

# Recalage élastique 3-D de surfaces numériques par optimisation génétique

Jean-Michel Rouet, Jean-José Jacq et Christian Roux

Département image et Traitement de l'Information

Télécom Bretagne, Technopôle de Brest-Iroise,

Laboratoire de Traitement de l'Information Médicale

BP 832 – 29285 Brest Cédex – France

e-mail : [JM.Rouet@enst-bretagne.fr](mailto:JM.Rouet@enst-bretagne.fr), [JJ.Jacq@enst-bretagne.fr](mailto:JJ.Jacq@enst-bretagne.fr), [Christian.Roux@enst-bretagne.fr](mailto:Christian.Roux@enst-bretagne.fr)

## RÉSUMÉ

Ce papier présente une méthode de mise en correspondance par transformation géométrique élastique de deux surfaces numériques. La recherche de la transformation géométrique se fait à l'aide d'un algorithme génétique originalement modifié suivi d'une optimisation locale par analyse de la population génétique finale.

## ABSTRACT

This paper deals with the matching of two numerical surfaces using an elastic 3D transformation. The global search of the optimal transformation is performed using a new genetic algorithm. Then, we operate a local optimisation using the information contained in the final genetic population.

## Introduction

Dans le domaine de l'imagerie médicale, on est souvent amené à fusionner les informations issues de différentes modalités. Cependant, la présence de légères déformations, propres à chacune des modalités nous empêche de trouver facilement une bonne mise en correspondance. Les paramètres du problème deviennent trop nombreux, et on est alors obligé d'utiliser des algorithmes de recalage perfectionnés.

Malgré leur diversité, toutes les méthodes de recalage [1] [2] [10] présentent un point commun : l'évaluation d'une distance (ou erreur) entre différentes sources. Ensuite il s'agit de trouver un algorithme permettant de minimiser cette distance. La méthode que nous avons choisie est une méthode originale : un codage particulier de la transformation et une recherche par algorithme génétique. Cette méthode est en effet peu utilisée, et pourtant elle donne des résultats très prometteurs [3] [4] [9].

## 1 Présentation du travail

Ce papier s'inscrit dans la suite des travaux de recalage mono-modalité (CT-CT) présentés dans [4]. Les deux voies que nous avons suivies ont été l'amélioration de la robustesse de l'algorithme génétique et le passage de la mono-modalité à la multi-modalité.

Afin de tester notre algorithme génétique (dont nous présentons les améliorations apportées à la deuxième partie), nous avons d'abord repris les images de la palette humérale ayant servi de base au travail décrit dans [4].

Pour valider ensuite notre approche dans le cadre de la multi-modalités, nous avons confronté notre recalage à une paire d'images cérébrales (modalité CT et IRM) brutes dont

nous connaissons les paramètres du recalage. Ces données constituent notre recalage de référence. Les résultats que nous obtenons seront décrits dans la troisième partie.

## 2 Amélioration de la robustesse des algorithmes génétiques

Un algorithme génétique est une procédure d'optimisation stochastique dont le gros avantage est la puissance de la recherche globale sur un grand espace. C'est bien le cas dans lequel nous nous trouvons. On recherche une transformation géométrique élastique tri-linéaire 3D. Celle-ci est parfaitement définie à l'aide de 8 points d'ancrage pré-fixés ainsi que de 8 vecteurs déplacement. L'espace des paramètres est alors un sous-ensemble de  $\mathbb{R}^{24}$ . Le lecteur pourra trouver plus de renseignements sur le codage des paramètres de la transformation tri-linéaire en se reportant à l'article [4]. À la différence de [4], la fonction à optimiser est ici une distance Euclidienne calculée à partir d'un sous-ensemble de points d'une image décrivant une surface numérique, et d'une carte transformée distance de l'autre image [8].

Le point faible des algorithmes génétiques en général est qu'ils dépendent fortement de la répartition de la population initiale dans l'espace de recherche. Pour limiter cette instabilité potentielle, nous avons développé dans le cadre de notre second objectif un algorithme génétique basé sur un *hachage* de l'espace de recherche ; ceci nous permet d'assurer dynamiquement le maintien de la diversité au sein de l'espace de recherche. La conséquence essentielle de cette nouvelle astreinte est l'introduction d'une *mutation locale* (limitée à une région déterminée de l'espace) et d'une *mutation globale* (inter-

régions) destinée à maintenir la diversité. Notons également que contrairement à [4], l'opérateur de *cross-over* est désormais uniforme.

D'une manière originale par rapport à toutes les utilisations des algorithmes génétiques, nous avons remplacé le processus de sélection de la solution finale, non plus par le choix du meilleur élément ou par une simple moyenne des meilleurs individus, mais par une *post-analyse* de la population finale (voir [6] pour plus de détails). Celle-ci nous permet, en utilisant une technique de résolution de systèmes surdéterminés de prendre en compte la somme des informations contenues dans chacun des chromosomes, au lieu de seulement retenir le chromosome le plus performant. Cette étape constitue un affinement de la population génétique de manière à prendre en compte la contribution à l'optimisation que peut apporter chacun des éléments de la population.

Tout comme dans [4], nos tests concernant la robustesse du nouvel algorithme ont initialement porté sur le recalage mono-modalité CT-CT de la palette humérale. À partir d'une image CT, nous créons une image de référence par déformation synthétique, déformation que nous essayons de retrouver. La figure 1 montre l'évolution de la distance au cours des itérations de l'algorithme entre notre nouvel algorithme génétique et l'algorithme génétique présenté dans [4]. La courbe du haut montre la distance Euclidienne calculée sur un ensemble de points alors que celle du bas représente l'erreur calculée à partir de la différence point à point des niveaux de gris des images. Les paramètres (nombre de chromosomes, probabilité de mutation, nombre de générations ...) sont identiques pour les deux méthodes.

La première chose que nous constatons est, comme cela était prévisible, qu'avec la nouvelle méthode la convergence est plus lente. Ceci provient du fait qu'un certain pourcentage de la population est contrôlé pour assurer une répartition homogène des chromosomes sur l'espace de recherche; ce qui, dans un cas convexe, restreint la dynamique de recherche et devient alors un handicap dans un problème globalement convexe tel que celui du recalage mono-modalité de la palette humérale.

L'analyse des résultats permet en outre de voir l'efficacité de l'utilisation de la post-analyse de la population finale, quoique le nombre de chromosomes utilisés ici (500) est à peine suffisant pour que l'impact de la post-analyse soit optimal. D'autres tests, plus poussés, feront l'objet des prochaines recherches.

### 3 Recalage multi-modalités CT-IRM de la tête : Résultats

Cette section est consacrée à l'évaluation des résultats de l'application de notre méthode de recalage à un cas concret de recalage en multi-modalités. L'évaluation se fera par comparaison visuelle [5] avec un recalage de référence<sup>1</sup>.

<sup>1</sup>Le recalage de référence dont nous parlons ici est en fait un recalage cutané (voir l'article [7]) publié par le laboratoire TIMC de Grenoble sur les mêmes données.

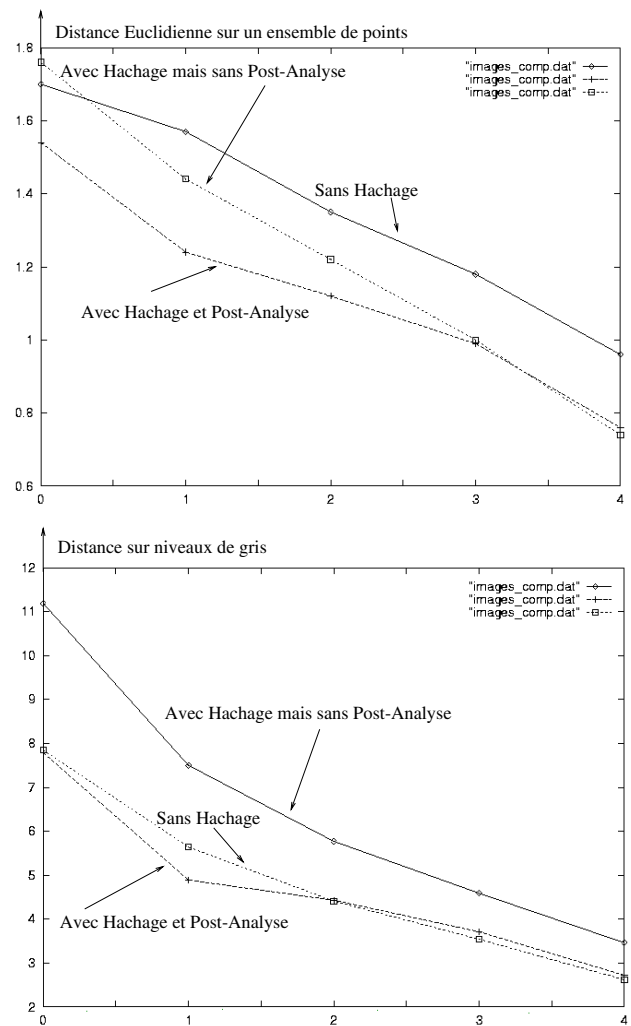


FIG. 1 — Comparaison de la convergence des deux algorithmes appliqués au recalage de la palette humérale

Les données dont nous disposons sont : 24 coupes  $256 \times 256$  IRM espacées de 6mm, et d'une résolution de 1.033mm/pixel, et 57 coupes scanner  $256 \times 256$  dont l'espacement inter-coupe dépend de l'attitude (2.91mm en moyenne), et d'une résolution de 0.906mm/pixel. L'anisotropie de départ, qui était donc variable, a été homogénéisée par interpolation cubique, et les images 3D sur lesquelles nous avons travaillé ont désormais les dimensions suivantes : CT ( $256 \times 256 \times 91$  [ $0.91 \times 0.91 \times 1.81mm$ ]), IRM ( $256 \times 256 \times 68$  [ $1.03 \times 1.03 \times 2.06mm$ ]). À défaut de disposer comme référence des images déjà recalées, nous l'avons reconstruite à partir des paramètres de transformation rigide (translation et rotations) de référence.

Le passage de la mono-modalité à la multi-modalités s'est effectué simplement en ne considérant, pour le calcul de la fonction distance entre deux volumes 3D, non plus les niveaux de gris mais les surfaces externes de l'individu et des cartes transformées distance. L'obtention de la surface numérique, comme présentée dans l'article [6], est effectuée à l'aide d'outils de morphologie mathématique. Bien évidemment nous nous sommes confrontés à quelques problèmes pour l'évaluation de la distance entre deux surfaces numériques dans le cas où les deux surfaces ne couvrent pas exactement

la même portion d'espace. Pour résoudre ce problème nous éliminons (pour le calcul) adaptativement les voxels de la surface qui ne semblent pas avoir de vis-à-vis sur l'autre surface. Ce tri se fait selon un critère statistique sur les distances entre le transformé d'un point d'une surface et l'autre surface.

Les résultats auxquels nous arrivons sont résumés sur la figure 2. Nous avons représenté les images brutes sur lesquelles nous avons travaillé. Ces projections sont calculées à l'aide d'un algorithme de rendu volumique direct tel qu'il est présenté à l'article [5]. À gauche nous avons les images issues du recalage de référence, au centre et à droite nous avons les résultats du recalage CT vers IRM et IRM vers CT. Nous voyons que nous obtenons, pour l'instant, des résultats plus intéressants dans le cadre du recalage CT vers IRM. Ceci provient de la disparité des portions d'espace couvertes par les deux images et entraîne des problèmes pour le calcul de la fonction distance. Nous travaillons actuellement sur ce point, notamment en modifiant le calcul de la distance, ainsi qu'en testant de nouveaux codages au niveau de l'algorithme génétique.

## Conclusion

Nos travaux présentés dans cet article montrent que le recalage obtenu par optimisation génétique donne des résultats intéressants. La robustesse de l'algorithme génétique face au problème des *extrema* locaux le place en bonne position parmi les méthodes d'optimisation globale. La robustesse supplémentaire, par rapport à un algorithme génétique classique, que nous avons apportée reste encore à expérimenter plus en profondeur. Notamment nous espérons montrer que l'adjonction d'un affinement de la population finale permet d'améliorer la stabilité de l'algorithme en diminuant les risques de convergence prématurée.

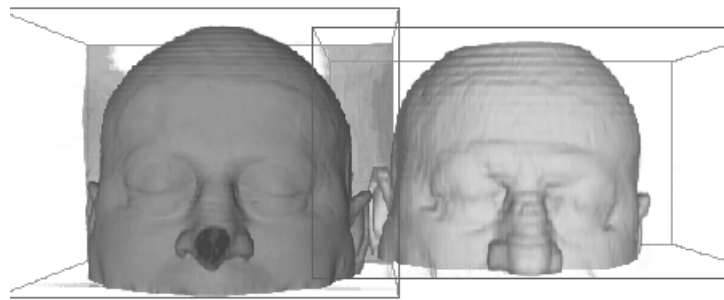
Le passage de la mono-modalité à la multi-modalités n'a pas entraîné de changements directs dans l'algorithme génétique, mais seulement au niveau de l'évaluation de la fonction que celui-ci doit optimiser. Le calcul se fait désormais à partir de l'élaboration d'une carte des distances Euclidiennes sur les images segmentées par des outils de morphologie mathématique. Cette indépendance entre l'algorithme d'optimisation et l'objet de l'optimisation est encore un atout supplémentaire en faveur de ceux-ci.

## Remerciements

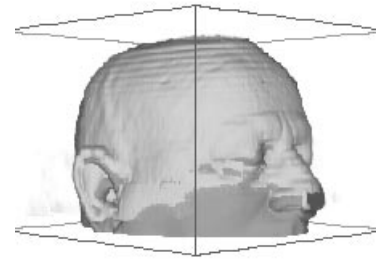
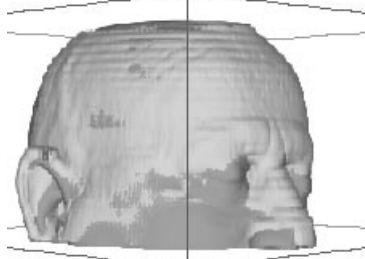
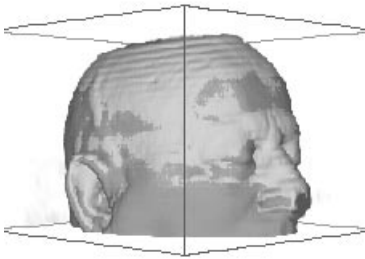
Nous tenons à remercier Stéphane Lavallée du laboratoire Techniques de l'Imagerie, de la Modélisation et de la Cognition (TIMC) de Grenoble pour la mise à disposition des images IRM et CT de la tête, ainsi que d'une solution de référence concernant leur recalage.

## Références

- [1] H.G. BARROW and al. Parametric correspondance and chamfer matching : Two new techniques for image matching. In R. REDDY, editor, *Proceedings of the 5th International Joint Conference on Artificial Intelligence*, pages 659–663, Cambridge, August 1977. MA.
- [2] Gunilla BORGEFORS. Hierarchical chamfer matching : A parametric edge matching algorithm. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 8(6) :849–865, November 1988.
- [3] J.M. FITZPATRICK and J.J. GREFFENSTETTE. Genetic algorithms in noisy environments. *Machine Learning*, 3(2-3) :101–120, 1988.
- [4] Jean-José JACQ and Christian ROUX. Registration of 3-d images by genetic optimization. *Pattern Recognition Letters*, 16(8) :823–841, August 1995.
- [5] Jean-José JACQ and Christian ROUX. A direct multi-volume rendering method. application to visual assessment of 3-d image registration algorithms. In *Visualization in Biomedical Computing*, Lecture notes in computer science – 1131, pages 53–62. Springer-Verlag, Sept. 1996.
- [6] Jean-José JACQ and Christian ROUX. Automatic detection of articular surfaces in 3-d image through minimal subset random sampling. In *Computer Vision, Virtual Reality and Robotics in Medecine*, Lecture notes in computer science – 1205, pages 73–82. Springer-Verlag, March 1997.
- [7] S. Lavalée, R. Szeliski, and L. Brunie. Anatomy-based registration of 3-D medical images, range images, X-ray projections, 3-D models using Octree-Splines. In R. Taylor, S. Lavalée, G. Burdea, and R. Mosges, editors, *Computer Integrated Surgery*, pages 115–143. MIT Press, Cambridge, MA, Nov. 1996.
- [8] T. SAÏTO and J.I. TORIWAKI. New algorithms for euclidian distance transformation of a  $n$ -dimensional digitized picture with applications. *Pattern Recognition*, 27(7) :66–88, July 1994.
- [9] Lawrence H. STAIB and Xianzhang LEI. Intermodality 3-d medical imaging registration with global search. In *IEEE Workshop on Biomedical Analysis*, pages 225–234, 1994.
- [10] P.A. VAN DEN ELSEN. Medical image matching – a review with classification. *IEEE EMBS Magazine*, pages 26–39, March 1993.



*Données non recalées (gauche: CT, droite: IRM).*



*Recalage de référence (IRM vers CT).*

*Recalage (CT vers IRM).*

*Recalage (IRM vers CT).*

FIG. 2 — Mise en correspondance d'acquisitions anisotropes CT et IRM