



**HAL**  
open science

# Recalage non rigide en imagerie cérébrale : méthodes et validation

Pierre Hellier

► **To cite this version:**

Pierre Hellier. Recalage non rigide en imagerie cérébrale : méthodes et validation. Modélisation et simulation. Université Rennes 1, 2000. Français. NNT : . tel-00536029

**HAL Id: tel-00536029**

**<https://theses.hal.science/tel-00536029>**

Submitted on 15 Nov 2010

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

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

**THÈSE**

présentée

DEVANT L'UNIVERSITÉ DE RENNES I

pour obtenir

le grade de: **DOCTEUR DE L'UNIVERSITÉ DE RENNES I**

Mention: Traitement du Signal

PAR

**Pierre Hellier**

Équipe d'accueil: VISTA (IRISA, RENNES)

École doctorale: Mathématiques, Informatique, Signal, Électronique et  
Télécommunications

Composante Universitaire: SPM

Titre de la thèse:

**Recalage non rigide en imagerie cérébrale :  
méthodes et validation**

Soutenue le 21 Décembre 2000, devant la commission d'examen

COMPOSITION DU JURY:

M.	Patrick	BOUTHEMY	Président
MM.	Nicholas Dirk	AYACHE VANDERMEULEN	Rapporteurs
MM.	Christian Jean François Fabrice	BARILLOT MANGIN HEITZ	Examineurs
M.	Étienne	MÉMIN	Membre invité



# Remerciements

Ce travail a été réalisé à l'IRISA (Institut de Recherche en Informatique et Systèmes Aléatoires, INRIA Rennes), au sein de l'équipe Vista. Je remercie Patrick Bouthemy, Directeur de Recherches INRIA et responsable de l'équipe Vista, de m'avoir accueilli dans un environnement de travail exceptionnel.

Je tiens également à remercier Patrick Bouthemy pour avoir accepté de présider ce jury de thèse.

Je suis reconnaissant à Nicholas Ayache, Directeur de recherche INRIA et responsable du projet Epidaure à l'INRIA Sophia Antipolis, ainsi qu'à Dirk Vandermeulen, Professeur à l'université de Louvain, d'avoir accepté la tâche fastidieuse d'être les rapporteurs de cette thèse, et de s'en être acquittés avec objectivité, rigueur et intérêt.

Je remercie également Fabrice Heitz, Professeur des Universités, Jean François Mangin, Chargé de recherches au CEA, et Christian Barillot, Chargé de recherches au CNRS, d'avoir accepté d'examiner ce travail de thèse. Je leur suis reconnaissant de s'être penchés sur ce travail avec rigueur et enthousiasme.

Les trois années passées sous la tutelle de Christian Barillot ont été riches d'enseignement. Je voudrais saluer ici sa disponibilité, son attention, sa compétence dans le domaine de l'imagerie médicale, ainsi que ses qualités humaines. Il m'a guidé avec bienveillance et talent dans un domaine nouveau pour moi, celui de l'imagerie cérébrale.

J'ai eu également la chance et le plaisir de travailler en collaboration avec Étienne Mémin et Patrick Pérez, depuis 1996 et le stage de DEA, ce qui ne me laissait plus d'autre choix pour faire une thèse que celui de l'IRISA. Qu'ils soient assurés ici de ma reconnaissance pour les relectures, les conseils divers, les échanges scientifiques, tout ceci dans une ambiance chaleureuse et décontractée.

Je voudrais saluer les personnes du laboratoire SIM, Signal et Images en Médecine, Hôpital de Pontchaillou, et plus précisément Pierre Jannin, Christophe Grova, Bernard Gibaud et Oliver Fleig. Grâce à leur position, plus proche de l'application, nos échanges m'ont énormément apporté. Il vient en effet toujours un moment où l'on se pose cette question enfantine: "A quoi cela sert il?".

Le "nous" utilisé tout au long de ce manuscrit n'est pas une figure de style, ni un signe de fausse modestie. Il reflète l'apport des collaborations qui ont nourries ce travail. Je voudrais citer en particulier: Christian Barillot, Etienne Mémin, Patrick Pérez, Caroline Baillard, Isabelle Corouge, Lionel Oisel, Renaud Peteri, Georges Le Goualher.

L'IRISA en général, et l'équipe Vista en particulier, sont des lieux de travail privilégiés. Si l'on y ajoute la bonne humeur régnant au sein de l'équipe Vista, en particulier grâce aux thésards de l'équipe, il devient difficile de s'en séparer. Je voudrais souligner la gentillesse et l'aide précieuse de Anne Jaigu et Pascale Laurent pour la partie bibliographique de ce document; de Edith Blin pour son soutien "logistique" constant et précieux; enfin de toute l'équipe "système" de l'IRISA, en particulier celle de Fabien Spindler, pour les multiples dépannages informatiques.

Cette thèse est dédiée à tous ceux qui m'entourent. Inutile de les nommer, ils se reconnaîtront aisément. "J'aime qui m'éblouit puis qui accentue l'obscur à l'intérieur de moi". RC.

SOLI DEO GLORIA



# Table des matières

Introduction générale	4
<b>I Recalage monomodalité inter-sujet</b>	<b>13</b>
<b>1 État de l'art</b>	<b>15</b>
1.1 Classification des méthodes de recalage . . . . .	15
1.2 Mise en correspondance de structures anatomiques . . . . .	16
1.2.1 Points . . . . .	16
1.2.2 Courbes . . . . .	17
1.2.3 Surfaces . . . . .	18
1.2.4 Du “contour” au volume . . . . .	19
1.3 Méthodes basées sur la luminance . . . . .	20
1.3.1 Modèles mécaniques . . . . .	20
1.3.2 La corrélation croisée . . . . .	23
1.3.3 Les démons . . . . .	24
1.3.4 Différence inter-image . . . . .	25
1.3.5 Estimation conjointe d'une transformation d'intensité et d'une transformation spatiale . . . . .	25
1.4 Discussion . . . . .	27
<b>2 Estimation robuste 3D d'un champ de déformation pour le recalage non rigide de volumes cérébraux</b>	<b>29</b>
2.1 Introduction . . . . .	29
2.1.1 Présentation synthétique de la méthode . . . . .	29
2.1.2 Organisation . . . . .	30
2.2 Formulation générale . . . . .	30
2.2.1 Équation du flot optique . . . . .	30
2.2.2 Limitations . . . . .	31
2.3 Estimateurs robustes . . . . .	32
2.3.1 Présentation . . . . .	32
2.3.2 Les M-estimateurs . . . . .	32
2.4 Schéma multirésolution . . . . .	34
2.4.1 Motivations . . . . .	34
2.4.2 Construction d'une pyramide de volumes . . . . .	34
2.4.3 Formulation multirésolution du recalage . . . . .	35

2.5	Résolution “multigrille” . . . . .	36
2.5.1	Motivations . . . . .	36
2.5.2	Description . . . . .	37
2.5.3	Partition adaptative . . . . .	38
2.6	Modèle paramétrique de déformation . . . . .	41
<b>3</b>	<b>Expérimentations et analyses</b>	<b>43</b>
3.1	Données simulées . . . . .	43
3.1.1	Modification locale de la topologie . . . . .	43
3.1.2	Expériences sur un fantôme . . . . .	46
3.2	Données réelles . . . . .	51
3.3	Expérimentation sur une base de 18 sujets . . . . .	57
3.3.1	Présentation de la base de sujets . . . . .	57
3.3.2	Résultats . . . . .	59
3.4	Recalage des acquisitions d’un même sujet, avant et après opération . . . . .	61
<b>4</b>	<b>Conclusion</b>	<b>65</b>
<b>II</b>	<b>Recalage multimodalité non-rigide</b>	<b>67</b>
<b>1</b>	<b>Introduction</b>	<b>69</b>
1.1	L’imagerie par résonance magnétique fonctionnelle . . . . .	69
1.1.1	Principe . . . . .	69
1.1.2	L’acquisition EPI . . . . .	70
1.1.3	Exemple sur des données pathologiques . . . . .	70
<b>2</b>	<b>État de l’art</b>	<b>73</b>
2.1	Recalage rigide . . . . .	73
2.1.1	Mise en correspondance d’attributs géométriques . . . . .	73
2.1.2	Méthodes “iconiques” . . . . .	74
2.2	Recalage non-rigide . . . . .	76
2.2.1	Méthodes basées sur une mesure de phase . . . . .	76
2.2.2	Méthodes basées sur la luminance . . . . .	76
2.2.3	Discussion . . . . .	77
<b>3</b>	<b>Méthode de recalage multimodalité non rigide</b>	<b>79</b>
3.1	Initialisation par recalage rigide . . . . .	79
3.1.1	Repère “mondial”, ou repère de référence . . . . .	79
3.1.2	Maximisation de l’information mutuelle . . . . .	80
3.1.3	Optimisation . . . . .	82
3.2	Schéma de minimisation hiérarchique . . . . .	84
3.2.1	Motivations . . . . .	85
3.2.2	Description . . . . .	85
3.2.3	Modèle paramétrique . . . . .	86

<b>4 Résultats</b>	<b>87</b>
4.1 Données simulées . . . . .	87
4.2 Données cliniques . . . . .	88
<b>5 Discussion</b>	<b>93</b>
<b>III Comparaison et évaluation de différentes méthodes de recalage inter-sujets</b>	<b>95</b>
<b>1 Introduction</b>	<b>97</b>
1.1 Objectifs . . . . .	97
1.2 Participants . . . . .	98
1.3 Principe et organisation . . . . .	100
<b>2 Mesures globales</b>	<b>105</b>
2.1 Volumes reconstruits . . . . .	105
2.1.1 Étude sur un sujet . . . . .	105
2.1.2 Volume moyen des sujets déformés . . . . .	108
2.2 Étude sur des critères anatomiques . . . . .	114
2.2.1 Recouvrement des matières grises et blanches . . . . .	114
2.2.2 Corrélation des volumes L <sub>iv</sub> . . . . .	115
2.3 Conclusion partielle . . . . .	116
<b>3 Mesures locales</b>	<b>117</b>
3.1 Visualisation de la déformation des sillons . . . . .	117
3.1.1 Sillons déformés superposés . . . . .	118
3.1.2 Sillons moyens . . . . .	123
3.2 Évaluation numérique des déformations corticales . . . . .	126
3.2.1 Distance entre sillons recalés . . . . .	126
3.2.2 Étude statistique des formes recalées . . . . .	127
3.3 Conclusion partielle . . . . .	132
<b>4 Discussion</b>	<b>135</b>
<b>IV Coopération segmentation/recalage</b>	<b>137</b>
<b>1 Introduction</b>	<b>139</b>
<b>2 Utilisation du recalage pour la segmentation automatique de structures cérébrales</b>	<b>141</b>
2.1 Introduction . . . . .	141
2.2 Éléments d'état de l'art sur les méthodes de segmentation d'IRM cérébrales	142
2.2.1 Méthodes basées sur les régions . . . . .	142
2.2.2 Atlas déformables . . . . .	143
2.2.3 Contours actifs et modèles déformables . . . . .	143



2.3	Segmentation par la méthode des ensembles de niveaux . . . . .	145
2.3.1	Paramètres du modèle . . . . .	146
2.4	Coopération avec le recalage . . . . .	146
2.5	Expérimentations . . . . .	149
2.5.1	Données simulées . . . . .	149
2.5.2	Données réelles . . . . .	154
2.6	Conclusion . . . . .	158
<b>3</b>	<b>Utilisation de la segmentation pour contraindre le recalage</b>	<b>159</b>
3.1	Introduction . . . . .	159
3.2	Segmentation des sillons corticaux . . . . .	160
3.2.1	État de l'art . . . . .	160
3.2.2	Discussion . . . . .	163
3.3	Intégration dans le recalage . . . . .	164
3.3.1	État de l'art . . . . .	164
3.3.2	Mise en correspondance des sillons . . . . .	165
3.3.3	Formulation avec contrainte éparses . . . . .	167
3.4	Résultats . . . . .	168
3.5	Expérience sur 2 sujets . . . . .	168
3.6	Expérience sur la base de donnée de 18 sujets . . . . .	173
3.6.1	Mesures globales . . . . .	173
3.6.2	Mesures locales . . . . .	176
3.7	Conclusion . . . . .	183
	<b>Conclusion générale</b>	<b>186</b>
	<b>Annexes</b>	<b>190</b>
	<b>A Éléments d'anatomie cérébrale</b>	<b>191</b>
	<b>B Implémentation récursive du filtrage gaussien</b>	<b>195</b>
	<b>C Estimation du modèle paramétrique</b>	<b>197</b>
	<b>D Matrice de transformation rigide en coordonnées homogènes</b>	<b>201</b>
	<b>E Estimation de la dérivée de l'information mutuelle</b>	<b>203</b>
	<b>Bibliographie</b>	<b>217</b>
	<b>Publications</b>	<b>244</b>

# Introduction générale

SGANARELLE. - “Mon raisonnement est qu’il y a quelque chose d’admirable dans l’homme, quoi que vous puissiez dire, que tous les savants ne sauraient expliquer. Cela n’est-il pas merveilleux que me voila ici, et que j’aie quelque chose dans la tête qui pense cent choses différentes en un moment, et fait de mon corps tout ce qu’elle veut?”

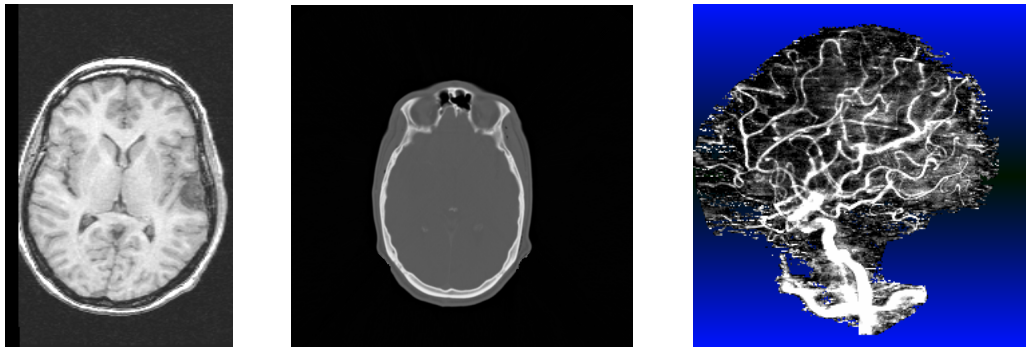
L’émerveillement de Sganarelle renvoie à la prétention de l’homme à explorer son intelligence par sa propre intelligence. Ambition démesurée ou orgueil? Ce mystère, dont il était autrefois interdit de s’approcher, car l’âme était considérée comme indivisible, immatérielle et immortelle, est aujourd’hui l’objet de très nombreuses recherches. Aboutiront-elles à le renforcer ou à le dissiper? Le nombre important de publications, dans des revues spécialisées et généralistes, atteste de la vitalité de ce domaine. Bien évidemment, cette question n’a presque jamais cessé d’être posée, mais elle est depuis une quinzaine d’années alimentée par le développement de techniques permettant d’observer *in vivo* les structures et l’activité du cerveau.

## Images anatomiques et fonctionnelles

Les chercheurs en neurosciences, comme les chirurgiens, disposent désormais de nombreuses visualisations du cerveau, anatomiques ou fonctionnelles :

### Images anatomiques

Les images anatomiques offrent une visualisation des différents tissus composant le cerveau. Les examens les plus courants sont l’imagerie par résonance magnétique (IRM), le scanner X, l’angiographie (morphomètre 3D), l’échographie (ultrasons 3D), l’imagerie par résonance magnétique de diffusion (IRMd). Ces examens ont des contrastes différents selon les tissus considérés. Ainsi, les tissus mous sont mieux visualisés avec l’IRM, mais les structures osseuses apparaissent plus nettement au scanner. Dans une application thérapeutique, ces images sont par nature complémentaires. En radiothérapie par exemple, les zones à traiter sont visualisées avec l’IRM mais les doses de radiations sont déterminées à l’aide du scanner. De même, les anévrismes sont détectés grâce à l’angiographie alors que la voie d’approche chirurgicale est conçue avec l’IRM. La figure 0.1 présente en coupe axiale un exemple d’acquisition IRM et Scanner X, ainsi qu’un examen angiographique 3D en rendu de volume de profil.

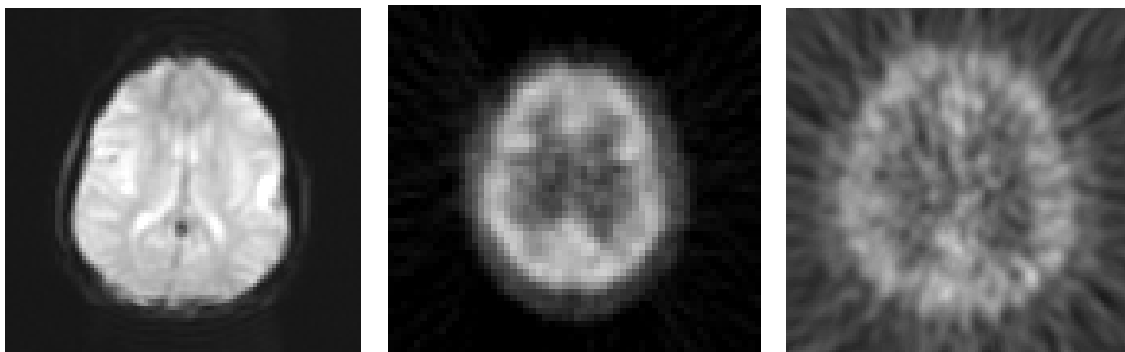


**IRM, coupe axiale    Scanner X, coupe axiale    Angiographie, vue latérale**

FIG. 0.1 – Exemple de volumes anatomiques. On distingue sur ces coupes axiales les différences de contraste au niveau des tissus mous et osseux sur les deux acquisitions IRM et Scanner X. Les données IRM ont été fournies par le projet GIS, science de la cognition ; les données Scanner X par le projet “retrospective intermodality registration project” mené par l’université Vanderbilt ; et les données angiographiques par l’hôpital de Pontchaillou.

### Images fonctionnelles

Les images fonctionnelles permettent quant à elles d’observer l’activité du cerveau notamment lors de l’exécution d’une tâche (motrice, sensorielle, ou cognitive). Comme les images anatomiques, elles sont diverses et complémentaires. Les plus répandues sont l’électroencéphalographie (EEG), la magnétoencéphalographie (MEG), la stéréoencéphalographie (SEEG), la tomographie par émission de simples photons (TESP), la tomographie par émission de positons (TEP), l’imagerie par résonance magnétique fonctionnelle (IRMf). Ces images visualisent les effets induits par l’activité du cerveau, d’origine électrique (EEG et SEEG), magnétique (MEG), ou physiologique (TEP, TESP, IRMf). La figure 0.2 présente différentes images fonctionnelles IRMf, TESP et TEP.



**acquisition IRMf**

**acquisition TESP**

**acquisition TEP**

FIG. 0.2 – Exemple d’images fonctionnelles en coupe axiale. Les données IRMf et TESP ont été fournies par le laboratoire SIM, hôpital de Pontchaillou ; les données TEP ont été fournies par J.F Mangin, CEA d’Orsay.

D'une part, lorsqu'une zone corticale "s'allume", un champ électromagnétique est généré par la population de neurones impliquée et est mesurée par l'EEG, la SEEG et la MEG. D'autre part, cette activité induit une consommation accrue d'ATP (adénosine triphosphate) et d'oxygène, provoquant un afflux sanguin local, qui peut être détecté par l'IRMf, la TEP et la TESP. Les origines des signaux mesurés sont très différentes, ce qui explique que ces images soient intrinsèquement complémentaires. De plus, ces images ont des résolutions spatiales et temporelles différentes. La figure 0.3 propose une comparaison des résolutions spatiales et temporelles des différentes images fonctionnelles.

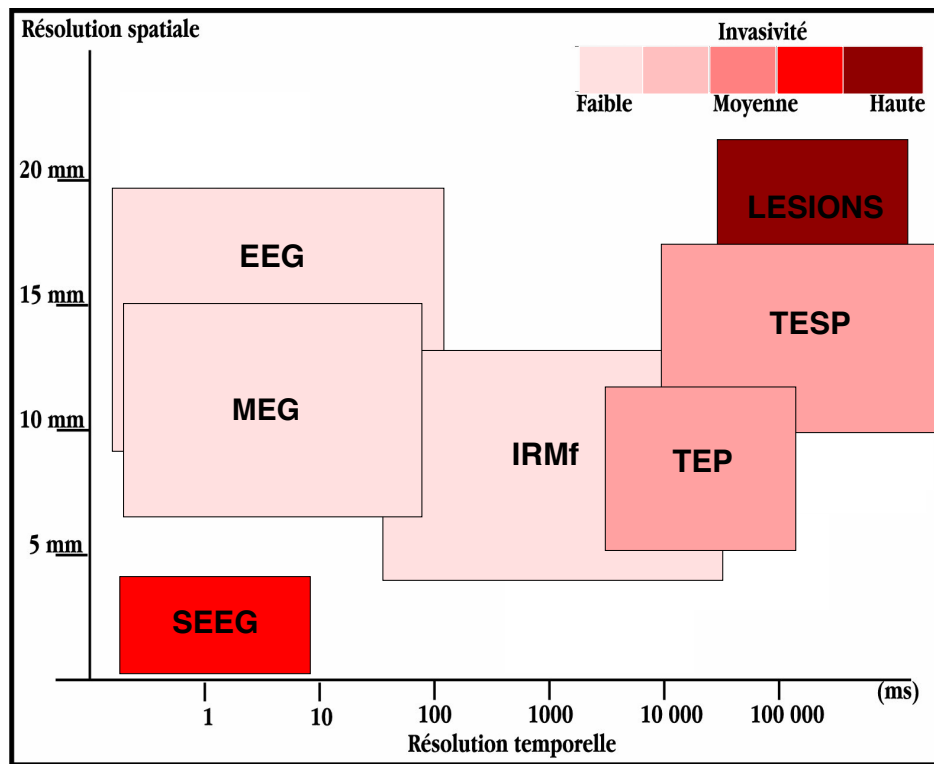


FIG. 0.3 – Comparaison des résolutions spatiales et temporelles des images fonctionnelles, ainsi que de leur degré d'innocuité.

### La fusion de données

Dans le domaine de la recherche en neurosciences, de même qu'en neurochirurgie, ces différentes images sont précieuses car elles apportent des informations **complémentaires**. Il est donc nécessaire de les fusionner afin par exemple de n'exclure aucune information du processus clinique de prise en charge du patient. N'oublions pas que ces images sont tridimensionnelles et volumineuses (une acquisition IRM comporte en moyenne 12 millions de voxels). La fusion manuelle de ces images est donc une opération non seulement très fastidieuse, mais aussi délicate du fait de la nature tridimensionnelle des données. Comme pour la plupart des tâches de traitement et d'analyse des images médicales [Duncan 00], l'automatisation, ou du moins la semi-automatisation (c'est-à-dire avec une interaction

minimale de l'expert), semble donc inévitable.

Fusionner ces images nécessite de les "recaler", c'est à dire de rechercher une transformation permettant de mettre en correspondance les points homologues de deux images. Le terme "recalage" regroupe différentes applications, selon que les images proviennent d'un même sujet ou non, et selon qu'elles sont issues d'une même modalité (examen) ou non. Le tableau 0.1 propose une classification des méthodes de recalage, et s'inspire de [Barillot 99].

	un sujet	plusieurs sujets
une modalité	<ul style="list-style-type: none"> <li>- suivi de traitement</li> <li>- validation postopératoire</li> <li>- déformations peropératoire</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- segmentation automatique</li> <li>- construction d'atlas anatomique</li> </ul>
plusieurs modalités	<ul style="list-style-type: none"> <li>- planning thérapeutique</li> <li>- comparaison anatomie/fonction</li> <li>- chirurgie assistée par ordinateur</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>construction d'atlas anatomo-fonctionnel</li> </ul>

TAB. 0.1 – Contextes d'utilisation du recalage d'images médicales, en fonction du nombre de sujets et du nombre de modalités impliqués.

## Les projets de cartographie du cortex

### Contexte historique

Depuis que la primauté du coeur a été abandonnée, les chercheurs ont tenté de dresser une cartographie du cerveau. On trouvera dans [Carter 98, Changeux 83, Fottorino 98] une description de ce cheminement historique. Cette entreprise fut tout d'abord étayée par des dissections et des descriptions précises des structures anatomiques du cerveau (Vésale, 1543, Willis, 1672). Ces descriptions anatomiques engendrèrent les premières propositions pour relier le corps et l'âme. Descartes soutint par exemple que la glande pinéale, par son caractère unique, était la jonction entre le corps et l'esprit.

Au 19ème siècle, le médecin et anatomiste Franz Gall inventa la phrénologie, qui visa à établir la correspondance entre les facultés mentales et la forme locale du crâne. Si l'intuition de cette théorie s'avéra pertinente, et sera à l'origine des thèses localisationnistes, la méthode paraît aujourd'hui très contestable. Gall distingua ainsi 27 facultés auxquelles il attribua une localisation cérébrale, et même corticale. Si la dénomination des facultés fut pour le moins naïve (humour, combativité, amativité, amour de l'autorité, dévotion...), et leur localisation hasardeuse, l'idée fondamentale d'associer à chaque fonction une localisation est fondatrice.

Avec des méthodes plus rigoureuses, de nombreux savants cherchèrent les zones responsables de fonctions, en particulier grâce à l'étude de lésions et de traumatismes crâniens. Flourens montra que le cervelet commande la coordination des mouvements et que le bulbe participe à des fonctions primaires comme la régulation de la respiration. Paul Broca, suivi par Carl Wernicke, mirent en évidence vers 1860 la localisation des aires du langage.

## Atlas sur papiers

En 1908, Brodmann proposa une première carte du cerveau humain, en 52 aires distinctes. Un tel découpage s'appuie alors sur des critères cyto architectoniques (différences d'organisation) et fonctionnels fiables. Talairach propose en 1967 [Talairach 67] un atlas papier, fondé sur un quadrillage qui permet la comparaison anatomique chez différents sujets. Il est enrichi en 1988 par l'IRM [Talairach 88]. D'autres atlas furent développés, citons pêle-mêle ceux basés sur une description anatomique : Ono en 1990, Duvernoy en 1991. En particulier, Ono [Ono 90] propose une cartographie de l'anatomie sulco-gyrale (voir annexe A). La surface du cortex est plissée, et l'on distingue les replis (sillons corticaux) et les "bosses" (gyri). On trouvera dans l'annexe A quelques planches anatomiques permettant de visualiser les principales structures anatomiques du cerveau. Il faut noter par ailleurs que des atlas fonctionnels ont également été développés pendant la dernière décennie.

De telles approches se révèlent utiles, mais insuffisantes. De tels atlas papiers ne peuvent en effet prétendre à l'universalité [Gibaud 97,Subsol 95] pour plusieurs raisons :

- Leur lecture et leur interprétation sont souvent malaisées, voire très difficiles. La lecture, planche par planche, nécessite un degré d'expertise quelquefois élevé.
- Ils ne contiennent pas de données quantitatives, mais se limitent à délimiter et nommer les principales structures anatomiques. De plus, leur précision est limitée.
- Une limite forte est liée à la méthode de construction de cet atlas, qui repose par essence sur l'observation d'un sujet, ou d'un groupe très limité de sujets. Pour celui de Talairach par exemple, c'est l'hémisphère droit d'une femme de 60 ans plongé dans le formol qui sert de référence. Par conséquent, et en raison de la forte variabilité inter-individuelle, ils ne peuvent permettre d'étudier des variations statistiques au sein d'une population.
- Ces atlas ne sont pas évolutifs. En effet, lorsque la description, basée sur un sujet ou un groupe de sujets, est achevée, il est impossible d'y inclure de nouveaux sujets.
- Les différents atlas papiers ne sont généralement pas compatibles entre eux. Ils sont tous le reflet d'une classification basée sur des critères différents, et sur un groupe de sujets différents.

## Atlas informatiques

Des travaux se sont attachés à développer des méthodes pour comparer ces différents atlas papiers [Nowinski 97], ou pour comparer des acquisitions numériques avec les atlas papiers [Lemoine 91,Woods 00].

Par ailleurs, des atlas, basés sur des acquisitions numériques ont été élaborés. Ils reposent, tantôt sur un sujet, manuellement segmenté en 150 régions [Kikinis 96], tantôt sur un sujet découpé en coupes fines [GrafvonKeyserlingk 88,Spritzer 96], soit encore sur un large groupe de sujets recalés dans un référentiel commun [Evans 92].

Cette dernière approche est l'illustration d'une solution plus générale, plus satisfaisante, et rendue possible par l'informatisation des données recueillies. Elle consiste à exploiter la diversité et la complémentarité des images anatomiques et fonctionnelles pour créer un atlas probabiliste [Mazziotta 95,Thompson 00] (nommé également atlas déformable).

Un “modèle”, qui peut être un sujet de référence ou un repère de référence, est choisi arbitrairement.

Ces atlas bénéficient de la résolution des acquisitions IRM, qui est en général de l’ordre du millimètre. De plus, ils sont évolutifs car chaque nouveau sujet, après recalage avec le modèle, participe à la création du modèle probabiliste par projections des étiquettes du nouveau sujet dans l’espace du modèle. Par ailleurs, ils permettent d’intégrer des informations de nature diverse, anatomiques ou fonctionnelles, dans un même cadre. Enfin, il devient possible d’étudier grâce à un tel atlas des déviations par rapport à un modèle moyen, et peut être de détecter par ce biais des pathologies.

Un outil clef pour créer de tels atlas est le développement de méthodes de recalage non rigide entre un modèle et un sujet à étudier. Cette méthode de recalage doit, si possible, être automatique de manière à intégrer aisément de nombreux sujets. La précision et la validité de l’atlas probabiliste dépendent fortement de la précision de la méthode de recalage. En particulier, un des problèmes majeurs rencontré est la très forte variabilité inter-individuelle, qui n’est pas seulement une variabilité de position ni d’échelle, mais surtout une variabilité structurelle.

## Organisation du document

Ce document est organisé de la manière suivante :

### Première partie

La première partie de ce document présente une méthode de recalage non rigide de volumes cérébraux. En s’appuyant sur les travaux réalisés au sein de l’équipe Vista, dans laquelle s’est déroulé cette thèse, nous avons formalisé le problème du recalage comme un problème d’estimation 3D d’un champ de déformation. Ce champ est estimé par la minimisation d’une fonctionnelle comprenant deux termes : un terme d’attache aux données, et un terme de régularisation assurant la cohérence spatiale du champ. Nous avons exprimé ces deux termes relativement à une norme robuste, afin d’être moins sensible au bruit d’acquisition d’une part, et dans le but d’autre part d’autoriser partiellement des discontinuités du champ de déformation.

Nous utilisons un schéma de résolution hiérarchique, basé sur une partition du volume source. Cette partition est contrainte par un masque de segmentation du cerveau obtenu par des opérateurs de morphologie mathématique. À chaque niveau de grille, nous estimons un champ incrément localement affine, qui parfait l’estimation précédente. Nous avons testé cette méthode sur des données synthétiques, en montrant notamment l’apport des estimateurs robustes. Nous avons ensuite appliqué cette approche au recalage d’une base de donnée de 18 sujets.

### Deuxième partie

Dans une deuxième partie, nous nous sommes intéressés au recalage non rigide multi-modalité, afin de corriger les distorsions géométriques qui sont susceptibles d’apparaître dans les acquisitions EPI (“echo planar imaging”) en IRMf. Après un recalage rigide par

maximisation de l'information mutuelle, nous avons formalisé le recalage non rigide multimodalité dans un cadre énergétique, par extension de celui proposé dans la première partie.

À l'aide d'une mesure de similarité adaptée au cas multimodalité (nous avons choisi l'information mutuelle), nous estimons un champ de déformation entre le volume IRMf et le volume IRM du même patient, qui contient *a priori* peu ou pas de distorsions. Cette estimation est menée par une approche multigrille basée sur une partition du volume IRMf. Sur chaque élément de cette partition, et à chaque niveau de grille, un incrément localement affine du champ de déformation est estimé. Nous avons évalué cette approche sur des données synthétiques, où nous avons simulé des déformations du volume IRMf. Nous avons également expérimenté cette méthode sur des données cliniques.

### Troisième partie

La troisième partie de ce rapport propose un cadre de comparaison de différentes méthodes de recalage monomodalité non rigide. Dans l'état actuel du projet, cinq méthodes de recalage non rigide ont été testées, parmi lesquelles un recalage rigide par maximisation de l'information mutuelle [Collignon 95, Viola 95b], le recalage par quadrillage proportionnel de Talairach [Talairach 88], la méthode "ANIMAL" développé par Louis Collins au MNI [Collins 94], la méthode des "démons" développée par JP. Thirion à l'INRIA Sophia-Antipolis [Thirion 95a], et la méthode de recalage présentée dans la première partie de ce document.

Nous avons mis en oeuvre des mesures globales et locales pour évaluer la qualité des recalage fournis par les différents sites. Les mesures globales sont basées sur la construction d'un volume moyen et sa comparaison avec le sujet de référence, la corrélation des volumes  $L_{vv}$  et le recouvrement des tissus de matière grise et matière blanche. Les critères locaux sont basés sur la qualité de mise en correspondance des sillons corticaux. Nous avons évalué cette qualité en calculant d'une part des mesures moyennes de distance entre sillons déformés et sillons de référence correspondant, et par une analyse modale des populations de sillons déformés, par rapport au sillon correspondant de référence d'autre part.

### Quatrième partie

La quatrième partie de ce document s'intéresse à la coopération entre recalage et segmentation. La segmentation automatique de structures cérébrales est une tâche importante, qui peut être fastidieuse et complexe. Nous avons proposé une approche pour guider, par un recalage, une méthode de segmentation par "ensembles de niveaux". Entre un sujet à étudier et un "modèle", nous estimons un champ de déformation qui sert à initialiser l'algorithme des ensembles de niveaux. Sur des données simulées, nous avons montré que cette coopération rend le processus de segmentation plus rapide, plus robuste et plus précis. Sur des données réelles, et sur une base de 18 sujets, nous avons montré la validité de cette approche pour segmenter le cerveau des sujets à partir des acquisitions IRM.

La quatrième partie s'intéresse également à l'introduction de contraintes corticales pour le recalage non rigide de sujets différents. Les sillons corticaux sont extraits par l'algorithme décrit dans [LeGoualher 97a], et sont utilisés afin de contraindre localement le recalage



---

dont le cadre formel est décrit dans la partie I. Les résultats sur une base de donnée de 18 sujets montrent l'apport de l'approche coopérative entre similarité "iconique", basée sur la conservation de la luminance, et similarité "anatomique", déduite de la mise en correspondance des sillons corticaux.

---

Première partie

**Recalage monomodalité inter-sujet**



# Chapitre 1

## État de l'art

### 1.1 Classification des méthodes de recalage

Le recalage d'images médicales fait l'objet de nombreuses recherches, à tel point que plusieurs auteurs [Barillot 99, Brown 92, Gerlot 88, Lester 99, Maintz 98b, Mangin 95a, Maurer 93, VandenElsen 93] proposent un dénombrement et une classification des méthodes développées.

Une classification intéressante, mais très spécifique à l'imagerie médicale est proposée dans [Maintz 98b, VandenElsen 93] et repose sur les critères suivants :

- La dimension des données. Les données peuvent être en  $1D$ ,  $2D$  (coupes tomographiques ou IRM),  $3D$  (volume) et  $4D$  (acquisition dynamique d'un volume).
- Les attributs utilisés pour le recalage. On distingue en particulier les attributs extrinsèques (ce sont souvent des méthodes invasives, par exemple des marqueurs externes vissés sur le crâne du patient) et les attributs intrinsèques (luminance, attributs géométriques, extraits manuellement ou calculés à l'aide de la géométrie différentielle).
- Le domaine de transformation, local ou global. Une transformation est dite "globale" lorsque le changement d'un des paramètres affecte la totalité de l'image.
- Le type de transformation : rigide, affine, projective ou courbe (polynomiales par exemple).
- Le niveau d'interaction de l'interface : manuelle, semi-automatique ou automatique.

Une autre classification, plus générale et pouvant être adaptée aux méthodes de la communauté "analyse d'images", est proposée dans [Barillot 99]. Elle repose sur les 4 critères suivants :

- Les attributs à mettre en correspondance. Cela englobe à la fois la dimension des données, ainsi que la nature des structures homologues choisies pour la mise en correspondance.
- Le type de transformation. Cette notion englobe la définition du domaine de transformation, ainsi que le choix du type de transformation.
- La fonction de similarité. Elle modélise l'interaction entre les variables à estimer (paramètres de la transformation par exemple), et les données observées (attributs à mettre en correspondance définis dans le premier critère).

- La méthode d’optimisation. Une fois le problème formalisé, on recherche la transformation par une méthode d’optimisation dont le rôle est crucial.

Nous avons choisi de nous limiter ici à la présentation des méthodes de recalage non-rigide d’images cérébrales. En effet les problèmes de recalage rigide (fusion intra-patient monomodalité, compensation de mouvement du patient) peuvent être pour la plupart considérés comme résolus<sup>1</sup> (voir sur ce point l’évaluation du projet Vanderbilt [West 97, West 99]). On trouvera dans [Le 95, Maintz 98b, Maurer 93] de nombreuses références ainsi qu’une classification des méthodes de recalage rigide en imagerie médicale. D’autre part, des problèmes de recalage non-rigide existent dans des domaines autres que l’imagerie cérébrale, mais ce sont des problèmes spécifiques ou il s’agit essentiellement de suivre des structures ou des organes qui se déforment (par exemple analyser les déformations du muscle cardiaque - cinétique pariétale - afin de détecter des anomalies de contraction).

Nous avons choisi arbitrairement une classification des méthodes de recalage monomodalité inter-sujet d’images cérébrales en deux classes : d’une part les méthodes reposant sur une extraction de primitives géométriques, puis une mise en correspondance avec interpolation de la déformation, et d’autre part les méthodes exploitant l’information de luminance.

## 1.2 Mise en correspondance de structures anatomiques

Un volume IRM cérébral comporte en moyenne de l’ordre de  $256 \times 256 \times 200$  voxels, c’est à dire plus de 13 millions de voxels. Le calcul d’un champ de déformation dense comporte donc presque  $40 \times 10^6$  degrés de liberté. Cette complexité a été une des motivations des méthodes basées sur l’extraction et la mise en correspondance de structures anatomiques [Ayache 99]. D’autre part, dans un contexte médical, il paraît “raisonnable” (ou naturel dans un premier temps) de se fier à des référents anatomiques pour chercher une anamorphose entre deux sujets.

Les méthodes que nous présentons par la suite extraient à partir des acquisitions volumiques des primitives géométriques (points, courbes, surfaces) ayant une signification anatomique, puis estiment une déformation permettant de mettre en correspondance ces primitives tout en interpolant, de manière régulière, la déformation sur tout le volume. Les deux problèmes principaux sont donc l’extraction des primitives (quel nombre peut-on espérer extraire de manière fiable et reproductible pour tous les sujets à étudier?), et l’interpolant de la déformation.

### 1.2.1 Points

Les premières méthodes employées reposent sur l’extraction de points anatomiques. La plus célèbre d’entre elles, et qui reste une référence tant dans le domaine clinique que dans le domaine des neurosciences, est l’espace stéréotaxique de Talairach [Talairach 67, Talairach 88], étendu par le quadrillage proportionnel de Talairach [Talairach 93]. Les deux méthodes sont basées sur la reconnaissance de deux points anatomiques, CA (Commissure Antérieure) et CP (Commissure Postérieure). Ces deux points définissent un repère, centré

---

1. Ce qui ne signifie pas que l’évaluation clinique des méthodes proposées ne soit pas toujours d’actualité, ni les aspects de formalisation.

en CA, dont l'orientation anatomique des axes est connue. Pour la méthode du quadrillage proportionnel, une transformation affine par morceaux (12 morceaux sont définis) permet enfin d'englober le cerveau dans une "boîte" de taille et d'orientation connue (voir figure 1.1). Dans cette boîte, l'atlas de Talairach donne la localisation des principales structures anatomiques. Ce recalage est connu pour être précis autour des points CA-CP (structures profondes) et des structures ventriculaires, mais plus approximatif pour les zones corticales.

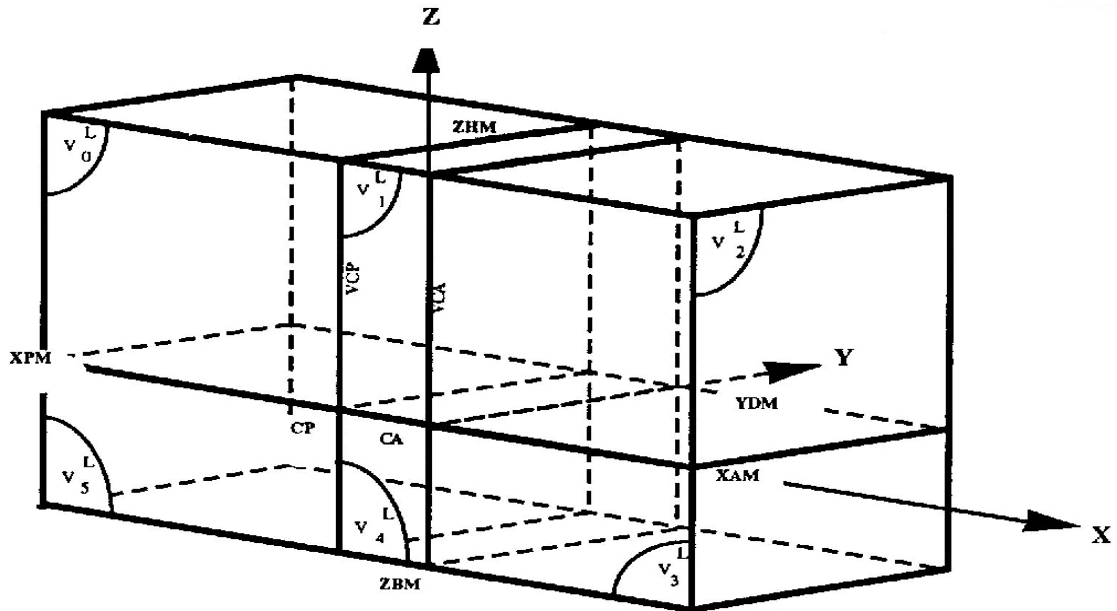


FIG. 1.1 – Principe du quadrillage proportionnel de Talairach, illustration tirée de [Lemoine 92].

Différents auteurs [Bookstein 89, Chen 85, Evans 91, Rohr 96] ont développé des méthodes basées sur l'extraction de points anatomiques. Néanmoins, le nombre de points qui peuvent être localisés de manière reproductible chez une population homogène de sujets reste limité, il a été évalué à une trentaine (36 pour Davatzikos [Davatzikos 97], 26 pour Evans [Evans 91]). Ce nombre restreint d'amers est bien trop faible pour pouvoir espérer appréhender la variabilité inter-individuelle; de plus l'extraction manuelle est fastidieuse et peut être entachée d'erreurs (la dépendance par rapport à l'expert est forte). Ceci a entraîné le développement de méthodes automatiques [Thirion 94, Rohr 97, Rohr 99] basées sur la géométrie différentielle pour extraire des points caractéristiques dans des volumes. D'autre part, Meyer *et al.* [Meyer 98] ont évalué l'influence du nombre de points de contrôle, et le positionnement adaptatif (basé sur l'information mutuelle) de ces points pour améliorer le recalage.

## 1.2.2 Courbes

Guéziec [Guéziec 92, Guéziec 94, Guéziec 97], Subsol [Subsol 95, Subsol 98] et Declerck [Declerck 95] décrivent une méthode pour recalibrer deux volumes à l'aide des lignes de crêtes (application au lissage et au recalage de lignes de crêtes pour [Guéziec 94, Guéziec 97]

, application au recalage de cerveau pour [Declerck 95], application à la construction automatique d’atlas du crâne pour [Subsol 98]). Les lignes de crêtes, introduites par Monga [Monga 92a,Monga 92b,Monga 92c], sont définies comme les lieux de courbure maximale et extraits automatiquement par l’algorithme des “marching lines” [Thirion 95b,Thirion 96a].

Guéziec *et al.* [Guéziec 92,Guéziec 94] calculent une courbe spline estimant au mieux des courbes bruitées 3D. Ces courbes splines permettent de calculer plus facilement des primitives géométriques (tels que la position, la courbure, la torsion) afin de recalibrer rigide-ment par un algorithme itératif (de type filtre de Kalman).

Subsol [Subsol 95,Subsol 98] et Declerck [Declerck 95] étendent ensuite l’algorithme ICP (Iterative closest point), proposé simultanément par Zhang [Zhang 92,Zhang 94] et Besl [Besl 92] pour estimer une correspondance rigide entre deux courbes complexes, afin de recalibrer de manière non-rigide les deux ensembles de lignes de crête. L’algorithme itératif apparie chaque point avec son plus proche voisin selon un critère de moindre carré et en utilisant une déformation librement choisie par l’utilisateur (B-spline dans [Declerck 95], transformation complexe enchaînant rigide, affine, polynomiale et spline dans [Subsol 95]).

### 1.2.3 Surfaces

Cependant, en imagerie cérébrale 3D, les structures anatomiques sont plus généralement des surfaces fermées (et non des courbes, même complexes). Parmi les surfaces couramment utilisées, on peut citer les ventricules, les noyaux gris centraux, et la surface du cortex. Pour cette raison, plusieurs auteurs [Feldmar 94a,Gabrani 99,Thompson 96,Szeliski 93] ont proposé des méthodes de recalage basées sur l’appariement de surfaces. Nous allons présenter quelques méthodes de segmentation et de mise en correspondance de surfaces en imagerie cérébrale. La partie suivante fera, dans le domaine de l’analyse d’images, une présentation synthétique d’un domaine foisonnant, celui de l’appariement de courbes et de surfaces.

Le plus grand nombre de méthodes utilise les modèles déformables. D’une part parce qu’ils permettent facilement d’introduire des *a priori* physiques, toujours appréciés en imagerie médicale. D’autre part parce qu’ils fournissent une paramétrisation, soit implicite soit explicite, de la surface segmentée, facilitant la manipulation de ces représentations (à des fins de mise en correspondance en particulier). Enfin les modèles déformables permettent non seulement d’extraire, mais aussi de suivre les objets d’intérêt.

Notre objectif n’est pas ici de faire une description détaillée et exhaustive des différentes approches utilisées, mais de nous limiter à l’imagerie médicale 3D. Le lecteur avide de compléments dans ce domaine pourra se reporter aux références [Bascle 94,Blake 98,McInerney 96,Kervrann 95,Nikou 99a,Papin 99]. Dans le domaine de l’imagerie médicale, les méthodes les plus “populaires” sont celles de Cootes [Cootes 95], Staib [Staib 92], Sclaroff [Sclaroff 95], Szekely [Szekely 96], elles sont utilisées pour contraindre des algorithmes de recalage [Wang 98].

Pour les méthodes fournissant une représentation explicite des contours, on distingue un cadre déterministe et un cadre statistique. Dans un cadre déterministe, les modèles déformables sont nommés “contours actifs” ou “snakes”, et dans un cadre statistique ils sont appelés “modèles déformables”. Les méthodes fournissant une représentation implicite des contours sont les approches de type “ensemble de niveaux” introduits par Sethian [Sethian 96]. Nous décrirons les méthodes de segmentation de surfaces d’intérêt dans la

partie IV.

Davatzikos [Davatzikos 96a] décrit une méthode pour paramétrer la surface du cortex à l'aide de modèle déformable. Des hypothèses sur la structure du cortex sont introduites afin de contraindre le modèle déformable à segmenter la partie intermédiaire d'une surface mince. Cette segmentation est utilisée pour contraindre un algorithme de recalage "élastique", décrit dans la partie 1.3.1.1.

Thompson et Toga [Thompson 96] présentent un algorithme basé également sur l'extraction et la mise en correspondance de surfaces corticales d'intérêt (sillons corticaux). Ces surfaces sont dans un premier temps modélisées par une superquadrique [Chen 94] puis raffinée par l'algorithme des "ballons" [Cohen 93]. Cohen [Cohen 93] étend le modèle de snake [Kass 88] par des "ballons" qui se déforment de façon à minimiser une énergie composée de deux termes : L'énergie interne (terme de régularisation, par exemple la somme quadratique des dérivées partielles) maintient la cohérence du modèle tandis que l'énergie externe (terme d'attache aux données obtenue par un calcul de distance) tend à rapprocher le modèle des données. La représentation paramétrique des surfaces permet une mise en correspondance explicite, puis la déformation est interpolée sur le volume  $3D$  par une pondération linéaire des contributions de chaque surface (la contribution est calculée par la projection du point courant sur la surface considérée).

Feldmar *et al.* [Feldmar 94b,Feldmar 94a,Feldmar 96] proposent une méthode de recalage non-rigide de surfaces, qui est une extension des méthodes itératives de recalage de courbes  $3D$  présentées auparavant. Une transformation rigide puis affine est tout d'abord estimée en appariant des points de courbure similaires, à l'aide d'un algorithme itératif de type Kalman. Toujours en s'appuyant sur des techniques différentielles, une transformation locale affine permet de parfaire le recalage final tout en conservant la cohérence spatiale de la transformation.

#### 1.2.4 Du "contour" au volume

Nous avons présenté des approches de recalage basées sur l'extraction et la mise en correspondance d'attributs de dimension inférieure (points, courbes, ou surfaces) à celle des données brutes ( $3D$  dans le cas d'IRM volumiques). Il est ensuite nécessaire d'interpoler la déformation sur le reste du volume, c'est à dire passer de la déformation du contour (pris au sens large) à celui du volume. On distingue pour ce faire deux voies principales : les méthodes "thin plate spline", et les méthodes "free form deformations".

L'approche par minimisation contrainte d'une fonctionnelle a été largement popularisée par Bookstein [Bookstein 89], puis étendue par Gabrani [Gabrani 99]. Ces travaux sont l'application à l'imagerie médicale de recherches plus anciennes de Duchon [Duchon 76] et Meinguet [Meinguet 79]. Le problème complet peut être formalisé comme la recherche d'une solution de :

$$\min_u \int |\nabla^m u(x)| dx, \text{ sous la contrainte } \forall i \in E, u(a_i) = \alpha_i,$$

où  $u$  est le champ de déformation,  $E$  est l'ensemble des points des contours,  $a_i$  étant apparié avec le point  $\alpha_i$ . Bookstein décrit la méthode TPS ("Thin Plate Splines") qui minimise l'énergie d'une plaque mince dont certains points sont contraints sur l'axe  $z$ . La solution est recherchée comme la somme d'une solution affine globale et de solutions



locales de l'équation biharmonique  $\Delta^2 U = 0$  à différentes échelles. Les solutions sont de la forme  $z(x,y) = -U(r) = -r^2 \log(r^2)$  en  $2D$  avec  $r = \sqrt{x^2 + y^2}$  et  $z(x,y) = |r|$  en  $3D$  avec  $r = \sqrt{x^2 + y^2 + z^2}$ . Cette transformation spline assure le recalage des amers et fournit une interpolation lisse du champ de déformation sur toute la surface.

Une autre approche consiste à rechercher une solution lisse, sous la forme de B-splines par exemple, telle que la déformation sur les contours corresponde à la déformation déduite de la mise en correspondance. Les “free form deformations” [Sederberg 86] ont tout d'abord été introduits pour modéliser et animer des objets (infographie) [Barr 84, Witkin 90]. Dans le domaine de l'imagerie médicale, les “free form deformations” ont été utilisées afin de segmenter et de suivre des surfaces anatomiques [Delingette 92, Gupta 93, Hebert 95, Metaxas 93, Pentland 91, Terzopoulos 91] comme le muscle cardiaque [Bardinet 95, Bardinet 98], le sein [Rueckert 99], le foie [Montagnat 97, Montagnat 98] ou de rechercher une transformation entre deux surfaces [Szeliski 93, Szeliski 96].

Enfin, dans le domaine de la vision par ordinateur et de l'analyse d'images, l'appariement de points et de courbes est un sujet foisonnant. On pourra se reporter à [Vapillon 99, Zhang 93] pour un état de l'art sur ces méthodes.

## 1.3 Méthodes basées sur la luminance

Les méthodes basées sur l'extraction, la mise en correspondance de structures anatomiques, puis l'interpolation de la déformation à tout le volume ont l'avantage de reposer sur des amers de fusion ayant une signification anatomique. Cependant, le nombre relativement limité de structures (comparé au nombre de degré de liberté de la transformation dense) paraît insuffisant pour appréhender la variabilité structurelle inter-individuelle. De plus, un très grand nombre d'informations pouvant aider au recalage sont laissées de côté. Ces deux arguments militent pour le développement de méthodes basées sur la luminance pour recaler des volumes cérébraux. Pour les méthodes que nous allons présenter ici, la similarité est une distance quadratique basée sur l'intensité, appelée DFD (“displaced frame difference”) sous sa forme brute, et flot optique sous sa forme linéarisée (voir le chapitre 2.2 pour plus de précisions). Nous avons choisi de distinguer différentes méthodes : les méthodes “mécaniques”, pour lesquelles la régularisation dérive des équations des milieux continus ; les méthodes basées sur la corrélation croisée, la méthode des “démons” ; les méthodes d'estimation du flot optique ; les méthodes qui estiment conjointement une correction d'intensité et une déformation.

### 1.3.1 Modèles mécaniques

Pour deux images IRM de sujets différents, il n'existe pas de transformation unique pouvant déformer une image sur l'autre. Il s'agit donc de chercher une transformation “plausible”, ce sens restant à discuter (anatomiquement plausible ou fonctionnellement plausible sous réserve d'hypothèses de corrélation anatomo-fonctionnelle à débattre). Il est donc absolument nécessaire d'introduire des contraintes, soit sous la forme bayésienne (probabilité “a priori” sur la solution recherchée) soit en limitant la recherche dans un espace réduit [Friston 95], soit en utilisant des modèles de déformations mécaniques [Bajcsy 89, Gee 96, Nastar 94] ou fluides [Christensen 94, Christensen 96].

### 1.3.1.1 Modèles élastiques

Les modèles élastiques ont été introduits par Broit [Broit 81] et repris par Bajcsy et Kovacic [Bajcsy 82, Bajcsy 89]. De nombreux auteurs s'en inspirent actuellement [Davatzikos 96b, Davatzikos 97, Ferrant 99, Gee 93, Peckar 97, Peckar 99, Sandor 97, Schormann 96, Wang 98]. Le champ de déformation estimé minimise la distance entre le volume source et le volume cible, avec une condition de régularité directement dérivée des équations de Navier :

$$\mu \nabla^2 u + (\lambda + \mu) \nabla(\operatorname{div}(u)) + F = 0 \quad (1.1)$$

où  $u$  est le champ de déplacement à estimer,  $\lambda$  et  $\mu$  sont les coefficients de Lamé et  $F$  est la somme des forces qui s'appliquent sur le système. Le problème est alors le calcul du champ de force  $F$  qui conduira à une déformation cohérente. Bajcsy propose de calculer ces forces par une mesure de similarité locale qui favorise le rapprochement de contours [Bajcsy 89]. Davatzikos [Davatzikos 96b] et Peckar [Peckar 97] ne calculent pas de forces. Ils segmentent tout d'abord la surface de la tête et des ventricules par deux algorithmes différents. Davatzikos utilise une méthode proche de celle de Nastar [Nastar 94] en introduisant une fonction de masse, tandis que Peckar *et al.* se sont inspirés du modèle de ballon de Cohen [Cohen 93]. Le résultat de la déformation de ces deux surfaces fournit au modèle élastique des conditions limites qui déterminent entièrement le problème. Les méthodes de Davatzikos et Peckar sont un cas particulier de celle de Bajcsy dans lesquelles les forces ne sont calculées que sur les contours à déformer (tête, ventricules). Évidemment, dans ce dernier cas le résultat final dépend entièrement de l'initialisation, et si les surfaces d'intérêt sont mal segmentées, ou mal déformées, l'algorithme ne pourra que propager cette erreur avec le modèle élastique.

Les méthodes élastiques présentent cependant un certain nombre d'inconvénients :

- Comment fixer Les coefficients de Lamé  $\lambda$  et  $\mu$ ? Le modèle de déformation élastique est-il un meilleur modèle de déformation pour le cerveau, parce qu'il repose sur des modèles mécaniques? Pour résoudre le problème de la détermination des coefficients d'élasticité, Bajcsy et Peckar proposent de poser  $\lambda = 0$ . De plus, Peckar présente un algorithme ne nécessitant aucun réglage heuristique, car le problème est entièrement déterminé par les conditions aux limites. Le choix  $\lambda = 0$  entraîne une diminution du nombre de degré de liberté de la déformation élastique. En effet,  $\lambda$  et  $\mu$  sont directement reliés aux module d'Young  $E$  et de Poisson  $\nu$ .  $\lambda = 0$  implique  $\nu = 0$ , éliminant alors toute striction (la striction est la variation de diamètre d'une poutre lorsqu'on lui applique une force parallèle à sa longueur).
- Les schémas d'optimisation employés sont généralement des schémas éléments finis qui sont coûteux à mettre en oeuvre.
- Elles ne peuvent prendre en compte les grands déplacements. En effet le coût de la déformation est quadratique dans le domaine élastique (pour les matériaux il s'atténue dans le domaine plastique). Ce coût, peu robuste, pénalise trop fortement les grands déplacements. Pour résoudre ce problème, deux approches sont généralement employées :
  1. Un recalage global (rigide ou affine) est tout d'abord recherché. Pour Bajcsy [Bajcsy 89], la méthode des axes principaux d'inertie fournit un recalage rigide. Davatzikos [Davatzikos 97] utilise le repère stéréotaxique.

2. Une approche multirésolution classique (filtrage/sous échantillonnage) est employée. Peckar résout les équations différentielles avec un schéma Lagrangien itératif (les forces appliquées le sont progressivement, et le problème non linéaire est approché par une suite de problèmes linéaires).
- La topologie des objets déformés sera conservée. Si cela peut se comprendre dans certaines applications (par exemple pour déformer des formes polyédriques qui restent stables, par exemple en robotique), cette hypothèse n’est pas valide pour le cortex (voir l’atlas de Ono par exemple [Ono 90]). La variabilité inter individuelle implique très certainement des changements locaux de topologie [Regis 94].

### 1.3.1.2 Modèles fluides

Suivant la même inspiration que pour les modèles élastiques, Christensen et Miller [Christensen 94, Christensen 96] calculent les déformations en appliquant un modèle fluide (équations de Navier-Stokes). De même que Gee, le critère bayésien du MAP [Szeliski 89] est utilisé, mais avec un terme de régularisation fluide (la vraisemblance est la différence quadratique inter-image, DFD, voir section 1.3.4). La différence majeure avec le modèle élastique est l’absence de pénalisation quadratique, ce qui permet de prendre plus facilement en compte les grands déplacements. En effet le fluide “oublie” au fur et à mesure de la déformation son état initial (les forces internes diminuent progressivement), ce qui permet théoriquement d’atteindre n’importe quelle état final quelle que soit la configuration initiale du fluide. Ceci est particulièrement intéressant dans le cas de mouvements complexes.

L’équation du mouvement fluide s’écrit :

$$\frac{\partial \vec{u}}{\partial t} - \nu \Delta \vec{u} + (\vec{u} \cdot \vec{\nabla}) \vec{u} + \vec{\nabla} p = 0$$

ou  $\nu$  est la viscosité du fluide,  $\vec{u}$  sa vitesse et  $p$  sa pression. La difficulté de cette équation réside évidemment dans son caractère fortement non-linéaire (présence de termes croisés). Le problème non linéaire est approché par une suite de problèmes linéaires, ce qui conduit à un nombre d’itérations très important. Christensen impose la condition de positivité du Jacobien de la transformation [Christensen 96], et la mise en correspondance est donc homéomorphe.

Cette méthode fluide proposée par Christensen et Miller a été reprise par Bro-Nielsen [BroNielsen 96]. La différence importante se situe dans la méthode de résolution de l’équation aux dérivées partielles

$$\mathcal{L}v = \mu \nabla v(x) + (\lambda + \mu) \text{div}(v) = f(x, u(x)) \quad (1.2)$$

ou  $u$  est le déplacement et  $v$  la vitesse instantanée. On a  $v(x, t) = \partial u(x, t) / \partial t + \nabla u(u, t) v(x, t)$ . Pour un petit intervalle de temps  $\delta t$ , les forces internes sont constantes et l’équation aux dérivées partielles est alors linéaire.

Christensen résout cette équation par la méthode des éléments finis, et cette étape est responsable des temps de calcul importants (des dizaines d’heures, même sur des machines massivement parallèles). Nielsen propose de considérer la réponse impulsionnelle du filtre associé à l’opérateur  $\mathcal{L}$ . La résolution est alors explicite et s’exprime dans la base des

vecteurs propres de l'opérateur  $\mathcal{L}$ . Cette réponse impulsionnelle est discrétisée et filtrée (filtrage passe-bas) afin que les déformations engendrées par les forces calculées soient lissées sur un petit élément de volume. Les résultats sont comparables à ceux obtenus par Christensen mais avec des temps de calcul fortement diminués.

Christensen a proposé [Christensen 99] une évolution très intéressante des modèles fluides, proche de Ashburner [Ashburner 97, Ashburner 98]. Lorsque l'on recherche un champ de déformation entre deux volumes, les méthodes actuelles ne garantissent pas que l'estimation dans un sens (volume A vers B) sera cohérente avec l'estimation dans l'autre sens (volume B vers A). Notons  $T_1$  la transformation estimée de A vers B, et  $T_2$  la transformation estimée de B vers A. Alors que  $T_1$  et  $T_2$  peuvent être chacune inversibles, rien ne garanti que  $T_1 \circ T_2 = \mathbb{I}_d$ . Christensen propose donc d'estimer conjointement ces champs de déformation "directs" et "inverses", l'estimation de A vers B étant contrainte à être proche de l'inverse de B vers A. Cependant, les résultats expérimentaux de cette méthode sont pour le moment très difficiles à évaluer.

### 1.3.2 La corrélation croisée

Collins [Collins 94, Collins 95, Collins 97] a développé une méthode de recalage non-linéaire et l'a appliquée à l'identification et à la reconnaissance de structures cérébrales. La segmentation est réalisée en appliquant à un atlas (construit par moyennage de 305 cerveaux et segmenté manuellement par un expert en anatomie) la transformation calculée à partir des caractéristiques des images IRM (intensité, gradient).

Un recalage linéaire global est tout d'abord réalisé en calculant la transformation permettant de passer dans le repère "average 305" [http://www.bic.mmi.mcgill.ca/cgi/icbm\\_view/](http://www.bic.mmi.mcgill.ca/cgi/icbm_view/) [Evans 92]). Dans une seconde étape, une transformation non-linéaire est estimée, sous la forme d'une somme de transformations linéaires locales, et une stratégie multirésolution est employée (filtrage par une gaussienne d'écart type  $\sigma$ ). Sur un voisinage de tous les points, une transformation linéaire est estimée en maximisant la corrélation entre les attributs image, et la régularisation du champ est réalisée de manière heuristique en divisant l'amplitude du champ par un facteur 2, lorsque celle-ci dépasse  $\sigma$ . De plus, Collins propose [Collins 96, Collins 98b] une manière prometteuse de contraindre le champ de déplacement en introduisant des contraintes anatomiques dans l'algorithme de mise en correspondance. En particulier, la segmentation des sillons permet d'améliorer notablement les résultats dans les régions corticales, où se trouve une partie importante de la variabilité inter-individuelle. Cette contrainte corticale est intégrée par une distance de chanfrein [Borgefors 86, Montanari 68] entre le sillon du volume source et sa projection orthogonale sur le sillon du volume cible. Ainsi, cette méthode ne permet pas de mettre explicitement en correspondance les mêmes parties d'un sillon.

Gee [Gee 94, Gee 95, Gee 96], tout d'abord intéressé par les modèles mécaniques, a étendu son travail à un cadre statistique [Szeliski 89] (formulation bayésienne permettant de décomposer la probabilité des étiquettes sachant les données). Notons  $I_R$  le volume de référence,  $I_T$  le volume cible,  $z = \{I_R, I_T\}$  les données,  $u$  les inconnues (champ de déformation). L'énergie à minimiser en la somme de deux termes : L'attache aux données est fournie par la probabilité suivante :

$$P(z|u) \propto \exp - \left\{ \int_{x \in \Omega_T} S(I_T(x), I_R(x + u(x))) dx \right\},$$

où  $S$  est la mesure de similarité, Gee [Gee 96] choisit la corrélation croisée. La régularisation découle de l'hypothèse élastique, suivant un modèle de membrane :

$$P(u) \propto \lambda \int (u_x^2 + u_y^2) dx$$

ou celui d'une plaque mince :

$$P(u) \propto \lambda \int (u_{xx}^2 + 2u_{xy}^2 + u_{yy}^2) dx.$$

D'autre part, Gee intègre un autre potentiel de régularisation, qui est donné par le contrôle d'amers. Si un point  $p_i$  est mis en correspondance avec un point  $p'_i$  par la transformation  $X$ , le potentiel associé sera :

$$P(Z = (p_i, p'_i) | \theta = X) \propto \exp - \frac{1}{2\sigma_i^2} \|X(p_i) - p'_i\|^2$$

Cette approche probabiliste permet de rassembler dans un cadre unifié les approches mécaniques, les approches basées sur les amers et les approches basées sur l'intensité (cross-correlation). Il est alors possible de comparer plusieurs estimateurs [Barillot 96, Gee 96] ainsi que plusieurs types de régularisation. Wang [Wang 98] utilise également un formalisme bayésien, et introduit dans l'estimation des contraintes issues d'un apprentissage statistique sur des formes. Des résultats, incorporant une modélisation statistique de la forme des ventricules, sont présentés et comparés à la méthode de Christensen (voir section 1.3.1.2).

### 1.3.3 Les démons

Thirion [Thirion 96b, Thirion 98] propose une méthode appelée "démons" (par opposition aux attracteurs). Ces démons sont repartis sur l'image scène (soit sur les contours de l'image, soit en chaque voxel) et exercent une force sur le modèle de façon à l'amener sur la cible. La force dépend de la polarité du point (à l'intérieur ou à l'extérieur du modèle), de la différence inter image et du gradient. Pour de petits déplacements, les méthodes démons, attractives et celles basées sur le flot optique sont équivalentes.

Les démons peuvent être placés en chaque point de l'image (estimation dense d'un champ de vecteur pour des images médicales 3D) ou sur les contours (l'extraction des contours se fait alors par l'opérateur de Canny-Deriche). Cette méthode se distingue par des temps de calcul courts (de l'ordre de 45 minutes pour des volumes IRM). Par contre, l'initialisation joue un rôle très important (le modèle et la cible ne doivent pas être trop éloignés), mais cela peut être résolu facilement dans le cas d'images IRM 3D par un recalage linéaire global. Cette technique a été utilisée et évaluée par Dawant *et al.* [Dawant 99a, Dawant 99b].

D'autre part, Cachier et Pennec [Pennec 99] ont repris le formalisme de cette méthode pour en identifier les points faibles. Ils ont montré en particulier que les "démons" pouvaient être compris comme la minimisation d'un critère SSD (somme des carrés des différences d'intensité) avec une optimisation de type descente de gradient au second ordre. Le problème est de type minmax, et l'algorithme est alterné (minimisation du critère de similarité puis lissage gaussien du champ de déformation). Ce type de stratégie dépend fortement de l'écart type choisi pour le filtrage du champ, à tel point que la convergence de l'algorithme peut être remise en cause.

### 1.3.4 Différence inter-image

La similarité basée sur la différence inter-image peut s'utiliser de deux manières, soit sous sa forme "brute", la DFD [Ashburner 98, Musse 99a, Vemuri 98], soit sous sa forme linéarisée (flot optique [Devlaminck 97, Horn 81, Planat 98, Song 91]). La DFD est un critère reconnu comme fortement non-linéaire, tandis que le flot optique est linéarisé, mais n'est valide que pour de petits déplacements, et ne permet d'estimer le déplacement que dans la direction parallèle au gradient. Notons que dans tous les cas, l'hypothèse de conservation de la luminance ne sera pas valide partout en raison des inhomogénéités de l'acquisition IRM.

Proche des approches "mécaniques", Song et Leahy [Song 91, Song 94], puis Devlaminck [Devlaminck 97, Devlaminck 99] ont développé une méthode d'estimation du flot optique, où ils introduisent dans la régularisation des *a priori* physiques sur les phénomènes observés. En particulier, lorsque les images traitées sont des images de densité (la luminance est proportionnelle à une grandeur physique comme la masse volumique par exemple), on peut appliquer l'hypothèse de continuité (conservation de la masse [Corpetti 00, Song 91, Song 94]) et obtenir une régularisation adaptée à l'étude de mouvements fluides.

Afin d'estimer le mouvement du muscle cardiaque, Planat et Reissmann [ChretienPlanat 99, Planat 98, Reissman 97] proposent une méthode proche de [Méménin 96, Méménin 98a, Pérez 93]. Un maillage élastique (la pyramide neuractive), qui sert de support spatial à l'estimation de mouvement, se déforme de façon à rejeter les discontinuités de mouvement sur les frontières de deux mailles voisines. La minimisation est alternée (optimisation du maillage puis estimation du mouvement), et l'énergie à minimiser à chaque étape se décompose en trois termes : Un terme de maillage qui assure la cohérence et la conservation de la topologie du maillage, un terme d'attache aux données qui traduit l'hypothèse de flot optique, et un terme de régularisation assurant la cohérence spatiale du champ de déformation. Le maillage élastique semble intéressant car il permet une relative souplesse pour la prise en compte des discontinuités, l'utilisation d'un schéma d'optimisation discret conduit à des temps de calcul très importants (plus de 30 minutes pour deux images  $2D$ ). L'hypothèse de flot optique est également utilisé par Vemuri [Vemuri 98] afin de recalibrer des volumes cérébraux. La solution est recherchée sur un ensemble de bases splines, comme dans [Szeliski 94], et la minimisation est un schéma de Newton modifié.

Enfin, Musse *et al.* [Musse 99b, Musse 99a] décrivent une approche d'estimation hiérarchique de la déformation entre deux volumes IRM  $3D$ , avec un schéma de minimisation multi-grille proche de [Heitz 94] et basé sur la méthode de Ritz [LePourhiet 88]. Les fonctions de base utilisées sont des splines d'ordre 1 qui assurent la régularité de la solution. Par contre, le critère utilisé n'est pas robuste aux différences d'acquisition dans les images IRM et les fonctions splines fournissent une solution lisse qui ne permet pas d'introduire des discontinuités dans le champ de déformation, conduisant à des déformations qui ne peuvent être que partialement cohérentes d'un point de vue anatomique.

### 1.3.5 Estimation conjointe d'une transformation d'intensité et d'une transformation spatiale

L'acquisition de volumes IRM peut être sujette à de nombreux artefacts (principalement en raison des inhomogénéités du champ magnétique, voir [Jones 00]). Pour cette

raison, l'hypothèse de conservation de la luminance n'est pas valide pour tous les points du volume. Une solution consiste à utiliser des estimateurs robustes afin de limiter l'influence des points aberrants dans l'estimation. Une autre solution, proposée par différents auteurs [Feldmar 97, Friston 95, Gupta 95a, Gupta 95b], revient à estimer conjointement une correction d'intensité à appliquer aux données et une transformation spatiale (recalage).

Gupta et Prince [Gupta 95a, Gupta 95b] proposent un modèle de correction d'intensité pour les IRM marquées. Ils considèrent une variation affine de l'intensité :  $f(\mathbf{r} + \mathbf{dr}, t + dt) = m(\mathbf{r}, \mathbf{dr}, t, dt)f(\mathbf{r}, t) + c(\mathbf{r}, \mathbf{dr}, t, dt)$  et l'équation du flot optique devient :

$$f(\mathbf{r}, t) + \nabla f(\mathbf{r}, t) \cdot U(\mathbf{r}, t) - f(\mathbf{r}, t) \frac{\partial m(\mathbf{r}, t)}{\partial t} - \frac{\partial c(\mathbf{r}, t)}{\partial t} = 0.$$

La résolution est faite dans un cadre variationnel (Euler-Lagrange) avec une régularisation classique au premier ordre. Les auteurs proposent dans le cas d'IRM marquées un modèle pour les coefficients  $m_t$  et  $c_t$ , essayant de prendre en compte la physique d'acquisition des volumes IRM :

$$\frac{\partial m}{\partial t} = \frac{-1}{T_1} \text{ et } \frac{\partial c}{\partial t} = \frac{D_0 e^{-T_E/T_2} (1 - \xi e^{-T_R/T_1})}{T_1}$$

ou  $D_0$  est la densité de protons,  $T_1$  et  $T_2$  sont les temps de relaxation,  $T_R$  est le temps de répétition,  $T_E$  est le temps d'écho et  $\xi$  est le coefficient de marquage (voir [LeGoualher 97a, Schwartz 98] pour plus de précisions, ou le site internet<sup>2</sup>).

Les approches de Friston [Friston 95] et Feldmar [Feldmar 97] sont proches, elles cherchent à exprimer dans une même fonction de coût la transformation d'intensité et la transformation spatiale. Si  $I_1$  et  $I_2$  sont les images à mettre en correspondance, le critère à minimiser s'écrit de la façon suivante [Friston 95] :  $\mathcal{C}(\mathbf{f}, g) = \sum_{M_i \in i_1} (I_2(f(M_i)) - g(I_1(M_i), M_i))^2$ , où  $f$  est la transformation  $3D \rightarrow 3D$  et  $g$  la correction d'intensité. Feldmar [Feldmar 97] généralise cette approche en considérant les images  $3D$  comme des hypersurfaces en  $4D$ . Le critère utilisé devient :

$$\mathcal{C}(\mathbf{f}, g) = \sum_{(x_j, i_j)} d((\mathbf{f}(x_j), g(x_j, i_j)), CP_{4D}(\mathbf{f}(x_j), g(x_j, i_j)))^2 \quad (1.3)$$

où  $x_j$  est un point d'intensité  $i_j$ ,  $f$  est la transformation géométrique  $3D$ ,  $g$  est la correction d'intensité (c'est une forme linéaire) et  $CP_{4D}$  est la fonction qui à un point en  $4D$  associe le point du modèle le plus proche. En ce sens, cet algorithme est une généralisation de l'algorithme ICP (Iterative closest point).

Les deux approches recherchent les fonctions de correction d'intensité dans des espaces contraints par l'application. Pour Feldmar par exemple, dans le cas d'un recalage intra-sujet inter-modalité,  $f$  sera rigide et  $g$  sera l'identité, tandis que pour un recalage inter-sujet inter-modalité,  $f$  sera affine, spline ou une fonction RBF ("radial basis function") et  $g$  aura pour but de corriger les distorsions de l'acquisition, par conséquent la modélisation physique du bruit entraînera l'utilisation de fonctions affines, polynomiales ou splines. L'algorithme de Friston apparaît plus facile à mettre en oeuvre, car la minimisation est directe, contrairement à celle de Feldmar où l'algorithme est itéré (algorithme ICP). La difficulté majeure de ces approches est le choix crucial des fonctions de correction d'intensité, car une faible correction d'intensité a évidemment des conséquences

2. <http://www.cis.rit.edu/htbooks/mri/chap-3/chap-3.htm#3.10>

importantes sur l'estimation de la déformation. Pour suivre cette voie, tout en évitant les effets d'instabilités causés par une estimation conjointe de la transformation d'intensité et du recalage, il peut aussi être envisagé de corriger les biais des images IRM par différentes méthodes, qui ne dépendent pas de la déformation entre sujets [Leemput 99, Manduca 98, Mangin 00, Nyul 99, Sled 98, Styner 00, Vokurka 99].

## 1.4 Discussion

La plupart des méthodes de recalage utilisent l'hypothèse de conservation de la luminance pour mettre en correspondance des volumes cérébraux de sujets différents. Cette hypothèse peut paraître hasardeuse dans un premier temps, car la luminance dépend fortement des conditions d'acquisition. Dans un premier temps, nous devons remarquer que les méthodes développées ne sont pas affectées si cette différence est constante sur toute l'image. Nous avons choisi d'utiliser également cette hypothèse de conservation, avec un schéma de minimisation qui accepte des différences constantes par morceaux.

Les méthodes que nous avons présentées diffèrent surtout par les types de régularisation employées ainsi que les méthodes d'optimisation. Les méthodes "mécaniques" ont eu un succès important, malgré la difficulté de les mettre en oeuvre. Ce succès est malgré tout limité par la justification hasardeuse de l'hypothèse mécanique : parce que d'une part le processus de morphogénèse reste encore à élucider, et parce que d'autre part ces hypothèses mécaniques ne peuvent s'appliquer à deux sujets différents (l'hypothèse de conservation de la masse n'est pas valide). Nous avons choisi une régularisation simple du premier ordre pour faire le minimum d'hypothèses sur le champ de déformation à estimer.

Les régularisations choisies par les auteurs sont souvent justifiées par le choix de la conservation de la topologie des structures cérébrales au cours de la transformation. Notons d'une part que ce choix est valide pour les structures internes, mais devient plus difficile à justifier pour les structures corticales. Nous en reparlerons dans le chapitre suivant. Notons d'autre part que les régularisations choisies ne garantissent pas toujours la conservation de la topologie, mais seulement un champ spatialement cohérent. Nous ne retiendrons pas cette hypothèse de conservation de la topologie dans l'approche que nous proposons dans le chapitre suivant.

La méthode d'optimisation employée est importante, car dans le cas de données volumiques, les temps de calcul peuvent devenir rapidement prohibitifs. La méthode qui semble la plus rapide est celle des "démons", où les temps de calcul sont de l'ordre de 45 minutes. Les méthodes mécaniques sont beaucoup plus difficiles à mettre en oeuvre et sont très consommatrices de temps de calcul (des dizaines d'heures pour les méthodes fluides).

Un travail important n'a pas été réalisé, à notre connaissance : la comparaison et la validation de différentes méthodes de recalage inter-sujets sur une large base de données. Une telle étude pose un problème principal, celui du choix des critères utilisés pour comparer les méthodes. Malgré tout, il apparaît que les méthodes développées peinent à appréhender la variabilité inter-individuelle au niveau cortical, c'est à dire là où elle est la plus forte [Collins 96].





## Chapitre 2

# Estimation robuste 3D d'un champ de déformation pour le recalage non rigide de volumes cérébraux

### 2.1 Introduction

#### 2.1.1 Présentation synthétique de la méthode

Nous allons dans ce chapitre décrire l'approche que nous avons mise en oeuvre pour recalcer les volumes cérébraux de sujets différents. Nous avons formalisé le problème du recalage comme un problème d'estimation de champ dense de déformation entre deux volumes. Sur la base des travaux de l'équipe Vista, où s'est déroulé cette thèse<sup>1</sup> [Mémin 96, Mémin 98a, Mémin 98b, Odobez 94, Odobez 95, Pérez 92, Pérez 93], nous avons développé une méthode 3D d'estimation robuste du flot optique à l'aide d'un schéma d'optimisation multirésolution et multigrille. Ce problème a été étudié par différents auteurs de la communauté "analyse d'images" [Barron 92, Battiti 91, Beauchemin 95, Bergen 91, Black 96a, Cohen 96, Horn 81, Konrad 92, Odobez 95, Schnörr 98].

Contrairement à la plupart des méthodes de recalage de volumes cérébraux, nous ne faisons pas l'hypothèse de conservation de la topologie des objets déformés. En effet, les anatomistes (Ono en particulier [Ono 90]) ont montré que la variabilité anatomique (structurale) est très forte entre les individus, en particulier au niveau cortical. Cette variabilité peut se traduire par une interruption des sillons (y compris pour les grands sillons primaires), et de nombreuses absences, en particulier pour les sillons secondaires ou tertiaires. Cette observation fait encore l'objet de discussions [Regis 94], et d'autres hypothèses ont été avancées, dans lesquelles les sillons seraient interrompus en surface, tandis que les racines sulcales resteraient continues. On peut noter dans un premier temps que s'il peut y avoir continuité des racines sulcales, cela peut se traduire au niveau de l'acquisition IRM par une réelle interruption, car nous n'avons accès qu'à une vision discrétisée de la réalité. D'autre part, en l'absence de certitudes sur le sujet, il nous a paru plus prudent de ne pas formuler cette hypothèse de conservation (d'autant plus que de nombreux auteurs formulent cette hypothèse, sans que la méthode garantisse explicitement cette conservation).

---

1. <http://www.irisa.fr/vista>

Bien entendu, même si nous autorisons des discontinuités du champ de déformation, nous sommes conscients que ce dernier doit avoir malgré tout une certaine régularité spatiale pour être anatomiquement cohérent.

Basée sur l’hypothèse de flot optique (conservation de la luminance), la fonction de coût que nous cherchons à minimiser est enrichie de deux estimateurs robustes (le premier sur le terme d’attache aux données, le second sur le terme de régularisation) pour deux raisons : Tout d’abord afin d’endiguer les effets des différences d’acquisition entre les sujets (dues principalement aux inhomogénéités du champ magnétique), d’autre part afin d’autoriser partiellement des discontinuités dans le champ de déformation (pas d’hypothèse de conservation de la topologie).

Ensuite, nous utilisons un schéma de résolution multigrille efficace pour accélérer l’algorithme et améliorer la qualité de l’estimation. Ces schémas ont été proposés par différents auteurs [Hackbusch 85, McCormick 89] et appliqués à l’estimation du mouvement [Enkelmann 88] et aux tâches de vision “bas niveau” [Terzopoulos 86]. Le volume des données volumiques est important ( $12 \times 10^6$  voxels), et la fonction de coût n’est pas convexe, il est donc important de mettre en oeuvre des stratégies efficaces de minimisation pour éviter les nombreux minima locaux de la fonctionnelle, et pour diminuer au maximum le coût calculatoire. De plus, nous introduisons des contraintes anatomiques issues d’une segmentation du cortex dans la partition adaptative sur laquelle est basée l’estimation multigrille. Cela nous permet de restreindre et de raffiner l’estimation sur des zones d’intérêt, entraînant une diminution supplémentaire du temps de calcul.

## 2.1.2 Organisation

Nous allons dans le chapitre 2 décrire en détails la méthode de recalage que nous proposons. Pour ce faire, nous expliquerons tour à tour la formulation du recalage (section 2.2), l’introduction d’estimateurs robustes (section 2.3), la stratégie multirésolution (section 2.4), la minimisation multigrille (section 2.5), et enfin le modèle paramétrique de déformation (section 2.6). Dans le chapitre 3, nous présenterons les résultats obtenus sur des données simulées (section 3.1), sur deux sujets (section 3.2), puis sur une base de donnée de 18 sujets (section 3.3).

## 2.2 Formulation générale

### 2.2.1 Équation du flot optique

L’hypothèse de flot optique, introduite par Horn et Schunck [Horn 81], stipule l’invariance de la luminance d’un point physique entre deux images. Elle s’écrit donc :  $f(s + \mathbf{w}_s, t_1) - f(s, t_2) = 0$  ou  $s$  est un voxel du volume,  $t_1$  et  $t_2$  sont les index des deux volumes à recalcr (index temporel dans le cas d’acquisitions dynamiques ou index dans une base de données),  $f$  est la fonction de luminance et  $\mathbf{w}$  le champ de déformation à estimer. Sous l’hypothèse de petits déplacements, cette équation est plus souvent utilisée sous sa forme linéarisée (car elle est évidemment plus facile à manipuler algorithmiquement), dit Équation de Contrainte du Mouvement Apparent (ECMA) :

$$\nabla f(s, t) \cdot \mathbf{w}_s + f_t(s, t) = 0,$$

où  $\nabla f(s,t)$  est le gradient spatial de luminance et  $f_t(s,t)$  le gradient temporel.

Des travaux [Florack 98] ont souligné que dans le cas de mouvement fluide (ou d'images de densité), l'ECMA  $\nabla f \cdot w + f_t$  devait être remplacée par l'équation duale  $\nabla(f \cdot w) + f_t$ , ce qui revient à ajouter le terme  $f \operatorname{div}(w)$  (hypothèse de compressibilité du fluide). Or, si les images IRM sont bien des images de densité (le signal est proportionnel à la densité de protons), l'hypothèse de conservation de la masse ne peut être valide si l'on considère deux sujets différents. En effet, si les deux sujets ont des ventricules de taille différente, l'hypothèse de conservation devrait entraîner une différence de luminance des ventricules des deux sujets (le plus gros ventricule devrait alors avoir une valeur moyenne de luminance plus faible). Ceci est évidemment faux, et nous garderons comme terme d'attache aux données l'ECMA sous sa forme classique (correspondant aux images scalaires).

La forme linéarisée de L'ECMA ne permet d'estimer que la projection de la déformation sur le gradient local (problème classique d'ouverture), et elle est de surcroît plus sensible au bruit. Il est par conséquent nécessaire d'introduire un terme de régularisation *a priori*, ce qui conduit à la minimisation de la fonction de coût suivante [Horn 81] :

$$U(\mathbf{w}; f) = \sum_{s \in S} [\nabla f(s,t) \cdot \mathbf{w}_s + f_t(s,t)]^2 + \alpha \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}} \|\mathbf{w}_s - \mathbf{w}_r\|^2, \quad (2.1)$$

où  $S$  est la grille des voxels,  $\mathcal{C}$  est l'ensemble des paires de voxels mutuellement voisins (ensemble des cliques), au sens d'un certain voisinage (6-voisinage par exemple) et  $\alpha > 0$  est un paramètre qui contrôle la pondération entre les deux termes énergétiques. Le premier terme traduit l'interaction entre les données et le champ de déformation recherché tandis que le second terme représente la contrainte de régularisation. Cette fonctionnelle peut se comprendre sous l'angle de la théorie bayésienne de l'estimation [Geman 84], et dans ce cas la régularisation découle de l'hypothèse markovienne sur le champ de déformation  $\mathbf{w}$ . Elle peut aussi être envisagée sous l'angle de la théorie de la régularisation de Tikhonov dans une version discrète.

### 2.2.2 Limitations

Les faiblesses de cette formulation sont connues :

- a. En tant que développement de Taylor, l'ECMA, sur laquelle le premier terme énergétique est basée, n'est en général pas valide pour de fortes déformations.
- b. En raison du bruit d'acquisition et des inhomogénéités des acquisitions IRM, l'ECMA n'est pas valide partout.
- c. Le champ de déformation "réel" n'est probablement pas lisse et contient des discontinuités qui risquent de ne pas être préservées en raison du lissage quadratique.

Afin de s'affranchir des limitations (b) et (c), nous allons remplacer le coût quadratique par deux estimateurs robustes [Black 96b] (voir section 2.3). De plus, afin de résoudre le problème (a), nous allons nous placer dans le cadre d'une formulation incrémentale, associée à une approche multirésolution (voir section 2.4). Enfin une stratégie multigrille est utilisée, à chaque niveau de résolution, afin d'améliorer la qualité de l'estimation (voir section 2.5).

## 2.3 Estimateurs robustes

### 2.3.1 Présentation

De nombreux problèmes d'analyse d'images reviennent à estimer des variables cachées (étiquettes) à partir de variables observées (données). Le lien modélisant l'interaction entre les étiquettes et les données prend souvent en compte toutes les données de manière identique. Or il s'avère intéressant de négliger, voire de rejeter certaines données pour deux raisons : soit parce ces données sont bruitées, soit parce qu'elles contribuent à l'estimation d'un modèle secondaire (par exemple estimation du mouvement dominant d'une scène, puis estimation des mouvements des objets [Odobez 95]).

Dans ce but, les estimateurs robustes ont été introduits en analyse d'image. Nous ne ferons pas une présentation détaillée des estimateurs robustes, le lecteur curieux pourra se référer à [Black 96b, Huber 81, Meer 90, Nikou 99a, Odobez 95, Stewart 97, Stewart 99]. Les estimateurs robustes sont souvent jugés selon trois critères : l'efficacité relative, le point de rupture et la complexité induite. L'efficacité relative compare la variance obtenue sur les paramètres estimés avec la variance minimale que l'on peut atteindre (borne de Cramer-Rao). On considère souvent l'efficacité relative asymptotique, lorsque le nombre d'échantillons tend vers l'infini. Le point de rupture est le pourcentage de données contaminées qu'ils peuvent admettre (c'est à dire rejeter). Les estimateurs les plus performants peuvent atteindre un point de rupture de 50% [Rousseeuw 84, Stewart 95]. Évidemment, les estimateurs robustes induisent un coût calculatoire supplémentaire, et en général plus le gain en robustesse est significatif, plus le coût de calcul est élevé. Plus spécifiquement, en imagerie médicale, les estimateurs robustes ont été utilisés en caractérisation de textures dans des images ultrasons [Muzzolini 94], en segmentation d'images IRM [Schroeter 98], en recalage de coupes histologiques [Ourselin 98], ou encore en recalage multimodalité [Nikou 99a].

Plusieurs types d'estimateurs robustes sont possibles, et différents auteurs [Nikou 99a, Odobez 94] ont réalisé un comparatif des différents estimateurs (en particulier, on trouvera dans [Odobez 94] un comparatif de l'estimateur des moindres carrés médians et des M-estimateurs). Nous avons choisi d'utiliser les M-estimateurs, pour leur simplicité algorithmique et pour leur efficacité avérée.

### 2.3.2 Les M-estimateurs

La fonction de coût (2.1) prend en compte tous les voxels ainsi que toutes les paires de voxels voisins de manière identique, ce qui ne garantit pas un comportement robuste. Nous souhaiterions diminuer l'apport énergétique de données "aberrantes" en introduisant des estimateurs robustes [Huber 81], et plus précisément des M-estimateurs [Black 96b]. Un M-estimateur est une fonction  $\rho$  (voire le graphe figure 2.1.) possédant les propriétés suivantes :

- a.  $\rho$  est croissante sur  $\mathbb{R}^+$ .
- b.  $\phi(v) \triangleq \rho(\sqrt{v})$  est strictement concave sur  $\mathbb{R}^+$ .
- c.  $\lim_{u \rightarrow \infty} \rho'(u) < \infty$ .

La propriété (a) assure que  $\rho$  est bien une fonction de coût. (b) implique que le graphe de  $\rho$  est l'enveloppe inférieure d'une famille de paraboles. On peut alors montrer que

[Black 96b, Geman 92]:

$$\exists \psi \in C^1([0, M], \mathbb{R}) \text{ tq } \forall u, \rho(u) = \min_{z \in [0, M]} (zu^2 + \psi(z)), \quad (2.2)$$

où  $M \triangleq \lim_{v \rightarrow 0^+} \phi'(v)$ . De plus on obtient :

$$z^*(u) \triangleq \arg \min_{z \in [0, M]} (zu^2 + \psi(z)) = \frac{\rho'(u)}{2u} = \phi'(u^2), \quad (2.3)$$

où  $\frac{\rho'(u)}{2u} = \phi'(u^2)$  décroît de  $M$  à 0 d'après (b) et (c). La robustesse d'un tel estimateur provient précisément de la décroissance de la fonction  $\phi'$ . Nous introduisons deux estimateurs, le premier sur les données (estimateur de Cauchy non saturant [Holland 77]) et le second sur le terme de régularisation (estimateur de Leclerc [Leclerc 89]). Les graphes de ces estimateurs, ainsi que les fonctions “poids” (fonction d'influence) sont représentés sur la figure 2.1.

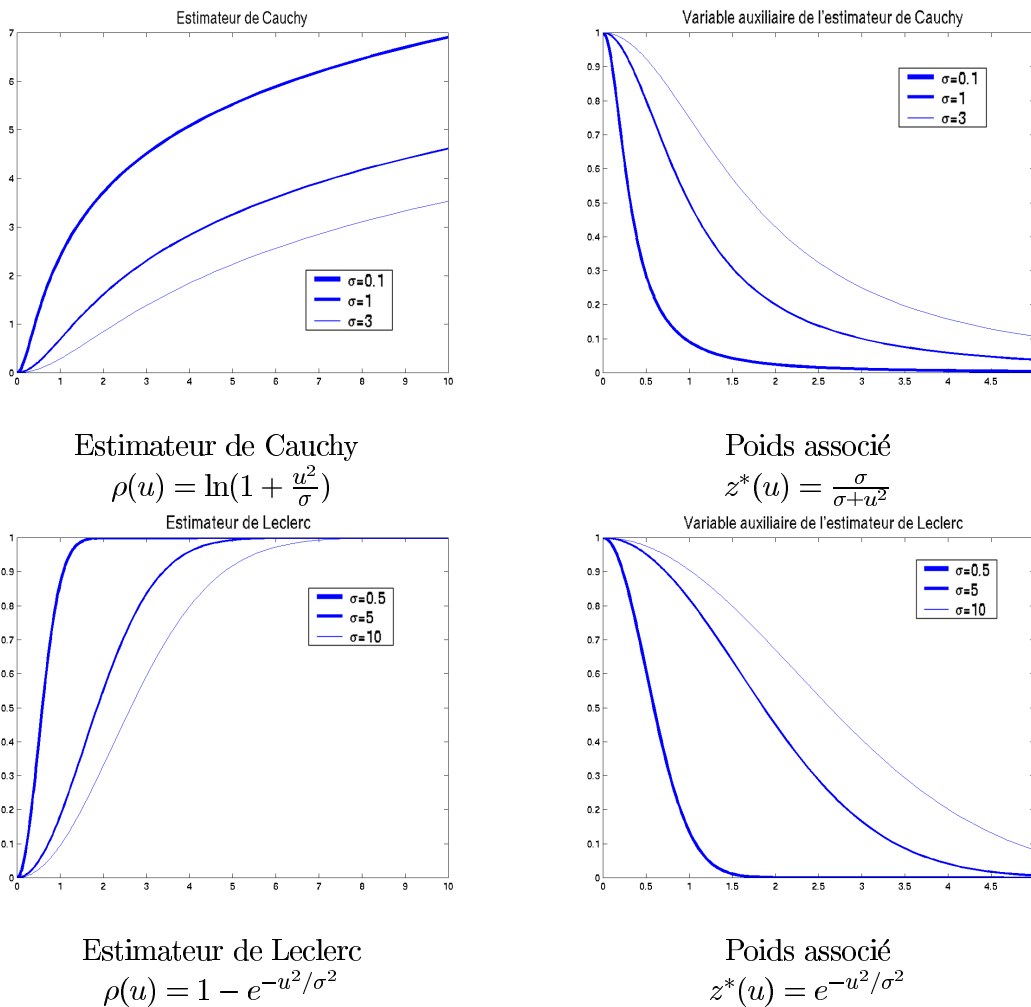


FIG. 2.1 – Estimateurs de Cauchy et de Leclerc, graphes et variables auxiliaires associées

La fonction de coût (2.1) est alors modifiée :

$$U(\mathbf{w}; f) = \sum_{s \in S} \rho_1 (\nabla f(s,t) \cdot \mathbf{w}_s + f_t(s,t)) + \alpha \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}} \rho_2 (\|\mathbf{w}_s - \mathbf{w}_r\|). \quad (2.4)$$

D'après (2.2), la minimisation de  $U$  est équivalente à la minimisation de la fonction de coût augmentée suivante :

$$U(\mathbf{w}, \delta, \beta; f) = \sum_{s \in S} \delta_s (\nabla f(s,t) \cdot \mathbf{w}_s + f_t(s,t))^2 + \psi_1(\delta_s) + \alpha \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}} \beta_{sr} (\|\mathbf{w}_s - \mathbf{w}_r\|)^2 + \psi_2(\beta_{sr}), \quad (2.5)$$

où les variables  $\delta_s, s \in S$  et  $\beta_{sr}, \langle s,r \rangle \in \mathcal{C}$  sont des "poids" à valeur dans  $[0, M_1]$  et  $[0, M_2]$  respectivement, qu'il faut estimer. Cette dernière expression présente l'avantage d'être quadratique par rapport à  $\mathbf{w}$ , les poids optimaux pour  $\mathbf{w}$  donné étant fournis explicitement par l'équation (2.3). Lorsqu'une discontinuité de déformation devient plus importante, l'apport énergétique des cliques concernées est atténué car la variable auxiliaire  $\beta_{sr}$  diminue ( $\beta_{sr} = \phi'_2(\|\mathbf{w}_s - \mathbf{w}_r\|^2)$ ). De la même façon, lorsqu'en un point  $s$ , l'hypothèse de conservation de luminance est largement violée pour le champ courant  $\mathbf{w}$ , la contribution énergétique correspondante est également atténuée grâce à la diminution de la variable auxiliaire  $\delta_s$  associée ( $\delta_s = \phi'_1([\nabla f(s,t) \cdot \mathbf{w}_s + f_t]^2)$ ).

La minimisation est désormais menée de manière alternée. Lorsque les variables auxiliaires  $\delta_s$  et  $\beta_{sr}$  des estimateurs robustes sont fixés, le problème est équivalent à un problème de moindre carrés pondérés. Lorsque le champ  $\mathbf{w}$  est estimé, les poids sont actualisés grâce à l'équation 2.3.

## 2.4 Schéma multirésolution

### 2.4.1 Motivations

Nous utilisons une approche multirésolution classique (voir figure 2.2) [Burt 84, Rosenfeld 84] associée à une formulation incrémentale dans le cas de grandes déformations (ce qui est le cas du recalage inter-sujet). Le modèle multirésolution s'appuie sur la construction d'une pyramide de volumes obtenue par filtrage gaussien et sous-échantillonnage. Au niveau de résolution  $k$ , l'amplitude des déformations est réduite d'un facteur  $2^k$ , ce qui permet de valider l'hypothèse de linéarisation de l'ECMA à la résolution la plus grossière. Pour les niveaux suivants, une estimation incrémentale est menée. Nous détaillons tout d'abord le choix du filtre gaussien ainsi que l'implémentation récursive mise en oeuvre, puis nous reformulerons les équations 2.5 dans ce contexte multirésolution.

### 2.4.2 Construction d'une pyramide de volumes

#### 2.4.2.1 Choix de l'écart type pour le filtrage

L'image tridimensionnelle est une mesure physique sur le cerveau, et nous connaissons l'échantillonnage de cette mesure. En règle générale, un voxel a une résolution d'environ

IRM pour les images IRM. Nous cherchons à filtrer ce signal par un filtre passe-bas gaussien séparable de manière à construire par filtrage sous-échantillonnage successifs la pyramide multirésolution [Burt 84] sur laquelle sera réalisée l'estimation. Nous choisissons une filtre gaussien pour les propriétés décrites dans [Koenderink 84, Romeny 91]. Il convient donc de choisir avec attention la fréquence de coupure de ce filtre passe bas afin d'éviter les problèmes *d'aliasing*.

Notons  $r$  la résolution des voxels de l'image, si ce volume est isotrope. Le spectre du signal originel (support de la représentation fréquentielle) original est inclus dans l'intervalle  $]-F_E, F_E[$  avec  $F_E = 1/r$ . Cherchons pour le signal filtré une borne supérieure  $f_c$  de son spectre :

Le filtre passe-bas utilisé est gaussien d'écart type  $\sigma$ . La représentation spectrale de ce filtre est également une gaussienne d'écart type  $\sigma' = 1/2\pi\sigma$ . La convolution dans le domaine temporel se traduisant par une multiplication dans le domaine fréquentiel, le support fréquentiel du signal filtré est borné par  $3\sigma'$ .

Le théorème de Shannon indique que la fréquence d'échantillonnage doit être au moins le double de la fréquence maximale du signal (fréquence de Niquist). Or l'étape de décimation par un facteur 2 entraîne une division par deux de la fréquence d'échantillonnage initial. Après filtrage sous-échantillonnage la fréquence d'échantillonnage vaut  $F_E/2$ . On doit donc avoir  $F_E/2 \geq 2f_c$ . Cela donne

$$\frac{1}{2r} \geq \frac{3 \times r}{2\pi\sigma} \Leftrightarrow \sigma \geq \frac{6r}{\pi}$$

#### 2.4.2.2 Implémentation récursive du filtrage

Afin de réaliser ce filtrage, nous avons choisi la méthode proposée par Deriche [Deriche 93] car elle permet d'implémenter avec une complexité réduite des filtres RII (réponse impulsionnelle infinie). Cette méthode approxime le filtre gaussien et ses dérivées par une famille de cosinus-exponentielle à l'ordre 4.

$$h_a(n) = (a_0 \cos(\frac{\omega_0}{\sigma}n) + a_1 \sin(\frac{\omega_0}{\sigma}n))e^{-\frac{b_0}{\sigma}n} + (c_0 \cos(\frac{\omega_1}{\sigma}n) + c_1 \sin(\frac{\omega_1}{\sigma}n))e^{-\frac{b_1}{\sigma}n}$$

Cette approximation (dont l'erreur résiduelle est faible, pour des valeurs de  $\sigma$  allant jusqu'à 10) permet une implémentation exacte et récursive du filtre approché. L'avantage majeur de cette technique est qu'il est possible d'appliquer un filtre à réponse impulsionnelle infinie avec une complexité algorithmique finie (le nombre d'opérations par voxel est fini et indépendant de la valeur de l'écart type  $\sigma$ ). En annexe B, nous détaillons le calcul de la normalisation du filtre, corrigée par rapport à celle de [Deriche 93].

#### 2.4.3 Formulation multirésolution du recalage

Les stratégies multirésolution en analyse du mouvement [Bergen 91, Enkelmann 88, Mémin 98a, Odobez 94] consistent à raffiner un estimé supposé connu du champ de déformation. Cet estimé peut provenir de la projection de l'estimation précédente. À un niveau de résolution  $k$ , on dispose d'un champ  $\hat{w}^k$ , obtenu par projection du champ estimé au niveau de résolution supérieur. Le problème est alors celui de l'estimation d'un champ d'incrément  $d\mathbf{w}^k$  raffinant l'estimation du niveau précédent (voir figure 2.2). Au niveau de résolution



$k$ , la linéarisation de la DFD (Displaced Frame Difference) au point  $(s + \hat{\mathbf{w}}^k, t_1)$  donne la nouvelle fonctionnelle à minimiser :

$$U^k(d\mathbf{w}^k, \delta^k, \beta^k; f^k, \hat{\mathbf{w}}^k) = \sum_{s \in S^k} \delta_s^k [\nabla f^k(s + \hat{\mathbf{w}}_s^k, t_2) \cdot d\mathbf{w}_s^k + f^k(s + \hat{\mathbf{w}}_s^k, t_2) - f^k(s, t_1)]^2 + \psi_1(\delta_s^k) + \alpha \sum_{\langle s, r \rangle \in \mathcal{C}^k} \beta_{sr}^k \left( \|(\hat{\mathbf{w}}_s^k + d\mathbf{w}_s^k) - (\hat{\mathbf{w}}_r^k + d\mathbf{w}_r^k)\| \right)^2 + \psi_2(\beta_{sr}^k). \quad (2.6)$$

Cette stratégie de recherche est donc équivalente à une minimisation de type Gauss-Newton [Thisted 88] (moindre carrés non-linéaires). Nous calculons à la fin de chaque résolution un volume compensé (ou volume déformé)  $f^k(s + \hat{\mathbf{w}}_s^k, t_2)$  à partir du volume  $f^k(s, t_2)$  et du champ de déformation  $\hat{\mathbf{w}}_s^k$  par interpolation trilineaire. Le calcul des gradients spatiaux et temporels se fait à partir de ce volume compensé. Le gradient spatial est calculé par filtrage récursif [Deriche 93] avec la dérivée de la gaussienne. Pour chaque voxel, nous calculons la différence entre le volume source et le volume reconstruit  $f^k(s + \hat{\mathbf{w}}_s^k, t_2)$ , puis cette différence est filtrée pour former le gradient temporel.

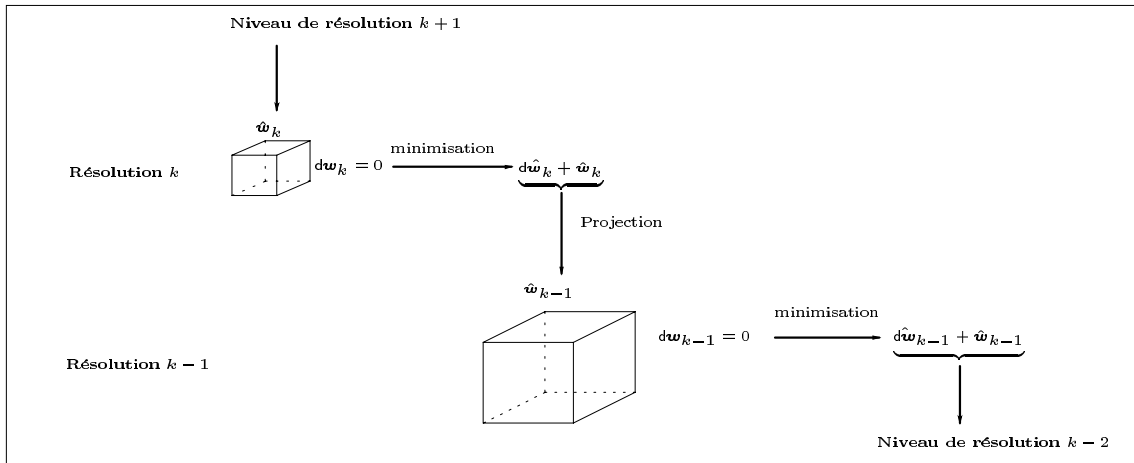


FIG. 2.2 – Estimation multirésolution incrémentale du flot optique

## 2.5 Résolution “multigrille”

### 2.5.1 Motivations

La minimisation directe de l'équation (2.6) est délicate. En effet l'énergie est non convexe et le nombre de minima locaux de la fonctionnelle est très important, une méthode de minimisation maladroite serait inévitablement piégée et conduirait à un mauvais résultat. D'autre part la minimisation s'appuie en pratique sur des solveurs itératifs (en raison du

terme de régularisation), et si l'on effectue une minimisation directe (voxel par voxel), la propagation de l'information à travers le volume serait extrêmement longue, conduisant à des temps de calcul prohibitifs.

Ces difficultés sont classiques en vision par ordinateur dès lors que la fonctionnelle implique un grand nombre de variables et des interactions spatiales entre les étiquettes. Pour résoudre ces problèmes, des méthodes multigrilles ont été développées [Enkelmann 88, Hackbusch 85, Heitz 94, McCormick 89, Mémin 98a, Terzopoulos 86]. Ces méthodes consistent à réaliser l'estimation à travers une suite de sous-espaces emboîtés. Lors du déroulement de l'algorithme, la dimension de ces sous-espaces augmente, et la précision de l'estimation également. En pratique, la minimisation multigrille consiste à choisir un ensemble de fonctions (ayant des propriétés intéressantes) et à estimer la combinaison de ces fonctions qui convient le mieux (ce que l'on peut aussi voir comme la projection de la "vraie" solution sur l'espace engendré par ces fonctions).

Dans notre cas, il convient de parler plutôt d'algorithme hiérarchique. En effet, à chaque niveau de résolution, nous allons estimer un incrément du champ de déformation appartenant à des sous-espaces de configuration de dimension croissante, mais nous allons calculer à la fin de chaque niveau de grille un volume compensé (que l'on peut aussi appeler "warped" volume)  $f^k(s + \hat{\mathbf{w}}_s^k + d\mathbf{w}, t_2)$  et nous allons utiliser ce volume compensé pour linéariser de nouveau la DFD autour de cette solution. Contrairement aux approches purement multigrilles, où l'estimation précédente initialise la recherche courante, nous utilisons un schéma de type Gauss-Newton hiérarchique.

Il a été montré, rappelons le [Charbonnier 97, Delaney 98, Mémin 01], que ce type de stratégie de minimisation est convergente sous certaines hypothèses (qui sont vérifiées lorsque nous prenons comme estimateur robuste sur le terme de données un estimateur non saturant, de type Cauchy par exemple). Nous savons donc que quelque soit l'initialisation, la convergence de l'algorithme est sûre (contrairement à d'autres méthodes, problème min-max des démons par exemple).

## 2.5.2 Description

À chaque niveau de résolution, nous mettons en oeuvre une stratégie multigrille (voir figure 2.3) basée sur des partitions successives du volume source. Au niveau de résolution  $k$ , et au niveau de grille  $\ell$ , correspondant à une partition de cubes, nous estimons un champ de déformation incrément  $d\mathbf{w}^{k,\ell}$  qui raffine l'estimation précédente  $\hat{\mathbf{w}}^k$ , obtenue aux niveaux précédents.

Aux niveaux de grille les plus élevés, la dimension de l'espace est faible (le nombre de cubes de la partition est faible et nous estimons un modèle de déformation pour chaque cube), le nombre de paramètres à estimer est donc réduit, ce qui permet d'accélérer considérablement l'estimation. Certains auteurs [Pérez 92] ont conjecturé que la fonctionnelle pourrait être "plus lisse" aux niveaux les plus grossiers (avec un nombre réduit de minima locaux). Cette conjecture ne peut être prouvée, car elle dépend d'une part du conditionnement de la fonctionnelle, et de la suite de sous-espace choisi. D'une part, on constate en pratique que le flot optique est très adapté à une estimation hiérarchique [Mémin 98a]. D'autre part, conscients de l'importance du choix des sous-espaces, nous avons souhaité introduire des contraintes anatomiques dans cette estimation hiérarchique (voir la section 2.5.3.1).

Aux niveaux inférieurs, la recherche est initialisée à partir de l'estimation précédente. Cette stratégie améliore la qualité de l'estimation et la vitesse de convergence, comparée aux algorithmes itératifs standards. Notons  $T_{k,\ell}$  la transformation associée au champ de déformation incrément  $d\mathbf{w}^{k,\ell}$  ( $T_{k,\ell}(s) = s + d\mathbf{w}^{k,\ell}(s)$ ) et  $T_k$  la transformation finale estimée au niveau de résolution précédent qui initialise la recherche au niveau  $k$ .

Au niveau de grille  $\ell$ ,  $\Xi_\ell = \{\Xi_n, n = 1 \dots N_\ell\}$  est la partition du volume  $B$  en  $N_\ell$  cubes  $\Xi_n$ . À chaque niveau  $\ell$  est associée une transformation  $T_{k,\ell}$  qui est définie de la façon suivante: un modèle paramétrique affine de déformation est estimé sur chaque cube  $\Xi_n$ , ce qui conduit à un champ incrément affine par morceaux.

Au début de chaque grille, nous construisons le volume reconstruit à l'aide du champ de déformation estimé précédemment et du volume cible  $f^k(s, t_2)$  par interpolation trilineaire (voir le chapitre 2.4). De même, nous calculons les gradient temporels et spatiaux au début de chaque grille et le champ de déformation incrément  $d\mathbf{w}^{k,\ell}$  est initialisé à zéro.

Il faut noter que l'interaction entre les cubes de la partition est explicitement modélisée (voir partie 2.6), et qu'il n'y a pas d'effets de cubes dans l'estimation, même avec un modèle de déformation paramétrique par morceaux. À chaque niveau de résolution  $k$ , nous réalisons l'estimation du niveau de grille  $\ell_c$  jusqu'au niveau  $\ell_f$ . La transformation finale  $T_{k,\ell_f} \circ \dots \circ T_{k,\ell_c} \circ T_k = T_{k-1}$  exprime la décomposition hiérarchique du champ de déformation et est projetée pour initialiser le niveau de résolution  $k - 1$ . Ainsi, en fonction de l'application, il peut être inutile de poursuivre l'estimation jusqu'au niveau de grille le plus faible ( $\ell_f = 0$ ). Nous évaluerons ceci dans la partie 3.1).

À la fin du recalage, la transformation finale est  $T_{k_f,\ell_f} \circ \dots \circ T_{k_f,\ell_c} \circ \dots \circ T_{k_c,\ell_f} \circ \dots \circ T_{k_c,\ell_c}$  et correspond au champ de déformation  $d\mathbf{w}^{k_f,\ell_f} + \dots + d\mathbf{w}^{k_f,\ell_c} \dots + d\mathbf{w}^{k_c,\ell_f} + \dots + d\mathbf{w}^{k_c,\ell_c}$ .

## 2.5.3 Partition adaptative

### 2.5.3.1 Intégration d'un masque de segmentation du cerveau

L'estimation repose sur la partition de cubes, et la qualité de l'estimation va dépendre du raffinement de cette partition sur certaines zones. Nous souhaitons donc naturellement contraindre l'estimation sur des zones "utiles", c'est à dire anatomiquement intéressantes. Pour ce faire, nous allons introduire une segmentation du cerveau obtenue par des opérateurs de morphologie mathématique. La méthode que nous utilisons est détaillée dans [Lachmann 93]. Sur un volume obtenu par un seuillage binaire et une opération d'érosion (afin d'isoler le cortex, et de casser en particulier les connections avec le nerf optique), l'utilisateur choisit de manière interactive un point germe situé dans le cortex (en général dans le corps calleux). Une croissance de région, réglée par un seuil de connexité, puis une opération de dilatation fournissent la segmentation finale. Cette segmentation est illustrée sur la figure 2.4. Notons que, même si cette méthode fournit de bons résultats, nous ne cherchons pas une segmentation extrêmement précise du cerveau, mais que nous souhaitons plutôt aboutir à une sur-segmentation du cerveau (une sous-segmentation pourrait être néfaste).

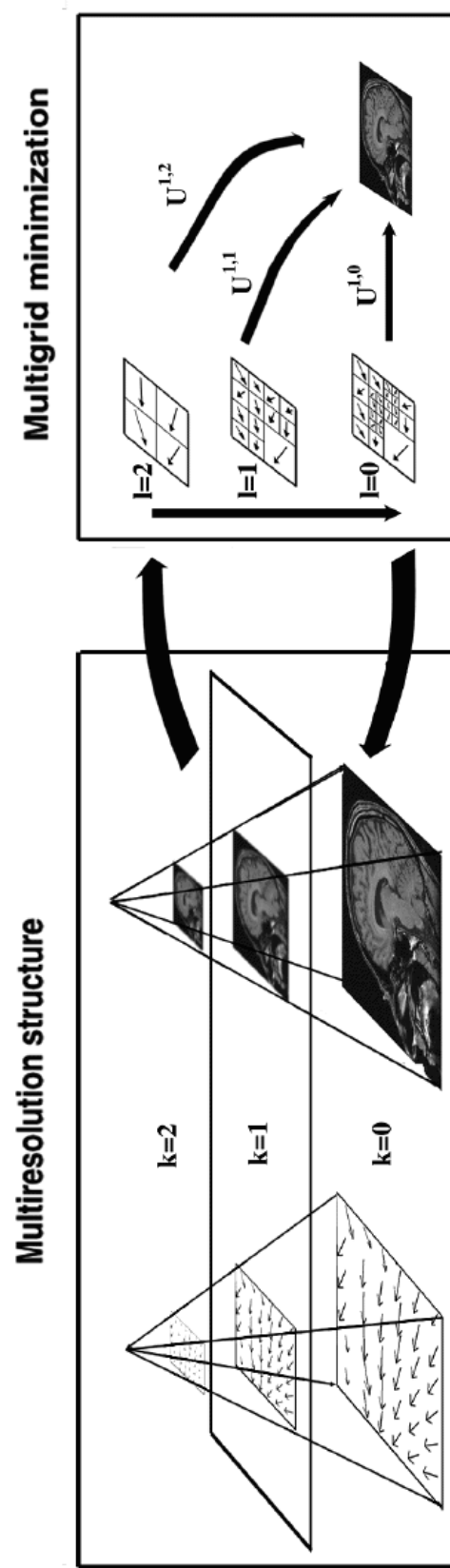
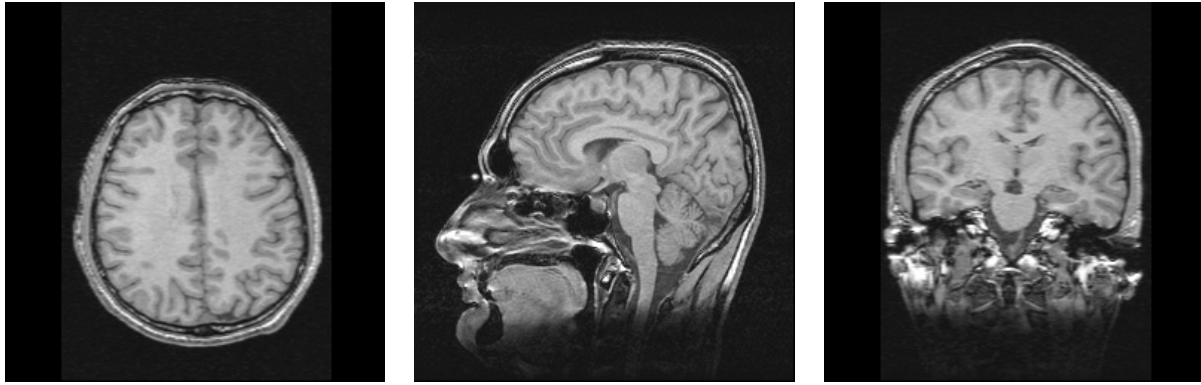
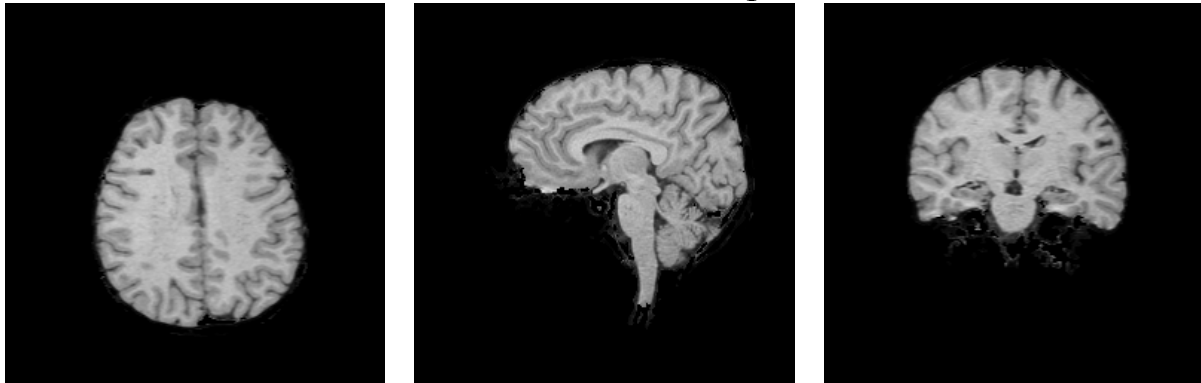


FIG. 2.3 – Exemple de minimisation multigrille. Pour chaque niveau de résolution (à gauche), une stratégie multigrille (à droite) est employée. Pour des raisons de clarté, la figure est une illustration 2D d'un algorithme 3D sur des données volumiques.



**Volume IRM 3D initial à segmenter.**



**Intersection avec le masque de segmentation.**

FIG. 2.4 – Les trois vues supérieures représentent le volume IRM anatomique à segmenter, en coupe axiale, sagittal et coronal successivement. Les trois vues inférieures représentent les mêmes coupes du volume IRM, masquées avec la segmentation binaire finale du cerveau.

Afin d’initialiser la partition au niveau de grille  $\ell_c$ , nous considérons un cube de la taille du volume source (à la résolution courante). Ensuite, chaque cube de la partition est découpé (en huit fils) tant qu’il intersecte le masque de segmentation et que le nombre de voxels le composant est supérieur à  $2^{3\ell_c}$ . La partition finale obtenue par cet algorithme itératif est de type “octree” (elle n’est pas tout à fait une partition “octree” puisqu’à un même niveau de l’arbre, les cubes n’ont pas tous une taille en  $2^{kd}$ , puisque le volume initial n’a pas lui même une taille proportionnelle à une puissance de 2).

### 2.5.3.2 *Partition adaptative*

Lors du déroulement de l’algorithme, chaque changement du niveau de grille s’accompagne d’une modification de la partition sur laquelle l’estimation est basée. Nous proposons de raffiner cette partition de manière adaptative, afin de limiter les efforts de calcul sur les zones utiles. Le critère de découpage d’un cube lors d’un changement de grille tient compte de deux facteurs : d’une part du masque de segmentation du cerveau, et d’autre part de l’adéquation locale du modèle de déformation estimé avec les données observées. La variable  $\delta_s$  (voir l’équation (2.5)), ou plutôt sa distribution sur un cube, indique s’il est

nécessaire de modifier ce cube.

Plus précisément, notons  $\mathbb{M}$  le masque de segmentation utilisé, et pour un cube  $\mathcal{C}$ , notons  $m_c$  et  $v_c$  les moyennes et variance empirique de la variable  $\delta$  sur ce cube. Nous décidons de diviser un cube selon le critère suivant :

le cube est divisé ssi  $(\mathbb{M} \cap \mathcal{C} \neq \emptyset, m_c < s_1 \text{ et } v_c > s_2)$  ou  $(\mathbb{M} \cap \mathcal{C} = \emptyset, m_c < s_3 \text{ et } v_c > s_4)$

Où  $s_i, i \in \{1,4\}$  sont des seuils empiriques, avec  $s_1 \gg s_3$  et  $s_4 \gg s_2$  afin de garantir une subdivision plus fine dans le cerveau. La distribution locale de la variable  $\delta$  est directement reliée à la performance du modèle estimé. En effet si la moyenne  $m_c$  est faible, cela signifie que le modèle de déformation estimé n'est pas bon globalement pour les voxels du cube considéré. De plus, si la variance  $v_c$  est importante, cela signifie que le modèle n'est pas correct pour une partie des voxels du cube. Dans les deux cas, il est nécessaire de diviser ce cube pour raffiner le modèle de déformation.

## 2.6 Modèle paramétrique de déformation

Nous allons maintenant détailler le modèle de déformation que nous utilisons. Nous avons choisi de considérer un modèle paramétrique affine à 12 paramètres sur chaque cube (approche assez classique dans le domaine de la vision, mais plus rarement utilisée en imagerie médicale), ce qui permet d'estimer des déformations plus "riches" que celles offertes par un modèle constant. Sur des cubes contenant moins de 12 voxels, nous nous restreignons à un modèle rigide (6 paramètres), et pour des cubes contenant moins de 6 voxels, c'est un modèle translationnel qui est estimé.

Au niveau de résolution  $k$  et au niveau de grille  $\ell$ ,  $\Xi^{k,\ell} = \{\Xi_n, n = 1 \cdots N_{k,\ell}\}$  est la partition du volume  $S^k$  en  $N_{k,\ell}$  cubes  $\Xi_n$ . Sur chaque cube  $\Xi_n$ , l'incrément de déformation est pris de la forme :

$$\forall s = (x,y,z) \in \Xi_n, \mathbf{d}w_s^{k,\ell} = P_s \Theta_n^\ell,$$

où  $\Theta_n^\ell$  est un vecteur à 12 paramètres et,

$$P_s = \begin{pmatrix} 1 & x & y & z & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & x & y & z & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & x & y & z \end{pmatrix}.$$

Le système de voisinage  $\mathcal{V}^k$  sur la grille  $S^k$  induit un système de voisinage  $V^{k,\ell}$  sur la partition  $\Xi^{k,\ell}$  :

$$\forall n \in \{1 \cdots N_{k,\ell}\}, \forall m \in \{1 \cdots N_{k,\ell}\}, m \in V^{k,\ell}(n) \Leftrightarrow \exists (s,r) \in \Xi_n \times \Xi_m \mid r \in \mathcal{V}^k(s).$$

$\mathcal{C}^k$  étant l'ensemble des paires de voxels voisins du volume  $S^k$ , nous devons maintenant distinguer dans cet ensemble deux types de cliques, celles dont les deux voxels sont dans un même cube et celles dont les deux voxels appartiennent à deux cubes distincts :

$$\forall n, \mathcal{C}_n^{k,\ell} = \{ \langle s,r \rangle \in \mathcal{C}^k : \{s,r\} \subset \Xi_n \}.$$

$$\forall m \neq n, \mathcal{C}_{nm}^{k,\ell} = \{ \langle s,r \rangle \in \mathcal{C}^k : (s,r) \in \Xi_n \times \Xi_m \}.$$

$\mathcal{C}_{nm}^{k,\ell}$  n'est pas vide si et seulement si  $m \in V^{k,\ell}(n)$ . On a clairement le partitionnement suivant :  $\mathcal{C}^k = (\cup_n \mathcal{C}_n^{k,\ell}) \cup (\cup_{(n,m)} \mathcal{C}_{nm}^{k,\ell})$ .

Pour des raisons de clarté, l'indice de résolution  $k$  ne sera pas présent dans la suite. L'injection dans l'expression (2.6) de la contrainte paramétrique par cube au niveau de grille  $\ell$  conduit à la fonction suivante de l'ensemble  $\Theta^\ell = \{\Theta_n^\ell, n = 1 \dots N_\ell\}$  des paramètres définissant  $d\mathbf{w}^\ell$  :

$$U^\ell(\Theta^\ell, \delta^\ell, \beta^\ell; f^\ell, \hat{\mathbf{w}}^\ell) = U_1^\ell(\Theta^\ell, \delta^\ell; f^\ell, \hat{\mathbf{w}}^\ell) + U_2^\ell(\Theta^\ell, \beta^\ell; \hat{\mathbf{w}}^\ell), \quad (2.7)$$

avec :

$$U_1^\ell(\Theta^\ell, \delta^\ell; f^\ell, \hat{\mathbf{w}}^\ell) = \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{s \in \Xi_n} \delta_s \left[ \nabla f(s + \hat{\mathbf{w}}_s^\ell, t_2)^T P_s \Theta_n^\ell + f_t(s + \hat{\mathbf{w}}_s^\ell, t_1) \right]^2 + \psi_1(\delta_s^\ell),$$

et

$$U_2^\ell(\Theta^\ell, \beta^\ell; \hat{\mathbf{w}}^\ell) = \frac{\alpha}{2} \sum_{n=1}^{N_\ell} \left( \sum_{m \in V^\ell(n)} \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}_{nm}^\ell} \beta_{sr}^\ell \|(\hat{\mathbf{w}}_s^\ell + P_s \Theta_n^\ell) - (\hat{\mathbf{w}}_r^\ell + P_r \Theta_m^\ell)\|^2 + \psi_2(\beta_{sr}^\ell) \right) \\ + \alpha \sum_{n=1}^{N_\ell} \left( \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}_n^\ell} \beta_{sr}^\ell \|(\hat{\mathbf{w}}_s^\ell + P_s \Theta_n^\ell) - (\hat{\mathbf{w}}_r^\ell + P_r \Theta_n^\ell)\|^2 + \psi_2(\beta_{sr}^\ell) \right).$$

Pour le niveau de grille  $\ell$ , cette fonction d'énergie est minimisée par une méthode de type moindres carrés pondérés itérés (voir annexe C). À poids fixés, le problème est quadratique par rapport aux vecteurs de paramètres  $\Theta_n^\ell$  et la résolution est conduite au moyen d'une méthode itérative de type Gauss-Seidel. Le champ des inconnues  $\Theta^\ell = \{\Theta_n^\ell, n = 1 \dots N_{k,\ell}\}$  étant à son tour figé, les poids sont obtenus explicitement par l'équation (2.3).

D'autre part, il apparaît désormais plus clairement que l'énergie à minimiser est exprimée en fonction de la partition utilisée. Nous minimisons sur chaque cube une énergie qui considère les observations sur une partie réduite de l'image. Si la différence d'acquisition entre les deux volumes est constante par morceaux, l'algorithme est moins sensible à cette différence d'acquisition. En effet, nous minimisons alors sur un cube un coût dont le minimum n'est pas zéro, mais une constante représentant sur ce cube la différence de luminosité entre les volumes.

## Chapitre 3

# Expérimentations et analyses

### 3.1 Données simulées

#### 3.1.1 Modification locale de la topologie

Nous avons introduit dans la formulation énergétique des normes robustes 2.3, en substitution des normes quadratiques, afin d'autoriser localement des modifications de la topologie. Nous avons donc voulu vérifier sur des données synthétiques la relation directe entre l'introduction d'une norme robuste sur le terme de régularisation et la possibilité de prendre en compte des modifications locales de topologie (scission de sillons par exemple). Nous avons donc construit deux volumes de topologie différente (voir la figure 3.2), avec une scission de la structure tubulaire entre le volume source et le volume cible. Les volumes utilisés sont composés de deux classes uniformes (niveau de gris homogène). Nous pouvons tout de suite comprendre les difficultés qui vont être rencontrées lors du recalage de ces deux volumes : en effet les volumes sont binaires (les deux classes sont uniformes et non texturées), et nous allons nous heurter de manière évidente au problème classique d'ouverture du flot optique. Ce problème est lié à la nature de l'ECMA, qui ne permet d'estimer les déplacements que dans la direction du gradient. Ceci est illustré sur la figure 3.1.

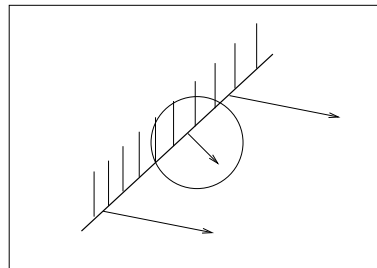


FIG. 3.1 – Problème de l'ouverture du flot optique. Il n'est possible d'estimer que les déplacements orthogonaux aux contours.



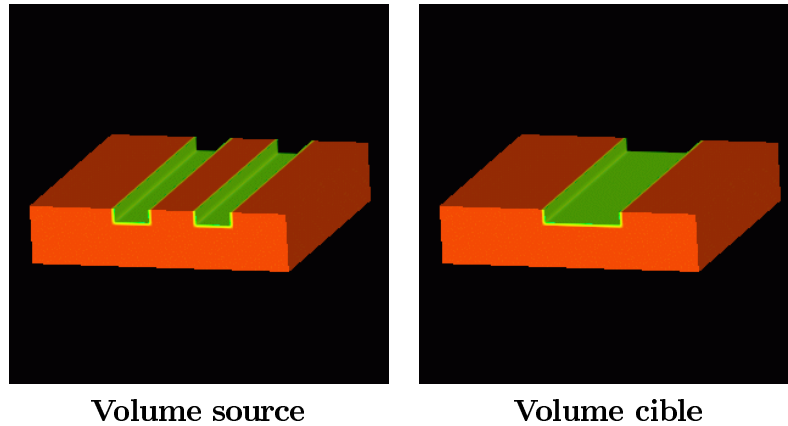


FIG. 3.2 – Données synthétiques pour valider l’introduction d’une norme robuste sur le terme de régularisation afin d’autoriser localement des changements de topologie.

Nous avons lancé dans un premier temps le recalage multigrille sur ce couple de volumes sans estimateur robuste (la régularisation est quadratique). Les résultats de ce recalage sont visibles sur la figure 3.3. Les différents volumes présentés sont obtenus à partir du volume cible et du champ de déformation estimé par interpolation trilineaire. Pour juger de la qualité du recalage, ces volumes doivent donc être comparés avec le volume source. Les différents volumes reconstruits correspondent à différents paramètres du coefficient  $\alpha$  (le paramètre  $\alpha$  règle la pondération entre similarité et régularisation). Nous pouvons constater que lorsque le paramètre  $\alpha$  est fort, la solution est régulière, mais la modification de topologie n’est pas prise en compte (le “sillon” est toujours en une composante connexe, alors que celui du volume source forme deux composantes connexes) . Lorsque le paramètre  $\alpha$  diminue, la solution devient de moins en moins régulière (et le problème de l’ouverture devient criant), sans que la modification de la topologie soit possible.

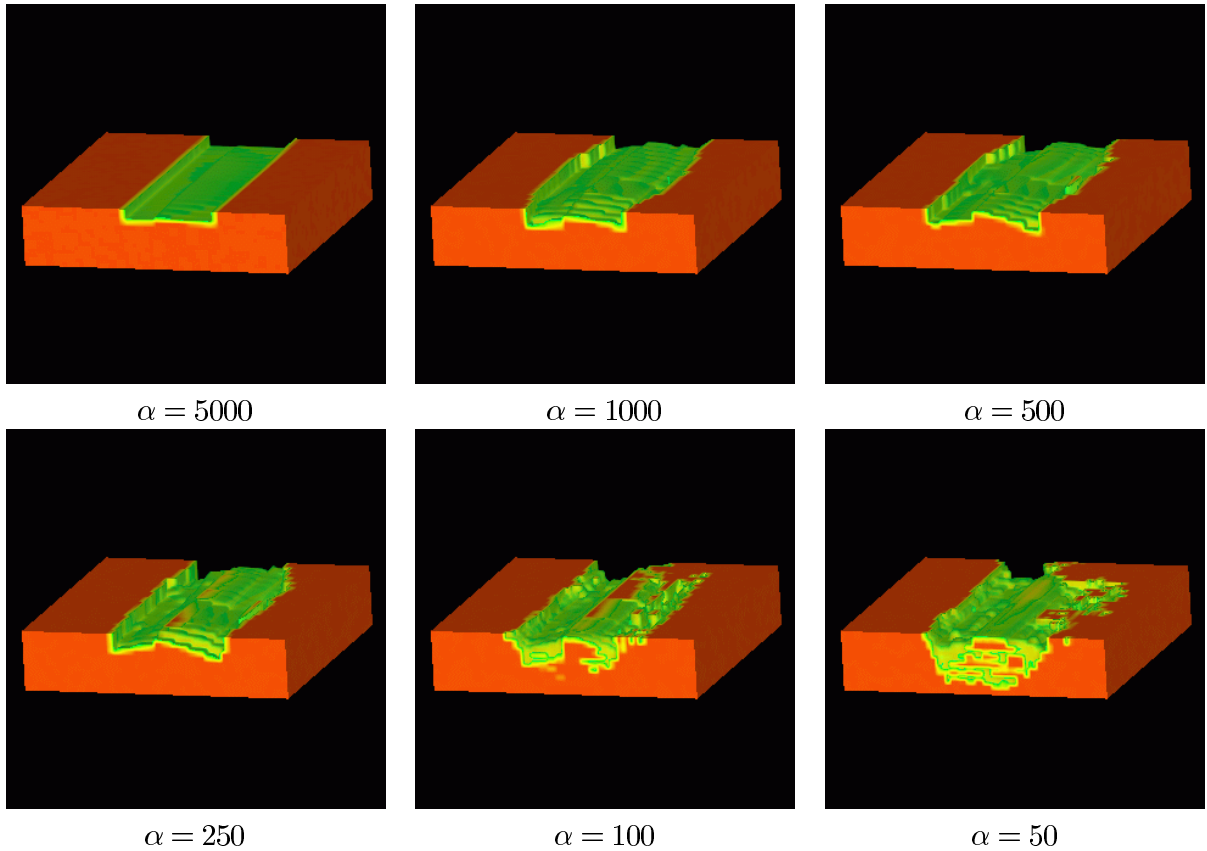


FIG. 3.3 – Résultats de reconstruction sans estimateur robuste. Les différents volumes doivent être comparés au volume source, et correspondent à différentes valeurs du paramètre  $\alpha$ .

Nous avons ensuite appliqué la méthode de recalage multigrille avec un estimateur robuste sur le terme de régularisation. La figure 3.4 montre deux rendus de volume, correspondant aux résultats obtenus avec  $\alpha = 100$  et  $\alpha = 3000$ . Nous pouvons constater que le volume final présente deux “sillons”, et que dans ce cas la modification de la topologie a pu être prise en compte localement, tout en conservant une solution régulière globalement. Néanmoins, on peut visualiser sur cet exemple que le problème de l’ouverture reste présent, puisque le recalage ne semble pas complètement correct sur la structure de droite. Cet exemple synthétique simple permet cependant de visualiser la relation directe entre l’introduction d’un estimateur robuste sur le terme de régularisation et la possibilité d’appréhender des modifications locales de topologie. Par ailleurs, nous constatons que le résultat dépend beaucoup moins du paramètre  $\alpha$  avec l’introduction d’un estimateur robuste. Les résultats obtenus sont comparables, lorsque  $\alpha$  varie dans la plage [100,3000].

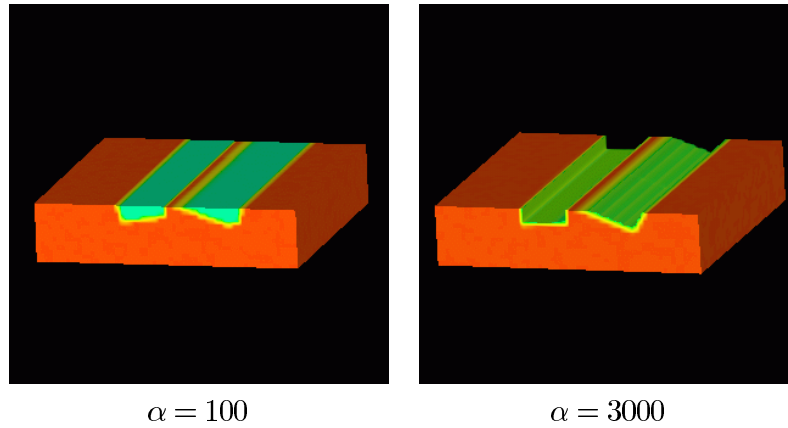


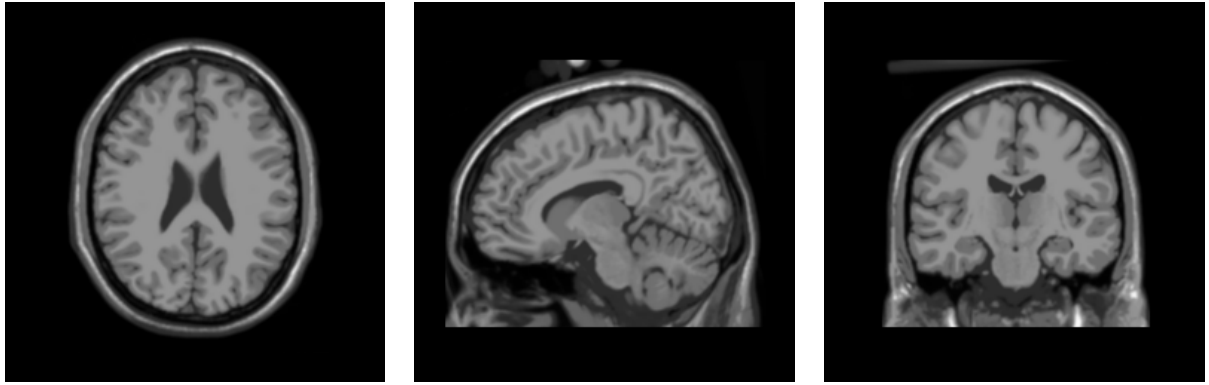
FIG. 3.4 – Résultat de reconstruction avec une norme robuste sur le terme de régularisation. La modification de topologie a été possible, tout en conservant une solution régulière avec  $\alpha = 100$ , ou  $\alpha = 3000$ .

### 3.1.2 Expériences sur un fantôme

#### 3.1.2.1 Les données du MNI

Pour évaluer les performances de notre méthode sur des données simulées, nous avons utilisé le fantôme IRM disponible sur le site Web de l'Institut Neurologique de Montréal (Brainweb<sup>1</sup> [Collins 98a]). Ce fantôme est un sujet volontaire ayant subi 27 examens IRM. Après recalage dans le repère stéréotaxique, un volume moyen a été segmenté manuellement en 10 classes (fond, liquide céphalo-rachidien, matière grise, matière blanche, graisse, muscles, peau, crâne, matière gliale et tissus connectifs). Il est ensuite possible, à partir de chaque classe, de générer un volume synthétique à différentes modalités en y ajoutant du bruit (bruit d'acquisition ou modélisation des inhomogénéités de champ de l'IRM). Sur la figure 3.5, on peut observer trois coupes du fantôme.

1. <http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb>

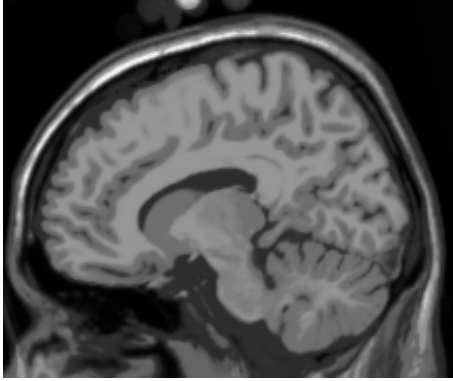


**Fantôme du MNI**

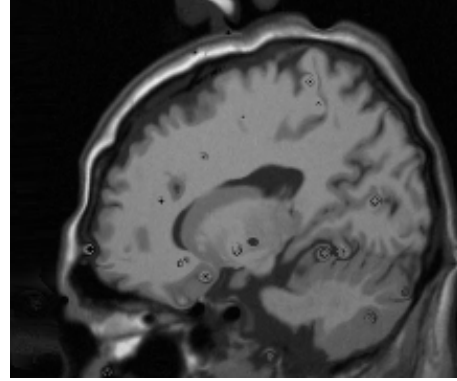
FIG. 3.5 – Les trois vues supérieures représentent le volume du fantôme du MNI, en coupe axiale, sagittale et coronale successivement.

Ces données ont été recueillies avec trois niveaux de bruit et d'inhomogénéité. Pour réaliser ces tests, nous avons généré un champ synthétique à partir de la somme de deux champs : un champ affine global et un champ aléatoire. Nous ne cherchons pas à synthétiser un champ "réaliste", mais un champ avec les propriétés suivantes : de grandes déformations et des variations locales perturbant la topologie des structures, et ceci afin de mieux tester les hypothèses à la base de notre approche. Le champ aléatoire est généré à partir d'un sous-ensemble de 2000 voxels tirés aléatoirement dans le volume. En chacun de ces points, chacune des trois composantes de la déformation est la réalisation d'une variable aléatoire gaussienne centrée en zéro et d'écart type  $120mm$  (on peut ainsi obtenir des déformations très importantes). Un lissage local est ensuite effectué, ce qui permet de propager cette déformation aléatoire sur un voisinage restreint avec une décroissance en  $1/r$ . Dans ce voisinage, la déformation est régulière mais on maintient des discontinuités aux frontières de ce voisinage. Les résultats de ces tests, pour des recalages affines globaux et non-linéaires avec estimateurs robustes, sont montrés sur la figure 3.6.

Données originelles

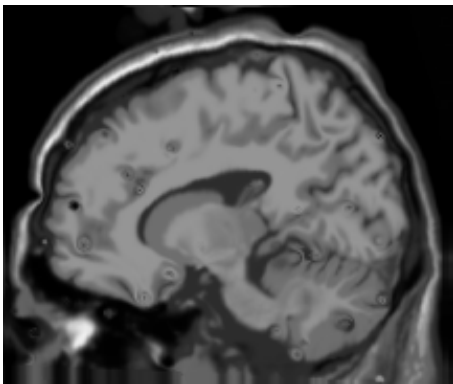


*Fantôme original*

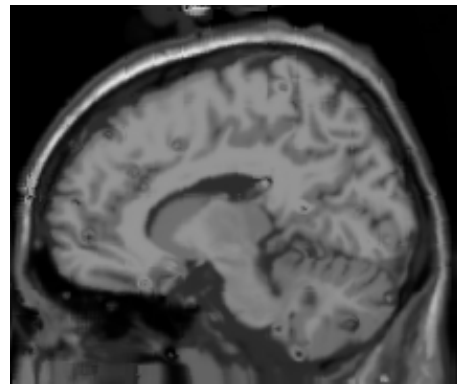


*Fantôme déformé*

Volumes reconstruits

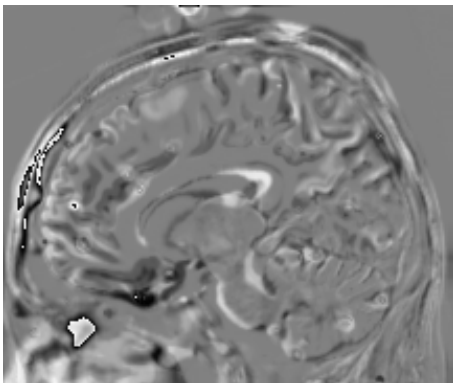


*Recalage global affine*

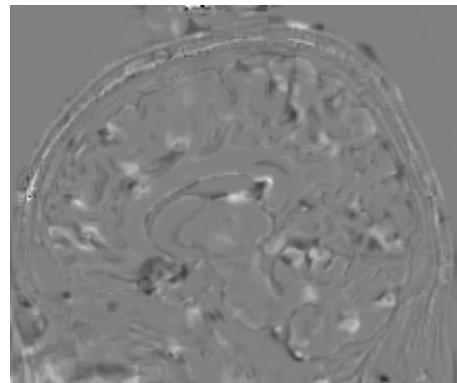


*Recalage multigrille robuste*

Volumes de différence



*Recalage global affine*



*Recalage multigrille robuste*

FIG. 3.6 – Résultats de la procédure de recalage sur données simulées. Le fantôme IRM 3D a subi une déformation synthétique garantissant à la fois une amplitude des déformations importante, des discontinuités locales mais également un champ lissé par une procédure de relaxation. Nous présentons l'image déformée, l'image reconstruite par l'algorithme de recalage et les images de différence.

### 3.1.2.2 Influence du niveau d'arrêt

Pour des données simulées (et contrairement à des données réelles), l'écart quadratique entre le volume source et le volume reconstruit est une mesure directe de la qualité du recalage. Nous pouvons donc mesurer numériquement l'influence du niveau de grille d'arrêt (noté  $\ell_f$ , voir la section 2.5) à la fois sur le temps de calcul et sur la qualité de l'estimation. La figure 3.7 montre l'évolution comparée de l'écart quadratique en fonction du niveau de grille, à la résolution la plus fine ( $1mm$ ), ainsi que l'évolution du temps cpu en fonction du niveau de grille. On constate que la qualité de l'estimation augmente rapidement aux niveaux de grille grossiers (l'écart quadratique diminue sensiblement), alors que cet écart quadratique diminue mais beaucoup moins rapidement aux niveaux de grille fins. Dans le même temps, le temps cpu augmente continûment. Si l'on regarde la différence entre le niveau de grille<sup>2</sup> 2, et le niveau de grille<sup>3</sup> 0, nous observons que le temps de calcul augmente de 100%, alors que dans le même temps la diminution de l'écart quadratique n'est que de 5.3%. Cela suggère qu'en fonction de l'application et des ressources de l'utilisateur, ce dernier peut choisir de faire un compromis judicieux entre la qualité de l'estimation et le temps de calcul. Dans notre cas, nous avons souvent constaté que le choix  $\ell_f = 1$  (les cubes les plus petits sont de taille  $2 \times 2 \times 2$  et le champ de déformation incrément est rigide sur les plus petits cubes) est généralement un bon compromis.

---

2. Les cubes les plus petits sont de taille  $2^2 \times 2^2 \times 2^2$  et le champ de déformation incrément est affine sur chaque cube (résolution équivalente de  $4mm$ ).

3. Les plus petits cubes sont réduits au voxel et le champ de déformation incrément est constant sur les plus petits cubes (résolution équivalente de  $1mm$ ).

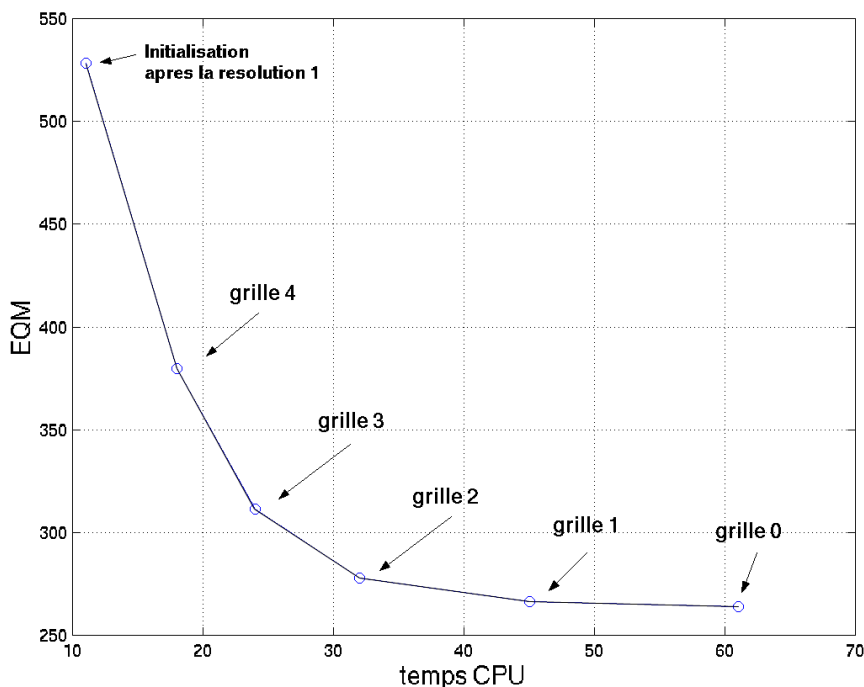


FIG. 3.7 – Évolution comparée du temps cpu et de l'écart quadratique (traduisant la qualité de l'estimation) en fonction du niveau de grille. Si l'on compare les résultats entre le niveau 2 et le niveau 0, on constate une diminution de l'écart quadratique de 5.3%, mais une augmentation du temps de calcul de 100%. En fonction de l'application et des ressources de l'utilisateur, il n'est pas nécessairement obligatoire de pousser l'algorithme jusqu'à  $\ell_f = 0$ .

### 3.1.2.3 Mesures de recouvrement

Le tableau 3.1 donne une information quantitative sur la qualité du recalage en fonction de différentes conditions expérimentales. Ainsi, disposant des masques binaires de segmentation de la matière grise et de la matière blanche, il devient possible d'évaluer quantitativement la superposition de ces deux classes en fonction des paramètres de recalage (affine global, notre méthode avec estimateur quadratique seul et notre méthode avec estimateur robuste). Cette superposition est mesurée par la sensibilité, la spécificité et la performance totale [VanBemmel 97] définis de la manière suivante : nous comparons deux volumes, d'une part la classification initiale (matière grise ou blanche, volume  $A$ ), et d'autre part la classification initiale déformée par le champ synthétique puis recalée sur la base du champ de déformation estimé (volume  $B$ ). Cela revient à comparer la classification (vérité terrain) du volume 1 recalée avec la classification du volume 2. Il est alors possible de compter les vrais positifs (VP), les vrais négatifs (VN), les faux positifs (FP) et les faux négatifs (FN). Pour une classe fixée, les vrais positifs sont les voxels appartenant simultanément aux classifications des volumes  $A$  et  $B$ , les vrais négatifs sont les voxels

n'appartenant à aucune des deux classifications, les faux positifs sont les voxels appartenant à la classification du volume  $B$  mais pas à celle du volume  $A$ , les faux négatifs sont les voxels n'appartenant pas à la classification du volume  $B$  mais à celle du volume  $A$ . On définit alors les trois critères de recouvrement : sensibilité =  $VP/(FP+FN)$ , spécificité =  $VN/(FP+VN)$ , performance totale =  $(VP+VN)/(VP+FP+VN+FN)$ . Compte tenu de l'utilisation de classes binaires, les mesures que nous obtenons sont de bonne qualité.

L'écart quadratique entre les volumes est également donné. À partir de ces résultats préliminaires, nous pouvons déjà constater l'apport objectif du recalage non-linéaire. Sur la base de ces informations, l'apport de l'estimateur robuste semble se faire surtout sentir en cas de perturbation des données originales par un niveau élevé de bruit et d'inhomogénéité.

### 3.1.2.4 Sensibilité aux paramètres

Cette évaluation numérique permet également d'étudier la sensibilité de la méthode aux paramètres, et en particulier à ceux des estimateurs robustes. Pour le terme d'attache aux données, nous utilisons l'estimateur de Cauchy  $\rho(u) = \ln(1 + \frac{u^2}{\sigma})$ , et pour le terme de régularisation nous utilisons l'estimateur de Leclerc ( $\rho(u) = 1 - \exp(-\frac{u^2}{\sigma})$ ). Nous devons donc fixer deux paramètres,  $\sigma_1$  et  $\sigma_2$ . Nous avons fait varier ces deux paramètres dans un carré de taille  $[1.0e^4, 1.0e^5] \times [1, 20]$  avec un pas de  $1.0e^4$  et 1 respectivement (ce qui veut dire que nous avons testé un jeu de 200 paramètres, avec  $\alpha$  constant). Nous avons remarqué que l'écart quadratique (qui mesure la qualité finale de l'estimation) varie de moins 5% par rapport à la valeur optimale. Ceci indique que la sensibilité de l'algorithme par rapport aux paramètres externes est très faible.

## 3.2 Données réelles

Nous avons testé la méthode de recalage 3D sur deux sujets. Les résultats sont visibles sur les figures 3.8, 3.9, 3.10. Nous recalons deux IRM-T1 3D de deux sujets. Sur la figure 3.8, on peut observer les coupes des volumes sources, du volume cible et du volume reconstruit  $f_2(s + \hat{w}_s)$  à partir du volume cible  $f_2$  et du champ de déformation estimé  $\hat{w}$  par interpolation trilineaire. Pour évaluer la qualité du recalage, il faut comparer le volume source avec le volume reconstruit.

Nous présentons également les volumes de différence, avant et après recalage sur la figure 3.9. Sur la même figure, la partition à l'échelle 3 est tracée. Nous ne présentons pas les partitions suivantes pour des raisons de lisibilité. Les volumes de différence doivent être interprétés avec précaution, car ils traduisent non seulement l'erreur résiduelle de recalage, mais aussi la différence d'acquisition entre les deux volumes, puisque les deux histogrammes des volumes initiaux ne sont pas identiques.

Sur la figure 3.10, nous présentons les cartes des points aberrants (cad de rejet), correspondant aux variables auxiliaires des estimateurs robustes, à savoir  $\delta_s$  et  $\beta_{sr}$ . Pour cette dernière variable, nous calculons au point  $s$  la moyenne de  $\beta_{sr}$ , pour  $r \in \mathcal{V}(s)$ . Sur la carte de l'estimateur robuste des données (variable  $\delta_s$ ), les régions sombres représentent les points où le modèle de déformation estimé n'est pas en adéquation avec les données observées, soit parce que l'hypothèse de flot optique est prise en défaut, soit à cause d'occlusions (voir la mâchoire sur la figure 3.10 par exemple). Dans ces régions, le terme de



		bruit inhomogénéité	0%	Matière grise	Matière blanche	bruit inhomogénéité	3% 20%	Matière grise	Matière blanche	bruit inhomogénéité	9% 40%	Matière grise	Matière blanche
		Volume cible				Volume cible				Volume cible			
	temps cpu EQ	10 <sup>6</sup>	2679.49	1751.41	1104.22	10 <sup>6</sup>	3305.50	2171.13	2005.14	10 <sup>6</sup>	6933.05	5031.49	
	sensibilité	964.63	93.78%	91.19%	93.26%	93.26%	89.01%	92.48%	83.21%	83.21%	77.33%	85.42%	
	spécificité		93.16%	93.72%	91.69%	91.69%	92.48%	92.06%	83.19%	83.19%	85.42%	85.42%	
	performance totale		93.27%	93.41%	91.97%	91.97%	92.06%	92.06%	83.19%	83.19%	85.42%	85.42%	
		55 <sup>1</sup>			61 <sup>1</sup>				76 <sup>1</sup>				
	temps cpu EQ	138.57	1383.46	886.53	233.23	1534.48	970.42	667.88	3186.49	1463.87			
	sensibilité		97.83%	97.35%	97.09%	96.36%	93.67%	95.50%	93.27%	93.67%			
	spécificité		94.28%	94.35%	94.76%	94.90%	94.90%	90.73%	93.67%	93.67%			
	performance totale		94.91%	94.71%	95.35%	95.03%	95.03%	91.50%	93.80%	93.80%			

TAB. 3.1 – Tableau comparatif des performances de l'algorithme de recalage en fonction des perturbations apportées au fantôme (bruit, inhomogénéité) et des options de recalage choisies (global, multigrille quadratique, multigrille robuste). Les mesures de *spécificité*, *sensibilité* et de *performance totale* indiquent de manière objective le taux de recouvrement des classes matière grise et matière blanche. Nous estimons le recalage jusqu'au niveau de grille 0 (la taille des voxels est de 1mm<sup>3</sup>). Nous pouvons ainsi compenser jusqu'à 93% de la déformation synthétique en présence de bruit important (9%) et de fortes inhomogénéités de champ (40%). Les temps cpu sont donnés pour une machine Ultra Sparc 5 à 333Mhz.

régularisation devient plus important et la solution recherchée est lisse.

Si nous observons la carte de la variable auxiliaire attachée au terme de régularisation (variable  $\beta_{sr}$ ), nous observons que les régions sombres sont principalement situées dans le cortex. Sur ces zones, l'influence du terme de régularisation est réduite, et des discontinuités peuvent apparaître. La localisation de ces discontinuités sur le cortex est importante, car nous savons que la variabilité inter-individuelle est très forte sur ces régions.

Enfin, le champ de déformation est présenté sur la figure 3.11. Le champ de vecteur est sous échantillonné afin d'être plus lisible, même s'il est difficilement interprétable (nous n'avons accès qu'à la projection sur un plan  $2D$  d'un vecteur  $3D$ ). Nous présentons de plus les trois composantes du champ sur la coupe sagittale. Des discontinuités sont visibles, mais la cohérence spatiale générale du champ apparaît nettement, grâce à la régularisation. On peut clairement observer qu'il n'y a aucun effet de cube dans l'estimation finale.

Le calcul dure environ 90 minutes sur une Ultra Sparc 30 (300 Mhz) avec des volumes de taille  $256 \times 256 \times 200$ . Nous utilisons 3 niveaux de résolution car les déplacements peuvent atteindre jusqu'à 30 voxels, et à chaque niveau de résolution nous effectuons l'estimation du niveau de grille 4 jusqu'au niveau de grille 0.

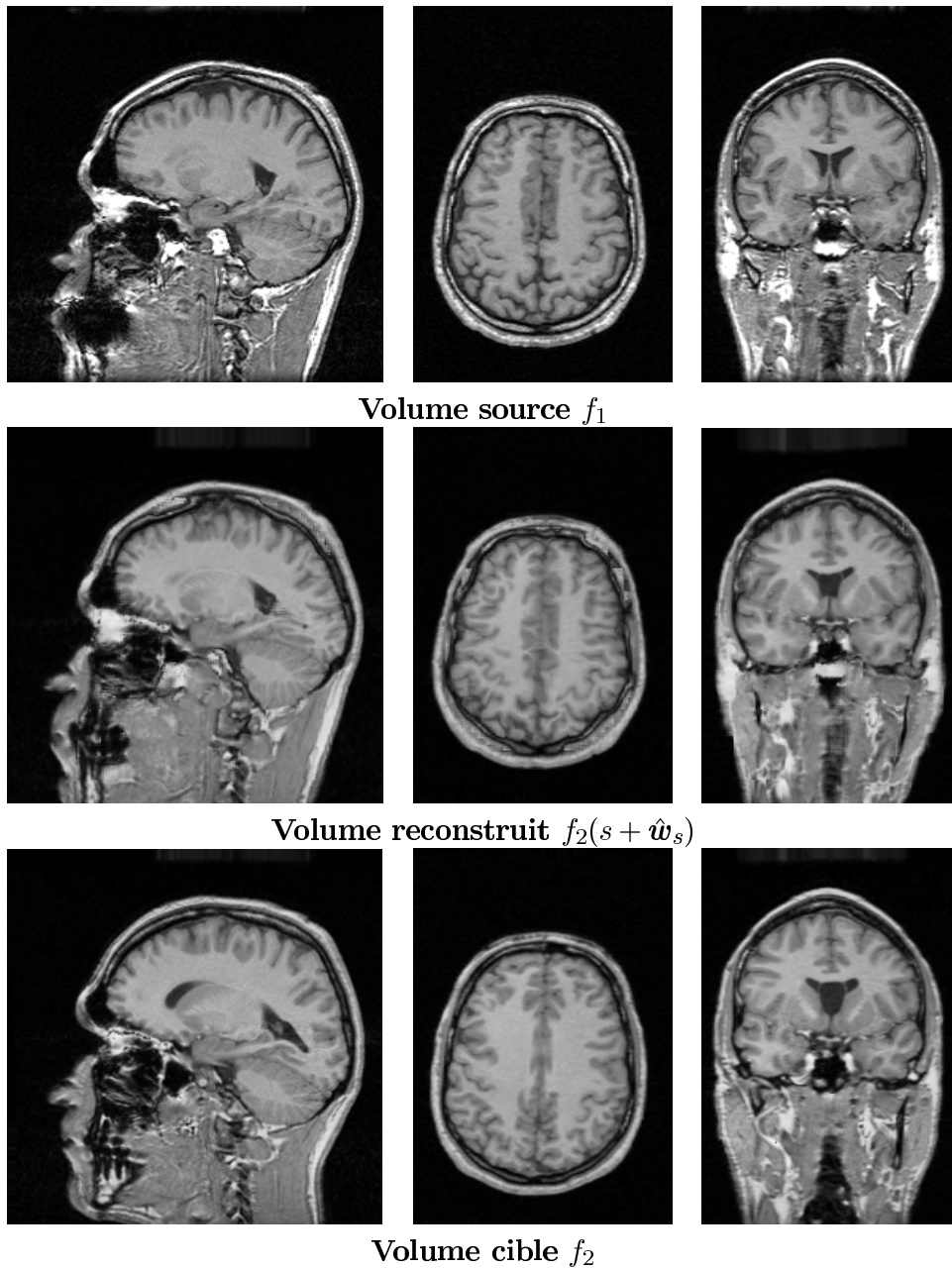


FIG. 3.8 – Résultats 3D du recalage sur des sujets différents. Les volumes sont des acquisitions IRM-T1 de taille  $256 \times 256 \times 200$ . Le volume reconstruit est calculé à partir du volume cible et du champ de déformation final, il doit donc être comparé avec le volume source pour évaluer la qualité de l'estimation.

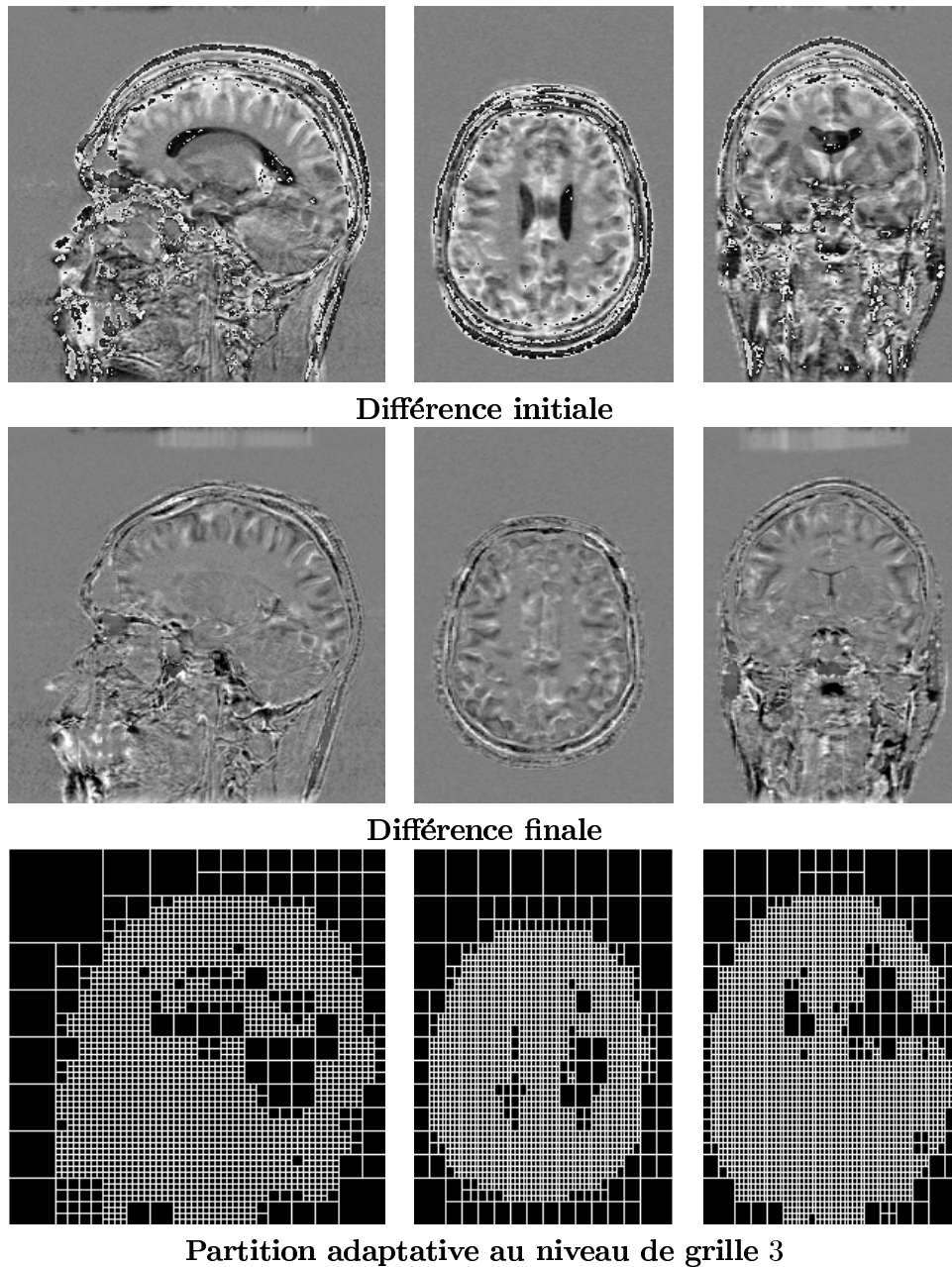
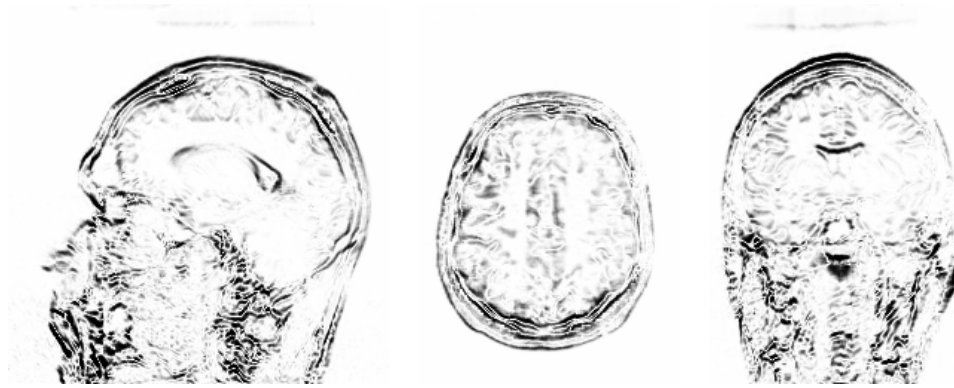


FIG. 3.9 – Résultats du recalage entre deux sujets. En haut, nous représentons le volume de différence initial, au milieu le volume de différence après recalage, et en bas la partition adaptative au niveau de grille 3. Les volumes de différence doivent être interprétés avec précaution, puisqu'ils traduisent l'erreur de recalage mais aussi la différence d'acquisition entre les deux sujets.



Points aberrants des données  $\delta_s$



Points aberrants du terme de régularisation  $\beta_{sr}$

FIG. 3.10 – Résultats du recalage sur deux sujets différents. En haut, les régions sombres de la carte des points aberrants du terme de données traduisent les zones d’occultations et les zones où le modèle de déformation n’est pas adéquat. Sur ces zones, la régularisation est prépondérante. En bas, les zones sombres indiquent les régions où des discontinuités peuvent apparaître. Ces zones sont principalement situées sur le cortex, ce qui est cohérent puisque nous savons que la variabilité inter-individuelle est très forte sur ces régions.

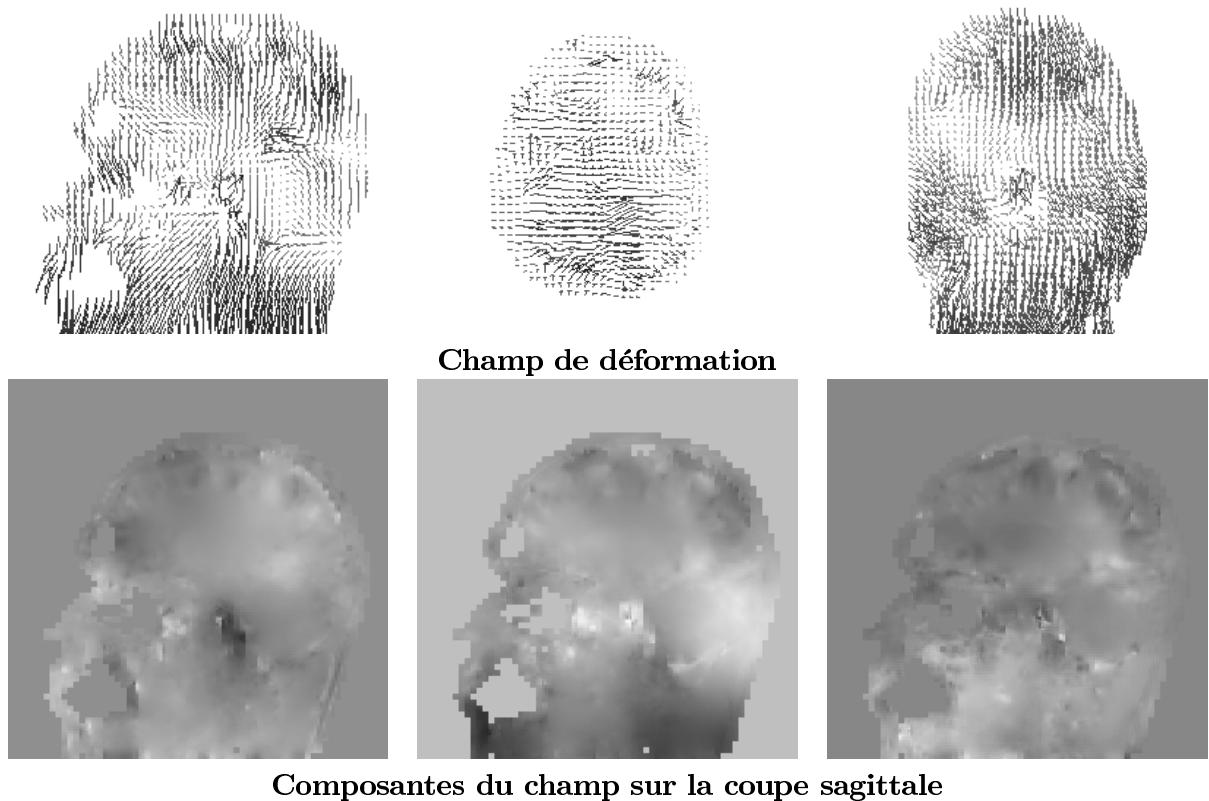


FIG. 3.11 – Résultats du recalage sur deux sujets différents. En haut, le champ de déformation sous-échantillonné est présenté, et en bas les 3 composantes du champ sur la coupe sagittale sont tracées. Même si ce champ est difficilement interprétable, il montre que le champ est spatialement régulier et qu’il n’y a aucun effet de cube dans l’estimation finale.

### 3.3 Expérimentation sur une base de 18 sujets

#### 3.3.1 Présentation de la base de sujets

Nous avons expérimenté l’algorithme de recalage sur une base de donnée de 18 sujets<sup>4</sup>. Expérimenter un algorithme de recalage sur une base de donnée plus large permet d’évaluer plus avant la méthode de recalage, en terme de robustesse et de précision<sup>5</sup>.

**Variabilité inter-individuelle** La figure 3.12 donne une coupe sagittale des sujets utilisés pour l’expérience. On peut noter de larges différences, de position, ainsi que des différences d’acquisition importantes (les histogrammes ne sont pas superposables). Si

4. Numérotés de 1 à 19, le sujet 6 n’ayant pu passer l’IRM pour cause de claustrophobie. Pour tenter de se faire pardonner, il rédige ce document.

5. Les données ont été recueillies, par le laboratoire SIM, dans le cadre du projet “GIS”, sciences de la cognition, dont l’IRISA était le coordonnateur.

l'on regarde plus en détails, on peut déjà observer des différences structurelles locales, en particulier au niveau des structures corticales.

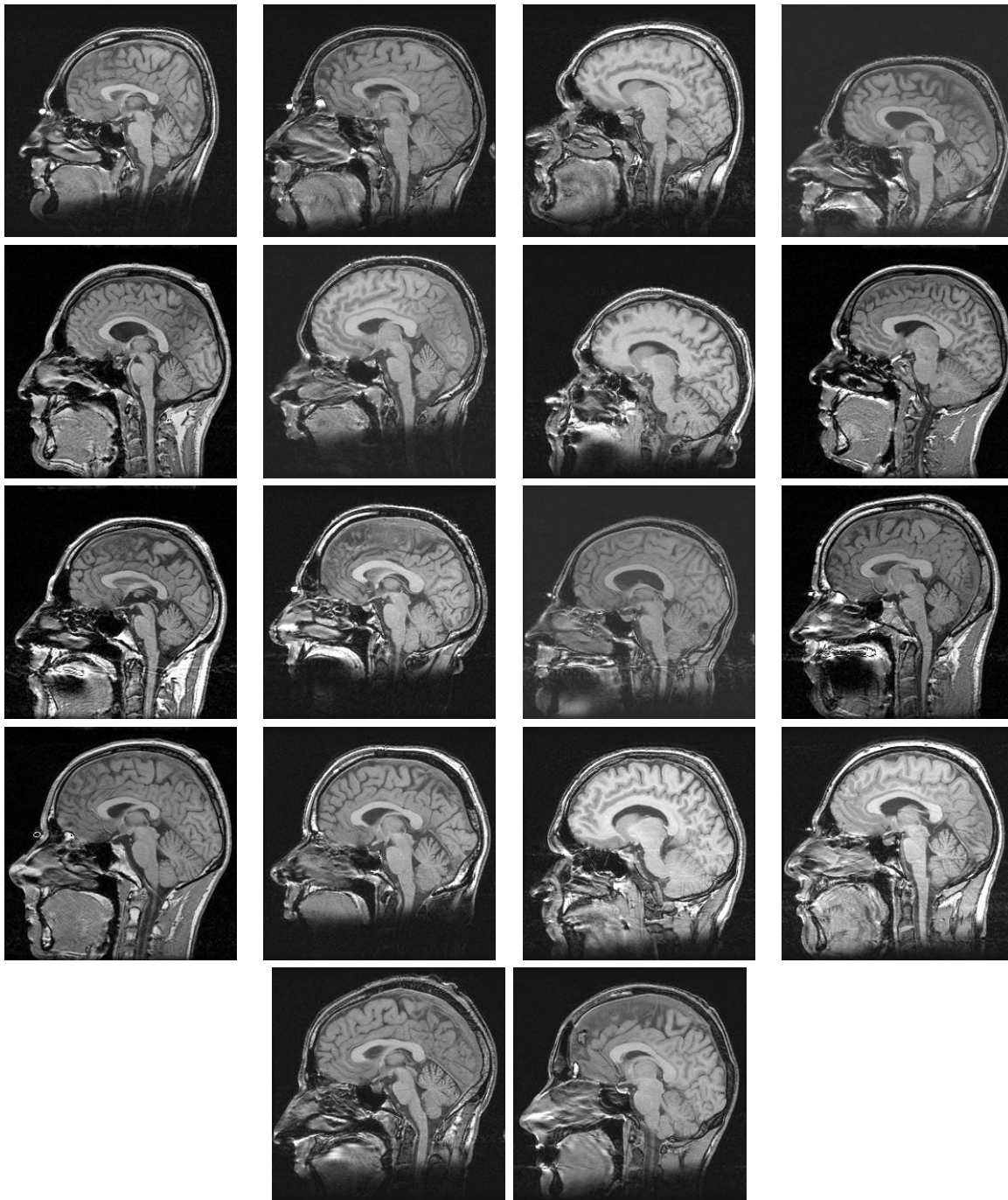


FIG. 3.12 – Coupes sagittales des 18 sujets. La variabilité de position, d'acquisition apparaissent nettement, ainsi que la variabilité structurelle au niveau cortical.

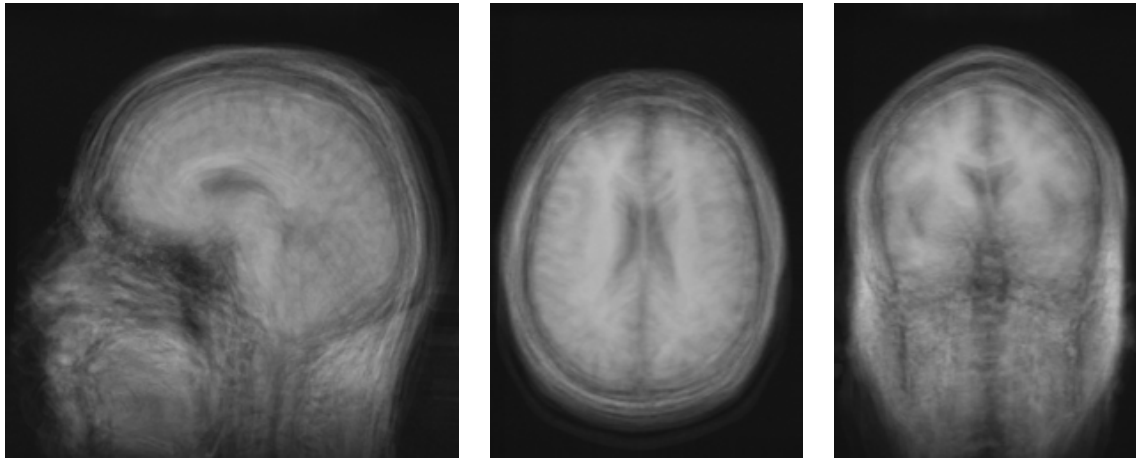
**Choix du sujet de référence** Nous choisissons comme sujet de référence un volontaire qui a subi 6 examens IRM. Ces examens ont été recalés de manière rigide puis ont été moyennés afin de présenter un bon rapport signal à bruit. Ce sujet a été choisi comme référence (volume source) et nous avons effectué le recalage entre ce sujet (numéro 10) et tous les autres sujets de la base, **en conservant un jeu de paramètres identique** afin de vérifier la robustesse de la méthode de recalage sur des données réelles. Le volume reconstruit final peut donc être comparé au volume source (volume de référence). Nous obtenons donc 17 volume reconstruits que nous moyennons afin d'évaluer la qualité du recalage.

### 3.3.2 Résultats

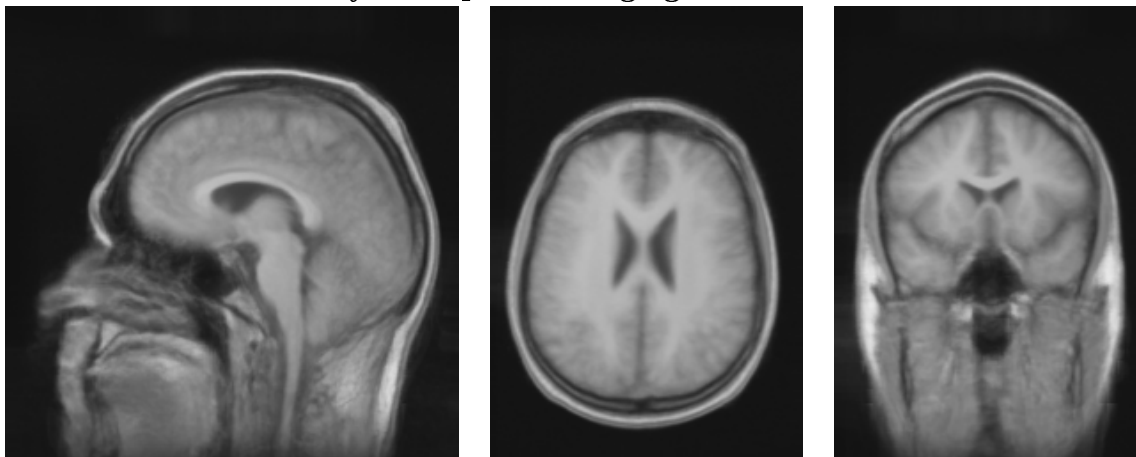
Les figures 3.13 et 3.14 présentent le moyennage entre les volumes reconstruits après recalage global affine, après recalage multigrille sans estimateurs robustes, et après recalage robuste multigrille. Après recalage global affine, les structures cérébrales sont très floues, car le recalage n'est pas précis. Le résultat du moyennage après recalage robuste multigrille permet de distinguer précisément les structures internes (ventricules, noyaux gris et matière blanche), mais aussi quelques structures corticales (la vallée sylvienne et les régions pariétales par exemple).

La comparaison entre le recalage multigrille avec et sans estimateurs robustes montre le bénéfice de ces derniers. L'écart quadratique entre le volume de référence et le volume reconstruit est de 892 pour le recalage multigrille quadratique, et vaut 584 après recalage robuste multigrille. Si cet écart n'est pas une bonne mesure pour valider le recalage de deux sujets, il l'est lorsque l'on compare deux méthodes de recalage sur une base de plusieurs sujets. Cette expérience montre l'apport significatif des estimateurs robustes, mais démontre aussi la robustesse de la méthode par rapport aux conditions réelles d'acquisition, puisque nous avons conservé le même jeu de paramètres pour les 17 recalages.

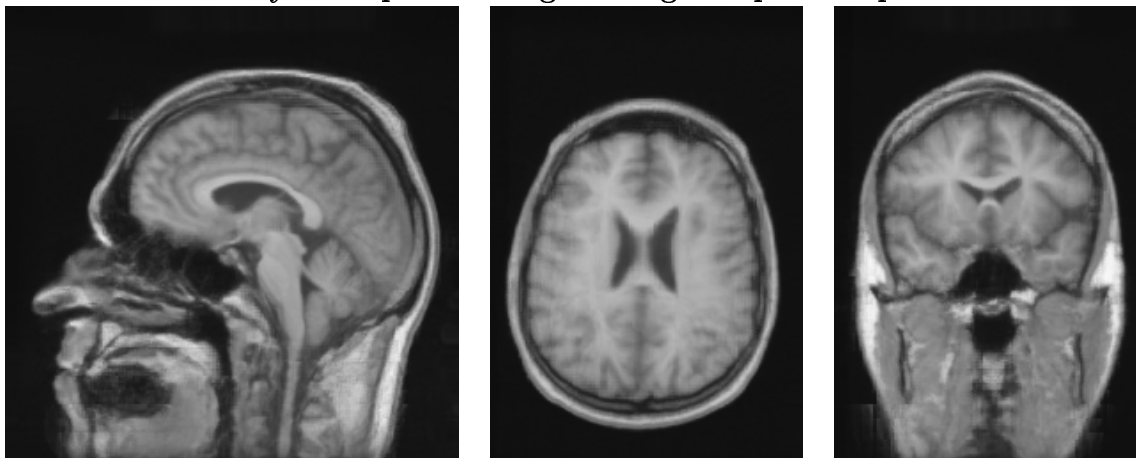




Moyenne après recalage global affine.



Moyenne après recalage multigrille quadratique.



Moyenne après recalage multigrille robuste.

FIG. 3.13 – Résultats du recalage sur une base de donnée de 18 sujets. Nous construisons les volumes reconstruits après recalage entre le sujet de référence et les autres sujets, avec toujours le même jeu de paramètres. Nous pouvons comparer les résultats du recalage global affine (les structures sont très floues), du recalage multigrille quadratique et du recalage multigrille robuste. Ces résultats montrent l'apport significatif des estimateurs robustes puisque le flou des structures corticales est nettement réduit.

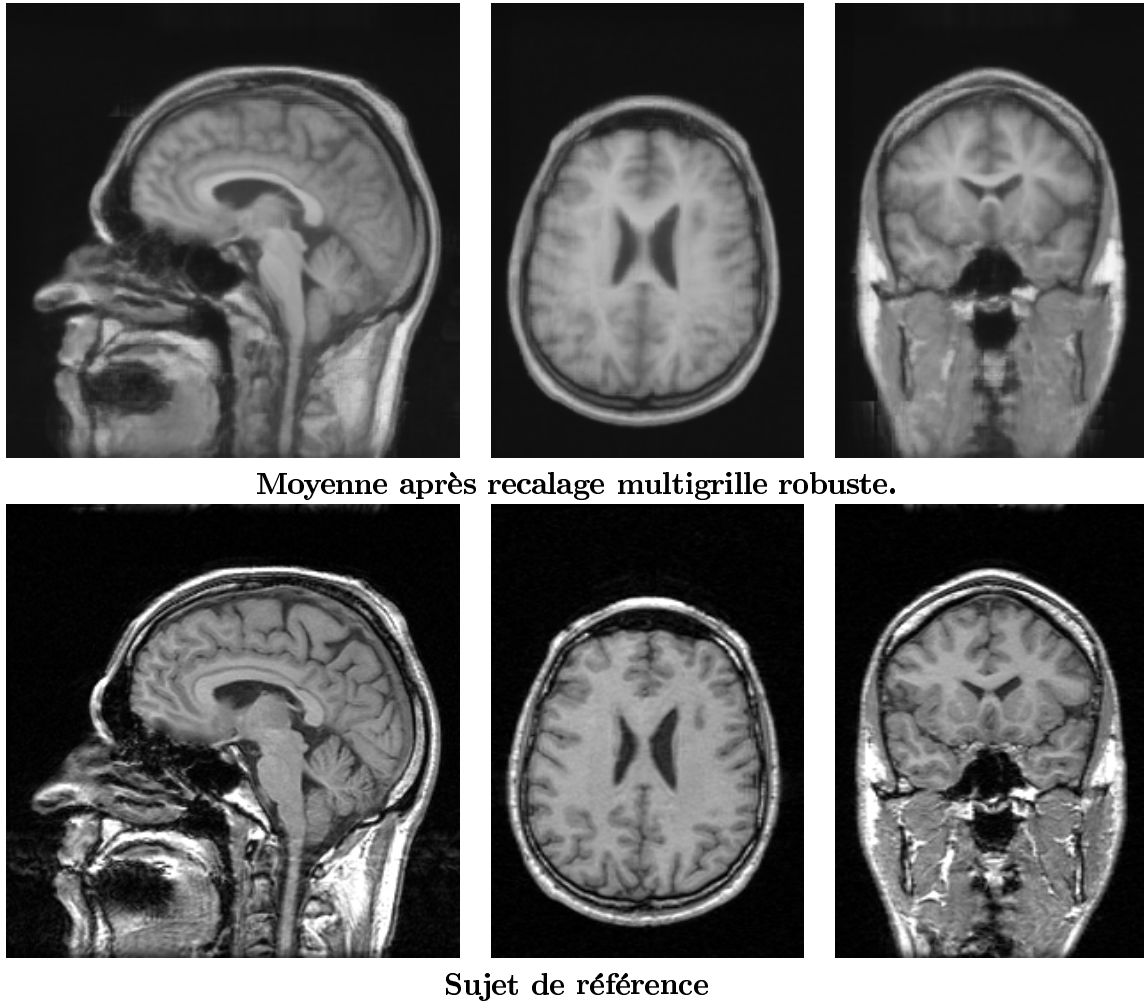


FIG. 3.14 – Résultats du recalage sur une base de donnée de 18 sujets. Le résultat du moyennage après recalage robuste multigrille peut être comparé au sujet de référence.

### 3.4 Recalage des acquisitions d'un même sujet, avant et après opération

Nous avons pu, en collaboration avec le laboratoire SIM (Signal et Images en Médecine, faculté de médecine de Rennes), éprouver l'algorithme de recalage que nous proposons sur des données provenant d'un même patient, avant et après opération. La figure 3.15 montre les coupes anatomiques de acquisition IRM préopératoire et postopératoire.

Une tumeur de taille importante a été retirée pendant l'opération, et cela engendre une occultation qui est *a priori* difficile à traiter avec l'hypothèse conventionnelle de flot optique. Le recalage d'acquisition préopératoire et postopératoire a pour but d'estimer les déformations postopératoires et de les quantifier. Nous n'avons bien entendu pas cherché ici à mener une étude complète sur les déformations postopératoire, mais nous avons plus modestement voulu savoir si le recalage non rigide présenté dans cette première partie

pourrait être utilisé dans ce cadre.

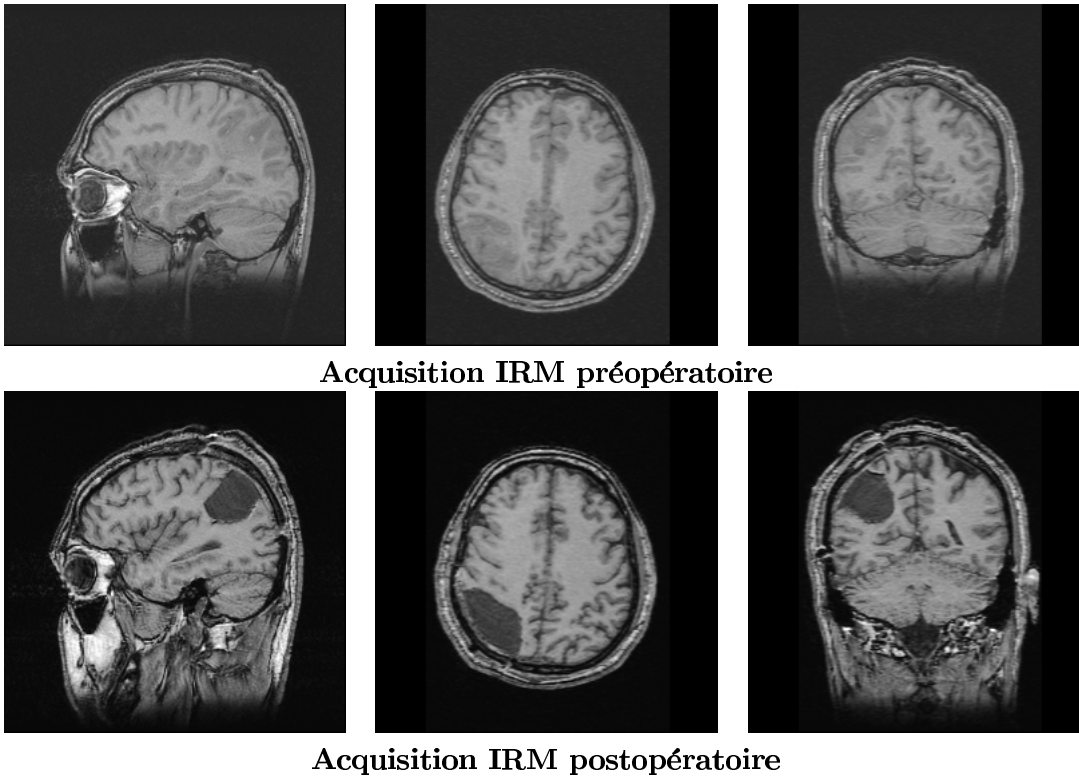


FIG. 3.15 – Acquisitions IRM 3D du patient, avant l’opération (haut), et après l’opération (bas).

Nous avons tout d’abord effectué un recalage rigide avec une mesure de similarité de type “information mutuelle” (voir la seconde partie de ce document, section 3.1). À partir de ce recalage, nous effectuons un recalage non rigide. Les résultats (les volumes reconstruits, ainsi que les volumes de différence), sont visibles sur la figure 3.16. Après recalage rigide, les différences sont concentrées sur la zone tumorale, et apparaissent nettement plus atténuées après recalage non rigide.

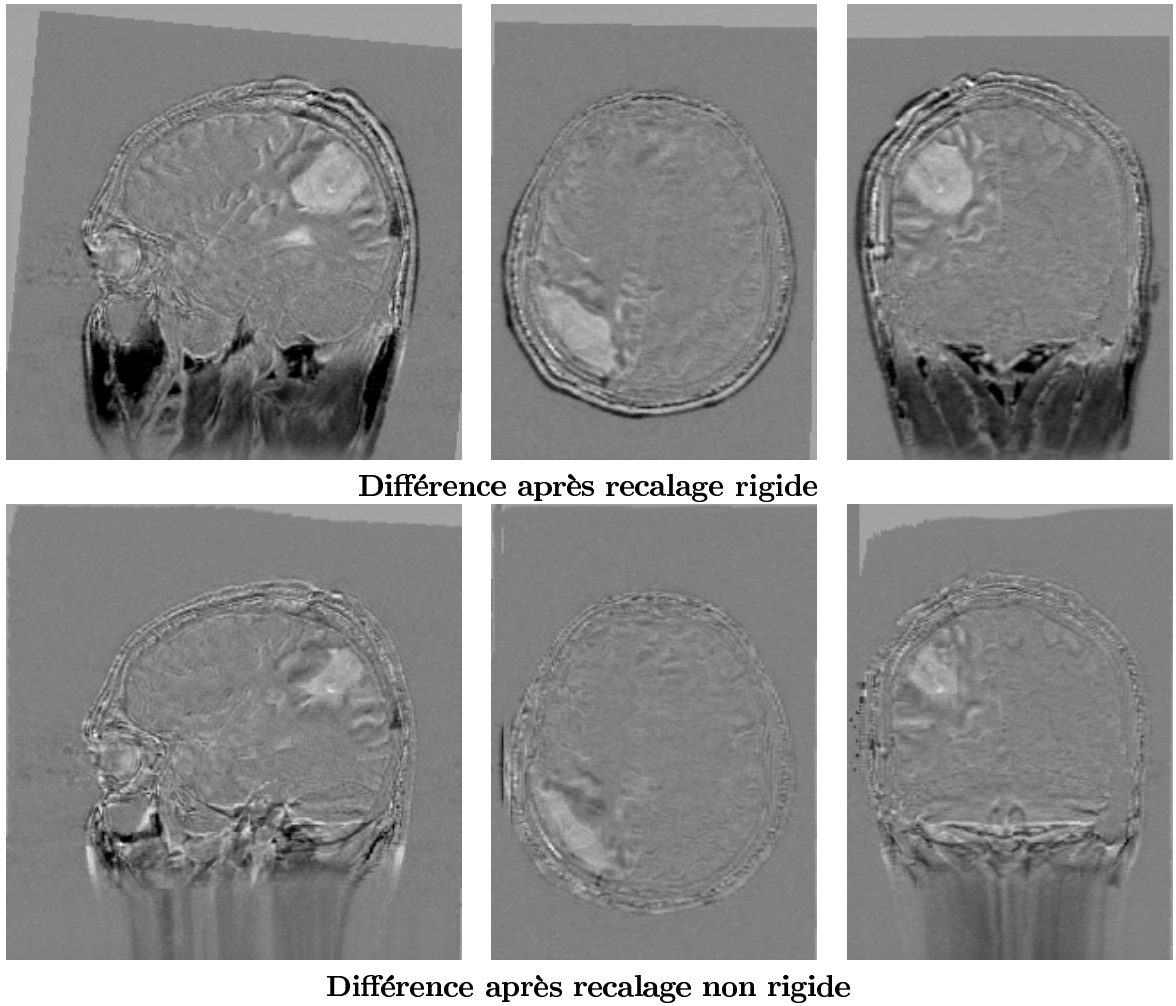


FIG. 3.16 – Différence entre les acquisitions, après recalage rigide (en haut), et après recalage non-rigide (en bas).

Afin d'étudier quantitativement les déformations **estimées**, différentes méthodes ont été proposées [Gerig 98,Hajnal 95,Prima 98,Rey 99], nous avons choisi de visualiser qualitativement les déformations en calculant les cartes de divergence et de rotationnel. Ces mesures sont classiques en mécanique des fluides, et ont une signification physique intuitive (dilatations et tourbillons).

$$div(\vec{u}) = \vec{i} \cdot \frac{\partial \vec{u}}{\partial x} + \vec{j} \cdot \frac{\partial \vec{u}}{\partial y} + \vec{k} \cdot \frac{\partial \vec{u}}{\partial z}$$

$$\overrightarrow{rot}(\vec{u}) = \vec{i} \wedge \frac{\partial \vec{u}}{\partial x} + \vec{j} \wedge \frac{\partial \vec{u}}{\partial y} + \vec{k} \wedge \frac{\partial \vec{u}}{\partial z}$$

Nous avons représenté sur la figure 3.17 la carte de divergence, sous les trois coupes correspondant aux mêmes coupes des volumes préopératoire et postopératoire de la figure 3.15. Nous n'avons pas représenté le module du rotationnel, car il est identiquement nul

presque partout. Les divergences les plus fortes correspondent bien aux zones opérées. Notons que certaines zones de fortes divergence ne doivent pas être prises en compte, car elles correspondent à de fortes occultations (au niveau du tronc cérébral en particulier).

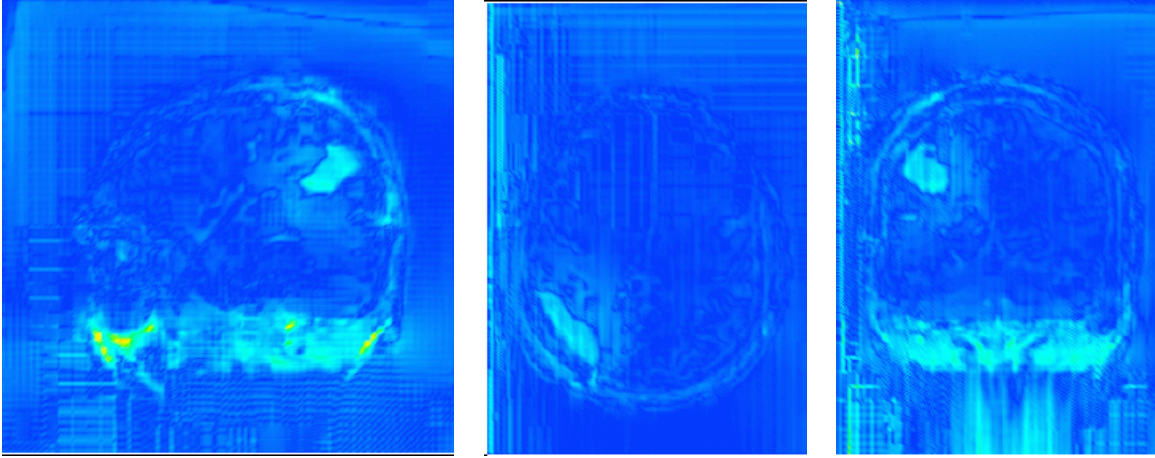


FIG. 3.17 – Cartes de divergence estimées. Les zones de plus fortes divergence correspondent à la zone opérée.

Ces mesures de divergence et rotationnel sont seulement une visualisation des composantes du champ *estimé*, si l'on se réfère à une décomposition de Helmotz. Cependant, il est sûrement nécessaire d'apporter des corrections à notre modèle pour appréhender différemment ce cas particulier de recalage. En effet, nous savons [Corpetti 00] que la régularisation du premier ordre que nous utilisons est équivalente dans le domaine continu (les conditions d'optimalité d'Euler-Lagrange sont les mêmes) à une régularisation minimisant le rotationnel et la divergence. Il serait certainement plus adéquat d'utiliser une régularisation adaptée, de type "div-curl". Un terme de régularisation, de type *div-curl* au second ordre, classiquement employé est alors [Gupta 96,Suter 94] :

$$\sum_{s \in S} \|\nabla(\text{div} \mathbf{w}_s)\|^2 + \|\nabla(\text{curl} \mathbf{w}_s)\|^2.$$

Cette régularisation permet de préserver de larges zones de rotationnel et de divergence et d'estimer ainsi des déformations plus réalistes, lorsqu'un lien avec des phénomènes physiques peut être précisément inféré.

## Chapitre 4

# Conclusion

Nous avons présenté dans cette partie une méthode de recalage monomodalité non rigide. Cette approche, inspirée de travaux en analyse du mouvement  $2D$ , consiste à estimer de manière robuste le flot optique en dimension 3. Le problème est donc formulé comme la minimisation d'une fonctionnelle combinant un terme de similarité (le flot optique), et un terme de régularisation. Ces deux termes sont exprimés dans une norme robuste. La minimisation du critère obtenu est effectuée à l'aide d'un schéma hiérarchique, afin de rendre plus rapide et plus précise la minimisation. Cette minimisation hiérarchique est guidée par un masque de segmentation du cerveau obtenu par des opérateurs de morphologie mathématique, afin de contraindre l'estimation sur un support anatomiquement cohérent, et de raffiner les calculs dans les zones d'intérêt.

Nous avons validé cette méthode de recalage sur des données simulées. Nous avons en particulier mis en évidence le lien entre l'introduction d'un estimateur robuste sur le terme de régularisation et la possibilité de modifier localement la topologie des objets considérés. Nous avons ensuite effectué ce recalage sur une base de donnée de 18 sujets. Cette expérience a permis de montrer la robustesse de l'approche sur des données réelles, de montrer que la sensibilité de la méthode proposée par rapport aux paramètres est faible, et de justifier de l'intérêt des estimateurs robustes.

Nous avons d'emblée exprimé cette méthode dans un cadre discret, nous aurions aussi bien pu exprimer cette approche énergétique dans un cadre variationnel [Aubert 99, Mémin 98c]. On peut en particulier montrer que la formulation discrète que nous avons présentée est équivalente à la résolution du problème variationnel lorsque l'on utilise un schéma de minimisation de type différences finies, associé à un schéma de résolution de type Galerkin. Lorsque l'on considère un schéma de résolution de type éléments finis, le cadre variationnel permet une plus grande souplesse, au détriment d'un coût de calcul plus élevé et d'une mise en oeuvre plus lourde pour une discrétisation de même résolution.



---

Deuxième partie

**Recalage multimodalité non-rigide**





# Chapitre 1

## Introduction

### 1.1 L'imagerie par résonance magnétique fonctionnelle

Parmi les différentes techniques d'exploration des fonctions cérébrales, l'imagerie par résonance magnétique fonctionnelle (IRMf) joue un rôle particulier. D'une part, son coût est limité car l'investissement le plus important est déjà réalisé lors de l'achat de l'IRM. D'autre part, elle offre un compromis intéressant entre la résolution spatiale et la résolution temporelle. L'imagerie par résonance magnétique pose encore des problèmes ouverts qui sont de nature différentes : prétraitement des données, compensation de mouvement, correction des distorsions, localisation des zones activées, comparaison avec l'anatomie, relation avec les populations neuronales impliquées [Anton 96].

#### 1.1.1 Principe

Introduite par les travaux d'Ogawa *et al.* [Ogawa 90], la technique de l'IRMf repose sur les mêmes principes physiques que l'acquisition IRM. Nous n'allons pas décrire en détails l'origine du signal IRM, et nous renvoyons le lecteur curieux à [Anton 96, LeGoualher 97a, LeBihan 96] pour des explications complètes. L'origine du signal en IRMf réside dans l'afflux sanguin (et de la consommation de glucose) apparaissant lors de l'activation d'une région corticale. Cette augmentation de l'afflux, qui est de l'ordre de 30 à 50%, est bien supérieure à l'augmentation de la consommation d'oxygène (de l'ordre de 5%). Cet afflux sanguin est mesuré par deux effets différents : l'effet d'entrée de coupe ("inflow"), et le niveau d'oxygénation du sang ("BOLD").

L'effet d'entrée de coupe ("inflow") se manifeste lors d'une saturation de l'aimant en  $T_1$ . Les atomes d'hydrogène du sang entrant dans la coupe étudiée présentent une aimantation maximale selon  $z$ . Cette introduction de spins non saturés dans la coupe provoque une augmentation relative du signal mesuré. D'autre part, la désoxyhémoglobine a des propriétés paramagnétiques (susceptibilité magnétique non nulle due à un atome  $Fe^{++}$  avec 4 électrons non appariés). Cette propriété entraîne une variation de champ magnétique entre un vaisseau sanguin et son environnement, et est nommée BOLD ("blood oxygenation level dependent"). Cette variation a une influence complexe sur le signal mesuré, et s'exerce au moyen de deux processus simultanés, un phénomène de diffusion et un phénomène de déphasage intra-voxel [Anton 96].

Ces deux effets coexistent mais ne sont pas de la même amplitude et dépendent des

conditions d'acquisition (séquences en  $T2$  ou  $T2^*$ , temps d'écho et de répétition, angle de basculement, ...). Malgré tout, ils peuvent tout deux être observés à une certaine distance des populations de neurones activés. Le lien direct avec les populations neuronales activées n'est donc pas nécessairement immédiat.

### 1.1.2 L'acquisition EPI

L'acquisition IRM est effectuée à l'aide d'une bobine (antenne de réception) aux bornes de laquelle le champ magnétique appliqué est modulé par un champ secondaire permettant de mettre les atomes d'hydrogène en résonance. L'acquisition d'un volume dans l'espace de Fourier (K-space) se fait selon les coupes, les colonnes et les lignes grâce à l'application de gradients de champ orthogonaux deux à deux. Ces gradients permettent sur chaque coupe de "lire" les colonnes et les lignes. Deux principales techniques ont été développées afin d'obtenir un signal correct, les séquences en écho de spin et les séquences en écho de gradient. Nous ne détaillons pas ces deux séquences, mais on pourra en retrouver les caractéristiques dans [Anton 96, LeGoualher 97a].

Une méthode très efficace pour étudier dynamiquement le signal IRM est la technique "echo-planar", car elle permet d'acquérir rapidement des volumes IRMf. La technique "echo-planar" peut aussi bien être utilisée en écho de gradient ou en écho de spin. Cette technique est basée sur un gradient de codage de fréquence oscillant qui permet de lire les coupes du plan de Fourier en zigzag. La résolution temporelle est alors très bonne (plus de 5 coupes par seconde) au détriment d'une résolution spatiale dégradée.

Malheureusement, cette technique introduit des artefacts nombreux dans l'acquisition [Jezzard 99, Wan 97]. D'une part, il est difficile de générer des gradients de champ parfaitement linéaires (pour la lecture du volume dans le plan de Fourier), et l'EPI introduit une dépendance plus marquée à ce phénomène. De plus, cette technique est beaucoup plus sensible aux effets de susceptibilité magnétique des différents composants du cerveau. En particulier, ce phénomène apparaît nettement au niveau des interfaces entre les tissus ayant des susceptibilités magnétiques très différentes, par exemple air/os et air/cortex.

Certaines inhomogénéités peuvent être corrigées en appliquant un courant constant (offset). Le procédé est appelé "shim". Ce courant limite les déviations de basse fréquence mais intervient peu sur les distorsions liées aux interfaces. Ces distorsions peuvent être de l'ordre de 5 voxels (avec une bande passante inférieure à  $20Hz$  et un shim de l'ordre de  $100Hz$ ).

### 1.1.3 Exemple sur des données pathologiques

Nous avons représenté sur la figure 1.1 un exemple de distorsions fortes sur des données cliniques<sup>1</sup>. Nous avons superposé l'IRM anatomique 3D et le volume IRMf recalé en fausses couleurs (à l'aide de la méthode présentée dans la section 3.1). Dues aux interfaces marquées air/os et air/cerveau, des distorsions importantes sont visibles sur l'hémisphère droit, par exemple au niveau des ventricules droits.

---

1. Nous remercions le laboratoire SIM, signal et image en médecine, hôpital de Pontchaillou, pour nous avoir fourni les données.

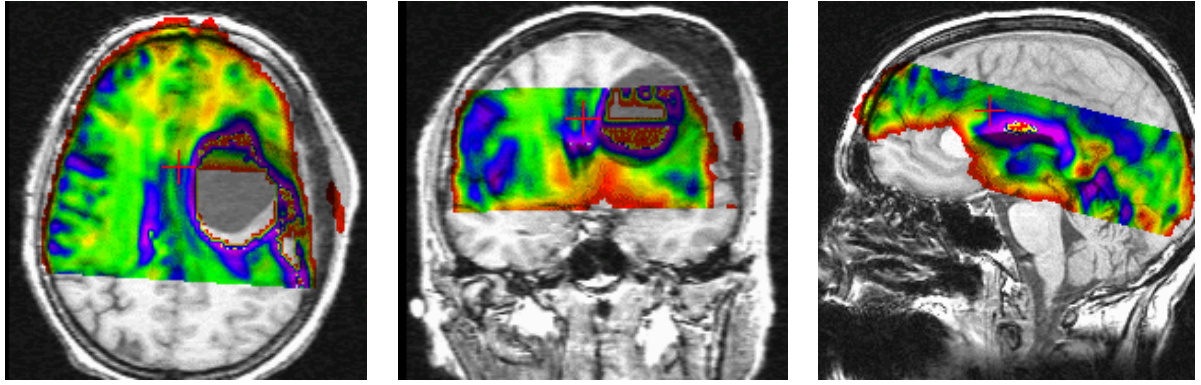


FIG. 1.1 – Exemple de distorsions de l'acquisition EPI sur des données cliniques. L'acquisition IRMf superposée en fausses couleurs sur les données IRM présente des distorsions importantes sur la partie postérieure de l'hémisphère droit.



## Chapitre 2

# État de l'art

Le recalage multimodalité a fait l'objet de nombreuses recherches, et l'on trouvera dans [Barillot 99, Maintz 98b, Mangin 95a, Maurer 93, VandenElsen 93] de nombreuses références ainsi qu'une classification des méthodes. On peut constater qu'au fil des années, celles-ci ont évolué du recalage rigide monomodalité au recalage élastique multimodalité. Nous allons présenter ici quelques méthodes "phares" du recalage multimodalité, rigide dans la section 2.1, puis non rigide dans la section 2.2.

### 2.1 Recalage rigide

Les techniques de recalage rigide multimodalité visent à fusionner des examens différents d'un même patient. Les applications de ces méthodes sont très nombreuses, en particulier en neurochirurgie où les différents examens sont tous utiles pour la prise en charge du patient. Comme ces différentes images sont toutes le reflet de la même scène, les premières méthodes développées ont cherché dans les volumes des primitives géométriques et anatomiques (le plus souvent des surfaces) à mettre en correspondance. Ensuite, des méthodes plus sophistiquées, exploitant toute l'information disponible et basées sur des mesures statistiques, ont été mises en oeuvre. Notre présentation suivra ce cheminement historique.

Un projet d'évaluation international<sup>1</sup> "retrospective intermodality registration project" mené par l'université Vanderbilt a permis de comparer objectivement différentes méthodes de recalage, et en particulier les techniques basées sur des primitives géométriques et les approches "iconiques". Sur une base de données de plus de 10 sujets avec pour chaque patient des acquisitions IRM, Scanner X et PET, les méthodes ont pu être évaluées en aveugle sur la base de structures anatomiques équitablement réparties. Ce projet a ainsi mis en évidence, sur la base des critères retenus, la supériorité des méthodes "iconiques" [West 97, West 99].

#### 2.1.1 Mise en correspondance d'attributs géométriques

Les attributs géométriques utilisés pour le recalage ne sont pas nécessairement des attributs anatomiques. En particulier, des méthodes [Alpert 90, Bajcsy 89, Martin 98] ont été proposées pour calculer et mettre en correspondance les axes principaux d'inertie

---

1. <http://cswwww.vuse.vanderbilt.edu/~image/registration>

calculés à partir des directions propres de la matrice de covariance. Ces méthodes possèdent quelques limitations fortes [Malandain 92]: il faut d’une part que le champ de vue des objets soit le même (en particulier, cette méthode ne peut pas convenir pour le recalage d’un petit nombre de coupes fonctionnelles IRMf sur l’IRM), et d’autre part que ces objets soient de forme ellipsoïdale pour que les axes d’inertie soient bien séparables.

Les différentes images d’une même scène permettent sous certaines conditions de visualiser les mêmes structures géométriques. En s’appuyant sur ces constatations, plusieurs méthodes s’attachent à extraire des primitives caractéristiques des différentes images, puis à rechercher une transformation rigide mettant au mieux ces attributs en correspondance.

Mangin [Mangin 95a] propose une classification des primitives utilisées: primitive géométrique (segments ou plans), primitives topologiques (composantes connexes, cavités, surfaces ou intersections de surfaces), primitives morphologiques (squelette ou enveloppe convexe), ou primitives différentielles (lignes de crête, points ombiliques, discontinuités). Les attributs géométriques peuvent être des marqueurs externes [Meltzer 90,Zhang 90, Zubal 91] (des points d’un cadre stéréotaxique visibles par les différents imageurs par exemple), des points [Hill 91], des contours [Andersson 95,Feldmar 95,Maintz 96] ou des surfaces [Collignon 93,Ge 95,Jiang 92,Mangin 94,Maurer 95,Pelizzari 89,Rouet 98, Schwartz 96,Schwartz 98,Turkington 95].

Ces méthodes recherchent ensuite une transformation qui minimise la distance entre les primitives des différentes modalités. En pratique, les algorithmes développés utilisent des cartes de distance et la plupart des méthodes s’inspirent de la méthode du “chamfer matching” [Borgefors 88]. Malandain [Malandain 92,Malandain 94] propose un cadre de minimisation qui s’inspire des lois fondamentales de la dynamique. Un problème récurrent de ces méthodes est le grand nombre de minima locaux de la fonctionnelle à minimiser, ce qui nécessite une initialisation correcte. Elle peut être souvent inférée à partir des connaissances *a priori* sur les protocoles d’acquisition.

Cependant, ces méthodes sont intrinsèquement limitées par l’extraction des primitives à mettre en correspondance, et cette extraction a un impact sur les résultats de recalage (reproductibilité, qualité du recalage, robustesse). Par ailleurs, selon les applications, il peut être difficile de trouver des primitives communes (par exemple en IRMf ou le champ de vue de l’image fonctionnelle peut être très réduit par rapport à celui de l’IRM 3D). Pour s’affranchir de ces limitations, des méthodes basées sur une utilisation des intensités des images ont été développées.

### 2.1.2 Méthodes “iconiques”

Les méthodes exploitant toute l’information contenue dans les images nécessitent d’utiliser une mesure de similarité adéquate pour comparer des images de modalités différentes. Nous allons présenter tout d’abord différentes mesures de similarité proposées.

Van den Elsen *et al.* [VandenElsen 94] proposent d’utiliser la corrélation comme critère de similarité entre les images pour effectuer le recalage CT-IRM. Woods *et al.* [Woods 93] ont proposé une mesure de similarité basée sur une comparaison des moments locaux des images, du premier et du second ordre. D’autres travaux [Sato 95] s’appuient également sur des mesures locales de texture afin d’apparier des images. Nikou *et al.* [Nikou 99a, Nikou 99b] ont étendu les travaux de Woods en proposant une version robuste de ce critère.

Viola *et al.* [Viola 95b,Viola 95a,Wells 96] ainsi que Collignon *et al.* [Collignon 95, Maes 97,Maes 98] présentent un algorithme de recalage rigide multi-modalité (IRM-scanner X et IRM-PET) visant à maximiser l'information mutuelle entre l'image de référence  $I_R$  et l'image "flottante"  $I_F$  à laquelle on applique la transformation  $T$ . L'information mutuelle entre deux variables aléatoires  $A$  et  $B$  est définie par

$$I(A,B) = h(A) + h(B) - h(A,B) = h(A) - h(A|B) = h(B) - h(B|A)$$

avec  $h$  entropie définie comme

$$h(A) = - \sum_a p_A(a) \log p_A(a),$$

$$h(A,B) = - \sum_{a,b} p_{AB}(a,b) \log p_{AB}(a,b),$$

$$h(A|B) = - \sum_{a,b} p_{AB}(a,b) \log p_{A|B}(a|b).$$

$I(A,B)$  mesure le degré de dépendance de  $A$  et  $B$  en offrant une mesure de la distance entre la distribution jointe  $P_{AB}(a,b)$  et le produit des distributions  $p_A(a)p_B(b)$ . En effet on a

$$I(A,B) = \sum_{a,b} p_{AB}(a,b) \log \frac{p_{AB}(a,b)}{p_A(a)p_B(b)}.$$

Plusieurs expressions de ce critère sont possibles, et il possède des propriétés intéressantes (positivité, symétrie, indépendance des deux variables aléatoires si leur information mutuelle est nulle). De plus, cette mesure ne fait aucune hypothèse sur la dépendance entre les images (seulement une dépendance statistique mais pas fonctionnelle), et en ce sens c'est une mesure très générale de similarité. Studholme *et al.* [Studholme 96,Studholme 99] propose une version de l'information mutuelle légèrement différente  $I(A,B) = (h(A) + h(B))/h(A,B)$ , qui s'avère moins sensible au recouvrement des deux volumes à recaler.

Plus récemment, Roche *et al.* [Roche 98b,Roche 98a,Roche 00b] ont présenté une mesure de similarité basée sur le rapport de corrélation. Ce rapport entre deux variables aléatoires  $X$  et  $Y$  est défini par :

$$\eta(Y|X) = 1 - \frac{Var[Y - E(Y|X)]}{Var(Y)}$$

Le rapport de corrélation mesure la dépendance fonctionnelle entre les deux variables, mais il n'est pas symétrique (en général  $\eta(Y|X) \neq \eta(X|Y)$ ). Cette similarité s'est montrée efficace pour plusieurs types de recalage, en particulier pour le recalage CT-IRM. Roche *et al.* [Roche 99b,Roche 99a] ont comparé les différentes mesures de similarité dans un cadre bayésien (estimation au sens du maximum a posteriori). En particulier, ils ont montré que les mesures sont optimales selon les hypothèses faites sur la dépendance entre les images, permettant ainsi d'adapter le recalage aux *a priori* physiques sur l'acquisition.

Holden *et al.* [Holden 00] ont évalué huit critères différents de similarité sur la base des données simulées du MNI et sur des données réelles, montrant la robustesse des mesures statistiques.



En ce qui concerne la minimisation des critères utilisés, il a été montré que l'interpolation (particulièrement lors de la construction de l'histogramme joint) joue un rôle important. L'interpolation de type "partial volume" s'est révélée supérieure (en terme de discrimination de l'optimum et de régularité de la fonctionnelle) à l'interpolation trilineaire. Pour la minimisation (ou la maximisation) des critères, beaucoup de méthodes emploient l'algorithme de Powell [Powell 64] (voir la section 3.1.3).

## 2.2 Recalage non-rigide

### 2.2.1 Méthodes basées sur une mesure de phase

Certaines approches [Alexander 97, Bastin 99, Chang 92, Haselgrove 96, Horsfield 99, Jezzard 95, Jezzard 98, Wan 97] consistent à corriger les distorsions par une mesure de phase. La phase du signal IRM brut n'est habituellement pas utilisée car les volumes sont construits avec l'information d'amplitude uniquement. De fait, la majorité des appareils IRM ne peuvent acquérir cette information de phase.

Cette information de phase peut être acquise sur un fantôme [Chang 92, Jezzard 95], puis utilisée pour corriger les distorsions dues aux inhomogénéités du champ magnétique. Le problème principal est que le fantôme utilisé n'est jamais semblable aux sujets qui passeront les examens, et les principales distorsions sont liées à la physiologie des sujets. De plus, un grand nombre d'inhomogénéités de champ sont compensées par les constructeurs ou par l'opérateur (procédure de shimming).

Dans d'autres méthodes [Alexander 97, Bastin 99, Haselgrove 96, Horsfield 99, Jezzard 98, Wan 97], cette information de phase est utilisée pour corriger les distorsions dans la direction du codage de phase. En effet le gradient du champ magnétique étant beaucoup plus faible dans la direction du codage de la phase, les inhomogénéités seront plus marquées dans cette direction (ce qui reste tout de même une approximation). Les distorsions sont alors modélisées par un facteur d'échelle, et dans la direction du codage de phase, une torsion et une translation.

Ces méthodes ne corrigent que la distorsion dans la direction de l'encodage de la phase (qui sont certes les distorsions les plus importantes, mais pas les seules). Elles nécessitent de plus une acquisition de la phase, ce qui est impossible sur la plupart des appareils cliniques.

### 2.2.2 Méthodes basées sur la luminance

Une autre manière de compenser ces distorsions est de développer des méthodes de type "analyse d'images", c'est à dire de réaliser un recalage non rigide entre l'IRMf et l'IRM. Ce recalage permet d'aligner l'image fonctionnelle sur l'image anatomique, et comme cette dernière contient peu ou pas de distorsions, le recalage non rigide compensera également les distorsions de l'acquisition EPI. Nous distinguons dans cette catégorie deux types de méthodes : celles qui considèrent ce recalage comme un problème multimodalité (pas de correction d'intensité), et celles qui tentent de se ramener à un problème monomodalité (avec correction d'intensité).

### 2.2.2.1 Méthodes sans correction d'intensité

Les méthodes sans correction d'intensité [Gaens 98, Kybic 00, Maintz 98a] s'attaquent à un problème de recalage non rigide multimodalité. Maintz *et al.* [Maintz 98a] et Gaens *et al.* [Gaens 98] proposent un algorithme qui recherche une transformation non rigide qui maximise l'information mutuelle. Dans les deux cas, la minimisation est effectuée à l'aide d'un schéma de recalage par blocs, ou les déformations sont constantes par bloc. Un filtrage gaussien du champ de déformation estimé est réalisé afin d'éviter les effets de bloc dans l'estimation. Sur ces fenêtres locales, l'estimation ne prend pas en compte le contexte spatial du champ de déformation et ces méthodes n'ont été développées à notre connaissance qu'en dimension deux.

D'autre part, Kybic *et al.* [Kybic 00] proposent un algorithme de recalage non rigide multimodalité basé sur une minimisation de la somme des différences au carré (critère SSD, "sum of squared differences"), et le modèle de déformation choisi est un modèle spline. La stratégie de résolution est multirésolution et conduit à des temps de calcul réduits. La validation expérimentale, sur des données réelles en particulier, reste un problème à traiter (notamment, quel est l'impact de la correction sur la localisation des aires activées?).

### 2.2.2.2 Méthode avec correction d'intensité

Le problème du recalage multimodalité non rigide est un problème difficile, et *a priori* moins bien conditionné que les problèmes de recalage monomodalité (où un certain nombre de méthodes ont fait leurs preuves). Afin de se ramener à un problème de recalage monomodalité, Roche *et al.* [Guimond 99, Roche 00a] proposent une approche nouvelle et très intéressante qui peut se décomposer en deux étapes alternées. La première étape est une correction d'intensité, sous une forme polynomiale dans le cas monofonctionnel. Une régression robuste (Least trimmed square) est utilisée pour estimer les paramètres de cette transformation d'intensité. La transformation géométrique est effectuée à l'aide de l'algorithme des démons [Thirion 98]. Notons que cette méthode dépend de manière cruciale de la correction d'intensité, et qu'il paraît difficile d'établir pour cet algorithme des preuves de convergence (la convergence des démons n'est pas toujours assurée, et le processus itératif avec la correction d'intensité peut entraîner des instabilités).

## 2.2.3 Discussion

Les approches basées sur une mesure de phase sont attractives car elles introduisent explicitement une correction déduite de la physique de l'acquisition. Malheureusement, cette mesure de phase nécessite un appareillage adapté qui n'est pas disponible pour la plupart des centres hospitaliers.

Les méthodes de type "computer vision" permettent à la fois de corriger les distorsions tout en effectuant le recalage sur l'anatomie du sujet. Elles ne font aucune hypothèse sur la nature des distorsions rencontrées, et sont en ce sens plus générales. Il est certain que ce domaine de recherche est en pleine expansion et que de nombreuses méthodes, ainsi que des protocoles de validation, seront bientôt proposées.

Ces deux approches ne sont toutefois pas antagonistes, et l'on peut imaginer, lorsque cela est possible, une coopération entre les deux. En effet la correction de distorsions à l'aide d'une mesure de phase peut être une phase préalable à un recalage non rigide

---

multimodalité, ou pourrait guider les algorithmes de recalage (en offrant par exemple une carte des zones où les distorsions sont les plus importantes).

## Chapitre 3

# Méthode de recalage multimodalité non rigide

Nous proposons une méthode  $3D$  qui ne requiert aucun prétraitement, ni acquisition de phase, et dans laquelle nous n'estimons aucune correction d'intensité. En ce sens, elle se classe dans la catégorie des méthodes proches de [Gaens 98, Kybic 00, Maintz 98a]. La première étape consiste en un recalage rigide afin d'initialiser l'algorithme non rigide. Ce recalage rigide est obtenu par une méthode classique de maximisation de l'information mutuelle par un algorithme de Powell et une interpolation de type "volume partiel".

Dans un second temps, le recalage non rigide est obtenu en minimisant une fonction d'énergie comportant deux termes : un terme d'attache aux données, dans le cas multimodalité nous considérons l'information mutuelle ; et un terme de régularisation afin d'assurer la cohérence spatiale du champ de déformation et de restreindre la recherche dans un sous espace de déformations admissibles. Une procédure de minimisation multigrille, proche de celle présentée dans la première partie section 2.5 est utilisé.

Nous allons commencer par décrire l'étape de recalage rigide dans la section 3.1, puis nous présenterons en détails l'algorithme de recalage non rigide dans la section 3.2, et nous présenterons finalement des résultats sur des données réelles et simulées dans la section 4

### 3.1 Initialisation par recalage rigide

Afin d'initialiser l'algorithme, une transformation rigide entre le volume flottant, l'IRMf, et le volume de référence, l'IRM anatomique  $3D$ , est tout d'abord estimé. Ce recalage rigide s'effectue en deux étapes : calcul des transformations permettant d'exprimer les données dans un repère mondial, puis recherche de la transformation rigide par maximisation de l'information mutuelle.

#### 3.1.1 Repère "mondial", ou repère de référence

Afin d'exploiter au maximum les informations provenant de l'acquisition (pour les volumes provenant de l'IRM on dispose en général de l'orientation anatomique des axes, de la résolution des voxels en millimètre, des dimensions du volume), nous avons choisi arbitrairement un repère mondial dont l'orientation anatomique des axes est APHFLR

(cela signifie que l'axe  $x$  est orienté antérieur-postérieur, l'axe  $y$  est orienté head-foot, et l'axe  $z$  est orienté left-right, c'est donc une acquisition sagittale, voir la figure 3.1). Ce repère mondial a de plus son origine au centre du volume et la résolution des voxels est de  $1mm$ . Les matrices carrées de taille  $4 \times 4$  permettant de changer de repère se déduisent alors facilement des informations données par l'acquisition. Notons  $T_f$  et  $T_r$  les matrices de passage du repère image au repère mondial pour respectivement le volume flottant et le volume de référence.

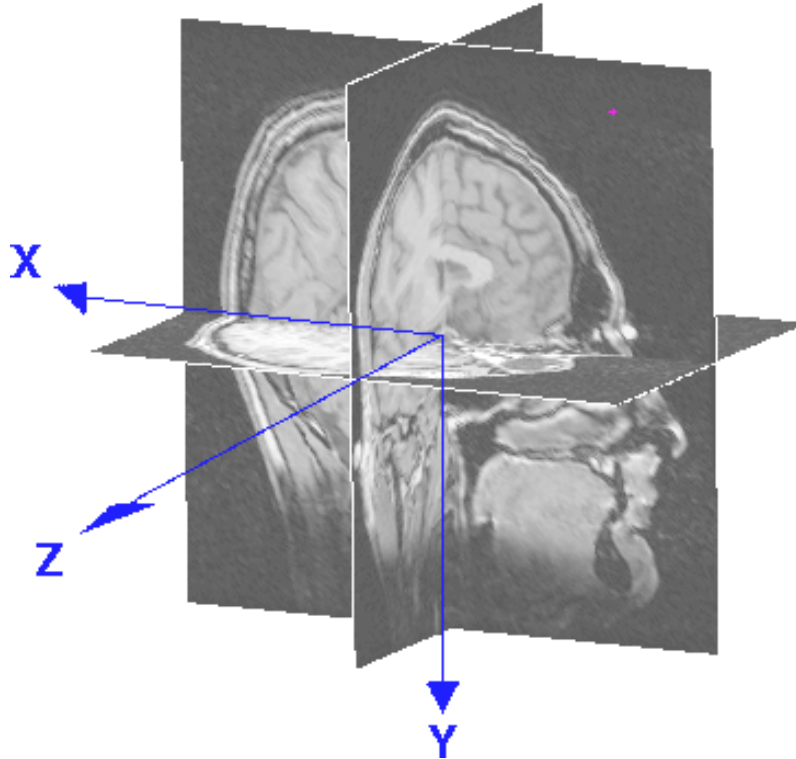


FIG. 3.1 – Repère mondial utilisé pour le recalage multimodalité. Le repère est centré au centre du volume, les axes ont une orientation anatomique définie et la résolution spatiale des voxels est de  $1mm$ .

### 3.1.2 Maximisation de l'information mutuelle

Dans un deuxième temps, une transformation rigide à 6 paramètres permettant de mettre en correspondance les deux volumes est estimée dans le repère mondial. Nous pouvons nous limiter à une transformation à 6 paramètres car les facteurs d'échelle sont normalement compensés par l'information de résolution spatiale des voxels contenue dans la matrice de passage au repère mondial. Si ce n'est pas le cas, et que cette information n'est pas disponible, il est alors nécessaire d'estimer une transformation à 9 paramètres. Les paramètres de la transformation définissent une matrice  $M$ , dont on trouvera l'expression dans l'annexe D. La transformation matricielle totale est donc  $T = T_r^{-1} \cdot M \cdot T_f$ .

Nous utilisons comme critère l'information mutuelle, rappelons brièvement l'expression mathématique de ce critère [Collignon 95, Viola 95b]: Si  $A$  est l'image de référence,  $B$  le

volume flottant et  $T$  la transformation rigide recherchée, notons  $p_A(a)$  et  $p_B(b)$  les densités de probabilité (répartition des niveaux de gris) des images considérées comme variables aléatoires. Si un voxel  $p$  du volume  $B$  avec l'intensité  $b$  correspond au voxel  $T(p)$  dans le volume  $A$  avec l'intensité  $a$ , le critère à maximiser est alors :

$$I(A,B) = \sum_{a,b} p_{A,B}(a,b) \frac{p_{A,B}(a,b)}{p_A(a)p_B(b)} = H(A) + H(B) - H(A,B),$$

avec

$$H(A) = - \sum_a p_A(a) \log_2(p_A(a)) \text{ et } H(A,B) = - \sum_{a,b} p_{A,B}(a,b) \log_2(p_{A,B}(a,b)).$$

Le voxel  $T(p)$  n'a pas des coordonnées entières, il est donc nécessaire d'interpoler la valeur de niveau de gris pour calculer l'histogramme joint. Les interpolations classiques sont soit l'interpolation au plus proche voisin, soit l'interpolation trilineaire. Cependant, il a été montré [Collignon 95, Maes 97, Viola 95b] que ces types d'interpolation conduisaient à une fonction de coût peu lisse par rapport aux paramètres de la transformation. Pour des raisons évidentes d'optimisation, il est plus judicieux de choisir une autre interpolation (construction de l'histogramme joint) de type "partial volume". Cette interpolation est une modification de l'interpolation trilineaire, pour laquelle nous calculons toujours les poids  $w_i$  associés aux 8 voisins  $n_i$  du voxel  $T(p) = p_r$  dans l'image  $A$  de référence. Le principe de cette interpolation est rappelé sur la figure 3.2. L'histogramme joint  $H$  est alors construit de la façon suivante :

$$\forall i \in [1,8], H(B(p), A(n_i)) \leftarrow H(B(p), A(n_i)) + w_i, w_i \in [0,1]$$

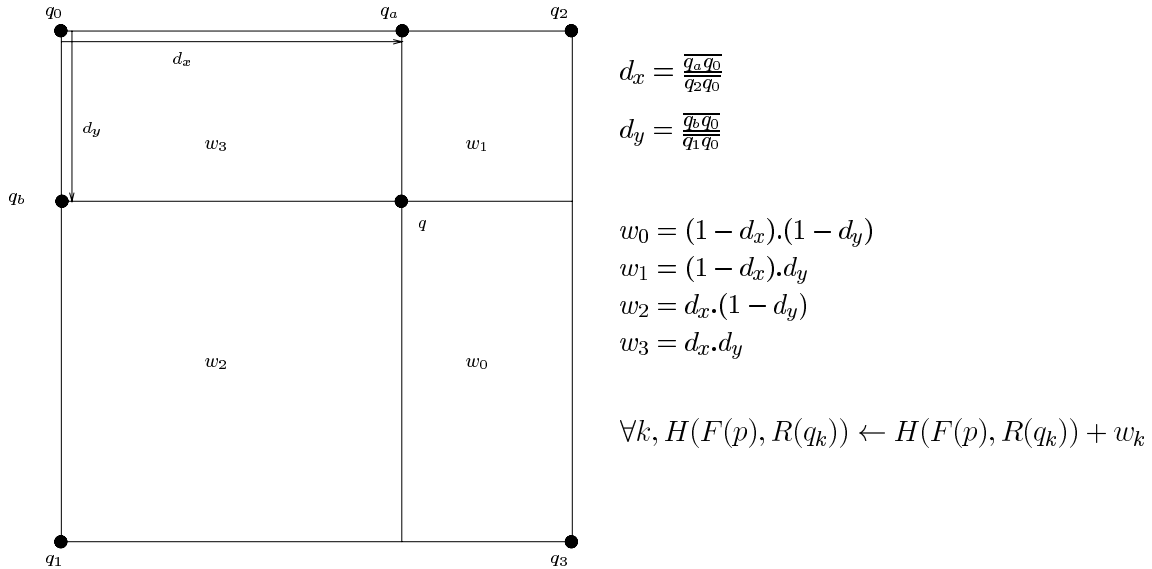


FIG. 3.2 – Interpolation de type "partial volume", illustration en 2D de l'interpolation trilineaire modifiée.

### 3.1.3 Optimisation

Nous effectuons la maximisation de l'information mutuelle à travers un schéma multirésolution classique. Nous construisons une pyramide de volumes par filtrage et sous-échantillonnage successifs. À chaque niveau de résolution, le critère est maximisé par rapport aux paramètres de la transformation en utilisant l'algorithme de Powell [Powell 64, Press 92].

L'algorithme de Powell ne nécessite pas en effet de construire les dérivées de la fonctionnelle par rapport au vecteur de paramètre. L'algorithme de Powell fait les hypothèses suivantes sur la fonctionnelle  $f$  à minimiser :

- $f$  est localement  $\mathcal{C}^2$ .
- $f$  est quadratique, de la forme  $f(x) = x^T A x + b^T x + c$ .

La première condition peut être vérifiée si l'on utilise une interpolation de type "partial volume", puisqu'elle fournit une fonctionnelle plus lisse [Pluim 00]. La seconde condition est beaucoup plus difficile en pratique, mais une fonction peut toujours être approximée en chaque point par son développement de Taylor au second degré. C'est donc en chaque point le développement limité de la fonctionnelle que nous minimiserons.

L'algorithme de Powell consiste donc à construire des directions mutuellement conjuguées, puis à minimiser le long de chaque direction la fonctionnelle. Pour une fonction vérifiant les conditions de Powell, on sait que l'on peut trouver le minimum de la fonction en effectuant une minimisation selon chaque direction  $\xi_n$  indépendamment des autres,  $n$  étant la dimension du problème et  $\xi_n$  étant les directions mutuellement conjuguées (deux directions  $p$  et  $q$  sont mutuellement conjuguées si et seulement si  $p^T A q = 0$ ).

Pour plus de précisions, on pourra se reporter à [Press 92] où le code source est disponible. L'algorithme de Powell ne nécessite pas le calcul explicite des dérivées de la fonctionnelle et garantit une convergence en un nombre d'itérations égal au maximum à la dimension de l'espace de recherche. Cependant, nous n'avons accès qu'à une convergence "quadratique". Notons  $T_0$  la transformation rigide finale estimée.

#### 3.1.3.1 Dérivation par rapport aux paramètres de la transformation rigide

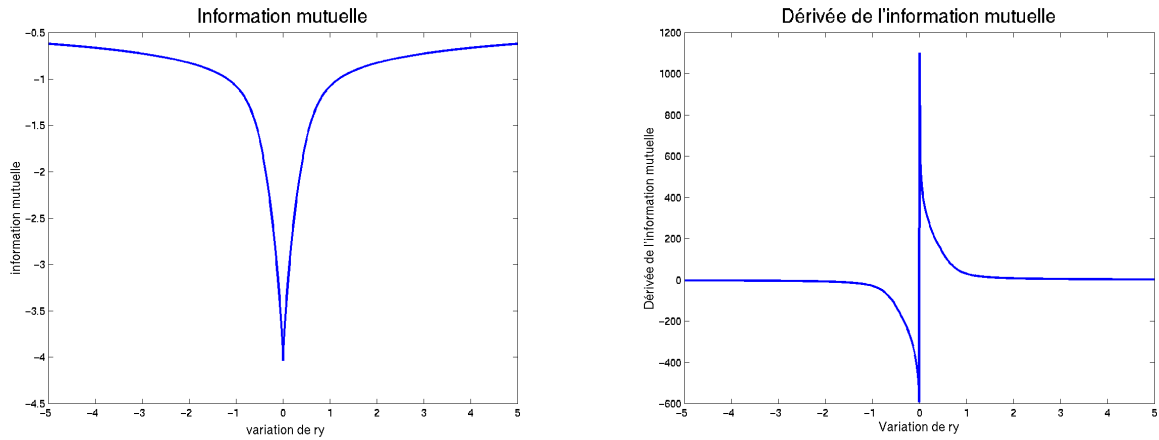
Nous avons implémenté la méthode proposée par Maes *et al.* [Maes 98, Maes 99], dans laquelle une dérivation de l'information mutuelle est proposée par rapport aux paramètres de la transformation. Cette dérivation consiste à calculer les dérivées partielles de l'histogramme joint en fonction des paramètres de la transformation. La construction de l'histogramme joint, qui fait appel à l'interpolation de type "partial volume", peut être directement reliée à la transformation. Nous rappelons le calcul de cette dérivée dans l'annexe E. Maes *et al.* ont appliqué cette méthode au recalage IRM-CT, et ont montré qu'un gain de calcul d'un facteur 3 pouvait être atteint sans perte de robustesse.

La dérivation de l'information mutuelle est attractive, car elle permet alors d'utiliser des algorithmes de minimisation exploitant le gradient (Levenberg-Marquadt, gradient conjugué, Quasi-Newton, *etc*). Ces algorithmes sont plus performants, en termes de précision, robustesse et vitesse de calcul. Nous avons donc implémenté deux algorithmes, gradient conjugué et Quasi-Newton pour maximiser l'information mutuelle. Nous avons constaté sur des données réelles de très fortes instabilités numériques, que nous pensons être liées à des irrégularités de la dérivée estimée.

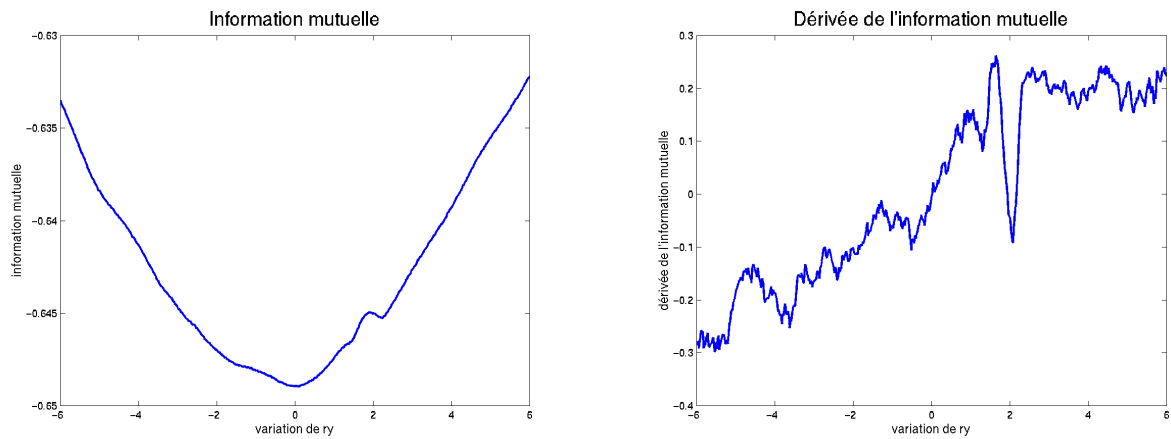
Sur la figure 3.3, nous avons tracé l'information mutuelle (son inverse plus exactement) et la dérivée estimée, lorsque nous faisons varier autour de la position de recalage un seul des paramètres de la transformation. Dans le premier cas, nous avons pris le même volume IRM comme volume référence et comme volume flottant, et nous avons donc un nombre d'échantillons très importants. Dans ce cas, la courbe de l'information mutuelle est très régulière, le minimum est très nettement détaché, et la dérivée est également régulière. Ceci nous permet de "valider" notre calcul de la dérivée. Dans un second cas, nous avons pris comme volume de référence une IRM 3D, et comme volume flottant une acquisition IRMf. Sur ces données réelles, l'information mutuelle est moins régulière, et la dérivée, si elle conserve une allure générale bonne, est très bruitée. Ces irrégularités de la dérivée expliquent sans doute les instabilités des méthodes d'optimisation, dont certaines sont connues pour diverger violemment lorsque la dérivée est bruitée (en particulier Quasi-Newton).

L'estimation de la dérivée est intrinsèquement liée au nombre d'échantillons utilisés. Nous pensons que cette dérivée est plus lisse, et par conséquent plus exploitable, lorsque le nombre d'échantillons croît. Pour le recalage IRM-CT, les volumes sont beaucoup plus importants (l'IRM est  $256^2 \times 200$ , et le volume CT est  $512^2 \times 50$ ), et la dérivée est dans ce cas exploitable [Maes 99]. Pour le recalage IRM-IRMf, le nombre d'échantillons est beaucoup plus faible (les volumes IRMf sont de taille  $64^2 \times 15$ , ce qui représente 300 fois moins d'échantillons que dans le cas IRM-CT), et nous avons constaté que les irrégularités de la dérivée estimée la rendent inutilisable dans ce cas précis. Il faudrait alors construire l'histogramme joint avec une interpolation plus coûteuse, mais plus régulière, avec un noyau spline ou sinc par exemple [Lehmann 99].





Cas idéal



Cas réel

FIG. 3.3 – Dérivation de l’information mutuelle par rapport aux paramètres de la transformation. Dans le cas idéal, le volume flottant et le volume de référence sont identiques et le nombre d’échantillons est important. Nous faisons varier un seul paramètre de la transformation (la rotation autour de l’axe  $y$ ), et nous traçons la dérivée estimée par rapport à ce paramètre, qui semble adéquate et continue. Dans le cas réel, nous estimons la position de recalage avec l’algorithme de Powell. Ensuite, nous faisons varier autour de la position d’équilibre le paramètre de rotation autour de l’axe  $y$ . La courbe de l’information mutuelle semble lisse mais la dérivée estimée apparaît très bruitée.

## 3.2 Schéma de minimisation hiérarchique

Afin d’appréhender les distorsions géométriques locales, il est nécessaire d’estimer un champ de déformation  $\mathbf{w}$ . Notons  $T_{\mathbf{w}}$  la transformation non rigide associée au champ de déformation  $\mathbf{w}$ . La transformation finale  $T_{\mathbf{w}} \circ T_0$  transforme chaque point du volume flottant  $B$  (IRMf) dans le volume de référence  $A$  (IRM). Le support de ce champ de déformation est  $S_B$ , où  $S_B$  est le support du volume  $B$ .

Nous formulons le problème d'estimation de  $\mathbf{w}$  comme la minimisation de la fonctionnelle :

$$U(\mathbf{w}; A, B, T_0) = -I(A, (T_{\mathbf{w}} \circ T_0)(B)) + \alpha \sum_{\langle s, r \rangle \in \mathcal{C}_B} \|\mathbf{w}_s - \mathbf{w}_r\|^2, \quad (3.1)$$

où  $\mathcal{C}_B$  est l'ensemble des cliques (paires de sites voisins au sens d'un système de voisinage  $\mathcal{V}$ ) du volume  $B$ , et  $\alpha$  pondère les deux termes énergétiques. Le premier terme est l'attache aux données, où l'on retrouve l'information mutuelle, tandis que le second est un terme de régularisation quadratique assurant la cohérence spatiale du champ de déformation. Contrairement à la première partie de ce document, nous n'utilisons pas de norme robuste pour exprimer la régularisation. En effet les distorsions que nous cherchons à compenser sont par nature régulières, c'est pourquoi nous devons estimer un champ lisse dans ce cas.

### 3.2.1 Motivations

La minimisation de l'équation (3.1) pose différents problèmes, que nous avons déjà évoqué dans la première partie de ce document. Dans ce cas spécifique, ces problèmes sont liés à la fois à la nature itérative de la minimisation ainsi qu'à la validité de la similarité. Si nous estimons un modèle de déformation local (pour un petit nombre de voxels, ce nombre pouvant éventuellement être réduit au voxel), l'algorithme nécessitera un nombre très important d'itérations afin d'obtenir une régularisation correcte, conduisant à des temps de calcul prohibitifs. D'autre part la nature statistique de la similarité ne la rend pas valide si l'on considère un nombre trop réduit d'échantillons. Il paraît donc difficile d'obtenir directement des modèles trop locaux de déformation, pour des raisons théoriques (validité globale de la mesure de similarité), et matérielles (nombre d'itérations important en raison de la nature locale des interactions).

### 3.2.2 Description

Afin d'obtenir une optimisation la plus efficace possible, nous avons choisi un schéma de minimisation multigrille proche de celui présenté dans la première partie de ce document. La minimisation est conduite à travers une succession sous-espaces emboîtés. Chaque sous-espace correspond à une partition du volume  $B$ . Cette partition permet de considérer un large ensemble de voxels pour lequel la similarité a un sens, tout en modélisant explicitement les interactions entre les cubes formant cette partition. Nous estimons un modèle paramétrique affine (à 12 paramètres) sur chaque cube de la partition.

A chaque niveau de grille  $\ell$ , correspondant à une partition du volume  $B$ , un champ de déformation incrément  $d\mathbf{w}^\ell$  est estimé, et raffine l'estimation précédente  $\mathbf{w}^\ell$ . Nous utilisons une stratégie de minimisation incrémentale similaire à celle présentée dans la première partie de ce document. Notons  $T_\ell$  la transformation associée au champ de déformation incrément  $d\mathbf{w}^\ell$ .

Au niveau de grille  $\ell$ ,  $\Xi_\ell = \{\Xi_{n,n} = 1 \cdots N_\ell\}$  est la partition du volume  $B$  en  $N_\ell$  cubes  $\Xi_n$ . L'estimation de  $d\mathbf{w}^\ell$  revient alors à estimer sur chaque cube  $\Xi_n$  une déformation paramétrique affine. Contrairement aux algorithmes de recalage par blocs, les interactions entre les cubes de la partition sont modélisées explicitement, ce qui ne conduit pas à des "effets de cube" dans l'estimation.

Au niveau  $\ell_c$  le plus grossier, la partition est régulière avec des cubes de taille  $2^{3\ell_c}$ . Pour les niveaux inférieurs, nous avons choisi de raffiner cette partition de manière régulière, contrairement à celle utilisée dans le cas monomodalité. La transformation finale  $\mathsf{T}_{k,\ell_f} \circ \dots \circ \mathsf{T}_{k,\ell_c} \circ \mathsf{T}_0$  exprime la décomposition hiérarchique du champ de déformation.

### 3.2.3 Modèle paramétrique

Au niveau de grille  $\ell$  et pour chaque cube  $\Xi_n$ , nous devons estimer un modèle affine de déformation défini par un vecteur paramétrique  $\Theta_n^\ell : \forall s = (x,y,z) \in \Xi_n, \mathbf{d}\mathbf{w}_s = P_s \Theta_n^\ell$ , avec  $P_s = \mathbb{I}_3 \otimes [1 \ x_s \ y_s \ z_s]$  (l'opérateur  $\otimes$  désigne le produit de Kronecker). Notons  $\mathsf{T}_{\Theta_n^\ell}$  la transformation associée à  $\Theta_n^\ell$ . On a  $\mathsf{T}_\ell = \mathsf{T}_{\mathbf{d}\mathbf{w}^\ell}$  et  $\mathsf{T}_{\Theta_n^\ell} = \mathsf{T}_{\mathbf{d}\mathbf{w}^\ell|_{\Xi_n}}$ , où  $\mathsf{T}_{\mathbf{d}\mathbf{w}^\ell|_{\Xi_n}}$  désigne la restriction de  $\mathsf{T}_{\mathbf{d}\mathbf{w}^\ell}$  au cube  $\Xi_n$ .

Un système de voisinage  $V^\ell$  sur la partition  $\Xi_\ell$  dérive naturellement de  $\mathcal{V}$  (système de voisinage originel défini dans la section 2.2) :

$\forall n, m \in \{1 \dots N_\ell\}, m \in V^\ell(n) \Leftrightarrow \exists s \in \Xi_n, \exists r \in \Xi_m / r \in \mathcal{V}(s)$ .  $\mathcal{C}$  étant l'ensemble des paires de sites mutuellement voisins de  $S^k$ , nous distinguons deux types de paires, les paires inter-cubes et les paires intra-cube :

$$\forall n \in \{1 \dots N_\ell\}, \langle s, r \rangle \in \mathcal{C}_n^\ell \Leftrightarrow s \in \Xi_n, r \in \Xi_n \text{ et } r \in \mathcal{V}(s).$$

$$\forall n \in \{1 \dots N_\ell\}, \forall m \in V^\ell(n), \langle s, r \rangle \in \mathcal{C}_{nm}^\ell \Leftrightarrow m \in V^\ell(n), s \in \Xi_n, r \in \Xi_m \text{ et } r \in \mathcal{V}(s).$$

Munis de ces notations, nous pouvons maintenant récrire au niveau de grille  $\ell$  l'énergie (3.1) :

$$\begin{aligned} \star U(\Theta^\ell; A, B, \mathsf{T}_0, \mathbf{w}^\ell) &= - \sum_{n=1}^{N_\ell} I(A, (\mathsf{T}_{\Theta_n^\ell} \circ \mathsf{T}_{\mathbf{w}^\ell} \circ \mathsf{T}_0)(B|_{\Xi_n})) \\ &+ \frac{\alpha}{2} \sum_{n=1}^{N_\ell} \left[ \sum_{m \in V^\ell(n)} \sum_{\langle s, r \rangle \in \mathcal{C}_{nm}^\ell} \|(\mathbf{w}_s^\ell + P_s \Theta_n^\ell) - (\mathbf{w}_r^\ell + P_r \Theta_m^\ell)\|^2 \right] \\ &+ \alpha \sum_{n=1}^{N_\ell} \left[ \sum_{\langle s, r \rangle \in \mathcal{C}_n^\ell} \|(\mathbf{w}_s^\ell + P_s \Theta_n^\ell) - (\mathbf{w}_r^\ell + P_r \Theta_n^\ell)\|^2 \right], \end{aligned} \quad (3.2)$$

Où  $B|_{\Xi_n}$  désigne la restriction du volume  $B$  au cube  $\Xi_n$ . La minimisation est conduite à l'aide d'un schéma de résolution de type Gauss-Seidel. Nous réactualisons donc chaque cube, ses voisins étant figés. Sur chaque cube, le vecteur paramétrique de déformation correspondant est estimé à l'aide de l'algorithme de Powell. L'ensemble des cubes de la partition est traité, et le processus est itéré jusqu'à stabilisation du processus.

Il serait évidemment intéressant d'utiliser la dérivée de l'information mutuelle pour accélérer la recherche sur un cube. Nous avons malheureusement constaté que la régularité de l'estimation de cette dérivée dépend du nombre d'échantillons utilisés, et aux grilles les plus fines le nombre d'échantillons trop limité ne peut conduire à une bonne estimation de la dérivée.

# Chapitre 4

## Résultats

### 4.1 Données simulées

Pour évaluer cet algorithme de recalage multimodalité non rigide, nous nous sommes servis de la base de données simulées du MNI (Brainweb : <http://www.bic.mni.mcgill.ca/brainweb>) [Collins 98a]. Nous considérons le volume anatomique en  $T_1$  (3% de bruit et 9% d'inhomogénéité de champ magnétique) comme volume de référence.

Pour simuler le volume fonctionnel IRMf, le volume IRM pondéré en  $T_2$  est sélectionné. Un sous volume est extrait, puis une déformation rigide (3 translations et 3 rotations) lui est appliqué. Pour simuler les distorsions géométriques, nous appliquons une déformation "thin-plate-spline" [Bookstein 89,Duchon 76]. Cette transformation spline est contrôlée par un groupe de points auxquels une déformation (d'une amplitude maximale de 5 voxels) est spécifiée . De plus, cette déformation est contrainte à être nulle sur les bords du volume.

Après recalage rigide (voir la figure 4.1), les distorsions apparaissent nettement. Le volume IRMf est superposé en texture (en fausses couleurs) sur le volume IRM de référence. Sur la vue axiale, les ventricules ne sont pas correctement recalés. Sur les vues coronales et sagittales, on remarque que le plan inter-hémisphérique n'est pas exactement superposé.

Les résultats du recalage non rigide sont présentés sur la figure 4.1. Nous avons effectué cette minimisation du niveau de grille 7 jusqu'au niveau de grille 5. On peut noter les corrections apportées sur la coupe axiale, en particulier au niveau des ventricules. De même, le plan inter-hémisphérique est correctement aligné après recalage non-rigide. De plus, nous pouvons suivre l'évolution de la mesure de similarité, en l'occurrence l'information mutuelle. La figure 4.2 montre une croissance continue de la similarité lors du déroulement de l'algorithme. Le temps de calcul pour réaliser l'estimation jusqu'au niveau de grille 5 est de 1H30 sur une machine Ultra Sparc 5 à 300MHz, pour un volume de taille  $181 \times 217 \times 181$ .

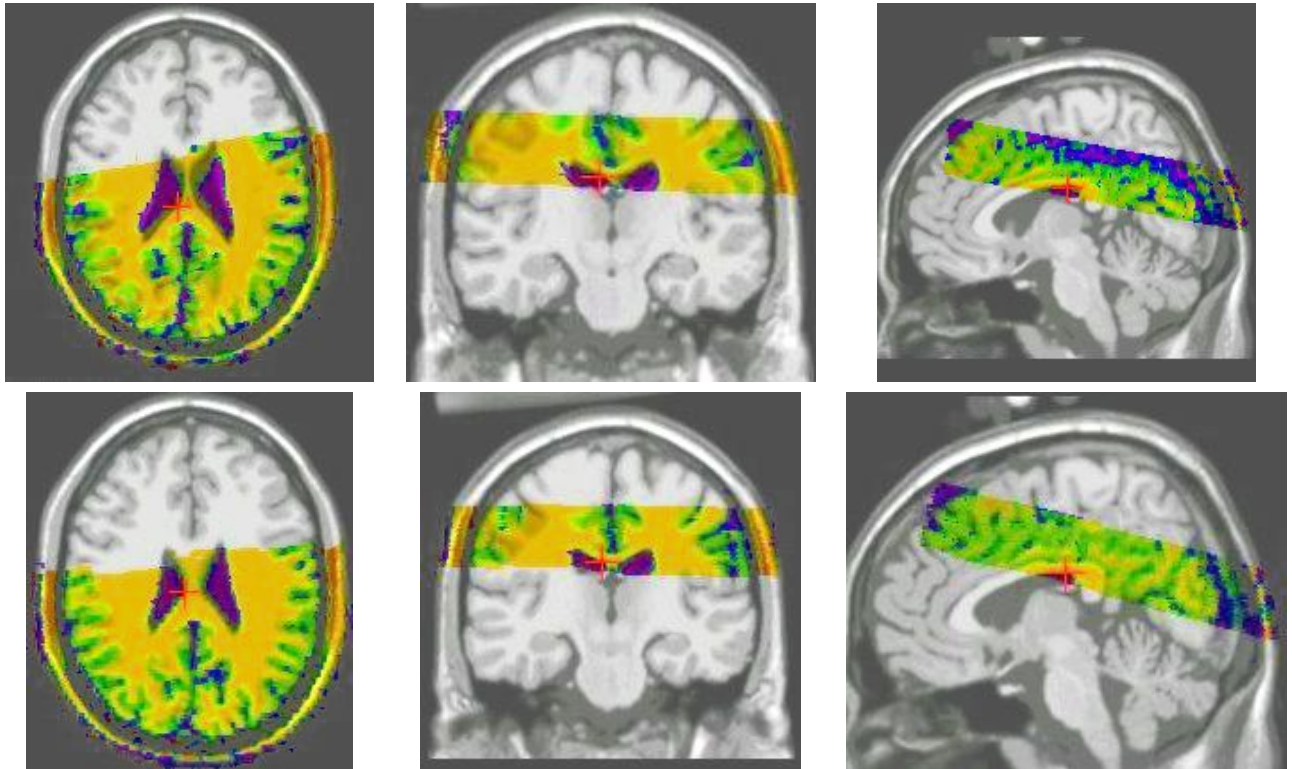


FIG. 4.1 – Résultats du recalage multimodalité non rigide sur des données simulées. En haut : les résultats du recalage rigide montrent les distorsions simulées par le champ spline. En bas, les résultats du recalage 3D non rigide montrent que les structures internes sont correctement recalées.

Par ailleurs, nous possédons les classes matière grise et matière blanche sur ces données simulées. Il est donc possible d'évaluer numériquement la qualité du recalage non rigide. Les classes gris/blanc sont déformées de la même manière que le volume du fantôme en  $T_2$ , et après application de la transformation finale estimée, nous pouvons calculer le recouvrement entre les classes du volume de référence et les classes du volume flottant déformées puis recalées. Les mesures de sensibilité, spécificité et performance totale (voir [VanBemmel 97]) sont ici utilisées. Ces résultats numériques sont présentés sur la table 4.1. Nous pouvons remarquer qu'à la fin du niveau de grille 5, 95% de la déformation a pu être compensée. Ces résultats numériques sont bien entendu entachés des erreurs liées à l'interpolation (nous utilisons une interpolation trilinéaire simple), et doivent par conséquent être interprétés avec précaution.

## 4.2 Données cliniques

Nous avons testé cette méthode sur des données réelles<sup>1</sup>. Les acquisitions sont visibles sur la figure 4.3, et l'on peut noter la présence d'un kyste important. Les multiples

<sup>1</sup> Nous remercions le laboratoire SIM, Signal et Images en Médecine, Hôpital de Pontchaillou, Rennes, de nous avoir fourni les données.

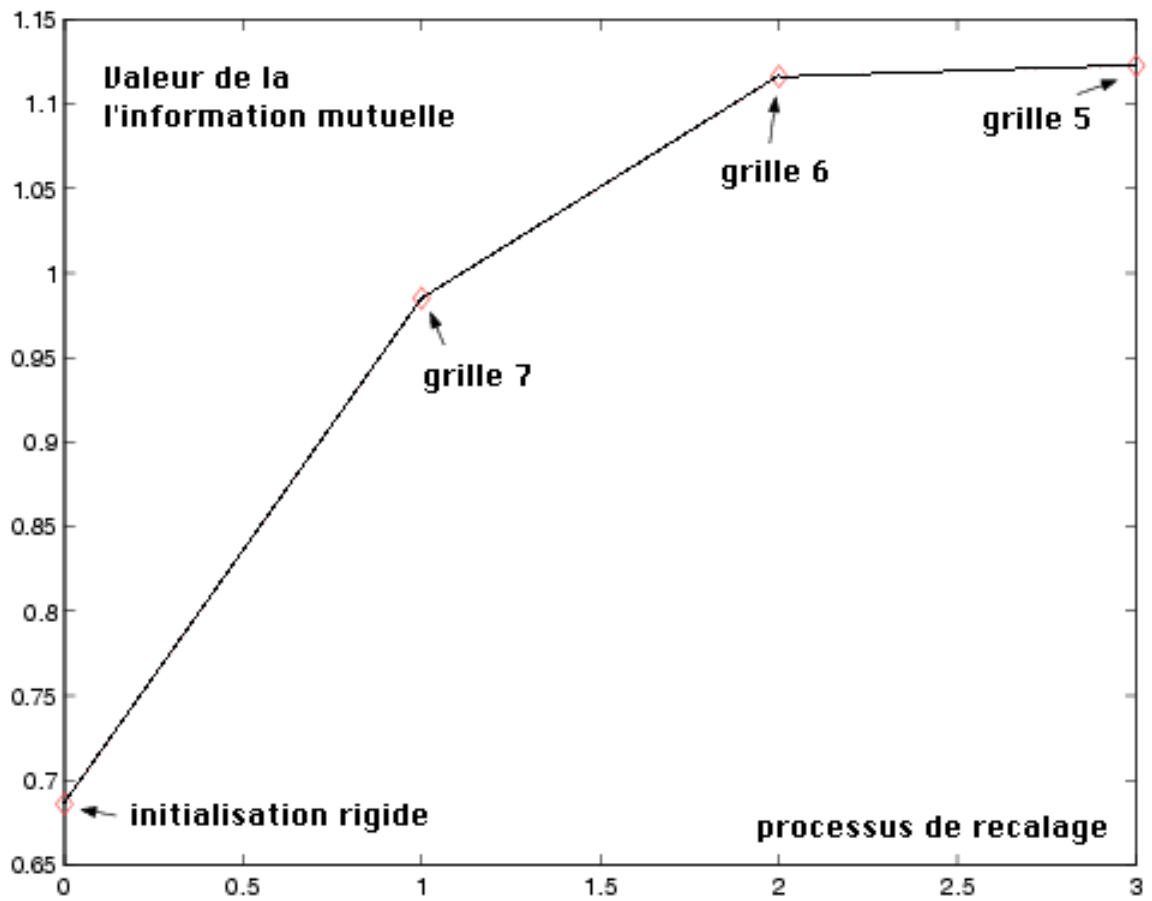


FIG. 4.2 – Évolution du critère de similarité en fonction du niveau de grille. La similarité augmente continûment lors du déroulement de l'algorithme.

Recalage	Mesure de recouvrement	Matière grise	Matière blanche
<b>Rigide</b>	sensibilité	74.7%	76.6%
	spécificité	93.0%	92.8%
	performance totale	87.0%	87.6%
<b>Non-rigide</b> Niveau de grille 7	sensibilité	84.7%	86.0%
	spécificité	97.2%	96.2%
	performance totale	93.2%	92.9%
<b>Non-rigide</b> niveau de grille 6	sensibilité	86.6%	86.8%
	spécificité	98.5%	97.3%
	performance totale	94.6%	93.9%
<b>Non-rigide</b> niveau de grille 5	sensibilité	87.5%	87.0%
	spécificité	98.9%	98.0%
	performance totale	95.8%	95.3%

TAB. 4.1 – Évaluation numérique du recalage non rigide multimodalité sur des données simulées. Les mesures de recouvrement entre les classes du volume de référence et les classes déformées puis recalées sont calculées après recalage rigide puis à chaque niveau de grille de l’algorithme multigrille.

interfaces air/kyste/os sont la cause de distorsions importantes du signal IRMf.

De plus, de nombreux artefacts sont présents dans le volume fonctionnel. Le signal semble avoir saturé lors de l’acquisition, en particulier au niveau du kyste. Il semble y avoir eu également des chutes de signal au niveau de l’os. Enfin, le rapport signal à bruit de l’acquisition IRMf ne semble pas favorable. Ce cas illustre par ailleurs la difficulté de traiter des données pathologiques issues d’acquisitions cliniques. Bien que les résultats de la figure 4.3 soient très difficiles à interpréter, il semble que le recalage non rigide ait permis de recaler avec plus de précision la zone de l’hémisphère droit, en particulier au niveau du kyste.

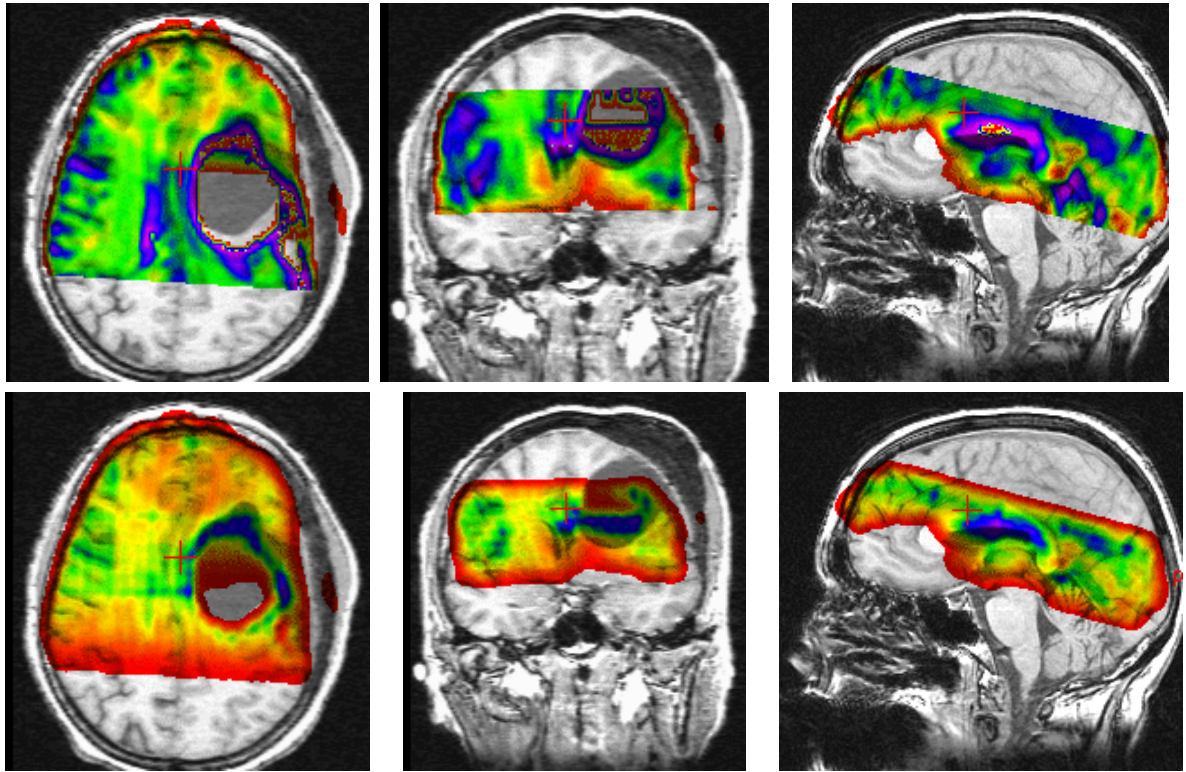


FIG. 4.3 – Résultats sur des données réelles du recalage multimodalité non rigide. De multiples artefacts sur le signal IRMf (chutes de signal, saturation de signal, distorsions) rendent l'interprétation des résultats difficile. Cependant, on peut noter un meilleur alignement des structures internes après recalage non rigide, plus spécifiquement pour les ventricules et pour le Kyste.





# Chapitre 5

## Discussion

Nous avons présenté dans cette partie un algorithme de recalage non rigide multimodalité. La méthode se décompose en deux phases, un premier recalage rigide suivi de l'estimation d'un champ de déformation afin de compenser les distorsions géométriques locales. Cette méthode ne nécessite pas d'estimer une correction d'intensité entre les volumes à recaler et ne nécessite pas non plus l'information de phase lors de l'acquisition IRM.

Pour la phase d'alignement rigide, nous avons repris des travaux publiés [Collignon 95, Maes 98, Viola 95b], car ces méthodes ont été évaluées de manière intensive, en terme de précision et de robustesse (en particulier dans [Maes 98]).

Nous nous sommes ensuite inspirés du cadre énergétique et de la méthode de minimisation multigrille proposée dans la première partie de ce document pour l'adapter au cas multimodalité. Cette méthode a été évaluée sur des données simulées et sur des données réelles. Ces premières évaluations nous conduisent à proposer les évolutions suivantes :

- Il serait judicieux d'étudier l'impact de l'initialisation rigide sur la seconde phase de l'algorithme. Les données simulées du MNI pourraient être utilisées dans ce but, et il serait intéressant de perturber le recalage rigide en évaluant l'impact sur l'estimation du champ de déformation.
- La partition sur laquelle repose la minimisation multigrille pourrait être contrainte par différentes informations. Des contraintes "image" pourraient être utilisées, par exemple une mesure locale de la similarité à comparer avec une mesure plus globale, pour décider s'il faut parfaire l'estimation dans une zone. D'autres contraintes pourraient être envisagées, par exemple des régions d'intérêt ou une information de phase, à relier avec les zones de distorsions.
- D'autres mesures de similarité devraient être testées. En particulier, l'information mutuelle, même si elle semble robuste dans de nombreux cas, est plus coûteuse que le rapport de corrélation. Une évaluation comparative robustesse/précision de ces deux critères en particulier serait intéressante à mener.
- Nous avons constaté au cours de nos tests des instabilités de la méthode. Nous pensons que ces instabilités peuvent provenir de la nature intrinsèquement globale de la mesure de similarité que nous avons choisi. Une première réponse est de rechercher une autre mesure de similarité, plus locale. Les techniques proches de celle de Woods pourraient s'avérer très adaptées à notre problème. Nous envisageons une autre

possibilité, celle de modifier le schéma de minimisation multigrille utilisé. Nous avons basé cette stratégie multigrille sur une partition du volume, conduisant à une prise en compte d'un nombre limité de voxels. Une autre possibilité, plus proche des méthodes multigrilles utilisées en analyse numérique, consisterait à conserver une énergie globale mais à choisir des modèles de déformation plus "riches". En effet les distorsions géométriques des acquisitions IRMf sont par nature relativement lisses (c'est d'ailleurs pour cette raison que nous pouvons nous arrêter à des niveaux de grille élevés). Des modèles polynomiaux (spline) de déformation emboîtés seraient peut être à même de fournir une solution adaptée à ce problème.

- La carte de phase n'est pas une information directement accessible pour tous les imageurs, car elle nécessite un équipement spécifique. Cependant, elle serait d'une grande utilité lors d'une phase de validation plus approfondie de l'algorithme.
- Nous n'avons pas introduit d'*a priori* sur les directions des distorsions géométriques, mais cela nécessiterait d'être intégré dans une version ultérieure, par exemple avec une régularisation privilégiant certaines directions, ou certains types, de déformations.
- Enfin, l'évaluation du recalage non rigide doit être menée avec la localisation des zones activées. Une validation approfondie doit s'attacher à comparer la localisation anatomique des zones activées, avant et après recalage non rigide, et à corrélérer cette localisation avec l'anatomie sulco-gyrale.

---

## Troisième partie

# Comparaison et évaluation de différentes méthodes de recalage inter-sujets



# Chapitre 1

## Introduction

### 1.1 Objectifs

Il existe dans la littérature un nombre important de méthodes de recalage non rigide de volumes cérébraux (voir sur ce point la section 1 de la partie I de ce document). Ces méthodes diffèrent par la nature même des hypothèses utilisées pour la mise en correspondance. Malgré tout, un problème important reste ouvert, celui de la validation des méthodes de recalage et de l'évaluation de leurs résultats. Nous proposons dans cette partie un cadre de validation des méthodes de recalage, avec des critères globaux et locaux.

Un projet d'évaluation des méthodes de recalage rigide multimodale a été mené par l'université Vanderbilt, sous la direction du professeur Fitzpatrick. Il en a déjà été question dans la section 2.1, partie II. Le cadre de validation proposé ici s'inspire de celui du projet "retrospective evaluation project". Au moment de la rédaction de ce manuscrit, 5 méthodes se sont prêtées à cette évaluation. Bien évidemment, ce projet ne s'arrête pas avec cette thèse et pourra dans l'avenir intégrer d'autres méthodes.

L'évaluation est menée sur une base de donnée de 18 sujets, dans le cadre d'un projet GIS, sciences de la cognition<sup>1</sup>. Parmi les 18, un sujet est choisi comme sujet de référence. Le choix de ce sujet de référence est expliqué dans la section 3.3, partie I. Les participants au projet se chargent d'effectuer le recalage entre chaque sujet de la base et le sujet de référence. Un format commun de description des données permet d'échanger facilement les résultats (champ de déformation et volumes reconstruits). Les résultats sont ensuite traités de manière égale pour toutes les méthodes. L'objectif de ce projet n'est évidemment pas de classer les méthodes, de la "meilleure" à la "pire", mais de comparer les hypothèses des approches, et de savoir ce que l'on peut en attendre. Il est intéressant de mener cette évaluation sur différents algorithmes, dans le but d'éprouver la qualité des critères d'évaluation.

---

1. Le laboratoire SIM (signal et images en médecine, université de Rennes 1), partenaire de ce projet, a recueilli les données utilisées.

## 1.2 Participants

Nous avons choisi la dénomination suivante pour les algorithmes :

- **Méthode I.** Recalage rigide par maximisation de l’information mutuelle. Cette méthode est décrite plus en détails dans la section 2.1, partie II [Collignon 95, Viola 95b]. Cette méthode n’a pas été développée dans le but de recalage les cerveaux de sujets différents. Nous l’avons tout de même incluse dans l’ensemble des méthodes testées afin de comparer les méthodes de recalage non-rigide à un “standard” éprouvé, dans la catégorie des méthodes rigides.
- **Méthode M.** Algorithme ANIMAL développé par Louis Collins au MNI (Montréal neurological institute) [Collins 95]. Cet algorithme se décompose en deux parties : une première phase est un recalage rigide permettant d’aligner le volume à traiter dans un repère stéréotaxique (ou repère MINC). Cette transformation affine à 9 paramètres est estimée en maximisant le coefficient de corrélation entre le volume à traiter et le volume “average 305”, qui est le volume moyen de 305 cerveaux placés dans le repère stéréotaxique [Collins 94]. Dans un second temps, une transformation non-rigide est recherchée à l’aide d’un algorithme multirésolution. Pour chaque niveau de résolution, et en chaque noeud du volume source, un vecteur de translation est estimé en maximisant une similarité locale, qui est dans ce cas la corrélation croisée sur les gradients. Les champs de déformation utilisés pour ce projet sont calculés à une résolution de  $4mm$ . Pour un volume  $V_i$ , notons  $T_i$  la transformation permettant de passer du repère des données au repère stéréotaxique. La transformation finale permettant d’associer un volume au volume  $V_0$  (volume de référence) est alors :

$$T_{finale} = T_0^{-1} \circ T_{nr|1mm} \circ T_i,$$

Où  $T_{nr|1mm}$  désigne le champ non-rigide, calculé à une résolution de  $4mm$ , projeté à la résolution de  $1mm$ , c’est à dire la résolution du repère stéréotaxique.

- **Méthode N.** Algorithme des “démons”, développé à l’INRIA Nice [Thirion 95a, Thirion 96b]. Dans un premier temps, deux recalages rigides globaux, rigide puis affine, sont estimés. Ces transformations affines permettent d’aligner grossièrement les volumes et de compenser les plus larges déformations. Dans un second temps, une transformation non-rigide est estimée par analogie avec les “démons” de Maxwell. Les frontières d’un objet dans l’image source sont considérés comme semi-perméables, et effectuent une partition de l’espace en voxels “extérieurs” (E) et “intérieurs” (I). Chaque voxel de l’image cible est affecté à une classe. Des “démons” sont alors placés sur ces frontières et exercent une force qui “pousse” les voxels étiquetés I vers l’intérieur et E vers l’extérieur [Prima 98, Thirion 98]. L’algorithme est composé de deux phases : dans une première phase les déformations sont estimées, puis une régularisation du champ de déformation est appliquée dans un second temps.
- **Méthode Q.** Recalage par quadrillage proportionnel de Talairach [Talairach 88]. Le quadrillage proportionnel de Talairach est basé sur le repérage de points anatomiques (CA, CP), puis la construction d’un quadrillage du cerveau en 12 morceaux. Les points CA et CP (voir figure 1.1) sont repérés manuellement, et permettent de partitionner naturellement le cerveau en 12 morceaux (voir figure 1.2). Les points extrémaux de cette boîte sont également repérés manuellement, et définissent sur

chaque sous volume une transformation affine. Pour un volume  $V_i$ , notons  $T_i^{qp}$  la transformation affine par morceaux qui met en correspondance chaque point du volume  $V_i$  avec son correspondant dans le repère commun. La transformation qui déforme le volume  $v_i$  vers le volume  $V_0$  est alors :

$$T_f = T_0^{qp-1} \circ T_i^{qp}.$$

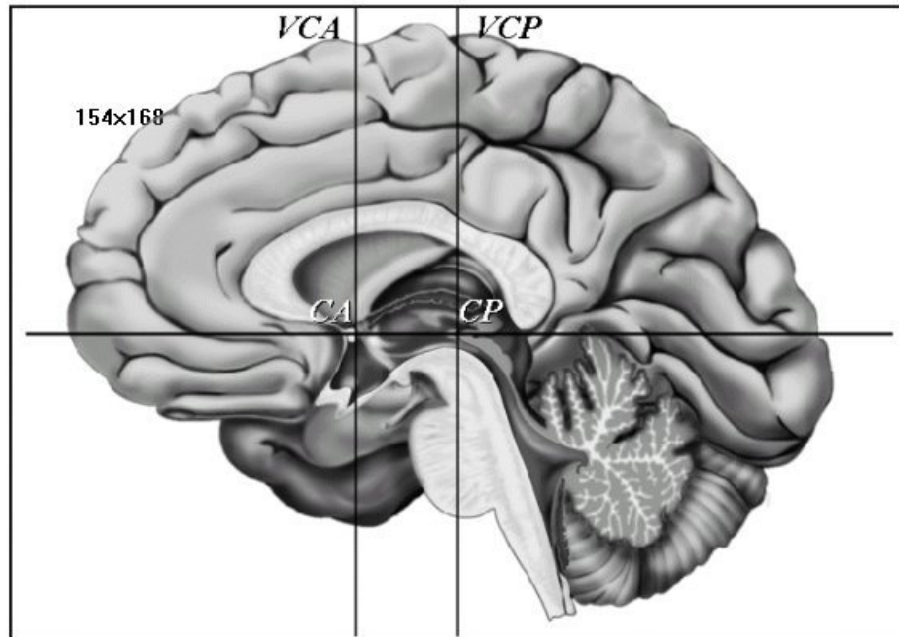


FIG. 1.1 – Quadrillage proportionnel de Talairach



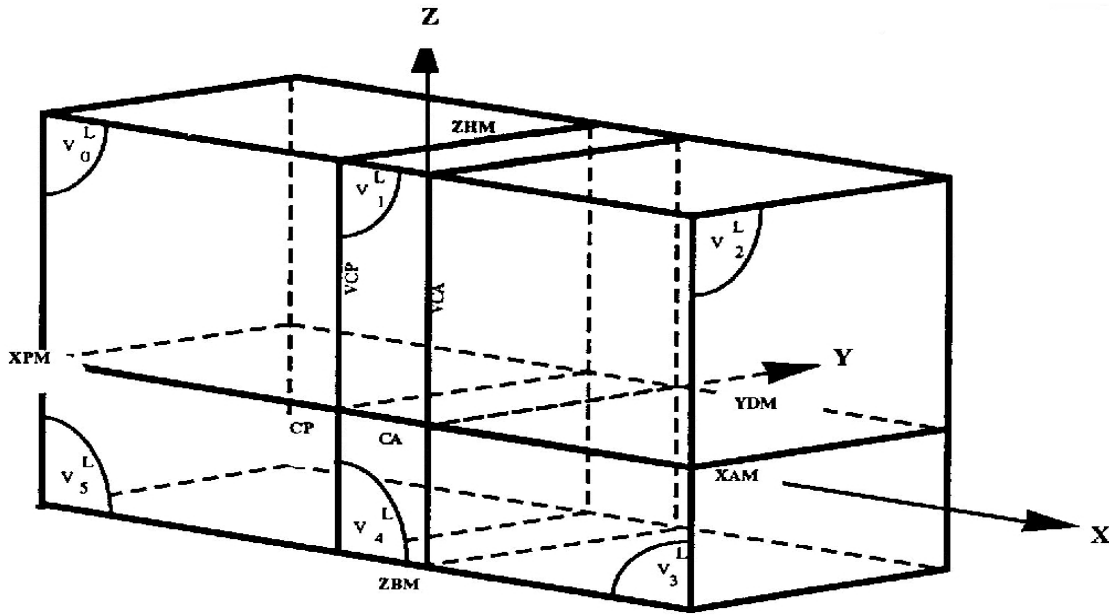


FIG. 1.2 – Principe du quadrillage proportionnel de Talairach, illustration tirée de [Lemoine 92].

- **Méthode R.** Il s'agit de l'algorithme de recalage présenté en détails dans la partie I de ce document [Hellier 99]. Bien évidemment, il est toujours préférable que les auteurs d'un projet d'évaluation ne soumettent pas à l'évaluation leur propre méthode. Conscients de cela, nous espérons que le lecteur voudra tout de même croire en notre bonne foi, ainsi qu'en notre bienveillance à l'égard de toutes les méthodes évaluées.

### 1.3 Principe et organisation

L'évaluation des méthodes de recalage non-rigide est liée à la notion de critère de qualité du recalage. Les critères qui vont être définis dépendent des informations dont nous disposons sur la base de donnée des 18 sujets. Pour chaque sujet de la base d'évaluation, nous avons les données (acquises ou extraites) suivantes :

- **Volume IRM** pondéré en  $T_1$ , avec une résolution de  $0.93mm$  sur chaque axe. La figure 1.3 présente des coupes sur chaque axe de l'acquisition IRM du sujet de référence.

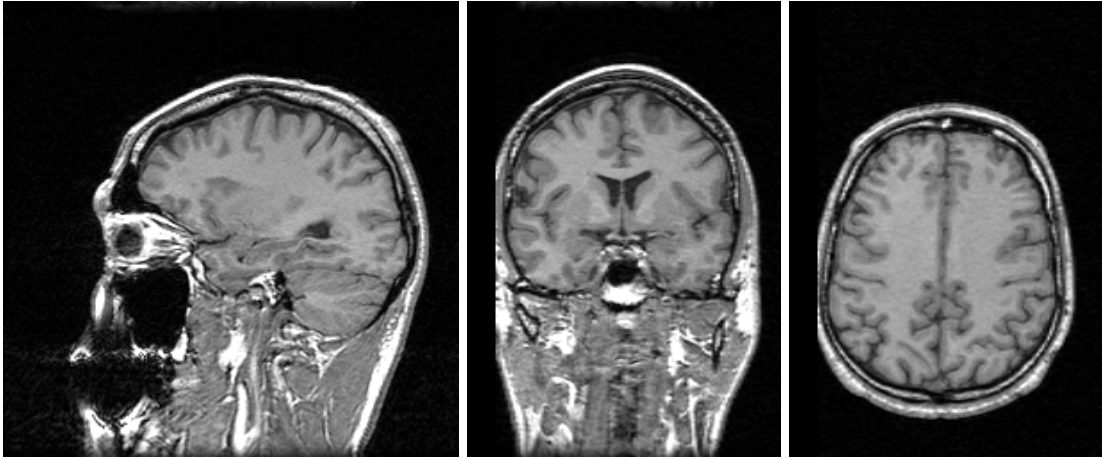


FIG. 1.3 – Coupes de l'acquisition IRM  $T_1$  du sujet de référence.

- **Volume “Lvv”** représentant la courbure locale. L'opérateur Lvv (introduit par Florack [Florack 92], et décrit plus en détails dans la partie IV, section 3.2) mesure la dérivée directionnelle seconde de la fonction d'intensité dans la direction du vecteur tangent à l'iso-contour passant par le point courant. Cette mesure est reliée à la notion de courbure, mais est moins sensible à la valeur locale du gradient (contrairement à l'opérateur courbure). La figure 1.4 présente des coupes du volume Lvv extrait sur le sujet de référence.

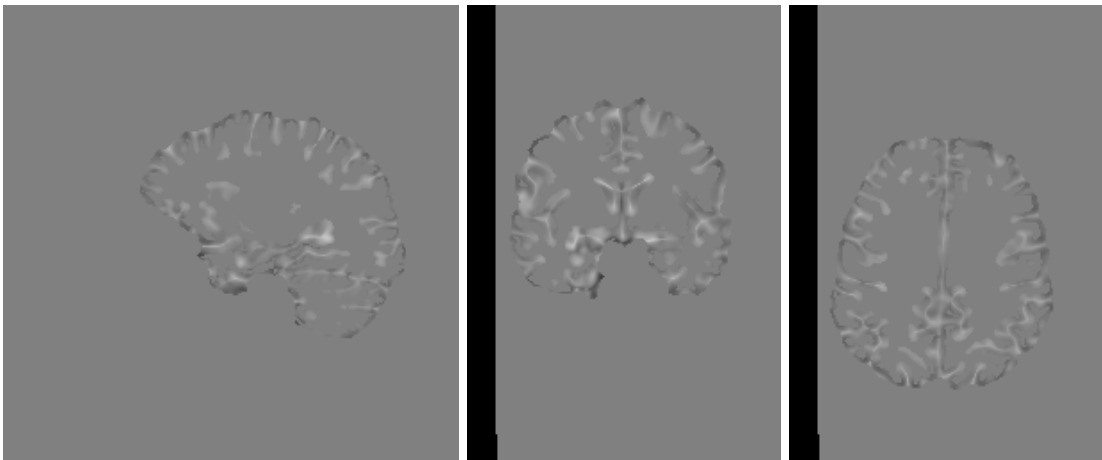
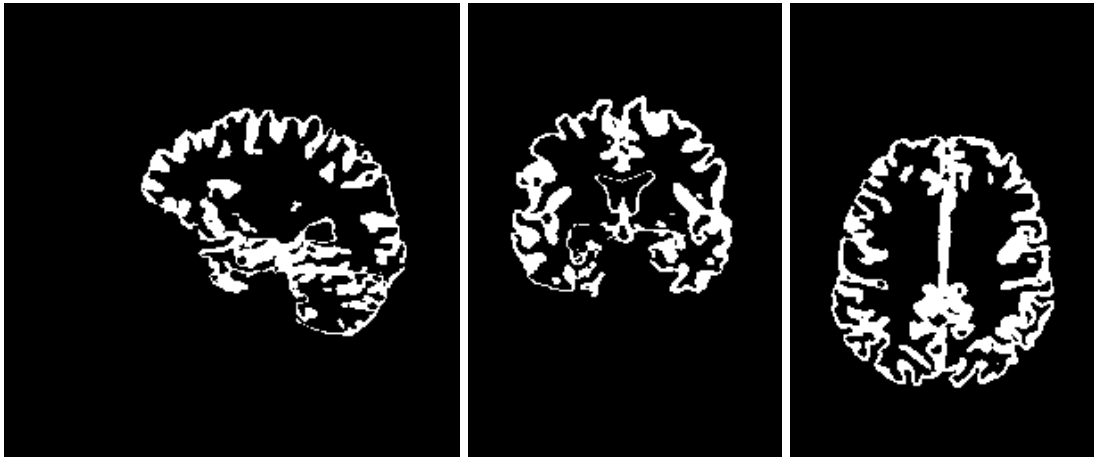


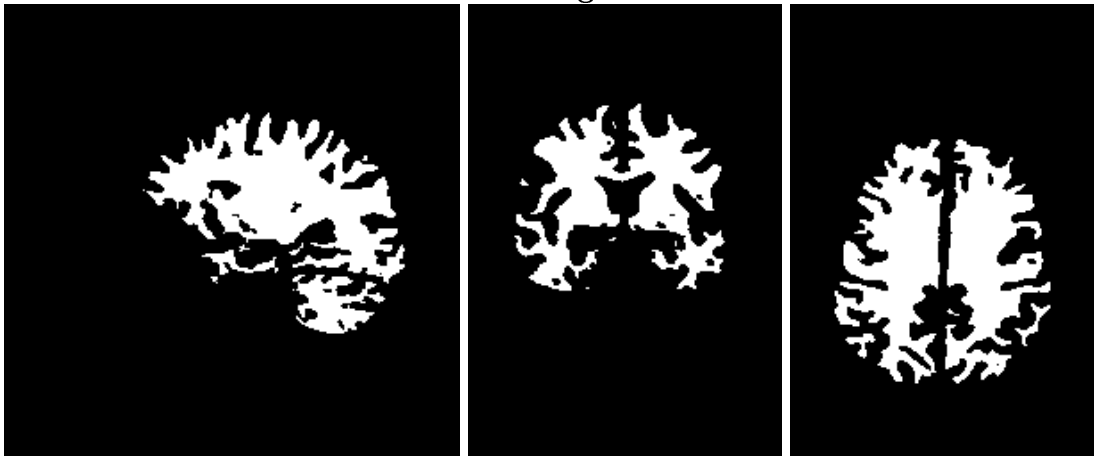
FIG. 1.4 – Volume Lvv extrait sur le sujet de référence.

- **Volumes de segmentation des matières grises et blanches.** L'algorithme développé par Lachmann *et al.* [Lachmann 92, Lachmann 93] est utilisé afin d'extraire les tissus de matière grise et de matière blanche. Cette approche consiste en une analyse de texture 3D afin de calculer pour chaque voxel des attributs. Basée sur ces attributs, une technique de clustering permet d'obtenir une première classification, et une relaxation bayésienne raffine la solution initiale. La figure 1.5 offre une

visualisation de la classification gris/blanc obtenue sur le sujet de référence.



Matière grise.



Matière blanche.

FIG. 1.5 – Classification gris/blanc du sujet de référence.

- **Sillons corticaux segmentés.** Durant sa thèse, Georges le Goualher [LeGoualher 97a] a développé une méthode de segmentation des sillons corticaux (voir annexe A). Un sillon cortical est extrait à partir d'un volume IRM  $T_1$  et modélisée par une B-spline, permettant une manipulation numérique simple de ces sillons. Le processus d'extraction des sillons est détaillé dans la partie IV, section 3.2. Pour chaque sujet, nous disposons de 6 sillons par hémisphère, à savoir : sillon central, sillon précentral, sillon postcentral, vallée sylvienne, sillon temporal supérieur, sillon frontal supérieur. La figure 1.6 présente sur l'hémisphère gauche les sillons extraits sur un sujet.

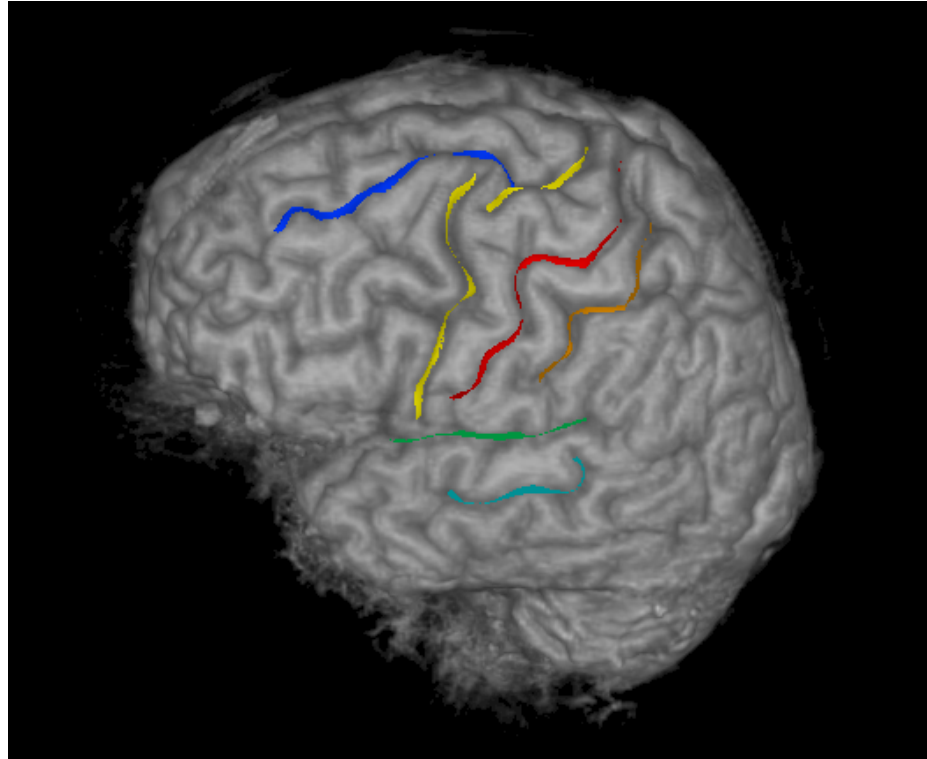


FIG. 1.6 – Sillons extraits sur l'hémisphère gauche d'un sujet.

Au vu des informations dont nous disposons, il nous a paru naturel d'évaluer les algorithmes de recalage selon deux classes de mesures : d'une part des critères globaux impliquant les volumes IRM,  $L_{vv}$  et les volumes de segmentation, et d'autre part des critères locaux basés sur la mise en correspondance des sillons corticaux. Nous allons par la suite mettre en oeuvre ces mesures, globales dans le chapitre 2, et locales dans le chapitre 3.



# Chapitre 2

## Mesures globales

Nous allons décrire dans cette partie les mesures globales mises en oeuvre pour évaluer les différents algorithmes de recalage non-rigide. Dans la section 2.1, les résultats de reconstruction d'un sujet choisi au hasard sont présentés, ainsi que les volumes obtenus pour chaque méthode en moyennant tous les sujets déformés. Par la suite, l'impact des méthodes de recalage sur les volumes  $L_{vv}$  (section 2.2.2) et les volumes de segmentation (section 2.2.1) est étudié.

### 2.1 Volumes reconstruits

#### 2.1.1 Étude sur un sujet

Il est raisonnable dans un premier temps de visualiser les résultats d'un sujet pris au hasard dans la base. Ce sujet est déformé vers le sujet de référence, dont les coupes sont visible sur la figure 2.6. Pour toutes les méthodes, nous avons choisi l'interpolation trilineaire pour reconstruire les volumes déformés. Les figures 2.1, 2.2, 2.3, 2.4, 2.5 présentent les coupes du volume déformé par les méthodes I,M,N,Q,R respectivement. Ces volumes reconstruits doivent tous être comparés au volume de référence. Pour la méthode M, le support du volume déformé est "limité" au support du repère stéréotaxique, c'est pour cette raison que seule la zone correspondant au champ de vue du repère stéréotaxique est reconstruite.

Les observations que nous pouvons faire sur un seul sujet sont très limitées, car il est difficile d'évaluer sur un sujet déformé la qualité du recalage. S'il est encore nécessaire de le préciser, ceci illustre le problème ouvert qu'est celui de la validation des méthodes de recalage non-rigide. Malgré tout, nous pouvons entrevoir que la différence semble significativement plus importante pour les méthodes I et Q. En effet, les déformations estimées pour ces deux méthodes contiennent peu de "degré de liberté" (transformation rigide pour I, transformation affine par morceaux sur une partition de 12 cubes pour Q). Par ailleurs, la solution fournie par la méthode N ne semble pas régulière partout, en particulier au niveau du cortex.

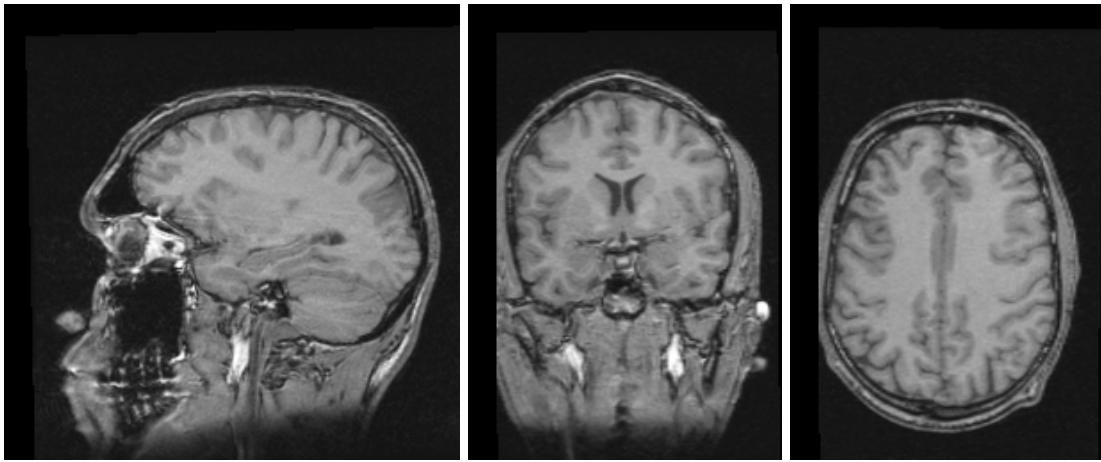


FIG. 2.1 – Sujet déformé par la méthode I.

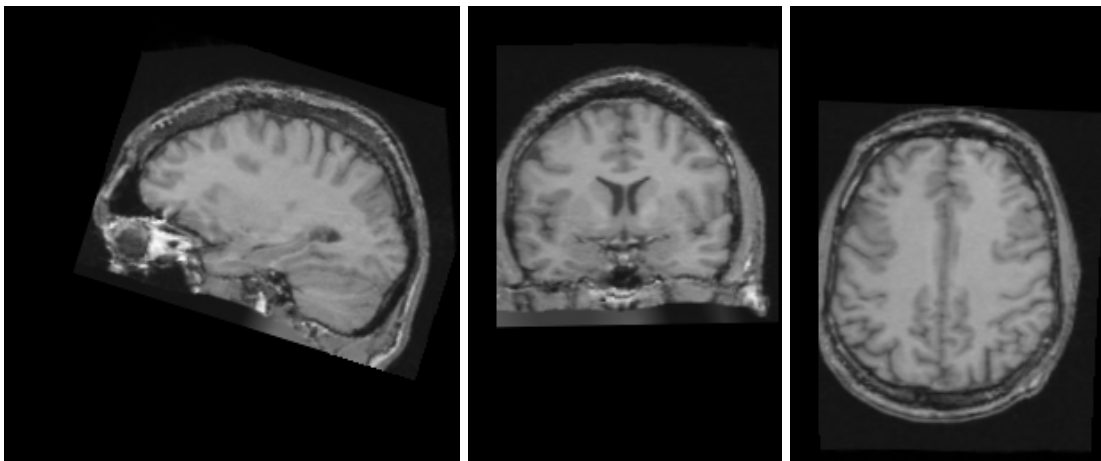


FIG. 2.2 – Sujet déformé par la méthode M.

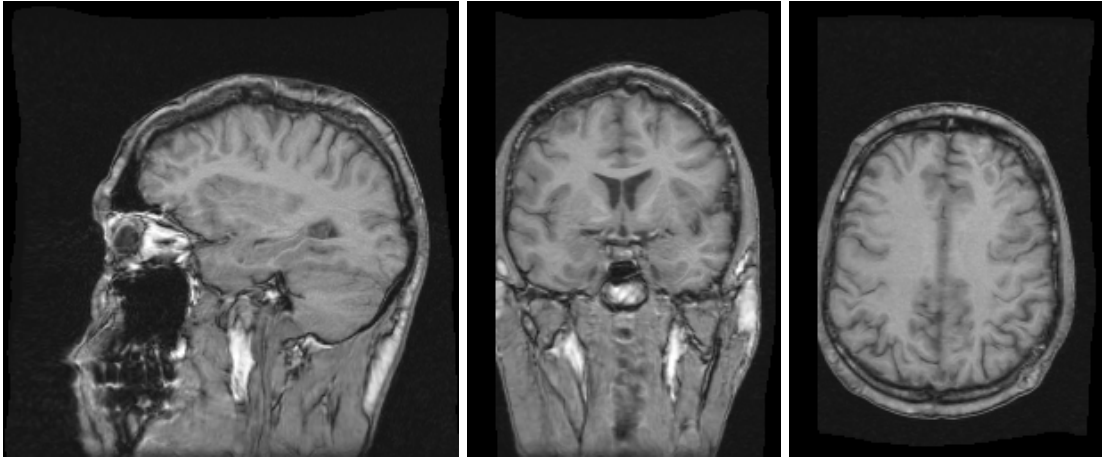


FIG. 2.3 – Sujet déformé par la méthode N.

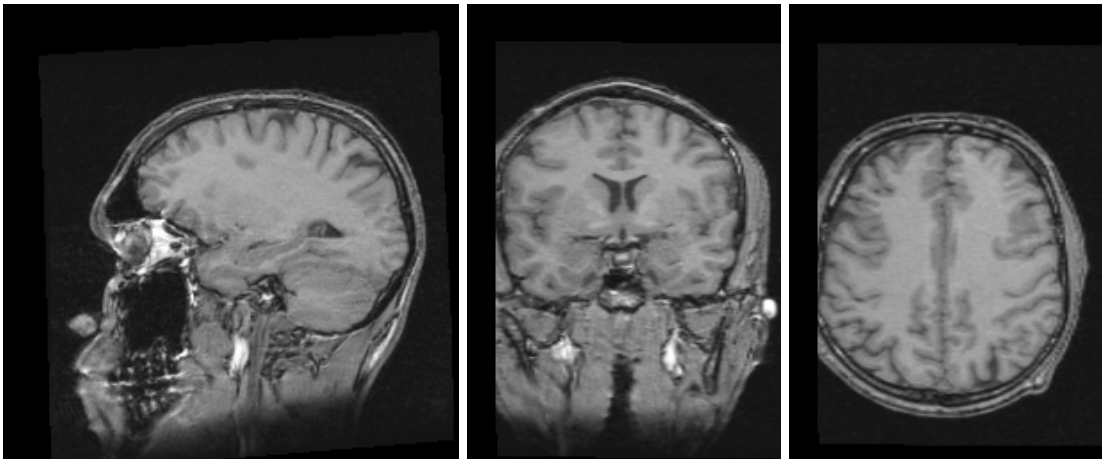


FIG. 2.4 – Sujet déformé par la méthode Q.



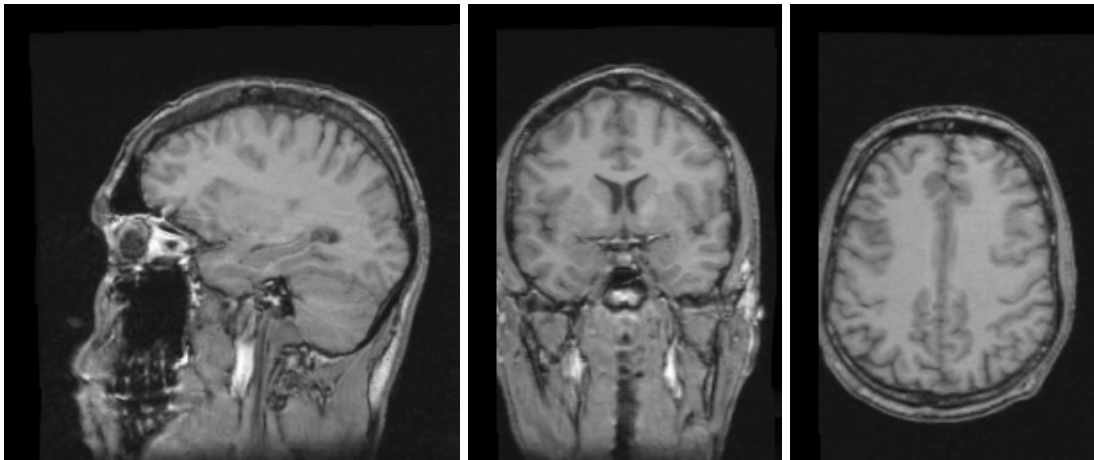


FIG. 2.5 – Sujet déformé par la méthode R.

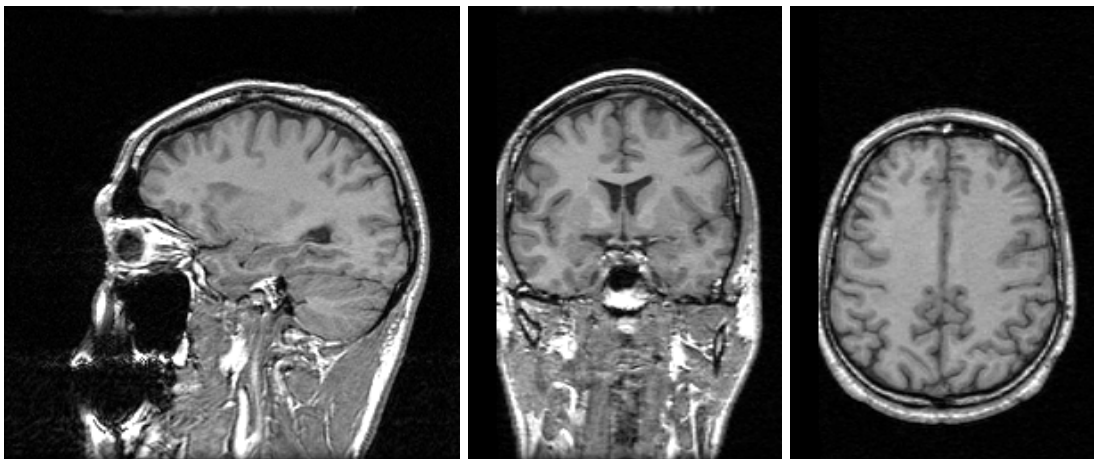


FIG. 2.6 – Sujet de référence.

### 2.1.2 Volume moyen des sujets déformés

Si l'on déforme tous les sujets de la base de donnée vers le sujet de référence, il est alors possible de construire un volume par moyennage des volumes déformés. Pour toutes les méthodes, les volumes déformés sont calculés par interpolation trilineaire. Les coupes des volumes moyens sont présentés sur les figures 2.7, 2.8, 2.9, 2.10, 2.11, pour les méthodes I,M,N,Q,R respectivement. Ces volumes moyens doivent être comparés au volume de référence dont les coupes sont présentées sur la figure 2.12. Notons que pour la méthode M, le sujet 09 a été retiré de la moyenne car le recalage a manifestement échoué. **Par la suite, le sujet 09 sera toujours retiré de l'évaluation de la méthode M.**

Les méthodes I et Q se distinguent des méthodes M,N et R. Pour ces deux méthodes, le volume moyen se distingue plus nettement du volume de référence, par exemple sur la coupe axiale pour la forme du crâne. Les résultats de recalage des ventricules montrent

également l'apport des méthodes M,N et R, grâce au nombre de degré de liberté plus importants de la transformation (voir la figure 2.13). De même, la netteté du volume moyen est également un indicateur de la qualité du recalage.

Il est difficile d'évaluer numériquement et objectivement le flou d'une image. Par contre, nous pouvons dans ce cas calculer l'écart quadratique moyen (EQM) entre le volume moyen d'une méthode et le volume de référence. L'EQM n'est pas une bonne mesure pour juger de la qualité du recalage entre deux sujets, mais est un critère plus fiable lorsqu'il est calculé sur un volume moyen. Le tableau 2.1 donne l'EQM pour chaque méthode, une première définie sur l'intégralité du support du volume de référence, et une seconde calculée sur le support du masque de segmentation du cerveau du sujet de référence. Les méthodes M et Q semblent donner numériquement des résultats similaires, tandis que les méthodes N et R se détachent nettement, avec une amélioration notable pour la méthode R. L'EQM donne ici une indication de la similitude entre le volume moyen de chaque méthode et le volume de référence, mais ne donne pas une indication du flou de chaque volume moyen. Pour se faire, il faudrait mettre en oeuvre une mesure basée sur les gradients de l'image.

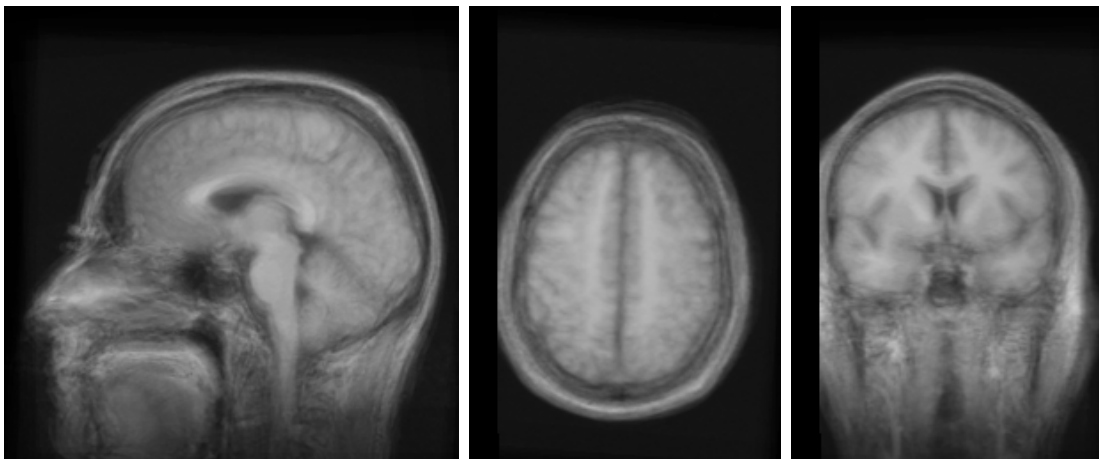


FIG. 2.7 – Volume moyen de la méthode I.

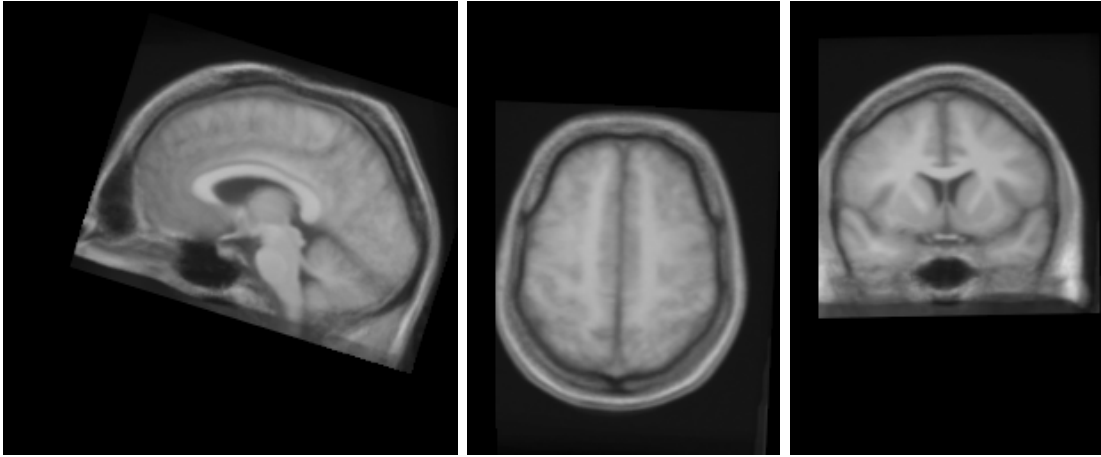


FIG. 2.8 – Volume moyen de la méthode M.

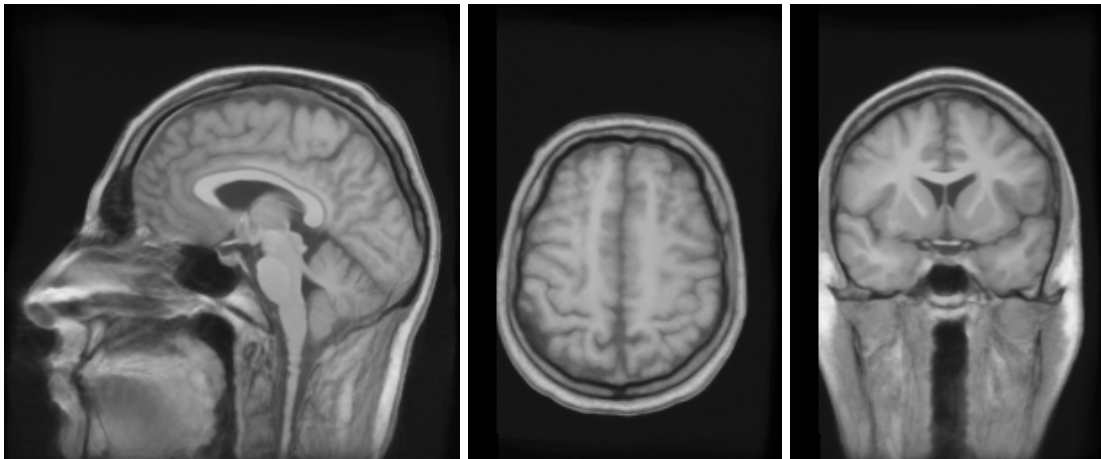


FIG. 2.9 – Volume moyen de la méthode N.

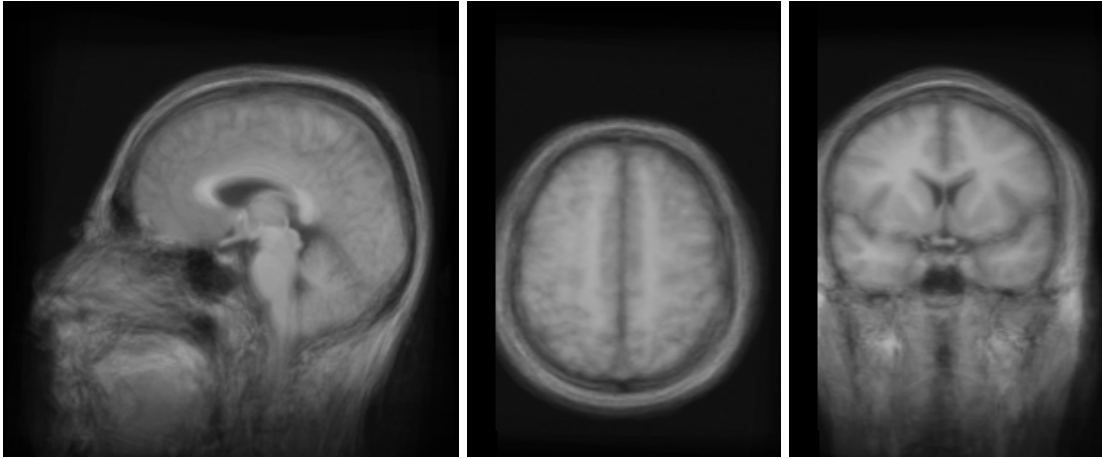


FIG. 2.10 – Volume moyen de la méthode Q.

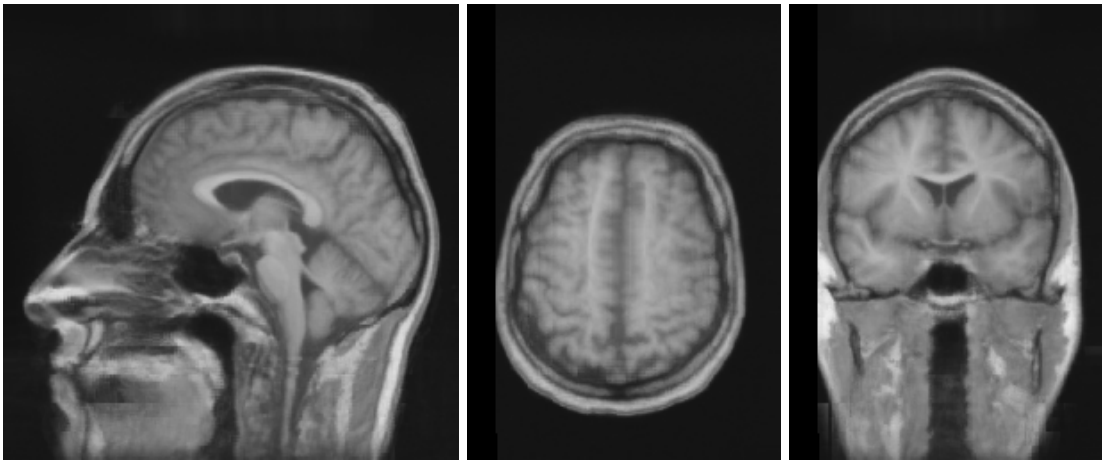


FIG. 2.11 – Volume moyen de la méthode R.

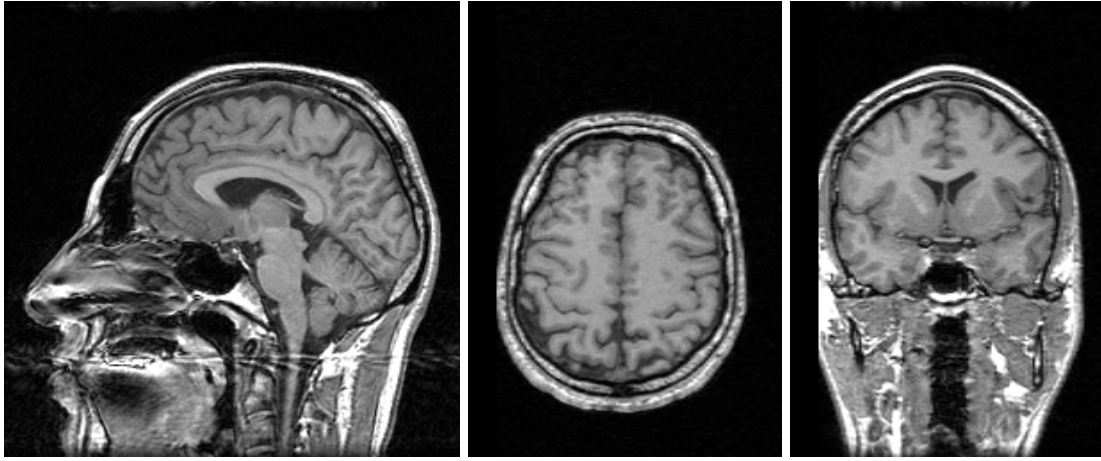
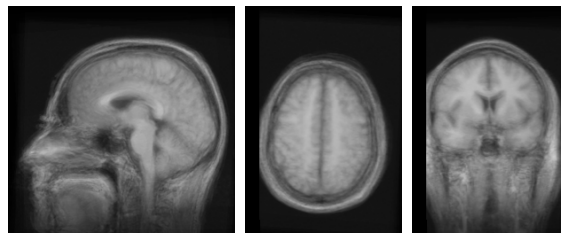
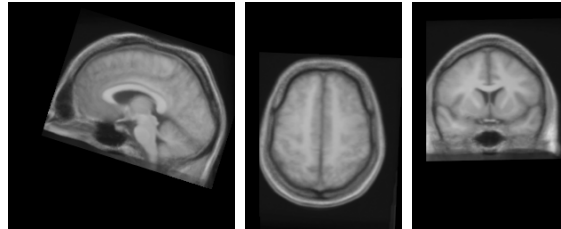


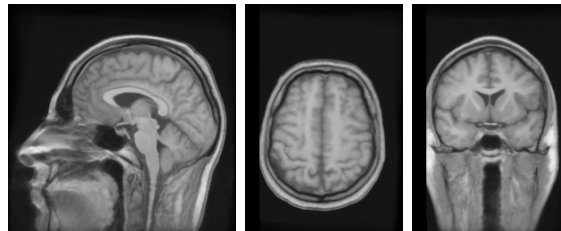
FIG. 2.12 – Sujet de référence.



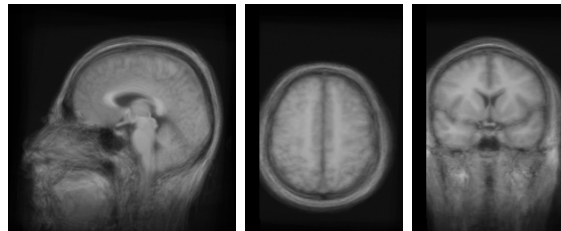
Méthode I



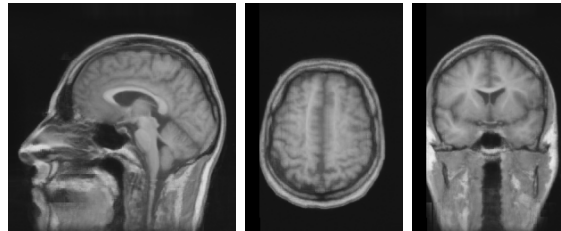
Méthode M



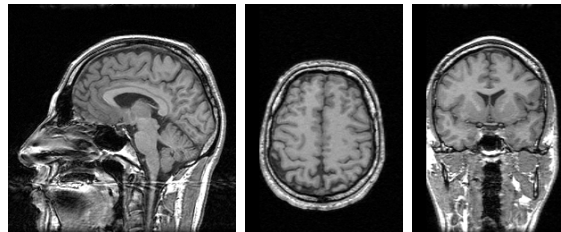
Méthode N



Méthode Q



Méthode R



Sujet de référence

FIG. 2.13 – Comparaison des différentes méthodes de recalage.

Méthode	Support entier	Support réduit au masque de segmentation du cerveau
I	1658.2	1389.9
M	3354.77	987.9
N	616.55	491.1
Q	1973.7	1064.4
R	502.0	385.6

TAB. 2.1 – Écart quadratique moyen (EQM) entre le volume moyen obtenu pour chaque méthode et le volume de référence. Un premier calcul est effectué sur l’intégralité du support du sujet de référence, et un second calcul est limité sur le support du masque de segmentation du cerveau du sujet de référence.

## 2.2 Étude sur des critères anatomiques

Afin d’évaluer le recalage fourni par chaque méthode, la visualisation de volumes reconstruits est insuffisante car son appréciation est subjective. L’évaluation objective donnée par l’EQM entre le volume moyen et le sujet de référence est également insatisfaisante car cette mesure est liée, pour la plupart des méthodes, à la fonction de similarité choisie. Il est donc nécessaire d’évaluer le recalage sur des structures anatomiques, par des mesures de recouvrement ou de corrélation. Pour se faire, nous utilisons les cartes de segmentation matière grise/blanche, qui sont des éléments anatomiques pertinents. Par ailleurs, nous utilisons également le volume  $L_{vv}$ , qui n’est pas directement relié à l’anatomie, mais qui est fortement corrélé à l’anatomie sulco-gyrale.

### 2.2.1 Recouvrement des matières grises et blanches

Nous disposons pour chaque sujet des cartes de segmentation matière grise et matière blanche. Il est donc possible d’étudier l’impact des différentes méthodes de recalage sur la mise en correspondance de ces cartes anatomiques. Pour chaque classe de matière, nous calculons le recouvrement entre cette classe déformée<sup>1</sup> et la classe du sujet de référence. Ce recouvrement est calculé par les mesures de spécificité, sensibilité et performance totale présentés dans la partie I, section 3.1.2.3. Pour des raisons de concision, nous ne présentons sur la table 2.2 que la mesure de performance totale. Pour une méthode, et pour une des deux classes considérées, nous calculons la moyenne et la variance empirique de la performance totale de l’ensemble des sujets.

1. Les volumes déformés sont reconstruits par interpolation trilinéaire

Méthode	Classe	Moyenne	Variance
I	gris	88.8	0.13
	blanc	87.5	0.17
M	gris	91.9	0.08
	blanc	89.6	0.07
N	gris	95.8	0.04
	blanc	96.7	0.04
Q	gris	93.5	0.06
	blanc	95.1	0.04
R	gris	93.9	0.10
	blanc	95.0	0.14

TAB. 2.2 – Tableau de comparaison du recouvrement entre les classes de matière grise et matière blanche. Pour chaque méthode, la valeur moyenne sur la base de donnée du recouvrement entre le tissu du sujet de référence et le tissu d’un sujet déformé est calculée, ainsi que la variance de cette variable.

Bien évidemment, l’extraction des cartes de segmentation est entachée d’erreurs que nous ne savons pas quantifier. Malgré tout, ces cartes permettent de comparer les différentes méthodes puisqu’elles subissent identiquement les erreurs de segmentation. La méthode I montre qu’avec une méthode linéaire, il est tout de même possible d’atteindre 88% de recouvrement sur les cartes de segmentation. Les méthodes N, Q et R semblent donner des résultats comparables, avec toutefois une variance significativement plus élevée pour la méthode R.

La méthode Q donne de bons résultats pour ce critère (du moins significativement meilleurs que la méthode rigide), ce qui peut être expliqué par le principe du recalage. En effet les points extrémaux du cerveau sont repérés manuellement, ce qui donne des conditions limites favorables au recouvrement des cartes de segmentation. La méthode M semble donner des résultats légèrement moins convaincants, mais n’oublions pas que le champ final est calculé à une résolution de  $4mm$ , c’est à dire que le champ est constant sur une grille de  $4mm$  de côté.

### 2.2.2 Corrélation des volumes Lvv

Le Lvv représente la dérivée seconde de l’image dans la direction tangente à l’iso-contour passant par le point courant. Cette mesure n’est donc pas directement liée à l’anatomie du sujet, mais elle a été appliquée avec succès pour distinguer les sillons corticaux des gyri. Chaque volume Lvv est donc déformé, par interpolation trilineaire, vers le sujet de référence par les différentes méthodes de recalage, ce qui permet de calculer la corrélation simple entre le Lvv déformé et le Lvv du sujet de référence. Nous ne calculons la corrélation que sur le support du masque de segmentation du cerveau, car le volume Lvv n’est significatif que dans cette zone. Nous calculons ensuite pour chaque méthode la moyenne et la variance empirique des corrélations obtenues sur l’ensemble des sujets de la base de donnée. Les résultats sont présentés en table 2.3.



Méthode	Moyenne	Variance
I	0.01	0.001
M	0.17	0.003
N	0.43	0.005
Q	0.16	0.003
R	0.32	0.008

TAB. 2.3 – Moyenne et variance, calculées sur les sujets de la base de donnée, de la corrélation entre le Lvv du sujet de référence et le Lvv du sujet déformé par une méthode de recalage.

On peut tout d’abord constater la faible valeur relative des moyennes des corrélations sur le Lvv, pour l’ensemble des méthodes. Ceci indique probablement que la mise en correspondance des structures gyrales n’est pas satisfaisante, et ce point sera étudié plus en détails dans le chapitre suivant 3.

La méthode I obtient un score très faible, ce qui n’est pas étonnant car cette méthode n’estime qu’un recalage rigide. Malgré tout, il est intéressant de comparer les méthodes non-rigides à un recalage rigide. Les méthodes M et Q donnent un résultat comparable, avec une corrélation moyenne voisine de 0.17. Il est nécessaire de rappeler que la méthode M est calculée sur une grille de  $4mm$ , ce qui pénalise la résolution des champs de déformation. Les méthodes R et N se détachent, avec une amélioration significative pour la méthode N.

## 2.3 Conclusion partielle

Dans ce chapitre, des mesures “globales” d’évaluation des algorithmes de recalage ont été mises en oeuvre. Tout d’abord, les volumes déformés d’un sujet vers le sujet de référence ont été présentés. Cela permet de comprendre la difficulté de comparaison des méthodes, ainsi que le problème de l’appréciation de la qualité des différents recalage. Pour chaque méthode, nous avons calculé le volume moyen, à partir de tous les sujets déformés, ainsi que l’écart quadratique avec le sujet de référence. Nous avons ensuite évalué les recalage sur des critères reliés à l’anatomie.

Dans tous les cas, la méthode I, qui consiste simplement en un recalage rigide, donne une base de comparaison permettant de montrer l’apport des différentes méthodes non rigide. Parmi les méthodes non-rigides, et au vu des résultats obtenus, il semble se détacher 2 classes plus ou moins distinctes, les méthodes M et Q d’une part, et les méthodes N et R d’autre part. Pour la méthode Q, ces résultats peuvent s’expliquer par la nature de la transformation, qui est affine par morceaux sur une partition de cardinal 12. Pour la méthode M, le champ de déformation est, dans l’espace stéréotaxique, constant sur des mailles de taille  $4mm$ . Le nombre de degré de liberté des transformations M et Q est donc significativement plus faible que pour les méthodes N et R, ce qui pourrait expliquer les résultats obtenus.

Par contre, les résultats sur la corrélation du Lvv, qui donne pour toutes les méthodes des résultats de corrélation moyenne assez faibles, semble indiquer que les différentes méthodes peinent à mettre en correspondance les structures corticales. Nous allons évaluer plus en détails ce point dans le prochain chapitre.

# Chapitre 3

## Mesures locales

Pour étudier plus localement la qualité des différents recalage, il est nécessaire de mettre en oeuvre des mesures adaptées. En particulier, l'impact du recalage sur la mise en correspondance de structures corticales est une question non résolue. Les travaux de Louis Collins [Collins 96] ont commencé à étudier la qualité de mise en correspondance des sillons par la méthode ANIMAL (méthode M).

Pour chaque sujet, 12 sillons (6 par hémisphère) ont été extraits par les méthodes [LeGoualher 97a, LeGoualher 98], décrite plus en détails dans la partie IV, section 3.2. Chaque sillon est décrit sous la forme d'une B-spline [LeGoualher 97a]. La manipulation de ces sillons est donc numériquement aisée, les rééchantillonnage des points de contrôle de la spline étant possible sur chaque axe.

Dans la section 3.1, nous allons visualiser les sillons déformés avec chaque méthode, en les comparant au sillon correspondant du sujet de référence. Nous allons ensuite chercher dans la section 3.2 à quantifier numériquement la qualité du recalage corticale, avec la métrique euclidienne entre sillons déformés, puis par une métrique adaptée à l'étude des formes.

### 3.1 Visualisation de la déformation des sillons

Afin de déformer les sillons d'un sujet vers le sujet de référence par une méthode de recalage, les points de contrôle du sillon considéré sont déformés par la méthode de recalage. Les champs de déformation sont définis sur une grille discrète à coordonnées entières, alors que les points de contrôle des sillons sont à coordonnée réelles. Nous effectuons donc une interpolation trilineaire vectorielle<sup>1</sup> du champ de déformation au point de contrôle courant. La figure 3.1 permet de visualiser le sillon central gauche du premier sujet de la base déformé par les différentes méthodes de recalage. Nous remarquons que les sillons déformés par les méthodes M, N, Q et R sont visuellement bien placés par rapport au sujet de référence, bien que cela ne constitue qu'une constatation visuelle sur un sillon d'un seul sujet. Nous remarquons ensuite les sillons ayant subi une interpolation trilineaire vectorielle afin d'être déformés (M, N et R) semblent un peu moins lisses que les sillons des

---

1. L'interpolation trilineaire d'un vecteur est très simplement une interpolation trilineaire sur chaque composante du champ.

méthodes linéaires, ou localement linéaires (I et Q).

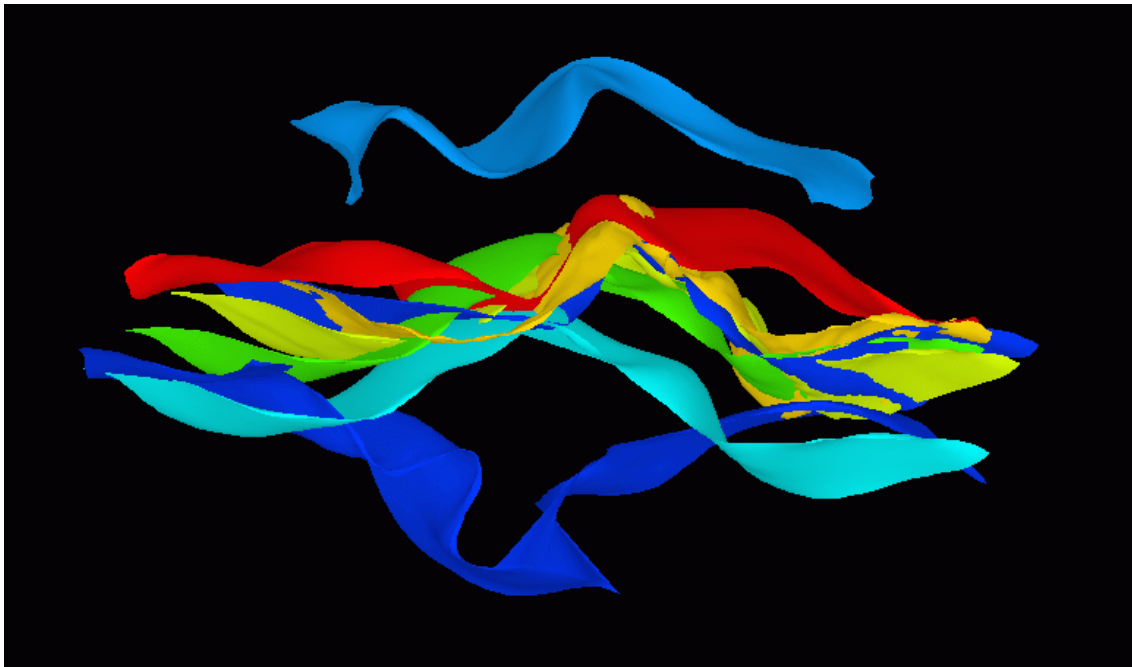


FIG. 3.1 – Résultats de déformation du sillon central du sujet 01, comparés avec les sillons centraux (rouge), précentraux (bleu foncé en bas) et postcentraux (bleu ciel) du sujet de référence. Le sillon déformé par la méthode I est en bleu clair, celui de la méthode M en vert, celui de la méthode N en bleu foncé, celui de la méthode Q en jaune, celui de la méthode R en ocre.

### 3.1.1 Sillons déformés superposés

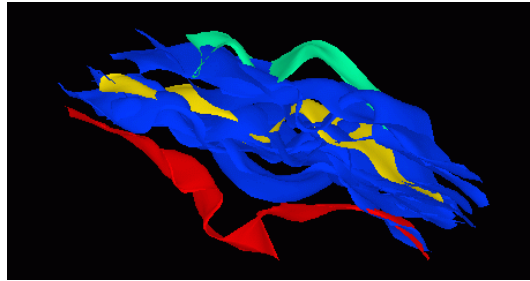
Dans un premier temps, nous pouvons visualiser pour chaque méthode comment le même sillon de tous les sujets se déforme vers le sillon correspondant du sujet de référence (sillon de référence). Nous avons choisi de visualiser les déformations du sillon central, du sillon frontal supérieur et du sillon sylvien, dans l'hémisphère gauche. Les résultats de cette déformation sont présentés sur les figures 3.2, 3.3, et 3.4.

Sur la figure 3.2, le sillon central gauche de chaque sujet est déformé vers le sujet de référence et tracé en bleu. Pour faciliter la comparaison, le sillon de référence est placé en jaune, le sillon précentral du sujet de référence est tracé en rouge, et le sillon postcentral du sujet de référence est tracé en vert. Sur la figure 3.3, le sillon frontal supérieur gauche de chaque sujet est déformé pour chaque méthode de recalage, et superposé avec le sillon frontal supérieur gauche de référence (en rouge). Sur la figure 3.4, pour chaque méthode de recalage, le sillon sylvien gauche de chaque sujet est déformé et comparé au sillon sylvien gauche (en rouge), ainsi qu'au sillon temporal supérieur gauche de référence (en vert).

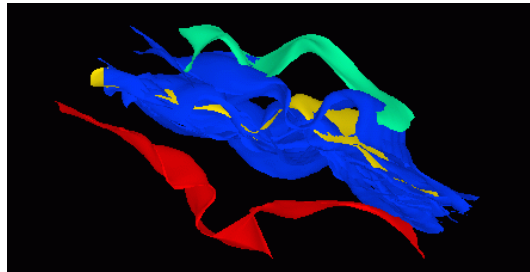
La méthode I donne une variation significative des sillons déformés autour du sillon de référence. Les autres méthodes semblent conduire à une variabilité moins importante,

---

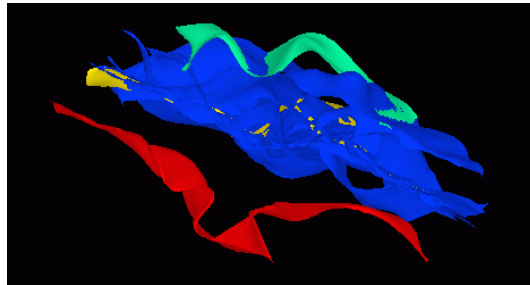
mais il est difficile de distinguer, du moins visuellement, entre les méthodes M,N,Q et R celle qui conduit à la variabilité la plus faible.



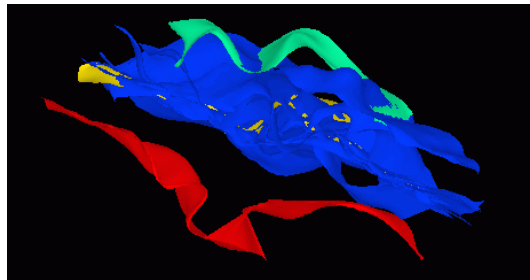
*Méthode I*



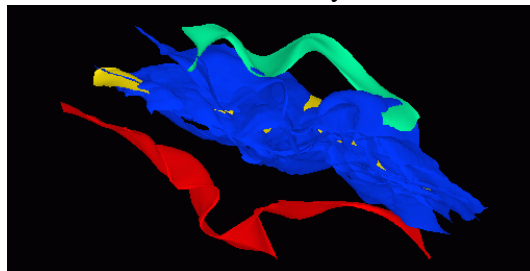
*Méthode M*



*Méthode N*

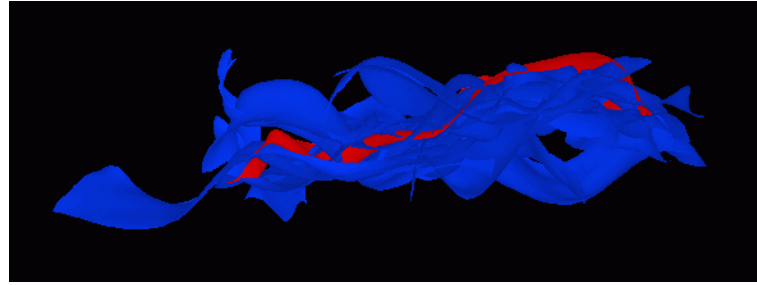


*Méthode Q*

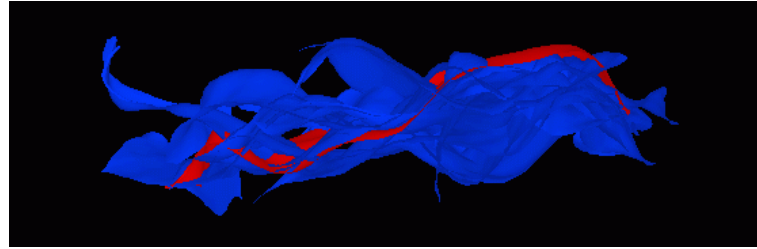


*Méthode R*

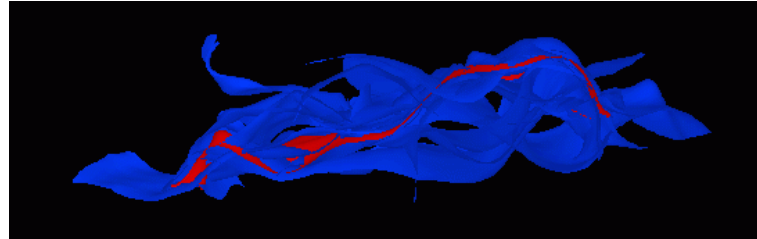
FIG. 3.2 – Sillons centraux déformés. Pour chaque méthode, le sillon central gauche de chaque sujet est déformé vers le sujet de référence et tracé en bleu. Les sillons jaunes, rouge et vert représentent respectivement le sillon central gauche, le sillon précentral et le sillon postcentral du sujet de référence.



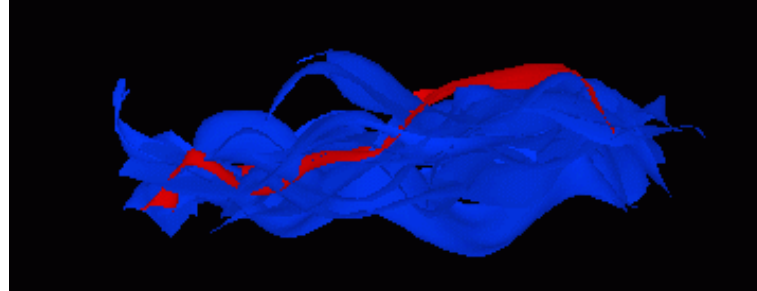
*Méthode I.*



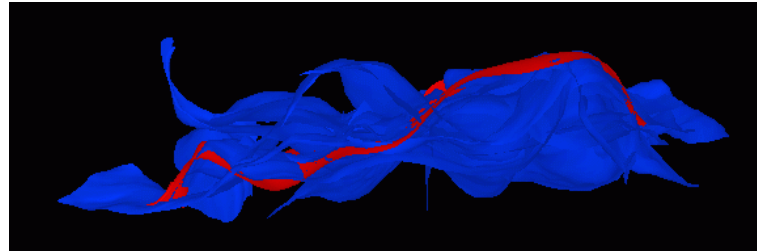
*Méthode M.*



*Méthode N.*

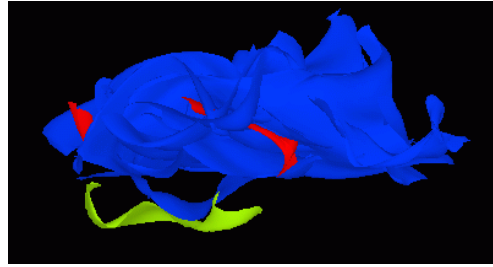


*Méthode Q.*

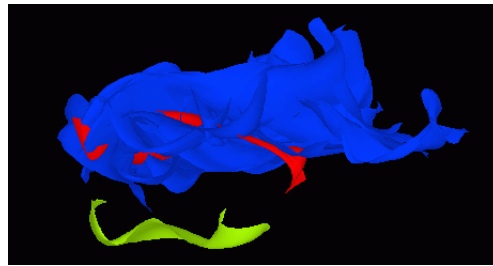


*Méthode R.*

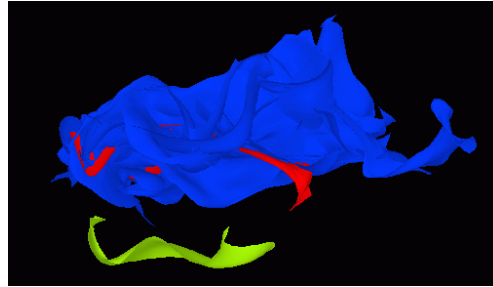
FIG. 3.3 – Sillons frontaux supérieurs gauche déformés. Pour chaque méthode, le sillon frontal supérieur gauche de chaque sujet est déformé vers le sujet de référence et tracé en bleu. Le sillon rouge représente le sillon frontal supérieur gauche du sujet de référence.



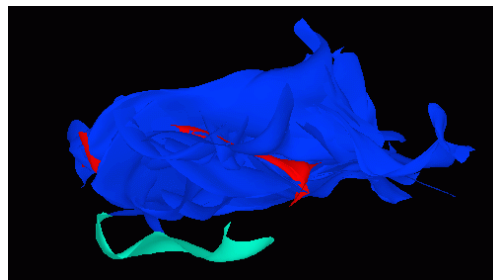
*Méthode I.*



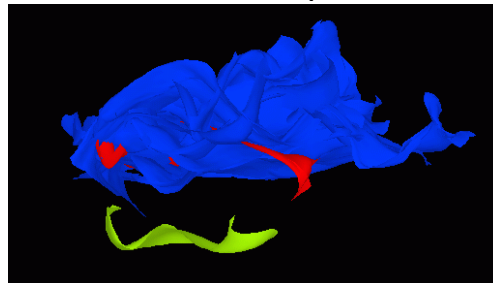
*Méthode M.*



*Méthode N.*



*Méthode Q.*



*Méthode R.*

FIG. 3.4 – Sillons sylviens gauche déformés. Pour chaque méthode, le sillon sylvien gauche de chaque sujet est déformé vers le sujet de référence et tracé en bleu. Les sillons rouge et vert représentent respectivement le sillon sylvien gauche et le sillon temporal supérieur gauche du sujet de référence.

### 3.1.2 Sillons moyens

Les figures précédentes 3.2, 3.3, 3.4 sont difficiles à interpréter en raison du nombre important de sillons déformés. Afin d'obtenir une représentation plus compacte, il est possible de calculer pour chaque méthode un sillon "moyen". Ce sillon est obtenu en rééchantillonnant tous les sillons déformés par un même facteur. Ainsi, tous les sillons ont le même nombre de points de contrôle. Il devient possible de calculer une B-spline dont les points de contrôle sont la moyenne des points de contrôle correspondant du sillon déformé de chaque sujet.

Les figures 3.5, 3.6, et 3.7 donnent les sillons moyens obtenus pour chaque méthode, respectivement pour le sillon central gauche, le sillon frontal supérieur gauche et le sillon sylvien gauche. Les codes de couleur sont donnés sur les légendes des figures. On constate tout d'abord que les formes des sillons moyens sont quasiment identiques pour toutes les méthodes, quelque soit le sillon considéré. Ces formes moyennes sont très lisses, ce qui tend à indiquer que les méthodes non rigides ne déforment pas beaucoup plus les sillons que les méthodes rigides. Si l'on s'intéresse au positionnement du sillon moyen par rapport au sillon correspondant du sujet de référence, on constate que les résultats sont différents en fonction du sillon considéré. Pour le sillon central et le sillon frontal supérieur, les méthodes non-rigides M, N et R sont visiblement mieux alignées sur le sillon de référence. La méthode Q est également assez proche, et le recalage I est le plus éloigné. Pour le sillon



sylvien par contre, il n'est pas possible de dégager de différence significative.

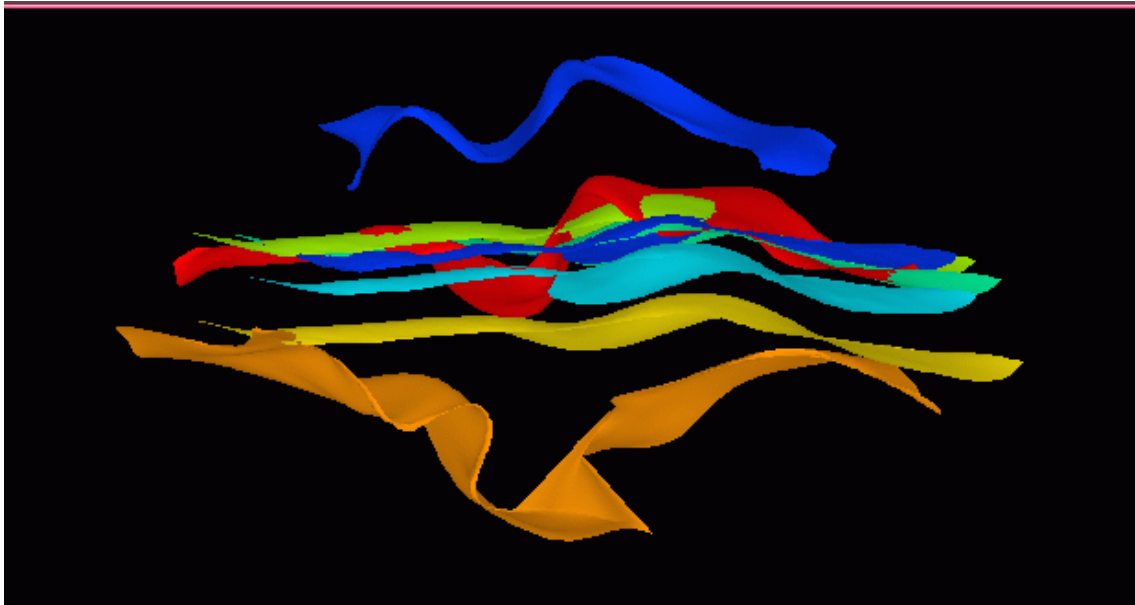


FIG. 3.5 – Pour chaque méthode, un sillons moyen est calculé à partir des sillons centraux gauche de chaque sujet déformé. Pour situer les résultats, les sillons centraux, postcentraux et précentraux du sujet de référence sont tracés en rouge, bleu sombre et orange respectivement. Le sillon moyen de la méthode I est en jaune, celui de la méthode M est en bleu clair, celui de la méthode N en vert clair, celui de la méthode Q en vert olive, celui de la méthode R en bleu sombre. Il faut noter que les sillons moyens des méthodes N, R et Q sont presque superposés, alors que le sillon de la méthode I se distingue nettement, et intersecte par endroits le sillon précentral.

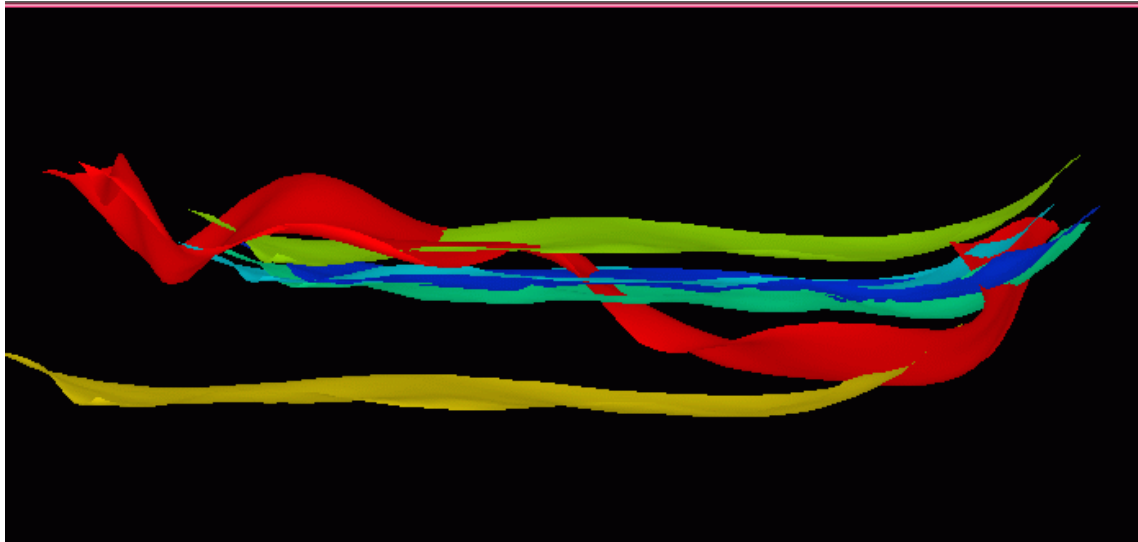


FIG. 3.6 – Pour chaque méthode, un sillon moyen est calculé à partir des sillons frontaux supérieurs gauche de chaque sujet déformé. Le sillon moyen de la méthode I est en jaune, celui de la méthode M est en bleu clair, celui de la méthode N en vert clair, celui de la méthode Q en vert olive, celui de la méthode R en bleu sombre. Le sillon frontal supérieur du sujet de référence est tracé en rouge.

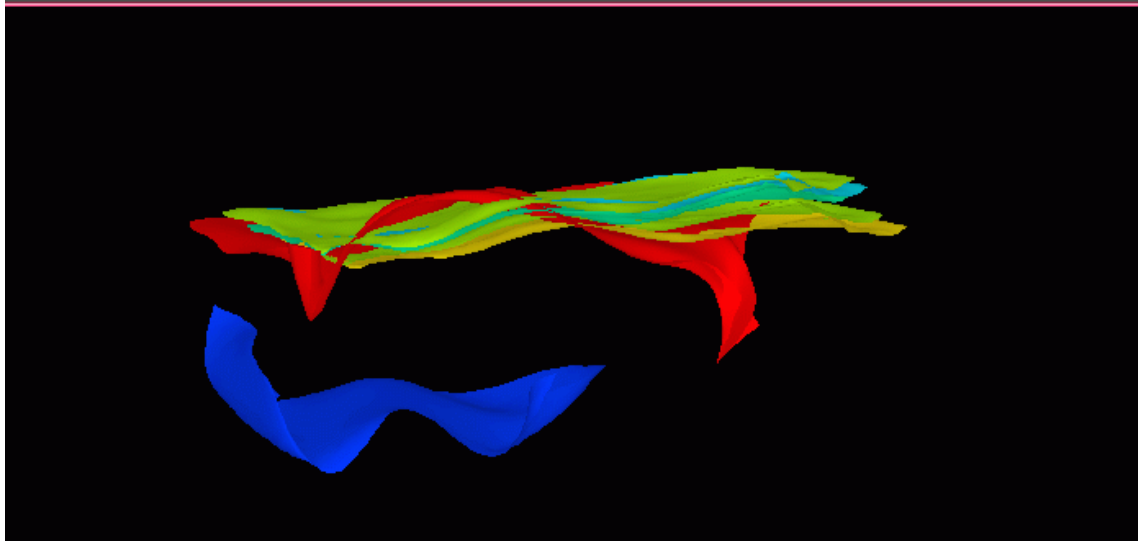


FIG. 3.7 – Pour chaque méthode, un sillon moyen est calculé à partir des sillons sylviens gauche de chaque sujet déformé. Les sillons de chaque méthode sont tracés avec des nuances de jaune, mais il est très difficile de les distinguer car ils sont quasiment superposés. Pour le sujet de référence, le sillon sylvien gauche est tracé en rouge et le sillon temporal supérieur gauche est en bleu sombre.

## 3.2 Évaluation numérique des déformations corticales

Au delà des visualisations, il est souhaitable de juger numériquement de la qualité de mise en correspondance des sillons. Pour cela, nous souhaitons évaluer deux aspects différents : d’une part le positionnement des sillons recalés par rapport au sillon de référence (section 3.2.1), et d’autre part les similitudes de formes entre les sillons déformés, comparés au sillon correspondant de référence (section 3.2.2).

### 3.2.1 Distance entre sillons recalés

Afin de quantifier numériquement l’écart entre les sillons du sujet de référence et les sillons de chaque sujet déformés par une méthode de recalage, il est possible de calculer une distance moyenne entre points de contrôle, après rééchantillonnage. Pour tous les sujets, chaque sillon, et le sillon correspondant du sujet de référence, sont rééchantillonnés de manière à être décrits par le même nombre de points de contrôle. Un même sillon peut être continu chez certains sujets, et interrompus chez d’autres. Il faut donc prendre garde au rééchantillonnage des sillons dans ce cas précis. La mise en correspondance, et la gestion des discontinuités, est expliquée dans la partie IV, section 3.3.2.

Les sillons du volume source sont déformés par une méthode de recalage, et il est ainsi possible de calculer la distance moyenne, relativement à la métrique euclidienne, entre le sillon de référence et le sillon du sujet déformé. Afin de présenter une mesure compacte (il y a 18 sujets et 12 sillons pas sujet), nous calculons la moyenne sur tous les sillons et sur tous les sujets de la distance mesurée. Nous avons également calculé une distance entre les centres de gravité (isobarycentre des points de contrôle) des sillons déformés et de référence. Ces résultats numériques sont présentés en table 3.1, et les distances sont données en voxels (la résolution d’un voxel est de  $0.93mm$ ).

On remarque que les résultats ne sont pas significativement différents entre la méthode M, la plus performante, et la méthode I la moins précise. En effet, l’écart entre ces deux méthodes est de 16%. L’écart extrême entre les méthodes non rigide M et R est de l’ordre de 8%. Différents artefacts viennent perturber cette mesure, erreurs de segmentation des sillons, interpolation du champ de déformation (sauf pour les méthodes I et Q). Le premier chiffre décimal est donc à prendre avec une grande précaution. De plus, cette distance n’est pas toujours adaptée puisque deux sillons dont les formes seraient en “opposition de phase” donneraient une distance élevée. La métrique n’est pas une métrique sur l’espace des formes. Nous allons donc dans la section suivante considérer une distance plus générale et plus appropriée, à l’aide de l’analyse en composantes principales.

Méthode	Distance moyenne entre points de contrôle	Distance moyenne entre centres de gravité
I	11.5	9.1
M	9.9	7.3
N	10.3	7.7
Q	10.7	8.2
R	10.8	8.3

TAB. 3.1 – Distance moyenne entre points de contrôle et centres de gravité, en voxels, calculés entre le sillon du sujet de référence et le sillon correspondant d’un sujet déformé par une méthode de recalage. La moyenne est réalisée sur tous les sujets et sur tous les sillons.

Il est également possible d’effectuer ce calcul de distance entre sillons recalés et sillons de référence, en limitant le calcul à un groupe homogène de sillons. Nous avons choisi de restreindre le calcul au groupe de sillons centraux (hémisphères droits et gauches), frontaux supérieurs (hémisphères droits et gauches), et sylviens (hémisphères droits et gauche). Ces résultats sont présentés, pour chaque méthode, en table 3.2.

On note que les distances pour le sillon central sont nettement inférieures à celle des autres sous-groupes. Les anatomistes savent [Ono 90] que le sillon central est un sillon primaire stable, ce qui pourrait expliquer la différence avec le sillon frontal et le sillon sylvien. Les sous-groupes classent les méthodes globalement dans le même ordre, sauf pour le sillon frontal supérieur. Pour ce sous-groupe, la méthode I donne un résultat étonnamment bon, comparable et même supérieur aux méthodes non rigide. Les méthodes non-rigides ne semblent pas avoir mieux appréhendé la variabilité cortical pour cette zone.

Méthode	Sillons centraux	Sillons frontaux supérieurs	Sillons sylviens
I	8.5	10.5	11.8
M	6.5	10.4	9.5
N	6.9	11.1	9.9
Q	7.1	11.9	10.2
R	7.8	11.5	10.2

TAB. 3.2 – Distance moyenne entre sillon de référence et sillon déformés, calculée sur un sous-groupe de sillons (sillons centraux, sillons frontaux supérieurs, sillons sylviens).

### 3.2.2 Étude statistique des formes recalées

Afin d’étudier les formes des objets parmi une population, l’extraction des modes de variation de ces formes basée sur l’analyse en composantes principales est un outil puissant qui a été utilisé dans de nombreux contextes [Barillot 99, Caunce 98, Cootes 95, LeGoualher 00, Kervrann 95, Martin 98, Nikou 97]. Le principe de cette décomposition est expliqué dans la partie IV, section 2.2.3.2. Ce travail a été réalisé en collaboration avec Isabelle Corouge, qui s’intéresse dans sa thèse aux modèles déformables en imagerie cérébrale.

Nous disposons pour chaque sillon d’une population  $\mathcal{P}$  de forme  $\mathbf{x}$  constituée par le

sillon du sujet de référence  $\mathbf{x}_{ref}$ , et les sillons correspondant  $\mathbf{x}_m^s$  de chaque sujet  $s$  déformé par la méthode de recalage  $m$ , soit :

$$\mathcal{P} = \{\mathbf{x}_I^1, \dots, \mathbf{x}_I^{19}, \mathbf{x}_M^1, \dots, \mathbf{x}_M^{19}, \dots, \mathbf{x}_R^1, \dots, \mathbf{x}_R^{19}\}$$

Nous cherchons à analyser les variations de chaque forme  $\mathbf{x}$  par rapport à la forme de référence  $\mathbf{x}_{ref}$ , puis à dégager pour chaque sous-groupe de méthode les caractéristiques des variations. Le vecteur de déplacement  $\tilde{\mathbf{x}} = \mathbf{x} - \mathbf{x}_{ref}$  est décomposé selon les vecteurs propres  $\phi_i$  de la matrice de covariance  $\mathcal{C}$  de  $\mathbf{x}$  ( $\mathcal{C} = \mathbb{E}[(\mathbf{x} - \mathbf{x}_{ref})(\mathbf{x} - \mathbf{x}_{ref})^T]$ ). Pour chaque forme  $\mathbf{x}$ , on obtient une décomposition du type  $\mathbf{x} = \sum_i b_i \phi_i$ . La décomposition de l'ensemble des sillons de chaque méthode est faite dans une même base afin que la comparaison des formes de chaque sous-groupe puisse être équivalente à la comparaison des coefficients de décomposition de chaque sujet. Il faut ici garder en mémoire que nous analysons les déplacements non pas par rapport à une forme moyenne, comme c'est couramment le cas, mais par rapport à la forme de référence. Les coefficients de la forme de référence dans la base de décomposition sont donc tous nuls, ce qui signifie que les coefficients d'une forme  $\mathbf{x}_m^s$  quantifie dans l'espace des formes la qualité de recalage du sujet  $s$  par la méthode  $m$ , pour le sillon considéré. Ce type de décomposition définit une métrique sur l'espace des formes. Pour de plus amples détails sur l'expression mathématique de cette décomposition, le lecteur avide pourra se reporter par exemple à [Kervrann 95].

L'analyse statistique fournit plusieurs indications : la décroissance des modes est un facteur intéressant, car il fournit, pour chaque méthode, le pourcentage de variation qui peut être expliqué par chaque mode. Les décroissance des modes pour le sillon central gauche est donnée sur la figure 3.8. On peut observer 2 classes, les méthodes I et M d'une part, et les méthodes M, N et R d'autre part. La décroissance de l'importance des modes est plus rapide pour les méthodes non-rigides, avec environ 70% de variation qui peut être expliquée par le premier mode uniquement, pour tous les sujets. Pour les méthodes rigides, la décroissance des modes est moins marquée, bien que le premier mode explique tout de même 40% des variations de forme. Cette répartition des modes est intéressante, car elle montre que les variations des méthodes non-rigides sont plus concentrées sur le premier mode de variation.

Cela peut également se noter sur les figures 3.9 et 3.10. Si l'on restreint l'étude des variations aux deux premiers modes, il est possible d'obtenir une représentation géométrique des classes formées par chaque méthode. Sur la figure 3.9, le centre du repère est le sillon de référence. Les éléments de couleur sont les sillons centraux gauche de chaque sujet déformés et dont les coordonnées sont  $b_0$  et  $b_1$ , qui sont les composantes de ce sillon sur les deux premiers modes. Pour chaque méthode, les ellipses tracées sont centrées au centre de gravité des sillons déformés ; tandis que ses dimensions correspondent aux variances des distributions des variables  $b_0$  et  $b_1$ . La figure 3.10 est la même représentation, mais pour le sillon frontal supérieur. Les ellipses des deux méthodes "linéaires" I et Q semblent plus circulaires que celles des méthodes non-rigides M, N et R. Les distances entre le centre de chaque ellipse et le centre du repère (sillon de référence) doivent être interprétées avec précaution puisque le tracé est restreint sur les deux premiers modes de variation.

Si l'on effectue une analyse pour chaque sous-groupe, il est possible de calculer la trace de la matrice de covariance. Cette trace reflète la variance totale sur tous les axes, pour la population donnée. L'avantage principal de la trace est son invariance par changement de repère orthonormal. En effet les modes de variation entre les sous-groupes ne sont

pas comparables, puisque les bases de vecteurs propres ne sont pas les mêmes pour les différents sous-groupes, alors que la trace est un invariant significatif. Ces résultats sont donnés sur les tables 3.3, 3.4 et 3.5, pour les sillons centraux gauche, frontaux supérieurs gauche et sylviens gauches respectivement.

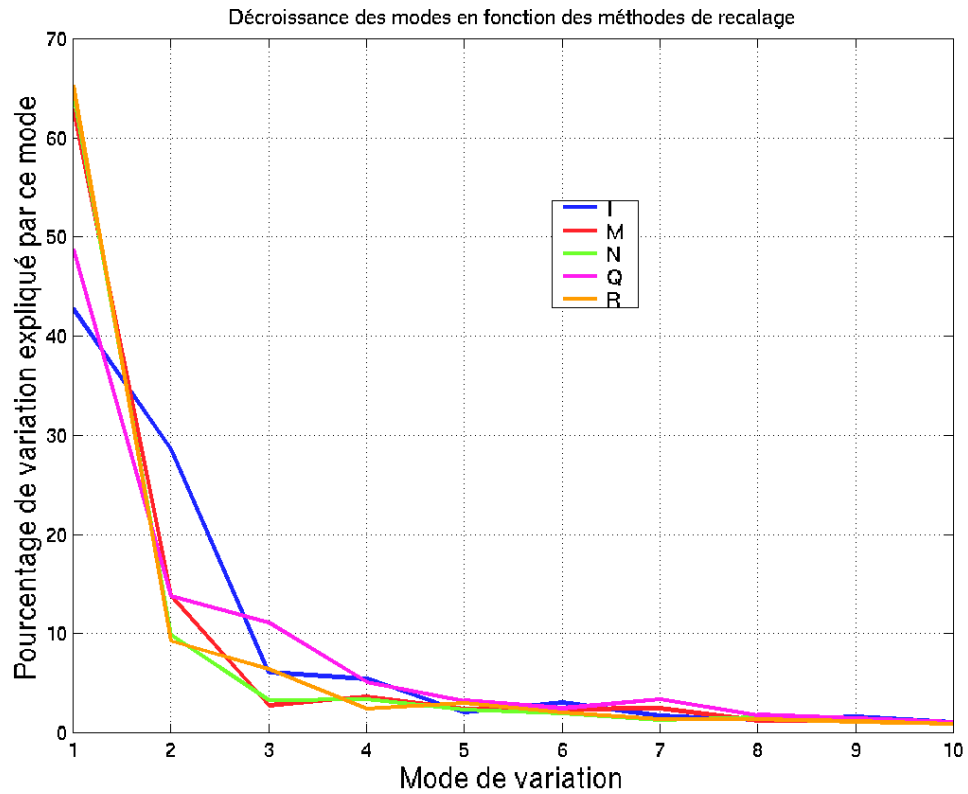


FIG. 3.8 – Décroissance des 10 premiers modes de variation de chaque méthode. Les méthodes non-rigides M, N et R semblent caractérisées par une importance plus forte du premier mode, ainsi qu'une décroissance plus rapide des modes suivants.

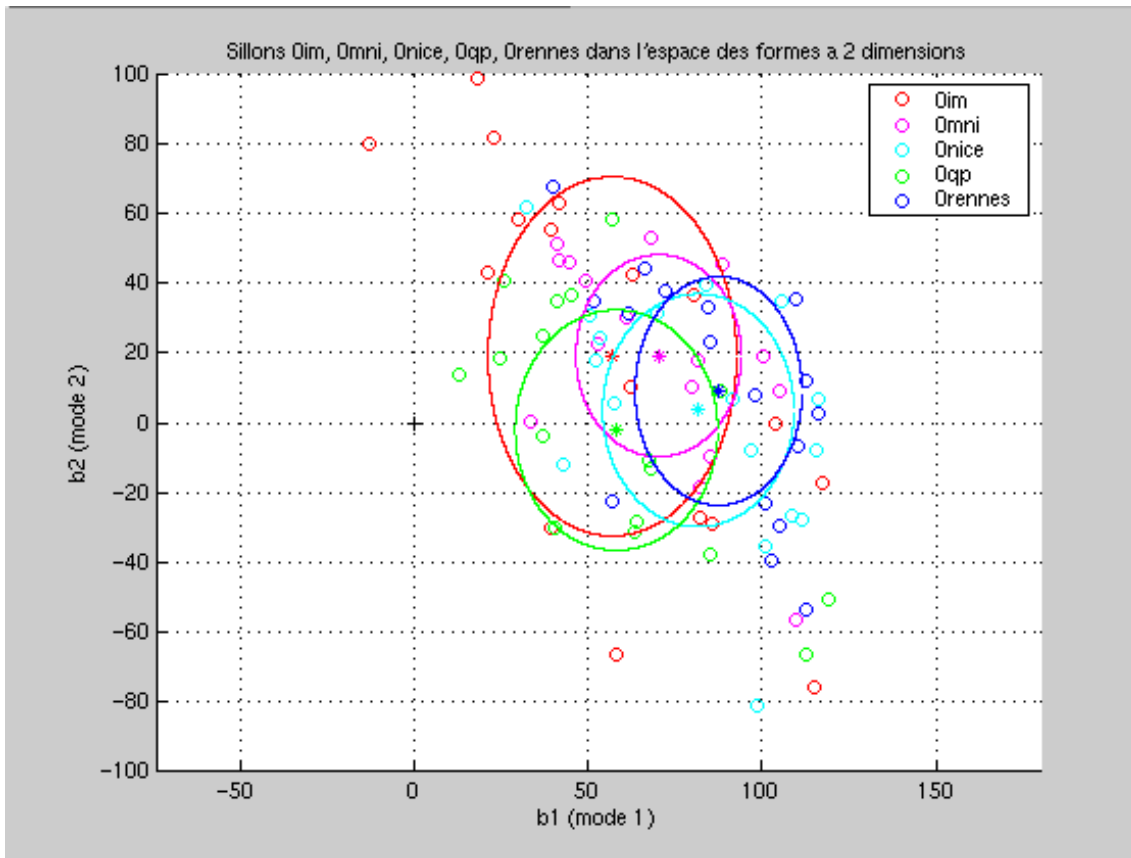


FIG. 3.9 – Visualisation géométrique, dans l'espace des deux premiers modes de déformation, de la position des sillons centraux gauche des sujets déformés par les différentes méthodes de recalage. Pour chaque méthode, les ellipses sont centrées sur la moyenne des composantes de chaque mode, tandis que les dimensions de l'ellipse sont les variances des composantes sur chaque axe.

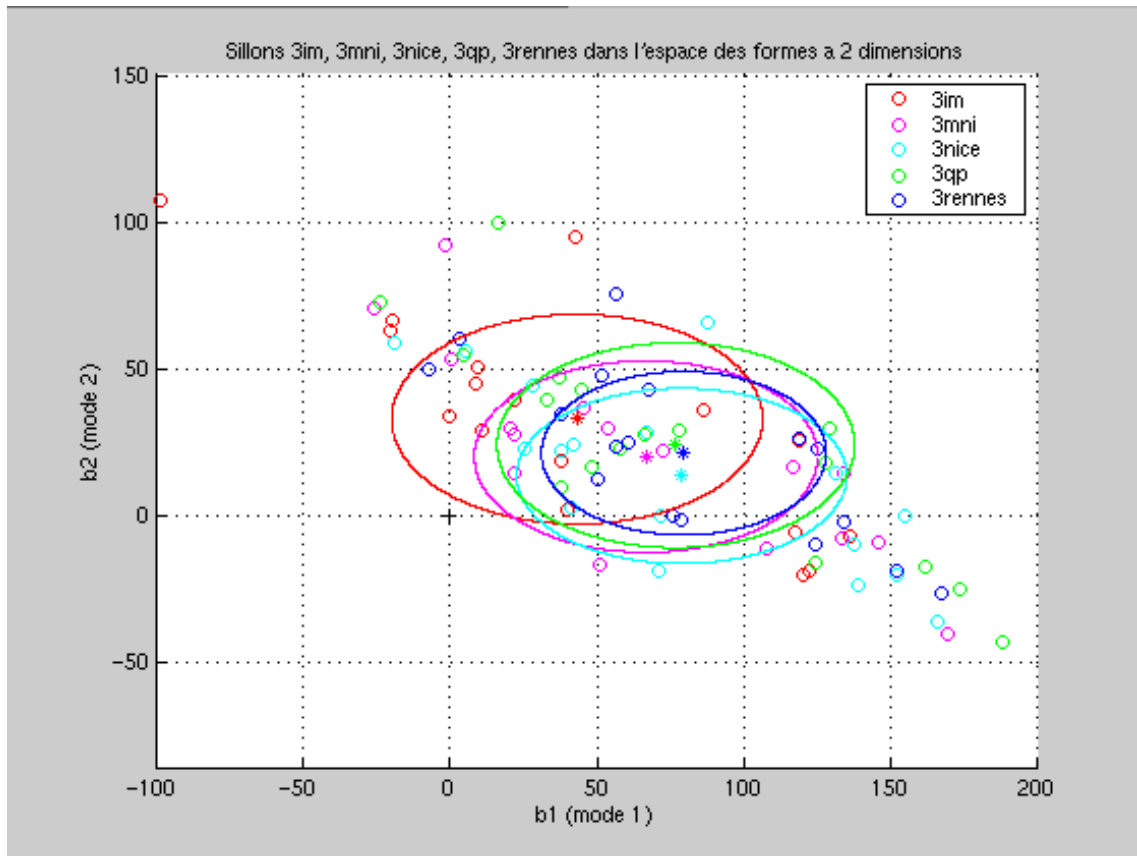


FIG. 3.10 – Visualisation géométrique, dans l'espace des deux premiers modes de déformation, de la position des sillons frontaux supérieurs gauche des sujets déformés par les différentes méthodes de recalage. Pour chaque méthode, les ellipses sont centrées sur la moyenne des composantes de chaque mode, tandis que les dimensions de l'ellipse sont les variances des composantes sur chaque axe.

Méthode	Trace de la matrice de covariance
I	10565
M	8754
N	11476
Q	8671
R	12500

TAB. 3.3 – Pour les sillons centraux gauche, trace de la matrice de covariance obtenue pour chaque méthode. Les analyses sont faites indépendamment pour chaque méthode, ce qui conduit à des bases de vecteur propres différentes. cependant, les traces, représentant la variance totale de la population sur les axes, sont comparables car invariantes par changement de repère orthonormal.



Méthode	Trace de la matrice de covariance
I	10565
M	11773
N	13040
Q	14607
R	12600

TAB. 3.4 – Pour les sillons frontaux supérieurs gauche, trace de la matrice de covariance obtenue pour chaque méthode. Les analyses sont faites indépendamment pour chaque méthode, ce qui conduit à des bases de vecteur propres différentes. cependant, les traces, représentant la variance totale de la population sur les axes, sont comparables car invariantes par changement de repère orthonormal.

Méthode	Trace de la matrice de covariance
I	23340
M	18748
N	17784
Q	20964
R	18097

TAB. 3.5 – Pour les sillons sylviens gauche, trace de la matrice de covariance obtenue pour chaque méthode. Les analyses sont faites indépendamment pour chaque méthode, ce qui conduit à des bases de vecteur propres différentes. cependant, les traces, représentant la variance totale de la population sur les axes, sont comparables car invariantes par changement de repère orthonormal.

### 3.3 Conclusion partielle

Nous avons mis en oeuvre dans ce chapitre des mesures locales d'évaluation des algorithmes de recalage. Ces mesures sont basées sur la qualité de mise en correspondance des sillons corticaux. Les sillons corticaux sont extraits par l'algorithme développé par G. Le Goualher [LeGoualher 97a], qui fournit une modélisation sous la forme de B-spline de l'âme des sillons. Cette représentation paramétrique explicite est très adaptée à la manipulation numérique.

Les critères retenus sont les distances moyennes entre sillons déformés et sillons de référence d'une part, et l'analyse modale des déformations d'une population homogènes de sillons par rapport au sillon de référence correspondant d'autre part. Il ne faut cependant pas négliger l'importance des visualisations des sillons déformés, car les critères psychovisuels permettent de se rendre rapidement compte des performances de chaque méthode. En particulier, la figure 3.2 (présentant le même sillon des différents sujets déformés) est importante, car elle fournit un élément important de comparaison, même s'il n'est pas numérique. Ce résultat peut même être jugé comme étant en contradiction avec les résultats numériques ultérieurs.

En conclusion, nous n'avons pas pu, à partir de ces mesures, dégager de différences significatives entre les différentes méthodes de recalage. Pour ce qui est de la mise en correspondance des sillons corticaux, les méthodes rigides et non rigides semblent donner des résultats comparables. Ce résultat est surprenant, et est sans doute lié à la grande variabilité inter-individuelle qui n'est pas mieux appréhendée par les modèles de déformation des méthodes non-rigides.

Cependant, les mesures de distance sont à améliorer. En particulier, observons la figure 3.11. Le sillon R est le sillon de référence, et les sillons 1 et 2 sont des sillons déformés à comparer avec le sillon de référence. Quel est celui qui est le mieux recalé? Ce point peut être discuté, mais il nous semble que le sillon 1 est mieux positionné par rapport au sillon de référence. Cependant, pour les mesures que nous avons mises en oeuvre, il donnera une distance plus importante (pour la métrique euclidienne et pour la métrique de l'espace des formes).

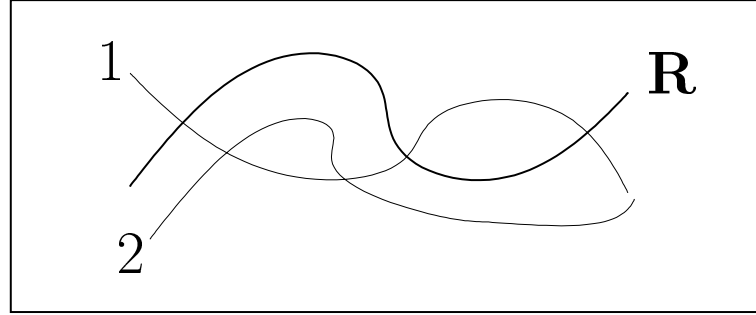


FIG. 3.11 – Le sillon R est le sillon de référence, et les sillons 1 et 2 sont des sillons déformés. Quel est celui qui est le mieux recalé? Le sillon 1 est mieux positionné, tandis que le sillon 2 est plus semblable si l'on considère la forme.

Nous pensons donc à modifier le calcul de distance, pour y introduire une distance signée par rapport au plan moyen. Ce calcul est expliqué dans la figure 3.12. La distance que nous calculons entre le sillon de référence R et un sillon déformé S vaut :

$$d_i = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^{i=N} \|\overrightarrow{M_i^R M_i^S}\|.$$

Il serait judicieux de modifier cette distance en y introduisant la direction du vecteur  $\overrightarrow{M_i^R M_i^S}$  :

$$d_s = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^{i=N} \left( \frac{\vec{N} \cdot \overrightarrow{M_i^R M_i^S}}{\|\vec{N}\| \|\overrightarrow{M_i^R M_i^S}\|} \right) \|\overrightarrow{M_i^R M_i^S}\|.$$

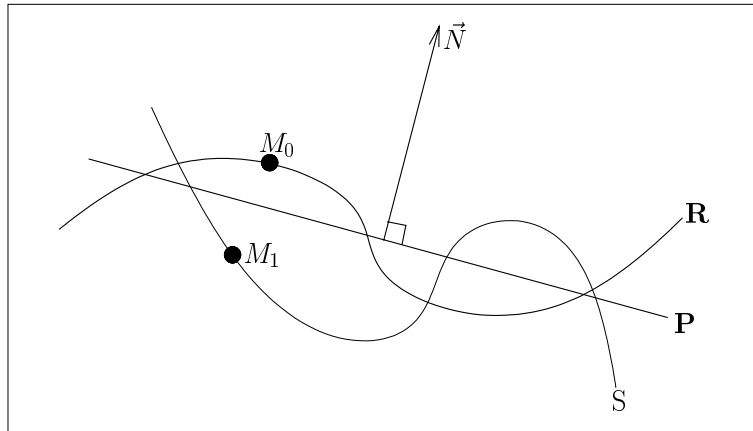


FIG. 3.12 – Calcul signé de distance entre sillons déformés.

# Chapitre 4

## Discussion

Nous avons dans cette partie mis en oeuvre des critères globaux et locaux pour valider différentes méthodes de recalage d'images cérébrales. La validation a été menée sur une base de donnée de 18 sujets, et sur 5 méthodes de recalage. Rappelons brièvement les méthodes de recalage évaluées :

- Méthode I, recalage rigide basé sur la maximisation de l'information mutuelle.
- Méthode M, recalage par l'algorithme ANIMAL développé au MNI (Montréal).
- Méthode N, recalage par la méthode des "démons" développé à l'INRIA Sophia-Antipolis (Nice).
- Méthode N, recalage par quadrillage proportionnel de Talairach.
- Méthode R, recalage par l'approche présentée dans la partie I (Rennes).

Les critères globaux sont basés sur la construction d'un volume moyen et sa comparaison avec le volume de référence, l'étude des recouvrements entre classes de tissus gris et blancs, le calcul de la corrélation entre les volumes  $L_{vv}$ . Ces critères globaux ont montré l'apport des méthodes non rigides. Pour ces mesures, les méthodes M et Q donnent des résultats similaires, tandis que les méthodes N et R fournissent des résultats comparables entre eux et significativement meilleurs que les méthodes M et Q. Il faut néanmoins rappeler que le champ final de la méthode M est calculé à une résolution de  $4mm$ , ce qui explique en partie les résultats obtenus.

Les critères locaux sont basés sur la qualité de mise en correspondance des sillons corticaux. Nous avons évalué cette qualité en calculant d'une part des mesures moyennes de distance entre sillons déformés et sillons de référence correspondant, et d'autre part par une analyse modale des populations de sillons déformés, par rapport au sillon correspondant de référence. Ces critères locaux ont montré que l'apport des méthodes non rigides sur les méthodes rigides est faible. Les mesures de similarité choisies, basées sur la mise en correspondance de voxels de luminance identique, associées aux modèles de déformations régularisés choisis, ne sont pas adaptés à la mise en correspondance des sillons corticaux.

Bien évidemment, certains critères sont absents de cette évaluation, comme la facilité de mise en oeuvre, le coût de calcul, le degré d'interaction de l'expert, le nombre d'hyperparamètres ainsi que la sensibilité de l'algorithme à ces paramètres, la robustesse de la méthode (au bruit, aux inhomogénéités de champ..), la cohérence spatiale du champ de déformation (la méthode N présente en particulier des zones où le champ semble trop peu

régulier)<sup>1</sup>. Ces critères sont pour la plupart très difficiles à évaluer, car ils nécessitent une centralisation non pas des résultats, mais du développement et du lancement des recalages, ce qui représente une charge très importante.

L'évaluation sur des critères locaux pose la question de l'identification automatique, ou guidée, des sillons corticaux par un recalage non-rigide. Si l'on considère un sillon individuellement, l'étude que nous avons faite sur les critères locaux laisse penser que l'identification automatique sera difficile. Cette étude n'a toutefois été faite qu'avec un sujet de référence. Cependant, les méthodes non-rigides ont montré un apport léger pour le recalage des sillons. Sur la population des sillons centraux, les distances finales atteintes sont de l'ordre de 7 voxels, c'est à dire de l'ordre du quart de la distance entre sillons voisins du sujet de référence<sup>2</sup>. Si l'on considère les sillons non plus individuellement, mais dans leur contexte spatial, et que l'on considère non plus un sujet de référence, mais un sujet moyen où l'on dispose de probabilités de présence de sillons, alors cette identification pourrait être envisagée.

Il serait intéressant dans l'avenir d'étudier la dépendance entre le recalage anatomique et le mapping de données fonctionnelles, par exemple en étudiant la distribution des activités de chaque sujet, déformés vers le sujet de référence. Une "bonne" méthode de recalage conduira-t-elle à une distribution plus regroupée des activités déformées vers le sujet de référence? Cette étude pose bien évidemment des problèmes de validation, en particulier concernant les erreurs de localisation et de reconstruction des activités fonctionnelles. De plus, la corrélation entre anatomie et fonction est encore mal connue pour les activités complexes.

Enfin, ce projet de validation des méthodes de recalage n'est pas figé, et peut facilement intégrer par la suite d'autres méthodes de recalage.

---

1. Notons par exemple que le sujet 09 a été retiré de l'évaluation de la méthode M, car le recalage a échoué

2. La distance, pour le sujet de référence, entre le sillon central gauche et le postcentral gauche est de 30 voxels, et elle vaut 25 voxels entre le sillon central gauche et le sillon précentral gauche.

---

Quatrième partie

Coopération  
segmentation/recalage



# Chapitre 1

## Introduction

Les processus de segmentation et recalage sont intrinsèquement liés. D'une part certaines approches de recalage [Bookstein 89,Chui 99,Thompson 96,Szeliski 93,Vaillant 99] utilisent des amers issus d'algorithmes de segmentation. L'introduction de contraintes anatomiques permet d'obtenir une précision accrue pour les zones de contrainte, et assure dans ces régions une déformation anatomiquement cohérente. D'autre part, des approches de segmentation automatique par des algorithmes de recalage ont été développées [Collins 95,Dawant 99b], basées sur le principe d'atlas déformables.

Cette partie est dédiée à la coopération entre segmentation et recalage. Dans le chapitre 2, l'algorithme de recalage présenté dans la partie I est utilisé afin de guider un processus de segmentation basé sur la méthode des ensembles de niveaux. Nous montrons qu'une segmentation, même grossière, améliore les résultats obtenus en terme de précision, robustesse, et temps de calcul.

Dans la chapitre 3, l'algorithme de recalage non rigide présenté dans la partie I est enrichi de contraintes sulcales éparses. En effet, les résultats de la partie III montrent que les méthodes de recalage non rigide peinent à mettre en correspondance les zones corticales. Nous montrons que le cadre formel de formulation du recalage permet d'intégrer des informations éparses de manière naturelle. Nous montrons ensuite l'apport de cette contrainte pour le recalage de la base de donnée de 18 sujets.





## Chapitre 2

# Utilisation du recalage pour la segmentation automatique de structures cérébrales

### 2.1 Introduction

L'analyse automatique de données volumiques devient de plus en plus nécessaire, en particulier en ce qui concerne la segmentation de structures anatomiques. La localisation précise de structures cérébrales est une tâche indispensable pour le suivi et la quantification de l'évolution de multiples lésions, telles que la sclérose en plaques, la maladie de Parkinson (*locus niger*), la maladie d'Alzheimer (atrophie de l'hippocampe). De même, les recherches en neurosciences nécessitent une quantification de la taille des différentes structures cérébrales, et du cerveau. Ainsi, les caractéristiques du cerveau sont des éléments importants pour son étude et sa compréhension. En raison du grand nombre de données et de la nature extrêmement fastidieuse de cette tâche, la segmentation manuelle de structures cérébrales est inappropriée pour une étude sur une large base de donnée. De plus, les opérations manuelles varient beaucoup d'un expert à l'autre (variabilité inter-expert), mais peuvent également varier significativement pour un même expert entre deux expériences (variabilité intra-expert). Pour ces raisons, la segmentation automatique, précise et rapide de structures cérébrales est un objectif important.

Nous allons présenter dans cette partie comment les processus de segmentation peuvent être "guidés" par les algorithmes de recalage. Nous montrerons en particulier qu'une coopération entre segmentation et recalage permet un gain de rapidité, de précision et de robustesse. L'approche que nous proposons combine les avantages des contours actifs avec les avantages des atlas déformables. Ce travail a été réalisé en collaboration avec Caroline Baillard, qui s'est plus spécifiquement intéressée à la segmentation par la méthode dite des "ensembles de niveaux" (level sets). Ce chapitre est organisé de la manière suivante : Nous proposons tout d'abord une classification succincte des méthodes de segmentation d'images cérébrales IRM dans la section 2.2 ; puis nous introduisons brièvement la méthode de segmentation des "ensembles de niveaux" dans la section 2.3 ; nous présentons ensuite la coopération entre la segmentation et le recalage dans la section 2.4 ; enfin nous concluons par des résultats sur des données synthétiques et réelles dans la section 2.5. Nous allons

dans ce chapitre nous concentrer plus spécifiquement sur la segmentation du cerveau, sans que ceci soit une limitation de la méthode proposée, car le même formalisme peut être appliqué à la segmentation de structures internes, tels que les ventricules, noyaux caudés, noyaux gris centraux *etc.* (ce qui est d'ailleurs un problème plus simple en raison de la très grande variabilité inter-individuelle du cortex).

Notons que le terme de segmentation recouvre à la fois le processus ou l'algorithme de segmentation, mais désigne aussi le résultat final de ce processus. Nous utiliserons donc ce terme avec ces deux significations.

## 2.2 Éléments d'état de l'art sur les méthodes de segmentation d'IRM cérébrales

De nombreux travaux de recherche ont été menés pour segmenter de manière automatique des structures cérébrales à partir d'images IRM. Ces images sont en effet de très grande qualité (contraste, résolution). Alors que de nombreuses méthodes de segmentation ont été proposées, le problème de la segmentation du cerveau peut s'avérer difficile en raison de la complexité de la surface du cortex. Worth *et al.* [Worth 97] ont réalisé une étude intéressante montrant les enjeux et les difficultés pour segmenter correctement des structures anatomiques. Les principaux problèmes rencontrés tiennent à la nature des images traitées : inhomogénéités du champ de radio fréquence des images IRM, effet de volume partiel en image 3D rendant la détection de certains contours difficile, volume important des données conduisant à des temps de calcul prohibitifs, variabilité des structures anatomiques déjouant les hypothèses a priori sur leurs formes et leurs positions, difficulté de relier avec certitude un niveau de gris à un type de tissu cérébral, *etc.* De plus, comme pour la plupart des problèmes de segmentation, un critère objectif de mesure de la qualité n'existe pas. Dans le cadre qui nous concerne on distingue classiquement trois classes d'approches de segmentation : les méthodes "basées sur les régions", les atlas déformables et les modèles déformables.

### 2.2.1 Méthodes basées sur les régions

Les approches "basées sur les régions" classent chaque pixel selon un critère d'homogénéité. Un *a priori* local peut être utilisé (une régularisation de type markovienne par exemple), ou une analyse statistique de la distribution des niveaux de gris (mélange de distribution gaussienne pour approximer l'histogramme par exemple). Les méthodes de classification peuvent s'appuyer sur des techniques de "clustering" [Niessen 98], sur une analyse de l'histogramme et seuillage [Schroeter 98], ou sur une classification bayésienne avec régularisation [Cline 90]. Notons que les opérateurs morphologiques sont très classiquement utilisés, en particulier afin de casser les connexions du nerf optique avec le cerveau, puisque les niveaux de gris de ces classes sont très proches. Ces approches sont essentiellement limitées par la difficulté de contraindre globalement la forme estimée, ainsi par leur manque de robustesse lors de la segmentation de structures complexes tel que le cortex.

## 2.2.2 Atlas déformables

Une autre catégorie d'approches se réfèrent à la notion d'atlas déformable [Chen 99, Christensen 96, Collins 95, Dawant 99b, Gee 93, Sandor 97]. Un atlas, c'est à dire un sujet de référence, a été soit segmenté, soit classifié, par des méthodes manuelles ou automatiques. Lorsqu'un nouveau sujet doit être traité, une déformation est estimée entre le sujet de référence et le sujet à segmenter, et l'atlas est ainsi déformé par la transformation estimée. L'intérêt principal de ces approches réside dans la donnée d'une connaissance *a priori*, qui est fournie explicitement par l'atlas. Cette connaissance peut être mise à profit pour détecter des structures difficiles à visualiser, par exemple en raison d'un contraste faible avec les structures environnantes (noyaux caudés), ou dans le cas de l'hippocampe parce qu'il s'agit d'un gyrus parmi d'autres. Ces approches paraissent bien adaptées pour la segmentation de structures internes, mais échouent la plupart du temps à segmenter des structures corticales, car les algorithmes de recalage peinent à appréhender la variabilité inter-individuelle au niveau cortical [Collins 96].

## 2.2.3 Contours actifs et modèles déformables

### 2.2.3.1 Contours actifs

Dans cette dernière classe d'approches, la segmentation est obtenue par l'évolution d'un contour actif ou modèle déformable, souvent formulé dans un cadre variationnel [Blake 98, Cohen 93, LeGoualher 97b, Hermosillo 99, Kass 88, Szekely 96, Zeng 99a]. Les contours actifs constituent une méthode puissante pour retrouver une structure avec un minimum d'hypothèses sur sa forme. Les contours actifs sont le plus généralement des courbes ou des surfaces paramétrées qui évoluent vers la position désirée. Cette évolution est régie par la minimisation d'une fonctionnelle [Terzopoulos 86] qui comprend usuellement deux termes : une énergie externe, ou attache aux données, qui est une force calculée à partir des données observées (les gradients par exemple) ; et une énergie interne, ou régularisation, destinée à maintenir la cohésion de la forme (typiquement cette régularisation est liée à la courbure).

### 2.2.3.2 Modèles déformables

Les modèles déformables permettent aisément d'introduire une information globale, un *a priori* statistique sur la forme à retrouver et sa variabilité. Cette information peut provenir d'une phase d'apprentissage. En particulier, les travaux sur l'analyse modale [Caunce 98, Cootes 95, Kervrann 95, Martin 98, Pentland 91] permettent d'analyser statistiquement le vecteur de déplacement  $\tilde{x}$  par rapport à la forme moyenne  $\bar{x}$  (On étudie la déviation d'une forme  $x$  par rapport à la forme moyenne  $\bar{x}$ , et l'on note  $\tilde{x} = x - \bar{x}$ ). Cette déformation est exprimée sur une base orthogonale  $\Phi_{i=1\dots 2n}$  :

$$\tilde{x} = \sum_{i=1}^{i=2n} b_i \phi_i = \Phi_{2n} B_{2n}$$

La condition d'orthogonalité de la base  $\Phi_{i=1\dots 2n}$  permet de calculer simplement les coefficients  $b_i$  par projection :  $B_{2n} = \Phi_{2n}^T \tilde{x} = \Phi_{2n}^T (x - \bar{x})$ . On peut alors calculer les moments du premier et second ordre du vecteur aléatoire  $B_{2n}$  :

$$\bar{B}_{2n} = E[B_{2n}] = \Phi_{2n}^T E[x] - \Phi_{2n}^T \bar{x} = 0$$

et

$$\Lambda = E[B_{2n} B_{2n}^T] = \Phi_{2n}^T E[(x - \bar{x})(x - \bar{x})^T] \Phi_{2n}$$

ce qui conduit à l'équation aux valeurs propres  $Cov(x)\Phi_{2n} = \Phi_{2n}\Lambda$  donnant les  $2n$  couples solution  $(\phi_i, \lambda_i)$  tels que  $Cov(x)\phi_i = \lambda_i\phi_i$ .

Lorsque l'on dispose d'une population d'apprentissage (ensemble de réalisations de la variable aléatoire  $x$ ), les vecteurs propres de la matrice de covariance de  $x$  fournissent la base orthogonale sur laquelle les déformations de la forme  $x$  pourront être décomposées. Il est possible de ne conserver qu'un certain nombre de vecteurs propres pour représenter les déformations, ce qui conduit à une compression des données. Les liens entre les approches modales, les modèles issus de la théorie de Fourier et la transformée de Karhunen-loeve (ou ACP : analyse en composantes principales) sont forts, et en particulier l'ACP est une généralisation des deux autres méthodes lorsque l'on dispose d'une population d'apprentissage [Kervrann 95].

D'autre part, l'existence et le calcul de bases orthogonales de décomposition des déformations entraînent de manière naturelle la définition d'une métrique dans l'espace des formes, qui simplifie considérablement leur classification. Cela permet par exemple d'étudier le lien entre une pathologie et les variations de forme de structures anatomiques (putamen des schizophrènes, ventricules et hippocampe des malades atteints d'Alzheimer par exemple) [Joshi 97].

Les limitations des modèles déformables résident dans la sensibilité à l'initialisation, ainsi que dans l'impossibilité de prendre en compte des changements de topologie. Des solutions ont été proposées, qui consistent à inclure une information locale [Chakraborty 96, Zhu 96], ou un *a priori* spécifique sur la forme recherchée [MacDonald 98, Staib 96, Xu 99].

### 2.2.3.3 Ensembles de niveaux

Une autre solution, plus récente, consiste à considérer le contour actif comme la propagation d'un front se propageant dans la direction de sa normale [Baillard 00a, Caselles 97, Gomes 99, Hermosillo 99, Malladi 95, Malladi 96, Osher 88, Paragios 98b, Paragios 00]. Ce front est représenté par le niveau zéro d'une hypersurface, c'est pourquoi ces méthodes sont dites des "ensemble de niveaux", ou level sets. L'intérêt majeur de cette technique est lié à la souplesse qu'offre la représentation implicite du contour par une hypersurface, en particulier pour les changements de topologie ou les protubérances. En effet, un changement de topologie du contour ne modifie pas la topologie de l'hypersurface, et peut donc être gérée de manière naturelle. De plus, la fonction d'évolution est moins sensible aux minima locaux que les contours actifs classiques, ce qui facilite la détection d'éventuelles protubérances, et limite l'influence de l'initialisation. Nous allons décrire mathématiquement l'évolution de la surface dans la section suivante 2.3.

Le succès de ces méthodes peut être tempéré par deux facteurs : d'une part le nombre de paramètres à régler (pas d'itération, paramètres de pondération, termes additionnels de propagation, *etc*) ; et d'autre part les temps de calcul qui deviennent rapidement prohibitifs en dimension trois en raison du volume de données important. Des techniques ont été mises en oeuvre pour accélérer ces algorithmes [Adalsteinsson 95, Paragios 98a, Sethian 96, Whitaker 98], mais ce problème reste aigu.

## 2.3 Segmentation par la méthode des ensembles de niveaux

Le problème de segmentation est exprimé comme le calcul et l'évolution d'une surface  $3D$ , ou front, notée  $S(t)$ . Le formalisme des "ensembles de niveaux" consiste à considérer  $S(t)$  comme le niveau zéro d'une fonction d'ordre supérieur  $\Psi(\mathbf{X},t)$  :

$$S(t) = \{\mathbf{X} \in \mathbb{R}^3 / \Psi(\mathbf{X},t) = 0\} \quad (2.1)$$

La fonction  $\Psi$  décrit une surface  $4D$ , traditionnellement définie par  $\Psi(\mathbf{X},t) = d$ , où  $d$  est la distance signée de  $\mathbf{X}$  au front  $S$  (négative à l'intérieur de l'objet). L'équation d'évolution de  $\Psi$  s'écrit :

$$\frac{\partial \Psi}{\partial t} + F|\nabla \Psi| = 0, \quad (2.2)$$

où  $F$  est une force d'évolution (fonction scalaire) dépendant des propriétés locales du front, telle que la courbure; de paramètres extérieurs liés aux données observées (gradient spatiaux de l'image par exemple); ou également de termes additionnels de propagation.

La surface  $4D$   $\Psi$  se déforme à chaque itération en fonction de la force d'évolution  $F$ . La position du front  $3D$   $S(t)$  se déduit à chaque étape de  $\Psi$  par la relation  $\Psi(\mathbf{X}(t),t) = 0$ . En pratique, l'hypersurface  $\Psi^{n+1}$  à l'instant  $n + 1$  est calculée à partir de l'hypersurface  $\Psi^n$  à l'instant  $n$  par la relation :

$$\forall \mathbf{X} \in \mathbb{R}^3, \Psi^{n+1}(\mathbf{X}) = \Psi^n(\mathbf{X}) - \Delta t.F|\nabla \Psi^n(\mathbf{X})|, \quad (2.3)$$

où  $\Delta t$  est le pas d'itération du processus. Les gradients de la surface  $\Psi$  sont calculés au moyen de schémas numériques proposé par Osher et Sethian [Sethian 96]. La force d'évolution  $F$  joue bien évidemment un rôle majeur dans le processus de segmentation. Plusieurs formulations ont été proposées [Caselles 97,Gomes 99,Paragios 00,Zeng 99b], et nous avons choisi la formulation originale proposée par Malladi *et al.* [Malladi 95] en raison de sa simplicité :

$$F = h_I(\nu - \rho\kappa), \quad (2.4)$$

où

- $\nu$  règle la direction de propagation du front (vers l'intérieur ou vers l'extérieur).
- $\kappa$  est la courbure locale du front et agit comme un terme de régularisation.
- $\rho$  est un paramètre réglant la pondération accordée à la régularisation.
- $h_I$  est le terme d'attache aux données et agit comme un critère d'arrêt, lorsque le front a atteint les frontières désirées. Il dépend souvent de l'intensité locale au niveau du front.

### 2.3.1 Paramètres du modèle

Nous allons décrire maintenant différents paramètres du modèle sur lesquels l'algorithme est basé. Plus précisément, nous allons expliciter le calcul du pas d'itération  $\Delta t$  (équation 2.3), la direction de propagation  $\nu$  (équation 2.4). Ces paramètres sont classiquement constants, mais nous avons choisi de les calculer de manière adaptative à chaque itération. De plus, les paramètres  $\nu$  et  $h_I$  de l'équation 2.3 sont définis conditionnellement à une analyse locale de la distribution d'intensité, en utilisant une estimation des lois de densité des classes dans l'intégralité du volume. Nous modélisons l'histogramme du volume par un mélange de 7 distributions gaussiennes [Liang 94, Schroeter 98]. Résumons brièvement le calcul de ces paramètres. Pour plus de détails, on pourra se reporter à [Baillard 00a, Baillard 00b].

**Direction de propagation  $\nu$ .** Dans l'équation 2.4, le signe de  $\nu$  détermine la direction de propagation du front. Nous définissons ce paramètre  $\nu$  par :

$$\nu = \text{Sign}\{\alpha_i p_i(I) - (1 - \alpha_i) p_e(I)\}, \quad (2.5)$$

où  $p_i(I)$  et  $p_e(I)$  désignent respectivement la probabilité de l'intensité  $I$  à l'intérieur et à l'extérieur de la structure,  $\alpha_i$  est la probabilité d'un voxel d'être à l'intérieur de l'objet. Ces paramètres sont estimés à partir des données image [Baillard 00a]. Si un point a une probabilité supérieure d'être à l'intérieur qu'à l'extérieur, alors la surface s'étend.

**Terme de courbure  $\kappa$ .** Le paramètre de régularisation  $\kappa$  en un point  $\mathbf{x}$  est défini très classiquement comme la courbure calculée sur le front au point le plus proche de  $\mathbf{x}$ .

**Facteur d'arrêt  $h_I$ .** De manière similaire à l'approche [Paragios 00] décrite dans le cas  $2D$ , nous avons relié  $h_I$  à la probabilité *a posteriori* d'avoir une transition entre l'objet et le fond. Plus précisément,  $h_I$  au point  $\mathbf{X}$  est défini comme une fonction décroissante de  $p_T(\mathbf{X}|I, \lambda)$ , où  $p_T(\mathbf{X}|I, \lambda)$  est la probabilité *a posteriori* que le point  $\mathbf{X}$  soit une transition, en fonction de sa classe d'appartenance  $\lambda$  et de la distribution d'intensité  $I$  dans un voisinage de ce point.

**Pas d'itération  $\Delta t$ .** Le pas d'itération  $\Delta t$  est calculé automatiquement à chaque itération : c'est la valeur maximale du pas qui garantit la stabilité du schéma numérique de résolution.

## 2.4 Coopération avec le recalage

L'association du pas d'itération adaptatif avec la technique de la "narrow band" [Adalsteinsson 95] accélère considérablement le processus de segmentation. La technique de la "narrow band" consiste à ne calculer l'hypersurface  $\Psi$  qu'au voisinage du front, évitant ainsi de nombreux calculs inutiles. Les temps de calcul restent cependant très longs pour des données volumiques. De plus, l'initialisation de l'hypersurface joue un rôle non négligeable sur la convergence de la segmentation. Il est donc souhaitable de guider le processus de segmentation par un recalage "grossier" et rapide afin d'initialiser au plus

près l'algorithme et de rendre le processus de segmentation complètement automatique. Pour se faire, nous proposons une méthode combinant les avantages des atlas déformables, et ceux des contours actifs.

Cette méthode consiste à choisir un volume de référence  $\mathcal{V}_0$  parmi les  $N$  volumes  $\mathcal{V}_i$  à segmenter. Ce volume est segmenté à partir d'une initialisation manuelle (un petit cube à l'intérieur de l'objet par exemple). Lorsque le volume  $\mathcal{V}_i$  est traité, il est dans un premier temps recalé sur le volume  $\mathcal{V}_0$ , à l'aide de l'algorithme de recalage monomodalité présenté dans la première partie de ce document. Le champ de déformation estimé est dans un second temps utilisé pour déformer la segmentation du volume de référence, à l'aide d'une interpolation trilineaire. Cette initialisation grossière est utilisée par le processus de segmentation basé sur les ensembles de niveaux. Un synopsis de cette approche est donné figure 2.1. Les bénéfices de cette initialisation par recalage sont multiples : réduction importante du temps de calcul, amélioration des résultats de segmentation et automatisation complète du processus.

Notons que dans ce contexte, il n'est pas nécessaire que le recalage soit extrêmement précis, puisqu'il sert uniquement d'initialisation au processus de segmentation qui raffine ensuite localement la solution. La solution fournie par le recalage manque évidemment de précision au niveau du cortex (voir partie III). Dans ce contexte, la méthode de recalage présentée dans la première partie s'est révélée particulièrement adaptée, en particulier l'aspect multigrille de l'algorithme. En effet, si le recalage est stoppé à un niveau de grille "grossier", nous obtenons un champ de déformation en un temps très court, ce qui suffira à l'initialisation. Dans ce contexte particulier, nous effectuons une estimation quadratique, c'est à dire sans estimateurs robustes, afin de limiter le coût de calcul du recalage.



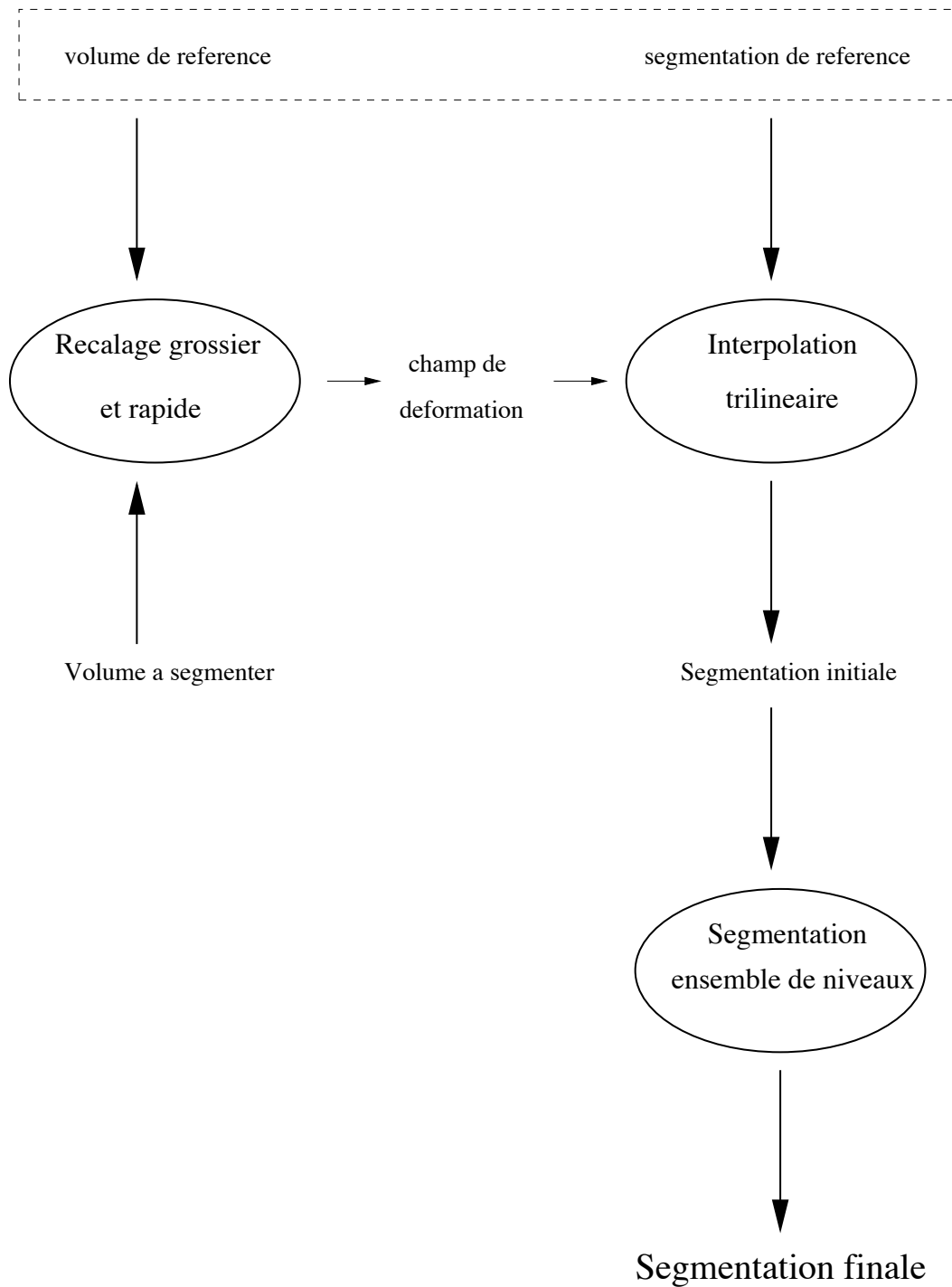


FIG. 2.1 – Schéma de coopération entre le recalage et la segmentation. La segmentation de référence, déformée par le recalage estimé entre le volume de référence et le volume à segmenter, est utilisée pour initialiser l’algorithme de segmentation. La méthode des “ensemble de niveaux” est alors employée pour obtenir la segmentation finale.

## 2.5 Expérimentations

### 2.5.1 Données simulées

Nous avons testé cette approche sur des données simulées provenant du MNI [Collins 98b]. Ces données synthétiques ont été présentées dans les deux premières parties de ce document. Dans la mesure où nous disposons de la segmentation de référence du fantôme, il est possible de calculer des mesures de recouvrement (spécificité, sensibilité et performance totale déjà présentées dans les premières parties de ce document, voir [Van-Bemmel 97]) entre la segmentation obtenue et la segmentation de référence. Pour rappel ces mesures sont calculées par :

$$\begin{cases} \text{sensibilité} & = TP/(TP + FN) \\ \text{spécificité} & = TN/(FP + TN) \\ \text{performance totale} & = (TP + TN)/(TP + FP + TN + FN), \end{cases} \quad (2.6)$$

où  $TP, TN, FP$  et  $FN$  désignent respectivement le nombre de vrais positifs (points appartenant aux deux segmentations), vrais négatifs (points n'appartenant à aucune des deux segmentations), faux positifs (points appartenant à la segmentation estimée mais pas à la segmentation de référence), et faux négatifs (points appartenant à la segmentation de référence mais pas à la segmentation estimée).

Dans un premier temps, nous comparons la méthode des ensemble de niveaux avec une méthode basée sur des opérateurs de morphologie mathématique. Cette dernière méthode est décrite dans la première partie de ce document, section 2.5.3.1. La méthode des ensemble de niveaux a été initialisée manuellement avec un cube de taille  $100 \times 70 \times 70$ . La méthode "morphologie mathématique" a été appliquée avec un jeu de paramètres optimal (au sens des mesures de recouvrement) réglé manuellement. Les résultats numériques sont présentés en table 2.1. Notons que la performance totale de la méthode des ensembles de niveaux est stable, même dans les conditions les plus critiques (9% de bruit et 40% d'inhomogénéité). Elle se révèle bien plus robuste au bruit.

Dans un second temps, nous avons construit un champ de déformation synthétique composé d'un champ affine global (avec de larges déformations), et d'un champ non rigide de type "thin-plate-spline". Le champ "thin-plate-spline" a été généré à partir de 10 points tirés aléatoirement dans le volume auxquels nous attribuons une déformation, tout en assurant une déformation nulle sur les bords du volume. Nous pouvons maintenant évaluer l'apport du recalage dans le processus de segmentation. Nous avons ainsi comparé différentes méthodes : la segmentation par la méthode des ensemble de niveaux où l'initialisation est manuelle (par un cube de taille  $100 \times 70 \times 70$ ) ; la segmentation obtenue uniquement par application du champ de déformation estimé ; et la méthode entière où la segmentation obtenue grâce au recalage est raffinée par l'algorithme des ensembles de niveaux. Les résultats numériques sont présentés en table 2.2.

La coopération entre le recalage et la segmentation par ensembles de niveaux a permis d'améliorer les résultats de segmentation. En effet, on constate que l'utilisation d'un recalage, même grossier, fournit un résultat meilleur que celui obtenu par la méthode des ensembles de niveaux avec initialisation manuelle (meilleure sensibilité). L'apport du raffinement de la segmentation par la technique des ensembles de niveaux est également

	Ensembles de niveaux				Morphologie mathématique			
	nombre d'itérations	sensibilité	spécificité	performance totale	sensibilité	spécificité	performance totale	
0% de bruit, 0% d'inhomogénéité	710	96.2%	99.0%	98.3%	86.7%	98.7%	95.7%	
3% de bruit, 20% d'inhomogénéité	680	96.3%	98.9%	98.2%	83.5%	99.0%	95.2%	
9% de bruit, 40% d'inhomogénéité	800	95.95%	98.9%	98.2%	69.8%	99.5%	92.3%	

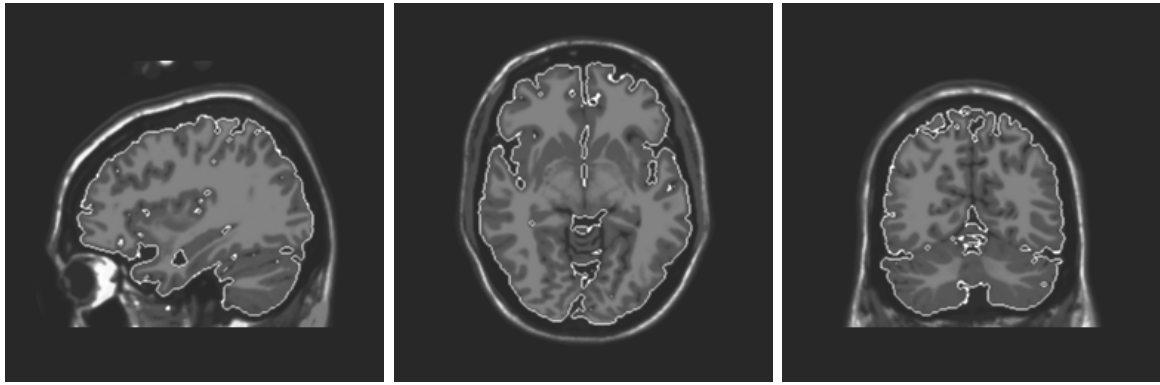
TAB. 2.1 – Évaluation numérique des résultats de segmentation sur la fantôme du MNI. Dans un premier temps, la méthode des ensembles de niveaux a été comparée avec une méthode de morphologie mathématique. Les critères de recouvrement (sensibilité, spécificité et performance totale) sont donnés pour trois jeux de données différents, correspondant à des acquisitions de plus en plus bruitées. La sensibilité est reliée à une mesure de sous-segmentation, tandis que la spécificité est liée à une mesure de sur-segmentation.

notable. De plus, le recalage permet d'automatiser complètement la chaîne de segmentation, puisque l'étape de recalage est automatique. Par ailleurs, le temps de calcul a été diminué significativement. Avec une initialisation manuelle, le processus de segmentation requiert environ 700 itérations (correspondant à 6 heures de calcul sur une Ultra Sparc 5 à 333Mhz), alors qu'avec l'initialisation provenant du recalage, la segmentation ne requiert plus que 130 itérations (soit 1h15 de temps cpu). Dans les mêmes conditions matérielles, le recalage a été effectué en moins de 10 minutes.

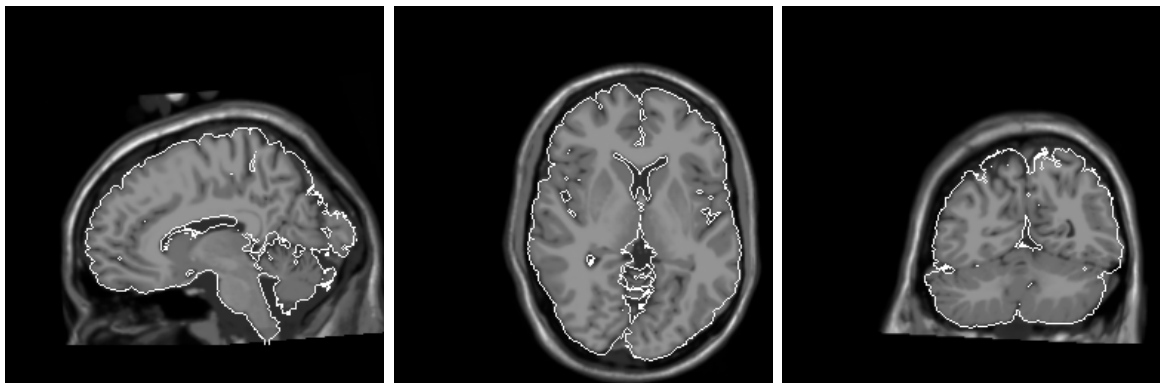
Enfin, la figure 2.2 présente les résultats des segmentations obtenues par recalage seul et après la phase de raffinement par ensemble de niveaux. La surface de référence correspondant à la segmentation du fantôme originel est déformée par le recalage estimé, et l'on peut s'apercevoir que des parties du cerveau ne sont pas correctement segmentées. L'étape finale de segmentation par ensemble de niveaux permet de corriger ces erreurs. Grâce à la force de propagation bidirectionnelle, l'étape finale de segmentation permet de récupérer les erreurs de segmentation lorsque les frontières initiales et finales s'entrecroisent (figure 2.2c).

Segmentation du fantôme déformé	nombre d'itérations	sensitivité	spécificité	performance totale
Ensembles de niveaux uniquement	760	87.9%	99.3%	97.7%
Recalage uniquement	0	91.1%	99.7%	98.6%
Recalage + ensembles de niveaux	120	94.0%	99.8%	99.0%

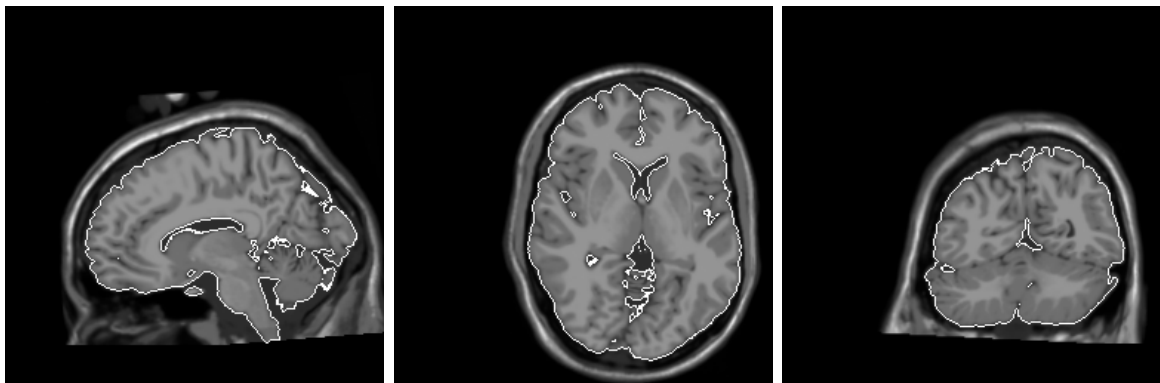
TAB. 2.2 – Résultats numériques de l'évaluation sur des données simulées. Nous avons indiqué pour chaque méthode le nombre d'itérations, la sensibilité, la spécificité, la performance totale. Les méthodes évaluées sont : la segmentation par ensembles de niveaux avec initialisation manuelle ; la segmentation issue du recalage uniquement ; et la segmentation par ensembles de niveaux, avec l'initialisation provenant du recalage.



Fantôme originel et segmentation de référence



Fantôme déformé et la segmentation issue du recalage seul



Fantôme déformé et la segmentation finale (recalage + ensemble de niveaux)

FIG. 2.2 – Résultats de segmentation sur le fantôme du MNI et sur le fantôme déformé. Les trois colonnes montrent les coupes sagittales, axiales et coronales respectivement.

## 2.5.2 Données réelles

Nous avons également testé cette méthode sur une base de 18 sujets (volumes IRM pondérés en T1 de taille  $256 \times 256 \times 176$ , avec une résolution spatiale des voxels de  $0.93mm^1$ ). Tous les sujets ont été traités avec le même jeu de paramètres.

Un sujet de référence a été choisi ; nous avons choisi le même sujet que dans la première partie, et pour les mêmes raisons que celles expliquées dans la première partie, section 3.3.1. Les 17 autres sujets ont été recalés sur le sujet de référence, et le champ de déformation obtenu a permis d’initialiser l’algorithme des ensembles de niveaux. Sur les 17 sujets, nous avons obtenu 16 résultats corrects, et un seul résultat incorrect, où la force d’évolution de s’est pas stabilisée (elle doit normalement décroître jusqu’à une valeur proche de 0). En moyenne, le calcul a nécessité 200 itérations pour l’étape finale, ce qui représente environ 2 heures de calcul sur une machine Ultra Sparc 5 à  $333MHz$ . En comparaison, le recalage grossier requiert environ 10 minutes de calcul sur la même machine. La segmentation de référence est visible sur la figure 2.3. La figure 2.4 montre la différence de résultat entre la segmentation déformée par recalage uniquement et celle obtenue après la phase de raffinement. Le recalage sur ces données est moins performant (le champ de déformation synthétique sur le fantôme est plus “simple” à estimer, car c’est un champ synthétique lisse), et l’étape finale de segmentation devient nécessaire pour obtenir des résultats de segmentation corrects. Sur les figures 2.5 et 2.6, nous présentons les résultats de la segmentation sur 4 sujets, avec les rendus 3D des volumes correspondants.

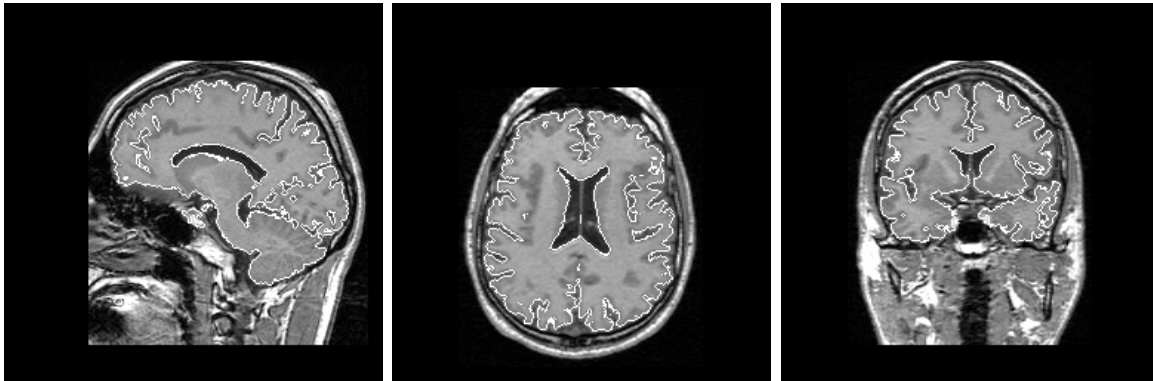
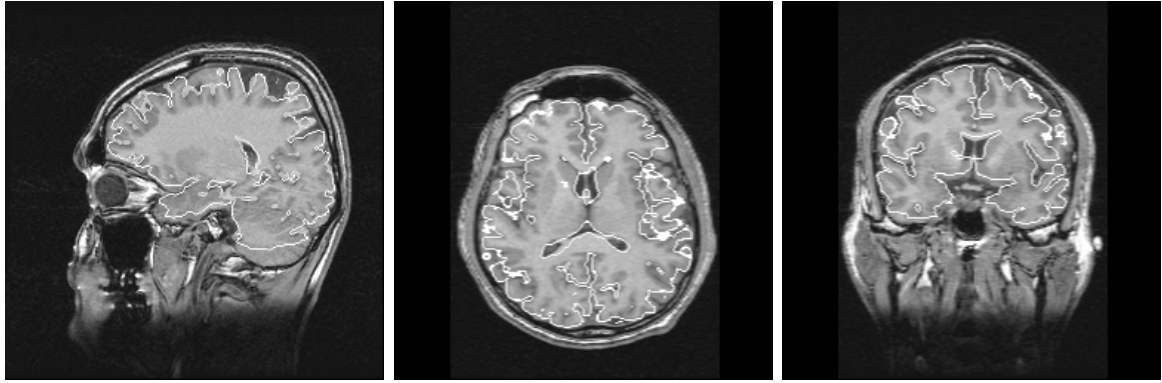


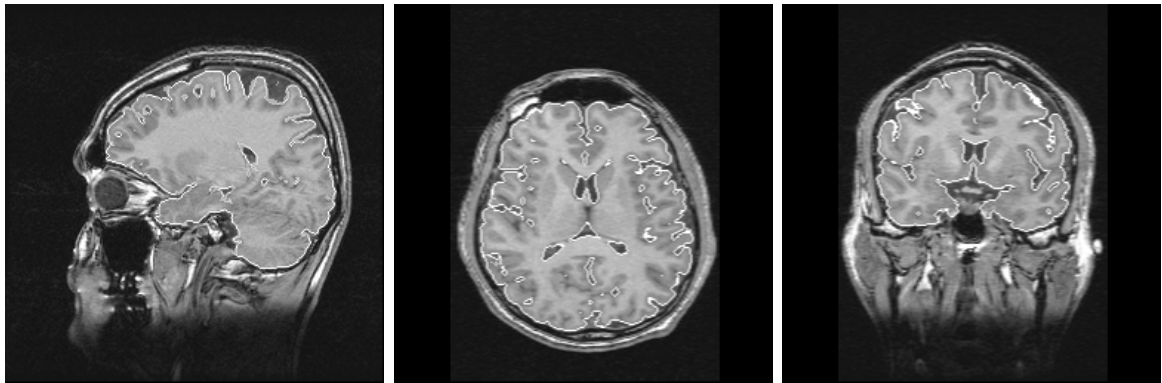
FIG. 2.3 – Segmentation de référence sur le sujet 0 obtenue avec la méthode des ensembles de niveaux (initialisation manuelle avec un cube). Les vues montrent les coupes sagittales, axiales et coronales.

---

1. Nous remercions le laboratoire SIM et le projet GIS, sciences de la cognition, pour avoir fourni les données.



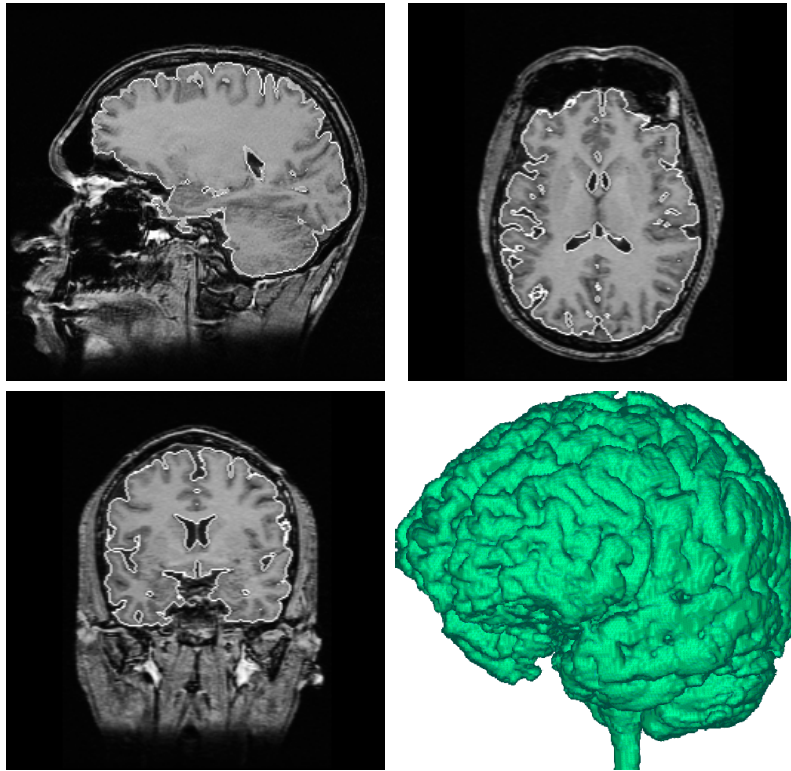
Sujet 1, segmentation par recalage uniquement



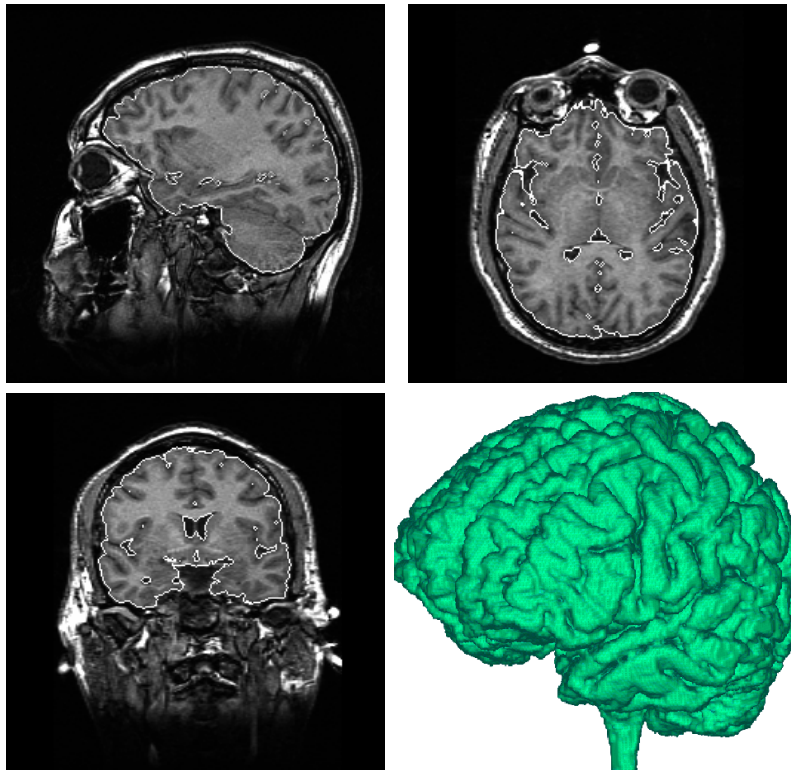
Sujet 1, segmentation finale (recalage + ensembles de niveaux)

FIG. 2.4 – Segmentation du cerveau sur un sujet. En haut, la segmentation est obtenue avec le champ de déformation calculé entre le sujet de la figure 2.3, et le sujet à étudier. En bas, l'étape de segmentation par ensemble de niveaux a raffiné la solution, et a permis de récupérer des parties manquantes du volume détecté.



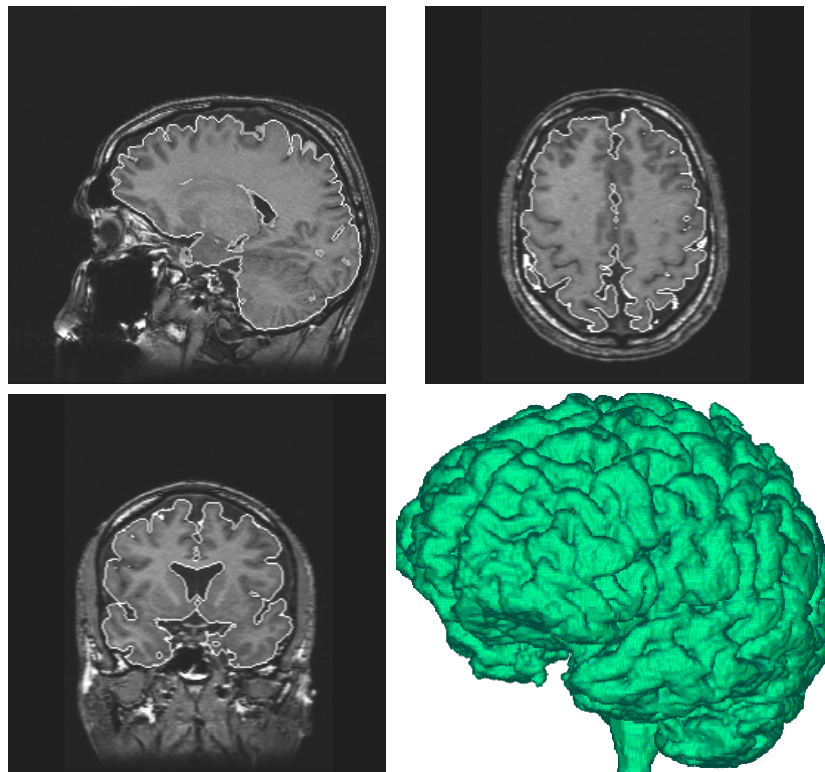


Sujet 2

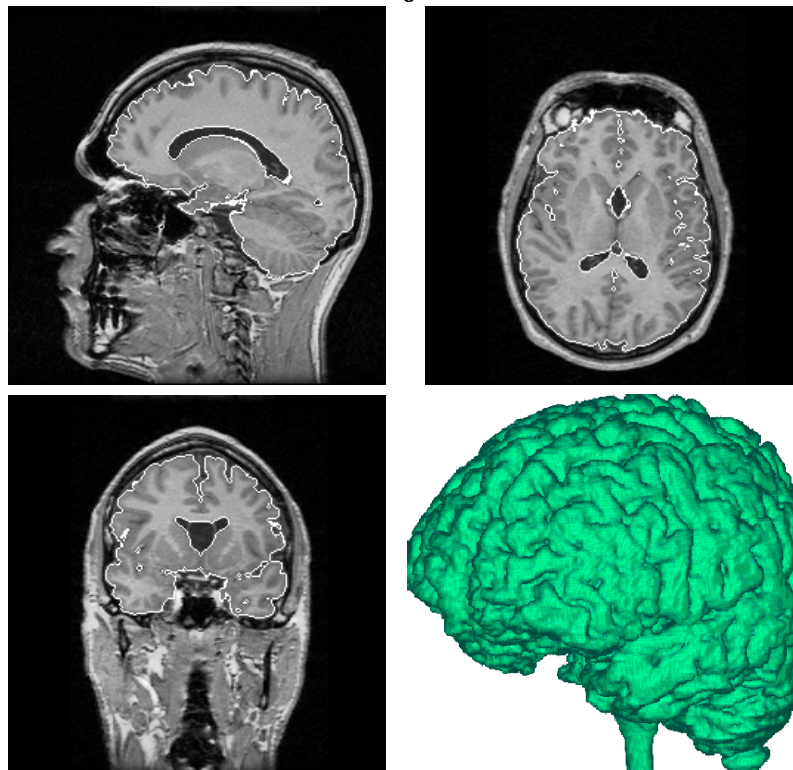


Sujet 3

FIG. 2.5 – Segmentation des cerveaux de 2 sujets. La segmentation est obtenue en initialisant l’algorithme des ensembles de niveaux par une segmentation obtenue par recalage avec le sujet de référence illustré en figure 2.3.



Sujet 4



Sujet 5

FIG. 2.6 – Segmentation des cerveaux de 2 sujets. La segmentation est obtenue en initialisant l'algorithme des ensembles de niveaux par une segmentation obtenue par recalage avec le sujet de référence illustré en figure 2.3.

## 2.6 Conclusion

Nous avons présenté dans ce chapitre une méthode originale de segmentation combinant les avantages des atlas déformables et des contours actifs. Cette approche est basée sur la coopération entre un processus de segmentation et une méthode de recalage non rigide monomodale.

Pour le processus de segmentation, nous avons choisi la méthode des ensembles de niveaux, car elle est adaptée aux images IRM, tandis que la méthode de recalage a été présentée dans la première partie de ce document. Le processus de segmentation est initialisé par une segmentation de référence, déformée par un champ de déformation “grossier”, et dont l’estimation est peu coûteuse en temps de calcul. La solution est ensuite raffinée par la méthode des ensembles de niveaux.

Nous avons validé cette approche sur des données simulées. Nous avons en particulier montré que la coopération entre recalage et segmentation conduit à une segmentation plus précise, totalement automatique et plus robuste au bruit. Le coût calculatoire est nettement réduit par rapport à la méthode des ensembles de niveaux seule. La validité et la robustesse de cette approche ont été démontrées à la fois sur des données réelles et sur une base de données de 18 sujets.

Un travail ultérieur pourrait s’intéresser à étudier l’influence précise de l’étape de recalage sur la segmentation obtenue. Plus précisément, l’évolution du temps de calcul et de la précision de la segmentation pourrait être mise en relation avec le niveau d’arrêt de l’étape de recalage. De plus, il reste à comprendre plus avant l’échec de la segmentation sur un des sujets de la base de données, et proposer une solution pour rendre plus robuste encore la force d’évolution de l’algorithme. Enfin, il peut être envisagé d’intégrer, dans la force d’évolution de la segmentation par ensemble de niveaux, une force extérieure qui découlerait de l’étape de recalage [Papin 00]. Les deux étapes de cette approche seraient alors exprimées dans un cadre unifié.

## Chapitre 3

# Utilisation de la segmentation pour contraindre le recalage

### 3.1 Introduction

Dans la partie III, les critères locaux pour évaluer les algorithmes de recalage ont révélé la difficulté des approches “iconiques” à recaler les sillons corticaux. Les sillons sont des éléments essentiels pour l’étude du cerveau, car ils délimitent tout d’abord les lobes cérébraux, mais ils sont également supposés être des marqueurs fonctionnels [Rademacher 93]. En effet, il a été montré chez les animaux, en particulier le raton-laveur [Mangin 95a], qu’il existe une corrélation forte entre la carte des récepteurs de la patte du raton laveur et la carte cérébrale correspondant à la région sensorielle.

Des hypothèses ont été avancées pour expliquer cette corrélation. Par exemple, pendant le développement cortical, les zones en interaction (c’est à dire coopérant à l’exécution de tâches) seraient mécaniquement liées plus fortement par des connexions neuronales. Les plis, les sillons corticaux, se formeraient alors dans les zones où les fibres neuronales seraient moins denses. Cette hypothèse est séduisante dans la mesure où elle explique mécaniquement le lien entre anatomie sulco-gyrale et cartographie fonctionnelle.

Une classification répandue classe les algorithmes de recalage en deux groupes : les méthodes “iconiques” et les méthodes “basées amers”. Le dernier type d’approche conduit à une bonne précision du recalage sur les structures utilisées, alors que le premier utilise toute l’information disponible, mais ne garantit pas que le recalage soit correct sur des structures anatomiques très variables telles que les sillons corticaux. Nous souhaitons ici proposer une méthode de recalage qui combine une approche locale basée sur des amers de fusion avec une approche globale utilisant l’information de luminance et présentée dans la partie I.

Ce chapitre est organisé de la façon suivante : dans la section 3.2, nous introduisons quelques approches dédiées à l’extraction de sillons corticaux, ainsi qu’à leur identification ; dans la section 3.3, nous décrivons l’intégration des contraintes éparses dans l’estimation du champ de déformation ; puis dans la section 3.4 nous présentons les résultats sur la base de donnée de 18 sujets de l’introduction de contraintes locales pour le recalage.

## 3.2 Segmentation des sillons corticaux

### 3.2.1 État de l'art

#### 3.2.1.1 Extraction des sillons corticaux

Différentes approches ont été développées afin de segmenter les sillons corticaux :

- Royackkers [Royackkers 95], Fawal [Fawal 95b,Fawal 95a] et Desvignes [Desvignes 94, Desvignes 97] proposent une approche basée sur la morphologie mathématique pour segmenter et identifier la vallée sylvienne [Desvignes 94] puis d'autres sillons [Royackkers 95]. Une squelettisation 3D puis un amincissement (décrit dans [Fawal 95b]) permettent d'obtenir la trace externe du sillon. Un recalage dans le référentiel de Talairach [Talairach 67] permet de construire de manière automatique une fenêtre 3D dans laquelle la vallée sylvienne doit se trouver. Le point de profondeur maximale sert ensuite d'initialisation à l'algorithme : tous les segments pouvant constituer un sillon sont calculés, puis un tri est opéré sur la base d'hypothèses concernant la vallée sylvienne. Cette méthode repose sur de très forts *a priori* concernant les sillons (position, orientation, non interruption, profondeur etc etc) et il paraît difficile de l'étendre à d'autres types de sillons.
- Mangin [Mangin 95a,Mangin 95b] propose une segmentation des sillons corticaux en s'appuyant sur la classification topologique définie par Malandain [Malandain 92]. Cette classification guide ensuite la segmentation. L'ébarbulation se fait ainsi en trois étapes : elle concerne d'abord les points simples, puis les courbes simples, enfin les surfaces simples trop "petites" (constituées de moins de 5 points). Cependant cette classification topologique aboutit à des formes très lisses de sillons corticaux. Il propose également une approche pour étiqueter de manière automatique les principaux sillons. Les attributs d'un sillon (profondeur, direction, etc.) ainsi que les relations entre sillons, sont réunies dans un graphe relationnel attribué (GRA). La recherche d'un homéomorphisme entre le graphe du sujet à étudier et un graphe étiqueté construit à partir d'une population représentative doit alors permettre de classifier automatiquement les différents sillons. Le problème de l'appariement de graphes est résolu dans un cadre markovien par une minimisation de type "recuit simulé", avec un critère de maximum a posteriori.
- Vaillant et Davatzikos [Vaillant 96,Vaillant 97] recherchent une représentation paramétrique du sillon par une surface active, initialisée sur la trace externe du sillon. Cette trace est calculée à l'aide du minimum de courbure principale de la surface paramétrique extraite. Ce modèle actif est ensuite déformé par deux forces qui tendent à l'étirer vers le fond du sillon, tout en le maintenant sur sa surface médiane. La force d'étirement du sillon est liée à la distance à la surface externe, obtenue par des opérateurs de morphologie mathématique. Le calcul de cette distance peut conduire à des instabilités de l'algorithme. La surface est ensuite réchantillonnée et lissée (lissage de type "bending surface"). Un algorithme de mise en correspondance de sillons est alors proposé ; il tend à maximiser une mesure de similarité basée uniquement sur les courbures principales. Cependant, cette hypothèse ne paraît pas toujours valide : il existe certaines configurations où, après recalage rigide, les sillons sont en "opposition de phase". La mise en correspondance des points ayant les mêmes courbures

- est alors fausse. Ils proposent ensuite [Vaillant 97] d'utiliser cette déformation pour calculer un champ de déformation  $3D$ , en propageant cette déformation de sillon sur tout le volume par des méthodes élastiques (semblable à [Davatzikos 96a]).
- Caunce et Taylor [Caunce 98,Caunce 99] proposent une approche de segmentation des formes des sillons corticaux par apprentissage statistique [Cootes 95]. Sur la base d'apprentissage constituée par 22 cerveaux, les traces externes des sillons sont détectées automatiquement par des opérateurs de morphologie mathématique. Ces traces externes sont ensuite mises en correspondance par un algorithme ICP (“iterative closest point”) modifié. Différentes versions de l'algorithme ICP sont étudiés, dans lesquelles des contraintes géométriques sont introduites.
  - Zeng *et al.* [Zeng 99b] proposent une approche basée sur le formalisme des ensembles de niveaux, présentée dans la section 2.3 de cette partie. Les auteurs utilisent un travail précédent [Zeng 98] dont le but est de segmenter par la méthode des ensembles de niveaux les interfaces gris/LCR et matière grise/matière blanche. Ces interfaces sont utilisées afin de calculer les traces externes des sillons ainsi que les racines sulcales. Une surface linéaire reliant ces deux lignes extrêmes initialise l'algorithme de recherche de la surface médiane du sillon, par la méthode des ensembles de niveaux.
  - Rettmann *et al.* [Rettmann 99,Rettmann 00] ont développé une méthode de segmentation des sillons basée sur une approche de “ligne de partage des eaux”, ou watershed en anglais. La surface du cerveau est tout d'abord calculée par des opérateurs de morphologie mathématique. Une surface régulière, “collant” la surface du cerveau mais ne pénétrant pas dans les régions sulcales [Rettmann 99]. Cette surface est utilisée pour distinguer les régions sulcales et gyrales. À partir de ces deux surfaces, une distance géodésique est calculée et guide l'algorithme de partage des eaux, qui segmente les régions sulcales. La sursegmentation, classique des algorithmes de partage des eaux, est résolue par une étape de fusion des régions obtenues.
  - Le Goualher propose [Barillot 98,LeGoualher 97a,LeGoualher 97b] également une approche originale pour segmenter les sillons corticaux. Cette méthode peut se décomposer en plusieurs étapes :
    1. Segmentation du cerveau. Cette partie est inspirée du travail de Lachmann *et al.* [LeGoualher 97a,Lachmann 93]. La méthode débute par une détection des contours par un filtrage de Marr-Hildreth ou opérateur laplacien d'une gaussienne (la limite du cerveau est donnée par l'interface entre le liquide céphalo-rachidien et la matière grise). Un algorithme de croissance de région, à partir d'un germe situé dans le corps calleux, est alors mis en oeuvre. Deux paramètres contrôlent cette croissance : d'une part un seuil de connectivité, réglé classiquement à 85%, ce qui signifie qu'un point sera inclus dans la région si 85% de ses voisins appartiennent à la structure cerveau ; d'autre part un seuil de niveau de gris, afin de couper les connexions avec la rétine. Une carte de probabilité d'appartenance des points voisins à la structure cerveau est ensuite calculée, définissant un masque flou.
    2. Extraction des caractéristiques différentielles par l'opérateur  $L_{vv}$ . Cet opérateur est relié aux courbures principales  $k_1, k_2$  de la surface iso-intensité  $I_0 = I(x, y, z)$ .

Il s'exprime de la façon suivante :

$$ML_{vv}(x,y,z) = -\frac{1}{2\|w\|^2}[(I_x^2(I_{yy} + I_{zz}) - 2I_y I_z I_{yz}) \\ + (I_y^2(I_{xx} + I_{zz}) - 2I_x I_z I_{xz}) + (I_z^2(I_{xx} + I_{yy}) - 2I_x I_y I_{xy})]$$

avec

$$I_{x^i y^j z^k} = \frac{\partial^u(I(x,y,z))}{\partial^i x \partial^j y \partial^k z} \text{ avec } u = i + j + k$$

et

$$\|w\|^2 = (I_x^2 + I_y^2 + I_z^2)^{1/2}.$$

Les dérivées partielles sont calculées à l'aide d'un filtre gaussien d'écart-type 2 millimètres. Le signe du  $ML_{vv}$  a une interprétation importante: on montre en effet que la crête d'un gyrus correspond à une valeur négative du  $ML_{vv}$ , alors qu'un fond de sillon en donne une valeur positive. L'étiquetage automatique symbolique des lignes de crête gyri/sulci peut donc être réalisé de cette manière.

3. Les traces superficielles des sillons sont alors définis comme l'ensemble des points appartenant à la surface du cerveau et ayant une courbure moyenne positive. À l'aide d'une classification topologique, les traces externes sont obtenus de manière automatique. Cette trace est ensuite nommée et identifiée interactivement par l'utilisateur.
4. Le ruban actif, modélisé par une surface de type B-spline, est alors initialisé par la trace externe du sillon. Il va s'étirer jusqu'au fond du sillon sous l'action de trois forces, calculées à partir des caractéristiques image et des opérateurs différentiels décrits ci dessus: La première attire la surface active vers le fond du sillon; la seconde contraint cette surface à rester dans le sillon; tandis que la troisième affine la position du ruban autour de l'âme du sillon.

La représentation numérique finale du sillon permet d'accéder automatiquement à plusieurs informations concernant sa longueur, sa profondeur, son orientation. Les résultats, notamment dans la région péri-sylvienne et centrale ont permis de visualiser des données MEG dans un repère anatomique.

### 3.2.1.2 Identification des sillons corticaux

D'autres travaux s'intéressent plus spécifiquement à l'identification des sillons. Sandor [Sandor 97] propose par exemple une méthode automatique de reconnaissance des différents sillons à l'aide d'un atlas déformable. Cet atlas contient une information numérique (c'est une surface bicubique B-spline) et symbolique (les sillons sont étiquetés et nommés sur cet atlas, bien que peu nombreux). La surface du crâne du patient à traiter est extraite par un opérateur de Mac-Hildreth puis lissée par morphologie mathématique. Cette surface lisse sert à initialiser l'atlas qui est ensuite déformé vers le cortex du patient par des techniques de type "snake": minimisation d'une énergie comprenant un terme de régularisation mécanique et un terme d'attache aux données calculé par une distance de chanfrein. Le résultat final conduit à l'étiquetage automatique de la topographie corticale. Les limites de cette méthode sont liées à l'absence de connaissance sur la convergence du modèle

déformable. En effet, malgré l'initialisation du modèle par une image lissée du cerveau, il est difficile de prédire la convergence de l'atlas. De plus, il n'est pas assuré que cette déformation est plausible (les contraintes ne font pas intervenir d'éléments anatomiques).

Le Goualher *et al.* [LeGoualher 98,LeGoualher 99] ont développé une approche de reconnaissance automatique de sillons cérébraux. Les sillons sont segmentés par la méthode décrite ci-dessus [LeGoualher 97a]. Un expert a manuellement identifié 16 sillons majeurs sur une base de donnée de 51 sujets recalés dans l'espace de Talairach. Dans ce repère stéréotaxique, une carte de probabilité de présence de sillon est alors calculée (SPAM, Statistical Probabilistic Anatomy Map). Chaque sujet à étudier est alors recalé dans l'atlas de Talairach, et les traces externes sont extraites automatiquement. Un seuil heuristique détermine l'identification de chaque trace.

Des travaux plus récents [Riviere 00a,Riviere 00b], réalisés au SHJF à Orsay, ont obtenus des résultats impressionnants d'étiquetage des sillons corticaux. L'étape de segmentation des sillons corticaux a été développée par JF Mangin, et est décrite ci-dessus [Mangin 95a]. À partir de ces sillons, un graphe est déduit, mettant en jeu des contraintes contextuelles. Un ensemble de réseaux neuronaux, entraînés à partir d'une base d'apprentissage étiquetée, est mis en oeuvre et les résultats sont rassemblés dans un champ de Markov dont l'étiquetage optimal est recherché par un algorithme de type recuit simulé. Des résultats d'étiquetage avec un taux de réussite de 70% sont présentés.

### 3.2.2 Discussion

Les approches de segmentation et d'identification des sillons sont très difficiles à comparer, en raison de la complexité de la tâche, de la nature tridimensionnelle des résultats, et surtout en raison de l'absence de vérité terrain.

Différentes approches de segmentation des sillons ont été proposées, elles reposent sur des opérateurs de morphologie mathématique, sur des opérateurs de courbure, ou sur l'utilisation des deux. La courbure semble être toutefois un élément important pour résoudre ce problème, car il est relié aux caractéristiques anatomiques des structures étudiées (sulci et gyri). Par ailleurs, la sensibilité des différentes méthodes aux phases de prétraitement (extraction du cerveau, calcul de distances géodésiques par rapport à l'enveloppe externe du cerveau) reste encore à déterminer. Les méthodes les plus récentes fournissent une représentation paramétrique explicite des sillons corticaux, qui est évidemment plus facile à manipuler ultérieurement.

L'identification automatique des sillons corticaux est une tâche très difficile, même pour un expert. Alors que différentes approches ont été développées (en particulier celle de D. Rivière [Riviere 00a]), on peut considérer que ce domaine de recherche reste ouvert. L'identification automatique de sillons, avec une précision raisonnable, ouvrirait la voie à de nombreuses perspectives de recherche.

Dans cette section, l'approche de G. Le Goualher a été décrite de manière plus approfondie car c'est la méthode que nous utilisons dans tout ce document. Nous présentons dans les sections suivantes comment intégrer cette information locale dans le processus de recalage 3.3, puis les résultats obtenus sur des données réelles 3.4.



### 3.3 Intégration dans le recalage

#### 3.3.1 État de l'art

Conscients des faiblesses des méthodes de recalage, quelques auteurs se sont intéressés à l'introduction de contraintes sulcales dans les algorithmes de recalage. Collins *et al.* [Collins 96] modifient l'algorithme ANIMAL, présenté dans les parties I et III. Les contraintes sulcales sont intégrées comme une distance de chamfrein entre le sillon du volume source et le sillon correspondant du volume cible. L'évaluation menée sur des données réelles a permis de montrer le bénéfice de cette approche. Il faut noter que dans cette approche, et en raison de l'intégration, seule la projection orthogonale d'un sillon sur son correspondant est utilisée, comme le montre la figure 3.1

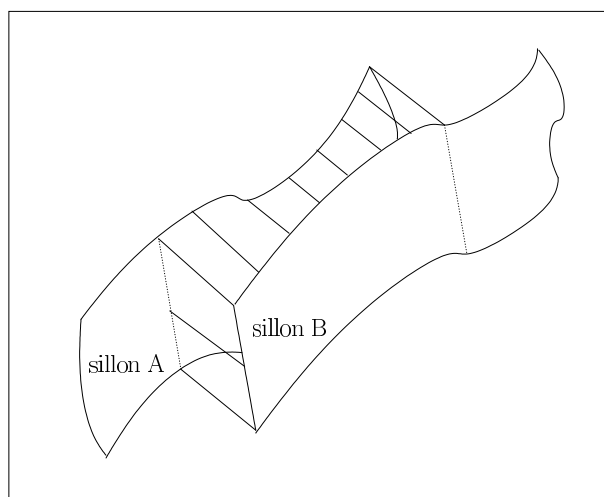


FIG. 3.1 – Intégration des sillons avec une distance de chamfer. Seules la projection orthogonale d'un sillon sur son correspondant est prise en compte. Le procédé de mise en correspondance par l'algorithme ICP donne le même type de contrainte.

Par ailleurs, Vaillant *et al.* utilisent des contraintes sulcales et gyrales pour le recalage non rigide. Le recalage 3D est considéré comme une déformation d'une surface sur laquelle les contraintes sulcales sont définies comme des courbes. Le recalage élastique apparie des points de même courbure sur la surface, ce qui est une hypothèse discutable. Cette approche ressemble à celle proposée dans [Thompson 96], où la déformation de la surface tient compte des contraintes sulcales détectées en surface uniquement. D'autre part, Chui *et al.* [Chui 99] proposent l'algorithme RPM ("robust point matching"), qui incorpore explicitement des contraintes éparées. Les points situés sur les sillons sont extraits interactivement par un expert, et sont intégrés dans un algorithme de minimisation qui recherche une transformation affine, puis affine par morceaux. Enfin, Cachier *et al.* développent une méthode de recalage par block matching sur des fenêtres gaussiennes déformables [Cachier 00]. La mesure de similarité choisie est la corrélation, et un algorithme ICP permet d'intégrer des contraintes provenant des racines sulcales.

### 3.3.2 Mise en correspondance des sillons

Nous avons utilisé l'algorithme développé par G, Le Goualher [LeGoualher 97a] afin d'extraire les sillons corticaux sur la base de donnée de 18 sujets. Cette extraction a été réalisée par G Le Goualher, pendant son séjour postdoctoral au MNI, en utilisant la méthode de reconnaissance automatique des sillons basée sur les SPAM présentée ci-dessus [LeGoualher 98].

#### 3.3.2.1 Sillons continus

Les sillons sont modélisés par des B-splines, ce qui facilite leur manipulation numérique. En particulier, le rééchantillonnage de ces sillons est possible sur chaque axe. Lors du recalage d'un sujet A vers un sujet B, nous considérons les sillons homologues de ces deux sujets. Pour chaque paire de sillons homologues, le sillon contenant le moins de point de contrôle est échantillonné afin que les deux sillons homologues soient finalement décrits par le même nombre de points de contrôle. Alors, nous mettons explicitement en correspondance les points de contrôle de ces sillons. Ceci est résumé sur la figure 3.2. Sur le support des sillons de contrainte du volume source, nous définissons ainsi un champ épars de contrainte qui va être intégré par la suite dans l'estimation.

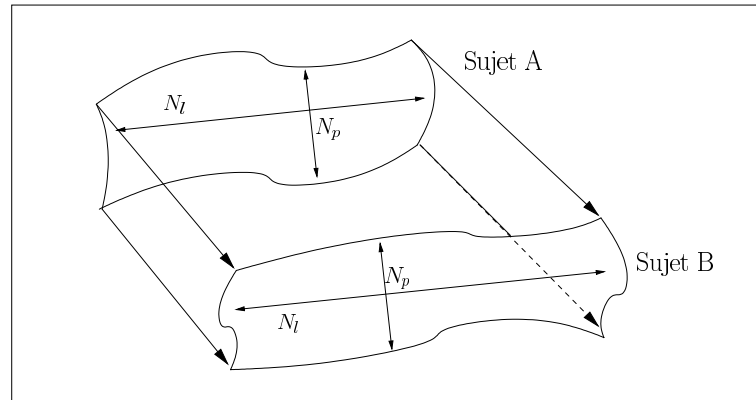


FIG. 3.2 – Mise en correspondance de deux sillons homologues. Le sillon contenant le moins de points de contrôle est échantillonné de manière à obtenir, pour les deux sillons, le même nombre de points de contrôle sur chaque axe, à savoir  $N_l$  et  $N_p$ .

#### 3.3.2.2 Sillons interrompus

Un problème se pose lorsque un des sillons homologues est interrompu (voir figure 3.3). Nous avons choisi dans ce cas la procédure suivante :

- Si l'on note  $p_m$  la profondeur maximale ( $p_m = \max\{p_0, p_1, p_2\}$ ), nous échantillonnons les sillons selon la profondeur afin d'obtenir un nombre de points de contrôle identique ( $p_m$ ) pour tous les segments de sillons sur l'axe de profondeur.

- Notons  $l_m = \max\{l_1 + l_2, l_0\}$ . Si  $l_m = l_1 + l_2$ , nous échantillons le sillon 0 par un facteur  $\frac{l_m}{l_0}$ , et dans le cas contraire nous échantillons les segments de sillons  $i, i \in \{1, 2\}$  par un facteur  $\frac{l_m}{l_1 + l_2}$ .

Sur la figure 3.3, l'abscisse curviligne du point  $M_0$  sur la longueur du sillon 0 est  $\frac{l_1}{l_0}$ , si cette abscisse curviligne est normalisée entre 0 et 1. Au point  $M_0$ , le champ de contrainte correspondant à la mise en correspondance des sillons est discontinu.

Lorsque les sillons homologues sont tous deux interrompus, nous mettons en correspondance chaque segment comme s'il s'agit de sillons continus. Ceci est possible car nous disposons d'un étiquetage de chaque morceau, Inférieur-Supérieur (pour le sillon précentral par exemple), ou Antérieur-Postérieur (pour le sillon temporal supérieur par exemple). Nous avons présenté une approche lorsque un sillon est décrit par deux segments distincts, mais cette méthode est très facilement généralisable à un nombre plus important de segments de sillons.

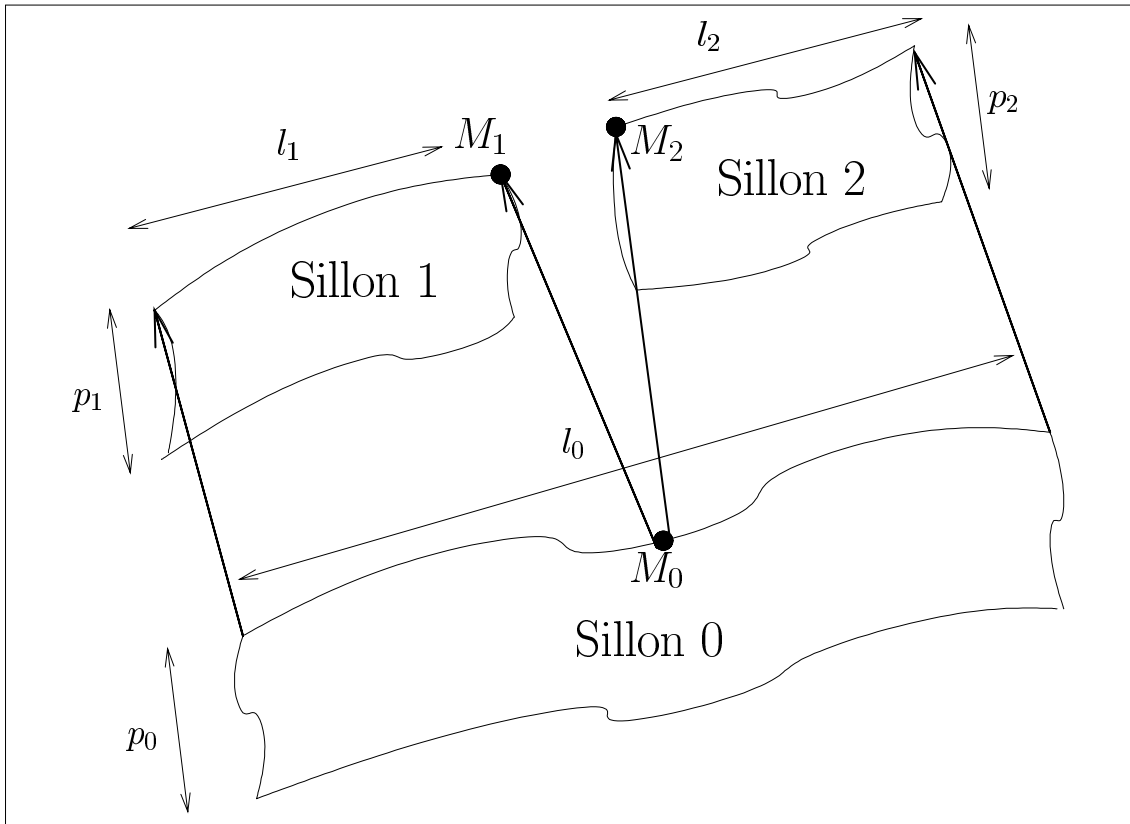


FIG. 3.3 – Mise en correspondance de deux sillons, dont l'un est interrompu. Au point  $M_0$  (d'abscisse curviligne  $\frac{l_1}{l_0}$ ), le champ de contrainte est discontinu.

### 3.3.2.3 Champ épars de contrainte

Dans tous les cas, nous obtenons finalement deux sillons décrits chacun par  $N$  points de contrôle. Le sillon du volume source est décrit par un ensemble de points de contrôle  $S_1 = \{C_S^1 \dots C_S^N\}$ , tandis que le sillon homologue du volume cible est décrit par  $S_2 = \{C_T^1 \dots C_T^N\}$ . Pour chaque point de  $S_1$ , un champ de contrainte peut être explicitement calculé :  $\forall k \in \{1 \dots N\}, w_k^c = \overrightarrow{C_S^k C_T^k}$ . Notons  $\mathcal{S}_c = S_1$  le support de définition du champ épars de contrainte.

Contrairement aux approches de mise en correspondance basées sur une distance (chamfer, ICP), l'algorithme que nous proposons met explicitement en correspondance tous les points des sillons. Cette procédure de mise en correspondance est critiquable, car nous ne savons pas si elle est anatomiquement plausible. Faut-il mettre explicitement en correspondance les points extrémaux des sillons? Comment gérer les interruptions de sillons? Dans l'absence d'hypothèses anatomiques, il nous a paru plus raisonnable, et en tous cas plus simple dans un premier temps, de mettre en oeuvre ce procédé de mise en correspondance des sillons corticaux. À la fin de ce processus, nous obtenons un champ de contrainte  $w^c$ , qui est défini sur le support du volume source.

Afin de limiter la sensibilité du calcul du champ de contrainte aux erreurs de segmentation des sillons, nous effectuons une régularisation anisotrope du champ, qui est une extension et une adaptation 3D du filtrage de Nagao [Nagao 79].

L'approche que nous proposons par la suite suppose l'existence de ce champ  $w^c$ , et n'est donc pas intrinsèquement liée aux contraintes corticales.

### 3.3.3 Formulation avec contrainte épars

Le champ de contrainte  $w^c$  s'intègre dans l'estimation en ajoutant à la fonction d'énergie à minimiser un terme énergétique de vraisemblance avec la contrainte (de manière similaire à [Gee 95]). La fonction d'énergie (2.1) de la partie I à minimiser devient alors :

$$U(w; f, w^c) = \sum_{s \in S} [\nabla f(s, t) \cdot w_s + f_t(s, t)]^2 + \alpha \sum_{\langle s, r \rangle \in \mathcal{C}} \|w_s - w_r\|^2 + \alpha^c \sum_{s \in \mathcal{S}_c} \|w_s - w_s^c\|^2, \quad (3.1)$$

où  $\alpha^c$  est un paramètre réglant la pondération du terme énergétique de contrainte par rapport aux deux autres termes.

Nous allons, de manière identique à la partie I, introduire un estimateur robuste sur le terme de contrainte. En effet, l'algorithme de segmentation des sillons introduit des erreurs de segmentation. D'autre part, nous avons choisi une méthode de mise en correspondance explicite qui peut s'avérer partiellement inexacte, sur un plan anatomique. Il est donc nécessaire, lors de l'estimation finale du champ de déformation, de pouvoir remettre en cause partiellement cette contrainte locale. L'introduction d'un estimateur robuste sur ce dernier terme, de variable auxiliaire  $\gamma$ , doit autoriser le rejet de certains points aberrants du champ de contrainte.

Exprimée avec des estimateurs robustes sur chaque terme, et dans le cadre de minimisation multigrille détaillé dans la partie I, La fonction d'énergie finale devient :

$$U^\ell(\Theta^\ell, \delta^\ell, \beta^\ell, \gamma^\ell; f^\ell, \hat{\mathbf{w}}^\ell, \mathbf{w}^c) = U_1^\ell(\Theta^\ell, \delta^\ell; f^\ell, \hat{\mathbf{w}}^\ell) + U_2^\ell(\Theta^\ell, \beta^\ell; \hat{\mathbf{w}}^\ell) + U_3^\ell(\Theta^\ell, \gamma^\ell; \hat{\mathbf{w}}^\ell, \mathbf{w}^c)$$

avec :

$$U_1^\ell(\Theta^\ell, \delta^\ell; f^\ell, \hat{\mathbf{w}}^\ell) = \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{s \in \Xi_n} \delta_s \left[ \nabla f(s + \hat{\mathbf{w}}_s^\ell, t_2)^T P_s \Theta_n^\ell + f_t(s + \hat{\mathbf{w}}_s^\ell, t_1) \right]^2 + \psi_1(\delta_s^\ell),$$

$$U_2^\ell(\Theta^\ell, \beta^\ell; \hat{\mathbf{w}}^\ell) = \frac{\alpha}{2} \sum_{n=1}^{N_\ell} \left( \sum_{m \in V^\ell(n)} \sum_{\langle s, r \rangle \in \mathcal{C}_{nm}^\ell} \beta_{sr}^\ell \|(\hat{\mathbf{w}}_s^\ell + P_s \Theta_n^\ell) - (\hat{\mathbf{w}}_r^\ell + P_r \Theta_m^\ell)\|^2 + \psi_2(\beta_{sr}^\ell) \right) \\ + \alpha \sum_{n=1}^{N_\ell} \left( \sum_{\langle s, r \rangle \in \mathcal{C}_n^\ell} \beta_{sr}^\ell \|(\hat{\mathbf{w}}_s^\ell + P_s \Theta_n^\ell) - (\hat{\mathbf{w}}_r^\ell + P_r \Theta_n^\ell)\|^2 + \psi_2(\beta_{sr}^\ell) \right),$$

et

$$U_3^\ell(\Theta^\ell, \gamma^\ell; \hat{\mathbf{w}}^\ell, \mathbf{w}^c) = \alpha^c \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{s \in \Xi_n \cap \mathcal{S}_c} \gamma_s \left[ (\hat{\mathbf{w}}_s^\ell + P_s \Theta_n^\ell) - \mathbf{w}_s^c \right]^2 + \psi_3(\gamma_s^\ell),$$

Malheureusement, cette formulation introduit deux nouveaux paramètres ( $\alpha^c$ , ainsi que la paramètre de la fonction  $\psi_3$  permettant de calculer  $\gamma$ ). On peut toutefois estimer que ces deux paramètres doivent avoir des valeurs élevées. En effet, sur le support  $\mathcal{S}_c$  du champ de contrainte, l'estimation doit prendre largement en compte la contrainte locale (valeur de  $\alpha^c$  importante). De plus, malgré les erreurs qui se sont introduites dans le calcul du champ  $\mathbf{w}^c$ , la contrainte ne doit pas être rejetée trop facilement (valeur élevée du paramètre de l'estimateur robuste  $\psi_3$  réglant le calcul de  $\gamma$ ).

La procédure de minimisation reste inchangée. Elle est alternée entre actualisation des poids des estimateurs robustes et estimation du champ, et l'estimation du champ est réalisée au travers d'une minimisation itérative de type Gauss-Seidel.

Cette contrainte locale est propagée grâce à l'action de deux effets : d'une part le terme de régularisation  $U_2$  propage cette contrainte locale car la minimisation est itérée ; d'autre part la minimisation multigrille permet d'estimer des modèles de déformation pour des larges groupes de voxels (cubes importants), qui tiennent compte de la contrainte, malgré sa définition sur un support de cardinal réduit (en raison d'une pondération  $\alpha^c$  élevée). La contrainte locale a donc une influence sur un voisinage spatial, dont l'étendue dépendra des paramètres de l'algorithme. Nous allons sur des expériences essayer de mesurer le rayon d'influence de cette contrainte.

## 3.4 Résultats

## 3.5 Expérience sur 2 sujets

### 3.5.0.1 Volumes recalés

Nous avons tout d'abord testé l'approche coopérative sur deux sujets de la base de données. Les coupes sur chaque axe des volumes source et cible sont présentées sur la

figure 3.4. Pour chacun de ces deux sujets, 6 sillons sont segmentés par hémisphère (sillon central, précentral, postcentral, frontal supérieur, sylvien, temporal supérieur).

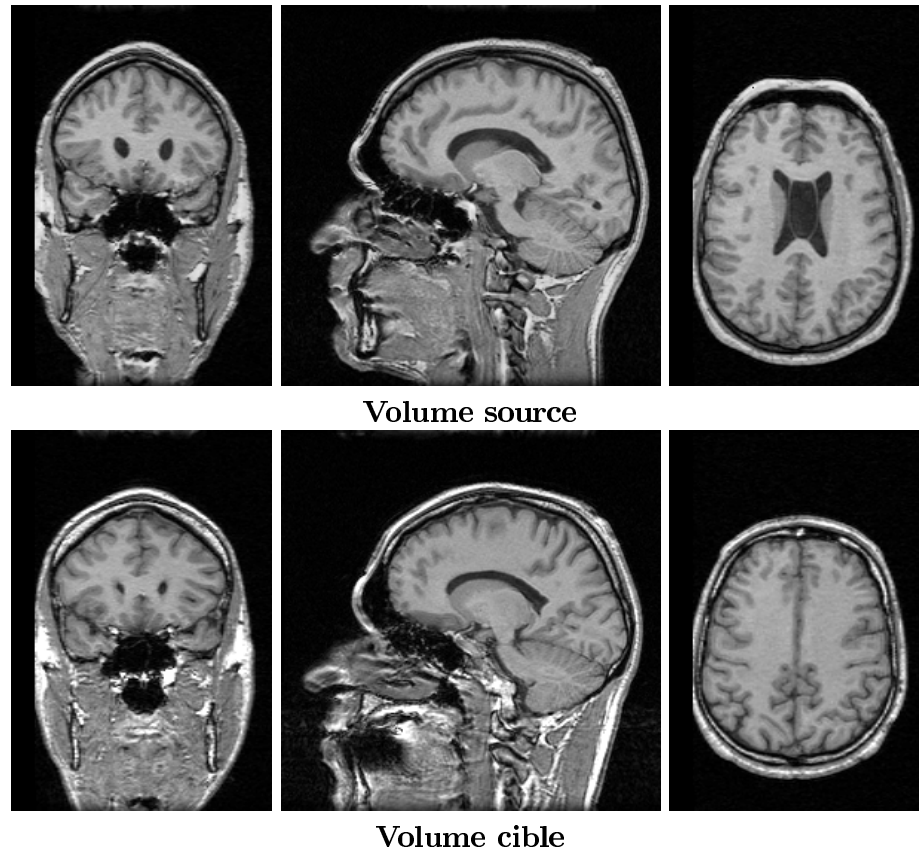
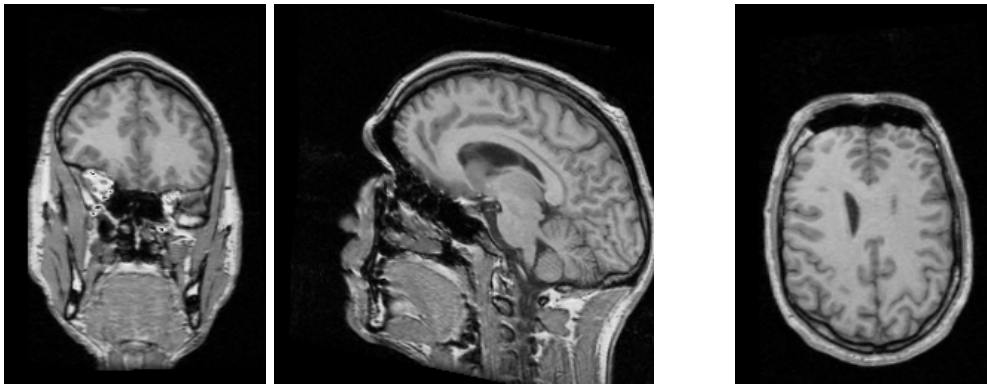
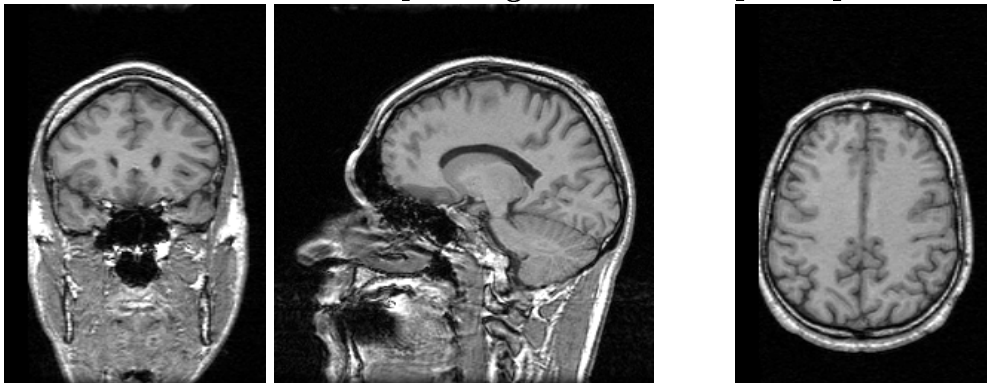


FIG. 3.4 – Volumes source et cible choisis pour tester la méthode de recalage coopérative.

Dans un premier temps, nous avons voulu évaluer les résultats d'un recalage basé uniquement sur les contraintes locales. Dans ce but, l'algorithme TPS, proposé par Bookstein [Bookstein 89] semble adapté puisqu'il propose une interpolation lisse du champ de déformation tout en garantissant un bon recalage des amers de fusion retenus. Les résultats de ce recalage sont présentés sur la figure 3.5, et le volume déformé doit être comparé avec le volume cible, dont les coupes sont également présentées sur la figure 3.5. Les résultats mettent en évidence l'insuffisance de cette méthode, lorsque l'on s'éloigne des sillons corticaux. En particulier, les résultats de recalage sont mauvais dans la partie occipitale, où aucun sillon n'est utilisé pour la contrainte.



**Volume déformé par l'algorithme "thin plate spline"**



**Volume cible à comparer avec le volume déformé par "thin plate spline"**

FIG. 3.5 – Volume déformé par la méthode "thin plate spline". La méthode de recalage garantit une bonne précision sur les amers de fusion utilisés, et interpole de manière lisse le champ de déformation sur le reste du volume.

Nous avons ensuite appliqué la méthode coopérative, avec introduction des contraintes sulcales. Nous avons dans un premier temps lancé l'algorithme sans estimateur robuste sur le terme de contrainte, et en conservant la même valeur du paramètre  $\alpha$  que dans la partie I. Rappelons que ce paramètre  $\alpha$  règle la pondération entre le terme de similarité iconique et le terme de régularisation. Les coupes du volume recalé sont présentées sur la figure 3.6. Ce résultat fait apparaître des discontinuités importantes de la solution, et montre les limites de la contrainte locale. En effet, le calcul de cette contrainte est critiquable, et peut être anatomiquement incohérent. D'autre part, la solution doit être plus régularisée, afin de propager la contrainte locale sur un voisinage plus large et éviter ainsi les discontinuités de reconstruction que nous observons.

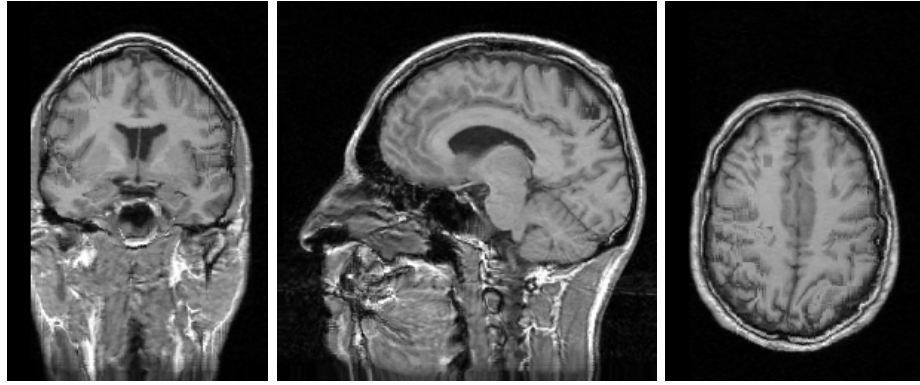


FIG. 3.6 – Volume recalé avec contrainte locale, sans estimateur robuste sur le terme de contrainte locale, et avec la même valeur du paramètre  $\alpha$ , réglant la pondération accordée au terme de régularisation.

S'inspirant de ces constatations, un estimateur robuste sur le terme de similarité avec la mise en correspondance des sillons a été introduit. De plus, nous avons sensiblement accru le poids du terme de régularisation (nous avons donc fixé  $\alpha = 2000$ , au lieu de 500 auparavant). Nous n'avons pas constaté que la méthode présente une forte sensibilité par rapport à ce paramètre  $\alpha$ , c'est pour cela que nous l'avons augmenté dans un rapport de 4. Les résultats de ce recalage contraints sont visibles sur la figure 3.7, où ils sont comparés au résultat sans contrainte locale, ainsi qu'au volume source. Ces résultats font apparaître des différences notables, en particulier dans la région péri-centrale, sur la coupe axiale notamment. Comme dans la partie III, il est possible de calculer une distance moyenne entre les sillons du volume source déformés, et les sillons correspondants du volume cible. Cette distance moyenne vaut 13.6 avec l'algorithme initial présenté dans la partie I, pour ces deux sujets, et tombe à 1.9 avec l'introduction des contraintes sulcales. La valeur de cette distance finale n'est pas surprenante, car nous intégrons explicitement l'information sulcale dans l'estimation. Cette mesure permet seulement de vérifier que malgré l'introduction d'un estimateur robuste sur le terme de contrainte, et malgré une régularisation plus importante, la mise en correspondance des sillons reste précise, sans perturbations importantes du champ final.



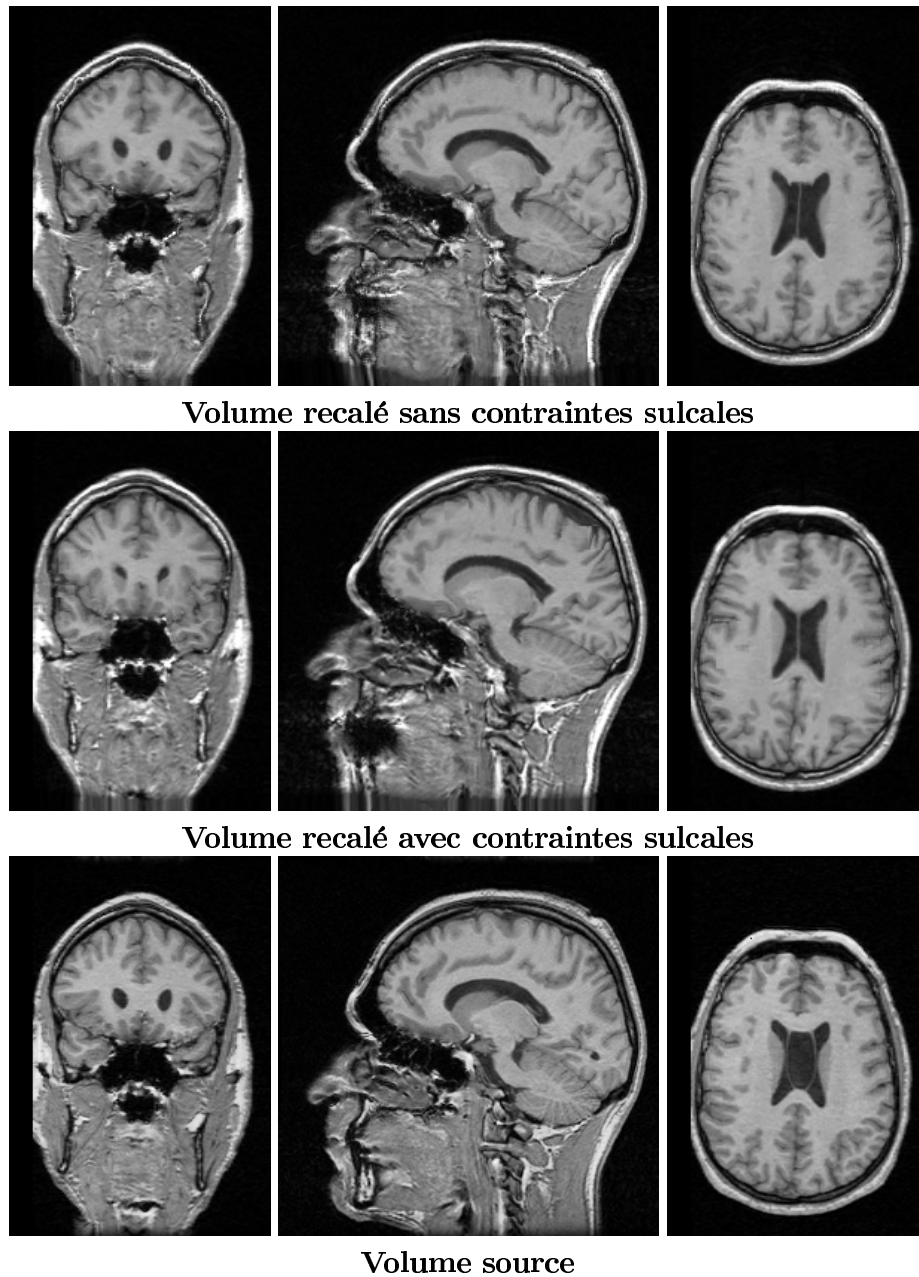


FIG. 3.7 – Comparaison des volumes recalés avec et sans contraintes sulcales. Les deux volumes recalés doivent être comparés au volume source.

D'autre part, il est possible d'évaluer le rayon d'influence de cette contrainte locale. Nous avons donc construit un champ de contrainte avec la mise en correspondance des sillons centraux gauche et droits uniquement. Après recalage contraint, nous évaluons le recalage des sillons précentraux et postcentraux. Ces résultats sont présentés sur la table 3.1. La contrainte du sillon central a une influence positive dans un cas seulement, le sillon postcentral gauche. Pour les autres sillons, la différence n'est pas significative car les

paramètres des deux méthodes sont différents. Il est possible d’avancer deux explications pour expliquer ce résultats ; soit l’algorithme ne propage pas suffisamment les contraintes locales, soit les déformations de deux sillons voisins ne sont pas nécessairement corrélées.

	Précentral droit	Précentral gauche	Postcentral droit	Postcentral gauche
Sans contrainte	8.1	6.9	12.6	21.2
Avec contrainte	8.2	7.2	14.1	15.9

TAB. 3.1 – Influence du recalage contraint par les sillons centraux sur les sillons voisins. Les mesures de distance, avec et sans contrainte, montrent que la contrainte a une influence très locale.

### 3.6 Expérience sur la base de donnée de 18 sujets

Dans cette section, nous comparons les méthodes de recalage, avec et sans contrainte, sur la base de donnée de 18 sujets. Pour se faire, nous reprenons le cadre de validation présenté dans la partie III. Nous mettons donc en oeuvre des mesures globales et locales pour évaluer l’apport de la contrainte sulcale dans l’estimation.

Comme nous l’avons décrit dans la section précédente, il faut augmenter la pondération accordée à la régularisation pour que la coopération entre approches locales et globales ne provoque pas de problèmes de reconstruction. Nous avons donc relancé la méthode de la partie I, avec le même jeu de paramètres, soit  $\alpha = 2000$ . **Les résultats que nous donnons pour la méthode sans contraintes sont donc calculés avec un même jeu de paramètres pour les deux méthodes.**

#### 3.6.1 Mesures globales

Un volume moyen peut être calculé à partir des différents volumes déformés, volume qui doit être comparé au volume de référence. La figure 3.8 présente les coupes des volumes moyens, avec et sans contraintes sulcales, ainsi que les coupes correspondantes du volume de référence pour comparaison. Dans les coupes du volume moyen correspondant à la méthode avec contraintes sulcales, les sillons employés pour le champ de contrainte apparaissent très nettement, montrant la qualité du recalage obtenu pour ces amers sur l’ensemble de la base de données. Le volume que nous présentons pour la méthode sans contrainte est plus flou que celui présenté dans la partie I, en raison du poids accru de la régularisation.

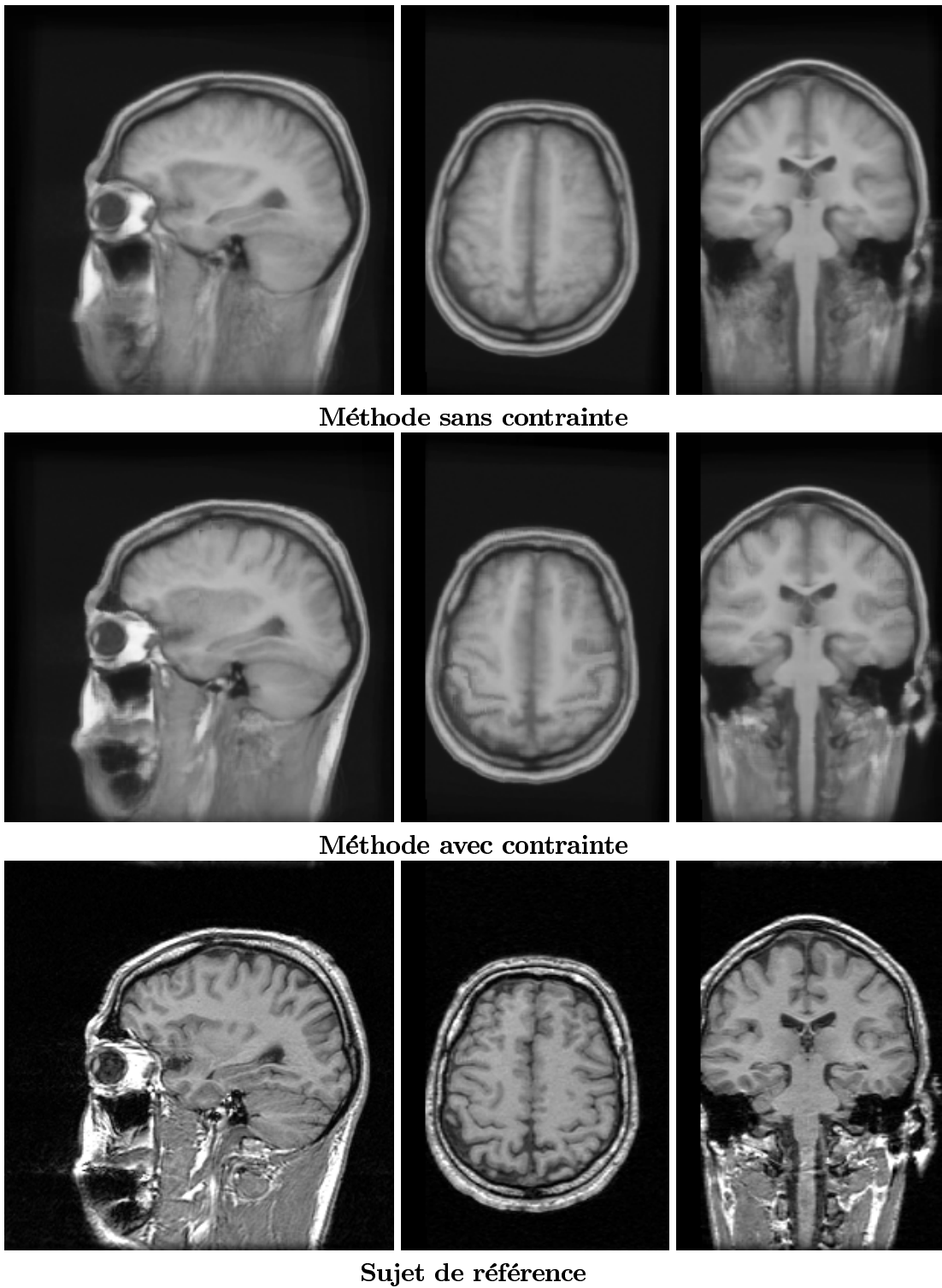


FIG. 3.8 – Résultat du volume moyen avec l'introduction de contraintes sulcales.

Nous avons mis en oeuvre des mesures globales de validation, comme dans la partie

III, afin de quantifier les différences entre l’approche initiale et l’approche avec contraintes sulcales. Les écarts quadratiques moyens (EQM) entre le volume moyen et le volume de référence sont donnés en table 3.2. Les mesures de recouvrement moyens entre les tissus de matière grise et matière blanche sont donnés en table 3.3. Pour chaque méthode, la corrélation moyenne entre les volumes  $L_{vv}$  déformés et le volume  $L_{vv}$  de référence est donnée sur le tableau 3.4.

L’EQM montre que le volume moyen calculé avec l’approche contrainte est plus similaire au volume de référence, avec une diminution de l’ordre de 25%. Ceci confirme l’impression visuelle de la figure 3.8. Les mesures globales du  $L_{vv}$  et du recouvrement gris/blanc sont comparables avec les deux algorithmes, avec un même jeu de paramètres. En effet, nous avons pu constater lors des expériences faites sur 2 que la contrainte introduite garde une influence locale. Les mesures globales ne sont par conséquent pas très différentes pour la méthode contrainte. Cependant, les variances des mesures (recouvrement des tissus et corrélation du  $lvv$  sont significativement plus faibles, ce qui tendrait à montrer que l’algorithme contraint est plus robuste sur l’ensemble de la base de donnée).

	Support entier	Support réduit au masque de segmentation du cerveau
Sans contraintes	750.4	624.5
Avec contraintes	545.2	506.7

TAB. 3.2 – Écart quadratique moyen (EQM) entre le volume moyen et le volume de référence. Un premier calcul est effectué sur l’intégralité du support du sujet de référence, et un second calcul est limité sur le support du masque de segmentation du cerveau du sujet de référence.

Méthode	Classe	Moyenne	Variance
Sans contrainte	gris	93.5	0.07
	blanc	95.1	0.07
Avec contrainte	gris	93.5	0.05
	blanc	95.3	0.05

TAB. 3.3 – Tableau de comparaison du recouvrement entre les classes de matière grise et matière blanche. Pour les deux méthodes, la valeur moyenne sur la base de donnée du recouvrement entre le tissu du sujet de référence et le tissu d’un sujet déformé est calculée, ainsi que la variance de cette variable.

Méthode	Moyenne	Variance
Sans contrainte	0.27	0.004
Avec contrainte	0.27	0.004

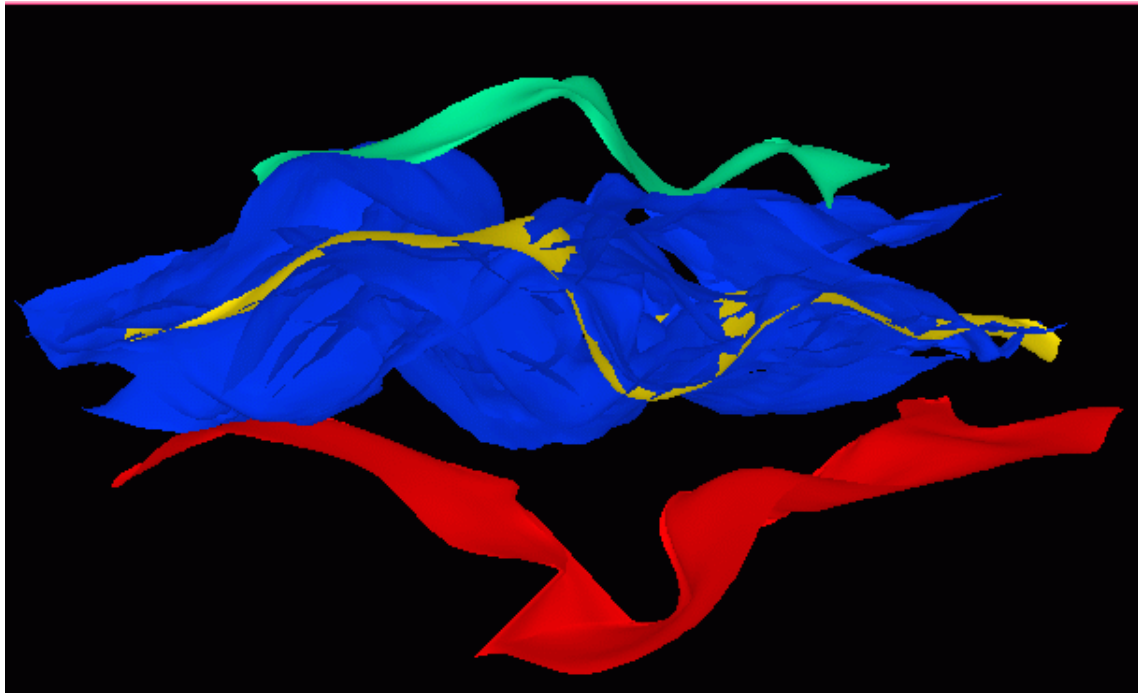
TAB. 3.4 – Moyenne et variance, calculées sur les sujets de la base de donnée, de la corrélation entre le Lvv du sujet de référence et le Lvv du sujet déformé par une méthode de recalage.

### 3.6.2 Mesures locales

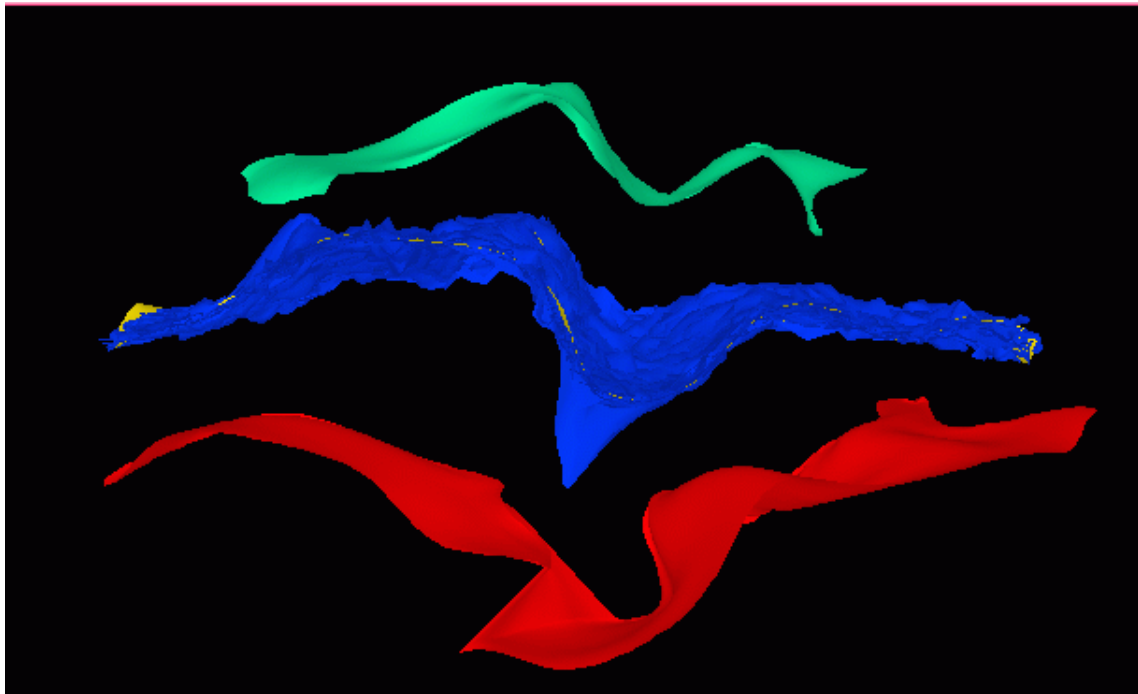
Dans cette section, les approches avec et sans contraintes sont comparées sur des critères locaux, à savoir la mise en correspondance de sillons corticaux. Comme cette information est introduite explicitement dans l'estimation, nous nous attendons à ce que la méthode contrainte fournisse pour ces critères de meilleurs résultats.

#### 3.6.2.1 Sillons superposés

De même que dans la partie III, nous déformons le sillon donné des différents sujets par les champs obtenus, avec et sans contrainte. La visualisation des sillons déformés, et leur comparaison avec le sillon de référence, est présentée sur les figures 3.9, 3.10 et 3.11, pour les sillons centraux gauches, frontaux supérieurs gauches et sylviens gauche respectivement. Pour chaque groupe de sillons, la méthode avec contrainte conduit à un recalage significativement plus précis, où les sillons des différents sujets déformés sont quasiment superposés au sillon du sujet de référence.

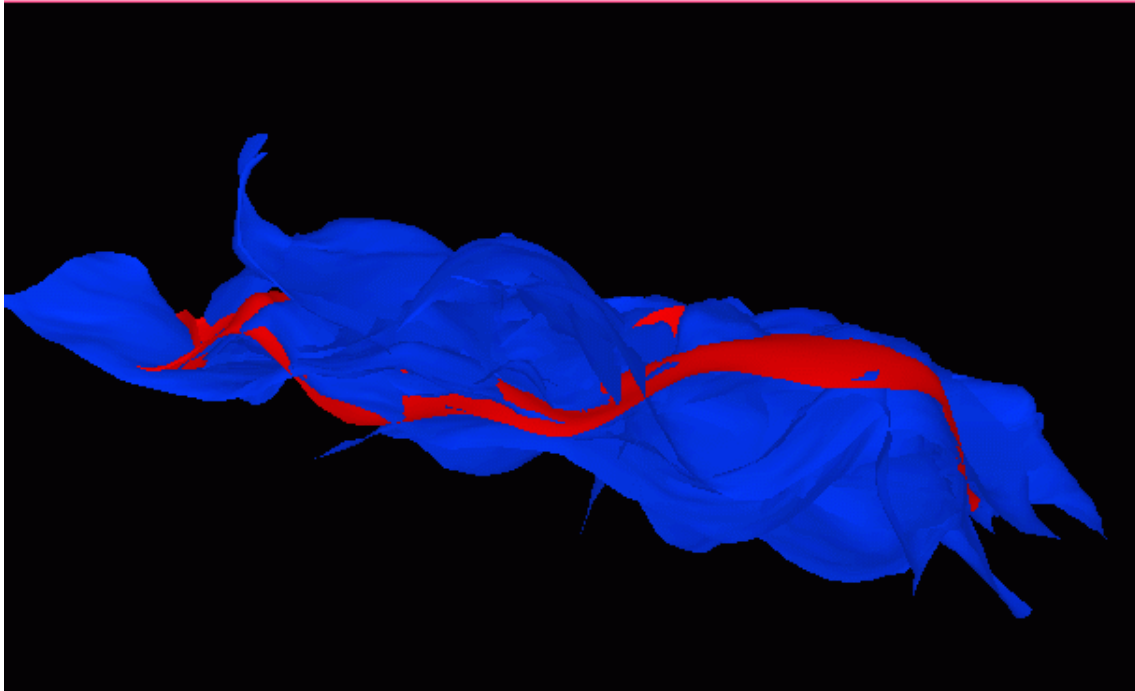


*méthode sans contrainte*

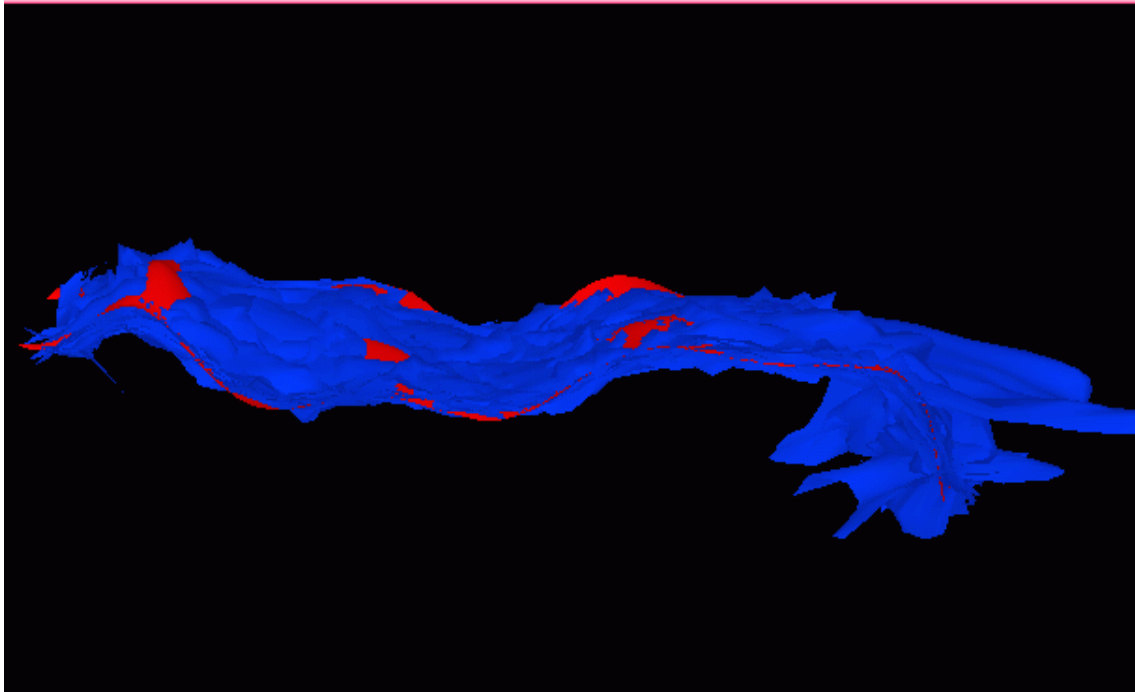


*méthode avec contrainte*

FIG. 3.9 – Les sillons centraux gauche des sujets de la base de donnée sont déformés, et comparés au sillon central gauche du sujet de référence. Les sillons déformés sont tracés en bleu, le sillon de référence en jaune, le sillon postcentral de référence en vert et le précentral de référence en rouge. La méthode avec contrainte a recalé les sillons des différents sujets vers le sujet de référence avec précision.

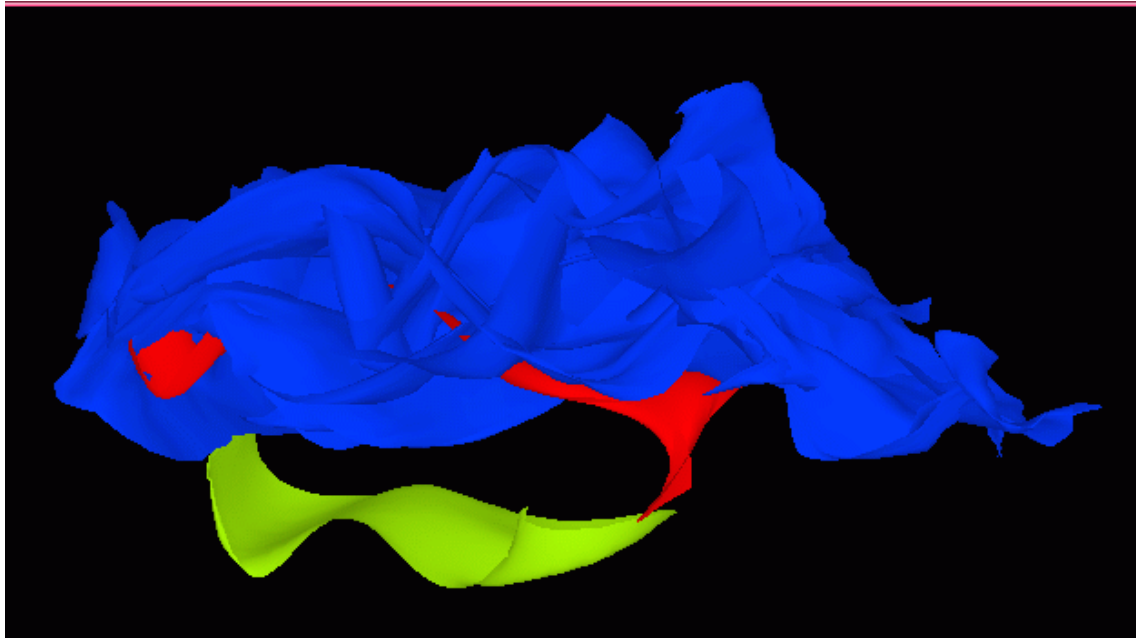


*méthode sans contrainte*

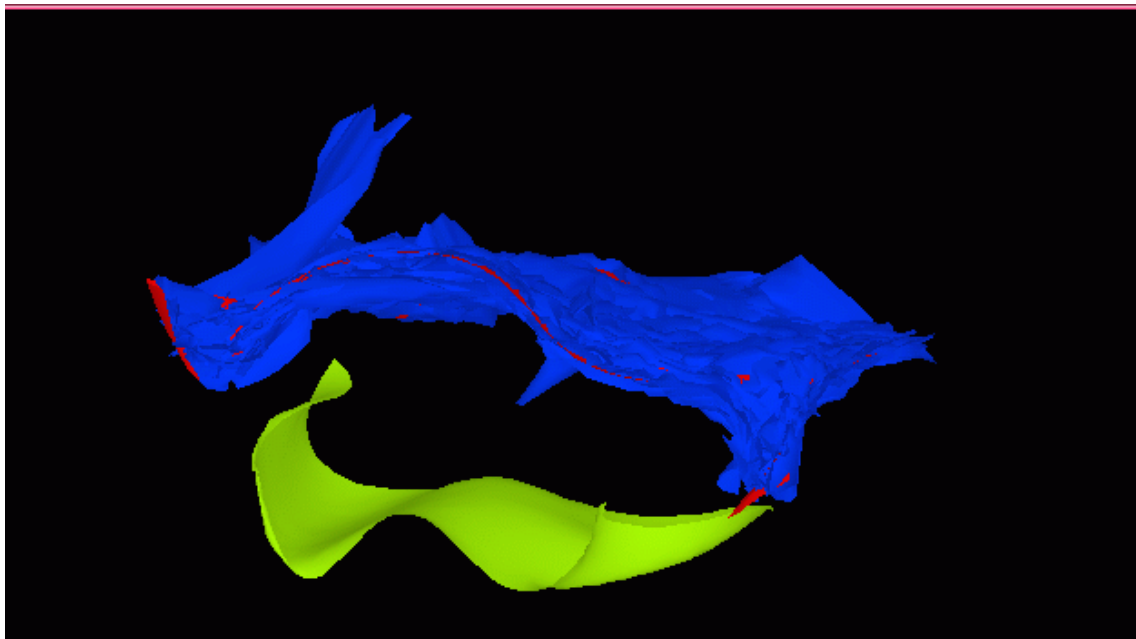


*méthode avec contrainte*

FIG. 3.10 – Les sillons frontaux supérieurs gauche des sujets de la base de donnée sont déformés, et comparés au sillon central gauche du sujet de référence. Les sillons déformés sont tracés en bleu, le sillon de référence en rouge. La méthode avec contrainte a recalé les sillons des différents sujets vers le sujet de référence avec précision.



*méthode sans contrainte*



*méthode avec contrainte*

FIG. 3.11 – Les sillons sylviens supérieurs gauche des sujets de la base de donnée sont déformés, et comparés au sillon central gauche du sujet de référence. Les sillons déformés sont tracés en bleu, le sillon de référence en rouge et le sillon temporal supérieur du sujet de référence en vert. La méthode avec contrainte a recalé les sillons des différents sujets vers le sujet de référence avec précision.



### 3.6.2.2 Sillons moyens

Il est aussi, comme dans la partie III, possible de calculer pour chaque méthode un sillon moyen obtenu par moyennage des points de contrôle des sillons de chaque sujet déformé vers le sujet de référence. Ces visualisations sont présentées sur les figures 3.12, 3.13, et 3.14 pour les sillons centraux gauches, frontaux supérieurs gauches et sylviens gauche respectivement. Compte tenu des résultats de superposition des sillons présentés ci-dessus, les résultats sur le sillon moyen ne peuvent que confirmer visuellement le bon recalage obtenu sur les sillons considérés.

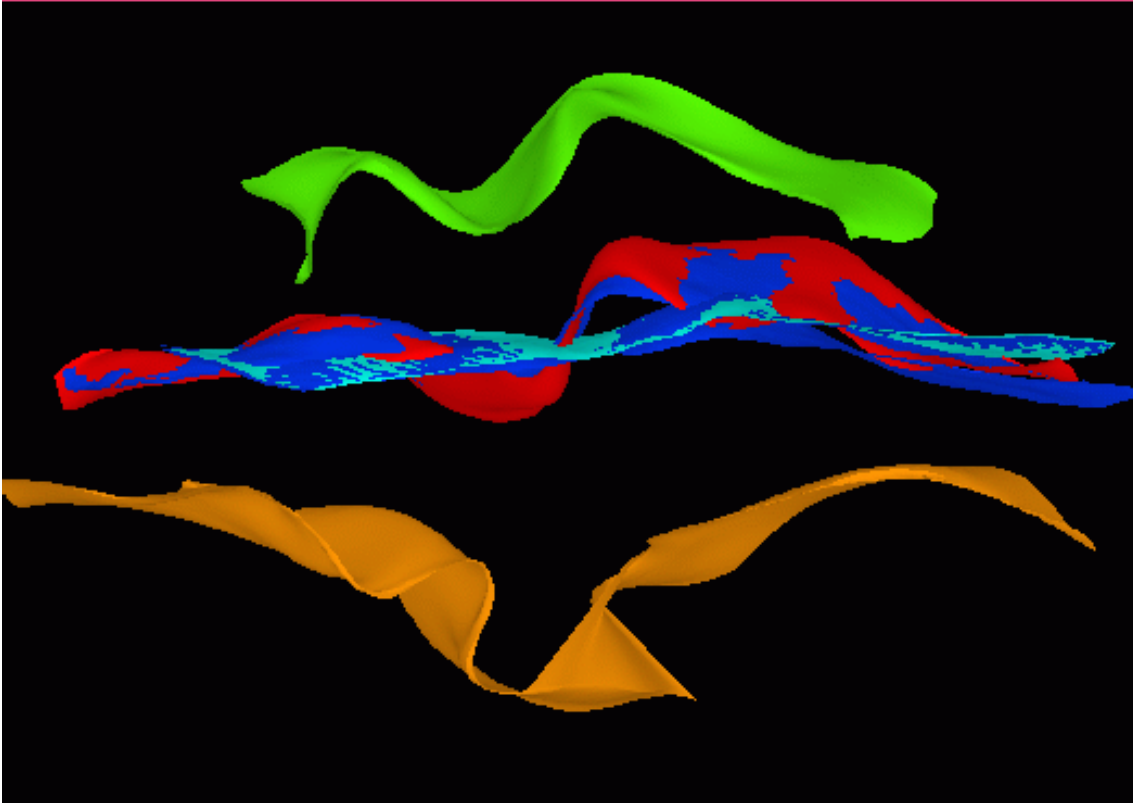


FIG. 3.12 – Pour le sillon central gauche, sillons moyens obtenus par les méthodes sans contrainte (en bleu clair), et avec contrainte (en bleu foncé). Le sillon du sujet de référence est tracé en rouge, le sillon précentral de référence en orange et le sillon postcentral de référence en vert. Le sillon moyen de la méthode avec contrainte est difficile à distinguer du sillon de référence. Le logiciel de visualisation a eu quelques difficultés à gérer la table de couleur, c'est pour cette raison que les couleurs bleues se distinguent mal.

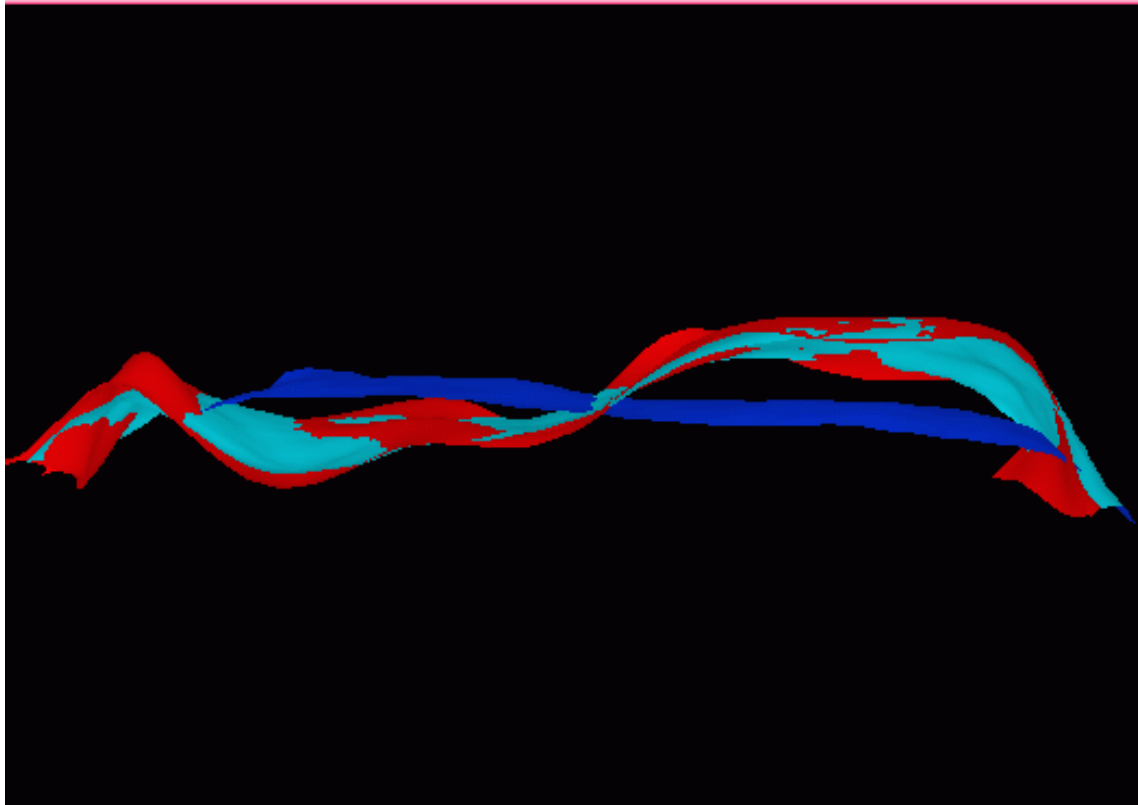


FIG. 3.13 – Pour le sillon frontal supérieur gauche, sillons moyens obtenus par les méthodes sans contrainte (en bleu clair), et avec contrainte (en bleu foncé). Le sillon du sujet de référence est tracé en rouge. Le sillon moyen de la méthode avec contrainte est difficile à distinguer du sillon de référence.

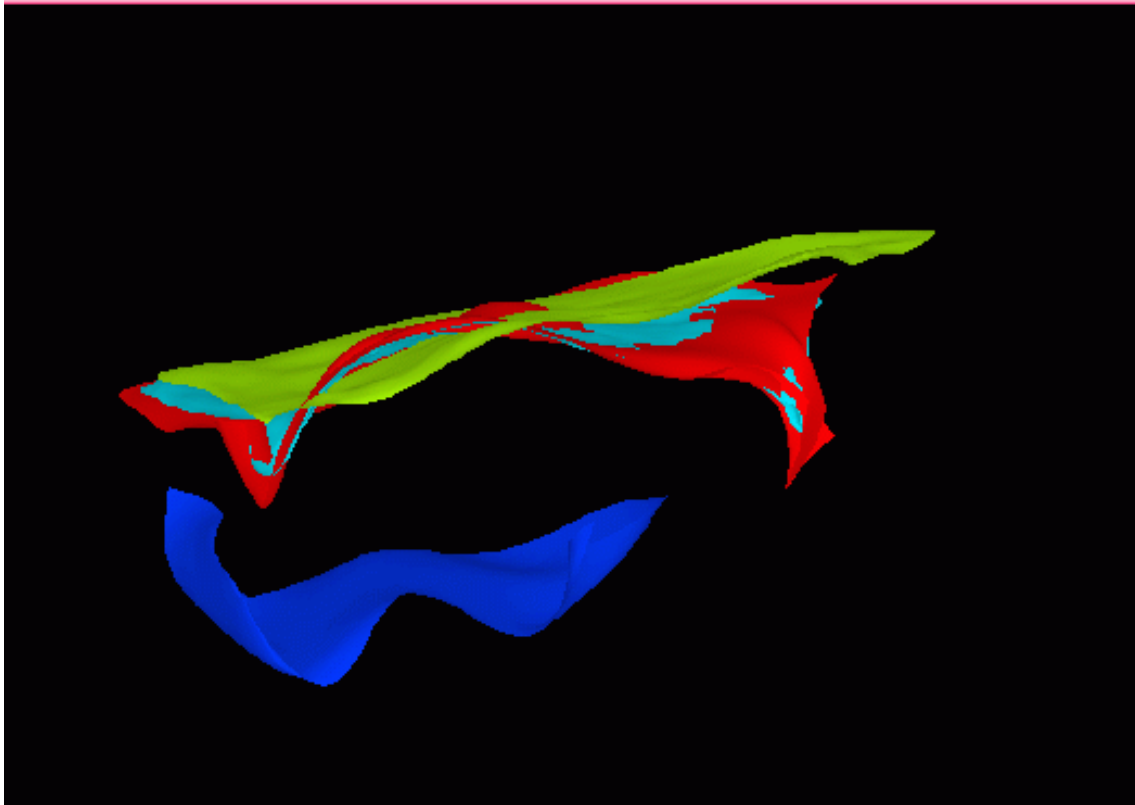


FIG. 3.14 – Pour le sillon frontal supérieur gauche, sillons moyens obtenus par les méthodes sans contrainte (en vert), et avec contrainte (en bleu clair). Le sillon du sujet de référence est tracé en rouge, et le sillon temporal supérieur de référence en bleu foncé. Le sillon moyen de la méthode avec contrainte est difficile à distinguer du sillon de référence.

### 3.6.2.3 Quantification numérique

La visualisation des sillons déformés montre l'apport de la méthode contrainte, qui peut être également évaluée numériquement, comme dans la partie III. Dans un premier temps, le tableau 3.5 indique les distances moyennes entre le sillon de référence et les sillons correspondant de chaque sujet déformés par une méthode de recalage. La valeur indiquée est donc la moyenne des distances sur les 12 sillons et sur les 18 sujets. Il n'est pas surprenant de constater que la méthode contrainte obtient des résultats satisfaisants sur les sillons d'étude, puisqu'ils sont intégrés explicitement dans l'estimation. On peut noter l'alignement presque parfait des centres de gravité des sillons déformés, avec une précision de 0.2 voxel.

	Distance moyenne entre points de contrôle	Distance moyenne entre centres de gravité
Sans contraintes	10.4	8.0
Avec contraintes	1.2	0.2

TAB. 3.5 – Distance moyenne entre points de contrôle et centres de gravité, en voxels, calculés entre le sillon du sujet de référence et le sillon correspondant d’un sujet déformé par une méthode de recalage. La moyenne est réalisée sur tous les sujets et sur tous les sillons.

### Distance entre sillons après recalage

**Analyse modale des sillons déformés** Par ailleurs, il est possible de décomposer sur une base adaptée les variations de forme d’une population de sillons. Il est ici question d’étudier les variations de forme d’un groupe de sillons, formé par les sillons homologues de chaque sujet déformés, par rapport au sillon correspondant du sujet de référence (par exemple les variations de forme des sillons centraux gauche de chaque sujet déformés par la méthode avec contraintes corticales). L’analyse en composante principale a été présentée dans les parties III et IV, et nous avons retenu une mesure compacte qui est la trace de la matrice de covariance. Cette trace représente la variance totale des déformations observées, et elle est invariante par changement de repère. Nous pouvons donc comparer les traces de chaque méthode, dans le tableau 3.6. Cette trace montre l’apport de la méthode avec contrainte, les variations de forme des sillons déformés par rapport au sillon de référence sont moins importantes, d’un facteur 10 environ.

Sillon	Méthode	Trace de la matrice de covariance
Central gauche	Sans contraintes	11136
	Avec contraintes	1472
Frontal supérieur gauche	Sans contraintes	11595
	Avec contraintes	2273
Sylvien gauche	Sans contraintes	17760
	Avec contraintes	2022

TAB. 3.6 – Pour différents sillons, trace de la matrice de covariance obtenue pour les méthodes avec et sans contraintes. Les analyses sont faites indépendamment pour chaque méthode, ce qui conduit à des bases de vecteur propres différentes. cependant, les traces, représentant la variance totale de la population sur les axes, sont comparables car invariantes par changement de repère orthonormal. Ces traces expriment la variance totale, sur tous les axes, expliquant les variations des populations, par rapport au sillon de référence correspondant.

## 3.7 Conclusion

Nous avons présenté dans ce chapitre une approche de recalage inter sujets de volumes cérébraux, fondée sur la coopération entre une approche “globale”, présentée dans la partie

I, et une approche locale, basée sur l'extraction et la mise en correspondance de sillons corticaux. Le cadre méthodologique présenté dans la partie I permet d'intégrer de manière simple et naturelle la contrainte locale, sous la forme d'une similarité entre le champ estimé et le champ épars de contrainte. Cette approche est générique, dans la mesure où elle n'est pas limitée à l'introduction de contrainte sulcale, mais peut incorporer toute contrainte pouvant s'exprimer sous la forme d'un champ épars de déformation.

Sur des données réelles, nous avons constaté qu'il est nécessaire d'augmenter le poids accordé à la régularisation afin que la coopération entre la similarité basée sur la conservation de la luminance et la similarité locale ne crée pas d'artefacts de reconstruction, ni de discontinuités trop fortes. Sur une base de donnée de 18 sujets, nous avons donc comparé l'algorithme originel et l'algorithme contraint avec un même jeu de paramètres. Sur des mesures globales, la différence est faible car la contrainte reste très localisée. Malgré tout, une plus grande robustesse (se traduisant par des variances plus faibles sur les critères) semble avoir été atteinte par la méthode contrainte. Sur des mesures locales, l'apport de la contrainte est significatif.

Bien évidemment, la validation faite sur des critères locaux est fortement liée à la nature même de la contrainte locale introduite explicitement dans l'estimation. cependant, nous avons pu constater sur les sujets que nous avons recalé, et en particulier sur le modèle moyen, que les zones sulcales sont mieux recalées. Les sillons utilisés pour la contrainte apparaissent nettement sur le volume moyen des 17 sujets recalés.

Cette approche coopérative soulève de nombreuses questions et mériterait un travail complémentaire. En particulier, nous avons pu constater les effets antagonistes du modèle de déformation présenté dans la partie I, et qui repose sur la mise en correspondance de voxels de luminance identique, et les contraintes locales basées sur la mise en correspondance de sillons. Ceci est somme toute très logique, puisque nous avons montré dans la partie III que ce modèle de déformation ne recalé pas correctement les sillons corticaux. Afin de régler ce "différent", nous avons proposé d'introduire un estimateur robuste sur le terme de similarité locale, et d'accorder un poids accru à l'estimation. Cette solution n'est pas satisfaisante et pourrait être envisagée de différentes manières :

- Le calcul du champ de contrainte est-il adéquat? Nous avons mis en correspondance tous les points de contrôle des sillons, ce qui correspond à la solution "informatique" la plus simple, mais qui constitue une hypothèse anatomique forte. De plus, cette mise en correspondance est la plus sensible aux erreurs de segmentation des sillons. Il serait par exemple plus judicieux de ne mettre en correspondance que les racines sulcales, qui sont peut être des invariants plus fiables. On pourrait imaginer mettre en correspondance d'autres attributs, comme le plan médian. Une solution élégante peut surgir de l'analyse modale des déformations. Si l'on considère les variations des sillons de chaque sujet par rapport au sillon correspondant de référence, l'analyse modale fournit un certain nombre de modes de variation, dont les premiers sont très significatifs. Il est ensuite possible de reconstruire les sillons de chaque sujet en n'utilisant qu'un nombre limité de modes de variation, ce qui correspond à un filtrage de la forme.
- L'introduction des contraintes locales pose le problème des modèles de déformation et de régularisation utilisés. Pour régler le problème de la coopération, la régularisation, ainsi que la similarité basée sur le flot optique, pourraient dépendre d'une distance

aux amers de fusion utilisés. Nous avons introduit un estimateur robuste sur le terme de régularisation afin d'éviter une régularisation isotrope. Cependant, cet estimateur robuste n'est pas lié à une connaissance anatomique. Il serait sûrement intéressant d'introduire une classification préalable gris/blanc afin de relier la régularisation locale à l'anatomie. Il n'est pas certain que les modèles de déformation anatomique soient dans ce cadre plus adaptés, car ils ne proposent souvent pas d'estimer les coefficients d'élasticité, et n'introduisent pas de classification anatomique. Bien entendu, il ne faudrait pas pour autant développer des systèmes trop complexes, trop coûteux<sup>1</sup>.

---

1. Également nommés "usines à gaz".



# Conclusion générale et perspectives

À travers ce document, nous avons abordé des problèmes de recalage non-rigide en imagerie cérébrale. Dans un cadre monomodalité une transformation non-rigide est estimée entre les acquisitions IRM des cerveaux de deux sujets différents, alors que dans le cas multimodalité l'application visée est la correction de distorsions en EPI. D'autre part, un cadre d'évaluation et de comparaison des méthodes de recalage non-rigide monomodalité a été proposé. Enfin, nous nous sommes intéressés aux approches coopératives combinant recalage et segmentation.

Dans la partie I, des travaux réalisés dans le domaine de l'analyse du mouvement  $2D$  ont été étendus au cas  $3D$ , en les appliquant au recalage non-rigide de cerveaux de sujets différents. Les contributions principales de cette thèse dans cette partie ont été une adaptation et une extension de méthodes  $2D$  d'analyse du mouvement pour une application spécifique, l'introduction d'un masque de segmentation anatomique pour contraindre le schéma de minimisation hiérarchique, le calcul de l'écart type du filtre gaussien afin d'éviter les problèmes de repliement en fréquence, ainsi que le calcul corrigé de la normalisation du filtre récursif proposé dans [Deriche 93].

La partie II étend l'algorithme de recalage proposé dans la partie I au cas multimodalité. L'application visée est l'alignement non-rigide d'une acquisition IRMf (EPI, contenant des distorsions géométriques) sur le volume IRM du même patient, qui contient *a priori* peu ou pas de distorsions. Une mesure de similarité adaptée a été utilisée dans ce cas. Nous avons étudié une méthode proposée afin d'estimer la dérivée de la mesure de similarité par rapport aux paramètres de la déformation, et nous avons mis en évidence la sensibilité de cette approche au nombre d'échantillons disponibles.

Un cadre de validation et de comparaison des méthodes de recalage non rigide de cerveaux de sujets différents est proposé dans la partie III. À partir d'une base de données de 18 sujets, sur laquelle diverses informations ont été extraites (classification gris/blanc,  $L_{vv}$ , sillons majeurs), des mesures globales et locales d'évaluation des méthodes de recalage ont été mises en oeuvre. Au moment de la rédaction de ce manuscrit, 5 méthodes de recalage ont été évaluées, parmi lesquelles un recalage rigide par maximisation de l'information mutuelle, la méthode ANIMAL développée au MNI, la méthodes des "démons" développée à l'INRIA Sophia-antipolis, le quadrillage proportionnel de Talairach, ainsi que la méthode de la première partie. Les mesures globales ont montré l'apport des méthodes non-rigides, tandis que les mesures locales basées sur la mise en correspondance des sillons corticaux n'ont pas permis de distinguer clairement les méthodes rigides et non-rigides.



La partie IV s'intéresse aux approches coopératives entre recalage et segmentation. Dans un premier temps, nous avons montré, sur des données réelles et simulées, que l'introduction d'un recalage, même grossier, améliore de manière significative la segmentation de structures cérébrale basée sur l'algorithme des ensembles de niveaux. Cet apport concerne la précision de la segmentation finale obtenue, la robustesse de l'approche coopérative, ainsi que le temps de calcul nécessaire. Dans un second temps, forts des résultats obtenus dans la partie III, nous avons proposé un algorithme de recalage non-rigide contraint par la mise en correspondance de sillons corticaux. Le cadre méthodologique présenté dans la partie I s'adapte facilement à l'introduction d'un champ de contrainte "épars", déduit de la mise en correspondance des sillons corticaux.

Les perspectives de cette thèse sont nombreuses :

- Le schéma de minimisation proposé dans la première partie est générique et est adapté à l'estimation de déformations moins difficiles. En particulier, l'étude de déformations peropératoires à partir d'acquisitions ultrasonores tridimensionnelles peut être envisagée à l'aide de la méthode proposée dans la partie I.
- Au vu des résultats obtenus, il paraît raisonnable de modifier le modèle de déformation estimé. En particulier, la régularisation du premier ordre employée pourrait être modifiée, afin d'estimer des cartes de divergence et de rotationnel plus justes, dans le cas d'étude de déformations postopératoires par exemple. Par ailleurs, il serait sûrement judicieux d'introduire dans la régularisation des a priori anatomiques plus forts, soit en conditionnant le calcul de l'estimateur robuste sur le terme de régularisation par le tissu anatomique considéré, soit de modifier le terme de régularisation en fonction du tissu rencontré. Cette perspective requiert d'injecter dans les modèles de déformations des hypothèses relativement fortes sur les déformations des différents tissus.
- Nous avons constaté dans la partie III que les méthodes de recalage non-rigides ne mettent pas parfaitement en correspondance les sillons corticaux. Malgré cette constatation, il serait intéressant d'étudier la faisabilité de l'identification automatique, ou plus modestement guidée, des sillons majeurs par des méthodes de recalage non-rigide. En particulier, nous avons pu comparer la distance entre les sillons centraux déformés et le sillon central de référence avec les distances entre sillons majeurs de la zone péricentrale, et ces distances sont dans un rapport de 1 à 4. Cela signifie que si les sillons centraux ne sont pas bien recalés sur le sillon central de référence, il sont tout de même significativement plus "proches" que les sillons majeurs voisins. Cette constatation, combinée avec l'utilisation d'un sujet moyen ou les sillons sont définis avec des probabilités de présence, et combinée avec une information contextuelle et relationnelle (le sillon central se trouve entre le sillon précentral et le sillon postcentral par exemple), pourrait peut être déboucher sur une méthode de reconnaissance de sillons primaires.
- Dans la partie IV, un algorithme de recalage non-rigide contraint par la mise en correspondance des sillons corticaux a été proposé. Cette méthode est perfectible sur de nombreux points. Tout d'abord, l'hypothèse de mise en correspondance explicite des points de contrôle des sillons est une hypothèse forte, qui est tout de même relâchée dans la suite de l'algorithme, par un filtrage anisotrope du champ de contrainte et par l'introduction d'un estimateur robuste sur la contrainte épars. D'autre part, nous

avons mis en évidence la nécessité de régulariser davantage la solution afin d'éviter des problèmes de reconstruction. Ces problèmes de reconstruction sont d'ailleurs pour une part liés à la mise en correspondance des sillons, mais aussi à la stratégie de coopération. Il serait peut être intéressant d'estimer préalablement un champ de type "thin plate spline", défini sur un support spatial borné, et basé sur la mise en correspondance des sillons corticaux. Ce champ serait alors utilisé comme contrainte et éviterait des problèmes de propagation de la contrainte.

- Cette thèse s'est principalement intéressé aux aspects anatomiques des déformations, et ces travaux doivent naturellement être étendus aux données fonctionnelles:
  - L'estimation des déformations postopératoires, à partir des acquisitions IRM du même sujet avant et après opération, permet de déformer également les données fonctionnelles acquises avant l'opération. Il serait intéressant de valider les déformations anatomiques en comparant les activations préopératoires déformées et les activations postopératoires.
  - Nous avons proposé une stratégie de compensation des distorsions géométriques causées par l'acquisition EPI en imagerie par résonance magnétique fonctionnelle. L'impact sur la localisation anatomique des activations détectées est un sujet d'étude indispensable pour valider plus avant la méthode de compensation.
  - L'impact des transformations non-rigides entre les cerveaux de sujets différents sur le mapping de données fonctionnelles doit être étudié. Cette étude pose des problèmes de validation évidents : comparaison des protocoles subis par les différents sujets, erreurs d'extraction et de localisation des données fonctionnelles, *etc.*. Si les incertitudes de chaque étape s'ajoutent, les résultats seront sans doute difficiles à interpréter. Cependant, il serait intéressant de comparer dans ce cadre la méthode de la partie I et la même méthode contrainte par les sillons corticaux.
- Il faut également se poser la question de l'utilisabilité des méthodes décrites dans ce manuscrit. Nous avons tenté à travers ce document d'éprouver la robustesse des approches proposées, et de mesurer la sensibilité des algorithmes mis en oeuvre par rapport aux paramètres externes. Ces deux aspects sont primordiaux dans un contexte d'utilisation médicale. De plus, des améliorations spécifiques, et relatives à la très grande dimension des base de données traitées, doivent être menées, en terme de partage de ressources par exemple.



## Annexe A

# Éléments d'anatomie cérébrale

Nous présentons dans cette annexe quelques planches anatomiques grossières, où sont désignées quelques structures anatomiques dont il est question dans ce document. Ces illustrations sont pour la plupart tirés de [LeGoualher 97a].

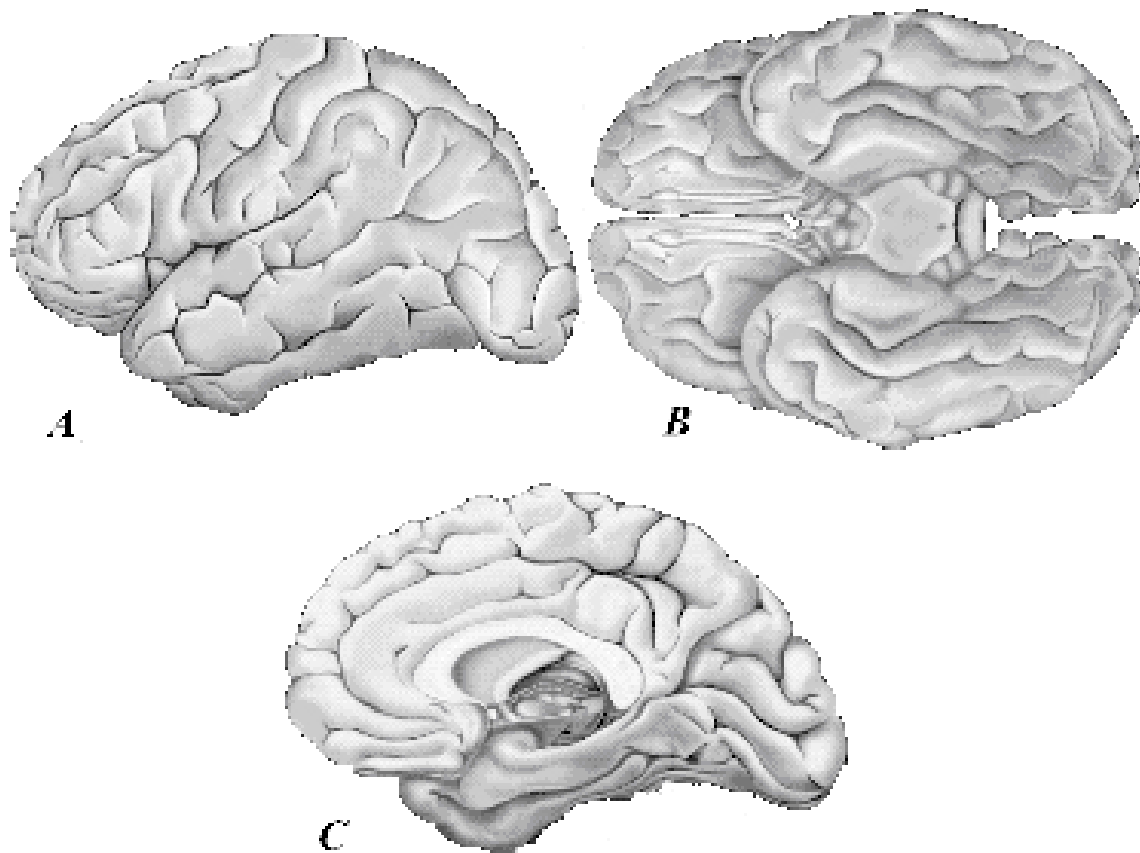


FIG. A.1 – Faces principales d'observation du cerveau. A: face supéro-latérale. B: face inférieure. C: face médiane.

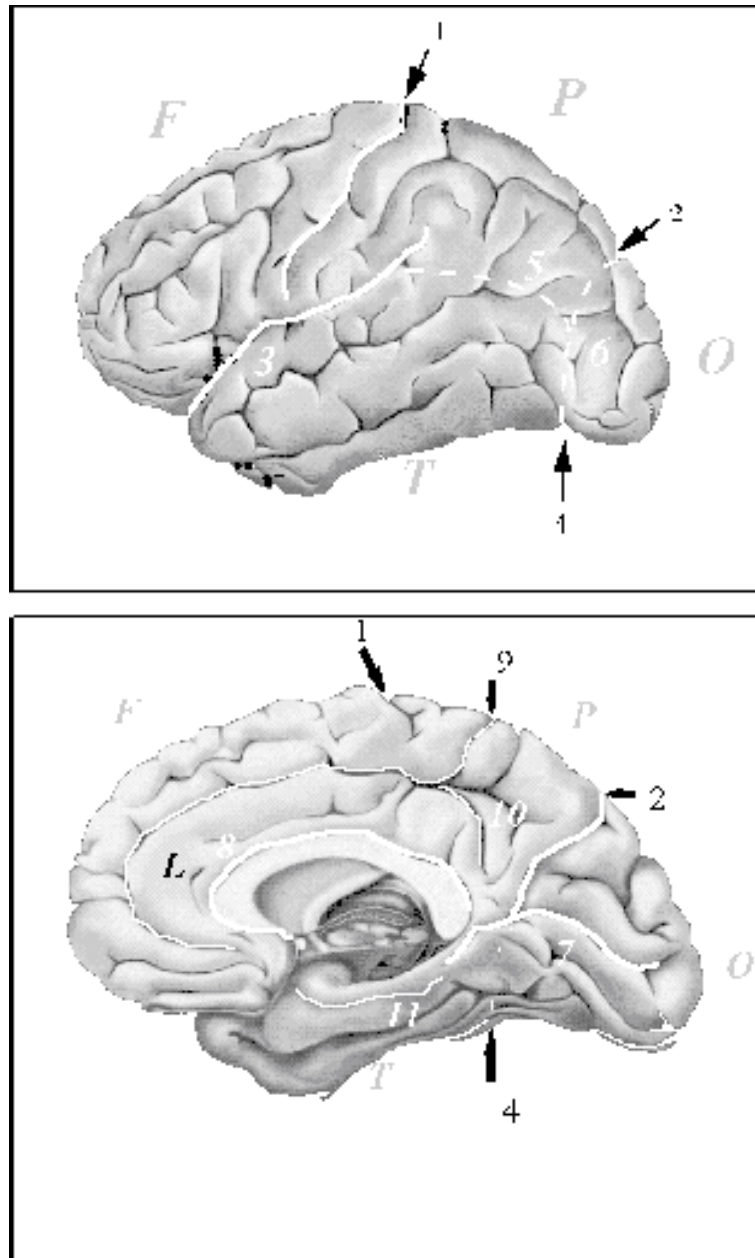


FIG. A.2 – Lobes cérébraux et principaux sillons délimitant ces lobes. F: lobe frontal délimité par le sillons central (1) et le sillon cingulaire (9). P: lobe pariétal délimité par le sillon central (1), la vallée sylvienne (3), la ligne occipito-temporale (6) et la ligne pariéto-temporale (5). O: lobe occipital délimité par la vallée sylvienne (3), la ligne occipito-temporale (6) et par l'encoche préoccipitale (4). T: lobe temporal délimité par la vallée sylvienne (3), la ligne occipito-temporale (6) et la ligne pariéto-temporale (5). L: lobe limbique délimité par le sillon cingulaire (9), le sillon sous-pariétal (10), le sillon collatéral (11) et le sillon callosal (8).

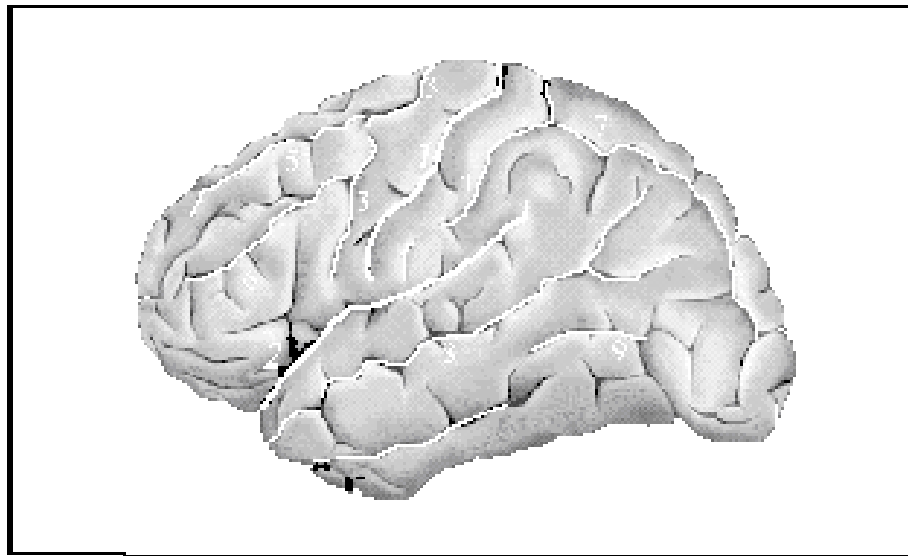


FIG. A.3 – Sillons principaux de la face latérale. 1 : sillon central. 2 : vallée sylvienne. 3 : sillon précentral. 4 : sillon postcentral. 5 : sillon frontal supérieur. 6 : sillon frontal inférieur. 7 : sillon intrapariétal. 8 : sillon temporal supérieur. 9 : sillon temporal inférieur.

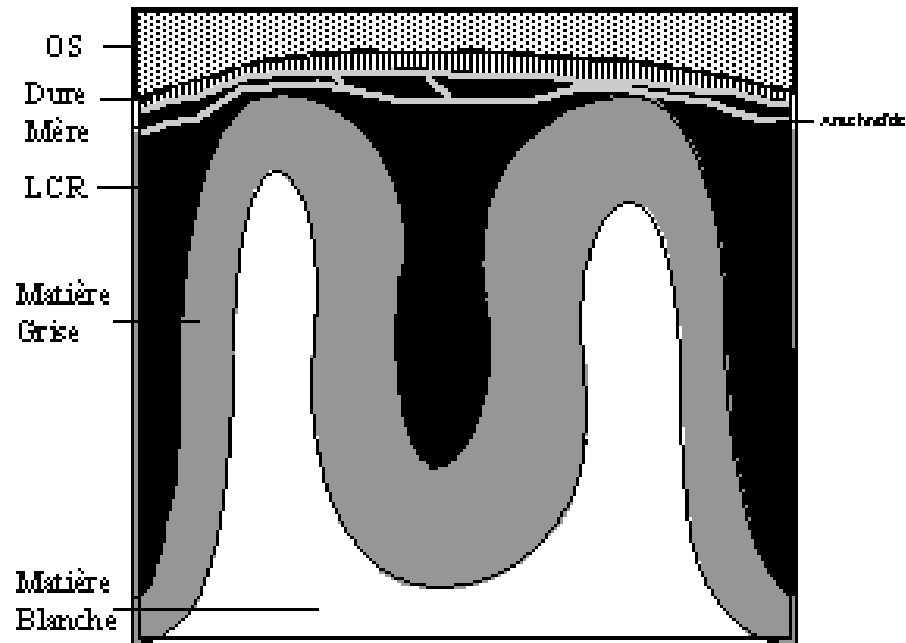


FIG. A.4 – Coupe bidimensionnelle du cortex montrant les couches successives du cerveau et les structures périphériques du cerveau.

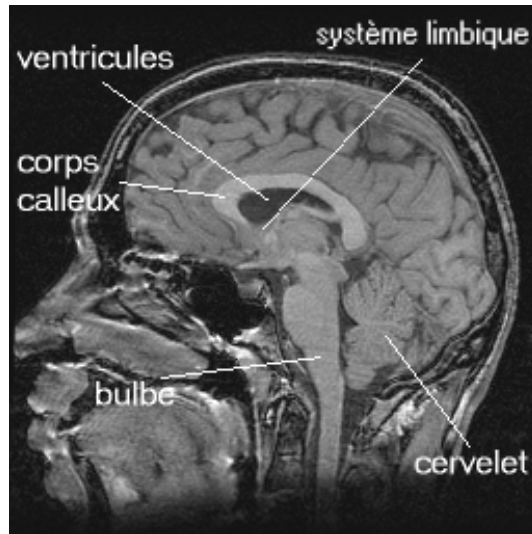


FIG. A.5 – Visualisation sur une coupe IRM sagittale de quelques structures anatomiques cérébrales.

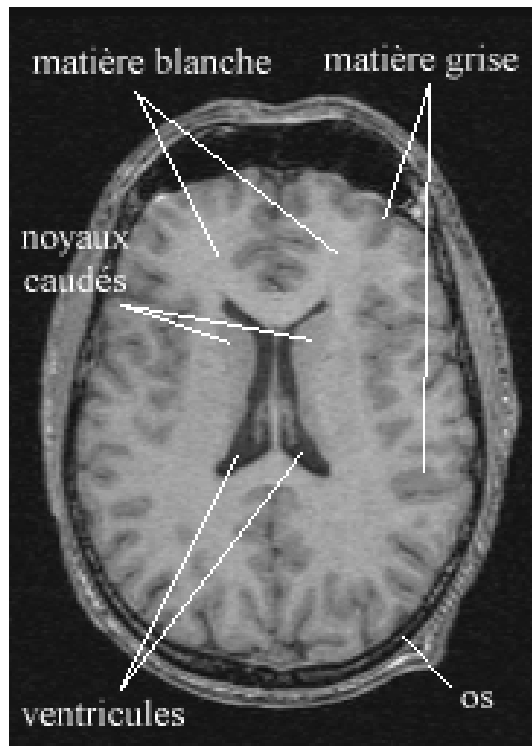


FIG. A.6 – Visualisation sur une coupe IRM axiale de quelques structures anatomiques cérébrales.

## Annexe B

# Implémentation récursive du filtrage gaussien

L'approximation au quatrième ordre par une famille de fonctions *cosinus-exponentielle* d'un filtre (gaussien par exemple) s'écrit sous la forme suivant:

$$h_a(n) = (a_0 \cos(\frac{\omega_0}{\sigma}n) + a_1 \sin(\frac{\omega_0}{\sigma}n))e^{-\frac{b_0}{\sigma}n} + (c_0 \cos(\frac{\omega_1}{\sigma}n) + c_1 \sin(\frac{\omega_1}{\sigma}n))e^{-\frac{b_1}{\sigma}n}$$

Pour normaliser ce filtre nous devons calculer:

$$\sum_{n=-\infty}^{\infty} h_a(n)$$

Deriche [Deriche 93] donne l'expression suivante:

$$\sum_{n=-\infty}^{\infty} h_a(n) = -a_0 \left( e^{\frac{2b_0}{\sigma}} - 1 \right) \left( 2 \cos(\frac{\omega_0}{\sigma}) e^{\frac{b_0}{\sigma}} - 1 - e^{\frac{2b_0}{\sigma}} \right)^{-1}$$

Nous allons calculer cette somme sur  $\mathbb{R}^+$  (le résultat final s'obtient en multipliant par 2 et en retirant le terme central, car le filtre est symétrique):

$$\begin{aligned} a \cos\left(\frac{\omega n}{\sigma}\right) + b \sin\left(\frac{\omega n}{\sigma}\right) &= \sqrt{a^2 + b^2} \left[ \cos\left(\frac{\omega n}{\sigma}\right) \sin(\theta) + \sin\left(\frac{\omega n}{\sigma}\right) \cos(\theta) \right] \\ &= \sqrt{a^2 + b^2} \sin\left(\theta + \frac{\omega n}{\sigma}\right) \end{aligned}$$

en posant  $\sin(\theta) = \frac{a}{\sqrt{a^2 + b^2}}$  et  $\cos(\theta) = \frac{b}{\sqrt{a^2 + b^2}}$

D'où

$$\begin{aligned} \sum_{n=0}^{\infty} \left( a \cos\left(\frac{\omega n}{\sigma}\right) + b \sin\left(\frac{\omega n}{\sigma}\right) \right) e^{-\frac{cn}{\sigma}} &= \sqrt{a^2 + b^2} \operatorname{Im} \left( \sum_{n=0}^{\infty} e^{i(\theta + \frac{\omega n}{\sigma})} e^{-\frac{cn}{\sigma}} \right) \\ &= \sqrt{a^2 + b^2} \operatorname{Im} \left( e^{i\theta} \sum_{n=0}^{\infty} e^{-\frac{cn}{\sigma} + i\frac{\omega n}{\sigma}} \right) \\ &= \sqrt{a^2 + b^2} \operatorname{Im} \left( e^{i\theta} \sum_{n=0}^{\infty} z^n \right) \end{aligned}$$



Avec  $z = e^{i\frac{\omega n}{\sigma}} e^{-\frac{cn}{\sigma}}$ . Le module de  $z^n$  tend vers 0, ce qui donne:

$$\begin{aligned}
\sum_{n=0}^{\infty} \left( a \cos\left(\frac{\omega n}{\sigma}\right) + b \sin\left(\frac{\omega n}{\sigma}\right) \right) e^{-\frac{cn}{\sigma}} &= \sqrt{a^2 + b^2} \operatorname{Im} \left( \frac{e^{i\theta}}{1-z} \right) \\
&= \sqrt{a^2 + b^2} \operatorname{Im} \left( \frac{e^{i\theta}}{1 - e^{-\frac{cn}{\sigma} + i\frac{\omega n}{\sigma}}} \right) \\
&= \sqrt{a^2 + b^2} \operatorname{Im} \left( \frac{\cos(\theta) + i \sin(\theta)}{1 - e^{-\frac{c}{\sigma}} \cos\left(\frac{\omega}{\sigma}\right) - i \sin\left(\frac{\omega}{\sigma}\right) e^{-\frac{c}{\sigma}}} \right) \\
&= \sqrt{a^2 + b^2} \operatorname{Im} \left( \frac{(\cos(\theta) + i \sin(\theta)) \left(1 - e^{-\frac{c}{\sigma}} \cos\left(\frac{\omega}{\sigma}\right) + i \sin\left(\frac{\omega}{\sigma}\right) e^{-\frac{c}{\sigma}}\right)}{\left(1 - e^{-\frac{c}{\sigma}} \cos\left(\frac{\omega}{\sigma}\right)\right)^2 + \sin\left(\frac{\omega}{\sigma}\right) e^{-\frac{c}{\sigma}}^2} \right) \\
&= \frac{a \left(1 - e^{-\frac{c}{\sigma}} \cos\left(\frac{\omega}{\sigma}\right)\right) + b \left(e^{-\frac{c}{\sigma}} \sin\left(\frac{\omega}{\sigma}\right)\right)}{\left(1 - e^{-\frac{c}{\sigma}} \cos\left(\frac{\omega}{\sigma}\right)\right)^2 + \left(\sin\left(\frac{\omega}{\sigma}\right) e^{-\frac{c}{\sigma}}\right)^2}
\end{aligned}$$

Nous obtenons finalement:

$$\begin{aligned}
\sum_{n=0}^{\infty} h_a(n) &= \frac{a_0 \left(1 - e^{-\frac{b_0}{\sigma}} \cos\left(\frac{\omega_0}{\sigma}\right)\right) + a_1 \left(e^{-\frac{b_0}{\sigma}} \sin\left(\frac{\omega_0}{\sigma}\right)\right)}{\left(1 - e^{-\frac{b_0}{\sigma}} \cos\left(\frac{\omega_0}{\sigma}\right)\right)^2 + \left(\sin\left(\frac{\omega_0}{\sigma}\right) e^{-\frac{b_0}{\sigma}}\right)^2} \\
&+ \frac{c_0 \left(1 - e^{-\frac{b_1}{\sigma}} \cos\left(\frac{\omega_1}{\sigma}\right)\right) + c_1 \left(e^{-\frac{b_1}{\sigma}} \sin\left(\frac{\omega_1}{\sigma}\right)\right)}{\left(1 - e^{-\frac{b_1}{\sigma}} \cos\left(\frac{\omega_1}{\sigma}\right)\right)^2 + \left(\sin\left(\frac{\omega_1}{\sigma}\right) e^{-\frac{b_1}{\sigma}}\right)^2}
\end{aligned}$$

## Annexe C

# Estimation du modèle paramétrique

Au niveau de résolution  $k$  et au niveau de grille  $\ell$ ,  $\Xi^{k,\ell} = \{\Xi_n, n = 1 \dots N_{k,\ell}\}$  est la partition du volume  $S^k$  en  $N_{k,\ell}$  cubes  $\Xi_n$ . Sur chaque cube  $\Xi_n$ , l'incrément de déformation est pris de la forme :

$$\forall s = (x, y, z) \in \Xi_n, \mathbf{d}\mathbf{w}_s^{k,\ell} = P_s \Theta_n^\ell,$$

où  $\Theta_n^\ell$  est un vecteur à 12 paramètres et,

$$P_s = \begin{pmatrix} 1 & x & y & z & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & x & y & z & 0 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & 1 & x & y & z \end{pmatrix}.$$

Le système de voisinage  $\mathcal{V}^k$  sur la grille  $S^k$  induit un système de voisinage  $V^{k,\ell}$  sur la partition  $\Xi^{k,\ell}$  :

$$\forall n \in \{1 \dots N_{k,\ell}\}, \forall m \in \{1 \dots N_{k,\ell}\}, m \in V^{k,\ell}(n) \Leftrightarrow \exists (s, r) \in \Xi_n \times \Xi_m \mid r \in \mathcal{V}^k(s).$$

$\mathcal{C}^k$  étant l'ensemble des paires de voxels voisins du volume  $S^k$ , nous devons maintenant distinguer dans cet ensemble deux types de cliques, celles dont les deux voxels sont dans un même cube et celles dont les deux voxels appartiennent à deux cubes distincts :

$$\forall n, \mathcal{C}_n^{k,\ell} = \{ \langle s, r \rangle \in \mathcal{C}^k : \{s, r\} \subset \Xi_n \}.$$

$$\forall m \neq n, \mathcal{C}_{nm}^{k,\ell} = \{ \langle s, r \rangle \in \mathcal{C}^k : (s, r) \in \Xi_n \times \Xi_m \}.$$

$\mathcal{C}_{nm}^{k,\ell}$  n'est pas vide si et seulement si  $m \in V^{k,\ell}(n)$ . On a clairement le partitionnement suivant :  $\mathcal{C}^k = (\cup_n \mathcal{C}_n^{k,\ell}) \cup (\cup_{(n,m)} \mathcal{C}_{nm}^{k,\ell})$ .

Pour des raisons de clarté, l'indice de résolution  $k$  ne sera pas présent dans la suite. La fonctionnelle à minimiser devient :

$$U^\ell(\Theta^\ell, \delta^\ell, \beta^\ell; f^\ell, \hat{\mathbf{w}}^\ell) = U_1^\ell(\Theta^\ell, \delta^\ell; f^\ell, \hat{\mathbf{w}}^\ell) + U_2^\ell(\Theta^\ell, \beta^\ell; \hat{\mathbf{w}}^\ell),$$

avec:

$$U_1^\ell(\Theta^\ell, \delta^\ell; f^\ell, \hat{w}^\ell) = \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{s \in \Xi_n} \delta_s \left[ \nabla f(s + \hat{w}_s^\ell, t_2)^T P_s \Theta_n^\ell + f_t(s + \hat{w}_s^\ell, t_1) \right]^2 + \psi_1(\delta_s^\ell),$$

et

$$U_2^\ell(\Theta^\ell, \beta^\ell; \hat{w}^\ell) = \frac{\alpha}{2} \sum_{n=1}^{N_\ell} \left( \sum_{m \in V^\ell(n)} \sum_{\langle s, r \rangle \in \mathcal{C}_{nm}^\ell} \beta_{sr}^\ell \|(\hat{w}_s^\ell + P_s \Theta_n^\ell) - (\hat{w}_r^\ell + P_r \Theta_m^\ell)\|^2 + \psi_2(\beta_{sr}^\ell) \right) \\ + \alpha \sum_{n=1}^{N_\ell} \left( \sum_{\langle s, r \rangle \in \mathcal{C}_n^\ell} \beta_{sr}^\ell \|(\hat{w}_s^\ell + P_s \Theta_n^\ell) - (\hat{w}_r^\ell + P_r \Theta_n^\ell)\|^2 + \psi_2(\beta_{sr}^\ell) \right).$$

On estime sur chaque cube  $\Xi_n^\ell$  à chaque échelle l'incrément  $\Theta_n^\ell$  qui vérifie:

$$\frac{\partial U_n^\ell(\Theta^\ell, \delta^\ell, \beta^\ell, f^\ell, \hat{w}^\ell)}{\partial \Theta^\ell}(\Theta_n^\ell) = \mathcal{A}_n \Theta_n^\ell - \mathcal{B}_n = 0$$

Avec

$$\mathcal{A}_n = \left( \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{s \in \Xi_n} \delta_s P_s^t \nabla f_s \nabla f_s^t P_s \right) + \mu R_n(\beta) + \mu Y_{n,m}(\beta)$$

et

$$\mathcal{B}_n = \mu Z_{n,m}(\beta) \Theta_m^\ell - \mu Q_n(\beta) - \mu M_{n,m}(\beta) - \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{s \in \Xi_n} \delta_s f_t(s) P_s^t \nabla f_s$$

Détaillons tous les termes du système à résoudre:

Notons :

$$d\mathbf{w}_s = \begin{pmatrix} u_s \\ v_s \\ w_s \end{pmatrix} \text{ et } \mathbf{w}_s = \begin{pmatrix} U_s \\ V_s \\ W_s \end{pmatrix}$$

Notons  $(\vec{i}, \vec{j}, \vec{k})$  le repère associé aux données. Notons de plus  $\beta_{sr}(\downarrow)$  les variables auxiliaires telles que  $\vec{s}\vec{r}$  soit colinéaire à  $\vec{i}$ . De même,  $\beta_{sr}(\rightarrow)$  sont les variables auxiliaires telles que  $\vec{s}\vec{r}$  soit colinéaire à  $\vec{j}$ , et  $\beta_{sr}(\nearrow)$  les variables auxiliaires telles que  $\vec{s}\vec{r}$  soit colinéaire à  $\vec{k}$ .

$$\sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{s \in \Xi_n} \delta_s P_s^t \nabla f_s \nabla f_s^t P_s = \begin{pmatrix} f_x^2 & x f_x^2 & y f_x^2 & z f_x^2 & f_x f_y & x f_x f_y & y f_x f_y & z f_x f_y & f_x f_z & x f_x f_z & y f_x f_z & z f_x f_z \\ x f_x^2 & x^2 f_x^2 & x y f_x^2 & x z f_x^2 & x f_x f_y & x^2 f_x f_y & x y f_x f_y & x z f_x f_y & x f_x f_z & x^2 f_x f_z & x y f_x f_z & x z f_x f_z \\ y f_x^2 & x y f_x^2 & y^2 f_x^2 & y z f_x^2 & y f_x f_y & x y f_x f_y & y^2 f_x f_y & y z f_x f_y & y f_x f_z & x y f_x f_z & y^2 f_x f_z & y z f_x f_z \\ z f_x^2 & x z f_x^2 & y z f_x^2 & z^2 f_x^2 & z f_x f_y & x z f_x f_y & y z f_x f_y & z^2 f_x f_y & z f_x f_z & x z f_x f_z & y z f_x f_z & z^2 f_x f_z \\ f_x f_y & x f_x f_y & y f_x f_y & z f_x f_y & f_y^2 & x f_y^2 & y f_y^2 & z f_y^2 & f_y f_z & x f_y f_z & y f_y f_z & z f_y f_z \\ x f_x f_y & x^2 f_x f_y & x y f_x f_y & x z f_x f_y & x f_y^2 & x^2 f_y^2 & x y f_y^2 & x z f_y^2 & x f_y f_z & x^2 f_y f_z & x y f_y f_z & x z f_y f_z \\ y f_x f_y & x y f_x f_y & y^2 f_x f_y & y z f_x f_y & y f_y^2 & x y f_y^2 & y^2 f_y^2 & y z f_y^2 & y f_y f_z & x y f_y f_z & y^2 f_y f_z & y z f_y f_z \\ z f_x f_y & x z f_x f_y & y z f_x f_y & z^2 f_x f_y & z f_y^2 & x z f_y^2 & y z f_y^2 & z^2 f_y^2 & z f_y f_z & x z f_y f_z & y z f_y f_z & z^2 f_y f_z \\ f_x f_z & x f_x f_z & y f_x f_z & z f_x f_z & f_y f_z & x f_y f_z & y f_y f_z & z f_y f_z & f_z^2 & x f_z^2 & y f_z^2 & z f_z^2 \\ x f_x f_z & x^2 f_x f_z & x y f_x f_z & x z f_x f_z & x f_y f_z & x^2 f_y f_z & x y f_y f_z & x z f_y f_z & x f_z^2 & x^2 f_z^2 & x y f_z^2 & x z f_z^2 \\ y f_x f_z & x y f_x f_z & y^2 f_x f_z & y z f_x f_z & y f_y f_z & x y f_y f_z & y^2 f_y f_z & y z f_y f_z & y f_z^2 & x y f_z^2 & y^2 f_z^2 & y z f_z^2 \\ z f_x f_z & x z f_x f_z & y z f_x f_z & z^2 f_x f_z & z f_y f_z & x z f_y f_z & y z f_y f_z & z^2 f_y f_z & z f_z^2 & x z f_z^2 & y z f_z^2 & z^2 f_z^2 \end{pmatrix}$$

$$R_n(\beta) = \begin{pmatrix} r_n(\beta) & 0 & 0 \\ 0 & r_n(\beta) & 0 \\ 0 & 0 & r_n(\beta) \end{pmatrix}$$

avec:

$$r_n(\beta) = \text{Diag} \left( 0, \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}_n^\ell} \beta_{sr}(\downarrow), \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}_n^\ell} \beta_{sr}(\rightarrow), \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}_n^\ell} \beta_{sr}(\nearrow) \right)$$

$$Y_{nm}(\beta) = \begin{pmatrix} y_{nm}(\beta) & 0 & 0 \\ 0 & y_{nm}(\beta) & 0 \\ 0 & 0 & y_{nm}(\beta) \end{pmatrix}$$

avec:

$$y_{nm}(\beta) = \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{m \in V^\ell(n)} \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}_{nm}^\ell} \beta_{sr} \begin{pmatrix} 1 & x_s & y_s & z_s \\ x_s & x_s^2 & x_s y_s & x_s z_s \\ y_s & x_s y_s & y_s^2 & y_s z_s \\ z_s & x_s z_s & y_s z_s & z_s^2 \end{pmatrix}$$

$$Z_{nm}(\beta) = \begin{pmatrix} z_{nm}(\beta) & 0 & 0 \\ 0 & z_{nm}(\beta) & 0 \\ 0 & 0 & z_{nm}(\beta) \end{pmatrix}$$

où:

$$z_{nm}(\beta) = \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{m \in V^\ell(n)} \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}_{nm}^\ell} \beta_{sr} \begin{pmatrix} 1 & x_r & y_r & z_r \\ x_s & x_s x_r & x_s y_r & x_s z_r \\ y_s & x_r y_s & y_s y_r & y_s z_r \\ z_s & x_r z_s & y_r z_s & z_s z_r \end{pmatrix}$$

Ce qui donne après simplification:

$$Z_{nm}(\beta) \Theta_m^\ell = \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{m \in V^\ell(n)} \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}_{nm}^\ell} \beta_{sr} \begin{pmatrix} u_r \\ x_s u_r \\ y_s u_r \\ z_s u_r \\ v_r \\ x_s v_r \\ y_s v_r \\ z_s v_r \\ w_r \\ x_s w_r \\ y_s w_r \\ z_s w_r \end{pmatrix}$$

$$\begin{aligned}
Q_n(\beta) &= \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}_n^\ell} \begin{pmatrix} 0 \\ \beta_{sr(\downarrow)}(U_r - U_s) \\ \beta_{sr(\rightarrow)}(U_r - U_s) \\ \beta_{sr(\nearrow)}(U_r - U_s) \\ 0 \\ \beta_{sr(\downarrow)}(V_r - V_s) \\ \beta_{sr(\rightarrow)}(V_r - V_s) \\ \beta_{sr(\nearrow)}(V_r - V_s) \\ 0 \\ \beta_{sr(\downarrow)}(W_r - W_s) \\ \beta_{sr(\rightarrow)}(W_r - W_s) \\ \beta_{sr(\nearrow)}(W_r - W_s) \end{pmatrix} \\
M_{nm}(\beta) &= \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{m \in V^\ell(n)} \sum_{\langle s,r \rangle \in \mathcal{C}_{nm}^\ell} \beta_{sr} \begin{pmatrix} U_s - U_r \\ x_s(U_s - U_r) \\ y_s(U_s - U_r) \\ z_s(U_s - U_r) \\ V_s - V_r \\ x_s(V_s - V_r) \\ y_s(V_s - V_r) \\ z_s(V_s - V_r) \\ W_s - W_r \\ x_s(W_s - W_r) \\ y_s(W_s - W_r) \\ z_s(W_s - W_r) \end{pmatrix} \\
\sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{s \in \Xi_n} \delta_s f_t(s) P_s^t \nabla f_s &= \sum_{n=1}^{N_\ell} \sum_{s \in \Xi_n} \delta_s f_t(s) \begin{pmatrix} f_x \\ x_s f_x \\ y_s f_x \\ z_s f_x \\ f_y \\ x_s f_y \\ y_s f_y \\ z_s f_y \\ f_z \\ x_s f_z \\ y_s f_z \\ z_s f_z \end{pmatrix}
\end{aligned}$$

## Annexe D

# Matrice de transformation rigide en coordonnées homogènes

Dans le cas général,  $\alpha = \{\alpha_k\}, k \in \{0,11\}$  est le vecteur paramétrique de transformation, où :

$$\begin{aligned}\alpha_0 &= t_x, \alpha_1 = t_y, \alpha_2 = t_z, \\ \alpha_3 &= \phi_x, \alpha_4 = \phi_y, \alpha_5 = \phi_z, \\ \alpha_6 &= s_x, \alpha_7 = s_y, \alpha_8 = s_z, \\ \alpha_9 &= g_x, \alpha_{10} = g_y, \alpha_{11} = g_z,\end{aligned}$$

où  $t_x, t_y, t_z$  dénotent les translations selon l'axe  $x, y, z$  respectivement,  $\phi_x, \phi_y, \phi_z$  sont les rotations selon l'axe  $x, y, z$  respectivement,  $s_x, s_y, s_z$  représentent les facteurs d'échelle selon l'axe  $x, y, z$  respectivement, et  $g_x, g_y, g_z$  traduisent la torsion selon l'axe  $x, y, z$  respectivement.

La matrice de transformation M peut être décomposée en :

$$M = T.R.G.S$$

où :

$$T = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & t_x \\ 0 & 1 & 0 & t_y \\ 0 & 0 & 1 & t_z \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix}$$

$R = R_x.R_y.R_z$  avec :

$$R_x = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \cos(\phi_x) & \sin(\phi_x) & 0 \\ 0 & -\sin(\phi_x) & \cos(\phi_x) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix},$$

$$R_y = \begin{pmatrix} \cos(\phi_y) & 0 & -\sin(\phi_y) & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ \sin(\phi_y) & 0 & \cos(\phi_y) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix},$$

$$R_z = \begin{pmatrix} \cos(\phi_z) & \sin(\phi_z) & 0 & 0 \\ -\sin(\phi_z) & \cos(\phi_z) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix},$$

$$G = \begin{pmatrix} 1 & g_x g_z & g_x & 0 \\ g_y & 1 & 0 & 0 \\ 0 & g_z & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix},$$

et

$$S = \begin{pmatrix} s_x & 0 & 0 & 0 \\ 0 & s_y & 0 & 0 \\ 0 & 0 & s_z & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix},$$

## Annexe E

# Estimation de la dérivée de l'information mutuelle

Nous détaillons ici le calcul de la dérivée de l'information mutuelle par rapport à la transformation rigide estimée, ce calcul est tiré de [Maes 98, Maes 99].

Notons  $F$  le volume flottant,  $R$  le volume de référence, et  $T$  la transformation rigide permettant de mettre en correspondance le voxel  $p$  (d'intensité  $f$ ) de  $F$  avec le point  $q$  de  $R$  (avec l'intensité interpolée  $r$ ), par la relation  $q = Tp$ . La transformation  $T$  est définie par un vecteur de paramètre  $\alpha = \{\alpha_k\}, k \in \{1, 12\}$ .

L'information mutuelle est donnée par

$$\text{MI} = \sum_{f,r} p_{fr} \log_2 \frac{p_{fr}}{p_f p_r} = \frac{1}{N} \sum_{f,r} \log_2 \frac{N h_{fr}}{h_f h_r}$$

où  $H = \{h_{fr}\}$  est l'histogramme joint,  $h_f = \sum_r h_{fr}$ ,  $h_r = \sum_f h_{fr}$ ,  $N = \sum_{f,r} h_{fr}$ ,  $p_{fr} = \frac{h_{fr}}{N}$ ,  $p_f = \sum_r p_{fr}$ , et  $p_r = \sum_f p_{fr}$

Notons

$$\nabla \text{MI}(\alpha) = \left\{ \frac{d\text{MI}}{d\alpha_k} \right\}$$

la dérivée de l'information mutuelle par rapport au vecteur de paramètre  $\alpha$ . On a :

$$\frac{d\text{MI}}{d\alpha_k} = \sum_{f,r} \frac{d\text{MI}}{dh_{fr}} \cdot \frac{dh_{fr}}{d\alpha_k}$$

MI dépend de  $h_{fr}, h_f(h_{fr}), h_r(h_{fr}), N(h_{fr})$ , nous pouvons donc calculer la dérivée de MI par rapport à l'histogramme joint :

$$\frac{d\text{MI}}{dh_{fr}} = \frac{\partial \text{MI}}{\partial h_{fr}} + \frac{\partial \text{MI}}{\partial h_f} \cdot \frac{\partial h_f}{\partial h_{fr}} + \frac{\partial \text{MI}}{\partial h_r} \cdot \frac{\partial h_r}{\partial h_{fr}} + \frac{\partial \text{MI}}{\partial N} \cdot \frac{\partial N}{\partial h_{fr}}$$

Compte tenu des expressions de  $h_{fr}, h_f, h_r, N$ , on a :

$$\frac{\partial N}{\partial h_{fr}} = \frac{\partial h_f}{\partial h_{fr}} = \frac{\partial h_r}{\partial h_{fr}} = 1,$$



$$\frac{\partial \text{MI}}{\partial dh_f} = \frac{\partial \text{MI}}{\partial dh_r} = -\frac{1}{N \cdot \ln 2},$$

$$\frac{\partial \text{MI}}{\partial dN} = -\frac{\text{MI}}{N},$$

ce qui donne :

$$\frac{d\text{MI}}{dh_{fr}} = \frac{1}{N} (\log_2 \frac{p_{fr}}{p_f p_r} - \text{MI})$$

La dépendance de H par rapport à  $\alpha$  dépend de la manière de calculer l'histogramme joint, c'est à dire de l'interpolation choisie. Détaillons le calcul dans le cas de l'interpolation de type "partial volume". Le principe de cette interpolation est rappelé sur la figure E.1.

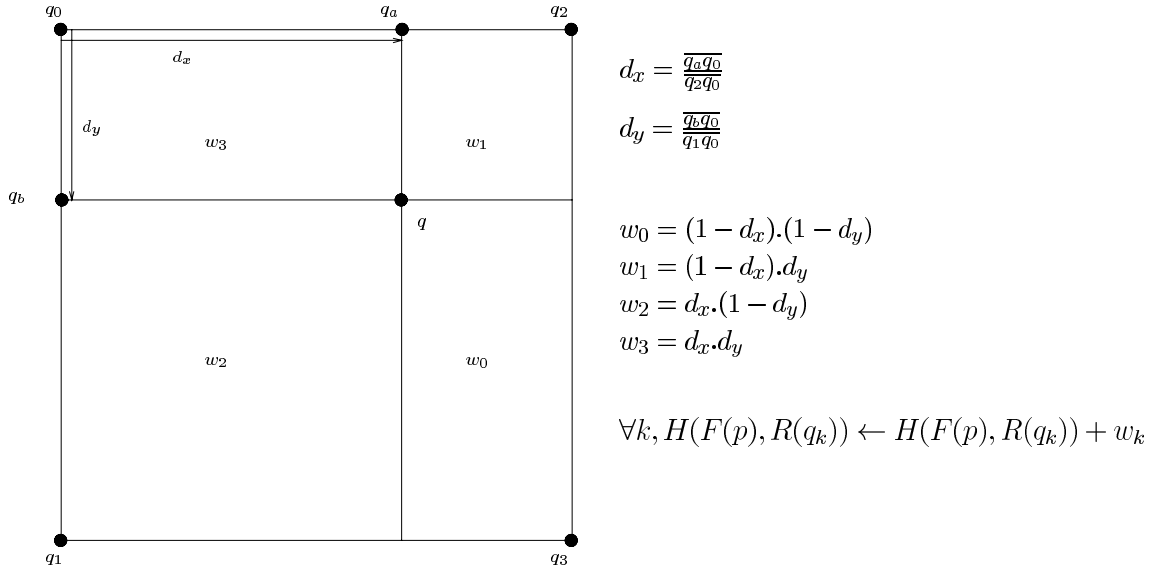


FIG. E.1 – Interpolation de type "partial volume", illustration en 2D de l'interpolation trilineaire modifiée.

Pour un voxel  $k$  ayant la position  $p_k$  dans l'image flottante  $F$ , notons  $q_k$  son correspondant dans l'image de référence par la transformation  $T_\alpha$ . Par extension de l'interpolation bilinéaire, notons  $q_{k,m}, m \in \{1,8\}$  les 8 voisins à coordonnées entières du point  $q_k$ . À chaque point  $q_{k,m}$  est associé un poids  $w_{k,m}$ . Ces poids sont définis par la distance de  $q_k$  à  $q_{k,0}$  (les coordonnées de  $q_{k,0}$  sont les valeurs entières des coordonnées de  $q_k$ ).

Notons  $d_{k,x} = \overrightarrow{q_{k,0}q_k} \cdot \vec{i}$ ,  $d_{k,y} = \overrightarrow{q_{k,0}q_k} \cdot \vec{j}$  et  $d_{k,z} = \overrightarrow{q_{k,0}q_k} \cdot \vec{k}$ . Les poids  $w_{k,m}, m \in \{1,8\}$  sont alors définis par :

$$w_{k,0} = (1 - d_{k,x}) \cdot (1 - d_{k,y}) \cdot (1 - d_{k,z}),$$

$$w_{k,1} = (1 - d_{k,x}) \cdot (1 - d_{k,y}) \cdot d_{k,z},$$

$$w_{k,2} = (1 - d_{k,x}) \cdot d_{k,y} \cdot (1 - d_{k,z}),$$

$$w_{k,3} = (1 - d_{k,x}) \cdot d_{k,y} \cdot d_{k,z},$$

$$\begin{aligned}
w_{k,4} &= d_{k,x} \cdot (1 - d_{k,y}) \cdot (1 - d_{k,z}), \\
w_{k,5} &= d_{k,x} \cdot (1 - d_{k,y}) \cdot d_{k,z}, \\
w_{k,6} &= d_{k,x} \cdot d_{k,y} \cdot (1 - d_{k,z}), \\
w_{k,7} &= d_{k,x} \cdot d_{k,y} \cdot d_{k,z}.
\end{aligned}$$

De plus, notons  $f_k$  la valeur de luminance du voxel  $k$  dans l'image flottante  $F$ , et  $r_{k,m}$  la valeur de luminance du voxel  $q_{k,m}$  dans l'image de référence  $R$ . Munis de ces notations, nous pouvons formaliser la construction de l'histogramme joint  $H$  :

$$H(f,r) = \sum_k \sum_{m=0}^{m=7} w_{k,m} \delta_f^{f_k} \delta_r^{r_{k,m}}$$

où  $\delta_i^j$  est le symbole de Kronecker ( $\delta_i^j = 1$  ssi  $i = j$ ).

Notons  $T_{i,j}$  les éléments de la matrice de transformation  $T$  ( $T = T_r^{-1} \cdot M \cdot T_f$ , l'expression de  $M$  peut être trouvée dans l'annexe D).

$$\frac{dH}{d\alpha_k} = \sum_{i,j} \left( \frac{\partial T}{\partial \alpha_k} \right)_{i,j} \cdot \frac{dH}{dT_{i,j}}$$

Les dérivées de la matrice de transformation  $T$  par rapport aux paramètres de la transformation se déduisent facilement :

$$\frac{\partial T}{\partial \alpha_k} = T_r^{-1} \cdot \frac{\partial M}{\partial \alpha_k} \cdot T_f.$$

Les expressions de  $\frac{\partial M}{\partial \alpha_k}$  se déduisent aisément de l'expression de  $M$ , donnée dans l'annexe D.

De plus,  $\frac{dH}{dT_{i,j}}$  est également un histogramme construit de la façon suivante :

$$\begin{aligned}
\frac{dH}{dT_{i,j}} &= \sum_k \sum_{m=0}^{m=7} \frac{dw_{k,m}}{dT_{i,j}} \delta_f^{f_k} \delta_r^{r_{k,m}} \\
\frac{dw_{k,m}}{dT_{i,j}} &= \sum_{s \in \{x,y,z\}} \frac{\partial w_{k,m}}{\partial d_{k,s}} \cdot \frac{\partial d_{k,s}}{\partial T_{i,j}}
\end{aligned}$$

Les dérivées des poids  $w_{k,m}$  par rapport à  $d_x, d_y, d_z$  se déduisent facilement des expressions des poids données ci-dessus. On a  $d_k = q_k - q_{k,0}$ , donc :

$$\frac{\partial d_k}{\partial T_{i,j}} = \frac{\partial q_k}{\partial T_{i,j}} = \frac{\partial T}{\partial T_{i,j}} \cdot p_k$$

ce qui donne :

$$\frac{\partial d_{k,s}}{\partial T_{i,j}} = p_{k,j} \delta_s^i$$

Et finalement :

$$\frac{dw_{k,m}}{dT_{i,j}} = \frac{\partial w_{k,m}}{\partial d_{k,s}} \cdot p_{k,j}$$



# Table des figures

0.1	<i>Exemple de volumes anatomiques. On distingue sur ces coupes axiales les différences de contraste au niveau des tissus mous et osseux sur les deux acquisitions IRM et Scanner X. Les données IRM ont été fournies par le projet GIS, science de la cognition ; les données Scanner X par le projet “retrospective intermodality registration project” mené par l’université Vanderbilt ; et les données angiographiques par l’hôpital de Pontchaillou. . . . .</i>	6
0.2	<i>Exemple d’images fonctionnelles en coupe axiale. Les données IRMf et TESP ont été fournies par le laboratoire SIM, hôpital de Pontchaillou ; les données TEP ont été fournies par J.F Mangin, CEA d’Orsay. . . . .</i>	6
0.3	<i>Comparaison des résolutions spatiales et temporelles des images fonctionnelles, ainsi que de leur degré d’innocuité. . . . .</i>	7
1.1	<i>Principe du quadrillage proportionnel de Talairach, illustration tirée de [Le-moine 92]. . . . .</i>	17
2.1	<i>Estimateurs de Cauchy et de Leclerc, graphes et variables auxiliaires associées</i>	33
2.2	<i>Estimation multirésolution incrémentale du flot optique . . . . .</i>	36
2.3	<i>Exemple de minimisation multigrille. Pour chaque niveau de résolution (à gauche), une stratégie multigrille (à droite) est employée. Pour des raisons de clarté, la figure est une illustration 2D d’un algorithme 3D sur des données volumiques. . . . .</i>	39
2.4	<i>Les trois vues supérieures représentent le volume IRM anatomique à segmenter, en coupe axiale, sagittal et coronal successivement. Les trois vues inférieures représentent les mêmes coupes du volume IRM, masquées avec la segmentation binaire finale du cerveau. . . . .</i>	40
3.1	<i>Problème de l’ouverture du flot optique. Il n’est possible d’estimer que les déplacements orthogonaux aux contours. . . . .</i>	43
3.2	<i>Données synthétiques pour valider l’introduction d’une norme robuste sur le terme de régularisation afin d’autoriser localement des changements de topologie. . . . .</i>	44
3.3	<i>Résultats de reconstruction sans estimateur robuste. Les différents volumes doivent être comparés au volume source, et correspondent à différentes valeurs du paramètre <math>\alpha</math>. . . . .</i>	45
3.4	<i>Résultat de reconstruction avec une norme robuste sur le terme de régularisation. La modification de topologie a été possible, tout en conservant une solution régulière avec <math>\alpha = 100</math>, ou <math>\alpha = 3000</math>. . . . .</i>	46

3.5	<i>Les trois vues supérieures représentent le volume du fantôme du MNI, en coupe axiale, sagittale et coronale successivement. . . . .</i>	47
3.6	<i>Résultats de la procédure de recalage sur données simulées. Le fantôme IRM 3D a subi une déformation synthétique garantissant à la fois une amplitude des déformations importante, des discontinuités locales mais également un champ lissé par une procédure de relaxation. Nous présentons l'image déformée, l'image reconstruite par l'algorithme de recalage et les images de différence. . . . .</i>	48
3.7	<i>Évolution comparée du temps cpu et de l'écart quadratique (traduisant la qualité de l'estimation) en fonction du niveau de grille. Si l'on compare les résultats entre le niveau 2 et le niveau 0, on constate une diminution de l'écart quadratique de 5.3%, mais une augmentation du temps de calcul de 100%. En fonction de l'application et des ressources de l'utilisateur, il n'est pas nécessairement obligatoire de pousser l'algorithme jusqu'à <math>\ell_f = 0</math>. . . . .</i>	50
3.8	<i>Résultats 3D du recalage sur des sujets différents. Les volumes sont des acquisitions IRM-T1 de taille <math>256 \times 256 \times 200</math>. Le volume reconstruit est calculé à partir du volume cible et du champ de déformation final, il doit donc être comparé avec le volume source pour évaluer la qualité de l'estimation. . . . .</i>	54
3.9	<i>Résultats du recalage entre deux sujets. En haut, nous représentons le volume de différence initial, au milieu le volume de différence après recalage, et en bas la partition adaptative au niveau de grille 3. Les volumes de différence doivent être interprétés avec précaution, puisqu'ils traduisent l'erreur de recalage mais aussi la différence d'acquisition entre les deux sujets. . . . .</i>	55
3.10	<i>Résultats du recalage sur deux sujets différents. En haut, les régions sombres de la carte des points aberrants du terme de données traduisent les zones d'occultations et les zones où le modèle de déformation n'est pas adéquat. Sur ces zones, la régularisation est prépondérante. En bas, les zones sombres indiquent les régions où des discontinuités peuvent apparaître. Ces zones sont principalement situées sur le cortex, ce qui est cohérent puisque nous savons que la variabilité inter-individuelle est très forte sur ces régions. . . . .</i>	56
3.11	<i>Résultats du recalage sur deux sujets différents. En haut, le champ de déformation sous-échantillonné est présenté, et en bas les 3 composantes du champ sur la coupe sagittale sont tracées. Même si ce champ est difficilement interprétable, il montre que le champ est spatialement régulier et qu'il n'y a aucun effet de cube dans l'estimation finale. . . . .</i>	57
3.12	<i>Coupes sagittales des 18 sujets. La variabilité de position, d'acquisition apparaissent nettement, ainsi que la variabilité structurelle au niveau cortical. . . . .</i>	58
3.13	<i>Résultats du recalage sur une base de donnée de 18 sujets. Nous construisons les volumes reconstruits après recalage entre le sujet de référence et les autres sujets, avec toujours le même jeu de paramètres. Nous pouvons comparer les résultats du recalage global affine (les structures sont très floues), du recalage multigrille quadratique et du recalage multigrille robuste. Ces résultats montrent l'apport significatif des estimateurs robustes puisque le flou des structures corticales est nettement réduit. . . . .</i>	60

3.14	<i>Résultats du recalage sur une base de donnée de 18 sujets. Le résultat du moyennage après recalage robuste multigrille peut être comparé au sujet de référence.</i>	61
3.15	<i>Acquisitions IRM 3D du patient, avant l'opération (haut), et après l'opération (bas).</i>	62
3.16	<i>Différence entre les acquisitions, après recalage rigide (en haut), et après recalage non-rigide (en bas).</i>	63
3.17	<i>Cartes de divergence estimées. Les zones de plus fortes divergence correspondent à la zone opérée.</i>	64
1.1	<i>Exemple de distorsions de l'acquisition EPI sur des données cliniques. L'acquisition IRMf superposée en fausses couleurs sur les données IRM présente des distorsions importantes sur la partie postérieure de l'hémisphère droit.</i>	71
3.1	<i>Repère mondial utilisé pour le recalage multimodalité. Le repère est centré au centre du volume, les axes ont une orientation anatomique définie et la résolution spatiale des voxels est de 1mm.</i>	80
3.2	<i>Interpolation de type "partial volume", illustration en 2D de l'interpolation trilinéaire modifiée.</i>	81
3.3	<i>Dérivation de l'information mutuelle par rapport aux paramètres de la transformation. Dans le cas idéal, le volume flottant et le volume de référence sont identiques et le nombre d'échantillons est important. Nous faisons varier un seul paramètre de la transformation (la rotation autour de l'axe y), et nous traçons la dérivée estimée par rapport à ce paramètre, qui semble adéquate et continue. Dans le cas réel, nous estimons la position de recalage avec l'algorithme de Powell. Ensuite, nous faisons varier autour de la position d'équilibre le paramètre de rotation autour de l'axe y. La courbe de l'information mutuelle semble lisse mais la dérivée estimée apparaît très bruitée.</i>	84
4.1	<i>Résultats du recalage multimodalité non rigide sur des données simulées. En haut: les résultats du recalage rigide montrent les distorsions simulées par le champ spline. En bas, les résultats du recalage 3D non rigide montrent que les structures internes sont correctement recalées.</i>	88
4.2	<i>Évolution du critère de similarité en fonction du niveau de grille. La similarité augmente continûment lors du déroulement de l'algorithme.</i>	89
4.3	<i>Résultats sur des données réelles du recalage multimodalité non rigide. De multiples artefacts sur le signal IRMf (chutes de signal, saturation de signal, distorsions) rendent l'interprétation des résultats difficile. Cependant, on peut noter un meilleur alignement des structures internes après recalage non rigide, plus spécifiquement pour les ventricules et pour le Kyste.</i>	91
1.1	<i>Quadrillage proportionnel de Talairach</i>	99
1.2	<i>Principe du quadrillage proportionnel de Talairach, illustration tirée de [Lemoine 92].</i>	100
1.3	<i>Coupes de l'acquisition IRM T<sub>1</sub> du sujet de référence.</i>	101
1.4	<i>Volume Lvu extrait sur le sujet de référence.</i>	101

1.5	<i>Classification gris/blanc du sujet de référence.</i> . . . . .	102
1.6	<i>Sillons extraits sur l'hémisphère gauche d'un sujet.</i> . . . . .	103
2.1	<i>Sujet déformé par la méthode I.</i> . . . . .	106
2.2	<i>Sujet déformé par la méthode M.</i> . . . . .	106
2.3	<i>Sujet déformé par la méthode N.</i> . . . . .	107
2.4	<i>Sujet déformé par la méthode Q.</i> . . . . .	107
2.5	<i>Sujet déformé par la méthode R.</i> . . . . .	108
2.6	<i>Sujet de référence.</i> . . . . .	108
2.7	<i>Volume moyen de la méthode I.</i> . . . . .	109
2.8	<i>Volume moyen de la méthode M.</i> . . . . .	110
2.9	<i>Volume moyen de la méthode N.</i> . . . . .	110
2.10	<i>Volume moyen de la méthode Q.</i> . . . . .	111
2.11	<i>Volume moyen de la méthode R.</i> . . . . .	111
2.12	<i>Sujet de référence.</i> . . . . .	112
2.13	<i>Comparaison des différentes méthodes de recalage.</i> . . . . .	113
3.1	<i>Résultats de déformation du sillon central du sujet 01, comparés avec les sillons centraux (rouge), précentraux (bleu foncé en bas) et postcentraux (bleu ciel) du sujet de référence. Le sillon déformé par la méthode I est en bleu clair, celui de la méthode M en vert, celui de la méthode N en bleu foncé, celui de la méthode Q en jaune, celui de la méthode R en ocre.</i> . . . . .	118
3.2	<i>Sillons centraux déformés. Pour chaque méthode, le sillon central gauche de chaque sujet est déformé vers le sujet de référence et tracé en bleu. Les sillons jaunes, rouge et vert représentent respectivement le sillon central gauche, le sillon précentral et le sillon postcentral du sujet de référence.</i> . . . . .	120
3.3	<i>Sillons frontaux supérieurs gauche déformés. Pour chaque méthode, le sillon frontal supérieur gauche de chaque sujet est déformé vers le sujet de référence et tracé en bleu. Le sillon rouge représente le sillon frontal supérieur gauche du sujet de référence.</i> . . . . .	121
3.4	<i>Sillons sylvians gauche déformés. Pour chaque méthode, le sillon sylvien gauche de chaque sujet est déformé vers le sujet de référence et tracé en bleu. Les sillons rouge et vert représentent respectivement le sillon sylvien gauche et le sillon temporal supérieur gauche du sujet de référence.</i> . . . . .	122
3.5	<i>Pour chaque méthode, un sillons moyen est calculé à partir des sillons centraux gauche de chaque sujet déformé. Pour situer les résultats, les sillons centraux, postcentraux et précentraux du sujet de référence sont tracés en rouge, bleu sombre et orange respectivement. Le sillon moyen de la méthode I est en jaune, celui de la méthode M est en bleu clair, celui de la méthode N en vert clair, celui de la méthode Q en vert olive, celui de la méthode R en bleu sombre. Il faut noter que les sillons moyens des méthodes N, R et Q sont presque superposés, alors que le sillon de la méthode I se distingue nettement, et intersecte par endroits le sillon précentral.</i> . . . . .	124

3.6	<i>Pour chaque méthode, un sillon moyen est calculé à partir des sillons frontaux supérieurs gauche de chaque sujet déformé. Le sillon moyen de la méthode I est en jaune, celui de la méthode M est en bleu clair, celui de la méthode N en vert clair, celui de la méthode Q en vert olive, celui de la méthode R en bleu sombre. Le sillon frontal supérieur du sujet de référence est tracé en rouge. . . . .</i>	125
3.7	<i>Pour chaque méthode, un sillon moyen est calculé à partir des sillons sylviens gauche de chaque sujet déformé. Les sillons de chaque méthode sont tracés avec des nuances de jaune, mais il est très difficile de les distinguer car ils sont quasiment superposés. Pour le sujet de référence, le sillon sylvien gauche est tracé en rouge et le sillon temporal supérieur gauche est en bleu sombre. . . . .</i>	125
3.8	<i>Décroissance des 10 premiers modes de variation de chaque méthode. Les méthodes non-rigides M, N et R semblent caractérisées par une importance plus forte du premier mode, ainsi qu'une décroissance plus rapide des modes suivants. . . . .</i>	129
3.9	<i>Visualisation géométrique, dans l'espace des deux premiers modes de déformation, de la position des sillons centraux gauche des sujets déformés par les différentes méthodes de recalage. Pour chaque méthode, les ellipses sont centrées sur la moyenne des composantes de chaque mode, tandis que les dimensions de l'ellipse sont les variances des composantes sur chaque axe. . . . .</i>	130
3.10	<i>Visualisation géométrique, dans l'espace des deux premiers modes de déformation, de la position des sillons frontaux supérieurs gauche des sujets déformés par les différentes méthodes de recalage. Pour chaque méthode, les ellipses sont centrées sur la moyenne des composantes de chaque mode, tandis que les dimensions de l'ellipse sont les variances des composantes sur chaque axe. . . . .</i>	131
3.11	<i>Le sillon R est le sillon de référence, et les sillons 1 et 2 sont des sillons déformés. Quel est celui qui est le mieux recalé? Le sillon 1 est mieux positionné, tandis que le sillon 2 est plus semblable si l'on considère la forme. . . . .</i>	133
3.12	<i>Calcul signé de distance entre sillons déformés. . . . .</i>	134
2.1	<i>Schéma de coopération entre le recalage et la segmentation. La segmentation de référence, déformée par le recalage estimé entre le volume de référence et le volume à segmenter, est utilisée pour initialiser l'algorithme de segmentation. La méthode des "ensemble de niveaux" est alors employée pour obtenir la segmentation finale. . . . .</i>	148
2.2	<i>Résultats de segmentation sur le fantôme du MNI et sur le fantôme déformé. Les trois colonnes montrent les coupes sagittales, axiales et coronales respectivement. . . . .</i>	153
2.3	<i>Segmentation de référence sur le sujet 0 obtenue avec la méthode des ensembles de niveaux (initialisation manuelle avec un cube). Les vues montrent les coupes sagittales, axiales et coronales. . . . .</i>	154



2.4	<i>Segmentation du cerveau sur un sujet. En haut, la segmentation est obtenue avec le champ de déformation calculé entre le sujet de la figure 2.3, et le sujet à étudier. En bas, l'étape de segmentation par ensemble de niveaux a raffiné la solution, et a permis de récupérer des parties manquantes du volume détecté. . . . .</i>	155
2.5	<i>Segmentation des cerveaux de 2 sujets. La segmentation est obtenue en initialisant l'algorithme des ensembles de niveaux par une segmentation obtenue par recalage avec le sujet de référence illustré en figure 2.3. . . . .</i>	156
2.6	<i>Segmentation des cerveaux de 2 sujets. La segmentation est obtenue en initialisant l'algorithme des ensembles de niveaux par une segmentation obtenue par recalage avec le sujet de référence illustré en figure 2.3. . . . .</i>	157
3.1	<i>Intégration des sillons avec une distance de chamfer. Seules la projection orthogonale d'un sillon sur son correspondant est prise en compte. Le procédé de mise en correspondance par l'algorithme ICP donne le même type de contrainte. . . . .</i>	164
3.2	<i>Mise en correspondance de deux sillons homologues. Le sillon contenant le moins de points de contrôle est échantillonné de manière à obtenir, pour les deux sillons, le même nombre de points de contrôle sur chaque axe, à savoir <math>N_l</math> et <math>N_p</math>. . . . .</i>	165
3.3	<i>Mise en correspondance de deux sillons, dont l'un est interrompu. Au point <math>M_0</math> (d'abscisse curviligne <math>\frac{l_1}{l_0}</math>), le champ de contrainte est discontinu. . . . .</i>	166
3.4	<i>Volumes source et cible choisis pour tester la méthode de recalage coopérative.</i>	169
3.5	<i>Volume déformé par la méthode "thin plate spline". La méthode de recalage garantit une bonne précision sur les amers de fusion utilisés, et interpole de manière lisse le champ de déformation sur le reste du volume. . . . .</i>	170
3.6	<i>Volume recalé avec contrainte locale, sans estimateur robuste sur le terme de contrainte locale, et avec la même valeur du paramètre <math>\alpha</math>, réglant la pondération accordée au terme de régularisation. . . . .</i>	171
3.7	<i>Comparaison des volumes recalés avec et sans contraintes sulcales. Les deux volumes recalés doivent être comparés au volume source. . . . .</i>	172
3.8	<i>Résultat du volume moyen avec l'introduction de contraintes sulcales. . . . .</i>	174
3.9	<i>Les sillons centraux gauche des sujets de la base de donnée sont déformés, et comparés au sillon central gauche du sujet de référence. Les sillons déformés sont tracés en bleu, le sillon de référence en jaune, le sillon postcentral de référence en vert et le précentral de référence en rouge. La méthode avec contrainte a recalé les sillons des différents sujets vers le sujet de référence avec précision. . . . .</i>	177
3.10	<i>Les sillons frontaux supérieurs gauche des sujets de la base de donnée sont déformés, et comparés au sillon central gauche du sujet de référence. Les sillons déformés sont tracés en bleu, le sillon de référence en rouge. La méthode avec contrainte a recalé les sillons des différents sujets vers le sujet de référence avec précision. . . . .</i>	178

3.11	<i>Les sillons sylviens supérieurs gauche des sujets de la base de donnée sont déformés, et comparés au sillon central gauche du sujet de référence. Les sillons déformés sont tracés en bleu, le sillon de référence en rouge et le sillon temporal supérieur du sujet de référence en vert. La méthode avec contrainte a recalé les sillons des différents sujets vers le sujet de référence avec précision. . . . .</i>	179
3.12	<i>Pour le sillon central gauche, sillons moyens obtenus par les méthodes sans contrainte (en bleu clair), et avec contrainte (en bleu foncé). Le sillon du sujet de référence est tracé en rouge, le sillon précentral de référence en orange et le sillon postcentral de référence en vert. Le sillon moyen de la méthode avec contrainte est difficile à distinguer du sillon de référence. Le logiciel de visualisation a eu quelques difficultés à gérer la table de couleur, c'est pour cette raison que les couleurs bleues se distinguent mal. . . . .</i>	180
3.13	<i>Pour le sillon frontal supérieur gauche, sillons moyens obtenus par les méthodes sans contrainte (en bleu clair), et avec contrainte (en bleu foncé). Le sillon du sujet de référence est tracé en rouge. Le sillon moyen de la méthode avec contrainte est difficile à distinguer du sillon de référence. . . . .</i>	181
3.14	<i>Pour le sillon frontal supérieur gauche, sillons moyens obtenus par les méthodes sans contrainte (en vert), et avec contrainte (en bleu clair). Le sillon du sujet de référence est tracé en rouge, et le sillon temporal supérieur de référence en bleu foncé. Le sillon moyen de la méthode avec contrainte est difficile à distinguer du sillon de référence. . . . .</i>	182
A.1	<i>Faces principales d'observation du cerveau. A : face supéro-latérale. B : face inférieure. C : face médiane. . . . .</i>	191
A.2	<i>Lobes cérébraux et principaux sillons délimitant ces lobes. F : lobe frontal délimité par le sillons central (1) et le sillon cingulaire (9). P : lobe pariétal délimité par le sillon central (1), la vallée sylvienne (3), la ligne occipito-temporale (6) et la ligne pariéto-temporale (5). O : lobe occipital délimité par la vallée sylvienne (3), la ligne occipito-temporale (6) et par l'encoche préoccipitale (4). T : lobe temporal délimité par la vallée sylvienne (3), la ligne occipito-temporale (6) et la ligne pariéto-temporale (5). L : lobe limbique délimité par le sillon cingulaire (9), le sillon sous-pariétal (10), le sillon collatéral (11) et le sillon callosal (8). . . . .</i>	192
A.3	<i>Sillons principaux de la face latérale. 1 : sillon central. 2 : vallée sylvienne. 3 : sillon précentral. 4 : sillon postcentral. 5 : sillon frontal supérieur. 6 : sillon frontal inférieur. 7 : sillon intrapariétal. 8 : sillon temporal supérieur. 9 : sillon temporal inférieur. . . . .</i>	193
A.4	<i>Coupe bidimensionnelle du cortex montrant les couches successives du cerveau et les structures périphériques du cerveau. . . . .</i>	193
A.5	<i>Visualisation sur une coupe IRM sagittale de quelques structures anatomiques cérébrales. . . . .</i>	194
A.6	<i>Visualisation sur une coupe IRM axiale de quelques structures anatomiques cérébrales. . . . .</i>	194

---

E.1	<i>Interpolation de type “partial volume”, illustration en 2D de l’interpolation trilinéaire modifiée. . . . .</i>	204
-----	--	-----

# Liste des tableaux

0.1	<i>Contextes d'utilisation du recalage d'images médicales, en fonction du nombre de sujets et du nombre de modalités impliqués. . . . .</i>	8
3.1	<i>Tableau comparatif des performances de l'algorithme de recalage en fonction des perturbations apportées au fantôme (bruit, inhomogénéité) et des options de recalage choisies (global, multigrille quadratique, multigrille robuste). Les mesures de spécificité, sensibilité et de performance totale indiquent de manière objective le taux de recouvrement des classes matière grise et matière blanche. Nous estimons le recalage jusqu'au niveau de grille 0 (la taille des voxels est de <math>1\text{mm}^3</math>). Nous pouvons ainsi compenser jusqu'à 93% de la déformation synthétique en présence de bruit important (9%) et de fortes inhomogénéités de champ (40%). Les temps cpu sont donnés pour une machine Ultra Sparc 5 à 333Mhz. . . . .</i>	52
4.1	<i>Évaluation numérique du recalage non rigide multimodalité sur des données simulées. Les mesures de recouvrement entre les classes du volume de référence et les classes déformées puis recalées sont calculées après recalage rigide puis à chaque niveau de grille de l'algorithme multigrille. . . . .</i>	90
2.1	<i>Écart quadratique moyen (EQM) entre le volume moyen obtenu pour chaque méthode et le volume de référence. Un premier calcul est effectué sur l'intégralité du support du sujet de référence, et un second calcul est limité sur le support du masque de segmentation du cerveau du sujet de référence. . . . .</i>	114
2.2	<i>Tableau de comparaison du recouvrement entre les classes de matière grise et matière blanche. Pour chaque méthode, la valeur moyenne sur la base de donnée du recouvrement entre le tissu du sujet de référence et le tissu d'un sujet déformé est calculée, ainsi que la variance de cette variable. . . . .</i>	115
2.3	<i>Moyenne et variance, calculées sur les sujets de la base de donnée, de la corrélation entre le <math>L_{vv}</math> du sujet de référence et le <math>L_{vv}</math> du sujet déformé par une méthode de recalage. . . . .</i>	116
3.1	<i>Distance moyenne entre points de contrôle et centres de gravité, en voxels, calculés entre le sillon du sujet de référence et le sillon correspondant d'un sujet déformé par une méthode de recalage. La moyenne est réalisée sur tous les sujets et sur tous les sillons. . . . .</i>	127

3.2	<i>Distance moyenne entre sillon de référence et sillon déformés, calculée sur un sous-groupe de sillons (sillons centraux, sillons frontaux supérieurs, sillons sylviens).</i> . . . . .	127
3.3	<i>Pour les sillons centraux gauche, trace de la matrice de covariance obtenue pour chaque méthode. Les analyses sont faites indépendamment pour chaque méthode, ce qui conduit à des bases de vecteur propres différentes. cependant, les traces, représentant la variance totale de la population sur les axes, sont comparables car invariantes par changement de repère orthonormal.</i> . .	131
3.4	<i>Pour les sillons frontaux supérieurs gauche, trace de la matrice de covariance obtenue pour chaque méthode. Les analyses sont faites indépendamment pour chaque méthode, ce qui conduit à des bases de vecteur propres différentes. cependant, les traces, représentant la variance totale de la population sur les axes, sont comparables car invariantes par changement de repère orthonormal.</i>	132
3.5	<i>Pour les sillons sylviens gauche, trace de la matrice de covariance obtenue pour chaque méthode. Les analyses sont faites indépendamment pour chaque méthode, ce qui conduit à des bases de vecteur propres différentes. cependant, les traces, représentant la variance totale de la population sur les axes, sont comparables car invariantes par changement de repère orthonormal.</i> . .	132
2.1	<i>Évaluation numérique des résultats de segmentation sur la fantôme du MNI. Dans un premier temps, la méthode des ensembles de niveaux a été comparée avec une méthode de morphologie mathématique. Les critères de recouvrement (sensibilité, spécificité et performance totale) sont donnés pour trois jeux de données différents, correspondant à des acquisitions de plus en plus bruitées. La sensibilité est reliée à une mesure de sous-segmentation, tandis que la spécificité est liée à une mesure de sur-segmentation.</i> . . . . .	150
2.2	<i>Résultats numériques de l'évaluation sur des données simulées. Nous avons indiqué pour chaque méthode le nombre d'itérations, la sensibilité, la spécificité, la performance totale. Les méthodes évaluées sont : la segmentation par ensembles de niveaux avec initialisation manuelle ; la segmentation issue du recalage uniquement ; et la segmentation par ensembles de niveaux, avec l'initialisation provenant du recalage.</i> . . . . .	152
3.1	<i>Influence du recalage contraint par les sillons centraux sur les sillons voisins. Les mesures de distance, avec et sans contrainte, montrent que la contrainte a une influence très locale.</i> . . . . .	173
3.2	<i>Écart quadratique moyen (EQM) entre le volume moyen et le volume de référence. Un premier calcul est effectué sur l'intégralité du support du sujet de référence, et un second calcul est limité sur le support du masque de segmentation du cerveau du sujet de référence.</i> . . . . .	175
3.3	<i>Tableau de comparaison du recouvrement entre les classes de matière grise et matière blanche. Pour les deux méthodes, la valeur moyenne sur la base de donnée du recouvrement entre le tissu du sujet de référence et le tissu d'un sujet déformé est calculée, ainsi que la variance de cette variable.</i> . . .	175

---

3.4	<i>Moyenne et variance, calculées sur les sujets de la base de donnée, de la corrélation entre le Luv du sujet de référence et le Luv du sujet déformé par une méthode de recalage. . . . .</i>	176
3.5	<i>Distance moyenne entre points de contrôle et centres de gravité, en voxels, calculés entre le sillon du sujet de référence et le sillon correspondant d'un sujet déformé par une méthode de recalage. La moyenne est réalisée sur tous les sujets et sur tous les sillons. . . . .</i>	183
3.6	<i>Pour différents sillons, trace de la matrice de covariance obtenue pour les méthodes avec et sans contraintes. Les analyses sont faites indépendamment pour chaque méthode, ce qui conduit à des bases de vecteur propres différentes. cependant, les traces, représentant la variance totale de la population sur les axes, sont comparables car invariants par changement de repère orthonormal. Ces traces expriment la variance totale, sur tous les axes, expliquant les variations des populations, par rapport au sillon de référence correspondant.</i>	183



# Bibliographie

- [Adalsteinsson 95] D. Adalsteinsson, J.A. Sethian. – A fast level set method for propagating interfaces. *Journal of Computational Physics*, 118(2):269–277, 1995.
- [Alexander 97] A. Alexander, J. Tsuruda, D. Parker. – Elimination of eddy current artifacts in diffusion-weighted echo-planar images: the use of bipolar gradients. *Magnetic Resonance in Medecine*, 38(6):1016–1021, 1997.
- [Alpert 90] N. Alpert, J. Bradshaw, D. Kennedy, J. Correia. – The principle axis transformation - a method for image registration. *The journal of nuclear medicine*, 31(10), 1990.
- [Andersson 95] J. Andersson. – A rapid and accurate method to realign PET scans utilizing image edge information. *Journal of Nuclear Medecine*, 36:657–669, 1995.
- [Anton 96] JL. Anton. – *De l'imagerie par résonance magnétique fonctionnelle aux activations des populations de neurones chez l'homme : étude du cortex sensori-moteur dans l'exploration tactile*. – sciences cognitives, École des hautes études en sciences sociales, 1996.
- [Ashburner 97] J. Ashburner, P. Neelin, DL. Collins, A. Evans, K. Friston. – Incorporating prior knowledge into image registration. *Neuroimage*, 6:344–352, 1997.
- [Ashburner 98] J. Ashburner, J. Andersson, K. Friston. – Image registration using a symmetric prior in three dimensions. *Human Brain Mapping*, 9:212–225, 1998.
- [Aubert 99] G. Aubert, Deriche R., P. Kornprobst. – Computing optical flow via variational techniques. *SIAM Journal on Applied Mathematics*, 60(1):156–182, 1999.
- [Ayache 99] N. Ayache, G. Subsol. – Le cerveau en quatre dimensions. *La recherche*, pp. 46–49, Mai 1999.
- [Baillard 00a] C. Baillard, C. Barillot. – Robust 3D segmentation of anatomical structures with level sets. – S. et al. delp (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, MICCAI'00*, number 1935 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 236–246, Pittsburgh, Pennsylvania, octobre 2000. Springer.
- [Baillard 00b] C. Baillard, P. Hellier, C. Barillot. – *Segmentation of 3D*



- brain structures using level sets.* – Rapport de Recherche n° 1291, <http://www.irisa.fr/bibli/publi/pi/2000/1291/1291.html>, IRISA, janvier 2000.
- [Bajcsy 82] R. Bajcsy, C. Broit. – Matching of deformed images. – *Proc. Int. Conf. Pattern Recognition*, vol. 1, pp. 351–353, Munich, West Germany, octobre 1982. IEEE, New York.
- [Bajcsy 89] R. Bajcsy, S. Kovacic. – Multiresolution elastic matching. *Computer Vision, Graphics, Image Processing*, 46:1–21, 1989.
- [Bardinet 95] E. Bardinet, L. Cohen, N. Ayache. – Superquadrics and free-form deformations: a global model to fit and track 3D medical data. – N. Ayache (édité par), *Proc. of Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine*, number 905 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 319–326, Nice, France, avril 1995. Springer.
- [Bardinet 98] E. Bardinet, L. Cohen, N. Ayache. – A parametric deformable model to fit unstructured data. *Computer Vision and Image Understanding*, 71(1):39–54, 1998.
- [Barillot 96] C. Barillot. – *Fusion de données appliquée à la modélisation de structures cérébrales.* – Rapport de recherche, Laboratoire SIM faculté de médecine, Université de Rennes 1, 1996.
- [Barillot 98] C. Barillot, B. Gibaud, G. le Goualher, X. Morandi. – Représentation mixte numérique/symbolique des sillons corticaux. – *Proc. Recon. Formes Int. Artif.*, vol. 3, pp. 165–174, Clermont ferrand, 1998.
- [Barillot 99] C Barillot. – *Fusion de données et imagerie 3D en medecine.* – Université de Rennes 1, IRISA, Habilitation à diriger des recherches, septembre 1999.
- [Barr 84] A. Barr. – Global and local deformations of solid primitives. *Computer Graphics (SIGGRAPH)*, 18(3):21–30, 1984.
- [Barron 92] J. Barron, D. Fleet, S. Beauchemin, T. Burkitt. – Performance of optical flow techniques. – *Proc. Conf. Computer Vision Pattern Recognition*, pp. 236–242, Champaign, Illinois, juin 1992.
- [Bascle 94] B. Bascle. – *Contributions et applications des modèles déformables en vision par ordinateur.* – PhD. Thesis, Université de Nice Sophia-Antipolis, septembre 1994.
- [Bastin 99] M. Bastin. – Correction of eddy current-induced artefacts in diffusion tensor imaging using iterative cross-correlation. *Magnetic Resonance Imaging*, 17(7):1011–1024, 1999.
- [Battiti 91] R. Battiti, E. Amaldi, C. Koch. – Computing optical flow over multiple scales: an adaptive coarse-to-fine strategy. *Int. J. Computer Vision*, 6(2):133–146, 1991.
- [Beauchemin 95] S. Beauchemin, J. Barron. – The computation of optical flow. *ACM computing surveys*, 27(3):433–467, 1995.
- [Bergen 91] J. Bergen, P. Anadan, K. Hanna, R. Hingorani. – Hierarchical model-based motion estimation. – *Proc. Europ. Conf. Computer Vision*, pp. 5–10, 1991.

- [Besl 92] P. Besl, N. McKay. – A method for registration of 3D shapes. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(2):239–255, 1992.
- [Black 96a] M. Black, P. Anandan. – The robust estimation of multiple motions: parametric and piecewise-smooth flow fields. *Computer Vision and Image Understanding*, 63(1):75–104, 1996.
- [Black 96b] M. Black, A. Rangarajan. – On the unification of line processes, outlier rejection, and robust statistics with application in early vision. *Int. J. Computer Vision*, 19(1):57–91, 1996.
- [Blake 98] A. Blake, M. Isard. – *Active contours*. – Springer, 1998.
- [Bookstein 89] F. Bookstein. – Principal warps: Thin plate splines and the decomposition of deformations. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 11(6):567–585, 1989.
- [Borgefors 86] G. Borgefors. – Distance transformations in digital images. *Computer Vision, Graphics, Image Processing*, 34:344–371, 1986.
- [Borgefors 88] G. Borgefors. – Hierarchical chamfer matching: a parametric edge matching algorithm. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 10:849–864, 1988.
- [Broit 81] C. Broit. – *Optimal registration of deformed images*. – Philadelphia, PhD. Thesis, Department of computer and information science, University of pennsylvania, 1981.
- [BroNielsen 96] M. Bro-Nielsen, C. Gramkow. – Fast fluid registration of medical images. – KH. Hohne, R. Kikinis (édité par), *Proc. Visualization in Biomedical Computing*, number 1131 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 267–276. Springer, septembre 1996.
- [Brown 92] LF. Brown. – A survey of image registration techniques. *ACM: Computer Surveys*, 24(4):325–376, 1992.
- [Burt 84] JP. Burt. – *Multiresolution image processing and analysis*, chap. 2: The pyramide as a structure for efficient computation, pp. 6–38. – Springer-verlag, 1984.
- [Cachier 00] P. Cachier, X. Pennec. – 3D non rigid registration by gradient descent on a gaussian windowed similarity. – *IEEE workshop on mathematical methods in biomedical imaging*, pp. 182–190, Hilton head island, USA, juin 2000.
- [Carter 98] R. Carter. – *Atlas du cerveau*. – Autrement, 1998.
- [Caselles 97] V. Caselles, R. Kimmel, G. Sapiro. – Geodesic active contours. *Int. J. Computer Vision*, 22:61–79, 1997.
- [Caunce 98] A. Caunce, CJ. Taylor. – 3D point distribution models for the cortical sulci. – *Proc. Int. Conf. Computer Vision*, pp. 402–407, Bombay, India, janvier 1998.
- [Caunce 99] A. Caunce, CJ. Taylor. – Using local geometry to build 3D sulcal models. – Kuba *et al.* (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, number 1613 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 196–209. Springer, 1999.

- [Chakraborty 96] A. Chakraborty, L. Staib, J. Duncan. – Deformable boundary finding in medical images by integrating gradient and region information. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 15(6):859–870, 1996.
- [Chang 92] H. Chang, J. Fitzpatrick. – A technique for accurate magnetic resonance imaging in the presence of field inhomogeneities. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 11:319–329, 1992.
- [Changeux 83] JP. Changeux. – *L'homme neuronal*. – Hachette, 1983.
- [Charbonnier 97] P. Charbonnier, L. Blanc-Féraud, G. Aubert, M. Barlaud. – Deterministic edge preserving regularization in computed imaging. *IEEE Trans. Image Processing*, 6(2):298–311, 1997.
- [Chen 85] G. Chen, M. Kessler, S. Pitluck. – Structure transfer between sets of three dimensionnal medical imaging data. – *6th conference on computer graphics*, vol. 6, pp. 171–177, 1985.
- [Chen 94] C. Chen, T. Huang, M. Arrott. – Modeling, analysis and visualisation of left-ventricle shape and motion by hierarchical decomposition. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 16(4), 1994.
- [Chen 99] M. Chen, T. Kanade, D. Pomerleau, H.A. Rowley. – Anomaly detection through registration. *Pattern Recognition*, 32:113–128, 1999.
- [ChretienPlanat 99] A. Chretien-Planat. – *Estimation de mouvement par maillage actif multiéchelle avec prise en compte des discontinuités: application à l'imagerie cardiaque en résonance magnétique*. – PhD. Thesis, INSA Lyon, 1999.
- [Christensen 94] G. Christensen. – *Deformable shape models for anatomy*. – PhD. Thesis, Washington University, août 1994.
- [Christensen 96] G. Christensen, R. Rabbit, MI. Miller. – Deformable templates using large deformation kinematics. *IEEE Trans. Image Processing*, 5(10):1435–1447, 1996.
- [Christensen 99] G. Christensen. – Consistent linear-elastic transformations for image matching. – A. Kuba, M. Samal, A. Todd-Pokropek (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, number 1613 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 224–237, Visegrad, Hungary, juin 1999. Springer.
- [Chui 99] H. Chui, J. Rambo, J. Duncan, R. Schultz, A. Rangarajan. – Registration of cortical anatomical structures via robust 3D point matching. – Kuba *et al.* (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, number 1613 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 168–181. Srpinge Verlag, 1999.
- [Cline 90] H.E. Cline, W.E. Lorensen, R. Kikinis, F. Jolesz. – Three-dimensional segmentation of MR images of the head unusing probability and connectivity. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 14:1037–1045, 1990.
- [Cohen 93] L. Cohen, I. Cohen. – Finite element method for active contour

- models and ballons for 2D and 3D images. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 15(11):1131–1147, 1993.
- [Cohen 96] I. Cohen, I. Herlin. – Optical flow and phase portrait methods for environmental satellite image sequences. – *Proc. Europ. Conf. Computer Vision*, pp. II:141–150, Cambridge, UK, avril 1996.
- [Collignon 93] A. Collignon, D. Vanderneulen, P. Suetens, G. Marchal. – Surface based registration of 3D medical images. – H. Loew (édité par), *Medical imaging: image processing*, vol. 1898, pp. 32–42. Spie Press, 1993.
- [Collignon 95] A. Collignon, D. Vanderneulen, P. Suetens, G. Marchal. – 3D multi-modality medical image registration using feature space clustering. – *Proc. of Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medecine*, pp. 195–204, Nice, France, 1995.
- [Collins 94] L. Collins. – *3D Model-based segmentation of individual brain structures from magnetic resonance imaging data*. – PhD. Thesis, Mc Gill University, Montreal, 1994.
- [Collins 95] L. Collins, A. Evans, C. Holmes, TM. Peters. – Automatic 3D segmentation of neuroanatomical structures from MRI. – Bizais *et al.* (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, pp. 139–152, Brest, juin 1995. Kluwer academic publisher.
- [Collins 96] L. Collins, G. Le Goualher, R. Venugopal, A. Caramanos, A. Evans, C. Barillot. – Cortical constraints for non-linear cortical registration. – KH. Hohne, R. Kikinis (édité par), *Proc. Visualization in Biomedical Computing*, number 1131 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 307–316. Springer, septembre 1996.
- [Collins 97] L. Collins, A. Evans. – Animal: validation and applications of nonlinear registration-based segmentation. *Int. J. Pattern Rec. Artif. Intell.*, 8(11):1271–1294, 1997.
- [Collins 98a] D.L. Collins, A.P. Zijdenbos, V. Kollokian, J.G. Sled, N.J. Kabani, C.J. Holmes, A.C. Evans. – Design and construction of a realistic digital brain phantom. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(3):463–468, June 1998.
- [Collins 98b] L. Collins, G. Le Goualher, A. Evans. – Non linear cerebral registration with sulcal constraints. – A. Colchester, S. Delp (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1496 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 974–985. Springer, octobre 1998.
- [Cootes 95] T. Cootes, C. Taylor, D. Hooper, J. Graham. – Active shape models- their training and application. *Computer Vision and Image Understanding*, 61(1):31–59, 1995.
- [Corpetti 00] T. Corpetti, E. Mémin, P. Pérez. – Estimating fluid optical flow. – *IAPR Int. Conf. on Pattern Recognition*, Barcelone, Espagne, septembre 2000.
- [Davatzikos 96a] C. Davatzikos, N. Bryan. – Using a deformable surface model to

- obtain a shape representation of the cortex. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 15(6):785–795, 1996.
- [Davatzikos 96b] C. Davatzikos, L. Prince, N. Bryan. – Image registration based on boundary mapping. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 15(1):111–115, 1996.
- [Davatzikos 97] C. Davatzikos. – Spatial transformation and registration of brain images using elastically deformable models. *Computer Vision and Image Understanding*, 66(2):207–222, 1997.
- [Dawant 99a] B. Dawant, S. Hartmann, S. Gadamsetty. – Brain atlas deformation in the presence of large space-occupying tumors. – C. Taylor, A. Colchester (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1679 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 589–596, Cambridge, UK, septembre 1999. Springer.
- [Dawant 99b] B. Dawant, S. Hartmann, J-P. Thirion, F. Maes, D. Vandermeulen, P. Demaerel. – Automatic 3-d segmentation of internal structures of the head in mr images using a combination of similarity and free-form transformations: Part i, methodology and validation on normal subjects. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 18(10):909–916, 1999.
- [Declerck 95] J. Declerck, G. Subsol, JP. Thirion, N. Ayache. – Automatic retrieval of anatomical structures in 3D medical images. – N. Ayache (édité par), *Proc. of Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medicine*, number 905 in LNCS, pp. 153–162, Nice, France, avril 1995. Springer. – electronic version: <ftp://ftp.inria.fr/INRIA/publication/RR/RR-2485.ps.gz>.
- [Delaney 98] A. Delaney, Y. Bresler. – Globally convergent edge-preserving regularized reconstruction: an application to limited-angle tomography. *IEEE Trans. Image Processing*, 7(2):204–221, 1998.
- [Delingette 92] H. Delingette, M. Hebert, K. Ikeuchi. – Shape representation and image segmentation using deformable models. *Image and Vision Computing*, 10(3):132–144, 1992.
- [Deriche 93] R. Deriche. – *Recursively implementing the gaussian and its derivatives*. – Rapport de Recherche n° 1893, <http://www.inria.fr/RRRT/RR-1893.html>, INRIA, avril 1993.
- [Desvignes 94] M. Desvignes, H. Fawal, M. Revenu, D. Bloyet, JM. Traverre, P. Allain, JC. Baron. – Reconnaissance du sillon latéral du cortex sur images RMN tridimensionnelles. – *Proc. Recon. Formes Int. Artif.*, vol. 1, pp. 685–690, Paris, 1994.
- [Desvignes 97] M. Desvignes, N. Royackkers, H. Fawal, M. Revenu. – Detection and identification of sulci on 3D MRI. – *Human Brain Mapping*, p. 410, 1997.
- [Devlaminck 97] V. Devlaminck. – Une fonctionnelle pour l’estimation de mouvement d’objets déformables. *Traitement du Signal*, 14(4):423–432, 1997.

- [Devlaminck 99] V. Devlaminck. – A functional for compressive and incompressive elastic deformation estimation. *IEEE Signal processing letters*, 6(7):162–164, 1999.
- [Duchon 76] J. Duchon. – Interpolation des fonctions de deux variables suivant le principe de la flexion des plaques minces. *RAIRO Analyse numérique*, 10:5–12, 1976.
- [Duncan 00] J. Duncan, N. Ayache. – Medical image analysis: progress over two decades and the challenges ahead. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 22(1):85–106, 2000.
- [Enkelmann 88] W. Enkelmann. – Investigations of multigrid algorithms for the estimation of optical flow fields in image sequences. *Computer Vision, Graphics, Image Processing*, 43(2):150–177, 1988.
- [Evans 91] AC. Evans, W. Dai, DL. Collins, P. Neelin, T. Marrett. – Warping of computerized 3D atlas to match brain image volumes for quantitative neuroanatomical and functional analysis. – *Proc. of the International Society of Optical Engineering: Medical Imaging V, SPIE*, 1991.
- [Evans 92] A. Evans, L. Collins, B. Milner. – An MRI-based stereotaxic atlas from 250 young normal subjects. *Soc. Neuroscience abstract*, 18:408, 1992.
- [Fawal 95a] H. Fawal. – *Contribution à l'étude d'une base de connaissance adaptée à la définition des sillons du cortex cérébral humain*. – PhD. Thesis, Université de Caen, 1995.
- [Fawal 95b] H. Fawal, M. Desvignes, M. Revenu. – Amincissement 3D de surfaces gauches: application à la détection des sillons du cortex cérébral humain. – *15ème colloque GRETSI*, pp. 661–664, Juan les Pins, septembre 1995.
- [Feldmar 94a] J. Feldmar, N. Ayache. – Locally affine registration of free-form surfaces. – *Proc. Conf. Computer Vision Pattern Recognition*, pp. 496–500, Seattle, juin 1994.
- [Feldmar 94b] J. Feldmar, N. Ayache. – *Rigid, affine and locally affine registration of free-form surfaces*. – Rapport de Recherche n° 2220, INRIA, 1994. available at <ftp://ftp.inria.fr/INRIA/publication/RR/RR-2220.ps.gz>.
- [Feldmar 95] J. Feldmar. – *recalage rigide, non rigide et projectif d'images médicales tridimensionnelles*. – PhD. Thesis, École polytechnique, 1995.
- [Feldmar 96] J. Feldmar, N. Ayache. – Rigid, affine and locally affine registration of free-form surfaces. *Int. J. Computer Vision*, 18(2):99–119, 1996.
- [Feldmar 97] J. Feldmar, J. Declerck, G. Malandain, N. Ayache. – Extension of the ICP algorithm to nonrigid intensity based registration of 3D images. *Computer Vision and Image Understanding*, 66(2):193–206, 1997.

- [Ferrant 99] M. Ferrant, S. Warfield, C. Guttman, R. Mulkern, F. Jolesz, R. Kikinis. – 3D image matching using a finite element based elastic deformation model. – C. Taylor, A. Colchester (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1679 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 202–209, Cambridge, UK, septembre 1999. Springer.
- [Florack 92] L. Florack, B. Romeny, J. Koenderink, M. Viergever. – Scale and the differential structure of images. *Image and Vision Computing*, 10:376–388, 1992.
- [Florack 98] L. Florack, W. Niessen, M. Nielsen. – The intrinsic structure of optical flow incorporating measurement duality. *Int. J. Computer Vision*, 27(3):263–286, 1998.
- [Fottorino 98] E. Fottorino. – Voyage au centre du cerveau. *Le Monde*, pp. 12–13, Mardi 3 février 1998.
- [Friston 95] KJ. Friston, J. Ashburner, CD. Frith, JB. Poline, JD. Heather, RSJ. Frackowiak. – Spatial registration and normalisation of images. *Human Brain Mapping*, 2:165–189, 1995.
- [Gabrani 99] M. Gabrani, O. Tretiak. – Surface-based matching using elastic transformation. *Pattern Recognition*, 32:87–97, 1999.
- [Gaens 98] T. Gaens, F. Maes, D. Vandermeulen, S. Suetens. – Non-rigid multimodal image registration using mutual information. – *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1496 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 1099–1106, Boston, USA, octobre 1998. Springer Verlag.
- [Ge 95] Y. Ge, J. Fitzpatrick, J. Votaw, S. Gadamsetty, R. Maciunas, R. Kessler, R. Margolin. – Retrospective registration of PET and MR brain images: an algorithm and its stereotaxic validation. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 18:800–810, 1995.
- [Gee 93] J. C. Gee, M. Reivicj, R. Bajcsy. – Elastically deforming 3d atlas to match anatomical brain images. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 17(2):225–236, 1993.
- [Gee 94] J. Gee, C. Barillot, L. Le Briquer, D. Haynor, R. Bacjcsy. – Matching structural images of the human brain using statistical and geometrical image features. – RA. Robb (édité par), *Proc. Visualization in Biomedical Computing*, vol. 2359, pp. 191–204, Rochester, 1994. SPIE Press.
- [Gee 95] J. Gee, L. Le Briquer, C. Barillot, D. Haynor. – Probabilistic matching of brain images. – Bizais *et al.* (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, Brest, juin 1995. Kluwer academic publisher.
- [Gee 96] J. Gee. – *Probabilistic matching of deformed images*. – PhD. Thesis, University of Pennsylvania, 1996.
- [Geman 84] S. Geman, D. Geman. – Stochastic relaxation, gibbs distribution and the bayesian restoration of images. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 6:721–741, 1984.

- [Geman 92] D. Geman, G. Reynolds. – Constrained restoration and the recovery of discontinuities. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(3):367–383, 1992.
- [Gerig 98] G. Gerig, D. Welti, C. Guttman, A. Colchester, G. Szekely. – Exploring the discrimination power of the time domain for segmentation and characterization of lesions in serial MR data. – W. *et al.* Wells (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1496 in *Lect. Not. in Comp. Sci.*, pp. 469–480, Cambridge, MA, USA, octobre 1998. Springer.
- [Gerlot 88] P. Gerlot, Y. Bizais. – Image registration: a review and a strategy for medical application. – C. De Graaf, M. Viergever (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, pp. 81–89, New York, 1988. Plenum press.
- [Gibaud 97] B. Gibaud, S. Garlatti, C. Barillot, E. Faure. – *Artificial Intelligence in Medicine*, chap. Methodology for the design of digital brain atlases, pp. 441–452. – Springer-Verlag, 1997, vol. 1211 of *Lect. Not. in Comp. Sci.* Berlin-Heidelberg.
- [Gomes 99] J. Gomes, O. Faugeras. – *Reconciling distance functions and Level-Sets*. – Rapport de Recherche n° 3666, Inria, avril 1999.
- [GrafvonKeyserlingk 88] D Graf von Keyserlingk, K Niemann, J Wasel. – A quantitative approach to spatial variation of human cerebral sulci. *Acta Anatomica*, 131:127–131, 1988.
- [Guimond 99] A. Guimond, A. Roche, N. Ayache, J. Meunier. – *Multi-modal brain warping using the demons algorithm and adaptive intensity correction*. – Rapport de Recherche n° 3796, <http://www.inria.fr/RRRT/RR-3796.html>, INRIA, novembre 1999.
- [Gupta 93] S. Gupta, R. Bajcsy. – Volumetric segmentation of range images of 3D objects using superquadrics models. *CVGIP: Image Understanding*, 58(3):302–326, 1993.
- [Gupta 95a] S. Gupta, J. Prince. – On variable brightness optical flow for tagged MRI. – Bizais *et al.* (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, pp. 323–334, Brest, juin 1995. Kluwer academic publisher.
- [Gupta 95b] S. Gupta, J. Prince. – stochastic formulations of optical flow algorithms under variable brightness conditions. – *Proc. Int. Conf. Image Processing*, pp. 484–487, 1995.
- [Gupta 96] S. Gupta, J. Prince. – Stochastic models for div-curl optical flow methods. *Signal Processing Letters*, 3(2):32–34, 1996.
- [Guéziec 92] A. Guéziec, N. Ayache. – Smoothing and matching of 3D space curves. – G. Sandini (édité par), *Proc. Europ. Conf. Computer Vision*, number 909 in LNCS, pp. 620–629, Santa Margherita Ligure, Italy, mai 1992. Springer.



- [Guéziec 94] A. Guéziec, N. Ayache. – Smoothing and matching of 3D space curves. *Int. J. Computer Vision*, 12(1):79–104, 1994.
- [Guéziec 97] A. Guéziec, X. Pennec, N. Ayache. – Medical image registration using geometric hashing. *IEEE Computational science and engineering*, 4(4):29–41, 1997.
- [Hackbusch 85] W. Hackbusch. – *Multigrid methods and applications*. – Springer Verlag, 1985.
- [Hajnal 95] J. Hajnal, N. Saeed, A. Oatridge, E. Williams, I. Young, G. Bydder. – Detection us subtle brain changes using subvoxel registration and substraction of serial mr images. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 5:677–691, 1995.
- [Haselgrove 96] J. Haselgrove, J. Moore. – Correction for distortion of echo-planar images used to calculate the apparent diffusion coefficient. *Magnetic Resonance in Medecine*, pp. 960–964, 1996.
- [Hebert 95] M. Hebert, H. Ikeuchi, K. and Delingette. – A spherical representation for recognition of free form surfaces. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(7):681–690, 1995.
- [Heitz 94] F. Heitz, P. Pérez, P. Bouthemy. – Multiscale minimization of global energy functions in some visual recovery problems. *CV-GIP: Image Understanding*, 59(1):125–134, 1994.
- [Hellier 99] P. Hellier, C. Barillot, E. Mémin, P. Pérez. – Medical image registration with robust multigrid techniques. – C. Taylor, A. Colchester (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1679 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 680–687, cambridge, UK, septembre 1999. Springer.
- [Hermosillo 99] G. Hermosillo, O. Faugeras, J. Gomes. – *Cortex unfolding using Level-Set methods*. – Rapport de Recherche n° 3663, Inria, avril 1999.
- [Hill 91] D. Hill, D. Hawkes, J. Crossman, M. Gleeson, T. Cox, E. Bracey, A. Strong, P. Graves. – Registration of MR and CT images for skull base surgery using point-like anatomical features. *Journal of british radiology*, 64(767):1030–1035, 1991.
- [Holden 00] M/ Holden, Hill. D., E. Denton, J. Jarosz, T. Cox, T. Rohlfing, J. Goodey, D. Hawkes. – Voxel similarity measures for 3D serial MR brain image registration. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 19(2):94–102, 2000.
- [Holland 77] P. Holland, R. Welsch. – Robust regression using iteratively reweighted least-square. *Commun Statis. Theo. Methy.*, A6(9):813–827, 1977.
- [Horn 81] B. Horn, B. Schunck. – Determining optical flow. *Artificial Intelligence*, 17:185–203, août 1981.
- [Horsfield 99] M. Horsfield. – Mapping eddy current induced fields for the correction of diffusion weighted echo planar images. *Magnetic Resonance Imaging*, 17(9):1335–1345, 1999.

- [Huber 81] P. Huber. – *Robust statistics*. – Wiley, 1981.
- [Jezzard 95] P. Jezzard, R. Balaban. – Correction for geometric distortion in echo-planar images from  $b_0$  field variations. *Magnetic Resonance Med.*, 34(1):65–73, 1995.
- [Jezzard 98] P. Jezzard, S. Barnett, C. Pierpaoli. – Characterization of and correction for eddy current artifacts in echo planar diffusion imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 39(5):801–812, 1998.
- [Jezzard 99] P. Jezzard, S. Clare. – Sources of distortions in functional MRI data. *Human Brain Mapping*, 8:80–85, 1999.
- [Jiang 92] H. Jiang, R. Robb, K. Holton. – A new approach to 3D registration of multimodality images by surface matching. – *Proc. Visualization in Biomedical Computing*, vol. 1808, pp. 196–213. Spie Press, 1992.
- [Jones 00] R. Jones, D. Witte. – Signal intensity artefacts in clinical MR imaging. *Radiographics*, 20:893–901, 2000.
- [Joshi 97] S. Joshi, M.I. Miller, U. Grenander. – On the geometry and shape of brain sub-manifolds. *Int. J. Pattern Rec. Artif. Intell.*, 8(11):1317–1343, décembre 1997.
- [Kass 88] M. Kass, A. Witkin, D. Terzopoulos. – Snakes: active contour models. *Int. J. Computer Vision*, 1(4):321–331, 1988.
- [Kervrann 95] C. Kervrann. – *Modèles statistiques pour la segmentation et le suivi de structures déformables bidimensionnelles dans une séquence d’images*. – PhD. Thesis, Université de Rennes 1, novembre 1995.
- [Kikinis 96] R. Kikinis, M. Shenton, D. Iosifescu, R. McCarley, P. Saiviroonporn, H. Hokama, A. Robatino, D. Metcalf, C. Wible, C. Portas, R. Donnino, F. Jolesz. – A digital brain atlas for surgical planning, model driven segmentation and teaching. *IEEE trans. on visualization and computer graphics*, 2(3):232–241, 1996.
- [Koenderink 84] J. Koenderink. – The structure of images. *Biol Cybern*, 50:363–370, 1984.
- [Konrad 92] J. Konrad, E. Dubois. – Bayesian estimation of motion vector fields. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(9):910–927, 1992.
- [Kybic 00] J. Kybic, P. Thevenaz, A. Nirkko, M. Unser. – Unwarping of unidirectionally distorted EPI images. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 19(2):80–93, 2000.
- [Lachmann 92] F. Lachmann, C. Barillot. – Brain tissue classification from mri data by means of texture analysis. – SPIE Press (édité par), *Medical Imaging VI: Image Processing*, vol. 1652, pp. 72–83, 1992.
- [Lachmann 93] F. Lachmann. – *Méthodes d’analyse d’images médicales pour la reconnaissance de structures cérébrales*. – PhD. Thesis, Université F.Rabelais, Tours, 1993.
- [Le 95] D. Le. – *Détection et correction des mouvements du patient dans*

- les séquences d'images médicales.* – PhD. Thesis, Institut national agronomique Paris-Grignon, décembre 1995.
- [LeBihan 96] D. Le Bihan. – Functional MRI of the brain: principles, applications and limitations. *Neuroradiology*, 23(1):1–5, 1996.
- [Leclerc 89] Y. Leclerc. – Construcing simple stable descriptions for image partitionning. *Int. J. Computer Vision*, 3:73–102, 1989.
- [Leemput 99] K. Leemput, F. Maes, D. Vandermeulen, P. Suetens. – Automated model-based bias field correction of mr images of the brain. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 18(10):885–896, 1999.
- [LeGoualher 97a] G. Le Goualher. – *Modélisation de structures anatomiques cérébrales pour l'aide à l'interprétation d'images médicales et à la fusion de données.* – PhD. Thesis, Université de Rennes 1, janvier 1997.
- [LeGoualher 97b] G. Le Goualher, C. Barillot, Y. Bizais. – Modeling cortical sulci with active ribbons. *Int. J. Pattern Rec. Artif. Intell.*, 8(11):1295–1315, 1997.
- [LeGoualher 98] G. Le Goualher, L. Collins, C. Barillot, A. Evans. – Automatic identification of cortical sulci using 3D probabilistic atlas. – *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1496 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 509–518, Boston, USA, octobre 1998.
- [LeGoualher 99] G. Le Goualher, E. Procyk, L. Collins, R. Venegopal, C. Barillot, A. Evans. – Automated extraction and variability analysis of sulcal neuroanatomy. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 18(3):206–217, 1999.
- [LeGoualher 00] G. Le Goualher, A. Argenti, M. Duyme, W. Baare, H. Hulshoff Pol, C. Barillot, A. Evans. – Statistical sulcal shape comparisons: application to the detection of genetic encoding of the central sulcus shape. *NeuroImage*, 11(5):564–574, 2000.
- [Lehmann 99] T. Lehmann, C. Gonner, K. Spitzer. – Survey: interpolation methods in medical image processing. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 18(11):1049–1075, 1999.
- [Lemoine 91] D. Lemoine, C. Barillot, B. Gibaud, E. Pasqualini. – An anatomical-based 3D registration system of multimodality and atlas data in neurosurgery. – A. Colchester, D. Hawkes (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, number 511 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 154–164, Berlin Heidelberg, 1991. Springer-Verlag.
- [Lemoine 92] D. Lemoine. – *La modélisation anatomique tridimensionnelle et son utilisation pour l'interprétation de données in-vivo multimodalités: application à la neurochirurgie.* – Traitement du signal et télécommunications, Université de Rennes 1, mars 1992.
- [LePourhiet 88] A. Le Pourhiet. – *Résolution numérique des équations aux dérivées partielles, une première approche.* – Cepadues, 1988.

- [Lester 99] H. Lester, S. Arridge. – A survey of hierarchical non-linear medical image registration. *Pattern Recognition*, 32:129–149, 1999.
- [Liang 94] Z. Liang, J.R. MacFall, D.P. Harrington. – Parameter estimation and tissue segmentation from multispectral MR images. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 13:441–449, 1994.
- [MacDonald 98] D. MacDonald, D. Avis, A.C. Evans. – Proximity constraints in deformable models for cortical surface identification. *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, éd. par W.M. Wells, A. Colchester, S. Delp, pp. 650–659. – Boston, MA, Springer-Verlag, 1998.
- [Maes 97] F. Maes, A. Collignon, D. Vandermeulen, G. Marchal, P. Suetens. – Multimodality image registration by maximisation of mutual information. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 16(2):187–198, avril 1997.
- [Maes 98] F. Maes. – *Segmentation and registration of multimodal medical images: from theory, implementation and validation to a useful tool in clinical practice*. – PhD. Thesis, Université catholique de Louvain, 1998.
- [Maes 99] F. Maes, D. Vandermeulen, P. Suetens. – Comparative evaluation of multiresolution optimization strategies for multimodality image registration by maximization of mutual information. *Medical Image Analysis*, 3(4):373–386, 1999.
- [Maintz 96] J. B. A. Maintz, P. A. van den Elsen, M. A. Viergever. – Comparison of edge-based and ridge-based registration of CT and MR brain images. *Medical Image Analysis*, 1(2):151–161, 1996.
- [Maintz 98a] J. Maintz, E. Meijering, M. Viergever. – General multimodal elastic registration based on mutual information. – M. Hanson (édité par), *Proc. of Medical Imaging : Image Processing*, number 3338 in SPIE Proceedings, pp. 144–154, San Diego, USA, avril 1998.
- [Maintz 98b] J. Maintz, M.A. Viergever. – A survey of medical image registration. *Medical Image Analysis*, 2(1):1–36, 1998.
- [Malandain 92] G. Malandain. – *Filtrage, topologie et mise en correspondance d'images médicales multidimensionnelles*. – PhD. Thesis, École Centrale Paris, septembre 1992.
- [Malandain 94] G. Malandain, S. Fernández-Vidal, JM. Rocchisani. – Mise en correspondance d'objets 3D par une approche mécanique : application aux images médicales multimodales. *Traitement du Signal*, 11(6):541–558, 1994.
- [Malladi 95] R. Malladi, J.A. Sethian, B.C. Vemuri. – Shape modeling with front propagation: A level set approach. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(2):158–175, février 1995.
- [Malladi 96] R. Malladi, J.A. Sethian, B.C. Vemuri. – A fast level set based algorithm for topology-independent shape modeling. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, 6:269–289, 1996.

- [Manduca 98] A. Manduca, V. Dutt, D. Borup, R. Muthupillai, R. Ehman, J. Greenleaf. – Reconstruction of elasticity and attenuation maps in shear wave imaging: an inverse approach. – *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1496 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 606–613, Boston, USA, octobre 1998. Springer Verlag.
- [Mangin 94] JF. Mangin, V. Frouin, I. Bloch, J. Regis, J. Lopez-krahe. – Fast nonsupervised 3D registration of PET and MR images of the brain. *Journal of cerebral blood flow metabolism*, 14:749–762, 1994.
- [Mangin 95a] JF. Mangin. – *Mise en correspondance d’images médicales 3D multi-modalités multi-individus pour la corrélation anatomo-fonctionnelle cérébrale*. – PhD. Thesis, École Nationale Supérieure des Télécommunications, mars 1995.
- [Mangin 95b] JF. Mangin, F. Tupin, V. Frouin, I. Bloch, R. Rougetet, J. Regis, J. Lopez-krahe. – Deformable topological models for segmentation of 3D images. – Bizais *et al.* (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, pp. 153–164, Brest, juin 1995. Kluwer academic publisher.
- [Mangin 00] JF. Mangin. – Entropy minimization for automatic correction of intensity nonuniformity. – *IEEE Workshop on Mathematical method in Biomedical imaging*, pp. 162–170, Hilton Head Island, South Carolina, USA, juin 2000. IEEE computer society.
- [Martin 98] J. Martin, A. Pentland, S. Sclaroff, R. Kikinis. – Characterization of neuropathological shape deformations. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 20(2):97–112, février 1998.
- [Maurer 93] CR. Maurer, JM. Fitzpatrick. – A review of medical image registration. *Interactive image guided neurosurgery*, pp. 17–44. – American Association of Neurological Surgeons, 1993.
- [Maurer 95] C. Maurer, G. Aboutanos, D. Dawant, R. Margolin, R. Maciunas, J. Fitzpatrick. – Registration of CT and MR images using a combinaison of points and surfaces. – J. Loew (édité par), *Medical imaging: image processing*, vol. 2434, pp. 109–123. Spie Press, 1995.
- [Mazziotta 95] J. Mazziotta, A. Toga, A. Evans, P. Fox, J. Lancaster. – A probabilistic atlas of the human brain: theory and rationale for its development. *Neuroimage*, 2:89–101, 1995.
- [McCormick 89] S. McCormick. – Multilevel adaptive methods for partial differential equations. – *SIAM*, Philadelphia, Pennsylvania, 1989.
- [McInerney 96] T. McInerney, D. Terzopoulos. – Deformable models in medical image analysis: a survey. *Medical Image Analysis*, 1(2):91–108, 1996.
- [Meer 90] P. Meer, D. Mintz, A. Rosenfeld, D. Kim. – Robust regression methods for computer vision: a review. *Int. J. Computer Vision*, 6(1):59–70, 1990.

- [Meinguet 79] J. Meinguet. – Multivariate interpolation at arbitrary points made simple. *Journal of Applied Mathematics*, 30, 1979.
- [Meltzer 90] C. Meltzer, *al.* – Anatomical localization for PET using MR imaging. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 14(3):418–426, 1990.
- [Metaxas 93] D. Metaxas, D. Terzopoulos. – Shape and nonrigid motion estimation through physics-based synthesis. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 15(6):580–591, 1993.
- [Meyer 98] C. Meyer, J. Boes, Kim. B., P. Bland. – Evaluation of control point selection in automatic, mutual information driven, warping. – W. Wells, A. Colchester, S. Delp (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1496 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 944–951, Cambridge, MA, USA, octobre 1998. Springer.
- [Mémin 96] E. Mémin, P. Pérez. – Robust discontinuity-preserving model for estimating optical flow. – *Proc. Int. Conf. Pattern Recognition*, vol. 1, pp. 920–924, Vienne, août 1996.
- [Mémin 98a] E. Mémin, P. Pérez. – Dense estimation and object-based segmentation of the optical flow with robust techniques. *IEEE Trans. Image Processing*, 7(5):703–719, 1998.
- [Mémin 98b] E. Mémin, P. Pérez. – A multigrid approach for hierarchical motion estimation. – *Proc. Int. Conf. Computer Vision*, pp. 933–938, Bombay, India, janvier 1998.
- [Mémin 98c] E. Mémin, P. Pérez. – *Semi-parametric estimation and segmentation of optic flow*. – Rapport de Recherche n° 1197, RISA, juillet 1998.
- [Mémin on] E. Mémin, T. Risset. – Vlsi design methodology for edge-preserving image reconstruction. *Real-Time Imaging*, accepted for publication. – electronic version: <http://www.irisa.fr/EXTERNE/bibli/pi/1220/1220.html>.
- [Monga 92a] O. Monga, N. Ayache, P. Sander. – From voxel to intrinsic surface feature. *Computer Vision and Image Understanding*, 10(6):403–417, 1992.
- [Monga 92b] O. Monga, N. Ayache, P. Sander. – Using uncertainty to link edge detection and local surface modeling. *Image and Vision Computing*, 10(6):673–682, 1992.
- [Monga 92c] O. Monga, S. Benayoun, O. Faugeras. – From partial derivatives of 3D density images to ridge lines. – *Proc. Conf. Computer Vision Pattern Recognition*, pp. 354–358, Champaign, Illinois, juin 1992.
- [Montagnat 97] J. Montagnat, H. Delingette. – An hybrid framework for surface registration and deformable models. – *Proc. Conf. Computer Vision Pattern Recognition*, pp. 1041–1046, San Juan, Porto Rico, juin 1997. IEEE computer society.

- [Montagnat 98] J. Montagnat, H. Delingette. – Globally constrained deformable models for 3D object reconstruction. *Signal Processing*, 71(2):173–186, 1998.
- [Montanari 68] U. Montanari. – A method for obtaining skeletons using a quasi-euclidian distance. *Journal of the association for computing machinery*, 15:600–624, 1968.
- [Musse 99a] O. Musse, F. Heitz, JP. Armspach. – 3D deformable image matching using multiscale minimization of global energy functions. – *Proc. Conf. Computer Vision Pattern Recognition*, vol. 2, pp. 478–485, Fort Collins, Colorado, juin 1999.
- [Musse 99b] O. Musse, F. Heitz, JP. Armspach. – recalage non rigide et dense d’images volumiques par une approche multiéchelle continue. – *Actes du 17ème colloque GRETSI*, vol. 4, pp. 937–939, septembre 1999.
- [Muzzolini 94] R. Muzzolini, Y. Yang, R. Pierson. – Texture characterization using robust statistics. *Pattern Recognition*, 27(1):119–134, 1994.
- [Nagao 79] M. Nagao, M. Matsuyama. – Edge preserving smoothing. *Computer Vision, Graphics, Image Processing*, 9:394–407, 1979.
- [Nastar 94] C. Nastar. – *Modèles physiques déformables et modes vibratoires pour l’analyse du mouvement dans des images multidimensionnelles*. – PhD. Thesis, École Nationale des Ponts et Chaussées, juillet 1994.
- [Niessen 98] W.J. Niessen, K.L. Vincken, J. Weickert, M.A. Viergever. – Three-dimensional MR brain segmentation. – *Proc. Int. Conf. Computer Vision*, pp. 53–57, Bombay, India, 1998.
- [Nikou 97] C. Nikou, JP. Armspach, F. Heitz, D. Grucker. – recalage sous voxel d’images médicales multimodales par une approche robuste. – *Actes du GRETSI*, vol. 2, pp. 1375–1382, septembre 1997.
- [Nikou 99a] C. Nikou. – *Contribution au recalage d’images multimodales : approches par fonctions de similarité robustes et modèles déformables sous contraintes statistiques*. – <http://picabia.u-strasbg.fr/lsiit/perso/nikou.htm>, PhD. Thesis, Université Louis Pasteur-Strasbourg 1, mai 1999.
- [Nikou 99b] C. Nikou, F. Heitz, J. Armspach, I. Namer. – Robust similarity metrics for the registration of 3D multimodal medical image. *Traitement du Signal*, 16(3):255–272, 1999.
- [Nowinski 97] EW. Nowinski, A. Fang, B. Nguyen, J. Raphael, L. Jagannathan, R. Raghavan, R. Bryan, G. Miller. – Multiple brain atlas database and atlas based neuroimaging system. *Computer aided surgery*, 2(1):42–66, 1997.
- [Nyul 99] L. Nyul, J. Udupa. – An approach to standardize the MR image intensity scale. – *Proc of Medical Imaging 99*, p. 76, San Diego, février 1999. Spie’s International Symposium.

- [Odobez 94] JM. Odobez. – *Estimation, détection et segmentation du mouvement: une approche robuste et markovienne.* – PhD. Thesis, Traitement du signal, Université de Rennes 1, 1994.
- [Odobez 95] JM. Odobez, P. Bouthemy. – Robust multiresolution estimation of parametric motion models. *Journal of Visual Communication and Image Representation*, 6(4):348–365, 1995.
- [Ogawa 90] S. Ogawa, TM. Lee, S. Nayak, P. Glynn. – Oxygenation sensitive contrast in magnetic resonance image of rodent brain at high magnetic fields. *Magnetic Resonance in Medicine*, 14:68–78, 1990.
- [Ono 90] M. Ono, S. Kubik, C. Abernathy. – *Atlas of the cerebral sulci.* – Verlag, 1990.
- [Osher 88] S. Osher, J.A. Sethian. – Fronts propagating with curvature dependent speed: Algorithms based on Hamilton-Jacobi formulation. *Journal of Computational Physics*, 79:12–49, 1988.
- [Ourselin 98] S. Ourselin, A. Roche, G. Subsol, X. Pennec, C. Sattinet. – *Automatic alignment of histological sections for 3D reconstruction and analysis.* – Rapport de recherche de l'INRIA - Sophia Antipolis n° 3595, INRIA, 1998. available at <http://www.inria.fr/RRRT/RR-3595.html>.
- [Papin 99] C. Papin. – *Analyse spatio-temporelle d'images satellitaires météorologiques: détection et suivi de structures nuageuses critiques.* – PhD. Thesis, Université de Rennes 1, décembre 1999.
- [Papin 00] C. Papin, P. Bouthemy, E. Mémin, G. Rochard. – Tracking and characterization of highly deformable cloud structure. – *Proc. Europ. Conf. Computer Vision*, Dublin, Ireland, juin 2000.
- [Paragios 98a] N. Paragios, R. Deriche. – *Geodesic active regions for texture segmentation.* – Rapport de Recherche n° 3440, INRIA, juin 1998.
- [Paragios 98b] N. Paragios, R. Deriche. – A PDE-based level-set approach for detection and tracking of moving objects. – *Proc. Int. Conf. Computer Vision*, pp. 1139–1145, Bombay, janvier 1998.
- [Paragios 00] N. Paragios, R. Deriche. – Video and image sequence analysis - geodesic active contours and level sets for the detection and tracking of moving objects. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 22(3):266–280, 2000.
- [Peckar 97] W. Peckar, C. Schnorr, K. Rohr, S. Stiehl. – *Parameter-free elastic registration of brain images using prescribed displacements.* – Rapport de recherche, Universität hamburg hachbereich informatik, 1997.
- [Peckar 99] W. Peckar, C. Schnorr, K. Rohr, S. Stiehl. – Parameter-free elastic deformation approach for 2D and 3D registration using prescribed displacement. *Journal of mathematical imaging and vision*, 10(2):143–162, 1999.



- [Pelizzari 89] CA. Pelizzari, GTY. Chen, DR. Spelbring, RR. Weichselbaum, CT. Chen. – Accurate three dimensional registration of CT, PET and/or MR images of the brain. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 13:20–26, 1989.
- [Penec 99] X. Penec, P. Cachier, N. Ayache. – Understanding the demon’s algorithm: 3D non rigid registration by gradient descent. – C. Taylor, A. Colchester (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1679 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 597–605, Cambridge, UK, septembre 1999. Springer.
- [Pentland 91] A. Pentland, S. Sclaroff. – Closed-form solutions for physically-based shape modeling and recognition. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(7):715–729, 1991.
- [Planat 98] A. Planat, IE. Magnin, O. Ratib, D. Revel. – Estimation de mouvement par approche multi-échelle souple avec prise en compte de discontinuités. – *Proc. Congrès AFCET Reconnaissance des Formes et Intelligence Artificielle (RFIA’98)*, vol. 3, pp. 81–90, Clermont Ferrand, 1998.
- [Pluim 00] J. Pluim, J. Maintz, M. Viergever. – Interpolation artefacts in mutual information-based image registration. *Computer Vision and Image Understanding*, 77:211–232, 2000.
- [Powell 64] M. Powell. – An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives. *The Computer Journal*, pp. 155–162, 1964.
- [Press 92] W. Press, S. Teukolsky, V. Vetterling, B. Flannery. – *Numerical recipes in C, 2nd edition*. – Cambridge university press, 1992.
- [Pérez 92] P. Pérez, F. Heitz. – Une approche multiéchelle à l’analyse d’images par champs markoviens. *Traitement du Signal*, 9(6):459–472, 1992.
- [Pérez 93] P. Pérez. – *Champs markoviens et analyse multirésolution de l’image: Application à l’analyse du mouvement*. – PhD. Thesis, Traitement du signal, Université de Rennes 1, 1993.
- [Prima 98] S. Prima, JP. Thirion, G. Subsol. – Analyse statistique de la dissymétrie dans les images médicales volumiques. – *Proc. Recon. Formes Int. Artif.*, vol. 3, pp. 175–184, Clermont Ferrand, 1998.
- [Rademacher 93] J. Rademacher, V. Caviness, H. Steinmetz, A. Gallaburda. – Topographical variation of the human primary cortices: implication for neuroimaging. *Brain mapping and neurobiology*, 3:313–329, 1993.
- [Regis 94] J. Regis. – *Anatomie sulcale profonde et cartographie fonctionnelle du cortex cérébral*. – PhD. Thesis, Faculté de médecine de Marseille, avril 1994.
- [Reissman 97] P.J. Reissman, P. Clarysse, IE. Magnin. – Modélisation et mise en correspondance avec la pyramide neuractive. *Traitement du Signal*, 14(4):395–405, 1997.

- [Rettmann 99] M. Rettmann, C. Xu, D. Pham, J. Prince. – Automated segmentation of sulcal regions. – C. Taylor, A. Colchester (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1679 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 158–167, Cambridge, UK, 1999. Springer Verlag.
- [Rettmann 00] M. Rettmann, X. Han, J. Prince. – Watershed on the cortical surface for automated sulcal segmentation. – *IEEE Workshop on mathematical methods in biomedical image segmentation*, pp. 20–27, Hilton head island, USA, juin 2000.
- [Rey 99] D. Rey, G. Subsol, H. Delingette, N. Ayache. – Automatic detection and segmentation of evolving processes in 3D medical images: application to multiple sclerosis. – A. Kuba, M. Samal, A. Todd-Pokropek (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, number 1613 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 154–167, Visegrad, Hungary, juin 1999. Springer.
- [Riviere 00a] D. Riviere. – *Apprentissage de la variabilité inter-individuelle de l'anatomie corticale cérébrale pour la reconnaissance automatique des sillons*. – PhD. Thesis, Université d'Evry - Val d'Essonne, 2000.
- [Riviere 00b] D. Riviere, JF. Mangin, D. Papadopoulos-Orfanos, J. Martinez, V. Frouin, J. Regis. – Automatic recognition of cerebral sulci using a congregation of neural networks. – *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, 2000.
- [Roche 98a] A. Roche, G. Malandain, N. Ayache, X. Pennec. – *Multimodal Image Registration by Maximization of the Correlation Ratio*. – Rapport de Recherche n° RR-3378, <http://www.inria.fr/RRRT/RR-3378.html>, INRIA, 1998.
- [Roche 98b] A. Roche, G. Malandain, X. Pennec, N. Ayache. – The correlation ratio as a new similarity measure for multimodal image registration. – *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1496 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 115–1124, Boston, USA, octobre 1998. Springer Verlag.
- [Roche 99a] A. Roche, G. Malandain, N. Ayache. – *Unifying maximum likelihood approaches in medical image registration*. – Rapport de Recherche n° 3741, <http://www.inria.fr/RRRT/RR-3741.html>, INRIA, juillet 1999.
- [Roche 99b] A. Roche, G. Malandain, N. Ayache, S. prima. – Towards a better comprehension of similarity measures used in medical image registration. – C. Taylor, A. Colchester (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1679 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 555–566, Cambridge, UK, septembre 1999. Springer.
- [Roche 00a] A. Roche, A. Guimond, N. Ayache, J. Meunier. – Multimodal elastic matching of brain images. – D. Vernon (édité par), *Proc. Europ. Conf. Computer Vision*, number 1843 in Lect. Not. in

- Comp. Sci., pp. 511–527, Trinity College Dublin, Ireland, juin 2000. Springer.
- [Roche 00b] A. Roche, G. Malandain, N. Ayache. – Unifying maximum likelihood approaches in medical image registration. *Int. Jour. of imaging systems and technology: special issue on 3D imaging*, p. In press, 2000.
- [Rohr 96] K. Rohr, H. Stiehl, R. Sprengel, W. Beil, T. Buzug, J. Weese, M. Kuhn. – Point-based elastic registration of medical image using approximating thin-plate splines. – H. Hohne, R. Kikinis (édité par), *Proc. Visualization in Biomedical Computing*, number 1131 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 297–306, Hamburg, Germany, septembre 1996. Spinger.
- [Rohr 97] K. Rohr. – On 3D differential operators for detecting point landmarks. *Image and Vision Computing*, 15(3):219–233, 1997.
- [Rohr 99] K. Rohr. – Extraction of 3D anatomical point landmarks based on invariance principles. *Pattern Recognition*, 32:3–15, 1999.
- [Romeny 91] Ter Haar. Romeny, L. Florack, J. Koenderink, M. Viergever. – Scale-space: its natural operators and differentila invariants. – A. Colchester, D. Hawkes (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, number 511 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 239–255, Wye, UK, juillet 1991. Springer Verlag.
- [Rosenfeld 84] A. Rosenfeld. – *Multiresolution image processing and analysis*. – Springer, Berlin, 1984.
- [Rouet 98] J. Rouet, J. Jacq, C. Roux. – 3D elastic multimodality image registration through a genetic algorithm. – *0th Int. Conf. of the IEEE Eng. and Biol. society*, 1998.
- [Rousseeuw 84] P. Rousseeuw. – Lest median of square regression. *Journal of the american statistical association*, 79:871–880, 1984.
- [Royackkers 95] N. Royackkers, H. Fawal, M. Desvignes, M. Revenu, JM. Traverre. – Morphometry and identification of brain sulci on three-dimensional MR images. – Bizais *et al.* (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, pp. 379–380, Brest, juin 1995. Kluwer academic publisher.
- [Rueckert 99] D. Rueckert, I. Somoda, C. Hayes, D. Hill, M. Leach, D. Hawkes. – Nonrivid registration using free-form deformations: application to breast MR images. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 18(8):712–721, 1999.
- [Sandor 97] S. Sandor, R. Leahy. – Surface-based labeling of cortical anatomy using a deformable atlas. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 16(1):41–54, 1997.
- [Sato 95] J. Sato, R. Cipolla. – Image registration using multi-scale texture moments. *Image and Vision Computing*, 13(5):341–353, 1995.
- [Schnörr 98] C. Schnörr. – A study of convex variational diffusion approach for image segmentation and feature extraction. *J. Mathematical Imaging and Vision*, 8(3):271–292, 1998.

- [Schormann 96] T. Schormann, S. Henn, K. Zilles. – A new approach to fast elastic alignment with application to human brains. – KH. Hohne, R. Kikinis (édité par), *Proc. Visualization in Biomedical Computing*, number 1131 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 337–342. Springer, septembre 1996.
- [Schroeter 98] P. Schroeter, J. Vesin, T. Langenberger, R. Meuli. – Robust parameter estimation on intensity distribution for brain magnetic resonance images. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 17(2):172–186, 1998.
- [Schwartz 96] D. Schwartz, E. Poiseau, D. Lemoine, C. Barillot. – Registration of MEG/EEG data with 3D MRI: Methodology and precision issues. *Brain Topography*, 9(2), 1996.
- [Schwartz 98] D. Schwartz. – *Localisation des générateurs intra-cérébraux de l'activité MEG et EEG: Évaluation de la précision spatiale et temporelle*. – PhD. Thesis, Université de Rennes 1, 1998.
- [Sclaroff 95] S. Sclaroff, P. Pentland. – Modal matching for correspondance and recognition. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(6):545–561, 1995.
- [Sederberg 86] T. Sederberg, S. Parry. – Free-form deformations of solid geometric models. *Computer Graphics (SIGGRAPH)*, 20(4):151–160, 1986.
- [Sethian 96] JA. Sethian. – *Level set methods*. – Cambridge university press, 1996.
- [Sled 98] J. Sled, A. Zijdenbos, A. Evans. – A nonparametric method for automatic correction of intensity nonuniformity in MRI data. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 17(1):87–97, 1998.
- [Song 91] S. Song, M. Leahy. – Computation of 3D velocity fields from 3D cine CT images of a human heart. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 10(3):295–306, 1991.
- [Song 94] S. Song, M. Leahy, R. Boyd, D. Brundage, S. Napel. – Determining cardiac velocity fields and intraventricular pressure distribution from a sequence of ultrafast CT images. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 13(2):386–397, 1994.
- [Spritzer 96] V. Spritzer, M. Ackerman, A. Scherzinger, D. Whitlock. – The visible human male: a technical report. *Journal of American Medical Informatics Association*, 1996.
- [Staib 92] L. Staib, J. Duncan. – Boundary finding with parametrically deformable models. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14(11):1061–1075, 1992.
- [Staib 96] L.H. Staib, J.S Duncan. – Model-based deformable surface finding for medical images. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 16:720–731, 1996.
- [Stewart 95] C. Stewart. – MINPRAAN: a new robust estimator for computer vision. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 17(10):925–938, 1995.

- [Stewart 97] C. Stewart. – Bias in robust estimation caused by discontinuities and multiple structures. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 19(8):813–833, 1997.
- [Stewart 99] C. Stewart. – Robust parameter estimation in computer vision. *SIAM Review*, 41(3):513–537, 1999.
- [Studholme 96] C Studholme, D. Hill, D. Hawkes. – Automated 3D registration of CT and MR images of the head. *Medical Image Analysis*, 1(2):163–175, 1996.
- [Studholme 99] C Studholme, D. Hill, D. Hawkes. – An overlap invariant measure of 3D medical image alignment. *Pattern Recognition*, 32:71–86, 1999.
- [Styner 00] M. Styner, C. Brechbuhler, G. Szekely, G. Gerig. – Parametric estimate of intensity inhomogeneities applied to MRI. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 19(3):153–165, 2000.
- [Subsol 95] G. Subsol. – *Construction automatique d’atlas anatomiques morphométriques à partir d’images médicales tridimensionnelles*. – PhD. Thesis, École Centrale Paris, décembre 1995.
- [Subsol 98] G. Subsol, JP. Thirion, N. Ayache. – A general scheme for automatically building 3D morphometric anatomical atlases: application to a skull atlas. *Medical Image Analysis*, 2(1):37–60, 1998.
- [Suter 94] D. Suter. – Motion estimation and vector splines. – *Proc. Conf. Computer Vision Pattern Recognition*, pp. 939–942, Seattle, USA, 1994.
- [Szekely 96] G. Szekely, A. Kelemen, C. BrechBuhler, G. Gerig. – Segmentation of 2D and 3D objects from MRI volumes using constrained elastic deformations of flexible fourier contours and surface models. *Medical Image Analysis*, 1(1):19–34, 1996.
- [Szeliski 89] R. Szeliski. – *Bayesian modeling of uncertainty in low-level vision*. – Kluwer academic publisher, Boston, 1989.
- [Szeliski 93] R. Szeliski, S. Lavallée. – Matching 3D anatomical surfaces with non-rigid deformations using octree-splines. – *SPIE geometric methods in computer vision*, vol. 2031, pp. 306–315, 1993.
- [Szeliski 94] R. Szeliski, J. Coughlan. – Hierarchical spline-based image registration. – *Proc. Conf. Computer Vision Pattern Recognition*, pp. 194–201, Seattle, juin 1994.
- [Szeliski 96] R. Szeliski, S. Lavallée. – Matching 3D anatomical surfaces with non-rigid deformations using octree-splines. *Int. J. Computer Vision*, 18(2):171–186, 1996.
- [Talairach 67] J. Talairach, G. Szikla, P. Tournoux, A. Prosalentis, M. Bornas-Ferrier. – *Atlas d’anatomie stéréotaxique du télencéphale*. – Masson, Paris, 1967.
- [Talairach 88] J. Talairach, P. Tournoux. – *Co-planar stereotaxic atlas of the human brain*. – Georg Thieme Verlag, Stuttgart, 1988.

- [Talairach 93] J. Talairach, P. Tournoux. – *Referentially oriented cerebral MRI anatomy*. – Georg Thieme Verlag, New-York, 1993.
- [Terzopoulos 86] D. Terzopoulos. – Image analysis using multigrid relaxation methods. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 8(2):129–139, 1986.
- [Terzopoulos 91] D. Terzopoulos, D. Metaxas. – Dynamic 3D models with local and global deformations: deformable superquadrics. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 13(7):703–714, 1991.
- [Thirion 94] JP. Thirion. – Extremal points, definition and application to 3D image registration. – *Proc. Conf. Computer Vision Pattern Recognition*, pp. 587–592, Seattle-Washington, USA, 1994.
- [Thirion 95a] JP. Thirion. – *Fast non-rigid matching of 3D images*. – Rapport de Recherche n° 2547, INRIA, 1995. electronic adress : <ftp://ftp.inria.fr/INRIA/publication/RR/RR-2547.ps.gz>.
- [Thirion 95b] JP. Thirion, A. Gourdon. – Computing the differential characteristics of iso-intensity surfaces. *Computer Vision, Graphics, Image Processing*, 61(2):190–202, 1995. – electronic version: <http://www.inria.fr/RRRT/RR-1881.html>.
- [Thirion 96a] JP. Thirion. – New feature points based on geometric invariants for 3D image registration. *Int. J. Computer Vision*, 18(2):121–37, 1996.
- [Thirion 96b] JP. Thirion. – Non rigid matching using demons. – *Proc. Conf. Computer Vision Pattern Recognition*, San Francisco, juin 1996. – electronic adress : <ftp://ftp.inria.fr/INRIA/publication/RR/RR-2547.ps.gz>.
- [Thirion 98] JP. Thirion. – Image matching as a diffusion process: an analogy with Maxwell’s demons. *Medical Image Analysis*, 2(3):243–260, 1998.
- [Thisted 88] R. Thisted. – *Elements of statistical computing*. – Chapman and hall, 1988.
- [Thompson 96] P. Thompson, A. Toga. – A surface-based technique for warping three-dimensional images of the brain. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 15(4):402–417, 1996.
- [Thompson 00] P. Thompson, R. Woods, M. Mega, A. Toga. – Mathematical/computational challenges in creating deformable and probabilistic atlases of the human brain. *Human brain mapping*, 9:81–92, 2000.
- [Turkington 95] T. Turkington, J. Hoffman, R. Jaszczak, J. Macfall, M. Harris, C. Kilts, C. Pellizari, R. Coleman. – Accuracy of surface fit registration for PET and MR brain images using full and incomplete surfaces. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 19:117–124, 1995.
- [Vaillant 96] M. Vaillant, C. Davatzikos. – Finding parametric representation of the cortical sulci using an active contour model. *Medical Image Analysis*, 1(4):295–315, 1996.

- [Vaillant 97] M. Vaillant, C. Davatzikos. – Mapping the cerebral sulci: Application to morphological analysis of the cortex and to non-rigid registration. – Duncan, Gindi (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, vol. 1230, pp. 141–154, Poultney, Vermont, USA, juin 1997. Springer.
- [Vaillant 99] M. Vaillant, C. Davatzikos. – Hierarchical matching of cortical features for deformable brain image registration. – Kuba *et al.* (édité par), *Proc. Information Processing in Medical Imaging*, number 1613 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 182–195. Springer, juin 1999.
- [VanBemmel 97] JH. Van Bemmel, MA. Musen. – *Handbook of medical informatics*. – Springer, URL : <http://www.mieur.nl/mihandbook>, 1997.
- [VandenElsen 93] PA. Van den Elsen, ED. Pol, MA. Viergever. – Medical image matching: a review with classification. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, 12:26–38, 1993.
- [VandenElsen 94] PA. Van den Elsen, ED. Pol, T. Sumanaweera, P. Hemler, S. Napel, J. Adler. – Grey value correlation techniques for automatic matching of CT and MR brain and spine images. – *Proc. Visualization in Biomedical Computing*, vol. 2359, pp. 227–237, 1994.
- [Vapillon 99] A. Vapillon. – *Mesure et analyse de la déformation: du contour à l'image*. – PhD. Thesis, Université Joseph Fourier, 1999.
- [Vemuri 98] B. Vemuri, S. Huang, S. Sahni, C. Leonard, C. Mohr, R. Gilmore, J. Fitzsimmons. – An efficient motion estimator with application to medical image registration. *Medical Image Analysis*, 2(1):79–98, 1998.
- [Viola 95a] P. Viola. – *Alignment by maximisation of mutual information*. – available at <ftp://publications.ai.mit.edu>, PhD. Thesis, MIT, artificial intelligence laboratory, 1995.
- [Viola 95b] P. Viola, W. Wells. – Alignment by maximisation of mutual information. – *Proc. Int. Conf. Computer Vision*, pp. 15–23, 1995.
- [Vokurka 99] E. Vokurka, N. Thacker, A. Jackson. – A fast model independent method for automatic correction of intensity nonuniformity in MRI data. *Journal of Magnetic Resonance imaging*, 10:550–562, 1999.
- [Wan 97] X. Wan, G. Gullberg, D. Parker, G. Zeng. – Reduction of geometric and intensity distortion in echo planar imaging using a multi-reference scan. *Magnetic Resonance in Medicine*, 37(6):932–942, 1997.
- [Wang 98] Y. Wang, L. Staib. – Elastic model based non-rigid registration incorporating statistical shape information. – *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1496 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 1162–1173, Boston, USA, octobre 1998. Springer Verlag.

- [Wells 96] W. Wells, P. Viola, H. Atsumi, S. Nakajima, R. Kikinis. – Multi-modal volume registration by maximisation of mutual information. *Medical Image Analysis*, 1(1):35–51, 1996. – Oxford University Press.
- [West 97] J. West, J. Fitzpatrick, M. Wang, B. Dawant, C. Maurer, R. Kessler, R. Maciunas, C. Barillot, D. Lemoine, A. Collignon, F. Maes, P. Suetend, D. Vandermeulen, P. Van Den Elsen, S. Napel, T. Sumanaweera, B. Harkness, P. Hemler, D. Hill, D. Hawkes, C. Studholme, JB. Maintz, M. Viergever, G. Malandain, X. Pennec, M.E. Noz, G.Q. Maguire, M. Pollack, C.A. Pellizzari, R.A. Robb, D. Hanson, R. Woods. – Comparaison and evaluation of retrospective intermodality brain image registration techniques. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 21(4):554–566, 1997.
- [West 99] J. West, J. Fitzpatrick, M. Wang, B. Dawant, C. Maurer, R. Kessler, R. Maciunas. – Retrospective intermodality registration techniques for images of the head: surface-based versus volume-based. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 18(2):144–150, 1999.
- [Whitaker 98] R.T. Whitaker. – A level-set approach to 3D reconstruction from range data. *Int. J. Computer Vision*, 29(3):203–231, 1998.
- [Witkin 90] A. Witkin, W. Welch. – Fast animatipon and control of non-rigid structures. *Computer Graphics (SIGGRAPH)*, 24(4):243–252, 1990.
- [Woods 93] R. Woods, JC. Mazziotta, SR. Cherry. – MRI-PET registration with automated algorithm. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 17(4):536–546, 1993.
- [Woods 00] R. Woods, M. Dapretto, N. Sicotte, A. Toga, J. Mazziotta. – Cretaion and use of a talairach-compatible atlas for accurate, automated, nonlinear intersubject registration, and analysis of functional imaging data. *Human brain mapping*, 8:73–79, 2000.
- [Worth 97] AJ. Worth, N. Makris, VS. Caviness, DN. Kennedy. – Neuroanatomical segmentation in MRI: technological objectives. *Int. J. Pattern Rec. Artif. Intell.*, 8(11):1161–1187, décembre 1997.
- [Xu 99] C Xu, D L Pham, M E Rettmann, D N Yu, J L Prince. – Reconstruction of the human cerebral cortex from magnetic resonance images. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 18(6):467–480, 1999.
- [Zeng 98] X. Zeng, L.H. Staib, R.T. Schultz, J.S. Duncan. – Segmentation and measurment of the cortex from 3D MR images. – Wells *et al.* (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1496 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 519–530, Cambridge, USA, octobre 1998. Springer Verlag.
- [Zeng 99a] X. Zeng, L.H. Staib, R.T. Schultz, J.S. Duncan. – Segmentation and measurement of the cortex from 3D MR images using



- coupled surfaces propagation. *IEEE Trans. Medical Imaging*, 18(10):148–157, 1999.
- [Zeng 99b] X. Zeng, L.H. Staib, R.T. Schultz, H. Tagare, L. Win, J.S. Duncan. – A new approach to 3D sulcal ribbon finding from MR images. – C. Taylor, A. Colchester (édité par), *Proc. of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, number 1679 in Lect. Not. in Comp. Sci., pp. 148–157. Springer, septembre 1999.
- [Zhang 90] J. Zhang, *al.* – Multimodality imaging of brain structures for stereotaxic surgery. *Radiology*, 175(2):435–441, 1990.
- [Zhang 92] Z. Zhang. – On local matching of free-form curves. – D. Hogg, R. Boyle (édité par), *British machine vision conference*, pp. 347–356, Leeds, UK, septembre 1992. Springer Verlag.
- [Zhang 93] Z. Zhang. – *Le problème de la mise en correspondance: l'état de l'art.* – Rapport de Recherche n° 2146, <http://www.inria.fr/RRRT/RR-2146.html>, INRIA, Dec 1993.
- [Zhang 94] Z. Zhang. – Iterative point matching for registration of free-form curves and surfaces. *Int. J. Computer Vision*, 13(2):119–152, 1994.
- [Zhu 96] S.C. Zhu, A. Yuille. – Region competition: Unifying snakes, region growing, and Bayes/MDL for multiband image segmentation. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 18:884–900, 1996.
- [Zubal 91] C. Zubal, H. Tagare, L. Zhang, J. Duncan. – 3D registration of intermodality medical images. – *Annual int. conf. of the IEEE engineering in medicine and biology society*, vol. 13, pp. 293–294, 1991.

## Publications

---

### Revues

---

- [1] P. Hellier, C. Barillot, E. Mémin, P. Pérez. – Hierarchical estimation of a dense deformation field for 3D robust registration.– Soumis à *IEEE Trans. on Medical Imaging*.
- [2] C. Baillard, P. Hellier, C. Barillot. – Segmentation of brain 3D MR images using level sets and dense registration.– Soumis à *Medical Image Analysis*.
- [3] P. Hellier, C. Barillot, E. Mémin, P. Pérez. – Estimation robuste 3D d'un champ de déformation pour le recalage non-linéaire inter-sujet d'images cérébrales.– *Traitement du Signal*, 17(2).

### Congrès internationaux

---

- [4] P. Hellier, C. Barillot. – Multimodal non-rigid warping for correction of distortions in functional MRI. – Dans *Proc. Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, Pittsburgh, Pennsylvania, Octobre 2000.
- [5] C. Baillard, P. Hellier, C. Barillot. – Cooperation between level set techniques and dense 3D registration for the segmentation of brain structure. – Dans *Proc. Int. Conf. on Pattern Recognition*, Barcelone, Espagne, Septembre 2000.
- [6] P. Hellier, C. Barillot, E. Mémin, P. Pérez. – An energy-based framework for dense 3D registration of volumetric brain image.– Dans *Proc. Int. Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, Volume II, pages 270-275, Hilton Head Island, South Carolina, USA, Juin 2000.
- [7] P. Hellier, C. Barillot, E. Mémin, P. Pérez. – Medical image registration with robust multigrid techniques. – Dans *Proc. of the 2nd Int. Conf. on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, Cambridge, UK, Septembre 1999.
- [8] C. Barillot, G. Le Goualher, P. Hellier, B. Gibaud. – Statistical Analysis of Brain Sulci based on Active Ribbon Modeling. – Dans *Medical Imaging: Image Processing*, Volume 3661, pages 312-321, San Diego, CA, Février 1999.

### Workshops internationaux

---

- [9] C. Baillard, P. Hellier, C. Barillot. – Segmentation of brain structures using level sets and dense registration. – Dans *IEEE Workshop on Mathematical Methods in Biomedical Image Analysis*, Hilton Head Island, Caroline du Sud, Juin 2000.

## Congrès et workshops nationaux

---

- [10] P. Hellier, C. Barillot, E. Mémin, P. Pérez. – Recalage d’images cérébrales par estimation robuste contextuelle du flot optique – Dans *17eme Colloque Gretsi sur le traitement du signal et des images*, Volume 4, pages 1077-1080, Vannes, Septembre 1999.
- [11] P. Hellier, C. Barillot, E. Mémin, P. Pérez. – Recalage d’images cérébrales par estimation robuste contextuelle du flot optique – Dans *ORASIS’99, Actes des journées francophones des jeunes chercheurs en analyse d’images et perception visuelle*, pages 85-91, Aussois, France, Avril 1999.

## Rapports de recherche

---

- [12] C. Baillard, P. Hellier, C. Barillot. – Segmentation of 3D brain structures using level sets. – *Rapport de Recherche IRISA*, No1291, Janvier 2000.
- [13] P. Hellier, C. Barillot, E. Mémin, P. Pérez. – Estimation robuste 3D d’un champ de déformation pour le recalage non-linéaire inter-sujet d’images cérébrales. – *Rapport de Recherche IRISA*, No1281, Novembre 1999.

## Résumé

Dans le contexte de la fusion de données en imagerie médicale, cette thèse s'intéresse aux problèmes de recalage non-rigide en imagerie cérébrale, monomodalité et multimodalité.

Dans un premier temps, nous avons développé une approche originale pour estimer une transformation 3D dense entre deux volumes IRM de deux sujets différents. Cette méthode est basée sur une estimation du flot optique, exprimé dans un cadre statistique robuste. Nous avons également proposé un schéma de minimisation efficace, à la fois multirésolution et multigrille, s'appuyant sur des contraintes anatomiques. Nous avons validé cette méthode sur des données synthétiques, puis sur une base de donnée de 18 sujets.

Dans un deuxième temps, nous nous sommes intéressés au problème du recalage non-rigide multimodalité. Les images fonctionnelles IRMf, en acquisition EPI, présentent des déformations géométriques qui gênent l'interprétation des données fonctionnelles. Nous avons proposé un algorithme de recalage non-rigide multimodalité à l'aide d'une mesure de similarité adaptée, dans un cadre de minimisation multigrille.

Dans un troisième temps, nous avons proposé un cadre de validation de méthodes de recalage non-rigides. 5 méthodes différentes, parmi lesquelles des approches classiques et des approches plus récentes, ont été évaluées sur la base de critères globaux (volume moyen, corrélation des Lvv, recouvrement des tissus anatomiques) et de critères locaux (recalage des sillons corticaux).

Enfin, nous avons étudié des approches coopératives utilisant les processus de segmentation et de recalage. Basée sur une méthode de type "ensemble de niveaux", la segmentation de structures anatomiques peut être guidée par un champ grossier de déformation. Le recalage permet d'initialiser correctement les modèles déformables, entraînant une segmentation automatique, plus robuste, plus précise et considérablement plus rapide. D'autre part, la segmentation de structures anatomiques d'intérêt comme les sillons corticaux permet de contraindre le processus de recalage présenté dans la première partie. En particulier, le cadre statistique permet d'intégrer cette contrainte locale et éparse de manière naturelle. Sur la base de 18 sujets, nous avons montré l'apport de cette contrainte anatomique.

**Mots clés :** Imagerie médicale, imagerie cérébrale, recalage non-rigide, segmentation, IRM, IRMf, flot optique, statistique robuste, minimisation multigrille.

## Abstract

This thesis is concerned with the non rigid registration of medical images, either monomodality or multimodality.

In the first part, we have developed a method to estimate a 3D dense deformation field between the brain of two different subjects. This approach is based on the estimation of the optical flow, expressed in a robust framework. We have also proposed a minimization scheme, which is both multiresolution and multigrid. The multigrid minimization is based on an adaptive partition of the volume that is constrained with a segmentation of the brain. We have evaluated the algorithm on simulated data and on a database of 18 subjects.

We have then extended the registration method to non-rigid multimodality registration. EPI acquisition, which is commonly used for fMRI data, introduces geometrical distortions that disturb significantly the interpretation of functional data. We intend to correct the distortions by performing a non rigid registration between the fMRI acquisition and the MRI volume. Therefore, the energy-based framework and the multigrid minimization scheme have been modified with an appropriate similarity measure.

We have proposed an evaluation framework for non-rigid registration of brains of different subjects. 5 methods, among which classical and modern methods, have been tested on a database of 18 subjects. We have designed global and local criteria to assess the quality of the registration.

Finally, we have studied the cooperation between segmentation and registration. On the one hand, we showed that a segmentation process can be easily guided by a coarse registration. The segmentation becomes fully automatic, more robust, more precise and the computation time is significantly reduced. On the other hand, we investigated the introduction of sparse cortical constraints in the registration process presented in the first part. The energy based framework makes it possible to incorporate naturally the matching of cortical sulci. We showed the benefits of that cooperative approach on a database of 18 subjects.

**Keywords:** Medical imaging, brain images, non rigid registration, segmentation, MRI, fMRI, optical flow, robust statistics, multigrid minimization.