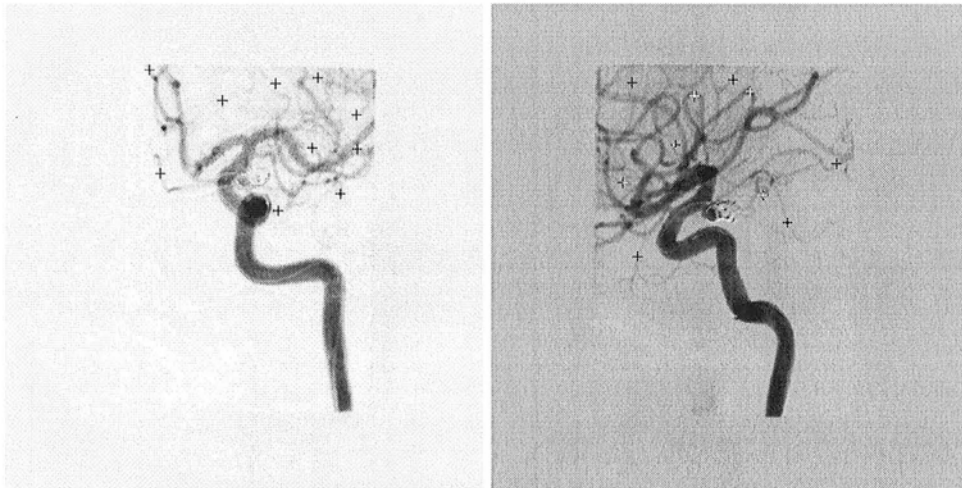


(a) Images maxop : à gauche l'image de face, à droite l'image de profil

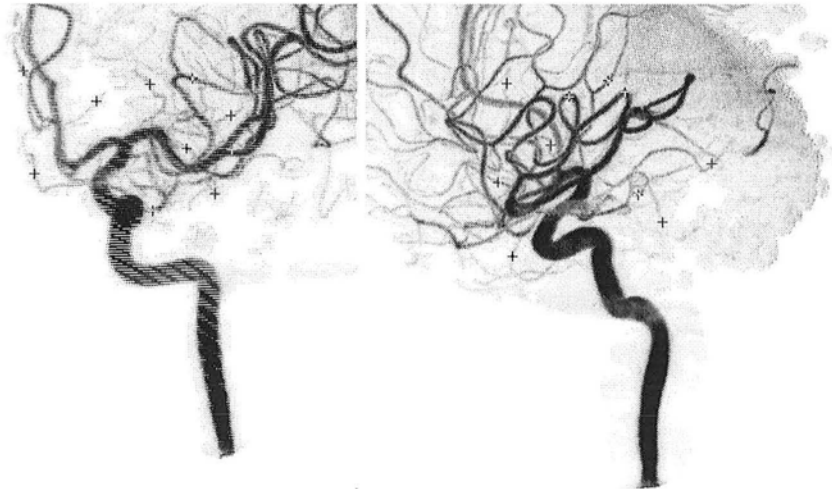


(b) Images MIP finales : à gauche l'image de face, à droite l'image de profil

FIG. 13.9 – Exemple de succès de notre algorithme de recalage dans un cas difficile : MAV



(a) Images maxop : à gauche l'image de face, à droite l'image de profil



(b) Images MIP finales : à gauche l'image de face, à droite l'image de profil

FIG. 13.10 – Exemple de succès de notre algorithme de recalage dans un cas difficile : forte collimation et superpositions multiples d'artères. Remarquez également la présence du cathéter dans les images maxop.

Cinquième partie

Recalage d'un volume 3DXA avec une acquisition IRM

Chapitre 14

Études préliminaires

Ce chapitre reprend la formalisation retenue dans le chapitre 4 pour toute approche d'un nouveau problème de recalage, que nous avons formulée sous forme de questions auxquelles il fallait répondre. Nous allons donc dans un premier temps étudier la *nature des données* pour ensuite définir notre *méthode de résolution*, à travers une série d'expérimentations implantant des méthodes préconisées dans la littérature.

14.1 Nature des données

14.1.1 Image

Image vasculaire

Une des modalités est vasculaire : elle est spécialement dédiée à la visualisation des vaisseaux sanguins. L'archétype que nous considérerons est la 3DXA mais nous n'excluons pas d'utiliser également une acquisition d'angiographie IRM (MRA). Étant donné la taille millimétrique des vaisseaux sanguins intra-crâniens, c'est-à-dire ceux que le neuroradiologue est susceptible de cathétériser pour atteindre la malformation, la modalité se doit de présenter une très bonne résolution spatiale dans toutes les directions de l'espace : elle est donc forcément volumique.

Un volume 3DXA est codé sur une matrice de $512 \times 512 \times 512$ voxels isotropes et de taille aux alentours de 0,25 mm (la taille varie légèrement avec le FOV utilisé pour l'acquisition en rotation). Cependant, on peut estimer la résolution "pratique", c'est-à-dire le diamètre des plus petites artères effectivement visibles dans le volume 3DXA, à 0,5 mm, et même 0,4 ou 0,3 mm dans les meilleurs cas (bouger patient faible, bonne stabilité du produit de contraste). Par construction, et grâce à la très précise correction des distorsions dans les images d'angiographie rotationnelle, un volume 3DXA ne souffre d'aucune distorsion géométrique. Cependant, nous avons déjà remarqué en début de chapitre 12 que la 3DXA présentait une distorsion en intensité : les vaisseaux de plus petits calibres sont moins denses que les gros axes.

Un volume MRA est obtenu par empilement de coupes axiales. Chaque coupe est codée sur une matrice 512×512 . Un total de 140 coupes de 0,8 mm d'épaisseur, acquises tous les 0,4 mm constitue le volume (protocole classique d'angiographie IRM utilisé à l'hôpital neurologique de Nancy). Les voxels sont légèrement anisotropes de taille $0,47 \text{ mm} \times 0,47 \text{ mm} \times 0,4 \text{ mm}$. La résolution pratique va dépendre de l'orientation du vaisseau par rapport au plan axial mais on peut estimer que les vaisseaux dont le diamètre est de l'ordre de 0,7 mm sont visibles. Un volume MRA souffre de distorsions géométriques dans la mesure où c'est une acquisition IRM. Nous préciserons la manière de traiter ce problème dans la section suivante en parlant de la modalité IRM. Pour la même raison, on note également une distorsion en intensité. Comme c'est une imagerie de flux, il faut également souligner que le diamètre des vaisseaux est sous-estimé, car le flux sanguin est laminaire : la vitesse d'écoulement est fonction de la distance au centre du vaisseau, le flux étant nul sur les bords (ceci est surtout sensible lors de la visualisation des gros vaisseaux). Enfin, l'effet de volume partiel provoque une diminution du signal reconstruit dans les vaisseaux de calibre approchant la résolution ainsi qu'une surestimation du diamètre de ces artères.

Image IRM

À la fin de la première partie, nous soulignons l'intérêt que peut présenter pour le médecin l'apport de l'IRM pendant un examen de neuroradiologie interventionnelle. Nous n'avons cependant rien dit concernant le (ou les) protocole(s) d'IRM qu'il serait souhaitable de savoir recalcer avec un volume 3DXA. D'un point de vue médical tout d'abord, l'IRM doit montrer avec clarté l'anatomie du patient. De plus, il serait préférable que ces acquisitions aient une bonne résolution (volumiques). Ensuite, d'un point de vue technique de recalage, la modalité vasculaire ne montrant que les vaisseaux sanguins, il faut que le protocole d'IRM montre également la vascularisation. Considérant la petite taille des vaisseaux, nous avons une nouvelle raison de préférer une acquisition volumique. Du côté des protocoles, un protocole en T2 dit "sang noir" permet une très bonne visualisation des vaisseaux sanguins. Ils y apparaissent en noir (hyposignal). Un protocole en T1 FSPGR (*Fast Spoiled Gradient*) en IR (*Inversion-Récupération*) montre quelques artères en hypersignal mais ce protocole se fera de préférence avec injection par voie intra-veineuse d'un produit de contraste (gadolinium), si on désire une très bonne visualisation des artères en hypersignal.

Deux protocoles sont donc candidats. Nous avons cependant préféré ne nous intéresser qu'à un seul protocole afin de réduire la complexité du problème. La prise en compte d'une dernière contrainte va les départager : nous voulons perturber le moins possible la pratique médicale. Les médecins font en effet subir à leurs patients un certain nombre d'examen d'imagerie : le choix de ces examens est issu d'un travail d'optimisation du geste diagnostique, visant à apporter toutes les informations nécessaires avec le moins d'images possible. L'IRM fait partie des examens d'imagerie requis durant le traitement d'une MAV. Dans ce cas particulier, le protocole utilisé est l'acquisition en 3D T1 IR FSPGR avec injection de gadolinium. Nous avons donc choisi de travailler avec ce genre d'examen. Nous donnerons les détails des différents paramètres utilisés dans le chapitre 16 consacré à la validation. Nous y ferons désormais référence par le raccourci "T1+Gd".

Un volume T1+Gd comprend en général 128 coupes axiales jointives d'1 à 1,5 mm d'épaisseur (donc tous les 1 ou 1,5 mm). Toute la zone cérébrale est donc couverte, et presque toute la tête. Le FOV varie entre 24 et 26 cm et chaque image de coupe est codée sur une matrice de 256×256 ou 512×224 , auquel cas l'image est rendue carrée (512×512) par interpolation. La résolution axiale varie donc entre 1 mm et 0,47 mm au mieux. Il ne faut cependant pas oublier que le rapport signal sur bruit de l'image haute résolution est dégradé par rapport à l'image en 256×256 . En moyenne la résolution pratique d'un volume T1+Gd sera de l'ordre du millimètre.

Les distorsions en IRM sont de deux ordres : géométriques et en intensité. Dans sa thèse, Sumanaweera [Sum92] cite six sources potentielles de distorsions en IRM, classées en deux grands groupes : celles dues à la machine et celles induites par le patient. Si le premier type peut se corriger en calibrant soigneusement la machine d'IRM, le deuxième est plus délicat. Des solutions ont été proposées [SGBA93, vdEPS⁺94, SGH⁺95] et employées avec succès [HvdES⁺95]. Enfin, il est à noter que de nombreux auteurs les considèrent peu gênantes [ZLW⁺90, HHG⁺94], surtout quand la zone imagée est petite, comme c'est le cas pour les images cérébrales. En pratique, nous considérerons que les distorsions dues à la machine sont négligeables : les procédures de calibration suivies lors des maintenances régulières de la machine d'IRM dont nous disposons sont fiables. De plus, dans l'étude qui fait à présent référence dans le domaine du recalage [WFW⁺97], Fitzpatrick emploie une méthode de correction des distorsions dues au patient et montre son efficacité à travers la précision du recalage basé sur des marqueurs externes qui lui sert de référence. De nombreux scanners IRM, notamment ceux de GE Medical Systems, possèdent des algorithmes de correction des distorsions. Pour le protocole envisagé (T1+Gd), les acquisitions IRM seront donc considérées comme ne comportant pas de distorsion. Si notre algorithme devait être utilisé avec un autre type de machine (ne bénéficiant pas de cette correction), les acquisitions IRM devraient être prétraitées grâce aux algorithmes de Sumanaweera ou Fitzpatrick.

Ces remarques n'excluent pas certains artefacts résiduels dans les images, notamment ceux dus à l'effet de volume partiel ou encore au flux sanguin, tous deux particulièrement présents dans le voisinage des artères.

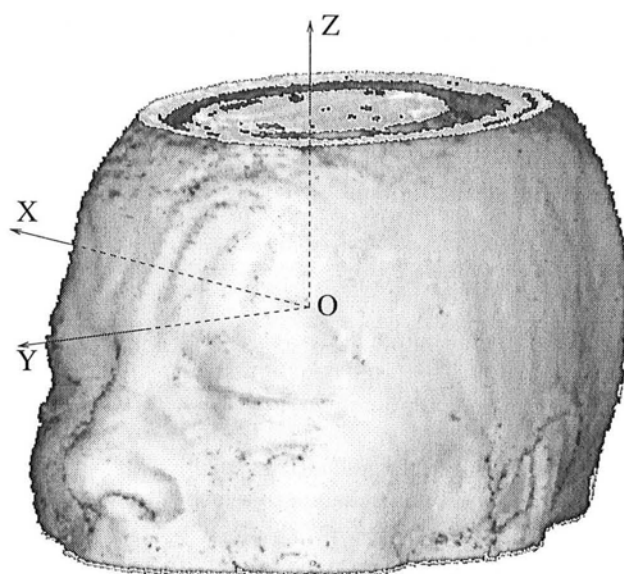


FIG. 14.1 – Le repère anatomique RAS

14.1.2 Objet

Notre problème de recalage est de type mono-patient, multi-modalité. De plus, la zone anatomique imagée est intra-crânienne, partie du corps rigide par excellence. La pathologie va évoluer mais ce changement ne sera a priori pas gênant : nous pouvons compter sur la présence de certaines artères dans la grande majorité des cas.

La particularité du problème provient du fait qu'une des imageries est vasculaire. Ainsi, on peut considérer qu'une infime partie des voxels contient une information utile (qui n'est pas du bruit) dans l'image angiographique. En particulier pour la 3DXA, pour laquelle on estime qu'à peine 5% des voxels correspondent à des artères. En IRM, l'information utile est donc noyée dans une large majorité de grandes plages d'intensité, habituellement très appréciées, mais qui peuvent ici être assimilées à du bruit. Ce bruit n'est cependant pas modélisable classiquement. La méthode employée devra donc être conçue pour faire face à ce type de problème.

La précision du recalage final devra être de l'ordre du millimètre (approximativement la taille des artères que le neuroradiologue voudra cathétériser), et sera fonction de l'épaisseur de la coupe en IRM.

14.1.3 Cause du décalage

Le repère RAS

Chaque modalité est exprimée dans un repère dit anatomique car les directions et orientations des axes sont reliées à l'anatomie du patient : l'axe $[Ox]$ pointe vers la droite, l'axe $[Oy]$ vers l'avant et l'axe $[Oz]$ vers le haut. Ainsi, ce repère est appelé *repère RAS* (pour *Right-Anterior-Superior*). L'origine du repère correspond au centre de la machine : c'est le centre de la zone homogène du champ B_0 pour l'IRM et l'isocentre pour la machine d'angiographie. Le repère RAS est représenté sur un volume d'IRM sur la figure 14.1.

Le repère RAS est défini par calibration de la machine : la procédure passe par l'acquisition d'images d'un fantôme dédié. Nous avons déjà détaillé la calibration d'une salle d'angiographie pour la 3DXA mais nous n'allons pas le faire pour l'IRM, ceci étant une procédure classique incluse dans la maintenance de la machine.

En plus de donner la définition de la direction et de l'orientation des axes, ainsi que de l'origine du repère, les fantômes définissent la taille des voxels (pixels pour les projections en 3DXA). Certains auteurs utilisent leurs propres fantômes pour ce faire [HHG⁺94, FHS⁺98] mais nous faisons une fois de plus confiance aux procédures suivies lors des maintenances, qui sont similaires aux manipulations décrites dans les publications citées. Le repère RAS est ainsi un repère orthonormé dans lequel les longueurs s'expriment en mètres, et ce, quelque soit la modalité concernée.

Repère de référence et repère flottant

La possibilité de définir un repère anatomique ne fait en rien disparaître la nécessité du recalage. Les axes du repère sont déterminés de manière purement qualitative : même si on peut imaginer mettre les repères en correspondance en utilisant un fantôme commun pour les deux calibrations, le patient peut avoir une position différente dans les deux machines (c'est-à-dire par rapport aux repères RAS associés aux machines), même si sa position est en gros la même (il regarde le plafond de la salle dans les deux cas). Une procédure de recalage est donc requise pour chaque patient. Par conséquent, un repère de référence doit être choisi.

Deux considérations sont à prendre en compte dans le choix de ce repère. D'une part, un recalage sans cadre, même basé sur des critères de similarité, va *in fine* mettre en correspondance des structures présentes dans les images. Dans le cas où une des modalités est vasculaire, le recalage ne peut que se baser sur les vaisseaux sanguins (c'est le cas du 3DXA mais aussi de la MRA). Il importe donc de préserver les structures vasculaires, en particulier les vaisseaux fins (moins d'un millimètre) si nous voulons obtenir un recalage précis. La deuxième remarque à considérer concerne la modalité flottante. Comme son nom l'indique, cette modalité va, explicitement ou implicitement, être transformée, cette transformation impliquant un certain niveau d'interpolation.

Considérons à présent les deux possibilités qui s'offrent à nous : d'une part l'IRM en T1+Gd qui montre bien les vaisseaux et dont la résolution est au mieux d'un millimètre selon l'axe [0z), et deux fois mieux dans le plan axial (résolution pratique de l'ordre du millimètre) ; d'autre part la 3DXA, qui montre très bien les vaisseaux (seulement les vaisseaux injectés qui plus est) avec une résolution de 0,25 mm (résolution pratique de l'ordre de 0,5 mm). Nous avons choisi la 3DXA comme modalité de référence : elle donne une information très précise sur les vaisseaux sanguins (deux fois plus précise que la qualité de recalage recherchée) et que nous voulons donc conserver intacte. Par conséquent le repère de référence est le repère RAS associé à la 3DXA. L'avantage est double car c'est le repère dans lequel les deux modalités sont exprimées avant de calculer le critère de similarité : nous travaillons donc avec la meilleure résolution et non le contraire. Enfin, dans le cadre d'une extension de ce travail au recalage entre l'IRM en T1+Gd et l'angiographie IRM, il est important de noter que ces diverses remarques restent valides (la résolution de la MRA est un peu moins bonne que celle de la 3DXA mais toujours meilleure que l'IRM en T1+Gd) : le choix du repère de référence sera donc encore celui lié à l'imagerie vasculaire.

14.2 Méthode de résolution

14.2.1 Classe de transformation

Dans la section précédente, nous avons précisé qu'un seul et même patient avait subi les deux examens d'imagerie à recalcer. De plus, nous considérons que :

- chaque modalité est exprimée dans un repère orthonormé dans lequel les longueurs s'expriment en mètres ;
- les distorsions géométriques sont négligeables ;
- la position du patient peut être différente d'une machine à l'autre ;
- la partie du corps imagée est rigide par excellence (crâne).

La recherche d'une *transformation rigide* est donc parfaitement justifiée.

14.2.2 Base de recalage

Le recalage devant pouvoir être réalisé a posteriori et notre but étant de perturber le moins possible le déroulement d'un examen, la base de recalage sera forcément intrinsèque.

Primitives d'ordre supérieur

La première possibilité qui s'offre à nous est l'utilisation de primitives d'ordre supérieur. À notre connaissance, tous les chercheurs qui se sont penchés sur le problème du recalage de modalités vasculaires ont fait ce choix. L'originalité de notre sujet par rapport aux travaux précédents est que seule une des deux modalités est vasculaire. La thèse de Hill [Hil93] constitue cependant un précédent qu'il convient de citer : son approche consistait à recaler les vaisseaux sanguins (connus par leur ligne centrale et leur rayon) avec la surface du cerveau en prenant en compte la relation qui existe entre eux (les vaisseaux sanguins suivent en générale un trajet sur la surface du cerveau mais ceci n'est pas vérifié pour les artères perforantes). Ses résultats ne furent cependant pas convaincants : Hill s'était posé comme challenge de recaler des images DSA avec une IRM, problème difficile que nous avons contourné dès le premier chapitre en le décomposant.

En début de cette thèse un stagiaire [Bri97] a effectué un travail dont une partie portait sur le recalage d'images DSA avec un volume MRA. Il employa la méthode de Feldmar [FMA⁺97] (ICP associé à un filtre de Kalman avec gestion des outliers par test de χ^2) et les résultats furent satisfaisants. La grosse difficulté se cachait dans la segmentation des artères. Dans les images DSA, une méthode originale basée sur l'estimation d'un champ de Markov pour optimiser les paramètres d'un modèle sous-jacent de vaisseaux sanguins a été appliquée. La plupart des vaisseaux sont ainsi extraits mais le résultat contient énormément de bruit de sur-segmentation (beaucoup de primitives sont aberrantes), ce qui nécessite une phase de "nettoyage" manuel de l'ensemble des primitives. Dans les images MRA, un algorithme de suivi de vaisseau (*vessel tracking*) a été développé. Seuls les gros vaisseaux sont extraits en MRA, ce qui suffit à obtenir un recalage de précision de l'ordre du millimètre. Nous avons ainsi testé cet algorithme sur le volume en T1+Gd. Le suivi s'arrête très rapidement car l'intensité le long d'un vaisseau sanguin est irrégulière, un vaisseau pouvant disparaître dans une coupe pour réapparaître dans la coupe suivante. Nous avons déjà vu les problèmes liés à l'extraction de la ligne centrale des vaisseaux sanguins et remarqué les difficultés rencontrées dans les imageries vasculaires. De plus, une initialisation manuelle du recalage était requise. L'emploi de ces méthodes pour le T1+Gd est donc exclu.

Fonctions de similarité

Face aux difficultés de segmentation du volume IRM, nous nous sommes donc tournés vers l'emploi d'une fonction de similarité de voxels, méthode ayant déjà fait les preuves de sa précision dans le cas du recalage CT/MR.

Nous avons commencé par tester l'information mutuelle. Le problème de l'initialisation se posant, nous avons opté pour une procédure manuelle rapide qui consiste à indiquer un point anatomique commun aux deux volumes (donc forcément sur une artère). Ainsi, une première estimation de la translation est fournie, l'erreur en rotation pouvant être considérée comme limitée à des valeurs acceptables pour un tel critère grâce à la définition des repères RAS. Si le point anatomique est choisi sur le vaisseau principal injecté en 3DXA, considérant que celui-ci participe pour beaucoup au calcul du critère, nous pensons de plus être dès l'initialisation dans la cuvette d'attraction du maximum recherché. Que ce soit en utilisant une optimisation par Powell ou par l'algorithme pseudo-exhaustif proposé par Studholme [SHH96] (censé éviter certains maxima locaux, voir la section 5.4.3) les résultats ne furent pas bons. La première explication à laquelle nous pensâmes fut la trop faible contrainte imposée par le critère d'information mutuelle quant à la relation entre les intensités des deux volumes : malgré une association correcte sur le gros vaisseau (par initialisation), une faible erreur dans le déplacement associait les vaisseaux sanguins vus en 3DXA avec des voxels correspondant à la substance blanche ou grise. Les petits vaisseaux présentent d'ailleurs parfois la même intensité que ces tissus (voir la figure 14.2).

Nous avons donc essayé un critère d'intercorrélacion centrée normalisée afin prendre en compte une relation affine entre les intensités. Les résultats ne furent pas satisfaisants. En plus du problème, évo-

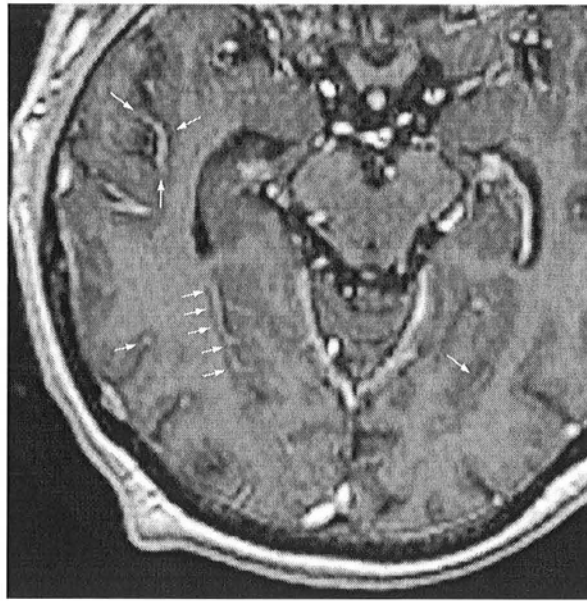


FIG. 14.2 – Les petits vaisseaux sanguins (flèches) présentent une intensité similaire à la substance blanche ou grise

qué ci-dessus, de la similarité des intensités des petits vaisseaux avec celles présentes dans les tissus environnants, l'interpolation sur les petits vaisseaux était trop forte pour rendre le critère stable.

Enfin, la convergence de ces critères prenait déjà trop de temps par rapport à nos exigences.

Solution mixte

Nous avons choisi une solution mixte qui se rapproche de l'idée d'employer les lignes de crête à la manière de Maintz [MvdEV96] : optimiser la corrélation entre un volume 3DXA et le volume T1+Gd dans lequel les vaisseaux auront été rehaussés. Nous nous sommes intéressés aux filtres de rehaussement de vaisseaux basés sur les valeurs propres du hessien de l'image, dans un contexte multiéchelles [KMA96, SNA⁺97, FNVV98, KMA98, NvSE⁺99, KMA⁺99]. À notre connaissance, ces filtres n'ont été utilisés qu'avec des acquisitions angiographiques (MRA). Nous en avons implémenté deux (celui de Sato [SNA⁺97] et celui de Frangi [FNVV98]). Après quelques tests principalement visuels, nous avons décidé de garder celui de Frangi qui semble mieux distinguer les artères.

Le principe est toujours le même : si l'objet localement représenté présente une forme tubulaire, les 3 valeurs propres du hessien (matrice des dérivées partielles secondes) $(\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3)$ seront telles que :

$$|\lambda_1| \approx 0 \quad (14.1)$$

$$|\lambda_1| \ll |\lambda_2| \quad (14.2)$$

$$\lambda_2 \approx \lambda_3 \quad (14.3)$$

les valeurs propres étant rangées par ordre de module croissant. L'approximation de l'intensité localement par le hessien est un développement de Taylor du second ordre. Ce faisant, nous essayons donc de modéliser la forme locale de l'image par une ellipsoïde dont les longueurs des axes sont données par $1/|\lambda_1|$, $1/|\lambda_2|$ et $1/|\lambda_3|$. Si les deux fortes valeurs propres (λ_2 et λ_3) sont négatives, le tube sera clair sur fond sombre ; sinon, le tube est sombre sur fond clair.

Le filtre proposé par Frangi s'exprime par (s est un site de l'image 2D ou 3D) :

$$\mathcal{V}_0(s) = \begin{cases} 0 & \text{si } \lambda_2 > 0 \text{ ou } \lambda_3 > 0, \\ \left(1 - \exp\left(-\frac{\mathcal{R}_A^2}{2\alpha^2}\right)\right) \exp\left(-\frac{\mathcal{R}_B^2}{2\beta^2}\right) \left(1 - \exp\left(-\frac{S^2}{2c^2}\right)\right) & \text{sinon} \end{cases} \quad (14.4)$$

avec

$$\mathcal{R}_A = \frac{|\lambda_2|}{|\lambda_3|}, \quad \mathcal{R}_B = \frac{|\lambda_1|}{\sqrt{|\lambda_2\lambda_3|}} \quad \text{et} \quad S = \sqrt{\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2} \quad (14.5)$$

De manière intuitive :

- \mathcal{R}_B indique qu'une direction est largement privilégiée ($|\lambda_1|$) par rapport aux deux autres. Il doit donc être grand.
- \mathcal{R}_A permet de faire la distinction entre une structure en forme de planche et en forme de tige : dans les deux cas, nous avons \mathcal{R}_B qui est grand (une longueur infinie) mais pour la planche, \mathcal{R}_A sera petit alors qu'il sera proche de 1 pour la tige.
- S impose enfin qu'une des valeurs propres au moins soit très grande en absolu (et non plus grande *par rapport* aux deux autres comme dans \mathcal{R}_B). Il sera faible pour les voxels correspondant au fond de l'image (pas de structure présente) et forte dans les régions à fort contraste (où nous sommes susceptibles de rencontrer une artère).

D'un point de vue implantation, le hessien est calculé par convolution avec des noyaux de filtres gaussiens (dérivées partielles secondes). Nous n'avons pas utilisé de passage par la transformée de Fourier : les données volumiques sont très gourmandes en place mémoire (66 Mo pour un volume IRM et 256 Mo pour un volume 3DXA : il faudrait, en théorie appliquer le même filtre au volume 3DXA pour avoir des images semblables), ce qui rend le traitement d'un cube de données délicat. Nos données apparaissent donc sous forme compressée (un codage par segments). Nous avons donc préféré implémenter les filtres gaussiens de manière récursive, celle-ci s'adaptant bien à ce type de codage.

L'archétype de ce genre d'implantation est celle proposée par Deriche [Der93]. La fonction de transfert $H(z)$ d'un filtre gaussien étant réelle et paire, elle peut se décomposer en deux sous-systèmes stables : $H_+(z)$, causal, et $H_-(z)$, anti-causal. Deriche fait un implantation parallèle du filtre gaussien à travers une somme :

$$H(z) = H_+(z) + H_-(z)$$

Cette implantation demande donc que le résultat du filtre causal soit stocké en mémoire pendant que les données originales sont passées au travers du filtre anti-causal, pour finalement en faire la somme.

Afin de minimiser la place mémoire, nous avons employé l'implantation proposée par van Vliet [YvV95, vVYV98] du filtre gaussien comme *produit* d'un filtre causal et d'un filtre anti-causal :

$$H(z) = H_+(z) \times H_-(z)$$

les données originales sont filtrées par le filtre causal et le résultat de ce filtrage est passé au travers du filtre anti-causal. Aucune mémoire tampon n'est donc nécessaire. Chaque sous-système est approché par un filtre récursif à N pôles (approximation d'ordre N). Afin de satisfaire les conditions selon lesquelles $H(z)$ est paire et réelle, nous trouvons :

$$H_+(z) = \prod_{i=1}^N \frac{d_i - 1}{d_i - z^{-1}} \quad \text{et} \quad H_-(z) = \prod_{i=1}^N \frac{1 - d_i}{z - d_i}$$

où les (d_i) sont les pôles (complexes). Ils sont trouvés en minimisant l'erreur entre la fonction de transfert à temps discret du filtre gaussien et son approximation à l'ordre N pour un écart-type σ donné (van Vliet étudie la norme L^2 et L^∞ mais nous avons choisi les résultats minimisant la norme L^2). Si nous voulons changer l'écart-type du filtre gaussien par un facteur multiplicatif q , il suffit, en temps continu, d'appliquer le facteur inverse aux pôles exprimés dans l'espace de Laplace (changement d'échelle de la

transformée de Laplace en temps continu). L'auteur montre que dans le cas du temps discret, la relation est plus complexe et donne l'expression de l'écart-type du filtre en fonction du facteur d'échelle q appliqué aux pôles.

Nous avons utilisé des filtres à 5 pôles optimisés pour un écart-type de 2 mm (voir [vVYV98]), le changement d'écart-type se faisant grâce aux formules proposées par l'auteur (impliquant une recherche par dichotomie du paramètre d'échelle optimal). Des simulations sur une ligne de données ont montré que les filtres apportaient une bonne approximation des filtres de dérivées de gaussienne successives (jusqu'aux dérivées secondes) pour des écarts-types allant de 0,5 à 5 mm.

Le calcul du hessien va donc dépendre de l'écart-type σ choisi pour le filtre dérivatif gaussien. Le filtre de Frangi est alors appliqué pour des valeurs différentes de σ , compatibles avec la taille des artères recherchées, l'intégration à travers les différentes échelles se faisant en considérant comme réponse finale le maximum de réponse rencontré.

La figure 14.3 montre le résultat obtenu sur une acquisition d'IRM en T1+Gd en combinant le résultat du filtre pour quatre échelles différentes ($\sigma \in \{0,5; 0,75; 1,0; 1,5\}$) et paramétré par : $\alpha = 0,5$, $\beta = 0,5$ et $c = 60$.

Nous avons ensuite tenté de recalibrer le résultat du filtrage avec un volume 3DXA (initialisation manuelle par indication d'une paire de points homologues sur l'extrémité supérieure du tronc basilaire) en maximisant l'intercorrélacion entre les deux volumes. Le résultat (voir la figure 14.4) est médiocre : l'optimisation se passe normalement pour la translation mais la rotation n'est pas modifiée. On peut noter au moins 5 mm d'erreur pour les parties postérieures. Notre interprétation de ce résultat est que trop peu de voxels en pourcentage participent effectivement au calcul du critère. La grande majorité n'est que du bruit qui perturbe la régularité attendue de la corrélation. De plus, l'interpolation ajoute encore à ce bruit, d'autant plus que le recalage va devoir se baser sur les petites structures (en fin de recalage pour atteindre un résultat millimétrique). Il faut donc réduire le nombre de voxels qui ne sont pas significatifs pour le critère, autrement dit augmenter le rapport entre les voxels de l'objet (vaisseaux sanguins) et ceux du fond.

L'emploi d'un filtre de rehaussement de vaisseau est intéressant : les vues MIP de la figure 14.3 sont améliorées, mais on pourrait attribuer cela au fait que le filtrage réduit le signal de la peau (de forme plane et non tubulaire). En regardant les coupes natives, nous voyons que les voxels sont conservés appartiennent tous à des vaisseaux. Cependant, certains vaisseaux sont perdus, notamment les petits. Trois raisons peuvent être invoquées pour l'expliquer :

- nombre d'échelles réduit (4 valeurs de σ) : les vaisseaux dont le diamètre est intermédiaire sont moins bien rehaussés ;
- taille des vaisseaux de l'ordre du voxel : l'implantation récursive est moins performante mais il faut aussi compter avec l'effet de volume partiel qui a tendance à déformer la section des petits vaisseaux, dont la forme s'éloigne alors du tube ;
- courbure des vaisseaux : Krissian [KMA98] montre qu'un vaisseau dont la courbure de l'axe central est non nulle (modèle local en forme de tore) perturbe les valeurs propres du hessien dont l'interprétation (voir la formule (14.1)) est alors plus délicate.

Enfin, ces algorithmes travaillant directement sur les données volumiques (fonctions de similarité et filtrage) mènent à des temps de calcul inacceptables pour notre application. Nul doute qu'une implantation plus efficace que la nôtre existe, mais nous avons noté un temps de calcul supérieur à 15 mn pour le filtrage et de l'ordre de 10 mn pour l'optimisation du critère de corrélation (sur une station de travail de type UltraSparc cadencée à 200 Mhz).

Le principal problème à résoudre est donc double :

- réduire la dimensionalité des données afin d'améliorer le temps de calcul ;
- augmenter la part de l'objet par rapport au fond dans les images (augmentation de l'entropie) afin d'améliorer le calcul du critère.

Un prétraitement de l'IRM pour rehausser les vaisseaux est à envisager avec la possibilité de perdre en qualité si le traitement est extrêmement rapide. Un critère basé sur la corrélation semble être suffisant une fois que nous aurons répondu aux questions précédentes.

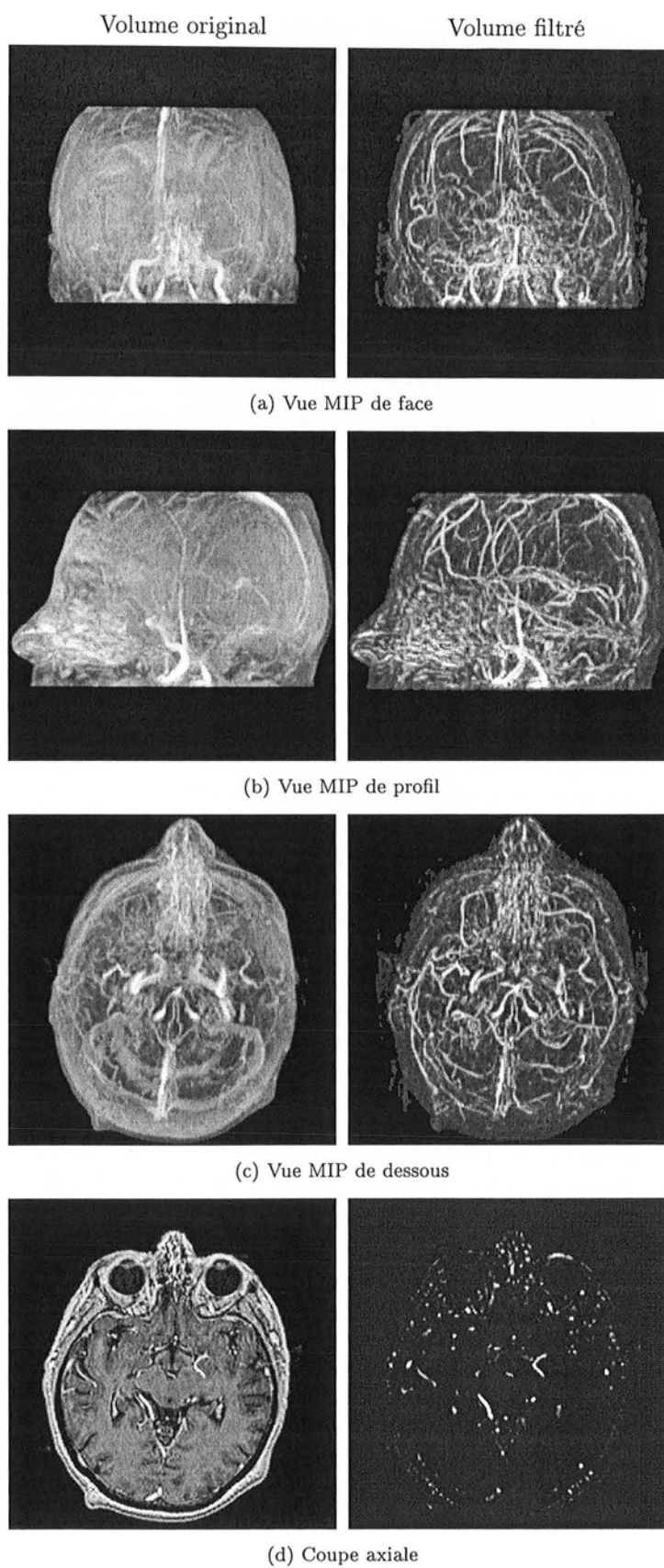


FIG. 14.3 - Évaluation visuelle d'un filtrage des structures tubulaires [FNVV98]: $\sigma \in \{0,5; 0,75; 1,0; 1,5\}$, $\alpha = 0,5$, $\beta = 0,5$ et $c = 60$

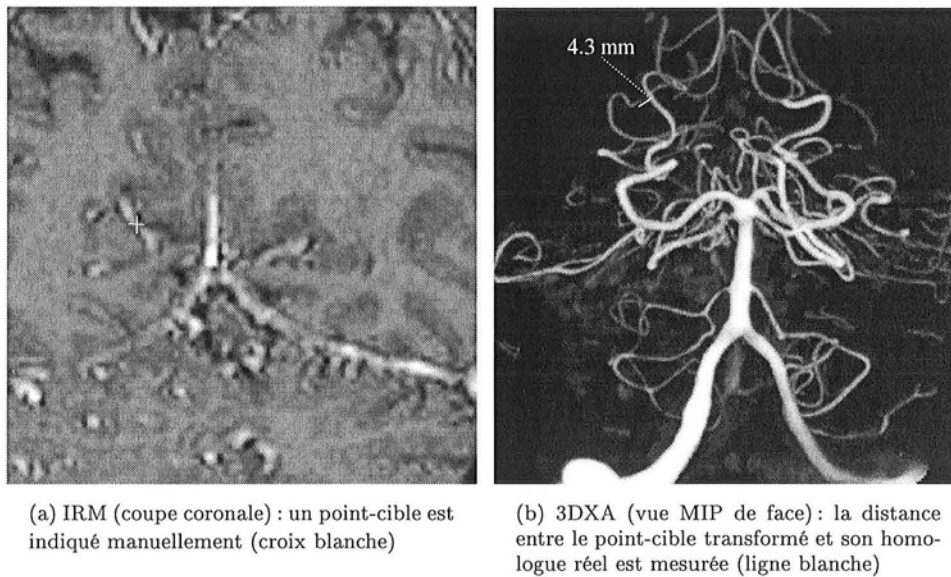


FIG. 14.4 – Résultat du recalage par corrélation d'un volume 3DXA avec la version d'un volume IRM filtré par le filtre de rehaussement de vaisseaux de Frangi.

14.2.3 Interaction

Nous recherchons bien sûr une interactivité minimale. Cependant, contrairement au recalage 3DXA/2D DSA, l'algorithme peut être semi-automatique, étant appliqué à des images qui demandent déjà un certain temps de reconstruction. Afin de nous concentrer sur l'algorithme de recalage, nous avons opté pour une initialisation manuelle : une paire de points homologues est indiquée par l'utilisateur en début de procédure de recalage. Nous avons estimé que cette très faible interaction était peu handicapante, pouvant être réalisée en quelques secondes. Cette première indication manuelle des points sera d'autant plus rapide que l'algorithme de recalage est robuste face à l'imprécision du pointage.

En fin d'algorithme, le recalage devra être validé explicitement par le médecin avant qu'il ne puisse l'exploiter.

14.2.4 Calcul

Nous avons posé comme contrainte au calcul de s'effectuer en moins de 5 minutes, ce qui correspond au temps moyen de reconstruction du volume 3DXA et constitue donc un temps d'attente acceptable dans des conditions d'examen. Le critère utilisé sera basé sur la corrélation : il est non seulement bien adapté mais peut de plus être implanté de manière très efficace (au mieux dans un circuit intégré). D'un point de vue optimisation, nous avons choisi d'employer à nouveau l'algorithme pseudo-exhaustif multi-résolution de Studholme pour sa rapidité. À des fins de validation, l'algorithme de Powell sera considéré comme un "gold standard".

14.3 Conclusion

Ces études préliminaires nous ont permis de mieux cerner les problèmes que posent le recalage d'un volume 3DXA avec une IRM. Le choix de la base de recalage est en quelque sorte imposé par la difficulté de segmenter l'IRM et par la haute précision que l'application visée exige. Dans cette optique d'utiliser les fonctions de similarité de voxels, les obstacles ne sont pas tant nés du critère choisi mais de la taille des objets à recaler (les artères) située en limite de résolution de l'IRM, ce qui perturbe fortement le critère.

En restant dans cet esprit qui nous a animé dans le cas du recalage 3D/2D, nous avons gardé notre foi en la capacité des critères de similarité de nous mener à un recalage de précision millimétrique. Pour surmonter les obstacles qui se dressaient, nous avons porté nos efforts sur l'analyse du problème afin de simplifier les données et en quelque sorte d'en extraire la substantifique moëlle pour favoriser l'adéquation du critère de similarité à notre problème, à la fois en temps de calcul et en pertinence. Le sens de ces efforts, et l'algorithme qui en a découlé, font l'objet du prochain chapitre.

Chapitre 15

Description de l'algorithme

Deux grandes difficultés se dressent dans le problème du recalage 3DXA/IRM : d'une part la somme de données à traiter est très importante, étant donné que nous travaillons avec des images volumiques ; d'autre part, nous avons vu que la part d'information réellement utile dans cette masse de données est très petite. La philosophie suivie dans l'élaboration de notre algorithme est donc de réduire la dimensionalité des données, tout en conservant l'information pertinente.

Si nous partons de l'hypothèse que, par un moyen quelconque, nous connaissons une paire de points homologues, les effets d'une rotation centrée sur cette paire de points ne vont se faire sentir qu'à une certaine distance. C'est donc là que se situe l'information intéressante pour la rotation. Nous exposons dans la première section de ce chapitre comment nous avons traduit ce fait géométriquement et nous verrons qu'une projection MIP permet à la fois de réduire la dimensionalité du problème et d'augmenter la part du signal pertinent sur le fond de l'image.

Considérant de plus que cette paire de points est située anatomiquement sur une bifurcation artérielle, toute l'information pertinente pour estimer la translation est présente dans le voisinage des points. Nous verrons comment nous pouvons à nouveau tirer parti de la projection MIP pour atteindre notre but.

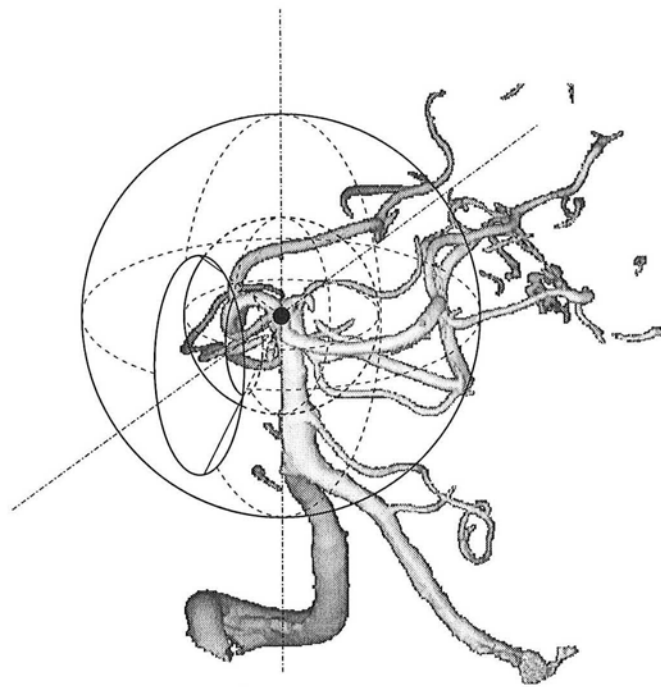
Nous aboutissons ainsi à un algorithme rapide de détermination du recalage qui alterne l'estimation de la rotation et celle de la translation.

15.1 Estimation de la rotation

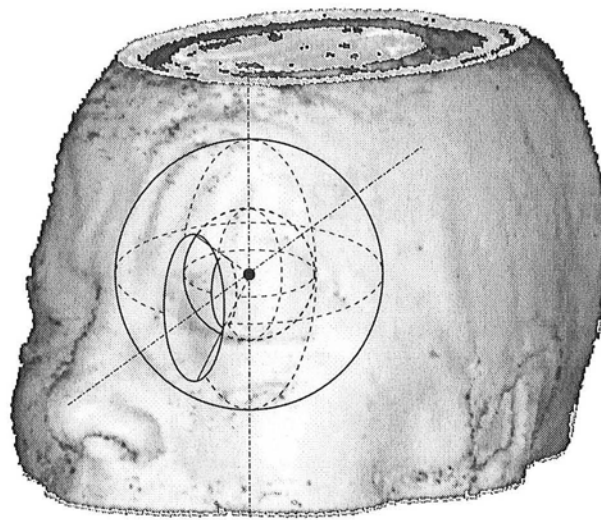
Supposons que nous connaissons un couple de points homologues dans les deux modalités : P_r dans la modalité de référence (3DXA) et P_f dans la modalité flottante (IRM). Si ces points sont connus avec une précision extrême, la translation est entièrement déterminée ($T = P_r - P_f$) et seule la rotation \mathbf{R} reste inconnue.

15.1.1 Extraction d'une couronne tridimensionnelle

Toute sphère centrée sur le point fixe est globalement invariante par rotation. De même, tout ensemble de points situés entre deux sphères centrées sur le point fixe est globalement invariant par rotation. D'autre part, la position des points situés proches du centre de rotation est peu sensible à l'amplitude de la rotation. L'idée est donc de ne considérer que les points situés entre une distance minimale R_{\min} et une distance R_{\max} du point fixé. La distance R_{\min} assure que les points considérés apportent une information significative pour caractériser la rotation. La distance R_{\max} limite l'ensemble de points à l'intérieur de la boîte crânienne. La figure 15.1 représente graphiquement l'extraction d'un tel ensemble d'un volume 3DXA (figure 15.1(a)) d'un volume IRM (figure 15.1(b)), ensemble que nous appelons une *couronne* (tridimensionnelle).



(a) 3DXA



(b) IRM

FIG. 15.1 – *Extraction d'une couronne tronquée*

15.1.2 Projection MIP

Les artères apparaissent dans les deux modalités en hypersignal (dans le cas contraire, une simple transformation de l'histogramme de l'IRM suffit à valider cette hypothèse). Nous avons vu que le reste des voxels peut être assimilé à du bruit : il n'existe aucune correspondance dont nous pourrions tirer parti quant à l'intensité des voxels en dehors des artères. Une étape supplémentaire peut alors être franchie vers la simplification des données : nous effectuons une projection radiale en maximum d'intensité (MIP) vers la sphère extérieure. La figure 15.2(a) explique comment s'effectue cette projection. Nous réduisons ainsi de manière automatique le nombre de voxels sans perdre d'information importante sur la rotation.

R_{\max} joue alors un rôle important. Lui donner une valeur limitée permet d'éviter que des zones de peau intersectent la couronne. La peau présentant un hypersignal en T1, cela aurait pour conséquence de créer une tache blanche sur la surface de la sphère externe après la projection MIP, tache qui n'aurait pas son équivalent en 3DXA. Une partie des artères serait noyée dans cette tache et par conséquent une partie de l'information pertinente pour le recalage serait perdue.

De même, choisir une valeur de R_{\min} trop faible donnerait une place démesurée aux vaisseaux proches. Comme cas limite, il suffit d'imaginer ce que donnerait la projection MIP d'une couronne dont le R_{\min} a été fixé à 1 voxel, si le point central est situé à l'intérieur d'une artère : on trouve une valeur en hypersignal dans toutes les directions (valeur très proche du point central). L'image projetée sur la surface externe est donc uniformément blanche, donc inexploitable.

15.1.3 Couronne tronquée

En fait, ce n'est pas une couronne entière qui est extraite. En effet, les sinus (situés en arrière du nez) montrent une prise de contraste lors d'un examen d'IRM injecté au gadolinium. Une grande zone en hypersignal est donc présente dans le volume IRM. Cette zone constitue un pôle vers lequel les artères (également en hypersignal) peuvent être attirées. Nous éliminons cette zone de manière automatique en retirant un cône de la couronne. La couronne est alors dite *tronquée*. La figure 15.1 montre une telle couronne tronquée, mais cela ne remet nullement en cause le principe de projection MIP (voir la figure 15.2(a)).

15.1.4 Représentation plane

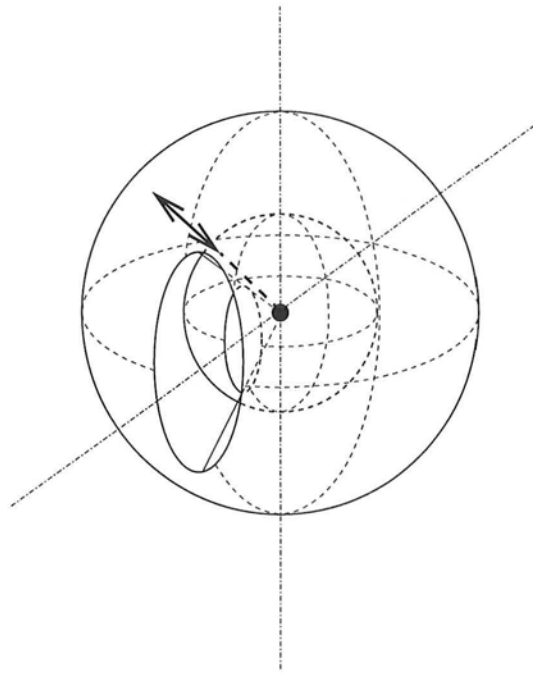
La couronne tronquée est donc extraite dans chaque modalité puis projetée sur la surface de la sphère externe. La rotation peut alors se retrouver en tournant la sphère extraite de l'IRM autour de son centre et en évaluant la superposition avec la sphère extraite du 3DXA. Ce processus compare deux surfaces, c'est-à-dire deux ensembles à deux dimensions. Nous pouvons donc passer par une représentation dans le plan pour l'effectuer.

La figure 15.2(b) explique le processus de projection que nous employons. Il est évident que le rayon de la sphère importe peu : nous pouvons trivialement nous ramener à la sphère unité. La sphère est donc décrite par deux angles : θ qui varie de $-\pi$ à $+\pi$ autour de l'axe [Oy] ; φ qui varie de 0 (alignement avec l'axe [Oy] dans le sens négatif) à φ_{\max} , avec $\pi - \varphi_{\max}$ l'angle au sommet du cône retranché de la sphère.

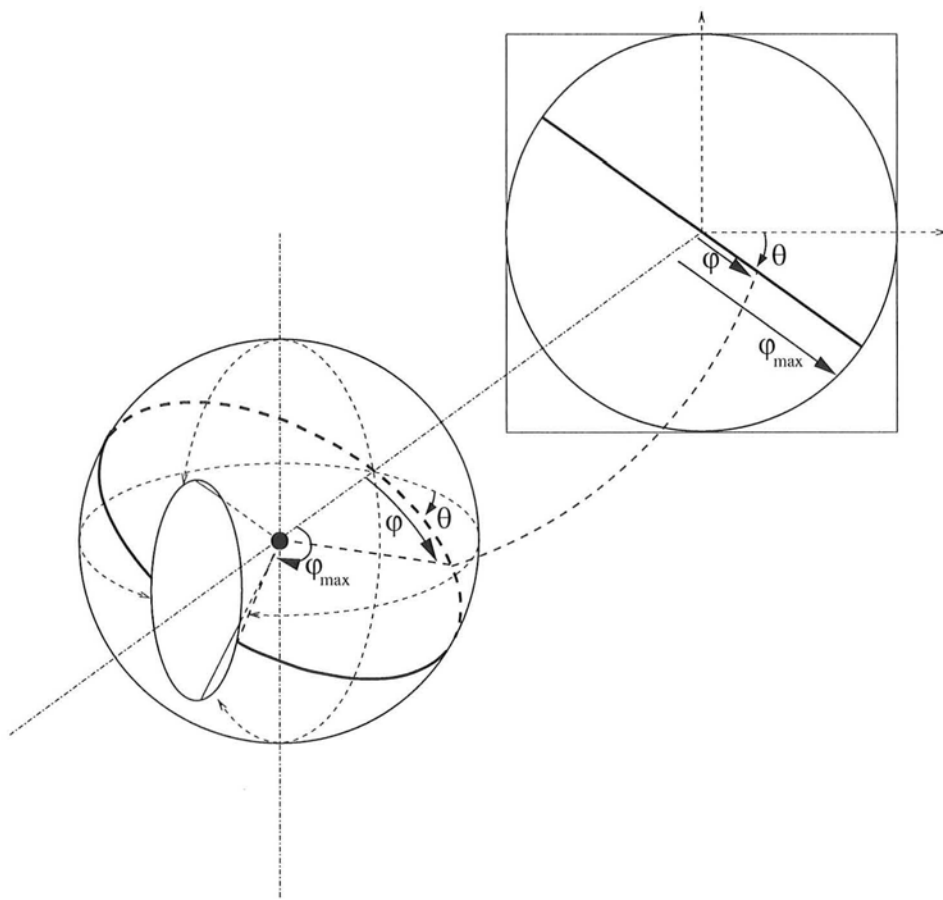
La représentation plane est obtenue en utilisant ces deux variables comme coordonnées polaires dans le plan image : θ est l'angle polaire et φ est le module. La figure 15.3 montre le résultat final de ces trois étapes (extraction de la couronne tronquée, projection MIP et représentation plane) pour un volume 3DXA et un volume IRM en T1+Gd chez le même patient : la trace de la couronne tronquée dans le plan forme un disque.

Nous pouvons à présent comprendre l'intérêt de tronquer la couronne. Si nous prenions la couronne entière ($\varphi_{\max} = 180$ degrés), les sinus apparaîtraient comme une bande blanche sur le pourtour du disque (trace de la couronne tronquée). Cette bande n'est d'aucune utilité et est potentiellement gênante, se trouvant dans le même domaine d'intensité que les artères. Enfin, la troncature réduit la taille de la couronne tout en conservant les voxels utiles, améliorant d'autant le temps de traitement.

L'image sur la figure 15.3(a) est extraite d'un volume 3DXA d'une vertébrale droite (le croissant en bas de l'image est formé par le tronc basilaire et les deux artères vertébrales). Sur l'image IRM



(a) Projection MIP de la couronne tronquée sur la sphère extérieure



(b) Représentation plane de la sphère

FIG. 15.2 – Représentation plane de la couronne tronquée

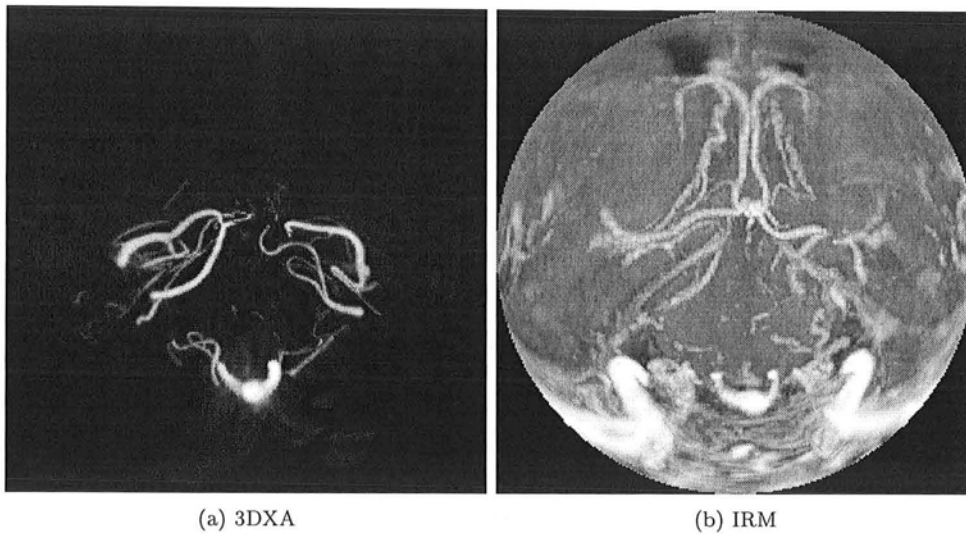


FIG. 15.3 – Résultat de la représentation MIP plane de la couronne tronquée

(figure 15.3(b)), on retrouve ce cône, ainsi que les deux carotides internes de part et d'autre et des veines (le "nœud" symétrique au centre de l'image).

15.1.5 Expression de la rotation comme transformation de l'image

Formules directes

Soit un point $P = (x, y, z)$ situé sur la sphère externe. Nous pouvons nous ramener trivialement au cas de la sphère unitaire en normalisant P . Les angles cylindriques θ et φ sont reliés aux coordonnées cartésiennes par les formules :

$$\begin{cases} x &= \sin \varphi \cos \theta \\ y &= -\cos \varphi \\ z &= \sin \varphi \sin \theta \end{cases} \quad (15.1)$$

L'angle φ étant dans l'intervalle $[0, \pi]$, les formules précédentes peuvent être inversées sans difficulté :

$$\begin{cases} \varphi &= \arccos(-y) \\ \cos \theta &= \frac{x}{\sin \varphi} \\ \sin \theta &= \frac{z}{\sin \varphi} \end{cases} \quad (15.2)$$

Cette formule force φ à être positif.

Le passage dans le plan image est alors aisé. Notons (u, v) les coordonnées en pixels du point correspondant à P ($u = v = 0$ dans le coin supérieur gauche de l'image). Considérons que l'image est de taille $N \times N$ pixels, la formule de passage de la sphère vers l'image est alors :

$$\begin{cases} u &= \frac{N}{2} \left(1 + \frac{\varphi}{\varphi_{\max}} \cos \theta \right) \\ v &= \frac{N}{2} \left(1 - \frac{\varphi}{\varphi_{\max}} \sin \theta \right) \end{cases} \quad (15.3)$$

Dans le cas où φ est nul ($x = z = 0$ et $y = -1$), les cosinus et sinus de θ sont indéfinis (formule (15.2)) mais leur produit par $\varphi = 0$ dans la formule précédente place (u, v) au centre de l'image.

Formules inverses

Considérons maintenant un point de l'image (u,v) . Il aura un correspondant sur la sphère si et seulement s'il se trouve dans le disque qui en forme la trace :

$$\exists P \text{ sur la sphère tronquée} \Leftrightarrow \left\{ \rho^2 = \left(\frac{2u}{N} - 1 \right)^2 + \left(\frac{2v}{N} - 1 \right)^2 \right\} < 1 \quad (15.4)$$

où ρ est positif.

Si cette condition est remplie, nous pouvons extraire les angles décrivant la position sur sphère :

$$\begin{cases} \varphi & = \rho \varphi_{\max} \\ \cos \theta & = \frac{1}{\rho} \left(\frac{2u}{N} - 1 \right) \\ \sin \theta & = \frac{1}{\rho} \left(\frac{2v}{N} - 1 \right) \end{cases} \quad (15.5)$$

L'application de la formule (15.1) permet alors de retrouver aisément les coordonnées du point P de la sphère externe correspondant au pixel (u,v) . À noter que si ρ est nul, alors φ ainsi que son sinus le sont également. Le cosinus et le sinus de θ ne sont pas définis mais cela ne gêne nullement car la formule (15.1) donne $x = z = 0$.

Effet d'une rotation

Soit maintenant une rotation, donnée par la matrice \mathbf{R} , de taille 3×3 , appliquée à la couronne tronquée. Pour tout point (u,v) satisfaisant à la condition (15.4), on peut trouver un point P correspondant sur la sphère par application des formules inverses (15.5) puis (15.1). Ce point P est transformé en P' par la rotation \mathbf{R} ($P' = \mathbf{R}(P - P_f) + P_f$). Ce point P' appartient également à la sphère, celle-ci étant globalement invariante par la rotation. L'application des formules directes (15.2) puis (15.3) donne la localisation du pixel (u',v') correspondant au point P' . La relation entre (u,v) et (u',v') est ainsi déterminée. Nous avons vu que toutes les formules utilisées étaient bijectives. L'effet d'une rotation est donc une bijection du plan de l'image dans lui-même. Nous pouvons ainsi travailler dans un espace à deux dimensions au lieu de trois. Les effets de bord dus aux points entrant (P') ou sortant (P) de la zone conique peuvent se détecter grâce à la condition (15.4) et se traitent de manière triviale.

15.1.6 Autres possibilités de représentation plane

D'autres modes de représentation plane d'une sphère existe, dont beaucoup ne fonctionnent qu'avec une demi-sphère. Par exemple nous avons de prime abord imaginé notre algorithme en considérant une projection parallèle à l'axe $[Oy]$ mais ce type de projection, quoiqu'efficace, limitait trop la taille de la couronne tronquée (demi-couronne dans ce cas) et il fallait gérer différemment les acquisitions 3DXA sur les vertébrales (qui alimentent des artères essentiellement postérieures) et les carotides internes (qui alimentent essentiellement des artères supérieures et latérales).

Il est une représentation en particulier qui semble bien adaptée à notre problème : représenter θ et φ non plus comme coordonnées polaires mais comme coordonnées cartésiennes (l'axe des θ croissants étant orienté suivant les lignes de l'image et l'axe des φ croissants suivant les colonnes). Les formules de la transformation dans le plan image sont simples (des translations, sauf pour la rotation autour de l'axe $[Oy]$ qui est un peu plus complexe). Cependant, une certaine continuité manque à ce type de représentation : les pixels situés sur les bords verticaux des images passeraient d'un côté à l'autre sous l'effet d'une rotation suivant θ . Mais l'inconvénient le plus sérieux à notre avis est que cette représentation déforme énormément les structures vasculaires, suivant leur orientation. Nous n'excluons pas cette représentation, qui pourrait s'avérer comme solution pour accélérer le temps de calcul de l'algorithme mais nous avons préféré la représentation que nous pouvons par comparaison qualifiée de *polaire*, à la représentation que nous nommerons alors *cartésienne*, parce qu'elle déforme peu les structures et produit des images qui sont plus aisément interprétables : tout se passe comme si l'observateur était situé au centre des sphères et possédait une vision sur $2\varphi_{\max}$ degrés.

15.2 Estimation de la translation

Supposons à présent que nous connaissons parfaitement la rotation mais que le couple de points homologues (P_r, P_f) est approximativement connu. Nous avons toujours une estimation de la translation ($T = P_r - P_f$) mais celle-ci est désormais approximative et demande à être affinée.

15.2.1 Extraction d'un sous-cube de données

Il n'est pas besoin de connaître le volume entier pour déterminer une translation. Un sous-volume correctement choisi suffit, l'effet de la translation étant la même en tout point du volume (contrairement à la rotation, l'amplitude de la transformation ne dépend pas de la zone observée). Imposons donc à ces points appariés d'être au voisinage d'une structure artérielle ne présentant aucune invariance par translation, autrement dit la structure doit s'épanouir dans les trois dimensions : un exemple typique étant une bifurcation au niveau de laquelle les trois artères prennent des directions très différentes. La translation peut alors être estimée en mettant en correspondance les voisinages de ces points. Nous avons choisi d'utiliser des voisinages de forme cubique, centrés sur les points homologues (voir la figure 15.4). La dimension du côté de ces cubes est donnée en mètres : S_c .

15.2.2 Projections MIP

De même que pour la rotation, l'extraction d'un sous-ensemble de voxels permet de réduire le nombre de points à prendre en compte, sans toutefois perdre d'information quant à la transformation recherchée. Allons à nouveau plus loin en tirant à nouveau bénéfice du fait que les artères apparaissent en hypersignal dans les deux modalités. Nous formons les projections MIP parallèles des sous-cubes suivant les trois directions orthogonales classiques : axiale, coronale et sagittale. Les images résultats sont montrées sur la figure 15.5 pour un volume 3DXA et la figure 15.6 pour un volume IRM correspondant ($S_c = 64$ voxels 3DXA ≈ 16 mm). Les volumes sont les mêmes que ceux utilisés dans les exemples contenus dans la partie traitant de la rotation (injection dans la vertébrale droite pour l'acquisition 3DXA). Le point anatomique correspondant à la paire de points homologues est l'extrémité supérieure du tronc basilaire.

L'exemple montré est parlant : ces trois images contiennent toute l'information nécessaire à déterminer une translation. Il suffit de recaler les couples analogues.

15.2.3 Effet d'une translation

Les effets d'une translation sur les images de la modalité flottante (IRM) sont immédiats :

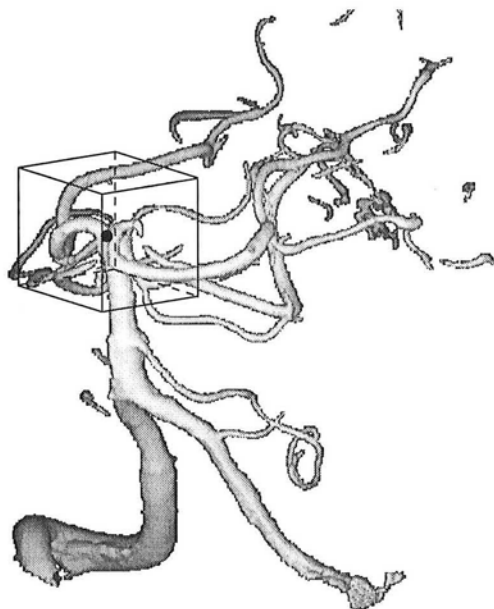
- une translation suivant l'axe [Ox] se traduit par une translation horizontale dans les images axiale et coronale, l'image sagittale restant inchangée ;
- une translation suivant l'axe [Oy] implique une translation verticale dans l'image axiale, horizontale dans l'image sagittale, l'image coronale restant inchangée ;
- une translation suivant l'axe [Oz] induit une translation verticale dans les images sagittale et coronale, l'image axiale restant inchangée.

La translation est alors déterminée en superposant de manière optimale les images deux à deux. Il est à noter que les paires d'images ne sont pas indépendantes mais que la translation dans une direction de l'espace va influencer sur au moins deux images. Ce couplage va rendre plus robuste l'estimation de la translation.

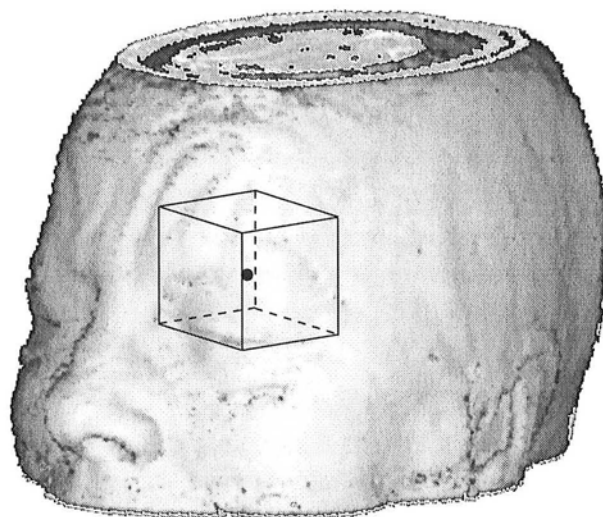
15.3 Critères de similarité

15.3.1 Translation

Les images de chaque couple d'images homologues (axiales, sagittales et coronales) sont comparées par le critère de corrélation centré normalisé. La taille du sous-cube étant réduite, ces images présentent toutes un fond à peu près uniforme, même en IRM. Le centrage est donc fait par rapport à la moyenne des



(a) 3DXA



(b) IRM

FIG. 15.4 – *Extraction d'un sous-cube*

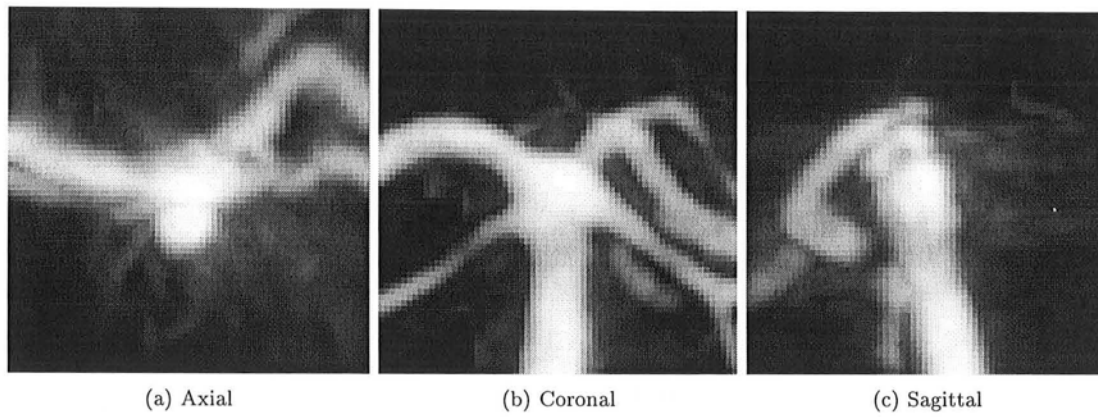


FIG. 15.5 – Projections MIP du sous-cube extrait d'un volume 3DXA

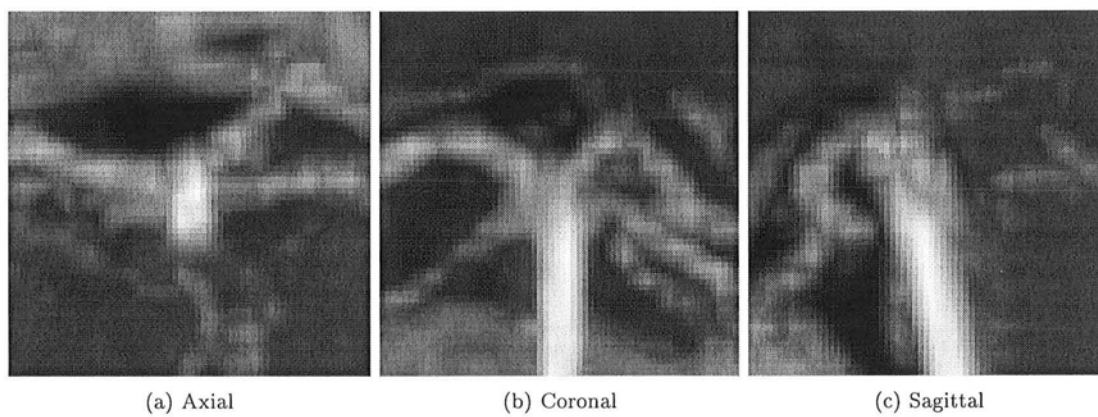


FIG. 15.6 – Projections MIP du sous-cube extrait d'un volume IRM pour le recalage optimal

pixels situés dans la zone commune aux deux images. La normalisation permet de renforcer la robustesse face à une faible taille de zone commune.

Au niveau de la translation, la question épineuse concerne l'expression du critère final combinant les trois scores de corrélation ainsi calculés. Deux critères peuvent être envisagés :

- un critère de corrélation forte formé par le produit des trois scores : un score faible pour un seul couple d'images mène à un critère faible ;
- un critère de corrélation faible issu de la moyenne des trois scores : un score fort dans au moins deux images conduit à un critère fort.

Étant donné la faible résolution de l'IRM par rapport au 3DXA, et donc le fort niveau d'interpolation présent dans les images MIP du sous-cube extrait de l'IRM, ainsi que la possibilité d'artéfacts (par exemple dûs au flux) dans l'IRM, nous avons préféré le critère faible afin de ne pas être pénalisés par ces imprécisions.

15.3.2 Rotation

Le problème est similaire à celui de la translation (artères en hypersignal dans les deux images) mais la similitude entre les deux images est moins directe (voir la figure 15.3). On peut remarquer trois problèmes potentiellement gênants pour la comparaison des images :

- le fond de l'image d'IRM n'est pas uniforme, avec en particulier de larges zones en hypersignal dues aux grosses artères et aux sinus (partie inférieure de l'image) et des taches claires ici et là dans l'image ;
- le diamètre des artères n'est pas exactement le même à cause des problèmes de résolution dans le volume IRM (volume partiel) ;
- toutes les artères visibles en 3DXA ne le sont pas dans l'image IRM et surtout des vaisseaux (notamment des veines) viennent s'ajouter aux artères intéressantes dans l'image IRM.

Une méthode de rehaussement des vaisseaux comme celle de Frangi [FNVV98] devrait gommer le premier obstacle. Elle est cependant lourde à mettre en œuvre et nous lui avons préféré, toujours dans le même esprit d'extraction des vaisseaux, un simple opérateur morphologique dit "chapeau haut de forme" (*Top-Hat*). Pour rappel, il s'agit simplement d'une ouverture, suivie d'une soustraction de l'image ouverte à l'image originale. L'élément structurant est un disque centré sur le pixel d'intérêt et dont le rayon va dépendre de la taille des artères que nous souhaitons garder. De manière formelle, si nous désirons conserver toutes les artères dont le diamètre n'excède pas d millimètres, le diamètre D de l'élément structurant sera déterminé par :

$$D = \frac{d/R_{\min}}{\varphi_{\max}/N} \quad (15.6)$$

où d/R_{\min} est l'angle maximal sous lequel est vue une longueur équivalente à la largeur des artères à conserver et φ_{\max}/N est la taille angulaire d'un pixel de l'image de représentation plane. Cet opérateur est appliqué aux deux images (3DXA et IRM). La figure 15.7 montre le résultat de cet opérateur pour des images de taille $N = 256$ pixels, avec $\varphi_{\max} = 150$ degrés, un rayon de sphère intérieure $R_{\min} = 20$ mm et où l'on a désiré conserver les artères de moins de $d = 2$ mm de diamètre. L'élément structurant est donc un cercle de rayon 5 pixels (idéalement 4,89 pixels).

En plus du deuxième problème, l'opérateur morphologique fait apparaître plus fortement les variations d'intensité présentes dans l'IRM : instabilité de l'intensité le long d'une artère et intensité plus faible pour les artères de petit calibre. Nous employons donc un critère d'intercorrélation normalisée et centrée, cette fois, par rapport à la moyenne locale des images (en pratique un voisinage carré de 15 pixels de côté est utilisé).

Enfin le dernier problème est résolu en initialisant les paramètres de rotation par une phase de recherche exhaustive du maximum du critère à basse résolution, ce qui permet d'éviter les maxima locaux.

15.3.3 Critique

D'autres critères de similarité classiques sont évidemment envisageables. La corrélation a retenu notre attention pour plusieurs raisons. D'une part, elle est bien adaptée : les artères apparaissent en hypersignal

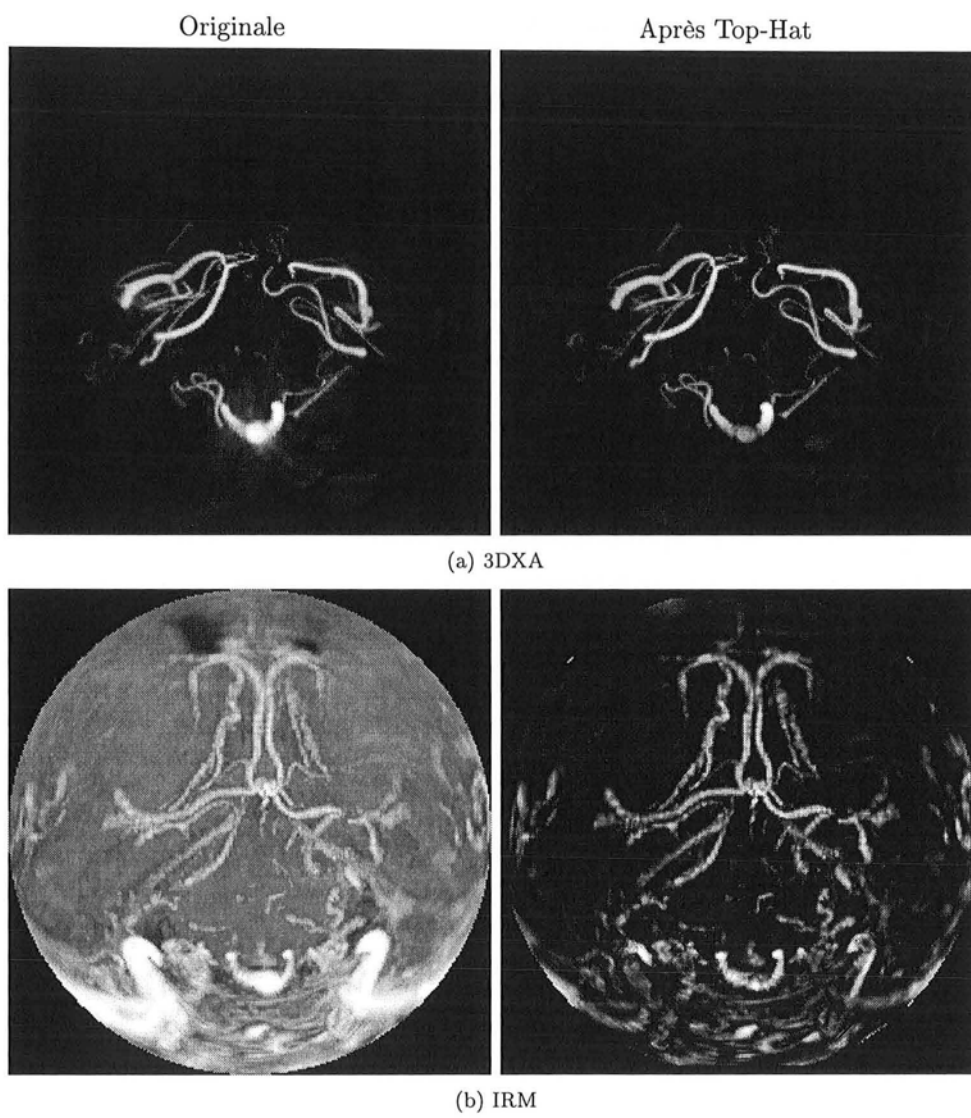


FIG. 15.7 – Application d'un opérateur "chapeau haut de forme" aux images de représentation plane

dans les deux modalités, le fond pouvant être assimilé à du bruit, l'hypothèse qu'une transformation affine relie leurs intensités est donc valide.

Ensuite, l'histogramme 2D est fort peu complexe. Dans le cas de la translation, comme dans celui de la rotation (les images étant filtrées par un chapeau haut de forme), il présentera deux amas d'intensités : un amas dans les valeurs faibles pour les deux modalités, représentant le fond et un amas dans les valeurs fortes pour les deux modalités, représentant les artères. À noter un amas supplémentaire pour les valeurs faibles en 3DXA et fortes en IRM, représentant les artères qui ne sont pas présentes dans le volume 3DXA dans le cas de la rotation : une seule artère est injectée en 3DXA alors que toutes les artères, ainsi que les veines, sont visibles en IRM. Nous avons donc des artères parasites dans la représentation plane de la couronne tronquée en IRM. Cet effet n'apparaît pas dans le cas de la translation, étant donné que nous ne considérons qu'un voisinage d'une bifurcation artérielle, dont nous savons qu'elle est visible dans les deux modalités (hypothèse fondamentale de l'algorithme). Il y a donc peu d'amas, a priori bien marqués : l'information mutuelle fonctionnerait donc.

De plus, on peut supposer une relation fonctionnelle de l'IRM vers le 3DXA (le 3DXA est plus pauvre en information que l'IRM, le contraire n'est pas vrai), le rapport de corrélation est donc acceptable.

La corrélation convient parfaitement pour le cas de la translation (deux amas seulement). Nous sommes d'avis que le cas de la rotation est plus discutable, le troisième amas pouvant perturber le critère par la présence de nombreux maxima locaux. Une bonne initialisation sera donc nécessaire.

15.4 Algorithme

Nous allons à présent décrire le détail de l'implantation de l'algorithme que nous utilisons. Après une phase d'initialisation, la recherche se fait de manière itérative en multi-résolution pour la rotation.

15.4.1 Initialisation

Translation

La translation est initialisée par l'indication manuelle des deux points homologues P_r et P_f . Comme nous l'avons vu, ces points doivent être à peu près centrés dans les volumes (pour éviter que la peau ne vienne couper les couronnes extraites) et au voisinage d'une structure vasculaire (bifurcation). Nous avons choisi d'imposer un site anatomique aisément repérable pour localiser ces points :

- dans le cas d'une injection dans la vertébrale (pour le 3DXA), ce sera l'extrémité supérieure du tronc basilaire (bon centrage et présence de la bifurcation du tronc basilaire entre les deux communicantes postérieures ainsi que les deux cérébelleuses supérieures) ;
- dans le cas d'une injection dans une carotide interne (3DXA), ce sera au niveau de la bifurcation du siphon carotidien en cérébrale antérieure et cérébrale moyenne.

Rotation

Une couronne tronquée est extraite dans les deux modalités en prenant les points P_r et P_f pour centres ($\varphi_{\max} = 150$ degrés) et représentée dans le plan ($N = 256$ pixels). Une interpolation trilineaire est utilisée pour cela. Ces images sont ramenées à la résolution 64×64 pixels en faisant la moyenne des pixels voisins sur des carrés de 4×4 pixels. Un filtre chapeau haut de forme est appliqué à chaque image (rayon de 3 pixels pour l'élément structurant).

Une recherche exhaustive du maximum d'intercorrélation normalisée centrée (localement sur une fenêtre de 11×11 pixels). Les trois angles sont testés exhaustivement dans des bornes allant de -30 à $+30$ degrés pour les rotations autour des axes $[Ox]$ et $[Oz]$ et de -20 à $+20$ degrés pour la rotation autour de l'axe $[Oy]$ (la rotation de la tête autour de ce dernier axe est physiquement plus contrainte que sur les autres axes). À l'issue de cette phase, la rotation est initialisée en fonction des valeurs maximisant le critère.

15.4.2 Optimisation itérative

L'optimisation itérative qui suit cette initialisation alterne une étape d'optimisation de la rotation et une étape d'optimisation de la translation. Chaque bloc comprenant une estimation de la rotation suivie d'une estimation de la translation est effectué plusieurs fois.

Estimation de la rotation

Une couronne tronquée est extraite des deux modalités en prenant les points P_r et P_f pour centres ($\varphi_{\max} = 150$ degrés) et représentée dans le plan. Les images sont de taille $N \times N$, N prenant une valeur maximale de 256. Chaque bloc de l'optimisation itérative (estimation de la rotation suivie de l'estimation de la translation) est donc effectué deux fois : le premier passage est effectué à résolution moyenne, $N = 128$ (c'est-à-dire deux fois la résolution pour l'initialisation exhaustive), et le deuxième à résolution maximale, $N = 256$. Nous avons également utilisé une interpolation trilineaire pour effectuer cette extraction suivie de la représentation dans le plan de l'image. Un filtre chapeau haut de forme est ensuite appliqué à chaque image. Nous avons choisi d'utiliser la même taille d'élément structurant (cercle de rayon 5 pixels) pour les deux résolutions : on affine la rotation en se focalisant sur les artères de plus en plus fines (rappelons que 5 pixels correspondent à des artères de 2 mm en résolution $N = 256$). La figure 15.8 montre un exemple d'image de couronne tronquée pour une carotide interne droite, ainsi que le résultat du filtre chapeau haut de forme pour un élément structurant circulaire de rayon 5 pixels.

L'optimisation de l'intercorrélation normalisée et centrée (localement sur une fenêtre de 15×15 pixels pour les deux résolutions) s'effectue grâce à un algorithme d'optimisation pseudo-exhaustive multi-résolution tel que celui utilisé par Studholme [SHH96] et que nous avons déjà décrit en fin de section 5.4.3. Le pas initial choisi pour l'angle est de 3 degrés et le pas minimal est de 0,3 degrés.

En pratique nous avons donc l'heuristique suivante pour estimer les trois angles de rotation α , β et γ autour des axes [Ox], [Oy] et [Oz] respectivement :

- Initialisation : $\alpha = \beta = \gamma = 0$ et C_{\max} prend la valeur de l'intercorrélation pour ces valeurs d'angle. Le pas p est fixé à sa valeur maximale (3 degrés) ;
- tant que p est supérieure à la valeur minimale (0,3 degrés), faire :
 - calcul de l'intercorrélation pour : $(\alpha \pm p, \beta, \gamma)$, $(\alpha, \beta \pm p, \gamma)$, $(\alpha, \beta, \gamma \pm p)$, ce qui fait 6 calculs d'intercorrélation ;
 - si une valeur d'intercorrélation supérieure à C_{\max} est rencontrée, C_{\max} prend cette valeur et les angles α , β et γ sont mis à jour pour refléter la configuration maximale ;
 - sinon, C_{\max} , α , β et γ restent inchangés et le pas p est divisé par 2.
- les valeurs de α , β et γ sont les angles de la rotation recherchée. L'algorithme se termine.

Cet algorithme d'optimisation est primitif mais rapide. Nous avons effectué des tests en utilisant l'algorithme de Powell [Pow76]. Les résultats étaient équivalents mais le temps de calcul nettement plus long (dans un facteur 2 à 3). Nous avons donc opté pour l'algorithme pseudo-exhaustif pour des raisons de temps de calcul.

À l'issue de cette étape, la rotation est mise à jour en fonction des angles optimaux trouvés.

Estimation de la translation

Un sous-cube de données est extrait de chaque modalité autour des points P_r et P_f . Les axes du repère flottant (IRM) sont corrigés pour prendre en compte la rotation courante. La taille du côté du cube S_c est la même lors des deux passages : $S_c = 64$ voxels en 3DXA, c'est-à-dire environ 16 mm. Une interpolation trilineaire est utilisée pour extraire le sous-cube de l'IRM. Les projections MIP de ces sous-cubes sont réalisées suivant les trois axes du repère de référence (repère RAS du 3DXA). La figure 15.9 montre un exemple de sous-cubes extraits d'un volume 3DXA et d'un volume IRM pour une carotide interne droite (points P_r et P_f choisis à la bifurcation du siphon carotidien) par leurs projections MIP suivant les trois directions de base du repère de référence. Notez la sous-estimation du diamètre des artères en IRM, expression des problèmes de flux sur les gros axes, dont nous avons parlé dans le chapitre précédent.

L'optimisation du critère (moyenne des trois corrélations normalisées et centrées globalement, calculées pour chaque couple d'images) est effectuée grâce à un algorithme pseudo-exhaustif multi-résolution

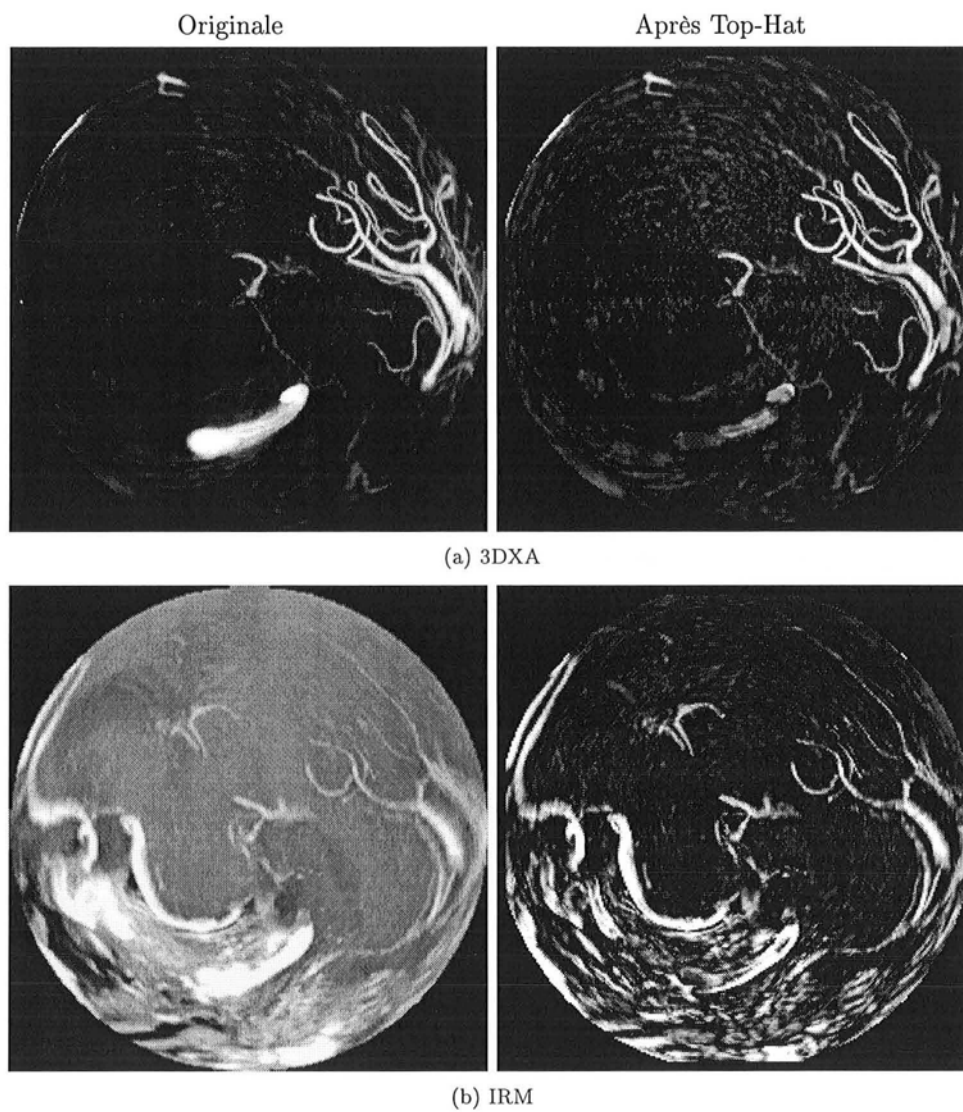


FIG. 15.8 – Représentation plane d'une couronne tronquée pour une carotide interne droite (avant et après le filtre chapeau haut de forme)

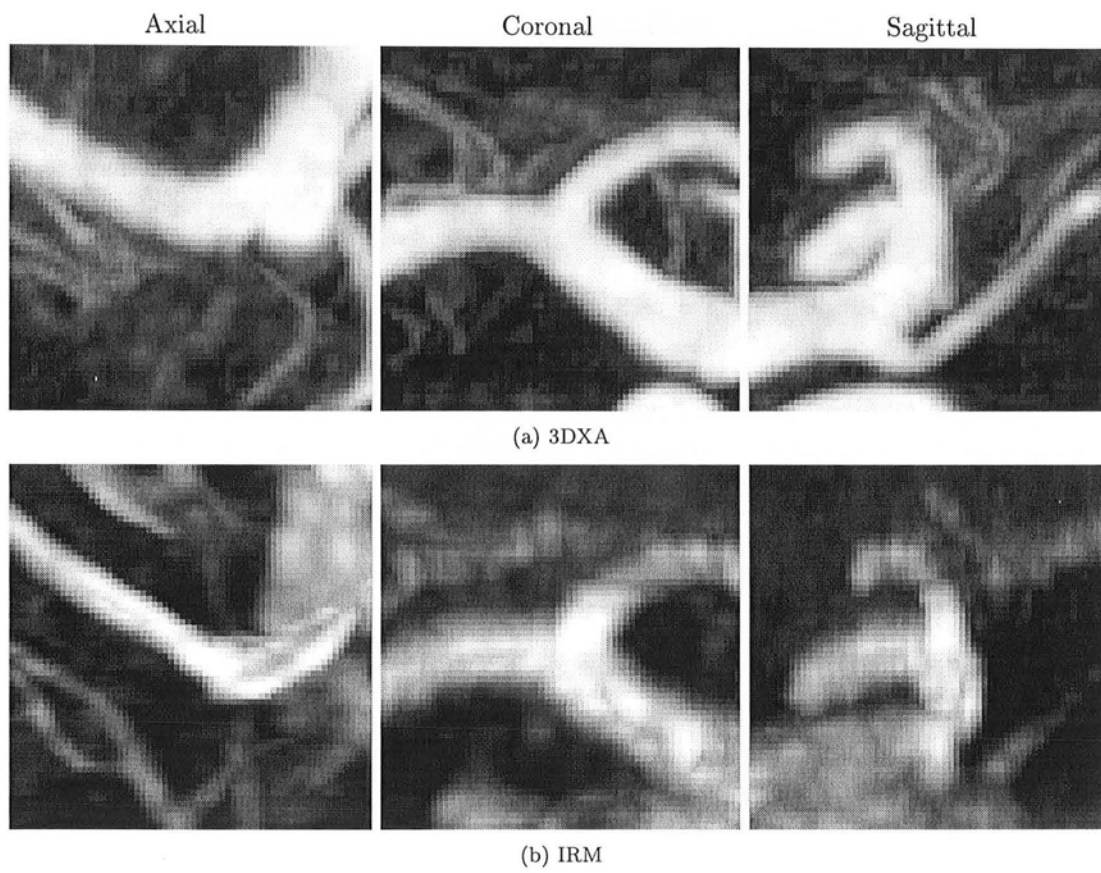


FIG. 15.9 – *Projections MIP de sous-cubes pour une carotide interne droite*



FIG. 15.10 – *Interprétation graphique du paramètre φ_{\max} pour une vertébrale (ligne continue) et une carotide (ligne en pointillés). Vue MIP du volume IRM en vue inférieure.*

(comme dans le cas de la rotation) qui fait varier la translation suivant les trois directions orthogonales $[Ox]$, $[Oy]$ et $[Oz]$. Le pas initial est choisi égal à 1 mm (taille du voxel en IRM) et est progressivement réduit jusqu'à 0,1 mm. Lors du deuxième passage, le pas initial est fixé à 0,5 mm.

À l'issue de cette phase, la position du point P_f est modifiée de manière à refléter le nouvel estimé de la translation.

15.4.3 Choix des paramètres

Rotation

L'angle paramétrisant la couronne tronquée est φ_{\max} . Il est choisi de manière à ôter de la couronne un cône correspondant aux sinus (ils prennent le contraste lors d'une acquisition T1+Gd). La figure 15.10 montre comment peut s'interpréter ce paramètre: nous voyons qu'ôter un cône d'angle au sommet 60 degrés est suffisant pour une vertébrale (ligne continue) mais un résidu peut subsister dans le cas de la carotide (ligne en pointillés) du fait que le point P_f est dans ce cas excentré (voir également la figure 15.8(b) à comparer avec la figure 15.7(b) qui montre une vertébrale). Nous avons cependant fixé φ_{\max} à 150 degrés dans tous les cas.

Nous avons déjà vu qu'une valeur de $R_{\max} = 40$ mm permettait d'éviter d'inclure des voxels de peau dans la couronne tronquée.

L'algorithme d'optimisation choisi suppose tour à tour la rotation, puis la translation parfaitement connue. Lorsque nous estimons la rotation, on suppose donc que l'erreur en translation est petite devant l'erreur en rotation. La rotation a peu d'effet (par rapport à une translation) quand on est proche du centre de rotation. On peut estimer que ce problème d'équilibre entre les deux erreurs se rencontre surtout à l'initialisation: les précisions finales de l'optimisation pseudo-exhaustive étant suffisamment petites pour négliger ce problème par la suite. On suppose donc que la pire erreur en translation que l'on puisse avoir est rencontrée à l'initialisation manuelle des points P_r et P_f . Nous l'avons estimée équivalente à la résolution de l'IRM, soit 1 mm. L'angle sous lequel une telle erreur est vue depuis la distance R_{\min} est $1/R_{\min}$ radians. L'initialisation de la rotation est faite avec $N = 64$. La taille angulaire d'un pixel de l'image de la couronne tronquée est donc: $2\varphi_{\max}/N$. Il faut donc comparer R_{\min} à $N/2\varphi_{\max} = 12,22$ mm. Nous avons choisi une valeur de R_{\min} environ double, soit 20 mm.

Une valeur initiale de $N = 64$ pixels est la résolution minimale qui permet de garder les artères entre 1,5 et 2 mm (nous l'avons déjà vu). Une valeur maximale de $N = 256$ pixels donne a priori une précision maximale sur la rotation de $2\varphi_{\max}/N = 1,17$ degrés. Nous avons fait des essais avec $N = 512$ pixels mais aucune amélioration n'a pu être détectée. Notre interprétation est qu'au delà de $N = 256$, la résolution de l'IRM (1 mm) restreint la précision de la rotation. En effet, l'angle sous lequel est vu 1 mm à une distance de $R_{\min} = 20$ mm est de 2,86 degrés.

La valeur initiale du pas angulaire pour l'optimisation pseudo-exhaustive est choisie en fonction de la résolution angulaire de l'image (c'est-à-dire N). La valeur finale est de l'ordre du demi-pixel (en fait 0,375 mm puisque nous partons d'une valeur de 3 mm et que nous divisons successivement ce pas par 2 jusqu'à ce qu'il devienne inférieur à 0,3 mm). Le pas le plus faible est le premier inférieur au demi-pixel). Ceci nous permet d'obtenir un résultat subpixelique plus précis que la résolution théorique (1,17 degrés).

Nous avons déjà justifié le paramétrage de l'optimisation exhaustive ainsi que celui du filtre chapeau haut de forme. Ne reste plus alors que la taille de la fenêtre de corrélation : nous l'avons simplement choisie légèrement supérieure à la taille de l'élément structurant du top-hat, de manière à ne pas avoir de cas où la fenêtre de corrélation serait entièrement contenue dans un vaisseau.

Translation

Les points P_r et P_f sont initialisés manuellement par l'utilisateur : dans le cas où une vertébrale est injectée sur l'image 3DXA, le point anatomique à pointer est l'extrémité supérieure du tronc basilaire ; dans le cas d'une carotide interne, nous imposons d'indiquer la bifurcation du siphon carotidien. La précision de pointage est estimée se faire au voxel près. Le pire cas peut donc être estimé à la résolution de l'IRM, soit ± 1 mm.

La taille S_c des sous-cubes est fixée de la même manière que R_{\min} dans le cas de la rotation. Lorsque nous estimons la translation, l'erreur en rotation est supposée être négligeable par rapport à l'erreur en translation. L'endroit où la rotation a le moins d'influence est un voisinage du centre de rotation. Lors de la première optimisation itérative de la translation (se basant sur les sous-cubes), la rotation a déjà été estimée sur des images pour $N = 128$. L'erreur angulaire est donc de l'ordre de la taille du pixel, soit $300/128 = 2,34$ degrés. Nous voulons donc que l'erreur due à cette rotation soit inférieure à la taille résolution du cube (taille voxel du 3DXA). Il faut donc $S_c < 49$ fois la taille voxel du 3DXA ($\approx 0,25$ mm). Pour des raisons de rapidité de calcul, et pour être sûrs que la structure artérielle soit entièrement visible dans le sous-cube, nous avons choisi la puissance de 2 directement supérieure, soit $S_c = 64$ fois la taille voxel du 3DXA (ce qui donne $S_c \approx 16$ mm).

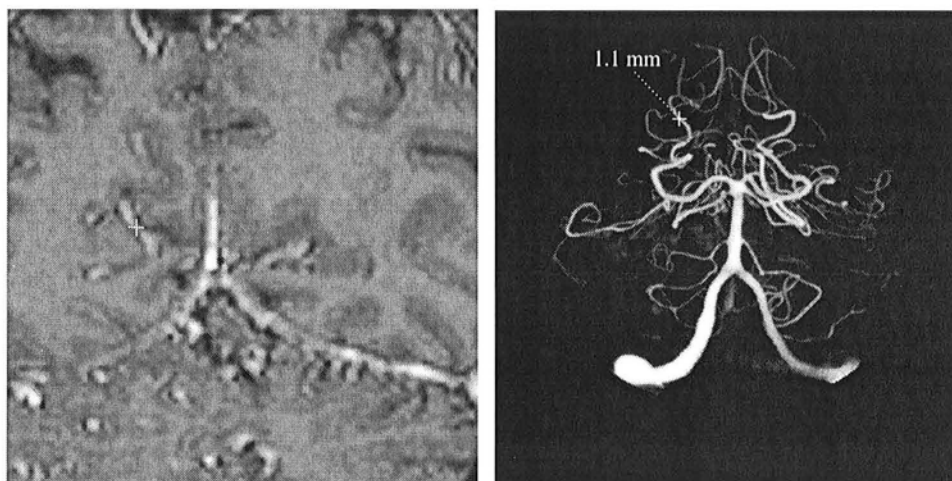
Les pas de translation de l'optimisation pseudo-exhaustive sont choisis, pour le pas initial de l'ordre de l'erreur sur l'indication manuelle des points initiaux, soit 1 mm, et pour le pas final inférieur à la demi-taille voxel en 3DXA, soit 0,1 mm.

Validité des paramètres

En pratique, les valeurs indiquées ci-dessus pour les paramètres sont utilisées quelque soit le patient et l'artère injectée en 3DXA. Les seuls paramètres variables sont les points initiaux P_r et P_f qui sont indiqués par l'utilisateur (le médecin) pour initialiser l'algorithme.

15.5 Résultat

Le chapitre suivant, consacré à la validation de cet algorithme, donnera de plus amples résultats. Cependant, deux résultats généraux nous semblent importants. D'une part le temps de calcul : cet algorithme converge dans sa version prototype en 3 mn sur une station de travail de type Ultra Sparc cadencée à 200 Mhz (256 Mo de RAM). Nous travaillons en ce moment à son optimisation et à ce jour un temps de 150 secondes a pu être obtenu sur une station de travail de type Sparc 20 (donc nettement moins performante) et 50 secondes sur une station Silicon Graphics Indigo. D'autre part, la précision du recalage est dans les limites que nous nous étions définies comme objectif (la taille voxel de l'IRM), même pour les vaisseaux très postérieurs. À titre de comparaison, nous présentons sur la figure 15.11 le résultat de notre algorithme sur le même exemple que sur la figure 14.4.



(a) IRM (coupe coronale) : un point-cible est indiqué manuellement (croix blanche)

(b) 3DXA (vue MIP de face) : la distance entre le point-cible transformé et son homologue réel est mesurée (ligne blanche)

FIG. 15.11 – Résultat du recalage par notre algorithme d'un volume 3DXA avec un volume IRM.

Chapitre 16

Validation du recalage 3DXA/IRM

Ce chapitre est consacré à la description du protocole de validation que nous avons mis en œuvre pour évaluer la précision de recalage atteinte grâce à notre algorithme, ainsi qu'aux résultats obtenus.

16.1 Description du protocole de validation

16.1.1 Définition de la référence

Nous avons vu dans le chapitre 6 qu'un système de marqueurs externes, tel que le cadre de stéréotaxie constituait une bonne référence pour l'évaluation d'un recalage rigide d'images intra-crâniennes. De même que pour le recalage 3DXA/DSA (voir le chapitre 13), nous n'avons pas pu en tirer parti pour le recalage 3DXA/MR puisque nous ne disposons pas de moyen validé et reconnu précis de détecter le cadre de stéréotaxie dans les images 3DXA. Le cadre de stéréotaxie, ou tout autre système de marqueurs externes, ne peut donc pas nous servir de référence.

Nous avons donc opté pour un système de marqueurs *internes*: nous comparons les performances de notre algorithme par rapport à un recalage effectué par des experts en indiquant manuellement un certain nombre de points homologues dans les deux modalités.

Chaque expert va donc déterminer un recalage manuel entre un volume 3DXA et un volume IRM en repérant N sites anatomiques successivement dans le volume 3DXA – ce qui nous donne N points $(P_{XA}^i)_{i \in [1..N]}$ exprimés dans le repère RAS de la 3DXA, notre repère de référence – et dans le volume IRM – ce qui nous donne N points $(P_{MR}^i)_{i \in [1..N]}$ exprimés dans le repère RAS de l'IRM, notre repère flottant. Nous avons vu qu'un recalage peut être déterminé à partir de $N = 3$ points. Il est donné par :

- une translation T déterminée comme le vecteur reliant les centres de gravité des deux ensembles de points ;
- et une rotation R déterminée à partir de la décomposition en valeurs singulières de la matrice de corrélation.

16.1.2 Logiciel de recalage manuel

Nous avons développé un logiciel de recalage manuel d'un volume 3DXA avec une acquisition volumique d'IRM. Son principe est le suivant :

- les deux volumes sont chargés dans un visualisateur 3D appelé Voxtool (GE Medical Systems) ;
- l'utilisateur indique, en déposant un curseur au moyen de la souris, un point successivement dans un des volumes puis dans l'autre, formant ainsi des paires de points homologues : chaque paire de points est supposée correspondre à un seul et même site anatomique ;

La détermination précise de nombreux points est cependant ardue (nous verrons à quel point plus loin dans ce chapitre). Le programme comporte donc les fonctionnalités suivantes afin de faciliter cette

tâche :

- plusieurs modes de visualisation des volumes sont possibles : 3D (MIP, SSD), coupes (axiales, sagittales, coronales), coupes reformattées (éventuellement épaisses) dans n'importe quelle direction ;
- chaque volume est présenté conjointement suivant deux modes de visualisation (par exemple, sur la figure 16.1 une vue MIP 3D (en haut à gauche) et une coupe axiale (en bas à gauche) pour la 3DXA, et une coupe coronale (en haut à droite) et axiale (en bas à droite) pour l'IRM. Le curseur est commun pour ces deux modes dans chaque volume séparément ;
- l'utilisateur peut zoomer, traduire les images et en changer le contraste et la luminosité ;
- à partir du moment où 3 paires de points homologues au moins ont été indiquées, nous pouvons en déduire une estimation du recalage. L'erreur de cette estimation est alors indiquée : c'est la moyenne des erreurs faites sur les paires de points (voir la figure 16.2(a))

$$\mathcal{E} = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|P_{XA}^i - \mathbf{R}P_{MR}^i - T\|.$$

Ce recalage est utilisé pour deux aides supplémentaires :

- l'utilisateur peut, à tout moment avoir recours à une fonctionnalité de curseur commun pour détecter les zones où l'erreur de recalage est grande, afin d'éventuellement y définir une paire de points, ou plus généralement pour l'aider à définir de nouveaux points : la recherche, par exemple pour une bifurcation artérielle visible en 3DXA, de son correspondant en IRM est grandement facilitée par l'utilisation du curseur commun. Dans ce mode, les quatre vues (2 pour le 3DXA et 2 pour l'IRM) sont simultanément actives.
- nous pouvons attribuer une erreur de recalage à chaque paire de points :

$$\forall i \in [1..N], \quad \mathcal{E}_i = \|P_{XA}^i - \mathbf{R}P_{MR}^i - T\|.$$

Cette erreur est accessible à l'utilisateur qui peut ainsi détecter aisément un point aberrant.

- l'utilisateur peut enfin éditer les paires de points définies : il peut les passer en revue et éventuellement les effacer (par exemple, si la paire de points semble aberrante). Voir la figure 16.2(b).

16.1.3 Données utilisées

Nous disposons de 11 acquisitions 3DXA chez 7 patients différents (accueillis dans deux hôpitaux différents), avec pour chaque patient une acquisition IRM suivant un protocole 3D en T1 FSPGR IR avec injection de Gadolinium.

Les 11 acquisitions 3DXA se répartissent, pour les axes imagés, en :

- 8 carotides internes (5 droites et 3 gauches) ;
- et 3 vertébrales (1 droite et 2 gauches).

Concernant les pathologies, nous notons :

- 3 artères saines ;
- 2 anévrysmes ;
- 4 MAVs : 2 grosses (2 3DXA pour l'une d'entre elles), 1 petite et 1 qui s'est spontanément résorbée (donc invisible sur les images : 2 3DXA pour cette MAV).

Enfin, les résolutions des IRM varient :

- 1 acquisition en matrice 256×256 en 124 coupes de 1 mm d'épaisseur tous les 1 mm ;
- 2 acquisitions en matrice 256×256 en 174 coupes de 1,5 mm d'épaisseur tous les 1,5 mm ;
- 1 acquisition en matrice 512×512 en 60 coupes de 1 mm d'épaisseur tous les 1 mm ;
- 3 acquisitions en matrice 512×512 en 124 coupes de 1 mm d'épaisseur tous les 1 mm.

Le tableau 16.1 récapitule la correspondance pour les cas numérotés de 1 à 11 (numérotation que nous suivrons désormais).

Enfin, l'annexe F montre la diversité des images considérées ainsi que la difficulté que peuvent présenter certaines d'entre elles.

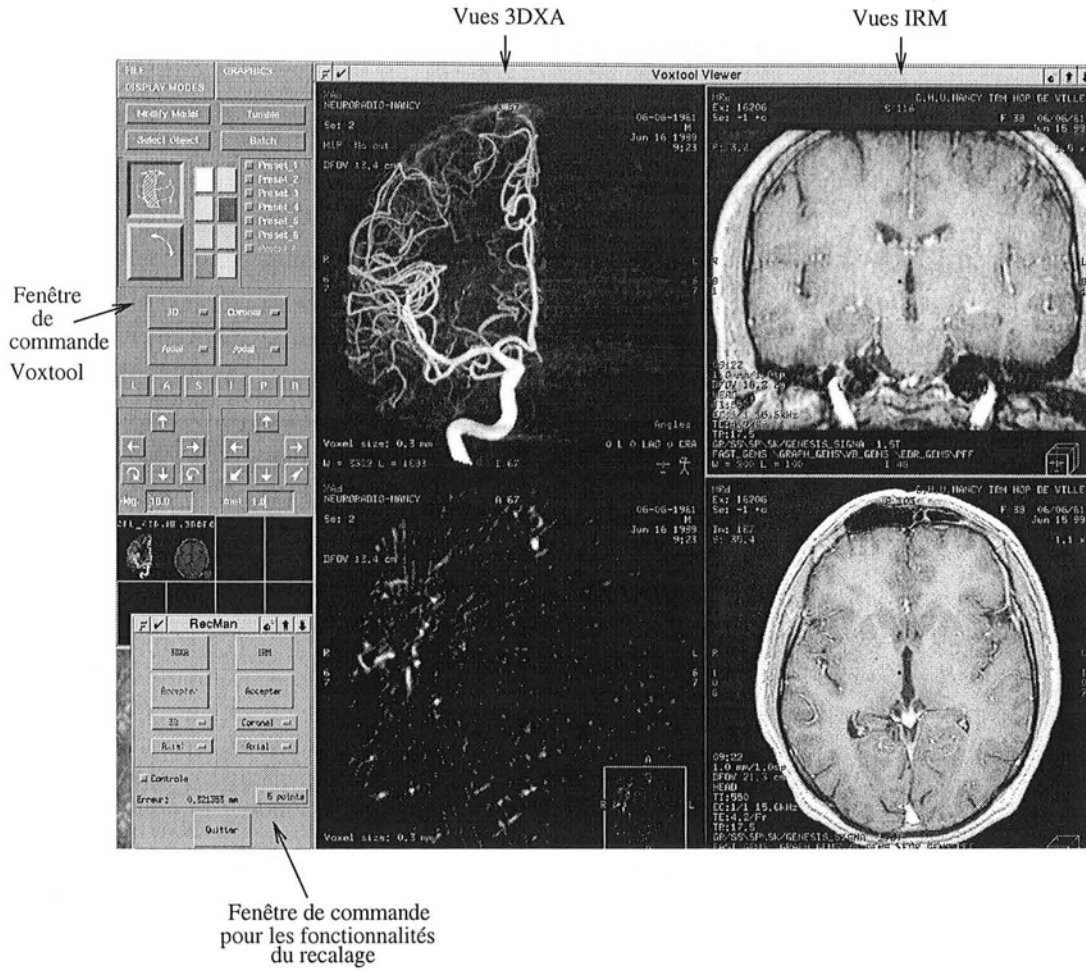


FIG. 16.1 – Logiciel de recalage manuel 3DXA/IRM (vue d'écran).

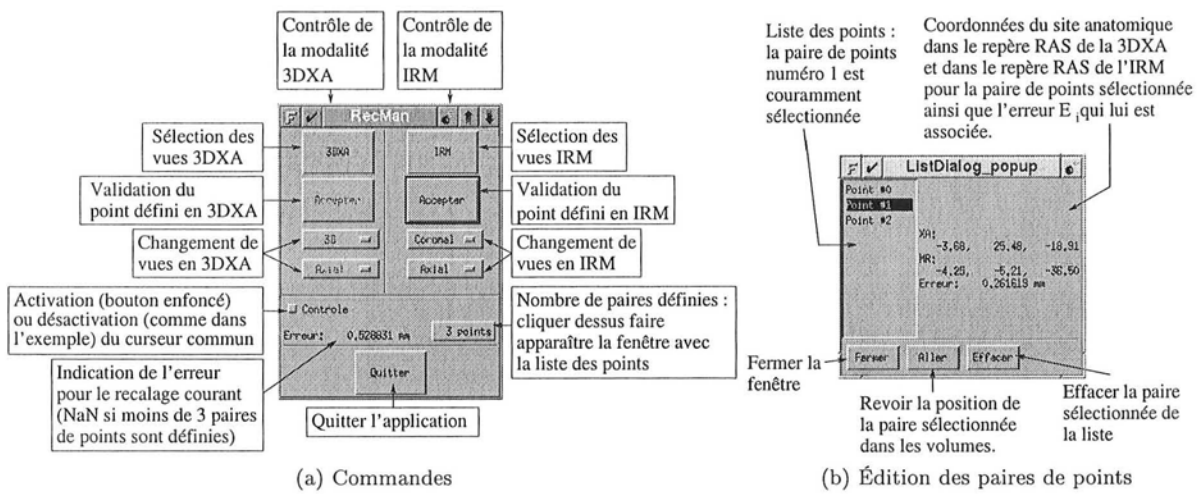


FIG. 16.2 – Fenêtres pour les fonctionnalités de recalage.

Patient	Axe injecté	Coupes IRM				Pathologie
		Matrice	Nombre	Épaisseur	Écart	
1	CID	512 × 512	124	1 mm	1mm	Aucune
2	CID	256 × 256	174	1,5 mm	1,5 mm	MAV
3	CID	512 × 512	124	1 mm	1 mm	MAV (soignée)
4	VEG	512 × 512	124	1 mm	1 mm	MAV (soignée)
5	CID	256 × 256	174	1,5 mm	1,5 mm	MAV
6	CIG	256 × 256	174	1,5 mm	1,5 mm	MAV
7	VED	256 × 256	124	1 mm	1 mm	MAV (petite)
8	CIG	512 × 512	124	1 mm	1 mm	Anévrisme
9	VEG	512 × 512	60	1 mm	1 mm	Aucune
10	CIG	512 × 512	60	1 mm	1 mm	Aucune
11	CID	512 × 512	60	1 mm	1 mm	Anévrisme

TAB. 16.1 – Tableau de description des données utilisées pour la validation

16.1.4 Mise en œuvre du protocole

Le recalage manuel a été réalisé par deux experts (RA : médecin neuroradiologue senior et EK : auteur du présent manuscrit³⁰) une fois pour chaque cas (c'est-à-dire par couple de volumes (3DXA,IRM)).

Le médecin (RA) a suivi une formation d'une heure au logiciel (c'est un utilisateur très familier avec Vxtool, visualisateur 3D qui sert de base au programme de recalage).

Un recalage manuel a été accepté à partir du moment où 5 paires de points au moins étaient définies. À la sortie du programme de recalage manuel, le résultat est automatiquement sauvegardé : valeur du recalage trouvé (rotation et translation), nombre de paires de points définies, coordonnées de chaque paires de points dans les repères RAS de la 3DXA et de l'IRM.

Parmi ces 5 paires de points, nous avons imposé qu'il y en ait une : à l'extrémité supérieure du tronc basilaire dans le cas d'une vertébrale, à la bifurcation du siphon carotidien en artère cérébrale moyenne et artère cérébrale antérieure dans le cas d'une carotide. Cette paire de points homologues servira de point initial pour notre algorithme automatique.

Chaque recalage doit, selon l'expert, être satisfaisant, dans le sens où c'est le meilleur recalage auquel il peut arriver dans un temps raisonnable et où il accepterait d'effectuer une intervention de neuroradiologie interventionnelle en se basant sur des images recalées avec cette précision (seulement pour RA!).

À l'issue de chaque recalage, l'expert doit remplir une fiche d'évaluation qualitative de la procédure manuelle :

1. difficulté d'indiquer la paire de points imposée (points initiaux du recalage automatique) : notation de 1 (très facile) à 5 (très difficile) ;
2. nombre de paires de points difficiles à définir ;
3. qualité du recalage : appréciation visuelle de l'erreur et notation de 1 (inférieure à 1 mm) à 5 (supérieure à 5 mm) ;
4. commentaires.

16.2 Résultats

16.2.1 Résultats qualitatifs

22 recalages manuels ont donc été réalisés. Le temps passé par recalage a varié de 10 à 20 minutes (en général).

Tous les recalages ont été réalisés avec 5 paires de points sauf l'un d'entre eux (cas #1, expert : RA) pour lequel 8 paires de points ont été définies.

30. Le deuxième médecin prévu pour l'étude s'est désisté au dernier moment. Nous sommes en ce moment en train de réaliser cette même étude avec d'autres médecins.

La précision de tous les recalages manuels a été jugée par les experts, lors de l'inspection visuelle, inférieure ou égale à 2 mm (12 recalages sur 22 ont reçu une note de 1 pour le point 3 de la fiche d'évaluation, c'est à dire que leur précision est estimée inférieure à 1 mm). Il est intéressant de noter que Fitzpatrick et al. [FHS⁺98] ont démontré que l'inspection visuelle permettait de déceler des erreurs de recalage supérieures ou égales à 2 mm, mais n'était plus un outil fiable pour des erreurs inférieures³¹. Nous pouvons donc dire que la qualité du recalage manuel est *a priori* bonne, ce qui valide dans une certaine mesure l'hypothèse de rigidité du recalage que nous avons suivie.

L'indication du premier point a été considérée comme très facile (note 1) dans 18 cas sur 22 (2 pour un recalage et 3 pour les trois autres recalages).

Le nombre de points difficiles à définir varie de 0 (4 cas) à 4 (1 cas : celui pour lequel 8 paires de points ont été employées). Dans la grande majorité des cas, 2 à 3 points ont été considérés comme difficiles : nous avons pu remarquer qu'il s'agissait souvent des points numéro 2 et 3, pour lesquels la fonctionnalité de curseur commun ne peut être utilisée (elle n'est disponible qu'à partir de 3 points).

Enfin, l'expert médecin a déclaré que tous les recalages étaient satisfaisants, c'est-à-dire, selon lui, utilisables en pratique clinique.

16.2.2 Résultats quantitatifs

Données

Chaque recalage manuel nous donne une paire de points initiale pour notre algorithme. Étant donné que nous avons deux experts, donc deux recalages manuels par cas, nous avons effectué deux recalages automatiques par cas.

Nous avons donc pour chaque cas :

- deux recalages déterminés de manière manuelle ;
- deux recalages déterminés de manière automatique ;
- deux ensembles de paires de points homologues.

Qualité du recalage manuel

Nous avons d'abord qualifié notre référence. En suivant Fitzpatrick et al. [FHS⁺98], une première mesure d'un recalage basé sur des marqueurs fiduciaires (ici, ce sont les paires de points homologues indiquées par les experts) est l'erreur de recalage sur les marqueurs (la FRE pour *Fiducial Registration Error*) :

$$\text{FRE}^2 = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \|P_{\text{XA}}^i - \mathbf{R}P_{\text{MR}}^i - T\|^2 \quad (16.1)$$

Nous obtenons les courbes de la figure 16.3(a) pour chacun des observateurs. Nous obtenons des FRE de l'ordre du millimètre, ce qui correspond à la précision que nous désirons avoir, avec un maximum de 1,4 mm. Une autre mesure intéressante concernant la qualité du recalage est l'erreur de localisation des marqueurs (FLE pour *Fiducial Localization Error*) : elle représente l'imprécision inhérente à la détection des paires de points homologues. Nous ne pouvons pas la calculer directement ici mais Fitzpatrick établit une relation de nature statistique entre la FRE et la FLE :

$$\langle \text{FLE}^2 \rangle = \frac{\langle \text{FRE}^2 \rangle}{1 - 2/N} \quad (16.2)$$

où $\langle \bullet \rangle$ désigne la valeur moyenne. Nous obtenons les courbes de la figure 16.3(b). En moyenne, la FLE est de 1,2 mm avec un maximum de 1,6 mm : ces valeurs sont totalement compatibles avec la résolution des acquisitions IRM (au pire 1,5 mm). La figure 16.3(c) montre la comparaison FRE/FLE pour l'observateur EK et la figure 16.3(d) montre le même résultat pour l'observateur RA. D'après la

31. Cette étude a été réalisée pour le recalage CT/IRM, assez comparable à notre problème : une acquisition IRM avec une acquisition en tomographie rayons X.

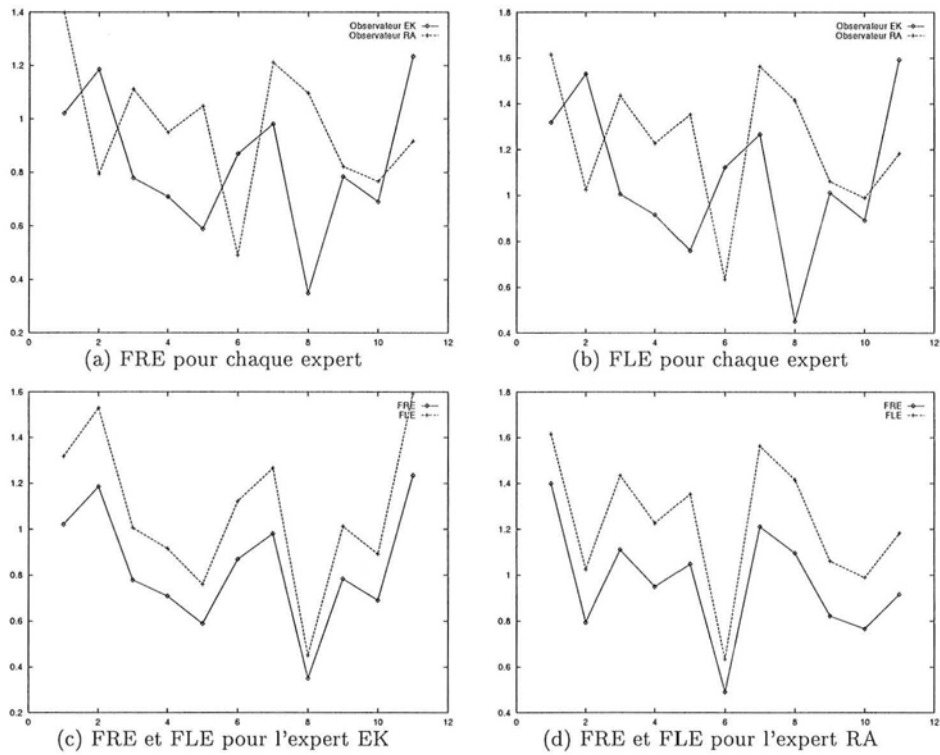


FIG. 16.3 – Qualité du recalage manuel: FRE et FLE. Les numéros des cas sont en abscisse et les mesures sont portées en ordonnée en millimètres.

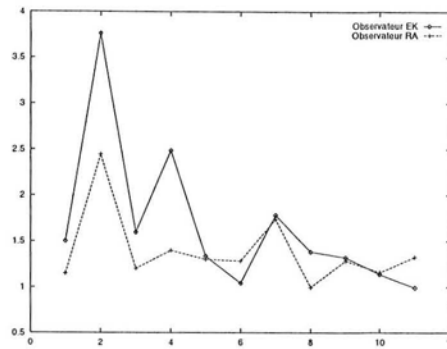


FIG. 16.4 – Qualité du recalage manuel : TRE. Les cas sont indiqués en abscisse et la TRE est portée en millimètres en ordonnée.

formule (16.2), la valeur moyenne de la FLE est supérieure à la valeur moyenne de la FRE mais elle tendra à s'en rapprocher si le nombre de marqueurs N augmente.

La localisation des points homologues est donc bonne (compatible avec la résolution la pire) et nous pouvons attendre du recalage manuel une précision de l'ordre du millimètre en général (au pire 1,5 mm). Cette référence est donc valable pour notre évaluation.

La FRE n'est cependant pas une mesure absolue de la qualité du recalage : c'est plutôt une mesure de la cohérence qui existe entre les paires de points indiquées dans l'hypothèse de recalage rigide. Si la mesure de l'expert comporte un biais (imaginons qu'il pointe systématiquement sur le bord gauche de l'artère en 3DXA et sur son bord droit en IRM), la FRE peut être petite pour un recalage qui, en absolu, ne sera pas correct. C'est donc à travers l'hypothèse que l'expert n'est pas biaisé que nous pouvons utiliser la FRE comme mesure de l'erreur de recalage.

Nous avons donc calculé une autre mesure de la qualité du recalage proposée par Fitzpatrick : l'erreur de recalage sur des points-cibles (TRE pour *Target Registration Error*). À titre indicatif, le meilleur algorithme pour le recalage CT/IRM³² mène à une valeur médiane de TRE³³ de 0,8 mm et une valeur maximale située entre 2 et 3 mm (2,5 mm pour un protocole d'IRM en T1) [WFW⁺97].

Le problème réside dans la définition des points-cibles. Pour un recalage donné par un expert, nous avons considéré comme points-cibles les paires de points définies par les autres experts pour le même cas de recalage. Nous notons ces points-cibles au moyen d'un prime. La formule de la TRE est donc :

$$TRE^2 = \frac{1}{N'} \sum_{i=1}^{N'} \|P_{XA}^{i'} - \mathbf{R}P_{MR}^{i'} - T\|^2 \quad (16.3)$$

où N' est le nombre de points-cibles et (\mathbf{R}, T) est le recalage déterminé à partir des marqueurs (P_{XA}^i, P_{MR}^i) . En pratique, pour chaque cas, nous utiliserons les points indiqués par RA comme points-cibles afin de qualifier le recalage déterminé par EK et inversement, les points indiqués par EK comme points-cibles pour qualifier le recalage déterminé par RA. Nous obtenons les courbes de la figure 16.4.

Nous trouvons une TRE de l'ordre de 1,5 mm dans tous les cas sauf les cas #4 et #2. Le cas #4 n'est pas inquiétant : l'expert RA a en effet noté que c'était "un cas difficile pour lequel peu de bifurcations sont visibles et où la qualité de l'angiographie 3D [3DXA] est médiocre". Il peut donc être dû à quelques paires de points erronées. Nous pourrions nous baser sur les résultats de l'expert EK dans ce cas. Le cas #2 est en revanche plus symptomatique. Notre interprétation désigne la pathologie comme coupable : la MAV induit un flux sanguin très important qui augmente la pulsativité des artères et déforme certaines d'entre elles. L'hypothèse de recalage rigide est donc mise à mal, d'autant plus que ce flux est susceptible d'augmenter le niveau de distorsions en IRM.

De plus, nous pouvons noter une amélioration de la TRE au fur et à mesure de l'expérimentation et un meilleur accord entre les experts dans la deuxième moitié de l'étude : nous pouvons supposer qu'il y

32. Algorithme de maximisation de l'information mutuelle [CMD⁺95, SHH96]

33. La TRE est dans ce cas calculée sur 8 points-cibles.

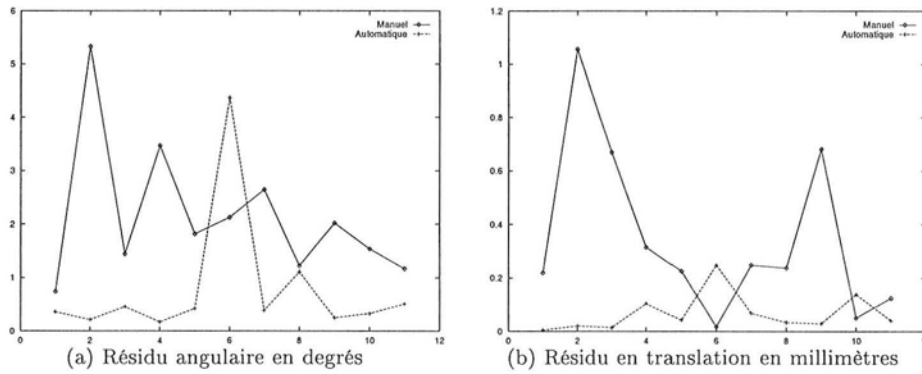


FIG. 16.5 – Mesures de répétabilité des deux méthodes de recalage (manuelle et automatique). Les cas sont indiqués en abscisse et les mesures sont portées en ordonnée.

a également un phénomène d'habitude et de familiarité avec la tâche qui s'installe. L'expert EK, en tant que concepteur du logiciel, est très à l'aise dans sa manipulation. L'expert RA n'a, quant à lui, suivi qu'une formation d'une heure. Il nous semble donc que ce dernier devient plus performant à partir du cinquième cas. Ceci souligne l'importance d'une deuxième validation avec les mêmes experts et sur les mêmes cas. Il est prévu de la réaliser dans un futur proche.

En conclusion, nous pouvons affirmer que le recalage manuel est une référence qui va nous permettre de qualifier notre recalage automatique jusqu'à une précision de l'ordre de la résolution de l'IRM: elle est donc valide.

Répétabilité des méthodes de recalage

Une autre mesure intéressante est la répétabilité des méthodes de recalage: pour une même méthode (manuelle ou automatique) nous avons K recalages (dans notre cas, $K = 2$): un par expert. La répétabilité d'une méthode peut donc se mesurer en comparant deux à deux les recalages obtenus par une même méthode dans un même cas.

Il nous faut donc un moyen de comparer deux recalages rigides. Nous avons opté pour la mesure suivante:

- Soient deux recalages $D_1 = [\mathbf{R}_1|T_1]$ et $D_2 = [\mathbf{R}_2|T_2]$;
- nous formons le recalage résiduel $E = D_2^{-1}D_1 = [\mathbf{R}|T]$ avec:

$$\mathbf{R} = \mathbf{R}_2^t \mathbf{R}_1 \quad \text{et} \quad T = \mathbf{R}_2^t (T_1 - T_2);$$

- l'erreur de recalage s'exprime alors au moyen de deux termes:
 - le résidu angulaire α : angle de la rotation résiduelle \mathbf{R} ;
 - le résidu en translation d : norme de la translation résiduelle T .

Nous voulons être capables de détecter une erreur en translation de l'ordre de la résolution de l'IRM (donc au pire 1,5 mm). La traduction d'une telle erreur en termes de résidu en translation est directe. Pour le résidu angulaire, une erreur de 1 degré mène à une erreur en translation de 1,4 mm à une distance de 8 cm (ce qui correspond à la distance maximale entre le centre de la rotation et tout point sur une artère intra-cérébrale).

Comme nous n'avons que deux recalages par méthode et par cas, nous avons simplement calculé les résidus angulaire et en translation pour ces deux recalages dans chaque cas. Nous obtenons les courbes de la figure 16.5.

Nous y retrouvons le cas pathologiques #2 dans le cas du recalage manuel. Nous pouvons remarquer que ce cas ne semble pas poser de problème au recalage automatique. En revanche, nous voyons clairement que dans le cas #6, un des recalages automatiques n'a pas convergé correctement: c'est encore un cas de MAV importante (voir la figure F.2(c)).

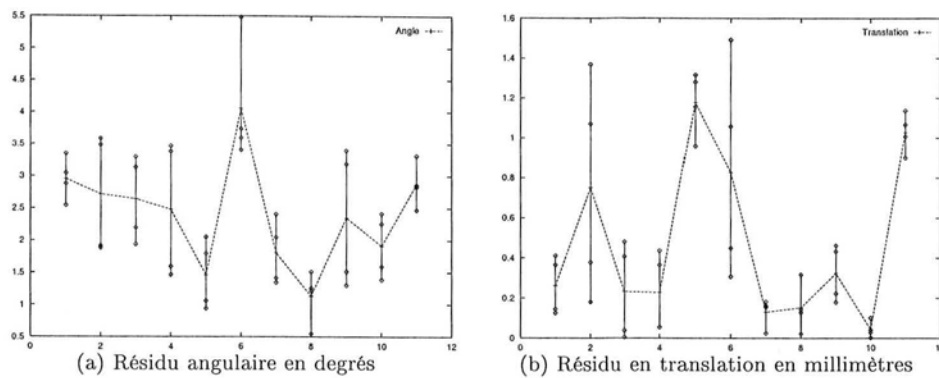


FIG. 16.6 – Évaluation du recalage automatique : calculs des résidus angulaires et en translation. Les cas sont portés en abscisse et les mesures en ordonnée : nous indiquons pour chaque cas les valeurs maximale et minimale (ligne verticale), ainsi que la valeur moyenne (points reliés par la ligne brisée en pointillés).

En observant les images de représentation plane de la couronne tronquée en fin de recalages, nous avons pu établir clairement que le recalage automatique basé sur le point indiqué par RA était meilleur visuellement et mettait bien en correspondance les artères issues de la sylvienne. En revanche, nous remarquons une erreur sur la carotide et sur la cérébrale antérieure : ce sont toutes les deux de grosses artères, susceptibles de pulser fortement et dont le flux important peut provoquer des distorsions en IRM. Le point indiqué par EK mène à un recalage plus consensuel : la sylvienne est moins bien recalée mais la correspondance est meilleure au niveau de la cérébrale antérieure.

Au niveau de la translation, les deux recalages sont bons. Nous pouvons cependant noter une moins bonne répétabilité dans le cas #2 pour le recalage manuel, déjà évoqué, et pour le cas #6 pour le recalage automatique. Dans ce dernier cas, nous avons pu établir en comparant les images de projection MIP des sous-volumes que le recalage issu du point indiqué par RA était légèrement meilleur que le recalage issu du point indiqué par EK.

La répétabilité du recalage automatique est, comme nous pouvions nous y attendre, meilleure que celle du recalage manuel. De plus, nous pouvons voir que notre algorithme n'a échoué qu'une fois. Et encore, cet échec est relatif car le résultat n'est pas dénué de sens et le recalage proposé par l'algorithme automatique peut se justifier dans les deux cas³⁴.

Enfin, nous pouvons noter un fait intéressant : une différence angulaire jusqu'à 3 degrés peut être notée sans que les mesures de qualités de recalage (FRE et FLE) en souffrent. En revanche, nous notons une très bonne répétabilité du recalage manuel (moins d'un millimètre) pour la translation.

Comparaison des recalages automatiques et manuels

Nous avons, dans un premier temps évalué le recalage automatique par rapport au recalage manuel en comparant deux à deux, dans chaque cas, chaque recalage automatique avec chaque recalage manuel, par le calcul des résidus angulaire et en translation. Comme nous avons deux recalages pour chaque méthode et chaque cas, nous avons donc 4 mesures pour chaque cas. Nous obtenons la figure 16.6.

L'erreur angulaire est toujours inférieure à 3,5 degrés, si nous mettons de côté une seule comparaison (sur les $4 \times 11 = 44$ possibles) : un résidu angulaire pour le cas #6 atteint 5,5 degrés. Nous avons cependant vu que le recalage automatique éprouvait quelques difficultés à résoudre ce cas. Pour le reste, nous retrouvons un résidu angulaire du même ordre que la répétabilité angulaire pour le recalage manuel (voir la figure 16.5(a)). Nous en déduisons donc que le résidu angulaire est au pire de 3,5 degrés mais qu'il est probablement plus petit. En effet, notre référence est ici trop imprécise pour nous renseigner plus outre sur ce point : la répétabilité angulaire du recalage manuel est trop faible. Il nous faudrait utiliser une référence plus précise de ce point de vue (cadre de stéréotaxie, fantôme).

34. Il est plus intéressant d'avoir un bon recalage au niveau de la pathologie et des artères afférentes : dans notre cas, la cérébrale antérieure.

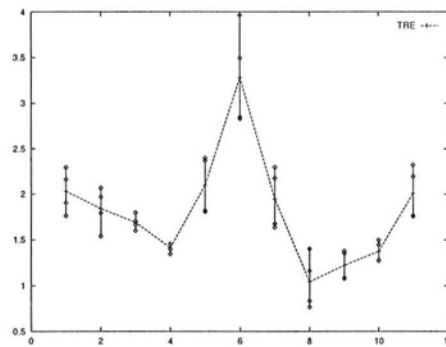


FIG. 16.7 – Évaluation du recalage automatique : calcul de la TRE. Les cas sont portés en abscisse et la TRE en ordonnée en millimètres : nous indiquons pour chaque cas les valeurs maximale et minimale (ligne verticale), ainsi que la valeur moyenne (points reliés par la ligne brisée en pointillés).

Le résidu en translation est dans 7 cas sur 11 inférieur à 0,5 mm. Parmi les autres cas, nous en trouvons deux (cas #2 et cas #6) pour lesquels une très grande variabilité du résidu est à noter : pour le cas #2, ceci est à rapprocher de la mauvaise répétabilité du recalage manuel (voir la figure 16.5) ; pour le cas #6, ceci est à rapprocher de la mauvaise répétabilité du recalage automatique (voir à nouveau les deux graphiques de la figure 16.5). Après examen des deux derniers cas hors-norme (cas #5 et #11), les images MIP des sous-volumes sont bien en correspondance. Quelques différences s'observent dans les représentation planes de couronnes tronquées mais elles ne semblent pas correspondre à un déplacement rigide (mouvement relatif des artères). Nous interprétons donc ces résultats comme étant en partie dûs aux distorsions en IRM et en partie à la précision intrinsèque de l'algorithme de recalage. Notons simplement que l'erreur en translation reste dans tous les cas inférieure à 1,2 mm : elle est donc du même ordre que la répétabilité du recalage manuel en translation, que la FLE et que la résolution de l'IRM. Cette erreur peut donc être considérée comme normale pour la qualité de notre référence.

Les mesures de résidus ont montré que la procédure de recalage automatique ne pouvait pas être vraiment différenciée de la procédure manuelle. Afin de tenter une évaluation plus fine, nous avons procédé à une comparaison de la TRE pour les recalages. Nous avons procédé de la manière suivante :

- nous avons comparé chaque recalage automatique avec chaque recalage manuel ;
- pour un recalage manuel donné, nous avons vu que nous pouvions calculer la TRE sur un ensemble de points-cibles constitués des N' paires indiquées pour les autres recalage manuels ;
- pour un recalage automatique donné, nous calculons sa TRE en considérant comme points-cibles les paires indiquées pour tous les recalages manuels *excepté le recalage manuel choisi* ;
- nous obtenons ainsi 4 valeurs de TRE par cas.

Ces mesures sont portées sur la courbe de la figure 16.7.

Hormis pour le cas #6, dont nous avons déjà évoqué le problème à maintes reprises, la TRE est inférieure à 2,5 mm au maximum et 2 mm en moyenne. Il nous semble cependant intéressant de noter la similitude entre la courbe de la TRE et celle du résidu angulaire : nous avons déjà remarqué le faible résidu en translation. Nous pouvons supposer que l'erreur de recalage est essentiellement due à un résidu angulaire. L'amélioration future de notre algorithme passe donc par une amélioration de la procédure d'estimation de la rotation.

Robustesse face aux points initiaux

Nous avons enfin évalué la robustesse de l'algorithme automatique face à la précision sur l'indication des points initiaux. L'inspection visuelle des images MIP du sous-cube de données autour du point initial a permis de vérifier que la procédure d'estimation de la translation donnait de très bons résultats. Nous pouvons donc considérer que pour un recalage automatique, le point initial indiqué en 3DXA et son transformé par le recalage trouvé sont de très bons homologues.

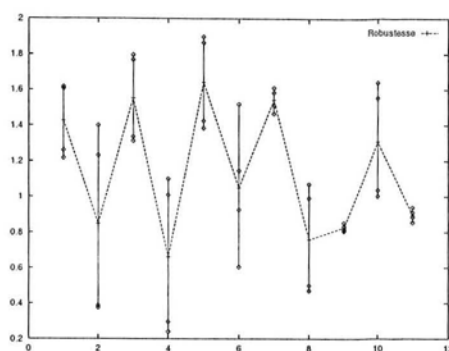


FIG. 16.8 – Évaluation de la robustesse du recalage automatique par rapport à l'imprécision sur l'indication de la paire de points initiale. Les cas sont portés en abscisse et l'erreur sur le point initial en ordonnée (distance en millimètres) : nous indiquons pour chaque cas les valeurs maximale et minimale (ligne verticale), ainsi que la valeur moyenne (points reliés par la ligne brisée en pointillés).

Considérons une paire de points initiale et un recalage fourni par l'algorithme automatique. Nous pouvons, grâce à ce recalage, trouver dans l'IRM un très bon homologue au point indiqué en 3DXA. Nous estimons alors l'erreur faite sur l'indication de cette paire initiale en mesurant la distance dans l'IRM entre le point indiqué par l'expert et le point trouvé par le recalage automatique.

Pour chaque recalage, nous avons deux recalages manuels, donc deux paires de points initiaux, ainsi que deux recalages automatiques : nous pouvons donc effectuer 4 mesures par recalage. Nous obtenons la courbe de la figure 16.8.

Elle indique qu'une erreur sur les points initiaux jusqu'à 2 mm (au moins) peut être faite sans perturber le résultat du recalage automatique. Nous pouvons également noter que l'erreur de pointage manuel est inférieure à 2 mm.

16.3 Conclusion

16.3.1 Résultats

Nous avons validé notre algorithme de recalage automatique 3DXA/IRM sur 11 cas, dont certains présentent une difficulté non négligeable (voir l'annexe F).

L'évaluation a été réalisée en prenant comme référence le recalage manuel fourni par deux experts à partir de l'indication d'au moins 5 paires de points homologues pour chaque recalage.

L'erreur intrinsèque de cette référence a été mesurée. Nous avons trouvé une erreur de recalage en rapport avec la plus grande taille voxel en IRM (FRE = 1 mm et FLE = 1,2 mm en moyenne ; FRE = 1,4 mm et FLE = 1,6 mm au maximum). Il faut cependant noter que cette erreur se réduit au fur et à mesure que les experts deviennent plus familiarisés avec le logiciel de recalage manuel.

À partir de points indiqués par les experts, nous avons pu réaliser 22 recalages automatiques (2 par cas). Un seul de ces recalages n'a pas été jugé suffisamment précis (cas #6) : cet échec est cependant relatif étant donné les probables perturbations des images dues au flux très important dans certaines artères.

Nous avons pu déterminer la précision du recalage automatique vis à vis du recalage manuel de deux manières :

- calcul des résidus angulaires et en translation ;
- calcul de la TRE.

Le faible résidu en translation (0,5 mm dans 7 cas sur 11) montre que notre algorithme est prometteur. En revanche, le résidu angulaire reste assez fort, bien qu'une erreur de 3 degrés (répétabilité angulaire du recalage manuel) ne semble pas avoir une grande influence sur la qualité du recalage (les valeurs de FRE et FLE pour les recalages manuels sont satisfaisantes). La forme de la courbe de la TRE, similaire

à celle du résidu angulaire, confirme que l'erreur du recalage automatique est essentiellement une erreur angulaire. Cependant, il a été noté que la faible répétabilité angulaire du recalage manuel ne nous permet pas de conclure précisément sur ce point.

16.3.2 Perspectives

Il nous faut mieux établir l'erreur angulaire en nous basant sur une autre référence. Des travaux sont en cours afin de pouvoir utiliser le cadre de stéréotaxie [JI99]. Nous n'avons pas encore pu concevoir un fantôme satisfaisant (permettant entre autres de reproduire les effets de flux dans les artères) mais nous prévoyons de réaliser des simulations sur fantôme électronique (bâti en mixant une IRM en T1 non injectée avec une 3DXA recalée de manière manuelle).

Le recalage automatique est moins bon dans le cas #6. L'inspection visuelle des images de représentation plane de la couronne tronquée nous fait suspecter une violation de l'hypothèse de recalage rigide sur laquelle nous nous basons : l'importance de la MAV et du flux dans les artères afférentes pourraient être à l'origine de phénomènes perturbateurs tels que la pulsatilité des artères ou les distorsions en IRM. Le recalage fourni par notre algorithme est cependant proche de l'optimum et pourrait servir d'initialisation à la recherche d'un recalage non-rigide.

Enfin, notre étude doit être étendue : plus d'experts (si possible des médecins) doivent être impliqués et nous demanderons à ce qu'ils réalisent l'étude plusieurs fois afin de pouvoir évaluer la variabilité intra-observateurs.

Conclusion générale

1 Conclusion

Ce travail de thèse participe à la recherche appliquée, non seulement par sa forme administrative de convention Cifre, mais surtout à travers l'étroite collaboration à laquelle il a donné lieu avec d'une part l'industrie (la société GE Medical Systems), et le milieu hospitalier d'autre part (le service de neuro-radiologie interventionnelle diagnostique et thérapeutique du CHU de Nancy). Cet aspect transparait également dans la problématique qui l'a motivé. Le médecin neuroradiologue utilise, en pratique clinique courante, plusieurs modalités d'imagerie pour établir un diagnostic et contrôler l'évolution d'une pathologie : comment faire ? quels outils peut-on imaginer pour accroître le bénéfice apporté par cette information multimodale ?

D'un point de vue pratique, la réponse que nous apportons présente deux volets : d'une part le recalage d'images DSA avec une reconstruction 3DXA, d'autre part le recalage d'un volume 3DXA avec une acquisition IRM. D'un point de vue théorique, la grande précision requise nous a orientés vers l'étude de l'utilisation de critères de similarité de voxels (ou pixels) pour le recalage d'images vasculaires.

1.1 Recalage 3DXA/DSA

Le problème du recalage 3DXA/DSA n'est pas nouveau en soi puisqu'un parallèle peut être aisément dessiné avec les études portant sur le recalage d'une séquence DSA avec un volume MRA. Toutes les solutions présentées dans la littérature recalent itérativement la projection du squelette artériel extrait du volume MRA avec la ligne centrale des vaisseaux présents dans l'image DSA. La logique de cette démarche provient de la nature essentiellement structurale des modalités en jeu : la valeur d'un site (pixel ou voxel) indique la présence, ou l'absence, d'une artère et précise sa forme locale (courbe, bifurcation) ainsi que son diamètre.

La réponse que nous apportons est à la fois complète et originale. Complète car nous décrivons une procédure de calibration de la machine d'angiographie qui permet de :

1. corriger les distorsions dans les images DSA avec précision par interpolation d'images d'un fantôme de grille prises à des positions prédéfinies ;
2. déterminer de manière fiable les paramètres intrinsèques de la projection conique grâce à une procédure de calibration de la machine d'angiographie, se basant sur un fantôme d'hélice ;
3. obtenir une initialisation des paramètres extrinsèques (rotation).

Les deux premiers points n'ont, à notre connaissance, jamais été résolus de manière satisfaisante, c'est-à-dire selon une procédure utilisable en pratique clinique. Le troisième point est, quant à lui, souvent résolu par une initialisation manuelle, inacceptable pour l'application de ce recalage qui nous intéresse : l'usage d'une telle fonctionnalité se fera dans une salle d'angiographie, pendant une intervention, imposant des critères minimalistes sur le temps d'exécution et l'interactivité.

L'originalité de notre solution tient dans l'algorithme d'affinage itératif du recalage qui suit les pré-traitements (distorsions) et initialisations (paramètres intrinsèques et extrinsèques). Sans utiliser à proprement parler un critère de similarité de pixels, nous avons développé une méthode de recalage qui se base sur le flux optique calculé entre une image de maximum d'opacification de la série DSA et une vue MIP du volume 3DXA. Cette technique permet de tirer parti de la nature structurale des données sans avoir recours à une phase de segmentation : d'une part les images représentent un seul objet (l'artère

opacifiée) vu dans une position légèrement différente selon que nous considérons la vue MIP ou l'image de maximum d'opacification, d'autre part le volume 3DXA est utilisé comme un modèle 3D, non paramétré, de l'objet considéré, ce qui nous permet de déduire le mouvement 3D générant le flux optique observé. Ce faisant, nous avons dérivé des équations approximantes qui permettent de travailler dans le plan image, et d'atteindre ainsi un temps d'exécution raisonnable en évitant d'avoir recours à de multiples projections coniques du volume 3DXA.

Le calcul d'un flux optique demande une très bonne initialisation (problème de l'ouverture). Nous avons fait précéder notre phase finale d'affinage par une phase intermédiaire de réduction de l'erreur en translation, par optimisation de la corrélation entre les deux images considérées. Nous pensons cependant qu'une solution plus satisfaisante et définitive consisterait à avoir accès à une information fiable et précise sur la position de la table, ce qui demande une amélioration de la qualité des capteurs de position de la table (utilisation d'encodeurs) et l'indication des valeurs lues sur ces capteurs dans l'en-tête DICOM des images transmises au système informatique de post-traitement des données.

1.2 Recalage 3DXA/IRM

Le recalage 3DXA/IRM est un problème très original en soi car les deux modalités concernées sont extrêmement différentes. Pour qu'il soit intéressant, dans le cadre mono-patient, multi-modalité, un recalage doit bien entendu être à même de mettre en correspondance des modalités qui diffèrent mais les solutions qui fonctionnent, parmi celles proposées dans la littérature, qu'elles soient basées sur des primitives d'ordre supérieur ou sur des critères de similarité de voxels, comparent dans leur immense majorité des images semblables, dans le sens où elles présentent les mêmes structures (peau, os, et/ou surface corticale pour les images cérébrales). Dans notre cas, nous avons d'une part une imagerie purement vasculaire (la 3DXA) : seule l'artère opacifiée est visible, sans aucune information sur les tissus environnants (contrairement à l'angiographie IRM où ils apparaissent, au moins faiblement). D'autre part, l'acquisition IRM, bien que nous nous focalisons sur un protocole montrant bien les artères (T1 avec injection de gadolinium), montre essentiellement les tissus intra-cérébraux et seulement en second lieu, en limite de résolution, les artères. La 3DXA impose d'utiliser les artères comme base au recalage mais cette information est en quelque sorte noyée dans l'IRM parmi des structures bien plus imposantes.

L'autre obstacle qui se dresse provient de la nature volumique des données. Nous désirons un temps d'exécution limité : notre campagne de validation a en effet montré qu'un temps de 15 minutes suffisait à obtenir un très bon résultat par le biais d'un recalage manuel. L'importante quantité de données à traiter (notamment dans la 3DXA) handicape les techniques de similarité de voxels d'un temps au moins égal, nettement aggravé si des prétraitements s'avèrent nécessaires.

Nous avons donc opté pour une technique de recalage très spécialisée et dédiée à notre problème. Pour des raisons de robustesse d'estimation des paramètres du recalage, nous avons séparé l'estimation de la rotation de celle de la translation. Prenant pour centre de la rotation un point indiqué par l'utilisateur, nous extrayons pour chaque aspect du recalage un sous-ensemble de voxels représentatifs :

- loin du centre de rotation, la rotation a un effet prépondérant sur celui de la translation : nous estimons donc la rotation en recalant les voxels des deux modalités situés dans une couronne tridimensionnelle centrée sur le centre de rotation ;
- proche du centre de rotation, la translation a un effet prépondérant sur celui de la rotation : nous estimons donc la translation en recalant les voxels des deux modalités situés dans un sous-cube, au voisinage du centre de la rotation.

La démarche est ensuite similaire pour les deux optimisations : la part de l'information correspondant aux artères est augmentée au moyen d'une projection MIP des sous-ensembles, ce qui permet d'obtenir des images semblables, nous ramenant ainsi à un problème que l'optimisation d'un critère de similarité (en pratique la corrélation) peut résoudre. L'utilisation d'images en deux dimensions a pour corollaire de réduire le temps de calcul nécessaire à l'optimisation du critère.

1.3 Points communs

La philosophie que nous avons adoptée dans ce travail de thèse présente deux aspects. Nous avons cherché à éviter autant que faire se pouvait la segmentation de nos données : nos contraintes de préci-

sion mais également notre ambition de produire des algorithmes robustes et demandant une très faible interaction de l'utilisateur nous ont naturellement fait nous orienter vers des techniques de similarité de voxels (pixels).

D'un autre côté, en tant que travail de recherche appliquée, nos études devaient mener à des procédures utilisables en pratique clinique, sacrifiant la généralité théorique de nos résultats pour atteindre des temps d'exécution intéressants. De plus, par souci de produire des algorithmes compatibles avec une production industrielle, nous avons cherché à soit employer des notions bien établies et connues, comme le calcul du flux optique ou de la corrélation (pour lesquels on trouve dans la littérature des études visant à leur implantation efficace), soit utiliser des algorithmes dédiés au problème (donc sans doute difficilement généralisables) mais dont le principe est simple.

2 Perspectives

À court terme, une validation plus étendue doit être menée pour chacun des algorithmes. Parallèlement, nous devons nous pencher sur leurs points faibles.

Pour le recalage 3DXA/DSA, cela passe certainement par une amélioration du calcul de la dérivée temporelle, en effectuant, par exemple, un ajustement des histogrammes au lieu d'une simple normalisation des images. Plus généralement, la phase de calcul du flux optique doit être rendue plus robuste : des techniques de calcul en multi-résolution apporteront sans doute un certain bénéfice mais il sera également intéressant de se pencher sur une application de la méthode d'Aloimonos et al. [AT90] qui permet de se passer du calcul des dérivées partielles.

La campagne de validation préliminaire que nous avons effectuée nous a permis de détecter une possible faiblesse dans notre algorithme de recalage 3DXA/IRM au niveau de l'estimation de la rotation. Une comparaison des résultats avec ceux apportés par un cadre de stéréotaxie sera nécessaire pour mieux comprendre où se situe le problème et comment y remédier.

À moyen terme, les médecins doivent pouvoir utiliser ce type de recalage en pratique clinique. Cela passe par la mise au point de logiciels dédiés à la réalisation d'un tâche médicale définie (procédure de stéréotaxie, traitement des MAV), ce qui demande qu'une réflexion soit menée sur l'aspect fusion de l'intégration des données multimodales. En retour, nous pourrions mieux comprendre les besoins des médecins et améliorer notre conception du rôle que peut jouer le recalage multimodalités pour aider la pratique des neuroradiologues.

Enfin, à plus long terme, nous pouvons dessiner deux axes pour la poursuite de la recherche dans ce domaine :

- Quelles sont les autres modalités qu'il serait intéressant d'intégrer à la DSA/3DXA/IRM? D'autres protocoles IRM que le T1 injecté au gadolinim sont candidats bien sûr mais également des méthodes performantes existent, ou sont en cours de développement, pour recalcr une acquisition d'IRM avec un volume scanner (CT), une échographie trans-cranienne, des acquisitions fonctionnelles (PET, SPECT, IRMf).
- L'intégration DSA/IRM requiert, selon notre méthode, une acquisition 3DXA. Ne peut-on imaginer obtenir un recalage direct entre ces deux modalités, au vu de notre expérience acquise dans le domaine du recalage d'imageries vasculaires? Notre méthode fonctionne-t-elle avec des acquisitions d'angiographie IRM (MRA)?

Annexes

Annexe A

La physique des rayons X

Les rayons X (ou *RX*) englobent les ondes électromagnétiques dont la longueur d'onde est comprise entre 0.1 Å et 100 Å. Ils peuvent être artificiellement produits dans un tube à rayons X (ou *tube RX*) tel que décrit sur la figure A. La cathode est formée par un filament dans lequel passent des électrons. Une

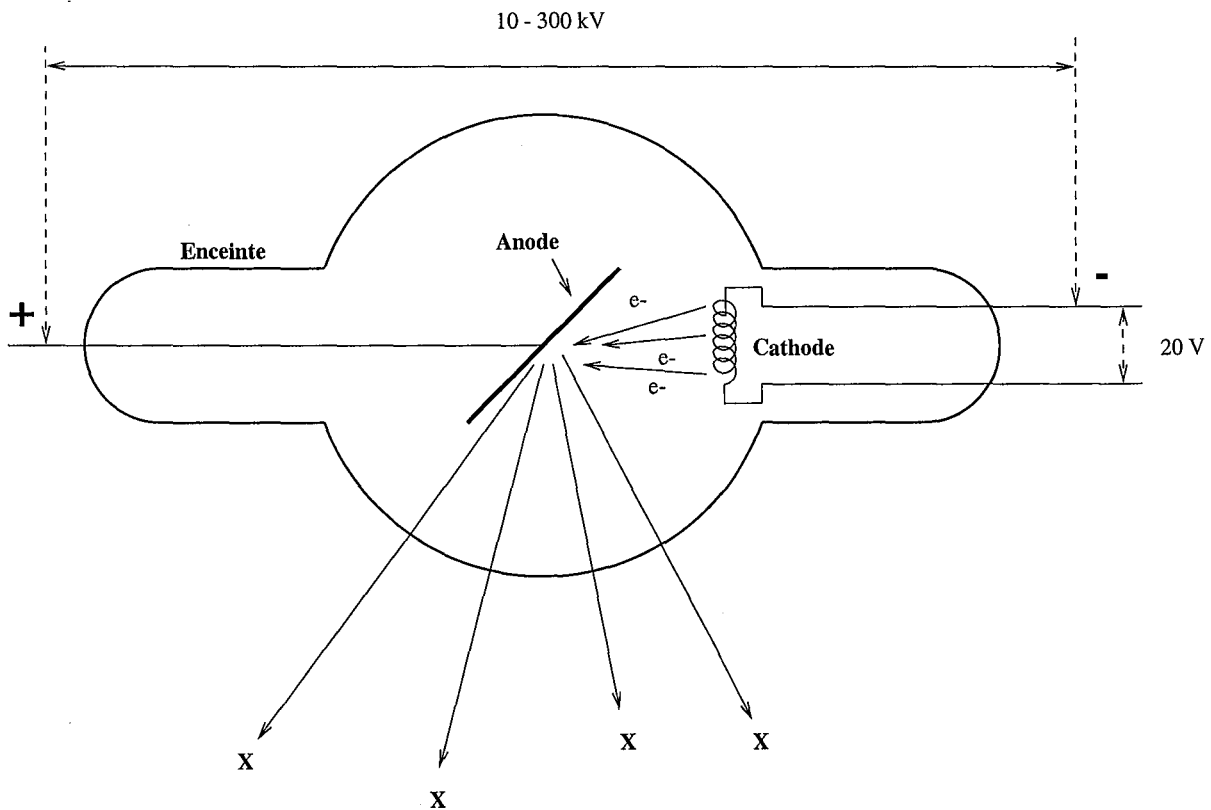


FIG. A.1 - Principe du tube à rayons X

haute tension est appliquée entre la cathode et une plaque, généralement en tungstène (anode). De ce fait, les électrons circulant dans l'anode sont arrachés à celle-ci et accélérés en direction de l'anode. Ils viennent frapper cette dernière en un point appelé *foyer*, qui les absorbe en émettant de la chaleur et des rayons X dans toutes les directions.

Les rayons X sont des ondes électromagnétiques de haute énergie. Ils peuvent interagir avec la matière

qu'ils rencontrent de trois façons :

- Effet Compton : un photon X incident entre en collision avec un électron. Dans ce choc, le photon change de direction et de plus il perd une partie de son énergie. Autrement dit, une partie du faisceau RX change de direction de façon aléatoire en voyant sa longueur d'onde augmenter. L'effet Compton ne s'accompagne pas de transfert d'énergie appréciable à la matière mais représente essentiellement une **diffusion** du photon incident avec changement de longueur d'onde.
- Effet Thomson-Rayleigh : un photon X interagit avec les couches électroniques d'un atome en étant dévié sans perte d'énergie. Il s'agit donc d'une **diffusion** du faisceau RX.
- Effet photo-électrique : un photon X interagit avec les couches électroniques d'un atome en transférant totalement son énergie à un électron. Il y a donc **absorption** d'une partie du faisceau RX. L'électron recevant cette énergie compense cet apport en changeant de niveau électronique dans la structure de l'atome. Le retour à sa position initiale s'accompagne de l'émission d'un rayonnement dit de fluorescence. Dans certains cas, l'énergie absorbée par l'électron est si forte qu'elle l'éjecte des couches électroniques, l'arrachant littéralement à l'atome. Il y a dans ce cas ionisation de la matière (d'où la classification des rayons X dans les *rayonnements ionisants*) et émission d'un rayonnement d'électrons secondaires (dits *d'Auger*) dans la matière exposée. Ces électrons possèdent une forte énergie cinétique et interagissent à leur tour avec la matière, avec des effets potentiellement néfastes (un tel électron peut tuer le noyau d'une cellule ou briser la chaîne d'ADN d'un chromosome).

Deux phénomènes interviennent donc lors de l'interaction d'un faisceau de rayons X avec la matière : la diffusion et l'absorption. Ce dernier est bien sûr exploité pour l'imagerie par rayons X.

A.1 La diffusion

La diffusion est souvent négligée en radiologie. Elle dégrade cependant la qualité de l'image en y apparaissant sous forme d'un bruit (dit *bruit de diffusé*). Ce bruit peut être réduit en interposant une grille anti-diffusante entre l'objet et le capteur où se forme l'image. Cette grille est constituée de micro-tubes en plomb qui canalisent le faisceau RX selon la direction foyer-capteur.

A.2 L'absorption

Nous avons vu que l'interaction d'un faisceau RX avec la matière dépend de la structure électronique de la matière. Le pouvoir absorbant d'un objet est directement lié au nombre atomique (Z) des atomes qui le composent. Ainsi, le plomb ($Z = 82$) et l'or ($Z = 79$) absorbent totalement les rayons X. Le plomb est ainsi utilisé pour la radioprotection des personnes travaillant en salle (port d'un tablier de plomb, travail derrière une vitre plombée). Il est aussi utilisé pour focaliser le faisceau rayons X sortant du tube en direction de l'objet d'intérêt (nous avons que les rayons X étaient émis dans toutes les directions quand les électrons arrachés à la cathode atteignent l'anode). L'or, quant à lui est utilisé pour définir des points de repère sur les micro-outils utilisés en neuroradiologie interventionnelle (voir dans la deuxième partie du manuscrit, la section consacrée à la neuroradiologie 2.3.2). Concernant les tissus du corps humain, l'os, contenant essentiellement du calcium ($Z = 20$), présente une bonne absorption aux rayons X, alors que le reste du corps, contenant essentiellement de l'eau - donc de l'hydrogène ($Z = 1$) et l'oxygène ($Z = 8$) - sera très transparent. Ces quelques chiffres expliquent que les rayons X sont surtout utilisés en imagerie médicale pour diagnostiquer des pathologies caractérisées par des anomalies de structures denses (par exemple les fractures osseuses).

Suivant ce même principe, des produits de contraste peuvent être injectés dans le corps pour visualiser l'intérieur d'un organe (estomac, intestins,...) ou une pathologie fortement vascularisée (injection dans les vaisseaux sanguins). Parmi ces produits, les plus utilisés sont l'iode ($Z = 53$) pour les examens uro-angiographiques, le baryum ($Z = 56$) pour les examens du système digestif, et le gadolinium ($Z = 64$), ce dernier étant plus utilisé comme produit de contraste en IRM (spin nul pour tous les isotopes, à part les isotopes 155 et 157) mais venant régulièrement remplacer l'iode chez les patients y étant allergiques pour les examens par rayons X.

L'absorption correspond à l'affaiblissement du faisceau RX. Pour un faisceau incident de longueur d'onde donnée λ d'énergie I_0 , traversant un objet de matière caractérisée par un numéro atomique Z sur une distance d , l'affaiblissement suit une loi exponentielle. L'énergie du faisceau émergent I est donc donnée par :

$$I = I_0 e^{-\mu d} \quad (\text{A.1})$$

où μ est le *coefficient d'absorption massique spécifique* et dépend de λ et Z .

On suppose souvent que :

- le foyer est ponctuel : certains appareils permettent de régler la taille du foyer qui sera au mieux petite. La taille non nulle du foyer introduit un *fou géométrique* dans les images.
- le trajet des rayons X entre le foyer et un point du capteur est une droite : en réalité il peut être courbé selon la matière traversée. L'épaisseur de matière étant faible en imagerie médicale, cette hypothèse est valable (ce n'est pas vrai en géologie par exemple). Cependant, nous verrons que certains capteurs courbent le faisceau, introduisant des *distorsions géométriques* dans l'image.
- le faisceau est parfaitement monochromatique : en réalité le faisceau présente un spectre d'émission et nous avons vu que le spectre incident pouvait être différent du spectre émergent (absorption et effet Compton). Ce phénomène est connu sous le terme de *durcissement de faisceau*.
- le rayonnement diffusé est négligeable. Ceci est d'autant plus vrai que l'épaisseur de l'objet irradié est faible.

À chaque point (x,y) du capteur correspond donc un chemin que suivra chaque photon reçu en ce point. Ce chemin est une droite $\Delta_{x,y}$ reliant le foyer à ce point et l'expression de l'énergie émergente devient :

$$I(x,y) = I_0 e^{-\int_{\Delta_{x,y}} \mu(x) dx} \quad (\text{A.2})$$

où $\mu(x)$ est le *coefficient linéaire d'absorption local*.

Enfin, on définit la *dose absorbée* comme étant la quantité d'énergie cédée par le rayonnement à une unité de masse de matière absorbante. La dose absorbée est une grandeur physique qui s'exprime en gray (Gy). Il existe une grandeur biologique également appelée dose qui s'exprime en Sievert (Sv) : elle est proportionnelle à la dose en Gray modulo un coefficient multiplicatif appelé *facteur de qualité* qui dépend du rayonnement ionisant considéré et en indique la nocivité (par exemple, le facteur de qualité des rayons X est de 1 alors que celui des rayons α est de 20). Les textes de radioprotection des personnes donnent la dose maximale annuelle en milli-Sievert (mSv).

Annexe B

L'imagerie par résonance magnétique (IRM)

Nous avons pour ambition d'exposer dans cette annexe les bases de l'imagerie par résonance magnétique. Le phénomène physique étant complexe, nous ferons quelques entorses à la rigueur afin de rendre l'exposé clair. À nouveau, nous conseillons au lecteur avide d'acquérir un savoir plus avancé de consulter l'ouvrage de Steve Webb [Web88] ainsi que l'excellent livre de Verdun et Marshall [VM95].

B.1 Résonance magnétique nucléaire

B.1.1 Le spin et le proton

La matière est composée de molécules, elles-mêmes composées d'atomes. Si nous poursuivons notre descente dans l'infiniment petit, nous découvrons que chaque atome est formé d'un nuage d'électrons orbitant autour d'un noyau. Enfin, ce noyau est lui-même un agrégats de protons et de neutrons.

Les protons, neutrons et électrons possèdent une propriété appelée *spin* qui peut s'interpréter comme un petit champ magnétique intrinsèque. De manière générale, un noyau possèdera un spin sauf s'il est composé d'un nombre pair de protons et d'un nombre pair de neutrons. Cela peut sembler faire du spin une propriété courante dans la nature, mais si nous regardons les atomes présents dans la matière organique, nous nous apercevons que seuls l'hydrogène (H, spin = 1/2) et l'azote (N, spin = 1) possèdent un spin. Le carbone (C) et l'oxygène (O) ont un spin nul. Autre élément abondant dans le corps humain (os), le calcium (Ca) a également un spin nul.

Considérons un noyau de spin non nul. Il se comporte donc comme un petit aimant, avec un moment magnétique non nul. Si nous plongeons un tel noyau dans un champ magnétique B_0 , il va donc réagir comme une boussole et aligner l'axe de son moment magnétique avec la direction du champ B_0 . Cet alignement peut se faire dans la même direction (configuration à haute énergie) ou dans le sens opposé (configuration à basse énergie). La mécanique quantique nous dit que si nous considérons un ensemble de nombreux noyaux identiques avec spin, il y aura un léger excédent de noyaux dans la configuration à basse énergie : pour le proton (atome d'hydrogène), cet excédent est de l'ordre de 9 pour deux millions. Le résultat est donc une magnétisation de la matière de faible intensité et c'est sur la perturbation de cette magnétisation que repose la résonance magnétique nucléaire (RMN). La magnétisation étant faible, nous n'aurons un effet observable que si le nombre de noyaux utilisé est grand. Le corps humain est composé aux deux tiers d'eau. Or chaque molécule d'eau comporte deux atomes d'hydrogène. On trouve également un grand nombre de protons dans les graisses. Le proton (noyau de l'hydrogène) est donc présent en grande quantité dans le corps humain. De plus, il possède un spin. Cela fait de lui un candidat idéal pour servir de base à l'utilisation de la RMN pour l'imagerie du corps humain. Nous ne nous intéresserons désormais qu'au proton (sauf mention contraire), même si la plupart des phénomènes que nous allons décrire sont valables pour tout noyau possédant un spin. Nous utiliserons également le raccourci "spin" pour désigner un noyau possédant un spin.

Un spin placé dans un champ magnétique B peut absorber un photon de fréquence $\nu = \gamma B$ où γ est le rapport gyromagnétique de la particule. L'absorption de ce photon lui apporte l'énergie nécessaire pour passer de la configuration à basse énergie (aligné dans le même sens que B) à la configuration à haute énergie (aligné dans le sens opposé à B). Cette fréquence ν est appelée *fréquence de Larmor* et vaut 42.58 MHz/T (MégaHertz (unité de fréquence) par Tesla (unité de champ magnétique : le champ magnétique terrestre vaut un dix millième de Tesla)).

B.1.2 Relaxation spin-réseau (T_1)

Considérons un ensemble (ou *réseau*) de spins placés dans un champ électromagnétique B_0 . Nous avons un léger excédent de spins en configuration de basse énergie, ce qui crée un vecteur de magnétisation M_0 dit *de réseau* aligné avec le champ électromagnétique B_0 . En accord avec les conventions sur les systèmes de coordonnées utilisés en RMN, l'axe Z est parallèle à M_0 et dans le même sens.

À l'équilibre, la composante M_z du vecteur de magnétisation M est donc égale à M_0 . Il n'y a pas de magnétisation transverse ($M_x = M_y = 0$). Nous avons vu qu'il est possible de changer le vecteur de magnétisation en exposant le réseau de spins à une énergie de fréquence égale à la fréquence de Larmor des spins qui le composent. Ceci a pour effet de changer la norme du vecteur M , sans en changer la direction. En apportant suffisamment d'énergie au système, on peut annuler la magnétisation $M = 0$. En supprimant l'apport d'énergie, le système revient à sa position d'équilibre en suivant l'équation :

$$M = M_0(1 - e^{-t/T_1}) \quad (\text{B.1})$$

où t est le temps et T_1 est une constante de temps appelée *temps de relaxation spin-réseau* caractéristique de la matière utilisée.

En apportant encore plus d'énergie, on peut changer le sens du vecteur de magnétisation (avec en limite $M = -M_0$). Dans ce cas, l'équation de retour à l'équilibre devient :

$$M = M_0(1 - 2e^{-t/T_1}) \quad (\text{B.2})$$

B.1.3 Précession

Si le vecteur de magnétisation a une composante dans le plan transverse (M_x et M_y non-nuls), il se met à tourner autour de l'axe Z avec une fréquence égale à la fréquence de Larmor des spins qui composent le réseau : il suit un mouvement dit de *précession*.

B.1.4 Relaxation spin-spin (T_2)

Lors de la précession, chaque spin du réseau se déphase. En premier lieu, le champ magnétique B_0 n'est jamais uniforme dans le réseau : chaque spin émettant lui-même un champ magnétique, il s'ensuit des inhomogénéités de champ au sein du réseau. Ensuite, la population des spins composant le réseau n'est pas toujours parfaitement homogène en terme de fréquence de Larmor (la fréquence de Larmor est fonction de la température qui varie localement, due à l'activité moléculaire). Avec le temps, chaque magnétisation locale va donc prendre une direction différente, tout en restant purement transverse. Le vecteur de magnétisation transverse global va donc progressivement s'annuler suivant la formule :

$$M_{xy} = M_{xy_0} e^{-t/T_2} \quad (\text{B.3})$$

où M_{xy} est le vecteur de magnétisation transverse, M_{xy_0} le vecteur de magnétisation transverse initial, t est le temps et T_2 est une constante de temps appelée *temps de relaxation spin-spin* caractéristique du réseau.

Nous avons vu que deux facteurs contribuent à cet effet :

- les interactions moléculaires (effet T_2 pur) ;
- les inhomogénéités du champ magnétique (effet T_2 inhomogène).

C'est de la combinaison de ces deux facteurs que résulte la décroissance de la magnétisation transverse. Le temps de relaxation combiné est appelé T_2^* et est donné par :

$$1/T_2^* = 1/T_2 + 1/T_{2\text{inhomogène}} \quad (\text{B.4})$$

B.1.5 Référentiel tournant

Pour faire abstraction du phénomène de précession, nous nous plaçons non plus dans le référentiel fixe lié au laboratoire (la pièce où se trouve la machine de résonance magnétique) mais dans un référentiel tournant autour de l'axe Z du référentiel du laboratoire. La fréquence de rotation est la fréquence de Larmor. L'axe Z du nouveau repère est le même que dans le repère fixe et nous notons X' et Y' les directions transverses du repère tournant.

B.1.6 Création de la magnétisation : le champ pulsé

Si maintenant nous appliquons un champ magnétique B_1 dans le plan transverse, stationnaire dans le repère tournant. Dans le repère fixe, B_1 est un champ tournant à la fréquence de Larmor (dans le domaine des ondes radiofréquences). Si nous appliquons ce champ B_1 pendant τ secondes puis l'éteignons, le champ B_1 est alors dit *pulsé*. Les spins du réseau réagissent à ce *champ pulsé radiofréquence* en tournant autour de la direction de B_1 d'un angle :

$$\theta = 2\pi\gamma\tau B_1 \quad (\text{B.5})$$

θ est appelé le *flip angle*. En poursuivant les conventions liées aux repères en RMN, le champ B_1 est appliqué, dans le repère tournant, selon X' . Le vecteur de magnétisation transverse est donc suivant Y' après application de B_1 .

Cette réaction des spins à un champ électromagnétique tournant à la fréquence de Larmor de ces spins est appelée *résonance magnétique nucléaire*.

B.1.7 Équations de Bloch

L'application du champ pulsé B_1 tournant à la fréquence de Larmor crée donc une magnétisation transverse mais il apporte également une énergie de fréquence égale à celle de Larmor au système. L'arrêt de l'application du champ pulsé est donc suivi d'un retour à l'équilibre (pas de magnétisation transverse et $M_z = M_0$) qui combine les deux types de relaxation ainsi que la précession. Ce triple phénomène est contenu et modélisé dans les *équations de Bloch* (exprimées dans le repère tournant) :

$$\frac{dM_{x'}}{dt} = (\omega_0 - \omega)M_{y'} - \frac{M_{x'}}{T_2} \quad (\text{B.6})$$

$$\frac{dM_{y'}}{dt} = -(\omega_0 - \omega)M_{x'} + 2\pi\gamma B_1 M_z - \frac{M_{y'}}{T_2} \quad (\text{B.7})$$

$$\frac{dM_z}{dt} = -2\pi\gamma B_1 M_{y'} - \frac{M_z - M_0}{T_1} \quad (\text{B.8})$$

où ω_0 est la fréquence de Larmor du réseau de spins et ω est la fréquence de rotation du champ pulsé B_1 . Si ces deux fréquences sont égales, les équations se simplifient :

$$\frac{dM_{x'}}{dt} = -\frac{M_{x'}}{T_2} \quad (\text{B.9})$$

$$\frac{dM_{y'}}{dt} = 2\pi\gamma B_1 M_z - \frac{M_{y'}}{T_2} \quad (\text{B.10})$$

$$\frac{dM_z}{dt} = -2\pi\gamma B_1 M_{y'} - \frac{M_z - M_0}{T_1} \quad (\text{B.11})$$

B.2 Du principe physique à l'imagerie

B.2.1 Sélection de la coupe

Le phénomène de résonance magnétique n'intervient que si la fréquence du champ pulsé est proche de la fréquence de Larmor (celle du proton dans le cas du corps humain). Or la fréquence de Larmor

est proportionnelle au champ magnétique B_0 . Il suffit donc de faire varier B_0 suivant son axe (Z) pour donner à chaque plan orthogonal à B_0 , c'est-à-dire chaque *coupe*, une fréquence de Larmor différente. Pour un champ pulsé B_1 donné, seuls les protons situés dans la coupe ayant la bonne fréquence de Larmor entreront en résonance : on dit qu'ils seront *excités*.

B.2.2 Lecture de la magnétisation

Après sélection d'une coupe et application d'un champ pulsé, une magnétisation transverse est créée dans cette coupe (effet T2) alors que la magnétisation globale est simultanément réduite (T1). Quand le champ pulsé s'arrête, les protons reviennent à leur état d'équilibre en précessant autour de B_0 à la fréquence de Larmor. Le champ magnétique créé par la magnétisation est un champ tournant dans le repère du laboratoire. Présentons une bobine orthogonale au plan transverse, la rotation du vecteur de magnétisation implique une variation de flux à travers la bobine, ce qui crée par induction, un courant électrique dans la bobine. Une seule bobine donne une seule coordonnée du vecteur de magnétisation (par exemple $M_x(t)$). L'autre ($M_y(t)$) n'est alors connue qu'au signe près. Ce type de lecture est dit *linéaire*. Présentons maintenant une autre bobine, orthogonale à la première. Cette autre bobine permet de lever l'incertitude sur $M_y(t)$ et le vecteur de magnétisation est alors parfaitement connu. Cet type de lecture est dit *en quadrature*. Ce dernier est utilisé dans tous les appareils d'IRM récents.

B.2.3 Lecture

Nous pouvons donc connaître la valeur du vecteur de magnétisation transverse. Cependant, ce vecteur est global à la coupe sélectionnée.

Si, pendant le retour à l'équilibre, nous appliquons un gradient de champ magnétique orthogonal au champ d'excitation B_0 , la fréquence de Larmor des protons est encore modifiée de telle manière qu'à une fréquence donnée va correspondre une ligne dans l'espace (dans la direction conjointement orthogonale aux deux champs magnétiques). C'est le principe du *codage de fréquences*. Ce gradient est conventionnellement appliqué suivant la direction X et est noté G_x .

La troisième situation est lorsque le gradient (orthogonal à B_0) est appliqué pendant un certain temps (puis est ensuite éteint). De la même manière que ci-dessus, l'application du champ va entraîner une modification de la fréquence de Larmor dépendante de la position spatiale. À l'extinction du champ, chaque spin situé sur une même ligne va reprendre la même fréquence (voir ci-dessus) mais on notera un déphasage croissant le long de cette ligne. C'est le principe du *codage de phase*. Ce gradient est conventionnellement appliqué dans la direction Y et est noté G_y .

Dans le signal lu globalement en quadrature, une décomposition en fréquence et en phase permet de retrouver la magnétisation locale dans la coupe sélectionnée. Cette analyse se fait par transformée de Fourier.

Cependant, le plan de Fourier utilisé ici n'est pas classique. En effet, les lignes sont codées en fréquence alors que les colonnes sont codées en phases. Cet espace est connu en IRM sous le nom *k-espace* (ou *k-space* en anglais). Lors de la lecture, l'ordre, l'intensité et la forme des gradients appliqués permet de définir un chemin de lecture dans le k-espace. On peut lire jusqu'à une ligne par excitation (dépend du temps d'application du gradient G_x , voir l'équation B.13). Le remplissage complet du k-espace nécessite donc une répétition des excitations. Le temps séparant deux excitations est le temps *temps de répétition* (TR).

Un point dans le k-espace est connu par ses coordonnées (k_x, k_y) . Soient G_x le gradient de codage de fréquences, t le temps, T_p le temps d'application du gradient G_y (codage de phase), G_p l'amplitude maximale du champ suivant Y (varie de $-G_p$ à $+G_p$), N le nombre d'excitations et n le numéro de l'excitation courante, alors :

$$k_x = \gamma G_x t \quad (\text{B.12})$$

$$k_y = \gamma n / N G_p T_p \quad (\text{B.13})$$

Si $\rho(x, y)$ est le vecteur de magnétisation local et $S(k_x, k_y)$ le signal reçu puis stocké dans le k-espace,

nous avons la relation suivante :

$$S(k_x, k_y) = \int_{-\infty}^{+\infty} \int_{-\infty}^{+\infty} \rho(x, y) \exp(2\pi i(k_x x + k_y y)) dx dy \quad (\text{B.14})$$

Une simple transformée de Fourier inverse du signal stocké dans le k-espace suffit alors à obtenir l'image de la magnétisation ρ : l'image de résonance magnétique.

Annexe C

Détermination d'un axe de mouvement moyen

Cette annexe fait référence à la partie 9.4.2.

C.1 Rotation

Nous cherchons à déterminer les paramètres d'une rotation autour d'un axe de la machine, par exemple autour du P . Nous avons pour cela N échantillons de matrices différentielles D_i . La démarche précédente visait à trouver une matrice différentielle moyenne. Cependant, cette matrice doit permettre de passer du repère de référence au repère caméra de la position qui nous intéresse. Nous connaissons parfaitement la taille pixel et la distance focale. De plus, nous supposons que l'erreur faite sur la donnée capteur correspondante (ici l'angle) est indépendante de l'erreur faite sur les paramètres axiaux. Donc l'axe focal est lui aussi supposé parfaitement orienté. L'erreur sur les paramètres axiaux influence donc uniquement sur la position du centre optique dans le repère de référence. Il est donc logique de chercher à minimiser l'erreur sur la position du centre optique par le mouvement considéré.

Notations: Nous appelons C le centre optique en position de référence. Pour chaque position i , nous déduisons de la matrice différentielle D_i les paramètres du mouvement associé: le vecteur directeur normalisé \vec{u}_i , un point fixe O_i et l'angle de rotation α_i . Nous pouvons aussi déduire de la matrice de projection associée M_i la position dans le repère de référence du centre optique: C_i . D'autre part, nous caractérisons la rotation moyenne par son vecteur directeur \vec{u} et son point fixe O . Nous prenons O comme étant le projeté de C sur l'axe de rotation:

$$\langle C - O | \vec{u} \rangle = 0$$

Pour chaque angle α_i , nous notons C'_i l'image de C par la rotation d'angle α_i autour de l'axe (\vec{u}, O) . Enfin, pour un vecteur \vec{v} nous noterons \tilde{u} la matrice 3×3 telle que:

$$\forall \vec{v} \in \mathbb{R}^3, \quad \tilde{u}\vec{v} = \vec{u} \times \vec{v}$$

Si $\vec{u} = (u_x, u_y, u_z)^t$, nous aurons donc:

$$\tilde{u} = \begin{bmatrix} 0 & -u_z & u_y \\ u_z & 0 & -u_x \\ -u_y & u_x & 0 \end{bmatrix}$$

Nous allons donc chercher à minimiser le critère:

$$c = \sum_i \|C'_i - C_i\|^2$$

Nous avons :

$$\begin{aligned} C'_i &= (I + \sin \alpha_i \vec{u} + (1 - \cos \alpha_i) \vec{u}^2)(C - O) + O \\ &\quad (\text{Formule de Rodriguez pour la rotation d'axe } \vec{u} \text{ et d'angle } \alpha_i) \\ &= C + \sin \alpha_i \vec{u} \times (C - O) + (1 - \cos \alpha_i) \vec{u} \times (\vec{u} \times (C - O)) \\ &= C + \sin \alpha_i \vec{u} \times (C - O) + (1 - \cos \alpha_i) (\langle \vec{u} | C - O \rangle \vec{u} - (C - O)) \end{aligned}$$

or nous avons considéré O tel que $\langle \vec{u} | C - O \rangle = 0$ donc :

$$C'_i = C + \sin \alpha_i \vec{u} \times (C - O) - (1 - \cos \alpha_i)(C - O)$$

Notre critère s'écrit alors :

$$\begin{aligned} \mathcal{C} &= \sum_i \|C - C'_i\|^2 + \sin^2 \alpha_i \|\vec{u} \times (C - O)\|^2 + (1 - \cos \alpha_i)^2 \|C - O\|^2 \\ &\quad + 2 \sin \alpha_i \langle C - C'_i | \vec{u} \times (C - O) \rangle - 2(1 - \cos \alpha_i) \langle C - C'_i | C - O \rangle \\ &\quad - 2 \sin \alpha_i (1 - \cos \alpha_i) \langle \vec{u} \times (C - O) | C - O \rangle \end{aligned}$$

Or nous avons : $\|\vec{u} \times (C - O)\| = \|C - O\|$ car \vec{u} est unitaire et orthogonal à $C - O$; et de plus nous avons bien évidemment : $\langle \vec{u} \times (C - O) | C - O \rangle = 0$. D'où :

$$\begin{aligned} \mathcal{C} &= \sum_i \|C - C'_i\|^2 + \sin^2 \alpha_i \|C - O\|^2 + (1 - \cos \alpha_i)^2 \|C - O\|^2 \\ &\quad + 2 \sin \alpha_i \langle C - C'_i | \vec{u} \times (C - O) \rangle - 2(1 - \cos \alpha_i) \langle C - C'_i | C - O \rangle \\ &= 2 \sum_i (1 - \cos \alpha_i) \|C - O\|^2 + \sum_i \|C - C'_i\|^2 \\ &\quad + 2 \langle \sum_i \sin \alpha_i (C - C'_i) | \vec{u} \times (C - O) \rangle - 2 \langle \sum_i (1 - \cos \alpha_i) (C - C'_i) | C - O \rangle \end{aligned}$$

Nous définissons les notations suivantes :

$$\begin{aligned} \vec{v} &= \sum_i \sin \alpha_i (C - C'_i) \\ \vec{w} &= \sum_i (1 - \cos \alpha_i) (C - C'_i) \end{aligned}$$

et

$$s = \sum_i (1 - \cos \alpha_i)$$

Nous obtenons alors l'expression suivante du critère :

$$\begin{aligned} \mathcal{C} &= \sum_i \|C - C'_i\|^2 + 2s \|C - O\|^2 + 2 \langle \vec{v} | \vec{u} \times (C - O) \rangle - 2 \langle \vec{w} | C - O \rangle \\ &= \sum_i \|C - C'_i\|^2 + 2(s \|C - O\|^2 - \langle \vec{u} \times \vec{v} + \vec{w} | C - O \rangle) \end{aligned}$$

Le problème revient donc à minimiser :

$$C_2 = s \|C - O\|^2 - \langle \vec{u} \times \vec{v} + \vec{w} | C - O \rangle \quad \text{avec } \|\vec{u}\|^2 = 1$$

Si ce critère accepte un minimum en (O, \vec{u}) alors la condition de Lagrange est vérifiée :

$$\exists \lambda, \quad \frac{\partial C_2}{\partial \vec{u}} = (C - O) \times \vec{v} = 2\lambda \vec{u}$$

et

$$\frac{\partial \mathcal{C}_2}{\partial O} = 2s(O - C) + \vec{u} \times \vec{v} + \vec{w} = 0$$

La première condition nous mène à considérer deux cas :

$$\left. \begin{array}{l} \text{Si } \lambda = 0 \text{ alors : } (C - O) \parallel \vec{v} \text{ or } (C - O) \perp \vec{u} \text{ donc } \vec{v} \perp \vec{u} \\ \text{Si } \lambda \neq 0 \text{ alors : } \vec{v} \perp \vec{u} \end{array} \right\} \Rightarrow \boxed{\vec{v} \perp \vec{u}}$$

La deuxième condition quant à elle nous fournit :

$$\vec{w} = 2s \underbrace{(C - O)}_{\perp \vec{u}} - \underbrace{\vec{u} \times \vec{v}}_{\perp \vec{u}} \Rightarrow \boxed{\vec{w} \perp \vec{u}}$$

Nous en déduisons donc que :

$$\boxed{\vec{u} = \frac{\epsilon}{N} \vec{v} \times \vec{w}}$$

avec $\epsilon = \pm 1$ et $N = \|\vec{v} \times \vec{w}\|$.

La deuxième condition nous donne :

$$\boxed{\vec{u} \times \vec{v} + \vec{w} = 2s(C - O)}$$

Nous avons donc :

$$\mathcal{C}_2 = -s\|C - O\|^2$$

Or $s > 0$ (pour tout α_i , $1 - \cos \alpha_i > 0$), donc notre problème revient à maximiser :

$$\mathcal{C}_3 = \|C - O\|^2 = \|\vec{u} \times \vec{v} + \vec{w}\|^2$$

On note N_a la norme de tout vecteur \vec{a} . Nous développons le critère :

$$\mathcal{C}_3 = \|\vec{u} \times \vec{v}\|^2 + N_w^2 + 2 \langle \vec{u} \times \vec{v} | \vec{w} \rangle$$

or, $\vec{u} \perp \vec{v}$ donc :

$$\mathcal{C}_3 = N_v^2 + N_w^2 + 2 \langle \vec{u} \times \vec{v} | \vec{w} \rangle$$

Maximiser ce critère est équivalent à maximiser :

$$\begin{aligned} \mathcal{C}_4 &= \langle \vec{u} \times \vec{v} | \vec{w} \rangle \\ &= \frac{\epsilon}{N} \langle (\vec{v} \times \vec{w}) \times \vec{v} | \vec{w} \rangle \\ &= \frac{\epsilon}{N} \langle N_v^2 \vec{w} - \langle \vec{v} | \vec{w} \rangle \vec{v} | \vec{w} \rangle \\ &= \frac{\epsilon}{N} (N_v^2 N_w^2 - \langle \vec{v} | \vec{w} \rangle^2) \end{aligned}$$

or nous avons toujours :

$$\langle \vec{v} | \vec{w} \rangle < N_v N_w$$

donc \mathcal{C}_4 est maximal pour $\epsilon = +1$.

Ainsi, nous avons :

$$\boxed{\begin{aligned} \vec{u} &= \frac{\vec{v} \times \vec{w}}{\|\vec{v} \times \vec{w}\|} \\ O &= C - \frac{1}{2s} (\vec{u} \times \vec{v} + \vec{w}) \end{aligned}}$$

C.2 Translation

Ce cas est bien plus simple. Le paramètre axial d'une translation est, nous l'avons vu un vecteur directeur normalisé. Nous supposons que nous avons encore une fois N matrices différentielles décrivant autant de translations. Ces translations sont totalement définies par leur vecteur directeur et leur portée (distance parcourue par le point) : (\vec{u}_i, λ_i) . Nous noterons \vec{u} le vecteur directeur recherché de la translation moyenne. Soit C un point, nous notons C_i son image par la translation (\vec{u}_i, λ_i) et C'_i son image par la translation moyenne. Nous voulons donc minimiser le critère :

$$C = \sum_i \|C'_i - C_i\|^2 = \sum_i \lambda_i^2 \|\vec{u} - \vec{u}_i\|^2$$

avec $\|\vec{u}\|^2 = 1$

On utilise la relaxation lagrangienne :

$$\exists \lambda \text{ tel que } \nabla C = \lambda \nabla (\|\vec{u}\|^2 - 1)$$

$$\sum_i \lambda_i^2 (\vec{u} - \vec{u}_i) = \lambda \vec{u}$$

On en déduit que

$$\exists k = \pm 1 \text{ tel que } \vec{u} = \frac{k}{N} \sum_i \lambda_i^2 \vec{u}_i$$

Avec $N = \|\sum_i \lambda_i^2 \vec{u}_i\|$. Le critère s'écrit alors :

$$C = \sum_i \lambda_i^2 \left\| \frac{k}{N} \sum_j \lambda_j^2 \vec{u}_j - \vec{u}_i \right\|^2$$

ce qui donne en développant

$$C = \sum_i \lambda_i^2 \left(2 - 2 \frac{k}{N} \left\langle \sum_j \lambda_j^2 \vec{u}_j \middle| \vec{u}_i \right\rangle \right)$$

ce sera minimal ssi

$$k \sum_i \lambda_i^2 \left\langle \sum_j \lambda_j^2 \vec{u}_j \middle| \vec{u}_i \right\rangle \text{ maximal}$$

Or, les translation (\vec{u}_i, λ_i) étant des mesures d'une translation suivant le même axe, nous pouvons supposer que :

$$\forall (i, j), \quad \left\langle \vec{u}_j \middle| \vec{u}_i \right\rangle > 0$$

Ce qui nous amène à $k = 1$. D'où nous déduisons la valeur de la direction moyenne de la translation :

$$\vec{u} = \frac{\sum_i \lambda_i^2 \vec{u}_i}{\|\sum_i \lambda_i^2 \vec{u}_i\|}$$



annexe_D.ps

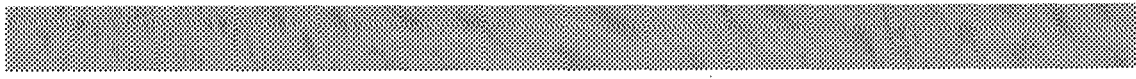
User: kerrien

Host: desilles.loria.fr

Printer: lj9

Class: A

Date: Feb 17 19:17:48



A



Annexe D

Configurations pour la validation de la calibration de la machine

La position de référence est définie par :

- SID = 1200 mm ;
- $L = P = C = 0$;
- Lt = -14, Lg = 216, Ht = 102;
- FOV = 30.

Toutes les images sont en matrice 512×512 , sans inversion ni rotation caméra. Les angles sont donnés en degrés et les distance en millimètres.

La projection Xray a été calculée en faisant pour chaque pixel la somme des intensités rencontrées lors de la traversée par le rayon vecteur du volume 3DXA (et non pas projection de chaque voxel comme nous l'avons fait dans la quatrième partie).

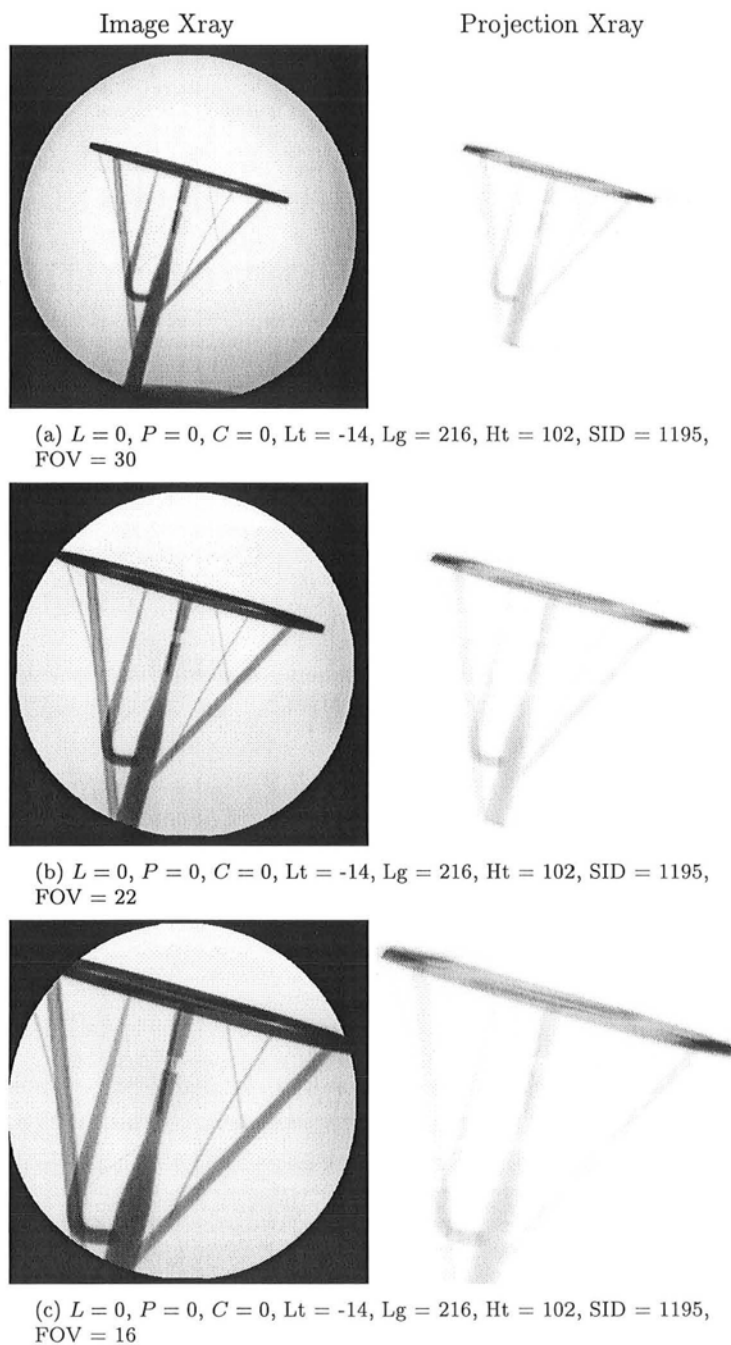
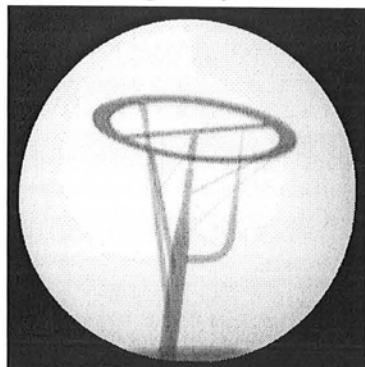


FIG. D.1 – Validation sur fantôme : images 1 à 3

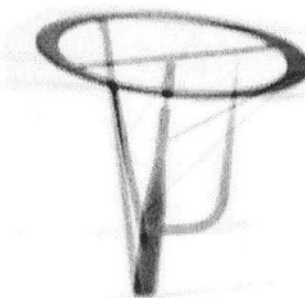
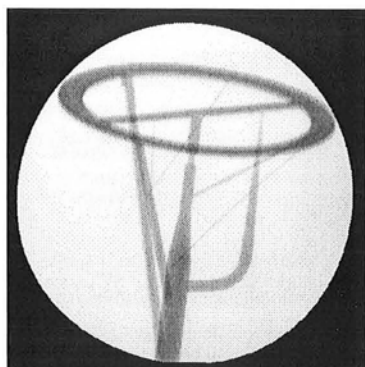
Image Xray



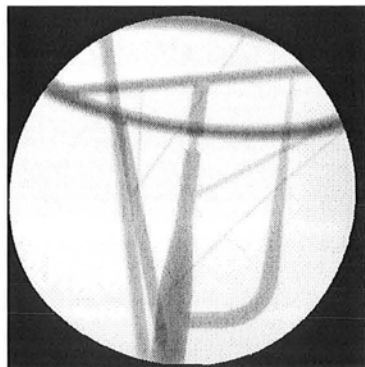
Projection Xray



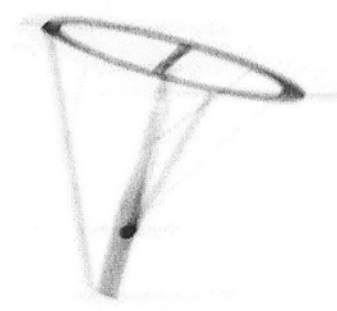
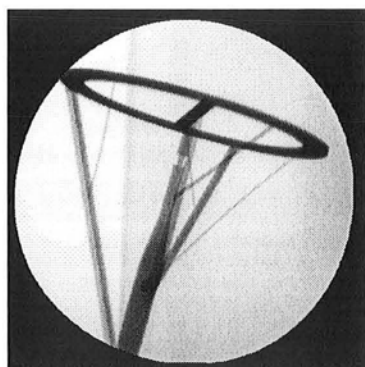
(a) $L = 0, P = 90, C = 0, Lt = -14, Lg = 216, Ht = 102, SID = 1195,$
 $FOV = 30$



(b) $L = 0, P = 90, C = 0, Lt = -14, Lg = 216, Ht = 102, SID = 1195,$
 $FOV = 22$



(c) $L = 0, P = 0, C = 0, Lt = -14, Lg = 216, Ht = 102, SID = 1195,$
 $FOV = 16$



(d) $L = 0, P = 39.6, C = 0, Lt = -14, Lg = 216, Ht = 102, SID = 1195,$
 $FOV = 22$

FIG. D.2 - Validation sur fantôme : images 4 à 7

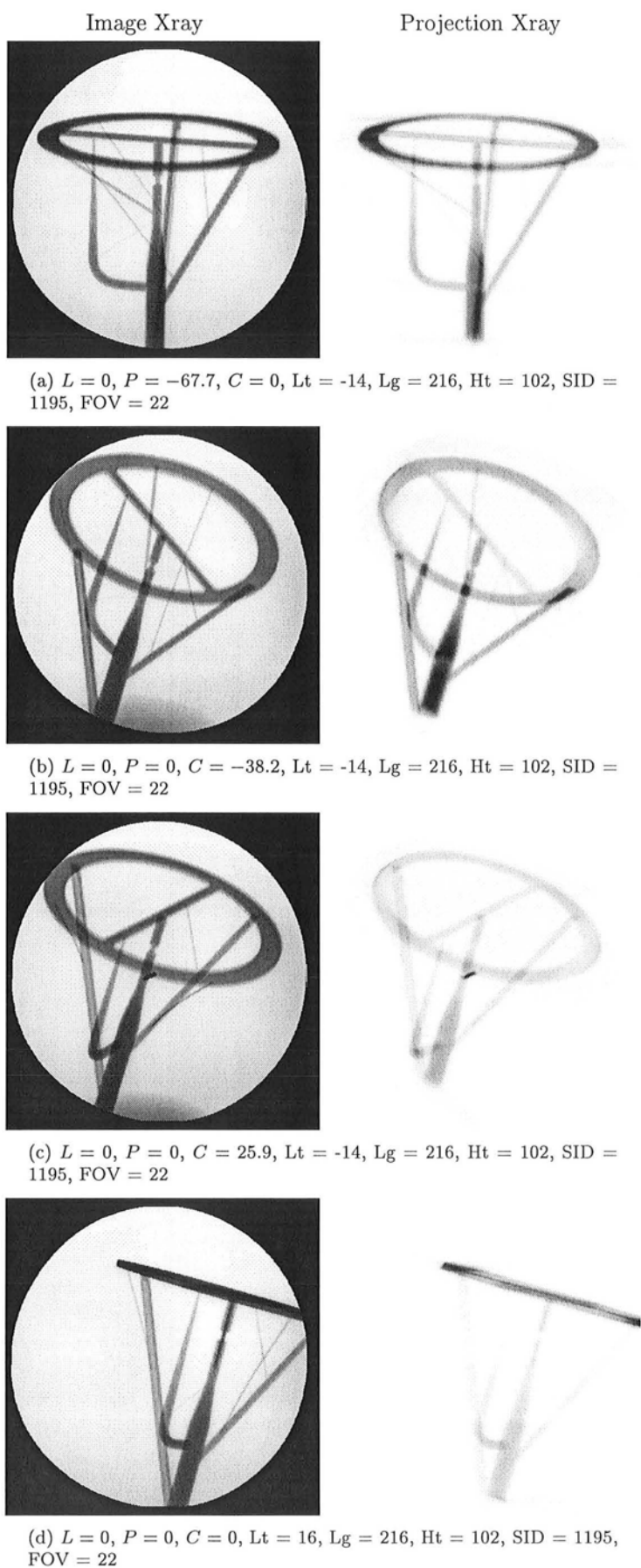
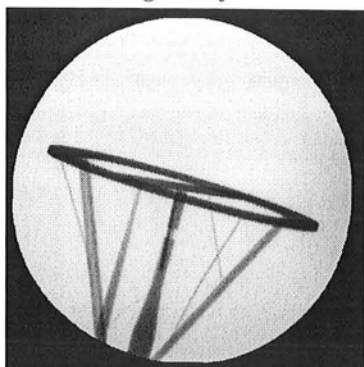
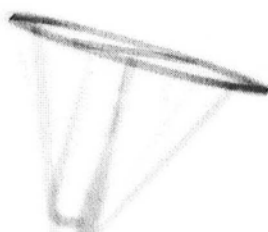


FIG. D.3 - Validation sur fantôme : images 8 à 11

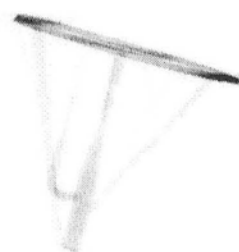
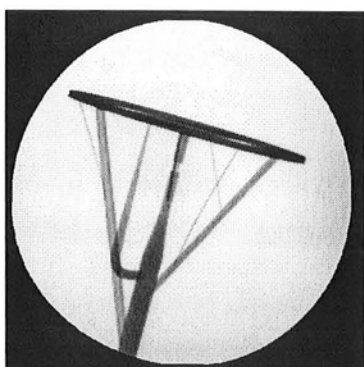
Image Xray



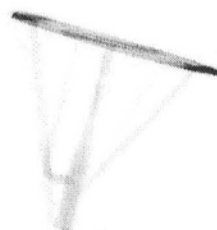
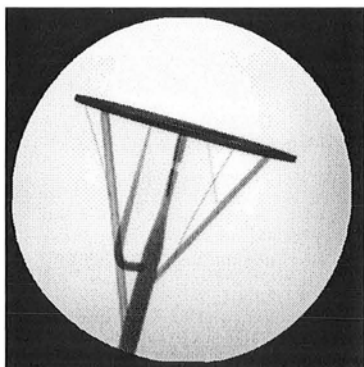
Projection Xray



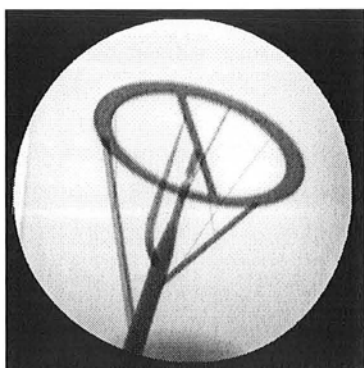
(a) $L = 0, P = 0, C = 0, Lt = -14, Lg = 188, Ht = 102, SID = 1195,$
 $FOV = 22$



(b) $L = 0, P = 0, C = 0, Lt = -14, Lg = 216, Ht = 0, SID = 1195,$
 $FOV = 22$



(c) $L = 0, P = 0, C = 0, Lt = -14, Lg = 216, Ht = 102, SID = 987,$
 $FOV = 22$



(d) $L = 0, P = 20.5, C = -28.3, Lt = -11, Lg = 206, Ht = 110, SID = 951,$
 $FOV = 22$

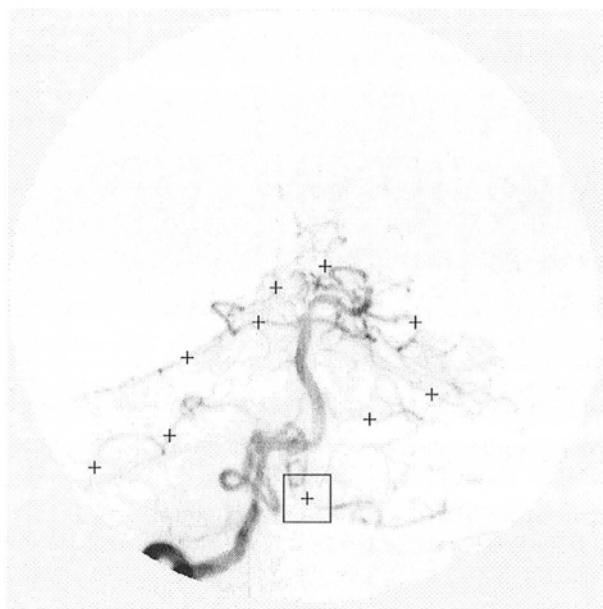
FIG. D.4 - Validation sur fantôme : images 12 à 15

Annexe E

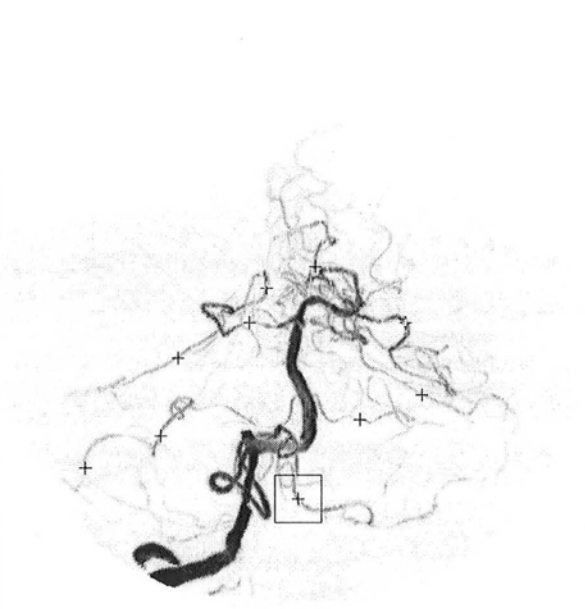
Validation du recalage 3DXA/DSA : images de patients

Dans cette annexe, nous présentons le résultat de l'évaluation sur patients du recalage 3DXA/DSA. L'étude comprend 8 cas. Chaque cas comporte une série biplan face/profil et une acquisition 3DXA. Dans chaque 3DXA, et pour chaque type de vue (face ou profil), 10 points ont été manuellement sélectionnés (voir le texte du chapitre 13 pour plus de détails sur la procédure de sélection des points). Ces points ont été reprojétés à la fois sur les images maxop et sur les images de projection MIP obtenues en fin de recalage.

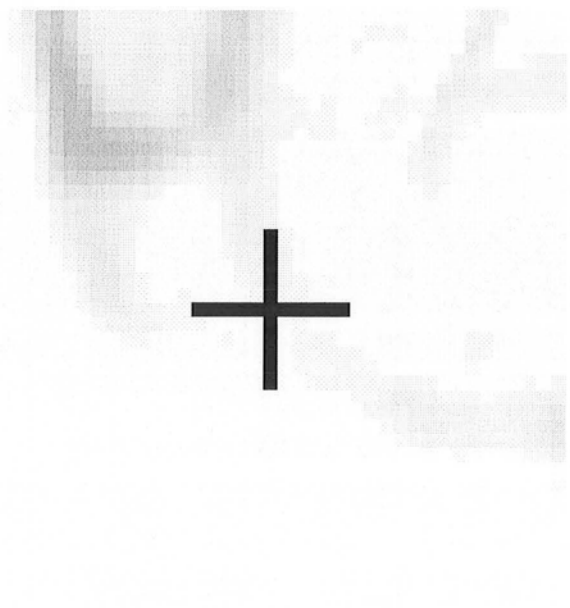
Pour chaque cas, et pour chaque vue, nous montrons les projections des 10 points superposées à l'image maxop ainsi qu'à l'image MIP. Chaque projection fut examinée visuellement. Le point de plus grande erreur est entouré d'un carré et nous montrons un zoom sur ce voisinage sous les images complètes afin de permettre une plus fine évaluation de l'erreur par le lecteur.



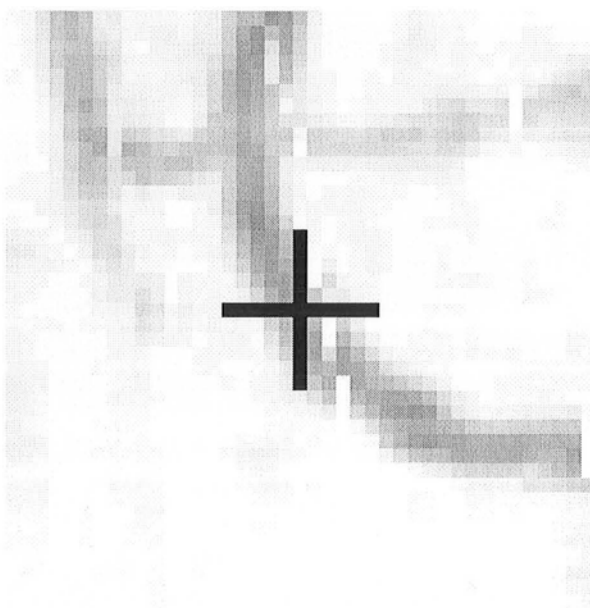
(a) Image Maxop



(b) Image MIP

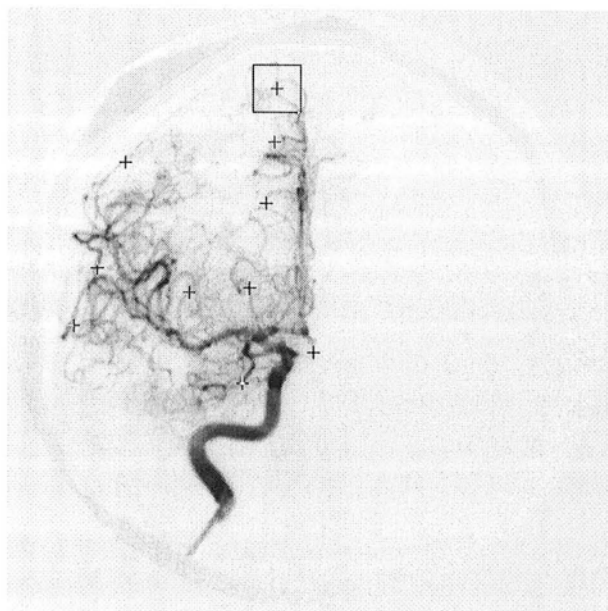


(c) Image Maxop (Zoom)



(d) Image MIP (Zoom)

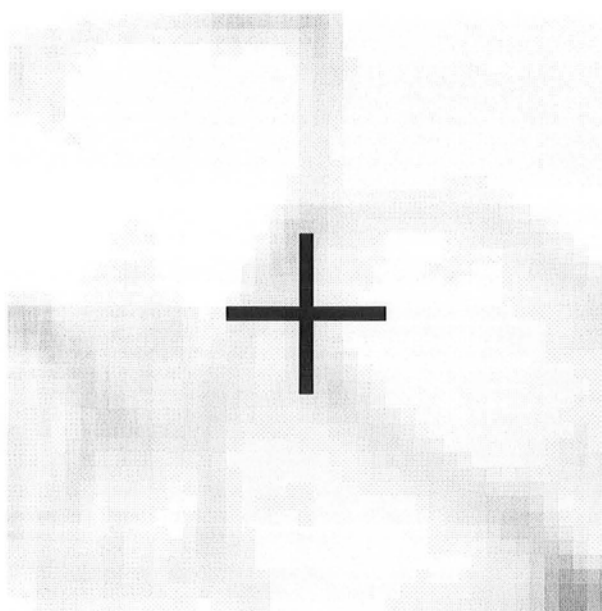
FIG. E.1 – Cas #1 : série de face. Erreur maximale = 1,71 pixels.



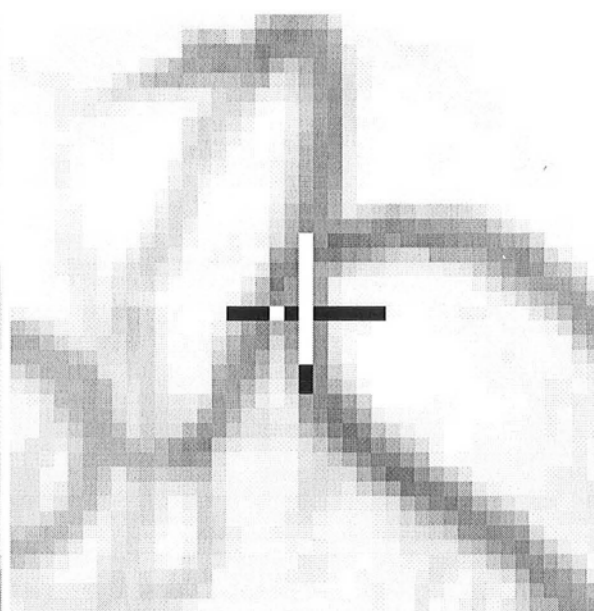
(a) Image Maxop



(b) Image MIP

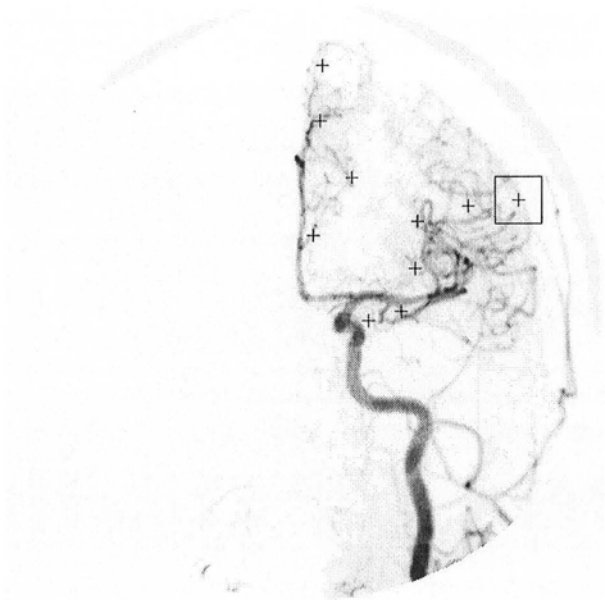


(c) Image Maxop (Zoom)

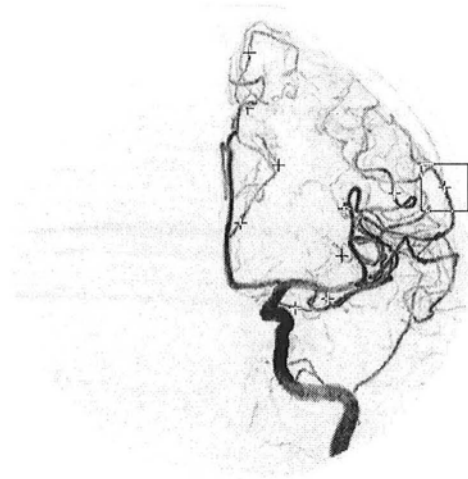


(d) Image MIP (Zoom)

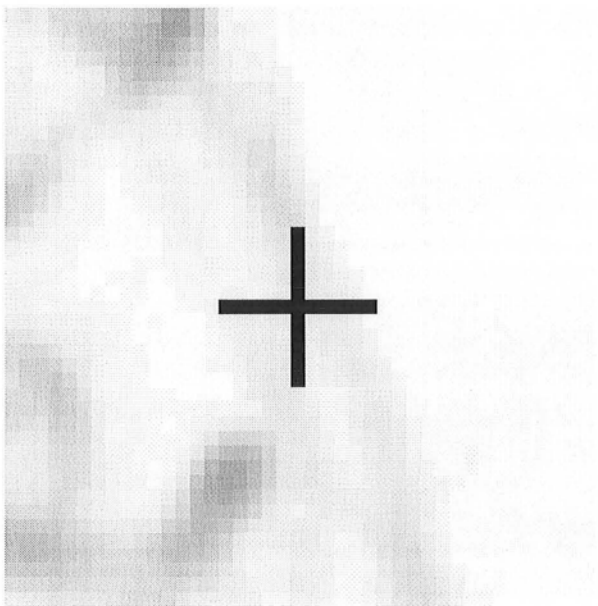
FIG. E.2 - Cas #2: série de face. Erreur maximale = 2,01 pixels.



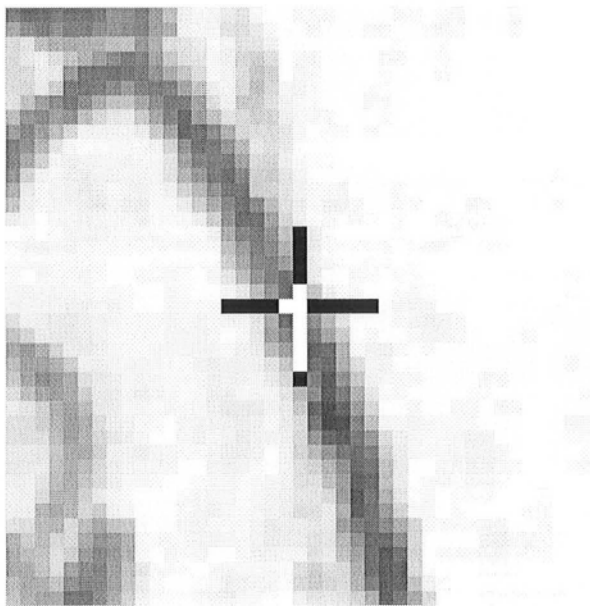
(a) Image Maxop



(b) Image MIP

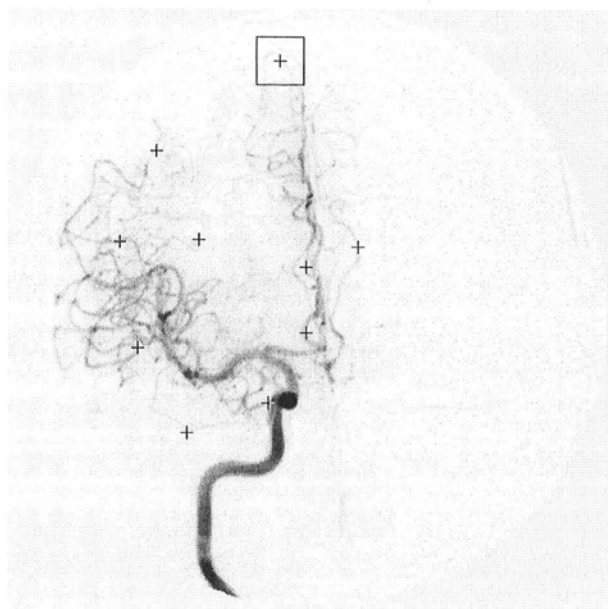


(c) Image Maxop (Zoom)

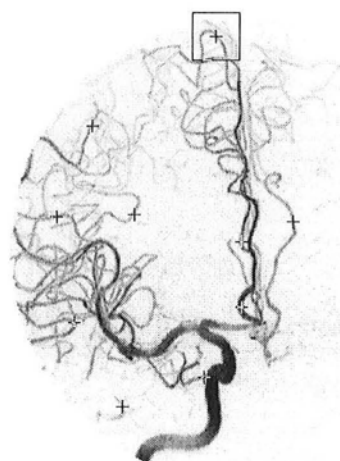


(d) Image MIP (Zoom)

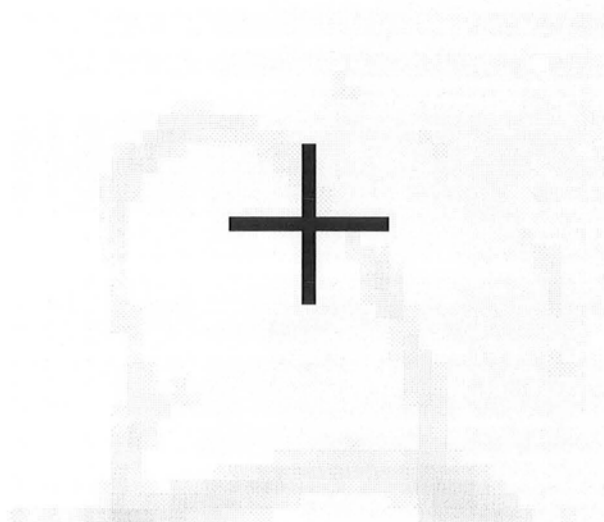
FIG. E.3 – Cas #3 : série de face. Erreur maximale = 2,87 pixels.



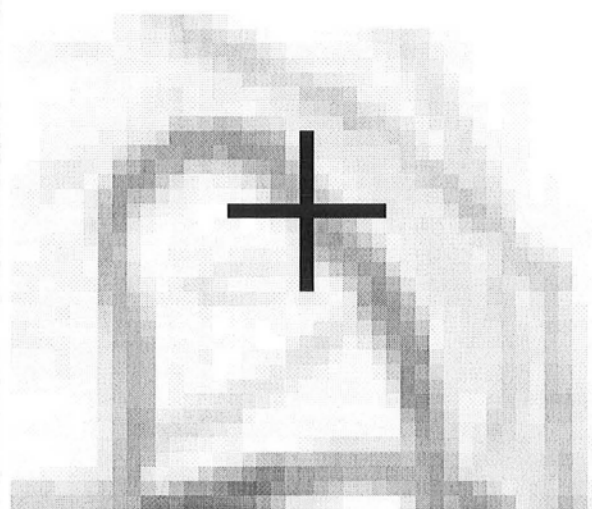
(a) Image Maxop



(b) Image MIP

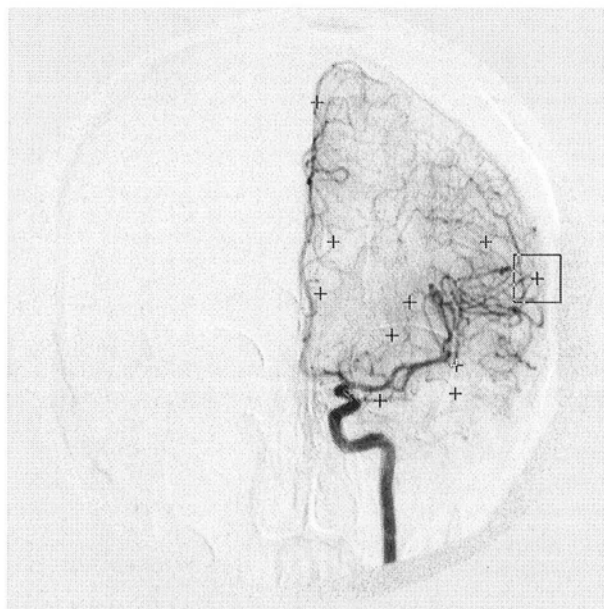


(c) Image Maxop (Zoom)



(d) Image MIP (Zoom)

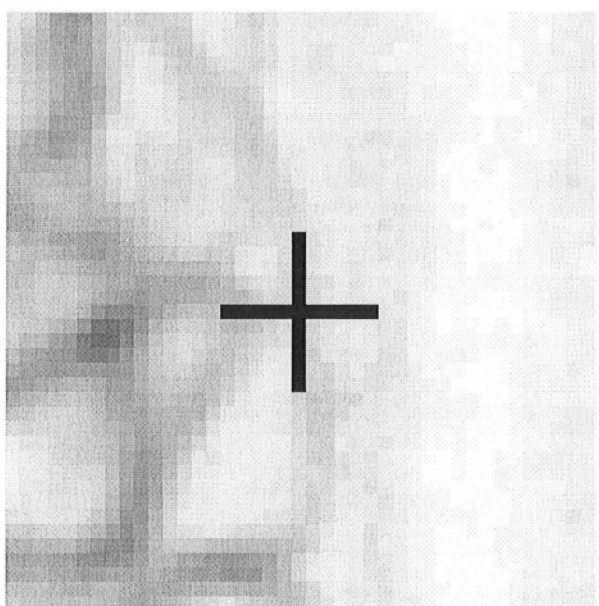
FIG. E.4 - Cas #4 : série de face. Erreur maximale = 2,12 pixels.



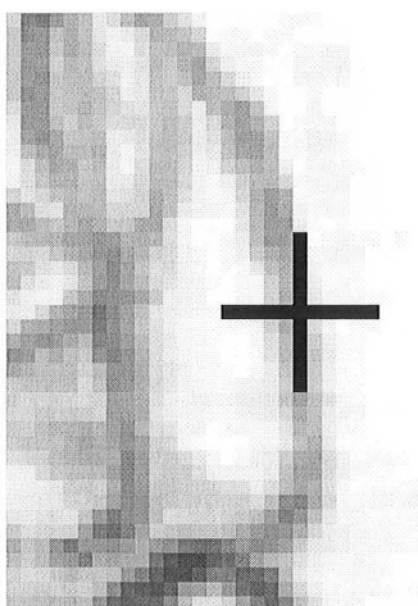
(a) Image Maxop



(b) Image MIP

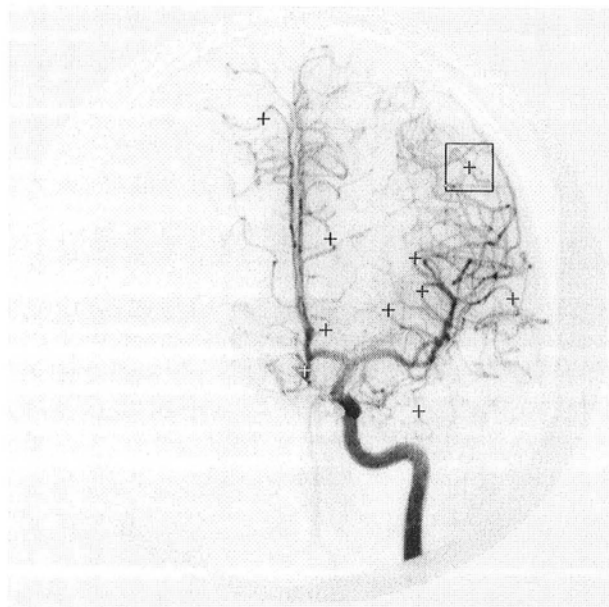


(c) Image Maxop (Zoom)

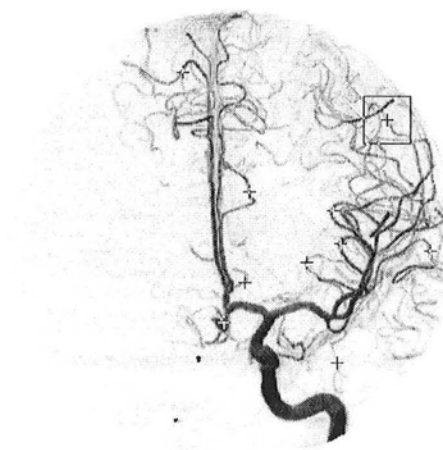


(d) Image MIP (Zoom)

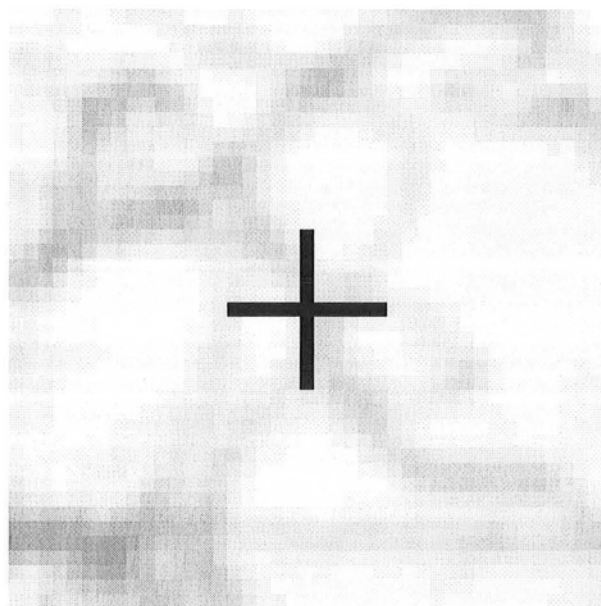
FIG. E.5 - Cas #5 : série de face. Erreur maximale = 1,63 pixels.



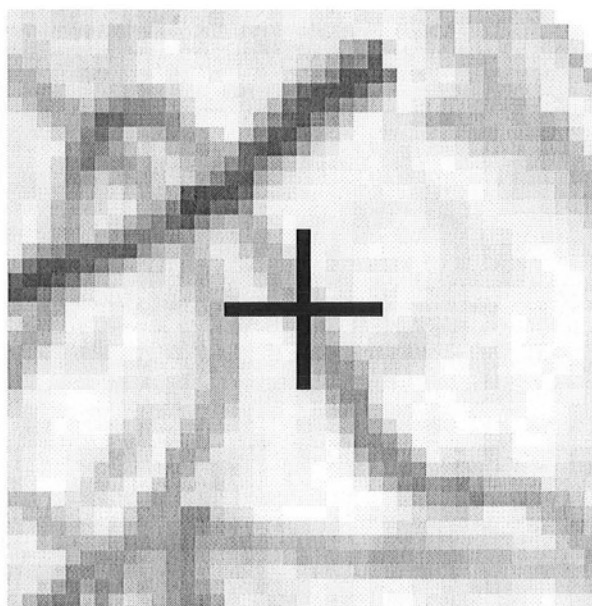
(a) Image Maxop



(b) Image MIP



(c) Image Maxop (Zoom)

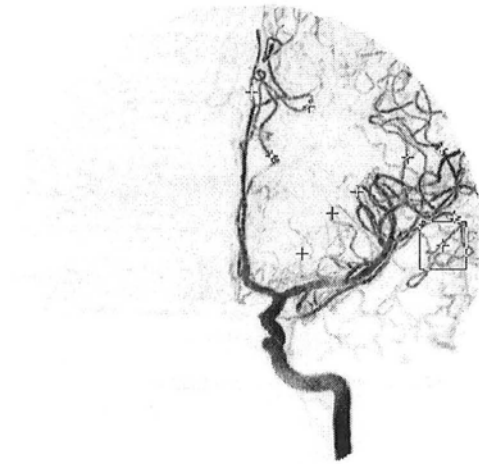


(d) Image MIP (Zoom)

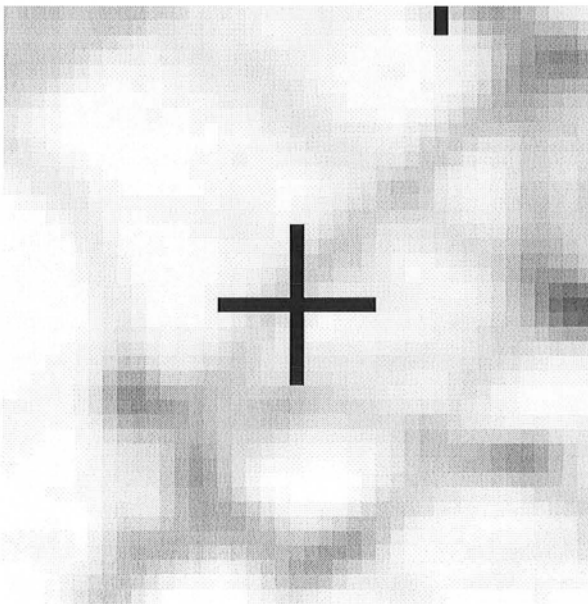
FIG. E.6 - Cas #6 : série de face. Erreur maximale = 1,56 pixels.



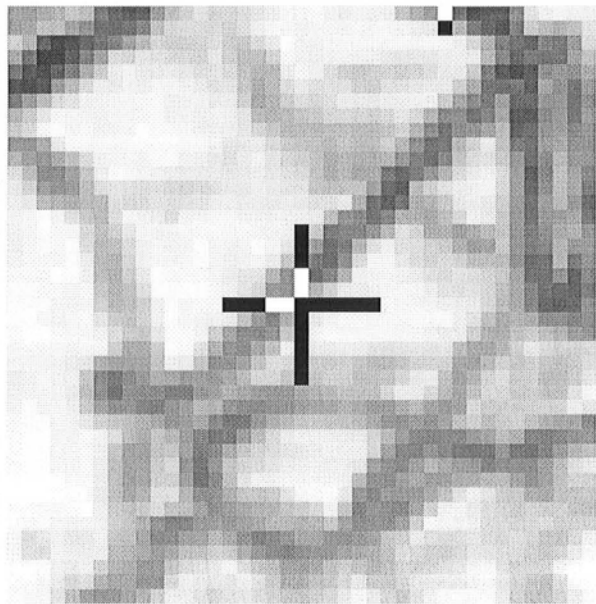
(a) Image Maxop



(b) Image MIP

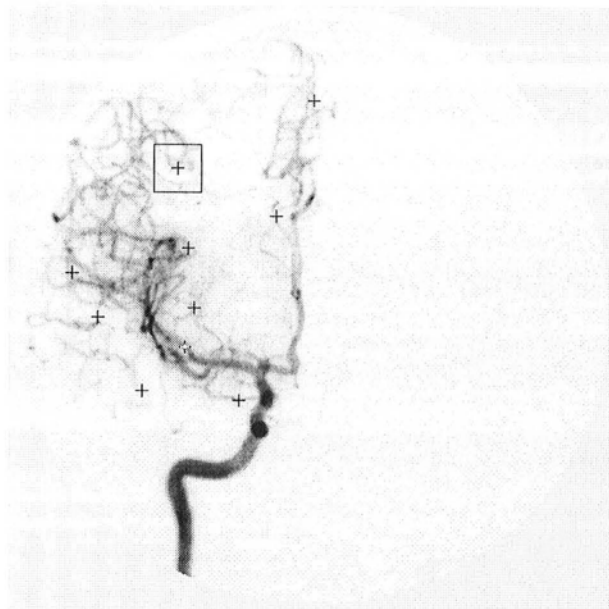


(c) Image Maxop (Zoom)

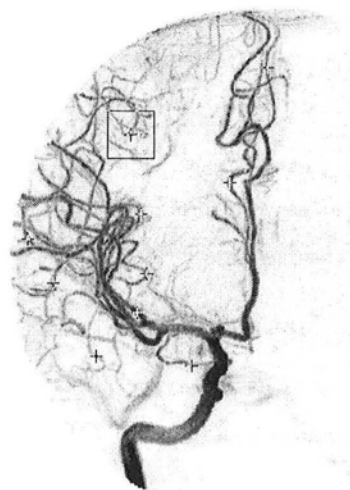


(d) Image MIP (Zoom)

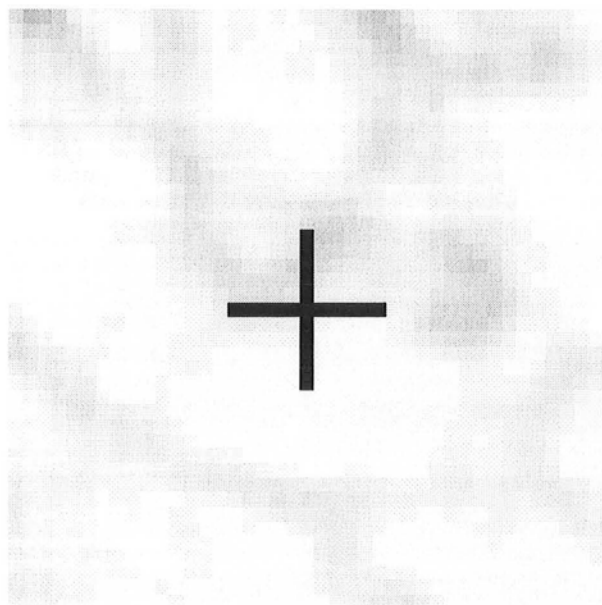
FIG. E.7 - Cas #7 : série de face. Erreur maximale = 0,77 pixels.



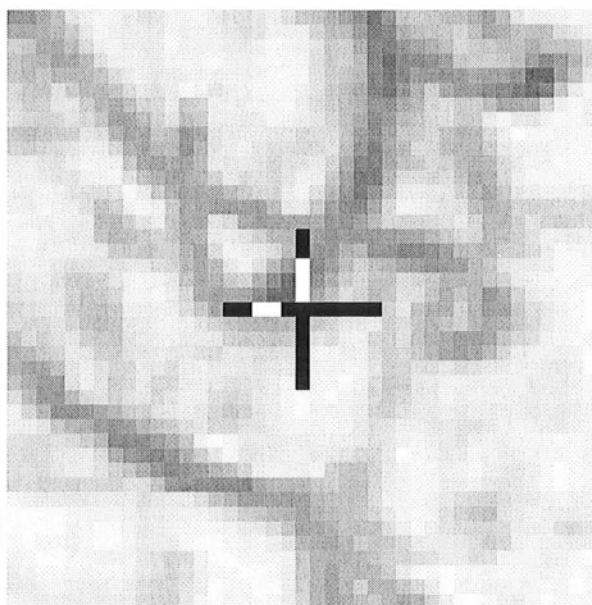
(a) Image Maxop



(b) Image MIP



(c) Image Maxop (Zoom)

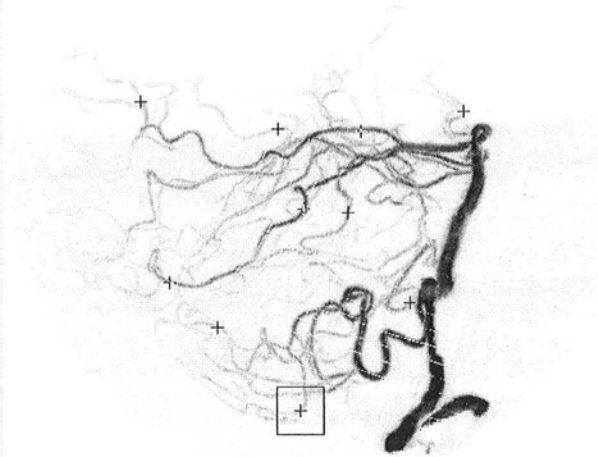


(d) Image MIP (Zoom)

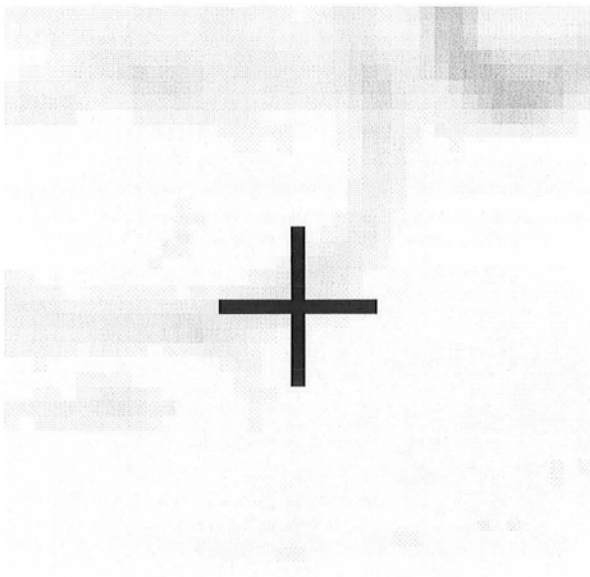
FIG. E.8 - Cas #8 : série de face. Erreur maximale = 0,94 pixels.



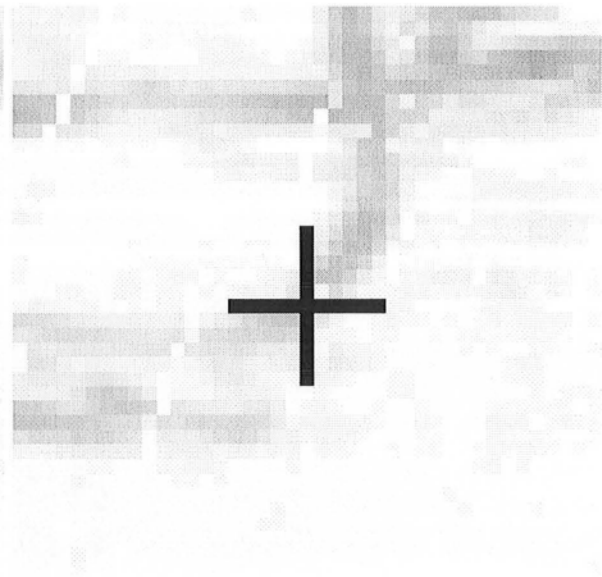
(a) Image Maxop



(b) Image MIP

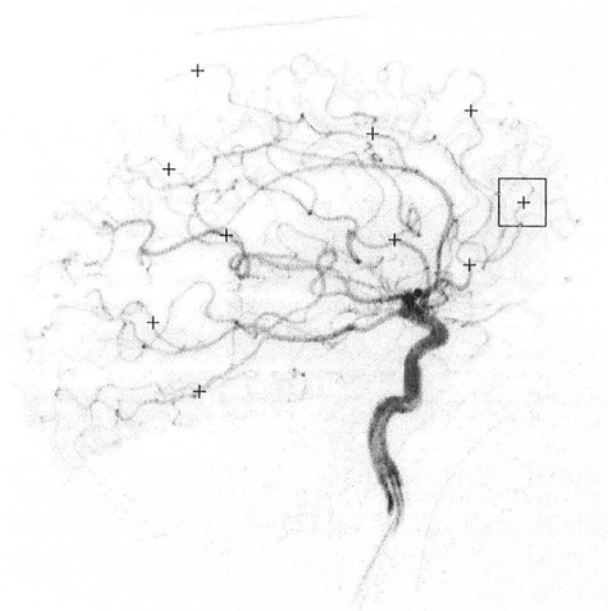


(c) Image Maxop (Zoom)

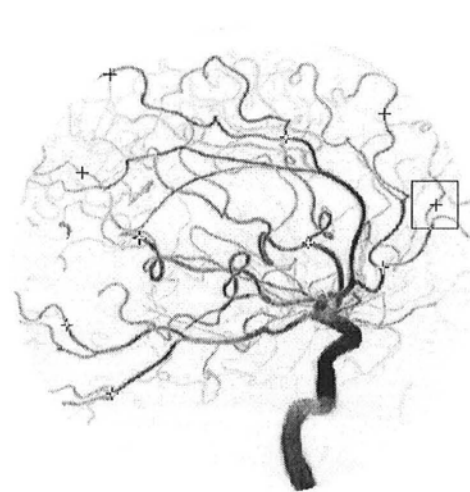


(d) Image MIP (Zoom)

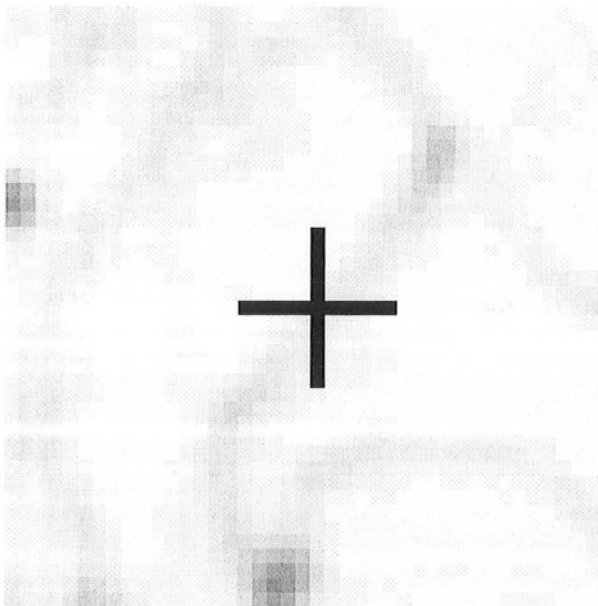
FIG. E.9 – Cas #1 : série de profil. Erreur maximale = 1,26 pixels.



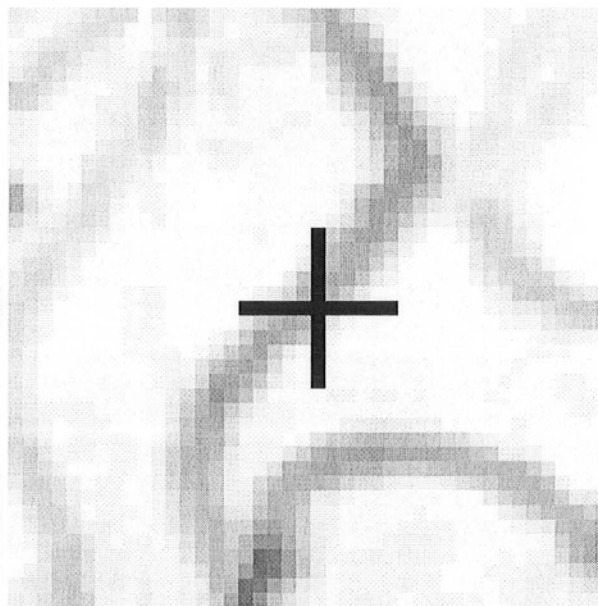
(a) Image Maxop



(b) Image MIP



(c) Image Maxop (Zoom)



(d) Image MIP (Zoom)

FIG. E.10 - Cas #2 : série de profil. Erreur maximale = 2,34 pixels.

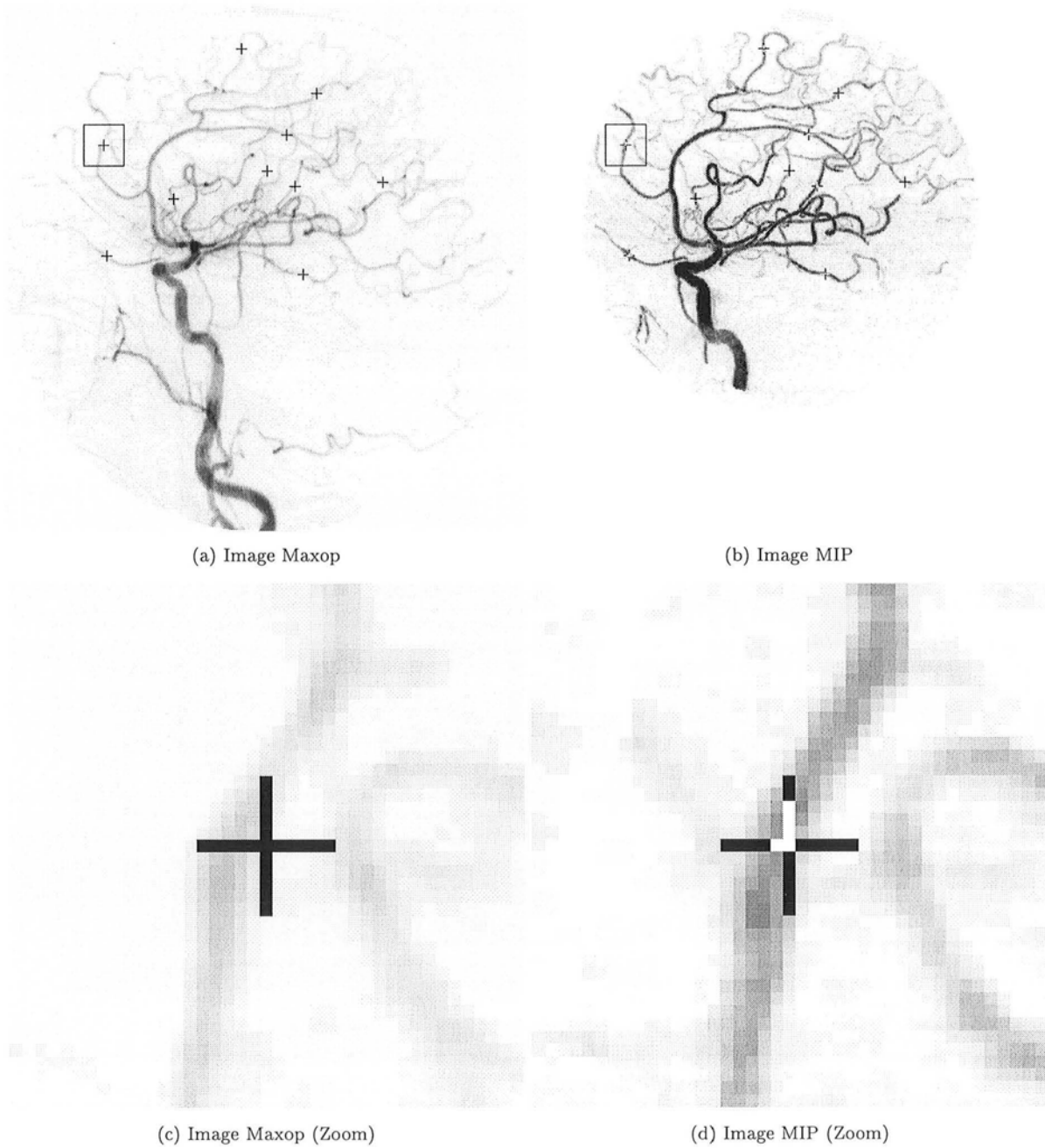
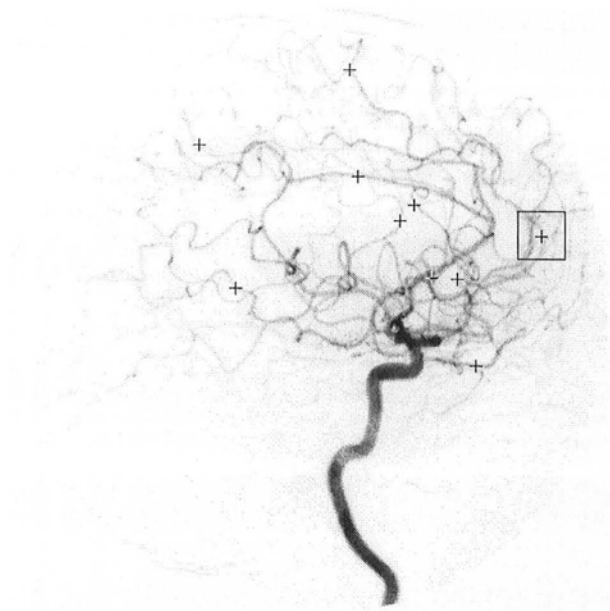
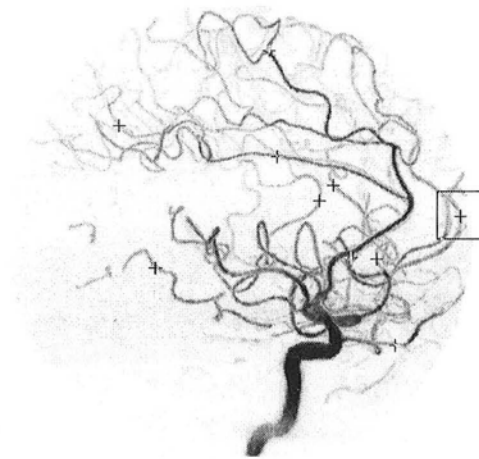


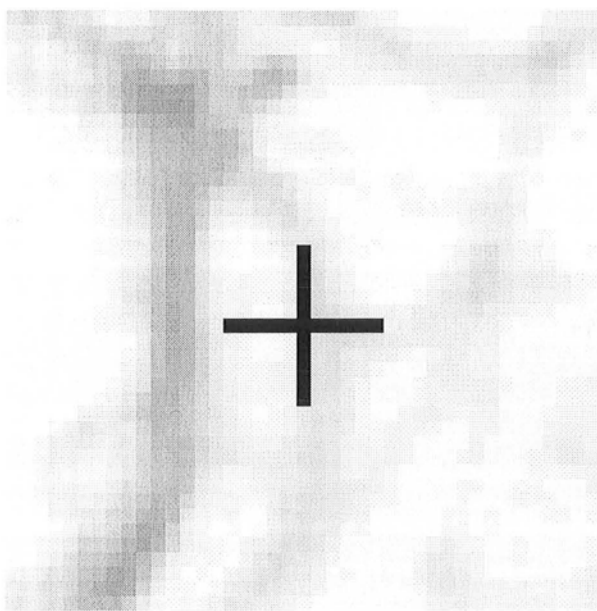
FIG. E.11 – Cas #3 : série de profil. Erreur maximale = 1,85 pixels.



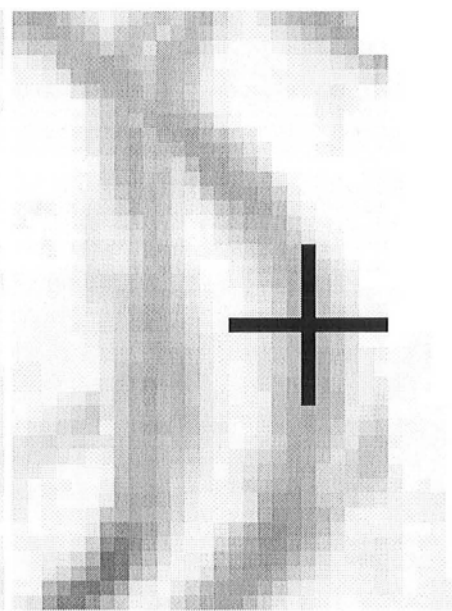
(a) Image Maxop



(b) Image MIP



(c) Image Maxop (Zoom)

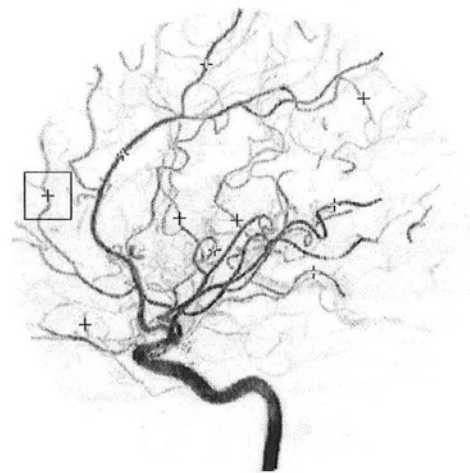


(d) Image MIP (Zoom)

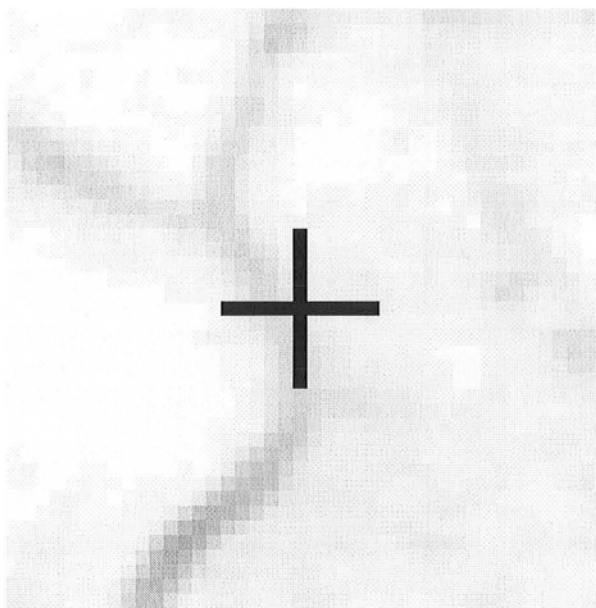
FIG. E.12 - Cas #4 : série de profil. Erreur maximale = 2,00 pixels.



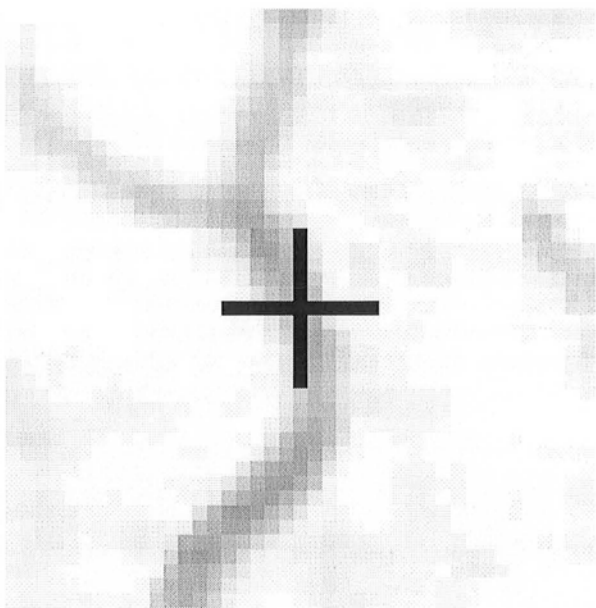
(a) Image Maxop



(b) Image MIP

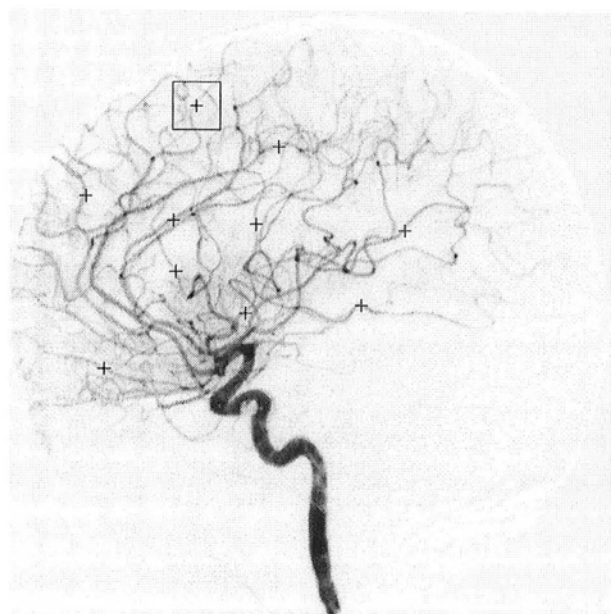


(c) Image Maxop (Zoom)

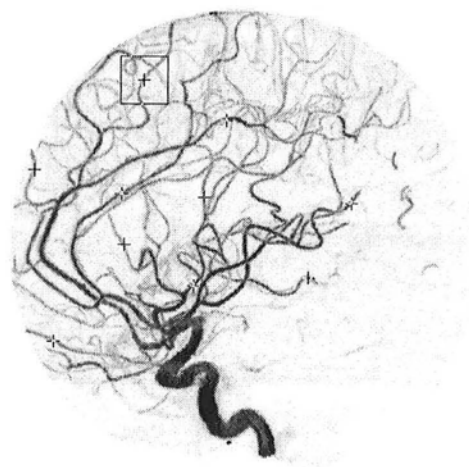


(d) Image MIP (Zoom)

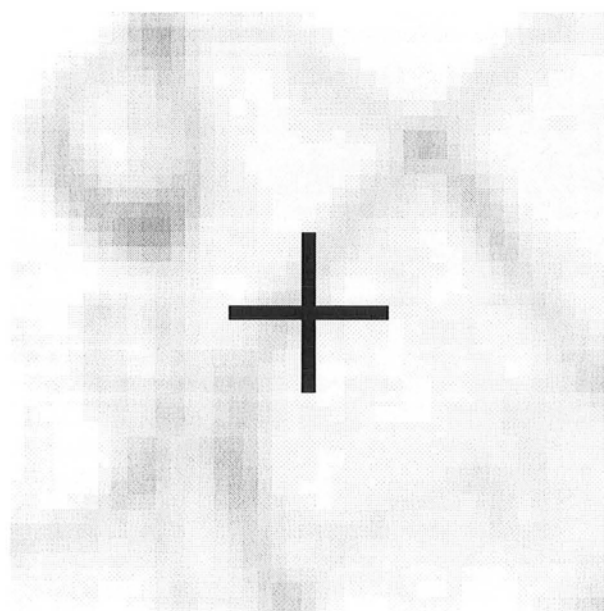
FIG. E.13 – Cas #5 : série de profil. Erreur maximale = 1,87 pixels.



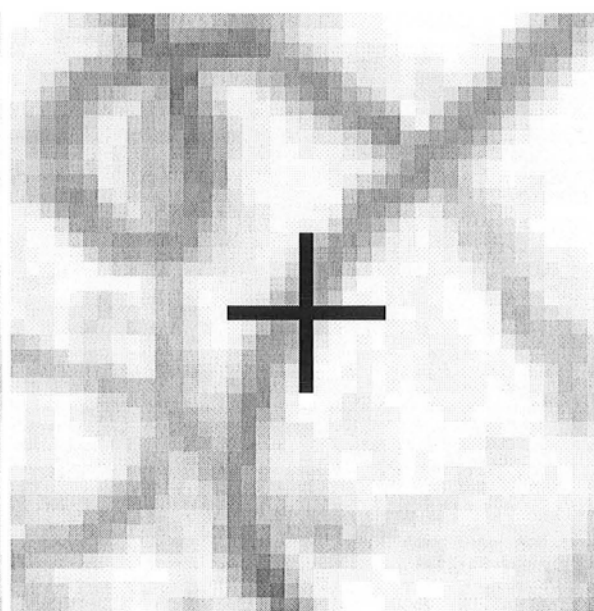
(a) Image Maxop



(b) Image MIP

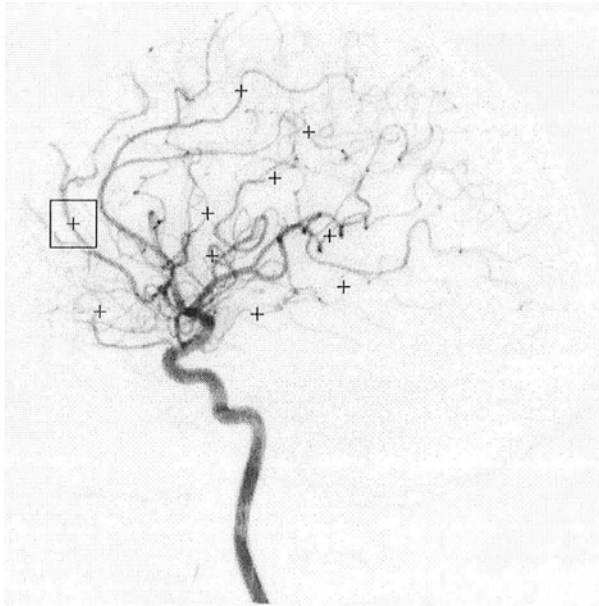


(c) Image Maxop (Zoom)

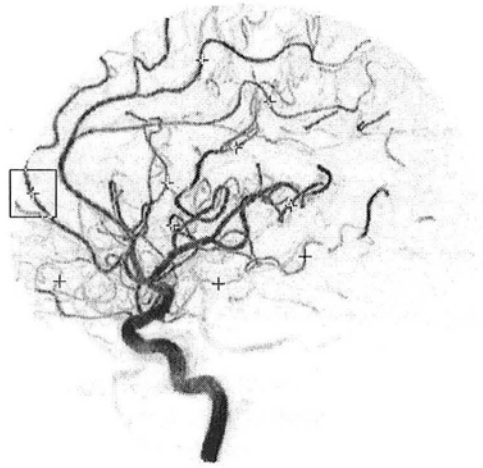


(d) Image MIP (Zoom)

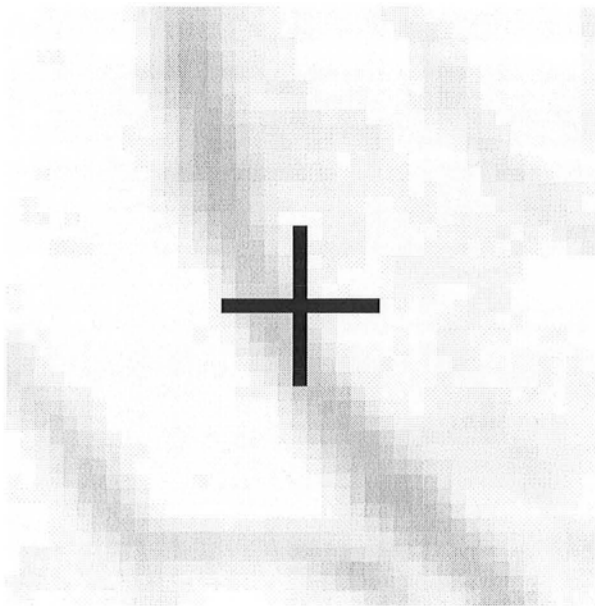
FIG. E.14 – Cas #6 : série de profil. Erreur maximale = 1,45 pixels.



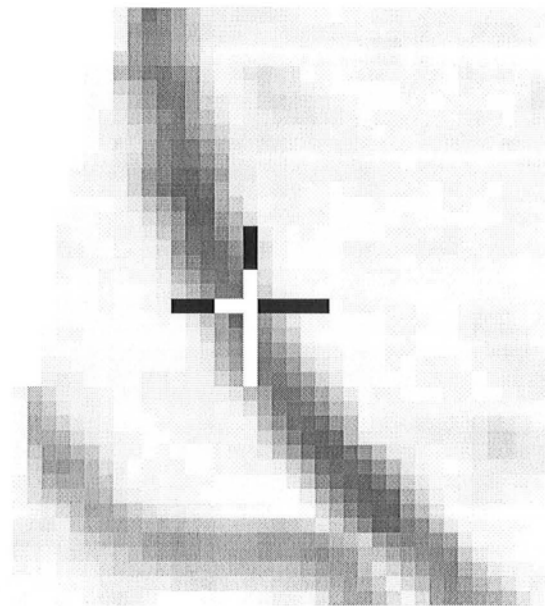
(a) Image Maxop



(b) Image MIP

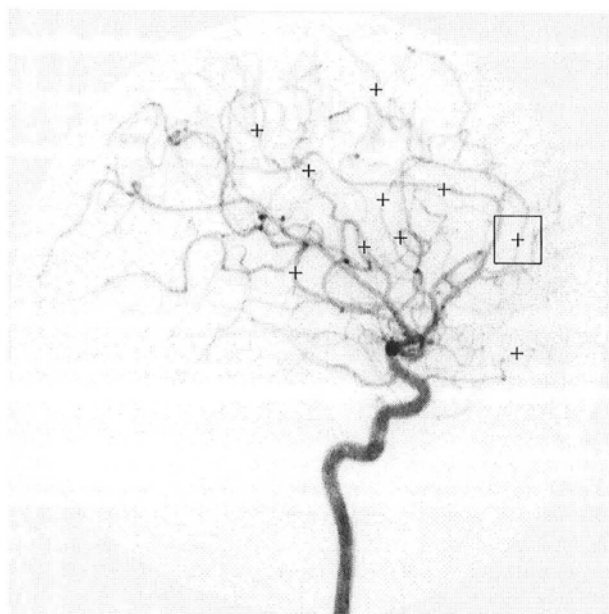


(c) Image Maxop (Zoom)



(d) Image MIP (Zoom)

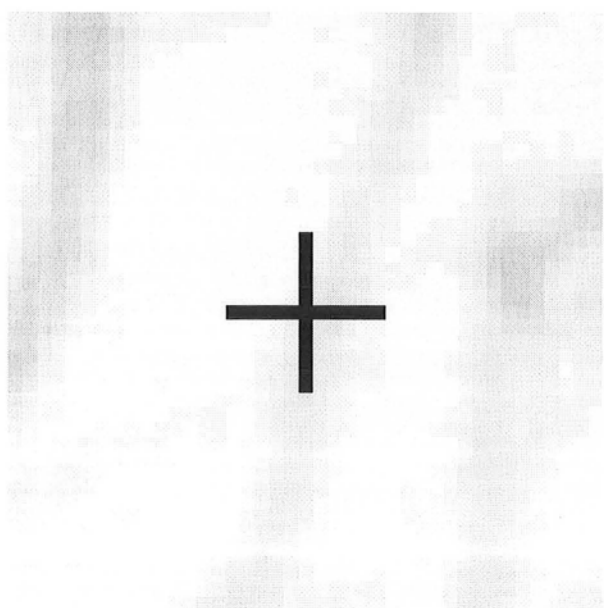
FIG. E.15 – Cas #7 : série de profil. Erreur maximale = 1,33 pixels.



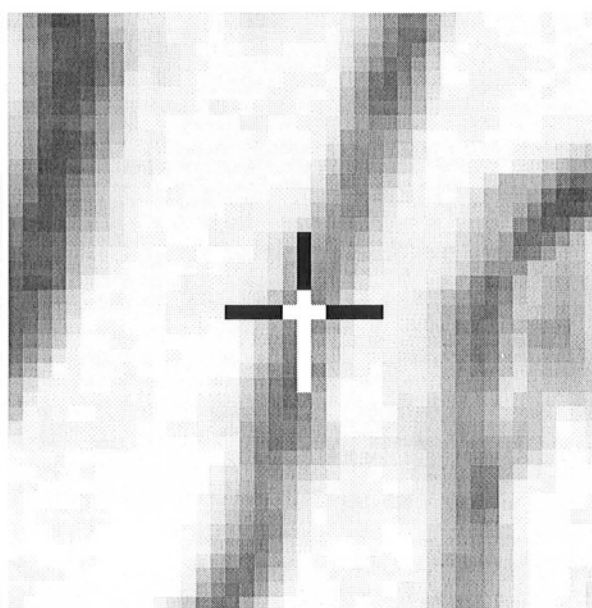
(a) Image Maxop



(b) Image MIP



(c) Image Maxop (Zoom)



(d) Image MIP (Zoom)

FIG. E.16 - Cas #8 : série de profil. Erreur maximale = 1,55 pixels.

Annexe F

Acquisitions 3DXA utilisés pour la validation du recalage 3DXA/IRM

Nous avons validé le recalage 3DXA/IRM sur 11 couples d'acquisitions 3DXA/IRM. Nous montrons ici les acquisitions 3DXA afin de montrer la diversité de cas que nous avons pris en compte et la difficulté extrême de certains due à la présence d'une pathologie non négligeable.

Les cas sont présentés pour les 11 cas sous la forme d'une vue MIP de face (à gauche) et une vue MIP en profil gauche (à droite).

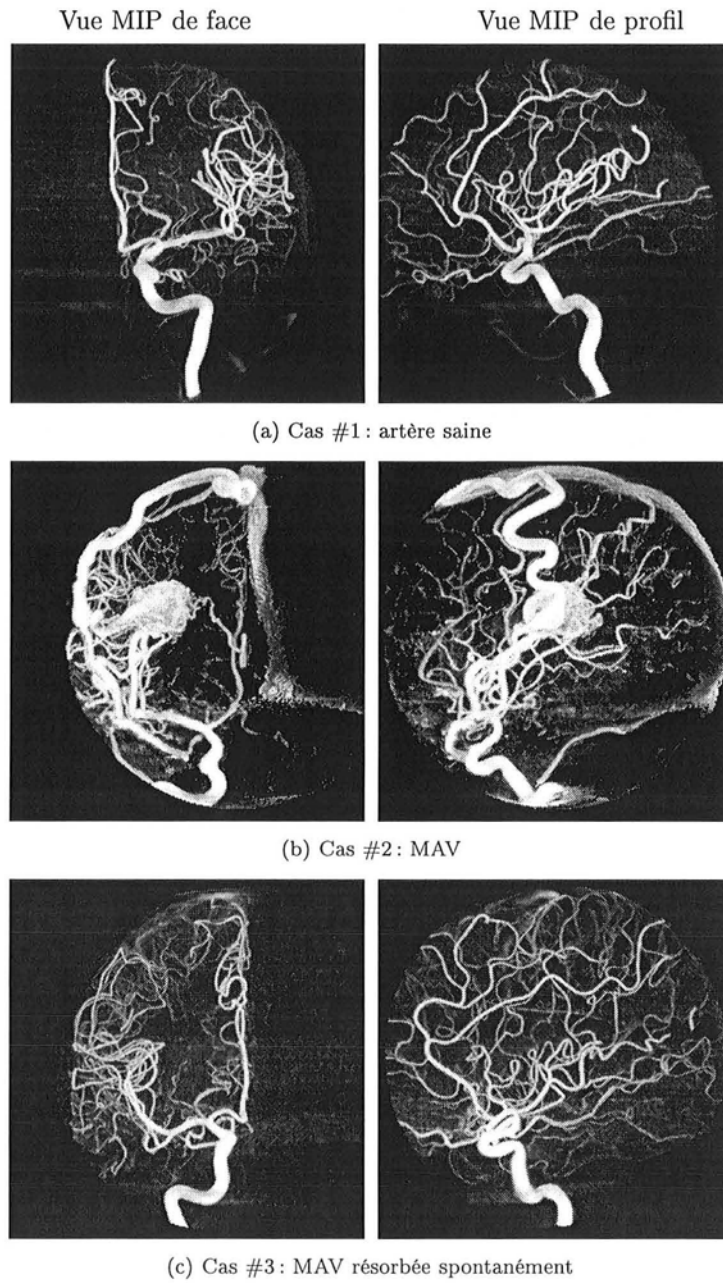
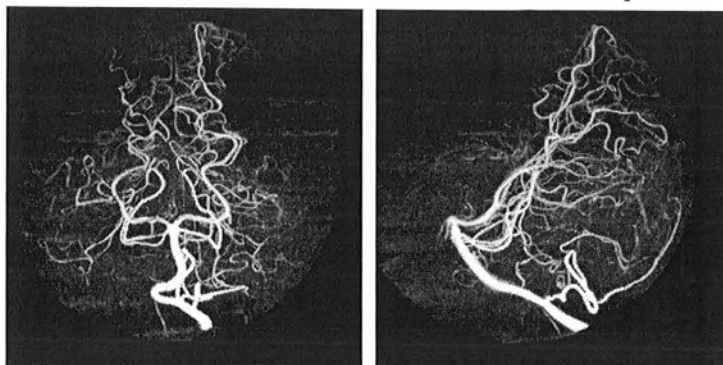


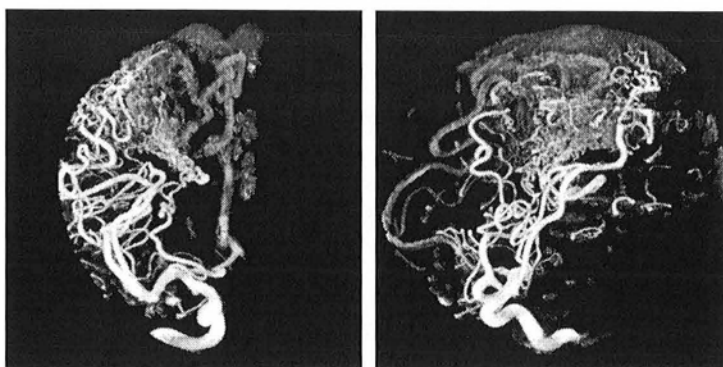
FIG. F.1 – Validation du recalage 3DXA/IRM : cas 1 à 3

Vue MIP de face

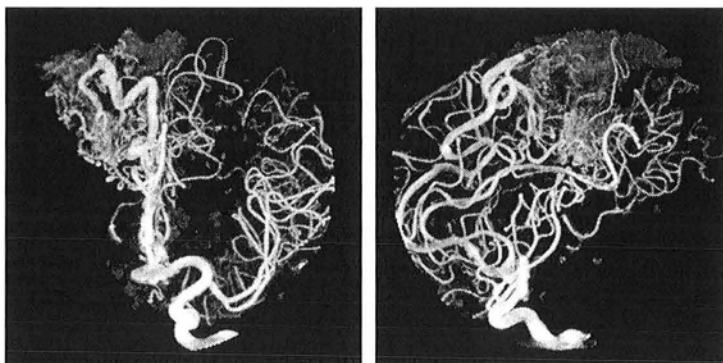
Vue MIP de profil



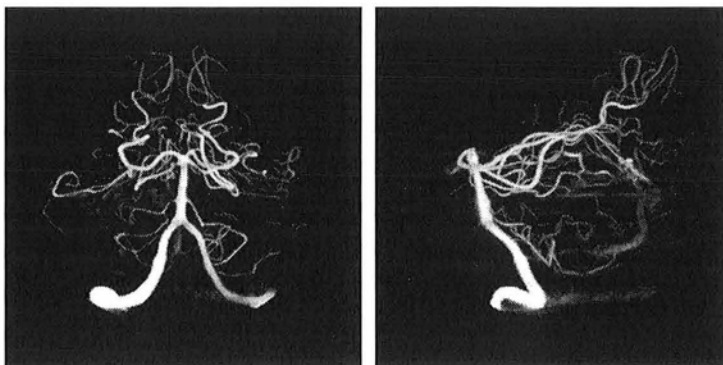
(a) Cas #4: MAV résorbée spontanément



(b) Cas #5: MAV



(c) Cas #6: MAV

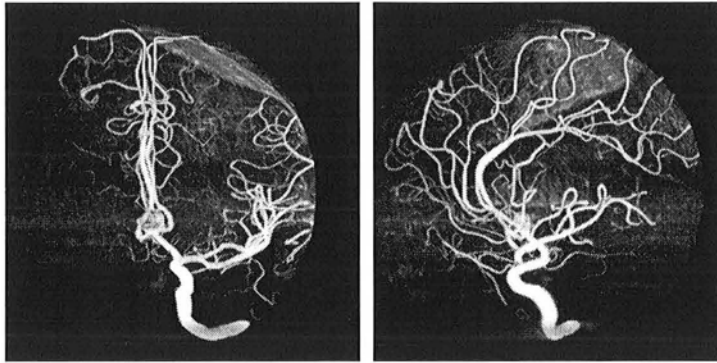


(d) Cas #7: MAV

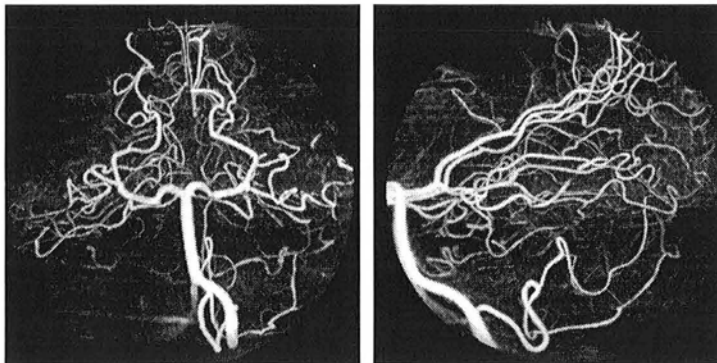
FIG. F.2 – Validation du recalage 3DXA/IRM: cas 4 à 7

Vue MIP de face

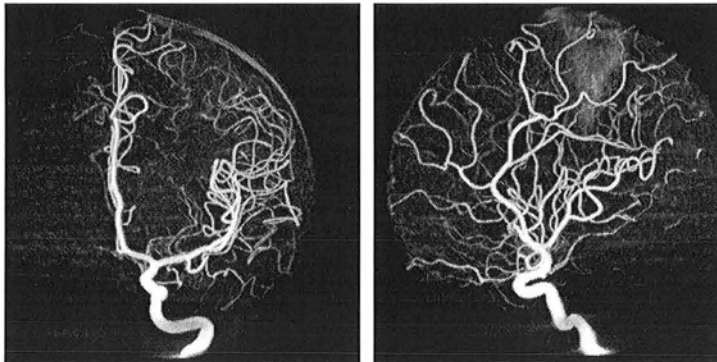
Vue MIP de profil



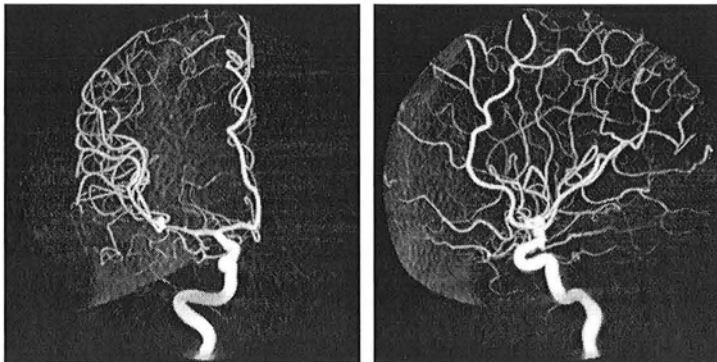
(a) Cas #8 : anévrisme de la communicante antérieure



(b) Cas #9 : artère saine



(c) Cas #10 : artère saine



(d) Cas #11 : anévrisme de la bifurcation sylvienne

FIG. F.3 – Validation du recalage 3DXA/IRM : cas 8 à 11

Bibliographie

- [ABKC90] N. M. Alpert, J. F. Bradshaw, D. Kennedy, and J. A. Correia. The principal axes transformation – a method for image registration. *The Journal of Nuclear Medicine*, 31(10):1717–1722, October 1990.
- [AD92] Louis K. Arata and Atam P. Dhawan. Iterative principal axes registration: A new algorithm for retrospective correlation of MR-PET brain images. In *Proceedings of the 14th IEEE EMBS*, pages 2776–2778, 1992.
- [AHB87] K. S. Arun, T. S. Huang, and S. D. Blostein. Least-squares fitting of two 3-d point sets. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 9:698–700, 1987.
- [AKN89] Anthony Apicella, J. Shane Kippenhan, and Joachim H. Nagel. Fast multimodality image matching. In Samuel J. Dwyer, R. Gilbert Jost, and Roger H. Schneider, editors, *Proceedings of SPIE Medical Imaging*, volume 1092, pages 252–263. SPIE Press, May 1989.
- [ALP94] Noam Alperin, David N. Levin, and Charles A. Pelizzari. Retrospective registration of X-ray angiograms with MR images by using vessels as intrinsic landmarks. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 4:139–144, March/April 1994.
- [AN99] Per Rønsholt Andresen and Mads Nielsen. Non-rigid registration by geometry-constrained diffusion. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 533–543. Springer Verlag, September 1999.
- [AP99] M. A. Audette and T. M. Peters. Level-set surface segmentation and registration for computing intrasurgical deformations. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing), San Diego, California (USA)*, volume 3661, pages 110–121. SPIE Press, February 1999.
- [ASP99] M. A. Audette, K. Siddiqi, and T. M. Peters. Level-set surface segmentation and fast cortical range image tracking for computing intrasurgical deformations. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 788–797. Springer Verlag, September 1999.
- [AT90] John Aloimonos and Dimitris P. Tsakiris. Tracking in a complex visual environment. In O. Faugeras, editor, *First European Conference on Computer Vision, Antibes (France)*, number 427 in Lecture Notes in Computer Science, pages 249–258. Springer Verlag, April 1990.
- [Bey92] H. Beyer. Accurate Calibration of CCD Cameras. In *Proceedings of IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, Urbana Champaign, (USA)*, pages 96–101, 1992.
- [BGBG94] Christian Barillot, James C. Gee, Lionel Le Bricquer, and Georges Le Goualher. Inter- and intra-individual data fusion in medical imaging applied to the anatomical modeling of the human brain. *Traitement du Signal*, 11(6):513–523, 1994.
- [BHC96] Gilles Burel, Hugues Henocq, and Jean-Yves Catros. Registration of 3D objects using linear algebra. In N. Ayache, editor, *Proceedings of the International Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine, Nice (France)*, number 905 in Lecture Notes in Computer Science, pages 252–256. Springer Verlag, 1996.

- [Blo95] Isabelle Bloch. Some aspects of Dempster-Shafer evidence theory for classification of multi-modality image. In Y. Bizais et al, editor, *Proceedings of the 14th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Ile de Berder (France)*, pages 377–378. Kluwer Academic Publishers, June 1995.
- [BM92] P. J. Besl and N. D. McKay. A method for registration of 3D shapes. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(2):239–256, February 1992.
- [BM94] Isabelle Bloch and Henri Maitre. Data fusion in image processing: Information models and decisions. *Traitement du Signal*, 11(6):435–446, 1994.
- [BM99] Jennifer L. Boes and Charles R. Meyer. Multi-variate mutual information for registration. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 606–612. Springer Verlag, September 1999.
- [Boo89] F. Bookstein. Principal warps: Thin-plate splines and the decomposition of deformations. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 11(6):567–585, 1989.
- [Bou] J. Bouglé. Cours de radiologie. Document interne GE Medical Systems.
- [Bri97] Pascal Brisset. Outils d'imagerie multi-modalité pour la neuroradiologie stéréotaxique. Rapport de stage de fin d'études, École Nationale Supérieure des Télécommunications de Paris, 1997.
- [Bro92] Lisa Gottesfeld Brown. A survey of image registration techniques. *ACM Computing Surveys*, 24(4):325–376, 1992.
- [BSC⁺99] Ravi Bansal, Lawrence H. Staib, Zhe Chen, Anand Rangarajan, Jonathan Knisely, Ravinder Nath, and James S. Duncan. Entropy-based, *multiple*-portal-to-3DCT registration for prostate radiotherapy using iteratively estimated segmentation. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 567–578. Springer Verlag, September 1999.
- [BVM⁺97] Reto J. Bale, Michael Vogeles, Arno Martin, Thomas Auer, Emil Hensler, Paul Eichenberger, Wolfgang Freysinger, Reinhart Sweeney, Andreas R. Gunkel, and Peter H. Lukas. VBH head holder to improve frameless stereotactic brachytherapy of cranial tumors. *Computer Assisted Surgery*, 2:286–291, 1997.
- [CB95] Ted Camus and Heinrich H. Bülthoff. Real-time optical flow extended in time. Technical Report 13, Max-Planck-Institut für biologische Kybernetik, February 1995.
- [CBB⁺95] P. Cinquin, E. Bainville, C. Barbe, E. Bittar, V. Bouchard, I. Bricault, G. Champlébourg, M. Chenin, L. Chevalier, Y. Delnondedieu, L. Desbat, V. Dessenne, A. Hamadeh, D. Henry, N. Laieb, S. Lavallée, J.-M. Lefebvre and F. Leitner, Y. Menguy, F. Padiou, O. Péria, A. Poyet, M. Promayon, S. Rouault P. Sautot, and J. Troccaz and P. Vassal. Computer assisted medical interventions. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, pages 254–263, May/June 1995.
- [CBET99] T. F. Cootes, C. Beeston, G. J. Edwards, and C. J. Taylor. A unified framework for atlas matching using active appearance models. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 322–333. Springer Verlag, June/July 1999.
- [Chr99] Gary E. Christensen. Consistent linear-elastic transformations for image matching. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 224–237. Springer Verlag, June/July 1999.
- [CJH⁺99] G. E. Christensen, H. J. Johnson, J. W. Haller, J. Melloy, M. W. Vannier, and J. L. Marsh. Synthesizing average 3d anatomical templates using deformable templates. In K. M. Hanson,

- editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing)*, San Diego, California (USA), volume 3661, pages 574–582. SPIE Press, February 1999.
- [CKDM95] E. Cuchet, J. Knoploch, D. Dormont, and C. Marsault. Registration in neurosurgery and neuroradiotherapy applications. *Journal of Image Guided Surgery*, 1:198–207, 1995.
- [CMD+95] A. Collignon, F. Maes, D. Delaere, D. Vandermeulen, P. Suetens, and G. Marchal. Automated multi-modality image registration based on information theory. In Y. Bizais et al, editor, *Proceedings of the 14th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Ile de Berder (France)*, pages 263–274. Kluwer Academic Publishers, June 1995.
- [CN99] Albert C.S. Chung and J. Alison Noble. Statistical 3D vessel segmentation using a rician distribution. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 82–89. Springer Verlag, September 1999.
- [CPA99] Pascal Cachier, Xavier Pennec, and Nicholas Ayache. Fast non-rigid matching by gradient descent: Study and improvements of the “demons” algorithms. Technical Report 3706, Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, June 1999. Disponible sur <http://www.inria.fr/RRRT/publications-eng.html>.
- [CR99] Jon Camp and Richard Robb. A novel binning method for improved accuracy and speed of volume image coregistration using normalized mutual information. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing)*, San Diego, California (USA), volume 3661, pages 24–31. SPIE Press, February 1999.
- [CRD+99] Haili Chui, James Rambo, James Duncan, Robert Schultz, and Anand Rangarajan. Registration of cortical anatomical structures via robust 3D point matching. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 168–181. Springer Verlag, June/July 1999.
- [CRK+99] M. J. Clarkson, D. Rueckert, A. P. King, P. J. Edwards, D. L. G. Hill, and D. J. Hawkes. Registration of video images to tomographic images by optimising mutual information using texture mapping. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 579–588. Springer Verlag, September 1999.
- [CS98] Wenli Cai and Georgios Sakas. Maximum intensity projection using splatting in sheared object space. *Computer Graphics Forum*, 17(3):113–124, 1998.
- [Cuc96] Élisabeth Cuchet. *Stéréotaxie sans Cadre : Application à la Chirurgie et à la Radiothérapie*. Thèse de doctorat, Université Paris 6, 1996.
- [CV90] M. Campani and A. Verri. Computing optical flow from an overconstrained system of linear algebraic equations. In *Proceedings of 3rd International Conference on Computer Vision, Osaka (Japan)*, pages 22–26, 1990.
- [CZK+98] D. L. Collins, A. P. Zijdenbos, V. Kollokian, J. G. Sled, N. J. Kabani, C. J. Holmes, and A. C. Evans. Design and construction of a realistic digital brain phantom. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(3):463–468, June 1998.
- [DAD+97] Neil L. Dorward, Olaf Alberti, Arnold Dijkstra, Johannes Buurman, Neil D. Kitchen, and David G. T. Thomas. Clinical introduction of an adjustable rigid instrument holder for frameless stereotactic interventions. *Computer Aided Surgery*, 2:180–185, 1997.
- [Der93] Rachid Deriche. Recursively implementing the gaussian and its derivatives. Technical Report 1893, Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, May 1993. Disponible sur <http://www.inria.fr/RRRT/publications-eng.html>.
- [DHG99] B. M. Dawant, S. L. Hartmann, and S. Gadamssetty. Brain atlas deformation in the presence of large space-occupying tumors. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted*

- Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 589–596. Springer Verlag, September 1999.
- [DL98] J. P. Didon and F. Langevin. Fast 3D registration of MR brain images using the projection correlation registration algorithm. *Medical and Biological Engineering and Computing*, 36:107–111, January 1998.
- [DLPB99] Petr Dokládál, Christophe Lohou, Laurent Perroton, and Gilles Bertrand. Liver blood vessels extraction by a 3-D topological approach. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 98–105. Springer Verlag, September 1999.
- [DPB96] Christos Davatzikos, Jerry L. Prince, and R. Nick Bryan. Image registration based on boundary mapping. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(1):112–115, February 1996.
- [Duv92] Henri M. Duvernoy. *Le Cerveau Humain*. Springer-Verlag, 1992.
- [EHL⁺95] P. J. Edwards, D. L. G. Hill, J. A. Little, V. A. S. Sahni, and D. J. Hawkes. Medical image registration incorporating deformations. In *Proceedings of the Sixth British Machine Vision Conference (vol. 2)*, pages 691–699, 1995.
- [EKMJ⁺99] Philip J. Edwards, Andrew P. King, Calvin R. Maurer Jr, Darryl A. de Cunha, David J. Hawkes, Derek L. G. Hill, Ron P. Gaston, Michael R. Fenlon, Subhash Chandra, Anthony J. Strong, Christopher L. Chandler, Aurelia Richards, and Michael J. Gleeson. Design and evaluation of a system for microscope-assisted guided interventions (MAGI). In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 842–851. Springer Verlag, September 1999.
- [Elj97] M. Sam Eljamel. Accuracy, efficacy, and clinical applications of the radionics operating arm system. *Computer Aided Surgery*, 2:292–297, 1997.
- [FAB97] J. Feldmar, N. Ayache, and F. Betting. 3D-2D projective registration of free form curves and surfaces. *Computer Vision and Image Understanding*, 65(3):403–424, 1997.
- [FAF⁺95] K. J. Friston, J. Ashburner, C. D. Frith, J.-B. Poline, J. D. Heather, and R. S. J. Frackowiak. Spatial registration and normalization of images. *Human Brain Mapping*, 2:165–189, 1995.
- [Fau93] Olivier Faugeras. *Three-dimensional Computer Vision: A Geometric Viewpoint*. MIT Press, 1993.
- [FH86] O. D. Faugeras and M. Hebert. The representation, recognition and locating of 3D objects. *The International Journal of Robotics Research*, 5(3):27–52, Fall 1986.
- [FHS⁺98] J. Michael Fitzpatrick, Derek L. G. Hill, Yu Shyr, Jay West, Colin Studholme, and Calvin R. Maurer Jr. Visual assessment of the accuracy of retrospective registration of MR and CT images of the brain. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(4):571–585, August 1998.
- [Flu92] Jan Flusser. An adaptive method for image registration. *Pattern Recognition*, 25(1):45–54, 1992.
- [FMA⁺97] J. Feldmar, G. Malandain, N. Ayache, S. Fernández-Vidal, and E. Maurincombe. Matching a 3D MR angiography volume image and 2D X-ray angiograms. In J. Troccaz, E. Grimson, and R. Mösges, editors, *Proceedings of the First International Joint Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine – Medical Robotics and Computer Assisted Surgery, Grenoble (France)*, number 1205 in Lecture Notes in Computer Science, pages 129–140. Springer Verlag, 1997.
- [FNH⁺99] A. F. Frangi, W. J. Niessen, R. M. Hoogeveen, Th. van Walsum, and M. A. Viergever. Quantification of vessel morphology from 3D MRA. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 358–367. Springer Verlag, September 1999.

- [FNVV98] Alejandra F. Frangi, Wiro J. Niessen, Koen L. Vincken, and Max A. Viergever. Multiscale vessel enhancement filtering. In W. M. Wells III, A. Colchester, and S. Delp, editors, *Proceedings of the First International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge, Massachusetts (USA)*, number 1496 in Lecture Notes in Computer Science, pages 130–137. Springer Verlag, October 1998.
- [FWG⁺99] Matthieu Ferrant, Simon K. Warfield, Charles R. G. Guttmann, Robert V. Mulkern, Ferenc A. Jolesz, and Ron Kikinis. 3D image matching using a finite element based elastic deformation model. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 202–209. Springer Verlag, September 1999.
- [FWMJ99] J. Michael Fitzpatrick, Jay B. West, and Calvin R. Maurer Jr. Predicting error in rigid-body point-based registration. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(5):694–702, October 1999.
- [GBB95] J. C. Gee, L. Le Briquer, and C. Barillot. Probabilistic matching of brain images. In Y. Bizais et al, editor, *Proceedings of the 14th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Ile de Berder (France)*, pages 113–125. Kluwer Academic Publishers, June 1995.
- [GCP99] David G. Gobbi, Roch M. Comeau, and Terry M. Peters. Ultrasound probe tracking for real-time ultrasound/MRI overlay and visualization of brain shift. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 920–927. Springer Verlag, September 1999.
- [Gee99] James C. Gee. On matching brain volumes. *Pattern Recognition*, 32(1):99–112, 1999.
- [GHY⁺99] N. Glossop, R. Hu, D. Young, G. Dix, and S. DuPlessis. Percutaneous posterior stabilization of the spine. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 852–859. Springer Verlag, September 1999.
- [GK95] Naresh C. Gupta and Laveen N. Kanal. 3D motion estimation from motion field. *Artificial Intelligence*, 78(1–2):45–86, 1995.
- [GKW⁺98] A. Guéziec, P. Kazandides, B. Williamson, R. H. Taylor, and D. Lord. Anatomy based registration of CT-scan and X-ray fluoroscopy data for intra-operative guidance of a surgical robot. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of SPIE Medical Imaging, San Diego, CA (USA)*, volume 3338, pages 81–94. SPIE Press, February 1998.
- [GKWT98] A. Guéziec, P. Kazandides, B. Williamson, and R. H. Taylor. Anatomy-based registration of CT-scan and intraoperative X-ray images for guiding a surgical robot. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(5):715–728, October 1998.
- [GMVS98] Tom Gaens, Frederik Maes, Dirk Vandermeulen, and Paul Suetens. Non-rigid multimodal image registration using mutual information. In W. M. Wells III, A. Colchester, and S. Delp, editors, *Proceedings of the First International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge, Massachusetts (USA)*, number 1496 in Lecture Notes in Computer Science, pages 1099–1106. Springer Verlag, October 1998.
- [GPA97] André P. Guéziec, Xavier Pennec, and Nicholas Ayache. Medical image registration using geometric hashing. *IEEE Transactions on Computational Science and Engineering*, 4(4):29–41, October/December 1997.
- [GQ98] Isabelle M. Germano and Joseph V. Queenan. Clinical experience with intracranial brain needle biopsy using frameless surgical navigation. *Computer Aided Surgery*, 3:33–39, 1998.
- [GT99] Maria Gabrani and Oleh J. Tretiak. Surface-based matching using elastic transformations. *Pattern Recognition*, 32(1):87–97, 1999.

- [Gun75] M. Guntz. *Nomenclature Anatomique Illustrée*. Masson, 120, Bd Saint-Germain, Paris VI, 1975.
- [GWW⁺99] André Guéziec, Jenong Wu, Bill Williamson, Peter Kazandides, Robert van Vorhis, and Alan Kalvin. Exploiting 2-D to 3-D intra-operative image registration for qualitative evaluations and post-operative simulations. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 820–831. Springer Verlag, September 1999.
- [HBMP99] Pierre Hellier, Christian Barillot, Etienne Mémin, and Patrick Pérez. Medical image registration with robust multigrid techniques. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 680–687. Springer Verlag, September 1999.
- [HC97] Ali Hamadeh and Philippe Cinquin. Kinematic study of lumbar spine using functional radiographies and 3D/2D registration. In J. Troccaz, E. Grimson, and R. Mösges, editors, *Proceedings of the First International Joint Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine – Medical Robotics and Computer Assisted Surgery, Grenoble (France)*, number 1205 in Lecture Notes in Computer Science, pages 109–118. Springer Verlag, 1997.
- [HD99] Jeanette L. Herring and Benoît M. Dawant. Automatic identification of a particular vertebra in the spinal column using surface-based registration. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 613–620. Springer Verlag, September 1999.
- [HDJ⁺99] M. Holden, E. R. E. Denton, J. M. Jarosz, T. C. S. Cox, C. Studholme, D. J. Hawkes, and D. L. G. Hill. Detecting small anatomical change with 3D serial MR subtraction images. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing), San Diego, California (USA)*, volume 3661, pages 44–55. SPIE Press, February 1999.
- [HH94] Derek L. G. Hill and David J. Hawkes. Medical image registration using knowledge of adjacency of anatomical structures. *Image and Vision Computing*, 12:173–178, 1994.
- [HHC⁺91] D. L. G. Hill, D. J. Hawkes, J. E. Crossman, M. J. Gleeson, T. C. S. Cox, E. E. C. M. L. Bracey, A. J. Strong, and P. Graves. Registration of MR and CT images for skull base surgery using point-like anatomical features. *The British Journal of Radiology*, 64:1030–1035, 1991.
- [HHD⁺99] Mark Holden, Derek L. G. Hill, Erika R. E. Denton, Jo M. Jarosz, Tim C. S. Cox, and David J. Hawkes. Voxel similarity measures for 3D serial MR brain image registration. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 472–477. Springer Verlag, June/July 1999.
- [HHG⁺94] Derek L. G. Hill, David J. Hawkes, Michael J. Gleeson, Timothy C. S. Cox, Anthony J. Strong, Wai-Lup Wong, Clifford F. Ruff, Neil D. Kitchen, David G. T. Thomas, Ajit Sofat, John E. Crossman, Colin Studholme, Advait J. Gandhe, Sandra E. M. Green, and Glynn P. Robinson. Accurate frameless registration of MR and CT images of the head: Applications in planning surgery and radiation therapy. *Radiology*, 181:447–454, 1994.
- [HHN87] B. K. P. Horn, H. M. Hilden, and S. Negahdaripour. Closed-form solution of absolute orientation using orthonormal matrices. *Journal of the Optical Society of America*, A-5:1128–1135, 1987.
- [HHS⁺99] Alan J. Herline, Jeannette L. Herring, James D. Stefansic, William C. Chapman, Robert L. Galloway, and Benoit M. Dawant. Surface registration for use in interactive image-guided liver surgery. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*,

- Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 892–899. Springer Verlag, September 1999.
- [Hil93] Derek L. G. Hill. *Combination of 3D Medical Images from Multiple Modalities*. PhD thesis, University of London, 1993.
- [HMJM⁺99a] Jeannette L. Herring, Calvin R. Maurer Jr, Diane M. Muratore, Robert L. Galloway Jr, and Benoît M. Dawant. Effect of vertebral surface extraction on registration accuracy: A comparison of registration results for iso-intensity algorithms applied to computed tomography images. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing)*, San Diego, California (USA), volume 3661, pages 97–108. SPIE Press, February 1999.
- [HMJM⁺99b] Derek L. G. Hill, Calvin R. Maurer Jr, Alastair J. Martin, Saras Sabanathan, Walter A. Hall, David J. Hawkes, Daniel Rueckert, and Charles L. Truwit. Assessment of intraoperative brain deformation using interventional MR imaging. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 910–919. Springer Verlag, September 1999.
- [HnW⁺99] Nobuhiko Hata, Arya nabavi, Simon Warfield, Williams Wells, Ron Kikinis, and Ferenc A. Jolesz. A volumetric optical flow method for measurement of brain deformation from intraoperative magnetic resonance images. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 928–935. Springer Verlag, September 1999.
- [Hor87] B. K. P. Horn. Closed-form solution of absolute orientation using unit quaternions. *Journal of the Optical Society of America*, A-4:629–642, 1987.
- [HPS⁺99] S. L. Hartmann, M. H. Parks, H. Schlack, W. Riddle, R. R. Price, P. R. Martin, and B. M. Dawant. Automatic computation of brain and cerebellum volumes in normal subjects and chronic alcoholics. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 430–435. Springer Verlag, June/July 1999.
- [HRS⁺99a] A. Hagemann, K. Rohr, H. S. Stiehl, U. Spetzger, and J. M. Gilsbach. Nonrigid matching of tomographic images based on a biomechanical model of the human head. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing)*, San Diego, California (USA), volume 3661, pages 583–592. SPIE Press, February 1999.
- [HRS99b] Thomas Hartkens, Karl Rohr, and H. Siegfried Stiehl. Performance of 3D differential operators for the detection of anatomical point landmarks in MR and CT images. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing)*, San Diego, California (USA), volume 3661, pages 32–43. SPIE Press, February 1999.
- [HS81] Berthold K. P. Horn and Brian G. Schunck. Determining optical flow. *Artificial Intelligence*, 17:185–203, 1981.
- [HV99] Michiel Hagedoorn and Remco C. Veltkamp. Reliable and efficient pattern matching using an affine invariant metric. *International Journal of Computer Vision*, 31(2/3):203–223, 1999.
- [HvdES⁺95] Paul F. Hemler, Petra A. van den Elsen, Thilaka S. Sumanaweera, Sandy Napel, John Drace, and John R. Adler. A quantitative comparison of residual error for three different multimodality registration techniques. In Y. Bizais et al, editor, *Proceedings of the 14th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Ile de Berder (France)*, pages 251–262. Kluwer Academic Publishers, June 1995.
- [ICM⁺97] Laurent Itti, Linda Chang, Jean-François Mangin, Jacques Darcourt, and Thomas Ernst. Robust multimodality registration for brain mapping. *Human Brain Mapping*, 5:3–17, 1997.

- [JI99] Sylvie Jacquot-Ingles. Recalage d'angiographies rayons X avec marqueurs. Rapport de stage de dea, Université Paris VI, 1999.
- [Kan94] Kenichi Kanatani. Analysis of 3-D rotation fitting. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 16(5):543–549, May 1994.
- [KL99] Nils Krahnstöver and Cristian Lorenz. Development of a point based shape representation of arbitrary three-dimensional objects suitable for statistical shape modeling. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing)*, San Diego, California (USA), volume 3661, pages 620–631. SPIE Press, February 1999.
- [KLJ97] Toshifumi Kamiryo and Edward R. Laws Jr. Stereotactic frame-based error in magnetic-resonance-guided stereotactic procedures: A method for measurement of error and standardization of technique. *Stereotactic and Functional Neurosurgery*, 67:198–209, 1996–97.
- [KMA96] Karl Krissian, Grégoire Malandain, and Nicholas Ayache. Directional anisotropic diffusion applied to segmentation of vessels in 3D images. Technical Report 3064, Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, December 1996. Disponible sur <http://www.inria.fr/RRRT/publications-eng.html>.
- [KMA98] Karl Krissian, Grégoire Malandain, and Nicholas Ayache. Model based multiscale detection and reconstruction of 3D vessels. Technical Report 3442, Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, June 1998. Disponible sur <http://www.inria.fr/RRRT/publications-eng.html>.
- [KMA⁺99] Karl Krissian, Grégoire Malandain, Nicholas Ayache, Régis Vaillant, and Yves Troussset. Model based detection of tubular structures in 3D images. Technical Report 3736, Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, July 1999. Disponible sur <http://www.inria.fr/RRRT/publications-eng.html>.
- [KS96] Robert Kutka and Sebastian Stier. Extraction of line properties based on direction fields. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 15(1):51–58, February 1996.
- [KvD75] J. J. Koenderink and A. J. van Doorn. Invariant properties of the motion parallax field due to the movement of rigid bodies relative to the observer. *Optica Acta*, 22:773–791, 1975.
- [KWB⁺99] K. Kansy, P. Wisskirchen, U. Behrens, Th. Berlage, G. Grunst, M. Jahnke, R. Ratering, H.-J. Schwarzmaier, and R. Ulrich. LOCALITE – a frameless neuronavigation system for interventional magnetic resonance imaging systems. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 832–841. Springer Verlag, September 1999.
- [KWN98] Yasuyo Kita, Dale L. Wilson, and J. Alison Noble. Real-time registration of 3D cerebral vessels to X-ray angiograms. In W. M. Wells III, A. Colchester, and S. Delp, editors, *Proceedings of the First International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge, Massachusetts (USA)*, number 1496 in Lecture Notes in Computer Science, pages 1125–1133. Springer Verlag, October 1998.
- [LA98] Wen-Hung Liao and J. K. Aggarwal. Cooperative matching paradigm for the analysis of stereo image sequences. *International Journal of Imaging Systems and Technology*, 9:192–200, 1998.
- [LA99] Hava Lester and Simon R. Arridge. A survey of hierarchical non-linear medical image registration. *Pattern Recognition*, 32(1):129–149, 1999.
- [LAJ⁺99] Hava Lester, Simon R. Arridge, Kalvis M. Jansons, Louis Lemieux, Joseph V. Hajnal, and Anjela Oatridge. Non-linear registration with the variable viscosity fluid algorithm. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 238–251. Springer Verlag, June/July 1999.

- [Lau96] Laurent Launay. *Localisation et Reconstruction 3D à partir d'Angiographies Stéréotaxiques*. Thèse de doctorat, Institut National Polytechnique de Lorraine, 1996.
- [LBP98] Alan Liu, Elizabeth Bullitt, and Stephen M. Pizer. 3D/2D registration via skeletal near projective invariance in tubular objects. In W. M. Wells III, A. Colchester, and S. Delp, editors, *Proceedings of the First International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge, Massachusetts (USA)*, number 1496 in Lecture Notes in Computer Science, pages 952–963. Springer Verlag, October 1998.
- [LCB+97] C. Lorenz, I.-C. Carlsen, T. M. Buzug, C. Fassnacht, and J. Weese. A multi-scale line filter with automatic scale selection based on the hessian matrix for medical image segmentation. In B. ter Haar Romeny, L. Florack, J. Koenderink, and M. Viergever, editors, *Proceedings of the First International Conference on Scale-Space Theory in Computer Vision, Utrecht (The Netherlands)*, number 1252 in Lecture Notes in Computer Science, pages 152–163. Springer Verlag, July 1997.
- [LH91] David Laur and Pat Hanrahan. Hierarchical splatting: A progressive refinement algorithm for volume rendering. *ACM Computer Graphics, SIGGRAPH-91*, 25(4):285–288, July 1991.
- [LPW+99] John A. Lynch, Charles G. Peterfy, David L. White, Randall A. Hawkins, and Harry K. Genant. MRI-SPECT image registration using multiple MR pulse sequences to examine osteoarthritis of the knee. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing), San Diego, California (USA)*, volume 3661, pages 68–77. SPIE Press, February 1999.
- [LSB91] Stéphane Lavallée, Richard Szeliski, and Lionel Brunie. Matching 3D smooth surfaces with their 2D projections using 3D distance maps. In Baba C. Vemuri, editor, *Proceedings of SPIE*, volume 1570, pages 322–336. SPIE Press, September 1991.
- [LT88] Reimar K. Lenz and Roger Y. Tsai. Techniques for calibration of the scale factor and image center for high accuracy 3D machine vision metrology. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 10(5):713–720, September 1988.
- [Mae98] Frederik Maes. *Segmentation and Registration of Multimodal Medical Images*. PhD thesis, Katholieke Universiteit Leuven, 1998.
- [Mal92] Grégoire Malandain. *Filtrage, Topologie et Mise en Correspondance d'Images Médicales Multidimensionnelles*. PhD thesis, École Centrale de Paris, 1992.
- [MBKB99] C. R. Meyer, J. L. Boes, B. Kim, and P. H. Bland. Probabilistic brain atlas construction: Thin-plate spline warping via maximization of mutual information. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 631–637. Springer Verlag, September 1999.
- [McG99] Alexei M. C. Machado, Mario F. M. campos, and James C. Gee. Likelihood estimation in image warping. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing), San Diego, California (USA)*, volume 3661, pages 593–603. SPIE Press, February 1999.
- [MD99] Julian Mattes and Jacques Demongeot. Tree representation and implicit tree matching for a coarse to fine image matching algorithm. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 646–655. Springer Verlag, September 1999.
- [MEF99] B. Ma, R. E. Ellis, and D. J. Fleet. Spotlights: A robust method for surface-based registration in orthopedics surgery. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 936–944. Springer Verlag, September 1999.
- [MFS+96] Yoshitaka Masutani, Celso Furukawa, Marcel Sonderegger, Ken Masamune, Makoto Suzuki, Takeyoshi Dohi, Fumitaka Yamane, Hiroshi Iseki, and Kintomo Takakura. 3D position

- visualization of catheter tip for intravascular neurosurgery using 3D structural description of vasculature. In H. U. Lemke et al, editor, *Proceedings of Computer Assisted Radiology, Paris (France)*, pages 821–826. Elsevier Science B. V., June 1996.
- [MFVR95] Grégoire Malandain, Sara Fernández-Vidal, and Jean-Marie Rocchisani. Physically based rigid registration of 3-D free-form objects: Application to medical imaging. Technical Report 2453, Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, January 1995. Disponible sur <http://www.inria.fr/RRRT/publications-eng.html>.
- [MJGH⁺99] Calvin R. Maurer Jr, Robald P. Gaston, Derek L. G. Hill, Michael Gleeson, M. Graeme Taylor, Michael R. Fenlon, Philip J. Edwards, and David J. Hawkes. AcouStick: A tracked A-mode ultrasonography system for registration in image-guided surgery. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 951–962. Springer Verlag, September 1999.
- [MJMF93] Calvin R. Maurer Jr, Jennifer J. McCrory, and J. Michael Fitzpatrick. Estimation of accuracy in localizing externally attached markers in multimodal volume head images. In Murray H. Loew, editor, *Proceedings of SPIE Medical Imaging*, volume 1898, pages 43–54. SPIE Press, September 1993.
- [MkDPK⁺99] Michael I. Miga, Keith D. Paulsen, Francis E. Kennedy, Alex Hartov, and David W. Roberts. Model-updated image-guided neurosurgery using the finite element method: Incorporation of the falx cerebri. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 900–909. Springer Verlag, September 1999.
- [MLB⁺95] Charles R. Meyer, Gregg S. Leichtman, James A. Brunberg, Richard L. Wahl, and Leslie E. Quint. Simultaneous usage of homologous points, lines and planes for optimal, 3-D, linear registration of multimodality imaging data. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(1):1–11, March 1995.
- [MLD94] Olivier Monga, Richard Lengagne, and Rachid Deriche. Crest lines extraction in volume 3D medical images: a multi-scale approach. Technical Report 2338, Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, July 1994. Disponible sur <http://www.inria.fr/RRRT/publications-eng.html>.
- [MLZH95] Nicholas J. Mankovich, Timothy Lambert, Tatjana Zrimec, and John Hiller. Anatomic vascular phantom for the verification of MRA and XRA visualization and fusion. In Eric A. Hoffman, editor, *Proceedings of SPIE Medical Imaging*, volume 2433, pages 73–79. SPIE Press, 1995.
- [MMD96] Yoshitaka Masutani, Ken Masamune, and Takeyoshi Dohi. Region-growing based feature extraction algorithm for tree-like objects. In K.H. Höhne and R. Kikinis, editors, *Proceedings of the 4th International Conference on Visualization in Biomedical Computing, Hamburg (Germany)*, number 1131 in Lecture Notes in Computer Science, pages 161–171. Springer Verlag, September 1996.
- [MMI⁺98] Klaus Mueller, Torsten Möller, J. Edward Swan II, Roger Crawfis, Naeem Shareef, and Roni Yagel. Splatting errors and antialiasing. *IEEE Transactions on Visualization and Computer Graphics*, 4(2):178–191, April–June 1998.
- [MMV98] J. B. Antoine Maintz, Erik H. W. Meijering, and Max A. Viergever. General multimodal elastic registration based on mutual information. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of SPIE Medical Imaging, San Diego, CA (USA)*, volume 3338, pages 144–154. SPIE Press, February 1998.
- [MNPV99] Erik H. W. Meijering, Wiro J. Niessen, Josien P. W. Pluim, and Max A. Viergever. Quantitative comparison of sinc-approximating kernels for medical image interpolation. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 210–217. Springer Verlag, September 1999.

- [MNR⁺91] Gerald Q. Maguire, Marylin E. Noz, Henry Rusinek, Judith Jaeger, Elissa L. Kramer, Joseph J. Sanger, and Gwenn Smith. Graphics applied to medical image registration. *IEEE Computer Graphics and Applications*, pages 20–28, March 1991.
- [MNV99] Erik H. W. Meijering, Wiro J. Niessen, and Max A. Viergever. Retrospective motion correction in digital subtraction angiography: A review. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, 18(1):2–21, January 1999.
- [MSN99] Xu Meihe, Rajagopalan Srinivasan, and Wieslaw L. Nowinski. A fast mutual information method for multi-modal registration. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 466–471. Springer Verlag, June/July 1999.
- [MTE⁺97] Philippe Merloz, Jérôme Tonetti, Ahmad Eid, Claude Faure, Stéphane Lavallée, Jocelyne Troccaz, Pascal Sautot, Ali Hamadeh, and Philippe Cinquin. Computer assisted spine surgery. *Clinical Orthopaedics and Related Research*, 337:86–96, 1997.
- [MV98] J. B. Antoine Maintz and Max A. Viergever. A survey of medical image registration. *Medical Image Analysis*, 2(1):1–36, 1998.
- [MvdEV96] J. B. Antoine Maintz, Petra A. van den Elsen, and Max A. Viergever. Evaluation of ridge seeking operators for multimodality medical image matching. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 18(4):353–365, April 1996.
- [Nau94] Haring J. W. Nauta. Error assessment during “image guided” and “imaging interactive” stereotactic surgery. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 18(4):279–287, 1994.
- [NHA99] C. Nikou, F. Heitz, and J. P. Armspach. A probabilistic multi-object deformable model for MR/SPECT brain image registration and segmentation. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing), San Diego, California (USA)*, volume 3661, pages 170–181. SPIE Press, February 1999.
- [NHAn98] Christophoros Nikou, Fabrice Heitz, Jean-Paul Armspach, and Izzie-Jacques namer. Single and multimodal subvoxel registration of dissimilar medical images using robust similarity measures. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of SPIE Medical Imaging, San Diego, CA (USA)*, volume 3338, pages 167–178. SPIE Press, February 1998.
- [NvSE⁺99] Wiro Niessen, Alexander Montauban van Swijndregt, Bernard Elsman, Onno Wink, Max Viergever, and Willem Mali. Enhanced artery visualization in blood pool MRA: Results in the peripheral structures. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 340–345. Springer Verlag, June/July 1999.
- [OJ98] Jarkko T. Oikarinen and Lasse J. Jyrkinen. Maximum intensity projection by 3-dimensional seed filling in view lattice. *Computer Networks and ISDN Systems*, 30:2003–2014, 1998.
- [ØLL⁺98] Lasse Riis Østergaard, Jacob Lind, Ole Wilhelm Larsen, Henning Nielsen, Niels Jacob Bartholdy, and Jens Haase. System for 3D localization of malformations in the human brain. *Machine Graphics and Vision*, 7(1/2):159–167, 1998.
- [OME99] Heinrich M. Overhoff, André Mastmeyer, and Jan Ehrhardt. Automatic landmark identification in 3D image volumes by topography conserving approximation of contour data. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing), San Diego, California (USA)*, volume 3661, pages 632–640. SPIE Press, February 1999.
- [PCA99] Xavier Pennec, Pascal Cachier, and Nicholas Ayache. Understanding the “demon’s algorithm”: 3D non-rigid registration by gradient descent. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 597–605. Springer Verlag, September 1999.

- [PCS⁺89] Charles A. Pelizzari, George T. Y. Chen, Danny R. Spelbring, Ralph R. Weichselbaum, and Chin-Yu Chen. Accurate three-dimensional registration of CT, PET and/or MR images of the brain. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 13(1):20–26, January/February 1989.
- [PEMS⁺97] Luc Picard, Éric Maurincomme, Michael Söderman, Jacques Feldmar, René Anxionnat, Laurent Launay, Kaj Ericson, Grégoire Malandain, Serge Bracard, Erwan Kerrien, Olof Flodmark, and Nicholas Ayache. X-ray angiography in stereotactic conditions: Techniques and interest for interventional neuroradiology. *Stereotactic and Functional Neurosurgery*, 68:117–120, 1997.
- [Peu94] B. Peuchot. Utilisation de détecteurs subpixels dans la modélisation d'une caméra. In *Actes du 9^e Congrès AFCET, Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle, Paris*, pages 691–695, 1994.
- [PHM⁺94] T. M. Peters, C. J. Henri, P. Munger, A. M. Takahashi, A. C. Evans, B. Davey, and A. Olivier. Integration of stereoscopic DSA and 3D MRI for image-guided neurosurgery. *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 18(4):289–299, 1994.
- [PMA96] Jinah Park, Dimitri Metaxas, and Leon Axel. Analysis of left ventricular wall motion based on volumetric deformable models and MRI-SPAMM. *Medical Image Analysis*, 1(1):53–71, 1996.
- [PMV99] Josien P. W. Pluim, J. B. Antoine Maintz, and Max A. Viergever. Mutual information matching and interpolation artefacts. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing), San Diego, California (USA)*, volume 3661, pages 56–65. SPIE Press, February 1999.
- [Pow76] M. J. D. Powell. An method for minimizing a sum of squares of non-linear functions without calculating the derivatives. *Computer Journal*, 7:303–307, 1976.
- [PS97] Nitin Patel and David Sandeman. A simple trajectory guidance device that assists free-hand and interactive image guided biopsy of small deep intracranial targets. *Computer Aided Surgery*, 2:186–192, 1997.
- [PvG98] C. Pohl and J. L. van Genderen. Multisensor image fusion in remote sensing: Concepts, methods and applications. *International Journal of Remote Sensing*, 19(5):823–854, 1998.
- [PWL⁺98] Graeme P. Penney, Jürgen Weese, John A. Little, Paul Desmedt, Derek L. G. Hill, and David J. Hawkes. A comparison of similarity measures for use in 2D–3D medical image registration. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(4):586–595, August 1998.
- [RA97] Subrata Rakshit and Charles H. Anderson. Computation of optical flow using basis functions. *IEEE Transactions on Image Processing*, 6(9):1246–1254, September 1997.
- [RCL99] C. E. Rodríguez-Carranza and M. H. Loew. Global optimization of weighted mutual information for multimodality image registration. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image Processing), San Diego, California (USA)*, volume 3661, pages 89–96. SPIE Press, February 1999.
- [RFS99] Karl Rohr, Mike Fornefett, and H. Siegfried Stiehl. Approximating thin-plate splines for elastic registration: Integration of landmark errors and orientation attributes. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 252–265. Springer Verlag, June/July 1999.
- [RMAP99] Alexis Roche, Grégoire Malandain, Nicholas Ayache, and Sylvain Prima. Towards a better comprehension of similarity measures used in medical image registration. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 555–566. Springer Verlag, September 1999.
- [RMPA98a] Alexis Roche, Grégoire Malandain, Xavier Pennec, and Nicholas Ayache. The correlation ratio as a new similarity measure for multimodal image registration. In W. M. Wells III, A. Colchester, and S. Delp, editors, *Proceedings of the First International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge, Massachusetts*

- (USA), number 1496 in Lecture Notes in Computer Science, pages 1115–1124. Springer Verlag, October 1998.
- [RMPA98b] Alexis Roche, Grégoire Malandain, Xavier Pennec, and Nicholas Ayache. Multimodal image registration by maximization of the correlation ratio. Technical Report 3378, Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, August 1998. Disponible sur <http://www.inria.fr/RRRT/publications-eng.html>.
- [Roh98] Karl Rohr. Image registration based on thin-plate splines and local estimates of anisotropic landmark localization uncertainties. In W. M. Wells III, A. Colchester, and S. Delp, editors, *Proceedings of the First International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge, Massachusetts (USA)*, number 1496 in Lecture Notes in Computer Science, pages 1174–1183. Springer Verlag, October 1998.
- [Roh99] Karl Rohr. Extraction of 3D anatomical point landmarks based on invariance principle. *Pattern Recognition*, 32(1):3–15, 1999.
- [RPTP93] Anne Rougée, Catherine Picard, Yves Troussset, and Cyril Ponchut. Geometrical calibration for 3D X-ray imaging. In Y. Kim, editor, *Proceedings of SPIE Medical Imaging*, volume 1897, pages 161–169. SPIE Press, June 1993.
- [RSS+96] K. Rohr, H. S. Stiehl, R. Sprengel, W. Beil, T. M. Buzug, J. Weese, and M. H. Kuhn. Point-based elastic registration of medical image data using approximating thin-plate splines. In K. H. Höhne and R. Kikinis, editors, *Proceedings of Visualization in Biomedical Computing*, pages 297–306. Springer Verlag, September 1996.
- [RSS+97] K. Rohr, H. S. Stiehl, R. Sprengel, W. Beil, T. M. Buzug, J. Weese, and M. H. Kuhn. Landmark-based elastic matching of tomographic images. In B. Anrolds, H. Müller, D. Saupe, and T. Tolxdorff, editors, *Proceedings of the Freiburger Workshop 1997: Digitale Bildverarbeitung in der Medizin, Freiburg (Germany)*, pages 163–168, March 1997.
- [RWA94] Jagath C. Rajapakse, Richard Wasserman, and Raj Acharya. Multimodality fusion of physiological images using regularization theory and deformable models. In Eric A. Hoffman and Raj S. Acharya, editors, *Proceedings of SPIE Medical Imaging*, volume 2168, pages 246–255. SPIE Press, May 1994.
- [SBS93] K. Shields, D. C. Barber, and S. B. Sherriff. Image registration for the investigation of atherosclerotic plaque movement. In H.H. Barrett and A.F. Gmitro, editors, *Proceedings of the 13th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Flagstaff, Arizona (USA)*, number 687 in Lecture Notes in Computer Science, pages 438–458. Springer Verlag, June 1993.
- [SCD99] Colin Studholme, R. Todd Constable, and James S. Duncan. Incorporating an image distortion model in non-rigid alignment of EPI with conventional MRI. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 454–459. Springer Verlag, June/July 1999.
- [ŠD99] Oskar M. Škrinjar and James S. Duncan. Real time 3D brain shift compensation. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 42–55. Springer Verlag, June/July 1999.
- [SGBA93] Thilaka S. Sumanaweera, Gary H. Glover, Thomas O. Binford, and John R. Adler. MR susceptibility misregistration correction. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 12(2):251–259, June 1993.
- [SGH+95] Thilaka S. Sumanaweera, Gary H. Glover, Paul F. Hemler, Petra A. Van den Elsen, David Martin, John R. Adler, and Sandy Napel. MR geometric distortion correction for improved frame-based stereotaxic target localization accuracy. *Magnetic Resonance in Medicine*, 34:106–113, 1995.
- [SHC+99] Yung-Nien Sun, Shu-Chien Huang, Fwn-Jeng Chen, Chin-Yin Yu, and Tong-Yee Lee. Identification of vessel contours from three-dimensional magnetic resonance angiograms. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Medical Imaging (Image*

- Processing*), San Diego, California (USA), volume 3661, pages 322–329. SPIE Press, February 1999.
- [SHH95a] C. Studholme, D. L. G. Hill, and D. J. Hawkes. Automated 3D MR and PET brain image registration. In *Proceedings of Computer Assisted Radiology, Berlin (Germany)*, pages 248–253, June 1995.
- [SHH95b] Colin Studholme, Derek L. G. Hill, and David J. Hawkes. Multiresolution voxel similarity measures for MR–PET registration. In Y. Bizais et al, editor, *Proceedings of the 14th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Ile de Berder (France)*, pages 287–298. Kluwer Academic Publishers, June 1995.
- [SHH96] Colin Studholme, Derek L. G. Hill, and David J. Hawkes. Automated 3D registration of MR and CT images of the head. *Medical Image Analysis*, 1(2):163–175, 1996.
- [SHH98] C. Studholme, D. J. Hawkes, and D. L. G. Hill. A normalised entropy measure for multimodality image alignment. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of SPIE Medical Imaging, San Diego, CA (USA)*, volume 3338, pages 132–143. SPIE Press, February 1998.
- [SHL95] Sheng-Wen Shih, Yi-Ping Hung, and Wei-Song Lin. When should we consider lens distortion in camera calibration. *Pattern Recognition*, 28(3):447–461, 1995.
- [SLP+96] C. Studholme, J. A. Little, G. P. Penney, D. L. G. Hill, and D. J. Hawkes. Automated multimodality registration using the full affine transformation: Application to MR and CT guided skull base surgery. In K. H. Höhne and R. Kikinis, editors, *Proceedings of the 4th International Conference on Visualization in Biomedical Computing, Hamburg (Germany)*, number 1131 in Lecture Notes in Computer Science, pages 601–606. Springer Verlag, September 1996.
- [SNA+97] Yoshinobu Sato, Shin Nakajima, Hideki Atsumi, Thomas Koller, Guido Gerig, Shigeyuki Yoshida, and Ron Kikinis. 3D multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images. In J. Troccaz, E. Grimson, and R. Mösges, editors, *Proceedings of the First International Joint Conference on Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine – Medical Robotics and Computer Assisted Surgery, Grenoble (France)*, number 1205 in Lecture Notes in Computer Science, pages 213–222. Springer Verlag, 1997.
- [SSC+98] Pengcheng Shi, Albert J. Sinusas, R. Todd Constable, Erik Ritman, and James S. Duncan. Point-tracked quantitative analysis of left ventricular motion from 3D image sequences. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 1998. Accepted.
- [Sum92] Thilaka S. Sumanaweera. *Segmentation and Distortion Correction in Medical Imaging*. PhD thesis, Stanford University, 1992.
- [TB96] Jean-Philippe Tarel and Nozha Boujemaa. Une approche floue du recalage 3D : Généricité et robustesse. In *Actes du 10^e congrès AFCET, Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle, Rennes (France)*, 1996.
- [Thi95] Jean-Philippe Thirion. Fast non-rigid matching of 3D medical images. Technical Report 2547, Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique, May 1995. Disponible sur <http://www.inria.fr/RRRT/publications-eng.html>.
- [TJGC92] T. G. Turkington, R. J. Jaszczak, K. L. Greer, and R. E. Coleman. Correlation of SPECT images of a three-dimensional brain phantom using a surface fitting technique. *IEEE Transactions on Nuclear Science*, 39(5):1460–1463, October 1992.
- [Tos87] Giorgio Toscani. *Systèmes de Calibration Optique et Perception du Mouvement en Vision Artificielle*. Thèse de doctorat, Université de Paris-Sud, 1987.
- [TPD98] Jocelyne Troccaz, Michael Peshkin, and Brian Davies. Guiding systems for computer-assisted surgery (cas): Introducing synergistic devices and discussing the different approaches. *Medical Image Analysis*, 2(2):1–19, 1998.
- [TRU98] Philippe Thévenaz, Urs E. Ruttiman, and Michael Unser. A pyramid approach to sub-pixel registration based on intensity. *IEEE Transactions on Image Processing*, 7(1):27–41, January 1998.

- [TT88] J. Talairach and P. Tournoux. *Co-planar Stereotaxic Atlas of the Human Brain*. Thieme Medical Publishers, Inc, New York, 1988.
- [TU96] Philippe Thévenaz and Michael Unser. A pyramid approach to sub-pixel image fusion based on mutual information. In *Proceedings of the IEEE International Conference on Image Processing, Lausanne (Switzerland)*, pages 265–268. vol. 1, September 1996.
- [TU97] Philippe Thévenaz and Michael Unser. Spline pyramids for inter-modal image registration using mutual information. In *Proceedings of SPIE, Wavelets Applications in Signal and Image Processing V, San Diego, CA (USA)*, volume 3169, pages 236–247. SPIE Press, July/August 1997.
- [TU98] Philippe Thévenaz and Michael Unser. An efficient mutual information optimizer for multiresolution image registration. In *Proceedings of the IEEE International Conference on Image Processing, Chicago, IL (USA)*, pages 833–837. vol. 1, October 1998.
- [Vai90] Régis Vaillant. *Géométrie Différentielle et Vision par Ordinateur: Détection et Reconstruction des Contours d'Occultation d'un Objet Non-polyédrique*. PhD thesis, Université de Paris Sud, centre d'Orsay, 1990.
- [VD99] Marc Vaillant and Christos Davatzikos. Hierarchical matching of cortical features for deformable brain image registration. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 182–195. Springer Verlag, June/July 1999.
- [vdEMPV95] Petra A. van den Elsen, J. B. Antoine Maintz, Evert-Jan D. Pol, and Max A. Viergever. Automatic registration of CT and MR brain images using correlation of geometrical features. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 14(2):384–396, June 1995.
- [vdEPS+94] P. A. van den Elsen, E.-J. D. Pol, T. S. Sumanaweera, P. F. Hemler, S. Napel, and J. R. Adler. Grey value correlation techniques used for automatic matching of CT and MR brain and spine images. In R. Robb, editor, *Proceedings of the SPIE Conference on Visualization in Biomedical Computing, Bellingham, Washington (USA)*, volume 2359, pages 227–237. SPIE Press, 1994.
- [vdEPV93] P. A. van den Elsen, E. J. D. Pol, and M. A. Viergever. Medical image matching – a review with classification. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, 12(1):26–39, March 1993.
- [vdEVvH+91] P. A. van den Elsen, M. A. Viergever, A. C. van Huffelen, W. van der Meij, and G. H. Wieneke. Accurate matching of electromagnetic dipole data with CT and MR images. *Brain Topography*, 3:425–432, 1991.
- [vHGdMT97] M. van Herk, K. G. A. Gilhuijs, J. de Munck, and A. Touw. Effect of image artifacts, organ motion, and poor segmentation on the reliability and accuracy of three-dimensional chamfer matching. *Computer Aided Surgery*, 2:346–355, 1997.
- [vHK94] M. van Herk and H. M. Kooy. Optimisation of parameters of an automatic three-dimensional correlation method for CT, MRI and SPECT images. In *Proceedings of the 11th International Conference on the use of Computers in Radiation Therapy, Manchester (UK)*, pages 220–221, 1994.
- [VHS+97] B. C. Vemuri, S. Huang, S. Sahni, C. M. Leonard, C. Mohr, T. Lucas, R. Gilmore, and J. Fiszsimons. A robust and efficient algorithm for image registration. In J. Duncan and G. Gindi, editors, *Proceedings of the 15th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Poultney, Vermont (USA)*, number 1230 in Lecture Notes in Computer Science, pages 465–470. Springer Verlag, June 1997.
- [VM95] Francis R. Verdun and Alan G. Marshall. *Transformée de Fourier: Applications en RMN et IRM*. Mesures Physiques. Masson, 1995.
- [VMS97] Max A. Viergever, J. B. Antoine Maintz, and Rik Stokking. Integration of functional and anatomical brain images. *Biophysical Chemistry*, 68:207–219, 1997.
- [VVM+93] R. Verbeeck, D. Vandermeulen, J. Michiels, P. Suetens, G. Marchal, J. Gybels, and B. Nuttin. Computer assisted stereotactic neurosurgery. *Image and Vision Computing*, 11(8):468–485, October 1993.

- [vVYV98] Lucas J. van Vliet, Ian T. Young, and Piet W. Verbeek. Recursive Gaussian derivative filters. In A. K. Jain, S. Ventakesh, and B. C. Lovell, editors, *Proceedings of the 14th International Conference on Pattern Recognition, Brisbane (Australia)*, pages 509–514. IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, August 1998.
- [VZB⁺97] Federico C. Vinas, Lucia Zamorano, Razvan Buciu, Qing Hang Li, Falah Shamsa, Zhaowei Jiang, and Fernando G. Diaz. Application accuracy study of a semipermanent fiducial system for frameless stereotaxis. *Computer Aided Surgery*, 2:257–263, 1997.
- [WBK⁺97] C. Rainer Wirtz, Mario M. Bonsanto, Michael Knauth, Volker M. Tronnier, Fritz K. Albert, Andreas Staubert, and Stefan Kunze. Intraoperative magnetic resonance imaging to update interactive navigation in neurosurgery: Method and preliminary experience. *Computer Aided Surgery*, 2:172–179, 1997.
- [WCH92] Juyang Weng, Paul Cohen, and Marc Herniou. Camera calibration with distortion models and accuracy evaluation. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(10):965–980, October 1992.
- [Web88] Steve Webb, editor. *Physics of Medical Imaging*. Institute of Physics Publishing, 1988.
- [Wes90] Lee Westover. Footprint evaluation for volume rendering. *Computer Graphics*, 24(4):367–376, August 1990.
- [WF99] Jay B. West and J. Michael Fitzpatrick. The distribution of target registration error in rigid-body, point-based registration. In A. Kuba, M. Šámal, and A. Todd-Pokropek, editors, *Proceedings of the 16th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Visegrád (Hungary)*, number 1613 in Lecture Notes in Computer Science, pages 460–465. Springer Verlag, June/July 1999.
- [WFW⁺97] Jay West, J. Michael Fitzpatrick, Matthew Y. Wang, Benoit M. Dawant, Calvin R. Maurer Jr, Robert M. Kessler, Robert J. Maciunas, Christian Barillot, Didier Lemoine, André Collignon, Frederik Maes, Paul Suetens, Dirk Vandermeulen, Petra A. van den Elsen, Sandy Napel, Thilaka S. Sumanaweera, Beth Harkness, Paul F. Hemler, Derek L. G. Hill, David J. Hawkes, Colin Studholme, J. B. Antoine Maintz, Max A. Viergever, Grégoire Malandain, Xavier Pennec, Marilyn E. Noz, Gerald Q. Maguire, Michael Pollack, Charles A. Pelizzari, Richard A. Robb, Dennis Hanson, and Roger P. Woods. Comparison and evaluation of retrospective intermodality brain image registration techniques. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 21(4):554–566, July/August 1997.
- [WIVA⁺96] William M. Wells III, Paul Viola, Hideki Atsumi, Shin Nakajima, and Ron Kikinis. Multi-modal volume registration by maximization of mutual information. *Medical Image Analysis*, 1(1):35–51, 1996.
- [WIVK95] W. M. Wells III, P. Viola, and R. Kikinis. Multi-modal volume registration by maximization of mutual information. In *Proceedings of the Second International Symposium on Medical Robotics and Computer Assisted Surgery*, pages 35–51, 1995.
- [WKPS87] A. M. Waxman, B. Kamgar-Parsi, and M. Subbarao. Closed-Form Solutions to Image Flow Equations for 3D Structure and Motion. *International Journal of Computer Vision*, 1:239–258, 1987.
- [WMC93] Roger P. Woods, John C. Mazziotta, and Simon R. Cherry. MRI–PET registration with automated algorithm. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 17(4):536–546, July/August 1993.
- [WRN⁺99] J. Weese, P. Rösch, T. Netsch, T. Blaffert, and M. Quist. Gray-value based registration of CT and MR images by maximization of local correlation. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 656–663. Springer Verlag, September 1999.
- [YvV95] Ian T. Young and Lucas J. van Vliet. Recursive implementation of the gaussian filter. *Signal Processing*, 44:139–151, 1995.
- [ZKV94] Karel J. Zuiderveld, A. H. J. Koning, and Max A. Viergever. Techniques for speeding

up high-quality perspective maximum intensity projection. *Pattern Recognition Letters*, 15:507–517, May 1994.

[ZLW⁺90] Jingxi Zhang, Michel F. Levesque, Charles L. Wilson, Ronald M. Harper, Jerome Engel Jr, R. Lufkin, and Eric J. Behnke. Multimodality imaging of brain structures for stereotactic surgery. *Radiology*, 175:435–441, 1990.

[ZTL⁺93] S. James Zinreich, Scot A. Tebo, Donlin M. Long, Henry Brem, Douglas E. Mattox, Mark E. Loury, Craig A. Vander Kolk, Wayne M. Koch, David W. Kennedy, and R. Nick Bryan. Frameless stereotactic integration of CT imaging data: Accuracy and initial applications. *Radiology*, 188:735–742, 1993.

Liste des publications

- [1] Luc Picard, Éric Maurincomme, Michael Söderman, Jacques Feldmar, René Anxionnat, Laurent Launay, Kaj Ericson, Grégoire Malandain, Serge Bracard, Erwan Kerrien, Olof Flodmark, and Nicholas Ayache. X-ray angiography in stereotactic conditions: Techniques and interest for interventional neuroradiology. *Stereotactic and Functional Neurosurgery*, 68:117–120, 1997.
- [2] Erwan Kerrien and Marie-Odile Berger. Étude de la précision de la machine pour le recalage 2D/3D d'images d'angiographie soustraite. In *Actes des Journées Francophones des Jeunes Chercheurs en Analyse d'Images et Perception Visuelle, Sophia Antipolis (France)*, octobre 1997.
- [3] Erwan Kerrien, Régis Vaillant, Laurent Launay, Marie-Odile Berger, Éric Maurincomme, and Luc Picard. Machine precision assessment in 3D/2D subtracted angiography registration. In K. M. Hanson, editor, *Proceedings of SPIE Medical Imaging, San Diego, CA (USA)*, volume 3338, pages 39–49. SPIE Press, February 1998.
- [4] Erwan Kerrien, Marie-Odile Berger, Éric Maurincomme, Laurent Launay, Régis Vaillant, and Luc Picard. Recalage automatique d'images d'angiographie soustraite 2D et 3D. In *Actes des Journées Francophones des Jeunes Chercheurs en Analyse d'Images et Perception Visuelle, Aussois (France)*, pages 93–102, avril 1999.
- [5] Erwan Kerrien, Laurent Launay, Marie-Odile Berger, Éric Maurincomme, Régis Vaillant, and Luc Picard. Fully automatic 3D/2D subtracted angiography registration. In *Proceedings of the 13th International Conference on Computer Assisted Radiology and Surgery, Paris (France)*. Elsevier Science B.V., Excerpta Medica, International Congress Series 1165, June 1999.
- [6] E. Kerrien, M.-O. Berger, E. Maurincomme, L. Launay, R. Vaillant, and L. Picard. Fully automatic 3D/2D subtracted angiography registration. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Cambridge (UK)*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 664–671. Springer Verlag, September 1999.

**AUTORISATION DE SOUTENANCE DE THESE
DU DOCTORAT DE L'INSTITUT NATIONAL
POLYTECHNIQUE DE LORRAINE**

o0o

VU LES RAPPORTS ETABLIS PAR :

Monsieur AYACHE Nicholas, Directeur de Recherches INRA, INRA Sophia-Antipolis,
Monsieur BRADY Michael, Professeur, Université d'Oxford (Grande-Bretagne),
Monsieur MALLET Jean-Laurent, Professeur, Département Informatique ENSG/INPL.

Le Président de l'Institut National Polytechnique de Lorraine, autorise :

Monsieur KERRIEN Erwan

NANCY BRABOIS
2, AVENUE DE LA
FORET-DE-HAYE
BOITE POSTALE 3
F - 5 4 5 0 1
VANDOEUVRE CEDEX

à soutenir devant un jury de l'INSTITUT NATIONAL POLYTECHNIQUE DE LORRAINE,
une thèse intitulée :

"Outils d'imagerie multimodalité pour la neuroradiologie interventionnelle".

en vue de l'obtention du titre de :

DOCTEUR DE L'INSTITUT NATIONAL POLYTECHNIQUE DE LORRAINE

Spécialité : **"INFORMATIQUE"**

Service Commun de la Documentation
INPL
Nancy-Brabois

Fait à Vandoeuvre le, 4 Janvier 2000

Le Président de l'I.N.P.L.,

J. HARDY



Résumé

Dans le cadre de la neuroradiologie interventionnelle, le médecin utilise diverses *modalités* d'imagerie : l'angiographie numérique soustraite (*DSA*), l'angiographie tridimensionnelle (*3DXA*) et l'imagerie par résonance magnétique (*IRM*). Leur complémentarité ne peut être rentabilisée que si celles-ci sont *recalées*. Ce travail de thèse propose des solutions au problème des recalages *DSA/3DXA* puis *3DXA/IRM* qui ne requièrent aucune segmentation.

Le recalage d'une image *DSA* avec un volume *3DXA* est abordé comme la recherche des paramètres d'une projection conique perturbée par un champ de distorsions. Nous décrivons des procédures de calibration de la machine d'angiographie qui permettent de retrouver les distorsions par interpolation et conduisent à une estimation fiable des paramètres intrinsèques de la projection conique.

La question du recalage *DSA/3DXA* se pose alors comme l'estimation des paramètres extrinsèques de la projection conique. Nous décrivons un algorithme original pour les retrouver en se basant sur la comparaison de l'image *DSA* avec la projection en maximum d'intensité (*projection MIP*) du volume *3DXA*. Un recalage initial est réalisé en maximisant le score de corrélation linéaire puis le résultat est affiné à travers une procédure itérative faisant intervenir un calcul de flux optique.

Le recalage *3DXA/IRM* est enfin étudié. Le principal obstacle réside dans la très grande différence qui existe entre les signaux. Afin de le surmonter, nous proposons une approche basée sur la définition modulaire d'un critère de similarité de voxels. Son principe consiste à filtrer les données pour les rendre plus similaires, puis de les comparer par un critère de corrélation. La mise en œuvre de cette stratégie pour le cas particulier du recalage *3DXA/IRM* conduit à un algorithme original, à la fois précis et rapide. Cet algorithme est validé par comparaison avec le résultat d'un recalage entièrement manuel.

Summary

Interventional neuroradiologists make use of diverse imaging *modalities*: digital subtracted angiography (*DSA*), 3D angiography (*3DXA*) and magnetic resonance imaging (*MRI*). The physician will fully benefit from their complementarity only when these modalities are *registered*. This thesis suggests solutions to the *DSA/3DXA* and *3DXA/MRI* registration problems that do not require any segmentation step.

The registration of a *DSA* image with a *3DXA* volume is considered as the search for the parameters of a conic projection perturbed by a distortion field. Procedures are described to calibrate the angiography machine that allow to recover the distortion field by interpolation and enable a precise estimation of the intrinsic parameters of the conic projection.

The *DSA/3DXA* registration problem is then equivalent to the extrinsic parameters estimation. An original algorithm is described to recover them by comparing the *DSA* image to the maximum intensity projection (*MIP*) of the *3DXA* volume. An initial match is reached by maximizing the correlation. The result is then refined through an iterative procedure based on the optical flow calculation.

Lastly, the *3DXA/MRI* registration is studied. The main obstacle lies in the huge difference between both signals. In order to overcome this, we devised an approach based on the modular definition of a voxel similarity measure. It consists in filtering the data to make them more similar, the comparison being then performed thanks to a linear correlation criterion. Applying this strategy to the *3DXA/MRI* registration leads to an original, fast and precise algorithm. This algorithm has been validated by comparing it to a fully manual registration.