

Recalage automatique rigide d'images médicales : IRM / IRM

Ahmed KHARRAT¹, Moncef BOUSSELMI¹, Mohamed ABID¹
ahmed.kharrat@fss.rnu.tn, Moncef.Bousselmi@fss.rnu.tn, mohamed.abid@enis.rnu.tn

¹ Ecole Nationale des Ingénieurs de Sfax Computer & Embedded Systems Laboratory (CES)
Route Soukra km 3,5
B.P.: w -- 3038 Sfax TUNISIA

RÉSUMÉ. Le présent article propose une méthode de recalage des images médicales de type IRM basée sur la technique du bloc Matching, utilisant l'algorithme de résolution conçu aux centres d'images. Cet article présente une technique permettant l'amélioration du traitement aux niveaux des coins tout en profitant des performances des méthodes précédentes. La méthode proposée se compose de quatre étapes : découpage des deux images source et cible et recherche du correspond de chaque bloc dans l'image cible, application des filtres, recherche de la transformation rigide en tenant compte de certains mesures de similarité et enfin l'optimisation des résultats en utilisant l'estimateur des moindres carrés tamisé. Cette approche a été expérimentée et a abouti à des résultats intéressants.

Mots-clés: recalage, rigide, IRM, mesure de similarité.

I. Introduction

Le recalage d'images fait référence à la procédure ayant pour but de trouver une transformation spatiale reliant deux ou plusieurs images. Au final, le but est de situer les images dans un même repère géométrique. C'est un domaine de recherche aux multiples applications et impliquant un vaste nombre de technique d'imagerie numérique. Cette multiplicité provient essentiellement de la notion assez générale de lien entre images : les méthodes de recalage interviennent en fait à chaque fois qu'une correspondance spatiale entre images est requise. En effet, le recalage constitue un problème incontournable à de nombreuses tâches d'analyse d'images médicales. Il est notamment nécessaire pour la comparaison d'images mono ou multimodales et intra ou inter-patients. Plusieurs approches ont été développées en fonction de la nature des images à recaler et des conditions d'acquisitions. Ce processus peut être rencontré dans la littérature sous le nom de mise en correspondance spatiale, fusion ou normalisation spatiale lorsque les données manipulées par l'algorithme du recalage sont des images médicales. Dans ce travail, nous abordons la classification de recalage en se basant sur la technique de résolution considérée. En effet, deux classes d'approches de recalage d'images médicales peuvent être distinguées : les approches basées sur l'extraction des primitives [4, 7, 8, 11] et les approches basées sur l'intensité : [2, 10, 12,13], appelé parfois recalage sans primitives.

Le présent papier se situe dans le cadre de pré-traitement de l'analyse des images médicales, il présente une phase préliminaire visant la prise de décision suite à une diagnostique décisionnelle. Concernant cette aspect décisionnelle, nous citons plusieurs approches ont été citées dans la littérature tel que l'utilisation de réseau de neurones [3].

Le présent article sera organisé comme suit : la deuxième section sera consacrée à une description technique du recalage d'images médicales en présentant les techniques de recalage basées sur les primitives, les techniques de recalage basées sur l'intensité afin de les comparer avec les techniques décrites précédemment et les différentes possibilités d'intégration des deux approches pour avoir une nouvelle famille d'approches de recalage nommée hybride [5, 6, 9]. Enfin, nous présentons notre approche basée sur le recalage hybride à fin d'illustrer ses avantages sous forme des différents résultats avant et après l'application des filtres et essentiellement le filtre de Sobel en utilisant comme estimateur le moindres carrés tamisé.

II. Recalage d'images

1. Introduction

La notion de recalage est associée à la définition d'une correspondance point par point entre les coordonnées d'un point dans un espace à celle d'un autre point dans un autre espace (appelé aussi référentiel). Dans le domaine médical, cette notion se trouve renforcée par le fait que ces points correspondent tous à un point anatomique.

Dés lors, un certain nombre de questions viennent à l'esprit : quelles informations utiliser pour guider le recalage ? Comment déformer une image ? Comment définir la ressemblance entre deux images ? Comment trouver la meilleure transformation ?

De ce fait, qu'elle s'inscrive dans le cadre d'une application interactive ou automatique, une procédure de recalage suit généralement le même schéma et réclame la définition de certains critères à savoir :

- *Extraction des structures homologues (appelées aussi attributs ou primitives)* : Ce sont les caractéristiques, extraites des images, qui permettent de guider le recalage.
- *Modèle de transformation* : Il conditionne la manière dont l'image est géométriquement modifiée.
- *Critère de similarité* : Il définit une certaine distance entre les attributs des images afin de quantifier la notion de ressemblance.
- *Stratégie d'optimisation* : Elle permet de déterminer la meilleure transformation au sens d'un certain critère de similarité dans l'espace de recherche défini par le modèle de transformation.

2. Algorithme général du recalage d'images

Dans cette partie, nous allons poser le problème du recalage de manière plus formelle en introduisant les différentes notations utilisées et en décrivant le principe général de la procédure de recalage (Fig. 1).

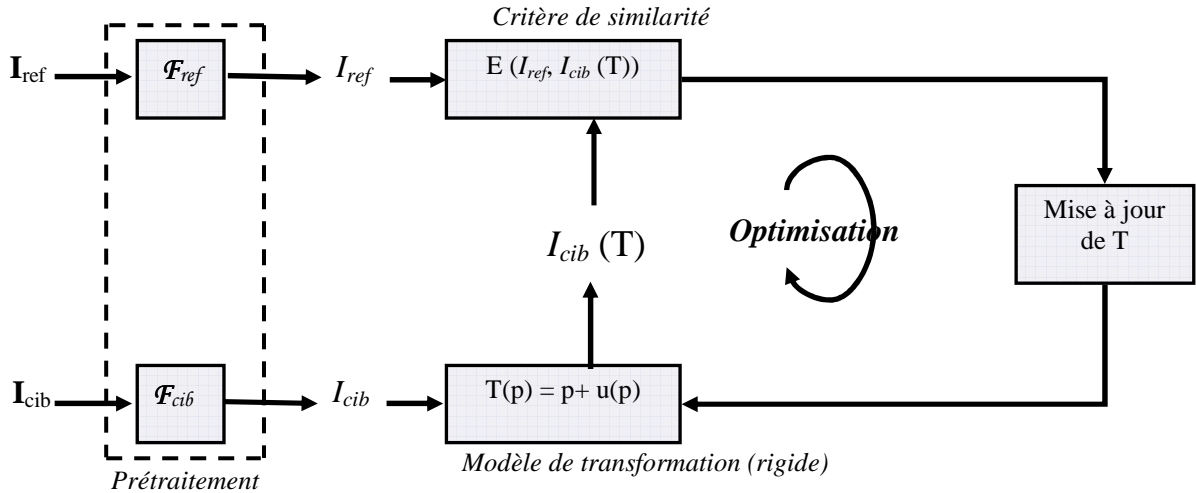


Fig. 1. Principe général du recalage de l'image I_{cib} sur I_{ref}

La notion de recalage peut être résumée de la façon suivante :

Considérons le recalage d'une image I_{cib} sur une image de référence I_{ref} . Le problème de mise en correspondance des deux images consiste à l'estimation d'une transformation T qui à chaque point 'p' de l'image de référence I_{ref} associe les coordonnées $T(p) = p + u(p)$ dans l'image I_{cib} (u représente le champ de déformation). La transformation T est recherchée parmi un ensemble Φ de transformations, définissant l'espace de recherche des transformations. Une étape préliminaire à l'estimation de la transformation est l'extraction à partir des images brutes I_{ref} et I_{cib} des informations pertinentes permettant de guider le recalage. I_{ref} et I_{cib} sont donc construites respectivement à partir de I_{ref} et I_{cib} en utilisant les fonctions F_{ref} et F_{cib} .

Une fois les informations extraites, il s'agit de définir une fonction d'énergie E permettant d'associer à un couple $I_{cib}(T)$ et I_{ref} une valeur permettant de quantifier leur proximité ou bien leur ressemblance. Cette fonction E ,

appelée aussi critère de similarité, devrait théoriquement être minimale (ou maximale) lorsque l'image de référence et l'image à cible sont en parfaite correspondance.

La phase d'optimisation consiste enfin à trouver la transformation optimale \hat{T} qui minimise (ou maximise) la fonction d'énergie E sur l'espace de recherche entre les deux images I_{ref} et I_{cib} . Le problème d'optimisation peut ainsi être formulé de la manière suivante (eq.1) :

$$\hat{T} = \arg \min_{T \in \Phi} E(I_{ref}, I_{cib}(T)) \quad (1)$$

3. Recalage basé sur les primitives

Ce type de recalage est basé sur l'extraction des primitives géométriques des deux images à recaler. La première étape de cette technique consiste à extraire un type de primitives géométriques : points d'intérêt, contours ou surface sur les deux images objet d'études. Ensuite, un processus d'identification des paires de primitives qui peuvent se correspondre est mis en place. Ce processus est appelé mise en correspondance ou appariement des primitives. La transformation est par la suite calculée en se basant sur l'ensemble des couples appariés. Il est à noter que l'étape d'extraction des primitives est considérée discriminante pour la précision de la transformation recherchée. Donc, le manque de précision des primitives conduit obligatoirement à une transformation aberrante qui peut parfois compliquer le problème de comparaison d'images plus que le simplifier [1]. C'est pourquoi, une validation des algorithmes de recalage en routine clinique est toujours demandée pour raffiner les algorithmes proposés.

4. Recalage basé sur l'intensité

Pour beaucoup de travaux rencontrés dans la littérature, l'étape d'extraction des primitives a été éliminée et la mesure de la similarité est appliquée directement sur l'intensité des voxels. Au contraire du recalage basé sur les primitives, ce recalage utilise l'information fournie par l'intensité de l'image toute entière. L'étape cruciale de ce recalage est donc la mesure de similarité adoptée et le processus d'optimisation choisi. En fait, une mesure de similarité est calculée pour évaluer la ressemblance entre les pixels qui doivent se correspondre après avoir appliqué une transformation initiale T_0 [1].

5. Recalage hybride

Pour faire face aux problèmes liés à l'utilisation des primitives ou à l'intensité pour assurer le recalage d'images médicales, des auteurs de quelques travaux, ont introduit une nouvelle catégorie d'approches. En fait, cette catégorie dite d'approches hybrides, utilisent une combinaison temporaire [9], spatiale [6] ou bien simultanée [5] des deux autres. Pour la combinaison spatiale ou simultanée des deux algorithmes de recalage, la précision est toujours dépendante de la précision d'extraction des primitives ce qui peut être un inconvénient lié à l'utilisation de ce type de combinaison. Alors que pour une combinaison temporaire, il y aura toujours une possibilité de raffinement des résultats car les primitives ne sont utilisées que pour une estimation grossière pour initialiser les paramètres de l'algorithme. Les possibilités de combinaison entre les deux types de recalage sont très nombreuses et les techniques décrites dans ce travail ne sont que des exemples pour illustrer la possibilité de combinaison temporaire, spatiale et simultanée [1].

III. Description de l'approche

Pour suivre l'évolution du cancer dans le temps, afin de mettre en place une planification radio-thérapeutique fiable, l'imagerie anatomique se trouve insuffisante pour une délimitation confiée du cancer. En fait, l'interprétation visuelle de la structure anatomique au cours de la radiothérapie par le radiologue, est parfois impossible. En effet, en se basant sur l'interprétation visuelle uniquement, le diagnostic différentiel entre récurrence et radionécrose peut conduire à une planification radio-thérapeutique invasive. Par exemple, dans le cas du cancer de rhinopharynx, un épaississement de la membrane de la cavité nasale est remarqué sans qu'une interprétation correcte puisse être mise en place par interprétation visuelle sur des images à résonance magnétique. Donc, un recalage des images médicales dans ce cas se trouve de grand intérêt. Dans notre application, nous nous proposons de recaler des images IRM 2D de rhinopharynx, il est à tenir compte de

plusieurs sources de différences possibles entre l'image de référence et l'image cible [1]. En fait, l'importance source de différence est le changement de l'anatomie de rhinopharynx. Cette différence sera utilisée pour estimer le changement de volume de la tumeur et quantifier l'avancement ou le recule de la tumeur. Cela permettra de mettre en place une planification radio-thérapeutique fiable. Pour cette application nous optons pour une technique hybride de recalage rigide afin de surmonter les inconvénients du recalage basé sur les primitives et les inconvénients du recalage basé sur l'intensité.

Selon notre étude bibliographique, les approches qui combinent successivement l'utilisation des deux autres catégories d'approches sont les plus prometteuses. Pour cette raison, nous nous proposons d'utiliser une approche dérivée de celle décrite dans [9]. Dans ce travail, la subdivision successive des blocs est inspirée de la subdivision des blocs utilisée dans la norme de compression MPEG4. Pour cette norme, il n'existe pas un critère de décision de l'arrêt de subdivision pour quelques blocs ou de sa continuité pour des autres. Cela veut dire que tous les blocs utilisés sont toujours de même taille malgré qu'il existent certainement des subdivisions inutiles sur des blocs qui ne sont pas discriminants et dont les correspondants sont à faible précision. Pour notre approche nous proposons d'utiliser la subdivision en bloc qui s'inspire de la norme de compression H.264 [1].

Pour notre application, nous suggérons que ce critère soit basé sur l'application d'un masque d'extraction de contours afin de localiser les parties de l'image qui contiennent des informations anatomiques valides qui peuvent aider pour raffiner le recalage. Pour cela nous utilisons une stratégie d'appariement de régions, afin d'estimer une transformation paramétrique rigide T , initialisé à l'identité. Nous utilisons pour cela une approche itérative, c'est-à-dire que nous approchons pas à pas la transformation. A chaque itération, nous calculons la mesure de similarité (champ de vecteur) entre les deux images de référence et cible jusqu'à ce que le recalage est assuré ou qu'il y a plus d'amélioration du résultat.

Considérons deux images 2D de même taille 256×256 que nous désirons mettre en correspondance, nous notons (x, y) les positions sur la grille de voxels des images. Pour cela nous découpons l'image de référence en un ensemble de sous-images que nous appellerons blocs. Ces blocs seront notés B dans l'image de référence I et B' dans l'image cible J , de taille identique $N \times N$ [1], en premier lieu 32×32 , en deuxième lieu 16×16 , ensuite 8×8 et enfin 4×4 . Nous recherchons alors les meilleurs correspondants dans l'image cible d'un ensemble de blocs B de l'image de référence, pour un critère de similarité donné. Chaque couple de blocs sera stocké par la position de son centre du fait du mouvement recherché du bloc (mouvement translationnel). Signalons de plus que le point du centre est celui pour qui la relation locale entre les blocs est statiquement la plus juste. C'est cet ensemble de couples de points qui définira un champ de vecteurs entre nos deux images.

Le principe de l'algorithme retenu est de mettre en correspondance un bloc de l'image de référence avec un bloc de l'image cible. Nous pouvons effectuer cette recherche sur toute l'image ou bien sur une zone autour de la position du bloc de l'image de référence. C'est-à-dire pour un bloc B de I , nous recherchons donc dans un voisinage Ω qui est défini par $2 \times \text{rayon}$ du bloc B , de J le meilleur correspondant B' . Lors de la phase d'appariement, on prend en considération que le pas entre deux blocs consécutifs dans le voisinage déterminé de l'image cible est Δ , qui peut bien sûr être anisotrope suivant les axes. Dans la stratégie classique d'appariement de régions, nous nous sommes amenés à effectuer une recherche complète dans ce voisinage. C'est-à-dire que nous explorons toutes les positions en coordonnées entières dans Ω . En faisant l'hypothèse que, dans un voisinage donné, le critère de similarité que nous optimisons est convexe, alors nous pouvons effectuer une recherche quasi-complète (Fig. 2). En effet, en utilisant cette propriété de convexité, nous pouvons par exemple explorer une position sur deux, et considérer que la solution trouvée représente la position la plus proche de la solution réelle (recherche complète).

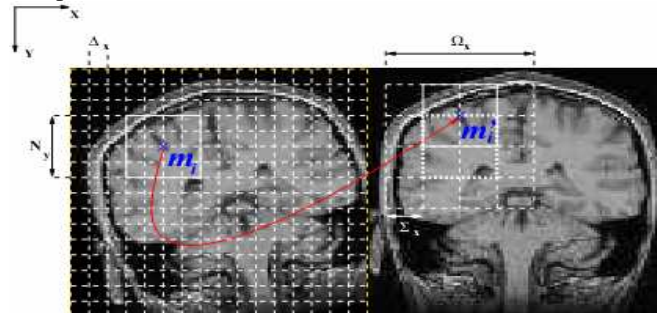


Fig. 2. Illustration de l'appariement de régions sur une coupe IRM [9]

Pour une direction donnée, N est la taille du bloc, Ω est la taille de la zone de recherche, Σ est la résolution du champ de vecteurs, Δ est la densité du champ de vecteurs. Sur cette figure, le centre du bloc B est noté m_i et celui du bloc B' est noté m'_i .

IV. Expérimentation

Afin d'évaluer la performance de notre algorithme nous avons utilisé à ce stade la base de données vanderbilt et nous avons limité nos expériences uniquement aux images IRM 2D intra-sujets et particulièrement au quatre premier séries. Il est a signalé que les images sont de taille 256x256 et en niveau de gris (16 bits/ pixels). Nous avons testé l'approche basée sur l'utilisation du Coefficient de Corrélation (CC) et l'information mutuelle (MI) sur quatre séries d'images IRM 2D monomodale intra-sujets suivant la variation de ces trois paramètres N , Σ et Δ avant (tableau1) et après l'application de filtre de Sobel (tableau2).

Puis nous avons calculé les deux taux d'erreur moyen, un relatif aux coins de l'image présenté par (eq.2) et un autre décrivant celle du centre de l'image (eq.3). Nous avons ensuite comparé ces quatre séries avec celles de l'algorithme d'Aladin [9].

$$\bar{\delta} = \frac{1}{4} \sum_{i=1}^4 \|SoT(P_i) - T(P_i)\|^2 \quad (2)$$

$$\bar{\delta} = \|SoT(P_1) - T(P_1)\|^2 \quad (3)$$

Avec S est estimé à l'aide de l'algorithme d'estimation de transformation au sens des moindres carrés tamisé. Une fois S est calculée on met à jour la transformation précédente T tel que $T \leftarrow ToS$. Aussi P_1, \dots, P_4 les quatre coins de l'image dans l'équation 2, P_1 représente le centre de l'image dans l'équation 3.

Tableau 1: Distance moyenne de recalage IRM/IRM des quatre premières séries de la base vanderbilt, pour trois algorithmes différents avant l'application de filtre de Sobel

| Méthode | Erreur au centre Moyen (mm) | Erreur au coin Moyen (mm) |
|---------------------------|--------------------------------|------------------------------|
| Block Matching avec CC | 5.22 | 9.91 |
| Block Matching avec MI | 4,28 | 11.46 |
| Aladin | 2.39 | 3.70 |

Par la suite, nous avons précédé à appliquer les trois filtres classiques Sobel, Robert et Prewitt, et nous avons essayé de choisir celle qui donne le meilleur résultat du taux d'erreur moyen qui est présenté au tableau suivant.

Tableau 2: Distance moyenne de recalage IRM/IRM des quatre premières séries de la base vanderbilt, pour trois algorithmes différents après l'application de filtre de Sobel sur les deux premiers algorithmes

| Méthode / filtre de Sobel | Erreur au centre Moyen (mm) | Erreur au coin Moyen (mm) |
|------------------------------|--------------------------------|------------------------------|
| Block Matching avec CC | 3. 91 | 6. 15 |
| Block Matching avec MI | 3.26 | 8.37 |
| Aladin | 2.39 | 3.70 |

La comparaisons des performances nous amène aux observations suivantes, alors l'algorithme qui utilise le MI comme mesure de similarité après l'application de filtre de Sobel est efficace par rapport au premier qu'utilise le coefficient de corrélation, puisqu'il a donné un taux d'erreur faible au centre d'image. Alors que cette tendance est différente en se qui concerne le taux d'erreur au coins d'image. En effet, la performance de ces deux approches sont actuellement comparable : le taux d'erreur moyen de Block Matching avec MI est moins élevé et par conséquent plus performant et précis. Les expérimentations faites sur une base d'images IRM 2D monomodale intra-sujets ont montrée que cette approche présente toujours des résultats meilleurs que l'approche Block Matching avec CC au centre d'image. Cette différence résulte, peut être, du changement de la méthode de mesure de similarité utilisée, le coefficient de corrélation pour la première et l'information mutuelle pour la secondaire. L'utilisation de l'information mutuelle sur cette base d'exemple se traduit par une performance remarquable au niveau du traitement au centre de l'image, et une dégradation au niveau des coins. Quant à l'utilisation de l'approche qu'utilise le coefficient de corrélation, elle se traduit par une bonne performance au niveau du traitement des coins et une légère dégradation au niveau du traitement au centre. Cette constatation

nous mène à combiner ces deux algorithmes dans un processus de recalage pour profiter des avantages du premier (traitement des coins) et des avantages du deuxième (traitement au centre) et atteindre un résultat proche de l'algorithme d'Aladin.

Conclusion

Dans cet article une synthèse des différents algorithmes de recalage est présentée afin de classer les méthodes en trois catégories : une première catégorie d'approches qui se base sur l'appariement des primitives géométriques afin de montrer les avantages et les inconvénients de cette approche. Une deuxième catégorie est celle qui englobe les approches basées sur le calcul de similarité d'intensité sur l'image toute entière. Pour ces approches nous avons présenté les différents choix possibles, selon la bibliographie consultée, pour construire une chaîne de résolution robuste en mettant l'accent sur l'importance de choix dans chaque étape. Avant de terminer nous avons achevé notre synthèse par la présentation de quelques approches qui ont montré la nécessité de faire recours aux algorithmes hybrides qui associent, spatialement, temporairement ou simultanément, une approche basée sur les primitives à une approche basée sur l'intensité. Ces approches ont permis aux autres catégories de se compléter pour donner des approches plus robustes. Enfin, nous avons présenté la performance de notre approche par rapport à celle de l'algorithme d'Aladin.

Références

- [1] Ahmed Kharrat, Saoussen Belhassani, Moncef Bousselmi, Recalage logiciel pour l'imagerie médicale : classification, comparaison et réalisation, GEI'2008 Huitièmes Journées Scientifiques des Jeunes Chercheurs en GENIE ELECTRIQUE ET INFORMATIQUE.
- [2] J.E. Atif, Recalage non-rigide multimodal des images radiologiques par information mutuelle quadratique normalisée. Thèse, LIMSI-CNRS, 2004
- [3] Frédéric Alexandre, Nizar Kerkeni, Khaled Ben Khalifa, Mohamed Hédi Bedoui, Laurent Bougrain, and Mohamed Dogui. Supervised neuronal approaches for EEG signal classification: experimental studies. In *Artificial Intelligence and Soft Computing*, pages 114-119, 2006.
- [4] Z.Cao, S. Pan, R.Li, R.BAlachandran, M.J. Fitzpatrick, W. C. Chapman et B.M.Dawant. Registration of medical images using an interpolated closest point transform: Method and validation.
- [5] P. Cachier, J-F. Mangin, X. Pennec, D. Riviere, D. Papadopoulos-Orfanos, J. Rgis et N. Ayache. Multisubject non-rigid registration of brain MRI using intensity and geometric features. Proc. Of Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'01), pp.734-742, The Netherlands-October 2001.
- [6] H.J. Johnson et G.E. Christensen, Consistent landmark and Intensity-based Image Registration, IEEE transactions on medical imaging, VOL.21, NO 5, Mai 2002.
- [7] L.Ding, A. Goshtasby et M. Satter, Volume image registration by template matching, 2001
- [8] D. W. G. Montgomery, A.Abbes et H.Zaidi, Fully Automated Segmentation of Oncological PET volumes using combined Multiscale and statistical Model, 2006
- [9] S. Ourselin, A. Roche, S. Prima et N. Ayache, Block matching: a general frame work to improve robustness of rigid registration of medical images. INRIA, 2001
- [10] J. P.W. Pluim, J.B. A. Maintz et M.A. Viergever. Mutual information based registration of medical images: a survey. IEEE Transaction on medical imaging, 2003.
- [11] P.Putjarupong, C. PINTAVIROOJ, W. Withayachumnankul et M. Sangworasil, Image registration Exploiting Five-point coplanar perspective invariant and maximum-curvature point, Journal of WSCG, Vol.12, No.1-3, ISSN 1213-6972, WSCG'2004.
- [12] G. K. Rohde, A. Aldroubi et B. Dawant. The adaptive bases algorithm for intensity-based nonrigid image registration. IEEE Transaction on Medical Imaging, vol.22, No.11, novembre 2003.
- [13] P. Thévenaz, U.E. Ruttimann et M. Unser. A pyramid approach to subpixel registration based on intensity. IEEE Transactions on image processing, vol.7, No.1, janvier 1998.