

THÈSE

présentée à

L'ÉCOLE CENTRALE DE PARIS

pour obtenir le grade de

DOCTEUR

Spécialité

GÉNIE DES SYSTÈMES

par

Gérard SUBSOL

Sujet de la thèse:

**CONSTRUCTION AUTOMATIQUE D'ATLAS
ANATOMIQUES MORPHOMÉTRIQUES
À PARTIR D'IMAGES MÉDICALES
TRIDIMENSIONNELLES**

Soutenue le 20 décembre 1995 à l'E'cole Centrale de Paris devant le jury
composé de :

Mme	Isabelle	BLOCH	Rapporteurs
M.	Philippe	CINQUIN	
MM.	Nicholas	AYACHE	Directeur
	David	DEAN	Examineurs
	Jean-Marie	ROCCHISANI	
	Christian	SAGUEZ	
	Jean-Philippe	THIRION	

Remerciements

Cette thèse du Laboratoire Mathématiques Appliquées aux Systèmes de l'École Centrale de Paris s'est déroulée au sein du projet Epidaure de l'Institut National de Recherche en Informatique et en Automatique de Sophia Antipolis. Elle n'a pu être réalisée qu'avec la collaboration, le soutien et les encouragements de nombreuses personnes.

J'exprime toute ma reconnaissance à M. Nicholas Ayache qui m'a accueilli dans le projet Epidaure et m'a soutenu durant toute la thèse tout en me laissant une grande liberté dans le choix de mes orientations de recherche.

Je remercie vivement M. Jean-Philippe Thirion pour m'avoir patiemment initié aux « lignes de crête » et pour m'avoir guidé dans la problématique du traitement des images tridimensionnelles.

J'exprime ma profonde gratitude à Mme Isabelle Bloch et M. Philippe Cinquin qui ont accepté la lourde tâche d'être rapporteur de cette thèse et en ont éclairci de nombreux points.

Je remercie M. David Dean pour les nombreuses discussions que nous avons eues et son accueil chaleureux lors de mes deux passages à Cleveland.

Je suis très reconnaissant à MM. Jean-Marie Rocchisani et Christian Saguez qui me font l'honneur de participer au jury et d'apporter leur point de vue de médecin hospitalier et d'industriel.

J'exprime ma sympathie à tous mes collègues et mes amis pour leur enthousiasme, leur aide et même leurs critiques : Alexis, Benoît, Chahab, Élisabeth, Éric, Fabienne, Françoise, Grégoire, Hervé, Jean-Christophe, Jérôme (D. et P.), Lewis, Luc, Marta, Mike, Morten, Patrice, Sara, Serge, Stéphane, Xavier et, tout particulièrement, Jacques qui a stoïquement résisté à 40 mois de cohabitation.

Rien n'aurait pu être réalisé sans la charmante et efficace assistance de la

« Doc » et le soutien permanent des « gourous » du SEMIR.

Cette thèse n'aurait sans doute jamais abouti sans l'indéfectible soutien de mes parents et de ma famille ; qu'ils soient ici tous remerciés.

Table des matières

I	Introduction	1
1	Présentation du problème	3
1.1	Introduction	3
1.2	Description du problème	5
1.3	Pourquoi les atlas anatomiques sur papier ne sont-ils plus suffisants?	8
1.3.1	Une visualisation malaisée	8
1.3.2	L'absence de données quantitatives	8
1.3.3	Une précision limitée	11
1.4	Les atlas anatomiques informatiques et leurs applications	12
1.4.1	La base de données	13
1.4.2	La mise en correspondance normalisée	14
1.4.3	L'assistance passive pour la thérapie	16
1.4.4	L'analyse de la forme et des déformations	17
1.4.5	Vers l'automatisation du diagnostic	19
1.4.6	Vers l'automatisation de la thérapie	19
1.5	Les limitations des atlas anatomiques informatiques actuels	21
1.6	Conclusion	22
2	Description générale de la méthode	23
2.1	Comment construire un atlas anatomique informatique?	23
2.2	La méthode proposée	25
2.2.1	Extraction des caractéristiques	26
2.2.2	Mise en correspondance des caractéristiques	26
2.2.3	Extraction des ensembles de caractéristiques communes	26
2.2.4	Moyenne des caractéristiques communes	26
2.2.5	Analyse statistique des caractéristiques communes	28
2.2.6	Conclusion	28

2.3	Un prétraitement indispensable: la segmentation	28
2.4	Plan de la thèse et principales contributions	30
II	Les différentes étapes de la méthode	33
3	Extraction des caractéristiques	35
3.1	Introduction	35
3.2	Rappels en géométrie différentielle des surfaces	36
3.3	Définition des lignes de crête	41
3.4	Extraction pratique des lignes de crête	43
3.4.1	Une formulation discrète des conditions différentielles . . .	43
3.4.2	L'algorithme du « Marching Lines »	43
3.4.3	Comment obtenir de « belles » lignes de crête?	46
3.5	Quelques exemples de lignes de crête	53
3.5.1	Un objet manufacturé quasi-polyédrique: un moteur à ex- plosions	53
3.5.2	Une structure anatomique osseuse: le crâne	53
3.5.3	Une structure anatomique organique: le cerveau	55
3.5.4	Une séquence temporelle: le battement cardiaque	57
3.6	Signification anatomique des lignes de crête	61
3.6.1	Les lignes de crête du crâne	61
3.6.2	Les lignes de crête du cerveau	64
3.6.3	Discussion	64
3.7	D'autres caractéristiques linéaires	68
3.8	Description résumée de l'étape 1	69
4	Mise en correspondance des caractéristiques	71
4.1	Position du problème	71
4.2	Quelques travaux antérieurs	78
4.3	L'algorithme du « Point le plus Proche Itéré »	80
4.4	Description de l'algorithme de mise en correspondance	82
4.4.1	Présentation générale	82
4.4.2	Appariements des points	82
4.4.3	Appariements des lignes	88
4.4.4	Calcul de la transformation	95
4.4.5	Application de la transformation	105

4.4.6	Fin du processus	105
4.5	Les résultats obtenus	112
4.6	Un exemple de mise en correspondance	113
4.7	Influence du sous-échantillonnage	114
4.8	Description résumée de l'étape 2	116
5	Extraction des ensembles de caractéristiques communes	119
5.1	Description de l'algorithme	119
5.1.1	Présentation générale	119
5.1.2	Explicitation de l'algorithme	122
5.1.3	Quelques remarques	123
5.1.4	Application à l'étiquetage automatique	124
5.2	Les lignes communes du crâne	124
5.3	Les lignes communes du cerveau	130
5.4	Description résumée de l'étape 3	131
6	Moyenne des caractéristiques communes	137
6.1	Présentation du problème	137
6.1.1	Une définition de la moyenne de lignes tridimensionnelles	137
6.1.2	Une proposition de moyenne de lignes tridimensionnelles	140
6.1.3	D'autres travaux sur la moyenne de forme	142
6.2	Présentation de l'algorithme	145
6.2.1	La signification anatomique de la moyenne	145
6.2.2	Extraction des lignes à moyenner	147
6.2.3	Rééchantillonnage régulier des points des lignes	147
6.2.4	Obtention des appariements	149
6.2.5	Obtention de la déformation entre les lignes	150
6.2.6	Présentation de l'analyse modale	150
6.2.7	Lissage des déformations	155
6.2.8	Obtention de la ligne moyenne	158
6.3	Un atlas du crâne	160
6.4	Un atlas du cerveau	163
6.5	Choix de l'ensemble de référence	163
6.6	Description résumée de l'étape 4	167

7	Analyse statistique des caractéristiques communes	169
7.1	Présentation du problème	169
7.2	Quelques exemples d'analyse des formes	169
7.3	L'analyse en déformations fondamentales	172
7.4	Description de la méthode	174
7.5	Etude de la validité de l'atlas	176
7.5.1	Invariance de l'atlas du crâne	176
7.5.2	Invariance de l'atlas du cerveau	180
7.6	Un exemple d'utilisation de la distance globale	180
7.7	Description résumée de l'étape 5	185
III	Résultats et perspectives	187
8	Quelques applications médicales	189
8.1	Introduction	189
8.2	Une application craniofaciale : étude d'une déformation maxillaire	190
8.2.1	Introduction	190
8.2.2	Etiquetage automatique	191
8.2.3	Extraction automatique d'une sous-structure	191
8.2.4	Assistance passive à la chirurgie	193
8.2.5	Analyse morphométrique	193
8.2.6	Vers un diagnostic automatique	194
8.2.7	Un « patient virtuel »	195
8.2.8	Vers une automatisation de l'opération chirurgicale	197
8.3	Une application neurologique : étude des déformations ventriculaires	197
8.3.1	Introduction	197
8.3.2	Etiquetage automatique	199
8.3.3	Extraction automatique d'une sous-structure	200
8.3.4	Analyse morphométrique	203
8.3.5	Vers un diagnostic automatique	205
8.4	Etude et simulation de la croissance de la tête d'un enfant	209
8.4.1	Introduction	209
8.4.2	Etiquetage automatique	209
8.4.3	Recalage dans un repère normalisé	211
8.4.4	Simulation de la croissance	211

8.4.5	Effet sur le visage	215
8.5	Mise en correspondance avec un atlas du cerveau	215
8.6	Une application en cardiologie: étude du mouvement cardiaque	218
8.6.1	Introduction	218
8.6.2	La méthode utilisée	223
8.6.3	Reconstruction du battement cardiaque	223
8.6.4	Suivi de trajectoires	226
8.7	Une perspective d'application en paléontologie	227
9	Conclusion et perspectives	231
9.1	Généralité des algorithmes	231
9.1.1	Le processus de segmentation	231
9.1.2	La première étape d'extraction des lignes	232
9.1.3	Les autres étapes	232
9.2	Généralité de la méthode	233
9.2.1	De nouvelles caractéristiques linéaires	233
9.2.2	D'autres types de caractéristiques?	233
9.3	Des algorithmes à améliorer	234
9.4	Des bases de données à compléter	235
9.5	La validation médicale des premiers résultats	236
9.6	Les perspectives	237
9.6.1	Recherche clinique	237
9.6.2	Simulation de chirurgie	238
9.7	Conclusion	238
IV	Bibliographie	239

Première partie

Introduction

Chapitre 1

Présentation du problème

1.1 Introduction

LES SYSTÈMES D'IMAGERIE MÉDICALE - scanographie, imagerie par résonance magnétique (IRM), médecine nucléaire (Tomographie par Émission Mono Photonique, Tomographie par Émission de Positons) ou ultrasons (échographie) [AWSH95] (voir figure 1.1) - sont en train de révolutionner le domaine médical [Eco94]. En effet, ils permettent d'obtenir de *manière non (ou peu)-invasive*, des images réellement *tridimensionnelles* de l'organisme avec une *très grande précision* (de l'ordre du millimètre). Les médecins utilisent de plus en plus ces données pour établir leur diagnostic, préparer le traitement ou planifier les gestes chirurgicaux et suivre l'évolution post-opératoire.

Pour cela, le médecin doit comparer les images médicales tridimensionnelles entre elles [Aya95]. Si nous supposons que les images sont acquises par le même procédé, nous pouvons distinguer trois types de comparaison :

- la comparaison entre images du même patient pour suivre l'évolution d'une maladie ou les conséquences d'une opération chirurgicale.
- la comparaison entre les images de deux patients différents - l'un sain et l'autre malade - afin de mettre en évidence les structures pathologiques.
- la mise en correspondance avec un *atlas anatomique informatisé*.

Cette dernière application est certainement la plus riche car elle permet un *repérage absolu* des structures anatomiques, ce qui ouvre des perspectives dans le cadre de l'automatisation du diagnostic et de la chirurgie. Dans cette thèse, nous

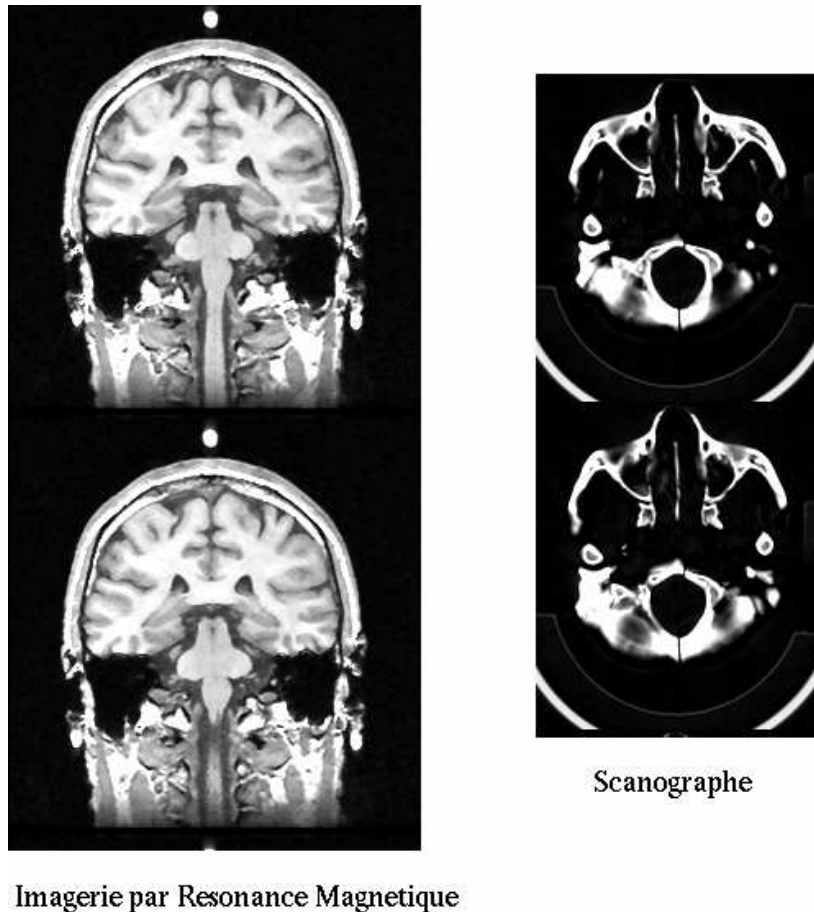


FIG. 1.1 – Deux exemples d'images médicales tridimensionnelles de la tête. A gauche, 2 coupes d'une image obtenue par Imagerie par Résonance Magnétique dont la résolution est de 123 coupes de 512×512 pixels ce qui permet de visualiser des détails d'environ 1,5mm dans n'importe quelle direction. A droite, 2 coupes d'une image obtenue par scanographie dont la résolution est de 256 coupes de 256×256 pixels ce qui permet de visualiser des détails d'environ 1mm.

nous proposons d'étudier les potentialités des atlas anatomiques informatisés et nous présentons un cadre général pour leur construction et leur utilisation.

1.2 Description du problème

Tout d'abord, définissons un atlas anatomique. Supposons que nous ayons plusieurs exemplaires d'une structure anatomique provenant de patients différents comme, par exemple, les 6 crânes $\mathcal{A} \dots \mathcal{F}$ ¹ présentés dans la figure 1.2 ou les 10 cerveaux² présentés dans la figure 1.3.

Un atlas construit à partir de ces bases de données doit prendre en compte aussi bien les ressemblances que les diversités des exemplaires afin de constituer un ensemble de *caractéristiques* qui vont servir de repères.

Pour cela, les caractéristiques doivent être :

- *génériques*, c'est-à-dire présentes dans tous les exemplaires de la base de données.
- *invariables* : dans chaque exemplaire, les caractéristiques doivent être à la même position.
- *anatomiquement significatives* : les caractéristiques devront mettre en exergue les zones qui ont un intérêt anatomique, par exemple, les zones pathologiques. Notons que l'intérêt dépend fortement de l'application médicale envisagée.

1. Les données scanographiques du crâne sec \mathcal{A} , de résolution 135 coupes de 256×256 pixels proviennent de General Electric Medical Systems Europe. Les données scanographiques des crânes secs \mathcal{B} , \mathcal{C} , \mathcal{D} , \mathcal{E} , \mathcal{F} (référéncées CMNH253, CMNH1273, CMNH672, CMNH939, CMNH1162) de résolution 150 coupes de 175×200 pixels proviennent de la collection Hamman-Todd du Musée d'Histoire Naturelle de Cleveland (Etats-Unis) et nous ont été fournies par MM. Bruce Latimer, Directeur du Laboratoire d'Anthropologie Physique du Musée, Court Cutting de l'Hôpital Universitaire de New York, David Dean, Professeur Associé des Départements d'Anatomie, d'Orthodontie et d'Ingénierie Biomédicale, Jon Haaga, Directeur et Professeur du Département de Radiologie, tous deux de l'Université Case Western Reserve (CWRU) de Cleveland, André Guézic et Mme Elizabeth Richards, technicienne du Département de Radiologie de la CWRU.

2. Ces données IRM (référéncées case1 ... case10) de résolution 123 coupes de 256×256 pixels proviennent du Brigham & Women's Hospital de la Harvard Medical School de Boston (Etats-Unis) et ont été fournies par M. Ron Kikinis.

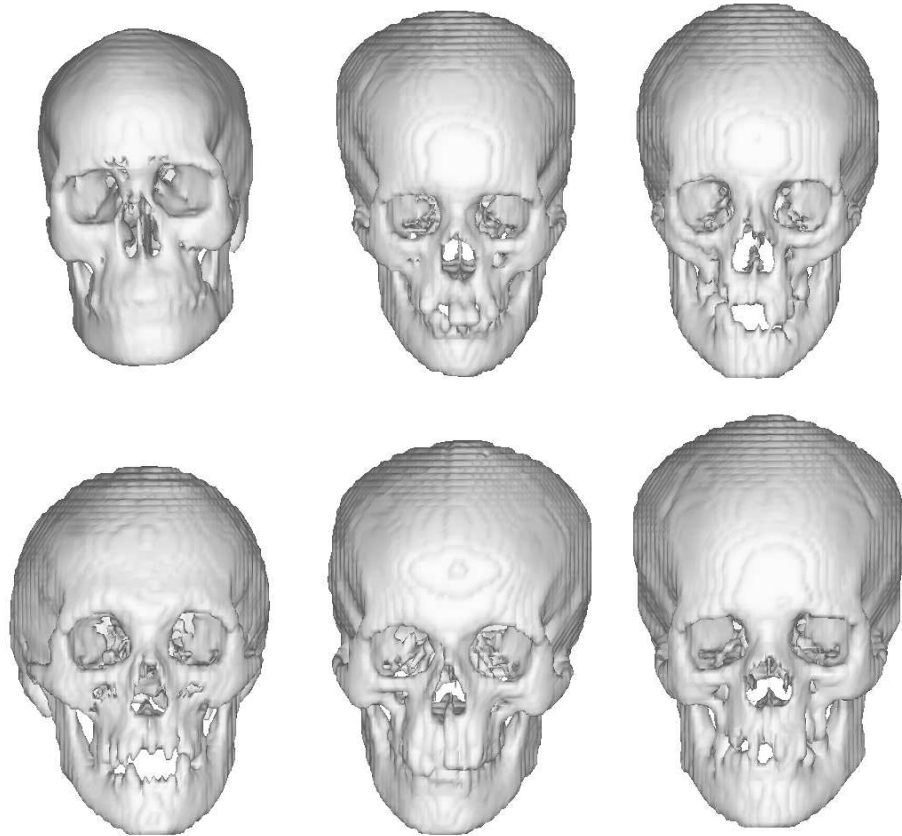


FIG. 1.2 – *Les crânes A, B, C, D, E, F. Ces surfaces ont été obtenues à partir d'images scanographiques très précises. Nous pouvons remarquer une grande diversité dans la taille et la forme des crânes.*

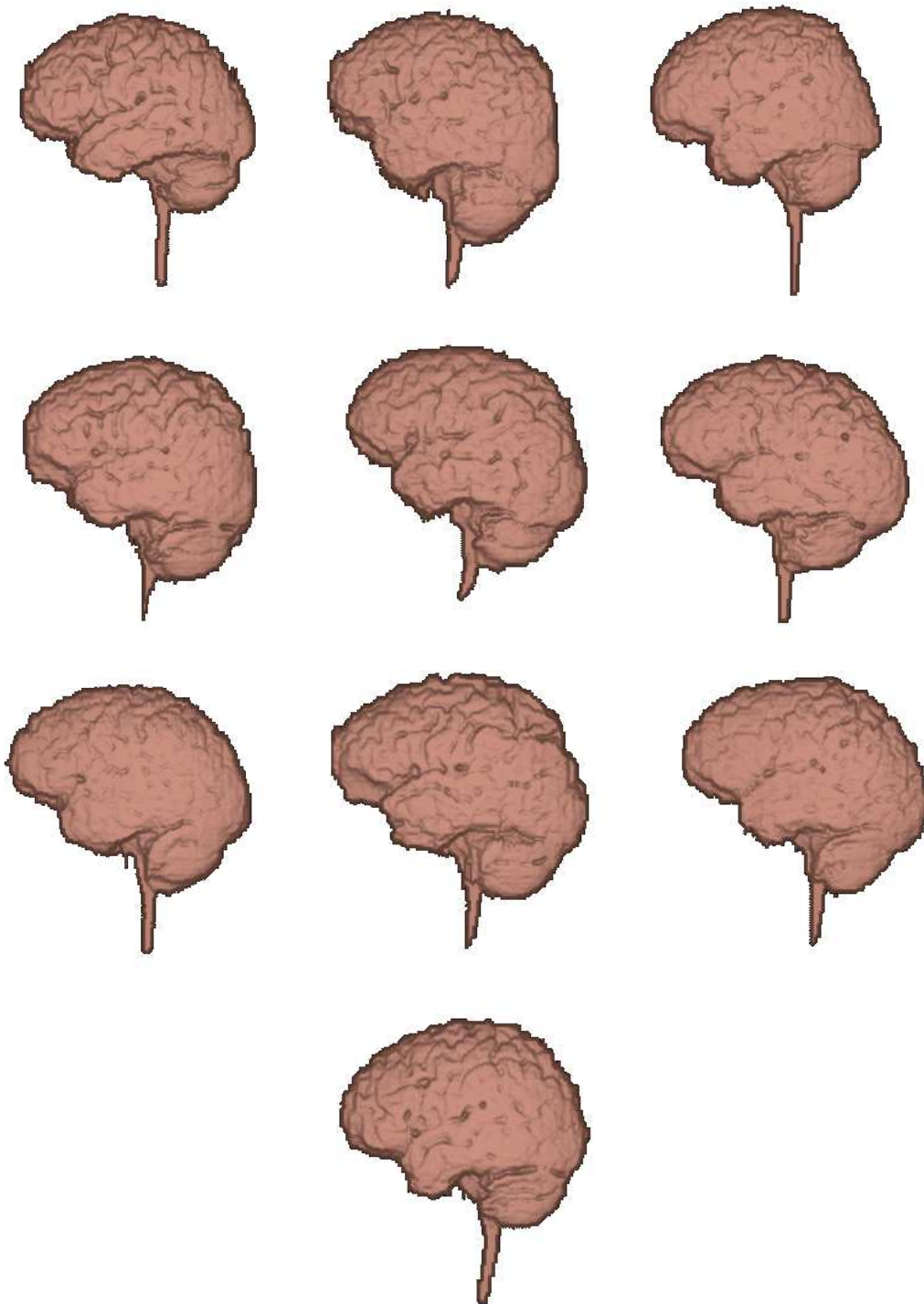


FIG. 1.3 – 10 cerveaux différents obtenus à partir d'images IRM. Nous pouvons remarquer une très grande diversité dans la morphologie du cerveau.

Si ces dernières années ont vu apparaître les premiers atlas anatomiques informatisés, le papier reste le support principal pour les atlas anatomiques utilisés quotidiennement par les médecins.

1.3 Pourquoi les atlas anatomiques sur papier ne sont-ils plus suffisants ?

Les premiers atlas anatomiques sur papier furent dessinés par André Vésale au XVI^e siècle. Depuis, ils ont été considérablement améliorés, prenant en compte, en particulier, les derniers progrès de l'imagerie médicale.

Les atlas anatomiques sur papier sont utilisés couramment et avec beaucoup de succès par les médecins. Néanmoins, si nous consultons un de ces atlas comme, par exemple, [Per83], nous nous apercevons qu'ils restent difficiles à appréhender pour les trois raisons présentées ci-dessous : une visualisation malaisée, l'absence de données quantitatives et une précision limitée.

1.3.1 Une visualisation malaisée

Les atlas anatomiques sur papier sont essentiellement descriptifs et très peu synthétiques : ils sont composés de grandes planches qui sont surchargées par les descriptions de caractéristiques de types différents. Ainsi, dans la planche présentée figure 1.4 décrivant le crâne, nous trouvons en même temps des zones caractéristiques (l'« os sphénoïde ») des lignes caractéristiques (« crista occipitalis interior ») ou des points caractéristiques (« apex »).

L'absence de troisième dimension nécessite de multiplier les couleurs et les points de vue ou d'introduire une multitude de coupes. Ainsi, consulter un atlas exige une certaine expérience et un débutant est rapidement submergé par la quantité et la diversité des informations.

De surcroît, la localisation ne peut s'effectuer que sur des sections planes et nous devons feuilleter plusieurs planches sous des orientations différentes pour suivre un détail intéressant.

1.3.2 L'absence de données quantitatives

Les atlas anatomiques sur papier sont en général qualitatifs : nous ne trouvons ni les coordonnées des caractéristiques, ni des études sur leurs variabilités. Cela

1.3. POURQUOI LES ATLAS ANATOMIQUES SUR PAPIER NE SONT-ILS PLUS SUFFISANTS?

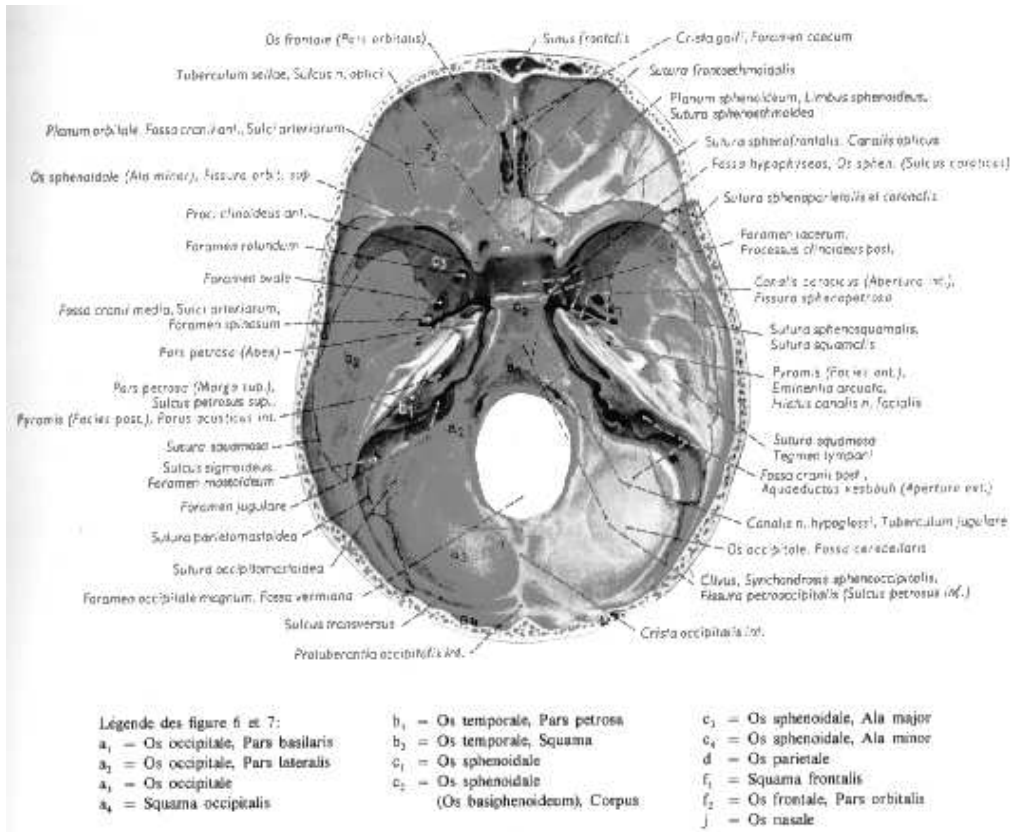


FIG. 1.4 – Une planche décrivant le crâne extraite de l'« Atlas d'anatomie humaine » de Pernkopf [Per83]. Remarquons la densité et la variété des caractéristiques décrites.

empêche toute automatisation dans la localisation des caractéristiques.

Un des atlas les plus connus qui introduit des renseignements quantitatifs est l'atlas du cerveau de Talairach & Tournoux [TT88]. Les auteurs proposent de normaliser les données du cerveau dans un repère de référence défini par trois lignes caractéristiques : la ligne CA-CP (commissure antérieure et postérieure), le plan vertico-frontal et le plan sagittal (voir figure 1.5).

Les images du patient peuvent alors être comparées avec l'atlas dans un système normalisé de coordonnées. Cependant, une telle normalisation est assez difficile à effectuer à la main, en particulier quand les coupes ne sont pas dans la direction sagittale mais coronale ou transversale. En fait, repérer précisément les trois lignes caractéristiques malgré les commissures peu nettes ou les irrégularités de la surface corticale exige là-aussi une bonne expérience [SKY⁺94].

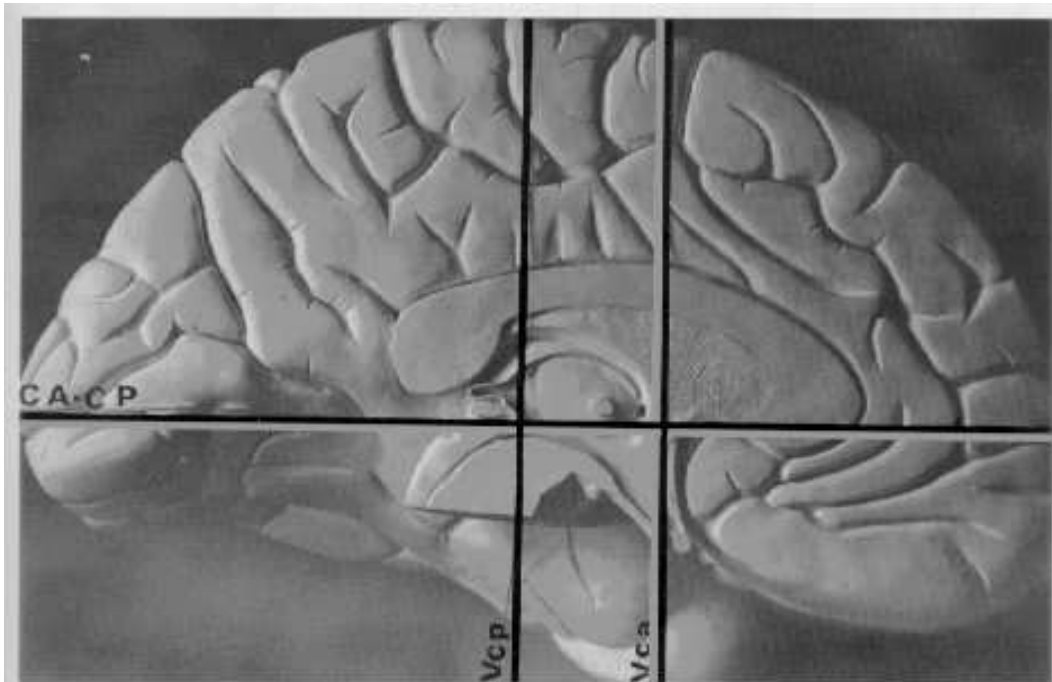


FIG. 1.5 – *Le système de référence proposé dans l'atlas de Talairach & Tournoux [TT88]. Les trois axes sont donnés par la ligne CA-CP (commissure antérieure et postérieure), le plan vertico-frontal (Vca) et le plan sagittal.*

De plus, l'atlas de Talairach & Tournoux n'a été construit qu'à partir des observations sur un seul individu et aucune information sur la variabilité des caractéristiques n'est fournie.

1.3.3 Une précision limitée

Les difficultés de visualisation et l'absence de valeurs quantitatives limitent la précision dans la localisation des caractéristiques. Même avec la méthode proposée dans l'atlas de Talairach & Tournoux, les résultats de la localisation ne peuvent être très précis comme cela est souligné par les auteurs dans le chapitre traitant des études anatomiques de la fissure de Roland (voir figure 1.6).

De surcroît, des méthodes différentes existent pour normaliser les données dans le repère de l'atlas et mènent à des résultats notablement différents [SKY⁺94]. Il devient alors impossible de distinguer les variations inter-sujets des erreurs de normalisation.

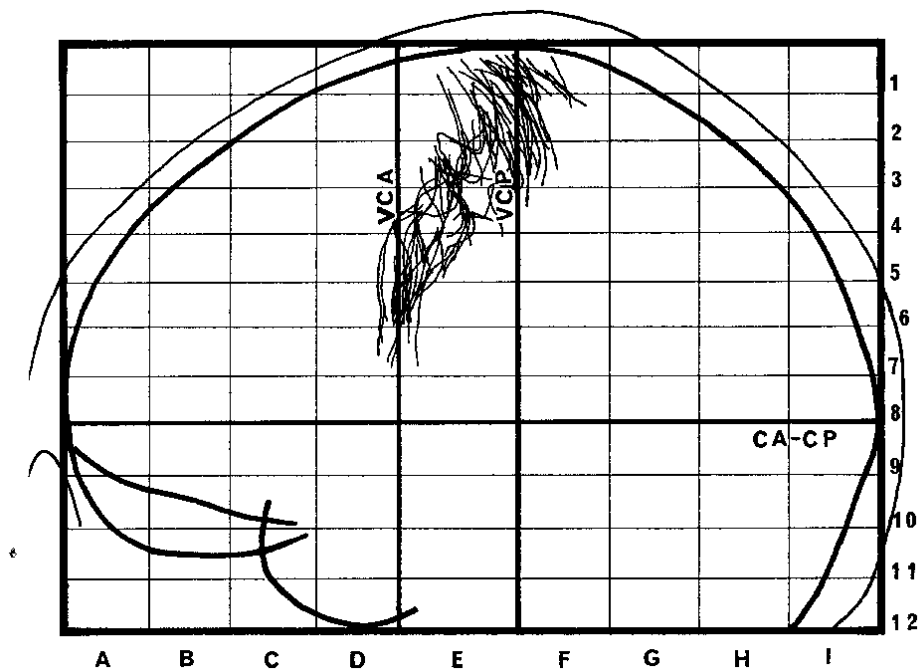


FIG. 1.6 – Localisation de la fissure de Roland pour 20 sujets différents en utilisant le système de normalisation de Talairach & Tournoux. Nous remarquons l'importance des variations de la localisation.

Tout ceci est d'autant plus regrettable que les systèmes modernes d'imagerie médicale permettent d'obtenir des images tridimensionnelles extrêmement précises. Mais, en fait, celles-ci sont si fines (256 coupes de 512×512 pixels) et par là-même si complexes qu'elles ne peuvent plus être gérées manuellement.

Ces problèmes peuvent être résolus en combinant les outils performants de visualisation tridimensionnelle disponibles sur les stations de travail graphiques, les résultats quantifiables des algorithmes de traitement d'images et la précision des systèmes d'acquisition d'images médicales pour créer des atlas anatomiques informatiques. Aussi, depuis une dizaine d'années, ont été développées des versions informatiques d'atlas anatomiques.

En fait, la substitution du papier par l'ordinateur ouvre de nouveaux domaines d'applications médicales que nous avons classés dans le paragraphe suivante (voir figure 1.7).

1.4 Les atlas anatomiques informatiques et leurs applications

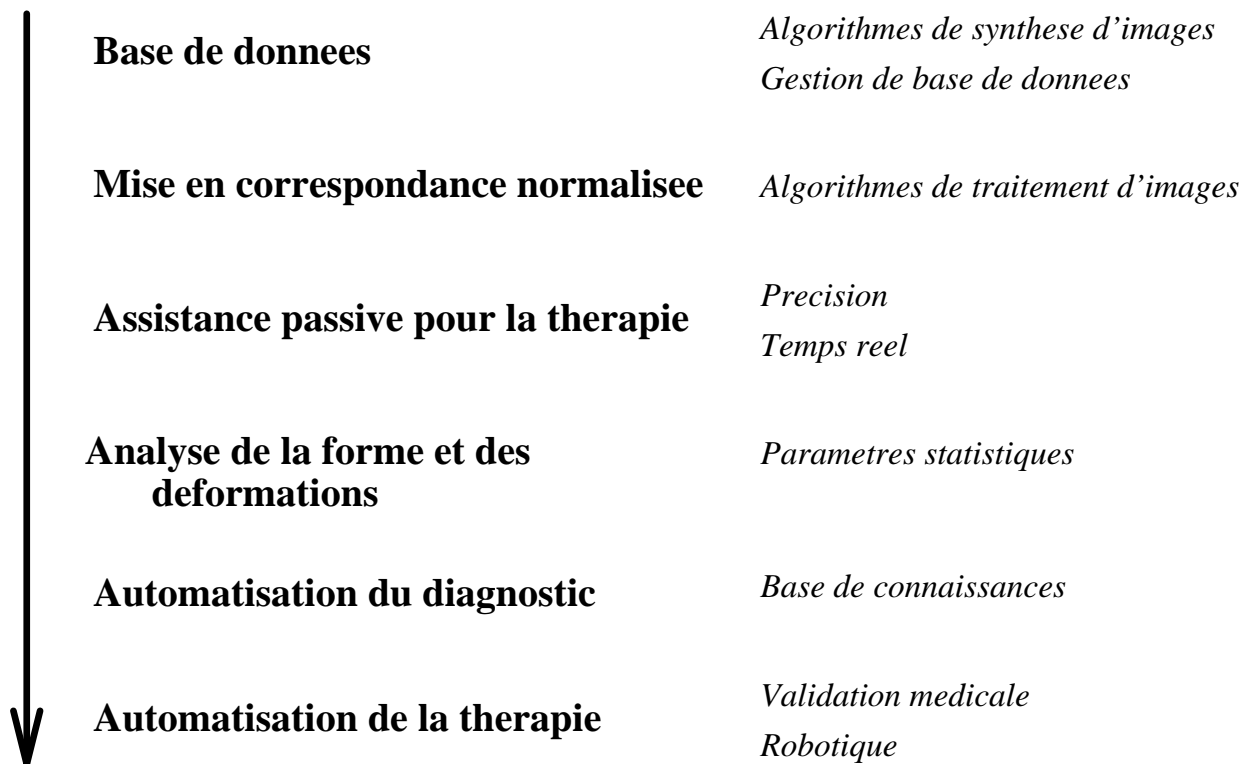


FIG. 1.7 – Les diverses applications des atlas anatomiques informatiques.

1.4.1 La base de données

Les praticiens utilisent l'atlas informatique comme instrument de consultation et d'apprentissage. Cette application nécessite de puissantes techniques de visualisation volumique pour afficher les structures anatomiques sous n'importe quel point de vue ainsi que des fonctionnalités comme la section ou la transparence comme, par exemple, dans l'atlas Voxel-Man [HBR⁺92] (voir figure 1.8) commercialisé par l'éditeur allemand Springer-Verlag. Afin d'améliorer la précision de la description anatomique, il est possible de combiner plusieurs atlas à des échelles différentes [NFN⁺95].

Le couplage de ces atlas avec une base de connaissances permet de représenter et de gérer les informations anatomiques [PSR⁺94] (modélisation par « volumes intelligents »), [BGM⁺94] (modèle symbolique).

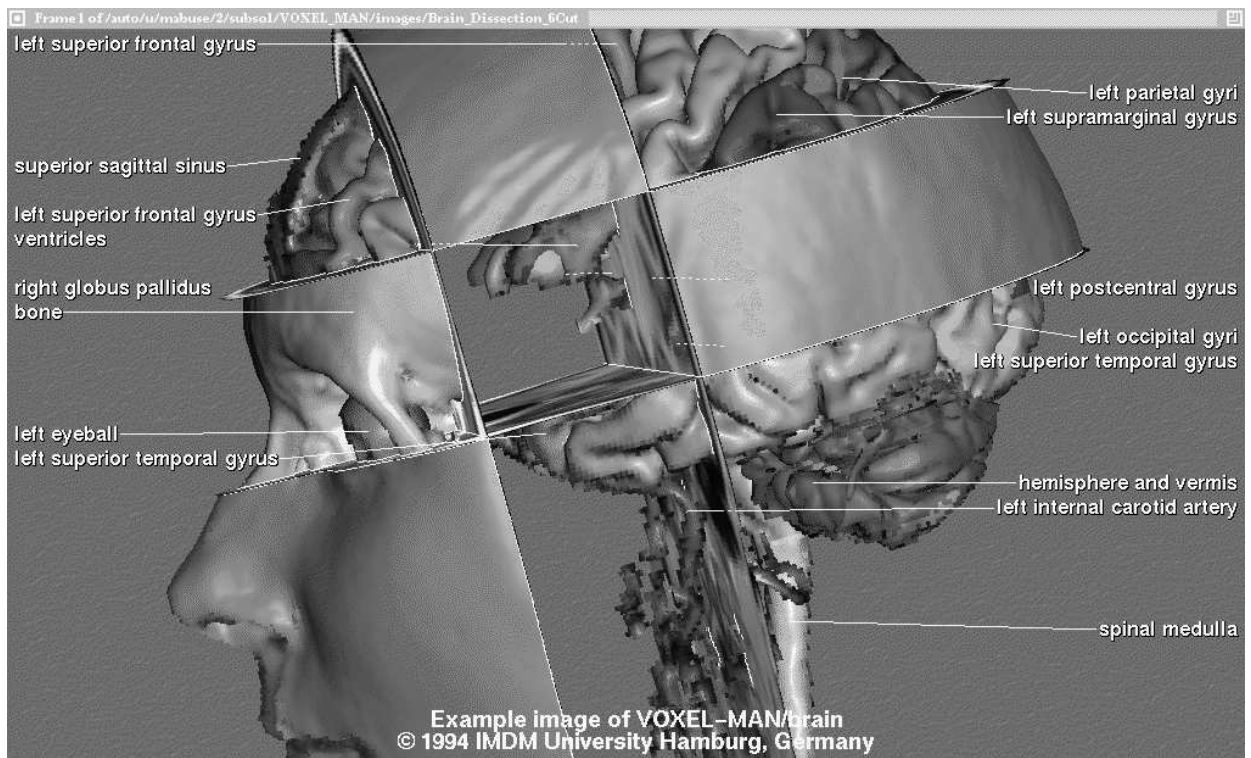


FIG. 1.8 – Un exemple des possibilités de l'atlas anatomique électronique Voxel-Man commercialisé par l'éditeur allemand Springer-Verlag : visualisation tridimensionnelle et base de données.

Néanmoins, la plupart des atlas informatiques commercialisés comme [Els94]

sont fondés sur des images planes extraites des atlas sur papier traditionnels, liées entre elles par des techniques d’hypertexte et stockées sur des supports numériques (CD-Rom). Aussi ces atlas ont les mêmes contraintes que leurs versions sur papier, en particulier la difficulté de « voir » entre les pages.

1.4.2 La mise en correspondance normalisée

Afin de localiser précisément les structures anatomiques pour les étiqueter et détecter des lésions, l’atlas et les données du patient doivent être alignés dans un repère commun. Le processus peut être manuel, par exemple :

- dans [SHK⁺94a], l’utilisateur spécifie certains points caractéristiques, définissant une transformation linéaire qui recale les données IRM du cerveau dans le repère de l’atlas de Talairach & Tournoux, permettant alors d’y superposer l’atlas informatique Voxel-Man.
- de même, dans [MDB⁺94], des images fonctionnelles TEMP du cerveau sont recalées avec l’atlas de Talairach & Tournoux en utilisant des repères localisés manuellement et aussi des marqueurs extérieurs. Les auteurs étudient la validation de leur méthode, en particulier, la détection de la ligne CA-CP et concluent à un haut niveau de reproductibilité. Cependant, ils ne donnent pas de renseignements sur la précision de la localisation des zones d’intérêt.
- dans [MECP89], une méthode plus complexe de recalage est décrite : après que l’utilisateur a défini un recalage affine global, il peut choisir des zones d’intérêt pour y appliquer des transformations affines locales. Les intersections des différentes zones sont détectées afin d’empêcher leur recouvrement.
- dans [GBHE91] et [Thu94], l’utilisateur peut choisir en plus des transformations linéaires classiques (translation, rotation, affinités) des transformations quadratiques (appelées «pear», «skew» ou «scoliosis») qui permettent de modéliser certaines déformations plus complexes du cerveau. Il ajuste manuellement l’atlas avec les données du patient en jouant sur des curseurs et en visualisant directement le résultat à l’écran.

Une première méthode automatique de recalage a été introduite dans [BK89] pour retrouver les structures corticales et les ventricules du cerveau. Elle repose

sur un recalage rigide global fondé sur les axes principaux d'inertie suivi d'un recalage élastique avec des forces externes liées à une mesure locale de la similarité. Une programmation multi-échelle de l'algorithme permet de l'accélérer. Cette méthode est évaluée dans [GRB93] mais les critères de précision restent très globaux comme la position du centre d'inertie ou le volume.

Dans [CRM94], les auteurs choisissent une méthode bayésienne pour évaluer le champ de déformations entre l'atlas et les données et ont programmé leur algorithme sur une machine massivement parallèle. Les résultats sont précis mais le processus est très long : 9 heures sur un ordinateur parallèle.

Certains travaux portent sur l'identification automatique de circonvolutions cérébrales à partir d'atlas. Ainsi, dans [DFR⁺94] [RFD⁺95], les données IRM du patient sont normalisées dans le repère de Talairach & Tournoux. A partir des « squelettes » de l'image tridimensionnelle obtenus par morphologie mathématique, il est possible de construire des courbes qui suivent les sillons et qui permettent de les identifier. Le processus est plus compliqué dans [Kru95] : pour chaque coupe IRM du cerveau, l'algorithme calcule le diagramme de Voronoï, ce qui permet de détecter certains points caractéristiques qui peuvent être comparés avec un atlas anatomique contenant les positions et les variations des sillons. Une méthode fondée sur la statistique bayésienne permet alors d'identifier certains points et, par là-même, des sillons. Dans [SL95], un modèle élastique du cortex est déformé vers les données et les sillons du modèle permettent de trouver et d'identifier ceux des données.

En fait, en mettant en correspondance les images médicales avec un atlas, il devient possible d'étiqueter automatiquement les données et de les intégrer dans une base de données. Le médecin peut alors visualiser l'« orbite gauche » du patient : un volume englobant la structure étiquetée « orbite gauche » est extrait des images brutes et affiché. Par ce moyen, il devient possible de visualiser à pleine résolution seulement les parties intéressantes d'une image très précise.

Une autre application très importante de la mise en correspondance est la segmentation fondée sur des modèles. Si nous pouvons détecter des structures anatomiques grâce à la mise en correspondance avec l'atlas, il devient possible de définir précisément une zone autour de la structure et, ensuite, de guider la segmentation en fonction de contraintes prédéterminées dans l'atlas. Ainsi, dans [GSK94], un modèle déformable de la surface du cerveau et de la moelle épinière est déformé par des forces externes dépendant de l'intensité de l'image et de son gradient. Ce modèle permet de segmenter les structures internes du cerveau.

Dans [CWR⁺94], un contour déformable guide les déformations élastiques afin de mettre en correspondance les structures dans des coupes bidimensionnelles IRM. Dans [HTT93], le modèle inclut des informations statistiques sur les déformations. Un tel modèle a permis de segmenter diverses structures cérébrales dans 30 images IRM de la tête de patients différents. La méthode décrite dans [BMW95] utilise un modèle moyen du foie qui est initialisé manuellement dans une image scanographique de l'abdomen et qui va, en se déformant, segmenter automatiquement le foie en utilisant les contours de l'image et les paramètres associés au modèle moyen. La méthode décrite dans [CEHP95] cherche une transformation spatiale qui ajuste au mieux des caractéristiques fondées sur l'intensité. Les informations d'intensité sont aussi utilisées dans [Thi95] où des forces dépendant du modèle sont appliquées aux données, en tout point de l'image.

1.4.3 L'assistance passive pour la thérapie

Il s'agit d'assistance passive dans le sens où l'ordinateur aide le médecin en affichant des informations utiles mais n'intervient pas dans le diagnostic ou la thérapie elle-même.

Ainsi, dans le cas du simulateur de chirurgie craniofaciale présenté dans [DSCP94a], où l'utilisateur découpe « virtuellement » des fragments du crâne pour les réorganiser, la mise en correspondance des données du patient avec l'atlas permettrait d'étiqueter automatiquement certaines zones, de mettre en évidence les difformités et par là-même de planifier la procédure chirurgicale.

Dans [Har94], le programme CASS (Computer Assisted Stereotactic Surgery) intègre un atlas du cerveau avec des descriptions anatomiques et électrophysiologiques. La mise en correspondance des données du patient avec cet atlas permet de déterminer les trajectoires d'une sonde stéréotaxique, d'étudier le placement d'électrodes, d'identifier les sites anatomiques de réponse obtenus par encéphalographie et de calculer les doses pour la radiothérapie.

De surcroît, si l'algorithme de recalage fonctionne en temps réel (au moins, à une fréquence de quelques hertz), il devient alors possible de superposer la visualisation de l'atlas avec l'image réelle du patient durant l'opération. C'est le principe de la « réalité augmentée » introduit dans [BFO92].

Ainsi, [GLPWI⁺94] [GEW⁺95] décrivent une méthode automatique pour mettre en correspondance des données préopératoires (provenant de scanographie ou IRM) avec la tête du patient sur la table d'opération. Un plan laser

permet d'obtenir les positions d'un ensemble de points situés sur la peau du patient. Ceux-ci sont alors comparés avec les images médicales. Cependant, tout cela nécessite une calibration précise de la caméra qui prend les images durant l'opération.

Dans [BFAD95], le plan laser est remplacé par deux caméras qui, par stéréoscopie passive, fournissent une reconstruction dense des positions des points (ainsi que leurs normales) de la surface de la tête du patient. Une méthode de mise en correspondance rigide permet alors de recalibrer le patient avec les images préopératoires.

Le travail décrit dans [CZH⁺94] est similaire. L'algorithme permet aussi de suivre en temps réel des outils.

Dans [CBB⁺95], nous trouvons divers exemples d'assistance passive - superposition d'images réelles et simulées - et semi-actives - indications à suivre - appliqués à la chirurgie de la colonne vertébrale, du genou et la rétro-péritonéoscopie.

1.4.4 L'analyse de la forme et des déformations

Le but est d'obtenir des paramètres morphométriques quantitatifs (la morphométrie est « l'étude des formes biologiques » [Boo91a]), en particulier, les coordonnées moyennes des structures anatomiques et leurs variances. Ces paramètres permettent l'analyse de la forme et des déformations des structures biologiques (voir figure 1.9).

Pendant très longtemps, les outils de morphométrie n'étaient disponibles qu'en 2D. Ainsi, dans [Ren80], l'auteur étudie la forme de certains contours du crâne en l'interpolant par des courbes planes comme des spirales hyperboliques. De tels paramètres bidimensionnels ne permettaient pas de décrire précisément les variations morphologiques. La nouvelle tendance de la morphométrie, apparue ces dix dernières années, utilise des points de repère tridimensionnels pour quantifier les états morphologiques et la ressemblance de certaines structures.

Ainsi, les paramètres morphométriques quantitatifs permettent de synthétiser les descriptions qualitatives avec une précision et une objectivité bien meilleures. Par exemple, dans [KB82], la description d'un unique crâne atteint par la maladie de Crouzon n'est présentée qu'avec de longues phrases remplies de termes à la fois techniques et relativement flous (« la mandibule est courte », mais qu'entend-on donc exactement par « courte » ?). Plus tard, le même auteur dans [KMC⁺93] uti-

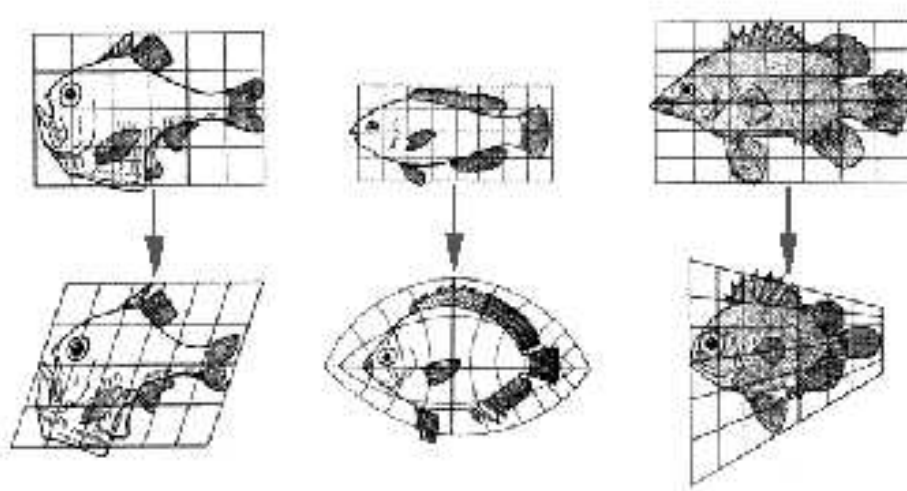


FIG. 1.9 – *Un exemple d’une étude des déformations de structures biologiques d’après le livre « On Growth and Form » de D’Arcy Thompson [DT61].*

lise des paramètres morphométriques (comme la déviation de la fosse crânienne antérieure ou l’angle de la base du crâne) calculés à partir d’images scanographiques du crâne de plusieurs patients pour caractériser les syndromes de Crouzon et d’Apert. Ce dernier article est d’une part, plus compréhensible car seulement quelques caractéristiques précises sont étudiées et d’autre part, plus significatif car les résultats sont fondés sur plusieurs exemples et donnés sous forme chiffrée et objective.

Ces paramètres permettent aussi de particulièrement bien visualiser les résultats car seuls quelques points caractéristiques d’une difformité sont présentés. Ainsi dans [CBG⁺86] ou [ANDB90], des déformations pathologiques du crâne sont présentées sous forme de schémas tridimensionnels très clairs et démonstratifs ne comportant que quelques segments.

Les outils modernes de morphométrie peuvent aussi être utilisés pour étudier les asymétries du cortex cérébral humain [Hab89] [RGK⁺92] [BWB⁺94], les lésions de la matière blanche [ZDMP94], pour suivre certains points caractérisant l’évolution d’un invertébré [DL89] ou pour déterminer l’âge des os de la main [Pie95].

La morphométrie permet aussi de comparer deux structures biologiques, soit l’une saine et l’autre pathologique (syndrome de Down [Wei91], maladie d’Alz-

heimer [MPK94], syndrome de Crouzon [CDB⁺95]), soit deux structures qui ont variés (l'évolution de l'hominidé [Dea93]).

Il devient alors aussi possible de créer un « patient virtuel », c'est-à-dire, une modélisation dynamique d'un atlas du patient « moyen ». Le « patient virtuel » peut être déformé vers des cas pathologiques en fonction des paramètres morphométriques caractérisant une maladie donnée [HTB95].

1.4.5 Vers l'automatisation du diagnostic

Les résultats quantitatifs permettent d'envisager des applications en diagnostic automatique. Le recalage entre l'atlas morphométrique et les données du patient permet d'analyser statistiquement la localisation des structures anatomiques. Certaines d'entre elles seront alors classées comme « anormales » et constitueront des symptômes. Un système-expert pourra en déduire le nom de la maladie ou le type de lésion (voir figure 1.10). Un bon exemple se trouve dans [SYMK95] où une base de connaissance de 66 règles « si-alors » permet d'examiner les données du patient et de trouver les parties pathologiques du système nerveux.

Cela nécessite de trouver une représentation qui fusionne l'information géométrique et statistique (l'atlas morphométrique) avec l'information symbolique (description physiologique) comme le système ANATOM décrit dans [Nig90] où nous trouvons une application en neuroanatomie.

1.4.6 Vers l'automatisation de la thérapie

En combinant un tel diagnostic automatique et la planification de trajectoire étudiée par les roboticiens, il devient possible d'automatiser certaines procédures d'opérations chirurgicales ou de radiothérapie.

Ainsi, [Tay93] présente un système robotique développé pour la chirurgie orthopédique et qui a été testé sur des animaux et des humains. Un autre procédé d'automatisation de la chirurgie orthopédique est proposé dans [OISJ⁺95].

[LTG⁺92] décrit un robot opérationnel en neurochirurgie stéréotaxique, qui positionne précisément l'instrument chirurgical (aiguille ou électrode).

[TSLA95] propose un système robotique radiochirurgical pour mieux planifier et focaliser les rayonnements.

Bien entendu, la sécurité de tels appareillages doit être totale : le diagnostic

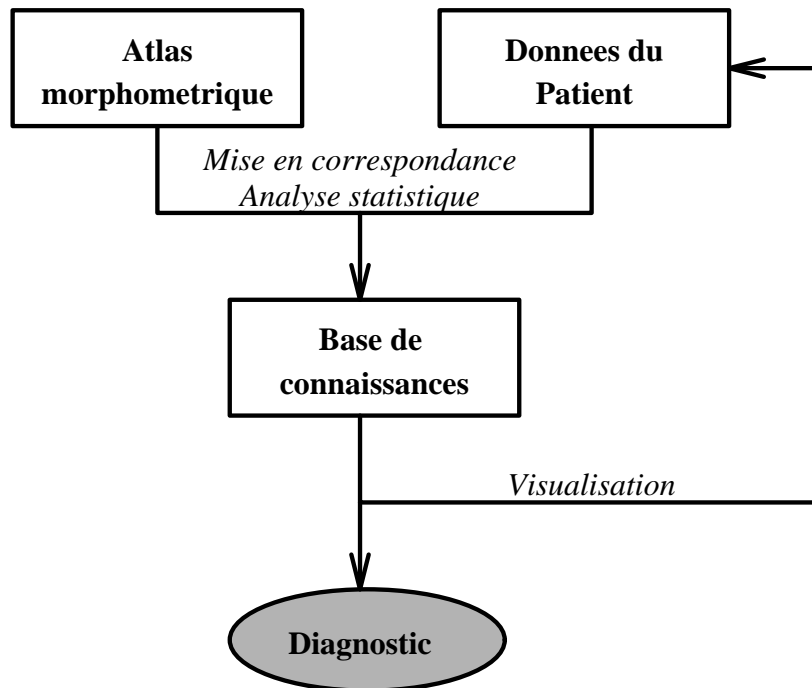


FIG. 1.10 – Les résultats quantitatifs obtenus grâce à l’atlas morphométrique permettent d’effectuer une analyse statistique des données du patient après la mise en correspondance. Le système-expert se fonde sur ceux-ci pour proposer automatiquement un diagnostic. De surcroît, les structures biologiques pathologiques peuvent alors être mises en valeur dans la visualisation.

automatique et les algorithmes de localisation doivent avoir été validés dans un cadre médical précis et les robots ne doivent pas être sensibles à des erreurs de fonctionnement [Cin93].

1.5 Les limitations des atlas anatomiques informatiques actuels

Cependant, si nous considérons les atlas anatomiques informatiques existants, nous nous apercevons qu'ils conservent deux inconvénients majeurs qui les empêchent d'être utilisés dans les applications d'analyse des formes et des déformations, d'automatisation du diagnostic et de la thérapie: le manque de précision et l'absence de données quantitatives.

- *le manque de précision*: les atlas informatiques sont construits manuellement avec l'aide de quelques outils semi-automatiques ; les images médicales tridimensionnelles sont segmentées coupe par coupe par des anatomistes en fonction des indications données par les livres d'anatomie. Le processus est extrêmement fastidieux et prend plusieurs heures (n'oublions pas que les images de crâne de la figure 1.2 comportent environ 150 coupes). Mais, comment gérer manuellement la précision des nouveaux appareils d'imagerie médicale dont la taille de l'élément volumique de base est inférieure à 1 mm de côté? Comment interpoler entre les pages du livre d'anatomie afin d'obtenir une cohérence tridimensionnelle dans la version informatique? Tous ces facteurs réduisent considérablement la précision de l'atlas.

Le recalage entre l'atlas et les données d'un patient s'effectue en général manuellement. Or, l'utilisateur ne peut appréhender et manipuler que des transformations affines, voire quadratiques (dans l'espace de surcroît) et cela ne suffit pas pour obtenir une superposition précise et utile.

- *l'absence de données quantitatives* comme la position des caractéristiques anatomiques ou leur variances. Du fait des énormes quantités de données dans les images médicales ($150 \times 150 \times 150$ voxels, 25 Moctets), il est très difficile manuellement d'identifier, de localiser et de définir avec une grande précision les coordonnées des caractéristiques.

De surcroît, la plupart des atlas informatiques sont construits à partir d'un nombre très réduit de patients, voire d'un seul, alors que les statistiques

(variances de la position des caractéristiques) doivent être calculées sur un « grand » ensemble de données.

1.6 Conclusion

Les observations précédentes nous ont amenés à conclure que seuls des outils automatiques permettront de construire des atlas anatomiques informatiques qui prendront en compte la précision des nouvelles images médicales et qui intégreront des données quantitatives.

Chapitre 2

Description générale de la méthode

2.1 Comment construire un atlas anatomique informatif ?

ETUDIONS LE PROCESSUS DE CONSTRUCTION de quelques atlas anatomiques informatifs que nous pouvons classer en fonction de leur degré d'automatisme :

- *entièrement manuelle*. Dans [HPR⁺92], les auteurs proposent une méthode générique pour créer un atlas du cerveau, du crâne, de l'abdomen, du fœtus ou de la région pelvique à partir d'images scanographiques et IRM. Celle-ci se décompose en :
 - une segmentation semi-automatique qui permet de déterminer les grosses structures comme le crâne, le cerveau ou les ventricules cérébraux.
 - l'utilisation d'un éditeur volumique qui permet à un expert en anatomie de définir précisément les petites structures en désignant des voxels.
 - l'intégration dans une base de données grâce à un langage qui permet de définir des relations entre les structures.

Notons que cette méthode ne fournit aucun paramètre morphométrique.

24 CHAPITRE 2. DESCRIPTION GÉNÉRALE DE LA MÉTHODE

- *semi-automatique* Dans [BBW⁺94], un foie moyen est construit à partir de 15 images scanographiques de foies normaux par la méthode suivante :
 - Pour les différents jeux de données :
 - segmentation manuelle de la surface du foie.
 - détection manuelle de 6 points de repère.
 - calcul de la position moyenne pour ces 6 points de repère.
 - calcul automatique d’une déformation pour les 15 jeux de données en fonction des appariements entre les points de repère et leurs positions moyennes.
 - à partir des surfaces déformées, calcul automatique d’une surface moyenne.

D’autre part, [CBH⁺93] décrit une méthode pour créer un atlas du crâne à partir d’images scanographiques. Celle-ci a été testée avec 9 images [CDB⁺95] et validée par des experts en morphométrie :

- Pour les différents jeux de données :
 - détermination manuelle d’un petit nombre de points caractéristiques sur la surface du crâne.
 - ces points servent de repères pour déformer un gabarit (« template ») comportant certaines lignes caractéristiques.
 - les lignes correspondantes sur les données sont alors automatiquement détectées et leurs positions peuvent être éventuellement corrigées manuellement.
 - ces dernières lignes permettent de trouver de nouveaux points caractéristiques et de construire automatiquement d’autres lignes ainsi que les morceaux de surfaces qui s’appuient dessus.
- les points, lignes et surfaces trouvés sont alors moyennés pour former l’atlas.

- *entièrement automatique.* Dans [Man95] et [RFD⁺95], nous trouvons deux méthodes similaires pour créer un atlas du cerveau à partir d’images IRM :
 - Pour les différents jeux de données :
 - segmentation automatique de la matière grise et du liquide céphalo-rachidien par l’utilisation d’outils de morphologie mathématique.
 - extraction des plis corticaux qui sont à l’interface.
 - construction d’un graphe comportant des informations géométriques (localisation, orientation) et topologiques (jonctions).
 - création d’un modèle moyen avec calcul de statistiques sur certains paramètres géométriques.

Ces deux méthodes automatiques sont conçues spécifiquement pour le cerveau qui est un organe extrêmement complexe. Elles se fondent sur une description très fine des sillons avec une étude de leur taille, profondeur, longueur, centre, orientation, structure topologique (jonction, pli de passage, coupure), ce qui ne peut être facilement généralisable à d’autres structures anatomiques.

Pour notre part, nous souhaitons dans cette thèse proposer une méthode entièrement automatique et générique qui permet de créer aussi bien un atlas du crâne que du cerveau. Pour cela, nous devons nous abstraire de toute connaissance donnée a priori : pas de gabarit prédéterminé, de description particulière ou de modélisation de la topographie.

En fait, nous nous proposons de construire automatiquement une modélisation en nous fondant uniquement sur les informations contenues dans les images médicales. Ainsi, nous obtenons une méthode qui profite pleinement de la grande précision des images et qui peut être appliquée à différentes structures anatomiques.

2.2 La méthode proposée

Nous supposons que nous disposons d’une base de données d’images médicales tridimensionnelles préalablement segmentées représentant la structure anatomique que nous voulons étudier . Bien entendu, nous devons nous assurer auprès

d'experts en anatomie que toutes ces structures proviennent de patients sains ou atteints d'une maladie donnée suivant que nous souhaitons obtenir un atlas normalisé ou caractéristique d'une maladie.

La méthode que nous proposons comporte les 5 étapes représentées dans la figure 2.1.

2.2.1 Extraction des caractéristiques

Dans un premier temps, nous devons extraire automatiquement dans les images médicales les caractéristiques composant l'atlas. Auparavant, il nous faut choisir le type de ces caractéristiques qui doit combiner une définition mathématique pour pouvoir être calculées automatiquement et une pertinence anatomique pour constituer un atlas significatif.

Bien entendu, le type de caractéristique est étroitement lié à la structure anatomique que nous souhaitons étudier.

2.2.2 Mise en correspondance des caractéristiques

Nous allons ensuite trouver automatiquement les relations entre les caractéristiques des différentes données. Pour cela, nous utiliserons un algorithme de mise en correspondance non-rigide qui déterminera si une caractéristique d'un ensemble de données a un équivalent dans un autre.

2.2.3 Extraction des ensembles de caractéristiques communes

A partir des résultats de la mise en correspondance, nous allons pouvoir identifier automatiquement les caractéristiques qui sont génériques, c'est-à-dire communes à toutes les données. Ces caractéristiques communes serviront à bâtir l'atlas : elles composeront sa *structure*.

2.2.4 Moyenne des caractéristiques communes

Les positions des caractéristiques communes sont automatiquement « moyennées » à partir des positions dans les ensembles de données. Nous obtenons ainsi la *géométrie* de l'atlas.

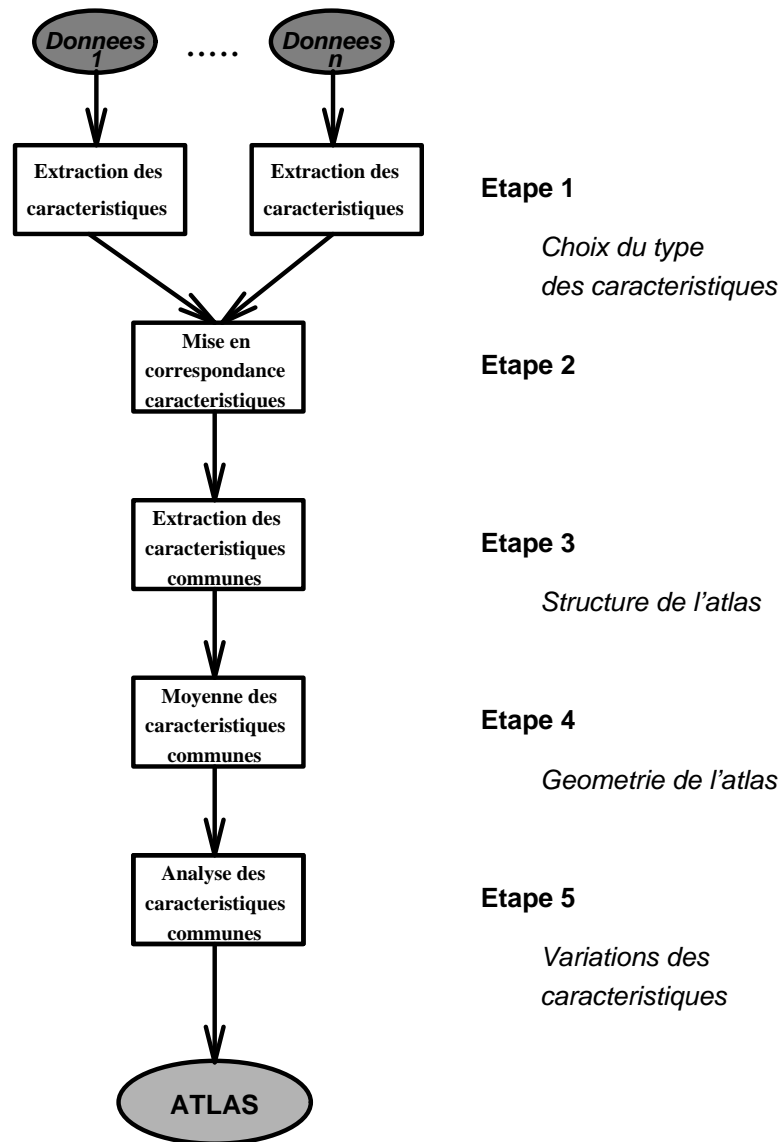


FIG. 2.1 – La méthode générale que nous proposons pour construire automatiquement des atlas anatomiques informatiques.

2.2.5 Analyse statistique des caractéristiques communes

Afin d'obtenir des paramètres quantitatifs nécessaires à la plupart des applications, nous étudions automatiquement les variations des caractéristiques autour de leur position moyenne.

2.2.6 Conclusion

En définitive, la méthode proposée semble très proche du processus manuel où les anatomistes comparent plusieurs organes afin de trouver les structures similaires qu'ils rassemblent dans des livres d'anatomie.

Nous devons ajouter à ces 5 étapes un prétraitement nécessaire : la détection de la structure anatomique à étudier dans les images médicales.

2.3 Un prétraitement indispensable : la segmentation

Pour pouvoir étudier une structure anatomique, nous devons dans un premier temps l'isoler dans les images médicales par le processus de *segmentation*. Décrivons brièvement les algorithmes utilisés dans les deux cas qui nous intéresseront, le crâne et le cerveau.

Tout d'abord, rappelons que les images médicales peuvent être considérées comme des matrices tridimensionnelles discrètes composées d'éléments volumiques (les « voxels ») de coordonnées (x, y, z) (où x , y et z sont des entiers) et dont l'intensité $I = f(x, y, z)$ représente un paramètre physique (densité d'absorption aux rayons X pour la scanographie, densité de protons pour certains protocoles d'Imagerie par Résonance Magnétique, densité de produit radioactif pour la Médecine Nucléaire).

- *segmentation du crâne*: cette structure anatomique est extraite dans les images scanographiques. En effet, les os absorbent particulièrement bien les rayons X et apparaissent avec une grande intensité dans ce type d'image (voir figure 2.2, à gauche). En choisissant un seuil I_{os} sur l'intensité, nous pouvons aisément segmenter la partie osseuse \mathcal{OS} correspondant au crâne (voir figure 2.2, à droite):

$$\mathcal{OS} = \{(x, y, z) / I(x, y, z) \geq I_{os}\}$$

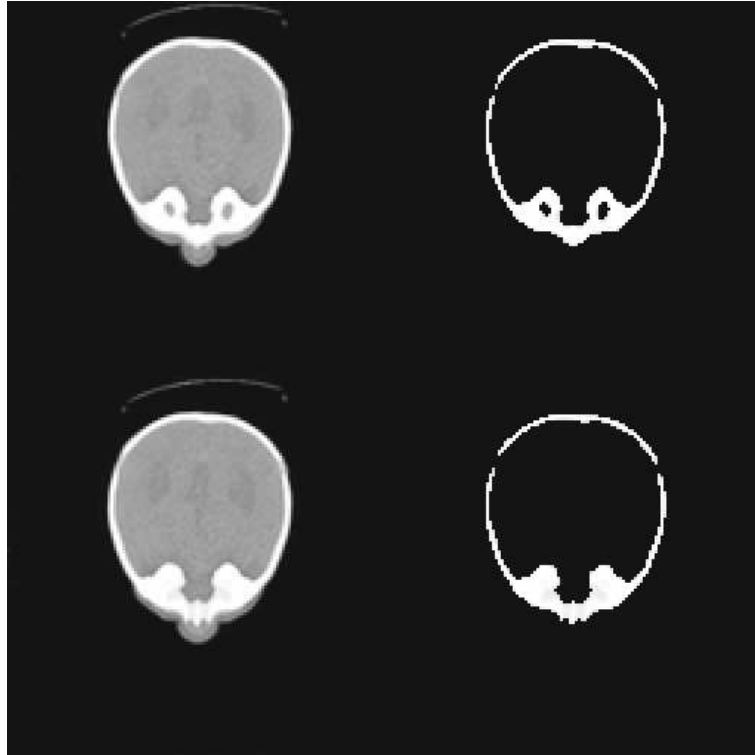


FIG. 2.2 – *Processus de segmentation du crâne : en seuillant l'intensité de l'image scanographique originale dont nous voyons deux coupes à gauche, nous pouvons facilement extraire la partie osseuse (à droite).*

- *segmentation du cerveau*: pour le cerveau, nous utilisons des images obtenues par Imagerie par Résonance Magnétique qui fournissent de bons détails pour les organes et les tissus mous. Dans ce cas, un simple seuillage ne suffit plus car, d'une part, nous retrouvons les intensités caractéristiques du cerveau dans d'autres endroits de l'image (par exemple, au niveau de la peau) et d'autre part, le cerveau touche les méninges et en est très difficile à dissocier (voir figure 2.3, à gauche). Aussi, allons nous utiliser des outils de morphologie mathématique pour améliorer la segmentation. Après le seuillage, une opération d'« ouverture » va permettre de couper les petits « ponts » entre le cerveau et les méninges et une extraction de la principale

partie connexe va permettre de ne récupérer que le cerveau (voir figure 2.3, à droite). Tous ces algorithmes sont décrits en détail dans [Mal92].

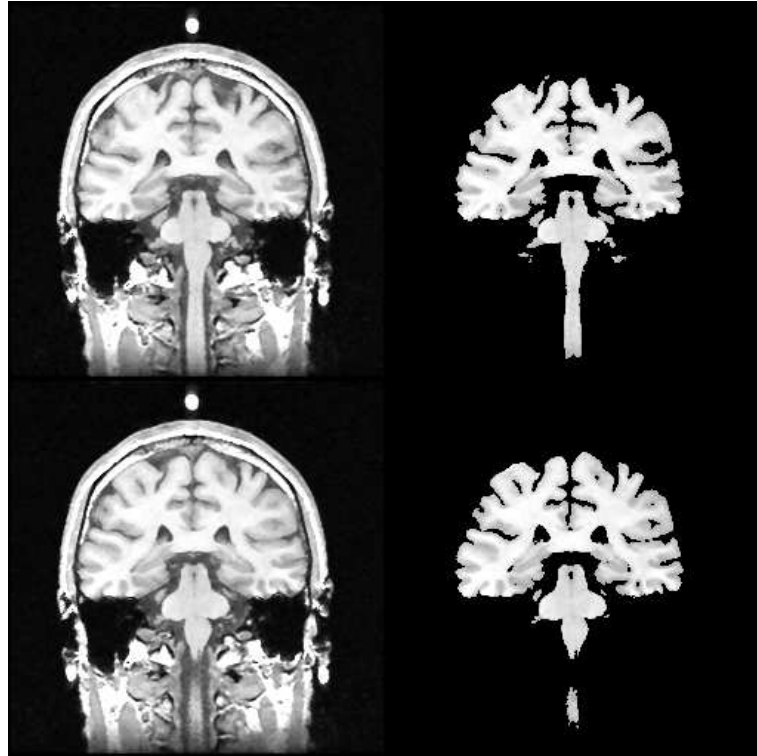


FIG. 2.3 – *Processus de segmentation du cerveau : en seuillant l'intensité de l'image obtenue par Résonance Magnétique Nucléaire originale dont nous voyons deux coupes à gauche et en appliquant des opérations de morphologie mathématique, nous extrayons la partie cérébrale (à droite).*

Remarquons que le problème de la segmentation est un vaste sujet de recherche. Pour notre part, nous avons utilisé les algorithmes « classiques » existants et nous ne considérerons pas que ce prétraitement fasse partie à proprement parler de la méthode de construction de l'atlas même si une mauvaise segmentation entraînera un mauvais atlas.

2.4 Plan de la thèse et principales contributions

Dans la partie II suivante, nous allons détailler chaque étape. Celles-ci [STA94a] [STA94c] ont nécessité le développement d'algorithmes originaux qui

2.4. PLAN DE LA THÈSE ET PRINCIPALES CONTRIBUTIONS

ont trait à deux problèmes difficiles du traitement d'images tridimensionnelles : la mise en correspondance non-rigide [STA93] [STA94b] et la quantification de la forme et des déformations [STA96a].

A la fin de la description de chaque étape, nous résumons les algorithmes à appliquer pour créer un atlas du crâne à partir des 6 jeux de données scanographiques \mathcal{A} , \mathcal{B} , \mathcal{C} , \mathcal{D} , \mathcal{E} et \mathcal{F} présentés dans le chapitre 1.

La partie III est essentiellement consacrée aux résultats. En particulier, nous montrons la construction automatique d'un atlas du crâne à partir d'images scanographiques [STA95a] [STA95b] [STA96c] [STA96b] et d'un atlas du cerveau à partir d'images IRM. Puis, nous étudions des exemples de l'utilisation de ces atlas pour les applications de base de données, de mise en correspondance normalisée, d'assistance passive à la chirurgie, d'analyse des formes et des déformations à des fins diagnostiques ou de planification d'opérations chirurgicales dans les domaines de la neurochirurgie et de la chirurgie craniofaciale [DSCP94c] [DSCP94b] [DSCP94a].

Nous présentons aussi diverses applications utilisant les algorithmes développés pour la construction des atlas comme l'étude du ventricule gauche pendant le cycle cardiaque, l'étude de la croissance du crâne chez un enfant ou le recalage entre les données de patients différents [DSTA95a] [DSTA95b].

La partie III développe aussi les perspectives et les conclusions de ce travail. Notons que la méthode de construction se veut générale et ouverte au sens que les algorithmes de chaque étape peuvent être améliorés, voire remplacés par d'autres.

Deuxième partie

Les différentes étapes de la méthode

Chapitre 3

Extraction des caractéristiques

3.1 Introduction

A PRÈS LA SEGMENTATION DE LA STRUCTURE ANATOMIQUE À ÉTUDIER , il nous faut choisir des caractéristiques sur celle-ci. Nous pouvons utiliser des caractéristiques qui sont localisées soit dans le volume de la structure, soit sur sa surface.

Dans le premier cas, les caractéristiques sont les intensités des voxels et elles sont utilisées essentiellement dans les algorithmes de corrélation qui comparent les intensités des voxels d'une image avec celles d'une autre. Ce sont en général des méthodes très coûteuses en puissance informatique du fait de la quantité des voxels à étudier. Aussi, avons nous préféré utiliser des caractéristiques calculées sur les surfaces des structures.

Dans ce cas, la surface de la structure est souvent extraite par l'algorithme dit des « Marching Cubes » [LC87] [VGW94] qui fournit la surface passant par les voxels d'une intensité donnée I_0 . L'équation de cette surface peut donc être mise sous la forme implicite $I(x, y, z) = I_0$.

Sur cette surface, que pouvons nous choisir comme caractéristique? [Bes90] propose d'utiliser des caractéristiques surfaciques, linéaires ou ponctuelles :

- *les caractéristiques surfaciques*: nous pouvons décomposer la surface en morceaux dont la forme est d'un certain type mathématique - convexe, concave, elliptique, hyperbolique - [BPYA85]. Une telle décomposition sert, par exemple, à étudier les déformations du ventricule gauche dans [FMPA92] ou à décrire les visages dans [BCR93] [MKA92].

- *les caractéristiques linéaires*: nous pouvons calculer sur la surface diverses lignes caractéristiques par des calculs en géométrie différentielle [Hos92] (par exemple, les géodésiques ou les lignes de courbure).
- *les caractéristiques ponctuelles*: citons, par exemple, les « points extrémaux » [Thi93] [TB93] [FT94] qui sont des invariants géométriques et qui sont utilisés pour la mise en correspondance rigide.

Nous avons choisi d'utiliser des caractéristiques linéaires. En effet, les surfaces sont difficiles à gérer car elles comportent beaucoup d'informations puisqu'elles sont composées de tous les points de la structure. A l'opposé, les caractéristiques ponctuelles ne fournissent qu'une information trop disparate et peu robuste puisqu'il n'y a aucune relation de connexité entre elles. Les caractéristiques linéaires, quant à elles, combinent une forte réduction de la quantité d'information avec de fortes contraintes topologiques puisqu'une ligne est une liste *ordonnée* de points.

Plus précisément, nous utiliserons les « *lignes de crête* » introduites dans [MBF92] et dont la définition repose sur les caractéristiques différentielles de la surface.

3.2 Rappels en géométrie différentielle des surfaces

Les rappels ci-dessous sont extraits du livre [Hos92]. Pour plus de précisions, le lecteur pourra se reporter aux deux ouvrages [LFA77] et [DC76].

Soit Σ une surface de classe C^k , avec $k \geq 3$, régulière et paramétrée par (u, v) .

Σ est l'ensemble des points P définis par $P(u, v) = \{x(u, v), y(u, v), z(u, v)\}$

Soit un point P sur Σ et \vec{n} la normale à la surface (voir figure 3.1).

Soit un plan Π passant par P et contenant \vec{n} . Il va sectionner Σ suivant une courbe plane \mathcal{C} .

Nous pouvons alors définir le vecteur tangent à \mathcal{C} au point P en utilisant l'abscisse curviligne s :

$$\vec{t} = \frac{dP}{ds} = \frac{\partial P}{\partial u} \left(\frac{du}{ds} \right) + \frac{\partial P}{\partial v} \left(\frac{dv}{ds} \right) \quad (3.1)$$

En dérivant par rapport à s :

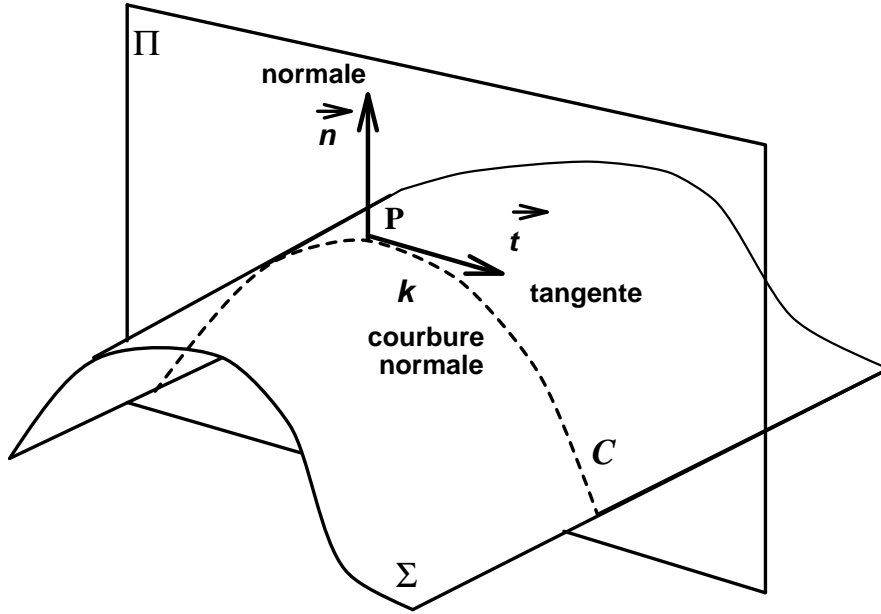


FIG. 3.1 – *Caractéristiques différentielles d'une surface : le plan Π passant par le point P sectionne la surface Σ suivant la courbe plane C . La courbure normale k de la surface en P est alors la courbure de C en ce point.*

$$\frac{d\vec{t}}{ds} = \frac{\partial P}{\partial u} \left(\frac{d^2u}{ds^2} \right) + \frac{\partial P}{\partial v} \left(\frac{d^2v}{ds^2} \right) + \frac{\partial^2 P}{\partial u^2} \left(\frac{du}{ds} \right)^2 + 2 \frac{\partial P}{\partial u} \frac{\partial P}{\partial v} \left(\frac{du}{ds} \right) \left(\frac{dv}{ds} \right) + \frac{\partial^2 P}{\partial v^2} \left(\frac{dv}{ds} \right)^2 \quad (3.2)$$

Or d'après la deuxième formule de Serret-Frénet :

$$\frac{d\vec{t}}{ds} = k\vec{v} \quad (3.3)$$

où \vec{v} est le vecteur normal à C en P et k la courbure de C en P .

Posons maintenant :

$$L = \vec{v} \frac{\partial^2 P}{\partial u^2}, \quad M = \vec{v} \left(\frac{du}{ds} \right) \left(\frac{dv}{ds} \right), \quad N = \vec{v} \frac{\partial^2 P}{\partial v^2} \quad (3.4)$$

Après multiplication par \vec{v} dans l'équation 3.3, deux termes vont disparaître puisque $\frac{\partial P}{\partial u}$ et $\frac{\partial P}{\partial v}$ sont dans le plan tangent à Σ qui est orthogonal à Π contenant \vec{v} :

$$k = L \left(\frac{du}{ds} \right)^2 + 2M \left(\frac{du}{ds} \right) \left(\frac{dv}{ds} \right) + N \left(\frac{dv}{ds} \right)^2 \quad (3.5)$$

Or :

$$dP = \frac{\partial P}{\partial u} du + \frac{\partial P}{\partial v} dv \quad (3.6)$$

$$(ds)^2 = (dP)^2 = \left(\frac{\partial P}{\partial u}\right)^2 (du)^2 + 2 \frac{\partial P}{\partial u} \frac{\partial P}{\partial v} dudv + \left(\frac{\partial P}{\partial v}\right)^2 (dv)^2 \quad (3.7)$$

Et en posant :

$$E = \left(\frac{\partial s}{\partial u}\right)^2, \quad F = \frac{\partial s}{\partial u} \frac{\partial s}{\partial v}, \quad G = \left(\frac{\partial s}{\partial v}\right)^2 \quad (3.8)$$

$$(ds)^2 = E(du)^2 + 2F(dudv) + G(dv)^2 \quad (3.9)$$

Donc :

$$k = \frac{L(du)^2 + 2Mdudv + N(dv)^2}{E(du)^2 + 2Fdudv + G(dv)^2} \quad (3.10)$$

Les valeurs de E, F, G, L, M, N ne dépendent que de la position du point considéré P et non pas de la direction du plan normal Π . Ainsi k ne dépend que du couple (du, dv) qui paramètre la direction de la section.

Définition 1 *Nous appellerons courbure normale au point P de Σ suivant la direction \vec{t} , la courbure en P de la courbe définie par la section de Σ par un plan normal en P et dirigé suivant \vec{t} .*

Etudions maintenant les valeurs extrémales de la courbure normale : quand le plan normal pivote autour de la normale en P à Σ , la forme de la section change et la courbure normale varie. k est une fonction qui est π -périodique puisque le plan Π est invariant après un demi-tour. Cette fonction continue et π -périodique admet donc au moins un minimum et un maximum.

Cherchons les extremums en fonction de $\gamma = du/dv$ qui paramètre la direction du plan normal Π .

Dans l'équation 3.10, écrivons k en fonction de γ :

$$\{L - k(\gamma).E\} + 2\{M - k(\gamma).F\}\gamma + \{N - k(\gamma).G\}\gamma^2 = 0 \quad (3.11)$$

Les valeurs extrémales vérifient $\frac{dk(\gamma)}{d\gamma} = 0$.

Si nous dérivons l'équation 3.11 par rapport à γ en utilisant la contrainte d'extremum, nous obtenons :

$$\{M - k(\gamma).F\} + \gamma\{N - k(\gamma).G\} = 0 \quad (3.12)$$

Et par substitution dans l'équation 3.11 :

$$\{L - k(\gamma).E\} + \gamma\{M - k(\gamma).F\} = 0 \quad (3.13)$$

Et en écrivant γ en fonction de $k(\gamma)$ dans l'équation 3.11 :

$$\{EG - F^2\}k(\gamma)^2 - \{EN + LG - 2MF\}k(\gamma) + LN - M^2 = 0 \quad (3.14)$$

Comme nous obtenons une équation du second degré, nous pouvons conclure que k admet deux extremums (un minimum et un maximum) que nous appelons k_1 et k_2 .

Définition 2 *Nous appellerons courbures principales les extremums de la courbure normale.*

Définition 3 *Nous appellerons courbure moyenne la moyenne arithmétique des deux courbures principales : $k_m = \frac{1}{2}(k_1 + k_2)$.*

Nous appellerons courbure gaussienne le produit des deux courbures principales : $k_g = k_1.k_2$.

La courbure gaussienne permet de préciser la forme locale de la surface :

- $k_g > 0$: les deux courbures principales sont de même signe, la courbure normale a donc le même signe dans toutes les directions. La surface est localement convexe ou concave.
- $k_g < 0$: les deux courbures principales sont de signe opposé, la courbure normale change donc de signe et passe par zéro. La surface traverse donc son plan tangent comme dans le cas d'un hyperboloïde.

A noter le cas particulier où il n'y a qu'une unique courbure principale $k_1 = k_2$. Cela signifie que la courbure normale est la même dans toutes les directions, autrement dit, que la surface est localement plane ou sphérique.

Définition 4 *Nous appellerons ombilic un point où la courbure normale est la même dans toutes les directions.*

Définition 5 *Nous appellerons directions principales les directions suivant lesquelles la courbure principale est extrémale.*

Déterminons maintenant les valeurs de γ associées à k_1 et k_2 .

En éliminant k par l'égalité 3.12 dans l'équation 3.11, nous obtenons une équation pour γ :

$$\{MG - NF\}\gamma^2 + \{GL - NE\}\gamma + FL - ME = 0 \quad (3.15)$$

Cette équation du second degré admet deux racines γ_1 et γ_2 données par :

$$\gamma_1 + \gamma_2 = \frac{-\{GL - NE\}}{\{MG - NF\}}, \quad \gamma_1\gamma_2 = \frac{\{FL - ME\}}{\{MG - NF\}} \quad (3.16)$$

Nous avons vu que le vecteur tangent est donné par :

$$\vec{t} = \left(\frac{ds}{du}du + \frac{ds}{dv}dv\right) = \left(\frac{ds}{du}du + \frac{ds}{dv}\gamma du\right) \quad (3.17)$$

Explicitons le produit scalaire des deux vecteurs tangents \vec{t}_1, \vec{t}_2 correspondant aux directions principales :

$$\vec{t}_1 \cdot \vec{t}_2 = \left(\frac{ds}{du}du_1 + \frac{ds}{dv}\gamma_1 du_1\right) \cdot \left(\frac{ds}{du}du_2 + \frac{ds}{dv}\gamma_2 du_2\right) = \left\{\left(\frac{ds}{du} + \frac{ds}{dv}\gamma_1\right) \cdot \left(\frac{ds}{du} + \frac{ds}{dv}\gamma_2\right)\right\} (du_1)(du_2) \quad (3.18)$$

D'après les expressions 3.8, nous obtenons :

$$\vec{t}_1 \cdot \vec{t}_2 = \{E + F(\gamma_2 + \gamma_1) + G\gamma_1\gamma_2\}(du_1)(du_2) \quad (3.19)$$

$$\vec{t}_1 \cdot \vec{t}_2 = \frac{1}{(MG - NF)} \{E(MG - NF) - F(GL - NE) + G(FL - ME)\}(du_1)(du_2) = 0 \quad (3.20)$$

Ainsi, les deux directions correspondant aux courbures principales sont orthogonales.

Théorème 1 *Les directions principales sont orthogonales.*

3.3 Définition des lignes de crête

Nous avons vu qu'une isosurface était définie de manière implicite par $I(x, y, z) = I_0$.

En supposant cette surface continue et non singulière, nous pouvons appliquer le théorème des fonctions implicites et paramétrer la troisième coordonnée en fonction des deux premières: $x = u, y = v, z = \Phi(u, v)$.

Nous en déduisons alors :

$$\frac{\partial I}{\partial u} = \frac{\partial I}{\partial x} + \frac{\partial I}{\partial z} \frac{\partial \Phi}{\partial u} = 0$$

$$\frac{\partial \Phi}{\partial u} = -\frac{I'_x}{I'_z}$$

De même :

$$\frac{\partial \Phi}{\partial v} = -\frac{I'_y}{I'_z}$$

Il est alors facile de calculer les coefficients E, F, G, L, M et N . Par exemple :

$$E = \left(\frac{\partial I}{\partial u}\right)^2 = \left(1 + \frac{\partial \Phi}{\partial u}\right)^2 = \frac{I'_x{}^2 + I'_z{}^2}{I'_z{}^2}$$

D'où nous déduisons les courbures principales k_1 et k_2 ainsi que les directions principales associées \vec{t}_1 et \vec{t}_2 .

Supposons maintenant que k_1 soit la courbure principale maximale en valeur absolue ($|k_1| \geq |k_2|$). Nous la nommerons par la suite la courbure « maximale ».

Nous pouvons calculer le produit scalaire $e_1 = \overrightarrow{\text{grad}} k_1 \cdot \vec{t}_1$ qui représente le gradient de k_1 dans sa direction principale associée \vec{t}_1 .

L'équation $e_1 = 0$ définit donc les points dont la courbure principale maximale en valeur absolue est extrémale suivant sa direction principale associée.

Si nous cherchons seulement les maximums, nous avons en plus de $e_1 = 0$, les contraintes :

$$- \text{Si } k_1 < 0, \overrightarrow{\text{grad}} e_1 \cdot \vec{t}_1 > 0$$

$$- \text{Si } k_1 > 0, \overrightarrow{\text{grad}} e_1 \cdot \vec{t}_1 < 0$$

Théorème 2 Nous appellerons **point de crête** un point d'une surface tel que :

$$- e_1 = \overrightarrow{\text{grad}} k_1 \cdot \vec{t}_1 = 0$$

- Si $k_1 < 0$, $\overrightarrow{\text{grad}} e_1 \cdot \vec{t}_1 > 0$
- Si $k_1 > 0$, $\overrightarrow{\text{grad}} e_1 \cdot \vec{t}_1 < 0$

Nous avons donc un ensemble de points de Σ vérifiant l'équation implicite $e_1(u, v) = 0$. D'après le théorème des fonctions implicites, sous certaines conditions de régularité (différentielle non-nulle), cet ensemble définit une ligne sur Σ . Notons que la démonstration complète est rendue ardue par la condition de maximalité de e_1 .

Théorème 3 *Ces points définissent des lignes sur la surface appelées lignes de crête (voir figure 3.2).*

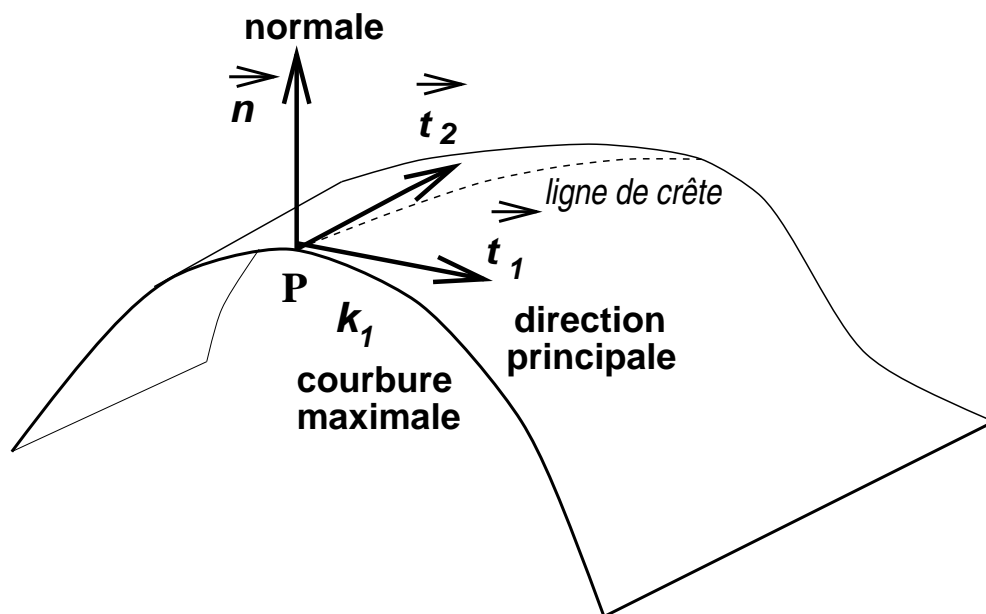


FIG. 3.2 – Les éléments différentiels d'une surface qui permettent de définir les lignes de crête.

Pourquoi un tel nom? En fait, de par leur définition mathématique, les lignes de crête vont représenter les endroits les plus courbés d'une surface.

3.4 Extraction pratique des lignes de crête

3.4.1 Une formulation discrète des conditions différentielles

Toute la théorie développée précédemment ne s'appliquait que dans le domaine du continu alors que les images sont discrétisées. Cependant, si nous supposons l'échantillonnage assez fin, nous pouvons adapter les formules et calculer, en particulier, des dérivées partielles discrètes.

Pour cela, nous pouvons utiliser des opérateurs par différences finies, par exemple :

$$I'_x = \frac{\partial I}{\partial x}(x, y, z) = \frac{[I(x+1, y, z) - I(x-1, y, z)]}{2}$$

Cependant, les données sont en général bruitées. L'idée vient alors de diminuer le bruit par un lissage gaussien, c'est-à-dire en faisant intervenir les valeurs des points voisins avec une pondération gaussienne :

$$I_{liss}(x, y, z) = I(x, y, z) \otimes G_\sigma(r) = \sum_{x'=-K/2}^{x'=K/2} \sum_{y'=-K/2}^{y'=K/2} \sum_{z'=-K/2}^{z'=K/2} I(x-x', y-y', z-z') \cdot \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{r^2}{2\sigma^2}}$$

où \otimes est le produit de convolution,

$G_\sigma(r)$ la fonction de Gauss,

et $r = \sqrt{(x-x')^2 + (y-y')^2 + (z-z')^2}$.

Grâce à la propriété de dérivation du produit de convolution, les dérivées partielles s'écrivent simplement :

$$\frac{\partial I_{liss}}{\partial x}(x, y, z) = I_{liss}(x, y, z) \otimes \frac{\partial G_\sigma(r)}{\partial x}$$

Diverses méthodes ont été proposées pour rendre ce calcul très rapide par des approximations récursives (par exemple, [Mal92]).

3.4.2 L'algorithme du « Marching Lines »

Pour extraire les lignes, il faut donc trouver les points $P(x, y, z)$ de l'image :

- qui appartiennent à l'isosurface : $I(P) = I_0$

- qui satisfont $e_1(P) = 0$ (avec les conditions «si $k_1 < 0, \overrightarrow{\text{grad}} e_1 \cdot \vec{t}_1 > 0$ » et «si $k_1 > 0, \overrightarrow{\text{grad}} e_1 \cdot \vec{t}_1 < 0$ »). Dans la suite de ce paragraphe, nous résumerons cette longue condition par $e_1(P) = 0$.

Pour ceci, nous utilisons l'algorithme du «Marching Lines» (inspiré de la méthode du «Marching Cubes») décrit dans [TG93] [TAMA92]. Nous en présentons ci-dessous une version simplifiée :

- Pour chaque voxel de l'image :
 - Pour chaque arête $S_i S_j$ de ce voxel :
 - Si $\text{signe}(I(S_i) - I_0) \neq \text{signe}(I(S_j) - I_0)$
 - Cela signifie qu'il existe un point P sur l'arête tel que $I(P) = I_0$. L'isosurface passe donc par ce voxel.
La position du point P peut être calculée par interpolation linéaire :

$$P = \frac{S_j(I_0 - I(S_i)) + S_i(I(S_j) - I_0)}{I(S_j) - I(S_i)}$$
 - Nous pouvons aussi calculer à partir des formules discrètes $e_1(S_i)$ et $e_1(S_j)$ et par interpolation linéaire $e_1(P)$.
 - Construisons un polygone (non forcément plan) \mathcal{P} dont les sommets sont les points P précédemment trouvés (voir figure 3.3).
 - Pour chaque arête $P_i P_j$ de ce polygone \mathcal{P} :
 - Si $\text{signe}(e_1(P_i)) \neq \text{signe}(e_1(P_j))$, cela signifie qu'il existe un point Q sur l'arête tel que $e_1(Q) = 0$. La position de ce point peut être calculée par interpolation linéaire entre P_i et P_j .
- En reliant entre eux les points Q que nous venons de calculer, nous obtenons plusieurs segments (voir figure 3.4).
- Comme une arête est commune à deux voxels voisins, nous sommes sûrs que d'un voxel à l'autre, les segments peuvent se rabouter parfaitement. Il nous reste donc à suivre maintenant les segments de voxel en voxel voisin afin de construire les lignes complètes (voir figure 3.5). A la fin du processus, nous obtenons un ensemble de lignes constituées par une liste ordonnée de points.

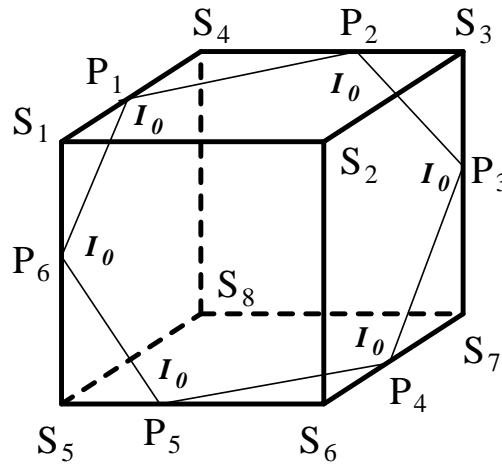


FIG. 3.3 – Le polygone \mathcal{P} dont les sommets sont les points P représente l'isosurface $I = I_0$ dans un voxel.

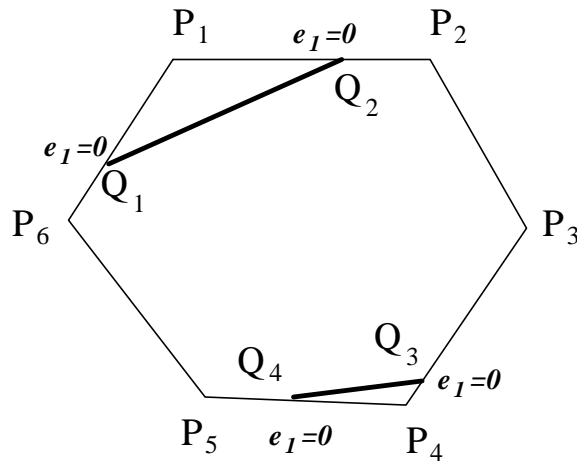


FIG. 3.4 – Dans le polygone \mathcal{P} , nous pouvons trouver les points Q qui définissent des segments qui constituent les morceaux de lignes de crête dans le voxel.

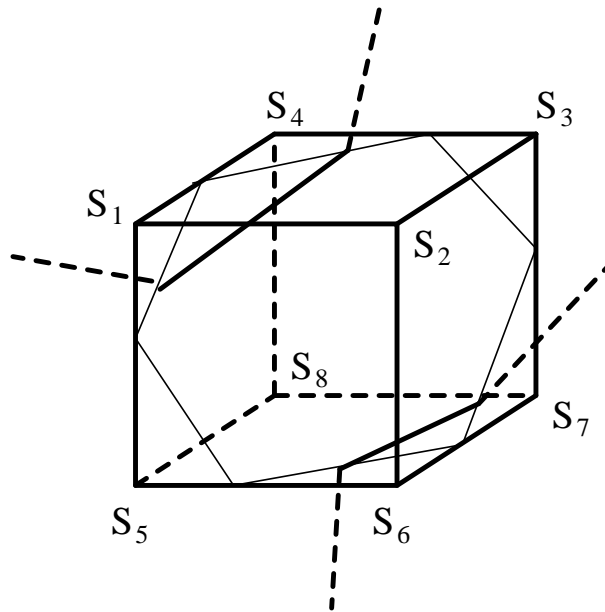


FIG. 3.5 – Les segments vont pouvoir être raboutés pour former les lignes de crête de l'image.

Deux difficultés doivent être prises en compte dans cet algorithme :

- La recherche de $I = I_0$ (ou $e_1 = 0$) peut être difficile quand les deux sommets d'une arête ont des intensités nulles. Dans ce cas là, toute l'arête vérifie l'équation. Aussi, l'algorithme du « Marching Lines » détecte la frontière entre $I \geq I_0$ et $I < I_0$ plutôt que $I = I_0$.
- L'obtention des points P (et Q) ne donne aucune indication sur la façon de les relier pour construire le polygone \mathcal{P} (ou les segments). Il est donc nécessaire de prendre des conventions arbitraires (fondées d'une part sur une orientation du voxel et, d'autre part, sur la valeur de l'intensité au centre du voxel calculée par interpolation linéaire) pour obtenir un résultat cohérent (pas de trous dans la surface) et reproductible.

3.4.3 Comment obtenir de « belles » lignes de crête ?

La robustesse de la définition des lignes de crête

Nous avons vu qu'un point de crête est tel que sa courbure principale maximale en valeur absolue est maximale dans sa direction associée. Mais pourquoi

privilégier le maximum et ne pas considérer aussi les minimums ?

En fait, un minimum de la courbure principale maximale en valeur absolue se présente comme dans la figure 3.6, c'est-à-dire un creux qui s'évase au minimum de la courbure. Dès lors, la moindre variation de la surface peut changer considérablement la position du minimum sur le méplat du creux.

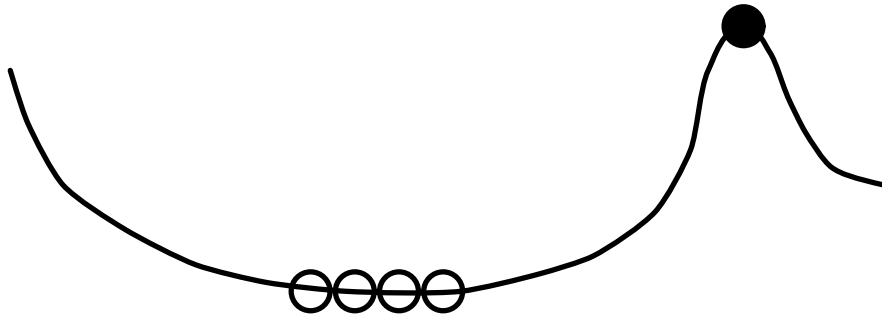


FIG. 3.6 – Les minimums de la courbure « maximale » (disques blancs) sont situés sur des méplats de l'isosurface et leur localisation n'est pas stable. Au contraire, les maximums (disque noir) sont très marqués et donc peu sensibles à des petites variations de l'isosurface.

Par contre, le maximum de la courbure principale maximale en valeur absolue correspond à un endroit très marqué de la surface. Une petite variation de cette dernière ne modifiera que peu sa position.

Le compromis lissage-précision

Nous avons vu que la discrétisation du calcul des éléments différentiels s'effectuait par une convolution gaussienne (paramétrée par σ), ce qui revient à lisser l'image puisque l'intensité en un point est pondérée par celles des voisins.

Ce lissage a tendance à diminuer les différences d'intensité de l'image et par là-même à atténuer les extremums voire les éliminer totalement (voir figure 3.7).

D'un point de vue géométrique, l'isosurface $I = I_0$ se retrouve lissée et ses extremums de courbure deviennent moins marqués. Ainsi, après un fort lissage, les lignes de crête peuvent :

- *disparaître* : ce sont en général les lignes les moins saillantes donc les plus sensibles aux légères variations de la surface et par là-même les moins significatives.

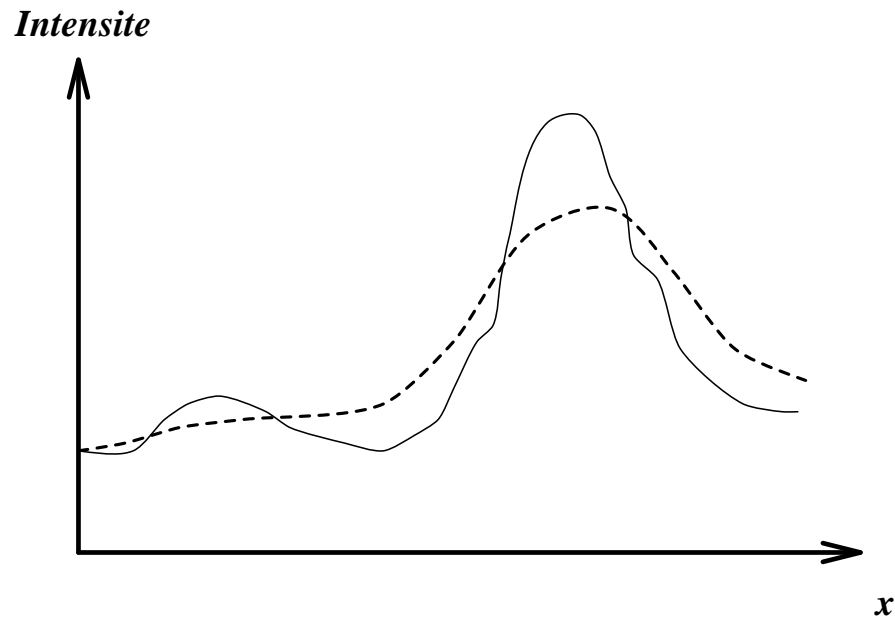


FIG. 3.7 – En noir, l'intensité originale suivant un des axes de l'image. En pointillé, l'intensité après un fort lissage : en diminuant les différences d'intensité, les extremums sont atténués (voir pic de droite) voire éliminés (pic de gauche).

- être délocalisées : le maximum de courbure sur la surface devient moins net et il peut se créer une sorte de méplat qui va engendrer une incertitude sur la localisation du maximum.
- être fusionnées : le minimum qui séparait deux maxima très marqués est tellement atténué qu'il disparaît et les deux morceaux de ligne de crête vont alors se rabouter.

En définitive, nous nous trouvons devant le compromis suivant : lisser l'image fortement permet d'obtenir des lignes de crête plus longues et plus stables mais au détriment de l'exactitude de leur position [FT95].

Nous analysons les effets du lissage dans l'exemple du paragraphe suivant concernant les ventricules cérébraux (voir figure 3.13).

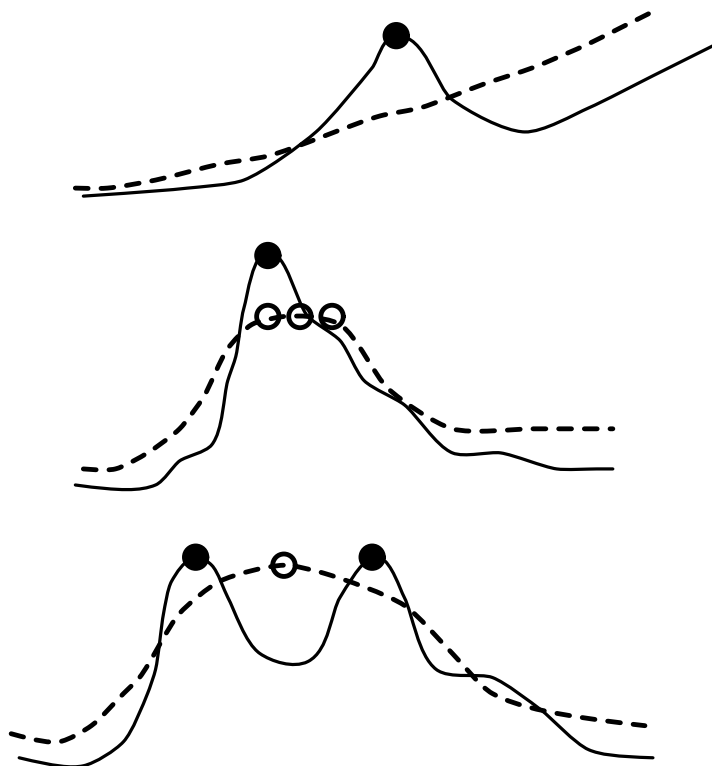


FIG. 3.8 – En noir, l'isosurface originale en coupe. En pointillé, l'isosurface après un fort lissage : les maximums de courbure de l'isosurface représentés par des disques noirs peuvent être éliminés (haut), délocalisés (milieu) ou fusionnés (bas).

Le schéma multi-échelle

Le *schéma multi-échelle* permettrait de garder la précision d'un faible lissage et la pertinence d'un fort lissage. Il consiste à :

- calculer les lignes de crête à différents lissages en faisant varier σ .
- mettre en correspondance les lignes trouvées à diverses échelles.
- trouver les lignes qui sont présentes à toutes les échelles. Ce sont les plus stables et les plus significatives.
- extraire la géométrie de ces lignes à l'échelle la plus faible afin de garder les positions exactes des points de crête.

Programmer un tel schéma est très difficile car il faut savoir à quelles échelles calculer les lignes (en définissant la limite supérieure et le pas de discrétisation de σ), trouver les mises en correspondance des points des lignes malgré les disparitions, les délocalisations. De surcroît, les changements de topologie (fusion de lignes) rendent très difficile la recherche des lignes communes à toutes les échelles. Aussi, n'avons nous développé qu'une version très limitée d'un tel schéma :

- calcul d'un ensemble E_1 de lignes de crête avec un faible lissage.
- calcul d'un ensemble E_2 de lignes de crête avec un fort lissage.
- mise en correspondance des deux jeux de lignes E_1 et E_2 grâce au programme décrit dans le chapitre 4.
- création de l'ensemble E'_1 qui contient les lignes de E_1 qui sont mises en correspondance avec une ligne de E_2 .

Nous présentons les résultats de cette méthode dans l'exemple du paragraphe suivant concernant les ventricules cérébraux.

Sur l'extraction multi-échelle des lignes de crête, le lecteur pourra se référer à [MLD94] et [FT94] [FT95].

Le seuillage par hystérésis

Pour supprimer les lignes de crête peu significatives, nous pouvons appliquer un *seuillage par hystérésis* sur la courbure « maximale ».

Le seuillage par hystérésis consiste à ne garder que les portions de lignes de crête dont tous les points ont une courbure « maximale » supérieure à un seuil *bas* mais dont au moins un a une courbure « maximale » supérieure à un seuil *haut*.

Par rapport au simple seuillage, cette méthode permet de conserver en totalité des portions de lignes même si quelques points ont une faible courbure. Les lignes obtenues sont donc plus longues et moins découpées.

Comme le seuillage par hystérésis ne garde que les lignes qui ont au moins un point de forte courbure (et, à l’opposé, élimine celles dont tous les points sont de faible courbure), il permet de filtrer les lignes les plus saillantes et ainsi, les plus significatives d’un point de vue anatomique.

Nous présentons les résultats du seuillage par hystérésis dans l’exemple du paragraphe suivant concernant le crâne (voir figure 3.12).

Le signe de la courbure « maximale »

Nous pouvons aussi séparer les lignes de crête dont la courbure « maximale » est positive de celles dont elle est négative. Géométriquement, cela revient à séparer les lignes de crête qui se trouvent sur une surface convexe de celles qui suivent une surface concave.

Cependant, la concavité et la convexité ne sont définies que par rapport à l’orientation de la surface qui détermine l’intérieur et l’extérieur (voir figure 3.9). L’orientation est définie lors de l’extraction de l’isosurface : par exemple, l’intérieur est du côté de l’isosurface dont l’intensité est inférieure au seuil alors que l’extérieur se trouve du côté où l’intensité est supérieure.

En particulier, le signe de la courbure « maximale » permet de différencier :

- les lignes de crête du crâne qui sont internes (concavité) de celles qui sont externes (convexité).
- les lignes de crête du cerveau qui se trouvent au creux des sillons (concavité) ou sur les bosses des circonvolutions (convexité).

Le signe de la courbure « maximale » est un paramètre très significatif géométriquement. Aussi, lors de l’étape de mise en correspondance des lignes, nous apparierons d’un côté les lignes de crête « convexes » et de l’autre les « concaves ».

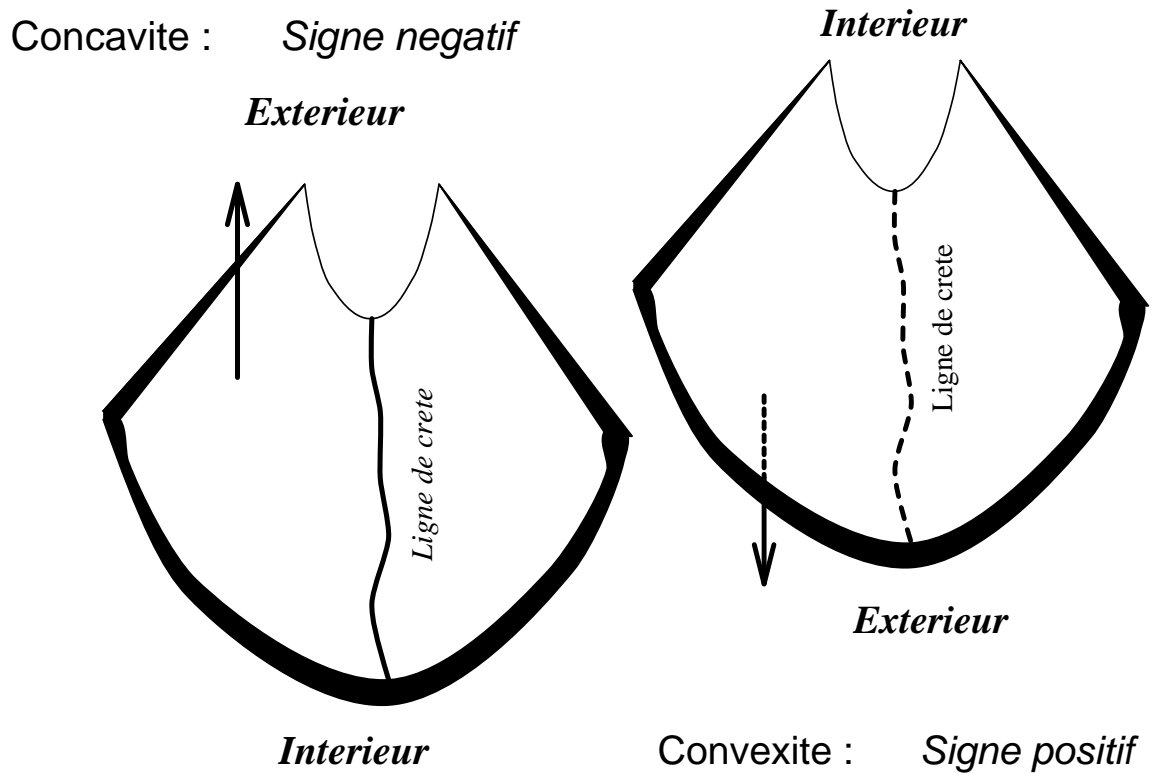


FIG. 3.9 – A gauche, la ligne de crête se trouve dans une concavité : elle aura donc une courbure « maximale » négative. A droite, la surface est orientée différemment, la ligne de crête se trouve alors dans une convexité et sa courbure « maximale » est positive.

3.5 Quelques exemples de lignes de crête

Dans tous les exemples suivants, nous présentons les lignes de crête avec l'iso-surface correspondante. Pour une meilleure visualisation, nous avons légèrement décalé les lignes des surfaces.

3.5.1 Un objet manufacturé quasi-polyédrique : un moteur à explosions

Un moteur à explosions a été scanographié¹ à l'Institut Français du Pétrole dans le but d'étudier ses caractéristiques et de pouvoir reconstruire sa géométrie interne.

Le moteur a été segmenté par un simple seuillage sur l'intensité puisque le métal apparaît très contrasté dans l'image originale.

Les lignes de crête ont été extraites avec un faible lissage ($\sigma = 1, 0$). Nous vérifions bien visuellement dans la figure 3.10 leur définition, c'est-à-dire qu'elles suivent les arêtes de l'objet.

3.5.2 Une structure anatomique osseuse : le crâne

Nous avons calculé les lignes de crête avec un assez fort lissage ($\sigma = 3, 0$) sur le crâne \mathcal{F} segmenté par un simple seuillage. Nous obtenons 548 lignes.

Nous remarquons que les lignes de crête suivent bien les lignes saillantes de l'os (voir figure 3.11) aussi bien sur la surface externe (la ligne sous-mandibulaire, le pourtour des orbites et du nez, les pommettes ou les tempes) que sur la surface interne (les os sphénoïdes et temporaux ou le trou occipital par lequel passe la moelle épinière).

Néanmoins, nous remarquons que certaines lignes sur le haut du crâne ne semblent pas significatives. Cela peut être dû :

- à la discrétisation (effet de « volume partiel ») qui est particulièrement visible au niveau du haut du crâne où apparaissent des « marches d'escalier ». Un simple voxel légèrement décalé par rapport à ses voisins peut alors créer un endroit saillant et par là-même une ligne de crête.

1. Ces données scanographiques de résolution $256 \times 256 \times 48$ voxels proviennent de l'Institut Français du Pétrole et nous ont été fournies par M. Pascal Menegazzi de la Division Moteurs.



FIG. 3.10 – Lignes de crête sur un objet manufacturé quasi-polyédrique : un moteur à explosions.

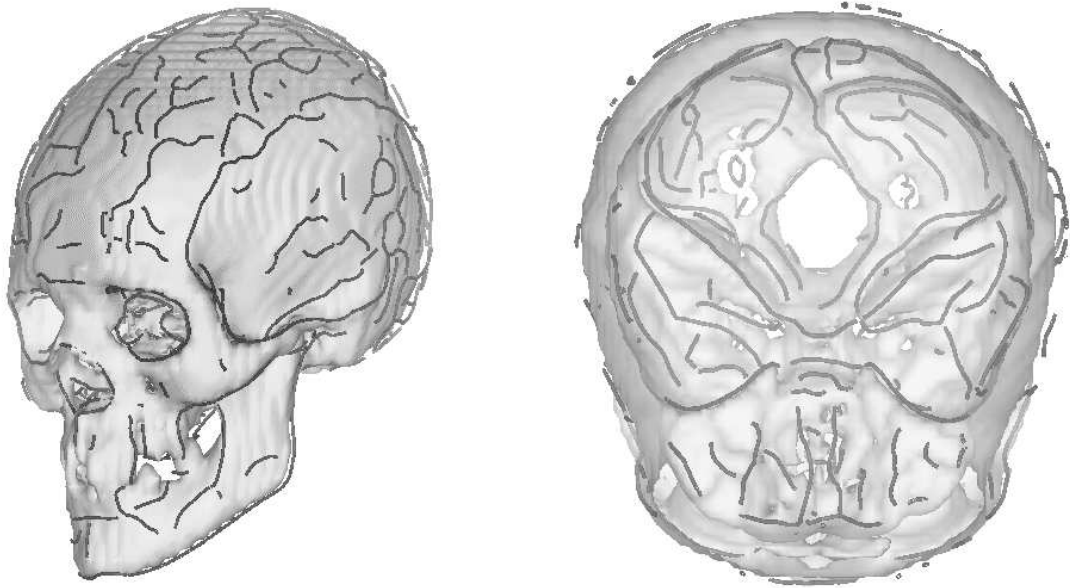


FIG. 3.11 – *Lignes de crête d'un crâne. Les lignes intérieures soulignent, en particulier, les os sphénoïdes et temporaux ainsi que le trou occipital.*

- aux artefacts. Par exemple, le crâne sec a été scié suivant son plan de symétrie et l'entaille peut alors créer des lignes de crête.

Le résultat de l'application du seuillage par hystérésis est spectaculaire (voir figure 3.12) : il ne reste plus que 117 lignes et toutes les lignes parasites du front et de la boîte crânienne ont disparu.

3.5.3 Une structure anatomique organique : le cerveau

Les ventricules cérébraux latéraux

Tout d'abord, observons le problème du compromis lissage-précision sur les lignes de crête des ventricules cérébraux latéraux extraites dans des images IRM segmentées manuellement².

Nous avons extrait les lignes de crête avec un lissage de $\sigma = 1,0$ (415 lignes) et $\sigma = 3,0$ (24 lignes). Nous remarquons alors dans la figure 3.13 que si les lignes

2. L'image du cerveau référencé case9 a été segmentée en une vingtaine de sous-structures organiques, dont les ventricules, par l'équipe du Brigham & Women's Hospital de la Harvard Medical School de Boston (Etats-Unis).

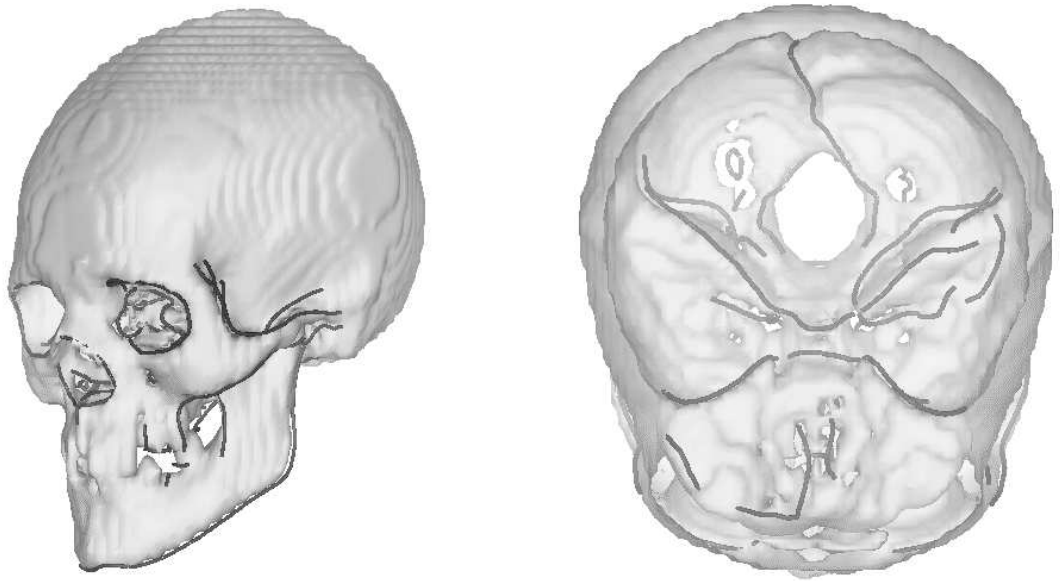


FIG. 3.12 – Lignes de crête du crâne seuillées par un filtrage par hystérésis. Celui-ci élimine les lignes dont la courbure est toujours faible. Les lignes restantes sont donc les plus saillantes et nous avons éliminé toutes les lignes parasites du front et de la boîte crânienne.

de crête dans le second cas sont plus longues et moins bruitées, elles ne suivent plus la surface du ventricule. En particulier, nous perdons toute l'information au niveau des « cornes » des ventricules.

Nous mettons maintenant en correspondance les deux ensembles de lignes. Nous extrayons ensuite les lignes de crête provenant du lissage de $\sigma = 1,0$ qui ont été mises en correspondance avec celles obtenues avec un lissage de $\sigma = 3,0$. Nous n'avons plus que 50 lignes qui sont à la fois très significatives (en particulier, nous éliminons les très petites lignes dues au bruit) et très bien localisées (voir figure 3.14).

Ceci confirme donc l'utilité d'un schéma multi-échelle pour l'extraction des lignes de crête des ventricules, et plus généralement, du cerveau.

La surface corticale

Calculons les lignes de crête dans une image IRM de haute résolution, préalablement segmentée semi-automatiquement, du cerveau³.

Pour cela, nous utilisons le schéma multi-échelle simplifié pour obtenir des lignes significatives et correctement localisées :

- Calcul d'un premier ensemble E_1 de 1 558 lignes de crête avec un lissage de $\sigma = 3,0$.
- Calcul d'un second ensemble E_2 de 4 889 lignes de crête avec un lissage de $\sigma = 1,5$.
- Après la mise en correspondance de E_1 et E_2 , nous gardons les 2 031 lignes de E_2 appariées qui sont visualisées dans la figure 3.15.

Parmi ces lignes, il est possible de séparer celles de courbure « maximale » positive et de courbure « maximale » négative). Nous pouvons alors différencier les bosses (circonvolutions) des creux (sillons) du cerveau (voir figure 3.16).

3.5.4 Une séquence temporelle: le battement cardiaque

Nous avons appliqué l'algorithme d'extraction de lignes de crête successivement à 18 images scanographiques (avec injection de produit de contraste) de

3. Ces données IRM (référéncées case1) de résolution 123 coupes de 256×256 pixels proviennent de la Harvard Medical School du Brigham & Women's Hospital de Boston (Etats-Unis), ont été fournies par M. Ron Kikinis et ont été segmentées par son équipe.

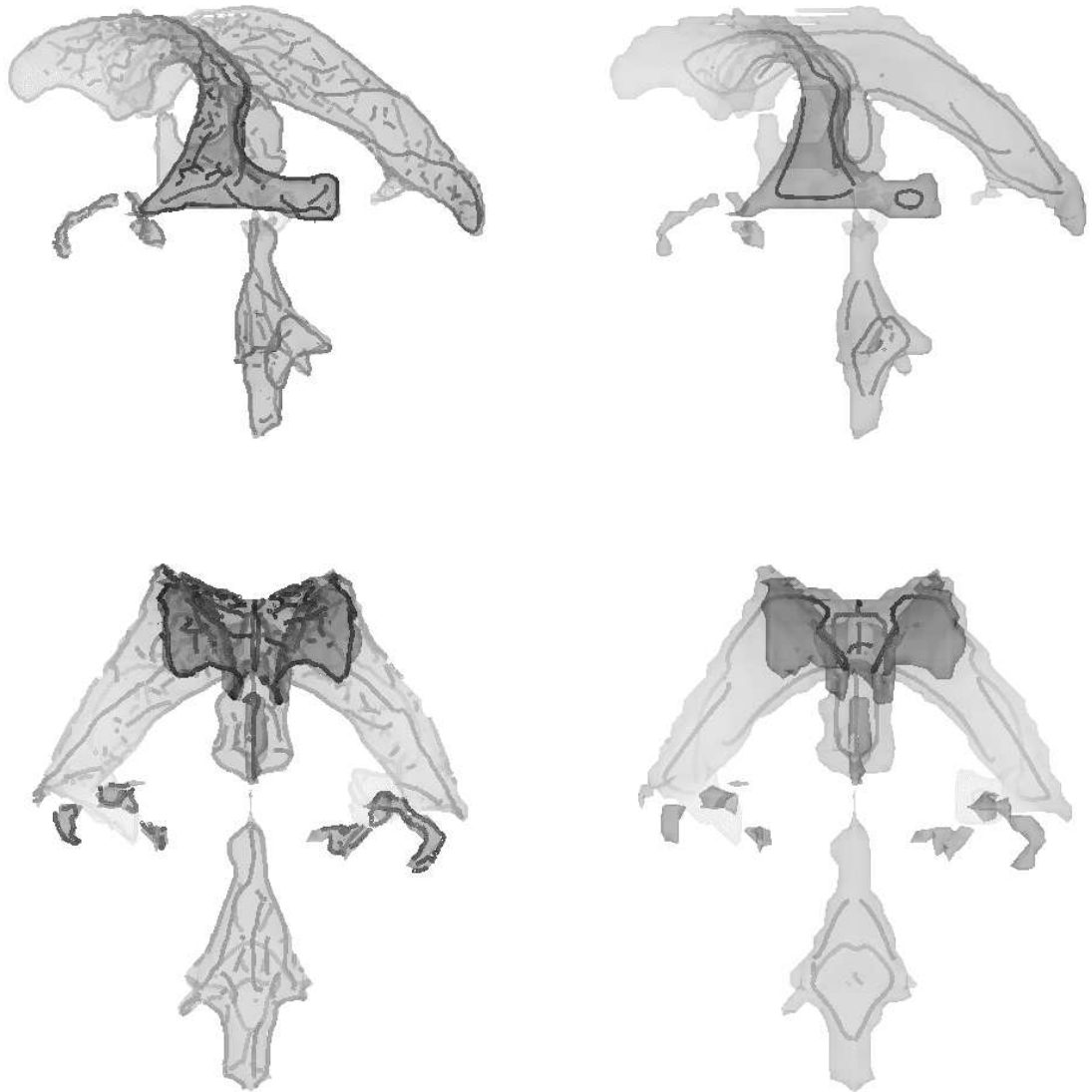


FIG. 3.13 – Lignes de crête extraites sur la surface des ventricules cérébraux latéraux. A gauche, le filtrage est de 1,0 et les lignes suivent précisément la surface même si beaucoup d’entre elles ne sont pas significatives d’un point de vue anatomique. A droite, le filtrage est de 3,0 : les lignes sont longues et beaucoup moins nombreuses mais elles sont délocalisées par rapport à la surface.

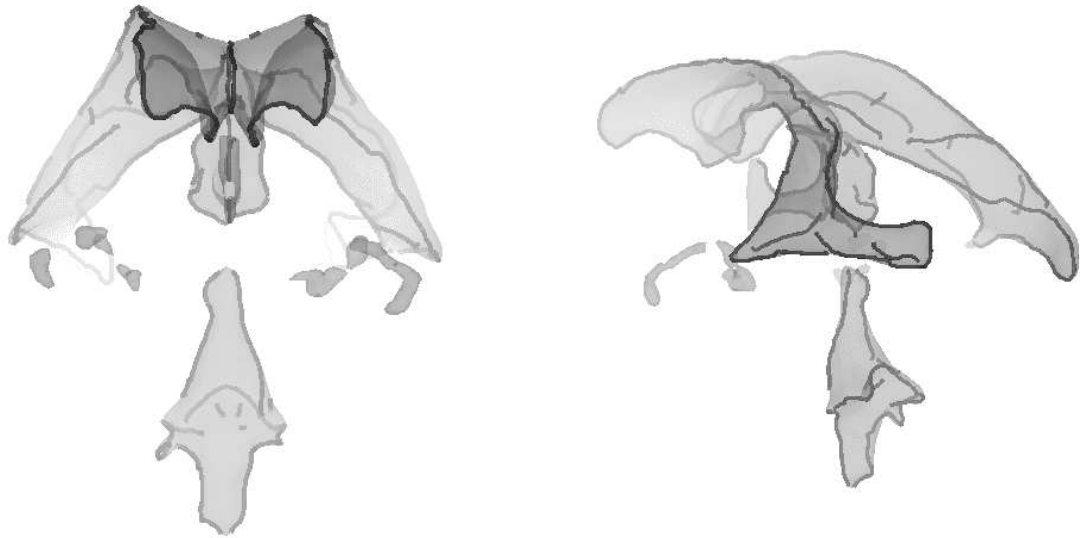


FIG. 3.14 – *Lignes de crête obtenues par un schéma multi-échelle simplifié. Nous n'avons plus que quelques lignes régulières et bien localisées sur les « bords » des ventricules.*

haute résolution représentant le cycle cardiaque de l'intérieur de la partie gauche (oreillette et ventricule) d'un cœur de chien⁴. La segmentation a été effectuée par des outils de seuillage et de morphologie mathématique.

Nous remarquons dans la figure 3.17 que certaines lignes se retrouvent d'une image à l'autre, en particulier celles qui suivent les creux dus à la contraction du muscle cardiaque. Ces lignes pourraient donc être caractéristiques des ondes de mouvement du battement cardiaque et servir de repères pour son analyse à des fins diagnostiques.

[CFM94] et [FMPA92] utilisent aussi des caractéristiques différentielles pour suivre le mouvement.

4. Ces images de résolution 98 coupes de 100×110 pixels pour chacun des 18 instants ont été acquises par le scanographe prototype Dynamic Spatial Reconstructor de la Clinique/Fondation Mayo de Rochester (Etats-Unis) et nous ont été fournies par MM. Richard Robb et Dennis Hanson. Les images ont ensuite été segmentées par M. Eric Bardinet du Projet Epidaure, INRIA Sophia-Antipolis.

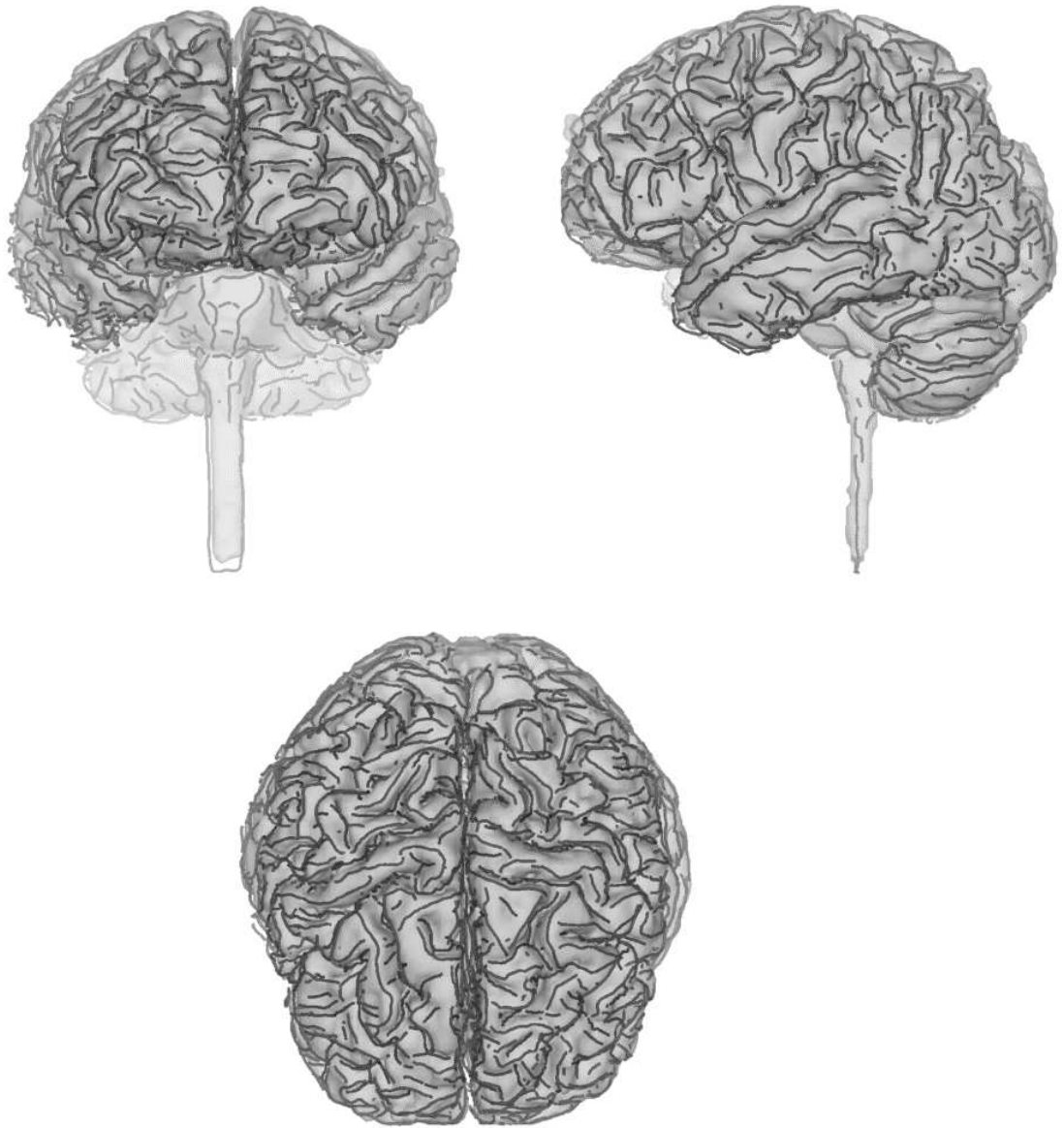


FIG. 3.15 – *Lignes de crête de la surface corticale.*

3.6. SIGNIFICATION ANATOMIQUE DES LIGNES DE CRÊTE⁶¹

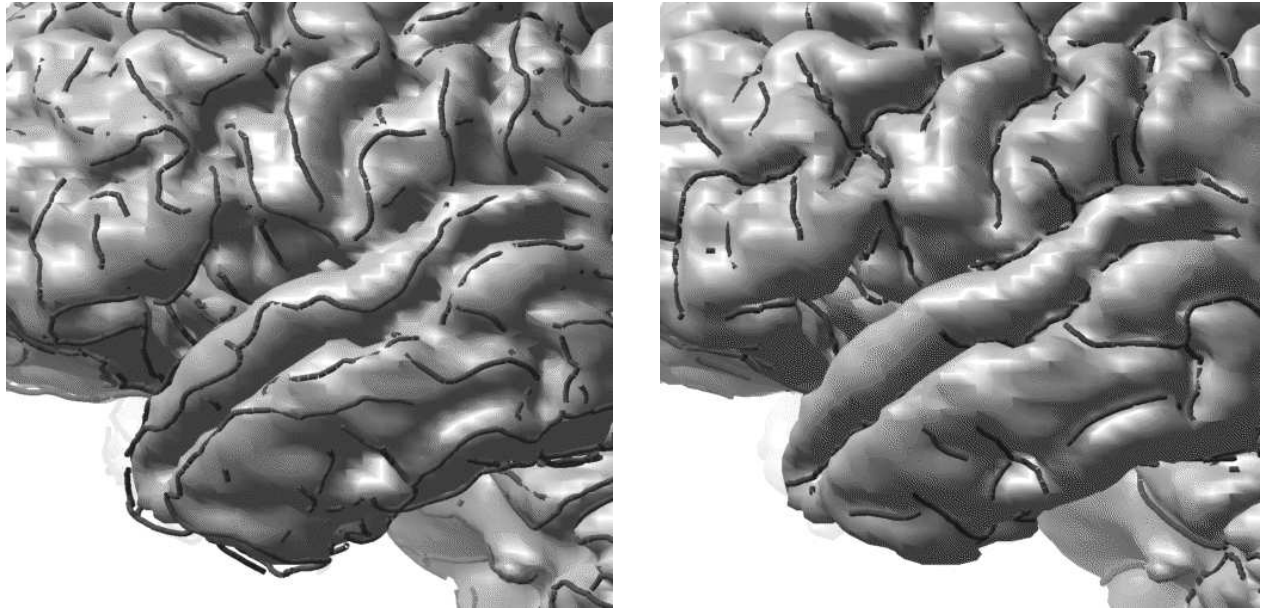


FIG. 3.16 – *Les lignes de crête de courbure « maximale » positive (à gauche) suivent les bosses des circonvolutions alors que celles de courbure « maximale » négative (à droite) se logent au creux des sillons.*

3.6 Signification anatomique des lignes de crête

3.6.1 Les lignes de crête du crâne

Nous avons vu que par leur définition mathématique, les lignes de crête suivent les lignes saillantes des surfaces. Or, de telles structures peuvent être utilisées par les médecins comme repères anatomiques.

Ainsi, les lignes de crête sont très proches des « ridge lines » présentées dans les articles médicaux [BC88] et [Cut91] (voir figure 3.18).

Les « ridge lines » sont extraites sur la surface du crâne soit manuellement par l'intermédiaire d'un capteur de position tridimensionnelle [Dea93], soit semi-automatiquement par l'algorithme ci-dessous [CBH⁺93]

- Un ensemble de « ridge lines » est prédéterminé sur un crâne modèle par des spécialistes en anatomie. Il va servir de gabarit (« template » en anglais) dans la suite du processus.
- Un ensemble de points caractéristiques - coins des lignes orbitales, limites des pommettes ou de la mandibule, points situés sur la la ligne médiane -

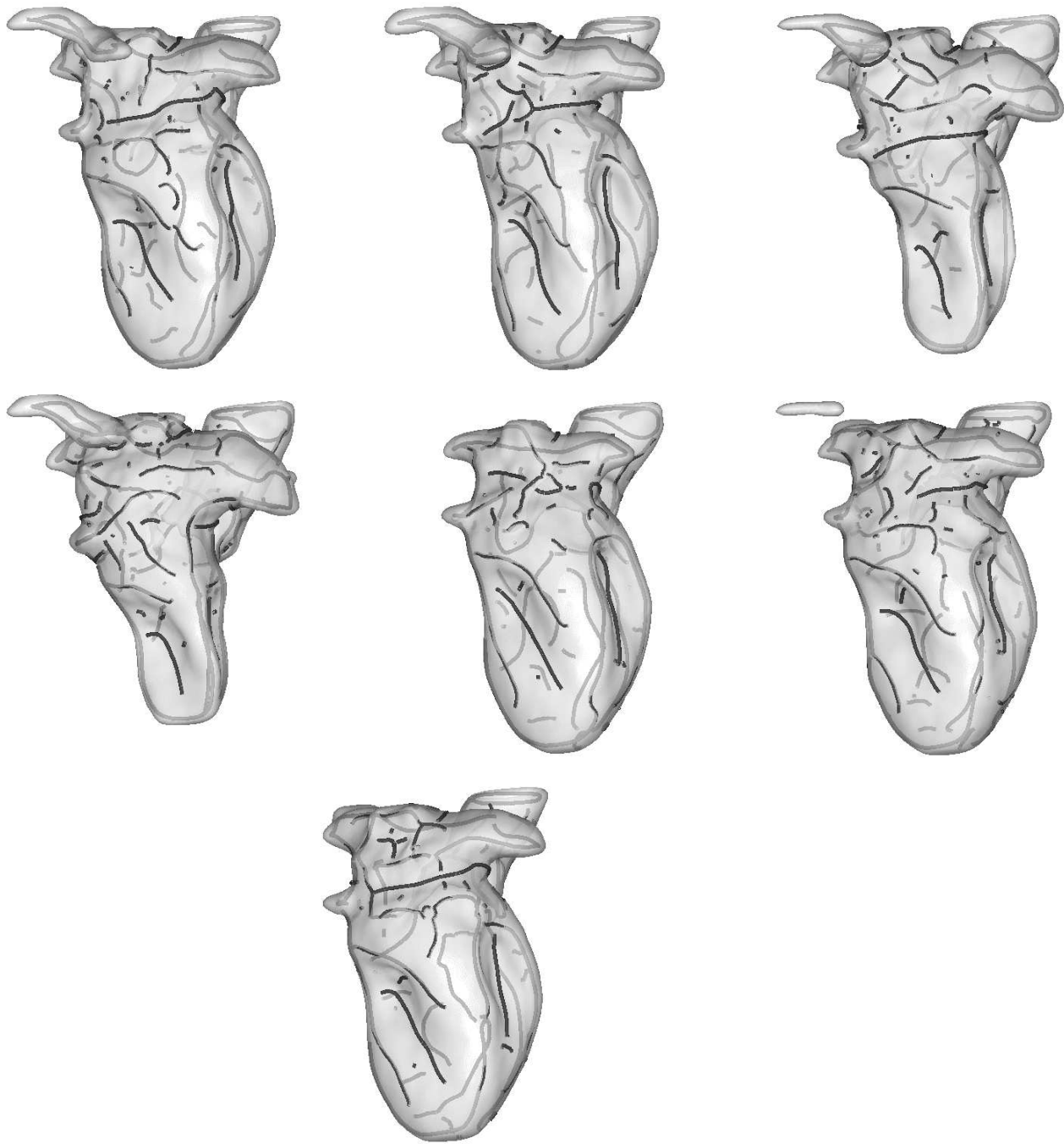


FIG. 3.17 – Images extraites d’une séquence temporelle de 18 images du battement de cœur : de gauche à droite et de haut en bas, les instants 1, 3, 6, 9, 12, 15 et 18. Les lignes de crête mettent remarquablement en valeur les creux et les bosses caractéristiques du mouvement. D’autre part, les lignes de l’instant 1 (début du cycle cardiaque) et 18 (fin du cycle cardiaque) sont très proches.

3.6. SIGNIFICATION ANATOMIQUE DES LIGNES DE CRÊTE⁶³

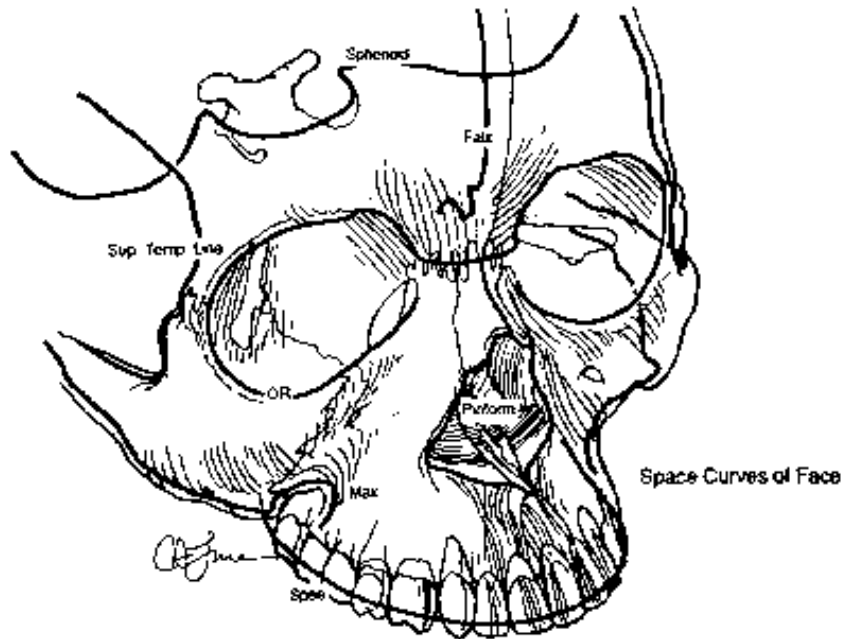


FIG. 3.18 – Les « principal ridge curves » du crâne d'après [BC88].

est localisé manuellement sur la surface du crâne à étudier. Ces points ont préalablement été déterminés sur le crâne modèle.

- A partir des appariements entre les points, le gabarit est déformé et plaqué sur la surface du crâne à étudier.
- Le gabarit est statistiquement ajusté sur la surface du crâne à étudier pour détecter ses « ridge lines ».
- La position des « ridge lines » est alors retouchée manuellement par un anatomiste.

En conclusion, le contrôle permanent d'un anatomiste permet d'assurer la pertinence anatomique des « ridge lines ».

Comparons les lignes de crête et les « ridge lines »⁵ extraites des données scanographiques du même crâne (\mathcal{F}).

5. Les « ridge lines » du crâne \mathcal{F} nous ont été fournies par M. David Dean, Professeur Associé des Départements d'Anatomie, d'Orthodontie et d'Ingénierie Biomédicale de l'Université Case Western Reserve de Cleveland (Etats-Unis).

Pour cela, nous cherchons les lignes communes aux deux ensembles en mettant en correspondance les deux jeux de lignes par le programme décrit dans le chapitre 4. Nous obtenons les résultats présentés dans la figure 3.19 qui permettent de tirer trois conclusions :

- Pour toutes les « ridge lines », nous retrouvons une ligne de crête associée. Cela montre que l'extraction automatique des lignes de crête ne laisse pas de côté des lignes anatomiques importantes.
- Les différences de position entre les lignes de crête extraites entièrement automatiquement et les « ridge lines » extraites sous contrôle manuel sont assez faibles. Cela prouve que la formulation mathématique des lignes de crête rejoint la définition empirique proposée par les anatomistes.
- Par contre, les lignes de crête peuvent présenter des différences de topologie. Ainsi, les lignes de crête qui suivent les orbites ne sont pas fermées au contraire du modèle prédéterminé des « ridge lines ».

3.6.2 Les lignes de crête du cerveau

Sur le cerveau, les lignes de crête suivent les circonvolutions et semblent mettre en évidence des configurations de sillons qui sont répertoriées dans l'atlas anatomique [OKA90] (voir figure 3.20).

3.6.3 Discussion

Les observations précédentes fourniraient donc une validation anatomique à l'utilisation des lignes de crête comme caractéristiques pour la construction automatique d'un atlas du crâne ou du cerveau.

En fait, deux problèmes sont soulevés par les spécialistes en anatomie et en anthropométrie :

- *la justification biologique.* Lors de la création manuelle d'un atlas, les anatomistes vont choisir des caractéristiques qu'ils sont sûrs de retrouver chez tous les individus pour des raisons morphogénétiques (« homologie » biologique). Ainsi, comme nous observons chez tous les individus le passage du canal optique au niveau de l'orbite ou des sutures sur la voûte crânienne,

3.6. SIGNIFICATION ANATOMIQUE DES LIGNES DE CRÊTE⁶⁵

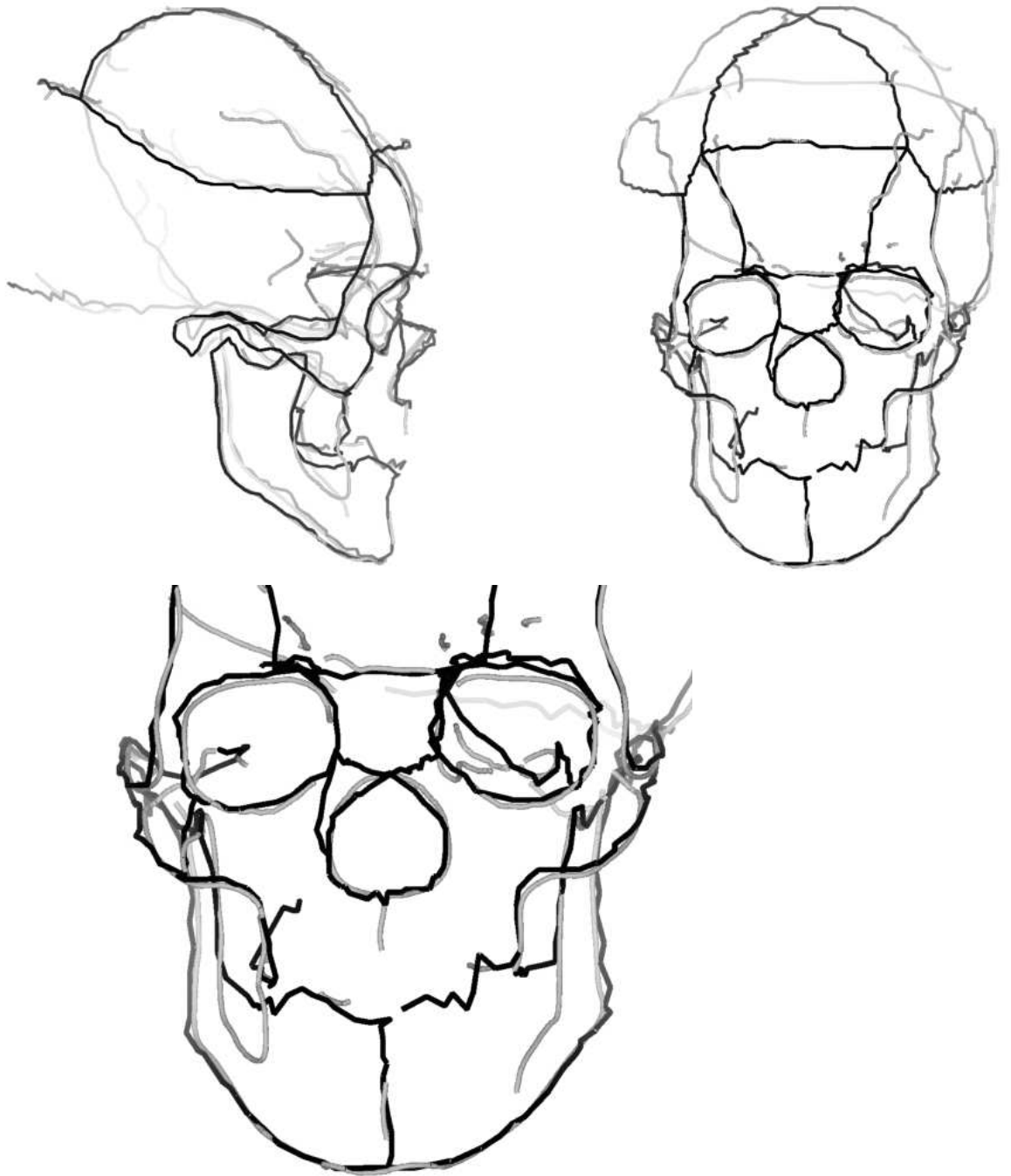


FIG. 3.19 – *Comparaison des lignes de crête (en gris) et des « ridge lines » (en noir). Leur proximité montre que les lignes de crête suivent bien les lignes mises en valeur par les anatomistes.*

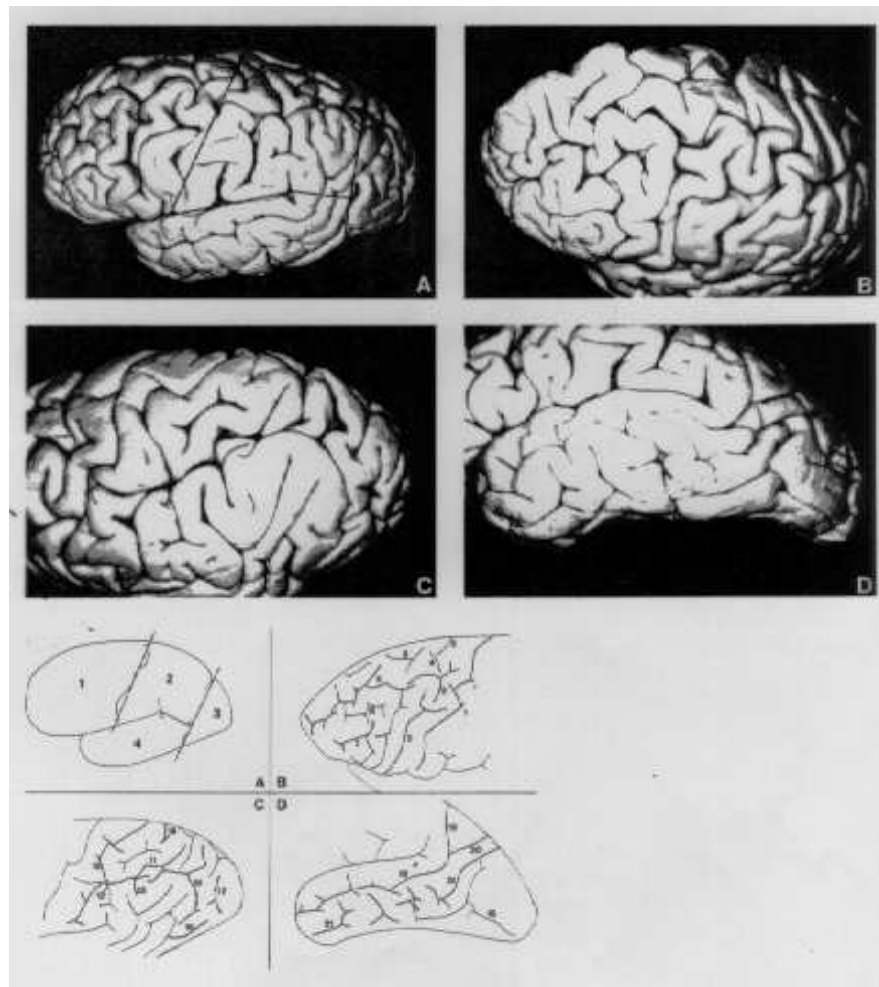


FIG. 3.20 – Les réseaux de sillons corticaux d'après [OKA90].

3.6. SIGNIFICATION ANATOMIQUE DES LIGNES DE CRÊTE⁶⁷

le centre du passage du canal ainsi que l'intersection des sutures pourront être pris comme repères.

Au contraire, nous ne pouvons pas assurer que les lignes de crête vont se retrouver d'un individu à l'autre. De surcroît, nous avons vu que l'extraction des lignes se heurtait aux problèmes de la discrétisation ou du lissage.

Alors que penser de la pertinence anatomique des lignes de crête (et plus généralement de toute caractéristique automatiquement extraite)? En fait, l'étape 3 de notre schéma va trouver automatiquement les lignes de crête communes à toutes les données. S'il n'y en a aucune ou qu'un petit nombre, nous pourrions conclure que de telles lignes ne sont pas utilisables. Dans l'étape 5, nous allons calculer des statistiques sur les variations des lignes de crête communes. Si jamais ces dernières valeurs sont trop importantes, cela prouverait que les lignes de crête n'ont pas une position stable d'une donnée à une autre et donc qu'elles ne peuvent servir à bâtir un atlas.

En définitive, la méthode justifie ou réfute automatiquement a posteriori l'utilisation des caractéristiques choisies alors que la procédure manuelle les trie dès le départ.

Cela est très important car cela ouvre la perspective de l'utilisation de caractéristiques qui n'ont jamais été mises en valeur par les anatomistes et qui n'ont qu'une définition mathématique ou algorithmique. Nous pourrions alors créer un atlas qui ne se fonde sur aucun résultat médical antérieur. Néanmoins, le spécialiste en anatomie restera toujours en bout de chaîne pour juger globalement les résultats et valider l'atlas pour les diverses applications médicales.

Une étape intermédiaire, présentée dans [Dea93] [CBH⁺93], consiste à utiliser des algorithmes automatiques pour extraire des caractéristiques mais en demandant à un expert de les valider, voire de modifier manuellement leurs positions.

- *la justification structurelle*. Nous avons vu que les lignes de crête sur le cerveau permettent de suivre les anfractuosités du cortex. Or, nous pouvons lire dans [Rég94] que « Contrairement à ce que l'on peut observer chez le singe ou chez l'homme lors de la vie fœtale, chez l'adulte, les anfractuosités du cerveau ne présentent pas, en général, une structure régulière et simple

identique d'un individu à l'autre, ni même d'un hémisphère à l'autre chez le même individu ».

Dans ce cas, pouvons nous obtenir un atlas du cerveau à partir des lignes de crête? En fait, les choses sont beaucoup plus complexes car s'il n'existe pas de structures stables de sillons communes à tous les individus, nous pourrions peut-être détecter automatiquement des structures variables (avec des changements complexes de position ou de topologie) qu'il est impossible d'appréhender visuellement.

Là aussi, les étapes 3 et 5 de la méthode vont nous permettre d'étudier objectivement et quantitativement la stabilité des structures communes. Au pire, les lignes de crête ne pourront être utilisées que pour des structures simples (sillons principaux, lignes ventriculaires).

En conclusion, nous pensons donc que les lignes de crête définissent d'excellentes caractéristiques pour la construction automatique d'un atlas du crâne et du cerveau.

3.7 D'autres caractéristiques linéaires

D'autres lignes caractéristiques peuvent être utilisées comme :

- les *lignes géodésiques* [Cut91] [CBH⁺93]. Ce sont les lignes les plus courtes qui relient deux points sur une surface. Ces lignes sont rajoutées aux « ridge lines » afin d'avoir une répartition plus dense de lignes sur l'isosurface. Néanmoins, le calcul automatique d'une ligne géodésique sur une surface est un problème complexe.
- les *lignes calculées par la « Transformation en Axe Médian » (Medial Axis Transform en anglais)*. Elles sont mises en valeur dans [BC88]. Dans [SBK⁺92], cette méthode permet d'obtenir des lignes caractéristiques qui mettent en exergue l'anatomie du cerveau.
- les *lignes calculées par des méthodes de morphologie mathématique*. Nous pouvons citer [RFD⁺95] qui extrait les lignes suivant les sillons cérébraux et les références [MFB⁺94] [Mal92] [MFV95] qui fournissent des algorithmes permettant d'obtenir des lignes caractéristiques, en particulier, sur la surface du cerveau.

3.8 Description résumée de l'étape 1

- Extraire les lignes de crête des ensembles \mathcal{A} , \mathcal{B} , \mathcal{C} , \mathcal{D} , \mathcal{E} et \mathcal{F} .

Chapitre 4

Mise en correspondance des caractéristiques

4.1 Position du problème

NOUS AVONS DEUX ENSEMBLES DE CARACTÉRISTIQUES, c'est-à-dire de lignes tridimensionnelles composées de listes ordonnées de points, E_1 et E_2 (voir figure 4.1) comportant jusqu'à plusieurs centaines de lignes et plusieurs milliers de points et nous souhaitons les « mettre en correspondance ».

Mais qu'entendons-nous exactement par « mettre en correspondance » ? En effet, en traitement d'images ce terme comporte plusieurs acceptions suivant :

- la *nature de l'acquisition des images* : Zhang [Zha93] distingue l'appariement stéréoscopique (plusieurs images - vidéo, images aériennes ou satellitaires - du même objet prises au même instant mais de plusieurs points de vue différents), la reconnaissance d'objets (une image d'un objet à comparer avec une base de données d'images préalablement acquises) et l'analyse de séquences d'images (plusieurs images du même objet à des instants différents).
- la *méthode utilisée* : Brown [Bro92] classe les algorithmes en fonction de l'espace des caractéristiques sur lesquels ils se fondent, de la métrique qui définit la similarité entre les caractéristiques et de la stratégie de recherche.

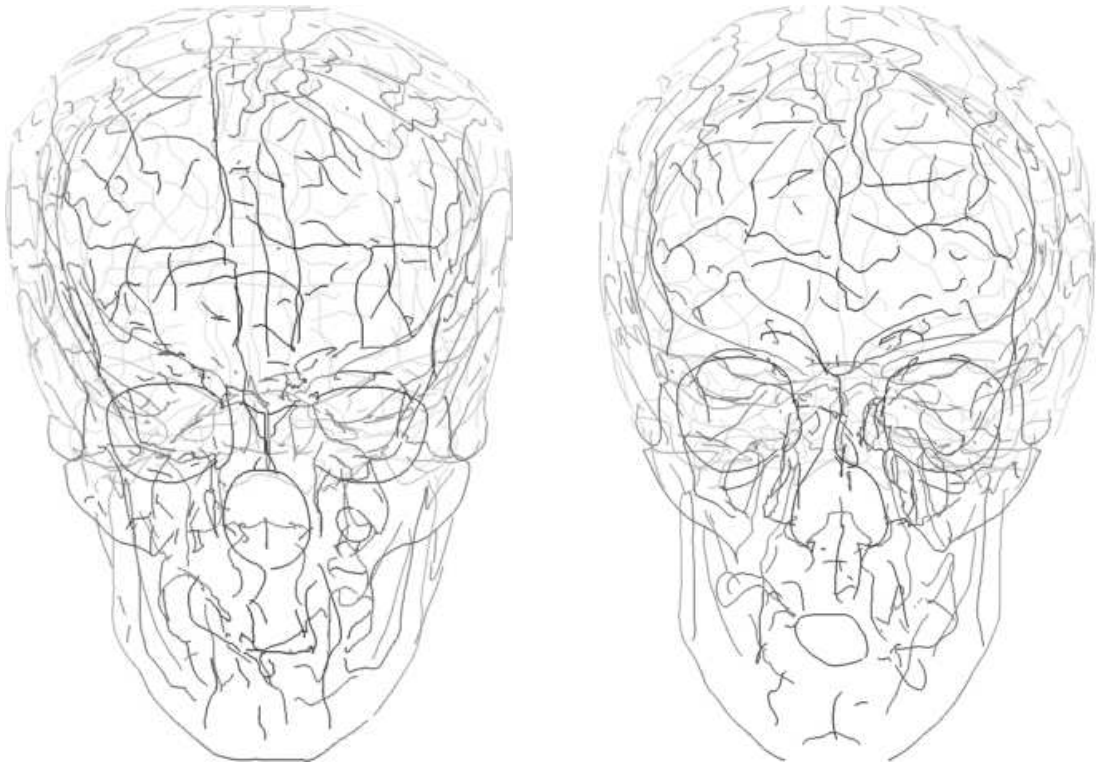


FIG. 4.1 – Deux ensembles de lignes à mettre en correspondance : à gauche, \mathcal{C} avec 591 lignes et 19 302 points , à droite, \mathcal{B} avec 583 lignes et 19 368 points . Nous remarquons la différence de taille des ensembles ainsi que les variations dans la forme des lignes, dans leur nombre et leur discrétisation.

Pour notre part, nous préférons classer les différents types de mise en correspondance suivant leurs résultats :

- *la reconnaissance de structures*: trouver quelles structures de E_1 se retrouvent dans E_2 . Le résultat peut se mettre sous la forme d'un tableau à double entrée - structures de E_1 / structures de E_2 - contenant dans chaque case la valeur « oui » ou « non ». Le résultat est donc purement symbolique et ne fait pas intervenir la géométrie.

Une application typique est la reconnaissance d'un objet dans une scène par comparaison avec une base de données.

Dans le cas de notre problème, cela revient à déterminer quelle(s) ligne(s) C_i de E_1 correspond(ent) à quelle(s) ligne(s) C_j de E_2 . Plus précisément, nous pourrions vouloir connaître quelle portion de ligne $P_{i,k}^{j,l}$, $k^{\text{ième}}$ portion de la $i^{\text{ième}}$ ligne de E_1 correspond à quelle portion de ligne $P_{j,l}^{i,k}$, $l^{\text{ième}}$ portion de la $j^{\text{ième}}$ ligne de E_2 (voir figure 4.2).

Step 2: Common feature subset extraction

Based on a non-rigid registration method.

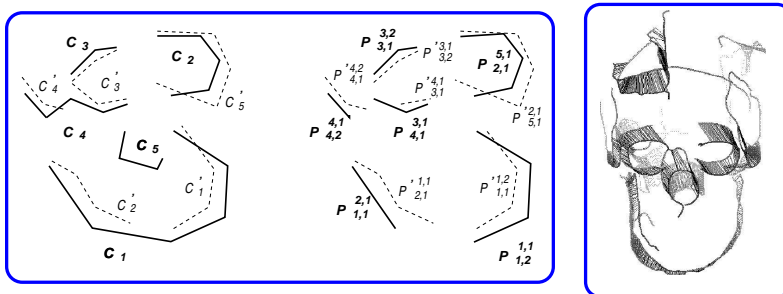


FIG. 4.2 – L'algorithme de mise en correspondance « reconnaissance des lignes » doit trouver quelle ligne (ou portion de ligne) $P_{i,k}^{j,l}$, $k^{\text{ième}}$ portion de la $i^{\text{ième}}$ ligne de E_1 correspond à quelle ligne (ou portion de ligne) $P_{j,l}^{i,k}$, $l^{\text{ième}}$ portion de la $j^{\text{ième}}$ ligne de E_2 et vice versa.

Ce type de mise en correspondance nous servira dans l'étape III de recherche de sous-ensembles de lignes communes afin de construire la structure de l'atlas.

- *des appariements de points*: appairer les points de E_1 et les points de E_2 . Le résultat peut donc se mettre sous la forme d'une liste de couples de points (M_1^i, M_2^j) où M_1^i et M_2^j appartiennent respectivement à E_1 et E_2 . Remarquons que certains points peuvent ne pas être appariés si une partie de E_1 n'a pas de correspondant dans E_2 (problème dit d'« occultation »).

En général, cette liste de points est caractéristique d'une déformation ou d'un déplacement entre les deux images. Cependant, celui-ci n'est connu que de manière discrète aux positions des points.

Les applications classiques sont la mise en correspondance stéréoscopique où la différence entre les positions d'un point dans deux prises de vue vidéo permet de calculer sa profondeur et donc, de reconstituer sa position tridimensionnelle, et le suivi de trajectoire d'un point dans des images successives.

Dans le cas de notre problème, les appariements de points constituant les lignes (voir figure 4.3) nous permettront d'obtenir une « moyenne » des lignes dans l'étape IV ainsi que des paramètres statistiques sur leurs variations dans l'étape V.

- *recherche d'une transformation globale*: trouver la transformation qui en tout point de E_1 fait correspondre un point de E_2 . Contrairement à la définition précédente, les appariements entre les points de E_1 et E_2 doivent être continus dans toute l'image. Le résultat est une fonction continue définie sur E_1 (par exemple, une transformation rigide, affine, polynomiale ou définie par des fonctions splines) qui peut être visualisée par un maillage régulier déformé comme dans la figure 4.4.

Les applications classiques concernent le recalage, c'est-à-dire la superposition de deux images. Ainsi, dans le cas du recalage rigide, la fonction sera la composée d'une rotation et d'une translation.

Dans le cas de notre problème, nous utiliserons le recalage rigide afin de ne pas tenir compte des rotations, des translations lors de la moyenne et de l'étude des variations des lignes dans l'étape IV et V. D'autre part, nous utiliserons un recalage non-rigide dans le chapitre consacré aux applications afin de superposer l'atlas sur les données des patients pour pouvoir les comparer qualitativement.

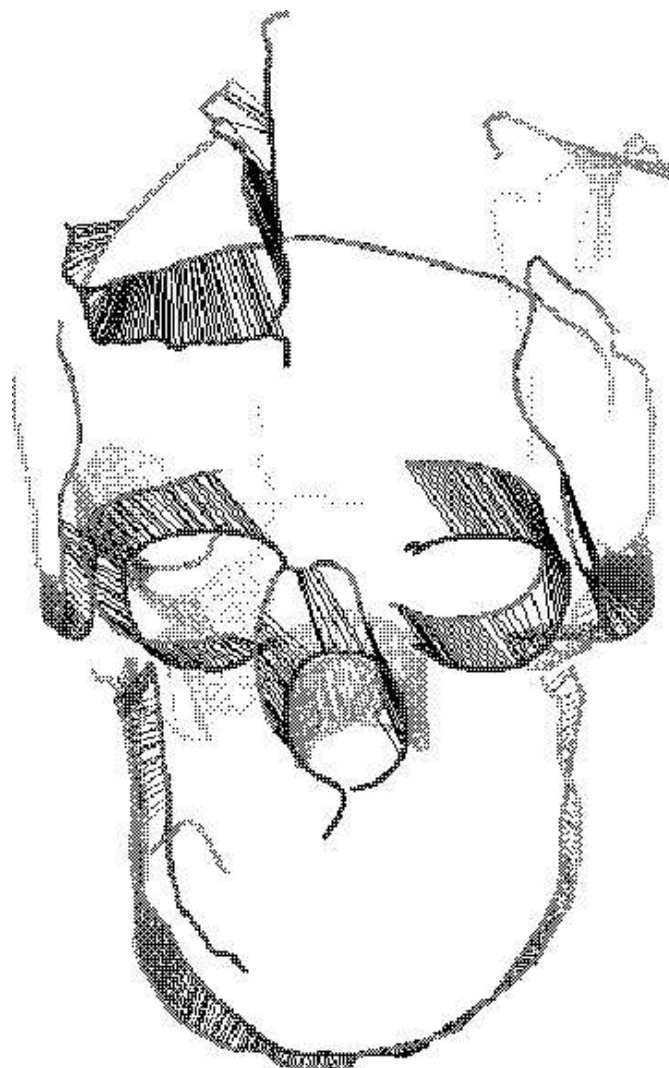


FIG. 4.3 – L'algorithme de mise en correspondance « appariement des points » lie les points des lignes appartenant à E_1 avec les points des lignes appartenant à E_2 .

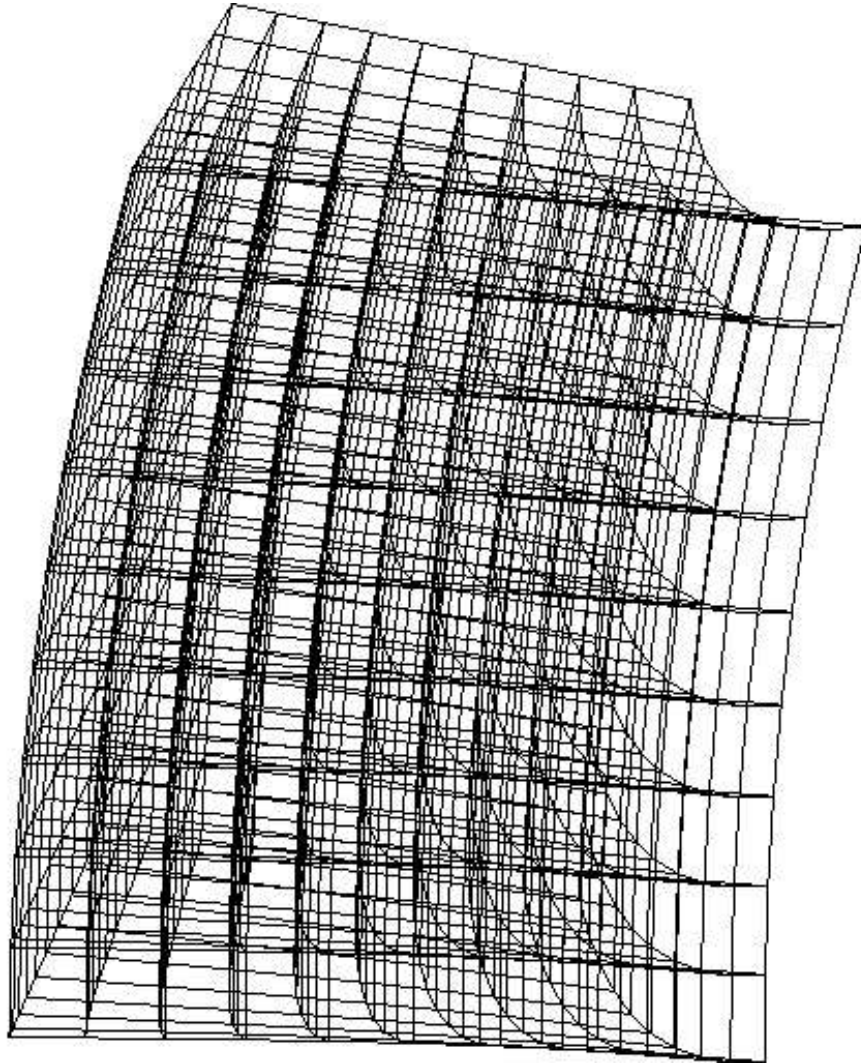


FIG. 4.4 – L’algorithme de mise en correspondance « recherche d’une transformation globale » permet de trouver une fonction définie sur toute l’image qu’il est possible de visualiser en l’appliquant à un maillage régulier tridimensionnel.

La distinction entre les trois définitions de la mise en correspondance est relativement formelle. En général, les éléments fondamentaux sont les points aussi les algorithmes de mise en correspondance vont être fondés sur l'appariement de ces derniers pour reconnaître des structures ou déterminer une transformation globale. Cependant, les résultats et leurs utilisations restent très différents.

Etudions maintenant plus particulièrement la difficulté du problème dans notre application de construction automatique d'atlas.

Comme nous pouvons le remarquer dans la figure 4.1 :

- le nombre de lignes et de points est très important : plusieurs centaines de lignes et plusieurs milliers de points. Dès lors, il est impossible d'effectuer une recherche exhaustive de toutes les mises en correspondance possibles et l'algorithme ne pourra être que fondé sur des heuristiques.
- les différences entre les deux ensembles de lignes sont très importantes et nous pouvons les séparer en quatre classes :
 - les *différences structurelles* : certaines lignes proviennent d'artefacts ou de défauts de l'image et ne sont pas significatives. D'autres lignes n'ont pas de correspondance sur l'autre image car elles ne sont pas anatomiquement stables (par exemple, les petites lignes sur le haut du front).
 - les *différences topologiques* : par exemple, la ligne sous-mandibulaire à gauche est en une seule partie alors que celle de droite est en deux parties. Il faudra donc que la mise en correspondance puisse être multiple (une ligne avec plusieurs lignes).
 - les *différences géométriques* : les deux ensembles de lignes sont légèrement tournés l'un par rapport à l'autre. Heureusement, les différences d'orientation sont limitées car les patients sont toujours couchés dans la même position dans l'appareil d'imagerie médicale. Cependant, il peut y avoir des différences assez importantes de taille dans les ensembles dues à la diversité naturelle. Plus précisément, nous pouvons remarquer de fortes variations géométriques locales ; par exemple, au niveau des lignes des orbites qui n'ont pas du tout la même forme sur les deux ensembles (trois quarts d'ellipse à gauche, un cercle presque complet à droite).

- les *différences d'échantillonnage*: les ensembles de lignes ont été extraits d'après des images qui ne proviennent pas des mêmes systèmes d'acquisition. Aussi, les tailles des voxels sont différentes et par là-même, les échantillonnages des points sur les lignes. De ce fait, il ne sera pas évident de construire des appariements de points comme nous pouvons le remarquer sur la figure 4.5.

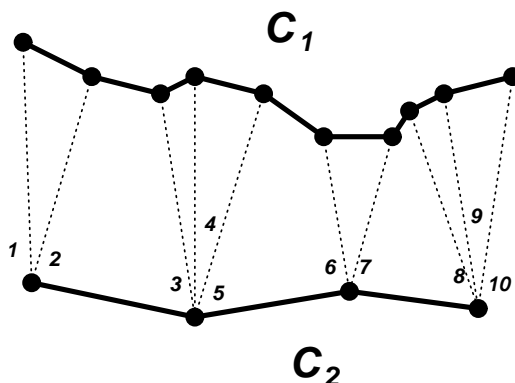


FIG. 4.5 – *A cause des différences d'échantillonnage sur C_1 et C_2 , les appariements de points peuvent être faussés : le 2^e point de C_2 doit-il être apparié par le lien 3, 4 ou 5 ?*

- la mise en correspondance est non-rigide. Nous ne travaillons donc plus dans un espace de transformations connu (comme les rotations / translations). Cela va rendre extrêmement difficile l'évaluation quantitative de la précision de la mise en correspondance.

En définitive, la mise en correspondance non-rigide des lignes tridimensionnelles apparaît comme un problème complexe.

4.2 Quelques travaux antérieurs

Nous trouvons dans [Bes90] une présentation de divers algorithmes de mise en correspondance de lignes planes. Parmi les méthodes présentées plus récemment, nous pouvons citer :

- Dans [HC94], les courbes planes sont tout d'abord représentées par des fonctions B-splines et les points des courbes sont rééchantillonnés régulièrement.

A partir de ces points, il devient alors possible de calculer des paramètres invariants par transformation affine. La comparaison de ces paramètres ainsi que la prise en compte des occultations permet de retrouver une courbe plane dans une base de données.

- Dans [ASBH90], les lignes planes représentent des silhouettes d'objets tridimensionnels. Les auteurs utilisent la méthode des descripteurs de Fourier pour construire un ensemble de coefficients normalisés qui sont invariants par toute transformation affine. Cela permet d'identifier un objet quasi-plan sous des points de vue différents.
- Pour des objets plans troués, il est souvent intéressant d'apparier point à point les lignes de leurs contours interne et externe, par exemple, pour en évaluer l'épaisseur. Une solution est apportée dans [GV93] par l'utilisation d'algorithmes de programmation dynamique.
- Des algorithmes de programmation dynamique sont aussi utilisés dans [SB94] pour apparier deux contours dans deux images 2D pour évaluer leurs déformations ou pour réaliser une reconstruction stéréoscopique.

Cependant, ces algorithmes ne sont pas directement généralisables en 3D. En fait, relativement peu de travaux ont été publiés sur la mise en correspondance de lignes 3D car d'une part, elles sont difficiles à obtenir (si ce n'est dans le cas des images médicales réellement tridimensionnelles) et de surcroît, peu utilisées (par exemple, dans le cas de la reconstruction stéréoscopique, seuls des segments provenant d'approximations polygonales sont apparés, quoique nous puissions trouver une exception dans [RF91]).

- Dans [BSSS86] et [SS87], la mise en correspondance de courbes tridimensionnelles permet de reconnaître des objets rigides. D'abord, des courbes sont extraites de la scène (par exemple, les contours des régions très contrastées), lissées et mises en correspondance par une transformation rigide avec des modèles pré-enregistrés.
- [Mok93] propose de modéliser une ligne tridimensionnelle en fonction de sa torsion à différentes échelles. Cette représentation, invariante par déplacement, sert de base pour la mise en correspondance rigide.

- [GA92a] [GA92b] améliorent la méthode présentée dans [KHW91] et présentent un algorithme de mise en correspondance rigide de lignes de crête. Les lignes sont indexées en fonction de leur caractéristiques différentielles (courbure, torsion) calculées par une méthode d'approximation par B-splines itérées. Par le procédé des tables de hachage, il est alors très rapide de retrouver le point qui a des caractéristiques différentielles données.

Dès lors, il suffit de parcourir les points M_i des lignes de E_1 , d'extraire leur caractéristiques différentielles, de retrouver les points M'_j de E_2 avec des paramètres similaires grâce à la table de hachage. Pour chaque couple de points (M_i, M'_j) , on peut calculer la transformation rigide qui superpose leurs trièdres de Frénet. Cette transformation est alors ajoutée dans une table d'indexation et son poids est incrémenté.

A la fin du processus, il suffit de chercher la transformation avec le plus fort poids.

Cet algorithme donne de bons résultats [AGT⁺93] avec une précision largement inférieure à la taille du voxel.

Néanmoins, il ne peut être facilement généralisé au recalage non-rigide car il n'existe plus alors d'invariants différentiels simples même si [HC94] propose des invariants par transformation affine qui sont utilisés pour la reconnaissance de courbes planes.

Nous pouvons aussi utiliser des invariants semi-différentiels [PVG95] fondés sur l'utilisation de deux points ainsi que de leurs tangentes. Mais, cela ne peut toujours s'appliquer qu'à la mise en correspondance rigide.

4.3 L'algorithme du « Point le plus Proche Itéré »

[Zha92b] [Zha92a] [Zha94] et de manière indépendante [BM92] ont introduit une méthode de mise en correspondance dénommée « Point le plus Proche Itéré » (PPI) (« Iterative Closest Point », en anglais) qui se décompose en quatre étapes :

- Pour tout point du premier ensemble E_1 , trouver le point « le plus proche » dans le second ensemble E_2 .
- A partir de ces appariements, calculer une transformation rigide par la méthode des moindres carrés.

- Appliquer cette transformation au premier ensemble E_1 .
- Itérer jusqu'à ce que les distances entre les points des deux ensembles soient « faibles ».

Les deux auteurs utilisent cet algorithme pour mettre en correspondance des lignes ou des surfaces tridimensionnelles mais seulement dans le cas rigide.

L'algorithme PPI est largement utilisé pour les problèmes de mise en correspondance et plusieurs chercheurs en ont proposé des améliorations. Parmi eux, nous pouvons citer :

- Dans [SHK94b], l'algorithme PPI permet de retrouver la position d'un objet en recalant un nuage de points de l'objet acquis par un senseur tridimensionnel avec un modèle. La méthode est accélérée par l'utilisation de structures de données adaptées (arbres k-d) et d'optimisations algorithmiques (technique de cache, calculs en 2D, calculs découplés).
- Dans [FA94b] [FA94c] [FA94a], l'algorithme PPI permet de recalculer deux surfaces. La méthode est généralisée aux transformations affines et localement affines et est fondée sur une définition du « point le plus proche » qui fait aussi intervenir des paramètres différentiels comme les courbures principales des surfaces.
- Dans [Cuc95], l'algorithme PPI est appliqué au recalage de données IRM pour des applications en neurochirurgie et neurothérapie. La méthode est accélérée par l'utilisation de cartes de distance pour calculer le point le plus proche.
- Dans [PVG95], les appariements entre points ne sont pas fondés sur la notion de point le plus proche mais sur une similarité des descripteurs semi-différentiels (qui font intervenir la position de deux points et leurs vecteurs tangents) des lignes. L'estimation de la transformation rigide s'effectue de manière statistiquement robuste.

Ce travail est d'ailleurs celui qui se rapproche le plus du nôtre.

Nous avons choisi d'utiliser un algorithme de mise en correspondance fondé sur l'PPI mais en l'adaptant à notre problème.

4.4 Description de l'algorithme de mise en correspondance

4.4.1 Présentation générale

Les adaptations que nous avons apportées à l'algorithme PPI sont de deux types (voir figure 4.6) :

- la généralisation aux transformations non-rigides à l'étape de « Calcul de la transformation ».
- l'application à des ensembles de lignes, ce qui permet d'une part d'apparier les points de manière cohérente le long des lignes grâce à des contraintes topologiques (étape des « Appariements bijectifs entre lignes ») et d'autre part, de fournir deux résultats distincts : les correspondances entre lignes et les appariements entre points.

Dans la suite du chapitre, nous allons étudier les différentes étapes de la méthode et les illustrer avec un exemple fondé sur les deux jeux simplifiés de lignes présentés dans la figure 4.7.

4.4.2 Appariements des points

A chaque itération, chaque point M_1 des lignes de E_1 est apparié avec le point M_2 de E_2 qui a le même signe de la courbure « maximale » et qui est son plus proche voisin suivant la distance euclidienne d :

$$d(M_1, M_2) = \sqrt{(x_2 - x_1)^2 + (y_2 - y_1)^2 + (z_2 - z_1)^2}$$

Nous obtenons donc une liste \mathcal{L} de points appariés.

Nous pouvons utiliser deux méthodes pour calculer rapidement le point le plus proche :

- les *cartes de distance*. L'espace est discrétisé et, en tout point, nous calculons le point le plus proche appartenant à E_2 . Parmi les nombreux algorithmes, nous pouvons citer celui de [Dan80] fondé sur la propagation : pour chaque point, nous choisissons son plus proche correspondant parmi les points les plus proches de ses voisins. Avec seulement deux passes (propagation suivant

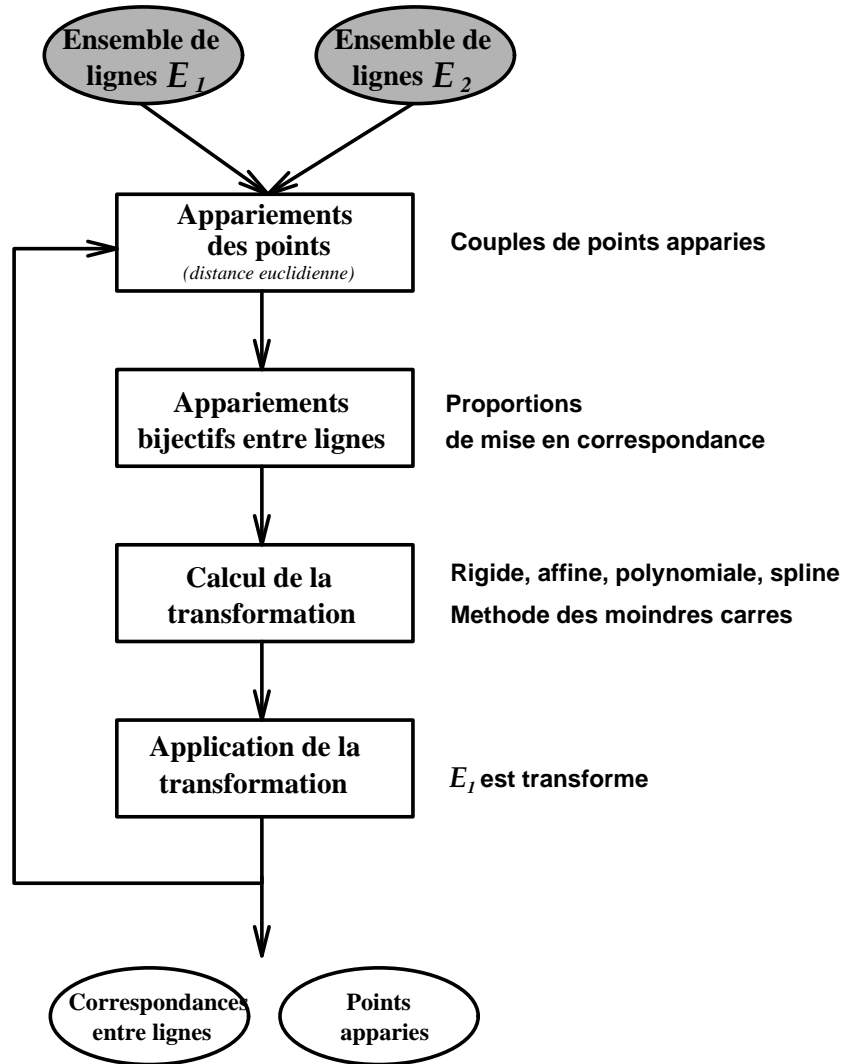


FIG. 4.6 – L'algorithme de mise en correspondance des caractéristiques.

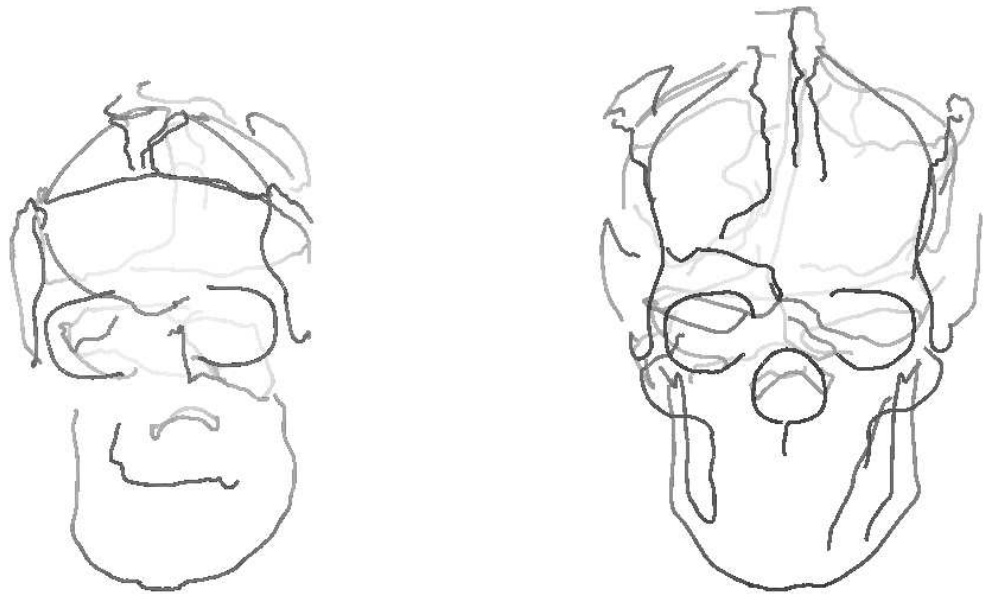


FIG. 4.7 – Les deux ensembles simplifiés de lignes à mettre en correspondance. Nous remarquons leurs grandes différences. Dans l'algorithme de mise en correspondance, l'ensemble de gauche E_1 (extrait de \mathcal{A}) va être déformé vers celui de droite E_2 (extrait de \mathcal{F}).

une direction, puis dans l'autre sens), nous pouvons calculer très rapidement la carte de distances. Une fois construite, la recherche du point le plus proche est instantanée. Cependant, si, par exemple, le pas de la discrétisation est supérieur à la distance entre deux points de E_2 , il ne sera plus possible de les discriminer et les calculs de certains points les plus proches seront faussés. Pour éviter cela, nous devons donc construire des discrétisations précises de l'espace et nous aurons alors des cartes de distance énormes qui prendront beaucoup de place en mémoire.

- les *arbres k-d*. Un arbre k-d est une décomposition de l'espace en une somme de parallélépipèdes rectangles de telle façon que chacun d'eux contienne un point de E_2 . D'abord, l'espace est découpé en deux parallélépipèdes rectangulaires qui contiennent approximativement le même nombre de points suivant un plan parallèle au plan yz et passant par un point de E_2 . Nous associons un nœud à chaque demi-espace. Chaque demi-espace est alors découpé suivant un plan parallèle au plan xz passant par un point de E_2 et tel qu'il y ait le même nombre de points de chaque côté et nous obtenons donc 4 nouveaux nœuds. Nous continuons récursivement en alternant des plans de coupe parallèles successivement à yz , xz et xy . Quand un parallélépipède ne contient plus de point, il n'y a pas création de nœud. Un arbre k-d peut être construit avec une complexité en $O(n \log n)$ et un stockage mémoire en $O(n)$ [PS85].

Pour la recherche du point le plus proche [Zha94], cette structure de données permet de parcourir très rapidement la liste des points de E_2 et d'éliminer des branches entières de l'arbre (c'est-à-dire des parallélépipèdes dont la distance est trop importante) ce qui accélère considérablement la recherche. Comme il n'y a aucune discrétisation, l'algorithme fournit exactement le point le plus proche.

C'est cette dernière méthode que nous avons choisie d'utiliser. La construction de l'arbre avec 30 000 points ne prend qu'une minute environ sur une station de travail DEC-Alpha à 233 MHz.

Même si la mise en correspondance n'est pas rigide, nous pourrions intégrer dans la la définition du point le plus proche des caractéristiques différentielles comme dans la mise en correspondance de surfaces décrite dans [FA94b] [FA94c] [FA94a]:

$$d'(M_1, M_2) = [\alpha_1(x_2 - x_1)^2 + \alpha_2(y_2 - y_1)^2 + \alpha_3(z_2 - z_1)^2 + \alpha_4(n_{x_2} - n_{x_1})^2 + \alpha_5(n_{y_2} - n_{y_1})^2 + \alpha_6(n_{z_2} - n_{z_1})^2 + \alpha_7(k_{1_2} - k_{1_1})^2 + \alpha_8(k_{2_2} - k_{2_1})^2]^{\frac{1}{2}}$$

où :

$(n_{x_1}, n_{y_1}, n_{z_1})$ est le vecteur normal à la surface en M_1 .

$(n_{x_2}, n_{y_2}, n_{z_2})$ est le vecteur normal à la surface en M_2 .

k_{1_1} et k_{2_1} sont les courbures principales sur la surface en M_1 .

k_{1_2} et k_{2_2} sont les courbures principales sur la surface en M_2 .

Cela permet d'étendre la notion de « point le plus proche » à celle de « point de forme locale similaire », ce qui peut nettement améliorer les résultats.

Plusieurs difficultés apparaissent alors :

- trouver les coefficients de normalisation α_i qui vont permettre de pondérer l'influence relative de la position, la normale et des courbures. Ceci est d'autant plus difficile que ces variables n'ont pas la même dimension.
- par la suite, quand nous appliquerons aux points de E_1 une transformation, il nous faudra calculer la transformation des caractéristiques différentielles. Le calcul formel de k_1, k_2 est facile à effectuer dans le cas d'une transformation rigide (où k_1 et k_2 ne sont pas modifiés) voire affine mais serait très difficile dans le cas des transformations splines.

Si nous voulons utiliser cette nouvelle distance, qu'allons nous prendre pour vecteur normal ?

- la normale à la ligne qui risque d'être assez bruitée et difficile à calculer quand les lignes sont courtes.
- la normale à la surface. Comme les lignes de crête reposent sur une isosurface, nous pourrions prendre sa normale mais cela n'a aucune signification dans le cas d'autres types de lignes qui ne sont liées à aucune surface (obtenues, par exemple, par la « Transformation en Axe Médian »).

D'autre part, les termes $(k_{1_2} - k_{1_1})^2$ et $(k_{2_2} - k_{2_1})^2$ sont déjà pris implicitement en compte puisque nous mettons en correspondance des lignes de crête, c'est-à-dire des maximums de courbure avec des maximums de courbure. Aussi, nous contenterons nous d'utiliser la distance euclidienne.

D'autre part, ne devrions-nous pas prendre le point le plus proche appartenant à un segment de E_2 au lieu du point le plus proche de E_2 (voir figure 4.8)? Cependant, le calcul de ce point est complexe : une approximation proposée dans [Zha92a] consiste à trouver le segment le plus proche (à partir des deux points les plus proches s'ils sont sommets du même segment) et à calculer le point le plus proche sur ce segment.

En fait, nous supposons que la discrétisation des lignes est assez importante pour que la distance d'un point à un segment puisse être approximée par la distance d'un point à un des sommets. Cette hypothèse semble raisonnable puisque l'erreur est majorée par la moitié de la longueur maximale d'un segment de ligne de crête qui est, elle-même, majorée par construction par la diagonale d'un voxel. Or, les images que nous utilisons étant de l'ordre de $150 \times 150 \times 100$ voxels, les erreurs en distance ne dépasseront pas approximativement $\frac{\sqrt{3}}{2}$ % du diamètre de l'objet.

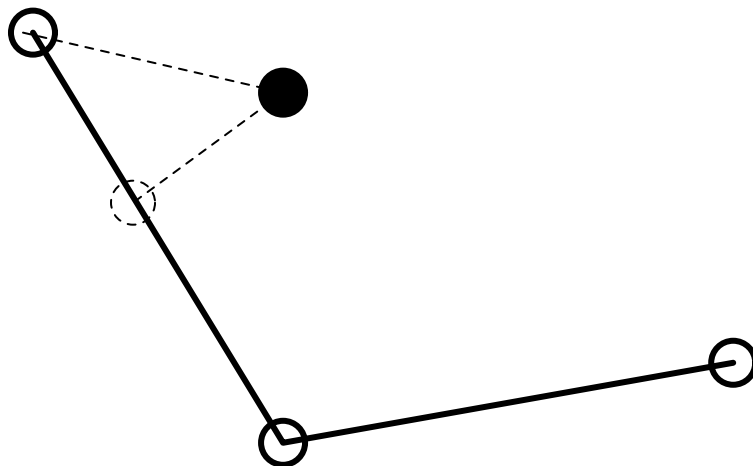


FIG. 4.8 – *Le point le plus proche dans E_2 d'un point de E_1 doit-il se restreindre aux sommets (cercles blancs) ou peut-il être un point d'un segment de E_2 (cercle en pointillé)?*

4.4.3 Appariements des lignes

Comment juger de l'appariement des lignes?

Nous considérerons que deux lignes L_1^i , $i^{\text{ième}}$ ligne de E_1 et, L_2^j , $j^{\text{ième}}$ ligne de E_2 , sont appariées quand :

- La proportion $p1_j^i$ des points de L_1^i qui sont appariés avec ceux de L_2^j est supérieure à la valeur x .
- La proportion $p2_j^i$ des points de L_2^j qui sont appariés avec ceux de L_1^i est supérieure à la valeur x .

Le paramètre x pouvant être par exemple pris égal à 50 %.

Le problème de l'échantillonnage

Cependant, nous allons nous heurter aux problèmes dus, d'une part, aux différences d'échantillonnage et, d'autre part, au fait qu'un point de E_2 peut être le point le plus proche de plusieurs points de E_1 (voir figure 4.9) :

Nous pouvons distinguer deux difficultés dans le schéma de la figure 4.10 :

- Dans le cas de gauche, un point de L_2 est le point le plus proche de plusieurs points de L_1 . De ce fait, si nous calculons les points de L_1 appariés avec ceux de L_2 , nous trouvons 10 liens pour L_1 ce qui est correct et 10 liens pour L_2 ce qui est incohérent puisqu'il n'y a que 4 points.
- Dans le cas de droite, deux portions de L_1 sont mises en correspondance avec une même portion de L_2 et prises en compte dans le calcul de la proportion. De surcroît, à cause de l'échantillonnage plus fin de L_2 , beaucoup de points ne peuvent pas être appariés et la proportion de mise en correspondance est donc très faible.
- Nous allons utiliser les appariements de points pour trouver une transformation. Or, ces incohérences risquent de donner des transformations bizarres : dans le cas de gauche, nous risquons de voir des points de L_1 s'agglomérer autour du point le plus proche de L_2 , ce qui va totalement déformer L_1 et dans le cas de droite, la ligne L_1 va se replier sur elle-même.

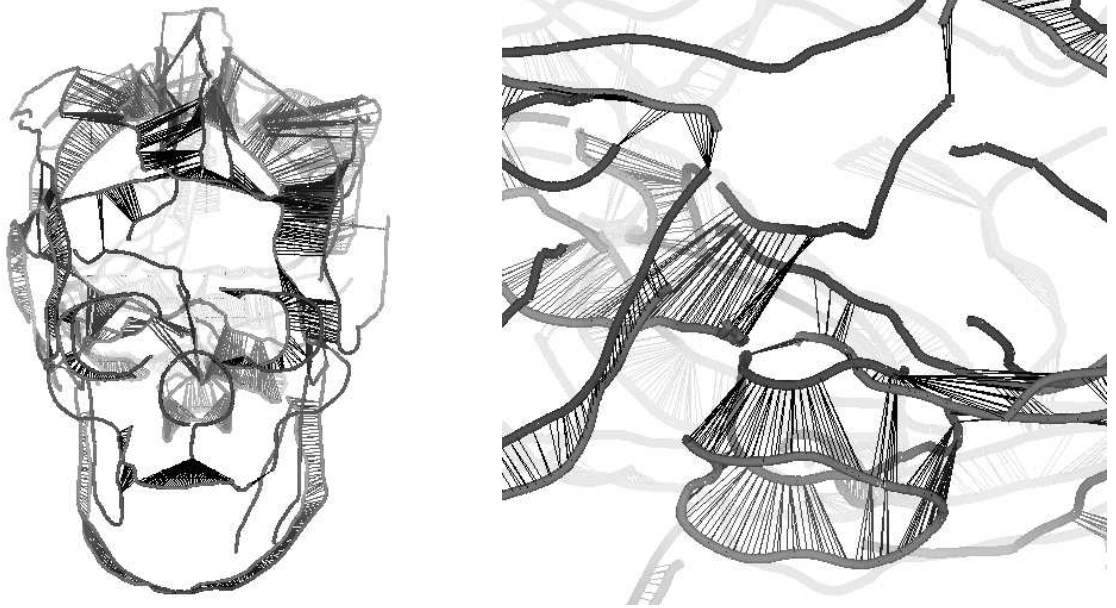


FIG. 4.9 – *Calcul du point le plus proche en distance euclidienne. Nous remarquons qu'un point peut être le plus proche voisin de plusieurs, ce qui entraîne des appariements multiples incohérents, par exemple des agglomérations de liens sur les mêmes points au niveau du trou occipital*

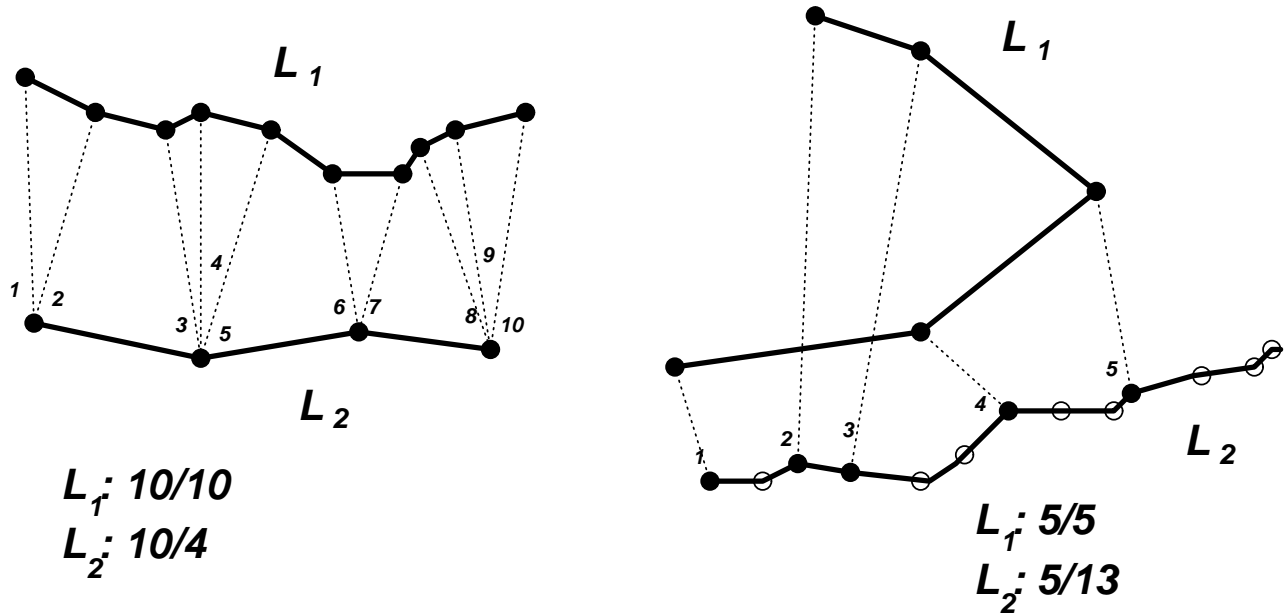


FIG. 4.10 – Les problèmes d'incohérence dans les appariements avec le point le plus proche.

La cohérence des appariements

Il est donc nécessaire de rendre cohérents les appariements de points de la liste \mathcal{L} , d'une part, pour le calcul des proportions de mise en correspondance et, d'autre part, pour obtenir des transformations significatives.

Pour cela, nous allons utiliser le fait que les lignes sont des listes *ordonnées* de points et nous allons transformer les appariements de points en appariements de portions de lignes. Nous définirons une portion de ligne comme une sous-liste connexe de la liste des points constituant une ligne.

Une portion $P_1 = (M_1^1 \dots M_1^n)$ d'une ligne appartenant à E_1 et $P_2 = (M_2^1 \dots M_2^m)$ d'une ligne appartenant à E_2 telles que M_1^1 est apparié à M_2^1 et M_1^n est apparié à M_2^m seront considérées comme mises en correspondance si et seulement si elles vérifient les deux conditions suivantes :

- (\mathcal{C}_1) condition d'*appariement*. Cette condition exige que tous les points de P_1 soient appariés à P_2 .
 - Pour $1 \leq i \leq n$, M_1^i est apparié à un point de P_2 .
 - Pour $1 \leq j \leq m$, M_2^j est apparié à un point de P_1 ou n'est pas apparié.

En effet alors que tous les points de P_1 ont un point le plus proche dans E_2 , tous les points de P_2 ne sont pas a priori un point le plus proche de E_1 . Cela montre que l'algorithme de mise en correspondance n'est pas véritablement symétrique.

- (\mathcal{C}_2) condition de *stricte monotonie*. Cette condition impose une cohérence dans les appariements au sein de la portion, fondée sur la disposition similaire des points de P_1 et de leurs correspondants sur P_2 . Cette contrainte est aussi décrite dans [GV93]. Cependant, [PVG95] ne met en valeur qu'une contrainte de bijectivité des appariements.

Soit $index_2(M_1^i)$, la fonction qui donne l'index (c'est-à-dire le numéro) du point de P_2 qui est apparié à M_1^i .

- Pour $1 < i \leq n$, $index_2(M^{i-1}_1) < index_2(M^i_1)$. Autrement dit, nous imposons que les appariements suivent l'ordre des points de L_1 . Cela permet d'éviter, d'une part, les points multiples car l'inégalité est stricte et, d'autre part, les portions de lignes appariées à deux portions.

Une possibilité pour obtenir des portions correctement appariées serait d'intégrer les deux conditions \mathcal{C}_1 et \mathcal{C}_2 dans les appariements de points. Ces contraintes existent dans [GV93] et [SB94] mais ne concernent que deux lignes en 2D. Généraliser ces méthodes pour plusieurs centaines de lignes tridimensionnelles semble très complexe.

Aussi nous nous sommes orientés vers l'idée d'éliminer certains appariements de points parmi ceux trouvés à l'étape précédente afin de n'obtenir que des portions appariées vérifiant \mathcal{C}_1 et \mathcal{C}_2 .

Cela s'apparente au problème de la reconstruction d'une surface à partir des coupes où contours plans doivent être reliés optimalement entre eux, par exemple par une méthode fondée sur la triangulation de Delaunay [Gei93] [Boi88].

Une méthode pour améliorer les appariements

Nous pourrions utiliser dans l'algorithme d'élimination des méthodes d'optimisation globale (par exemple, issues de la programmation dynamique) sur tous les points d'une ligne. Cependant, nous souhaitons un algorithme très rapide

à cause du très grand nombre de lignes aussi, avons nous choisi une méthode purement locale :

- Nous classons d’abord les points de E_1 suivant leur distance au point le plus proche sur E_2 . Nous supposons que plus la distance est faible, plus cet appariement est correct puisque le but est d’essayer de rapprocher les deux ensembles E_1 et E_2 . Nous obtenons une liste $liste_1$ où le premier point est celui qui a la distance d’appariement la plus petite.
- Nous prenons le premier point M_1 dans la liste $liste_1$
 - Il appartient à une ligne L_1 de E_1 et a comme point le plus proche $M_2 = proche_2(M_1)$ sur la ligne L_2 de E_2 . Nous allons maintenant parcourir L_1 à partir de M_1 dans les deux sens. Nous ne présentons la suite de l’algorithme que pour un sens de parcours.
 - Nous sommes donc au point M_1^i (avec $M_1^0 = M_1$). Celui-ci est apparié au point $proche_2(M_1^i)$.
 - Si $proche_2(M_1^i) \notin L_2$, ARRÊT du parcours. Rappelons qu’il est possible que deux portions d’une même ligne de E_1 soient appariées à deux lignes différentes de E_2 .
 - Sinon
 - Si $proche_2(M_1^i)$ est déjà apparié, ELIMINATION de l’appariement $(M_1^i, proche_2(M_1^i))$ et ARRÊT du parcours.
 - Si $proche_2(M_1^i)$ n’est pas apparié, tous les points de L_2 appartenant à la portion $]proche_2(M_1^{i-1}), proche_2(M_1^i)]$ sont considérés comme appariés. De ce fait, il ne peut plus y avoir ni de points, ni de portions multiples appariés. Le parcours continue.
 - Le point M_1^i est enlevé de la liste $liste_1$.
 - Nous passons au point M_1^{i+1} , voisin de M_1^i jusqu’à atteindre le bord de la ligne.

Ce processus est très rapide, de complexité proportionnelle au nombre de points de E_1 . Il permet de construire une sous-liste de \mathcal{L} appelée \mathcal{L}' qui ne contient que les appariements cohérents de points.

Nous pouvons visualiser le résultat de l'élimination dans les figures 4.11 où les proportions de mise en correspondance sont correctes et 4.12 où les appariements mettent bien en correspondance des portions de ligne.

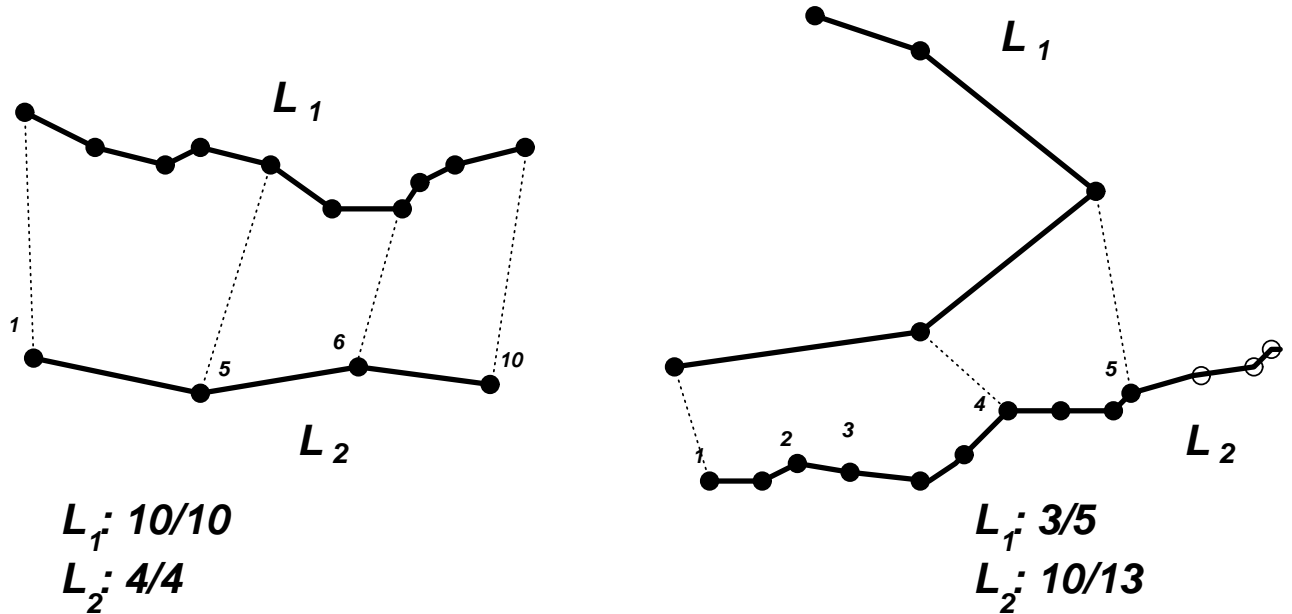


FIG. 4.11 – Après élimination des appariements incohérents, nous pouvons calculer correctement les proportions de mise en correspondance.

La gestion des points aberrants

En fait, les proportions de mise en correspondance $p1_i^j$ et $p2_i^j$ ne vont pas être utiles seulement pour déterminer les mises en correspondance entre lignes mais aussi pour éliminer les points aberrants (dénommés « outliers » en anglais). Ces points aberrants issus par exemple du bruit ou d'artefacts ne doivent pas être pris en compte dans l'algorithme de mise en correspondance. Mais comment les détecter?

Il existe deux méthodes :

- Soit utiliser des critères statistiques pour éliminer certains points. Nous pouvons supprimer les appariements entre points dont la distance est supérieure à une valeur maximale qui est, soit arbitrairement fixée [GEW⁺95] [HCZ⁺95], soit estimée par le calcul de la moyenne et l'écart-type des distances entre paires de points appariés [Zha94].

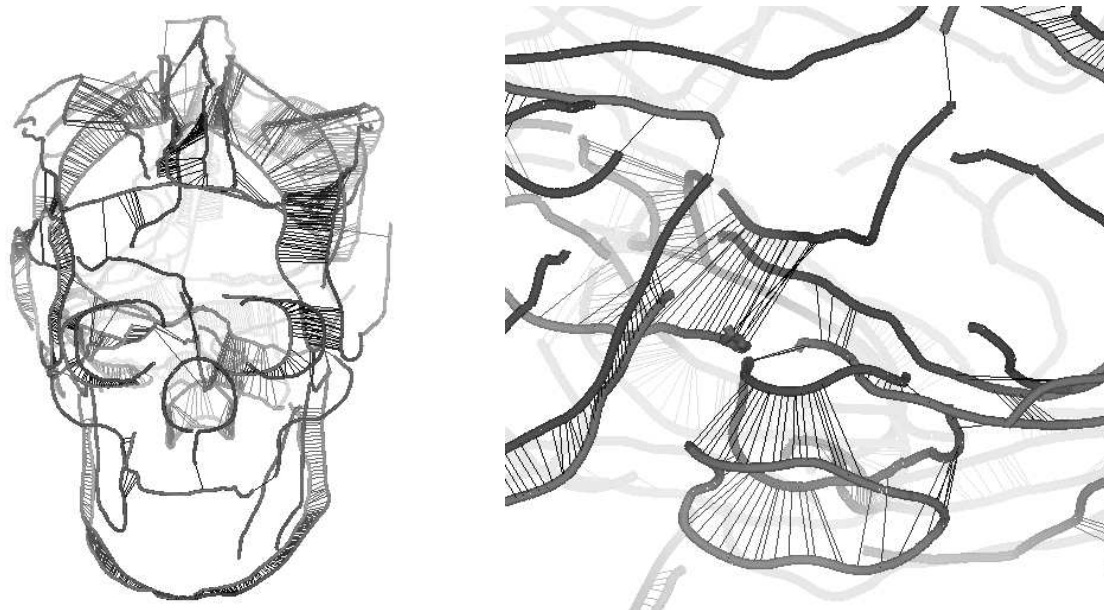


FIG. 4.12 – Après l'application de l'algorithme d'élimination des appariements incohérents, il ne reste que des appariements uniques (un point est apparié avec un seul autre) qui vont servir de base à une transformation qui rapprochera correctement les deux ensembles de lignes.

- Soit utiliser des statistiques robustes [RL87] [SB82] pour le critère à minimiser. Cependant, ces algorithmes sont coûteux en temps de calcul. La robustesse peut aussi être améliorée par l'introduction d'une exponentielle [GEW⁺95] ou d'un logarithme [HCZ⁺95] qui diminuent l'influence des points aberrants. [BFAD95] [PT95] utilisent un filtre de Kalman étendu pour intégrer les covariances des points et des transformations à trouver.

Pour notre part, nous allons favoriser les points qui appartiennent à des lignes qui commencent à être déjà mises en correspondance de la manière suivante :

- $seuil = 0$
- A chaque itération de l'algorithme de mise en correspondance :
 - $seuil = seuil + increment$ (par exemple, $increment = 5 \%$ s'il y a 10 itérations).
 - Dans la suite de l'algorithme, nous ne prenons en compte que les points appartenant à des lignes déjà mises en correspondance à seuil % c'est-à-dire telles que : $p1_i^j > seuil \%$ et $p2_j^i > seuil \%$. Les autres points ne seront pas utilisés. Nous obtenons ainsi la liste \mathcal{L}''

Ainsi, au fur et à mesure des itérations, la mise en correspondance des lignes s'améliorent. A la fin de l'algorithme, il suffira de chercher les lignes dont les proportions de mise en correspondance sont supérieures à 50 % pour avoir les appariements entre lignes (voir figure 4.13).

4.4.4 Calcul de la transformation

Nous disposons maintenant d'une liste \mathcal{L}'' de couples de points appariés de manière cohérente (M_1^i, M_2^i) . A partir de \mathcal{L}'' , nous allons calculer une transformation T par la méthode des moindres carrés, c'est-à-dire en minimisant :

$$\sum_{M_1^i \in \mathcal{L}''} d^2(T(M_1^i), M_2^i)$$

où d est la distance euclidienne entre deux points de l'espace.

Suivant le type de la transformation T , plusieurs algorithmes existent et sont recensés dans [PFTV88].

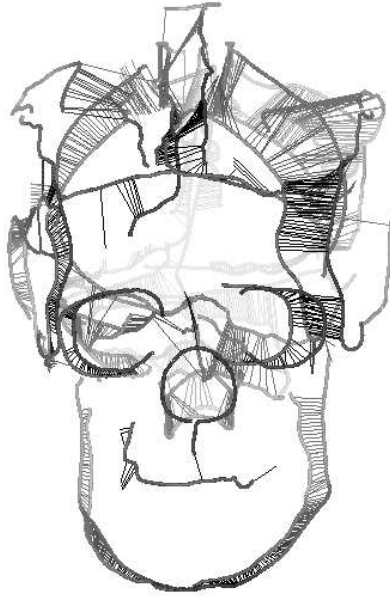


FIG. 4.13 – *Quand la proportion de mise en correspondance dépasse 50 %, les lignes seront considérées comme appariées.*

Quel type de transformation allons-nous prendre? En fait, il est toujours possible de déformer n'importe quel objet en n'importe quel autre (du moins, s'ils ont la même topologie) en choisissant des transformations aussi complexes que nous souhaitons, comme les polynômes d'interpolation de Lagrange de degré $n - 1$ qui permettent de transformer les n points M_1^i en M_2^i .

Nous devons donc trouver des transformations qui concilient une certaine généralité pour déformer E_1 vers E_2 tout en étant « raisonnablement » limitées.

De telles contraintes peuvent être fondées sur :

- la *physique du problème*. Dans le cas d'une mise en correspondance entre deux images du même patient, les transformations rigides s'imposent. Néanmoins, il n'existe rien de tel pour la mise en correspondance non-rigide.
- la *facilité de calcul*. Ainsi, si nous avons une expression de la transformation qui est linéaire par rapport à ses coefficients (comme les transformations affines et plus généralement polynomiales), des algorithmes simples de calcul aux moindres carrés existent [Bjö91],
- le *contrôle de la régularité*. Pour des transformations plus complexes, il est très intéressant de pouvoir régler leur degré de contrainte, c'est-à-dire la

régularité. Cela peut, par exemple, être introduit dans les transformations splines à travers le nombre de points de contrôle, qui fixe la précision du résultat, et le coefficient de régularisation, qui « lisse » plus ou moins la transformation.

- les *propriétés topologiques*. Celles-ci permettent d'en déduire certaines contraintes mathématiques comme l'homéomorphisme de la transformation (bijection doublement continue) [CRM⁺95].

Aussi, avons-nous choisi 3 types de transformations appliquées successivement : les transformations rigides, affines (et plus généralement polynomiales) et splines.

Les transformations rigides

Les transformations rigides définies par la matrice de rotation :

$$T = \begin{pmatrix} a_1 & a_2 & a_3 \\ b_1 & b_2 & b_3 \\ c_1 & c_2 & c_3 \end{pmatrix}$$

et le vecteur de translation (a_4, b_4, c_4) :

$$\begin{cases} x' &= a_1x + a_2y + a_3z + a_4 \\ y' &= b_1x + b_2y + b_3z + b_4 \\ z' &= c_1x + c_2y + c_3z + c_4 \end{cases}$$

avec :

$${}^tT.T = Id \text{ et } \det(T) = 1$$

peuvent être considérées comme une approximation à l'ordre 0 des déformations entre E_1 et E_2 . En fait, le recalage rigide va permettre, d'une part, de centrer les deux ensembles en superposant leurs centres de gravité et, d'autre part, de les aligner en faisant pivoter E_1 .

Cependant, [BM92] souligne que l'algorithme PPI converge souvent vers des minimums locaux quand les rotations à trouver sont trop importantes et qu'il n'arrive donc pas à aligner correctement les deux ensembles. Nous pourrions :

- calculer les axes principaux d'inertie pour aligner préalablement les deux ensembles. Cependant, la précision peut être assez médiocre dans le cas du crâne ou du cerveau qui ont une certaine symétrie cylindrique.

- orienter l'ensemble E_1 suivant plusieurs directions, lancer l'algorithme PPI et ne garder que le résultat optimal. Cette méthode proposée dans [BM92] multiplie considérablement les calculs si nous voulons essayer beaucoup de directions.

Heureusement, dans notre cas, les rotations sont faibles. En effet, le patient est toujours dans la même position, couché et regardant verticalement, dans les appareils scanographiques ou d'IRM. De ce fait, les écarts d'alignement sont de l'ordre d'une dizaine de degrés seulement et peuvent être pris en compte par l'algorithme PPI.

Une transformation rigide n'est pas linéaire en ses coefficients contrairement à une transformation affine (à cause de la contrainte ${}^tT.T = Id$). Nous ne pouvons donc utiliser les algorithmes classiques des moindres carrés linéaires. Cependant, il existe deux méthodes décrites dans [AHB87] (fondée sur la décomposition en valeurs singulières) et [Hor87] (fondée sur les quaternions) qui permettent de calculer T .

Les transformations affines

Les transformations affines définies par :

$$\begin{cases} x' &= a_1x + a_2y + a_3z + a_4 \\ y' &= b_1x + b_2y + b_3z + b_4 \\ z' &= c_1x + c_2y + c_3z + c_4 \end{cases}$$

(sans contraintes sur les coefficients) sont linéaires en leurs coefficients et donc très facile à calculer aux moindres carrés en utilisant la décomposition en valeurs singulières [PFTV88]. Pour autant, elles ne correspondent à aucune modélisation physique.

En fait, seul un sous-ensemble des transformations affines, les transformations homothétiques définies par :

$$\begin{cases} x' &= a_1x \\ y' &= b_1y \\ z' &= c_1z \end{cases}$$

peuvent avoir une réelle signification anatomique.

En effet, [DL89] précise que dans l'étude des déformations ontogénétiques et évolutives des organismes, nous ne devons pas prendre en compte les différences

de position, d'orientation et de taille qui ne sont pas considérées comme de réelles différences morphologiques. Ainsi, appliquer des transformations rigides ou homothétiques ne modifient pas les différences morphologiques.

Nous utiliserons quand même les transformations affines dans notre algorithme car elles permettent en particulier de déformer E_1 indépendamment suivant les 3 axes. Par contre, nous utiliserons les transformations homothétiques dans les étapes 4 et 5 de la construction de l'atlas.

Les transformations polynomiales

Les transformations polynomiales sont la suite logique des transformations affines. Dans un premier temps, nous avons utilisé les transformations quadratiques déjà introduites dans [MNR⁺91] [Gos88] et [SL93] :

$$\begin{cases} x' = a_1x^2 + a_2y^2 + a_3z^2 + a_4xy + a_5yz + a_6xz + a_7x + a_8y + a_9z + a_{10} \\ y' = b_1x^2 + b_2y^2 + b_3z^2 + b_4xy + b_5yz + b_6xz + b_7x + b_8y + b_9z + b_{10} \\ z' = c_1x^2 + c_2y^2 + c_3z^2 + c_4xy + c_5yz + c_6xz + c_7x + c_8y + c_9z + c_{10} \end{cases}$$

Remarquons que si nous composons pendant n itérations de telles transformations, nous obtenons des transformations polynomiales d'ordre 2^n .

Si ces transformations polynomiales d'ordre 2 permettent d'améliorer la mise en correspondance par leur plus grande généralité, elles ne peuvent être décomposées en transformations intuitives comme les rotations, translations ou affinités.

Dans [GBHE91], des transformations quadratiques sont utilisées pour modéliser certaines déformations typiques du cerveau comme des torsions (appelées « scoliois » ou « skew »). Cependant, celles-ci sont appliquées manuellement et l'utilisateur peut donc juger de leur pertinence et ne se limiter qu'à certains types de déformations. Dans un procédé automatique, nous sommes obligés de considérer tout l'espace des polynômes d'ordre 2 et il est trop vaste pour supposer que tous ces éléments aient une signification anatomique.

Nous avons aussi tenté d'utiliser des polynômes d'ordre supérieur mais ceux-ci ont donné des résultats trop peu réguliers, ce qui avait déjà été observé dans [Bro92].

En conclusion, nous avons longtemps utilisé dans nos travaux les transformations quadratiques qui donnaient de bons résultats. Nous les avons cependant abandonnées pour les transformations splines, plus générales et plus facilement contrôlables.

Les transformations splines

Nous reprenons ci-dessous les explications données dans [Dec93]. Pour plus de précisions, le lecteur pourra se référer à [Ris91] pour les fonctions splines et [Gas92] [Cin87] pour l'approximation par les fonctions splines.

Les fonctions B-splines

Considérons n et K deux entiers positifs, et $n + K + 1$ réels $t_0, t_1 \dots t_{n+K}$ formant une suite ordonnée. On définit, pour les entiers i compris entre 0 et $n - 1$, les *fonctions B-splines* $B_{i,K}$ de la manière suivante récurrente sur K :

$$\left\{ \begin{array}{l} B_{i,0}(x) = \begin{cases} 1 & \text{si } t_i \leq x < t_{i+1} \\ 0 & \text{sinon} \end{cases} \\ B_{i,K}(x) = \frac{x - t_i}{t_{i+K} - t_i} B_{i,K-1}(x) + \frac{t_{i+K+1} - x}{t_{i+K+1} - t_{i+1}} B_{i+1,K-1}(x) \quad \text{pour } K \geq 1 \end{array} \right.$$

étant convenu que si un dénominateur est nul, le facteur entier est nul. Les réels t_i s'appellent les *nœuds* associés à l'ensemble des n fonctions $B_{i,K}$ et K l'*ordre* de ces fonctions.

Outre la facilité de calcul de ces fonctions, leur intérêt réside dans certaines de leurs propriétés que nous soulignons ci-dessous :

- $B_{i,K}$ est un polynôme de degré K par morceaux.
- $B_{i,K}(x) > 0 \iff x \in]t_i, t_{i+K+1}[$, sinon $B_{i,K}(x) = 0$. Le support de ces fonctions est donc connu et réduit.
- $B_{i,K}(t_i) = 0$ sauf si $t_i = \dots = t_{i+K} < t_{i+K+1}$, auquel cas cette expression vaut 1.
- Pour tout $x \in [t_K, t_n[$, on a

$$\sum_{i=0}^{n-1} B_{i,K}(x) = 1$$

- $B_{i,K}$ est infiniment dérivable à droite pour tout x réel. On a, en effet :

$$B'_{i,K}(x) = K \left(\frac{1}{t_{i+K} - t_i} B_{i,K-1}(x) - \frac{1}{t_{i+K+1} - t_{i+1}} B_{i+1,K-1}(x) \right)$$

Cette équation permet de définir récursivement les dérivées d'ordre supérieur.

Considérons maintenant un ensemble de points $(\tau_0, \tau_1 \dots \tau_l)$ ordonné strictement, et E l'espace vectoriel des fonctions polynomiales de degré K par morceaux définies sur l'intervalle $[\tau_0, \tau_l]$, avec raccord C^{r_i-1} en τ_i (r_i entier compris entre 0 et K). En choisissant correctement un ensemble de nœuds t_i , les fonctions $B_{i,K}$ forment alors une base de l'espace vectoriel E . Pour cette raison nous appellerons l'ensemble des fonctions $B_{i,K}$ la *base de B-splines* associée aux nœuds t_i .

Les courbes B-splines

Une *courbe B-spline* est une combinaison linéaire des fonctions $B_{i,k}$ de base, les coordonnées de la courbe dans cette base étant appelées *points de contrôle* de la courbe.

Une propriété remarquable des courbes B-splines concerne le cas où K vaut 3 (on parle alors de B-splines cubiques). Parmi l'ensemble des fonctions vérifiant les propriétés :

$$\begin{cases} f(\tau_i) = y_i & \text{pour } 0 \leq i \leq l \\ f'(\tau_0) = \alpha \\ f'(\tau_l) = \beta \end{cases}$$

La courbe B-spline cubique est l'unique élément qui minimise :

$$\int_{\tau_0}^{\tau_l} [f'']^2$$

intégrale qui s'assimile à une énergie de flexion d'une « baguette » (*spline* en anglais) qui passe par certains points (τ_i, y_i) du plan et dont les directions des bouts sont fixées. Cette propriété assure une certaine élasticité intrinsèque de la courbe, la meilleure au sens du critère énoncé.

Application au problème de l'approximation tridimensionnelle d'une fonction de correspondance

Notre problème revient à approximer une fonction de correspondance qui doit apparier les couples de points de $\mathcal{L}'' = (M_1^i, M_2^i)$.

$$(u(x, y, z), v(x, y, z), w(x, y, z)) : M_1^i \longmapsto M_2^i$$

Nous allons approximer les trois fonctions coordonnées :

$$\begin{cases} x_2 = u(x_1, y_1, z_1) \\ y_2 = v(x_1, y_1, z_1) \\ z_2 = w(x_1, y_1, z_1) \end{cases}$$

par un produit tensoriel de courbes B-splines d'ordre 3 :

$$\begin{aligned} u(x, y, z) &\simeq \sum_{i=0}^{n_x-1} \sum_{j=0}^{n_y-1} \sum_{k=0}^{n_z-1} \text{PtControleX}_{i,j,k} B_{i,3}^x(x) B_{j,3}^y(y) B_{k,3}^z(z) \\ v(x, y, z) &\simeq \sum_{i=0}^{n_x-1} \sum_{j=0}^{n_y-1} \sum_{k=0}^{n_z-1} \text{PtControleY}_{i,j,k} B_{i,3}^x(x) B_{j,3}^y(y) B_{k,3}^z(z) \\ w(x, y, z) &\simeq \sum_{i=0}^{n_x-1} \sum_{j=0}^{n_y-1} \sum_{k=0}^{n_z-1} \text{PtControleZ}_{i,j,k} B_{i,3}^x(x) B_{j,3}^y(y) B_{k,3}^z(z) \end{aligned}$$

avec :

- n_x, n_y, n_z : nombres de points de contrôle dans les directions de x, y et z . Ces paramètres contrôlent la précision de l'approximation.
- PtControleX, PtControleY et PtControleZ : matrices cubiques des points de contrôle que nous recherchons.
- $B_{i,3}^x$: la i ème fonction B-spline d'ordre 3. Pour les nœuds, nous choisissons :

$$\begin{aligned} t_0^x &= \dots = t_K^x = \min_x \\ t_i^x &= \min_x + (\max_x - \min_x) \frac{i-K}{n_x-K} \quad \text{for } K < i < n_x \\ t_{n_x}^x &= \dots = t_{n_x+K}^x = \max_x \end{aligned}$$

où \min_x et \max_x sont les extremums des abscisses des points M_1^i .

Les contraintes

Afin de pouvoir calculer u, v et w , nous devons définir un critère de contrainte par coordonnée : J^x, J^y et J^z .

Chaque critère se divise en deux parties, par exemple pour u :

$$J^x(u) = J_{\text{position}}^x(u) + J_{\text{regularite}}^x(u)$$

- une contrainte d'*approximation de position*. Pour tout point M_1^l , $u(M_1^l)$ doit être le plus proche possible du point correspondant M_2^l . Nous choisissons un critère aux moindres carrés :

$$J_{position}^x(u) = \sum_{l=1}^N \left(u(x_1^l, y_1^l, z_1^l) - x_2^l \right)^2$$

qui se développe en :

$$J_{position}^x(u) = \sum_{l=1}^N \left(\sum_{i=0}^{n_x-1} \sum_{j=0}^{n_y-1} \sum_{k=0}^{n_z-1} \text{PtControleX}_{i,j,k} B_{i,3}^x(x_1^l) B_{j,3}^y(y_1^l) B_{k,3}^z(z_1^l) - x_2^l \right)^2$$

- une contrainte de *régularisation*. Les fonctions B-splines ont des propriétés intrinsèques de régularité (ce sont des polynôme de degré 3 par morceaux) mais cela s'avère insuffisant pour notre application. De surcroît, nous souhaiterions pouvoir paramétrer cette régularité. Aussi, introduisons nous un stabilisateur de Tikhonov du second ordre qui mesure la distance de u par rapport à une fonction affine :

$$J_{reg}^x(u) = \rho_{reg} \iiint_{\mathbb{R}^3} \left[\left(\frac{\partial^2 u}{\partial x^2} \right)^2 + \left(\frac{\partial^2 u}{\partial y^2} \right)^2 + \left(\frac{\partial^2 u}{\partial z^2} \right)^2 + \left(\frac{\partial^2 u}{\partial x \partial y} \right)^2 + \left(\frac{\partial^2 u}{\partial x \partial z} \right)^2 + \left(\frac{\partial^2 u}{\partial y \partial z} \right)^2 \right] dx dy dz$$

et où ρ_{reg} est le paramètre qui va équilibrer le terme de régularité et d'approximation.

Les intégrales sont calculées par l'algorithme de Gauss-Legendre qui donne des résultats exacts pour les polynômes.

Résolution numérique

J^x est une fonction positive quadratique de $\text{PtControleX}_{i,j,k}$. Pour trouver les coefficients qui minimisent J^x , nous dérivons l'expression par rapport aux $\text{PtControleX}_{i,j,k}$. Cela donne $n_x \times n_y \times n_z$ équations linéaires qui sont :

Pour $0 \leq a < n_x$, $0 \leq b < n_y$ and $0 \leq c < n_z$,

$$\begin{aligned} & \sum_{i,j,k} \text{PtControleX}_{ijk} \left[\sum_{l=1}^N B_{a,3}^x(x_1^l) B_{b,3}^y(y_1^l) B_{c,3}^z(z_1^l) B_{i,3}^x(x_1^l) B_{j,3}^y(y_1^l) B_{k,3}^z(z_1^l) \right. \\ & \quad \left. + \rho_{smooth} \left(I_{abc,ijk}^{xx} + I_{abc,ijk}^{yy} + I_{abc,ijk}^{zz} + 2 I_{abc,ijk}^{xy} + 2 I_{abc,ijk}^{xz} + 2 I_{abc,ijk}^{yz} \right) \right] \\ = & \sum_{l=1}^N B_{a,3}^x(x_1^l) B_{b,3}^y(y_1^l) B_{c,3}^z(z_1^l) x_2^l \end{aligned}$$

avec comme notations pour le terme de régularité :

$$\begin{aligned} I_{abc,ijk}^{xx} &= \int \int \int_{\mathbb{R}^3} B_{a,3}^{''x} B_{b,3}^y B_{c,3}^z B_{i,3}^{''x} B_{j,3}^y B_{k,3}^z dx dy dz \\ I_{abc,ijk}^{xy} &= \int \int \int_{\mathbb{R}^3} B_{a,3}^{'x} B_{b,3}^{'y} B_{c,3}^z B_{i,3}^{'x} B_{j,3}^{'y} B_{k,3}^z dx dy dz \\ &\dots \end{aligned}$$

Chaque intégrale est séparable en un produit de 3 intégrales simples ce qui les rend faciles à calculer.

L'assemblage de la matrice du système d'équations linéaires est simple car la matrice est creuse : quand tous les $B_{i,3}^x$ sont évalués pour un x donné, un maximum de 3 fonctions sont non-nulles (et donc un minimum de $n_x - 3$ sont nulles) d'après les propriétés des fonctions B-splines. De surcroît, la matrice est symétrique et positive puisque le critère est positif.

Nous utilisons alors l'algorithme du gradient conjugué pour résoudre les trois systèmes (un par coordonnée).

Avantages de cette méthode

Les avantages de l'utilisation des transformations B-splines sont triples :

- les fonctions B-splines sont faciles à évaluer avec l'algorithme de De Casteljau. L'assemblage des matrices et les évaluations de u , v et w sont donc très rapides.
- les propriétés intrinsèques de rigidité des B-splines assurent une certaine régularité.
- un point de donnée n'a qu'une influence *locale* : pour évaluer l'image d'un point, nous n'avons besoin que de $(3 + 1)^3$ points de contrôle (à comparer avec $n_x \times n_y \times n_z$ qui ont été calculés), c'est-à-dire ceux qui contrôlent le

volume autour du point. De ce fait, l'influence des points aberrants reste locale et limitée.

Les transformations splines sont largement utilisées pour la mise en correspondance et nous citerons les références suivantes :

- [SL93] [SL94] qui utilisent un échantillonnage non-régulier des points de contrôle, en augmentant leur nombre aux endroits où les données sont denses. Cela permet d'envisager un schéma multi-échelle pour la mise en correspondance.
- [Boo89] qui propose une fonction interpolante fondée sur des splines « plaques minces » (« thin-plate splines » en anglais). Cependant, celle-ci n'est présentée qu'en 2D et semble difficile à généraliser en 3D. D'autre part, l'interpolation n'est pertinente que si les couples de points appariés \mathcal{L}'' sont totalement fiables et régulièrement répartis ce qui n'est pas toujours le cas pour notre mise en correspondance.

4.4.5 Application de la transformation

La transformation T est alors appliquée à l'ensemble E_1 , le rapprochant de E_2 . Tout le processus est itéré en faisant varier le seuil sur le paramètre de mise en correspondance *seuil* (par exemple de 0 % à 50 %) et le type de la transformation T . Nous choisirons, par exemple, 5 transformations rigides (voir figure 4.14) suivies de 5 affines (voir figure 4.16) et 10 transformations splines (voir figure 4.18) avec un paramètre de lissage qui diminue (de la valeur 10,0 - très lisse - à 1,0 - très peu contraint -).

4.4.6 Fin du processus

Convergence de l'algorithme

Le problème est alors de savoir quand arrêter les itérations.

Tout d'abord, est-ce que l'algorithme PPI converge, c'est-à-dire, au fur et à mesure des itérations, la distance entre les points de E_1 et E_2 diminue-t-elle toujours vers un minimum ?

Malheureusement, nous ne pouvons généraliser les démonstrations proposées dans [BM92] ou [Coh95]. En effet, à chaque itération, les points qui servent à

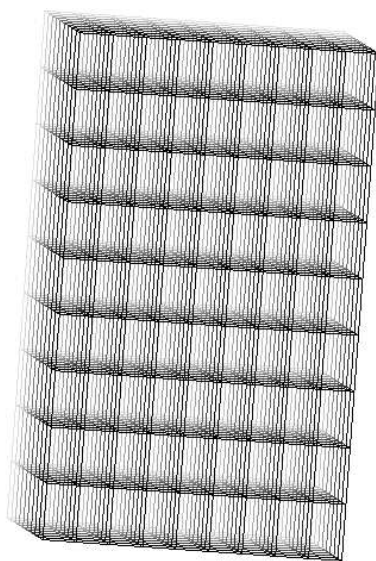


FIG. 4.14 – *Les premières transformations appliquées sont rigides (rotation+translation).*

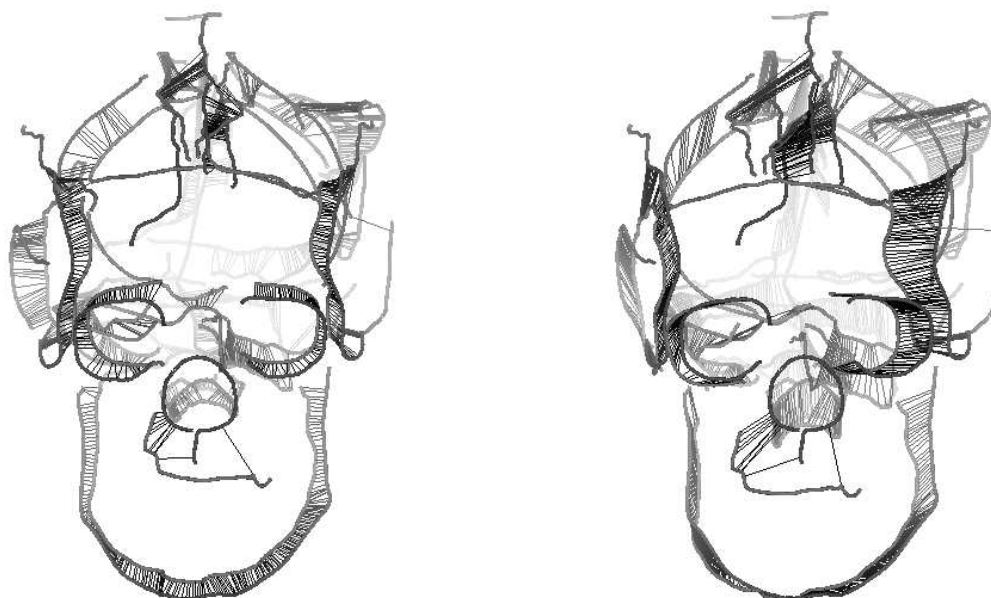


FIG. 4.15 – *A gauche, le résultat de la déformation. A droite, la mise en correspondance dans les positions initiales.*

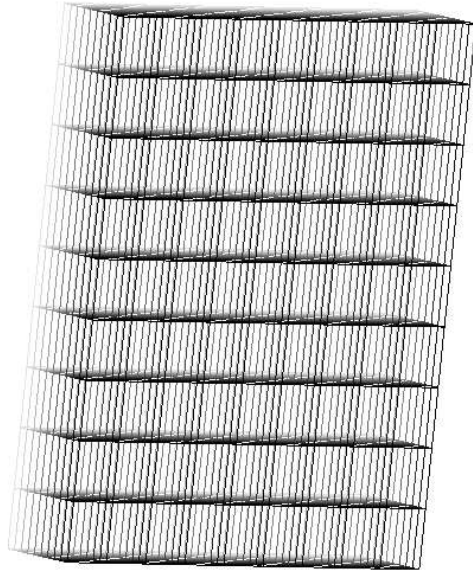


FIG. 4.16 – *Suivent les transformations affines, en particulier, pour trouver les facteurs d'échelle.*

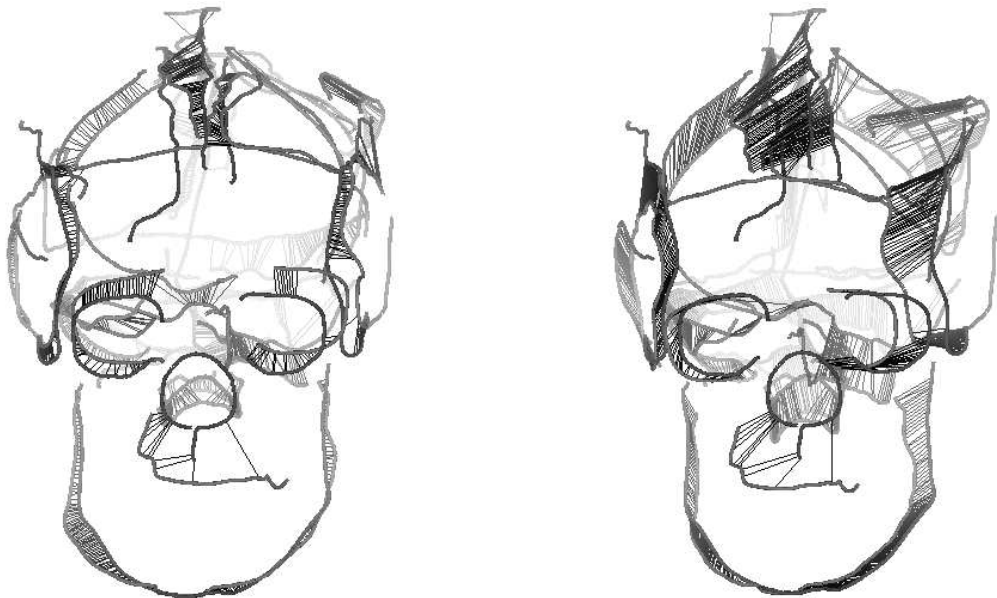


FIG. 4.17 – *A gauche, le résultat de la déformation. A droite, la mise en correspondance dans les positions initiales.*

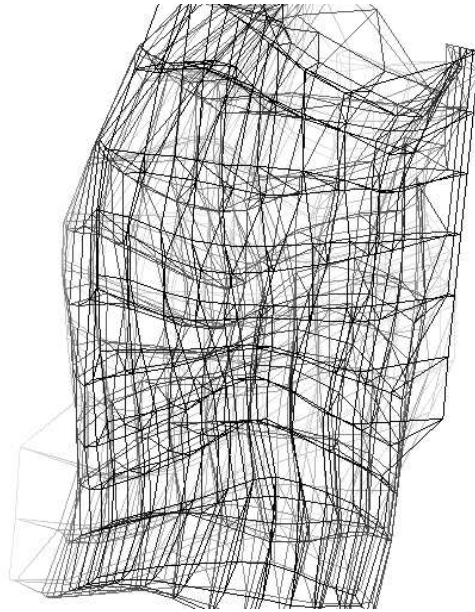


FIG. 4.18 – *Suivent les transformations splines qui déforment de manière importante. Nous avons représenté le maillage après 15 itérations de transformations splines.*

calculer le critère aux moindres carrés changeant puisque nous en éliminons pour rendre les appariements cohérents. De ce fait, nous ne pouvons pas assurer la décroissance de la fonction $\sum_{M_1^i \in \mathcal{L}''} d(T(M_1^i), M_2^i)$ vers un minimum (qui de toute façon ne serait que local).

Cependant, la pratique montre que, d'une part, cette distance décroît alors que, d'autre part, le nombre de points de \mathcal{L}'' augmente.

Comment juger de la qualité de la mise en correspondance ?

Essayons donc de proposer des critères pour estimer la qualité d'une mise en correspondance et par là-même, stopper l'algorithme de mise en correspondance. Nous pouvons séparer l'étude en deux, les transformations rigides et déformables :

- Dans le cas rigide, nous devons avoir, après recalage des deux ensembles de points E_1 et E_2 par la transformation rigide T , $distance(T(E_1), E_2) = 0$, autrement dit, $max(distance(T(M_1), M_2)) = 0$. Bien sûr, du fait de la discrétisation, nous n'aurons pas la nullité mais une valeur très faible [Cuc95].

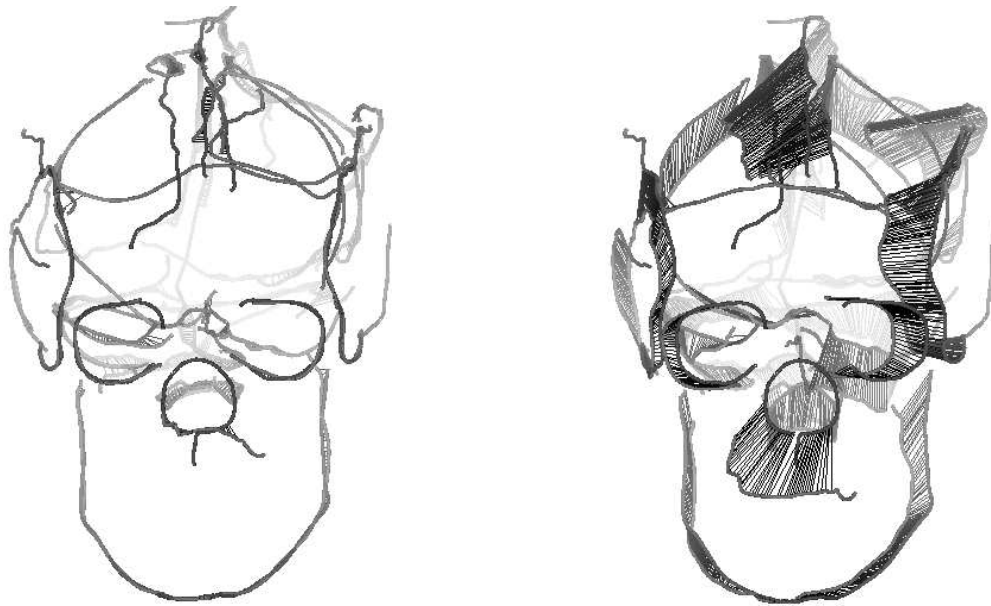


FIG. 4.19 – *Les transformations splines permettent une excellente mise en correspondance géométrique, ce qui donnera de bonnes informations sur la mise en correspondance des lignes. A gauche, le résultat de la déformation. A droite, la mise en correspondance dans les positions initiales.*

Or, il est très difficile de déterminer si cette faible valeur est le minimum absolu de la fonction $d = distance(T(E_1), E_2) = 0$. Ainsi, beaucoup d'algorithmes itératifs utilisent un seuillage de d comme critère de convergence et s'arrêtent alors qu'ils ne sont que dans un minimum local.

De plus, si les surfaces admettent des symétries, nous pouvons avoir plusieurs transformations pour lesquelles la distance entre les deux surfaces est nulle.

Un moyen pratique pour valider les algorithmes de mise en correspondance, en particulier dans un contexte médical, est d'utiliser des marqueurs [vdE93] que nous fixons sur le patient avant la prise des images. Cette méthode semble sûre mais elle reste difficile à appliquer pour trois raisons :

- fixer les marqueurs peut être traumatisant. Par exemple, les cadres stéréotaxiques sont vissés dans le crâne du patient.
- il n'est pas toujours facile d'avoir des marqueurs qui soient sensibles à plusieurs modalités d'acquisition en même temps (IRM et scanographie par exemple).
- la localisation, qu'elle soit manuelle ou automatique, des marqueurs dans les images médicales est toujours imprécise à cause de la discrétisation de l'image ou de l'épaisseur des marqueurs [Her91].

De surcroît, la mise en correspondance de deux images d'un même patient n'est en général pas rigoureusement rigide. Par exemple, la peau se déforme suivant la position du patient, le cerveau se « dégonfle » lors d'une ouverture de la boîte crânienne, le patient peut bouger sa mâchoire. Ces décalages peuvent alors altérer les résultats d'un programme de mise en correspondance rigide.

- Dans le cas de la mise en correspondance déformable, il n'est pas possible de trouver un critère théorique comme d . En fait, même si $d = 0$, cela ne prouve pas que la mise en correspondance soit bonne. Ainsi dans la figure 4.20, une simple rotation peut être assimilée à une transformation très complexe qui, bien qu'interpolant les 4 points, fournit un résultat trop tourmenté pour être utilisable.

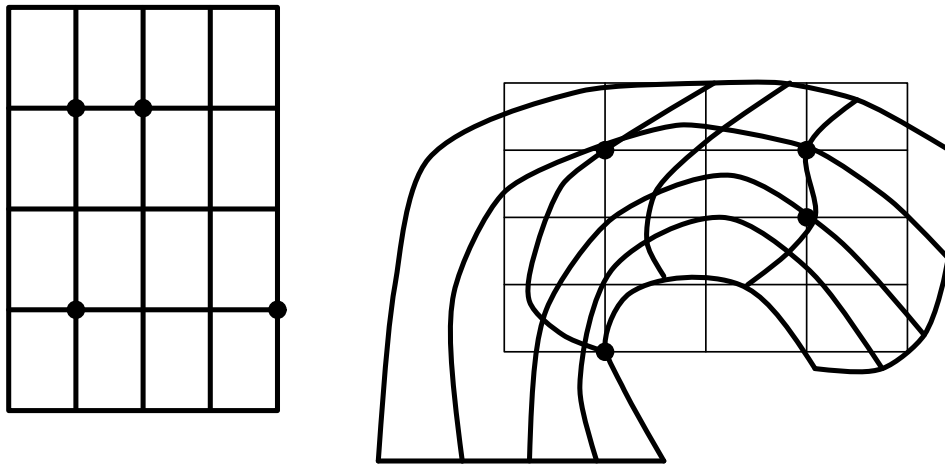


FIG. 4.20 – Une transformation trop complexe peut donner des résultats curieux : ainsi, la mise en correspondance de 4 points qui ont subi une rotation de 90 degrés peut engendrer un résultat absurde si la transformation n'est pas assez contrainte dans sa régularité.

Quelques méthodes

Deux méthodes peuvent cependant être utilisées :

- nous pouvons essayer d'estimer l'*amplitude de la transformation* T . Si celle-ci est très faible, nous considérerons que l'algorithme a convergé et nous arrêterons les itérations.

Dans le cas de transformations affines, nous pouvons étudier la norme de $T - Id$ pour juger de l'importance de la transformation. Mais, dans les cas plus généraux (transformations polynomiales d'ordre supérieur ou égal à 2, transformations splines), T ne peut s'écrire sous une forme matricielle simple et donc il n'est plus possible de la comparer à l'identité.

Nous pourrions décomposer T en transformations simples T_i qui ont chacune une signification physique (pincement, torsion...) paramétrable par une variable, en général, un angle [Bar84]. Il serait alors possible d'étudier l'évolution des différentes T_i et d'arrêter les itérations quand certaines d'entre elles sont faibles. Néanmoins la décomposition en T_i est complexe et nécessite une modélisation a priori des déformations possibles.

- nous pouvons juger la *qualité globale de la transformation T*. Cependant, nous n'avons que des informations locales fournies par la position des points et leurs relations de connexité et la construction automatique de critères globaux est un problème extrêmement compliqué. Bien souvent, nous nous contentons de présenter visuellement les informations et de les juger globalement à l'œil.

Devant l'absence de critères simples pour arrêter les itérations, nous avons préféré déterminer de manière complètement empirique le nombre d'itérations: 5 transformations rigides, 5 transformations affines et 10 transformations splines avec un facteur décroissant de lissage.

Notons que toutes les mises en correspondance qui ont servi à créer les résultats présentés dans cette thèse sont fondées sur le même schéma d'itérations.

4.5 Les résultats obtenus

A la fin des itérations, nous obtenons deux types d'appariements :

- les appariements de lignes sous la forme (ligne i de E_1 , ligne j de E_2 , $p1_i^j$, $p2_j^i$).
- les appariements de points appartenant à des lignes appariées avec un seuil choisi (en général 50 %) par l'utilisateur sous la forme d'une liste de couples de points (M_1^i, M_2^i) .

Cependant, nous ne conservons pas les transformations successives T qui ont servi au recalage. C'est d'ailleurs pour cette raison que nous avons choisi de composer les transformations et non pas de recalculer à chaque itération une unique transformation en remettant à jour les points appariés.

Si nous cherchons une transformation globale qui superpose au mieux E_1 et E_2 , nous pourrions la calculer à partir des appariements de points par une approximation aux moindres carrés d'une transformation spline.

En conclusion, nous pourrions juger des résultats soit :

- en visualisant les lignes mises en correspondance soit après superposition géométrique à la fin des itérations, soit après étiquetage. Cela permet de juger globalement de la mise en correspondance *symbolique*.

- en étudiant les statistiques sur le nombre de points appariés (qui doit être important) et les distances entre eux (qui doivent être faibles à la fin des itérations). Cela permet de juger la mise en correspondance *géométrique*.

4.6 Un exemple de mise en correspondance

Dans cet exemple, nous cherchons à mettre en correspondance les lignes de \mathcal{C} et \mathcal{B} . Au bout d'une dizaine de minutes de calcul sur une station de travail DEC-Alpha à 233 MHz, nous obtenons les résultats présentés dans la figure 4.21.



FIG. 4.21 – Résultats de la mise en correspondance des lignes de \mathcal{C} et de \mathcal{B} . A gauche, nous voyons les lignes de \mathcal{B} ainsi que l'ensemble des lignes de \mathcal{C} qui se sont déformées. Les points appariés sont reliés par des segments. Les deux ensembles sont bien superposés. A droite, l'ensemble des lignes de \mathcal{C} est dans sa position originale. Cela permet de mesurer l'importance de la déformation entre les deux ensembles.

Nous présentons la distribution des distances entre les points appariés appar-

	Nombre	Min	Max	Moyenne	Ecart-type	Médiane
Début	4 454	0,053	19,806	5,060	2,732	4,544
Rigide	5 420	0,106	18,733	3,777	2,215	3,214
Affine	5 358	0,198	16,220	3,429	2,048	2,894
Spline	6 052	0,038	11,503	2,279	1,595	1,787

TAB. 4.1 – *Distribution des distances entre les points appariés appartenant à des lignes mises en correspondance à 50 % au début de l'algorithme (Début), après les transformations rigides (Rigide), affines (Affine) et splines (Splines). Les valeurs sont à comparer au diamètre des ensembles qui a pour valeur 200,0.*

tenant à des lignes mises en correspondance à 50 % au début de l'algorithme (Début), après les transformations rigides (Rigide), affines (Affine) et splines (Splines) dans le tableau 4.1 et le graphe 4.22. Les valeurs des distances sont à comparer aux diamètres des deux ensembles qui est d'environ 200,0.

Alors que le nombre de points appariés croît très fortement après les transformations rigides (Début-Rigide +22 %) et les transformations splines (Affine-Spline +13 %, Début-Spline +36%), il n'est pratiquement pas modifié entre les étapes Rigide et Affine (Rigide-Affine -1 %). Pour autant, les transformations affines restent très utiles car elles font notamment diminuer la distance moyenne (Rigide-Affine -9 %). En tout, la distance moyenne a diminué de 55 % (pour 36 % de points en plus, ne l'oublions pas). L'écart-type a aussi diminué de 42 % : plus de points sont donc de plus en plus proches, ce qui est aussi confirmé par la diminution de la valeur médiane -61 %.

D'autre part, notons que 80 % du temps de la mise en correspondance est consacré à la recherche du point le plus proche. Nous pouvons donc envisager de multiplier par 4 la vitesse du programme en utilisant des cartes de distance.

4.7 Influence du sous-échantillonnage

Intéressons nous plus particulièrement à un des problème relevés au début de ce chapitre : les différences d'échantillonnage. Celles-ci interviennent en particulier quand les images desquelles nous extrayons les isosurfaces et les lignes de crête n'ont pas toute la même résolution. En effet, l'espacement entre les points des lignes de crête varie proportionnellement à la taille du voxel. Il est donc in-

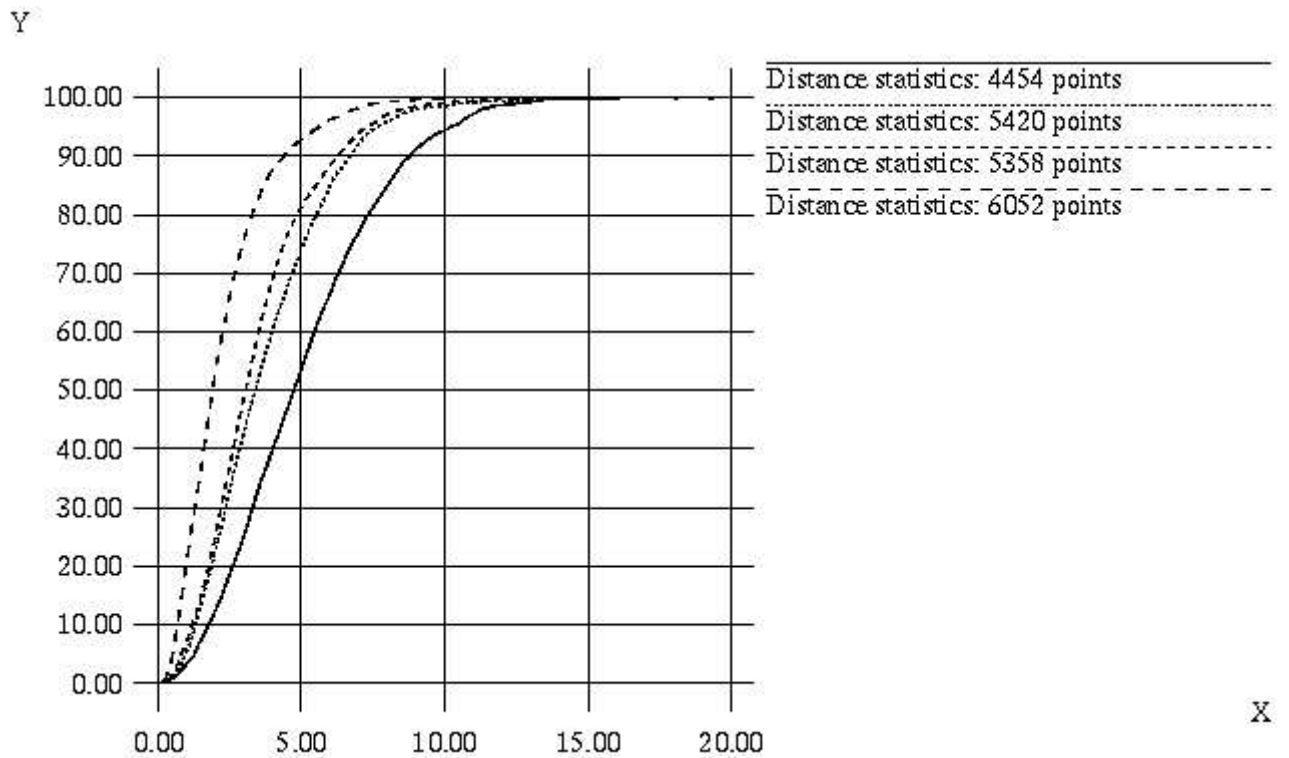


FIG. 4.22 – *Le graphe de la distribution de la distance entre les points appariés. A droite, au début du processus, pour 4 454 couples de points, la valeur moyenne est 5,16. A gauche, à la fin, pour 6 052 couples de points (+36 %), la valeur moyenne a diminué de 55 %.*

dispensable de nous assurer que notre algorithme fonctionne correctement malgré de grandes différences d'échantillonnage.

Nous proposons ci-dessous une expérience où nous avons sous-échantillonné aléatoirement d'un *facteur 10* (1 point sur 10 en moyenne) les lignes des deux ensembles simplifiés que nous avons prises comme exemples. Malgré ce fort changement, la mise en correspondance reste toujours correcte (voir figure 4.23).

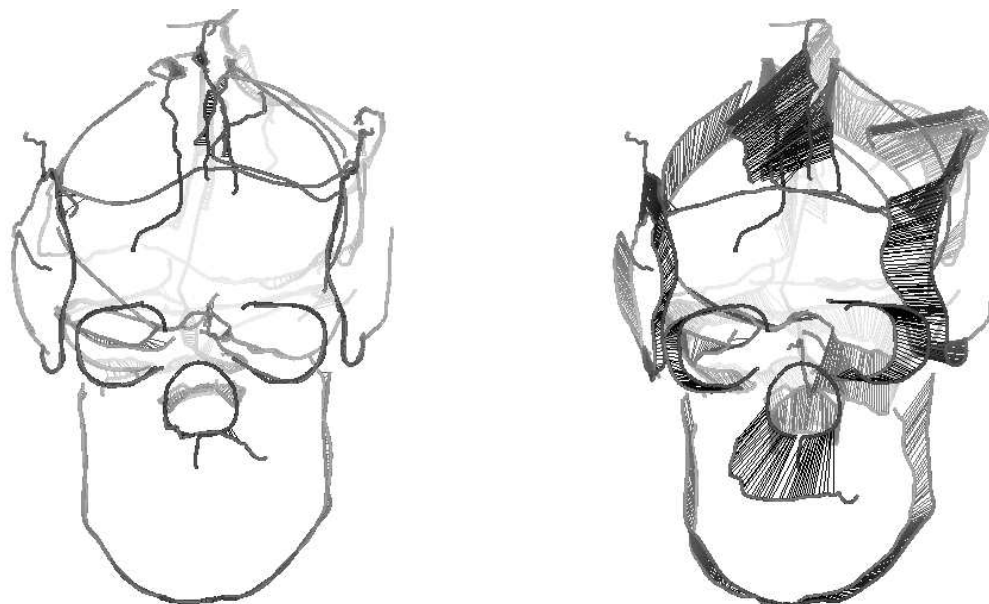


FIG. 4.23 – Mise en correspondance après un sous-échantillonnage aléatoire : à gauche, le résultat de la mise en correspondance après déformation ; à droite, la mise en correspondance dans les positions initiales.

4.8 Description résumée de l'étape 2

Afin de trouver les caractéristiques communes dans l'étape 3, nous mettons en correspondance les ensembles de lignes provenant des différents jeux de données deux par deux. Comme il est impossible de mettre tous les ensembles en correspondance avec tous les autres à cause de la trop grande complexité (n^2 mises en correspondance pour n ensembles), nous nous limitons à effectuer la mise en correspondance de manière circulaire (E_1 avec E_2 , E_2 avec E_3 ... E_n avec E_1).

La mise en correspondance est effectuée dans les deux sens. En effet, l'algorithme n'est pas symétrique puisque c'est le premier ensemble qui est déformé

vers le second. En ne prenant en compte que les lignes qui sont mises en correspondance dans les deux cas E_1 vers E_2 et E_2 vers E_1 , nous rendons symétriques les résultats.

D'autre part, lorsque, dans l'étape 4, nous moyennerons les lignes communes, nous allons avoir besoin de choisir un ensemble de lignes comme référence et nous prendrons \mathcal{A} . Les autres ensembles seront alors normalisés dans ce repère. Pour cela, nous avons besoin de connaître les transformations rigides et homothétiques entre l'ensemble de référence et les autres. Celles-ci sont calculées à partir des appariements de points trouvés grâce à l'algorithme de mise en correspondance.

- Mettre en correspondance \mathcal{A} et \mathcal{B} , \mathcal{B} et \mathcal{C} , \mathcal{C} et \mathcal{D} , \mathcal{D} et \mathcal{E} , \mathcal{E} et \mathcal{F} , \mathcal{F} et \mathcal{A} , dans les deux sens. Trouver les correspondances ligne à ligne.
- Mettre en correspondance \mathcal{A} et \mathcal{B} , \mathcal{C} , \mathcal{D} , \mathcal{E} , \mathcal{F} . Avec les appariements point à point, calculer les transformations rigides et homothétiques.

Chapitre 5

Extraction des ensembles de caractéristiques communes

5.1 Description de l'algorithme

5.1.1 Présentation générale

NOUS AVONS LES ENSEMBLES DE LIGNES e_n À ÉTUDIER . A l'étape précédente, nous avons trouvé les correspondances caractéristique à caractéristique, (ligne i de E_k , ligne j de E_l , pk_i^j , pl_j^i). Nous allons maintenant chercher les caractéristiques *génériques*, c'est-à-dire, les lignes communes à tous les E_n .

Pour cela, nous construisons un graphe où :

- un sommet représente une ligne caractéristique d'un ensemble.
- un arc orienté correspond à la relation « est mis en correspondance avec ».

De surcroît, afin de ne pas avoir de résultat biaisé par l'asymétrie de l'algorithme de mise en correspondance, nous éliminons tous les arcs qui ne sont pas bijectifs (sommet i lié au sommet j ET réciproquement). Nous obtenons alors le *graphe structurel* de l'atlas (voir figure 5.1).

Les lignes caractéristiques communes doivent :

- être mises en correspondance entre elles.
- être présentes dans tous les ensembles.

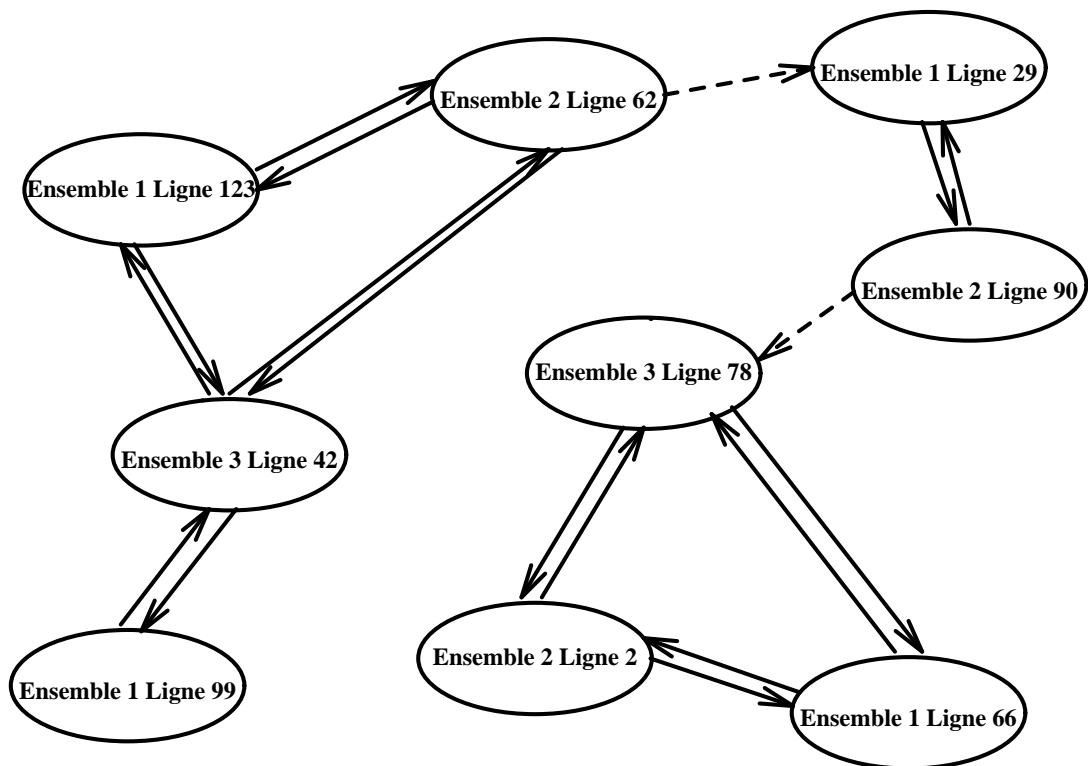


FIG. 5.1 – Le graphe structurel. Chaque sommet représente une caractéristique d'un des ensembles de données et l'arc orienté symbolise la relation « est mis en correspondance avec ». Nous ne gardons que les arcs bijectifs.

Pour les extraire :

- Nous calculons les sous-graphes connexes du graphe structurel. Un graphe est dit *connexe* si pour tout couple de sommets, il existe une séquence d'arcs qui les joint. Nous obtenons ainsi les sous-ensembles du graphe qui contiennent des lignes communes.
- Nous ne gardons que les sous-graphes qui contiennent au moins une ligne appartenant à tous les ensembles de données. La réunion de ces sous-ensembles formera la *structure de l'atlas* (voir figure 5.2).

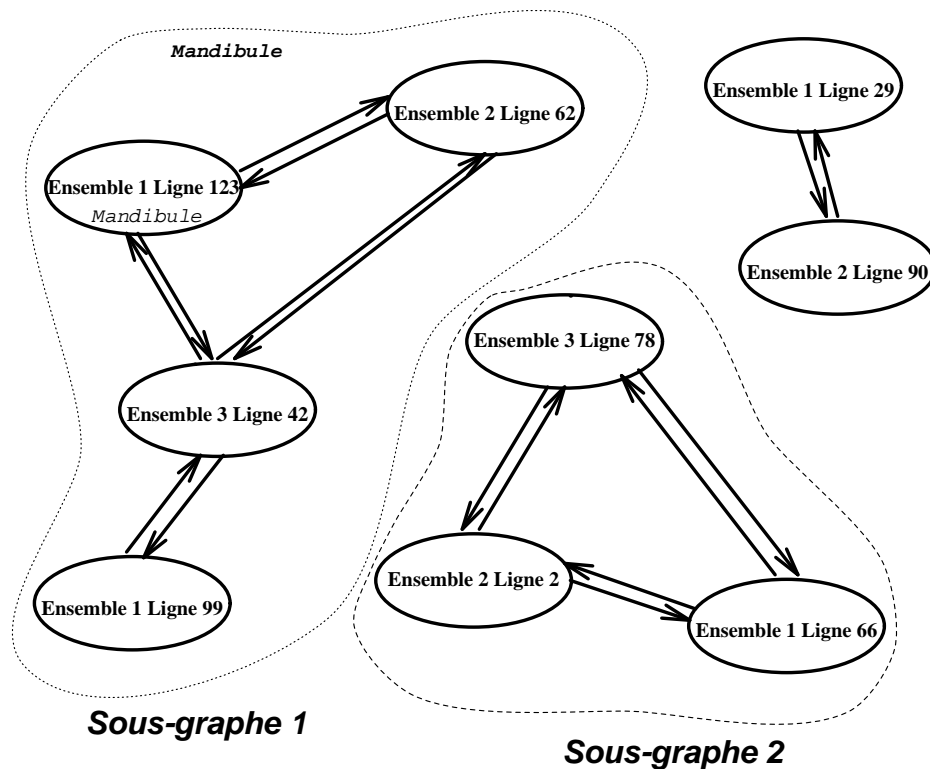


FIG. 5.2 – La structure de l'atlas est composée des sous-graphes bijectivement connexes du graphe structurel qui contiennent au moins une caractéristique de chaque ensemble de données. Remarquons que si nous avons étiqueté une caractéristique, nous pouvons propager son étiquette au sous-graphe auquel elle appartient et, par là-même, à toutes les autres caractéristiques appartenant à celui-ci.

5.1.2 Explicitation de l'algorithme

Nous explicitons ci-dessous l'algorithme pour extraire les composantes bijectivement connexes à partir des fichiers de mises en correspondance de lignes. Pour plus de précisions, le lecteur pourra se référer à [GM79].

Le paramètre de cet algorithme est $param_1$, le seuil de mise en correspondance.

– **Création du graphe :**

- Pour tous les ensembles de fichiers de mise en correspondance entre lignes :
 - Lecture de la ligne du premier ensemble et de la ligne du second ensemble.
 - Si les deux lignes sont mises en correspondance avec une proportion au moins égale à $param_1$ alors initialisation des deux sommets correspondant aux deux lignes (s'ils n'existent pas déjà) et d'un arc orienté entre eux.
 - Nous ne gardons que les arcs bijectifs.

– **Détection des composantes bijectivement connexes :**

- Pour tous les sommets du graphe :
- Ce sommet fait-il déjà partie d'une composante connexe ?
 - Si OUI, sommet suivant.
 - Si NON, il va servir à initialiser un sous-graphe connexe. Nous allons développer le sous-graphe connexe de sommet en sommet.
 - Pour tous les sommets adjacents du sommet courant.
 - Ajouter la liste de leurs sommets adjacents dans la liste des sommets adjacents du sommet de départ.
 - Poursuivre jusqu'à ce que tous les sommets adjacents du sommet de départ aient été étudiés.
 - Le sous-graphe connexe est constitué de la liste des sommets adjacents du sommet de départ.

– **Tri des composantes connexes :**

- Pour tous les sous-graphes connexes :

- Le sous-graphe inclut-il au moins un sommet appartenant à tous les ensembles de lignes?
 - Si NON, exclure le sous-graphe connexe.

- **Obtention des ensembles de caractéristiques communes**
 - Chaque sous-graphe connexe définit un ensemble de caractéristiques communes.

5.1.3 Quelques remarques

Le nombre d'arcs est directement relié au nombre de mises en correspondance effectuées. Or, pour diminuer la complexité algorithmique, nous ne faisons que des mises en correspondance de manière circulaire, c'est-à-dire n pour n ensembles au lieu des n^2 dans le cas du calcul exhaustif. De ce fait, certaines mises en correspondance entre caractéristiques peuvent nous échapper et certains sous-ensembles connexes seront rejetés car il manque une caractéristique d'un des ensembles.

D'autre part, l'ordre des ensembles dans la mise en correspondance circulaire est important. Supposons par exemple que la mise en correspondance entre E_1 et E_2 soit médiocre. Dans ce cas, le graphe structurel calculé par $E_1 \Leftrightarrow E_2 \Leftrightarrow E_3 \Leftrightarrow E_4 \Leftrightarrow E_1$ sera moins complet que celui calculé par $E_1 \Leftrightarrow E_3 \Leftrightarrow E_2 \Leftrightarrow E_4 \Leftrightarrow E_1$.

Pour éviter ce problème, nous pouvons soit augmenter le nombre de mises en correspondance soit garder les sous-graphes connexes qui contiennent au moins une ligne d'une certaine proportion (par exemple 80 %) des ensembles de données.

Dans un sous-graphe connexe, il peut y avoir plusieurs caractéristiques appartenant à un même ensemble de données. Cela est dû aux différences topologiques des lignes. En effet, si à une ligne d'un ensemble E_i correspondent deux lignes de l'ensemble E_j , ces deux lignes seront incluses dans le même ensemble de caractéristiques communes. Nous verrons un tel exemple dans le paragraphe consacré aux lignes de crête du crâne. En fait, l'algorithme d'extraction permet aussi de regrouper les caractéristiques similaires (« clustering » en anglais) par fusion des informations provenant des différentes mises en correspondance.

5.1.4 Application à l'étiquetage automatique

Si nous avons pu associer une étiquette (par exemple, manuellement) aux caractéristiques d'un ensemble, nous pouvons la propager au sous-graphe auquel elle appartient et, par là-même, à toutes les autres caractéristiques appartenant à celui-ci.

Nous pouvons alors extraire les lignes étiquetées du même nom dans les divers ensembles de données, ce qui permet de visualiser facilement les lignes communes et de les comparer. C'est le moyen que nous avons choisi dans les paragraphes ci-dessous pour estimer la qualité des lignes communes et, par là-même, la mise en correspondance.

D'autre part, nous pouvons utiliser les caractéristiques ayant une certaine étiquette pour extraire soit dans l'image originale, soit dans l'isosurface les points qui sont à une certaine distance de ces caractéristiques (par l'utilisation des arbres k-d par exemple). Par ce moyen, nous pouvons extraire automatiquement des structures intéressantes comme les orbites et la mandibule sur le crâne ou les ventricules cérébraux dans le cerveau.

5.2 Les lignes communes du crâne

Dans l'exemple des 6 crânes, nous trouvons 37 ensembles de caractéristiques communes (voir figure 5.3) avec un seuil de mise en correspondance de 50 %.

Nous avons étiqueté sur \mathcal{C} une ligne appartenant à :

- La ligne sous-mandibulaire droite (RMB).
- La ligne sous-mandibulaire gauche (LMB).
- Le pourtour du nez (NOS).
- L'orbite droite (ROR).
- L'orbite gauche (LOR).
- La ligne sur-mandibulaire droite (RMT).
- La ligne sur-mandibulaire gauche (LMT).
- La tempe droite (RTP).

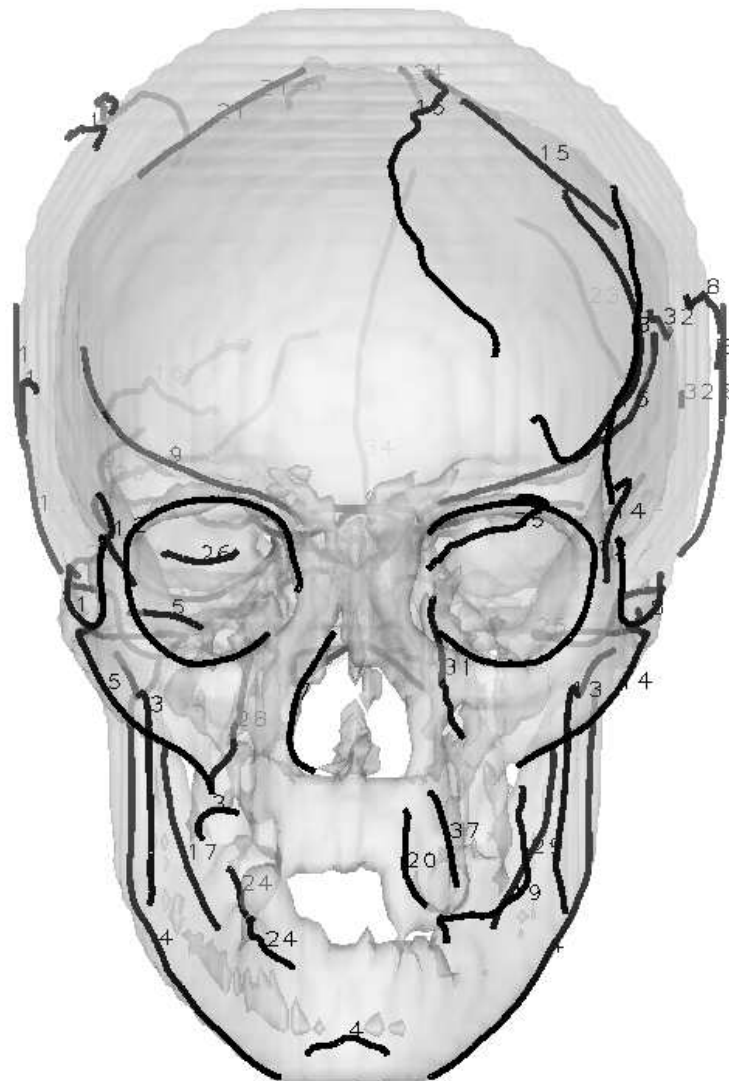


FIG. 5.3 – Les 37 ensembles de lignes communes sur le crâne C.

- La tempe gauche (LTP).
- La pommette droite (RCB).
- La pommette gauche (LCB).
- Le trou occipital (OCF).
- L’os sphénoïde droit (RSP).
- L’os sphénoïde gauche (LSP).
- L’os temporal droit (RTB).
- L’os temporal gauche (LTB).

Nous avons alors propagé cet étiquetage aux 5 autres crânes (voir figures 5.4 et 5.5).

Nous remarquons que les deux lignes sous-mandibulaires LMB et RMB ont fusionné en une seule ligne étiquetée RMB+LMB. Cela s’explique par le fait que sur les crânes \mathcal{A} , \mathcal{D} , \mathcal{E} et \mathcal{F} , la ligne est d’un seul tenant alors que sur les crânes \mathcal{B} et \mathcal{C} , elle est en deux morceaux.

Notons que si notre algorithme peut fusionner deux lignes dans le même sous-ensemble commun, il ne peut pas découper une ligne en deux. Ainsi, nous remarquons que l’os sphénoïde droit RSP et l’os temporal droit RTB ont fusionné en RTB+RSP à cause du crâne \mathcal{B} où il n’y a qu’une ligne commune.

Cependant, aucune ligne ne paraît étiquetée de manière inappropriée malgré les très grandes diversités de forme et de topologie.

D’autre part, nous trouvons de nombreuses lignes communes, ce qui fournit une première validation de l’utilisation des lignes de crête comme caractéristique anatomique.

Dans la figure 5.6, nous avons extrait automatiquement les parties de l’iso-surface du crâne \mathcal{B} qui sont proches des lignes étiquetées LOR, ROR, NOS, RMB+LMB à gauche et RSP et FOR à droite. De cette manière, nous pouvons mieux nous rendre compte de la finesse de l’étiquetage.

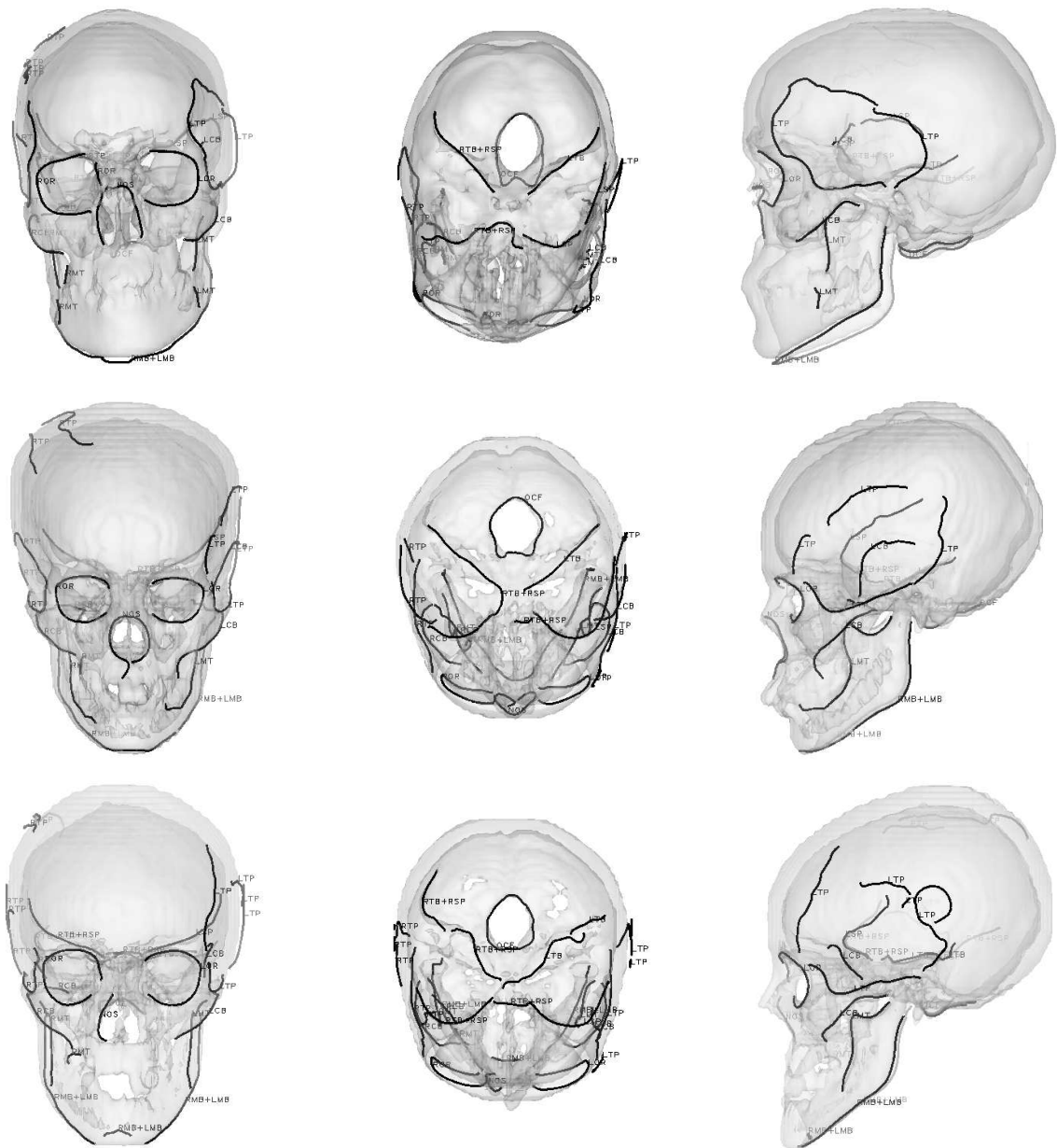


FIG. 5.4 – Les ensembles de lignes de crête communes ont été extraits sur les crânes A, B et C. Certains d'entre eux ont été automatiquement étiquetés et mis en gras : les lignes mandibulaires, le pourtour du nez, les orbites, les pommettes, les tempes, le trou occipital et les os sphénoïdes et temporaux.

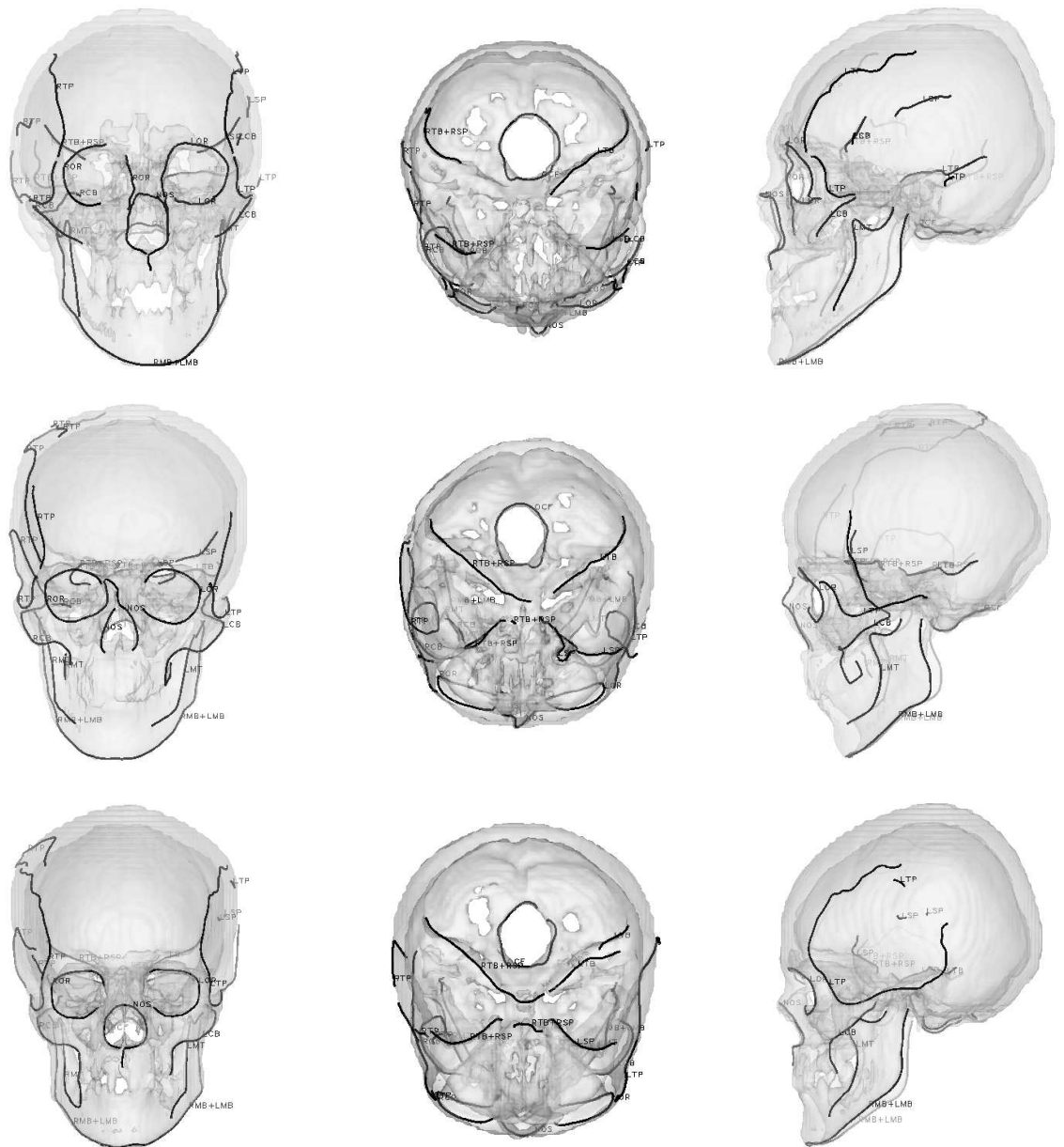


FIG. 5.5 – Les ensembles de lignes de crête communes ont été extraits sur les crânes *D*, *E* et *F*. Certains d’entre eux ont été automatiquement étiquetés et mis en gras : les lignes mandibulaires, le pourtour du nez, les orbites, les pommettes, les tempes, le trou occipital et les os sphénoïdes et temporaux.

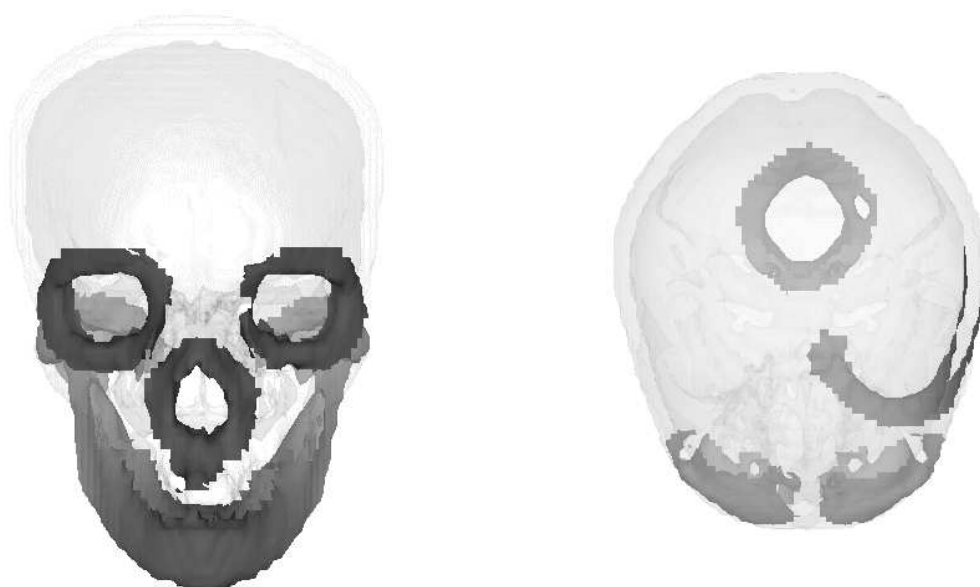


FIG. 5.6 – *Extraction de parties du crâne automatiquement étiquetées. A gauche, les orbites gauche et droite (qui sont légèrement décalées pour une meilleure visualisation), le nez et la mandibule. A droite, l'os sphénoïde gauche et le trou occipital.*

5.3 Les lignes communes du cerveau

Dans l'exemple des 10 cerveaux, nous trouvons 82 ensembles de caractéristiques communes (voir figure 5.7) avec un seuil de mise en correspondance de 35 %.

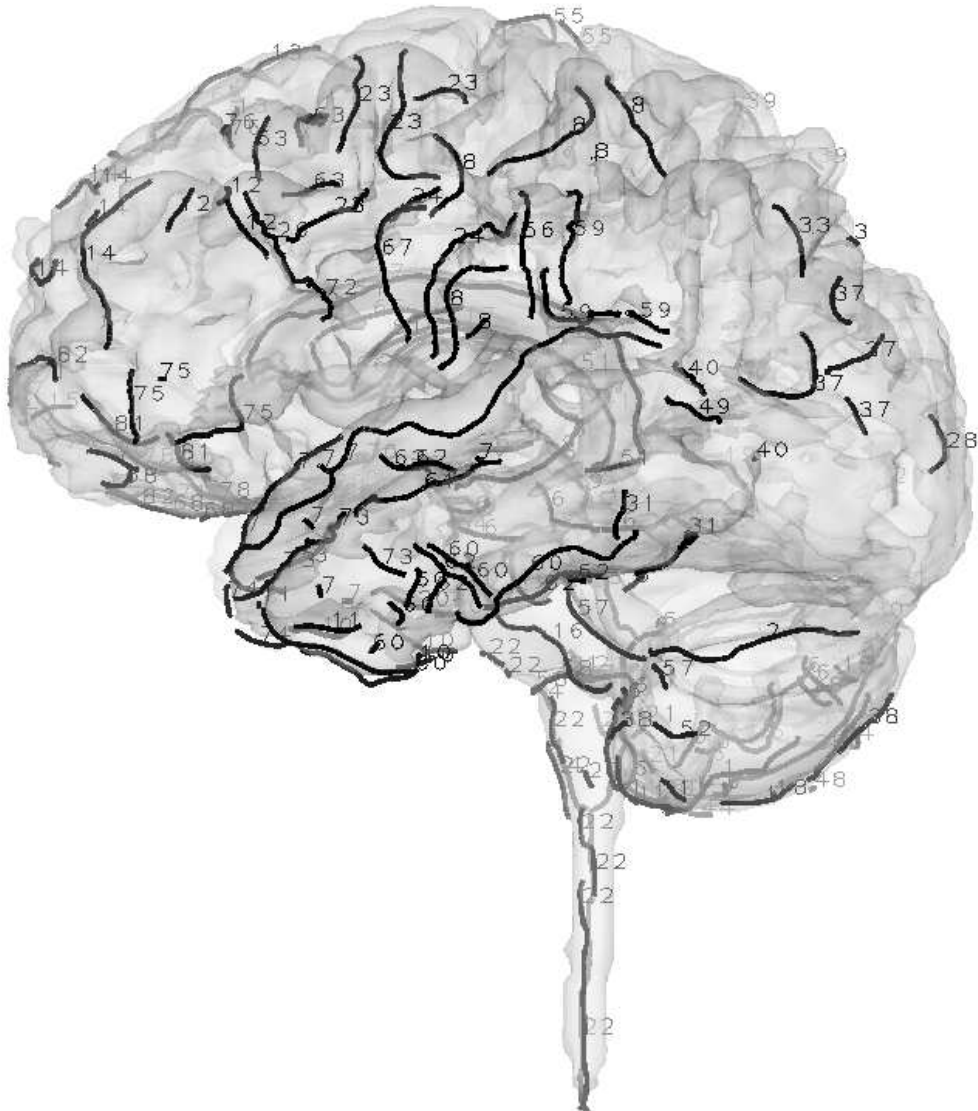


FIG. 5.7 – Les 82 ensembles de lignes communes sur le cerveau.

Nous avons étiqueté sur le premier cerveau une ligne appartenant à :

- Le ventricule cérébral latéral gauche (LVE).

- Le ventricule cérébral latéral droit (RVE).
- La première circonvolution latérale gauche (LTP).
- La moelle épinière (MED).

Nous avons alors propagé cet étiquetage aux 9 autres cerveaux (voir figures 5.8, 5.9 et 5.10).

Nous remarquons que les lignes de crête du cerveau sont extrêmement diversifiées, ce qui rend plus difficiles les appariements et la construction du graphe structurel. Néanmoins, les lignes des ventricules cérébraux et de la moelle épinière sont correctement mises en valeur. Celles de la première circonvolution latérale gauche sont nettement moins visibles (en particulier, sur les 2e, 3e et 4e cerveaux). Cependant, même les petits morceaux de lignes restent correctement localisés sur le lobe latéral. Il faudrait sans doute plus de mises en correspondance, en particulier avec le premier cerveau qui a une longue ligne latérale, pour obtenir de meilleurs résultats.

D'autre part, même si une unique ligne de la moelle épinière de chaque ventricule et de la circonvolution latérale ont été étiquetées au départ, nous obtenons à la fin plusieurs lignes. Cela prouve qu'il y a bien eu fusion de lignes du fait des multiples mises en correspondance entre les différentes données.

Dans la figure 5.11, nous avons extrait automatiquement les parties du premier cerveau étiquetées LVE, RVE, MED et LTP.

5.4 Description résumée de l'étape 3

- **Construire le graphe structurel.**
- **Extraire les composantes bijectivement connexes qui vont former la structure de l'atlas.**

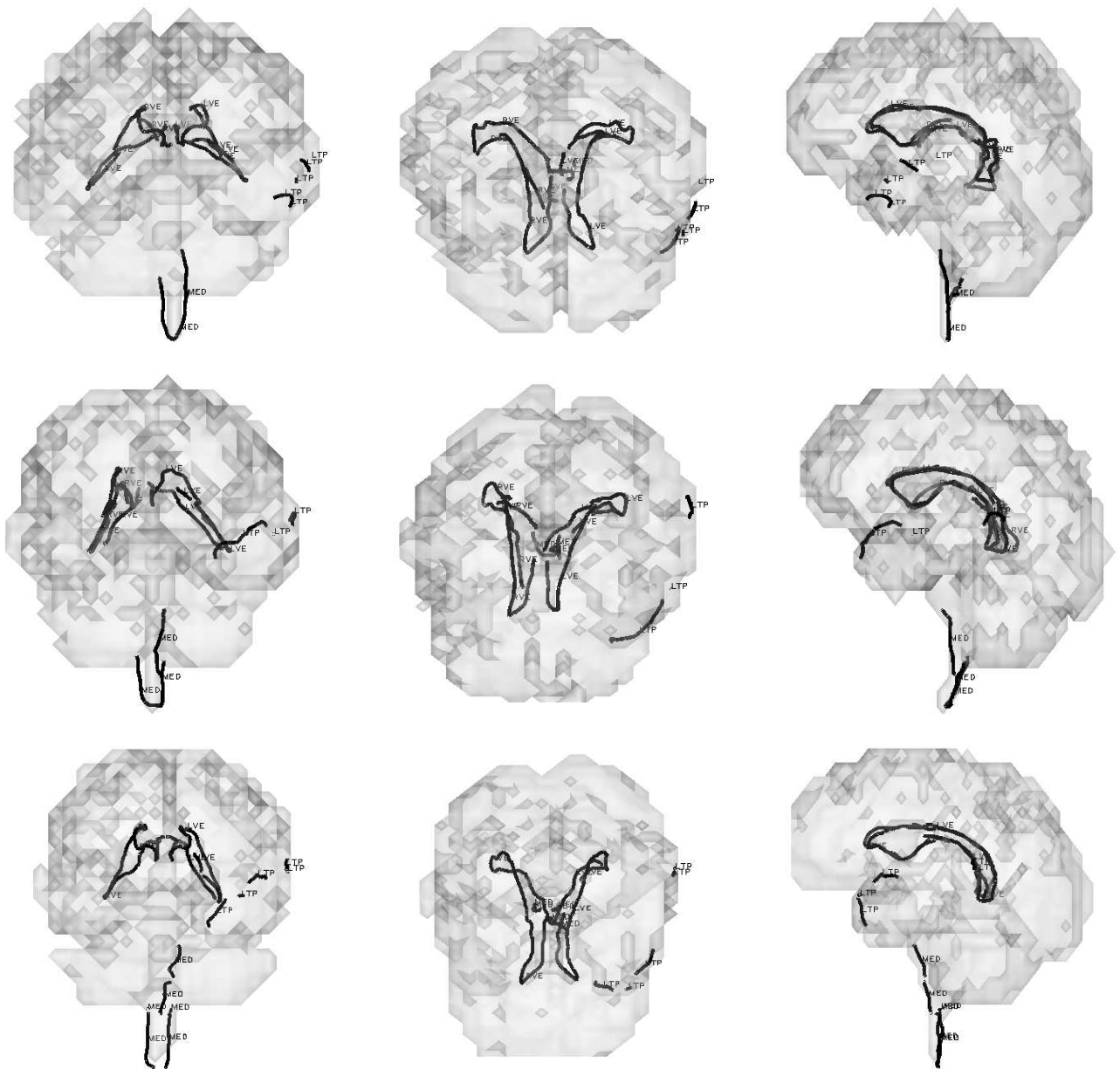


FIG. 5.9 – Les ensembles de lignes de crête communes ont été extraits sur les cerveaux 4, 5 et 6. Certains d'entre eux ont été automatiquement étiquetés et mis en gras : les ventricules cérébraux gauche et droit, la moelle épinière et la première circonvolution latérale gauche.

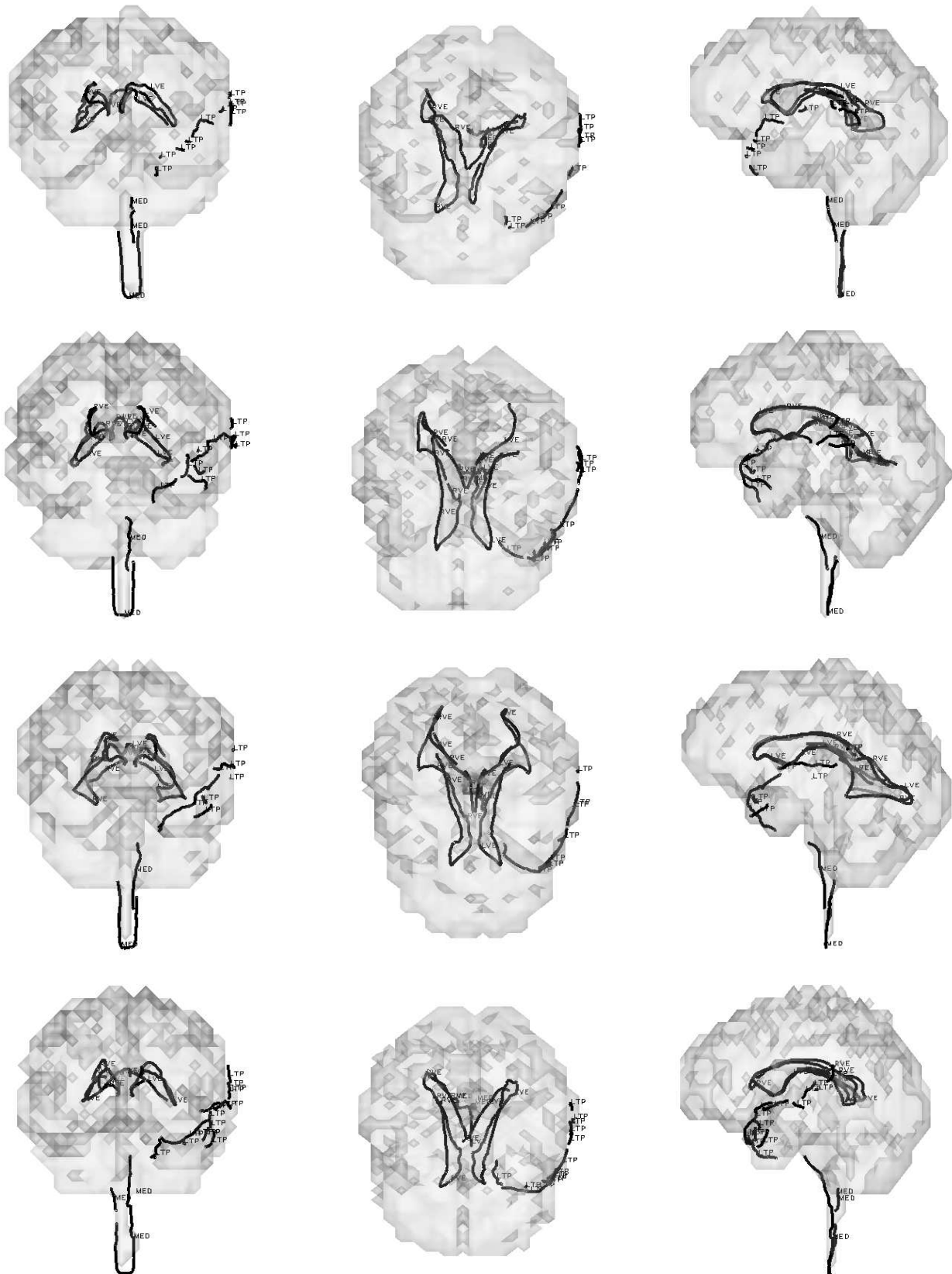


FIG. 5.10 – Les ensembles de lignes de crête communes ont été extraits sur les cerveaux 7, 8, 9 et 10. Certains d'entre eux ont été automatiquement étiquetés et mis en gras : les ventricules cérébraux gauche et droit, la moelle épinière et la première circonvolution latérale gauche.

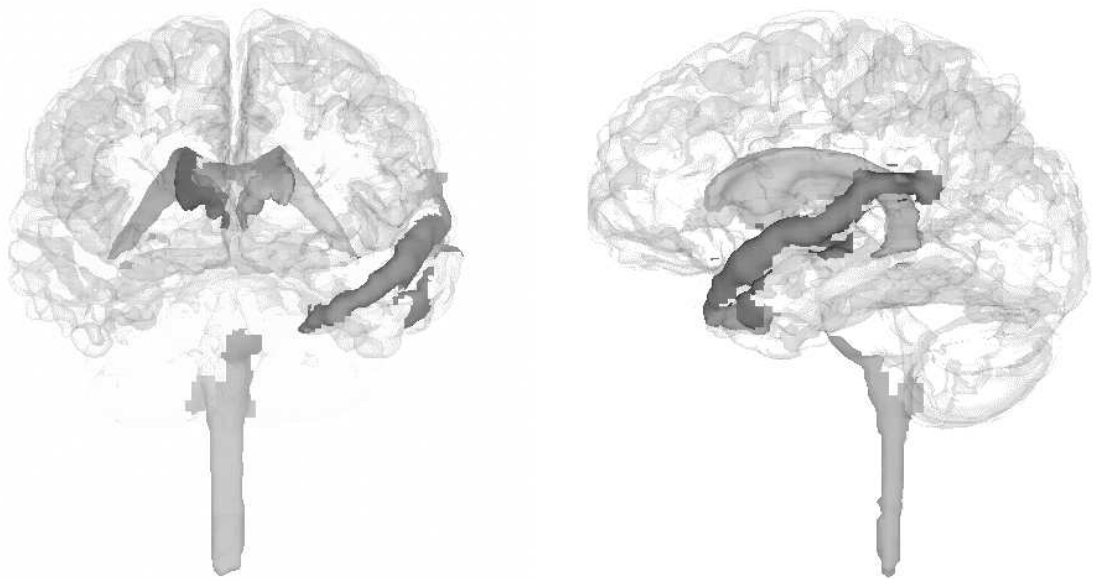


FIG. 5.11 – *Extraction de parties du cerveau automatiquement étiquetées : les deux ventricules latéraux cérébraux, la moelle épinière et la première circonvolution latérale gauche.*

Chapitre 6

Moyenne des caractéristiques communes

6.1 Présentation du problème

Nous avons plusieurs ensembles de caractéristiques communes et nous souhaitons, pour chacun d'entre eux, trouver la position moyenne des caractéristiques. Dans notre cas, cela revient à trouver la moyenne d'ensembles de lignes tridimensionnelles.

6.1.1 Une définition de la moyenne de lignes tridimensionnelles

Supposons que nous ayons une distance d définie sur les lignes tridimensionnelles. Si L_1 et L_2 sont deux lignes de même longueur l et de mêmes extrémités, cette distance pourrait être [PVG95]:

$$d(L_1, L_2) = \int_0^l \|y(s) - x(s)\| ds$$

où $x(s)$ est un point de L_1 et $y(s)$ un point de L_2 et s l'abscisse curviligne.

Alors, nous pouvons définir la ligne moyenne L_{moy} des n lignes tridimensionnelles $L_i, 1 \leq i \leq n$ comme :

$$L_{moy} \text{ est la ligne qui minimise } \sum_{i=1}^n d^2(L_{moy}, L_i)$$

Cependant, si nous ne souhaitons pas tenir compte de certains types de transformations entre les lignes, nous obtenons, si \mathcal{T} est l'espace défini par ces transformations :

$$L_{moy} \text{ est la ligne qui minimise } \sum_{i=1}^n d^2(L_{moy}, T_i(L_i)) \text{ avec } T_i \in \mathcal{T}$$

Par exemple, \mathcal{T} peut-être l'ensemble des translations et des rotations, auquel cas, nous aurons une ligne moyenne qui ne tient pas compte des déformations rigides entre les lignes de données. Néanmoins, cela revient à optimiser en même temps L_{moy} et les n transformations T_i .

Essayons d'adapter cette définition formelle dans le cas discret. Tout d'abord la distance d est très instable ; en particulier, des petites erreurs dues à des discrétisations différentes des deux lignes peuvent s'accumuler et fausser l'estimation de l'abscisse curviligne, ce qui peut donner d'importantes valeurs pour d même si les lignes sont « proches ». D'autre part, comment moyenner des lignes de longueurs différentes ?

En fait, moyenner les lignes revient à moyenner les points qui les composent (voir figure 6.1). Pour cela, nous pouvons distinguer trois étapes :

- Comme il semble très difficile de calculer en même temps la ligne moyenne et les transformations T_i , nous pouvons choisir de recalcr les données dans un repère de référence donné pour supprimer l'effet de certaines transformations. Il ne s'agit bien entendu que d'une approximation des T_i puisque le recalage ne se fait pas par rapport à la ligne moyenne (que nous ne connaissons évidemment pas) mais le problème est alors découpé et il ne reste plus qu'à calculer L_{moy} .
- Mettre en correspondance les points qui sont « similaires » sur les différentes lignes.
- Moyenner les positions de ces points, ce qui permet de construire la ligne moyenne.

Quatre difficultés surgissent alors :

- la *qualité de la mise en correspondance*. Si cette dernière fournit de mauvais résultats, les points seront mal appariés et leur moyenne sera aberrante.

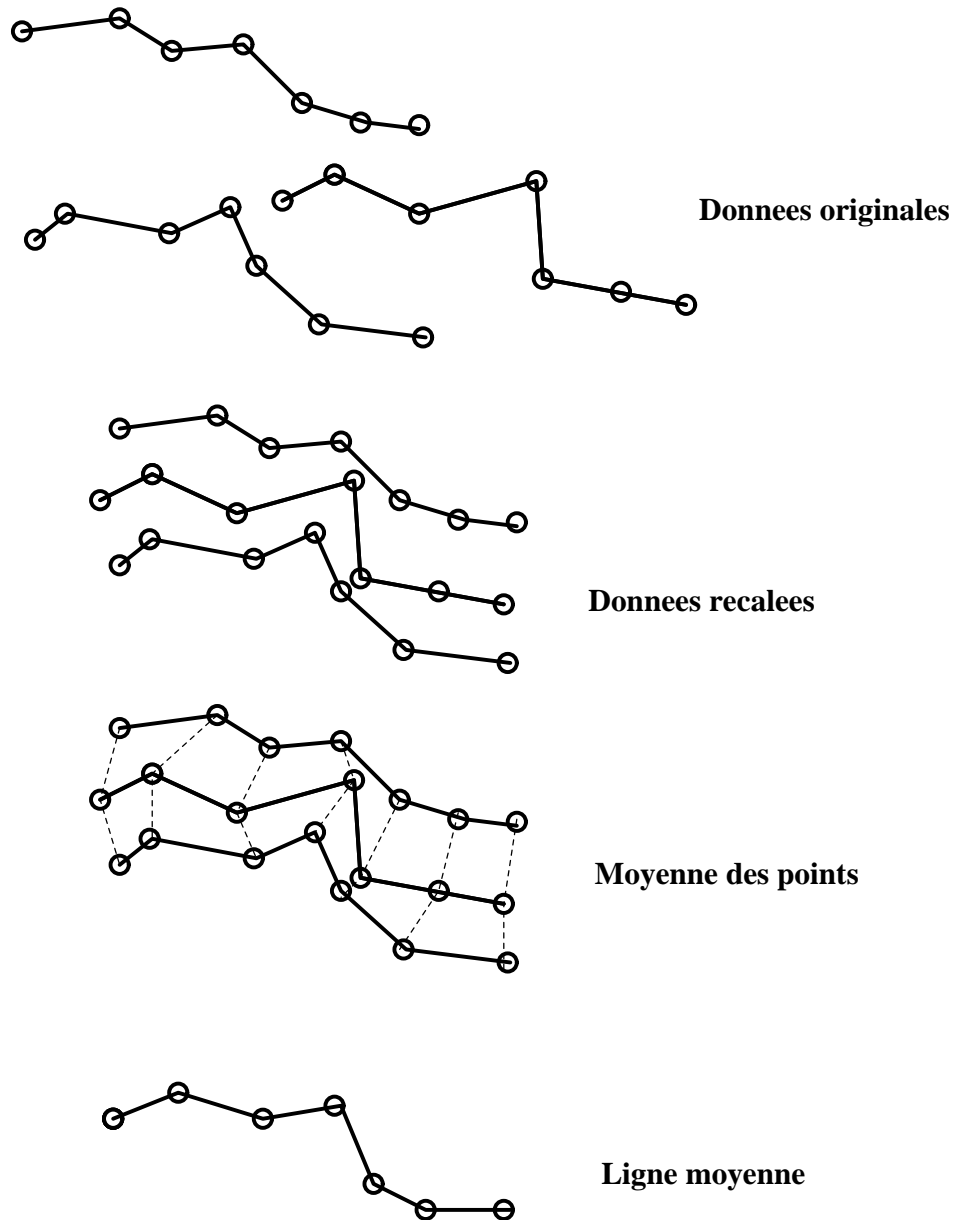


FIG. 6.1 – Nous recalons d'abord les lignes des données dans un repère de référence puis nous cherchons les points similaires que nous moyennons pour construire la ligne moyenne.

- la *qualité de l'échantillonnage des points sur les lignes*. L'échantillonnage doit être fin pour obtenir de bons appariements de points et régulier pour que la moyenne soit cohérente et significative le long de la ligne.
- la *sensibilité au bruit*. Il suffit qu'une ligne à moyenner soit bruitée pour que la moyenne soit tourmentée.
- le *choix du repère de référence*. Nous avons vu que les lignes doivent être recalées dans un même repère. Le choix de celui-ci va modifier les coordonnées des lignes et par là-même, la ligne moyenne. Il faut donc s'assurer que le résultat ne dépende pas du choix du repère.

6.1.2 Une proposition de moyenne de lignes tridimensionnelles

La moyenne de lignes tridimensionnelles est un problème qui a été très peu étudié. La seule référence que nous connaissons est [Dea93]. D'abord, les extrémités des lignes sont recalées par une transformation rigide et homothétique. Puis, certains points caractéristiques de ces lignes sont mis en correspondance et induisent de nouvelles rotations. Trois méthodes de moyenne sont alors présentées :

- utilisation de l'abscisse curviligne. La première idée est d'effectuer une moyenne entre les points qui ont la même abscisse curviligne. Comme nous pouvons le constater dans la figure 6.2, cela ne permet pas d'assurer la conservation des formes des lignes : les deux bosses sont complètement érodées, la partie centrale qui devrait être complètement plate est peu marquée.
- utilisation de plans perpendiculaires. L'idée est alors d'utiliser les points d'intersection entre les lignes et un plan déterminé par une direction privilégiée. Par exemple, si dans le cas précédent, nous coupons verticalement les lignes, nous obtenons des appariements de points qui reflètent mieux la forme des lignes. De ce fait, la moyenne est plus cohérente dans la figure 6.3.

Cette méthode nécessite néanmoins le choix d'une direction d'intersection qui sera liée à la direction générale des lignes.

- combinaison des deux méthodes. Cette nouvelle moyenne mélange les deux méthodes précédentes. Elle a permis de construire la moyenne géométrique

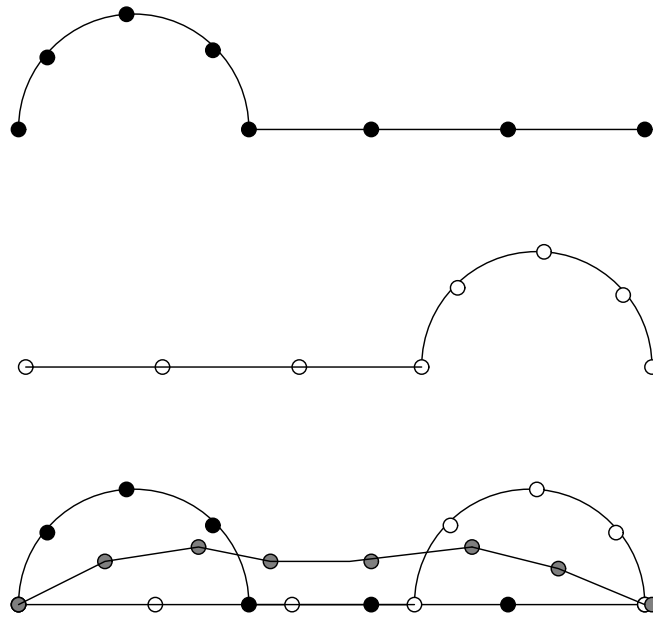


FIG. 6.2 – *Moyenner les points situés à la même abscisse curviligne ne permet pas de conserver la forme des lignes.*

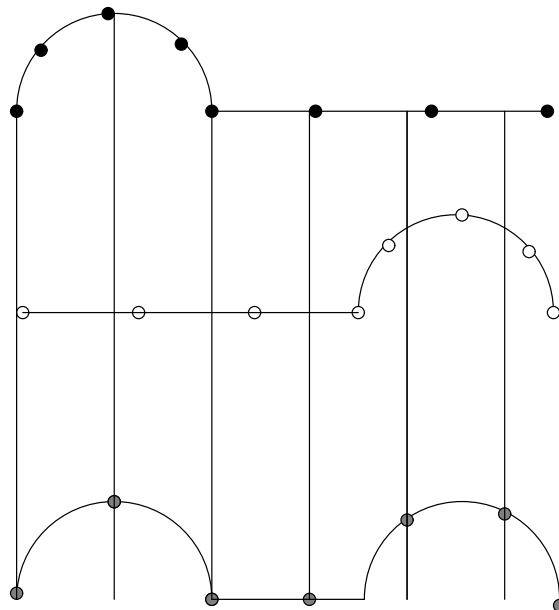


FIG. 6.3 – *En intersectant les lignes par une direction privilégiée, nous obtenons une courbe moyenne qui conserve mieux la forme des lignes.*

des « ridge lines » dans [CBH⁺93]. Dans un premier temps, les lignes sont moyennées suivant leurs abscisses curvilignes. Des points sont échantillonnés régulièrement suivant cette première ligne « moyenne ». En ces points sont construits les plans normaux qui intersectent toutes les lignes. Les moyenne des points d'intersection représentent de nouveaux points moyens qui formeront la véritable ligne moyenne.

Cependant, pour que nous puissions utiliser ce dernier algorithme, il faudrait que nous ayons des lignes d'un seul morceau et de longueurs proches pour que les abscisses curvilignes se correspondent d'une ligne à l'autre, ce qui n'est pas le cas des lignes de crête, trop diversifiées dans leur topologie et leur géométrie.

6.1.3 D'autres travaux sur la moyenne de forme

Elargissons maintenant notre étude bibliographique à la moyenne de caractéristiques ponctuelles.

Nous étudierons d'abord les travaux décrits dans [CHTH93] et [CTCG95]:

- Tout d'abord, les contours des objets sont échantillonnés manuellement. Le nombre de points sur les contours est donc toujours le même. De plus, sur tous les contours, ils doivent être dans des positions similaires, ce qui élimine le problème de la mise en correspondance des points.
- Ensuite, les différents contours sont automatiquement alignés dans le même repère de référence qui est celui du premier objet. Les transformations appliquées peuvent être les translations, les rotations et le changement d'échelle (c'est-à-dire une homothétie).
- Chaque point est ensuite moyenné :

$$\bar{x} = \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n x_i$$

- Le contour moyenné est alors pris comme repère de référence et nous itérons les 3 dernières étapes jusqu'à ce que le contour moyenné se stabilise. Ces itérations permettent de réduire l'influence du choix du repère de référence.

Ces travaux sont généralisés en 3 dimensions dans [HTT93]. La surface des objets volumiques est échantillonnée avec le même nombre de points dans des

positions similaires. Cela ne peut être effectué que pour des surfaces simples aussi les structures compliquées sont-elles divisées en sous-parties plus simples. Des modèles moyens tridimensionnels des ventricules cérébraux latéraux et du noyau caudé fondés sur 30 images IRM du cerveau sont ainsi créés.

La principale critique que nous pouvons formuler est liée à la détermination manuelle des points. En effet, elle limite considérablement la généralité de la méthode tant :

- dans la précision de l'échantillonnage. Le nombre de points est limité et leur localisation dans l'image tridimensionnelle peut être délicate. Cela limite aussi la complexité de la structure à étudier.
- dans le nombre d'objets de données qui ne peut raisonnablement excéder quelques dizaines au risque d'épuiser l'opérateur manuel.

Aussi [HT94] propose de déterminer automatiquement les points de repère sur les contours. Pour cela, l'algorithme procède en deux étapes :

- Tous les contours sont appariés deux à deux par des algorithmes de programmation dynamique qui se fondent sur la courbure. Nous ne savons pas d'ailleurs si les contours présentés ont été segmentés manuellement ou automatiquement ce qui peut grandement influencer sur la qualité du calcul de la courbure. A partir de ces appariements, un modèle moyen est créé en effectuant des moyennes récursives sur deux objets à chaque fois.
- Ce modèle moyen initial est alors amélioré itérativement. L'idée est de légèrement déplacer les points des contours des données pour maximiser la signification statistique des principaux modes de déformation par rapport au modèle moyen tout en restant le plus près possible du contour initial.

Néanmoins, ces travaux restent en deux dimensions et l'étape d'amélioration qui déplace les points hors des contours peut paraître assez artificielle. De surcroît, les auteurs donnent très peu de précisions sur le nombre (est-il très important?) et la position (les points sont-ils disposés aux endroits géométriquement intéressants?) des points ainsi détectés.

Dans [SKBG95], nous trouvons une autre méthode pour moyenner des surfaces tridimensionnelles :

- Supposons que la surface soit décrite par une paramétrisation continue à deux variables :

$$\vec{r}(\theta, \varphi) = (x(\theta, \varphi), y(\theta, \varphi), z(\theta, \varphi))$$

avec θ et φ dans l'intervalle $[0, 2\pi]$.

En particulier, [BGK92] décrit une méthode pour trouver cette paramétrisation directement d'après les voxels de l'image segmentée.

- La décomposition en séries de fonctions harmoniques sphériques Y_l^m (qui forment une base orthogonale) :

$$\vec{r}(\theta, \varphi) = \sum_{l=0}^{\infty} \sum_{m=-l}^l c_l^m Y_l^m(\theta, \varphi)$$

permet d'avoir une représentation plus ou moins globale de la surface en tronquant la série par $0 \leq l < n_l$. Ainsi, la description de la surface avec $n_l = 2$ est un ellipsoïde et au fur et à mesure que nous augmentons n_l , les détails apparaissent. De surcroît, les axes principaux de l'ellipsoïde permettent d'aligner la surface et de la normaliser dans un repère et une échelle de référence.

- La surface peut donc être correctement décrite avec un nombre limité de paramètres (les c_l^m pour $0 \leq l < n_l$), 8 par exemple dans le cas de structures cérébrales comme le putamen ou le noyau caudé.
- Les moyennes des paramètres de différentes surfaces détermineront la surface moyenne.

Le principal avantage de cet algorithme réside dans la limitation et la hiérarchisation du nombre de paramètres définissant la forme. Néanmoins, il semble que la paramétrisation de la surface s'avère difficile quand la surface est complexe.

Pour notre part, nous avons choisi une méthode qui se fonde aussi sur une décomposition en une série de déformations fondamentales mais qui est discrète et limitée. De plus, elle est directement calculable d'après les coordonnées des points sur les lignes.

6.2 Présentation de l'algorithme

Tout au long de la description de l'algorithme, nous prendrons comme exemple les deux ensembles simplifiés de ligne présentés dans la figure 6.4 et nous allons calculer la ligne sous-mandibulaire moyenne.

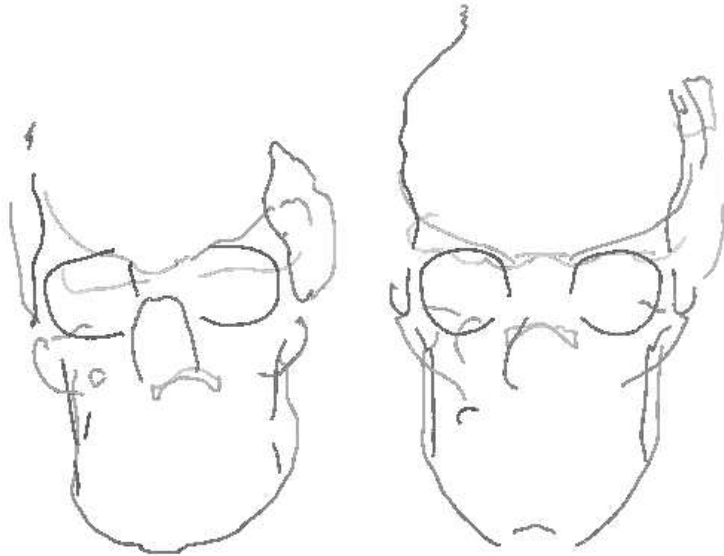


FIG. 6.4 – Les deux ensembles simplifiés de lignes à partir desquels nous allons calculer la ligne sous-mandibulaire moyenne.

6.2.1 La signification anatomique de la moyenne

Rappelons que d'après [DL89], dans l'étude des déformations ontogénétiques et évolutives des organismes, nous ne devons pas prendre en compte les différences de position, d'orientation et de taille qui ne sont pas considérées comme de réelles différences morphologiques.

Nous allons donc annuler les transformations rigides et homothétiques entre l'ensemble de référence et les autres ensembles de données. Pour cela, nous utilisons les transformations déjà calculées lors de l'étape 2. Ainsi, dans la figure

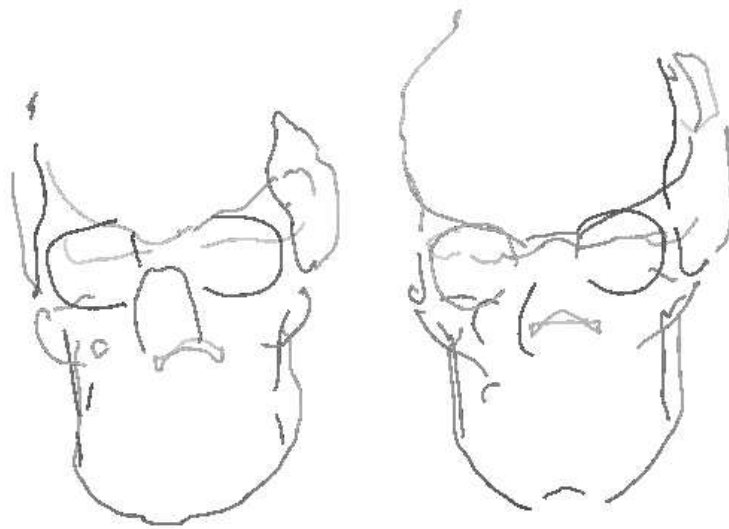


FIG. 6.5 – Les deux ensembles sont ramenés dans un repère commun qui est celui de l'ensemble de gauche. Les différences morphologiques ont maintenant une pertinence anatomique.

6.5, le second ensemble a été recalé dans le repère du premier et les différences morphologiques ont maintenant une pertinence anatomique.

6.2.2 Extraction des lignes à moyenner

La moyenne va être effectuée indépendamment pour chaque ligne commune \mathcal{L} de l'ensemble de référence. Une ligne appartient à un sous-ensemble de lignes communes \mathcal{COM} . Nous pouvons alors extraire dans les autres ensembles de données les lignes qui appartiennent à \mathcal{COM} (voir figure 6.6).



FIG. 6.6 – La ligne à moyenner est choisie sur l'ensemble de référence (en gris). Les lignes des autres ensembles de données appartenant au même sous-ensemble commun (étiqueté $RMB+LMB$) sont alors extraites (en noir).

6.2.3 Rééchantillonnage régulier des points des lignes

Nous avons une ligne \mathcal{L} déterminée par n points $(x_0 \dots x_{n-1})$. Cependant, ceux-ci ne sont pas toujours répartis régulièrement. Par exemple, les points des lignes de crête sont toujours extraits sur les faces des voxels et les segments qu'ils forment sont de taille très variable.

Or, comme nous le verrons dans le paragraphe suivant « Présentation de l'analyse modale », pour obtenir une représentation régulière de la déformation tout le long de la ligne, nous avons besoin d'un échantillonnage de points correctement répartis sur la ligne, c'est-à-dire :

Nous voulons répartir n points $(x'_0 \dots x'_i \dots x'_{n-1})$ le long d'une nouvelle ligne \mathcal{L}' de telle manière que :

- $x'_0 = x_0$.
- $x'_n = x_n$.
- $\forall i, x'_i$ appartient à la ligne \mathcal{L} , c'est-à-dire à un de ses segments $[x_j, x_{j+1}[$.
- $\forall i \in [1, n], (i - 1) \frac{l'}{n} \leq \text{abs}_{\mathcal{L}'}(x'_i) < i \frac{l'}{n}$
où $\text{abs}_{\mathcal{L}'}(x'_i)$ est l'abscisse curviligne sur \mathcal{L}'
et $l' = \sum_{i=1}^n \|x'_i - x'_{i-1}\|$, la longueur totale de la ligne \mathcal{L}' .

[GA92a] [GA92b] propose d'approximer la ligne tridimensionnelle par une courbe fondée sur des fonctions B-splines. Le calcul de l'abscisse curviligne permet alors d'échantillonner régulièrement cette courbe. Cependant, la précision de l'approximation dépend de paramètres (en particulier, ceux liés à la contrainte de régularisation) qu'il n'est pas toujours facile de régler. Aussi, avons nous préféré développer une méthode plus simple.

Comme il est très compliqué de positionner les x'_i en fonction de la longueur l' qui dépend elle-même des x'_i , nous proposons d'approximer $\text{abs}_{\mathcal{L}'}(x'_i)$ par $\text{abs}_{\mathcal{L}}(x_i)$ et l par l' . Nous obtenons ainsi l'algorithme suivant :

- (1) $x'_0 = x_0, \text{longmax} \leftarrow 0, i \leftarrow 1$
- (2) $\text{longmax} \leftarrow \text{longmax} + \frac{l}{n}$
- (3) Si $\text{abs}_{\mathcal{L}}(x_i) \geq \text{longmax}$ alors créer un nouveau point x'_i positionné sur \mathcal{L} à l'abscisse longmax . x'_i se trouve donc sur le segment $[x_j, x_{j+1}[$ tel que $\text{abs}_{\mathcal{L}}(x_j) \leq \text{longmax} < \text{abs}_{\mathcal{L}}(x_{j+1})$.
 $i \leftarrow i + 1$
Revenir à l'étape (2).
- (4) $x'_n = x_n$

\mathcal{L}' est donc une approximation régulière de \mathcal{L} . Il resterait à estimer l'erreur maximale entre les points de \mathcal{L} et \mathcal{L}' et vérifier que, malgré la fixation arbitraire de

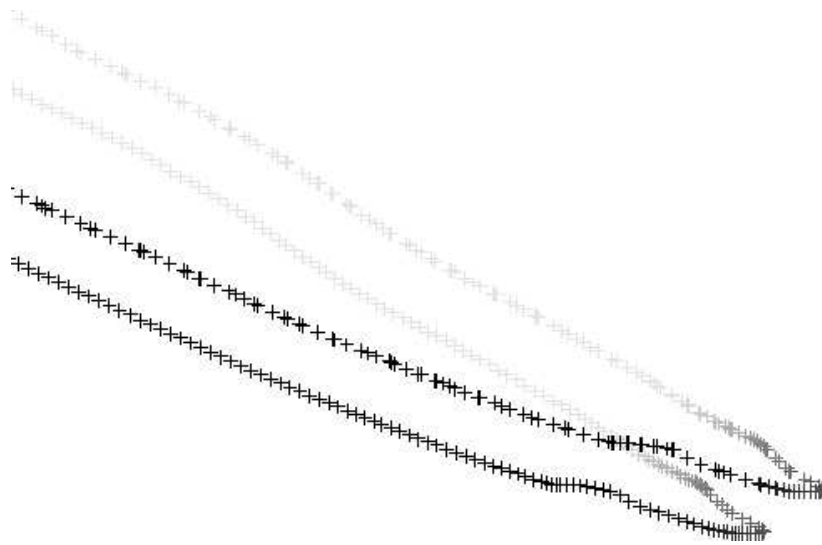


FIG. 6.7 – Afin d’obtenir des déformations significatives de la ligne de référence, nous la rééchantillons régulièrement. La figure montre un agrandissement du bout de la ligne sous-mandibulaire originale et de la ligne rééchantillonnée régulièrement qui est légèrement décalée vers le bas.

x'_n , le segment $[x'_{n-1}, x'_n]$ est cohérent avec le reste de \mathcal{L}' . En fait, la construction de \mathcal{L}' s’apparente au problème classique de l’approximation polygonale d’un contour.

Dans la figure 6.7, nous voyons que des points de la ligne sous-mandibulaire qui étaient quelquefois agglomérés sont après le rééchantillonnage régulièrement espacés.

6.2.4 Obtention des appariements

Pour trouver les appariements entre les points des lignes, nous utilisons de nouveau l’algorithme de mise en correspondance de l’étape 2. Le programme fournit des appariements cohérents entre les points de la ligne de référence et les points les plus proches sur les autres lignes. Nous ne conservons à la fin que le résultat sur les appariements de points. En fait, nous n’effectuons qu’une itération. En effet, comme nous appariions des points de lignes déjà mises en correspondance à l’étape 3, les résultats sont excellents dès le début.

A noter que du fait de l’utilisation d’heuristiques de cohérence le long des lignes, certains points de la ligne de référence ne sont pas appariés (voir figure 6.8). Or la déformation doit être définie pour tous les points de la ligne de référence.

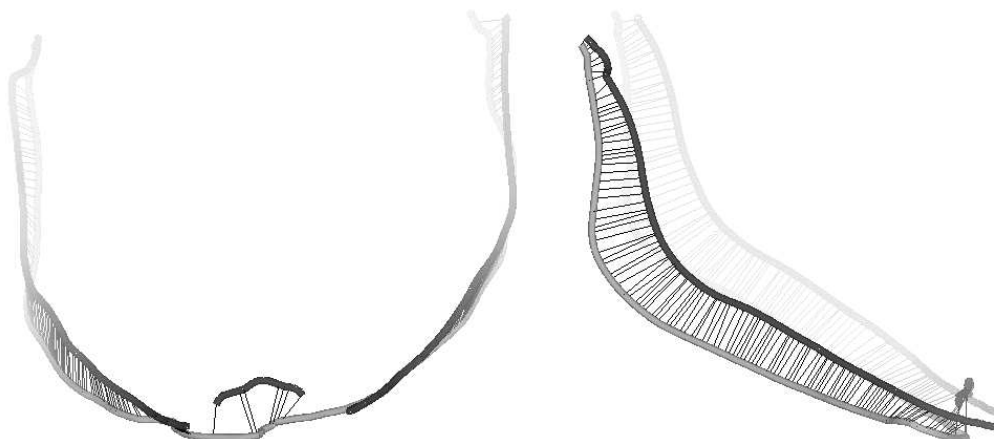


FIG. 6.8 – L’algorithme de mise en correspondance fournit des appariements précis entre les points de la ligne de référence et les lignes de données. Cependant, certains points (par exemple, la plupart de ceux situés au milieu de la ligne de référence dans la vue de face) ne sont pas appariés.

6.2.5 Obtention de la déformation entre les lignes

Pour trouver les appariements d’un point de la ligne de référence qui n’a pas été apparié à l’étape précédente, nous interpolons linéairement le vecteur déplacement en fonction des vecteurs déplacements des points voisins appariés (voir figure 6.9).

6.2.6 Présentation de l’analyse modale

Nous allons étudier maintenant les déformations entre la ligne de référence et des données à l’aide de l’*analyse modale*. Il s’agit d’une méthode de décomposition en déplacements élémentaires introduite dans [PS91] et développée dans [NA93b] et [NA93a].

Les formules

L’analyse modale consiste à se placer dans la base de vibrations propres du système physique.

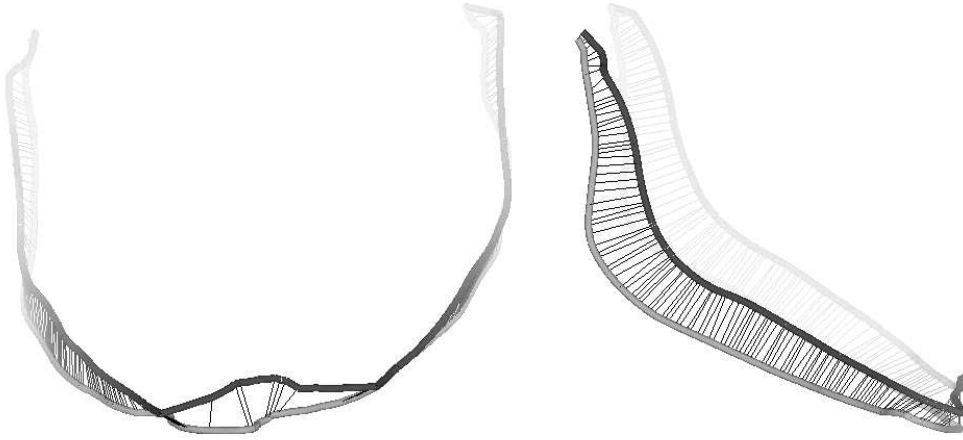


FIG. 6.9 – Nous interpolons un vecteur déplacement aux point non appariés. Pour visualiser les déformations en tout point, nous pouvons déformer la ligne de référence vers les lignes de données et comparer le résultat avec la figure précédente.

Soient $L_A = (M_A^0, M_A^1 \dots M_A^{n-1})$, $L_B = (M_B^0, M_B^1 \dots M_B^{n-1})$ deux lignes tri-dimensionnelles composées du même nombre de points, n et appariées. Nous pouvons définir la déformation entre les deux lignes (pour la coordonnée x) :

$$D_x^{A,B}[i] = (x_{M_B^i} - x_{M_A^i})$$

Les formules de l'analyse modale décomposent cette déformation dans la base modale [Nas94b] [Nas94a] :

$$d_x^{A,B}[p] = \sum_{i=0}^{n-1} D_x^{A,B}[i] \cdot \phi_p[i]$$

où :

$$\phi_p[i] = \frac{\cos(p\pi(2i+1)/2n)}{\sqrt{\sum_{j=0}^{n-1} \cos^2(p\pi(2j+1)/2n)}}$$

Réciproquement, nous avons :

$$D_x^{A,B}[i] = \sum_{p=0}^{n-1} d_x^{A,B}[p] \cdot \phi_p[i]$$

Les n paramètres $d_x^{A,B}[p]$ sont les *amplitudes* correspondant aux déformations fondamentales $\phi_p[i]$, appelées *modes*. L'ensemble des amplitudes est appelé le *spectre* de la déformation.

Le premier mode représente la translation de l'objet. En effet :

$$\forall i, \phi_0[i] = \frac{1}{\sqrt{n}}$$

$$d_x^{A,B}[0] = \frac{1}{\sqrt{n}} \sum_{i=0}^{n-1} D_x^{A,B}[i]$$

$$d_x^{A,B}[0] = \sqrt{n} \bar{D}_x^{A,B}$$

où $\bar{D}_x^{A,B}$ représente la déformation moyenne suivant l'axe x , c'est-à-dire la composante en x du vecteur translation entre les isobarycentres de A et de B .

Les autres modes correspondent à des déformations de plus en plus complexes mais qui laissent l'isobarycentre immobile. A noter que la rotation est décomposée et linéarisée sur plusieurs modes.

Dans la figure 6.10, nous avons représenté, à amplitude égale, les déformations créées par le deuxième, troisième et quatrième mode d'un segment formé de 100 points.

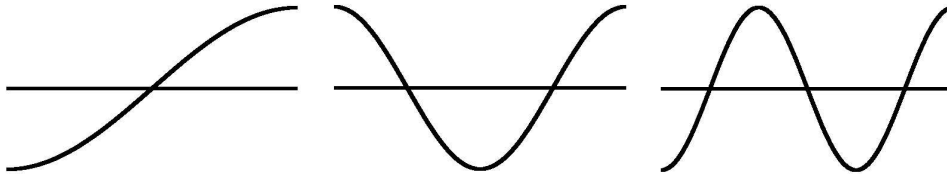


FIG. 6.10 – Déformations, à amplitude égale, créées par le deuxième (à gauche), le troisième (au milieu) et le quatrième (à droite) mode d'un segment formé de 100 points. Plus le numéro du mode est grand, plus la déformation est complexe tout en laissant l'isobarycentre fixe.

Nous nous apercevons ainsi que plus le numéro du mode est important, plus la déformation correspond à une oscillation de haute fréquence.

Approximation modale

Ce qui est particulièrement intéressant avec l'analyse modale, c'est que, de la même manière qu'avec l'analyse de Fourier, nous pouvons approximer une déformation en prenant seulement en compte les premiers modes. Tronquer le développement modal, c'est-à-dire son spectre, revient à filtrer globalement la déformation en éliminant les modes de hautes fréquences. Or, généralement, seules les déformations de basse fréquence sont significatives; celles de fréquences les plus hautes correspondant à des variations très brutales.

Nous utiliserons cette propriété pour lisser les lignes tridimensionnelles et par là-même, réduire les artefacts dus au bruit.

Cette méthode a l'avantage d'être globale, au sens que quand nous supprimons un mode, nous éliminons une partie de la déformation sur l'ensemble des points de la ligne. Nous aurions aussi pu utiliser soit un lissage local, c'est-à-dire, une modification de la déformation en un point en fonction de celles de ses voisins mais nous n'aurions alors pas été sûr d'obtenir un résultat cohérent pour toute la ligne, soit des algorithmes de régularisation globale de la forme de la ligne [Del94].

La difficulté est d'estimer le seuil de troncature. En fait, il faudrait relier ce seuil à la déformation fondamentale que nous souhaiterions détecter. Deux problèmes se posent alors :

- Comment modéliser la déformation fondamentale? Nous pourrions choisir une discontinuité en un point ou mieux, un signal rectangle le long d'une portion de quelques points (voir figure 6.11). Comme le nombre de points est directement relié à la longueur puisque le rééchantillonnage est régulier, nous pouvons introduire des notions d'échelle physiques du genre « déformation sur 2 mm de longueur ». Comme les amplitudes dépendent des numéros des points déplacés, il faut aussi déterminer la position de la déformation fondamentale, au milieu de la ligne par exemple.
- Suivant quel critère allons-nous choisir les modes les plus significatifs? Nous pouvons choisir ces modes en fonction :
 - de l'amplitude des modes. Cela nécessite donc de classer les modes en fonction de leurs amplitudes.

- des écarts de déformation. Nous pouvons comparer la déformation créée par chaque mode avec la déformation fondamentale et garder les modes qui s'en rapprochent le plus.
- de l'énergie de déformation qui s'écrit [NA93b] $E_i = \frac{1}{2} d_x^{A,B}[i]^2 \sin^2 i(\pi/2N)$. Cependant, choisir les modes de plus haute énergie de déformation, c'est privilégier les modes à haute fréquence (à cause du terme $\sin^2 i(\pi/2N)$) que nous voulons justement laisser de côté.

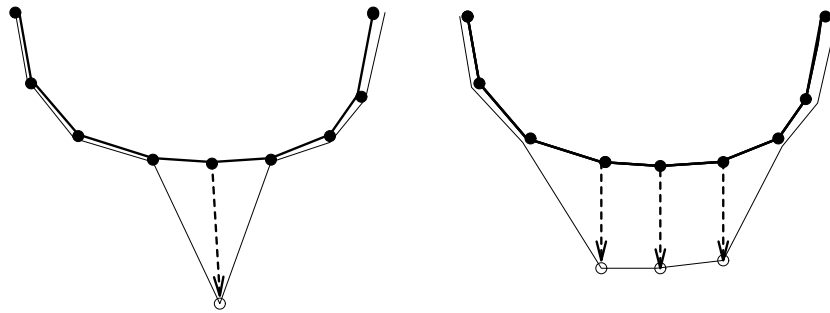


FIG. 6.11 – *Que pouvons-nous considérer comme déformation fondamentale : une discontinuité en un seul point ou un signal rectangulaire le long d'une portion ?*

La recherche de la précision de l'approximation modale s'apparente à la théorie de l'échantillonnage et au théorème de Shannon en traitement du signal.

Dans la suite, nous prenons 10 % des premiers modes du spectre, avec un minimum de 5 modes. Il s'agit d'une valeur faible mais qui donne de bons résultats en pratique. En effet, nous remarquerons que les déformations sur lesquelles nous travaillons ont un spectre modal dont les amplitudes décroissent très vite. Après le premier décile, les amplitudes sont insignifiantes (voir figure 6.14).

Retour sur le rééchantillonnage régulier

Revenons sur le problème du rééchantillonnage régulier des lignes.

Supposons que la ligne A qui sert de référence soit échantillonnée irrégulièrement comme dans la figure 6.12. Les appariements sont visualisés par des segments et semblent corrects. Cependant, les 6 premiers et 6 derniers points ont des déplacements faibles alors que le point du milieu a un fort déplacement. De ce fait, quand nous construisons le graphe $D_x^{A,B}[i]$ en fonction de i , nous obtenons

une forte discontinuité au milieu. Celle-ci va engendrer, dans la base modale, des amplitudes très importantes pour des modes de haute fréquence. Quand nous allons tronquer le spectre modal pour justement éliminer ces déformations de haute fréquence, nous allons perdre la principale déformation de A .

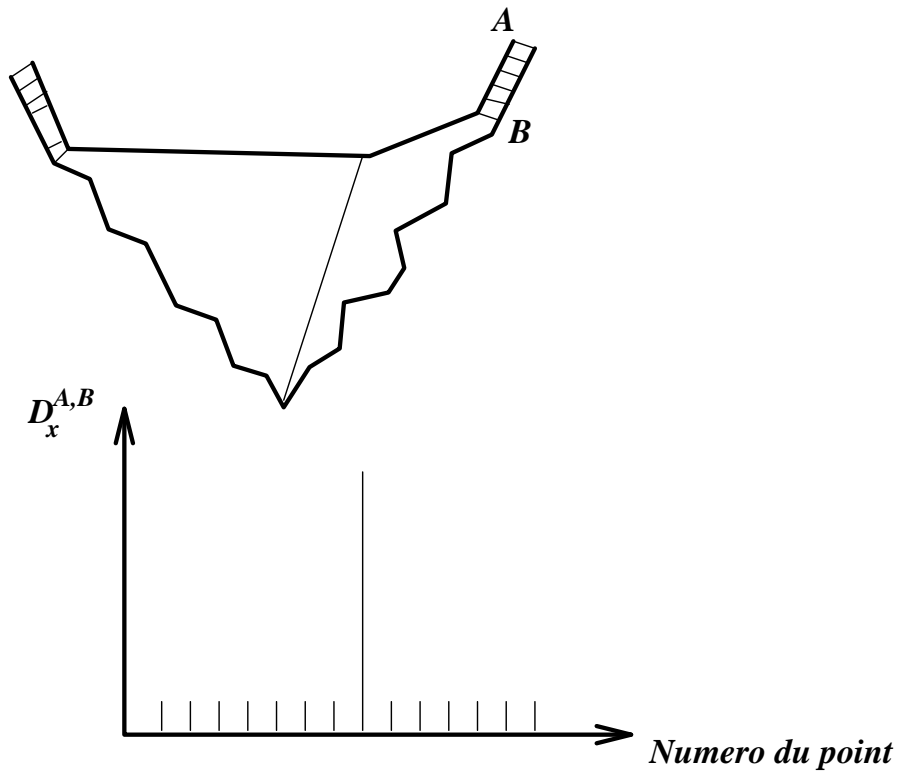


FIG. 6.12 – A cause de l'échantillonnage irrégulier des points sur A , la déformation de A vers B est modélisée par des modes de haute fréquence qui seront annulés lors de la troncature du spectre. La moyenne des lignes A et B ne tiendra pas compte de cette déformation.

Par contre, si la ligne A est échantillonnée régulièrement comme dans la figure 6.13, le spectre $D_x^{A,B}[i]$ prend en compte la déformation sur plusieurs points, le mode correspondant sera de basse fréquence et sera gardée lors de la troncature du spectre.

6.2.7 Lissage des déformations

Nous décomposons les déformations de la ligne de référence par l'analyse modale et nous obtenons donc leurs spectres (voir figure 6.14).

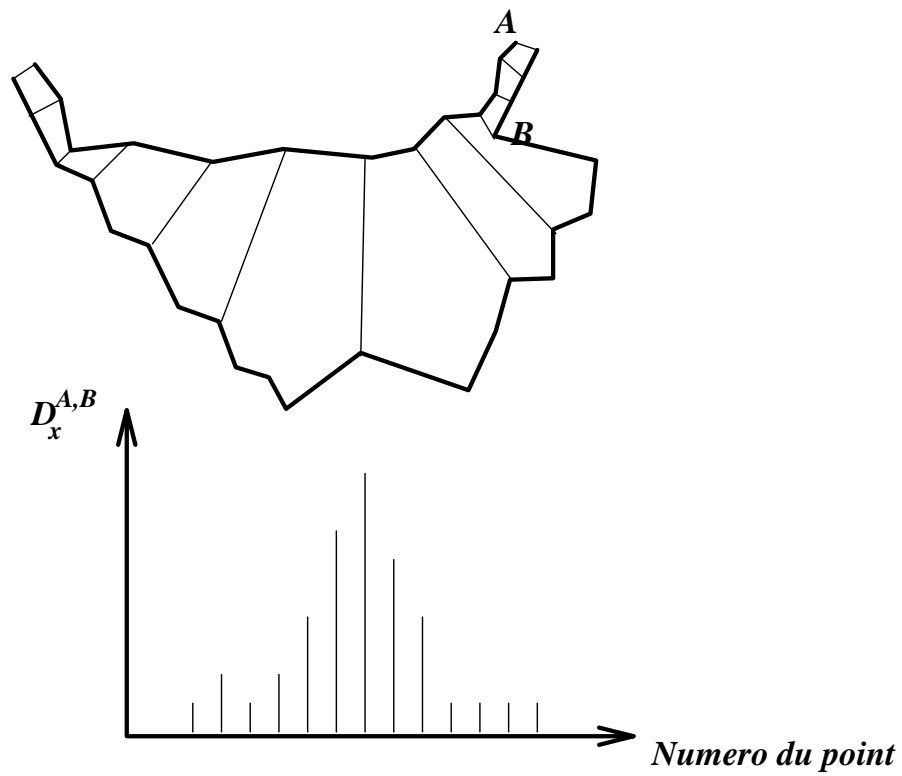


FIG. 6.13 – Avec l'échantillonnage régulier des points de A, la déformation de A vers B sera modélisée par des modes de basse fréquence qui seront conservés lors de la troncature du spectre. La moyenne des lignes A et B sera donc correcte.

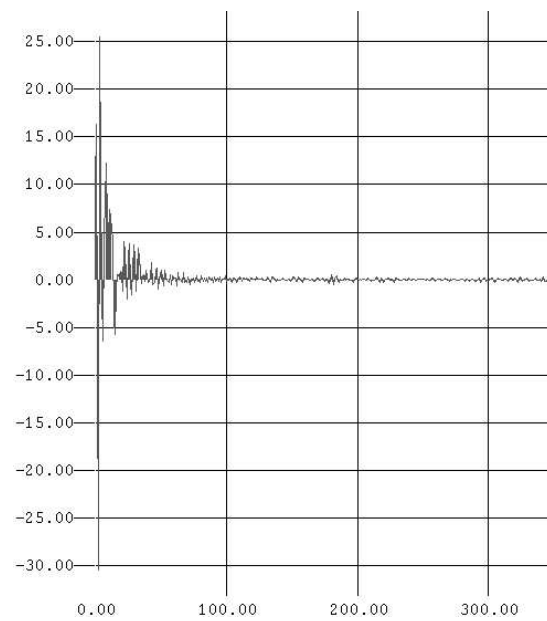


FIG. 6.14 – Les différences de positions entre la ligne de référence et les données sont transformées en amplitudes de certaines transformations de base grâce à l'analyse modale. Remarquons que les amplitudes (en ordonnée) diminuent en fonction du numéro du mode (en abscisse). En fait, les modes de plus basse fréquence correspondent aux déformations les plus lisses et les plus globales.

Nous allons lisser les déformations en tronquant les spectres. Nous ne gardons que les premiers 10 % des modes (voir figure 6.15). Par ce moyen, d'une part, nous éliminons les petites irrégularités dues au bruit et, d'autre part, nous compactons aussi considérablement les paramètres définissant les déformations.



FIG. 6.15 – *En ne prenant en compte que les premiers modes du spectre (par exemple, seulement les premiers 10 %), nous ne gardons que les déformations de base les plus importantes et en principe les plus significatives. Nous éliminons par là-même les défauts dus au bruit et nous compactons aussi considérablement les paramètres de la déformation.*

6.2.8 Obtention de la ligne moyenne

Comme dans [SKBG95], nous allons maintenant moyenner les paramètres des différentes déformations de la ligne de référence (voir figure 6.16). Pour cela, nous effectuons la moyenne arithmétique des amplitudes pour chaque mode. Nous n'oublions pas de prendre en compte la déformation de l'ensemble de référence vers lui-même qui est le spectre nul.

Remarquons que si nous moyennions les spectres complets (au lieu des 10 % premiers modes seulement), cela reviendrait à une moyenne arithmétique exacte de la position des points des lignes.

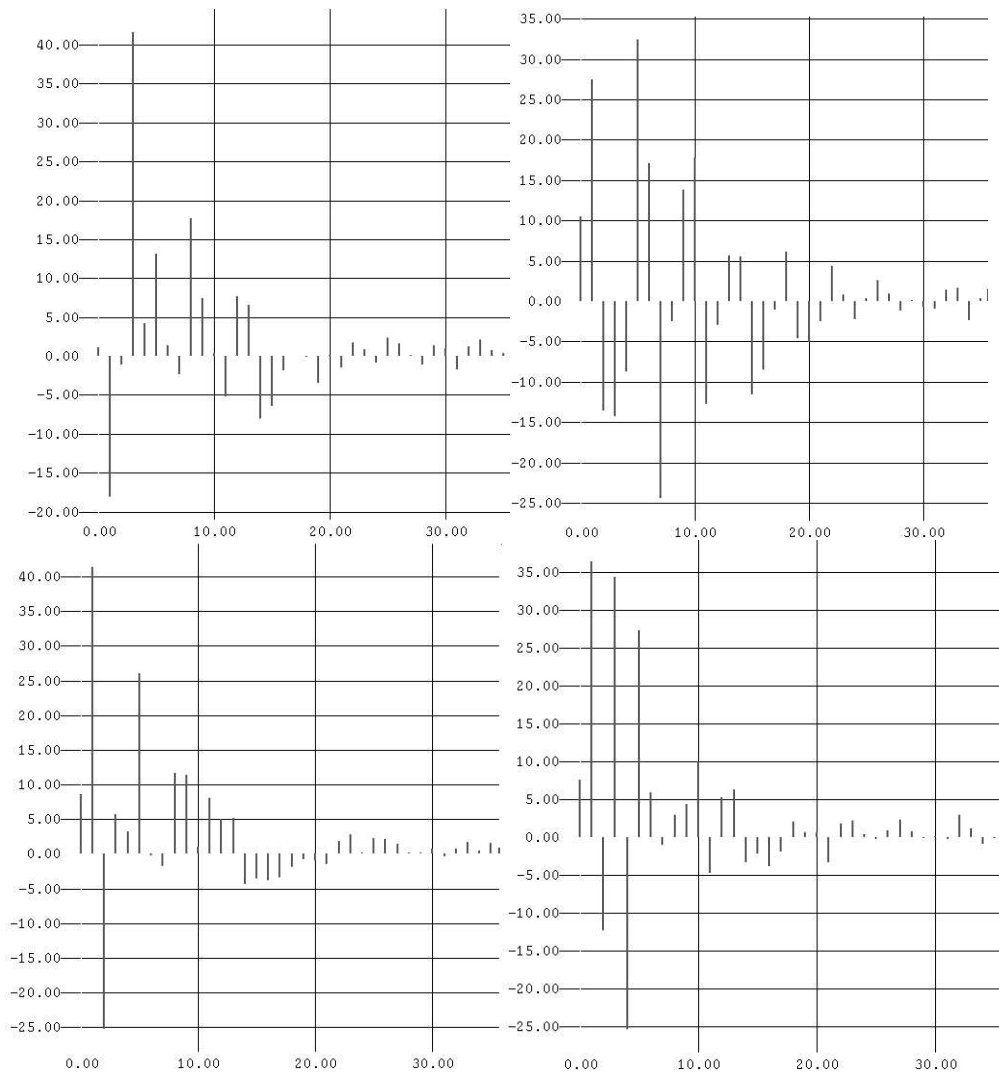


FIG. 6.16 – *En moyennant les amplitudes des différents spectres (par exemple les 4 représentés ci-dessus), nous obtenons le spectre moyen correspondant à la déformation moyenne de la ligne de référence.*

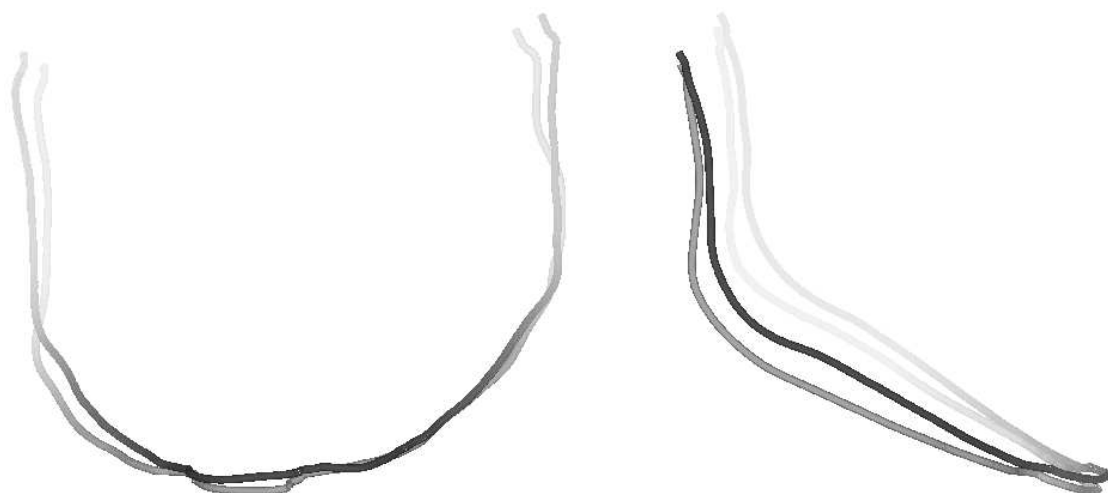


FIG. 6.17 – L’application de la déformation moyenne définie par le spectre moyen à la ligne de référence permet de trouver la ligne « moyenne » représentée en noir.

Il ne reste plus qu’à reconstituer une déformation moyenne à partir du spectre moyen et à l’appliquer à la ligne de référence. Nous avons alors trouvé la ligne « moyenne » (voir figure 6.17).

6.3 Un atlas du crâne

La moyenne des lignes extraites des 6 crânes (voir figure 6.18) va former la structure géométrique de l’atlas du crâne qui est présenté dans la figure 6.19. Nous avons pris comme ensemble de référence \mathcal{A} .

A l’aide d’une technique fondée sur les fonctions splines [DSTA95a] et qui utilise les appariements de points entre l’ensemble de référence et l’atlas, nous pouvons transformer la surface du crâne \mathcal{A} et obtenir la représentation surfacique d’un crâne « moyen » présentée à la figure 6.20.

Nous pouvons alors remarquer trois choses :

- L’atlas est symétrique, ce qui n’est pas si évident puisque le processus de moyenne est indépendant pour chaque ligne commune. Cela montre que l’algorithme est cohérent.

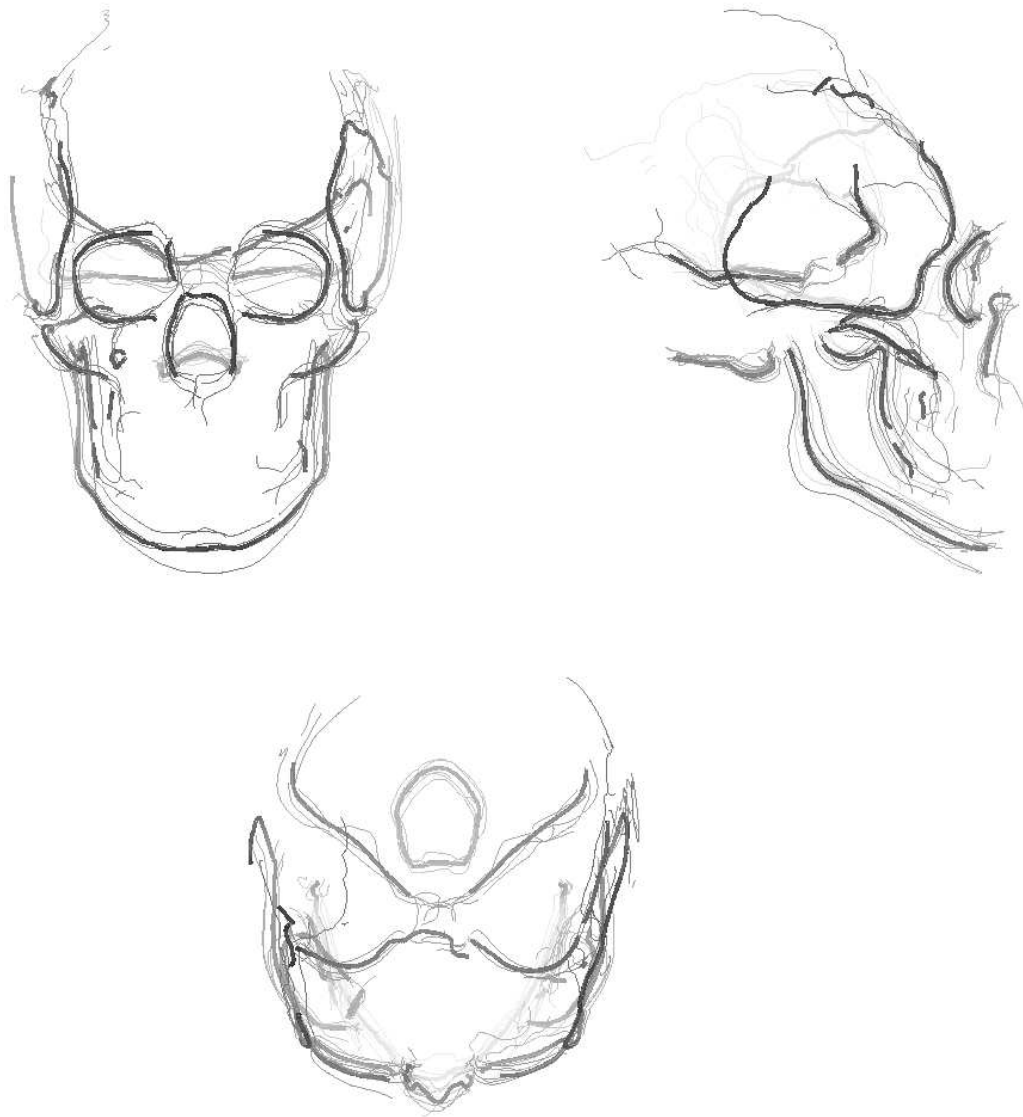


FIG. 6.18 – Les lignes des 6 crânes sont positionnées dans le même repère de référence. Les lignes moyennes sont affichées en gras.

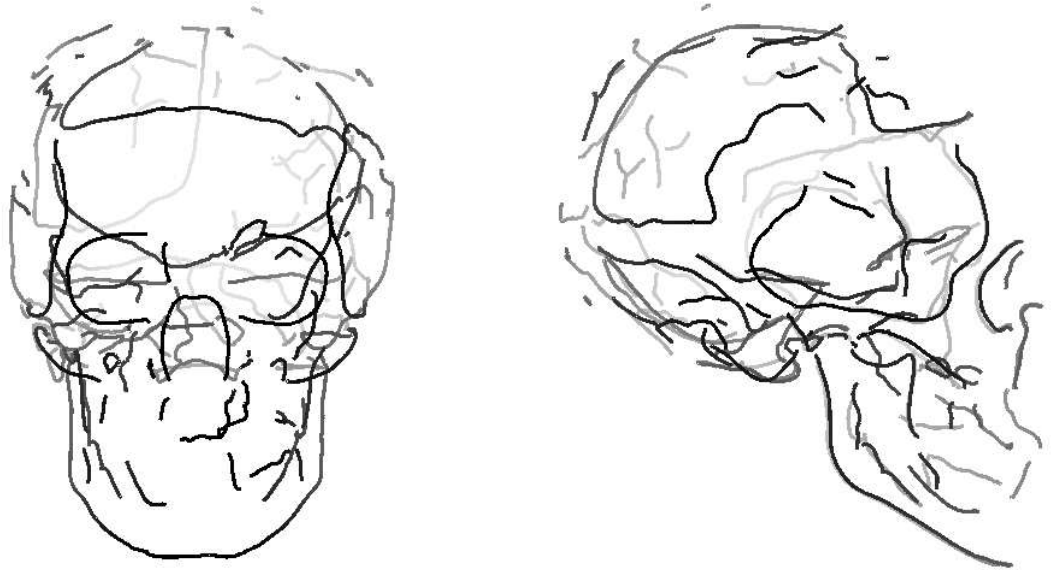


FIG. 6.19 – *Les lignes moyennes formant l’atlas. Nous remarquons combien elles sont symétriques dans la vue latérale.*

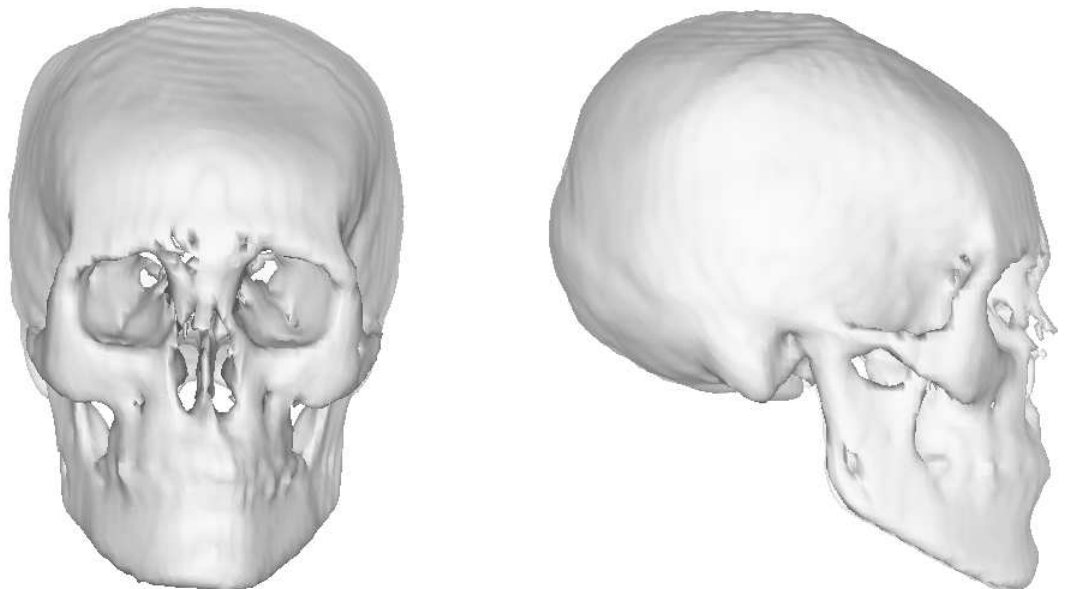


FIG. 6.20 – *La surface de l’atlas du crâne. Celui-ci est brachycéphale alors que l’ensemble de référence A est dolycocéphale.*

- L'ensemble de référence \mathcal{A} est très dolichocéphale - le crâne est plus long que large et le visage est étroit - alors que les cinq autres crânes sont plutôt brachycéphales - leur forme est plus ronde -. Or, l'atlas est brachycéphale ce qui prouve que le processus de moyenne a correctement pris en compte les caractéristiques de toutes les données.
- Notre atlas est visuellement très similaire à celui présenté dans [CBH⁺93] et qui est issu de travaux effectués par des spécialistes en morphométrie et anatomie.

6.4 Un atlas du cerveau

La moyenne des lignes extraites des 10 cerveaux (voir figure 6.21) va former la structure géométrique de l'atlas du cerveau qui est présenté dans la figure 6.22. Nous avons pris comme ensemble de référence case1.

Même si la morphologie globale du cerveau a changé entre l'ensemble de référence et l'atlas, les formes des réseaux des sillons et circonvolutions communes n'ont guère varié. De surcroît, ceux-ci sont peu nombreux sur la surface corticale. Nous voyons certainement là une limite de l'utilisation des lignes de crête pour représenter le cerveau.

Cependant, certaines lignes suivent particulièrement précisément les ventricules cérébraux latéraux. De plus, après le processus de moyenne, elles sont très symétriques tant dans leur topologie (3 lignes pour chaque ventricule) que dans leur géométrie (comme nous pouvons le voir dans la figure 6.22). Aussi, pensons-nous que les lignes de crête ventriculaires moyennes peuvent être très utiles pour des applications en neurologie et nous présenterons une telle étude dans la dernière partie.

6.5 Choix de l'ensemble de référence

Nous avons noté au début de ce chapitre le problème du choix du repère de référence. Celui-ci est directement lié au choix de l'ensemble de référence. Pour quantifier son influence, nous avons construit successivement un atlas du crâne à partir des 6 jeux de données $\mathcal{A} \dots \mathcal{F}$. Puis, nous avons recalé tous ces atlas dans un même repère (celui de \mathcal{A}) par une transformation rigide et homothétique (voir figure 6.23).

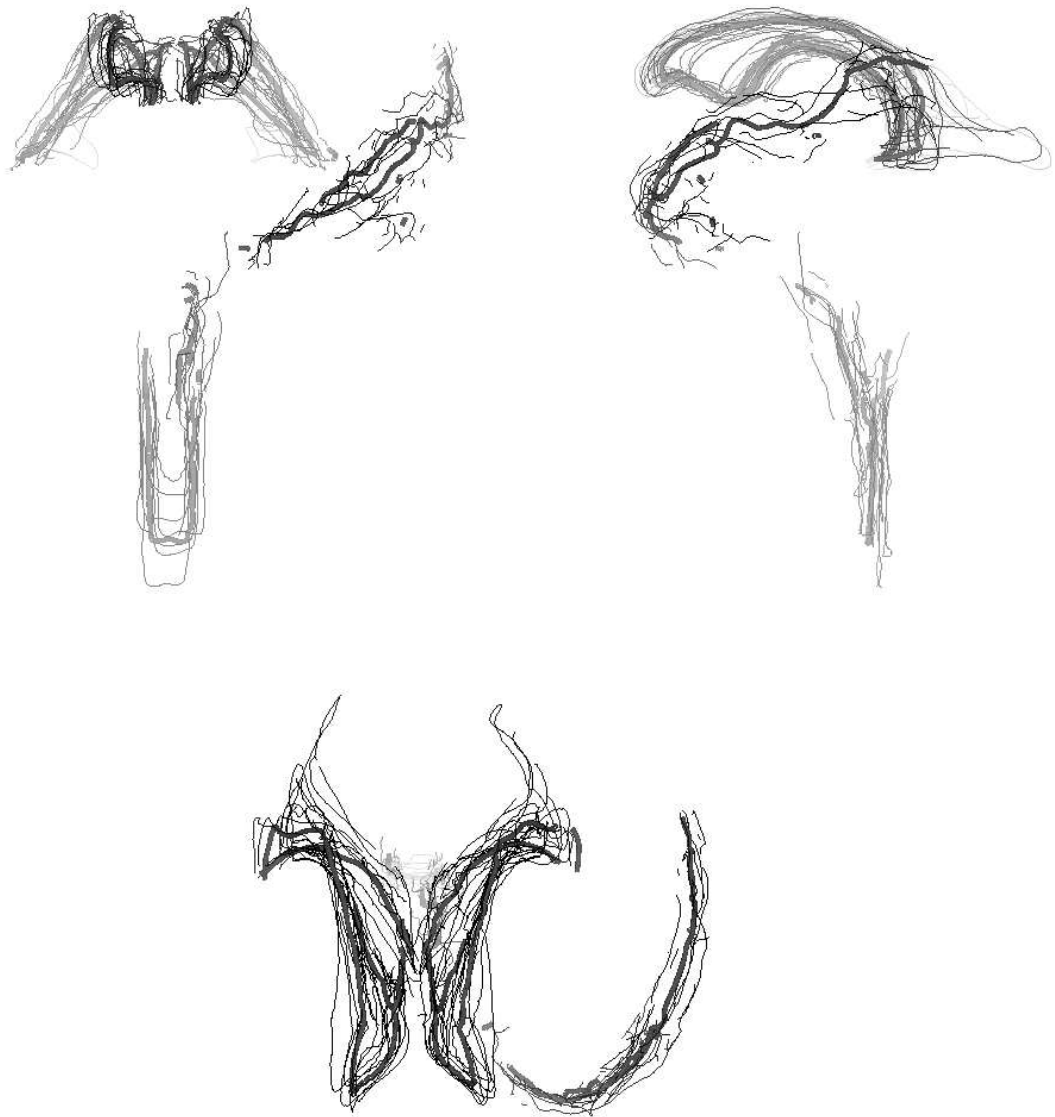


FIG. 6.21 – Les lignes des 10 cerveaux sont positionnées dans le même repère de référence. Les lignes moyennes sont affichées en gras.

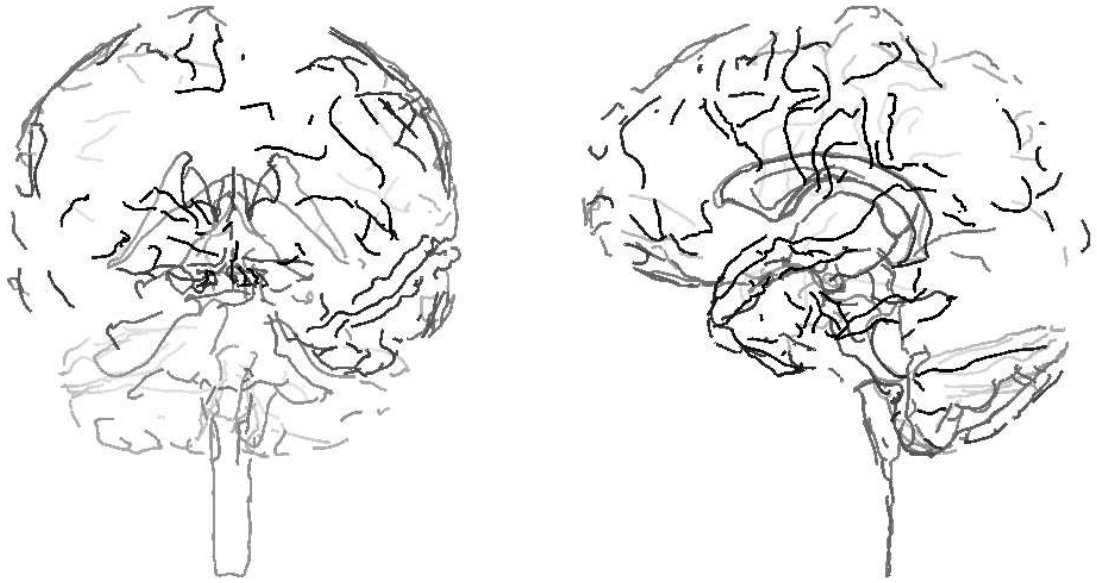


FIG. 6.22 – *Les lignes moyennes formant l'atlas. Nous remarquons la symétrie des lignes suivant les ventricules cérébraux latéraux dans la vue latérale.*

Nous remarquons alors que les 6 jeux de lignes moyennes sont très proches géométriquement. Bien entendu, les topologies restent différentes puisqu'elles dérivent de celle de l'ensemble de référence.

En fait, une solution pour annuler pratiquement toute influence liée aux choix du repère et de l'ensemble serait d'itérer le processus de moyenne : ensemble de référence \rightarrow atlas 1 qui définit un deuxième repère \rightarrow atlas 2 qui définit un troisième repère, etc. Cependant, cela nécessite d'effectuer pour chaque étape de nombreuses mises en correspondance qui sont assez coûteuses en temps de calcul.

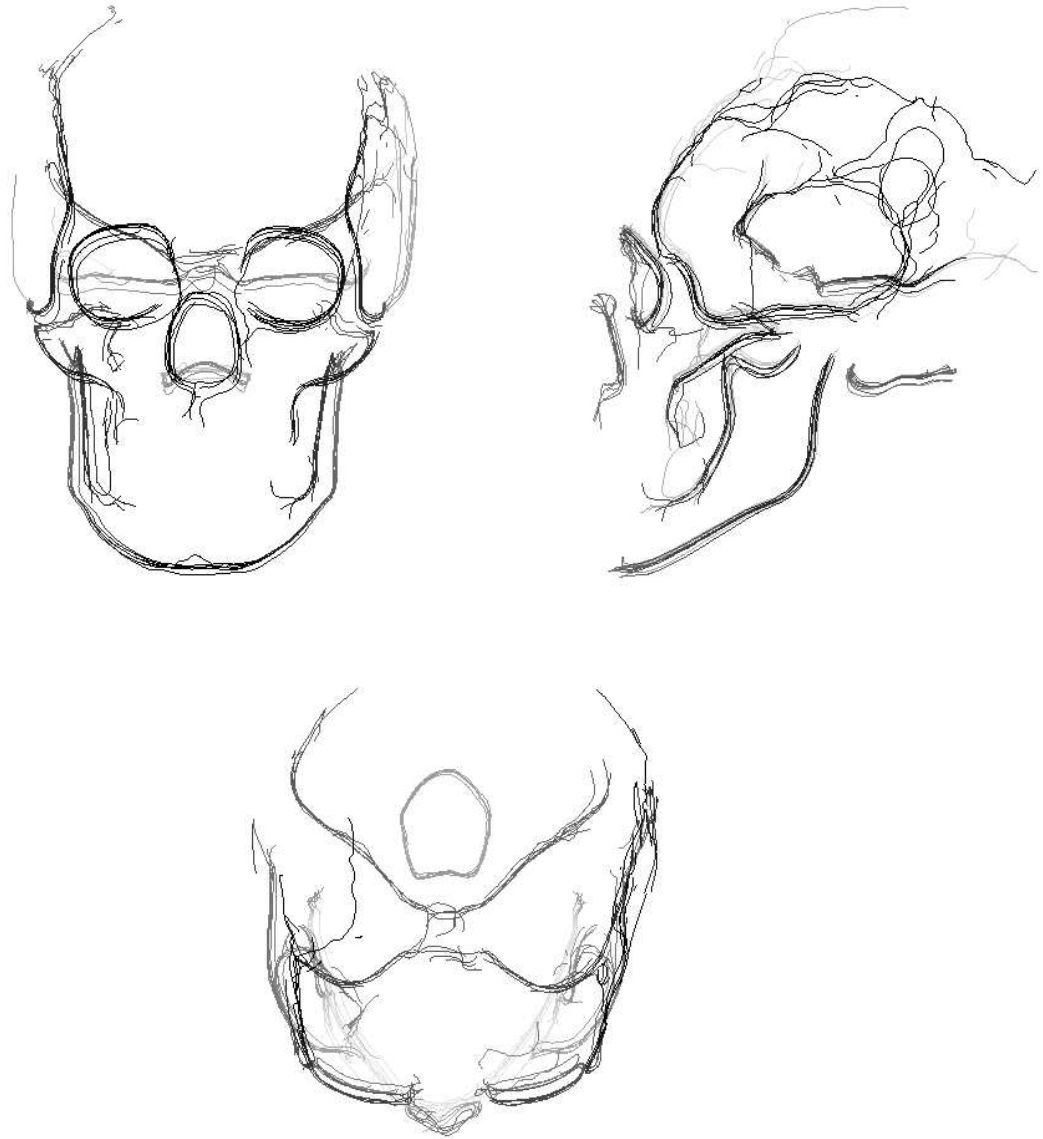


FIG. 6.23 – Les 6 atlas construits à partir des 6 ensembles de référence sont très similaires.

6.6 Description résumée de l'étape 4

- Normaliser géométriquement les données \mathcal{B} , \mathcal{C} , \mathcal{D} , \mathcal{E} et \mathcal{F} par rapport à l'ensemble de référence \mathcal{A} en supprimant les transformations homothétiques et rigides.
- Pour chaque ensemble de lignes communes S_i :
 - Déformer la ligne $L_{\mathcal{A}}$ vers les lignes de \mathcal{B} , \mathcal{C} , \mathcal{D} , \mathcal{E} et \mathcal{F} appartenant à S_i .
 - Calculer les spectres modaux de $D^{\mathcal{A},\mathcal{B}}$, $D^{\mathcal{A},\mathcal{C}}$, $D^{\mathcal{A},\mathcal{D}}$, $D^{\mathcal{A},\mathcal{E}}$, $D^{\mathcal{A},\mathcal{F}}$, $D^{\mathcal{A},\mathcal{A}}$ dans la base modale.
 - Calculer le spectre moyen et le tronquer afin de lisser la déformation moyenne résultante D_{moy} .
 - Appliquer la déformation D_{moy} à la ligne de référence $L_{\mathcal{A}}$ afin d'obtenir la ligne moyenne L_{moy} .
- L'ensemble des lignes moyennes constituent la *structure géométrique* de l'atlas.

Chapitre 7

Analyse statistique des caractéristiques communes

7.1 Présentation du problème

A l'étape précédente, nous avons calculé la position moyenne de chaque caractéristique commune. Il nous reste maintenant à déterminer la variabilité de la forme de chacune d'elles.

Ce dernier paramètre est fondamental car il permet :

- de détecter dans des données des patients les caractéristiques qui sont en dehors des variations « normales » et, par là-même, d'envisager les applications médicales de diagnostic automatique.
- de valider les caractéristiques. Si la caractéristique « moyenne » est trop variable, elle n'est pas significative et ne peut donc être retenue pour construire l'atlas.

7.2 Quelques exemples d'analyse des formes

Dans ce paragraphe, nous allons présenter quelques méthodes d'analyse de formes. Précisons tout d'abord que, grâce à l'étape 2, nous connaissons les appariements entre les caractéristiques des formes que nous souhaitons comparer.

[ANDB90] propose trois types de comparaison d'une structure anatomique qui sont appliqués à l'étude d'anomalies craniofaciales :

- La comparaison de *distances* et *d'angles* entre des points directement relevés

sur les structures. Comme il est impossible d'étudier exhaustivement tous les couples de points pour les distances ou tous les triplets pour les angles, il faut choisir un sous-ensemble très limité de points caractéristiques. Ceux-ci sont déterminés par un spécialiste en anatomie. Nous n'obtenons donc que des informations locales et non corrélées : par exemple, si les distances (AB) et (BC) sont plus faibles que la normale, rien ne prouve que la distance (AC) le soit elle-aussi.

Enfin, ces comparaisons ne peuvent se généraliser à des lignes (même si nous pouvons comparer les directions des tangentes qui permettent de calculer des angles).

- La comparaison des *positions des caractéristiques après recalage*. Là aussi, nous n'obtenons que des informations disparates qui ne permettent pas d'avoir une vision globale de la déformation d'une structure : si une caractéristique est éloignée de sa position moyenne, s'agit-il d'un défaut local, peut-être dû à une erreur de mise en correspondance, ou d'une réelle déformation morphologique ?

Dans ces deux types de comparaison, l'estimation de l'« anormalité » est effectuée en divisant la différence entre la valeur du paramètre et sa moyenne par l'écart-type.

- L'analyse des *contraintes dans des éléments triangulaires*. Il est possible de décomposer la surface de la structure en triangles bâtis sur des points caractéristiques. La déformation de chaque triangle peut être étudiée en supposant qu'il subit une contrainte homogène. Il est alors possible de trouver les deux directions principales de contraintes et de calculer les étirements suivant celles-ci qui vont définir les variations de la forme du triangle.

En fait, la morphométrie dite « classique » n'étudiait que les paramètres relatifs comme les distances ou les angles. La « nouvelle » morphométrie est apparue, il y a une dizaine d'années et peut se définir d'après [RM93] par :

- *L'utilisation des coordonnées absolues* et non plus seulement des paramètres relatifs.
- L'introduction d'une *fonction tridimensionnelle qui ajuste* les relations entre les points. Les paramètres de la fonction sont alors utilisés comme des variables dans les analyses statistiques.

- La mise en valeur de *directions de déformations principales* qui déterminent quels sont les paramètres mesurés véritablement significatifs et qui permettent de construire une taxonomie de la structure anatomique.
- La *visualisation dans l'espace tridimensionnel de la structure anatomique* des résultats de l'analyse de la forme alors qu'auparavant, ces derniers n'étaient fournis que sous forme de tableaux de coefficients numériques.

La « nouvelle » morphométrie se fonde sur la théorie statistique de la forme [Ken89] [Goo91]. Une des méthodes typiques est fondée sur les splines « plaques minces » (« thin-plate splines » en anglais) décrites dans [Boo91b] et [Boo89].

Supposons que nous ayons une figure bidimensionnelle formée par un ensemble de points et tracée sur une plaque métallique mince horizontale de dimension infinie. Les points subissent une déformation $M_i(x_i, y_i) \rightarrow M'_i(x_i + \Delta x_i, y_i + \Delta y_i)$. L'idée est de considérer l'écart Δx_i comme une contrainte verticale localisée en M_i sur la plaque. Cette dernière va alors se déformer en fonction de ses caractéristiques physiques de flexion. En tout point $M(x, y)$ de la plaque, nous aurons donc un changement de hauteur Δz qui symbolisera la déformation suivant l'axe des x : $M(x, y) \rightarrow M(x + \Delta z, y)$.

Mathématiquement, cela revient à chercher une fonction f_x telle que :

- $\forall i, f_x(x_i, y_i) = x_i + \Delta x_i$
- f_x minimise la fonction

$$I_{f_x} = \int \int_{\mathbb{R}^2} \left[\left(\frac{\partial^2 f}{\partial x^2} \right)^2 + \left(\frac{\partial^2 f}{\partial y^2} \right)^2 + 2 \left(\frac{\partial^2 f}{\partial x \partial y} \right)^2 \right] dx dy$$

qui représente l'énergie de flexion d'une plaque mince.

Il est alors possible de démontrer que I_{f_x} peut s'écrire : $I_{f_x} = {}^t V.M.V$

où $V = [(x_1 + \Delta x_1) \dots (x_n + \Delta x_n)]$

Nous pouvons généraliser cette idée en prenant en compte les déformations suivant x et suivant y . Si la plaque mince devient quadridimensionnelle, les formules restent similaires en posant $f(x, y) = (f_x(x, y), f_y(x, y))$ et :

- $\forall i, f(x_i, y_i) = (x_i + \Delta x_i, y_i + \Delta y_i)$
- f_x minimise la fonction I_{f_x} .

– f_y minimise la fonction I_{f_y} .

Nous pouvons alors écrire :

$I_{f_x} = {}^tV.M.V$ où :

$$V = \begin{bmatrix} (x_1 + \Delta x_1) & (y_1 + \Delta y_1) \\ (x_2 + \Delta x_2) & (y_2 + \Delta y_2) \\ \dots & \dots \\ (x_n + \Delta x_n) & (y_n + \Delta y_n) \end{bmatrix}$$

De ce fait, la matrice M apparaît comme une métrique qui permet de juger de la déformation de la figure : deux points M_i et M'_i sont d'autant plus « éloignés » que la déformation qu'ils engendrent sur la plaque est importante.

Cette métrique est plus riche que la métrique euclidienne. En particulier, la matrice M peut se décomposer suivant ses vecteurs propres, ce qui permet d'obtenir les déformations principales triées par importance.

Cette méthode n'a été présentée qu'en deux dimensions quoiqu'elle semble utilisée en trois dimensions dans [BBW⁺94] et [CDB⁺95].

Elle est essentiellement fondée sur l'interpolation des écarts, ce qui ne fonctionne parfaitement que quand les points sont correctement appariés. Si une correspondance est inexacte, la fonction f va devoir prendre totalement en compte l'écart erroné entre les deux points et être faussée. Dans le cas d'une approximation (voir la description des transformations splines à l'étape 2), la condition de lissage peut tendre à « faire oublier » cet appariement incohérent.

D'autre part, l'interpolation nécessite de trouver les valeurs propres d'une matrice $n \times n$ où n est le nombre de points de la figure. Une telle méthode n'est donc applicable qu'avec quelques dizaines de points (8 points dans une étude du syndrome craniofacial d'Apert [Boo89] et 13 points dans l'atlas du plan midsagittal du cerveau [Boo91b]).

7.3 L'analyse en déformations fondamentales

Dans ce paragraphe, nous allons récapituler toutes les méthodes que nous connaissons sur la décomposition des déformations.

Supposons que nous ayons une caractéristique moyenne et que nous la déformions vers les n caractéristiques correspondantes de la base de données ; nous

obtenons un ensemble de n déformations \mathcal{D}_i . Comment décomposer les \mathcal{D}_i en déformations fondamentales, souvent appelées modes? Nous pouvons approfondir le classement donné dans [MPK94]:

- Les modes *prédéterminés*. Ils sont définis par l'utilisateur. Outre les transformations rigides et affines, [PW89] [Pen92] proposent des modes « idéalisés » qui définissent les changements échelles suivant les 3 axes, le cisaillement (« shear »), la courbure (« bend »), l'effilement (« taper ») et le pincement (« pinch »). Ces modes ont l'avantage d'avoir une signification physique mais ils sont peu nombreux et ne peuvent décrire que des déformations assez simples calculées sur des modélisations de structures assez simples aussi. Nous ne pouvons donc pas les utiliser dans le cas des structures anatomiques complexes et très déformables que nous souhaitons étudier.
- Les *modes physiques*. Ils sont déterminés à partir de la géométrie, voire seulement de la topologie de la structure. Nous trouvons dans cette catégorie la décomposition de Fourier, celle fondée sur les splines « plaques minces » et l'analyse modale.

Dans ce dernier cas, les modes ne dépendent que du nombre de points de la ligne. Nous avons vu précédemment que la rotation était linéarisée et n'apparaissait pas comme un mode spécifique. De surcroît, si les \mathcal{D}_i comportent une déformation à haute fréquence, caractéristique d'une certaine lésion, nous risquons de ne pas la détecter lors de la troncature du spectre.

- Les *modes expérimentaux*. Contrairement aux modes physiques, ils sont définis à partir de l'ensemble des \mathcal{D}_i . L'analyse en composantes principales étudiée dans [HTT93] [CTCG95] permet de trouver une nouvelle base de modes dont les importances peuvent être parfaitement quantifiées et classées. Il s'agit d'une approche très séduisante mais qui rend difficile les comparaisons. En effet, supposons que nous souhaitions comparer les différences de forme entre, d'une part, l'atlas et un ensemble d'échantillons d'un certain type et d'autre part, l'atlas et un second ensemble d'échantillons d'un autre type afin de savoir s'il est possible de les discriminer. L'analyse en composantes principales déterminera deux bases différentes et nous ne pourrons donc pas comparer les amplitudes des modes puisqu'ils ne se correspondent pas.

Notons néanmoins qu'il est possible de démontrer que l'analyse en composantes principales et l'analyse modale se rejoignent sous certaines hypothèses [MPK94].

Dans notre cas, nous souhaitons avant tout pouvoir comparer les déformations des structures entre elles afin d'envisager des applications en diagnostic automatique. Nous nous sommes donc naturellement tourné vers l'analyse en modes physiques, à savoir l'analyse modale que nous avons déjà utilisée pour la moyenne des caractéristiques.

L'analyse modale a été appliquée à l'étude des déformation de la valve mitrale dans [NA93b] et [NA94] et à l'analyse de la forme des ventricules cérébraux dans [MPK94].

7.4 Description de la méthode

Nous procédons comme à l'étape 4 en remplaçant \mathcal{A} par l'atlas, c'est-à-dire :

- Nous ramenons toutes les données dans le repère normalisé de l'atlas en appliquant les transformations rigides et homothétiques fondées sur les appariements de points trouvés lors de la mise en correspondance des lignes de l'atlas et des données.
- Nous connaissons déjà les relations entre les lignes de l'atlas et celles des données puisque, par construction, une ligne de l'atlas est une ligne commune à toutes les données.
- Pour chaque ligne L_j de l'atlas
 - Rééchantillonnage régulier de la ligne.
 - Mise en correspondance de L_j avec les lignes des données appartenant au même ensemble de lignes communes.
 - Obtention des déformations entre L_j et les lignes des données.
 - Décomposition de ces déformations par l'analyse modale et obtention des spectres.
 - Pour la $i^{\text{ième}}$ amplitude, nous pouvons calculer la moyenne d_i^j et l'écart-type σ_i^j pour les 3 axes x , y et z .

A partir de toutes ces valeurs, nous proposons de construire deux distances :

- une *distance globale* pour estimer combien une déformation $D^{L_j, E}$ entre une ligne L_j de l’atlas et sa (ou ses) correspondante(s) dans un ensemble de données E est importante. Cette distance intègre l’ensemble des amplitudes modales et permet, par seuillage, de détecter si la déformation de la ligne L_j est globalement « anormale » :

$$dist_{glob}(D^{L_j, E}) = \sqrt{\sum_{i=1}^n (d^{atlas, B}[i] - d_i^j)^2}$$

En fait, nous n’incluons dans la somme que les premières amplitudes (n est, par exemple, égal à 10% du nombre total des amplitudes) pour rester cohérent avec les spectres de déformations qui ont permis de construire l’atlas et qui ont été tronqués.

Cette distance globale étant dimensionnée, elle ne peut être que comparée avec d’autres distances globales portant sur la même ligne L_j .

Nous pourrions pondérer chaque terme $(d^{atlas, B}[i] - d_i^j)^2$ afin de favoriser les premiers modes qui correspondent, en général, aux déformations les plus significatives. Néanmoins, le terme de pondération est difficile à choisir (peut-être $1/i$?).

- une *distance en amplitude*. Comme la distance globale ne donne qu’une vision globale de la déformation de L_j , nous définissons une distance qui va permettre de comparer de manière absolue chaque amplitude et d’en évaluer son importance :

$$dist_{amp}(D^{L_j, E}, i) = \sqrt{\frac{(d^{L_j, E}[i] - d_i^j)^2}{\sigma_i^j}}$$

Ici aussi, nous ne prendrons en compte que les premières amplitudes.

Contrairement à la distance globale, la distance d’amplitude est adimensionnée. Elle peut donc être considérée de manière absolue et les grandes valeurs permettent de trouver quels sont les modes qui caractérisent une déformation « anormale ». Si nous supposons que les déformations suivent

la classique loi Gaussienne, nous trouvons les valeurs suivantes extraites de la loi du χ^2 :

$dist_{amp}(D^{L_j, E}, i) > 2,0 \implies$ le mode i peut être considéré comme anormal à 95%

$dist_{amp}(D^{L_j, E}, i) > 3,0 \implies$ le mode i peut être considéré comme anormal à 99%

Nous verrons dans la suite de ce chapitre des exemples d'utilisation de la distance globale. Les distances d'amplitude nous serviront dans la dernière partie « Résultats et perspectives ».

7.5 Etude de la validité de l'atlas

Nous allons tout d'abord étudier les moyennes d_i^j et les écarts-types σ_i^j pour déterminer si les caractéristiques moyennes que nous avons construites sont statistiquement *invariables*.

7.5.1 Invariance de l'atlas du crâne

Nous allons étudier trois sous-structures du crâne, situées à des endroits très différents: le trou occipital, la ligne sous-mandibulaire et l'orbite gauche. Pour chacune d'entre elles, nous comparons les statistiques entre l'ensemble de référence \mathcal{A} et les autres données \mathcal{A} (spectre nul), \mathcal{B} , \mathcal{C} , \mathcal{D} , \mathcal{E} , \mathcal{F} et celles entre l'atlas (déduit de \mathcal{A}) et toutes les données \mathcal{A} , \mathcal{B} , \mathcal{C} , \mathcal{D} , \mathcal{E} .

Nous observons d'après les tables 7.1, 7.2, 7.3, 7.4, 7.5 et 7.6 que :

- l'amplitude moyenne décroît considérablement entre \mathcal{A} et l'atlas, ce qui confirme que le processus de construction de l'atlas tend à moyenniser correctement les différents ensembles même si nous n'avons pris en compte que les 10% premières amplitudes. Nous remarquons cependant des valeurs assez élevées dans le cas de la ligne sous-mandibulaire pour les modes $0y$ et $0z$ mais elles ont quand même été divisées par 7,9 et 4,9 par rapport à \mathcal{A} .

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
\bar{x}	-22,42	6,81	7,90	-3,88	4,57
σ_x	9,87	1,64	13,20	4,087	5,52
\bar{y}	-30,46	16,37	-23,14	-6,15	-5,42
σ_y	21,55	9,15	4,70	7,67	3,69
\bar{z}	86,22	5,22	-13,01	2,91	-0,18
σ_z	19,34	8,78	7,84	8,07	4,16

TAB. 7.1 – *Statistiques (moyennes et écarts-types) sur les modes pour le trou occipital entre \mathcal{A} et les crânes \mathcal{A} , \mathcal{B} , \mathcal{C} , \mathcal{D} , \mathcal{E} et \mathcal{F} .*

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
\bar{x}	1,90	-1,22	-1,85	1,05	0,31
σ_x	13,57	7,19	9,49	5,93	4,09
\bar{y}	-1,55	-0,40	-0,54	1,12	-0,62
σ_y	24,52	9,42	8,45	6,97	4,10
\bar{z}	1,58	-0,28	-0,83	-0,36	-0,02
σ_z	31,94	8,60	8,11	6,67	3,60

TAB. 7.2 – *Statistiques (moyennes et écarts-types) sur les modes pour le trou occipital entre l'atlas et les crânes \mathcal{A} , \mathcal{B} , \mathcal{C} , \mathcal{D} , \mathcal{E} et \mathcal{F} . Les valeurs moyennes ont considérablement diminué alors que les écarts-types sont restés stables.*

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
\bar{x}	7,44	20,75	-16,57	18,62	-3,03
σ_x	3,32	21,20	10,33	20,38	13,08
\bar{y}	-50,93	-2,10	-2,16	-2,91	16,56
σ_y	56,14	14,49	21,06	9,56	13,32
\bar{z}	58,67	-7,80	20,86	10,93	-4,32
σ_z	25,94	15,41	32,38	11,59	13,22

TAB. 7.3 – *Statistiques (moyennes et écarts-types) sur les modes pour la ligne sous-mandibulaire entre A et les crânes A, B, C, D, E et F.*

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
\bar{x}	-0,19	3,04	0,74	2,54	1,19
σ_x	6,74	19,40	8,77	17,05	7,50
\bar{y}	6,42	1,54	-4,19	-2,24	0,02
σ_y	49,86	14,56	21,64	4,62	15,61
\bar{z}	11,91	1,19	-0,93	-1,06	0,76
σ_z	27,78	13,20	32,23	7,04	10,03

TAB. 7.4 – *Statistiques (moyennes et écarts-types) sur les modes pour la ligne sous-mandibulaire entre l'atlas et les crânes A, B, C, D, E et F. Les valeurs moyennes ont considérablement diminué alors que les écarts-types sont restés stables.*

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
\bar{x}	5,70	14,55	10,50	-5,87	3,35
σ_x	16,93	8,88	2,27	3,72	2,92
\bar{y}	23,51	6,25	6,91	-2,60	-1,93
σ_y	21,83	9,15	3,15	3,98	1,83
\bar{z}	-37,63	0,15	6,84	2,85	-3,29
σ_z	25,91	8,79	2,33	2,72	4,91

TAB. 7.5 – *Statistiques (moyennes et écarts-types) sur les modes pour l'orbite gauche entre A et les crânes A, B, C, D, E et F.*

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
\bar{x}	2,72	0,00	1,79	-0,04	0,01
σ_x	15,52	6,17	6,00	2,17	3,02
\bar{y}	5,11	0,47	0,71	0,80	0,14
σ_y	20,80	9,36	3,53	4,31	2,31
\bar{z}	0,32	3,51	1,54	0,95	1,82
σ_z	24,66	8,05	5,20	0,30	1,67

TAB. 7.6 – *Statistiques (moyennes et écarts-types) sur les modes pour l'orbite gauche entre l'atlas et les crânes A, B, C, D, E et F. Les valeurs moyennes ont considérablement diminué alors que les écarts-types sont restés stables.*

- les écarts-types, par contre, changent peu (24 diminutions et 25 augmentations). Le mode 0 pour l'axe y de la ligne sous-mandibulaire a un fort écart-type qui prouve que son anatomie est très variable comme nous le vérifierons au paragraphe suivant.

En fait, le mode 0 représente directement le vecteur translation si nous le divisons par \sqrt{n} où n est le nombre de points de la ligne. La valeur maximale de l'écart-type pour le mode 0 y est 49,86. Comme la ligne sous-mandibulaire est constituée de 346 points, cela représente une translation de 2,7 à comparer au diamètre de l'objet qui est de l'ordre de 200.

7.5.2 Invariance de l'atlas du cerveau

Pour l'atlas du cerveau, nous avons choisi d'étudier les principales lignes (c'est-à-dire les plus longues) qui suivent les deux ventricules cérébraux latéraux.

D'après les tableaux 7.7 et 7.8 qui donnent les statistiques pour le ventricule cérébral gauche, nous tirons les mêmes conclusions que pour l'atlas du crâne, à savoir que les moyennes diminuent considérablement mais que les écarts-types restent stables. Néanmoins, l'écart-type maximal (20,27 suivant l'axe x) correspond à une translation de 1,46 (la ligne a 192 points) ce qui est faible devant le diamètre du cerveau qui est de l'ordre de 200.

Dans le tableau 7.9, nous présentons les statistiques pour la principale ligne du ventricule droit. En fait, comme les lignes principales des deux ventricules sont symétriques, elles ont des modes de déformations pratiquement identiques que nous pouvons donc comparer. Nous remarquons que les écarts-types sont du même ordre de grandeur ce qui tend à prouver que les déformations des ventricules latéraux de la base de données sont symétriques.

De ce fait, nous pouvons utiliser les lignes de l'atlas pour étudier la symétrie des ventricules cérébraux latéraux dans les données d'un patient. C'est ce que nous ferons dans le chapitre « Résultats et perspectives ».

7.6 Un exemple d'utilisation de la distance globale

Nous allons étudier la forme de la mandibule dans la base des données des crânes. Pour cela, nous calculons la distance globale entre les lignes sous-

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
\bar{x}	36,60	-3,05	-10,32	12,64	-3,54
σ_x	20,37	11,94	17,84	13,21	6,20
\bar{y}	16,18	9,83	5,62	-2,13	2,26
σ_y	10,03	13,51	14,65	7,79	7,72
\bar{z}	-36,40	14,69	5,061	-2,13	-0,785
σ_z	12,62	18,63	14,70	10,85	6,13

TAB. 7.7 – *Statistiques (moyennes et écarts-types) sur les modes pour la principale ligne du ventricule cérébral gauche entre l'ensemble de référence case1 et les 10 cerveaux.*

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
\bar{x}	-0,06	2,28	0,21	-4,76	1,81
σ_x	20,27	12,32	17,09	14,33	3,42
\bar{y}	0,29	-2,15	-1,22	2,10	-5,01
σ_y	15,86	11,63	10,52	9,82	6,67
\bar{z}	-10,73	4,57	2,32	-2,36	-1,25
σ_z	16,12	18,57	12,07	14,82	4,89

TAB. 7.8 – *Statistiques (moyennes et écarts-types) sur les modes pour la principale ligne du ventricule cérébral gauche entre l'atlas et les 10 cerveaux. Les valeurs moyennes ont considérablement diminué alors que les écarts-types sont restés stables.*

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
\bar{x}	-4,67	6,43	-5,35	4,56	-4,45
σ_x	16,13	15,16	15,36	11,21	3,63
\bar{y}	-1,96	-0,46	-4,14	1,46	-4,36
σ_y	15,84	7,48	7,55	9,70	5,48
\bar{z}	-7,89	5,94	-3,40	-0,14	-0,97
σ_z	12,77	20,39	11,36	14,52	4,22

TAB. 7.9 – *Statistiques (moyennes et écarts-types) sur les modes pour la principale ligne du ventricule cérébral droit entre l’atlas et les 10 cerveaux. Les valeurs des écarts-types sont très symétriques de celles de la principale ligne du ventricule cérébral gauche.*

mandibulaires de l’atlas et celles des données. Les résultats sont présentés dans le tableau 7.10 : nous y trouvons les distances globales suivant les axes x (sagittal), y (coronal) et z (transversal) et totale ($\sqrt{d_{glob}^x{}^2 + d_{glob}^y{}^2 + d_{glob}^z{}^2}$), toutes les quatre calculées à partir des 10 premiers modes.

	d_{glob}^x	d_{glob}^y	d_{glob}^z	d_{glob}
\mathcal{A}	33,58	34,61	51,66	70,67
\mathcal{B}	44,42	62,45	70,37	104,05
\mathcal{C}	40,80	74,10	21,65	87,32
\mathcal{D}	29,30	28,04	63,66	75,49
\mathcal{E}	31,39	98,83	25,36	106,76
\mathcal{F}	20,69	30,35	17,73	40,79

TAB. 7.10 – *Les distances globales de la ligne sous-mandibulaire des 6 exemplaires de la base de données de crânes par rapport à l’atlas.*

Nous pouvons donc comparer ces distances entre elles et classer les crânes suivant l’importance de la déformation de leur mandibule. Nous visualisons dans les figures 7.1, les crânes vus de profil, à la même échelle et recalés dans le repère normalisé de l’atlas.

- \mathcal{E} : la déformation est principalement suivant la direction y (98,83). En effet, le coin de la mandibule et son extrémité antérieure sont décalés vers l’arrière.

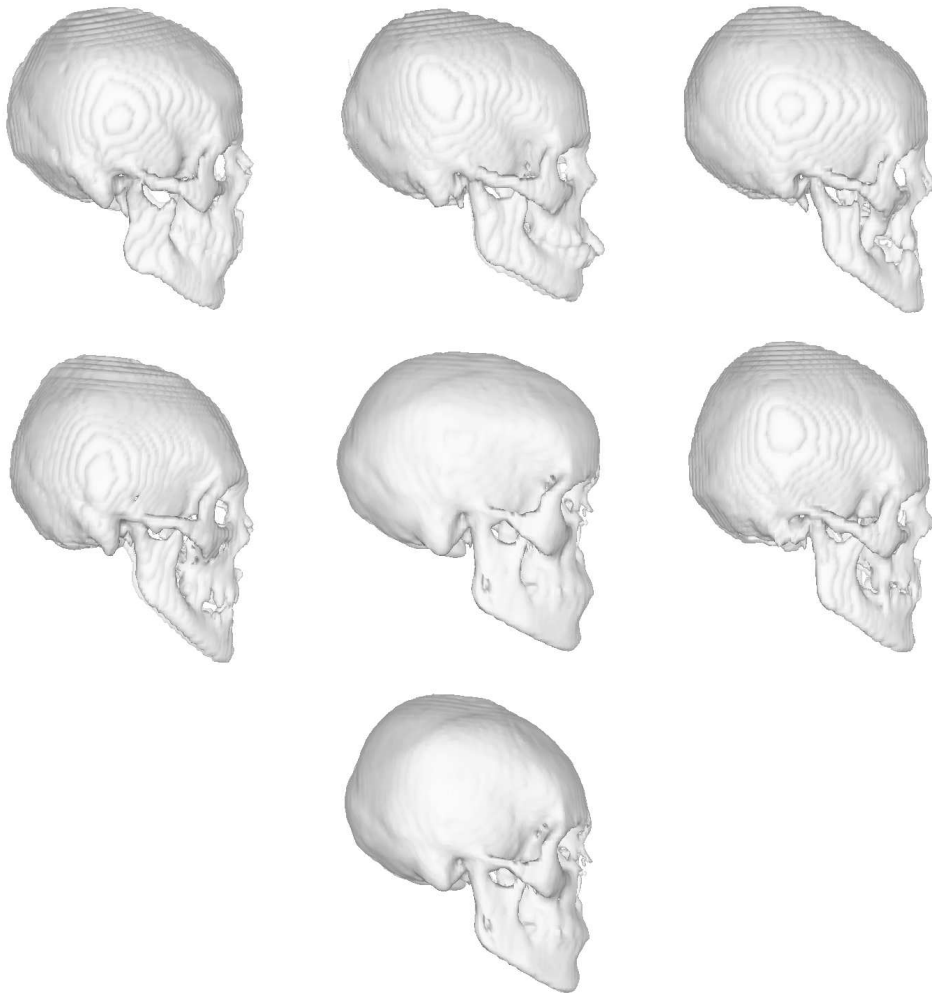


FIG. 7.1 – Classement des crânes en fonction de la déformation de leurs mandibules par rapport à la position moyenne définie par l'atlas (présenté en bas). De haut en bas et de droite à gauche, \mathcal{E} (le plus « anormal »), \mathcal{B} , \mathcal{C} , \mathcal{D} , \mathcal{A} et \mathcal{F} (le plus « normal »). Toutes les surfaces sont dans le repère normalisé de l'atlas.

- \mathcal{B} : l'angle d'ouverture de la mandibule est plus faible, la ligne sous-mandibulaire est donc décalée vers le haut (forte distance suivant z) et étirée vers l'avant (forte distance suivant y).

- \mathcal{C} : le menton est proéminent vers l'avant (forte distance suivant y).

- \mathcal{D} : même si la déformation ressemble à celle de \mathcal{C} , le menton n'est plus avancé mais décalé vers le bas (forte distance suivant z).

- \mathcal{A} : l'angle d'ouverture de la mâchoire est trop faible, ce qui engendre un décalage de la ligne sous-mandibulaire vers le haut (forte distance suivant z). Notons que \mathcal{A} n'est pas le plus proche de l'atlas comme nous aurions pu le penser puisqu'il a servi d'ensemble de référence.

- \mathcal{F} : la mandibule est remarquablement « moyenne ». L'angle d'ouverture est identique à celui de l'atlas, le menton n'est ni renforcé, ni proéminent.

N'oublions pas que nous comparons les mandibules dans un repère normalisé pour toute la structure crânienne. En fait, nous ne détectons que les fortes déformations de la mandibule relativement au reste du crâne.

La distance globale ne permet pas d'affiner l'étude des déformations : une forte valeur peut provenir d'une somme de nombreuses petites déformations ou de la présence d'une très importante. C'est pour cela que nous avons privilégié dans le chapitre des « Résultats et perspectives » l'utilisation des distances d'amplitude.

7.7 Description résumée de l'étape 5

- Pour tous les éléments de l'atlas
 - Calculer les déformations entre l'atlas et les autres ensembles de données.
 - Calculer la valeur moyenne et l'écart-type pour chaque amplitude.
 - Ces paramètres statistiques permettent de définir une distance globale et une distance en amplitude.

Troisième partie

Résultats et perspectives

Chapitre 8

Quelques applications médicales

8.1 Introduction

DANS CE CHAPITRE, NOUS PROPOSONS DES EXEMPLES D'UTILISATION des atlas anatomiques automatiquement construits dans le cadre de la chirurgie craniofaciale et de la neurochirurgie.

En parallèle, nous avons utilisé les outils développés au cours de cette thèse pour trois autres applications: l'étude de la croissance de la tête d'un enfant, la mise en correspondance avec un atlas du cerveau et l'étude du mouvement cardiaque.

Précisons que ces exemples ont pour but principal de mettre en valeur un travail de recherche et qu'ils ne peuvent donc être considérés comme directement applicables dans un contexte médical. Nous avons même complètement imaginé certaines applications comme le « patient virtuel » ou la simulation de la croissance de la tête d'un enfant.

8.2 Une application craniofaciale : étude d'une déformation maxillaire

8.2.1 Introduction

Nous allons utiliser l'atlas du crâne pour étudier le crâne \mathcal{CR}^1 atteint d'une sévère déformation maxillaire (voir figure 8.1).

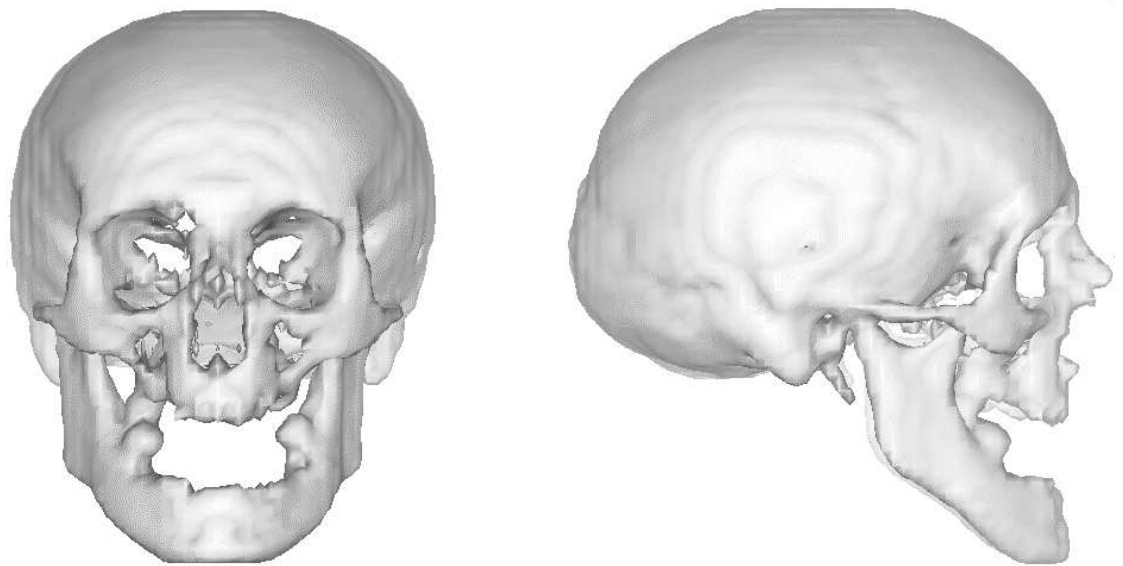


FIG. 8.1 – Le crâne \mathcal{CR} est déformé par une sévère hypoplasie maxillaire.

La méthode que nous allons suivre peut être rapprochée de celles proposées dans :

- [CDB⁺95] qui étudie les différences entre un crâne normal « moyen » et un crâne atteint du syndrome de Crouzon « moyen ». Pour cela, les auteurs utilisent des outils informatiques similaires aux nôtres qui, s'ils ne sont pas entièrement automatisés, ont été validés par des anatomistes.

1. Les données scanographiques du crâne sec \mathcal{CR} de résolution 135 coupes de 256×256 pixels proviennent du Naturhistorisches Museum de Vienne (Autriche) et nous ont été fournies par Court Cutting de l'Hôpital Universitaire de New York, David Dean, Professeur Associé des Départements d'Anatomie, d'Orthodontie et d'Ingénierie Biomédicale de l'Université Case Western Reserve de Cleveland et André Guézic.

- [ANDB90] qui étudie un patient atteint par le syndrome de Treacher-Collins grâce à des comparaisons sur les distance et les angles, les coordonnées des points et l'analyse des contraintes. Les conclusions sont nombreuses mais restent très descriptives.

La déformation consiste en une *hypoplasie maxillaire*² sans doute due à un âge avancé et à la perte des dents. L'hypoplasie [Uni85] consiste en « un développement insuffisant d'un tissu. Ce trouble de la morphogenèse est, en principe, purement quantitatif, ne comporte pas d'anomalies qualitatives et ne donne pas lieu à des malformations proprement dites. Toutefois, dans la mesure où l'harmonie du développement des organes est perturbée, il s'ensuit que le sujet affecté peut présenter un type morphologique particulier ou une relative limitation de ses aptitudes physiologiques ».

Commençons par étudier qualitativement cette déformation.

8.2.2 Etiquetage automatique

Nous extrayons les lignes de crête sur \mathcal{CR} avec les mêmes paramètres que pour les crânes \mathcal{A} à \mathcal{F} .

Nous mettons alors en correspondance les lignes de l'atlas du crâne avec celles de \mathcal{CR} . Nous pouvons ensuite propager l'étiquetage de l'atlas à \mathcal{CR} afin d'identifier les structures osseuses, et tout particulièrement la mandibule (voir figure 8.2).

Malgré la grande différence morphologique entre \mathcal{CR} et l'atlas, les lignes sont correctement étiquetées excepté les lignes orbitales. En effet, à cause de la faible épaisseur entre l'orbite et les tempes, la ligne orbitale est fusionnée avec la ligne temporale ce qui trompe l'algorithme de mise en correspondance.

Par contre, la ligne sous-mandibulaire étiquetée RMB est correctement mise en valeur.

8.2.3 Extraction automatique d'une sous-structure

Comme la ligne mandibulaire a été reconnue, il est possible d'extraire les points de la surface qui sont à une certaine distance de celle-ci.

Nous pouvons alors séparer la mandibule du reste du crâne (voir figure 8.3).

2. Diagnostic établi par David Dean, Professeur Associé des Départements d'Anatomie, d'Orthodontie et d'Ingénierie Biomédicale de l'Université Case Western Reserve de Cleveland

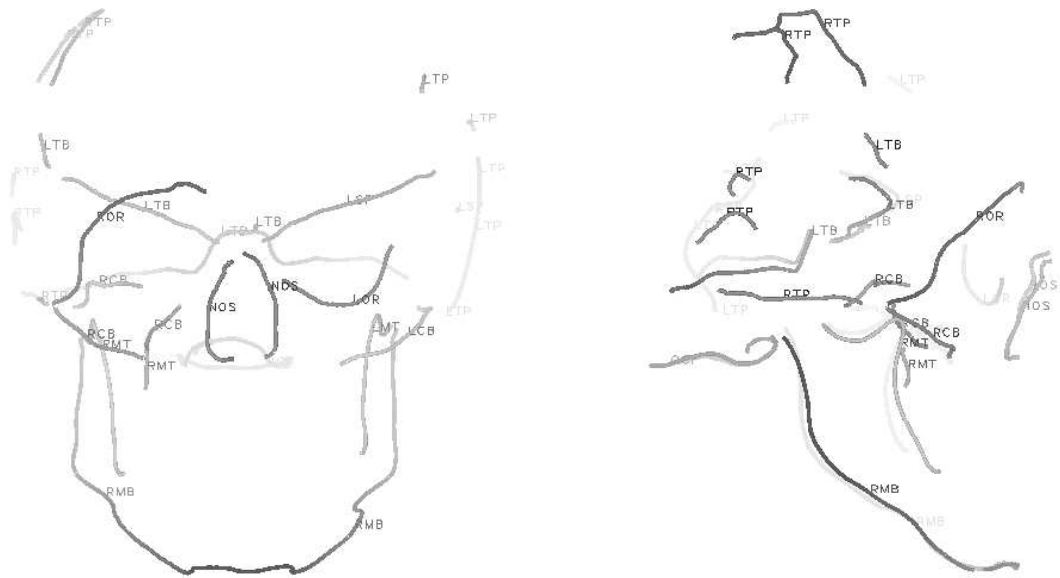


FIG. 8.2 – Les lignes de crête de CR sont automatiquement étiquetées par la mise en correspondance avec l’atlas. En particulier, la ligne sous-mandibulaire (étiquette RMB) est correctement mise en valeur.

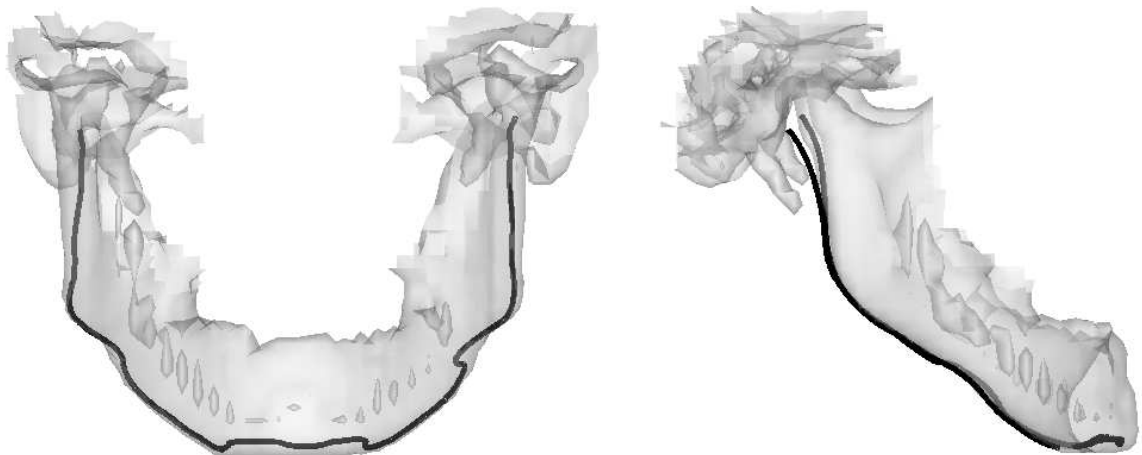


FIG. 8.3 – La mandibule de CR automatiquement extraite grâce à la reconnaissance de la ligne sous-mandibulaire (en noir).

8.2.4 Assistance passive à la chirurgie

A partir des paires de points appariés entre l'atlas et \mathcal{CR} issus de la mise en correspondance des lignes, nous calculons les transformations homothétique et rigide que nous appliquons à l'atlas afin de le superposer sur \mathcal{CR} (voir figure 8.4). De cette façon, nous pouvons maintenant comparer qualitativement les deux crânes et mettre en évidence la déformation de la mâchoire qui apparaît trop large de face et, de profil, trop courbée vers le bas.

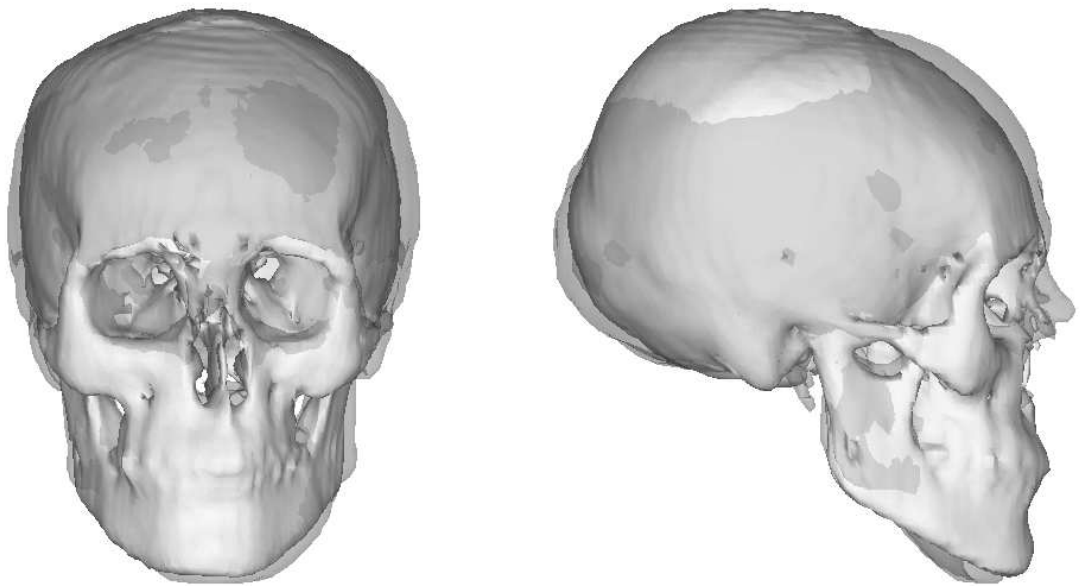


FIG. 8.4 – La mise en correspondance rigide et homothétique entre l'atlas (surface opaque) et \mathcal{CR} (surface transparente) met en évidence la déformation de la mâchoire, trop large de face et trop courbée de profil.

Un chirurgien pourrait utiliser cette superposition pour planifier ses procédures opératoires.

8.2.5 Analyse morphométrique

Une telle mise en correspondance normalisée ne peut donner que des informations qualitatives. Or, nous avons besoin d'une étude quantitative des symptômes.

Analysons les déformations de la ligne sous-mandibulaire de \mathcal{CR} . Pour cela, nous calculons les 5 premiers modes de la déformation de la mandibule « moyenne »

de l'atlas vers celle de \mathcal{CR} . Les résultats sont donnés dans la table 8.1 pour les 3 axes x , y et z .

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
x	0.124	2.442	2.476	0.745	0.353
y	0.906	0.759	1.601	1.734	0.920
z	1.806	0.896	1.062	1.017	2.267

TAB. 8.1 – Distances en amplitude pour les 5 premiers modes de la déformation de la ligne sous-mandibulaire entre l'atlas et \mathcal{CR} . Si nous tolérons une variation de 2 écarts-types au maximum, nous remarquons que les 1^{er} et 2^e modes en x et le 4^e mode en z sont hors des bornes. Les déformations associées sont considérées comme « anormales ».

Si nous seuillons les valeurs du tableau à 2, c'est-à-dire que nous tolérons une variation de 2 écarts-types au maximum, nous remarquons que les 1^{er} et 2^e modes en x et le 4^e mode en z sont hors des bornes. Les déformations correspondantes peuvent donc être considérées comme « anormales » et caractéristiques de la déformation maxillaire.

Etudions maintenant plus précisément ces déformations « anormales ».

8.2.6 Vers un diagnostic automatique

Nous déformons la ligne sous-mandibulaire moyenne de l'atlas selon le 1^{er} et 2^e mode en x et le 4^e mode en z avec une amplitude multipliée par 3, ce qui va amplifier la déformation pour une meilleure visualisation.

D'après la figure 8.5, nous pouvons conclure :

- le 1^{er} mode en x représente l'élargissement de la mandibule.
- l'effet du 2^e mode en x n'est pas symétrique. En fait, la mâchoire de \mathcal{CR} est légèrement de biais (voir figure 8.1) où \mathcal{CR} est parfaitement de profil au niveau des orbites alors que la mâchoire apparaît décalée. Ce mode est donc caractéristique de la torsion verticale de la mâchoire.
- le 4^e mode en z représente la courbure latérale de la mandibule.

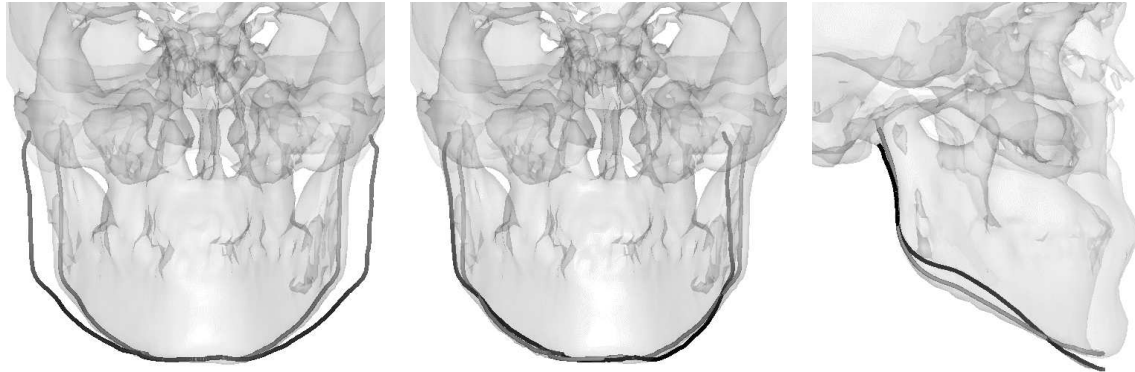


FIG. 8.5 – Les trois déformations fondamentales « anormales ». A gauche, le 1^{er} mode en x qui quantifie la largeur de la mâchoire. Au milieu, le 2^e mode en x qui représente la torsion verticale de la mâchoire. A droite, le 4^e mode en z qui caractérise la courbure latérale.

Ainsi avec seulement 3 paramètres automatiquement détectés, nous pouvons fournir des éléments pour diagnostiquer l'hypoplasie maxillaire et même la quantifier suivant trois symptômes : élargissement, torsion verticale et courbure latérale.

8.2.7 Un « patient virtuel »

Déformons notre crâne normalisé représenté par l'atlas en un crâne atteint d'une hypoplasie aigüe. Pour cela, nous appliquons la déformation définie par les 3 modes mis en valeur ci-dessus à la mandibule de l'atlas avec une amplitude importante pour une meilleure visualisation. Celle-ci devient maintenant fortement prognathe (voir figure 8.6). Remarquons, qu'en augmentant les coefficients d'élargissement, de torsion verticale et de courbure latérale, nous pouvons aggraver la déformation.

Un tel « patient virtuel » pourrait être utile pour :

- l'*enseignement*. En effet, il est quelquefois difficile d'obtenir des images médicales de patients atteints de certaines maladies rares. De surcroît, ils peuvent alors être atteints de plusieurs difformités en même temps, ce qui rend d'autant plus difficile leur reconnaissance et, par là-même, leur enseignement.
- la *simulation*. Nous pouvons imaginer un simulateur de chirurgie cranio-

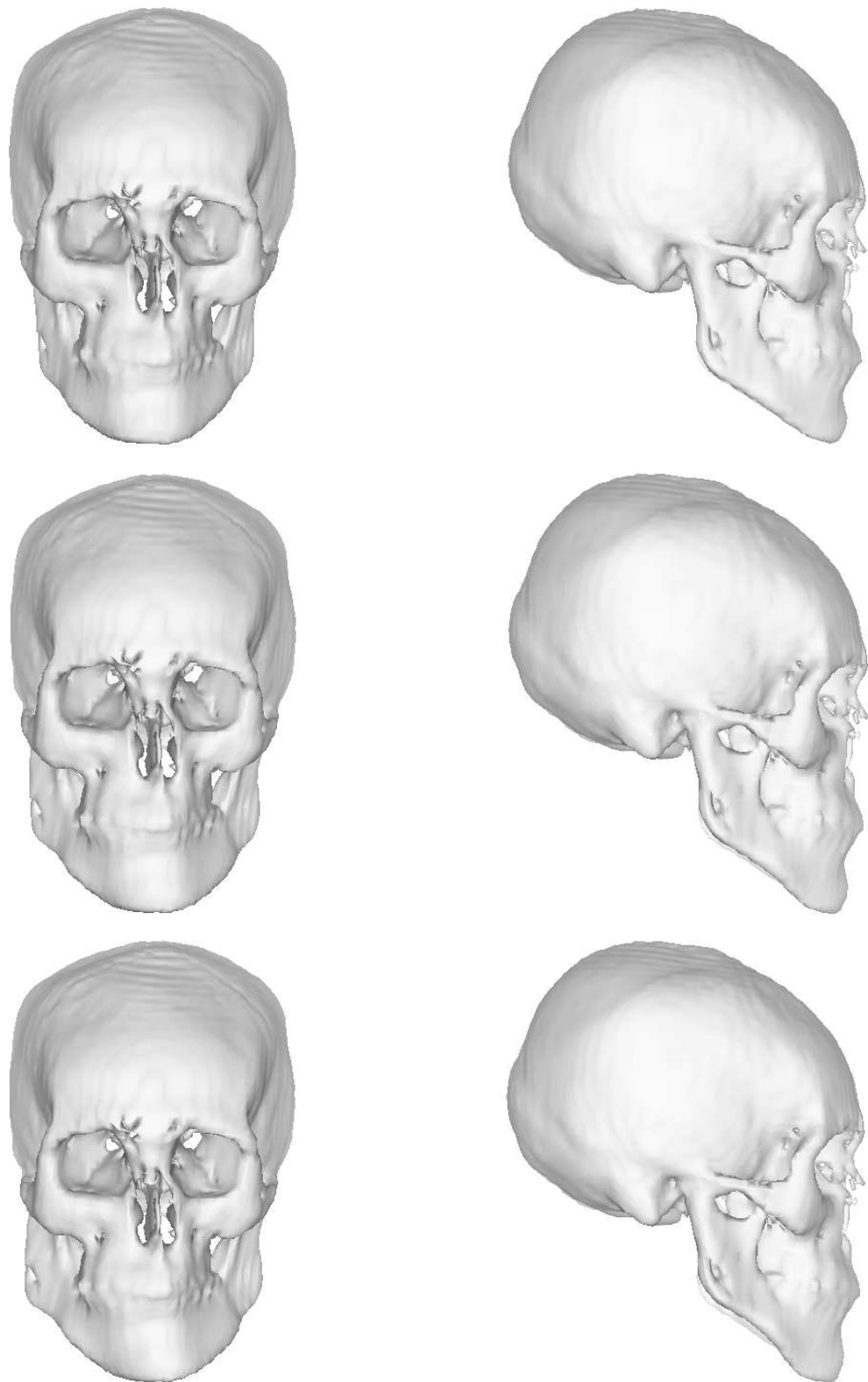


FIG. 8.6 – La surface de l'atlas a été déformée en fonction de seulement 3 paramètres caractérisant l'hypoplasie de la mâchoire. En haut, les paramètres correspondent à l'hypoplasie détectée sur CR ; au milieu, ils ont été multipliés par 2 et en bas, par 3.

faciale où nous pouvons paramétrer en quelques secondes la maladie à opérer et son degré de gravité avec, en plus, la possibilité de superposer plusieurs déformations.

8.2.8 Vers une automatisation de l'opération chirurgicale

La chirurgie craniofaciale peut guérir ce genre de difformités. Il s'agit d'une spécialité de la chirurgie plastique dont le but est de reconstruire le visage afin de traiter les suites de traumatismes accidentels ou de malformations congénitales. Pour cela, le chirurgien découpe des morceaux osseux du crâne pour les repositionner dans une configuration plus « normale » [MR90]. Il s'agit d'opérations délicates qui peuvent être très longues (plus d'une dizaine d'heures pour les cas les plus graves) et impliquer de nombreux spécialistes (plasticiens, neurochirurgiens, ophtalmologistes, dentistes...).

En mettant en correspondance la ligne sous-mandibulaire de \mathcal{CR} avec celle de l'atlas, nous pouvons en déduire le déplacement \mathcal{D} (rotation+translation) qui placerait la mandibulaire dans la position « normale » définie par l'atlas.

Nous pouvons alors simuler les procédures de la chirurgie craniofaciale, la découpe de morceaux osseux - extraction automatique d'une sous-structure - et le repositionnement - application de \mathcal{D} à la sous-structure - (voir figures 8.7 et 8.8).

8.3 Une application neurologique : étude des déformations ventriculaires

8.3.1 Introduction

Nous allons utiliser l'atlas du cerveau pour étudier le cerveau \mathcal{CE}^3 et plus particulièrement ses ventricules cérébraux. En effet, leurs déformations peuvent être caractéristiques de la maladie d'Alzheimer ou d'hydrocéphalie [MPK94].

Le cerveau \mathcal{CE} est celui d'un homme de 65 ans atteint d'une aphasie (perte de la parole ou de la compréhension du langage à la suite d'une lésion du cortex

3. Les données IRM de la tête de résolution 254 coupes de 256×256 pixels nous ont été fournies par le M. Neil Roberts du Centre de Recherche sur la Résonance Magnétique de l'Université de Liverpool (Royaume-Uni).

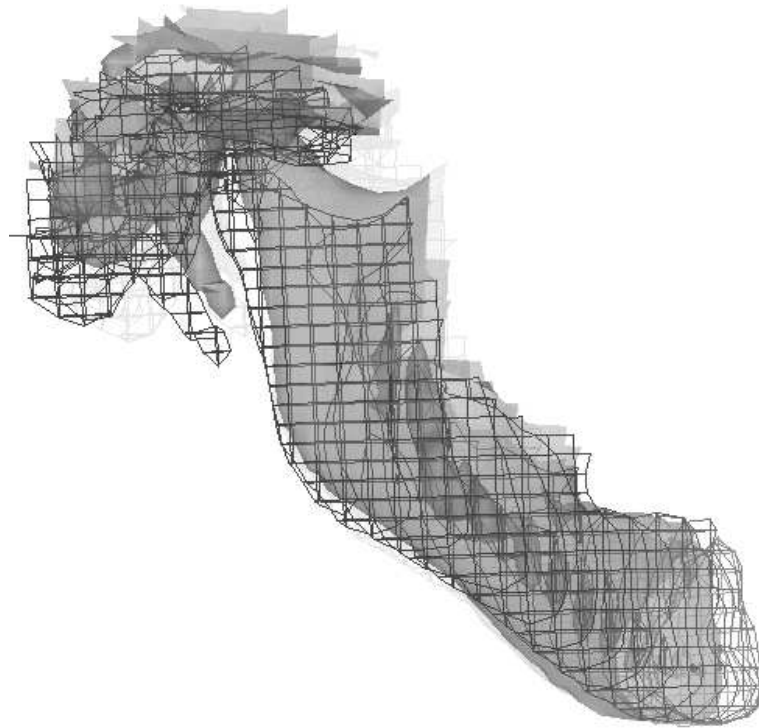


FIG. 8.7 – *La comparaison automatique entre CR et l'atlas permet de repositionner la mandibule afin d'obtenir une forme plus « normale ». La mâchoire dans sa position originale est en opaque alors qu'elle apparaît en fil de fer dans sa nouvelle position. Nous remarquons que le déplacement calculé (rotation et translation) tend à réduire la courbure de la mâchoire.*

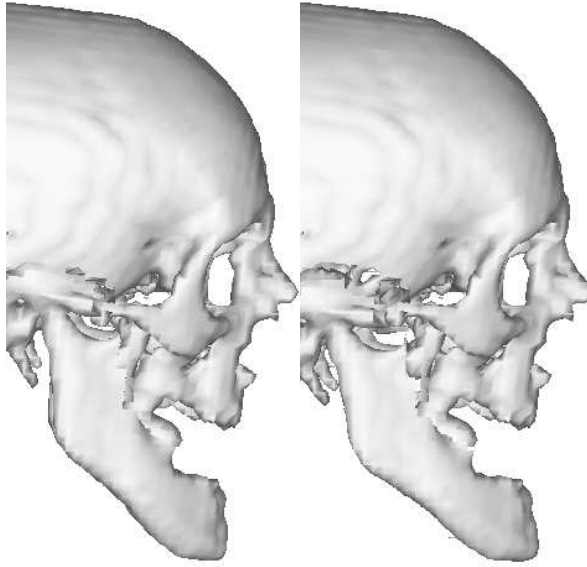


FIG. 8.8 – L'« opération » permet d'obtenir une face moins enfoncée. A gauche, le crâne avant l'« opération », à droite, après.

cérébral) progressive. Une inspection qualitative des images IRM a révélé une atrophie de l'hémisphère gauche dans les lobes frontaux⁴.

Après une segmentation automatique par des outils de morphologie mathématique et de seuillage, nous obtenons la surface cérébrale présentée dans la figure 8.9.

Remarquons que le cerveau est dans une position très relevée et que la moelle épinière est très courte.

8.3.2 Etiquetage automatique

Nous extrayons les lignes de crête en utilisant le schéma multiéchelle simplifié (avec des coefficients de lissage de 1,5 et 4,5).

Nous mettons alors en correspondance les lignes de l'atlas du cerveau avec celles de \mathcal{CE} . Nous pouvons ensuite propager l'étiquetage de l'atlas à \mathcal{CE} afin d'identifier certaines structures, en particulier les ventricules cérébraux latéraux.

Malgré, d'une part, le faible nombre de lignes de l'atlas et, d'autre part,

4. Ces observations nous ont été fournies par le M. Mark Doran, neurologue au Centre Walton de Neurologie et de Neurosciences de Liverpool.

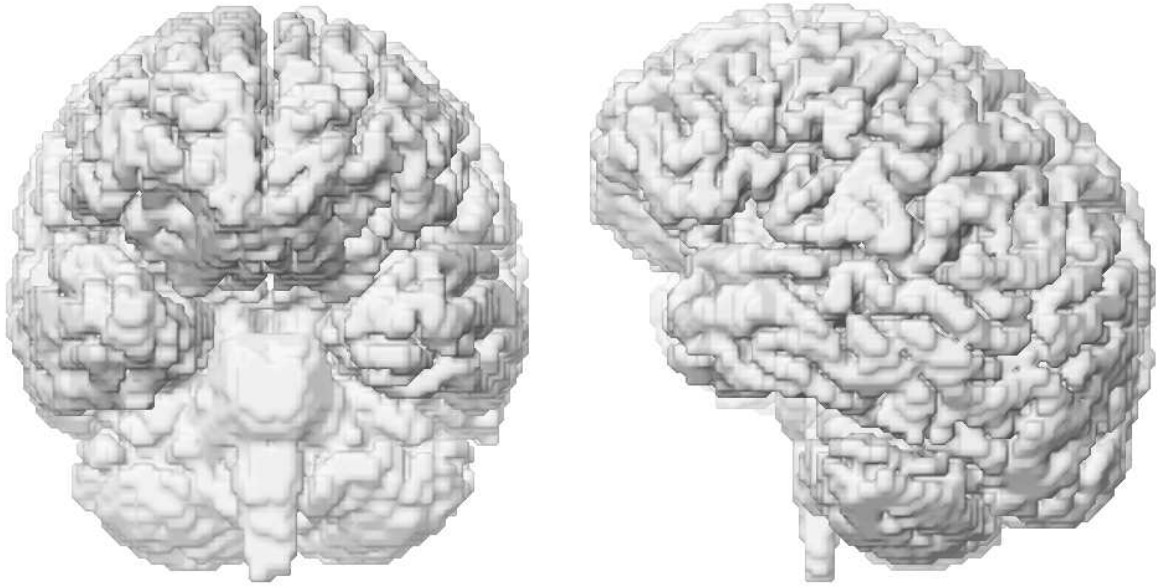


FIG. 8.9 – La surface corticale du cerveau \mathcal{CE} automatiquement segmentée.

les fortes différences géométriques entre l'atlas et les données, l'étiquetage de la moelle épinière, des ventricules cérébraux latéraux et de la première circonvolution latérale gauche est correct (voir figure 8.10).

Les ventricules apparaissent dissymétriques : le gauche étant beaucoup plus gros que le droit. Cela est particulièrement bien souligné par les lignes de crête.

8.3.3 Extraction automatique d'une sous-structure

A partir des positions des lignes de crête étiquetées LVE et RVE, nous pouvons extraire les surfaces des ventricules sur \mathcal{CE} et l'atlas.

D'autre part, à partir des appariements de points trouvés pendant la mise en correspondance de lignes, nous pouvons appliquer une transformation rigide et homothétique à \mathcal{CE} pour le placer dans le même repère que celui de l'atlas. Les différences entre \mathcal{CE} et l'atlas ont maintenant une signification anatomique.

Dans la figure 8.11, la dissymétrie semble confirmée. Par contre, nous découvrons que les ventricules de \mathcal{CE} sont beaucoup plus volumineux que ceux de l'atlas.

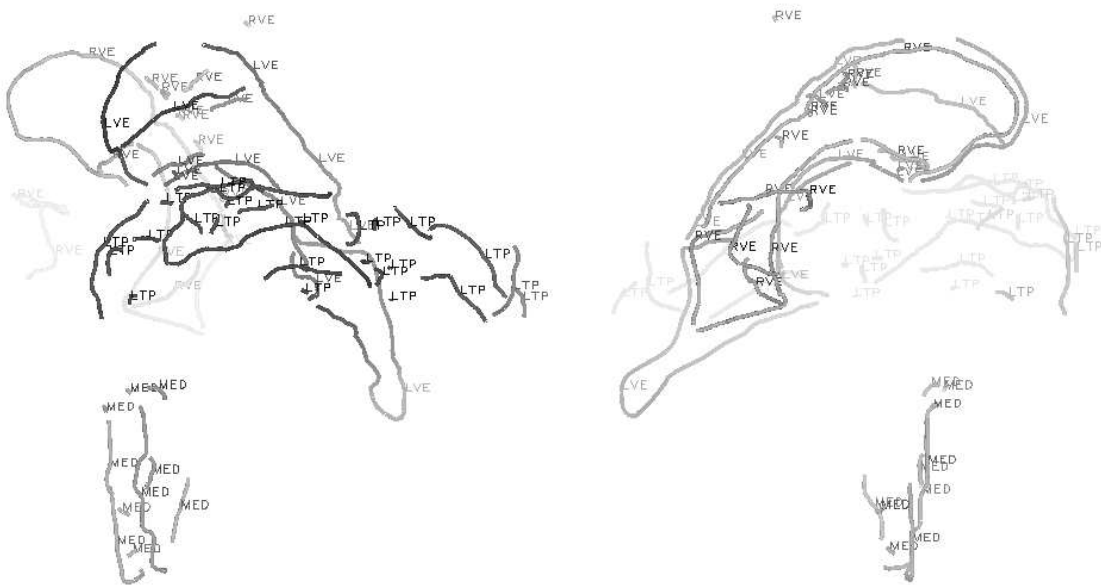


FIG. 8.10 – Certaines lignes de CE ont été automatiquement étiquetées grâce à la mise en correspondance avec l'atlas. Nous reconnaissons les ventricules cérébraux latéraux gauche (LVE) et droit (RVE) ainsi que la première circonvolution latérale gauche (LTP) et la moelle épinière (MED). Remarquons comme le ventricule droit semble plus petit que le gauche.

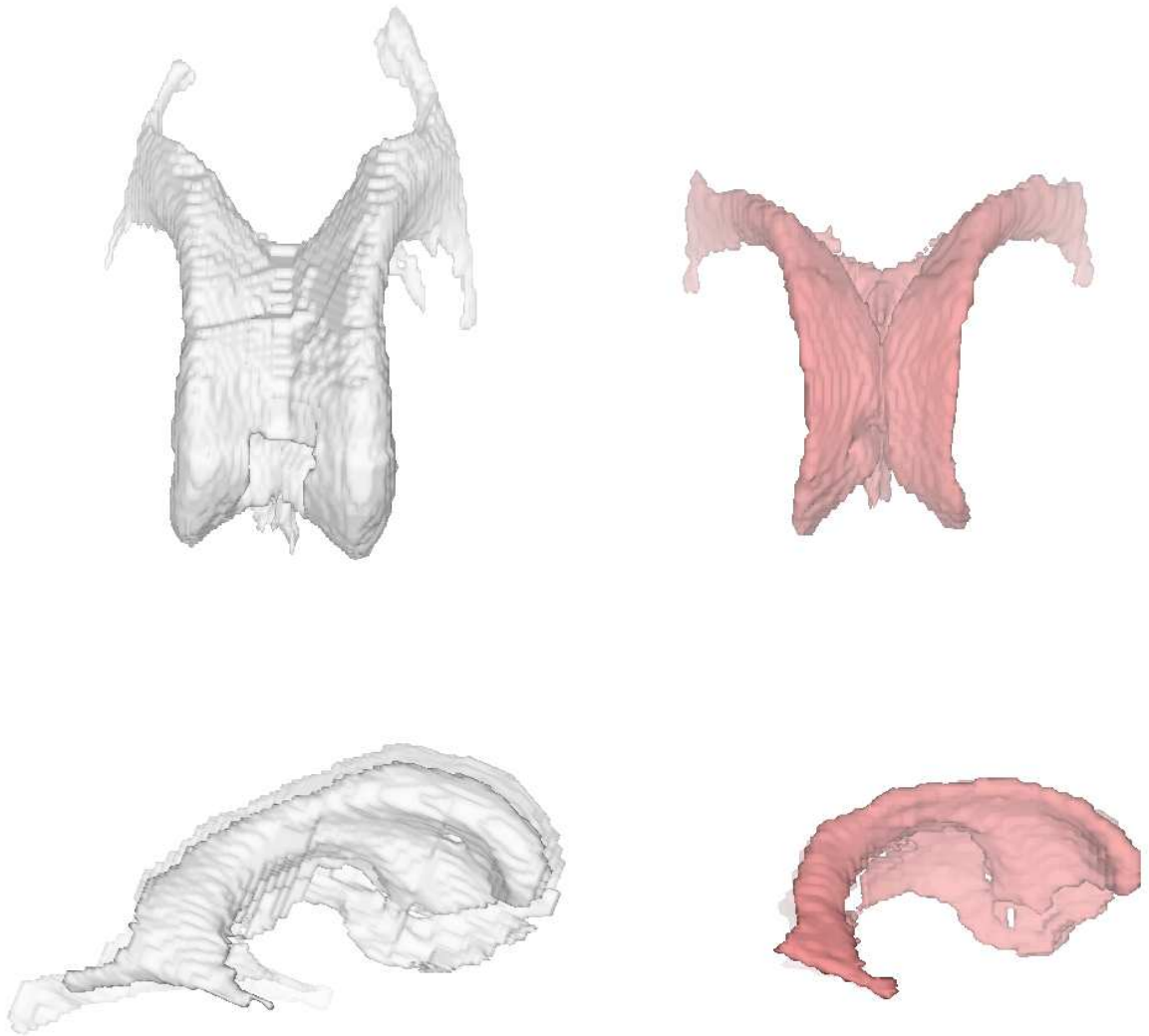


FIG. 8.11 – *Extraction automatique des surfaces des ventricules latéraux de CE (à gauche) et de l'atlas (à droite) qui sont présentées dans le même repère. Les ventricules de CE apparaissent, d'une part, bien plus volumineux que ceux de l'atlas et, d'autre part, nettement dissymétriques.*

8.3.4 Analyse morphométrique

Les lignes de crête de l'atlas sont au nombre de 3 pour le ventricule gauche et 3 pour le ventricule droit. Nous avons vu précédemment que, dans l'atlas, elles étaient très symétriques.

Nous allons analyser les déformations de ces 3 paires de lignes de l'atlas vers leurs correspondantes dans \mathcal{CE} . Nous calculons les 5 premiers modes de déformation pour les axes x , y et z .

Les déformations considérées comme anormales seront celles qui dépassent la valeur 3, c'est-à-dire qui sont à plus de 3 écarts-types de la moyenne. Nous les présentons dans les tableaux suivants 8.2, 8.3 et 8.4.

Au vu de ces résultats, nous pouvons conclure :

- Si nous excluons le mode 0 de translation, nous remarquons combien les déformations « anormales » sont symétriques. Dans 10 cas sur 16, l'amplitude du mode dépasse 3 en même temps pour le ventricule gauche et droit. Ceci montre que les deux ventricules sont « atteints » par des déformations.
- Les déformations « anormales » en y et en z ont le même signe. Elles sont donc orientées dans le même sens.
- Par contre, les déformations « anormales » en x sont de signe opposé. Elles sont donc inversées.
- Le ventricule gauche semble plus déformé car il contient plus de modes « anormaux » que le droit, 16 contre 11.
- D'un point de vue quantitatif, il est assez difficile de comparer deux amplitudes sur des lignes similaires de LVE et RVE. Par exemple, le mode 2 z de la première ligne de LVE est plus faible que son correspondant sur RVE mais la présence d'un mode 0 assez fort peut rendre la déformation globale (mode 0 + mode 2) plus importante que sur RVE.

Si nous ne considérons que le premier mode de la déformation, nous pouvons remarquer qu'excepté la déformation en y sur la deuxième ligne, toutes les amplitudes sont largement supérieures pour LVE. Les deux ventricules cérébraux seraient donc bien dissymétriques avec un ventricule gauche plus déformé.

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
LVE x	0.0	-5.125	0.0	0.0	0.0
RVE x	0.0	+4.368	0.0	0.0	4.723
LVE y	-3.687	+8.667	0.0	0.0	-5.081
RVE y	0.0	+8.336	0.0	0.0	-5.233
LVE z	+4.429	0.0	-3.731	0.0	0.0
RVE z	0.0	0.0	-5.590	0.0	0.0

TAB. 8.2 – Distances en amplitude pour les 5 premiers modes de la déformation du premier couple de lignes ventriculaires équivalentes (gauche : LVE, droit : RVE).

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
LVE x	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
RVE x	-4.628	0.0	+4.156	0.0	0.0
LVE y	0.0	0.0	0.0	+4.984	-5.039
RVE y	0.0	0.0	0.0	+4.362	+5.430
LVE z	+3.632	0.0	-6.736	0.0	0.0
RVE z	0.0	0.0	-3.355	0.0	+3.692

TAB. 8.3 – Distances en amplitude pour les 5 premiers modes de la déformation du deuxième couple de lignes ventriculaires équivalentes (gauche : LVE, droit : RVE).

	Mode 0	Mode 1	Mode 2	Mode 3	Mode 4
LVE x	0.0	+4.904	0.0	-4.510	0.0
RVE x	0.0	0.0	0.0	+3.111	0.0
LVE y	0.0	5.191	-4.095	+4.763	+5.053
RVE y	0.0	0.0	0.0	+3.282	+15.504
LVE z	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0
RVE z	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0

TAB. 8.4 – Distances en amplitude pour les 5 premiers modes de la déformation du troisième couple de lignes ventriculaires équivalentes (gauche : LVE, droit : RVE).

8.3.5 Vers un diagnostic automatique

Essayons de mieux comprendre ces déformations « anormales ». Pour cela, nous les appliquons aux lignes de l'atlas et nous les comparons aux données du patient. Nous pouvons voir dans les figure 8.12, 8.13, 8.14 et 8.15 que les déformations « anormales » modélisent correctement les principales déformations entre l'atlas et les données.

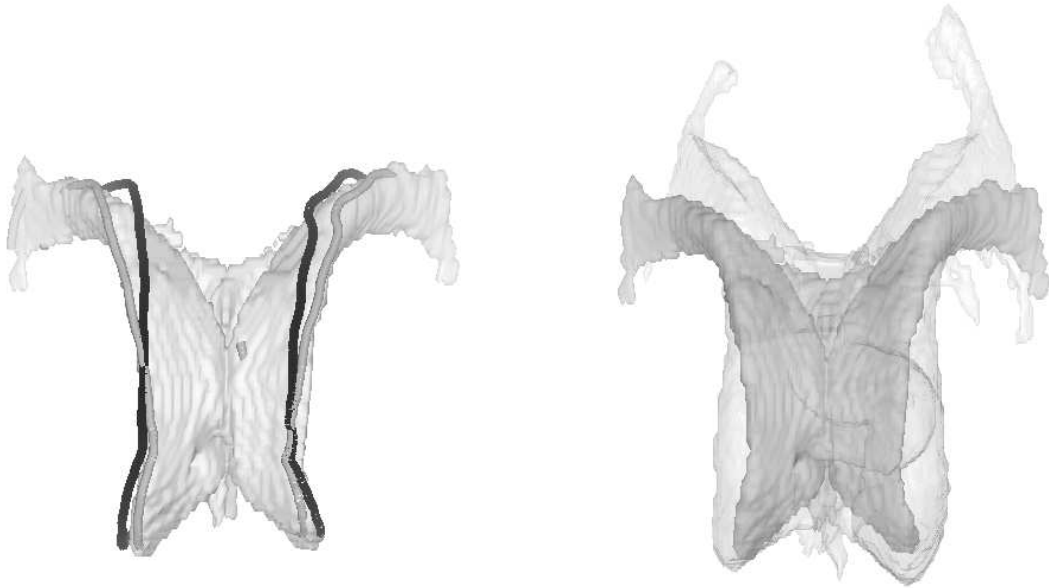


FIG. 8.12 – A gauche, les lignes de l'atlas (en clair) sont déformées (en noir) en fonction des modes « anormaux » suivant la direction x (2 paramètres pour LVE, 5 pour RVE). A droite : les données du patient sont superposées (en transparent) sur la surface de l'atlas.

Nous allons maintenant étudier plus spécifiquement les 3 modes les plus importants (hors translation) $1x$, $1y$ et $2z$ de la plus longue ligne ventriculaire (voir tableau 8.2). Pour cela, nous appliquons à la ligne de l'atlas chacun des 3 modes et nous pouvons visualiser le résultat dans la figure 8.16.

Nous remarquons alors que :

- Le paramètre $1x$ modélise la courbure horizontale.
- Le paramètre $1y$ mesure le grossissement vertical.
- Le paramètre $2z$ quantifie l'allongement longitudinal.

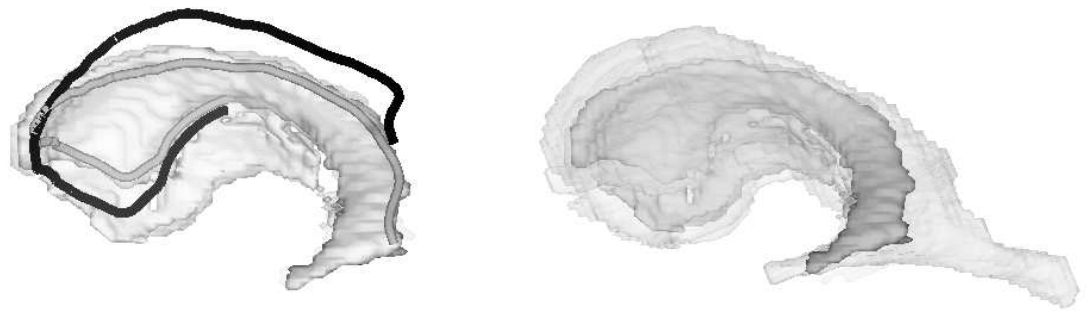


FIG. 8.13 – A gauche, les lignes de l'atlas (en clair) sont déformées (en noir) en fonction des modes « anormaux » suivant la direction y (9 paramètres pour LVE, 6 pour RVE). A droite : les données du patient sont superposées (en transparent) sur la surface de l'atlas.



FIG. 8.14 – A gauche, les lignes de l'atlas (en clair) sont déformées (en noir) en fonction des modes « anormaux » suivant la direction y (9 paramètres pour LVE, 6 pour RVE). A droite : les données du patient sont superposées (en transparent) sur la surface de l'atlas. Remarquons combien le ventricule droit est plus petit que le gauche.



FIG. 8.15 – A gauche, l'atlas est déformé en fonction des modes « anormaux » suivant la direction z (4 paramètres pour LVE, 2 pour RVE). A droite : les données du patient. Le ventricule droit apparaît plus court que le gauche.

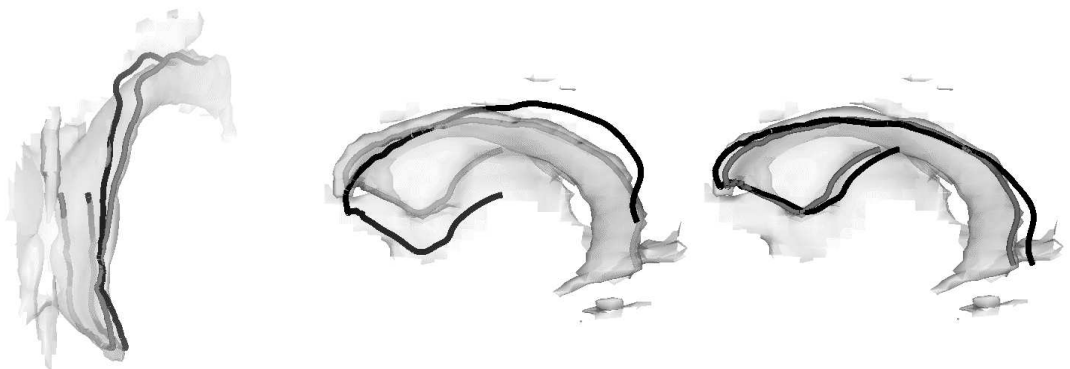


FIG. 8.16 – Trois déformations « anormales » de la principale ligne ventriculaire automatiquement détectées. A gauche, 1x courbure horizontale. Au milieu, 1y grossissement vertical. A droite, 2z allongement longitudinal.

La dissymétrie est particulièrement visible dans le mode $1y$ même si elle n'apparaît pas dans le mode $2z$ à cause de la présence du mode 0 sur LVE.

En conclusion, les amplitudes de ces 3 modes pourraient nous renseigner sur la gravité de la déformation des ventricules cérébraux.

8.4 Etude et simulation de la croissance de la tête d'un enfant

8.4.1 Introduction

Nous souhaitons étudier la croissance de la tête d'un jeune garçon à partir de 3 scanographies⁵ prises à l'âge de 1 mois (\mathcal{C}_1), 8 mois (\mathcal{C}_2) et 4 ans (\mathcal{C}_3). Ce dernier est atteint du syndrome d'Apert [KMC⁺93] qui se caractérise, entre autres, par une déformation du haut de la tête.

8.4.2 Etiquetage automatique

Sur les 3 crânes, nous extrayons les lignes de crête que nous filtrons par un filtrage par hystérésis. Nous alignons les centres de gravité des ensembles de lignes et nous les ramenons à la même échelle en utilisant leurs hauteurs minimale et maximale.

Puis, nous mettons en correspondance les lignes de \mathcal{C}_1 avec \mathcal{C}_2 et celles de \mathcal{C}_2 avec \mathcal{C}_3 dans les deux sens. Nous cherchons alors les lignes communes. Nous trouvons 121 sous-ensembles de lignes communes et nous pouvons visualiser figure 8.18 celles que nous avons préalablement étiquetées sur \mathcal{C}_3 .

Cet étiquetage permettrait d'étudier des sous-structures, en particulier pour chercher des repères anatomiques invariants au cours de la croissance.

D'autre part, les lignes de crête soulignent bien la soudure des lignes orbitales : alors que la ligne orbitale est en deux parties dans \mathcal{C}_1 , elle se soude en une seule partie dans \mathcal{C}_2 et \mathcal{C}_3 .

5. Les données scanographiques de la tête du jeune garçon à l'âge de 1 mois, 8 mois et 4 ans de résolution 250 coupes de 256×256 pixels nous ont été fournies par le Pr. Sven Kreiborg de l'Ecole d'Orthodontie de l'Université de Copenhague (Danemark) et Morten Bro-Nielsen du 3D-Lab de Copenhague.

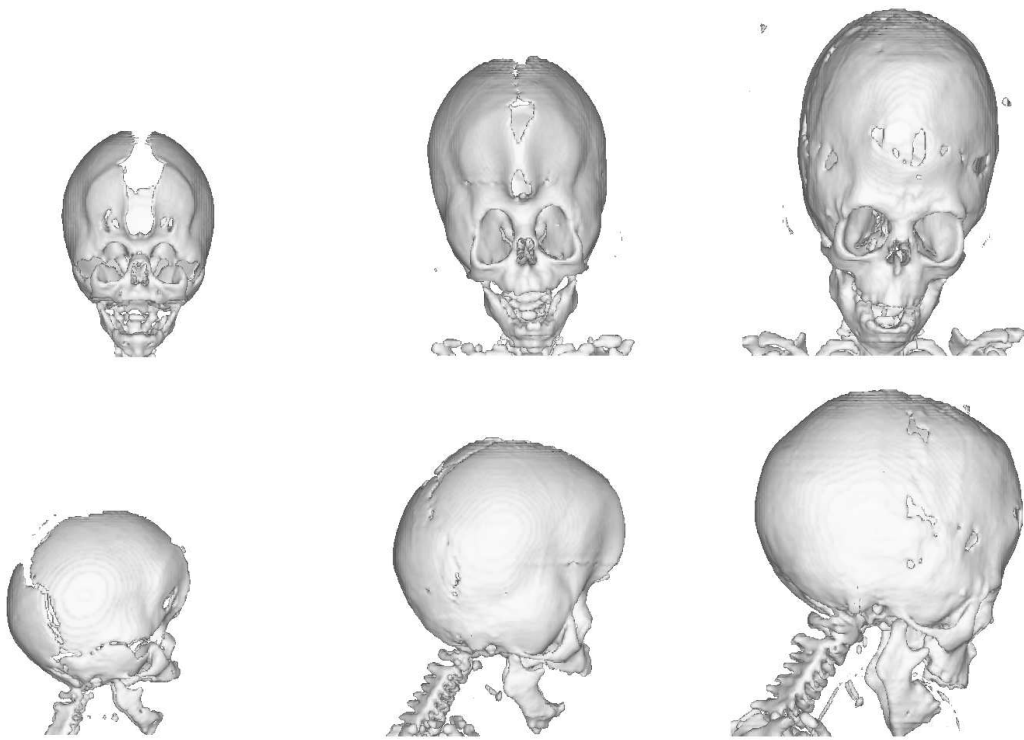


FIG. 8.17 – Développement du crâne d'un enfant (1 mois, 8 mois, 4 ans). Ce dernier est atteint du syndrome d'Apert qui se caractérise, entre autres, par une déformation du haut de la tête. Remarquons aussi les très importantes différences de taille dues à la croissance.

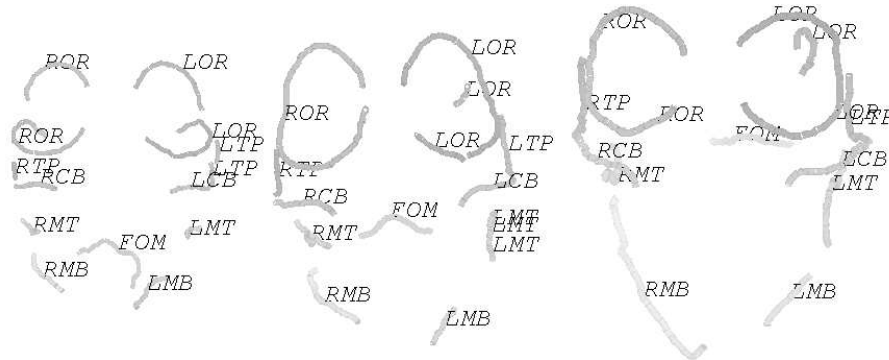


FIG. 8.18 – *Etiquetage automatique des 3 crânes (à gauche, C_1 ; au milieu, C_2 ; à droite, C_3). Il va alors être possible d'étudier le développement de chaque sous-structure. Remarquons que la soudure des lignes orbitales est bien visible.*

8.4.3 Recalage dans un repère normalisé

Nous pouvons utiliser les appariements de points trouvés lors de la mise en correspondance des lignes pour appliquer une transformation rigide et homothétique à C_1 et C_3 pour les mettre dans le même repère que C_2 (voir figure 8.19).

Nous pouvons alors comparer les 3 crânes car les différences ont maintenant une signification morphologique. Nous voyons, en particulier, nettement la soudure des parties osseuses des orbites et du front.

8.4.4 Simulation de la croissance

Comme les images précédentes sont statiques, nous avons du mal à imaginer les déformations dues à la croissance. Aussi, proposons-nous d'interpoler des images entre les crânes C_1 et C_2 afin de recréer une évolution *dynamique* entre le 1^{er} et le 8^e mois.

Pour cela, nous utilisons les appariements des points entre C_1 et C_2 obtenus lors des précédentes mises en correspondance de lignes. Nous pouvons calculer les transformations splines \mathcal{T}_1 et \mathcal{T}_2 qui superposent respectivement C_1 sur C_2 et C_2 sur C_1 .

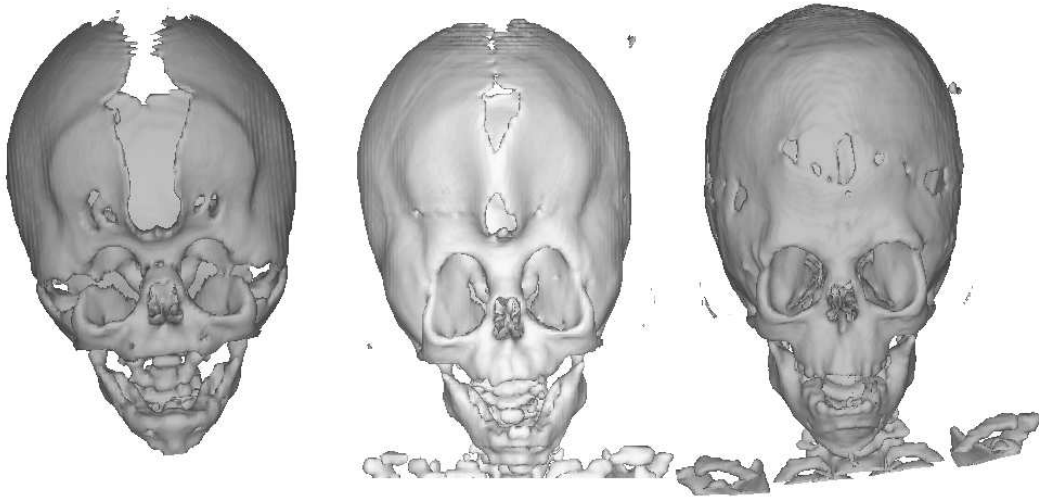


FIG. 8.19 – Les 3 crânes dans le même repère. Leurs comparaisons mettent en valeur les différences morphologiques dues à la croissance.

Une transformation spline est définie par ses points de contrôle. Nous pouvons interpoler linéairement les positions des points de contrôle entre ceux de la spline égale à l'identité et ceux déterminant \mathcal{T}_1 (ce qui correspond à $\mathcal{C}_1 \rightarrow \mathcal{C}_2$) ou entre l'identité et \mathcal{T}_2 ($\mathcal{C}_2 \rightarrow \mathcal{C}_1$).

Ainsi, nous pouvons créer toutes les transformations intermédiaires que nous souhaitons et les appliquer à \mathcal{C}_1 ou \mathcal{C}_2 . Dans les figures 8.20 et 8.21, nous visualisons ce que pourrait être le crâne de l'enfant à 2 mois et 3 semaines, 4 mois et demi, 6 mois et une semaine. Les deux premières images interpolées ont été obtenues par interpolation de \mathcal{T}_1 appliquée à \mathcal{C}_1 , les deux suivantes à partir de \mathcal{T}_2 appliquée à \mathcal{C}_2 .

Remarquons que nous avons supprimé la composante rigide de la déformation de \mathcal{C}_1 vers \mathcal{C}_2 afin de mieux voir l'évolution due à la croissance.

Quand nous visualisons dynamiquement la simulation, nous nous rendons compte que l'évolution du massif frontal semble isotrope alors que celle du haut du crâne a une composante verticale plus importante. Le mouvement de suture frontale est bien visible et nous voyons les deux parois se rapprocher sur les deux premières images interpolées même si elles ne fusionnent pas complètement. En fait, cela impliquerait un changement de topologie de \mathcal{C}_1 qu'une simple transformation spline ne peut prendre en compte.

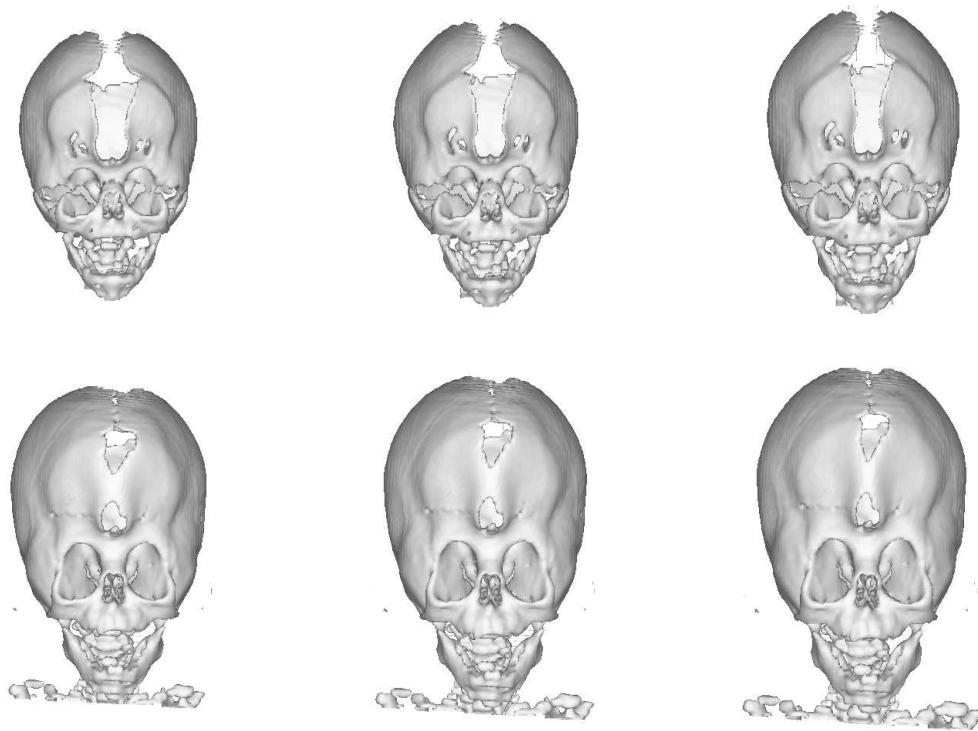


FIG. 8.20 – *Simulation de la croissance du crâne: 1 mois (C_1), 2 mois et 2 semaines, 3 mois et 3 semaines, 5 mois, 6 mois et 2 semaines, 8 mois (C_2).*

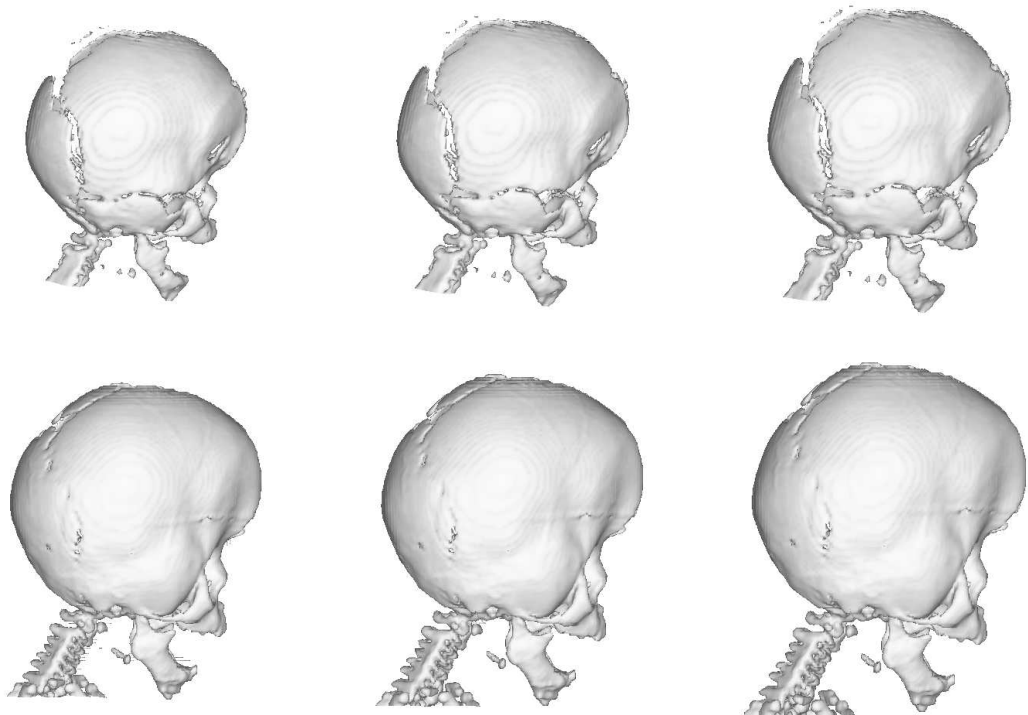


FIG. 8.21 – *Simulation de la croissance du crâne : 1 mois (C_1), 2 mois et 2 semaines, 3 mois et 3 semaines, 5 mois, 6 mois et 2 semaines, 8 mois (C_2).*

Bien entendu, il resterait à valider médicalement cette expérience, par exemple en comparant les images interpolées avec de réelles images scanographiques. Précisons que nous n'avons trouvé aucune référence bibliographique sur un tel sujet.

Peut-être, faudrait-il prendre des interpolations plus complexes. En effet, la linéarité que nous avons choisie impose une croissance régulière entre 1 et 8 mois.

Une telle simulation permettrait d'étudier précisément les schémas et les lois de croissance. C'est aussi ce que conclut [TTP96] en proposant de calculer une transformation volumique entre deux états pour étudier la morphogenèse du cerveau.

8.4.5 Effet sur le visage

En fait, nous pouvons aussi extraire les visages du patient par un simple seuillage sur l'intensité des images scanographiques. Nous avons alors essayé de simuler la croissance du visage en appliquant les transformations volumiques utilisées pour la simulation de la croissance du crâne. Nous faisons ainsi l'hypothèse que les déformations de la peau sont directement reliées à celles de l'os.

Nous obtenons les résultats visualisés dans les figures 8.22 et 8.23.

Nous pouvons remarquer que la simulation de visage à 8 mois se rapproche globalement du visage réel malgré les très fortes disparités de taille et d'orientation qui existent entre les deux crânes. En particulier, les proportions des «bosses» sont correctes.

Cependant, la soudure frontale est modélisée comme un rapprochement des deux morceaux du crâne, ce qui induit un pincement au niveau de la peau. En réalité, la soudure s'effectue par une croissance osseuse sous la peau, ce qui ne la déforme donc pas.

D'autre part, il n'y pas de lignes de crête appariées sur le dessus du crâne aussi la déformation n'est calculée qu'à partir des contraintes de régularisation, ce qui n'est, bien entendu, pas suffisant pour extrapoler la forme correcte.

8.5 Mise en correspondance avec un atlas du cerveau

Dans ce paragraphe, nous avons souhaité avec Jérôme Declerck étudier plus spécifiquement le recalage géométrique de deux cerveaux fondé sur la mise en

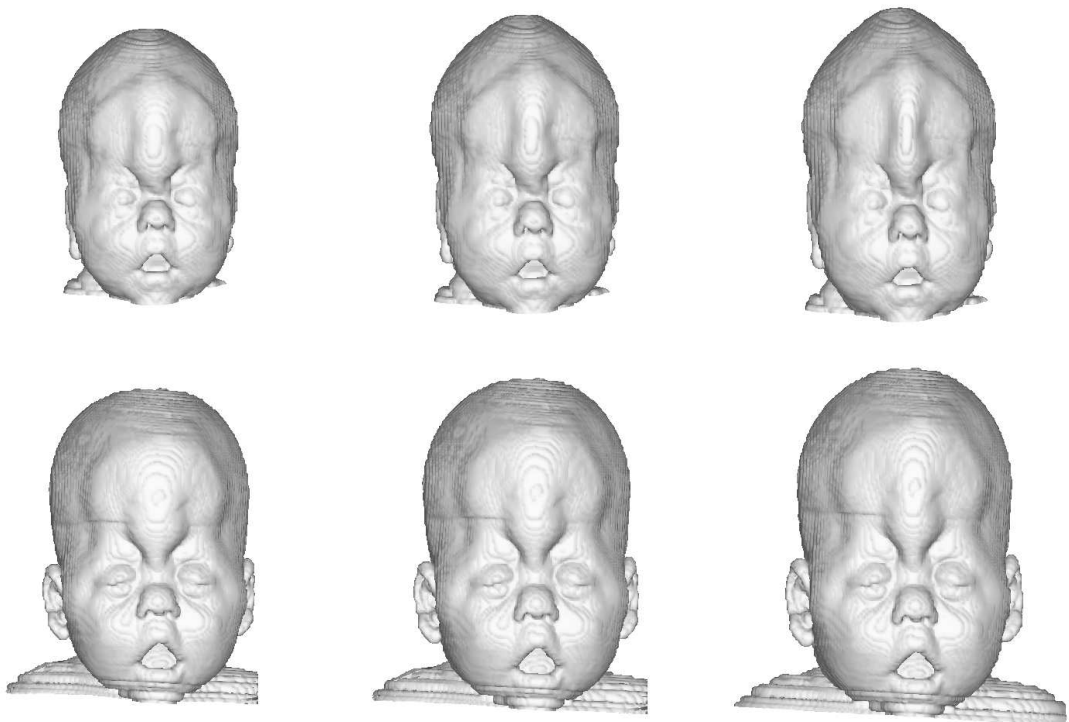


FIG. 8.22 – *Simulation de la croissance du visage: 1 mois (réel), 2 mois et 2 semaines, 3 mois et 3 semaines, 5 mois, 6 mois et 2 semaines, 8 mois (réel).*

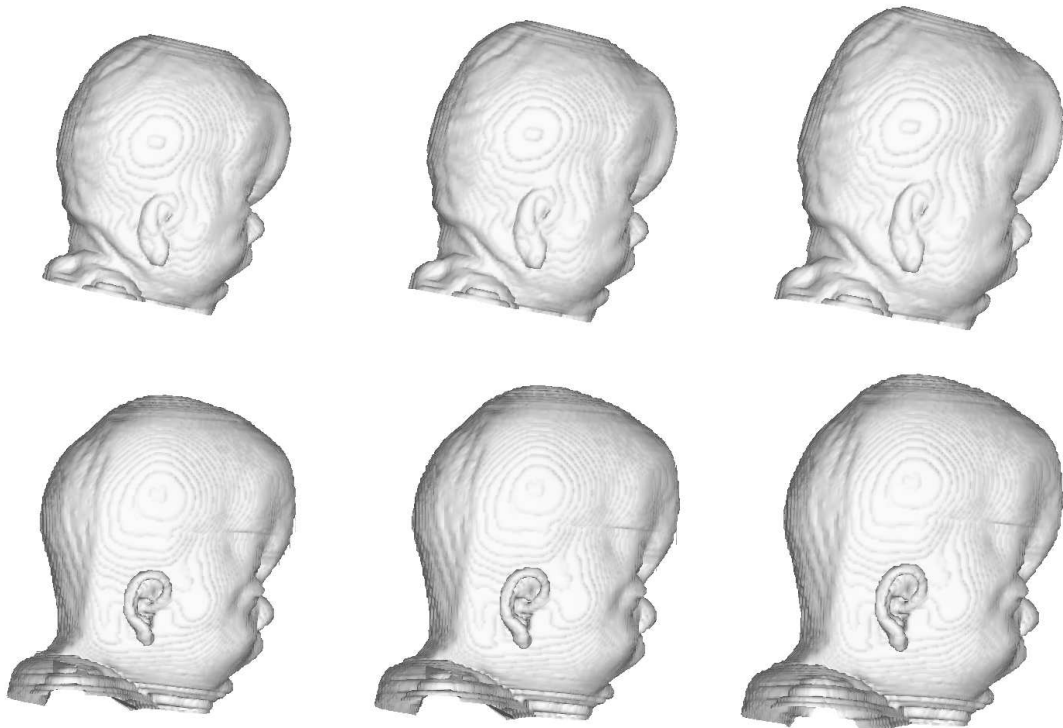


FIG. 8.23 – *Simulation de la croissance du visage : 1 mois (réel), 2 mois et 2 semaines, 3 mois et 3 semaines, 5 mois, 6 mois et 2 semaines, 8 mois (réel).*

correspondance par lignes de crête.

Pour cela, nous disposons de deux images de deux cerveaux différents obtenues par IRM (dans l'exemple suivant, case1 et case9). Le second cerveau qui servira de référence et d'atlas a été segmenté manuellement en une vingtaine de sous-structures dont les ventricules cérébraux latéraux. Nous appliquons alors le schéma suivant :

- Calcul des lignes de crête sur le cerveau de référence et du patient.
- Mise en correspondance des deux ensembles de lignes.
- Utilisation des appariements de points issus de la mise en correspondance entre les lignes pour calculer une transformation spline volumique qui superpose les deux cerveaux.

La surface corticale et les ventricules cérébraux latéraux (voir figure 8.24 et 8.25) ont été correctement recalés dans l'image du patient malgré la dispersion des points des lignes de crête. Cela montre que ces dernières peuvent être considérées comme de bons repères.

D'après [TTP96], lors de la morphogenèse du cerveau, la localisation des structures internes dépend fortement de celle de la surface corticale et des ventricules. Nous pouvons donc penser qu'en se fondant sur des repères situés sur les ventricules et la surface corticale, nous pourrions aussi recalculer les structures internes du cerveau (voir le recalage du thalamus dans la figure 8.26). Néanmoins, cela reste encore à vérifier.

Nous présentons dans la figure 8.27 des résultats tridimensionnels qui montrent que la surface corticale et les ventricules cérébraux du cerveau de référence sont globalement correctement déformés vers les données du patient. Néanmoins, les défauts de recalage se perçoivent nettement plus difficilement que sur les coupes où l'œil peut distinguer des défauts de seulement quelques pixels.

8.6 Une application en cardiologie : étude du mouvement cardiaque

8.6.1 Introduction

L'étude du battement cardiaque et, en particulier, des déformations du ventricule gauche [Roc90] [HH88], est très utile pour le diagnostic. En effet, les zones

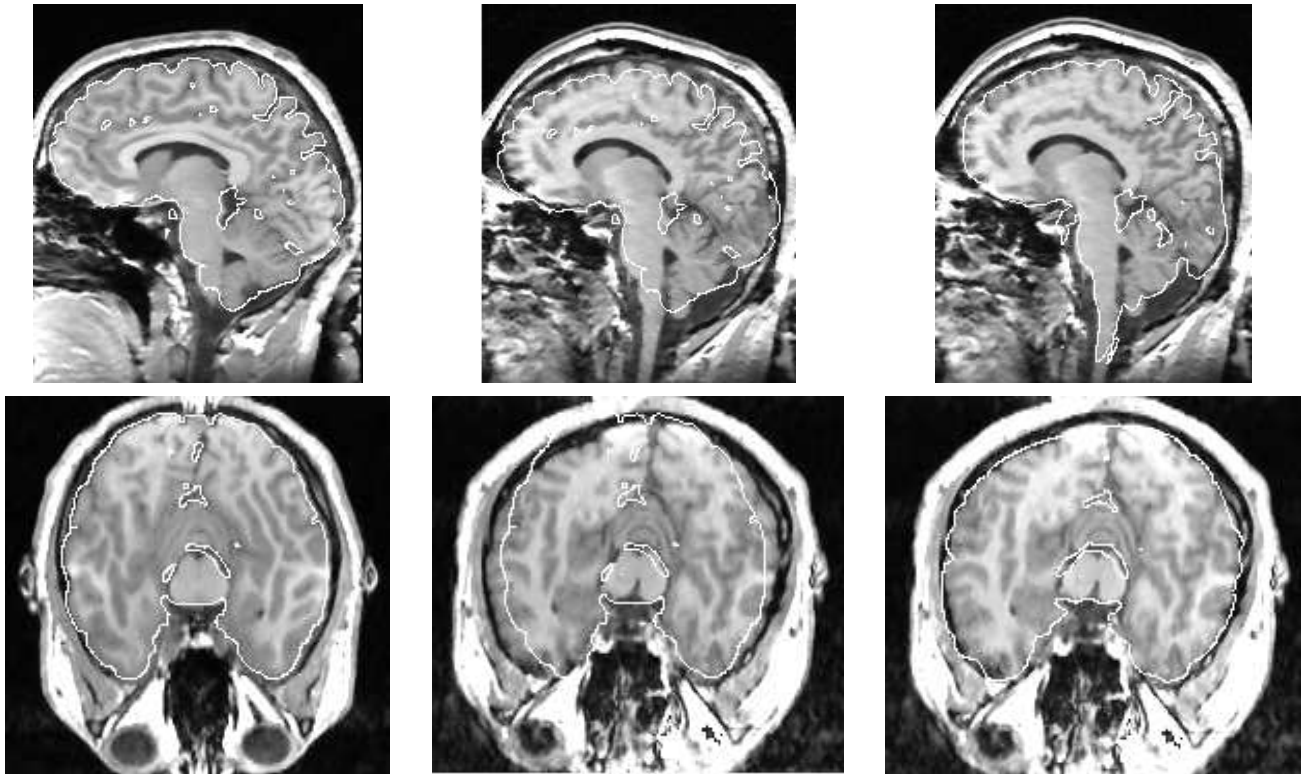


FIG. 8.24 – *A gauche, une coupe de l'image de référence avec la surface corticale. Au milieu, la coupe de même hauteur de l'image du patient. Nous remarquons le décalage important. A droite, après application de la transformation volumique, les contours de la surface corticale de référence sont correctement recalés sur ceux de l'image du patient.*

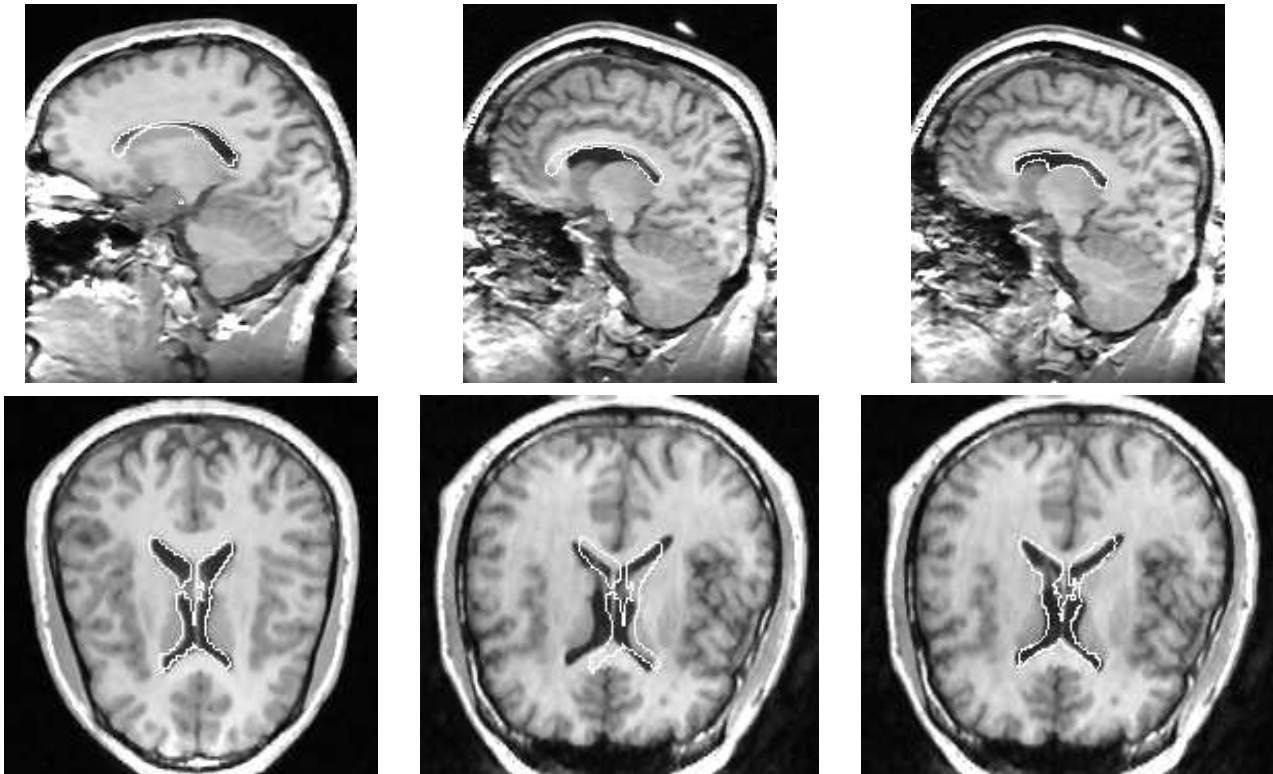


FIG. 8.25 – A gauche, une coupe de l'image de référence avec le contour des ventricules cérébraux. Au milieu, la coupe de même hauteur de l'image du patient. Nous remarquons le décalage important. A droite, après application de la transformation volumique, les contours des ventricules latéraux de référence sont correctement superposés sur ceux de l'image du patient.

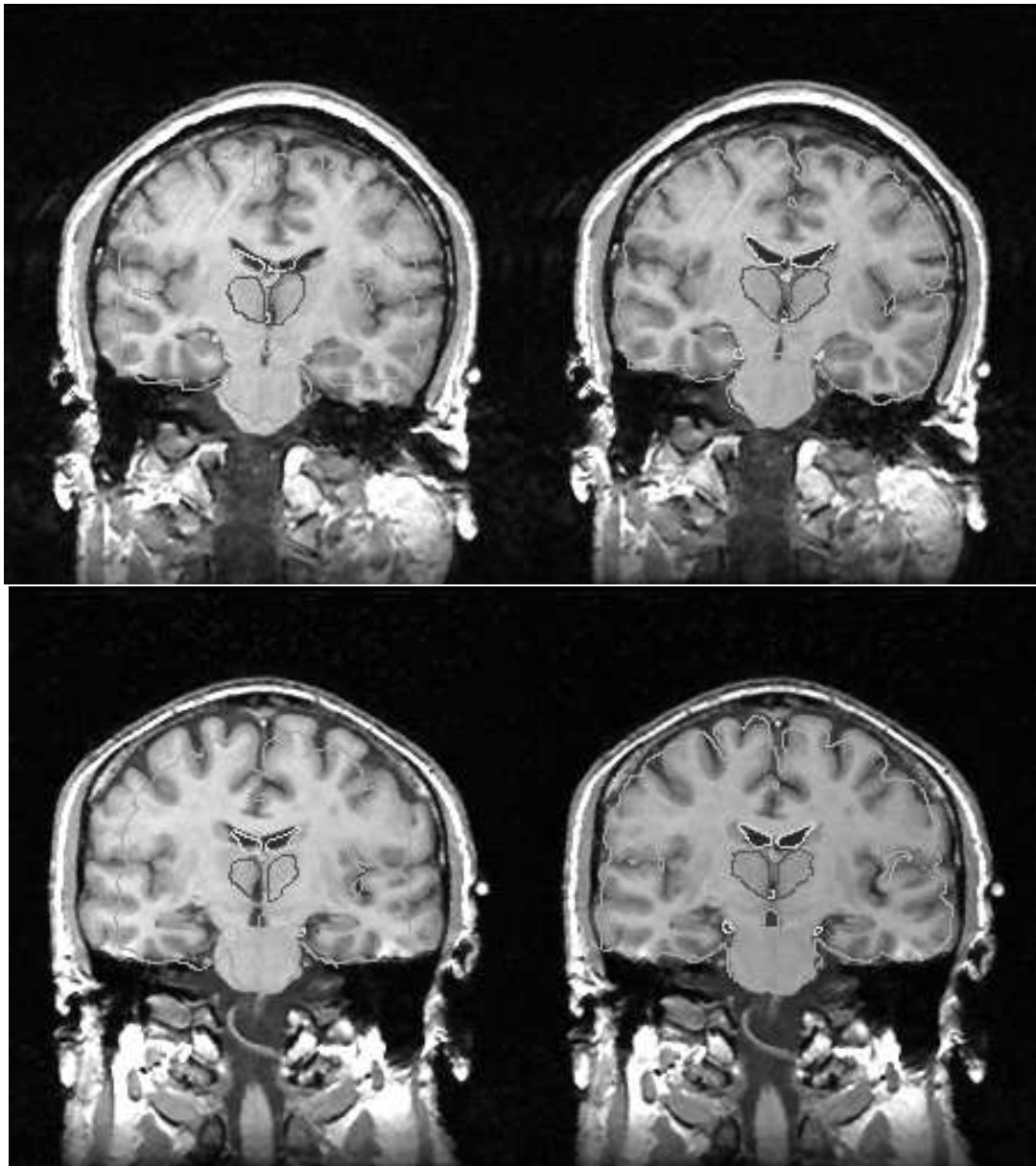


FIG. 8.26 – A gauche, le thalamus (en noir) du cerveau de référence plaqués sur les images case2 et case4. A droite, après la mise en correspondance fondée sur les lignes de crête de la surface corticale et des ventricules, le thalamus semble recalé correctement.

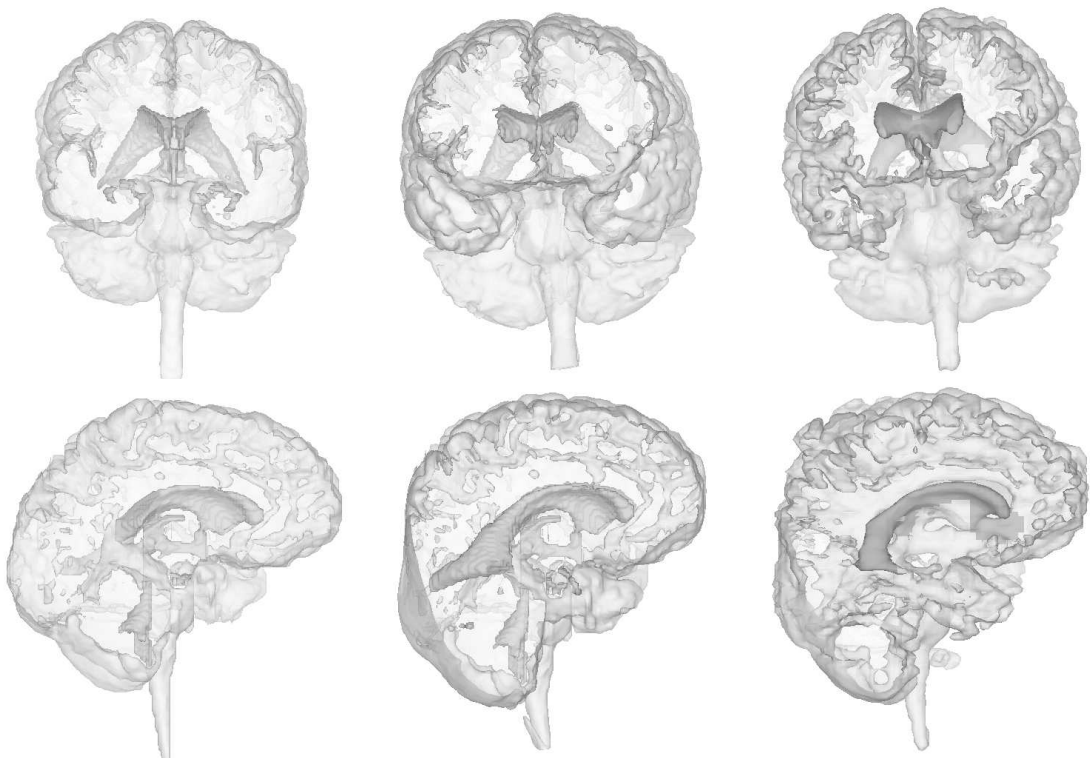


FIG. 8.27 – A gauche, la surface corticale et les ventricules cérébraux du cerveau de référence. Au milieu, après la déformation volumique. A droite, le cerveau du patient.

saines du cœur ont un mouvement stable [SRC⁺95] alors que les zones infarctées ont une faible mobilité. D'autre part, couplée à une modélisation physique, l'étude du mouvement permet de calculer des volumes, des pressions et des contraintes et, par là-même, de mettre en valeur des dysfonctionnements ou des zones de fragilité. Enfin, les déformations permettent de calculer certains paramètres très représentatifs comme les dilatations latérales ou la torsion axiale, qui sont très utiles pour appréhender le mouvement du cœur [PMA95].

Nous allons utiliser les 18 images scanographiques représentant le cycle cardiaque de l'intérieur du ventricule gauche d'un cœur de chien.

8.6.2 La méthode utilisée

Pour étudier le battement cardiaque et trouver les trajectoires de points, nous utilisons l'algorithme suivant :

- Nous mettons en correspondance les lignes de crête des surfaces à deux instants consécutifs.
- A partir des appariements de points trouvés par la mise en correspondance entre lignes, nous calculons une transformation spline volumique qui modélisera le battement entre deux instants consécutifs.
- En composant les différentes transformations volumiques, nous pouvons calculer les transformations entre l'instant 1 et les instants 2 à 18.

8.6.3 Reconstruction du battement cardiaque

Nous pouvons donc reconstruire le battement en appliquant les différentes transformations à la surface de l'instant 1. Nous obtenons les résultats présentés dans les figures 8.28 et 8.29. Le maillage permet de bien visualiser la déformation volumique et nous percevons bien la contraction (systole) entre l'instant 1 et 9 et la décontraction (diastole) qui suit.

D'autre part, même après la composition de 17 transformations, la surface reconstruite à l'instant 18 reste très proche de l'original. Les transformations que nous avons calculées sont donc cohérentes.

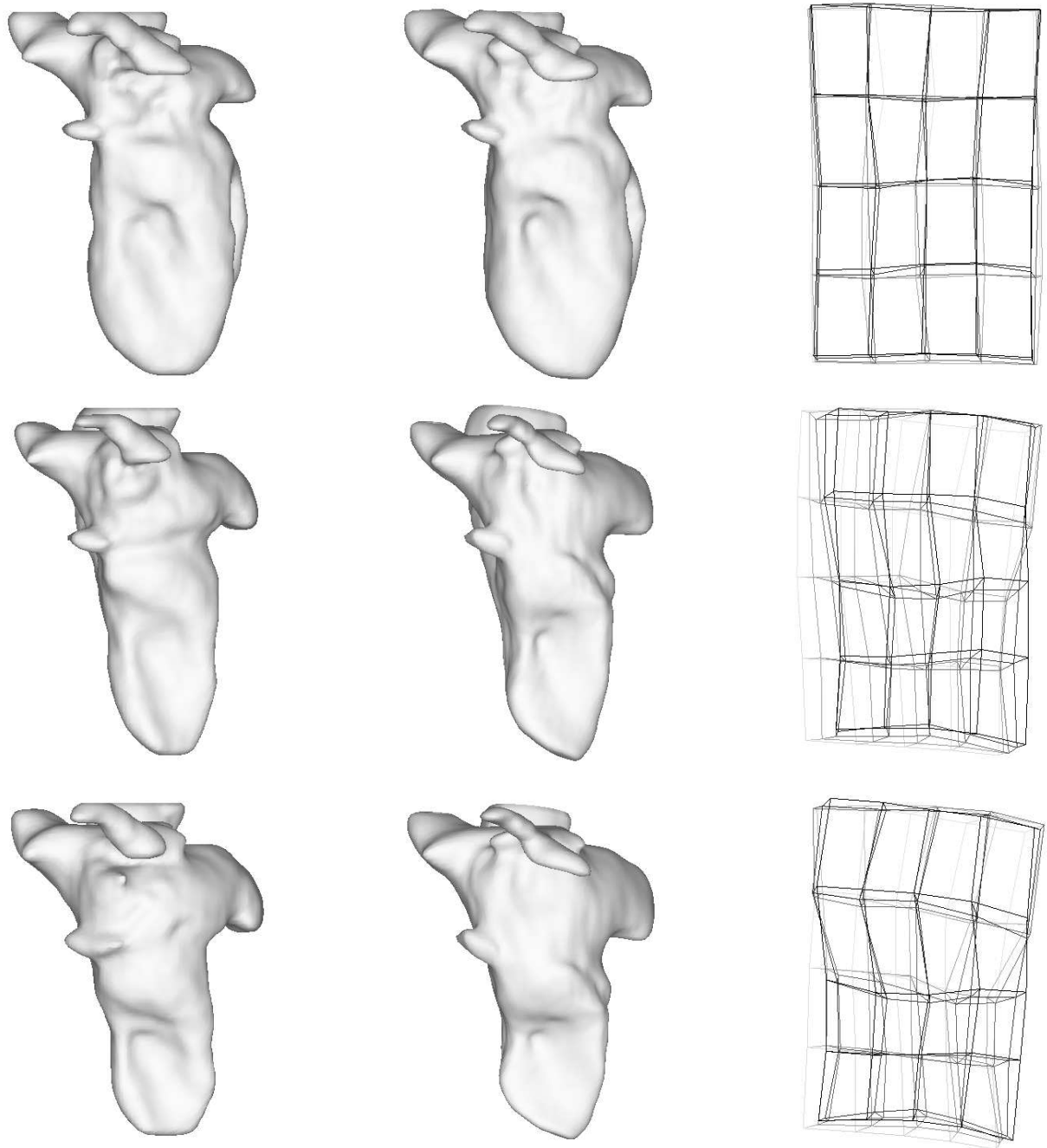


FIG. 8.28 – Reconstruction du battement cardiaque à partir de la première image et des transformations calculées pour les instants 3, 6 et 9. A gauche, l'image originale, au milieu l'image reconstruite. A droite, la transformation appliquée à un maillage régulier.

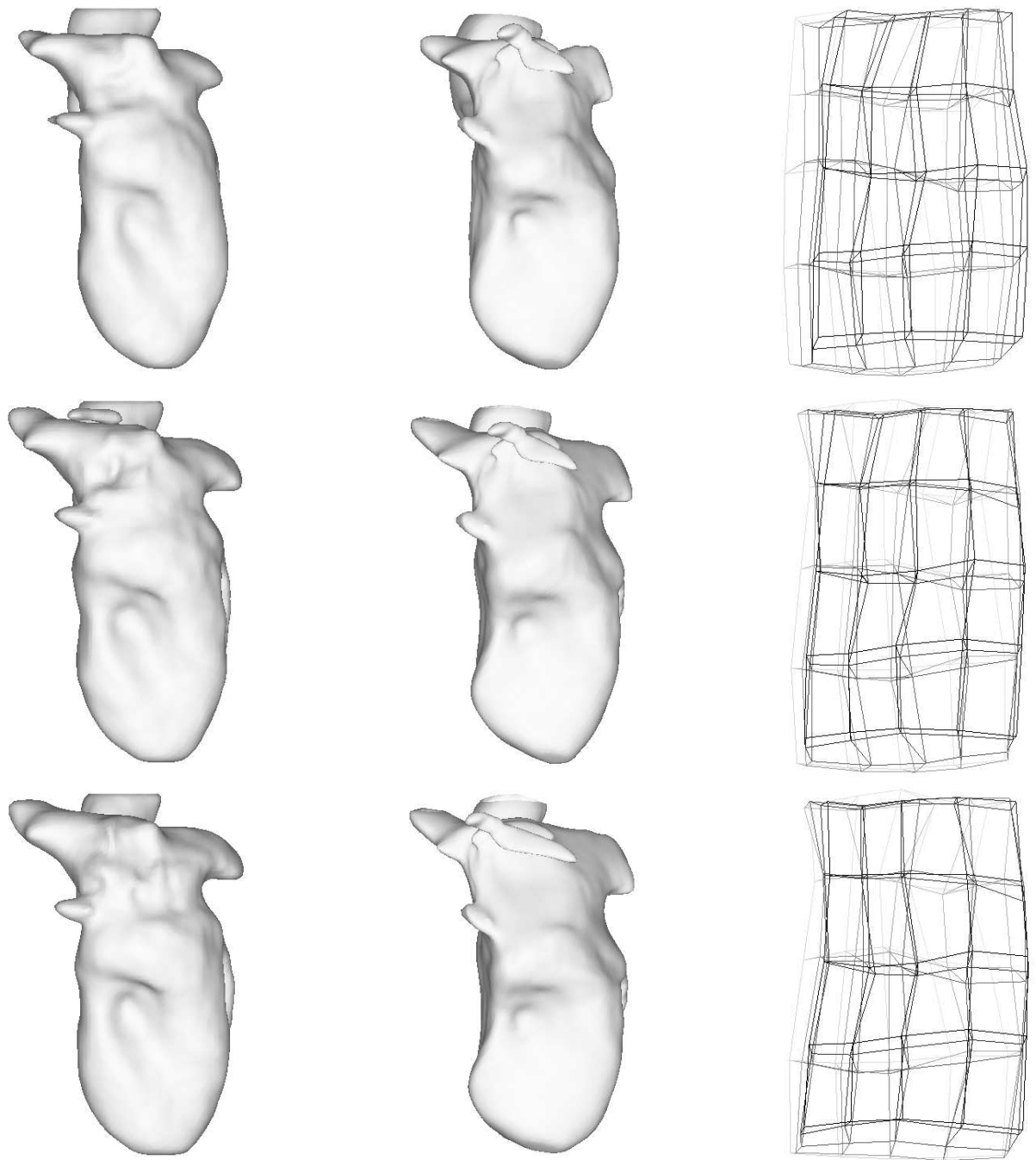


FIG. 8.29 – *Reconstruction du battement cardiaque à partir de la première image et des transformations calculées pour les instants 12, 15 et 18. A gauche, l'image originale, au milieu l'image reconstruite. A droite, la transformation appliquée à un maillage régulier.*

8.6.4 Suivi de trajectoires

Si nous choisissons un point sur la surface à l'instant 1, nous pouvons calculer son déplacement pendant le battement en lui appliquant les différentes transformations. De nombreux travaux ont d'ailleurs été publiés sur l'estimation du champ de déplacements, en particulier, avec les mêmes données [GFE94] [Ben94] [Bar95] [BCA96] .

Nous remarquons dans la figure 8.30 que les trajectoires de points situés respectivement dans les creux et les bosses suivent ces derniers puisque les appariements sont fondés sur des extremums différentiels.

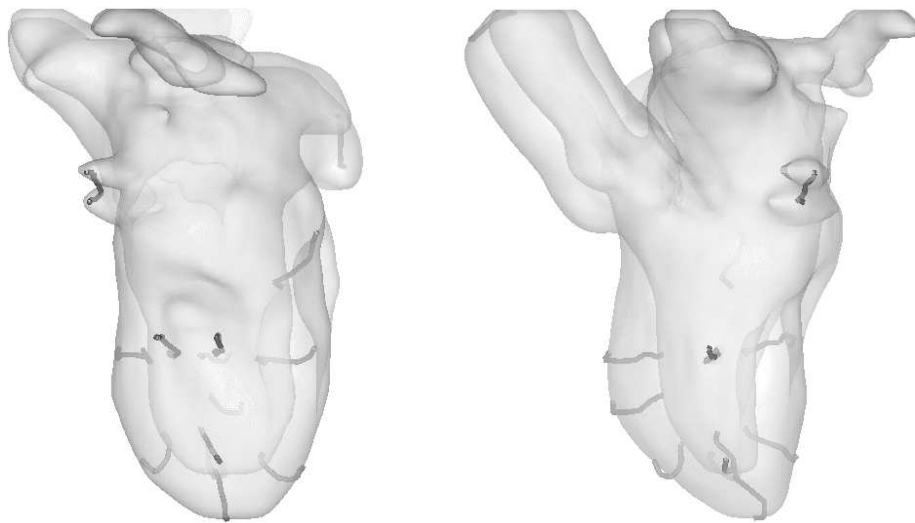


FIG. 8.30 – *Trajectoires des ondes de mouvement de la surface endocardiaque entre les instants 1 et 6.*

Cependant, les trajectoires que nous visualisons sont celles des ondes de mouvement qui ne correspondent pas forcément aux trajectoires des points physiques. Ainsi, dans la figure 8.31, le pic de la courbe est globalement translaté (disque noir) alors que les points physiques (disque blanc) oscillent simplement verticalement. Le seul moyen d'obtenir les trajectoires réelles des points de la surface du cœur est d'utiliser des images par IRM marquée (« tagged MRI » en anglais) [PMA95] ou de suivre des billes de cuivre fixées sur la surface [SRC⁺95],

Si nous regardons les trajectoires reconstruites dans la figure 8.32, il semble que nous puissions observer la torsion axiale du battement cardiaque (« twist » en anglais) due à l'orientation des fibres musculaires [HH88]. Néanmoins, cela reste-

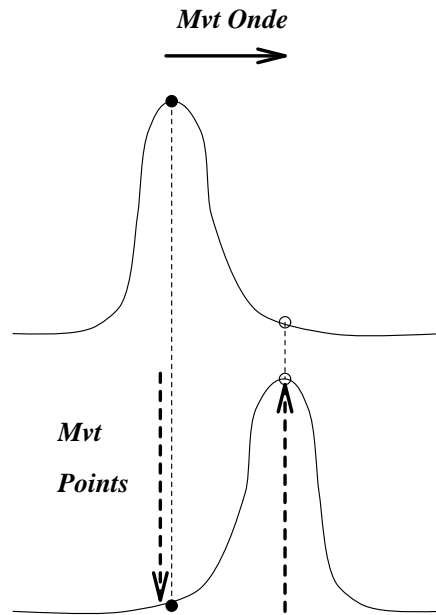


FIG. 8.31 – *Les ondes de mouvement ne permettent pas forcément de suivre les trajectoires des points physiques du cœur.*

rait à vérifier avec un spécialiste en cardiologie. En fait, une difficulté importante est de présenter correctement les résultats pour estimer un mouvement global : utilisation de vecteurs de vitesse ou vecteurs de déplacement, champ dense ou seulement des valeurs en certains points, couleurs reliées à l'intensité de la déformation, maillage volumique, etc.

8.7 Une perspective d'application en paléontologie

Comme les « ridge lines » [Dea93], les lignes de crête peuvent être utilisées pour étudier l'évolution des hominidés.

Nous disposons de deux jeux de lignes de crête (voir figure 8.33), le premier extrait sur le crâne⁶ d'un homme contemporain et le second extrait sur le crâne⁷

6. Les données scanographiques du crâne sec, de résolution 61 coupes de 512×512 pixels nous ont été fournies par M. Gérard Quatrehomme du Service Medico-légal de l'Hôpital de Nice et ont été scanographiées par M. Michel Royon du Service de Radiologie de l'Hôpital des Broussailles de Cannes.

7. Les données du crâne sec « Broken-Hill » nous ont été fournies par M. David Dean, Pro-

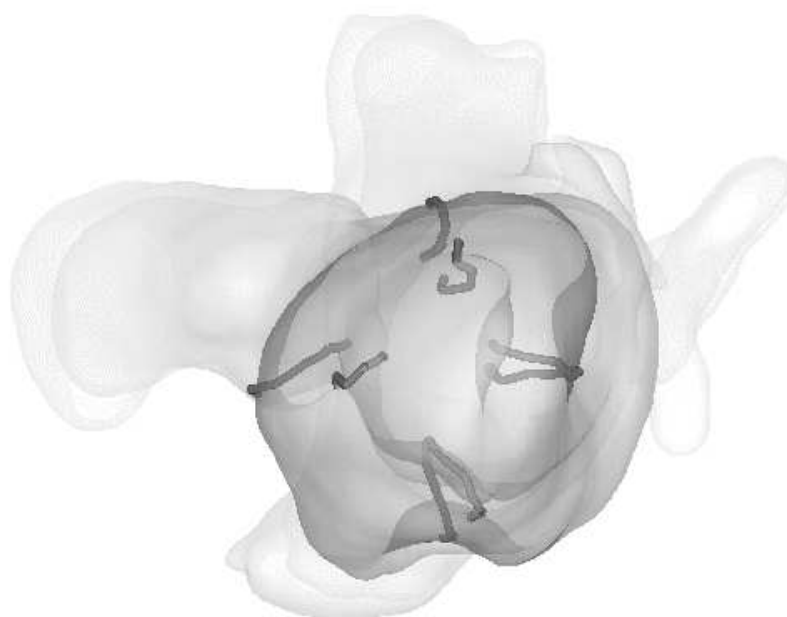


FIG. 8.32 – *Défectons nous vraiment la torsion axiale du battement cardiaque?*

d'un homme préhistorique. Ce dernier est répertorié sous l'appellation « Broken Hill » et daterait de $400\ 000 \pm 200\ 000$ ans [Dea93]. Nous remarquons de fortes différences morphologiques, en particulier, au niveau des arcades sourcilières qui ont fusionné dans le cas de l'homme préhistorique.

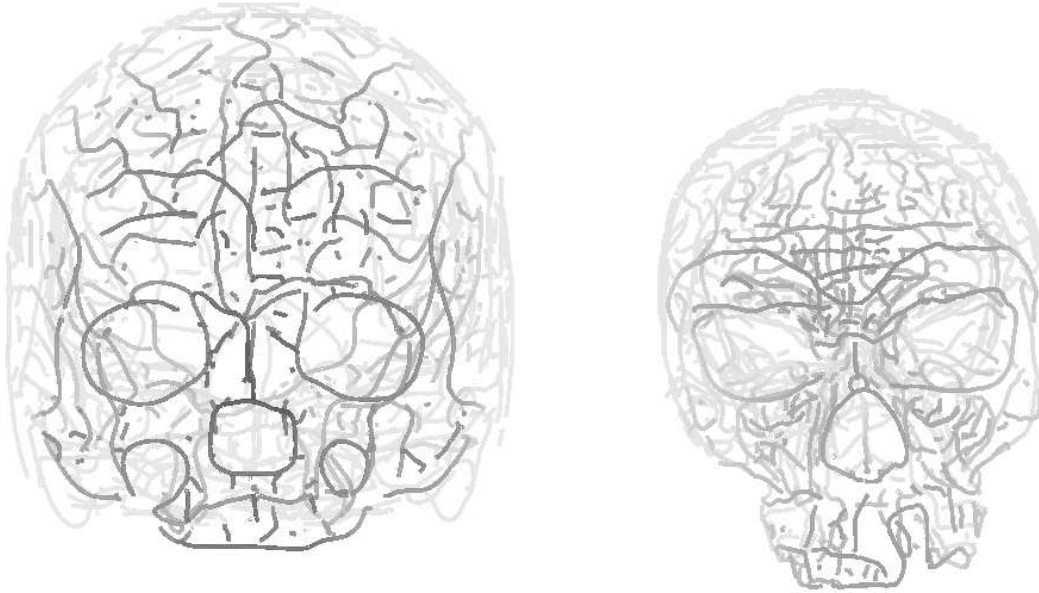


FIG. 8.33 – *Les lignes de crête d'un crâne contemporain (à gauche) et d'un crâne préhistorique (environ 400 000 ans, à droite). Pour ce dernier, nous remarquons, en particulier, que les arcades sourcilières ont fusionné.*

Nous avons mis en correspondance les deux ensembles de lignes et, à partir des appariements de points ainsi trouvés, nous déformons la face de l'homme contemporain vers la face de l'homme préhistorique (voir figure 8.34). Nous remarquons tout particulièrement l'avancée des arcades sourcilières.

Il ne s'agit là que d'une première expérience mais elle prouve que les lignes de crête permettent bien de caractériser la surface faciale. Nous comptons donc les utiliser pour étudier quantitativement les changements morphologiques entre l'homme préhistorique et contemporain.

fesseur Associé des Départements d'Anatomie, d'Orthodontie et d'Ingénierie Biomédicale de l'Université Case Western Reserve de Cleveland (Etats-Unis). Les lignes de crête ont été extraites par M. Jean-Philippe Thirion du Projet Epidaure de l'INRIA Sophia-Antipolis

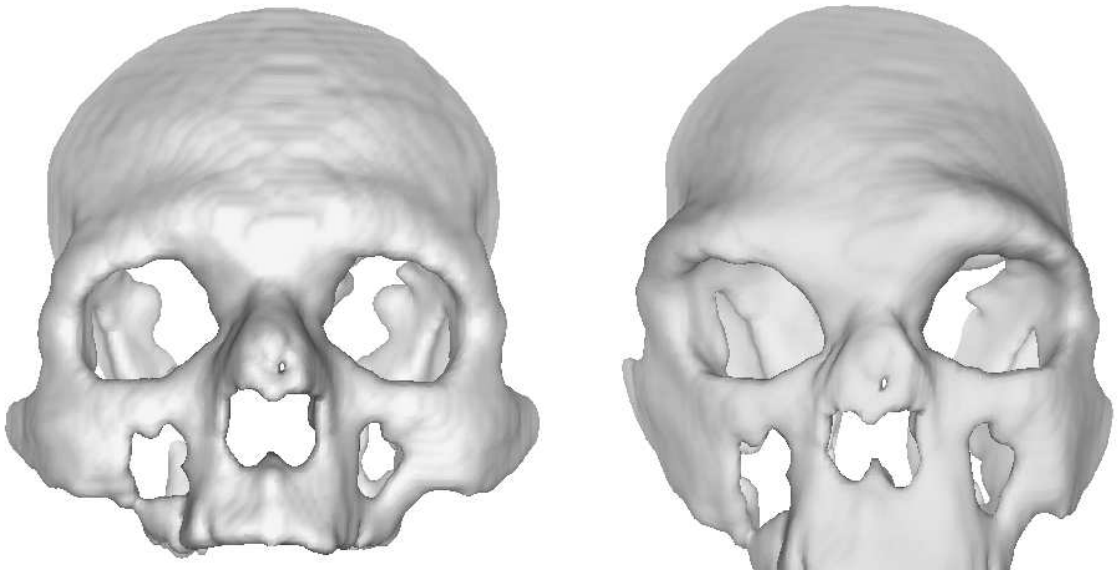


FIG. 8.34 – *Après mise en correspondance des lignes, le crâne contemporain de gauche a été déformé vers un crâne préhistorique (à droite).*

Chapitre 9

Conclusion et perspectives

Les travaux décrits dans ce mémoire ont été développés durant les trois années d'une thèse. Si nous proposons une méthode pour construire automatiquement des atlas anatomiques à partir d'images médicales tridimensionnelles qui permet d'obtenir quelques résultats prometteurs, tout ceci reste un travail de recherche, c'est-à-dire, un rassemblement d'idées qui doivent être débattues, validées ou... réfutées.

Aussi, nous souhaiterions profiter de ce chapitre pour d'une part, discuter de l'automatisme de la méthode que nous proposons et, d'autre part, envisager des perspectives de recherches à court et moyen terme.

9.1 Généralité des algorithmes

Tout d'abord, nous souhaitons mettre l'accent sur la généralité des algorithmes que nous avons développés durant la thèse. En effet, avec exactement la même méthode, nous avons construit un atlas de lignes de crête d'une structure anatomique osseuse - le crâne - et organique - le cerveau -.

Nous allons analyser plus précisément les degrés d'automatisation de chaque étape et bien spécifier les paramètres entrés manuellement.

9.1.1 Le processus de segmentation

Dans les images scanographiques, l'extraction des parties osseuses ne posent aucun problème car ces dernières sont très contrastées. Le seuil correspondant à

l'os est en général connu des radiologues et est constant, ce qui rend la segmentation entièrement automatique.

Par contre, dans les images IRM, la dynamique de l'intensité dans l'image varie en fonction de la calibration de l'appareil, de la structure étudiée et des réglages (temps de relaxation). Les seuils caractéristiques de la surface corticale peuvent varier et les images ne sont pas toujours bien contrastées. La segmentation nécessite alors l'entrée de paramètres définis manuellement.

Ainsi, le processus de segmentation, même si nous ne l'incluons pas formellement dans la méthode, nécessite souvent un contrôle manuel, en général, faible pour les images scanographique et assez important pour les images IRM.

9.1.2 La première étape d'extraction des lignes

Pour toutes les étapes de la méthode, nous avons utilisé exactement les mêmes algorithmes. Nous avons vu que l'étape 1 d'extraction des lignes de crête nécessitait un paramètre de lissage, le seuil d'isovaleur étant fixé à 0,5 puisque l'image a préalablement été segmentée et binarisée. Ce paramètre dépend essentiellement de la taille de l'image, qui est sensiblement la même pour les scanographies du crâne et les IRM du cerveau, c'est-à-dire de l'ordre de 200 coupes de 200×200 pixels. Nous l'avons donc fixé à 3,0 pour un lissage fort et 1,0 pour un lissage faible dans le cas d'une extraction multi-échelle.

Cependant, un contrôle manuel reste nécessaire pour les lignes de crête du cerveau qui sont, en général, trop nombreuses. Nous devons alors estimer un seuillage sur la longueur (par exemple, 5) pour éliminer les plus courtes.

9.1.3 Les autres étapes

Pour les autres étapes, le seul paramètre différent entre les atlas du crâne et du cerveau est le seuil pour trouver les caractéristiques communes dans l'étape 3 : 50 % pour le crâne et 35 % pour le cerveau. Tout le processus est ici entièrement automatique et peut donc être exécuté sans aucune intervention humaine. Nous pouvons estimer le temps de calcul à environ 5 heures pour le calcul de l'atlas du crâne (dont 3 h 30 pour les 12 mises en correspondances) et une douzaine d'heures pour l'atlas du cerveau (dont 10 heures pour les 20 mises en correspondance).

Notons que les différents algorithmes ont aussi été exécutés avec les mêmes paramètres dans les applications craniofaciale, neurologique, cardiaque et l'étude

de la croissance de la tête d'un enfant.

En définitive, nous sommes persuadés que la méthode est applicable à la construction d'atlas d'autres structures soit osseuses comme le bassin (pour anticiper les problèmes de parturition?) ou la colonne vertébrale (pour diagnostiquer des scoliose?), soit organique comme le cœur (pour détecter les lignes caractéristiques des ondes de mouvement et mettre en valeur les zones fixes infarctées).

9.2 Généralité de la méthode

Plus globalement, nous espérons que la méthode pourra être généralisée à d'autres types de caractéristiques.

9.2.1 De nouvelles caractéristiques linéaires

Tout d'abord, les caractéristiques linéaires extraites d'après des paramètres différentiels [Cut91] [CBH⁺93] ou à partir d'outils de morphologie mathématique nous paraissent très prometteurs: classification topologique [MR93] [MFV95], squelettisation des sillons du cerveau [MFB⁺94] [RFD⁺95] ou des réseaux vasculaires [GKS⁺93] [ZJHO95], « Transformation en Axe Médian » [SBK⁺92]. Les algorithmes de mise en correspondance, de moyenne et d'étude statistique qui sont spécifiques aux lignes pourraient être directement réutilisés.

9.2.2 D'autres types de caractéristiques?

Plus généralement, nous pourrions y associer des caractéristiques ponctuelles ou surfaciques [CBH⁺93]. Les points peuvent améliorer la qualité de la mise en correspondance fournie par les lignes et les surfaces permettent de contraindre les déformations. Tout en conservant le squelette de la méthode, cela nécessiterait de développer de nouveaux algorithmes pour chaque étape.

Une voie très intéressante serait d'utiliser le « maillage extrémal » introduit dans [Thi93] et qui inclut les lignes de crête. Nous pourrions donc réutiliser les algorithmes décrits dans cette thèse tout en rajoutant de nouveaux.

Enfin, nous pourrions aussi utiliser des caractéristiques volumiques fondées sur les intensités. De nouveaux problèmes apparaissent alors, comme la correction de la dynamique des images pour qu'elles soient comparables. Mais la principale difficulté est que l'atlas va alors être une image tridimensionnelle « moyenne »

(à chaque voxel sera associée une intensité moyenne avec la variance) très complexe qui risque d'être difficilement compréhensible par l'utilisateur. Cependant, les applications automatisables pourront bénéficier d'une précision égale à celle de l'image comme nous pouvons le constater dans la mise en correspondance présentée dans [Thi95].

9.3 Des algorithmes à améliorer

Les algorithmes développés pour chaque étape de la méthode sont relativement simples et empiriques. Nous pouvons donc envisager de nombreuses améliorations :

- *Etape 1.* Le problème principal est d'obtenir les lignes de crête les plus stables possibles, c'est-à-dire, celles qui définissent bien des caractéristiques pertinentes. De surcroît, en éliminant les lignes de crête bruitées, nous en diminuons considérablement le nombre et tout le processus de construction en est notablement accéléré. L'analyse multi-échelle semble être la méthode la plus efficace et nous suivons, entre autres, avec grand intérêt les travaux développés dans [FT95].
- *Etape 2.* Nous pourrions améliorer la mise en correspondance, peut-être, en prenant en compte des informations différentielles [FA94a] mais surtout en utilisant des statistiques dites « robustes » [SB82] [RL87] [PT95]. Les transformations splines pourraient aussi gagner en souplesse si le coefficient de régularisation était relié à la densité de points (régularisation forte quand les données sont peu nombreuses, régularisation faible pour obtenir de meilleures approximations quand les points sont nombreux). Nous devrions aussi étudier plus précisément la convergence (et la vitesse) de l'algorithme de mise en correspondance. Malheureusement, cela ne peut s'effectuer qu'expérimentalement, par exemple, en modifiant les conditions initiales de placement.

Cependant, l'amélioration la plus importante serait de raisonner sur les *portions* de lignes au lieu des lignes entières. Cela permettrait de scinder des lignes de crête qui ont été fusionnées lors de l'extraction ou d'éliminer les parties qui ne sont pas véritablement communes à toutes les données. Le résultat serait donc un atlas des portions de lignes communes.

- *Etape 3.* Nous pourrions obtenir plus d'informations à partir du graphe structurel. Par exemple, deux sous-graphes comportant de nombreux nœuds qui sont reliés par un seul lien pourraient être considérés comme indépendants, le lien étant supposé issu d'un artefact. Nous pourrions aussi associer à chaque lien le paramètre minimal de mise en correspondance et utiliser des critères probabilistes pour trouver des sous-ensembles de caractéristiques communes.
- *Etape 4 et 5.* Il faudrait approfondir le lien entre nos algorithmes et la théorie générale de la forme [Ken89] [Goo91] qui formalise les problèmes de moyenne et d'étude des déformations.

D'autre part, nous n'avons calculé des statistiques que pour chaque ligne de manière indépendante. Il serait très intéressant d'établir des corrélations entre les lignes, par exemple, les lignes des deux ventricules cérébraux afin de pouvoir détecter directement des asymétries.

Enfin, l'utilisation des modes expérimentaux obtenus par l'analyse en composantes principales [CTCG95] permettrait de mieux appréhender les principaux modes de déformation de la base de données et d'obtenir des indications quantitatives sur leurs importances relatives.

9.4 Des bases de données à compléter

Nous avons travaillé avec relativement peu d'exemplaires dans les bases de données : 6 pour les crânes, 10 pour les cerveaux. Pour véritablement valider le processus de construction, il nous faudrait travailler sur des bases de données plus importantes (plusieurs dizaines?). Notons cependant que dans l'article médical [CDB⁺95], les résultats sont calculés à partir de seulement 9 crânes considérés comme « normaux » et 5 crânes déformés par le syndrome de Crouzon.

Quels sont les problèmes si nous souhaitons travailler avec une grande base de données? Si les programmes eux-mêmes ne dépendent pas du nombre de données, la complexité algorithmique du processus entier est de $O(n^2)$ si nous souhaitons faire des mises en correspondance exhaustives (chaque exemplaire avec chaque exemplaire) ou $O(n)$ si nous procédons par permutation circulaire. En fait, les principales difficultés résident dans l'obtention des images :

- Pour les images scanographiques, si nous souhaitons des images précises

(de l'ordre du millimètre) de la tête, cela nécessite une irradiation X relativement importante du sujet. Ces données ne peuvent donc être obtenues lors d'un examen classique. C'est d'ailleurs pour cette raison que nous avons utilisé des crânes « secs » provenant essentiellement de la collection Hamman-Todd du Musée d'Histoire Naturelle de Cleveland (Etats-Unis). Celle-ci comportant plusieurs centaines de crânes, nous pourrions donc disposer d'une énorme base de données. Nuançons cela par le fait qu'il reste à effectuer les scanographies, ce qui coûte cher, et que les crânes sont sectionnés par le milieu, ce qui peut créer des artefacts.

L'IRM étant considérée comme non-invasive, nous pouvons utiliser les images de cerveaux de tout patient. Cependant, pour atteindre une bonne précision, l'examen durera plus longtemps ce qui peut gêner le sujet.

- Il nous faut aussi nous assurer de la pertinence anatomique de la base de données. Si nous souhaitons construire un atlas normalisé, les exemplaires ne doivent pas être difformes ou atteints d'une lésion. Il est nécessaire de les faire valider un par un par un spécialiste en anatomie. La collection Hamman-Todd conservant aussi les dossiers médicaux associés aux crânes, nous pourrions donc les trier. Tout cela s'applique bien évidemment aussi au cas d'un atlas décrivant une lésion « donnée » bien que, dans ce cas, les données soient, en général, encore plus difficiles à trouver.
- Dans le cas de l'IRM, nous devons obtenir des images qui ont une dynamique d'intensité identique. Cela implique donc, d'une part, que les réglages de la machine soient toujours les mêmes et que, d'autre part, les étapes de calibration soient soigneusement effectuées avant chaque prise de vue.

En définitive, la création d'une base de données nécessite une collaboration étroite entre l'informaticien, le spécialiste en anatomie et le radiologue. Un tel projet ne peut donc s'envisager qu'en milieu hospitalier.

9.5 La validation médicale des premiers résultats

La validation médicale des résultats présentés doit être notre principale préoccupation. Jusqu'à maintenant, nous avons pu seulement établir quelques comparaisons globales avec des références médicales [CDB⁺95]. Tout ce que nous pouvons conclure, c'est que les résultats ne sont pas aberrants.

L'approfondissement de cette validation passe par des discussions avec des spécialistes - morphométriciens, anthropologues, chirurgiens, radiologues -, des comparaisons quantitatives de résultats (par exemple, superposer nos lignes de crête et les « ridge lines » [CBH⁺93] extraites sur le même crâne) et des tests sur une base de données soigneusement choisie.

9.6 Les perspectives

Nous séparerons en deux parties les perspectives d'application de notre travail :

9.6.1 Recherche clinique

Nous sommes convaincus que les atlas anatomiques construits automatiquement permettront de faire avancer la recherche clinique dans les domaines de l'étude anatomique, du diagnostic et de la chirurgie.

Si nous ne proposons dans ce mémoire que des applications fondées sur des images obtenues par les modalités scanographique et IRM, nous pouvons aussi envisager de créer des atlas morphométriques à partir d'images fonctionnelles (TEMP, TEP) qui pourraient être utiles pour le diagnostic, en particulier, s'ils sont couplés à des atlas anatomiques pour la localisation.

Citons quelques exemples précis d'applications qui ont été développées ou qui pourraient l'être à relativement court terme :

- Les schémas des circonvolutions cérébrales sont-ils stables d'un individu à l'autre [RGK⁺92] [RCJSG93]?
- Les asymétries cérébrales sont-elles caractéristiques de la latéralisation [Hab89] ou de certaines maladies comme la schizophrénie [Cro93] [BWB⁺94]?
- La forme des ventricules latéraux cérébraux est-elle liée à certaines maladies [MPK94]?
- L'étude de la croissance du cortex [TTP96].
- La forme du corps calleux est-elle liée au sexe [DVR⁺96]?

- L'étude de la transition Homo-Erectus / Homo Sapiens [Dea93].
- L'étude du syndrome de Crouzon [CDB⁺95].

En fait, nous espérons plus généralement que les outils automatiques de traitement d'images participeront aux progrès de l'anatomie et de la morphométrie tridimensionnelle par l'accès à de nouvelles données quantitatives, voire la découverte de nouveaux types de caractéristiques.

9.6.2 Simulation de chirurgie

La seconde application que nous pourrions développer à court terme est l'intégration de l'atlas dans le simulateur de chirurgie craniofaciale décrit dans [DSCP94a]. Dans un premier temps, nous pourrions ajouter les possibilités de mise en correspondance normalisée pour l'aide passive à la chirurgie.

Pour l'enseignement, nous pourrions utiliser le concept de « patient virtuel » si nous disposions des paramètres quantitatifs de plusieurs lésions ou difformités. Ceux-ci pourraient être réglés à travers les potentiomètres d'une interface graphique. Un fois, le patient « déterminé », la simulation pourrait avoir lieu.

9.7 Conclusion

Dans cette thèse, nous avons voulu prouver qu'un processus de construction automatique d'atlas anatomiques était réalisable. Nous espérons être arrivé à convaincre le lecteur que des outils automatiques de traitement d'images tridimensionnelles pourraient rivaliser, à moyen terme, avec les méthodes manuelles.

Ce travail a exigé trois années d'étude mais nous estimons que pour valider médicalement le concept, améliorer les algorithmes existants, créer de véritables atlas à partir de bases de données significatives et développer de premières applications cliniques, il faudrait y consacrer encore autant de temps...

Quatrième partie

Bibliographie

Afin de faciliter l'étude bibliographique, nous avons decerné des « étoiles » qui correspondent aux critères suivants :

- * : une très bonne référence dans sa catégorie. Ces références traitent d'une partie très limitée du sujet, quelquefois très précisément. Elles ne devront être prises en compte que lors d'une étude minutieuse de notre travail.
- ** : référence excellente, mérite une lecture. Ces références décrivent une application ou un problème directement relié à notre travail mais nécessitent une certaine connaissance du sujet. Elles pourront être laissées de côté dans un premier temps.
- *** : une des meilleures références, vaut la lecture. Ces références sont de deux types : soit une synthèse générale accessible au débutant pour introduire le sujet, soit une publication de recherche qui éclaire, développe (voire contredit !!!) notre travail.

-
- [AGT⁺93] N. AYACHE, A. GUÉZIEC, J.Ph. THIRION, A. GOURDON, et J. KNOPLIOCH. « Evaluating 3D Registration of CT-Scan Images Using Crest Lines ». Dans David C. WILSON et Wilson Joseph N., éditeurs, *Mathematical Methods in Medical Imaging II 1993*, pages 29–44, San Diego, California (USA), juillet 1993. SPIE. **.
- [AHB87] K.S. ARUN, T.S. HUANG, et S.D. BLOSTEIN. « Least-Squares Fitting of Two 3-D Point Sets ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 9(5):698–700, septembre 1987. *.
- [ANDB90] A. H. ABBOT, D. J. NETHERWAY, D. J. DAVID, et T. BROWN. « Application and Comparison of Techniques for Three-Dimensional Analysis of Craniofacial Anomalies ». *The Journal of Craniofacial Surgery*, 1(3):119–134, juillet 1990. ***.
- [ASBH90] K. ARBTER, W. E. SNYDER, H. BURKHARDT, et G. HIRZINGER. « Application of Affine-Invariant Fourier Descriptors to Recognition of 3D Objects ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 12(7):640–647, juillet 1990. *.
- [AWSH95] R. ACHARYA, R. WASSERMAN, J. STEVENS, et C. HINOJOSA. « Biomedical Imaging Modalities: a Tutorial ». *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 19(1):3–25, janvier 1995. ***.
- [Aya95] N. AYACHE. « Medical computer vision, virtual reality and robotics ». *Image and Vision Computing*, 13(4):295–313, mai 1995. ***.
- [Bar84] A. H. BARR. « Global and Local Deformations of Solid Primitives ». *Computer Graphics*, 18(3):21–30, juillet 1984. *.
- [Bar95] E. BARDINET. « Représentation de structures avec des modèles déformables contraints - Applications à l'interprétation des images

- médicales* ». PhD thesis, Université de Paris IX - Dauphine, décembre 1995. *.
- [BBW⁺94] J.L. BOES, P.H. BLAND, T.E. WEYMOUTH, L.E. QUINT, F.L. BOOKSTEIN, et C.R. MEYER. « Generating a Normalized Geometric Liver Model Using Warping ». *Investigative Radiology*, 29(3):281–286, 1994. ***.
- [BC88] F. L. BOOKSTEIN et C. B. CUTTING. A proposal for the apprehension of curving cranofacial form in three dimensions. Dans K. VIG et A. BURDI, éditeurs, *Cranofacial Morphogenesis and Dysmorphogenesis*, pages 127–140. 1988. ***.
- [BCA96] E. BARDINET, L. D. COHEN, et N. AYACHE. « Tracking Medical 3D Data with a Deformable Parametric Model ». Dans *European Conference on Computer Vision*, Cambridge (United Kingdom), avril 1996. *.
- [BCR93] V. BRUCE, A. COOMBES, et R. RICHARDS. « Describing the shapes of faces using surface primitives ». *Image and Vision Computing*, 11(6):353–363, août 1993. *.
- [Ben94] S. BENAYOUN. « Calcul local du mouvement : application à l'imagerie médicale multidimensionnelle ». PhD thesis, Université de Paris IX - Dauphine, décembre 1994. *.
- [Bes90] P. J. BESL. The Free-Form Surface Matching Problem. Dans Herbert FREEMAN, éditeur, *Machine Vision for 3D Scenes*, pages 25–71. Academic Press, 1990. *.
- [BFAD95] F. BETTING, J. FELDMAR, N. AYACHE, et F. DEVERNAY. « A new framework for fusing stereo images with volumetric medical images ». Dans Nicholas AYACHE, éditeur, *CVRMed'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 30–39, Nice (France), avril 1995. Springer-Verlag. **.
- [BFO92] M. BAJURA, H. FUCHS, et R. OHBUCHI. « Merging Virtual Objects with the Real World ». *Computer Graphics*, 26(2):203–210, juillet 1992. *.

-
- [BGK92] Ch. BRECHBÜHLER, G. GERIG, et O. KÜBLER. « Surface parametrization and shape description ». Dans Richard A. ROBB, éditeur, *Visualization in Biomedical Computing*, volume 1808 de *SPIE*, pages 80–89, Chapell Hill, North Carolina (USA), octobre 1992. *.
- [BGM⁺94] C. BARILLOT, N.B. GIBAUD, E. MONTABORD, S. GARLATTI, N. GAUTHIER, et I. KANELLOS. « An information system to manage anatomical knowledge and image data about brain ». Dans Richard A. ROBB, éditeur, *Visualization in Biomedical Computing*, volume 2359 de *SPIE*, pages 424–434, Rochester (Minnesota) (USA), octobre 1994. **.
- [Bjö91] Å BJÖRCK. Algorithms for Linear Least Squares Problems. Dans Emilio SPEDICATO, éditeur, *Computer Algorithms for Solving Linear Algebraic Equations, the State of the Art*, pages 57–92. Springer-Verlag, 1991. *.
- [BK89] R. BAJCSY et S. KOVAČIČ. « Multiresolution Elastic Matching ». *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, (46):1–21, 1989. ***.
- [BM92] P. J. BESL et N. D. MCKAY. « A Method for Registration of 3-D Shapes ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(2):239–255, février 1992. ***.
- [BMW95] J. L. BOES, Ch. R. MEYER, et T. E. WEYMOUTH. « Liver Definition in CT Using a Population-Based Shape Model ». Dans N. AYACHE, éditeur, *CVRMed'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 506–512, Nice (France), avril 1995. Springer-Verlag. *.
- [Boi88] J.-D. BOISSONNAT. « Shape Reconstruction from Planar Cross Sections ». *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, (44):1–29, 1988. *.
- [Boo89] F. L. BOOKSTEIN. « Principal Warps: Thin-Plate Splines and the Decomposition of Deformations ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 11(6):567–585, juin 1989. ***.

- [Boo91a] F. L. BOOKSTEIN. *Morphometric tools for landmark data*. Cambridge University Press, 1991. ***.
- [Boo91b] F. L. BOOKSTEIN. « Thin-Plate Splines and the Atlas Problem for Biomedical Images ». Dans A. C. F. COLCHESTER et D. J. HAWKES, éditeurs, *Information Processing in Medical Imaging*, numéro 511 dans *Lecture Notes in Computer Science*, pages 326–342, Wye (UK), juillet 1991. Springer-Verlag. **.
- [BPYA85] M. BRADY, J. PONCE, A. YUILLE, et H. ASADA. « Describing Surfaces ». *Computer Vision, Graphics and Image Processing*, 32:1–28, 1985. *.
- [Bro92] L. G. BROWN. « A Survey of Image Registration Techniques ». *ACM Computing Surveys*, 24(4):325–376, décembre 1992. ***.
- [BSSS86] C. M. BASTUSCHECK, E. SCHONBERG, J. T. SCHWARTZ, et M. SHARIR. « Object Recognition by Three-Dimensional Curve Matching ». *International Journal of Intelligent Systems*, 1:105–132, 1986. *.
- [BWB⁺94] R. M. BILDER, H. WU, B. BOGERTS, G. DEGREEF, M. ASHTARI, J. M.J. ALVIR, P. J. SNYDER, et J. A. LIEBERMAN. « Absence of Regional Hemispheric Volume Asymmetries in First-Episode Schizophrenia ». *American Journal of Psychiatry*, 10(151):1437–1447, octobre 1994. *.
- [CBB⁺95] Ph. CINQUIN, E. BAINVILLE, C. BARBE, E. BITTAR, V. BOUCHARD, I. BRICAULT, G. CHAMPLEBOUX, M. CHENIN, L. CHEVALIER, Y. DELNONDEDIEU, L. DESBAT, V. DESSENNE, A. HAMADEH, D. HENRY, N. LAIEB, S. LAVALLÉE, J.M. LEFEBVRE, F. LEITNER, Y. MENGUY, F. PADIEU, O. PÉRIA, A. POYET, M. PROMAYON, S. ROUAULT, P. SAUTOT, J. TROCCAZ, et P. VASSAL. « Computed Assisted Medical Interventions ». *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, pages 254–263, mai 1995. ***.
- [CBG⁺86] C. CUTTING, F. L. BOOKSTEIN, B. GRAYSON, L. FELLINGHAM, et J. G. MCCARTHY. « Three-Dimensional Computer Assisted Design

of Craniofacial Surgical Procedures: Optimisation and Interaction with Cephalometric and CT-Based Models». *Plastic and Reconstructive Surgery*, juin 1986. *.

- [CBH⁺93] C. B. CUTTING, F. L. BOOKSTEIN, B. HADDAD, D. DEAN, et D. KIM. « A spline-based approach for averaging three-dimensional curves and surfaces ». Dans David C. WILSON et Joseph N. WILSON, éditeurs, *Mathematical Methods in Medical Imaging II 1993*, pages 29–44, San Diego, California (USA), juillet 1993. SPIE. ***.
- [CDB⁺95] C. CUTTING, D. DEAN, F. L. BOOKSTEIN, B. HADDAD, D. KHORRAMABADI, F. Z. ZONNEVELD, et J.G. MC CARTHY. « A Three-dimensional Smooth Surface Analysis of Untreated Crouzon's Disease in the Adult ». *Journal of Craniofacial Surgery*, 6:1–10, 1995. ***.
- [CEHP95] D.L. COLLINS, A.C. EVANS, C. HOLMES, et T.M. PETERS. « Automatic 3D Segmentation of Neuro-Anatomical Structures from MRI ». Dans Y. BIZAIS, Ch. BARILLOT, et R. DI PAOLA, éditeurs, *Information Processing in Medical Imaging*, pages 139–152. Kluwer Academic Publishers, juin 1995. **.
- [CFM94] P. CLARYSSE, D. FRIBOULET, et I. MAGNIN. « Time-Evolution Analysis of Differential Features on 3D Surfaces of the Heart Walls ». Dans *IEEE Medical Imaging Conference*, Norfolk (USA), novembre 1994. *.
- [CHTH93] T.F. COOTES, A. HILL, C.J. TAYLOR, et J. HASLAM. « The Use of Active Shape Models For Locating Structures in Medical Images ». Dans H.H. BARRETT et A.F. GMITRO, éditeurs, *Information Processing in Medical Imaging*, pages 33–47, Flagstaff, Arizona (USA), juin 1993. IPMI'93, Springer-Verlag. ***.
- [Cin87] Ph. CINQUIN. « *Application des fonctions-spline au traitement d'images numériques* ». PhD thesis, Université scientifique, technologique et médicale de Grenoble, septembre 1987. *.

- [Cin93] Ph. CINQUIN. « Gestes médico-chirurgicaux assistés par ordinateur ». *Informatique et Radiologie*, 36(6/7):386–406, 1993. ***.
- [Coh95] L. D. COHEN. « Auxiliary Variables for Deformable Models ». Dans *Fifth International Conference on Computer Vision*, pages 975–980, Cambridge (Massachusetts) (USA), juin 1995. *.
- [CRM94] G. E. CHRISTENSEN, R. D. RABBITT, et M. I. MILLER. « 3D brain mapping using a deformable neuroanatomy ». *Physics in Medicine and Biology*, (39):609–618, 1994. **.
- [CRM⁺95] G. E. CHRISTENSEN, R. D. RABBITT, M. I. MILLER, S. C. JOSHI, U. GRENANDER, T. A. COOGAN, et D. C. VAN ESSEN. « Topological Properties of Smooth Anatomic Maps ». Dans Y. BIZAIS, Ch. BARILLOT, et R. DI PAOLA, éditeurs, *Information Processing on Medical Imaging 1995*, pages 101–112, juin 1995. *.
- [Cro93] T. J. CROW. Schizophrenia as an Anomaly of Cerebral Asymmetry. Dans K. MAURER, éditeur, *Imaging of the Brain in Psychiatry and Related Fields*. Springer-Verlag, 1993. *.
- [CTCG95] T. F. COOTES, C. J. TAYLOR, D. H. COOPER, et J. GRAHAM. « Active Shape Models - Their Training and Application ». *Computer Vision and Image Understanding*, 61(1):38–59, janvier 1995. ***.
- [Cuc95] E. CUCHET. « Registration in Neurosurgery and Neuroradiotherapy Applications ». Dans *MRCAS*, 1995. *.
- [Cut91] C. B. CUTTING. Applications of computer graphics to the evaluation and treatment of major craniofacial malformations. Dans J. K. UDUPA et Herman G. T., éditeurs, *3D Imaging in Medicine*, Chapitre 6, pages 163–189. CRC Press, 1991. ***.
- [CWR⁺94] C. H. CHANG, W. WANG, A. RANGARAJAN, I. G. ZUBAL, et G. GINDI. « Segmentation of MR Brain Scans Using Atlas - Guided Deformable Contours ». Dans *Application of Computer Vision in Medical Image Processing*, pages 122–125, Stanford University (USA), mars 1994. **.

-
- [CZH⁺94] A.C.F. COLCHESTER, J. ZHAO, C. HENRI, R.L. EVANS, P. ROBERTS, N. MAITLAND, D.J. HAWKES, D.L.G. HILL, A.J. STRONG, D.G. THOMAS, M.J. GLEESON, et T.C.S. COX. « Craniotomy Simulation and Guidance using a Stereo Video Based Tracking System (VISLAN) ». Dans Richard A. ROBB, éditeur, *Visualization in Biomedical Computing*, volume 2359 de *SPIE*, pages 541–551, Rochester, Minnesota (USA), octobre 1994. *.
- [Dan80] P.-E. DANIELSSON. « Euclidean Distance Mapping ». *Computer Graphics and Image Processing*, 14:227–248, 1980. *.
- [DC76] M. P. DO CARMO. *Differential Geometry of Curves and Surfaces*. Prentice-Hall, 1976. *.
- [Dea93] D. DEAN. « *The Middle Pleistocene Homo erectus/Homo sapiens Transition: New Evidence from Space Curve Statistics* ». PhD thesis, The City University of New York, 1993. ***.
- [Dec93] J. DECLERCK. « Approximation de déformations géométriques par des B-splines ». Master's thesis, Ecole Centrale de Paris, juin 1993. *.
- [Del94] H. DELINGETTE. « Intrinsic Stabilizers of planar curves ». Dans *European Conference on Computer Vision*, Stockholm (Sweden), juin 1994. *.
- [DFR⁺94] M. DESVIGNES, H. FAWAL, M. REVENU, D. BLOYET, J.M. TRAVÈRE, P. ALLAIN, et J.C. BARON. « Reconnaissance du sillon latéral du cortex sur des images RMN tridimensionnelles ». Dans *9ème congrès Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle*, volume 1, Reconnaissance des Formes. AFCET, janvier 1994. **.
- [DL89] B. DAVID et B. LAURIN. « Déformations ontogénétiques et évolutives des organismes: l'approche par la méthode des points homologues ». *C. R. Académie des Sciences Paris*, II(309):1271–1276, 1989. ***.
- [DSCP94a] H. DELINGETTE, G. SUBSOL, S. COTIN, et J. PIGNON. « A Craniofacial Surgery Simulation Testbed ». Dans Richard A. ROBB,

- éditeur, *Visualization in Biomedical Computing*, volume 2359 de *SPIE*, pages 607–618, Rochester (Minnesota) (USA), octobre 1994. *.
- [DSCP94b] H. DELINGETTE, G. SUBSOL, S. COTIN, et J. PIGNON. « A Craniofacial Surgery Simulation Testbed ». Rapport Technique 2199, INRIA, février 1994. Available by anonymous ftp at ftp.inria.fr /INRIA/tech-reports/RR, *.
- [DSCP94c] H. DELINGETTE, G. SUBSOL, S. COTIN, et J. PIGNON. « Simulation de chirurgie craniofaciale et réalité virtuelle ». Dans *L'interface des mondes réels & virtuels*, Montpellier (France), février 1994. Troisième journées Informatiques Internationales de Montpellier. *.
- [DSTA95a] J. DECLERCK, G. SUBSOL, J.Ph. THIRION, et N. AYACHE. « Automatic retrieval of anatomical structures in 3D medical images ». Dans N. AYACHE, éditeur, *CVRMed'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 153–162, Nice (France), avril 1995. Springer Verlag. ***.
- [DSTA95b] J. DECLERCK, G. SUBSOL, J.Ph. THIRION, et N. AYACHE. « Automatic Retrieval of Anatomical Structures in 3D Medical Images ». Rapport Technique 2485, INRIA, février 1995. Available by anonymous ftp at ftp.inria.fr /INRIA/tech-reports/RR, ***.
- [DT61] W. D'ARCY THOMPSON. *On Growth and Form*. Cambridge University Press, 1961. ***.
- [DVR⁺96] C. DAVATZIKOS, M. VAILLANT, S. M. RESNICK, J. L. PRINCE, S. LETOVSKY, et R. N. BRYAN. « A Computerized Approach for Morphological Analysis of the Corpus Callosum ». *Journal of Computer Assisted Tomography*, 1996. *.
- [Eco94] « The Future of Medicine ». *The Economist*, pages 5–13, mars 1994. *.
- [Els94] « Temporal Bone & Posterior Cranial Fossa ». Elsevier's Interactive Anatomy, Full-Motion CD-I, CD-ROM, 1994. Edited by Berend Hiller, *.

-
- [FA94a] J. FELDMAR et N. AYACHE. « Locally Affine Registration of Free-Form Surfaces ». Dans *CVPR*, pages 496–501, Seattle, Washington (USA), juin 1994. **.
- [FA94b] J. FELDMAR et N. AYACHE. « Rigid and Affine Registration of Smooth Surfaces using Differential Properties ». Dans Jan-Olof EKLUNDH, éditeur, *ECCV*, volume II de *LNCS*, pages 397–406, Stockholm (Sweden), mai 1994. ECCV. **.
- [FA94c] Jacques FELDMAR et N. AYACHE. « Rigid, Affine and Locally Affine Registration of Free-Form Surfaces ». Rapport Technique 2220, INRIA, mars 1994. Available by anonymous ftp at <ftp.inria.fr/INRIA/tech-reports/RR>, **.
- [FMPA92] D. FRIBOULET, I. E. MAGNIN, A. POMMERT, et M. AMIEL. « 3D Curvature Features of the Left Ventricle from CT Volumic Images ». Dans *Mathematical Methods in Medical Imaging*, volume 1768, pages 182–192. SPIE, 1992. *.
- [FT94] M. FIDRICH et J. Ph. THIRION. « Multiscale Extraction and Representation of Features from Medical Images ». Rapport Technique 2365, INRIA, octobre 1994. Available by anonymous ftp at <ftp.inria.fr/INRIA/tech-reports/RR>, *.
- [FT95] M. FIDRICH et J. Ph. THIRION. « Multiscale Representation and Analysis of Features from Medical Images ». Dans N. AYACHE, éditeur, *CVRMed'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 358–364, Nice (France), avril 1995. Springer Verlag. *.
- [GA92a] A. GUÉZIEC et N. AYACHE. « Smoothing and Matching of 3-D Space Curves ». Dans *ECCV'92*. ECCV, 1992. ***.
- [GA92b] A. GUÉZIEC et N. AYACHE. « Smoothing and Matching of 3-D Space Curves ». Dans *Visualization in Biomedical Computing*, pages 259–273, Chapel Hill, North Carolina (USA), octobre 1992. SPIE. ***.
- [Gas92] I. GASTAMBIDE. « Utilisation des splines pour le calibrage d'images IRM ». Master's thesis, Ecole Centrale de Lyon, 1992. *.

- [GBHE91] T. GREITZ, Ch. BOHM, S. HOLTE, et L. ERIKSSON. «A Computerized Brain Atlas: Construction, Anatomical Content and Some Applications». *Journal of Computer Assisted Tomography*, 15(1):26–38, 1991. ***.
- [Gei93] B. GEIGER. «Three-Dimensional Modeling of Human Organs and its Application to Diagnosis and Surgical Planning». Rapport Technique 2105, INRIA, novembre 1993. *.
- [GEW⁺95] W.E.L. GRIMSON, G.J. ETTINGER, S.J. WHITE, P.L. GLEASON, T. LOZANO-PÉREZ, W.M. WELLS III, et R. KIKINIS. «Evaluating and Validating an Automated Registration System for Enhanced Reality Visualization in Surgery». Dans N. AYACHE, éditeur, *CVR-Med'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 3–12, Nice (France), avril 1995. Springer-Verlag. *.
- [GFE94] J.M. GORCE, D. FRIBOULET, et Magnin I. E.. «Méthode d'estimation du mouvement des parois cardiaques à partir d'images 3D». *Innovation et Technologie en Biologie et Médecine*, 15(5):570–582, 1994. **.
- [GKS⁺93] G. GERIG, Th. KOLLER, G. SZÉKELY, Ch. BRECHBÜHLER, et O. KÜBLER. «Symbolic description of 3-D structures applied to cerebral vessel tree obtained from MR angiography volume data». Dans H.H. BARRETT et A.F. GMITRO, éditeurs, *Information Processing in Medical Imaging*, volume 687 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 94–111, Flagstaff (USA), juin 1993. Springer-Verlag. *.
- [GLPWI⁺94] W.E.L. GRIMSON, T. LOZANO-PÉREZ, W.M. WELLS III, G.J. ETTINGER, S.J. WHITE, et R. KIKINIS. «An Automatic Registration Method for Frameless Stereotaxy, Image Guided Surgery, and Enhanced Reality Visualization». Dans *CVPR'94*, pages 430–436, Seattle, Washington (USA), juin 1994. *.
- [GM79] M. GONDRAN et M. MINOUX. *Graphes et algorithmes*. Eyrolles, 1979. *.

-
- [Goo91] C. GOODALL. « Procrustes Methods in the Statistical Analysis of Shape ». *Journal of the Royal Statistical Society. Series B. Methodological*, 53(2):285–339, 1991. *.
- [Gos88] A. GOSHTASBY. « Image Registration by Local Approximation Methods ». *Image and Vision Computing*, 6(4):255–261, novembre 1988. *.
- [GRB93] J. C. GEE, M. REIVICH, et R. BAJCSY. « Elastically Deforming 3D Atlas to Match Anatomical Brain Images ». *Journal of Computer Assisted Tomography*, 17(2):225–236, mars 1993. **.
- [GSK94] J. C. GOBLE, J. W. SNELL, et W. T. KATZ. « Semiautomatic Model-Based Segmentation of the Brain from Magnetic Resonance Images ». Dans *AAAI, Applications of Computer Vision in Medical Image Processing*, Spring Symposium Series, pages 211–214, Stanford University (USA), mars 1994. **.
- [GV93] D. GEIGER et J. A. VLONTZLOS. « Matching Elastic Contours ». Dans *Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 602–604, 1993. **.
- [Hab89] M. HABIB. « Anatomical Asymmetries of the Human Cerebral Cortex ». *International Journal of Neuroscience*, 47:67–79, 1989. *.
- [Har94] T. L. HARDY. « Computerized atlas for functional stereotaxis, robotics and radiosurgery ». Dans Richard A. ROBB, éditeur, *Visualization in Biomedical Computing*, volume 2359 de *SPIE*, pages 447–456, Rochester (Minnesota) (USA), octobre 1994. **.
- [HBR⁺92] K.H. HÖHNE, M. BOMANS, M. RIEMER, R. SCHUBERT, U. TIEDE, et W. LIERSE. « A Volume-based Anatomical Atlas ». *IEEE Computer Graphics & Applications*, pages 72–78, juillet 1992. ***.
- [HC94] Z. HUANG et F.S. COHEN. « Affine-Invariant B-Spline Moments for Curve Matching ». Dans *Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 490–495, Seattle (USA), juin 1994. *.
- [HCZ⁺95] Ch. J. HENRI, A. C. F. COLCHESTER, J. ZHAO, D. HAWKES, D. I. G. HILL, et R. L. EVANS. « Registration of 3-D Surface Data

- for Intra-Operative Guidance and Visualisation in Frameless Stereotactic Neurosurgery ». Dans Nicholas AYACHE, éditeur, *CVR-Med'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 47–56, Nice (France), avril 1995. Springer-Verlag. *.
- [Her91] G. T. HERMAN. Quantitation Using 3D Images. Dans J. K. UDUPA et G. T. HERMAN, éditeurs, *3D Imaging in Medicine*, pages 145–161. CRC Press, 1991. *.
- [HH88] P. J. HUNTER et Smaill B. H.. «The Analysis of Cardiac Function: a Continuum Approach ». *Progress in Biophysics and Molecular Biology*, 52:101–164, 1988. **.
- [Hor87] B.K.P. HORN. « Closed Form Solutions of Absolute Orientation Using Unit Quaternions ». *Journal of Optical Society of America*, A-4(4):629–642, avril 1987. *.
- [Hos92] M. HOSAKA. *Modeling of Curves and Surfaces in CAD/CAM*. Springer-Verlag, 1992. **.
- [HPR⁺92] K. H. HÖHNE, A. POMMERT, M. RIEMER, Th. SCHIEMANN, R. SCHUBERT, et U. TIEDE. « Framework for the generation of 3D anatomical atlases ». Dans Richard A. ROBB, éditeur, *Visualization in Biomedical Computing*, volume 1808 de *SPIE*, pages 510–519, Chapel Hill, North Carolina (USA), octobre 1992. SPIE. ***.
- [HT94] A. HILL et C.J. TAYLOR. « Automatic Landmark Generation for Point Distribution Models ». Dans Edwin HANCOCK, éditeur, *British Machine Vision Conference*, volume Two, pages 429–428. BMVA Press, 1994. *.
- [HTB95] D. HENRY, J. TROCCEZ, et J. L. BOSSON. « Virtual Echography: Simulation of an Ultrasonic Examination ». Dans *Image Guided Therapy*, 1995. *.
- [HTT93] A. HILL, A. THORNHAM, et C. J. TAYLOR. « Model-Based Interpretation of 3D Medical Images ». Dans John ILLINGWORTH, éditeur, *British Machine Vision Conference*, volume 2, pages 339–348, Guildford (UK), septembre 1993. BMVA Press. ***.

-
- [KB82] S. KREIBORG et A. BJÖRK. « Description of a Dry Skull with Crouzon Syndrome ». *Scandinavian Journal of Plastic and Reconstructive Surgery*, 16(3):245–253, 1982. *.
- [Ken89] D. G. KENDALL. « A Survey of the Statistical Theory of Shape ». *Statistical Science*, 4(2):87–120, 1989. *.
- [KHW91] E. KISHON, T. HASTIE, et H. WOLFSON. « 3-D Curve Matching Using Splines ». *Journal of Robotic Systems*, 6(8):723–743, 1991. **.
- [KMC⁺93] S. KREIBORG, J. L. MARSH, M. M. COHEN, M. LIVERSAGE, H. PEDERSEN, F. SKOVBY, Svend E. BØRGESEN, et M. W. VANNIER. « Comparative three-dimensional analysis of CT-scans of the calvaria and cranial base in Apert and Crouzon syndromes ». *Journal of Cranio-Maxillo-Facial Surgery*, (21):181–188, 1993. *.
- [Kru95] F. KRUGGEL. « Automatical Adaption of Anatomical Masks to the Neocortex ». Dans N. AYACHE, éditeur, *CVRMed'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 231–236, Nice (France), avril 1995. Springer Verlag. **.
- [LC87] W. E. LORENSEN et H. E. CLINE. « Marching Cubes: A High Resolution 3D Surface Construction Algorithm ». *Computer Graphics*, 21(4):163–169, juillet 1987. *.
- [LFA77] J. LELONG-FERRAND et J.M. ARNAUDIÈS. *Cours de mathématiques, Géométrie et cinématique*, volume Tome 3. Dunod Université, 1977. *.
- [LTG⁺92] S. LAVALLÉE, J. TROCCAZ, L. GABORIT, Ph. CINQUIN, A.L. BENABID, et D. HOFFMANN. « Image guided operating robot: a clinical application in stereotactic neurosurgery ». Dans *International Conference on Robotics and Automation*, volume 1, pages 618–624. IEEE, mai 1992. *.
- [Mal92] Grégoire MALANDAIN. « Filtrage, Topologie et Mise en correspondance d'images médicales multidimensionnelles ». PhD thesis, Ecole Centrale de Paris, septembre 1992. **.

- [Man95] J.F. MANGIN. « *Mise en correspondance d'images médicales 3D multi-modalités multi-individus pour la corrélation anatomofonctionnelle cérébrale* ». PhD thesis, Télécom Paris, mars 1995. ***.
- [MBF92] O. MONGA, S. BENAYOUN, et O. D. FAUGERAS. « Using Partial Derivatives of 3D Images to Extract Typical Surface Features ». Dans *CVPR*, 1992. **.
- [MDB⁺94] O. MIGNECO, J. DAR COURT, J. BENOLIEL, F. MARTIN, Ph. ROBERT, F. BUSSIÈRE-LAPALUS, et I. MENA. « Computerized localization of brain structures in single photon emission computed tomography using a proportional anatomical stereotactic atlas ». *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 18(6):413–422, 1994. **.
- [MECP89] S. MARRETT, A. C. EVANS, L. COLLINS, et T. M. PETERS. « A Volume of Interest (VOI) Atlas for the Analysis of Neurophysiological Image Data ». Dans *Medical Imaging III: Image Processing*, volume 1092, pages 467–477. SPIE, 1989. **.
- [MFB⁺94] J. F. MANGIN, V. FROUIN, I. BLOCH, J. RÉGIS, Y. SAMSON, et J. LOPEZ-KRAHE. « 3-D Visualization of the Cortical Sulcal Topography ». Dans *8th Conference on Computer Application in Radiology*, Winston Salem (USA), juin 1994. *.
- [MFV95] G. MALANDAIN et S. FERNÁNDEZ-VIDAL. « Topologically correct skeleton in n-D ». Dans *5th DGCI*, Clermont-Ferrand (France), septembre 1995. *.
- [MKA92] S. MORITA, T. KAWASHIMA, et Y. AOKI. « Hierarchical Shape Recognition Based on 3-D Multiresolution Analysis ». Dans G. SANDINI, éditeur, *ECCV*, volume 588 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 843–851. Springer-Verlag, 1992. *.
- [MLD94] O. MONGA, R. LENGAGNE, et R. DERICHE. « Crest lines extraction in volume 3D medical images: a multi-scale approach ». Rapport Technique 2338, INRIA, juillet 1994. Available by anonymous ftp at <ftp.inria.fr> /INRIA/tech-reports/RR, *.

-
- [MNR⁺91] G. Q. MAGUIRE, M. E. NOZ, H. RUSINEK, J. JAEGER, E. L. KRAMER, J. J. SANGER, et G. SMITH. « Graphics Applied to Medical Image Registration ». *IEEE Computer Graphics & Applications*, pages 20–27, mars 1991. *.
- [Mok93] F. MOKHTARIAN. « Multi-Scale, Torsion-Based Shape Representations for Space Curves ». Dans *CVPR*, pages 660–661, New-York (USA), juin 1993. *.
- [MPK94] J. MARTIN, A. PENTLAND, et R. KIKINIS. « Shape Analysis of Brain Structures Using Physical and Experimental Modes ». Dans *Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 752–755, Seattle, Washington (USA), juin 1994. ***.
- [MR90] D. MARCHAC et D. RENIER. « New Aspects of Craniofacial Surgery ». *World Journal of Surgery*, 14:725–732, 1990. *.
- [MR93] G. MALANDAIN et J.M. ROCCHISANI. « Matching of 3D medical images with a potential based method ». Rapport Technique 1890, INRIA, avril 1993. Available by anonymous ftp at ftp.inria.fr/INRIA/tech-reports/RR,*.
- [NA93a] Ch. NASTAR et N. AYACHE. « Fast Segmentation, Tracking, and Analysis of Deformable Objects ». Dans *Proceedings of the Fourth International Conference on Computer Vision (ICCV '93)*, pages 275–279, Berlin (Germany), mai 1993. ***.
- [NA93b] Ch. NASTAR et N. AYACHE. « Non-Rigid Motion Analysis in Medical Images: A Physically Based Approach ». Dans *Information Processing in Medical Imaging*, Flagstaff, Arizona (USA), juin 1993. IPMI. **.
- [NA94] Ch. NASTAR et N. AYACHE. « Classification of Nonrigid Motion in 3D Images using Physics-Based Vibration Analysis ». Dans *IEEE Workshop on Biomedical Analysis*, pages 61–69, Seattle (USA), juin 1994. ***.
- [Nas94a] Ch. NASTAR. « Modèles physiques déformables et modes vibratoires pour l'analyse du mouvement non-rigide dans les images multidi-

- mensionnelles*». PhD thesis, Ecole Nationale des Ponts et Chaussées, juillet 1994. ***.
- [Nas94b] Ch. NASTAR. « Vibration Modes for Nonrigid Motion Analysis in 3D Images ». Dans *Proceedings of the Third European Conference on Computer Vision (ECCV'94)*, pages 231–236, Stockholm (Sweden), mai 1994. ***.
- [NFN+95] W.L. NOWINSKI, A. FANG, B.T. NGUYEN, R. RAGHAVAN, R.N. BRYAN, et J. MILLER. « Talairach-Tournoux / Schaltenbrand-Wahren Based Electronic Brain Atlas System ». Dans N. AYACHE, éditeur, *CVRMed'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 257–261, Nice (France), avril 1995. Springer Verlag. **.
- [Nig90] J. NIGGEMANN. « Analysis and representation of neuroanatomical knowledge ». *Applied Artificial Intelligence*, 4:309–336, 1990. *.
- [OISJ+95] R.V. O'TOOLE III, D.A. SIMON, B. JARAMAZ, O. GHATTAS, M.K. BLACKWELL, L. KALLIVOKAS, F. MORGAN, C. VISNIC, A.M. DIGIOIA III, et T. KANADE. « Towards More Capable and Less Invasive Robotic Surgery in Orthopaedics ». Dans N. AYACHE, éditeur, *CVRMed'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 123–130, Nice (France), avril 1995. Springer Verlag. *.
- [OKA90] M. ONO, S. KUBIK, et Ch. D. ABERNATHEY. *Atlas of the Cerebral Sulci*. Georg Thieme Verlag, 1990. ***.
- [Pen92] A. PENTLAND. « Modal Descriptions for Recognition and Tracking ». Dans *IAPR Workshop on Machine Vision Applications*, pages 435–444, Tokyo (Japan), décembre 1992. *.
- [Per83] Ed. PERNKOPF. *Atlas d'anatomie humaine*. Piccin, 1983. *.
- [PFTV88] W. H. PRESS, B. P. FLANNERY, S. A. TEUKOLSKY, et W. T. VETTING. *Numerical Recipes in C, The Art of Scientific Computing*. Cambridge University Press, 1988. *.

-
- [Pie95] E. PIETKA. « Computer-Assisted Bone Age Assessment Based on Features Automatically Extracted from a Hand Radiography ». *Computerized Medical Imaging and Graphics*, 19(3):251–259, mai 1995. *.
- [PMA95] J. PARK, D. METAXAS, et L. AXEL. « Volumetric Deformable Models with Parameter Functions. A New Approach to the 3D Motion Analysis of the LV from MRI-SPAMM ». Dans *Fifth International Conference on Computer Vision*, pages 700–705, Cambridge (Massachusetts) (United-States), juin 1995. *.
- [PS85] F. P. PREPARATA et I. M. SHAMOS. *Computational Geometry - An Introduction*. Springer-Verlag, 1985. *.
- [PS91] A. PENTLAND et S. SCLAROFF. « Closed-Form Solutions for Physically Based Shape Modeling and Recognition ». *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(7):715–729, juillet 1991. *.
- [PSR⁺94] A. POMMERT, R. SCHUBERT, M. RIEMER, T. SCHIEMANN, U. TIEDE, et K. H. HÖHNE. « Symbolic Modeling of Human Anatomy for Visualization and Simulation ». Dans Richard A. ROBB, éditeur, *Visualization in Biomedical Computing*, volume 2359 de *SPIE*, pages 412–423, Rochester, Minnesota (USA), octobre 1994. **.
- [PT95] X. PENNEC et J.Ph. THIRION. « Validation of 3-D Registration Methods based on Points and Frames ». Rapport Technique 2470, INRIA, 1995. Available by anonymous ftp at ftp.inria.fr /INRIA/tech-reports/RR, *.
- [PVG95] T. PAJDLA et L. VAN GOOL. « Matching of 3-D Curves using Semi-differential Invariants ». Dans *Fifth International Conference on Computer Vision*, pages 390–395, Cambridge, Massachusetts (USA), juin 1995. ***.
- [PW89] A. PENTLAND et J. WILLIAMS. « Good Vibrations: Modal Dynamics for Graphics and Animation ». *Computer Graphics*, 23(3):215–222, juillet 1989. *.

- [RCJSG93] J. RADEMACHER, V. S. CAVINESS JR, H. STEINMETZ, et A. M. GALABURDA. « Topographical Variation of the Human Primary Cortices: Implications for Neuroimaging, Brain Mapping, and Neurobiology ». *Cerebral Cortex*, 3:313–329, août 1993. *.
- [Rég94] Jean RÉGIS. « *Anatomie sulcale profonde et cartographie fonctionnelle du cortex cérébral* ». PhD thesis, Doctorat en Médecine, avril 1994. ***.
- [Ren80] M. RENEVEY. « *Méthodes d'analyse de données appliquées à la nouvelle topologie crânienne* ». PhD thesis, Université de Nice (France), novembre 1980. *.
- [RF91] L. ROBERT et O. D. FAUGERAS. « Curve-Based Stereo: Figural Continuity and Curvature ». Dans *Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 57–62, Hawaii (USA), juin 1991. *.
- [RFD⁺95] N. ROYACKKERS, H. FAWAL, M. DESVIGNES, M. REVENU, et J.M. TRAVÈRE. « Feature Extraction for Cortical Sulci Identification ». Dans *9th Scandinavian Conference on Image Analysis*, volume 2, pages 1147–1154, Uppsala (Sweden), juin 1995. **.
- [RGK⁺92] J. RADEMACHER, A. M. GALABURDA, D. N. KENNEDY, P. A. FILIPEK, et V. S. CAVINESS JR.. « Human Cerebral Cortex: Localization, Parcellation, and Morphometry with Magnetic Resonance Imaging ». *Journal of Cognitive Neuroscience*, 4(4):352–374, 1992. *.
- [Ris91] J.-J. RISLER. *Méthodes mathématiques pour la CAO*. Masson, 1991. *.
- [RL87] P. K. ROUSSEEUW et A. M. LEROY. *Robust regression & Outlier detection*. Wiley Series in Probability and Mathematical Statistics. John Wiley & Sons, 1987. *.
- [RM93] F. J. ROHLF et L. F. MARCUS. « A Revolution in Morphometrics ». *Trends in Ecology and Evolution*, 8(4):129–132, avril 1993. **.

-
- [Roc90] J. M. ROCCHISANI. Imagerie cardiaque : de la morphologie au calcul numérique. Dans *Calcul scientifique en biomécanique*. INRIA, Cours et Séminaires, décembre 1990. *.
- [SB82] A. F. SIEGEL et R. H. BENSON. « A Robust Comparison of Biological Shapes ». *Biometrics*, (38):341–350, 1982. **.
- [SB94] B. SERRA et M. BERTHOD. « Subpixel Contour Matching Using Continuous Dynamic Programming ». Dans *Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 202–207, Seattle (USA), juin 1994. *.
- [SBK⁺92] G. SZÉKELY, Ch. BRECHBÜHLER, O. KÜBLER, R. OGNIWICZ, et T. BUDINGER. « Mapping the human cerebral cortex using 3D medial manifolds ». Dans Richard A. ROBB, éditeur, *Visualization in Biomedical Computing*, pages 130–144, Chapel Hill, North Carolina (USA), octobre 1992. SPIE. ***.
- [SHK⁺94a] Th. SCHIEMANN, K. H. HÖHNE, Ch. KOCH, A. POMMERT, M. RIEMER, R. SCHUBERT, et U. TIEDE. « Interpretation of Tomographic Images Using Automatic Atlas Lookup ». Dans Richard A. ROBB, éditeur, *Visualization in Biomedical Computing*, volume 2359 de *SPIE*, pages 457–465, Rochester (Minnesota) (USA), octobre 1994. **.
- [SHK94b] D.A. SIMON, M. HEBERT, et T. KANADE. « Real-time 3-D Pose Estimation Using a High-Speed Range Sensor ». Dans *IEEE International Conference on Robotics and Automation*, volume 3, pages 2235–2241, San-Diego (USA), mai 1994. *.
- [SKBG95] G. SZÉKELY, A. KELEMEN, Ch. BRECHBÜHLER, et G. GERIG. « Segmentation of 3D Objects from MRI Volume Data Using Constrained Elastic Deformations of Flexible Fourier Surface Models ». Dans N. AYACHE, éditeur, *CVRMed'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 495–505, Nice (France), avril 1995. Springer-Verlag. ***.
- [SKY⁺94] M. SENDA, I. KANNO, Y. YONEKURA, H. FUJITA, K. ISHII, H. LYSHKOW, Sh. MIURA, K. ODA, N. SADATO, et H. TOYAMA. « Comparison of anatomical standardization methods regarding

- the sensorimotor foci localization and between-subject variation in $H_2^{15}O$ PET activation, a three-center collaboration study». *Annals of Nuclear Medicine*, 8(3):201–207, 1994. *.
- [SL93] R. SZELISKI et S. LAVALLÉE. « Matching 3-D Anatomical Surfaces with Non-rigid Deformations using Octree-Splines ». Dans SPIE, éditeur, *Geometric Methods in Computer Vision II*, volume 2031, pages 306–315, 1993. **.
- [SL94] R. SZELISKI et S. LAVALLÉE. « Matching 3-D Anatomical Surfaces with Non-Rigid Deformations using Octree-Splines ». Dans *IEEE Workshop on Biomedical Image Analysis*, pages 144–153, Seattle (Washington) (USA), juin 1994. **.
- [SL95] S. R. SANDOR et R. M. LEAHY. « Towards Automated Labelling of the Cerebral Cortex Using a Deformable Atlas ». Dans Y. BIZAIS, Ch. BARILLOT, et R. DI PAOLA, éditeurs, *Information Processing in Medical Imaging*, pages 127–138, juin 1995. **.
- [SRC⁺95] P. SHI, G. ROBINSON, A. CHAKRABORTY, L. STAIB, R. CONSTABLE, A. SINUSAS, et J. DUNCAN. « A Unified Framework to Assess Myocardial Function from 4D Images ». Dans Nicholas AYACHE, éditeur, *CVRMed'95*, pages 327–337, Nice (France), avril 1995. *.
- [SS87] J. T. SCHWARTZ et M. SHARIR. « Identification of Partially Obscured Objects in Two and Three Dimensions by Matching Noisy Characteristic Curves ». *The International Journal of Robotic Research*, 6(2):29–44, 1987. *.
- [STA93] G. SUBSOL, J.Ph. THIRION, et N. AYACHE. « Reconnaissance de modèles génériques à l'aide d'un réseau spatial de lignes actives. Application au traitement d'images médicales. ». Dans *Quatrième Journées ORASIS*, pages 174–177, Mulhouse (France), octobre 1993. GDR-PRC Communication Homme-Machine, Pôle Vision. **.
- [STA94a] G. SUBSOL, J.Ph. THIRION, et N. AYACHE. « First Steps Towards Automatic Building of Anatomical Atlases ». Rapport Technique

-
- 2216, INRIA, mars 1994. Available by anonymous ftp at ftp.inria.fr /INRIA/tech-reports/RR, ***.
- [STA94b] G. SUBSOL, J.Ph. THIRION, et N. AYACHE. « Non-Rigid Registration for Building 3D Anatomical Atlases ». Dans *The 12th International Conference on Pattern Recognition*, volume I, pages 576–578, Jerusalem (Israel), octobre 1994. IAPR. ***.
- [STA94c] G. SUBSOL, J.Ph. THIRION, et N. AYACHE. « Steps Towards Automatic Building of Anatomical Atlases ». Dans Richard A. ROBB, éditeur, *Visualization in Biomedical Computing*, volume 2359 de *SPIE*, pages 435–446, Rochester (Minnesota) (USA), octobre 1994. ***.
- [STA95a] G. SUBSOL, J.Ph. THIRION, et N. AYACHE. « A General Scheme for Automatically Building 3D Morphometric Anatomical Atlases: application to a Skull Atlas ». Rapport Technique 2586, INRIA, mars 1995. Available by anonymous ftp at ftp.inria.fr /INRIA/tech-reports/RR, ***.
- [STA95b] G. SUBSOL, J.Ph. THIRION, et N. AYACHE. « A General Scheme for Automatically Building 3D Morphometric Anatomical Atlases: application to a Skull Atlas ». Dans *Medical Robotics and Computer Assisted Surgery*, pages 226–233, Baltimore, Maryland (USA), novembre 1995. ***.
- [STA96a] G. SUBSOL, J. Ph. THIRION, et N. AYACHE. « A General Scheme for Automatically Building 3D Morphometric Anatomical Atlases: application to a Skull and a Brain Atlas ». Dans *16th L.A.S.R. Workshop Image Fusion And Shape Variability Techniques*, Leeds (United-Kingdom), juillet 1996. A paraître, ***.
- [STA96b] G. SUBSOL, J. Ph. THIRION, et N. AYACHE. « Some applications of an automatically built 3D morphometric skull atlas ». Dans H. LEMKE, K. INAMURA, A. FARMAN, et F. VANNIER, éditeurs, *Computer Assisted Radiology*, Paris (France), juin 1996. A paraître, ***.

- [STA96c] G. SUBSOL, J. Ph. THIRION, et N. AYACHE. « Une méthode générale pour construire automatiquement des atlas anatomiques morphométriques : application à un atlas du crâne ». Dans *Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle*, volume 1, pages 159–168, Rennes (France), janvier 1996. AFCET/AFIA. ***.
- [SYMK95] H. SUZUKI, K. YOSHIKAWA, M. MATSUO, et J. KASHIO. « A Supporting System for Getting Tomograms and Screening with a Computerized 3D Brain Atlas and a Knowledge Database ». Dans N. AYACHE, éditeur, *CVRMed'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 170–176, Nice (France), avril 1995. Springer Verlag. **.
- [TAMA92] J.Ph. THIRION, N. AYACHE, O. MONGA, et Gourdon A.. « Dispositif de traitement d'informations d'images tri-dimensionnelles avec extraction de lignes remarquables ». Brevet Français, numéro 92 03900, mars 1992.
- [Tay93] R. H. TAYLOR. « An Overview of Computer Assisted Surgery Research at IBM T. J. Watson Research Center ». Dans *Sixth International Symposium on Robotics Research*, Hidden Valley, PA (USA), octobre 1993. ISRR. *.
- [TB93] J.Ph. THIRION et S. BENAYOUN. « Image Surface Extremal Points, New Feature Points for Image Registration ». Rapport Technique 2003, INRIA, août 1993. Available by anonymous ftp at <ftp.inria.fr> /INRIA/tech-reports/RR, **.
- [TG93] J.Ph. THIRION et A. GOURDON. « The Marching Lines Algorithm : new results and proofs ». Rapport Technique 1881, INRIA, March 1993. Available by anonymous ftp at <ftp.inria.fr> /INRIA/tech-reports/RR, ***.
- [Thi93] J.Ph. THIRION. « New feature points based on geometric invariants for 3D image registration ». Rapport Technique 1901, INRIA, May 1993. Available by anonymous ftp at <ftp.inria.fr> /INRIA/tech-reports/RR, **.

-
- [Thi95] J.-Ph. THIRION. « Fast Non-Rigid Matching of 3D Medical Images ». Dans *Medical Robotics and Computer Aided Surgery (MR-CAS'95)*, pages 47–54, Baltimore (USA), novembre 1995. *.
- [Thu94] L. THURFJELL. « *An Adjustable 3D brain Atlas for Quantitative Analysis of Neuroimaging Data* ». PhD thesis, Centre for Image Analysis, University of Stockholm, 1994. *.
- [TSLA95] R. TOMBROPOULOS, A. SCHWEIKARD, J.C. LATOMBE, et J. ADLER. « Treatment Planning for Image-Guided Robotic Radio-surgery ». Dans N. AYACHE, éditeur, *CVRMed'95*, volume 905 de *Lecture Notes in Computer Science*, pages 131–137, Nice (France), avril 1995. Springer-Verlag. *.
- [TT88] J. TALAIRACH et P. TOURNOUX. *Co-Planar Stereotaxic Atlas of the Human Brain*. Georg Thieme Verlag, 1988. ***.
- [TTP96] A. W. TOGA, P. THOMPSON, et B. A. PAYNE. « *Development Neuroimaging: Mapping the Development of Brain and Behavior* », Chapitre Modeling Morphometric Changes of the Brain During Development. Academic Press, 1996. *.
- [Uni85] « *Encyclopædia Universalis, Thesaurus, tome II* », page 1438. 1985. *.
- [vdE93] P. A. van den ELSEN. « *Multimodality Matching of Brain Images* ». PhD thesis, Utrecht University, juin 1993. *.
- [VGW94] A. VAN GELDER et J. WILHEMS. « Topological Considerations in Isosurface Generation ». *ACM Transactions on Graphics*, 13(4):337–375, octobre 1994. *.
- [Wei91] S. WEIS. « Morphometry and Magnetic Resonance Imaging of the Human Brain in Normal Controls and Down's Syndrome ». *The Anatomical Record*, (231):593–598, 1991. *.
- [ZDMP94] A. P. ZIJDENBOS, N. DAWANT, R. A. MARGOLIN, et A. C. PALMER. « Morphometric Analysis of White Matter Lesions in MR Images: Method and Validation ». *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 13(4):716–724, décembre 1994. *.

- [Zha92a] Zh. ZHANG. «Iterative Point Matching for Registration of free-form curves». Rapport Technique 1658, INRIA, April 1992. Available by anonymous ftp at ftp.inria.fr /INRIA/tech-reports/RR, ***.
- [Zha92b] Zh. ZHANG. « On Local Matching of Free-Form Curves ». Dans David HOGG et Roger BOYLE, éditeurs, *British Machine Vision Conference*, pages 347–356, Leeds (United Kingdom), September 1992. British Machine Vision Association, Springer-Verlag. ***.
- [Zha93] Zh. ZHANG. « Le Problème de la mise en correspondance: l'état de l'art ». Rapport Technique 2146, INRIA, décembre 1993. *.
- [Zha94] Zh. ZHANG. « Iterative Point Matching for Registration of Free-Form Curves and Surfaces ». *International Journal of Computer Vision*, 13(2):119–152, octobre 1994. ***.
- [ZJHO95] C. ZAHLTEN, H. JÜRGENS, et Peitgen H.-O.. « Reconstruction of branching blood vessels from CT-data ». Dans M. GÖBEL, H. MÜLLER, et B. URBAN, éditeurs, *Visualization in Scientific Computing*, pages 41–52. Springer-Verlag, 1995. *.