



**HAL**  
open science

## Recalage automatique d'images d'angiographie

Erwan Kerrien, Marie-Odile Berger, Eric Maurincomme, Laurent Launay,  
Régis Vaillant, Luc Picard

► **To cite this version:**

Erwan Kerrien, Marie-Odile Berger, Eric Maurincomme, Laurent Launay, Régis Vaillant, et al.. Recalage automatique d'images d'angiographie. Journées ORASIS'99, 1999, Aussois, France, 9 p. inria-00098777

**HAL Id: inria-00098777**

**<https://inria.hal.science/inria-00098777v1>**

Submitted on 26 Sep 2006

**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.

# Recalage automatique d'images d'angiographie soustraite 2D et 3D

Erwan Kerrien<sup>a,b</sup>, Marie-Odile Berger<sup>a</sup>, Éric Maurincomme<sup>b</sup>,  
Laurent Launay<sup>b</sup>, Régis Vaillant<sup>b</sup>, et Luc Picard<sup>c</sup>

<sup>a</sup>LORIA - Bat. Loria - BP 239 - 54506 Vandœuvre lès Nancy Cedex - France

<sup>b</sup>GEMSE - Advanced Applications - 283, rue de la Minière - BP 34 - 78533 Buc Cedex - France

<sup>c</sup>CHU St Julien - Département de neuroradiologie thérapeutique et diagnostique - 1, rue Foller - 54000 Nancy - France

## Résumé

Aujourd'hui des volumes d'angiographie tridimensionnelle sont générés en routine à partir de séquences d'angiographie rotationnelle. Nous avons dans un précédent travail étudié la précision d'un recalage de ces volumes avec des images d'angiographie 2D classique, en nous basant uniquement sur les capteurs d'état de la machine.

Cet estimé initial permet de poser le problème du recalage final comme l'estimation d'une translation d'amplitude quelconque associée à une petite rotation dans l'espace. Nous décrivons ici la stratégie que nous avons suivie afin de résoudre ce problème. Nous comparons en deux étapes l'image d'angiographie à la projection MIP (*Maximum Intensity Projection*) conique du volume angiographique. Dans un premier temps, la translation est estimée en maximisant la corrélation. La deuxième étape résout les paramètres du petit mouvement résiduel grâce à une technique de flux optique modifiée.

Nous décrivons également comment accélérer le processus d'optimisation en nous basant sur une analyse des équations mises en œuvre.

Notre algorithme a été validé sur 17 images de fantômes et 2 patients. La mesure manuelle de l'erreur 3D indique qu'elle est inférieure à 1 mm. Le recalage est atteint en 1 mn 30 s par image. Un prototype a été installé dans un environnement clinique pour une validation plus approfondie.

**Mots-Clés :** recalage 2D/3D, corrélation, flux optique, projection MIP, angiographie

## 1 Introduction

En neuroradiologie interventionnelle, il est très important pour le radiologue de savoir à tout instant où son cathéter se trouve dans le corps de son patient, avec une précision millimétrique. Il peut à l'heure actuelle déduire cette information d'images d'angiographie numérique soustraite (DSA pour *Digital Subtracted Angiography*) qu'il relie à des images pré-opératoires d'imagerie par résonance magnétique (IRM) grâce à sa connaissance anatomique.

Les images DSA sont la base de la pratique interventionnelle. Cette modalité offre entre autres, aux médecins, une imagerie temps réel à très haute résolution spatiale. Depuis peu, ils ont également accès en routine à des reconstructions 3D de la vascularisation cérébrale (3DXA) [18], à partir de séquences d'angiographie rotationnelle (LCN+, GE Medical Systems). Ces reconstructions permettent une très bonne appréciation de l'angio-architecture. De plus, les

volumes peuvent être mobilisés en temps réel selon plusieurs types de visualisation (Maximum intensity projection, isosurface, volume rendering, endoscopie virtuelle, coupes reformattées), et apportent ainsi une aide complémentaire au diagnostic des praticiens.

Combiner ces deux modalités semble donc extrêmement prometteur dans la mesure où cela fait sortir les volumes 3DXA de leur rôle diagnostique et pré-opératoire pour les insérer naturellement dans la réalisation de l’acte chirurgical même.

## 2 Méthode

### 2.1 Définition du problème

Nous avons montré dans un précédent travail [6] que ce problème de recalage pouvait se formaliser de la manière suivante :

- estimation d’un champ de distorsions dans l’image : nous avons décrit une procédure de calibration de la machine d’angiographie permettant de résoudre ce premier aspect ;
- estimation d’une matrice de projection conique : nous avons montré qu’une simple calibration permettait de connaître les paramètres intrinsèques de cette matrice avec une très bonne précision. Concernant la partie extrinsèque, notre étude a conclu sur une assez bonne estimation de la rotation mais une précision insuffisante sur la translation.

La machine, une fois calibrée, fournit donc un recalage initial qui diffère du recalage recherché (“recalage parfait”) par une transformation rigide (rotation + translation) dans l’espace 3D. Cette transformation rigide possède la particularité d’avoir une partie rotation de faible amplitude alors que sa partie translation peut être considérée comme inconnue.

### 2.2 Types d’images

Il est important de préciser le type d’images que nous cherchons à recalcr. Par “image DSA”, nous entendons l’image de maximum d’opacification jusqu’au rang  $N$  dans la séquence acquise, c’est à dire que chaque pixel de l’image résultat prend la plus petite valeur rencontrée sur les  $N$  premières images de la séquence. Cette image s’apparente à une image DSA bien injectée et à bruit de fond réduit. Le rang  $N$  de l’image est soit choisi par l’utilisateur (c’est la première mais aussi la seule interactivité avec l’utilisateur que notre méthode requiert), soit fixé par rapport à la cadence d’acquisition. Nous ferons référence dans la suite à cette image par le terme “image DSA”.

D’un autre côté, le volume 3DXA est projeté en vue MIP (*Maximum Intensity Projection*) conique. Chaque voxel, considéré comme une sphère de rayon égal à la taille voxel, est projeté dans le plan image. La valeur finale de chaque pixel est la valeur maximale projetée en ce site. Nous désignerons infra cette image par le terme “image MIP”.

Ces images, même si elles sont différentes, ont pour point commun de représenter un maximum d’opacification, chacune à leur manière. Nous aurions pu utiliser une projection conique de type X-ray (addition des valeurs de voxels en chaque pixel), mais nous verrons que nous pouvons tirer avantageusement parti de la projection MIP pour le recalage. Ces deux images sont de taille  $512 \times 512$ .

## 2.3 Stratégie

La stratégie suivie correspond à la problématique. Dans un premier temps, nous retrouvons la translation en considérant que la partie rotation de la matrice de projection est parfaitement connue. La position optimale est atteinte quand la corrélation normalisée centrée de l'image DSA avec l'image MIP est maximale.

Cette première étape nous amène alors à supposer que l'erreur résiduelle est due à une petite erreur de positionnement, à la fois en rotation et en translation cette fois, du volume 3DXA, dans le repère caméra correspondant au recalage obtenu.

Considérons que l'image MIP actuelle est prise au temps  $t_1$ , puis que le volume 3DXA bouge suivant une petite transformation rigide. Une image est acquise au temps  $t_2$  et on obtient l'image DSA. Le mouvement apparent que l'on observe alors entre l'image MIP actuelle et l'image DSA, nous donne de précieuses informations concernant la petite transformation rigide recherchée. Ces dernières sont extraites par une technique de flux optique modifiée.

## 3 Algorithme

### 3.1 Maximisation de la corrélation

La corrélation normalisée centrée entre l'image DSA,  $I_d$ , et l'image MIP,  $I_m$ , est définie par :

$$\gamma = \frac{\sum_{(x,y) \in \mathcal{D}} (I_d(x,y) - \bar{I}_d)(I_m(x,y) - \bar{I}_m)}{\sqrt{\sum_{(x,y) \in \mathcal{D}} (I_d(x,y) - \bar{I}_d)^2 \sum_{(x,y) \in \mathcal{D}} (I_m(x,y) - \bar{I}_m)^2}}$$

où  $\mathcal{D}$  est le domaine commun aux deux images et  $\bar{I}_d, \bar{I}_m$  sont les moyennes des images  $I_d$  et  $I_m$  respectivement.

Considérons que le recalage courant est donné par la matrice de projection  $\mathbf{M}$ . Nous cherchons une nouvelle matrice de projection  $\mathbf{M}'$  qui diffère de  $\mathbf{M}$  par la translation  $\vec{D} = (D_x, D_y, D_z)$ . Considérons un point  $P$  qui se projette en  $(u, v)$  dans l'image initiale (obtenue par projection du volume selon  $\mathbf{M}$ ) et en  $(u', v')$  dans l'image finale (obtenue après la translation). Nous avons alors :

$$\mathbf{M}'P = \begin{pmatrix} s'u' \\ s'v' \\ s' \end{pmatrix} = \mathbf{M}P + \vec{D} = \begin{pmatrix} su \\ sv \\ s \end{pmatrix} + \begin{pmatrix} D_x \\ D_y \\ D_z \end{pmatrix} \quad (1)$$

La matrice initiale  $\mathbf{M}$  étant normalisée par la méthode de Toscani [17].

On en déduit donc que :

$$\begin{cases} u' = \frac{s}{s + D_z}u + \frac{D_x}{s + D_z} \\ v' = \frac{s}{s + D_z}v + \frac{D_y}{s + D_z} \end{cases} \quad (2)$$

Cette formule permet une interprétation de  $\vec{D}$  :  $D_x$  et  $D_y$  provoquent une translation de l'image initiale alors que  $D_z$  effectue un zoom. Cette homothétie a pour centre le coin supérieur gauche de l'image. Elle s'accompagne donc d'une translation des structures dans l'image. Cette dépendance des paramètres nuit à l'optimisation.

Si maintenant nous avons une translation  $(du, dv)$  parallèle au plan image associée à un grossissement  $G$  par rapport au centre de l’image  $(u_c, v_c)$ , nous obtenons (ces paramètres sont, eux, indépendants) :

$$\begin{cases} u' = Gu + Gdu + (1 - G)u_c \\ v' = Gv + Gdv + (1 - G)v_c \end{cases} \quad (3)$$

Ces paramètres  $du$ ,  $dv$  et  $G$ , plus intuitifs, se prêtent mieux à l’optimisation de la corrélation. Ils ne sont cependant pas équivalents au vecteur  $\vec{D}$ . En effet,  $s$  dépend des coordonnées  $X$ ,  $Y$  et  $Z$  du point  $P$ . Nous avons donc considéré que  $s$  était constant sur tout le volume, ce qui revient à considérer que ce volume est ponctuel. On peut estimer que la reconstruction 3DXA occupe une sphère de 15 cm de diamètre, située à mi-distance entre le point focal et le plan image, dans un système dont la distance focale est de l’ordre du mètre. L’approximation peut sembler grossière mais les matrices obtenues en pratique indiquent que la variation de  $s$  est de l’ordre de 1%. L’hypothèse est donc valide dans notre cas, et nous pouvons identifier (2) et (3) pour déterminer une bijection entre  $\vec{D}$  et le triplet  $(du, dv, G)$ .

La procédure d’optimisation des paramètres  $du$ ,  $dv$  et  $G$  est la suivante :

- recherche exhaustive en basse résolution ( $64 \times 64$  pixels). Les bornes de variation des paramètres sont soit contraintes par la machine d’angiographie ( $G$ ), soit répondant à un critère large de bon sens  $(du, dv)$ : les deux images se recouvrent sur au moins un quart de leur surface.
- recherche pseudo-exhaustive en résolution maximale. Cette technique est employée par Studholme et al. [16]. Elle consiste en une recherche exhaustive uniquement suivant les axes du repère de l’espace des paramètres : on ne modifie qu’un seul paramètre à la fois pour générer notre espace de recherche. Dans le cas de trois paramètres nous avons donc seulement 6 calculs de corrélation au lieu de 26 à effectuer. Il faut enfin noter que le paramètre  $G$  étant très différent de  $du$  et  $dv$  en amplitude et influence, nous alternons entre son optimisation et l’optimisation commune de  $du$  et  $dv$ . Ce problème lié à la disparité des paramètres est bien connu en optimisation, et est d’ailleurs résolu de la même manière par Maes dans sa thèse [11] pour le recalage 3D/3D. Il y fait la distinction entre les paramètres qui agissent dans le plan axial (à forte résolution) et ceux qui exercent leur influence dans la direction orthogonale (à plus faible résolution).

## 3.2 Flux optique modifié

Les paramètres  $du$ ,  $dv$  et  $G$  (et donc  $\vec{D}$ ), qui maximisent la corrélation entre l’image DSA et l’image MIP, étant trouvés, nous modifions en conséquence la matrice de projection  $\mathbf{M}$  (voir l’équation (1)), et projetons le volume 3DXA pour générer une nouvelle image MIP. Cette nouvelle image est suffisamment proche de l’image DSA pour pouvoir se prêter à un calcul de flux optique.

La différence entre l’image MIP et l’image DSA s’explique par une erreur sur la position du volume 3DXA dans le repère caméra. Nous avons vu que cette erreur s’apparentait à un petit déplacement rigide.

Considérons un point  $P = (X, Y, Z)$  dans l’espace au temps  $t$  et le point  $P' = (X', Y', Z')$ , atteint au temps  $t'$  à partir de  $P$  par un petit déplacement rigide, composé de la rotation  $\mathbf{R} = R_A R_B R_C$  ( $A$ ,  $B$  et  $C$  sont les angles de rotation autour des vecteurs de base du repère

3D) et la translation  $\vec{T} = (U, V, W)$ . Nous avons alors :

$$P' = \mathbf{R}P + \vec{T}$$

Dans l'hypothèse où le mouvement est petit, nous avons :

$$P' - P = \dot{P} = \vec{\Omega} \times P + \vec{T} \quad \text{avec } \vec{\Omega} = (A, B, C) \quad (4)$$

Dans le repère interne de la caméra, le point  $P$  se projette sur le pixel  $(u, v)$  de l'image suivant les formules :

$$u = \alpha \frac{X}{Z} \quad \text{et} \quad v = \alpha \frac{Y}{Z} \quad (5)$$

Où  $\alpha$  est le rapport de la distance focale sur la taille pixel pour la caméra. En dérivant (5) par rapport au temps et en combinant avec (4), nous obtenons :

$$\begin{cases} \dot{u} = \alpha B - Cv - \frac{A}{\alpha} uv + \frac{B}{\alpha} u^2 + \frac{\alpha U - Wu}{Z} \\ \dot{v} = -\alpha A + Cu + \frac{B}{\alpha} uv - \frac{A}{\alpha} v^2 + \frac{\alpha V - Wv}{Z} \end{cases} \quad (6)$$

Cette équation correspond presque à une transformation dans le plan image si ce n'est pour le terme en  $1/Z$ . Ceci est d'ailleurs classiquement le problème posé par la résolution du mouvement 3D à partir du mouvement apparent [4] : seuls 5 paramètres sur les 6 peuvent être résolus car il subsiste une indétermination sur la profondeur de l'objet dans le champ (donnée par  $Z$ ). C'est ainsi qu'un objet en translation parallèle au plan image générera le même mouvement apparent qu'un objet deux fois plus petit, situé deux fois plus près du centre optique, et animé d'un mouvement parallèle au premier ; mais deux fois moins fort. Dans notre cas, nous pouvons cependant tirer parti de la projection MIP. En effet, ce type de projection associe un unique voxel à chaque pixel. Nous pouvons par conséquent associer, pour chaque pixel, lors du calcul de la projection MIP, la profondeur du voxel élu comme valeur de  $Z$ . L'équation (6) relie alors complètement les coordonnées des pixels dans l'image aux 6 paramètres du mouvement recherché.

Il nous reste à déterminer les valeurs de  $\dot{u}$  et  $\dot{v}$  pour chaque pixel. Nous suivons l'hypothèse du flux optique qui veut que l'intensité de l'objet entre l'image DSA et l'image MIP est constante [5]. Nous avons déjà vu que cela n'était pas respecté : les deux images sont obtenues par des moyens très différents et ne représentent pas exactement les mêmes objets (objet réel par rapport à une reconstruction tomographique). En suivant cependant cette idée, nous pouvons poser :

$$\frac{dI}{dt} = \vec{\nabla} I \bullet \begin{pmatrix} \dot{u} \\ \dot{v} \end{pmatrix} + \dot{I} = 0 \quad (7)$$

En combinant les équations (6) (le  $Z$  étant résolu comme indiqué précédemment) et (7), nous obtenons pour chaque pixel, deux équations que doivent respecter les 6 paramètres du mouvement. Nous aboutissons alors à un système largement sur-déterminé à 6 inconnues, que nous résolvons aux moindres carrés par détermination du pseudo-inverse.

### 3.3 Accélération

Les deux phases que nous venons de passer en revue reposent sur un grand nombre de projections MIP du volume. Ceci est évident dans la procédure d'optimisation de la corrélation.

Dans le cas du flux optique modifié, les résultats souffrent d'un mal connu dans ce domaine : ils sont qualitativement bons (nous évoluons dans la bonne direction) mais quantitativement mauvais (l'amplitude du mouvement est très sous-estimée). Il s'ensuit que nous avons opté pour une résolution itérative du petit mouvement résiduel (l'arrêt intervient après un nombre fixe d'itérations), ce qui demande un certain nombre de projections MIP : une par itération.

Or, il faut savoir que, malgré nos efforts, la génération d'une projection MIP conique d'un volume 3DXA prend 1 seconde. Ceci handicape énormément la méthode en lui infligeant un temps de convergence inacceptablement long. À titre d'exemple, établissons le nombre de projections requises lors du calcul exhaustif de la corrélation à basse résolution. Les paramètres  $du$  et  $dv$  prennent chacun 32 valeurs, et nous testons 35 valeurs pour le paramètre  $G$ . Nous devons donc effectuer  $32 \times 32 \times 35 = 35840$  calculs de corrélation, et par conséquent autant de projections MIP. À raison d'une seconde par projection, ce calcul devrait prendre 10 heures !

Cependant, en regardant attentivement les deux équations de base de notre méthode ((3) et (6)), nous observons qu'elles définissent chacune une transformation dans le plan image, si nous connaissons les paramètres du mouvement associé ( $du$ ,  $dv$  et  $G$  pour la corrélation et  $A$ ,  $B$ ,  $C$ ,  $U$ ,  $V$  et  $W$  pour le flux optique). Ainsi, étant donné un mouvement (translation ou petit déplacement rigide), nous pouvons calculer la nouvelle image MIP à partir de l'ancienne sans passer par une reprojexion du volume. Le temps de calcul en est considérablement amélioré.

Dans le cas du flux optique modifié, la transformation dans le plan image ne peut être inversée à cause du terme en  $1/Z$ . Il s'ensuit que les images sont artéfactées. Nous savons cependant localiser les zones dégradées (pixels non atteints par la transformation) et les éviter dans l'établissement du système d'équations, sachant que nous aurons toujours suffisamment de points pour que son inversion soit robuste.

## 4 Résultats

L'implémentation de l'algorithme que nous venons de décrire conduit à un recalage entièrement automatique entre l'image DSA et le volume 3DXA, en 1 minute et 30 secondes (sur une UltraSparc (SUN) à 200 Mhz).

Le recalage de référence est en général donné en utilisant un cadre de stéréotaxie. Dans notre cas, il n'existe aucune méthode reconnue de détection du cadre pour la 3DXA. Nous avons donc adopté une mesure manuelle de l'erreur.

Étant donné une série face-profil (donc deux images DSA) recalée avec un volume 3DXA, nous pouvons pointer dans les images DSA des structures particulières (embranchement d'artères, courbes prononcées, etc..) afin de reconstruire la position du curseur ainsi définie dans le volume 3DXA. L'erreur est la distance 3D entre la position du curseur et la position effective de la structure désignée.

Nous avons testé notre algorithme sur 17 images de fantôme. L'erreur maximale obtenue fut de 1,5 millimètres. Nous l'avons également confronté à 2 images de patients. Dans ce cas, l'erreur maximale fut inférieure à 1 millimètre. Il est à noter que la reconstruction 3D du fantôme était assez fortement artéfactée due à la présence d'un disque très opaque (voir dans la figure 1 le disque supérieur du fantôme). La qualité du recalage en a, à notre avis, pâti.

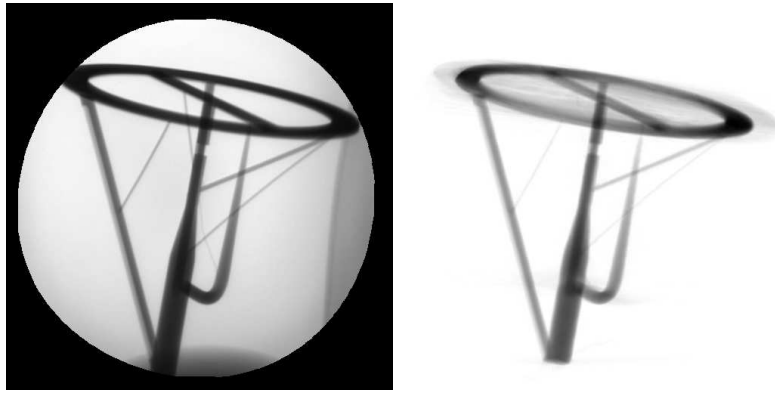


FIG. 1 – Image DSA du fantôme de l'arbre vasculaire que nous avons utilisé (gauche). Image synthétique obtenue par projection MIP conique du volume 3DXA (droite).

## 5 Discussion

### 5.1 Comparaison avec les travaux précédents

Le recalage d'images DSA avec une modalité 3D est en général obtenu grâce à un cadre de stéréotaxie [8, 15, 14]. Nous trouvons cependant depuis plusieurs années des études cherchant à libérer les patients de l'épreuve que constitue le port de ce cadre.

Masutani et al. [12] utilisent des marqueurs externes pour déterminer la géométrie d'acquisition. La position 3D du cathéter qui en est déduite est corrigée en le contraignant à rester proche du squelette extrait de la modalité 3D (angiographie IRM ou MRA).

Alperin et al. [1] désignent dans les images DSA, ainsi que dans la modalité 3D (MRA), les vaisseaux qui vont servir au recalage. Leurs squelettes sont extraits par un algorithme de suivi de vaisseau. Le recalage 3D/2D est considéré comme atteint quand les squelettes se superposent.

Le recalage basé sur les squelettes des vaisseaux est populaire. La segmentation est automatisée chez Feldmar et al. [2] et les squelettes sont recalés via un algorithme ICP (*Iterative Closest Point*) avec introduction d'une contrainte sur les tangentes aux squelettes. Liu et al. [10] reprennent cette méthode mais minimisent une fonction de disparité entre les squelettes. Enfin, Kita et al. [7] réfute l'hypothèse d'invariance de la tangente aux squelettes par projection. Ils définissent une zone de recherche pour chaque site du squelette 3D, dépendant de la forme de la projection du modèle 3D.

Ces méthodes présentent toutes les mêmes inconvénients. Comme le soulignent Liu et al [10], la projection du squelette 3D ne correspond pas, même dans le cas idéal où on peut résoudre les superpositions, au squelette 2D. Ensuite, ces techniques nécessitent l'élaboration d'un test de rejet de certaines parties des squelettes (parties détectées dans une seule modalité). Mais, à notre avis, le problème fondamental est l'extraction des squelettes. S'il peut sembler solvable dans le cas d'un patient sain (présentant une angio-architecture en forme d'arbre), il suffit d'observer des images de Malformations Artério-Veineuses (MAV) pour se rendre compte de la difficulté que l'extraction d'un squelette pose dans ce cas. Notre méthode est plus robuste face à ce genre d'accidents. Les images de la figure 2 illustrent un cas de MAV sur une artère vertébrale pour lequel notre méthode donne un très bon recalage.

Un autre groupe de méthodes tente de recalibrer les images rayons X non-soustraites avec des volumes scanner. À notre connaissance, elles n'ont cependant été appliquées qu'au problème du



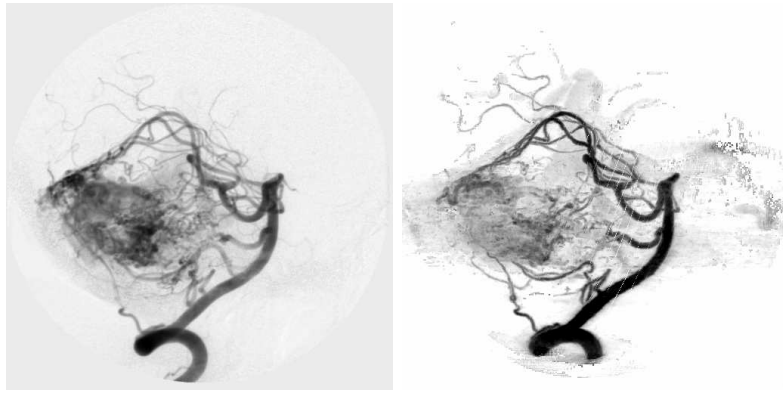


FIG. 2 – Exemple de résultat de notre méthode sur un cas difficile: MAV sur une artère vertébrale. À gauche, l'image DSA (maximum d'opacification) utilisée pour le recalage. À droite, la projection MIP du volume 3DXA après recalage.

recalage de la colonne vertébrale. Lavallée [9] est précurseur dans le domaine. Sa méthode extrait la surface osseuse du volume scanner et la recale sur les zones d'hyper-densité repérées dans les images rayons X. Guézic [3] reprend l'idée en la développant sous tous ses aspects. La surface osseuse est également extraite. D'un autre côté, les contours sont extraits des images rayons X. Un faisceau de rayons en est déduit. Le recalage est atteint quand la surface extraite du volume scanner est maximale tangente au faisceau. Enfin, Penney et al. [13] s'intéressent au potentiel des méthodes, maintenant connues dans le recalage 3D/3D, de similarité de voxels (nous parlerons plutôt de similarité de pixels dans ce cas). Leur approche s'apparente à la notre dans la mesure où elle s'affranchit de toute segmentation et tente d'optimiser un critère comparant les images brutes.

## 5.2 Conclusion

Nous avons mis en œuvre une nouvelle stratégie pour recaler des images DSA avec des images volumiques des artères cérébrales. Elle se résume en trois points :

- calibration de la machine d'angiographie ;
- réduction de l'importante erreur initiale en translation par maximisation de la corrélation entre l'image DSA et l'image MIP ;
- utilisation d'une technique de flux optique modifiée pour affiner le recalage.

Une implémentation efficace de cette méthode permet un recalage qui peut être utilisé en pratique clinique : convergence en 1 mn 30 s par image apportant une précision millimétrique, même dans des cas complexes.

Un prototype logiciel mettant en application cette étude a été récemment installé dans un environnement clinique afin de mener une validation sur un très grand nombre de cas pratiques.

## Références

- [1] Alperin N., Levin D., and Pelizzari C. "Retrospective registration of X-ray angiograms with MR images by using vessels as intrinsic landmarks" In *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, volume 4, pages 139-144, 1994.

- [2] Feldmar J., Malandain G., and Ayache N., Fernández-Vidal S. and Maurincomme E. "Matching a 3D MR angiography volume image and 2D X-Ray angiograms" In *First International Joint Conference on Computer Vision, Virtual Reality, and Robotics in Medicine and Medical Robotics and Computer Assisted Surgery*, volume 1205, pages 129-140, 1997
- [3] Guézic A., Kazanzides P., Williamson B., and Taylor R. H. "Anatomy-based registration of CT-scan and intraoperative X-ray images for guiding a surgical robot" In *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 17, number 5, pages 715-728, 1998
- [4] Gupta N. C., Kanal L. N. "3D motion estimation from motion field" In *Artificial Intelligence*, volume 78, pages 45-86, 1995
- [5] Horn B. K. P., Schunck B. G. "Determining optical flow" In *Artificial Intelligence*, volume 17, pages 185-203, 1981
- [6] Kerrien E., Vaillant R., Launay L., Berger M-O., Maurincomme E. and Picard L. "Machine precision assessment for 3D/2D digital subtracted angiography images registration" In *SPIE Medical Imaging*, volume 3338, pages 39-49, 1998
- [7] Kita Y., Wilson D. L., and Noble J. A. "Real-time registration of 3D cerebral vessels to X-ray angiograms" In *Lecture Notes in Computer Science*, number 1496, pages 1125-1133, 1998
- [8] Launay L. "Localisation et reconstruction 3D à partir d'angiographies stéréotaxiques" PhD thesis, Institut National Polytechnique de Lorraine, Nancy, France, 1996.
- [9] Lavallée S., Szeliski R., and Burnie L. "Matching 3D Smooth Surfaces with their 2D projections Using 3D Distance Maps" In *SPIE Geometric Methods in Computer Vision*, volume 1570, pages 322-336, 1991.
- [10] Liu A., Bullitt E., Pizer S. M. "3D/2D registration via skeletal near projective invariance in tubular objects" In *Lecture Notes in Computer Science*, number 1496, pages 952-963, 1998
- [11] Maes F. "Segmentation and registration of multimodal images" PhD thesis, Katholieke Universiteit Leuven, Pays-Bas, 1998
- [12] Masutani Y., Furukawa C., Sonderegger M., Masamune K., Suzuki M., Dohi T., Yamane F., Iseki H., and Takakura K. "3D position visualization of catheter tip for intravascular neurosurgery using 3D structural description of vasculature" In *Computer Assisted Radiology*, pages 821-826, 1996.
- [13] Penney G. P., Weese J., Little J. A., Hill D. L. G, and Hawkes D. J. "A comparison of similarity measures for use in 2D-3D medical image registration" In *IEEE Transactions on Medical Imaging*, volume 17, number 4, pages 586-595, 1998
- [14] Peters T. M., Henri C. J., Munger P., Takahashi A. M., Evans A. C., Davey B, and Olivier A. "Integration of stereoscopic DSA and 3D MRI for image-guided neurosurgery" In *Computerized Medical Imaging and Graphics*, volume 18, number 4, pages 289-299, 1994
- [15] Picard L., Maurincomme E., Söderman M., Feldmar J., Anxionnat R., Launay L., Ericson K., Malandain G., Bracard S., Kerrien E., Flodmark O. and Ayache N. "X-Ray angiography in stereotactic conditions: techniques and interest for interventional neuroradiology" In *Stereotactic and Functional Neurosurgery*, volume 68, pages 117-120, 1997
- [16] Studholme C., Hill D., and Hawkes D. "Automated 3D registration of MR and CT images of the head" In *Medical Image Analysis*, volume 1, issue 2, March 1996.
- [17] Toscani, G. "Systèmes de calibration et perception du mouvement en vision artificielle" PhD thesis, Université de Paris-Sud, Orsay, 1987.
- [18] Troussel Y., Picard C., Ponchut C., Roméas R., Campagnolo R., Croci S., Scarabin J., and Amiel M. "3D X-ray angiography: from numerical simulations to clinical routine" In *Int. Meeting on Fully 3D Image Reconstruction in Radiology and Nuclear Medicine*, pages 3-11, Aix les Bains, France, 1995.