

Université Mentouri de Constantine

Faculté des sciences de l'ingénieur Département d'Informatique

Mémoire présenté en vue de l'obtention du diplôme de Magister en informatique

Option : systèmes distribués

Présenté par : **Nadjoua SAIDANE**

N°d'ordre :

Série :

**Un système d'aide au
diagnostic médical dans un
environnement temps-réel et
critique**

Application : chirurgie cardiaque

Dirigé par : Mr. J. E. Saidouni

Soutenu publiquement le : 15 /04 / 2010

Devant le jury composé de :

Mr. M. Benmohamed	<i>Président</i>	Professeur, Université Mentouri, Constantine
Mr. J. E. Saidouni	<i>Rapporteur</i>	Maître de conférences, Université Mentouri, Constantine
Mr. A. Chaoui	<i>Examineur</i>	Maître de conférences, Université Mentouri, Constantine
Mr. S. Chikhi	<i>Examineur</i>	Maître de conférences, Université Mentouri, Constantine

Résumé

Les tendances actuelles vers la chirurgie mini-invasive, la chirurgie assistée par robot, et la télé-chirurgie dans le domaine cardio-vasculaire et l'extrême degré de précision exigée dans telle chirurgie ont créé un grand besoin de développer des systèmes de chirurgie guidée par l'image (IGS), bien sophistiqués et surtout munis d'applications performantes de recalage. Ces dernières doivent être capables de fournir au cardio-chirurgien, en *temps-réel*, une représentation plus réaliste et plus précise du cœur de son patient sur la table d'intervention, intégrant les données morphologiques, fonctionnelles et dynamiques pré- et per-opératoire.

Dans ce présent travail, nous proposons un nouvel algorithme de recalage automatique per-opératoire *temps-réel* IRM 3D/US 3D, par modèle bio-mécanique, à la fois rapide pour qu'il soit adapté au domaine chirurgical, et réaliste dans le sens où les déformations qu'il calcule soient proches aux déformations réelles. Cet algorithme intègre dans une même plateforme parallèle une implémentation de l'algorithme ***block-matching*** avec un modèle bio-mécanique du cœur discrétisé à l'aide de ***MMT viscoélastique non-linéaire***. Pour une bonne initialisation et pour une convergence rapide du système, nous procédons à une phase initiale de recalage rigide par une méthode robuste.

Deux propriétés essentielles caractérisent l'algorithme décrit : la généralité (il est applicable à n'importe quelle chirurgie et avec tous les lois mécaniques), et la prise en compte de changement de topologie. Ces deux propriétés sont héritées de MMT.

Après avoir testé l'algorithme présenté sur des images réelles, nous démontrons qu'il fournit des résultats satisfaisants dans le sens où il peut couvrir de grandes déformations, avec une meilleure précision visuelle. En effet, quoique nous n'ayons pas pu actuellement exploiter toutes les performances de l'algorithme, l'utilisation des méthodes testées et validées (comme le *block-matching*, et le MMT visco-élastique non-linéaire), nous permet de présumer théoriquement qu'il répond bien aux contraintes imposées par le milieu chirurgical : faisabilité en *temps-réel*, précision et robustesse.

Abstract

The current tendency towards the mini-invasively surgery, robotically-assisted surgery, and the telesurgery in cardiovascular field , and the very high degree of accuracy required in such surgery created a big need to develop image-guided surgery systems (IGS). These ones must be well sophisticated and especially able to perfect preferment registration processes in the aim of providing to the cardio-surgeon, in *real-time*, more realistic and more accurate representation of the patient's heart on the operating table, in which both morphological, functional and dynamic pre-and per-operating data are integrated.

In this work, we propose a new automatic intra-operative *real-time* IRM 3D / US MRI registration algorithm, using a patient-specific biomechanical model, at once fast to be suitable for surgical use, and realistic in which way that calculated deformations are close to the real ones. This algorithm integrates into the same parallel platform an implementation of the *block-matching* algorithm with a biomechanical model of patient heart discretized with the non-linear visco-elastic MMT. For a good initialization and fast system convergence, we proceed to an initial phase of rigid registration using robust method.

Two main properties characterize the described algorithm: the first is that it is enough generic to be applied to any kind of surgery and for all mechanical behaviors, and the second one is that it takes into account topology change. Those two proprieties are inherited from the MMT.

The algorithm has been tested on real IRM and US images. The results show a good visual accuracy and a big ability to recover large displacements. However, we are not actually able to exploit all algorithm performances, the use of well-tested and validated methods (such as *block-matching* and non-linear visco-elastic MMT) allow us to theoretically presume that this algorithm could satisfy the three constraints imposed by surgical environment: speed, accuracy, and robustness.

Remerciements

Je tiens d'abord à adresser ma plus sincère gratitude à mon encadreur Djamel Eddine Saidouni pour m'avoir bien accueilli dans son équipe et pour avoir accepté de m'encadrer malgré toutes les difficultés rencontrées. Je lui suis particulièrement reconnaissante pour la confiance et l'autonomie qu'il m'a accordées. Mes remerciements les plus vifs vont aussi à Mohamed Benmohamed pour sa sympathie et pour m'avoir aidé à initier ma recherche, ainsi que pour son encadrement remarquable tout le long de ce modeste mémoire. Je le remercie aussi pour m'avoir fait l'honneur d'être président de mon jury de mémoire. Je n'oublie jamais que c'est grâce à Dieu tout-puissant et à l'aide de Djamel Eddine Saidouni et Mohamed Benmohamed que ce travail a pu commencer et il a pu finalement s'achever.

J'exprime ensuite ma profonde gratitude aux membres de jury : Chicki Salim et Allaoua Chaoui d'avoir accepté la fastidieuse tâche d'examiner mon mémoire. Je les remercie aussi pour leur gentillesse et leurs mimiques toujours souriantes dès notre première année magister.

Je tiens également à remercier infiniment Issam Aib, D.R. Cheriton School of Computer Science, université de Waterloo, Canada, qui était sans exagération mon portail vers toute bibliothèque scientifique là où se trouve un article que j'ai besoin. C'est grâce à lui que j'ai pu avoir accès à la majorité des références utilisées dans ce mémoire.

J'aimerais aussi exprimer mes remerciements à Ammar Mechouche de l'équipe Visage précédemment, et de laboratoire COGIT, Institut Géographique National de Paris actuellement, pour ses conseils et ses orientations au tout début de ce travail, concernant la méthodologie de recherche dans le domaine de l'imagerie médicale. Je le remercie énormément pour avoir inauguré ma bibliothèque par des livres et des documents très précieux sur le domaine de ma recherche.

Je remercie très vivement Raouf Kouras, magister en énergétique, université M'Hamed Bougara de Boumerdes, qui m'a facilité l'assimilation des concepts de génie mécanique que j'ai utilisés dans ce mémoire.

Un grand merci va également à Maxime Sermesant, de l'équipe Asclepios de l'INRIA, pour avoir bien répondu à mes emails en m'accordant la permission d'utiliser les images de l'INRIA, et aussi pour ses orientations.

Merci à tous les membres de mon équipe au service d'hématologie, CHU de Constantine, de sommet à la base, pour leur patience avec moi, leur aide et leur soutien permanent. Merci aussi à tous les membres de département de l'informatique, Université Mentouri,

Constantine, de sommet à la base, pour leur compréhension, leur support, et leurs encouragements. Merci à mes amies et mes collègues dans ces deux territoires.

Je ne pourrai clore ces remerciements sans dire un mot à ma famille : cher père, chère mère, chers frères et sœurs, je vous ai pas laissé en dernier car vous êtes les deniers, mais car votre contribution dans ce modeste mémoire est tout à fait particulière au point où je risquerai de ne rappeler personne si je commence par vous remercier, merci et mille grand MERCI à vous tous.

Table des matières

Introduction générale	1
Chapitre 1 : Problème de recalage d'images	6
1.1 Définition naturelle et flash sur l'état de l'art.....	7
1.2 Etapes de recalage.....	8
1.3 Définition mathématique (formelle)	9
1.4 Classification des différentes méthodes de recalage.....	13
1.4.1 Les structures homologues	15
1.4.2 La fonction ou le critère de similarité.....	18
1.4.3 Le modèle de transformation.....	35
1.4.4 Les stratégies d'optimisation.....	49
Chapitre 2 : Domaine applicatif	52
Introduction	53
2.1 Le cœur	54
2.1.1 Description anatomique.....	54
2.1.2 Fonctionnement du cœur.....	56
2.1.3 Electrophysiologie.....	57
2.1.4 Biomécanique du myocarde	59
2.2 Modalités d'imagerie cardiaque	59
2.2.1 IRM	59
2.2.2 Echocardiographie (US).....	62
2.2.3 Imagerie interventionnelle.....	64
2.3 Modélisation cardiaque.....	67
2.3.1 Modélisation de l'anatomie cardiaque.....	69
2.3.2 Modélisation de l'activité électrique du cœur.....	73
2.3.3 Modélisation du comportement mécanique du myocarde et le couplage électromécanique	74
2.4 Recalage per-opérateur : état de l'art.....	77
Conclusion.....	80

Chapitre 3 : Modèle des masses-tenseurs (MMT) viscoélastique non-linéaire	82
Introduction :.....	84
3.1 Eléments de base de mécanique des milieux continus	85
3.1.1 Définitions élémentaires et notations.....	85
3.1.2 Description des milieux continus.....	87
3.1.3 Cinématique des milieux continus - Tenseurs des déformations.....	91
3.1.4 Efforts extérieurs - Efforts intérieurs	94
3.1.5 La dynamique des milieux continus - Equations du mouvement.....	97
3.1.6 Loi de comportement / Relation contraintes-déformations	99
3.1.7 Résoudre un problème de mécanique d'un MC.....	99
3.1.8 Les modèles élastiques.....	101
3.1.9 Les modèles fluides.....	107
3.1.10 Théorie de la Viscoélasticité.....	109
3.1.11 La biomécanique.....	112
3.2 MMT élastique linéaire.....	113
3.2.1 Modèle de masses-ressorts MMR	113
3.2.2 Modèle des éléments finis MEF	115
3.2.3 MMT élastique linéaire.....	117
3.3 MMT viscoélastique non-linéaire.....	125
3.3.1 La non-linéarité physique	126
3.3.2 L'ajout de la composante fluide	129
3.3.3 L'expression finale de force intérieure dans le MMT viscoélastique non-linéaire	130
3.3.4 Equation dynamique et intégration temporelle.....	131
3.3.5 Forme générale de l'algorithme.....	132
3.6 Les points forts de MMT viscoélastique non-linéaire	135
Conclusion.....	135
Chapitre 4 : Algorithme de recalage per-opérateur par MMT visco-élastique non-linéaire	137
Introduction	138
4.1 Analogie entre le problème de recalage et les modèles biomécaniques.....	139

4.2	Description du nouvel algorithme de recalage per-opérateur IRM 3D/US 3D par modèle viscoélastique non-linéaire	142
4.2.1	Phase pré-opérateur.....	144
4.2.2	Phase per-opérateur.....	170
4.3	Parallélisation.....	184
4.3.1	Notion <i>temps-réel</i> dans le recalage per-opérateur.....	184
4.3.2	Quel hardware utilisé : machines multiprocesseurs à mémoire partagée vs machines à mémoires distribués.....	185
4.3.3	Quel software utilisé	186
4.3.4	Version parallélisée de l'algorithme d'appariement des blocs	188
4.3.5	Version parallélisée de l'algorithme de résolution itérative du système d'équations dynamiques	190
4.4	Implémentation	192
4.4.1	Environnement de programmation.....	192
4.4.2	Mise au point des paramètres.....	201
4.5	Résultats expérimentaux et discussion	202
	Conclusion générale et perspectives	206
	Bibliographie.....	210

Liste des figures

<i>Figure 1.1 - Pourcentage d'articles traitant du recalage publiés dans le journal «IEEE Transactions on Medical Imaging» au cours des dernières années jusqu'à 2003.</i>	<i>8</i>
<i>Figure 1.2 - Schéma classique de recalage.</i>	<i>11</i>
<i>Figure 1.3 - Histogramme conjoint de deux IRM cérébrales (coupes coronales représentées) calculé pour deux transformations différentes. Le patient souffre d'une production anormalement élevée de liquide céphalo-rachidien, ce qui explique la variation de volume des ventricules entre deux acquisitions. Repris de Roche [39].</i>	<i>25</i>
<i>Figure 1.4 - Histogramme conjoint d'un couple scanner/IRM (coupes axiales) calculé pour deux transformations différentes. Repris de Roche [39].</i>	<i>25</i>
<i>Figure 1.5 - Histogramme conjoint objectivant une relation d'identité.</i>	<i>26</i>
<i>Figure 1.6 - Histogramme conjoint objectivant une relation affine.</i>	<i>27</i>
<i>Figure 1.7 - Histogramme conjoint objectivant une relation fonctionnelle.</i>	<i>29</i>
<i>Figure 1.8 - Histogramme conjoint objectivant une relation de dépendance statistique.</i>	<i>30</i>
<i>Figure 1.9 - L'entropie, l'entropie conjointe et l'information mutuelle pour deux images A et B.</i>	<i>33</i>
<i>Figure 1.10 - Exemples synthétiques illustrant l'effet de différents types de transformations en 2D. Prise de Maintz&Viergever [8].</i>	<i>37</i>
<i>Figure 2.1 - Coupe longitudinal du cœur.</i>	<i>55</i>
<i>Figure 2.2 - Topologie des cellules nodales.</i>	<i>56</i>
<i>Figure 2.3 - Petite et grande circulation.</i>	<i>57</i>
<i>Figure 2.4 - Propagation du signal électrique.</i>	<i>58</i>
<i>Figure 2.5 - Appareillage de l'RM.</i>	<i>61</i>
<i>Figure 2.6 - Image par IRM cardiaque (vue axiale).</i>	<i>62</i>
<i>Figure 2.7 - Examen écho-cardiographique.</i>	<i>62</i>
<i>Figure 2.8 - Image écho-cardiographique montrant les 4 cavités (cerclés par le rouge).</i>	<i>63</i>
<i>Figure 2.9 - Appareillage de l'IRM interventionnelle de Brigham and Women's Hospital, USA (0.5 T).</i>	<i>65</i>
<i>Figure 2.10 - Sonde de l'ETO (la poignée et le bout interne sont cerclés).</i>	<i>66</i>
<i>Figure 2.11 - Schéma synthétique montrant la position de la sonde par rapport au cœur.</i>	<i>67</i>
<i>Figure 2.12 - Géométrie moyenne du cœur à partir des images IRM. disponible sur http://www-sop.inria.fr/asclepios/data/heart</i>	<i>70</i>
<i>Figure 2.13 - Maillage tétraédrique bi-ventriculaire (40 000 éléments, 7 000 nœuds), réalisé à l'UCSD à partir des données de dissection Interpolées. Prise de Peyrat [168].</i>	<i>70</i>
<i>Figure 2.14 - Directions des fibres attribuées au maillage du cœur à partir des mesures de dissection interpolées, UCSD.</i>	<i>71</i>

<i>Figure 2.15 - Directions des fibres obtenues à partir des images DTA-MR. Prise de Peyrat [167], disponible sur http://www-sop.inria.fr/asclepios/data/heart .</i>	72
<i>Figure 2.16 - Zones anatomiques obtenues à partir de la segmentation de la paroi cardiaque réalisée par le Visible Human Project, attribuées au maillage. Basal left endocardial ventricle (A), basal septum (B), dorsobasal left epicardial ventricle (C), basal right ventricle (D), basal left epicardial ventricle (E), apical right ventricle (F), apical left epicardial ventricle (G). Prise de Sermesant [181].</i>	72
<i>Figure 2.17 - Schéma simplifié du modèle de Hill-Maxwell. Ec : élément contractile, Ep : élément passif.</i>	75
<i>Figure 2.18 - Isochrones d'activation après un cycle complet de dépolarisation : simulation du modèle basé sur les données de UCSD. ms : milliseconde.</i>	76
<i>Figure 2.19 - Effet de couplage électromécanique sur le maillage volumique, simulant l'effet de la contraction des fibres. Prise de Ayache [163].</i>	77
<i>Figure 3.1 - La relation entre les quatre entités physiques.</i>	86
<i>Figure 3.2 - Processus de déformation du corps Ω.</i>	87
<i>Figure 3.3 - Le vecteur de déplacement.</i>	88
<i>Figure 3.4 - Déplacement de deux points dans un MC déformable.</i>	91
<i>Figure 3.5 - Tenseur des contraintes.</i>	96
<i>Figure 3.6 - Imposer des forces extérieures sur une partie de surface.</i>	100
<i>Figure 3.7 - Imposer des déplacements sur une partie de surface.</i>	100
<i>Figure 3.8 - Modèle de Maxwell.</i>	110
<i>Figure 3.9 - Modèle de Voigt-Kelvin.</i>	111
<i>Figure 3.10 - Modèle de masses-ressort.</i>	114
<i>Figure 3.11 - Exemples d'éléments finis à 2D et 3D.</i>	119
<i>Figure 3.12 - Les coordonnées barycentriques.</i>	120
<i>Figure 3.13 - Interpolation linéaire ou quadratique sur un élément fini.</i>	121
<i>Figure 3.14 - Principe utilisé pour introduire la non-linéarité physique.</i>	128
<i>Figure 3.15 - Forme générale de l'algorithme MMT.</i>	134
<i>Figure 4.1 - Schéma décrivant le processus de recalage par modèle bio-mécanique sur une image du cœur.</i>	140
<i>Figure 4.2 - Vue coronale d'une image IRM 3D d'un cœur sain en MD (L : left, R : right, S : superior, I : inferior. Prise de Linte [268].</i>	144
<i>Figure 4.3 - Image IRM 3D du cœur téléchargée de site http://gforge.inria.fr/frs/?group_id=731&release_id=1127 , et visualisée par CardioViz3D avec ses trois coupes : axiale, sagittale et coronale.</i>	146
<i>Figure 4.4 - Coupe d'une image US 3D per-opératoire d'un cœur en MD. La couleur en jaune correspond aux orifices des 2 valves mitrale et aortique. Prise de Linte [220].</i>	147
<i>Figure 4.5 - Coupe coronale de l'image US 3D de S. Barré.</i>	147

Figure 4.6 - diffusion anisotrope sur une image US 3D de S. Barré. Gauche : image original. Droite : après diffusion anisotrope, (le rehaussement des contours est évident)....	148
Figure 4.7 - Résultat fourni par l'algorithme de recalage rigide à fonction probabiliste. Haut : 1-Gauche : Image IRM du cerveau, 2-Droite : US per-opérateur image de cerveau. Bas : 1-Gauche : extraction des structures hyper-échogène de l'image IRM par l'opérateur $\mathbf{M}l\mathbf{v}\mathbf{v}$. 2-Droite : Résultat de recalage rigide par l'algorithme à fonction probabiliste de Coupé. Prise de Coupé [202].....	151
Figure 4.8 - Recalage rigide. Haut : 1-Gauche : image US 3D (IUS1). 2-Droite : image IRM 3D du cœur avant recalage (I_{IRM}). Bas : résultat de recalage rigide par \hat{T} (rotation + translation).	152
Figure 4.9 - Gauche : image IRM 3D du cœur avant recalage. Droite : la même image IRM 3D après recalage rigide (rotation + translation). Nous avons changé la couleur de $I_{IRM}(\hat{T})$ qui est en échelle de gris pour une meilleure visibilité de résultat de recalage.....	154
Figure 4.10 - Résultat de segmentation de $I_{IRM}(\hat{T})$ par seuillage binaire, suivie d'un lissage par des opérations de morphologie mathématique (attribution de couleur noire pour tous les voxels contenus dans la zone segmentée pour meilleure visibilité).	155
Figure 4.11 - Image volumique de surface triangulée du myocarde générée par l'algorithme « marching-cubes », après optimisation et lissage.	155
Figure 4.12 – Gauche : coupe axiale au niveau de l'image $I_{IRM}(\hat{T})$. Droite : coupe axiale au niveau de son surface triangulée.	155
Figure 4.13 – L'image $I_{IRM}(\hat{T})$, supportée par le maillage tétraédrique $\mathcal{M}_{initial}$	156
Figure 4.14 - Coupe axiale au niveau de maillage tétraédrique $\mathcal{M}_{initial}$	157
Figure 4.15 - Tétraèdre isolé (l'élément le plus petit du maillage tétraédrique).	157
Figure 4.16 - Schéma décrivant l'étape de construction du maillage	158
Figure 4.17 - Elimination du composant contractile du modèle de Hill-Maxwell. Ec : élément contractile, Ep : élément passif.	159
Figure 4.18 - Schéma décrivant le processus de construction du modèle bio-mécanique.	164
Figure 4.19 - Pepiline de la phase pré-opérateur.	168
Figure 4.20 - Pré-calculs à utiliser dans la phase per-opérateur.	169
Figure 4.21 - L'algorithme d'appariement des blocs.	172
Figure 4.22 - Illustration de la stratégie d'appariements des blocs. Gauche : $I_{IRM}(\hat{T})$ (supportée par $\mathcal{M}_{initial}$) avec un bloc sélectionné $\mathbf{B}(\mathbf{O}_k)$, droite : I_{US2} (per-opérateur). Avec un voisinage $\mathcal{V} = (2\mathcal{V}_x, 2\mathcal{V}_y, 2\mathcal{V}_z)$ et un pas $\mathbf{e} = (\mathbf{e}_x, \mathbf{e}_y, \mathbf{e}_z)$, $\mathbf{B}(\mathbf{O}_k)$ (rouge) et $\mathbf{B}(\mathbf{O}_k')$ (vert) sont appariés.	173
Figure 4.23 - Etape de désignation des conditions initiales et conditions aux limites.	177
Figure 4.24 - L'algorithme de résolution locale et itérative du système d'équations dynamiques.	178
Figure 4.25 – Algorithme de calcul des forces visco-élastique non-linéaire.	179
Figure 4.26 - Recalage par modèle bio-mécanique.	182

<i>Figure 4.27 - Résultat final de l'algorithme de recalage par modèle bio-mécanique présenté: $I_{IRM}(\mathbf{T}_{deform}(\hat{\mathbf{T}}))$ superposée sur I_{US2}.</i>	182
<i>Figure 4.28 - Pipeline de la phase per-opératoire.</i>	183
<i>Figure 4.29 - Schéma d'implémentation OpenMP/MPI adoptée.</i>	187
<i>Figure 4.30 - Version parallélisée de l'algorithme d'appariement des blocs.</i>	189
<i>Figure 4.31 - Désignation parallèle des conditions initiales et conditions aux limites.</i>	190
<i>4.32 – Algorithme parallèle de résolution itérative et locale du système d'équations dynamiques</i>	191
<i>Figure 4.33 - Les éléments de l'interface graphique.</i>	198
<i>Figure 4.34 – Ouverture des images IRM et US.</i>	199
<i>Figure 4.35 - Capture d'écran après lancement de recalage rigide.</i>	200
<i>Figure 4.36 - Capture d'écran après lancement de recalage visco-élastique non-linéaire.</i>	201
<i>Figure 4.37 - Cinq courbes expérimentales indépendantes (en bleu) et les courbes obtenues par simulation (en rouge). La superposition de courbes rouge sur les courbes bleues est évident. Prise de Schwartz [154].</i>	204

Listes des tableaux

<i>Tableau 1.1 - Classification de méthodes de recalage selon la cardinalité des attributs modalité/sujet avec quelques exemples d'applications rencontrées.</i>	14
<i>Tableau 1.2 - Différentes fonctions radiales.</i>	44
<i>Tableau 4.1 - Les fonctions $\delta\lambda(\mathbf{R})$ et $\delta\mu(\mathbf{R})$ utilisées dans l'algorithme décrit.</i>	202

Notations et abréviations utilisées

I_{ref}	image référence
I_{dest}	Image destination
Ω_{ref}	structure homologue dans l'image référence
Ω_{dest}	structure homologue dans l'image destination
D_{ref}	domaine de définition de Ω_{ref}
D_{dest}	domaine de définition de Ω_{dest}
\hat{T}	Transformation optimale
SDC	somme des différences au carrée
SDA	somme des différences en valeurs absolues
CC	coefficient de corrélation
IM	Information mutuelle
I_{US}	image échographique
I_{IRM}	image IRM
$I_{IRM}(\hat{T})$	image IRM après tranformation \hat{T}
$\mathcal{M}_{initial}$	maillage initial
E_c	élément contractile
E_p	élément passif
MMC	mécanique des milieux continus
σ_{ij}	tenseur des contraintes de Cauchy
ε_{ij}	tenseur des déformations de Green-Lagrange
MMT	modèle des masses-tenseurs
α_i	coordonnée barycentrique i
V	volume d'un tétraèdre
u_i	vecteur de déplacement du sommet i
\dot{u}_i	vecteur d'accélération du nœud i
\ddot{u}_i	vecteur de vitesse du nœud i
λ, μ	coefficients de Lamé
$\delta\lambda(R), \delta\mu(R)$	correctif non-linéaire
η	Viscosité
R	mesure de déformation (rapport moyen)
\mathbf{f}_i	force intérieure au niveau du nœud i
K_{ij}	tenseur de raideur
K_{ij}'	tenseur de raideur non-linéaire

K_{ij}^v	tenseur de viscosité
$K_{ij}^{T_k}$	tenseur de raideur associé au tétraèdre T_k
$K_{ij}^{v T_k}$	tenseur de viscosité associé au tétraèdre T_k
$N(i)$	ensemble des nœuds adjacents au nœud i
ρ_i	masse associé au nœud i
c_i	coefficient d'amortissement associé au nœud i
A_{ij}, B_{ij}	tenseurs de correction non-linéaire
$A_{ij}^{T_k}, B_{ij}^{T_k}$	tenseurs de correction non-linéaire associés au tétraèdre T_k
$\mathcal{M}_{initial}$	maillage initial
$B(O_k)$	Bloc d'origine O_k
\mathcal{U}	taille de voisinage de recherche dans le <i>block-matching</i>
P	pas de recherche dans le <i>block-matching</i>

Introduction générale

Contexte et motivations :

L'imagerie médicale a connu ces dernières années un essor important, contemporain avec l'évolution des techniques de traitement numérique d'image et l'avènement de l'informatique appliquée à la médecine.

Ainsi de nombreuses modalités d'imagerie médicale ont vu le jour permettant de rendre le corps humain quasi-transparent aux cliniciens dans ses deux aspects : statique et dynamique. Elles offrent la possibilité de l'explorer en 2D, 3D et en 4D. Certains examens décrivent les structures *anatomiques* du corps comme l'IRM¹, le scanner X², et l'échographie. D'autres fournissent des données *fonctionnelles ; métaboliques* comme la TEP³, la scintigraphie, la SPET⁴, ou *électro-physiologiques* comme l'EEG, l'ECG, et l'EMG. Mais aucune modalité, si précise soit elle, ne suffit à elle seule de décrire parfaitement l'objet ou l'organe imagé. Ce dernier but n'est obtenu partiellement qu'à travers une synthèse visuelle et mentale faite par un médecin expérimenté qui maîtrise cet art. Cela a créé un besoin de développer des techniques pour combiner les images provenant des modalités différentes afin de compléter les lacunes propres à chaque modalité et avoir une vue anatomo-fonctionnelle complète pour un organe donné. Les efforts réalisés dans ce volet ont délivré le concept de ***fusion d'images en multi-modalité*** ou ***inter-modalité***. La fusion d'images en multi-modalités se définit comme étant *la mise en correspondance spatiale de plusieurs images d'une même scène provenant de différentes sources* (Jégou [1]). Pour pouvoir réaliser cette tâche, il faut que ces images soient définies dans un même référentiel, ce qui est une condition impossible à satisfaire avec des dispositifs d'acquisition séparés. Le processus qui permet de passer d'un repère géométrique d'une image à celui de l'autre s'appelle ***le recalage***. Ce dernier désigne *l'alignement spatial de deux images ou plus au biais des transformations géométriques estimées optimales dans le sens de certaine mesure de similarité*.

Les applications de fusion d'images ainsi réalisées englobent une grande multitude de méthodes et d'algorithmes selon la nature de l'image et le but recherché. Le recalage, étant

¹ Imagerie par Résonance Magnétique

² Tomodensitométrie

³ Tomographie par Émission de Positons

⁴ Single Photon Emission Computed Tomography (Tomographie d'émission par photon)

l'étape clé dans le processus de fusion d'images, a été toujours un champ fertile pour les chercheurs de différents domaines : informatique, électronique, médecine et radiologie.

Parlant de la chirurgie guidée par l'image, les techniques de recalage ont y fortement trouvé leurs applications où la contrainte *temps-réel* constitue un défi majeur. Grâce à une meilleure connaissance anatomo-fonctionnelle multi-modale pré-opératoire combinée avec des données recueillies en per-opératoire (par vidéo, US), le chirurgien sera en mesure de mieux planifier l'acte opératoire, bien localiser la région d'intérêt et connaître ses rapports avec le voisinage. Cela ouvre largement les portes devant les techniques de la chirurgie assistée par robot, la chirurgie micro-invasive, et la télé-chirurgie.

Les ambitions des chercheurs pour atteindre cette finalité ont mené au concept de *model updating strategy*, conduisant à un meilleur guidage de l'acte opératoire par réalité augmentée. Elle consiste à créer un modèle pré-opératoire propre au patient (patient virtuel) ou à l'organe d'intérêt par combinaison de plusieurs images provenant des modalités différentes. Et au cours de l'intervention, des techniques de recalage *temps-réel* superposent ce modèle pré-opératoire au patient offrant ainsi au chirurgien une image 3D actualisée par les éventuelles déformations et déplacements des organes durant l'intervention. Le moteur clé de cette stratégie est le recalage per-opératoire par modèle déformable.

Les solutions proposées s'intéressent en majorité à la neurochirurgie et à moindre degré à l'orthopédie du fait de la nature rigide des os leurs permettant d'être des repères fiables pour le processus de recalage per-opératoire, contrairement au cas de chirurgie cardiaque. En effet, la cinétique autonome du cœur ainsi que les mouvements des organes induits par la respiration sont à l'origine d'une différence significative entre les images en pré-opératoire et l'état réel en per-opératoire, ce qui rend le recours au recalage une nécessité plus déclarée durant la chirurgie sur le cœur que sur les autres organes, cela pour pouvoir rapporter les déformations per-opératoires sur les images pré-opératoires. Malgré ce besoin exprimé par les cardio-chirurgiens, le domaine de la chirurgie cardiaque souffre d'une grande efficacité en matière de recalage per-opératoire, notamment les techniques de recalage non-linéaire.

Le présent travail s'inscrit dans ce cadre, proposant un nouvel algorithme de recalage automatique per-opératoire *temps-réel*, multi-modal IRM 3D/US 3D, par modèle bio-mécanique, appliquée à la chirurgie cardiaque, répondant plus ou moins aux trois contraintes qu'exige le domaine chirurgical (Clatz [2]):

- **La vitesse :** l'algorithme doit être suffisamment rapide pour ne pas perturber le cours de l'opération (contrainte *temps-réel*).
- **La robustesse :** l'algorithme de recalage ne doit pas être affecté par les artefacts, ou par la présence d'une cavité de résection dans les images.

- **La précision** : la transformation estimée doit refléter le mouvement physique réel de l'organe, sous-forme d'un champ des déplacements dense et lisse.

En effet, le travail présenté dans ce manuscrit porte deux contributions essentielles : la conception d'un modèle bio-mécanique réaliste du cœur conforme avec les lois régissant le tissu myocardique et capable de reproduire le comportement myocardique réel en *temps-réel*, **et** l'intégration de ce modèle dans une plateforme parallèle avec l'algorithme de *block-matching*, pour calculer un champ des déplacements dense et lisse recalant en *temps-réel* chaque point anatomique dans l'image IRM 3D pré-opératoire sur son homologue dans l'image US 3D per-opératoire.

Comme la bio-mécanique objective que le myocarde exhibe un comportement visco-élastique non-linéaire, le réalisme de modèle à concevoir dans la première contribution est atteint par la prise en compte de ce comportement. La formulation de visco-élasticité non-linéaire est inspirée de MMT de Schwartz, réalisé dans le cadre de simulation des applications chirurgicales sur le foie, car ce dernier a prouvé son efficacité en répondant aux contraintes de vitesse et de précision

La deuxième contribution est d'intégrer dans une plateforme parallèle le modèle cardiaque conçu avec la stratégie de *block-matching*, pour calculer finalement un champ des déplacements dense recalant en *temps-réel* chaque point anatomique dans l'image destination sur son homologue dans l'image référence.

L'idée générale derrière la deuxième contribution est de calculer dans un environnement *parallèle* un champ des déplacements épars initial entre les deux images IRM 3D et US 3 par une stratégie de *block-matching*. Puis estimer la déformation totale recalant en *temps-réel* l'image IRM 3D pré-opératoire sur l'image US 3D per-opératoire par une résolution itérative du système d'équations dynamiques sous-jacent au modèle bio-mécanique visco-élastique non-linéaire conçu, en imposant le champ des déplacements épars initial comme conditions aux limites et/ou conditions initiales.

Pour une bonne initialisation et une convergence rapide du système, nous précédonc le raclage non-rigide, par une phase initiale de recalage rigide en adoptant une méthode jugée robuste et précise : recalage rigide par fonction probabiliste.

Malgré que le domaine applicatif est la chirurgie cardiaque, nous pouvons dire que l'algorithme est suffisamment générique pour pouvoir être utilisée dans tous les domaines chirurgicaux, car sa conception ne présage pas de spécificité de domaine de chirurgie cardiaque. Aussi, le modèle visco-élastique non-linéaire est conçu de sorte qu'il puisse contourner toutes les lois mécaniques, de l'élasticité linéaire à la visco-élasticité non-linéaire.

L'utilisation de MMT confère à l'algorithme une propriété importante dans le domaine de recalage : la prise en compte de changement de topologie, ce qui le rend flexible en permettant de présenter les incisions et les déchirures qui résultent sur le tissu myocardique durant l'intervention chirurgicale.

Organisation du document :

Ce mémoire se divise en quatre chapitres. Dans le premier chapitre nous introduisons les concepts de base de recalage d'images ainsi qu'un état de l'art. Le deuxième chapitre est consacré au domaine applicatif, où nous présentons une description détaillée de l'anatomie du cœur ainsi que son fonctionnement, son électro-physiologie et sa biomécanique. Nous y passons brièvement sur les différentes modalités en imagerie cardiaque, puis nous mettons la lumière sur les principes physiques de l'IRM et l'US 3D et les actualités de l'imagerie interventionnelle. La modélisation cardiaque est abordée en détail dans ce chapitre que nous clorons par un état de l'art sur les approches de recalage per-opératoire et les techniques de recalage ainsi élaborées jusqu'à l'heure actuelle dans le domaine de l'imagerie cardiaque et la chirurgie cardio-vasculaire, et spécifiquement dans le recalage IRM/US. Dans le troisième chapitre, nous décrivons le modèle des masses-tenseurs (MMT) viscoélastique non-linéaire de Schwartz tout en montrant ses points forts qui justifient notre choix, et ceci après faire introduire les éléments de base de la mécanique des milieux continus. Le quatrième chapitre présente le nouvel algorithme sur toutes ces étapes, en décrivant les deux contributions. Nous abordons les détails de l'implémentation ainsi que les résultats expérimentaux obtenus dans ce même chapitre. Une conclusion générale et plusieurs perspectives viennent clore ce mémoire.



« Si l'esprit d'un homme s'égare, faites-lui étudier les mathématiques car dans les démonstrations, pour peu qu'il s'écarte, il sera obligé de recommencer » ,

Francis Bacon.

Chapitre 1 : Problème de recalage d'images

Sommaire

1.1	Définition naturelle et flash sur l'état de l'art.....	7
1.2	Etapes de recalage.....	8
1.3	Définition mathématique (formelle)	9
1.4	Classification des différentes méthodes de recalage.....	13
1.4.1	Les structures homologues	15
1.4.2	La fonction ou le critère de similarité.....	18
1.4.3	Le modèle de transformation.....	35
1.4.4	Les stratégies d'optimisation.....	49

Dans un premier temps, nous essayons de familiariser le lecteur avec les concepts liés au recalage, vu comme un problème général puis nous nous focalisons sur le recalage dans le domaine de l'imagerie médicale, en fournissant un état de l'art.

1.1 Définition naturelle et flash sur l'état de l'art

Le problème de recalage se pose toute fois qu'il y a nécessité de mettre en correspondance plusieurs images pour avoir une information composite. Son objectif est de trouver la transformation mettant en relation l'information contenue dans une image et sa correspondante dans l'autre image. Zitová [3] le définit comme étant « *l'alignement spatial de deux ou plusieurs images concernant la même scène qui peuvent être prises à des moments différents, à travers des vues différentes, et/ou par des modalités différentes* ». Certains confondent la notion de recalage avec celle de fusion d'images. En effet la fusion d'images comporte deux étapes essentielles : le recalage qui est le cœur de toute application de fusion, et la visualisation des résultats (Jégou [1]). Les techniques de la visualisation ne seront pas abordées dans ce présent travail.

Cette spécificité du recalage l'a rendu un outil essentiel en traitement d'image au sens large et pas seulement en imagerie médicale. Ainsi ses applications ont largement envahi le domaine de l'imagerie satellitaire, la vision par ordinateur (reconnaissance des formes, estimation des mouvements, détection des changements), systèmes d'information géographiques, cartographie....., On note une grande tendance ces 10 dernières années des chercheurs appartenant à des disciplines variées vers le travail sur ce thème, ce qui a délivré un grand nombre des publications. Un dénombrement de telles publications fait par le journal IEEE (**Figure 1.1**) (Malandain [4]) reflète la fertilité et la vitalité de ce champ.

Certains auteurs se sont chargés à collecter, synthétiser, analyser et classifier les différentes techniques de recalage présentes dans la littérature malgré la lourdeur de cette tâche vue le nombre énorme et croissant des publications, la multitude des domaines d'application, et la vaste diversité des solutions originales traitant le problème de recalage. Zitová [3], Glasbey [4], Brown [6] ont publié des états de l'art plus ou moins exhaustifs. Gerlot [7], Maintz & Viergever [8], Maurer & Fitzpatrick [9], Van Den Elsen [10], Lester and S. R. Arridge [11] et Hill [12], se sont occupés de rapporter les travaux réalisés dans le domaine de l'imagerie médicale. Alors que Gilardi [13] et Mäkelä [14] se sont sacrifiés à l'étude des applications de recalage en imagerie cardiaque. La chirurgie guidée par l'image constitue quant à elle un champ fertile pour les applications de recalage, plusieurs auteurs se sont rattachés à ce domaine : Lavallée [15], Simon [16,17], Grimson [18, 19, 20], Hoff [21] et Miga [22].

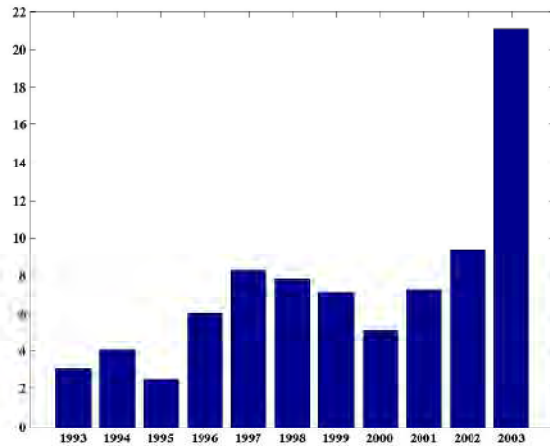


Figure 1.1 - Pourcentage d'articles traitant du recalage publiés dans le journal «IEEE Transactions on Medical Imaging» au cours des dernières années jusqu'à 2003.

En effet rapporter un état de l'art sur toutes les approches de recalage présentes dans la littérature est une tâche délicate qui sort du cadre de ce travail. Ainsi, nous nous contenterons de mettre la lumière sur les méthodes les plus populaires et les plus utilisées.

1.2 Etapes de recalage

En essayant de raffiner un peu la définition précédente de recalage, on peut dire qu'il s'agit de calculer une **transformation spatiale** (mouvement linéaire ou déformation) **optimale**, qui **aligne** une image (image destination) avec une autre image (image référence) dans le sens d'une certaine mesure de similarité. L'image référence reste **fixe**, alors que l'image destination, doit subir les transformations (**mobile**).

Cela guide à diviser une procédure de recalage en quatre étapes quelque soit le domaine de l'application :

1 - Extraction des structures homologues (les attributs) : ce sont les repères sur lesquels le processus du recalage s'appuiera (contours, structures anatomique, points, lignes, surfaces, volumes..). Elles représentent des données pertinentes présentes dans les deux images référence et destination. Cette étape peut se faire d'une façon manuelle, semi-automatique ou automatique. On distingue deux types d'attributs : intrinsèques et extrinsèques. On note ici que le processus de recalage peut prendre en compte la totalité de l'image, en d'autre terme les structures homologues soient les images référence et destination elles-mêmes. Dans ce cas, cette première étape n'est plus nécessaire.

2 - Le choix d'une fonction de similarité : la fonction de similarité mesure le degré de ressemblance entre les structures homologues extraites dans la première étape. En d'autres

termes, elle permet d'évaluer la qualité de l'alignement. Ils existent des techniques qui utilisent des points de repère (dans ce cas la fonction de similarité est une mesure de distance) et celles qui exploitent l'image dans sa totalité.

3 - Le choix d'un modèle de transformation : ça revient à définir la classe des transformations spatiales (espace de recherche) que les attributs de l'image destination vont potentiellement subir dans le but de les aligner avec les mêmes attributs dans l'image référence. Les transformations peuvent être locales ou globales, linéaires ou non-linéaires.

4 - Le choix d'une stratégie d'optimisation : l'étape d'optimisation consiste à rechercher la meilleure transformation conduisant à une valeur de similarité maximale entre les structures homologues. En d'autres termes, c'est l'étape qui permet d'estimer les paramètres du modèle de transformation choisi durant la troisième étape, qui alignent mieux les structures homologues extraites dans la première étape au sens de la fonction de similarité choisie dans la deuxième étape. La plupart des méthodes d'optimisation existantes sont sous forme d'algorithmes itératifs.

1.3 Définition mathématique (formelle)

En ce qui suit, nous utiliserons les notations de Brown [6] et Barillot [23] pour formuler le problème de recalage:

Considérant I_{ref} et I_{dest} ; respectivement l'image référence et l'image destination.

Ω_{ref} et Ω_{dest} sont les structures homologues extraites respectivement de I_{ref} et I_{dest} (on rappelle qu'on peut avoir le cas où : $\Omega_{ref} \equiv I_{ref}$ et $\Omega_{dest} \equiv I_{dest}$).

Ω_{ref} et Ω_{dest} peuvent être définies comme deux fonctions :

$$\Omega_{ref} : D_{ref} \rightarrow R$$

$$\Omega_{dest} : D_{dest} \rightarrow R$$

Où D_{ref} et D_{dest} sont respectivement les domaines (les supports) de définition de Ω_{ref} et Ω_{dest} (ce sont des sous-ensembles de \mathbf{Z}^n si l'image est définie sur un domaine discret, de \mathbf{R}^n si le domaine est continu ($n = 2$ dans le cas d'images 2D, 3 dans le cas d'images 3D ou 2D+t et 4 dans le cas d'images 3D+t)).

Note : Ω_{ref} et Ω_{dest} peuvent être deux structures homologues ou deux ensembles de structures homologues.

Recaler I_{dest} sur I_{ref} revient à estimer d'abord une transformation T , non plus entre les deux images I_{ref} et I_{dest} , mais plutôt entre les deux structures homologues Ω_{ref} et Ω_{dest} .

La question qui se pose : la transformation T s'exerce sur les coordonnées des points ou sur leurs intensités ?

En effet, le processus de recalage consiste en une transformation spatiale avec respect des intensités (Brown[6]).

Ainsi, la transformation T peut s'écrire comme suit :

$T : D_{ref} \rightarrow D_{dest}$; associe à chaque point \mathbf{p} de Ω_{ref} les coordonnées $T(\mathbf{p})$ dans Ω_{dest} . La transformation T est recherchée parmi un ensemble de transformations \mathcal{T} (espace de recherche des transformations).

La transformation T est qualifiée optimale (dénotée \hat{T}) si elle permet de maximiser la mesure de similarité ou de ressemblance **Sim** entre les deux structures homologues Ω_{ref} et $\Omega_{dest}(T)$. Cela peut se résumer dans la formule (1.1) :

$$\hat{T} = \underset{T \in \mathcal{T}}{\mathit{arg\,max}} \mathit{Sim} (\Omega_{ref}, \Omega_{dest}(T)) \quad (1.1)$$

Une fois les paramètres de la transformation optimale sont calculés à partir de la mesure de similarité entre Ω_{ref} et $\Omega_{dest}(T)$, \hat{T} sera ensuite appliquée sur la totalité de l'image I_{dest} .

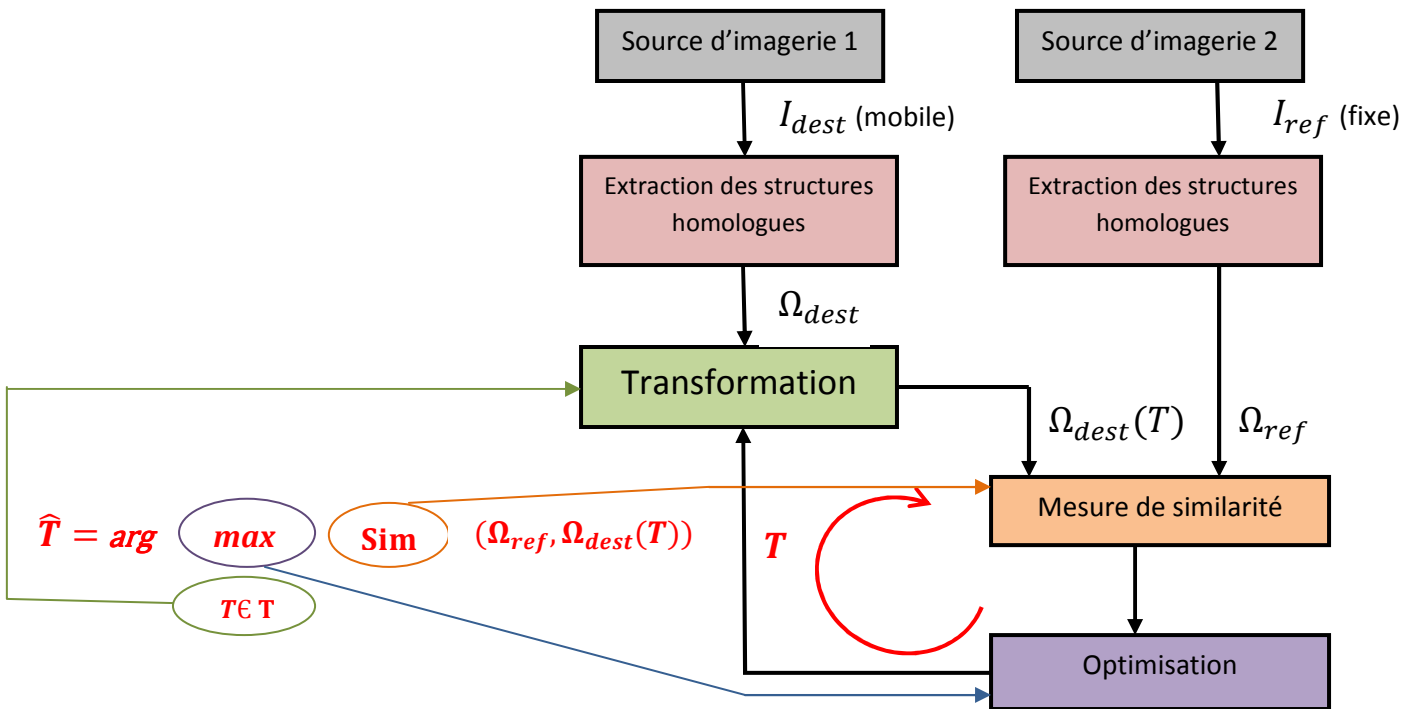


Figure 1.2 - Schéma classique de recalage.

Résultat final :

Deux images I_{ref} et $I_{dest}(\hat{T})$ en alignement spatial optimal

Remarque : $\Omega_{dest}(T) \equiv \Omega_{dest} \circ T$

$I_{dest}(T) \equiv I_{dest} \circ T$

En pratique, les images sont souvent sous forme des données discrètes dont le domaine de définition inclus dans \mathbf{Z}^n , c'est-à-dire un nombre fini de points discrets (pixel \rightarrow intensité), régulièrement répartis sur une grille rectangulaire de dimension n . Mais l'application de T sur Ω_{dest} et I_{dest} ne donnent pas forcément des points à coordonnées entières. Ce qui nécessite le recours aux **méthodes d'interpolation** pour pouvoir évaluer les

valeurs d'intensité des points à coordonnées non entières. Cela revient à étendre le domaine de I_{dest} à R_I^n .

Soit une image $I : Z_I^n \rightarrow R$, I_R étant l'extension de I sur R , peut s'écrire comme suit :

$$I_R : R_I^n \rightarrow R \text{ avec } I_R(p) = \begin{cases} I(p) & \text{si } p \in Z_I^n \\ \mathbf{f}(I(V(p))) & \text{si } p \in R_I^n \setminus Z_I^n \end{cases} \quad (1.2)$$

Où $V(p)$ sont les voisins de p dans Z^n , et \mathbf{f} est une fonction d'interpolation. La technique d'interpolation la plus utilisée est l'interpolation linéaire où l'intensité d'un point est calculée par la combinaison des intensités de ses voisins, affectées de poids dépendant linéairement de la distance au point considéré.

Dans le domaine médical, les points manipulés durant tout le processus de recalage sont tous des points anatomiques (Barillot [23]).

1.4 Classification des différentes méthodes de recalage

D'après la définition de Zitová [3], et selon la manière d'acquisition des différentes images à recaler, quatre principales classes s'en écoulent:

- 1- Méthodes recalant des images présentant différentes vues de la même scène : elles visent généralement à construire une représentation 3D à partir de plusieurs vues 2D.
- 2- Méthodes recalant des images prises aux moments différents (analyse multi-temporelle) : elles visent souvent à détecter les changements entre les acquisitions consécutives.
- 3- Méthodes recalant des images provenant des modalités différentes : cette classe représente la majorité des applications dans le domaine de l'imagerie médicale et c'est la classe qui nous intéresse.
- 4- Méthodes recalant des images d'une scène à un modèle de cette même scène : ici on superpose des images d'une scène sur un modèle de la même scène dans le but de localiser des régions d'intérêt dans les images sur le modèle, ou à titre de comparaison. Dans le domaine médical, le modèle peut être un Atlas d'anatomie (numérique), ou un modèle propre à un patient donné reconstruit à partir de plusieurs images sur ce patient provenant des différents examens. On note l'importance de cette modalité dans le territoire de la chirurgie guidée par l'image que nous détaillerons dans les sections prochaines.

Au fait, il existe plusieurs critères pour classer les techniques de recalage, donnant lieu ainsi à plusieurs classifications. La plus part des auteurs préfèrent adopter une classification selon les quatre étapes de recalage, en rapportant sous chaque étape les différentes approches élaborées pour l'implémenter, comme dans Zitová [3] et Gerlot [7]. Barillot [23] propose une classification selon la dualité modalité/sujet comme montré dans **Tableau 1.1** :

	Un Sujet (recalage intra-sujet)	Plusieurs Sujets (recalage inter-sujets)
Une Modalité	<ul style="list-style-type: none"> • Contrôle post opératoire • Suivi de pathologie • Suivi du traitement 	<ul style="list-style-type: none"> • Recalage avec un atlas • Segmentation guidée par un modèle • Normalisation partielle: <ul style="list-style-type: none"> - Construction d'atlas (de modèles) - Étude de pathologie au sein d'une population
Plusieurs Modalités	<ul style="list-style-type: none"> • Complémentarité entre sources d'images : <ul style="list-style-type: none"> - Confrontation anatomique ou anatomie/fonction - Contrainte sur les algorithmes de reconstruction/restauration (par ex. MEG, EEG, IRMf) • Chirurgie assistée par ordinateur (recalage per-opératoire) • Planning thérapeutique assisté par ordinateur 	<ul style="list-style-type: none"> • Construction de modèles anatomo-fonctionnelles • Cartographie fonctionnelle du cerveau humain (" Human Brain Mapping "). • Normalisation anatomo-fonctionnelle.

Tableau 1.1 - Classification de méthodes de recalage selon la cardinalité des attributs modalité/sujet avec quelques exemples d'applications rencontrées.

Maintz & Viergever [8], s'inspirant des critères élaborés dans Van Den Elsen [10], donne une classification exhaustive des méthodes de recalage dans le domaine de l'imagerie médicale, basée sur neuf critères (y compris les éléments de la classification commune selon les quatre étapes de recalage):

I.Dimensionnalité :

- Recalage spatial : 2D/2D, 3D/3D, 2D/3D (La majorité des ces derniers sont utilisées en recalage per-opératoire).
- Recalage des séquences temporelles : le suivi d'un produit injecté dans l'organisme, évaluation d'une thérapeutique.

II.La nature des structures homologues (attributs): repères intrinsèques *versus* repères extrinsèques.

III.Nature de transformation : rigide, affine, élastique.

IV.Domaine de transformation : globale *versus* locale.

V. Interaction : interactive, semi-automatique, automatique.

VI. Stratégie d'optimisation : paramètres calculés *versus* paramètres recherchés.

VII. Les modalités concernées : mon-omodal, multi-modal, modalité/model, patient/modalité.

VIII. Sujet : intra-sujet, inter-sujet, Sujet/Atlas

IX. Objet : la tête, les structures thoraciques, l'abdomen, les os.....

Dans ce qui suit, nous adopterons une classification selon les idées essentielles de recalage en prenant en considération les quatre étapes du processus. Pour chaque étape, nous rapporterons les variétés des méthodes existantes dans la littérature pour l'implémenter.

1.4.1 Les structures homologues (primitives)

La définition des structures homologues est l'étape primordiale de tout processus de recalage. Cela dépend étroitement de la nature de l'image et de cadre applicatif. Le fait que les structures homologues peuvent être les images elles-mêmes ou des structures incluses dans celles-ci permet de distinguer deux approches fondamentales : les approches géométriques et les approches denses.

1.4.1.1 Les approches géométriques : dans ces approches, les structures homologues sont représentées par des primitives géométriques extraites manuellement ou automatiquement à partir des images à recalage. Elles sont considérées comme des informations de haut niveau ayant une signification physique en comparaison avec les approches qui manipulent directement les intensités des pixels (ou voxels). Ces primitives se caractérisent par leurs dimensions (0D : point, 1D : contour, 2D : surface, 3D : volume, $2D+t$, $3D+t$, nD : hypersurface..) et leur nature (intrinsèques ou extrinsèques) (Barillot [23]). Elles doivent être : pertinentes et bien distinguées, facilement détectables, étendues sur toute l'image, invariantes durant le temps d'acquisition ; c'est-à-dire robustes aux bruits et aux différents changements liés à l'acquisition (Zitová [3]). Idéalement, l'algorithme doit être conçu comme étant capable de détecter les mêmes primitives géométriques dans toutes les projections de la scène et quelques soit les déformations de l'image. A un niveau plus haut, ces primitives peuvent même être des descriptions structurées mettant en jeu des relations entre éléments ayant une signification sémantique.

Les primitives intrinsèques : sont des informations extraites de l'image, liées au sujet imagé lui-même, ils peuvent être des données anatomiques, géométriques ou tout simplement des niveaux de gris. Bien que leur extraction soit de plus en plus automatisée, elles sont moins robustes et elles nécessitent souvent des prétraitements plus ou moins complexes (Barillot [23]).

Les primitives extrinsèques : sont des marqueurs externes introduits essentiellement pour le repérage comme les cadres stéréotaxiques, les vis métalliques collés sur la peau ou l'os, et les marqueurs liquidiens. La matière de ces marqueurs est choisie d'une sorte qu'ils soient bien visibles dans les modalités incriminées. Les primitives extrinsèques sont faciles à mettre en œuvre et douées d'une précision élevée et meilleure robustesse mais leurs extraction souvent manuelle et moins automatisable.

Selon leur nature, on distingue trois types de primitives géométriques : les points caractéristiques (amers ou landmarks), les courbes et les primitives surfaciques (régions) :

- **Dans les méthodes utilisant les points caractéristiques**, le processus du recalage consiste à mettre en correspondance des ensembles de points homologues, pertinents, facilement détectables dans les différentes images à recaler dont ils sont représentatifs. La détection automatique de ces points est généralement basée sur la recherche d'optimum de certains opérateurs différentiels (Vincent [24]).
- **Les courbes** peuvent être des lignes caractéristiques dans les images, contours des structures, ou même des structures anatomiques sous forme filaire. Les approches basées sur l'extraction des courbes occupent une place considérable dans l'imagerie médicale. Ainsi les méthodes de détection automatique des contours sont souvent sollicitées dans ce volet (Canny [25], Marr & Hildreth [26]). Leur extraction est faite soit à partir des caractéristiques différentielles portées par les niveaux de gris (algorithme des *marching-lines*, Thirion [27]), soit en effectuant au préalable une modélisation paramétrique de la surface (Guézic [28]). D'autres méthodes utilisent des outils de morphologie mathématique (Collins [29], Royackkers [30]). Quelques méthodes permettant de détecter les contours élastiques ont été aussi développées (Li [31]).
- **Les primitives surfaciques** sont les plus utilisées dans les applications de recalage des images médicales. Leur détection fait appel aux méthodes de segmentation. Cette dernière permet l'extraction des structures précises dans l'image. Les méthodes de segmentation automatique utilisée dans le domaine médicale se basent souvent soit sur des modèles déformables (Davatzikos [32]), soit faisant appel aux ensembles des niveaux (*level set*) à partir de l'homogénéité des intensités au sein de l'image. Pour plus de détails sur les différentes méthodes de segmentation existant dans la littérature, le lecteur peut s'adresser au Pal [33].

Le problème ici est que la précision du processus du recalage dépend étroitement de celle de la méthode de segmentation choisie. Pour remédier à ce problème, certains

proposent un raffinement du processus de segmentation en l'exécutant itérativement avec le processus du recalage (Goshtasby [34]). A noter que les structures segmentées peuvent être représentées par leurs centres de gravité car il est invariant et robuste aux bruits et aux dégradations des niveaux du gris (Zitová [3]). Cela permet aussi de réduire la charge calculatoire.

Les approches géométriques sont rapides en termes de temps du calcul car elles ne manipulent pas la totalité de l'image mais seulement les primitives extraites. Ces dernières, étant des informations de haut niveau, sont peu sensibles aux artefacts et aux dégradations des intensités liées à l'acquisition de l'image. Elles sont souhaitables si les images considérées contiennent assez d'éléments discriminants et facilement détectables.

Les principales limites de ces approches s'écoulent de celles des méthodes d'extraction des primitives ; à savoir l'imprécision et la difficulté d'automatisation. En plus, la précision du recalage n'est garantie que dans le voisinage des primitives (Vincent [24]).

1.4.1.2 Les approches denses (iconiques): dans ces approches, la totalité de l'image est considérée et manipulée durant toutes les étapes du processus de recalage : mesure de similarité, transformation, optimisation. L'étape d'extraction des attributs n'est plus nécessaire. Les approches denses utilisent l'information portée par l'ensemble de voxels de l'image. On distingue deux approches selon que l'image subit ou non un pré-traitement pour transformer les intensités en un ensemble de valeurs :

- Dans le premier cas, chaque voxel est associé à un ensemble d'attributs (vecteurs) déterminés à partir des intensités, qui peuvent être des mesures différentielles (Maintz & Viergever [8], Van Den Elsen [10]), des probabilités d'appartenance à des classes segmentées (D'Agostino [35]) ou bien des moments géométriques invariants (Shen [36]). Cette approche ne fournit pas en général des résultats très précis, mais elle est rapide, automatique et facile à implémenter (Maintz & Viergever [8]).
- La deuxième approche compare directement les niveaux de gris des images.

Certaines méthodes s'opèrent sur l'espace de Fourier où l'information de phase peut être utilisée (Mellor [37]), ou sur un espace correspondant à une décomposition de l'image en ondelettes (Xue [38]).

En effet, les approches denses sont préférées lorsqu'il est difficile d'extraire des structures communes bien individualisées et facilement détectables dans toutes les images à recaler, et elles sont plus efficaces en intra-modalité. Ainsi, elles représentent une grande importance dans le domaine de l'imagerie médicale.

Elles ont l'avantage d'être presque complètement automatiques mais au prix d'un coût calculatoire important. Le fait que la relation entre les intensités des deux images n'est pas forcément triviale, en particulier dans le cas d'images multi-modales, constitue un grand problème. Contrairement aux approches géométriques, les approches denses sont sensibles aux bruits et aux artefacts. L'optimisation est plus difficile à cause de la présence de nombreux minima locaux (Vincent [24]).

Elles seront bien détaillées dans la section suivante car elles entrent dans le cadre des approches de mesures de similarités.

Nous pouvons dire que les primitives iconiques sont de l'ordre de la sensation, alors que les primitives géométriques sont de l'ordre de la perception, voire de la cognition dans le cas de primitives structurées comme les graphes relationnels (Roche [39]).

1.4.1.3 Les approches hybrides : dans le but d'avoir des résultats optimaux en termes de précision ou en termes de temps de calcul, les tendances actuelles des chercheurs vont vers la combinaison de plusieurs approches afin de bénéficier simultanément de leurs avantages. Hellier & Barillot [40] proposent dans un contexte de recalage non rigide inter-sujet une méthode combinant une approche géométrique (extraction des sillons corticaux) avec une approche dense.

1.4.2 La fonction ou le critère de similarité

Comme les structures homologues peuvent être soit des primitives géométriques soit des données denses, les techniques de mesure de similarité peuvent se diviser en deux grandes catégories : approches mesurant la similarité entre les primitives géométriques et approches denses. Chaque catégorie se subdivise ensuite en plusieurs sous-catégories.

1.4.2.1 Approches mesurant la similarité entre les primitives géométriques

L'étape d'extraction des primitives délivrent deux primitives (ou deux ensembles de primitives), une dans l'image référence et l'autre dans l'image destination. Dans cette étape, on essaiera de comparer les primitives déjà extraites ou de mesurer le degré de ressemblance entre eux. Quel critère sera choisi pour pouvoir effectuer cette mesure ?

On distingue deux groupes essentiels : critères basés sur les relations spatiales entre les primitives et critères comparant des descripteurs invariants des primitives.

A. Critères basés sur les relations spatiales

Dans certains cas, les informations portées par les structures homologues sont ambiguës ou elles ne sont pas assez suffisantes et assez claires (bruits et distorsions locales) pour pouvoir être sujet d'une comparaison efficace. Il s'avère mieux ici de profiter des informations disponibles sur la disposition spatiale des primitives l'une par rapport l'autre (Zitová [3]).

La majorité des idées proposées dans ces approches considèrent la distance entre les primitives extraites des images comme un critère de similarité dont la minimisation permet d'aboutir aux paramètres de la transformation optimale d'une manière analytique. Ce principe est appelé le problème de *Procrustes* (Arun [41], Akca [42]). Les algorithmes les plus utilisés sont :

- **L'algorithme ICP (Iterative Closest Point)** : il est conçu par Besl & McKay [43], essentiellement pour mesurer la distance d'une part entre les courbes, et d'autre part entre les surfaces. Il est très efficace dans le recalage rigide des structures 3D. C'est un algorithme itératif qui a comme entrée deux ensembles de points (les deux structures homologues sont vues comme deux ensembles de points). Chaque itération est faite de deux étapes consécutives :

1- Associer à chaque point \mathbf{p}_{dest} de la primitive destination Ω_{dest} un point $\mathbf{p}_{ref} \in D_{ref}$ de la primitive référence Ω_{ref} ; tel que \mathbf{p}_{ref} est le point le plus proche de \mathbf{p}_{dest} . Soit C l'opérateur de correspondance (Estépar [44]) :

$$C(\mathbf{p}_{dest}, \mathbf{p}_{ref}) = \arg \min_{\mathbf{p} \in D_{ref}} \|\mathbf{p} - \mathbf{p}_{dest}\| \quad (1.3)$$

2- Estimer analytiquement la transformation \hat{T} grâce à la méthode de *Procrustes*, par minimisation de la somme des carrées des distances entre tous les points dans Ω_{dest} et les points les plus proches dans Ω_{ref} :

$$\hat{T} = \arg \min \sum_{i=1}^n \left\| \mathbf{p}_{i_{ref}} - T(\mathbf{p}_{i_{dest}}) \right\|^2 \quad (1.4)$$

Où n est le nombre de points constituant la primitive destination Ω_{dest} .

La transformation \hat{T} est appliquée sur les n points de Ω_{dest} et il en résulte des nouvelles relations spatiales entre ces points et ceux de Ω_{ref} . On revient à l'étape 1 où une nouvelle correspondance deux-à-deux est calculée qui servira de base pour l'estimation d'une nouvelle transformation par l'étape 2 et ainsi de suite. L'algorithme s'arrête lorsqu'un seuil de distance minimale est atteint ou un nombre

maximum d'itérations est achevé. Cela correspond à une meilleure superposition des structures homologues.

Une version étendue de l'algorithme ICP, prenant en charge les mesures denses et adéquate avec le recalage non rigide 3D, a été proposée par Feldmar [45].

Un des inconvénients de l'algorithme ICP est le coût calculatoire important, dû au calcul des distances à chaque itération.

- **Algorithme basé sur la distance de chanfrein (*Chamfer-maching*)** : introduit en 1977 par Barrow [46] et amélioré par Borgefors [47]. Il est très efficace quand les structures homologues sont sous forme des courbes et des contours. L'idée principale de cet algorithme est la minimisation itérative de la distance générale entre les contours en deux étapes :

1 – Dans un premier temps *une carte de distance* est calculée en fixant à zéro les pixels (ou voxels) correspondant aux contours de structure homologue dans l'image référence, puis en associant à chaque voxel une valeur représentée par la distance entre ce dernier et le point de contour le plus proche (Zitová [3]).

Soit $d_{I_{ref}}$ la fonction qui calcule la carte de distance, on peut la formuler comme suit (Malandain [4]):

$$d_{I_{ref}} : D_{ref} \rightarrow R$$

$$q \rightarrow \min_{p \in \Omega_{ref}} \|qp\|$$

On dit que $d_{I_{ref}}$ associe à chaque point $q \in I_{ref}$ la valeur $d_{I_{ref}}(q)$ tel que :

$$d_{I_{ref}}(q) = \min_{p \in \Omega_{ref}} \|qp\| \quad (1.5)$$

2 - Dans un deuxième temps on estime la transformation \hat{T} par minimisation de la somme des carrées des valeurs de la carte de distance correspondant aux coordonnées des pixels (ou voxels) de Ω_{dest} :

$$\hat{T} = \arg \min \left(\frac{1}{2} \sum_{p \in \Omega_{dest}} \left[d_{I_{ref}}(T(p)) \right]^2 \right) \quad (1.6)$$

L'algorithme du chanfrein est surtout utilisé dans le recalage rigide multi-modal des images médicales. Goris [48] a utilisé cet algorithme dans une application de recalage rigide dans le domaine de l'imagerie cardiaque.

- **L'algorithme de *head and hat* (tête-chapeau):** proposé par Pelizzari [49] dans le contexte de recalage 3D multi-modal (MRI/PET, CT/MRI) des images cérébrales. La tête et le chapeau étant les surfaces du scalp extrait de deux images différentes. La distance à minimiser ici est la moyenne du carré de la distance de chaque point de la primitive destination Ω_{dest} par rapport au point le plus proche de la primitive référence Ω_{ref} dans la direction du centroïde de cette dernière (Vincent [24]).
- **La distance de Hausdorff :** elle porte le nom du mathématicien allemand Felix Hausdorff. La distance de Hausdorff entre deux ensembles de points est la distance maximale d'un point dans l'un des deux ensembles au point le plus proche dans l'autre ensemble.
Soit A et B deux ensembles de points à recaler, la distance de Hausdorff H entre les deux ensembles s'écrit comme suit (Velkamp [50]) :

$$H(A, B) = \max \{ \sup_{p \in A} \inf_{q \in B} d(p, q), \sup_{q \in B} \inf_{p \in A} d(p, q) \} \quad (1.7)$$

Où $d(p, q)$ est une distance (par exemple distance euclidienne) entre deux points p et q appartenant à des ensembles différents.

La distance de Hausdorff est notamment utile dans le cas où les ensembles de points à recaler n'ont pas la même taille. Dans ce cas il s'avère impossible de faire une correspondance point-à-point. Elle est moins sensible aux bruits mais n'est pas robuste (Velkamp [49]).

Dans le plus simple cas où les deux primitives sont sous forme de deux points, le calcul de distance se résume au calcul de la norme euclidienne.

Dans le cas le plus complexe où la phase d'extraction des structures homologues délivre non plus deux primitives à apparier mais un ensemble des primitives distinctes dans chaque image, un autre problème se pose ; c'est la nécessité de mettre d'abord en correspondance ces primitives deux-à-deux puis les apparier. Certains auteurs ont développé des méthodes adaptées à ces situations. D'autres méthodes sont dédiées aux différents domaines applicatifs. Pour plus de détails, le lecteur peut consulter le livre de Goshtasby [51].

B. Critères basés sur les invariants

Dans ces approches, la comparaison se fait entre des informations décrivant les pixels (ou voxels) des structures homologues eux-mêmes plutôt que leurs relations spatiales. Le descripteur choisi doit vérifier certain nombre de conditions (Zitová [3]): invariant, unique

(deux attributs doivent avoir deux descripteurs différents), stable aux déformations, et l'indépendance de tout élément du descripteur vis-à-vis aux autres éléments. Le choix des descripteurs dépend étroitement de la nature des structures homologues mais aussi des déformations attendues. Ils peuvent être : des valeurs d'intensité, des invariants différentiels, des moments invariants, des propriétés géométriques (angles, longueur, forme géométriques), descripteurs symboliques, centre de gravité...ect.

Ces approches sollicitent en général les méthodes utilisées dans les approches denses que nous détaillerons dans la section suivante. Ces dernières exploitent la totalité des pixels (ou voxels) des images alors que les premières n'exploitent que les pixels (ou voxels) des structures homologues.

Enfin, on peut dire que les approches mesurant la similarité entre les primitives géométriques sont souhaitables quand les images à recaler contiennent assez d'informations structurales et significatives. Elles sont robustes aux bruits et aux distorsions et très efficaces dans le recalage des données multi-modales.

Leur inconvénient essentiel est que leur précision dépend de la précision des procédures d'extraction des primitives et le degré d'invariance des descripteurs. La mise en œuvre des méthodes géométriques nécessite une forte connaissance à priori sur la nature des objets imagés, ce qui rend leur champs d'application très spécifique (Roche [39]).

1.4.2.2 Approches utilisant des critères de similarité denses

Les critères de similarité denses ne comparent plus les primitives géométriques extraites préalablement, mais plutôt des données brutes portées par les pixels (ou voxels) des images : les intensités. En effet le processus de comparaison manipule soit les valeurs des intensités locales d'une façon directe soit des informations différentielles sur celles-ci (information d'ordre supérieur).

Quelle relation peut-elle exister entre deux distributions d'intensités représentant deux images d'une même scène ?

La réponse réflexe sera « une relation d'identité ». En effet, les pixels (ou voxels) se trouvant sur deux images différentes, et représentant le même objet, auront des intensités identiques un-à-un si les images sont acquises par la même modalité. Ainsi l'idée la plus simple était de calculer une transformation spatiale optimale en minimisant la somme des différences des intensités en valeur absolue entre les voxels superposés (SDA), ou minimiser la somme de ces différences au carré (SDC). Mais l'hypothèse de conservation des intensités n'est pas toujours valable notamment dans le cas des images issues des modalités différentes caractérisées par des contrastes très différents avec des conditions d'acquisition variées. Ce fait nous guide à mettre une hypothèse plus générale que

l'identité ; c'est l'existence d'une **cohérence** entre les intensités des deux images, d'autant plus forte que les images sont bien alignées :

Cohérence optimale → meilleur recalage

Cette cohérence peut refléter une *relation d'identité*, une *relation affine*, *relation fonctionnelle*, ou bien *une relation statistique* entre les distributions d'intensités des deux images. Il est devenu évident que le critère de similarité à optimiser dépend de l'hypothèse mise sur la relation qui lie les deux intensités.

Pour bien appréhender les relations suscitées, nous essayerons de les définir en utilisant la notion de l'histogramme conjoint.

C'est quoi un histogramme conjoint ?

Soit deux images I_1 et I_2 qu'on cherche à comparer, $I_1(x, y, z)$ représente l'intensité d'un point dans I_1 dont les coordonnées sont x, y, z et $I_2(x, y, z)$ représente l'intensité du point qui a les mêmes coordonnées x, y, z dans I_2 .

L'histogramme conjoint des deux images I_1 et I_2 est le diagramme construit par la fonction suivante :

$f(i, j) = \text{Card} \{(x, y, z) | I_1(x, y, z) = i \wedge I_2(x, y, z) = j\}$ pour chaque couple d'intensité (i, j) .

En d'autres termes, l'histogramme conjoint représente le nombre des pixels (ou voxels) superposés pour chaque couple d'intensité. La manière dont les points sont répartis dans l'histogramme reflète la nature de la relation qui peut exister entre les intensités des deux images ou le degré de leur cohérence.

Si on remplace les effectifs des pixels (ou voxels) par leurs proportions, la fonction f devient :

$$P(i, j) = \frac{1}{n} \text{Card}\{(x, y, z) | I_1(x, y, z) = i \wedge I_2(x, y, z) = j\} \quad (1.8)$$

Où n est le nombre total des voxels superposés.

Dans ce dernier cas, l'histogramme conjoint peut se voir comme la densité de probabilité d'un couple de variables aléatoires. Pour cette raison certains auteurs, comme Roche [39] préfèrent la nommer P (formule (1.8)).

L'histogramme conjoint et la mesure de similarité dense :

Le calcul de l'histogramme conjoint de deux images référence et destination, initialement et après chaque transformation, permet d'estimer la relation existante entre les intensités de deux images et de guider le processus de recalage en optimisant un critère calculé à partir de cet histogramme. La procédure d'optimisation se dirige vers le sens des transformations qui améliorent la cohérence entre les deux images.

La fonction de construction de l'histogramme conjoint entre I_{ref} et I_{dest} pour chaque transformation sera :

$$P_T(i, j) = \frac{1}{n} \text{Card}\{k \in [1, \dots, n] | I_{ref}(q_k) = i \wedge I_{dest}(T(p_k)) = j\} \quad (1.9)$$

Où $n = \text{Card}\{(q_k, p_k)\}$

Et (q_k, p_k) , tel que $q_k \in D_{ref}$ et $p_k \in D_{dest}$, sont les paires pixels (ou voxels) superposés (ayant les mêmes coordonnées), elles peuvent être vues comme l'ensemble des points communs entre les deux images. Certains préfèrent utiliser la même notation p_k pour chacun des pixels (ou voxels) superposés tant que ces derniers ont les mêmes coordonnées.

Il est important de noter ici, que bien que la majorité des mesures de similarité denses puissent être définies à partir de l'histogramme conjoint, son construction n'est pas une phase obligatoire pour un certain nombre parmi celles-ci, notamment SDA, SDC et RC. Ces dernières ont d'autres interprétations plus efficaces, souvent probabilistes.

Figure 1.3 montre l'histogramme conjoint de deux images IRM appartenant au même sujet, avant et après le recalage. Dans le premier cas (a), les couples d'intensités sont dispersés d'une façon inhomogène alors que dans le deuxième cas (b) ils se regroupent le long d'une droite traduisant en forte cohérence entre les intensités de deux images. Une forte cohérence est marquée aussi dans l'histogramme de **Figure 1.4**.

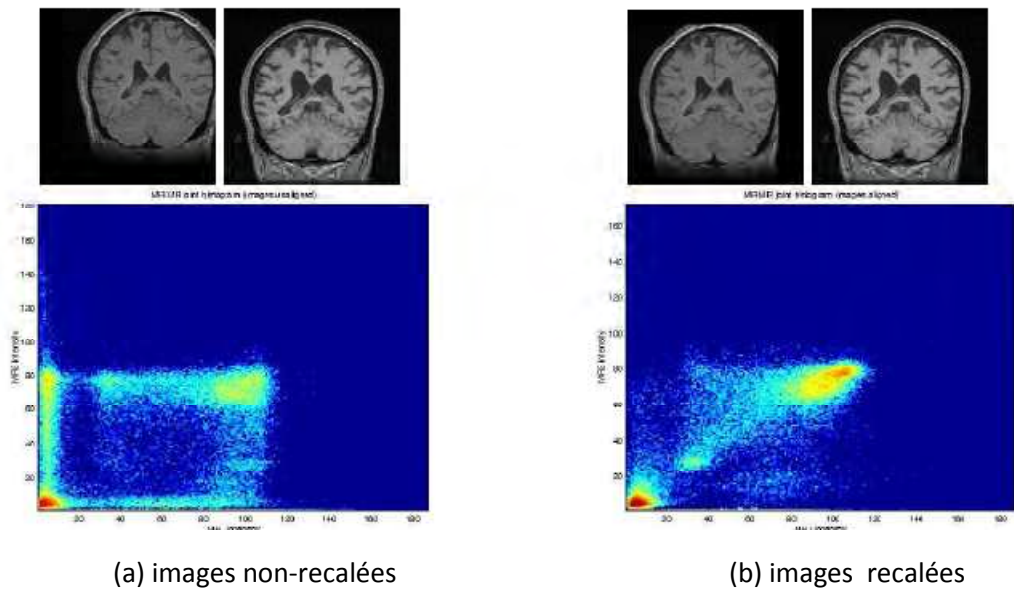


Figure 1.3 - Histogramme conjoint de deux IRM cérébrales (coupes coronales représentées) calculé pour deux transformations différentes. Le patient souffre d'une production anormalement élevée de liquide céphalo-rachidien, ce qui explique la variation de volume des ventricules entre deux acquisitions. Repris de Roche [39].

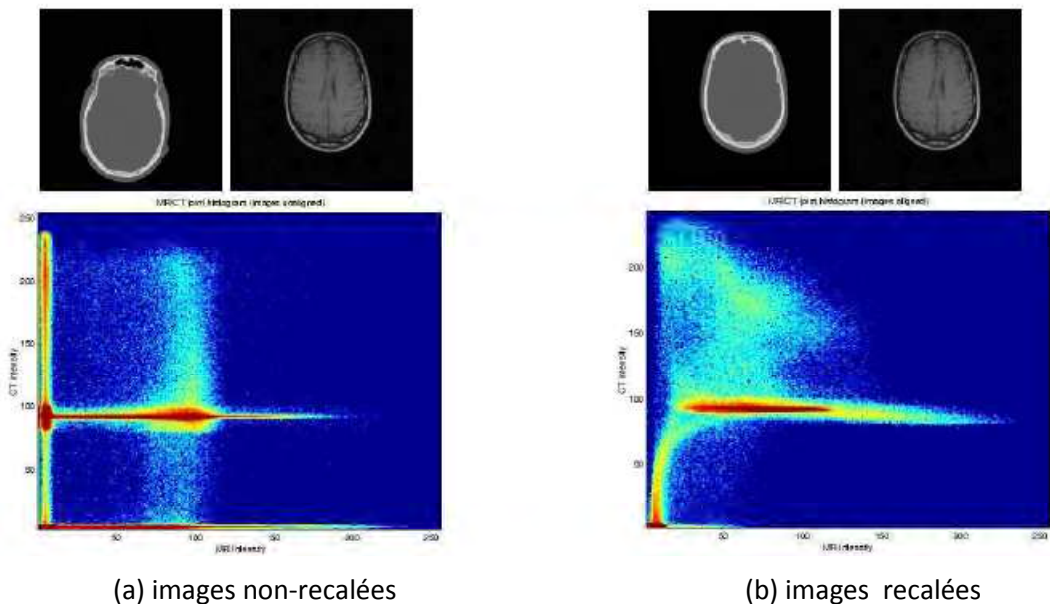


Figure 1.4 - Histogramme conjoint d'un couple scanner/IRM (coupes axiales) calculé pour deux transformations différentes. Repris de Roche [39].

Les différentes relations de cohérence :

1- Relation d'identité : basée sur l'hypothèse de conservation d'intensité ; les voxels qui se correspondent dans les deux images ont des intensités identiques. Les points de l'histogramme conjoint dans ce cas tendent à se regrouper autour d'une droite passant par le zéro, traversant les paires d'iso-intensité (**Figure 1.5**).

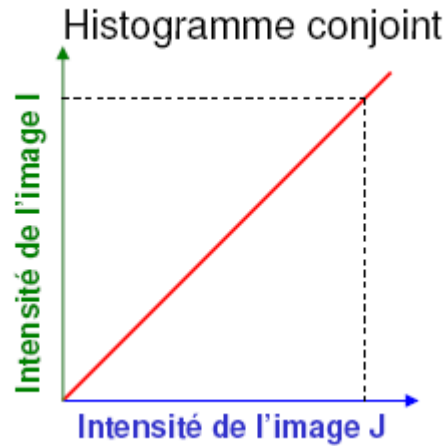


Figure 1.5 - Histogramme conjoint objectivant une relation d'identité.

Le critère à minimiser dans ce cas est souvent une différence entre les intensités des images. Les mesures les plus utilisées sont :

- **La somme des différences au carrée (SDC) (Brown [6]):**

$$\text{SDC} (I_{ref}, I_{dest}(T)) = \sum_{p \in D_{com}} (I_{ref}(p) - I_{dest}(T(p)))^2 \quad (1.10)$$

Où D_{com} est le domaine commun (la zone de recouvrement) entre les supports des deux images. Etant donné que le domaine commun, notée D_{com} , varie d'une transformation à l'autre, on peut la définir formellement comme suit :

$$D_{com} = \{p | p \in D_{ref} \wedge T(p) \in D_{dest}\} \quad (1.11)$$

On utilise la notion du domaine commun car une transformation T peut donner comme résultat des points n'appartenant pas à D_{dest} (effet de bord).

En utilisant l'histogramme conjoint :

$$\text{SDC} (I_{ref}, I_{dest}(T)) = \sum_{i,j} P_T(i, j) (i - j)^2 \quad (1.12)$$

- **La somme des différences en valeurs absolues (SDA) (Brown [6]):**

$$SDA(I_{ref}, I_{dest}(T)) = \sum_{p \in D_{com}} |I_{ref}(p) - I_{dest}(T(p))| \quad (1.13)$$

En utilisant l'histogramme conjoint :

$$SDA(I_{ref}, I_{dest}(T)) = \sum_{i,j} P_T(i, j) |i - j| \quad (1.14)$$

Le critère d'identité est bien adapté au cas de recalage mono-modal. La **SDC** est très sensible aux valeurs aberrantes, alors que la **SDA** offre une moins grande sensibilité aux valeurs aberrantes (Vincent [24]).

2- Relation affine : l'hypothèse de la relation affine suppose la présence d'une liaison de type $i = \alpha j + \beta$ entre les intensités des images. Les points de l'histogramme conjoint se regroupent en ligne qui peut passer par le zéro (relation linéaire) mais pas forcément par les paires d'iso-intensité.

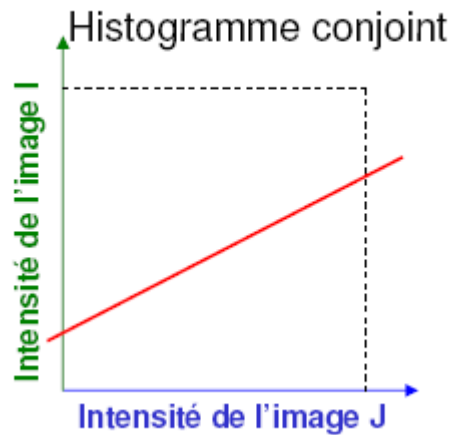


Figure 1.6 - Histogramme conjoint objectivant une relation affine.

La mesure la plus utilisée pour exprimer cette relation est **le coefficient de corrélation (CC)**, où les images sont vues comme des réalisations de variables aléatoires, noté ρ :

$$\rho(I_{ref}, I_{dest}(T)) = \frac{1}{\sigma_{I_{ref}} \sigma_{I_{dest}^T}} \sum_{p \in D_{com}} (I_{ref}(p) - \overline{I_{ref}})(I_{dest}(T(p)) - \overline{I_{dest}^T}) \quad (1.15)$$

$$\text{Où : } \overline{I_{ref}} = \frac{1}{\text{Card}(D_{com})} \sum_{p \in D_{com}} I_{ref}(p) \quad (1.16)$$

$$\overline{I_{dest}^T} = \frac{1}{\text{Card}(D_{com})} \sum_{p \in D_{com}} I_{dest}(T(p)) \quad (1.17)$$

$$\sigma_{I_{ref}} = \sqrt{\frac{1}{\text{Card}(D_{com})} \sum_{p \in D_{com}} (I_{ref}(p) - \overline{I_{ref}})^2} \quad (1.18)$$

$$\sigma_{I_{dest}^T} = \sqrt{\frac{1}{\text{Card}(D_{com})} \sum_{p \in D_{com}} (I_{dest}(T(p)) - \overline{I_{dest}^T})^2} \quad (1.19)$$

Ainsi, on peut écrire ρ à l'aide des variances des images et leur covariance :

$$\rho(I_{ref}, I_{dest}(T)) = \frac{\text{Cov}(I_{ref}, I_{dest}(T))}{\text{Var}(I_{ref})\text{Var}(I_{dest}(T))} \quad (1.20)$$

D'après l'histogramme conjoint :

$$\rho(I_{ref}, I_{dest}(T)) = \sum_{i,j} P_T(i, j) \frac{(i - \overline{I_{ref}})(j - \overline{I_{dest}^T})}{\sigma_{I_{ref}} \sigma_{I_{dest}^T}} \quad (1.21)$$

La recherche de la meilleure transformation revient à maximiser le CC dont les valeurs se situent entre -1 et 1.

Le CC a prouvé son utilité avec excellence dans le recalage mono-modal.

3- Relation fonctionnelle : si les deux critères précédents ont donné de bons résultats au profit de recalage mono-modal, il s'avère mieux de rechercher une relation plus générale notamment dans le cas de recalage multi-modal. Les premiers travaux se sont dirigés vers l'hypothèse de l'existence d'une relation fonctionnelle entre les intensités des images.

L'hypothèse de dépendance fonctionnelle suppose l'existence d'une relation de type $i = f(j)$. L'histogramme conjoint peut prendre la forme suivante (**Figure 1.7**) :

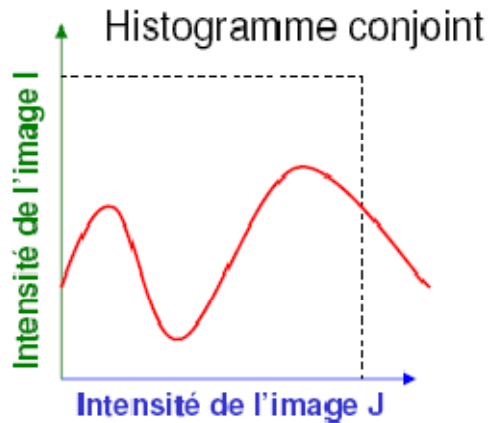


Figure 1.7 - Histogramme conjoint objectivant une relation fonctionnelle.

On dispose de deux mesures adaptées à cette hypothèse :

- **Le critère de Woods (Woods [52]) :**

Il est fondé sur une hypothèse d'uniformité inter-images qui suppose que pour deux images comparables, une région d'intensité homogène dans une image correspond à une région d'intensité également homogène dans l'autre image (Jégou [1]). Il mesure pour chaque valeur d'intensité donnée dans une image la dispersion des voxels correspondants dans l'autre image :

$$\text{Woods} \left(I_{ref} \mid I_{dest}(T) \right) = \sum_j P_T(j) \frac{\sigma_{I_{ref} \mid j}}{\overline{I_{ref} \mid j}} \quad (1.22)$$

Où $P_T(j) = \frac{n_j}{\text{Card}(D_{com})}$; est la fréquence des voxels ayant l'intensité j dans le domaine du recouvrement appartenant à $I_{dest}(T)$,

$\sigma_{I_{ref} \mid j}$ et $\overline{I_{ref} \mid j}$ sont respectivement la moyenne et l'écart type des intensités observées dans l'image I_{ref} correspondant aux voxels de l'image $I_{dest}(T)$ ayant l'intensité j .

Le processus de recalage sous l'hypothèse d'uniformité inter-images va en minimisant le critère de Woods.

- **Le rapport de corrélation η (Roche [53]):**

Il est aussi basé sur l'hypothèse d'uniformité inter-images. Il se distingue du critère de Woods par le fait que la normalisation est faite par le biais de la variance totale de I_{ref} :

$$\eta \left(I_{ref} \mid I_{dest}(T) \right) = \frac{1}{\sigma_{I_{ref}}^2} \sum_j P_T(j) \sigma_{I_{ref} \mid j}^2 \quad (1.23)$$

- **Le rapport de corrélation symétrisé (η^{sym}) (Lau [54]) :**

Il est à noter que les deux critères précédents ne sont pas symétriques. Cela est dû à l'asymétrie de la relation fonctionnelle d'où la nécessité de trouver des solutions symétriques :

$$\eta^{sym}(I_{ref}|I_{dest}(T)) = \eta(I_{ref}|I_{dest}(T)) + (I_{dest}(T)|I_{ref}) \quad (1.24)$$

4- Relation statistique : la dépendance statistique représente la base de la pyramide de cohérence. Elle englobe les relations précédentes tout en étant la plus générale. Malgré le succès de l'hypothèse de la relation fonctionnelle en multi-modalité, elle marque en revanche une certaine efficacité car il n'est pas toujours possible de trouver une relation fonctionnelle entre les intensités des images. Considérant l'histogramme conjoint dans *Figure 1.8*:

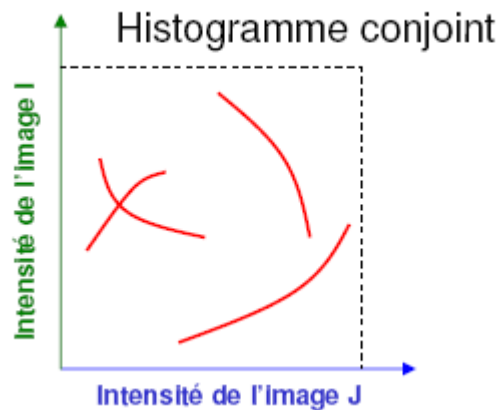


Figure 1.8 - Histogramme conjoint objectivant une relation de dépendance statistique.

Est-il possible de calculer une fonction caractérisant ce type de liaison entre les intensités des images I et J ?

Malgré que cela n'est pas possible, on a tout le droit de dire qu'il y a une certaine dépendance entre les intensités de I et J. On remarque que les points de cet histogramme se répartissent en quatre regroupements où chaque regroupement reflète un certain type de liaison fonctionnelle entre deux sous-ensembles d'intensités.

Comment quantifier ce type de relations ?

Si les mesures précédentes peuvent être interprétées indépendamment de l'histogramme conjoint, les mesures adaptées à ce type de relation sont essentiellement basées sur l'analyse de l'histogramme conjoint.

En effet l'histogramme conjoint, vu comme une distribution conjointe des deux variables aléatoires représentées par les deux images, nous permet de calculer une relation statistique entre les deux images. Les mesures de cette classe sont issues du mariage entre la théorie de probabilité et la théorie d'information.

Avant d'aborder en détail ces mesures, il est nécessaire de mettre la lumière sur les concepts incriminés.

La théorie d'information, l'entropie, l'entropie conjointe, l'information mutuelle ?

La théorie de l'information a pris origine dans les travaux de statisticien Ronald Aylmer Fisher mais son vrai père fondateur est Claude Shannon en 1948 (C. Shannon [55]). Shannon a essayé, dans son domaine de télécommunication, de trouver une unité pour mesurer la quantité d'information ou plutôt un modèle mathématique pour formaliser l'information contenue ou délivrée par une source d'information, dans le but de pouvoir extraire les lois qui régissent cette information. Son point de départ est le principe « *moins un événement est probable, plus son observation est porteuse d'information* ».

La théorie de l'information suppose l'existence d'une relation entre la quantité d'information portée par un événement et la probabilité de survenue de ce dernier. Moins un événement est probable, plus la quantité d'information qu'il porte. Un événement certain n'apporte aucune information. En d'autres termes, mesurer la quantité d'une information revient à mesurer le degré de son incertitude.

Considérant un ensemble d'événements $E = \{e_1, e_2 \dots \dots, e_n\}$, muni d'une distribution de probabilité P .

La quantité de l'information fournie par la réalisation de l'évènement e_i , notée I , est calculée par la formule suivante :

$$I(E, e_i) = -\log P(e_i) \quad (1.25)$$

La valeur moyenne de l'information qu'on peut avoir de la totalité de l'ensemble E , s'appelle *l'entropie de Shannon*, notée H :

$$H = \sum_i P(e_i) I(E, e_i) = -\sum_i P(e_i) \log P(e_i) \quad (1.26)$$

Elle représente la quantité moyenne d'information qu'on obtient si un événement de E se réalise suivant la distribution de probabilité P . Quand les événements sont équiprobables, l'entropie sera égale à la quantité d'information portée par l'un des événements :

$$H = -\log P(e_i) = -\log \frac{1}{n} = \log n \quad (1.27)$$

La valeur de l'entropie est toujours positive ou nulle, son unité est le **bit** si le **log** utilisé est le logarithme binaire, et le **nat** en cas de logarithme naturel. Enfin, on peut dire que l'entropie a trois interprétations : la quantité de l'information liée à la réalisation d'un

évènement, le degré d'incertitude sur la survenue d'un évènement et aussi la dispersion d'une distribution de probabilité sur un ensemble d'évènements (Pluim [56]).

L'entropie conjointe :

Soit \mathbf{X} et \mathbf{Y} deux variables aléatoires, avec $\mathbf{P}_{\mathbf{X},\mathbf{Y}}$ la distribution conjointe correspondante, $\mathbf{P}_{\mathbf{X},\mathbf{Y}}(\mathbf{x}, \mathbf{y})$ est la probabilité que la variable \mathbf{X} avoir la valeur \mathbf{x} et la variable \mathbf{Y} avoir la valeur \mathbf{y} . L'entropie conjointe est formulée comme suit :

$\mathbf{H}(\mathbf{X}, \mathbf{Y}) = - \sum_{\mathbf{x}, \mathbf{y}} \mathbf{P}_{\mathbf{X}, \mathbf{Y}}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \log \mathbf{P}_{\mathbf{X}, \mathbf{Y}}(\mathbf{x}, \mathbf{y}) \quad (1.28)$
--

Elle mesure l'information contenue dans un système de deux variables aléatoires. Il en résulte que si les deux variables aléatoires \mathbf{X} et \mathbf{Y} sont indépendantes, l'entropie conjointe sera égale à la somme des entropies :

$$\mathbf{H}(\mathbf{X}, \mathbf{Y}) = \mathbf{H}(\mathbf{X}) + \mathbf{H}(\mathbf{Y}) \quad (1.29)$$

Plus l'entropie conjointe est diminuée, plus la dépendance est forte entre les deux variables aléatoires.

L'entropie conditionnelle :

Elle mesure l'entropie provenant d'une variable aléatoire \mathbf{Y} , si l'on connaît parfaitement la seconde variable aléatoire \mathbf{X} . On dit que l'entropie de \mathbf{Y} conditionnée par \mathbf{X} :

$$\mathbf{H}(\mathbf{Y}|\mathbf{X}) = \mathbf{H}(\mathbf{X}, \mathbf{Y}) - \mathbf{H}(\mathbf{X}) \quad (1.30)$$

L'information mutuelle :

La notion de l'information mutuelle est introduite par Viola [57, 58] et normalisée par Collignon [59, 60]. En effet, la grandeur de l'information mutuelle peut avoir trois interprétations et calculée par trois formules (Pluim [56]) :

$$1) \mathbf{IM}(\mathbf{X}, \mathbf{Y}) = \mathbf{H}(\mathbf{X}) + \mathbf{H}(\mathbf{Y}) - \mathbf{H}(\mathbf{X}, \mathbf{Y}) \quad (1.31)$$

Dans ce premier cas l'information mutuelle représente la quantité d'information redondante apportée par les deux variables aléatoires. Plus les informations sont redondantes, plus la dépendance est forte.

$$2) \mathbf{IM}(\mathbf{X}, \mathbf{Y}) = \mathbf{H}(\mathbf{Y}) - \mathbf{H}(\mathbf{Y}|\mathbf{X}) \quad (1.32)$$

Selon cette formule, l'information mutuelle est vue comme la quantité d'information apportée par \mathbf{Y} qui sera inutile si on connaît déjà \mathbf{X} . En d'autre terme, c'est une mesure de la certitude à gagner sur la réalisation de \mathbf{Y} sachant que \mathbf{X} est réalisée ; c'est une réponse

sur la question : quelle est la quantité d'information fournie par X sur Y ? Plus la certitude à gagner est grande, plus la dépendance est forte.

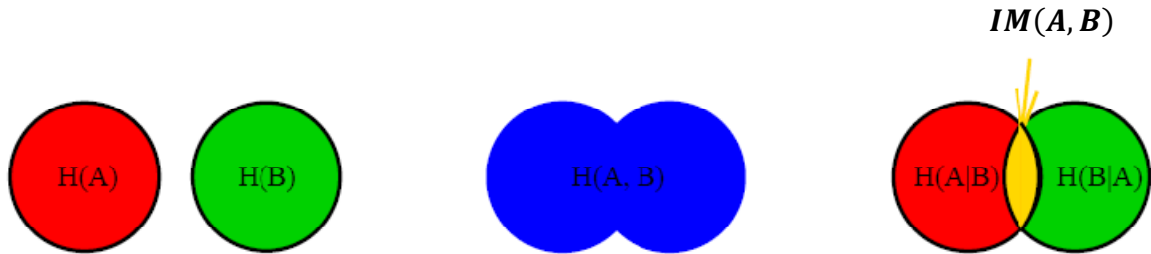


Figure 1.9 - L'entropie, l'entropie conjointe et l'information mutuelle pour deux images A et B

$$3) \quad IM(X, Y) = \sum_{x,y} P_{X,Y}(x, y) \log \frac{P_{X,Y}(x,y)}{P(x)P(y)} \quad (1.33)$$

Ici, l'information mutuelle est calculée directement à partir des distributions marginales et de la distribution conjointe.

Selon cette formule, l'information mutuelle peut être vue comme une mesure de distance entre la distribution conjointe des images et la distribution conjointe qu'auraient celles-ci sous l'hypothèse d'indépendance. Plus cette mesure est maximale, plus la dépendance est forte.

Dès lors, il s'avère évident que quelque soit l'interprétation prise, une IM maximale traduit une forte dépendance statistique. Deux variables aléatoires indépendantes ont une IM nulle.

L'entropie conjointe et le recalage des images ?

Si on considère les deux images à recaler comme deux variables aléatoires X et Y , les mesures précédentes peuvent nous servir efficacement pour la caractérisation de la relation de dépendance entre les deux images et à trouver la meilleure transformation en les optimisant.

Ainsi la minimisation de l'entropie conjointe de I_{ref} et $I_{dest}(T)$, calculée sur l'histogramme conjoint aboutit au meilleur alignement :

$$H(I_{ref}, I_{dest}(T)) = - \sum_{i,j} P_T(i, j) \log P_T(i, j) \quad (1.34)$$

En effet l'aspect de l'histogramme conjoint reflète directement l'entropie conjointe : l'entropie conjointe est une mesure de dispersion de la distribution conjointe présentée par

l'histogramme conjoint. Plus ce dernier est inhomogène, plus l'entropie conjointe est élevée, plus l'alignement est médiocre.

L'information mutuelle et le recalage des images ?

De la même manière, *la maximisation de l'information mutuelle* permet de conduire au meilleur recalage entre I_{ref} et I_{dest} .

$$\mathbf{IM} \left(I_{ref}, I_{dest}(T) \right) = - \sum_{i,j} P_T(i, j) \log \frac{P_T(i, j)}{P_T(i)P_T(j)} \quad (1.35)$$

Ou :

$$\mathbf{IM} \left(I_{ref}, I_{dest}(T) \right) = \mathbf{H}(I_{ref}) + \mathbf{H}(I_{dest}(T)) - \mathbf{H} \left(I_{ref}, I_{dest}(T) \right) \quad (1.36)$$

D'une façon informelle, l'information mutuelle exprime la quantité d'information de l'image I_{ref} contenue dans l'image $I_{dest}(T)$ ou vis-versa (Camara [61]). C'est l'aptitude d'une image à expliquer correctement l'autre (Vincent [24]). Le fait que l' \mathbf{IM} est l'expression d'une distance entre la somme de deux entropies marginales et l'entropie conjointe la rend plus fiable et moins sensible au contenu et aux dimensions du domaine de recouvrement que l'entropie conjointe seule.

Studholme [62] a introduit une autre formule normalisée de l' \mathbf{IM} pour éliminer l'effet lié à la superposition des images sur la mesure :

$$\mathbf{IM} \left(I_{ref}, I_{dest}(T) \right) = \frac{\mathbf{H}(I_{dest}(T)) + \mathbf{H}(I_{ref})}{\mathbf{H}(I_{ref}, I_{dest}(T))} \quad (1.37)$$

Certains auteurs préfèrent nommer cette dernière mesure *le rapport de corrélation entropique*.

Dès son apparition, l'information mutuelle est devenue le critère le plus utilisé dans le domaine de l'imagerie médicale multi-modale.

L'inconvénient majeur de l' \mathbf{IM} , à coté de la charge calculatoire importante, est le risque de tomber sur des optimums locaux lors de la phase d'optimisation itérative et les difficultés confrontées lors de cette phase.

Quoique l'information mutuelle soit le critère le plus généraliste, il est déconseillé de l'utiliser dans les cas où des mesures plus restrictives peuvent être utilisées. Au fait, le choix du critère est guidé par les modalités des images à recalcr, et fait l'objet d'un compromis entre le temps de calcul, la robustesse et la généralité de la relation.

Pour réduire le temps calculatoire qui est énorme pour toutes les approches iconiques, certains auteurs préconisent l'utilisation de sous-ensembles des pixels (ou voxels)

(fenêtres) au lieu de manipuler la totalité des pixels (ou voxels) des images, ce qui a comme effet d'avoir une robustesse intermédiaire entre approches géométriques et approches iconique . D'autres préfèrent effectuer les mesures précédentes sur des images dérivées à partir des images originales par des opérateurs différentiels comme le gradient.

Pour plus de détails sur les approches de mesures de similarité, le lecteur peut consulter Malandain [4] et Roche [63].

1.4.3 Le modèle de transformation

Le choix du modèle de transformation doit prendre en considération les connaissances *a priori* sur la nature de la déformation, les caractéristiques physiques des dispositifs d'acquisition, le degré de précision supporté par l'application du recalage ainsi que la charge calculatoire tolérée. En général, avoir des résultats plus précis fait appel à des modèles plus complexes avec un coût calculatoire important.

Les modèles de transformations peuvent être classés selon trois critères (Camara [61]):

Selon le domaine de la transformation :

- **Modèles globaux :** tout l'ensemble des structures homologues est utilisé pour estimer un seul ensemble des paramètres de la transformation
- **Modèles locaux :** l'image est vue comme une composition de plusieurs parties, chaque partie est utilisée indépendamment pour estimer un ensemble de paramètres spécifiques de lui. Ainsi le modèle est constitué d'un ensemble de transformations locales.

Selon la nature de la transformation :

- **Modèles non-paramétriques :** les paramètres de la transformation sont directement calculés (par résolution d'un système d'équations par exemple).
- **Modèles paramétriques :** les paramètres de la transformation sont recherchés, par un processus d'optimisation, parmi un ensemble de solutions possibles spécifiques d'un modèle de transformation pré-choisi (exp : recherche des valeurs optimales des paramètres R et t pour un modèle de transformation linéaire de type $T(p) = R p + t$).

Selon le degré de conservation géométrique :

- **Modèles linéaires :** les transformations se réalisent par des applications linéaires. Ils regroupent les transformations rigides, affines et projectives. Ces modèles gardent la forme des structures incluses dans les images.

- **Modèles non-linéaires** : ils sont plus déformants que les modèles linéaires et leurs degrés de liberté sont beaucoup plus importants. Ils comportent les transformations polynomiales, radial basis fonction (RBF), Free Form deformation (FFD), et le modèle physique (modèle mécanique : élastique, modèle fluide, modèle visco-élastique, modèle de diffusion).

En ce qui suit, nous détaillerons chaque classe. Nous introduirons les transformations en utilisant les concepts de la géométrie projective où chaque point est représenté par **un système de coordonnées homogènes** (projectives). Ainsi un point en n D sera représenté par un vecteur de dimension $n+1$ en ajoutant une coordonnée supplémentaire dénotée w .

Un point de coordonnées (x,y,z) en 3D deviendra en représentation projective un vecteur à 4 coordonnées dont au moins une est non nulle :

$$\begin{bmatrix} x \\ y \\ z \\ w \end{bmatrix}$$

- Deux vecteurs $\begin{bmatrix} x \\ y \\ z \\ w \end{bmatrix}$ et $\begin{bmatrix} x' \\ y' \\ z' \\ w' \end{bmatrix}$ représentent le même point **ssi** il existe un scalaire λ tel que :

$$x = \lambda x' \quad y = \lambda y' \quad z = \lambda z' \quad w = \lambda w'$$

- **Les points à l'infini** (obtenus par transformation projective) : $w = 0$ (coordonnées $(x, y, z, 0)$ avec x, y et z non tous nuls).
- **Les points réelles** : $w = 1$ (car en divisant les 4 coordonnées par la 4^{ième} on obtiendra un point équivalent).

Quel est l'intérêt de coordonnées homogènes ?

- Permet de représenter sous forme matricielle l'ensemble des transformations, en particulier les translations.
- Permet de rassembler différentes transformations dans une même matrice.
- Evite les traitements particuliers des points à l'infini ce qui a une grande importance dans les transformations projectives.

1.4.3.1 Modèles linéaires

A. Modèles linéaires globaux

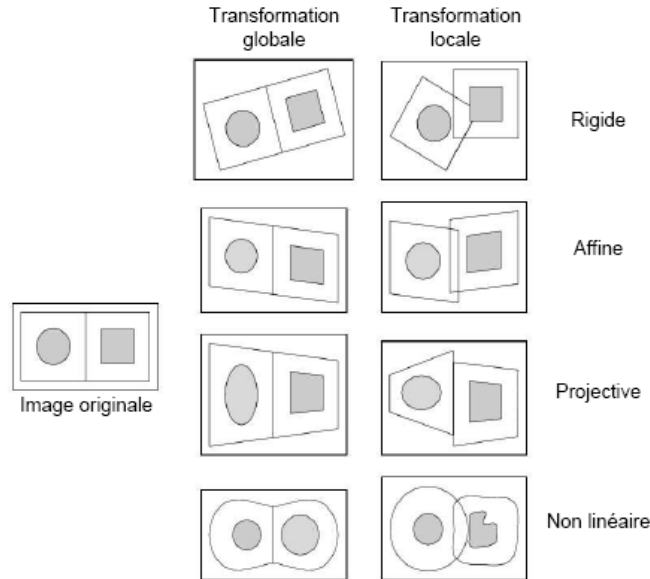


Figure 1.10 - Exemples synthétiques illustrant l'effet de différents types de transformations en 2D. Prise de Maintz&Viergever [8].

Nous adopterons les notations de Barillot [23] pour présenter cette classe :

1) Transformation rigide (isométrie) :

La transformation rigide conserve les distances, les angles et le parallélisme. C'est une composition d'une translation et une rotation. Elle se définit sous la forme matricielle suivante :

$$T(p) = R p + t \quad (1.38)$$

Où R est une matrice de rotation de dimension $n \times n$, elle est orthogonale vérifiant : $RR^T = R^T R = I$ et $\det R = +1$. En 3D, R est le produit de trois rotations autour des 3 axes principaux :

$$R = R_x R_y R_z = \begin{bmatrix} r_{11} & r_{12} & r_{13} & 0 \\ r_{21} & r_{22} & r_{23} & 0 \\ r_{31} & r_{32} & r_{33} & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (1.39)$$

Avec :

$$R_{x,\alpha} = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \cos(\alpha) & -\sin(\alpha) & 0 \\ 0 & \sin(\alpha) & \cos(\alpha) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (1.40)$$

$$R_{y,\beta} = \begin{bmatrix} \cos(\beta) & 0 & \sin(\beta) & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ -\sin(\beta) & 0 & \cos(\beta) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (1.41)$$

$$R_{z,\gamma} = \begin{bmatrix} \cos(\gamma) & -\sin(\gamma) & 0 & 0 \\ \sin(\gamma) & \cos(\gamma) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (1.42)$$

t est un vecteur colonne de dimension $n \times 1$ représentant la translocation : $t = \begin{bmatrix} t_x \\ t_y \\ t_z \\ 1 \end{bmatrix}$

$(n - 1)$ étant la dimension de l'espace de l'évolution.

Le nombre de DDL (degrés de liberté) d'une transformation rigide est le plus bas (6 en cas de 3D : les 3 angles de rotation et les trois paramètres de translocation, 3 en cas de 2D), réalisant l'espace de recherche le plus restrictif. Elles sont utiles pour le recalage intra-sujet.

2) Transformation métrique (homothétie) :

Elle préserve les angles, le parallélisme et le rapport des longueurs. Elle consiste à une rotation et une translation avec l'ajout d'un facteur d'échelle isotrope :

$$T(p) = SRp + t \quad (1.43)$$

Où S est une matrice d'échelle de dimension $n \times n$, tel que $S_{ij} = 0$ pour $i \neq j$ et $S_{ii} = s$. Dans un espace 3D elle est comme suit :

$$S = \begin{bmatrix} s & 0 & 0 & 0 \\ 0 & s & 0 & 0 \\ 0 & 0 & s & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad s > 0 \quad (1.44)$$

Le nombre de DDL est 7 en 3D, 4 en 2D. Elle est sollicitée généralement en cas du recalage intra-sujet multi-modal avec variation de résolutions entre les différentes modalités.

3) Transformation affine :

Elle est plus flexible que les précédentes. La transformation affine ne préserve que le parallélisme. En plus des rotations et translations, elle permet l'ajout d'un facteur d'échelle anisotrope et elle prend en compte les cisaillements :

$$T(p) = A p + t \quad (1.45)$$

Où est A est une matrice quelconque de dimension $n \times n$, elle peut être une composition

d'une translation, rotation, matrice d'échelle anisotrope : $S = \begin{bmatrix} s_1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & s_2 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & s_3 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$

et/ou matrice de cisaillement : $C = \begin{bmatrix} 1 & c_{yx} & c_{zx} & 0 \\ -c_{yx} & 1 & c_{zy} & 0 \\ -c_{zx} & -c_{zy} & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{bmatrix}$ (1.46)

C'est une transformation à 12 DDL en 3D (3 pour la translation, 3 pour la rotation, 3 paramètres d'échelle et 3 paramètres pour le cisaillement) et 6 DLL en 2D. Elle est généralement utilisée dans le recalage multimodal inter-sujet.

4) Transformation projective :

Elle permet de transformer une structure $n D$ vers un espace $m D$ tel que $m < n$. Elle préserve les lignes droites sans préserver le parallélisme.

Les transformations projectives sont relativement complexes. Elles sont généralement utilisées dans le cadre du recalage 3D/2D, notamment dans le recalage per-opérateur (Lavallée [15]). L'ouvrage Faugeras [64] apporte plus de détails sur cette classe de transformations.

Le système des coordonnées homogènes nous permet d'exprimer les transformations rigides, métriques, affines et projectives par une seule formule linéaire matricielle :

$$T(p) = M p \quad (1.47)$$

Où M est une matrice de dimension $n \times n$; elle peut aller d'une seule transformation élémentaire à une composition plus ou moins complexe de plusieurs transformations :

$$M = \begin{bmatrix} m_{11} & m_{12} & m_{13} & m_{14} \\ m_{21} & m_{22} & m_{23} & m_{24} \\ m_{31} & m_{32} & m_{32} & m_{32} \\ m_{41} & m_{42} & m_{42} & m_{42} \end{bmatrix} \quad (1.48)$$

Ainsi dans l'espace 3D, la formule précédente a la forme :

$$T(\mathbf{p}) = \begin{bmatrix} x' \\ y' \\ z' \\ w' \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} m_{11} & m_{12} & m_{13} & m_{14} \\ m_{21} & m_{22} & m_{23} & m_{24} \\ m_{31} & m_{32} & m_{32} & m_{32} \\ m_{41} & m_{42} & m_{42} & m_{42} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} y \\ x \\ z \\ w \end{bmatrix} \quad (1.49)$$

Le processus du recalage consiste donc à calculer ou estimer les coefficients m_{ij} de M , qui minimisent le critère de similarité choisi.

Revenant à notre définition de la transformation T au début de ce chapitre :

$T : D_{ref} \rightarrow D_{dest}$; associe à chaque point \mathbf{p} de Ω_{ref} les coordonnées $T(\mathbf{p})$ dans Ω_{dest} .

Appliquant cette définition sur les transformations linéaires, T s'exprimera de la manière suivante :

$T : \mathbf{p}_{ref} \rightarrow \mathbf{p}_{dest}$ tel que :

$$\mathbf{p}_{dest\ i} = \sum_{j=1}^n m_{ij} \mathbf{p}_{ref\ i} \quad (1.50)$$

Où : $\mathbf{p}_{dest\ i}$ est la $i^{ième}$ coordonnée de \mathbf{p}_{dest} , et $\mathbf{p}_{ref\ i}$ est la $i^{ième}$ coordonnée de \mathbf{p}_{ref} .

B. Modèles linéaires locaux

Le meilleur exemple des transformations linéaires locales dans le domaine médical est la méthode du quadrillage proportionnel de Talairach [65], dont laquelle un repère du cerveau est divisé en 12 parties devant subir chacune une transformation affine dans le but de recalculer le repère sur un cerceau d'un patient.

Les transformations locales prennent en considération les distorsions locales, ignorées par les méthodes globales, cela les rend plus précises.

La majorité des méthodes actuelles sont basées sur la triangulation des images, puis l'application d'une transformation affine sur chaque triangle dans l'image destination afin de l'apparier avec son correspondant dans l'image référence. Pour plus d'information sur les transformations linéaires par morceaux, le lecteur peut consulter Goshtasby [66, 67, 68].

1.4.3.2 Modèles non linéaires

Les modèles linéaires ne permettent pas d'appréhender les déformations complexes des structures non rigides. Ainsi dans le domaine de l'imagerie médicale, ils ne sont plus adaptés au recalage inter-sujet. Cela a poussé les chercheurs à développer des modèles avec grand nombre de DDL, *les modèles non linéaires*.

La quasi-totalité de ces modèles consiste à rechercher une transformation locale T tel que :

$$\begin{aligned} T : D_{ref} &\rightarrow D_{dest} \\ \mathbf{p} &\rightarrow \mathbf{p} + \mathbf{u}(\mathbf{p}) \end{aligned} \quad (1.51)$$

Il s'agit d'associer à chaque point \mathbf{p} de Ω_{ref} un vecteur de déplacement $\mathbf{u}(\mathbf{p})$, T sera donc sous la forme d'un champ des déplacements dense.

Comment estimer la transformation T ? L'optimisation des critères denses et géométriques décrit plus haut suffit-elle seule pour l'estimation de champ des déplacements??

En effet, dès que le nombre de DLL est très important, l'information portée par l'image (distances, intensités) ne garantit plus l'unicité de la solution ; on dit que le problème d'estimation est *mal posé* au sens de *Hadamard*. D'où la nécessité d'ajouter des informations (indépendantes de l'image) contraignent la cohérence entre les vecteurs de déplacement voisins. D'une façon formelle, il s'agit d'introduire dans l'expression à optimiser, en plus de la fonction de similarité, un terme dit *terme de régularisation* ou autrement appelé *énergie de régularisation*. Ce dernier permet de pénaliser les transformations à caractère oscillatoire (Roche [53]). La contrainte de régularité impose au champ des déplacements d'être lisse.

A) - Selon que la régularisation est assurée au sein de l'optimisation ou après l'estimation des paramètres du modèle, on distingue **les approches compétitives** et **les approches par filtrage itératif** (Vincent [24]) :

1) Les approches compétitives :

Dans ces approches, la formule d'optimisation a la forme suivante :

$$\hat{T} = \underset{T \in \mathcal{T}}{\text{arg min}} (E_{\text{similarité}} + \alpha E_{\text{régularisation}}) \quad (1.52)$$

où $E_{\text{similarité}}$ représente l'énergie d'attache aux données associée à la fonction de similarité utilisée, et $E_{\text{régularisation}}$ est l'énergie de régularisation sur la classe des transformations. α est une constante strictement positif qui contrôle l'influence relative des deux énergies.

2) Approches par filtrage itératif (pair-and-smooth) :

Ces approches consistent en deux étapes : une étape d'estimation des paramètres suivie par une étape de régularisation (lissage). Ces deux étapes sont répétées successivement jusqu'à convergence du modèle. La régularisation est réalisée généralement par un processus du filtrage : filtrage gaussien comme dans l'algorithme des démons dans Thirion [69], filtres de convolution sur le domaine de Fourier comme dans Cachier [70], des filtres permettant d'approcher des régularisations type fluide (Bro-Nielsen [71]) ou élastique (Broit [72]), et d'autres types de filtres (Cachier [73]).

B) - Selon la nature des contraintes de régularisation, on distingue deux catégories : **régularisation par utilisation des bases d'interpolation** et **régularisation par introduction des modèles physiques** (élastique, fluide, modèle de diffusion.....) (Barillot [23]) :

1) Régularisation par utilisation des bases d'interpolation :

Ces méthodes sont souvent utilisées dans le recalage géométrique où elles assurent un recalage précis des primitives géométriques avec une interpolation lisse du champ des déplacements pour le reste des points. Nous ferons un passage rapide sur les bases d'interpolation les plus connues. Pour plus de détail sur ça le lecteur peut se référer à Woods [74].

Modèle polynomial : le vecteur de déplacement est exprimé sous une forme polynomiale ; c'est-à-dire sous forme d'une combinaison linéaire de monômes. Il s'agit d'une interpolation globale, ce qui rend le modèle peu adapté pour les variations locales. L'expression des coordonnées transformées pour un modèle du second ordre (30 DDL) est donnée par :

$$\begin{bmatrix} x' \\ y' \\ z' \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_{00} & a_{02} & \dots & a_{09} \\ a_{10} & a_{11} & \dots & a_{19} \\ a_{20} & a_{21} & \dots & a_{29} \\ 0 & 0 & \dots & 1 \end{bmatrix} [x^2 \quad y^2 \quad z^2 \quad xy \quad xz \quad yz \quad x \quad y \quad z \quad 1] \quad (1.53)$$

Bases de fonctions : c'est une classe de transformations où le vecteur de déplacement est représenté par une combinaison linéaire d'une famille de fonctions θ_i :

$$\begin{bmatrix} x' \\ y' \\ z' \\ 1 \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} a_{00} & a_{02} & \dots & a_{0n} \\ a_{10} & a_{11} & \dots & a_{1n} \\ a_{20} & a_{21} & \dots & a_{2n} \\ 0 & 0 & \dots & 1 \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \theta_1(x,y,z) \\ \vdots \\ \theta_n(x,y,z) \\ 1 \end{bmatrix} \quad (1.54)$$

Les bases de fonctions utilisées dans la littérature sont : les bases de fonctions trigonométriques(Ashburner [75]), les bases d'ondelettes (Amit [76]), les bases de fonctions B-splines (Szeliski [77], Sorzano [78]), et les bases de fonctions radiales (*Radial Basis Functions* ou *RBF*). Ces dernières sont les plus utilisées, nous les détaillerons dans le paragraphe suivant.

Les bases de fonctions radiales (*Radial Basis Functions* ou *RBF*) :

La transformation est exprimée comme une combinaison d'une transformation globale polynomiale avec la somme pondérée des fonctions radiales. Une fonction radiale est une fonction symétrique qui ne dépend que de la distance et ne privilégie aucune direction.

Etant donné n points de coordonnées (x_i, y_i, z_i) , appelés les points de contrôle, et une fonction radiale g , l'expression de la transformation correspondante définie sur l'ensemble du volume est donnée par :

$$x' = P_x^m(x, y, z) + \sum_{i=1}^n \alpha_{i,x} g(r_i(x, y, z)) \quad (1.55)$$

$$y' = P_y^m(x, y, z) + \sum_{i=1}^n \alpha_{i,y} g(r_i(x, y, z)) \quad (1.56)$$

$$z' = P_z^m(x, y, z) + \sum_{i=1}^n \alpha_{i,z} g(r_i(x, y, z)) \quad (1.57)$$

$P_x^m(x, y, z)$, $P_y^m(x, y, z)$, $P_z^m(x, y, z)$ sont des formes polynomiales d'ordre m donnant le comportement global de la transformation. $\alpha_{i,x}$, $\alpha_{i,y}$, $\alpha_{i,z}$ sont les coefficients caractérisant le comportement local de la transformation et $r_i(x, y, z)$ est la distance euclidienne du point (x, y, z) au $i^{\text{ième}}$ point de coordonnées (x_i, y_i, z_i) . Ainsi, les fonctions radiales permettent d'interpoler le champ des déplacements à partir de plusieurs points mis en correspondance (points de contrôle), pour qu'il soit défini sur l'ensemble des pixels (ou voxels).

Différentes fonctions radiales peuvent être utilisées pour réaliser l'interpolation : Gaussien (Arad [79]), Multiquadrique (Hardy [80]), et les Thin-Plate splines (TPS) (Bookstein [81]).

Les TPS sont considérés les plus performants dans le recalage non linéaire par rapport autres fonctions radiales selon l'étude de Goshtasby [82]. Leur expression rend compte de la déformation d'une plaque mince dont plusieurs points sont contraints.

Tableau 1.2 montre les de fonctions radiales les plus utilisées dans la littérature :

Fonction radiale	$g(r_i)$
Linéaire	r_i
<i>Thin-Plate Spline</i> (TPS)	$r_i^2 \log r_i^2$ (2D)
Spline cubique	$\ r_{\vec{i}}\ ^3$
Multiquadrique (MQ)	$(r_i^2 + \delta)^\mu$
Multiquadrique inverse	$(r_i^2 + \delta)^{-\mu}$
Gaussien	$e^{r_i^2/\sigma}$
<i>Shifted-LOG</i>	$\log(r_i^2 + \delta)^{\frac{3}{2}}$

Tableau 1.2 - Différentes fonctions radiales.

Pour plus de détails sur cette classe, on adresse le lecteur vers Arad [79] et Ruprecht [83].

Free Form Deformation :

Les Free Form Deformations (FFD) sont introduites par Sederberg [84], et appliquées dans le domaine du recalage médical par plusieurs auteurs (Rueckert [85], Rohlfing [86]). Elles consistent à considérer une grille régulière de points de contrôle sous-jacente à l'image étant déformé en agissant sur chacun de ces points de contrôle. Une fonction interpolante (par exemple B-spline d'ordre 3) assure au champ de déformation d'être lisse, continu et de classe C^2 .

L'avantage principal des FDD réside dans leur aptitude à estimer des déformations très localisées, leur permettant ainsi d'appréhender convenablement les variations locales de forme.

2) Régularisation par introduction de modèles physiques :

Modèle élastique :

Il est introduit par Broit [72] et Bajcsy [87], suivi par plusieurs autres travaux (Miller [88], Christensen [89]). Il s'inspire du comportement des matériaux élastiques sous l'effet d'une force externe. Ainsi le processus de recalage est simulé comme étant un processus de

déformation d'un corps solide élastique d'une forme initiale (correspondant à I_{dest}) vers une autre forme (correspondant à I_{ref}). En d'autres termes, le problème de recalage est vu comme un problème de mécanique des milieux continus (MMC).

A) - De ce fait, le champ des déplacements $u(x, y, z)$ peut être calculé par une méthode non paramétrique en résolvant l'équation aux dérivées partielles (EDP) de Navier-Cauchy (forme simplifiée) :

$$\mu_e \nabla^2 u(x, y, z) + (\lambda_e + \mu_e) \nabla(\nabla \cdot u(x, y, z)) + F(x, y, z) = 0 \quad (1.58)$$

Où $F(x, y, z)$ est une force externe, définie comme une fonction liée aux similarités locales. On peut dire qu'il s'agit de la force qui tend à mettre en correspondance les structures homologues au sens d'une certaine distance $D(I_{ref}, I_{dest}(u))$ qui peut être dense (Gee [90], Ferrant [91]) ou entre primitives géométrique (Davatzikos [92, 93]). L'expression de la force externe est généralement donnée par le gradient de la distance par rapport aux paramètres du champ des déplacements : $F(x, y, z) = \nabla D(I_{ref}, I_{dest}(u))$.

μ_e et λ_e sont les constantes d'élasticité, appelées les coefficients de Lamé pour un solide.

B) - Outre l'équation de Navier, le champ des déplacements $u(x, y, z)$ peut être estimé par une approche paramétrique compétitive en minimisant la mesure de l'énergie :

$$E_{similarité} + \alpha E_{régularisation}$$

où $E_{régularisation}$ représente l'énergie élastique linéaire, notée $E_{élastique}$ (Broit [72]).

Considérant une transformation $T : D_{ref} \rightarrow D_{dest}$ définie pour tout $p \in D_{ref}$ par :

$$T : p = [x \ y \ z]^t \rightarrow [x + u_x(p) \ y + u_y(p) \ z + u_z(p)]^t \quad (1.59)$$

$E_{élastique}$ est formulée comme suit :

$$E_{élastique} = \sum_{i \in \{x, y, z\}} \sum_{j \in \{x, y, z\}} \int_{D_{ref}} \lambda \left(\frac{\partial u_i}{\partial i}(p) \right) \left(\frac{\partial u_j}{\partial j}(p) \right) + \mu \left(\frac{\partial u_i}{\partial j}(p) + \frac{\partial u_j}{\partial i}(p) \right)^2 dp \quad (1.60)$$

Cette dernière formulation permet d'estimer le champ des déplacements en un temps moins important qu'avec l'équation de Navier.

En effet les modèles élastiques présent dans la littérature sont en majorité basés sur l'hypothèse d'élasticité linéaire (qui est elle-même basée sur l'hypothèse des petits déplacements), et donc incapables d'appréhender les grands déplacements comme démontré dans Christensen [94].

Le meilleur exemple de recalage élastique dans le domaine médical est l'algorithme déformant un atlas anatomique sur des images cérébrales (Gee [90]).

Modèle fluide :

Il est proposé par Christensen et coll. [94 - 97] et Miller [98]. L'idée est de considérer l'image non plus comme une structure élastique mais comme un fluide qui se coule dans le temps avec une vitesse $v(x, y, z, t)$. La configuration initiale de flux visqueux correspond à I_{dest} et sa configuration déformée correspond à I_{ref} .

A) – De ce fait, le champ des déplacements sera calculé directement par une approche non paramétrique, en résolvant l'équation qui régit le comportement des fluides ; l'équation de Navier-Stokes (forme simplifiée pour un fluide):

$$\mu_v \nabla^2 v(x, y, z, t) + (\lambda_v + \mu_v) \nabla(\nabla \cdot v(x, y, z, t)) + F(x, y, z) = 0 \quad (1.61)$$

C'est la même équation que pour le modèle élastique en remplaçant le champ des déplacements $u(x, y, z, t)$ par le champ des vitesses $v(x, y, z, t)$.

μ_v et λ_v sont les constantes de viscosité, appelés les coefficients de Lamé pour un fluide.

Le passage de $u(x, y, z, t)$ à $v(x, y, z, t)$ se fait par la relation suivante :

$$v(x, y, z, t) = \frac{\partial u(x, y, z, t)}{\partial t} + v(x, y, z, t) \nabla u(x, y, z, t) \quad (1.62)$$

B) – Le champ des déplacements peut être estimé aussi à l'aide d'une approche paramétrique par filtrage itératif, comme dans Bro-Nielsen [71], où la régularisation fluide est approchée par un filtre sous forme d'un opérateur de viscosité linéaire.

Les modèles fluides sont qualifiés comme des modèles incrémentaux, car la régularisation dépend de l'évolution de la transformation. Ils sont plus flexibles et ils permettent d'appréhender les grandes déformations et d'estimer des déformations très locales par comparaison aux modèles élastiques. Mais ils sont plus coûteux en temps du calcul (Wollny [99]), et ils tendent d'entacher l'image résultante (artefacts) avec un taux de mal-alignements augmenté du fait de l'important nombre de DDL permis (Tang [100]).

Modèle visco-élastique :

Pour bénéficier des avantages des deux modèles élastiques et fluides, les chercheurs ont pensé aux modèles hybrides, d'où l'apparition des modèles visco-élastiques. Une autre motivation pour l'utilisation de tels modèles pour le recalage des images médicales est qu'ils fournissent des résultats plus réalistes, dès que la bio-mécanique objective que la majorité des tissus mous de l'organisme exhibent un caractère viscoélastique (voir section 3.1.11). Les travaux déjà réalisés pour atteindre ce but sont d'actualité et ils sont très peu.

Comme pour les modèles élastiques et fluides, on peut formuler les modèles visco-élastiques par deux approches :

A) – Par la résolution d'un système d'équations régissant le comportement d'un matériau visco-élastique :

Tang [100] a proposé une approche basée sur le modèle de visco-élasticité linéaire de Maxwell (voir section 3.1.10.2.A). Son approche consiste à résoudre séparément deux équations : une équation contrôlant la composante fluide de son modèle et une autre régissant la composante élastique.

Par contre, Yi [101] a appliqué la loi consécutive d'un fluide viscoélastique, mais il a ajouté un terme d'élasticité à l'équation de Navier-Stokes :

$$\mu_v \nabla^2 v(x, y, z, t) + (\lambda_v + \mu_v) \nabla(\nabla \cdot v(x, y, z, t)) + \nabla \cdot \sigma + F(x, y, z) = 0 \quad (1.63)$$

Où : σ est le tenseur des contraintes élastiques.

Au lieu de résoudre séparément deux équations comme dans Tang [100], Yi [101] a affaire à une seule équation couplant les deux composantes, ce qui est plus réaliste.

B) – L'autre alternative est l'utilisation d'un terme de régularisation hybride (approche paramétrique) comme dans le PASHA algorithme de Cachier [73].

En effet, les modèles mécaniques (élastique, fluide, viscoélastique) sont les plus appropriés pour le recalage des images médicales. Le modèle visco-élastique est l'idéal car ils fournissent des résultats plus précis et plus réalistes en prenant en comptes les caractéristiques visco-élastiques des tissus de l'organisme. Les travaux ainsi réalisés dans ce volet sont très peu et ils sont tous basés sur des modèles simplifiés par de nombreuses hypothèses, notamment l'hypothèse de linéarité pour simplifier les calculs et faire face au problème de charge calculatoire associée à ce type de recalage. Mais cela influence négativement leurs degrés de précision et leur réalisme.

En plus de la classification des approches de recalage par modèles mécaniques selon la nature de modèle (élastique, fluide, viscoélastique), il existe une sous-classification au sein du modèle lui-même ; c'est selon la façon par laquelle le caractère élastique, fluide, ou viscoélastique est modélisé (modèle linéaire / modèle non linéaire, modèle masse-ressort / modèle masse-tenseurs/.....). En effet ces classifications prennent naissance dans le domaine de modélisation et simulation des milieux continus et s'étendent au domaine de recalage des images utilisant les modèles mécaniques. Dans la section 3.1, nous introduirons les éléments de base de la mécanique des milieux continus ce qui permet de bien assimiler le recalage par modèles mécaniques. Le nouvel algorithme présenté dans ce manuscrit (que nous détaillerons dans chapitre 4) s'inscrit dans ce cadre.

Modèle de diffusion :

- **Flot optique (Horn [102]):** les méthodes de flot optique sont très utilisées en traitement d'images pour l'estimation des mouvements. Elles reposent sur l'hypothèse que dans une séquence d'images, l'intensité d'un point reste constante au cours du temps. Autrement dit, l'intensité I d'un point M de coordonnées (x, y, z) ayant parcouru un déplacement $dM(dx, dy, dz)$:

$$I(x, y, z, t) = I(x + dx, y + dy, z + dz, t + dt) \tag{1.64}$$

Cette hypothèse nous permet de calculer le déplacement après une série de dérivations.

- **L'algorithme des démons (Thirion [69]) :** les contours des objets de l'image référence I_{ref} sont considérés comme des membranes semi-perméables où sont placés des effecteurs appelés démons, caractérisés par une orientation allant de l'intérieur vers l'extérieur de l'objet. Les démons sont des opérateurs qui tendent à appliquer, sur un point M de l'image I_{dest} une force F dirigée vers l'intérieur de l'objet de l'image de référence si le point M a la même polarité que l'objet, vers l'extérieur dans le cas contraire. La notion de polarité est liée à la notion de similarité entre les images. Pour les images segmentées, la polarité est identique dans le cas où le point M a la même étiquette que l'objet. Pour des images en niveau de gris, l'information de polarité est portée par le gradient qui indique une intensité semblable dans l'autre image.

Les méthodes de diffusion sont bien adaptées au recalage des surfaces et des contours.

1.4.4 Les stratégies d'optimisation

D'après tout ce qu'on a vu, il s'avère bien évident que le recalage d'images est un problème d'optimisation continue, mono-objective et multi-variable (formule (1.1)) :

$$\hat{T} = \underset{T \in \mathcal{T}}{\operatorname{arg\,max}} \operatorname{Sim} (\Omega_{ref}, \Omega_{dest}(T))$$

Où les variables à rechercher par la résolution de ce problème d'optimisation sont les paramètres de la transformation optimale.

En effet, le problème d'optimisation est un problème ancien dont la littérature est riche en méthodes de résolution qui vont de plus simples aux plus complexes. Dans cette section nous adopterons la classification de Vincent [24] pour les différentes stratégies d'optimisation utilisées dans le domaine de recalage.

Ainsi, quatre catégories de méthodes d'optimisation peuvent être distinguées. La première catégorie regroupe les problèmes d'optimisation admettant une solution explicite. Ensuite viennent les méthodes dites d'ordre 0 qui reposent simplement sur l'évaluation de la fonctionnelle d'énergie en un certain nombre de points, par opposition aux méthodes d'ordre supérieur qui utilisent des informations supplémentaires sur le critère à optimiser comme le gradient ou le *Hessien*. Enfin la dernière catégorie comprend les méthodes dites stochastiques.

Résolution explicite : les problèmes de recalage admettant une solution explicite sont relativement peu nombreux et se limitent principalement aux méthodes géométriques mettant en jeu des énergies quadratiques. Par exemple, l'estimation d'une transformation rigide ou affine entre deux images, à partir d'amers ponctuels en minimisant la somme du carré des erreurs sur l'ensemble des points, admet une solution analytique (problème de *Procrustes*). De même, le problème de recalage non rigide reposant sur la mise en correspondance stricte d'amers ponctuels suivi d'une interpolation d'un champ des déplacements dense.

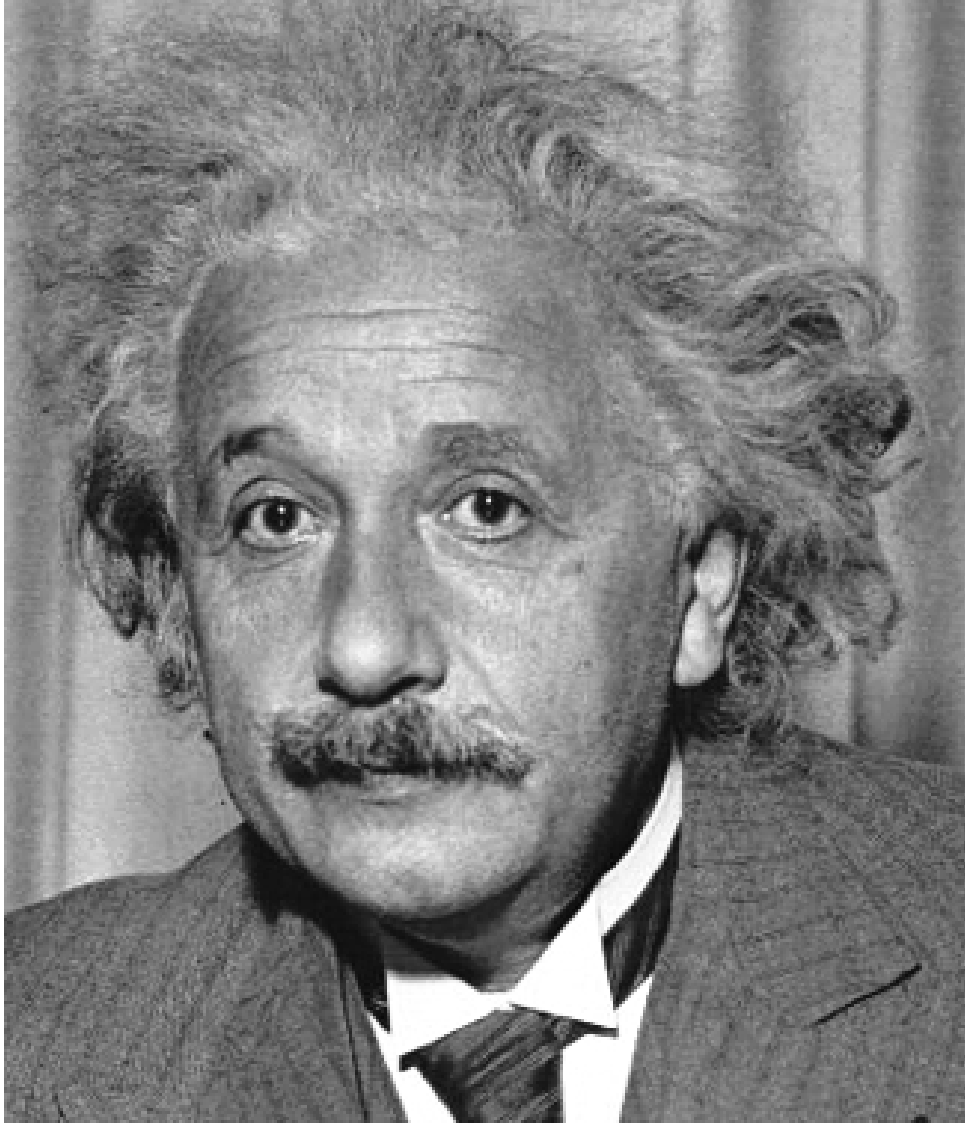
Méthodes d'ordre 0 : la plus simple est la recherche exhaustive. Elle consiste à échantillonner à intervalle régulier l'ensemble de l'espace des paramètres et de retenir la solution optimale. Bien qu'elle permette d'accéder au minimum global avec une précision définie par le pas d'échantillonnage, elle est en pratique rarement utilisée car trop coûteuse en temps de calcul. D'autres méthodes effectuent une recherche itérative du minimum en utilisant l'information des échantillons déjà évalués pour proposer un nouveau candidat. Les plus populaires de ces méthodes sont celle de Powell [103] et celle du simplexe [104].

Ces méthodes itératives ne permettent cependant pas de garantir la convergence vers un minimum global.

Méthodes d'ordre supérieur : afin d'augmenter la vitesse de convergence vers le minimum, certains algorithmes utilisent des caractéristiques différentielles (gradient et/ou *Hessien*) du critère. Les méthodes de *descente de gradient* et du *gradient conjugué* utilisent l'information portée par le gradient. Les méthodes dites de *Newton* utilisent quant à elles l'information portée par le *Hessien*. Comme le calcul du *Hessien* pouvant s'avérer délicat, des méthodes font recours à une approximation du *Hessien* à partir du gradient comme par exemple la méthode de *quasi-Newton*. Les méthodes basées sur le *Hessien* du critère sont très efficaces pour une initialisation proche de la solution, mais s'avèrent mal adaptées dans le cas contraire. Inversement, les méthodes par *descente de gradient* sont plus adaptées pour des initialisations lointaines tandis que leur vitesse de convergence au voisinage du minimum est faible. L'algorithme de *Levenberg-Marquardt* [105] propose de combiner les avantages de ces deux types de méthodes en faisant évoluer au cours de la phase d'optimisation un paramètre de pondération autorisant l'algorithme à avoir tantôt un comportement proche de l'algorithme de descente de gradient, tantôt un comportement similaire à l'algorithme de Newton. Il est à noter cependant qu'aucune de ces méthodes ne permet de garantir la convergence vers un minimum global.

Méthodes non déterministes : le recuit simulé (Kirkpatrick [106]), les algorithmes génétiques (Goldberg [107]) et à moindre degré l'optimisation par essaim de particules (OEP) sont les principales méthodes d'optimisation, utilisées dans le cadre du recalage, permettant de garantir théoriquement la convergence vers un minimum global. L'usage de ces méthodes s'est principalement restreint au cadre du recalage rigide et affine étant donnée leur faible vitesse de convergence (Jacq [108, 109], Hassiba Talbi [110], Richard [111]). J.-M. Rouet [112] propose l'utilisation des algorithmes génétiques pour le recalage élastique d'images multi-modales et Hichem Talbi [113] utilise un algorithme génétique quantique. D'autres méthodes reposent sur une stratégie d'optimisation avec plusieurs initialisations aléatoires (Jenkinson [114]) ou bien sur l'utilisation d'un gradient stochastique, dont les composantes sont perturbées aléatoirement par l'ajout d'un bruit (Salomon [115]).

Le livre intitulé « Numerical Recipes: The Art of Scientific Computing » ([116]) comporte la plupart des algorithmes d'optimisation existantes dans la littérature ainsi que leurs codes en langage C++.



« Le problème aujourd'hui n'est pas l'énergie atomique, mais le cœur des hommes »,

Albert Einstein.

Chapitre 2 : Domaine applicatif

Sommaire

Introduction.....	53
2.1 Le cœur	54
2.1.1 Description anatomique.....	54
2.1.2 Fonctionnement du cœur	56
2.1.3 Electrophysiologie	57
2.1.4 Biomécanique du myocarde	59
2.2 Modalités d'imagerie cardiaque.....	59
2.2.1 IRM.....	59
2.2.2 Echocardiographie (US)	62
2.2.3 Imagerie interventionnelle.....	64
2.3 Modélisation cardiaque.....	67
2.3.1 Modélisation de l'anatomie cardiaque.....	69
2.3.2 Modélisation de l'activité électrique du cœur	73
2.3.3 Modélisation du comportement mécanique du myocarde et le couplage électromécanique.....	74
2.4 Recalage per-opératoire : état de l'art.....	77
Conclusion	80

Introduction

Les maladies cardio-vasculaires constituent la première cause de mortalité dans le monde entier⁵. Plusieurs de ces maladies nécessitent un traitement chirurgical, notamment les maladies coronaires, les valvulopathies et les vasculopathies.

La chirurgie cardio-vasculaire s'est considérablement développée au cours de ces dernières décennies, jusqu'à devenir une des chirurgies les plus répandues dans le monde (pontages coronaires, remplacements valvulaires....).

Les procédures chirurgicales conventionnelles exigent une circulation extracorporelle (CEC) et elles s'effectuent par thoracotomie. Mais les grands risques associés à ces procédures (à savoir les séquelles neurologiques, la mortalité, les infections post-opératoires) ainsi que leur caractère trop invasif orientent les regards des cardio-chirurgiens vers des alternatives, d'où l'apparition de la chirurgie cardiaque mini-invasive et la chirurgie assistée par robot (Volkmar [117, 121], Coste-manière [118, 119], Pike [120], Thomas [122], David [123]). Ainsi, le pontage coronarien à cœur battant sous endoscopie (Volkmar [117]) a entraîné un grand bouleversement dans le domaine de la chirurgie cardiaque, notamment en permettant la prise en charge d'une population de plus en plus âgée et porteuse de tares. Le grand défi devant les procédures mini-invasives est la limitation du champ de vue opératoire, ce qui n'est pas le cas dans les méthodes conventionnelles. Face à ce problème fut apparu le besoin d'un recalage per-opératoire dans le domaine de la chirurgie cardiaque, et c'est le domaine que nous avons choisi pour appliquer notre algorithme de recalage per-opératoire par modèle bio-mécanique.

Dans ce chapitre, nous introduisons le domaine applicatif en commençant par un flash sur l'anatomie du cœur, son fonctionnement, sa physiologie, sa biomécanique et les modalités d'imagerie médicale qui l'explorent. Puis nous rapporterons d'une manière un peu détaillée les travaux ainsi réalisés dans le volet de la modélisation du cœur ainsi que les différentes étapes pour concevoir un modèle bio-mécanique. C'est en suivant ces étapes que nous concevrons dans le chapitre 4 notre modèle biomécanique viscoélastique non-linéaire à utiliser dans la procédure du recalage per-opératoire. A la fin, nous fournirons un état de l'art rapide sur le recalage per-opératoire, le recalage en chirurgie cardio-vasculaire, et plus spécifiquement le recalage IRM / US, afin de mieux placer notre contribution dans la littérature.

⁵ Organisation Mondiale de la Santé : <http://www.who.int/ncd/cvd/>

2.1 Le cœur

Un cœur normal est une puissante pompe musculaire qui propulse le sang vers les organes, les tissus et les cellules de l'organisme pour apporter l'oxygène et les éléments nutritifs à chaque cellule du corps et retirer le dioxyde de carbone et les déchets produits par ces cellules. Il permet de pomper, au repos, environ 4 à 5 litres de sang par minute.

2.1.1 Description anatomique

Le cœur est un organe qui pèse environ 300 grammes chez l'homme adulte, 250 grammes chez la femme. Il est formé essentiellement d'un muscle (*le myocarde*), qui est entouré d'un "sac" séreux (*le péricarde*) et tapissé à l'intérieur par une fine membrane (*l'endocarde*). Il comprend quatre cavités : deux cavités droites, formées par l'oreillette et le ventricule droit et deux cavités gauches, formées par l'oreillette et le ventricule gauche. Les cavités droites et gauches sont totalement séparées par une cloison (*septum*). Le ventricule droit envoie le sang à courte distance vers les poumons, et le ventricule gauche propulse le sang dans tout l'organisme. Les oreillettes et les ventricules sont séparés par des valves. On distingue la valve auriculo-ventriculaire droite, ou *tricuspide*, et la valve auriculo-ventriculaire gauche, ou *mitrale*. Chaque valve est rattachée à la paroi du ventricule correspondant par des colonnes charnues, et des cordages fibreux. Ces valves jouent un rôle double : d'une part, elles canalisent le sang de l'oreillette vers le ventricule, d'autre part elles préviennent, lors de la contraction (systole) ventriculaire, le reflux du sang du ventricule vers l'oreillette. Dans la jonction entre l'aorte et l'artère pulmonaire se trouvent les valves *sigmoïdes* empêchant le reflux du sang des artères vers le ventricule pendant le remplissage (diastole).

Le myocarde est la partie véritablement active du cœur, elle est constituée majoritairement de cellules musculaires myocardiques, mais aussi de cellules nodales pouvant être conductrices, comme elles peuvent générer spontanément des potentiels d'action :

1- *Les cellules musculaires cardiaques :*

Les cellules musculaires cardiaques sont des fibres contractiles, soudées les unes aux autres grâce à des disques intercalaires. Elles se distinguent des fibres musculaires striées, non seulement par leurs caractéristiques histologiques, mais aussi par leur fonctionnement. Elles conduisent l'influx électrique.

2- *Les cellules nodales :*

Les cellules nodales constituent un groupe de cellules cardiaques réunies par certaines propriétés : peu contractiles, génératrices, conductrices et régulatrices du potentiel d'action (leur potentiel de repos est instable).

On distingue essentiellement:

Le nœud sinusal : c'est une structure de 15 mm sur 5 mm. C'est un ensemble de cellules auto-excitables et synchronisées. Il génère des décharges spontanées à la fréquence de 60 à 100 battements par minute. Il constitue le centre d'automatisme primaire pour le cœur.

Le nœud atrio-ventriculaire : c'est une structure de 6 mm sur 5 mm. Il ralentit l'influx d'un dixième de seconde et protège ainsi les ventricules d'un rythme primaire trop rapide.

Le faisceau de His: longueur de 1 à 2 cm, c'est un centre d'automatisme secondaire. Non seulement il propage l'influx de l'étage auriculaire à l'étage ventriculaire mais aussi, il est capable de décharger spontanément des impulsions de 40 à 60 battements par minute. Il se sépare en deux branches : la branche droite et la branche gauche.

Le réseau de Purkinje : c'est la ramification terminale des deux branches droites et gauches du faisceau de His. Il propage l'influx électrique dans tout le muscle ventriculaire. Il est un centre d'automatisme tertiaire, capable de générer spontanément des impulsions de 20 à 40 battements par minute.

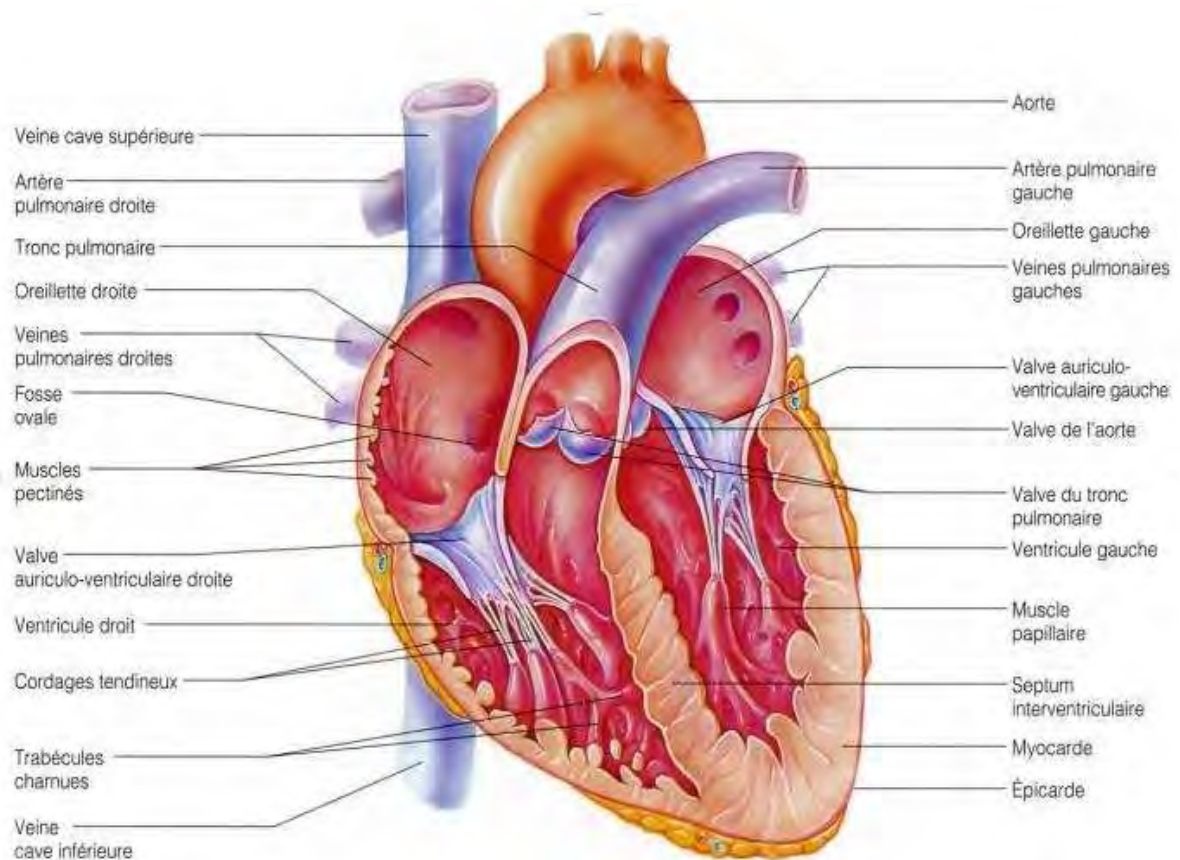


Figure 2.1 - Coupe longitudinale du cœur.

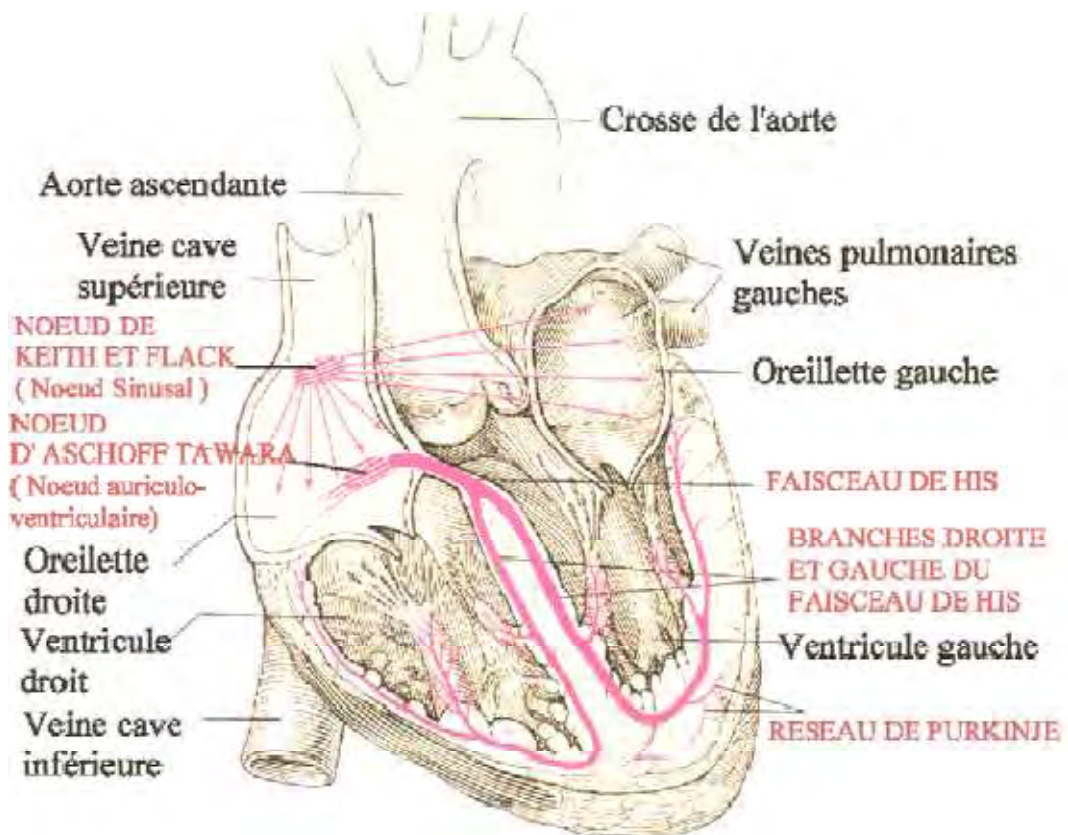


Figure 2.2 - Topologie des cellules nodales.

2.1.2 Fonctionnement du cœur

Le cœur fonctionne d'une façon cyclique (60 – 80 cycles/minute). Les cycles se perçoivent cliniquement par des battements. À chaque cycle, le myocarde suit la même séquence des mouvements : le sang pauvre en oxygène arrive au cœur par la veine cave. Il y entre par l'oreillette droite en la remplissant (diastole auriculaire), et en est chassé par sa contraction appelée *systole auriculaire* qui le déplace dans le ventricule droit. Après le remplissage complet de ventricule droit (diastole ventriculaire), ce dernier se contracte (systole ventriculaire) en propulsant à son tour le sang vers les poumons. De retour au cœur par les veines pulmonaires, le sang s'accumule dans l'oreillette gauche (diastole auriculaire) puis, lors de la systole auriculaire, passe dans le ventricule gauche en le remplissant complètement (diastole ventriculaire) qui lors de la systole ventriculaire l'envoie vers les organes par l'artère *aorte* (Figure 2.3).

La systole auriculaire contracte en même temps les deux oreillettes droite et gauche et la diastole les relâche en même temps aussi. C'est pareil pour la systole et la diastole ventriculaire.

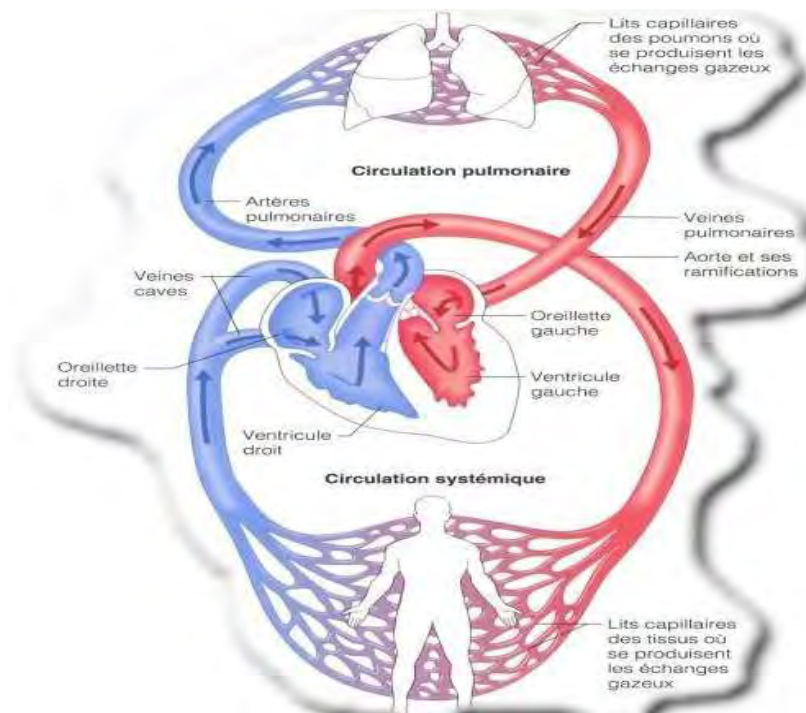


Figure 2.3 - Petite et grande circulation.

2.1.3 Electrophysiologie

Le cœur peut être vu comme un moteur musculaire commandé par des impulsions électriques, dont la mission est de pomper une fraction du volume sanguin dans le circuit vasculaire à chaque excitation électrique reçue. Ces impulsions électriques sont sous forme d'une vague de dépolarisation (vague de propagation d'un potentiel d'action) qui débute au niveau du *nœud sinusal*. Ce dernier joue le rôle d'un «pacemaker naturel». La dépolarisation gagne de proche en proche les deux oreillettes selon une direction générale orientée à gauche. Elle va ensuite traverser *le nœud atrio-ventriculaire* avant de gagner le *faisceau de His*. Après le passage nodo-hissien, débute la dépolarisation ventriculaire au niveau du septum conduite par les deux branches du faisceau de His. Le septum se dépolarise en commençant par son endocarde gauche pour se poursuivre vers son endocarde droit. Enfin, à travers le *réseau de Purkinje*, l'onde de dépolarisation arrive aux deux ventricules en les dépolarisant simultanément (*Figure 2.4*).

Les cellules musculaires (les fibres musculaires) ainsi excitées se contractent dans la direction de leurs fibres, provoquant à chaque battement cardiaque l'éjection de sang des ventricules dans la circulation. Après la contraction, le myocarde doit retrouver ses conditions antérieures au phénomène pour commencer à nouveau le cycle dépolarisation/contraction : c'est la répolarisation.

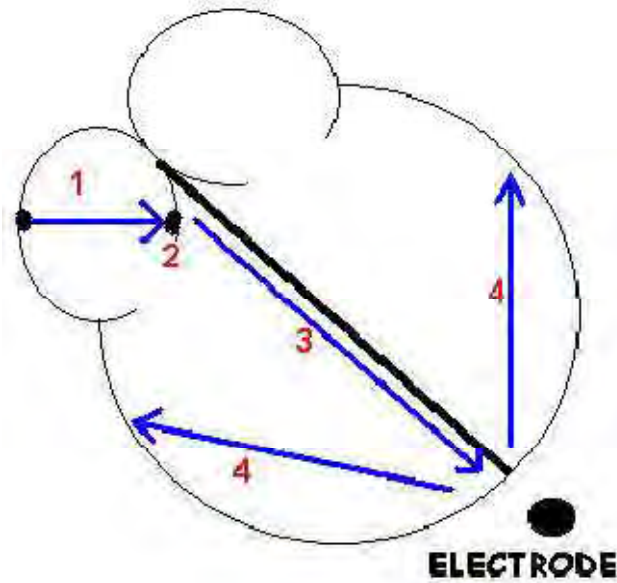


Figure 2.4 - Propagation du signal électrique.

1. Onde de dépolarisation du nœud sinusal au nœud atrio-ventriculaire.
2. Pause au nœud atrio-ventriculaire
3. Onde de dépolarisation du nœud atrio-ventriculaire à la pointe du septum ventriculaire (conduite par le faisceau de His et ses 2 branches).
4. Onde de dépolarisation de septum à l'ensemble des ventricules (réseau de Purkinje).

Du point de vue fonctionnel, le myocarde ventriculaire est un *syncytium* c'est-à-dire que les cellules ne sont pas isolées les unes des autres : une excitation qui naît quelque part dans les ventricules conduit, quelle que soit sa localisation, à une contraction complète des deux ventricules.

Le couplage excitation-contraction repose sur l'intervention d'une «commande calcique » dans le mécanisme des ponts d'union actine-myosine induisant la contraction musculaire. Cette commande calcique est représentée par la concentration de Ca^{+2} à l'intérieur des cellules musculaires cardiaques, elle-même sous la dépendance directe de la différence de potentiel transmembranaire.

A l'échelle macroscopique, l'activité électrique du cœur se mesure de façon non invasive grâce à l'électrocardiogramme (ECG), qui est un tracé de la différence de potentiel électrique entre deux électrodes placées à la surface du corps. Il y a plusieurs dérivations standards, chaque dérivation correspondant à une position de ces deux électrodes de mesure.

2.1.4 Bio-mécanique du myocarde

Les études expérimentales sur le tissu myocardique vivant montrent qu'il exhibe le comportement d'un matériau *actif* de caractère *anisotropique, visco-élastique, non-linéaire* (Fung [124], Mirsky [125], Huxley [126], Wong [127]). Même en absence des forces actives issues de la contraction des fibres musculaires, les expériences *in vitro* objectivent la présence d'un comportement *visco-élastique non-linéaire passif* (Mirsky [125, 128], Ghaemi [129]).

C'est à la base de ces données expérimentales que nous concevons le modèle bio-mécanique à utiliser dans l'algorithme de recalage des images cardiaques en per-opératoire (chapitre 4).

2.2 Modalités d'imagerie cardiaque

L'imagerie cardiaque constitue le cœur des explorations en cardiologie pour l'aide au diagnostic. Elle peut être utilisée aussi à visée thérapeutique et pour le suivi des pathologies après traitement. Elle permet une évaluation non invasive de la fonction cardiaque en fournissant des informations morphologiques, dynamiques et fonctionnelles. Parmi les modalités utilisées en cardiologie : l'IRM (imagerie par résonance magnétique nucléaire), le scanner X ou TDM (tomodensitométrie), l'échocardiographie (imagerie ultrasonore), le PET (tomographie par Emission de Positons), la coronarographie et l'angiographie. Le suivi de l'activité électrique du cœur se fait par l'ECG (électrocardiogramme). Dans ce qui suit, nous mettons la lumière sur les deux examens sur lesquelles porte notre algorithme de recalage per-opératoire : l'échocardiographie (US) et l'IRM.

2.2.1 IRM

De nos jours, les experts s'accordent à dire que l'IRM est la méthode de diagnostic la plus puissante et la plus sensible disponible actuellement. L'IRM fut apparue dans les années 1980, mais son application dans le domaine de cardiologie a tardé un peu à cause de la cinétique cardiaque. Elle permet d'avoir des séquences de coupes sur n'importe quelle région du corps, dont la reconstruction donne une vue tridimensionnelle (3 D).

Elle est basée sur le principe de la résonance magnétique nucléaire (RMN). En appliquant une combinaison d'ondes électromagnétiques à haute fréquence sur une partie du corps et en mesurant le signal réémis par certains atomes (comme l'hydrogène), il est possible de déterminer *la composition chimique* et donc la nature des tissus biologiques en chaque point du volume imagé.

On utilise pour cela un électro-aimant entouré de 20 à 30 kilomètres de fils hélicoïdaux faits de matériaux supra-conducteurs. Les appareils d'imagerie clinique disposent d'aimants dont le champ varie entre 0,05 et 3T. Pour préserver sa supraconductivité, l'aimant est maintenu dans un froid intense : les fils hélicoïdaux qui l'entourent sont disposés dans un appareil à double paroi qui baigne dans de l'hélium liquide maintenu à 4,2 degrés Kelvin. L'appareil est maintenu dans le vide et placé dans un réservoir rempli d'azote liquide. L'ensemble est placé dans une armure en acier inoxydable ou en cuivre, laquelle arrête les signaux de radio-fréquence qui peuvent interférer avec les signaux RM (cage de Faraday).

Lorsqu'un patient est placé dans le champ magnétique intense d'un appareil d'IRM, une fraction des noyaux d'hydrogène de ses différents tissus (proportionnelle à l'intensité du champ magnétique) s'aligne dans la direction du champ magnétique, provoquant l'apparition d'une aimantation macroscopique, elle-même parallèle au champ magnétique. Cette aimantation est mesurée au moyen du phénomène de résonance magnétique nucléaire (RMN) qui consiste à émettre une onde électromagnétique dans le domaine des radiofréquences, et qui a pour effet de basculer l'aimantation, généralement dans une direction perpendiculaire au champ magnétique. Lors de son retour à l'équilibre (relaxation), l'aimantation tourne à très grande vitesse autour du champ magnétique dans un mouvement dit de précession qui induit un courant dans une bobine de détection placée autour du patient. Ce courant a la forme d'une oscillation dont la fréquence est égale à la fréquence de précession de l'aimantation, elle-même proportionnelle à l'intensité du champ magnétique. En introduisant des gradients de champ magnétique, c'est-à-dire des variations spatiales de l'intensité du champ magnétique, on établit une relation simple entre la fréquence d'un signal et son origine spatiale. Il est alors possible de mesurer cette aimantation élément de volume par élément de volume et de construire ainsi des images représentant la distribution de l'aimantation dans le corps humain. Les différences de temps de relaxation pour les différents tissus permettent d'obtenir différentes intensités dans l'image suivant les tissus, en ajustant finement les impulsions des radiofréquences et des gradients. Le signal ou l'aimantation peut être capté suivant un axe parallèle au champ magnétique (*relaxation longitudinale ou T1*) ou un axe perpendiculaire au champ magnétique (*relaxation transversale ou T2*).

Le rythme de production des images est déterminé par la vitesse d'activation des bobines électromagnétiques qui dépend du temps de relaxation du proton, ce qui ne permet pas une acquisition temps réel. Il y a donc un compromis à faire entre la résolution spatiale et la résolution temporelle. L'acquisition est synchronisée sur l'ECG pour obtenir des images IRM sur différentes phases du cycle cardiaque. Pour plus de détails sur le principe d'IRM nous orientons le lecteur vers Philips [130], et vers Sonka [131] pour mieux comprendre l'analyse des images IRM cardiaques.

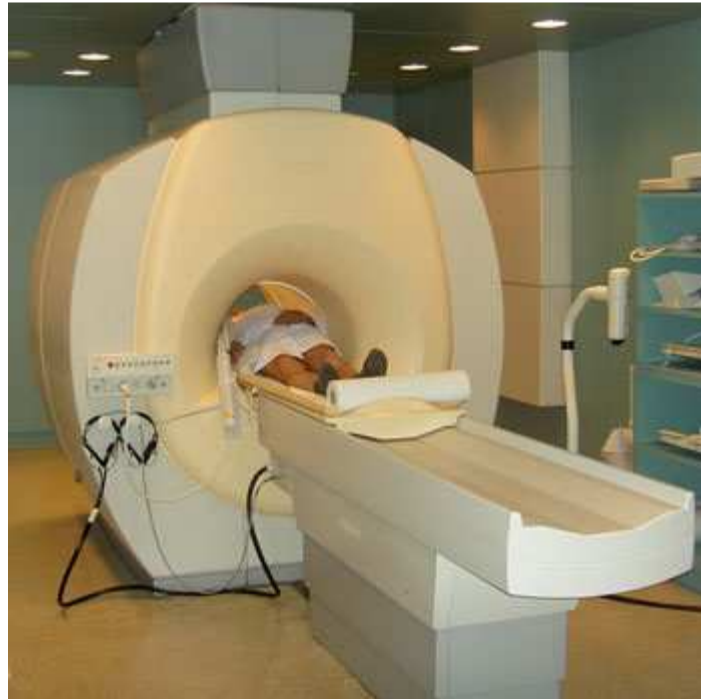


Figure 2.5 - Appareillage de l'IRM.

Outre les données anatomiques de haute résolution que l'IRM fournit, il est considéré l'examen de référence, notamment avec marquage tissulaire, pour l'estimation globale et locale de la *fonction contractile* du cœur. Les séquences de rehaussement tardif donnent, par ailleurs, une information assez précise sur l'étendue des zones de nécrose.

Le contraste est la traduction en niveaux de gris du signal RMN. Il dépend de temps de relaxation des protons dans les différents tissus. Le **blanc** correspond à un signal élevé (un hyper-signal) et le **noir** correspond à un faible signal (un hypo-signal). Les structures contenant de grosses molécules comme la graisse et celles riches en protons donnent un hyper-signal durant la relaxation T1, et les tissus sous forme d'un liquide (LCR, urines, sang stagnant.....) donnent un hyper-signal en T2. Parmi les structures donnant peu ou pas de signal IRM : air, les tissus solides (les os compacts et les calcifications), les tissus riches en collagène (tendons, ligaments), hématomes (hémossidérine et déoxyhémoglobine),

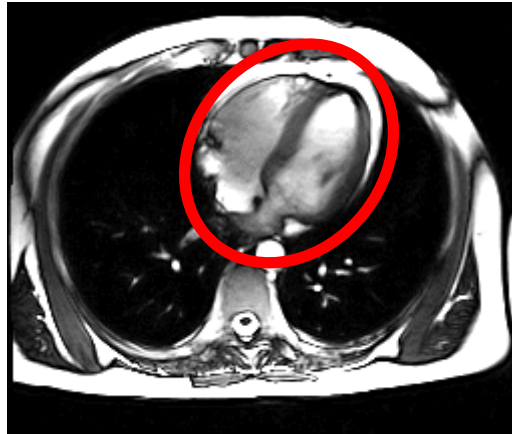


Figure 2.6 - Image par IRM cardiaque (vue axiale).

2.2.2 Echocardiographie (US)

L'imagerie ultrasonore des différents organes est très répandue car ses images sont obtenues rapidement et à moindre coût. De plus, c'est une modalité totalement non invasive, elle peut donc être réalisée à plusieurs reprises pour suivi et contrôle. Elle est basée sur l'usage des ultrasons.

Elle consiste à faire passer dans le corps et à travers une sonde, des ondes sonores inaudibles de haute fréquence afin d'examiner les structures et les tissus. Cet examen se base sur les propriétés de réflexion des ondes sonores quand elles heurtent des obstacles. Les ondes réfléchies encore appelées les échos sont enregistrés avec un transducteur. L'ordinateur par la suite les convertie en images numériques. Quand il s'agit d'un organe mobile comme le cœur, les images résultantes seront animées (dimension temporelle). Une bonne présentation de l'imagerie ultrasonore peut être trouvée dans Feigenbaum [132].



Figure 2.7 - Examen écho-cardiographique.

Cet examen permet d'obtenir de très nombreux renseignements sur la morphologie et la fonction des différentes structures composant le cœur (valves, myocarde, endocarde, péricarde) et des gros vaisseaux (aorte, artère pulmonaire, veines caves...). Il permet également en analysant la morphologie, la direction, et la vélocité des flux sanguins à l'intérieur des cavités cardiaques et à travers les valves de déceler des flux anormaux (fuites ou sténoses valvulaires par exemple) et d'apprécier l'importance, ainsi que d'obtenir des renseignements hémodynamiques importants (mesure de pressions pulmonaires, calcul du débit cardiaque, étude de la fonction systolique globale...). L'inconvénient de l'US est que les images qu'il fournit sont de mauvaise qualité et très bruitées. Plusieurs travaux ont été menés pour rendre l'image ultrasonore mieux exploitable comme les techniques de détection des contours et la mesure de l'élasticité des différents tissus (Bosch [133], Sonka [134]).

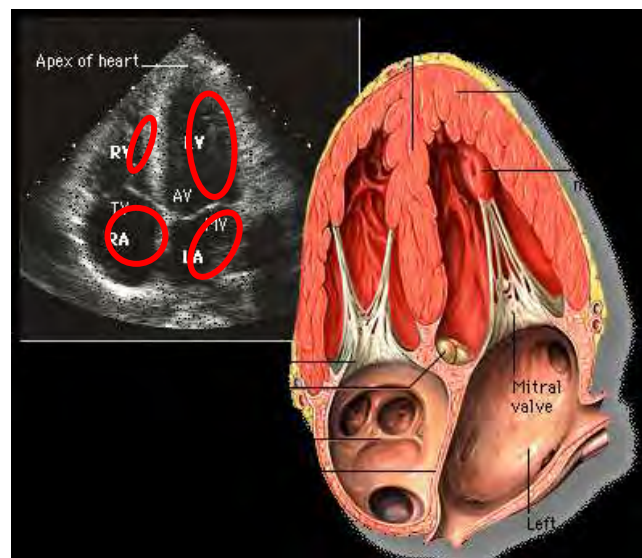


Figure 2.8 - Image échocardiographique montrant les 4 cavités (cerclés par le rouge).

L'interprétation des images ultrasonores repose sur l'observation de structures d'échogénicité différente. Les niveaux de gris sont rendus en fonction de l'intensité de l'écho. Sur l'image, les différentes structures du corps humain sont rendues dans une échelle de gris variant du noir au blanc, chaque structure possédant sa propre faculté à produire un écho (échogénicité). On distingue les structures vides d'écho, ou anéchogène, qui apparaissent **noire** sur l'écran, des structures hypo-échogènes, qui apparaissent relativement sombre (**gris foncé**), des structures hyper-échogènes, qui sont à l'origine d'un nombre important de réflexion des ultrasons et qui forment une image **claire** sur l'écran (ensemble de points blancs). La notion d'hypo ou d'hyper-échogène est **relative** par rapport

aux structures avoisinantes. Les os et les gaz constituent un obstacle à la propagation des ultrasons

Deux types d'échos composent l'image finale :

- Les échos aux interfaces régis par des réflexions au niveau des interfaces des structures macroscopiques. Ils correspondent à la juxtaposition de tissus mous et d'air ou de tissus mous et d'une structure dure, minéralisée ou métallique. Dans l'organisme, le diaphragme, les os, l'air digestif et pulmonaire forment des échos d'interface très prononcés. Plus la différence d'impédance acoustique entre deux tissus est élevée, plus la réflexion est grande.
- Les échos de structure régis par une réflexion diffuse de faible amplitude au niveau tissulaire dans les milieux grossièrement homogènes (diffusion et dispersion de l'onde par les micro-hétérogénéités tels que les capillaires, le tissu conjonctif, la graisse, les îlots cellulaires...). Les structures **anéchoïques** sont vides d'échos et correspondent à des liquides (urine, bile, sang ...).

En résumé :

- Les liquides simples, dans lesquels il n'y a pas de particules en suspension, se contentent de laisser traverser les sons. Ils ne se signalent donc pas par des échos. Ils seront noirs sur l'écran (Structures hypoéchogènes)
- Les liquides avec particules, le sang, le mucus, renvoient de petits échos. Ils apparaîtront donc dans les tons de gris, plus ou moins homogènes.
- Les structures solides, l'os par exemple, renvoient mieux les échos. On verra donc une forme blanche avec une ombre derrière. Une exception cependant, la voûte crânienne, très fine et perpendiculaire aux échos, en laisse passer.
- Les tissus mous sont plus ou moins échogènes : le placenta est plus blanc que l'utérus, qui est plus blanc que les ovaires.
- Le gaz et l'air, sont comme l'os, très blanc.

2.2.3 Imagerie interventionnelle

Les systèmes de chirurgie guidée par l'image (IGS) ont changé radicalement les procédures chirurgicales classiques. Ainsi, c'est grâce à l'imagerie per-opératoire que la chirurgie mini-invasive et la chirurgie assistée par robot ont vu le jour. Dans les méthodes conventionnelles, le chirurgien ne voit que ce qui est directement visible sur le champ opératoire, *c'est-à-dire* ce qui est totalement ouvert. Et s'il veut voir davantage, il doit ouvrir davantage, ce qui aura des conséquences néfastes (endommager les tissus voisins, hémorragies, infection en post-op). L'introduction des techniques d'imagerie per-opératoire permet d'accéder aux structures d'intérêt avec moindre ouverture ou plutôt sans

ouverture, car l'image prise durant l'intervention visualise au chirurgien les structures internes, compensant ainsi la vue directe par ouverture.

Ainsi, dans le domaine de la chirurgie cardio-vasculaire, l'avènement des IGS a augmenté la fréquence des interventions à cœur battant et sans thoracotomie. Les points d'entrée pour les instruments chirurgicaux sont soit percutané, soit à travers les parois ventriculaires ou auriculaires.

Les modalités les plus souvent utilisées pour la guidance en cardio-chirurgie sont : l'endoscopie (Volkmar [117]), l'IRM (Jolesz [135-136], Guttman [137], McVeigh [138]) et l'échocardiographie 2D et 3D (Suematsu [139], Naqvi [140], Lindseth [141]).

L'endoscopie fournit de bons résultats mais il existe certaines chirurgies qui ne sont pas faisables sous endoscopie, en plus les champs de vue sont assez limités et dépendent des positions d'endoscopes.

L'IRM interventionnelle délivre des images 2D, 3D et même 4D de haute résolution, décrivant bien l'anatomie cardiaque. Elle permet une nette discrimination des tissus mous et il peut localiser avec précision les instruments chirurgicaux. Mais cela est très coûteux et sa mise en œuvre exige un équipement matériel et personnel spécial ce qui entraîne l'encombrement au sein du bloc opératoire et le risque dû au rayonnement. En plus l'utilisation de l'IRM dans les contraintes chirurgicales limite ses performances par rapport une IRM conventionnelle (Lindseth [141]).



Figure 2.9 - Appareillage de l'IRM interventionnelle de Brigham and Women's Hospital, USA (0.5 T).

Dans l'autre côté, ***l'échocardiographie*** est plus flexible, sans risque, moins cher et facile à intégrer dans un bloc opératoire. Elle fournit des vues temps réel 2D, 3D et 4D mais les images générées sont de mauvaise qualité, leur résolution est basse, rendant difficile l'extraction de détails anatomiques. Elles sont bruitées avec un rapport signal/bruit bas. Le champ de vue est très limité ce qui empêche de voir en même temps la région d'intérêt, les structures voisines et les instruments (Linte [142]). En plus, la clarté de l'image ultrasonore se dégrade au cours de l'intervention par envahissement du champ opératoire (Miga [143]).

L'échocardiographie la plus utilisée en per-opératoire est généralement celle par voie trans-œsophagienne (ETO). La sonde de l'ETO est sous forme d'un fibroscope dont la partie fibre optique est remplacée par les connexions du transducteur. La sonde est introduite par l'œsophage pour s'installer derrière le cœur. La proximité de la sonde avec la masse cardiaque permet de donner des images avec une bonne résolution spatiale. Le maniement de la sonde s'effectue par une poignée extérieure (***Figure 2.10***). L'utilisation d'une sonde multi-plane permet de donner des vue 3D par reconstruction. L'intérêt de l'ETO réside aussi dans sa capacité à bien visualiser les valves, l'oreillette gauche et surtout la paroi postérieure du ventricule gauche, ce qui est difficilement accessible par l'échographie classique (trans-thoracique courante : ETT). Cette dernière est également faisable en per-opératoire.

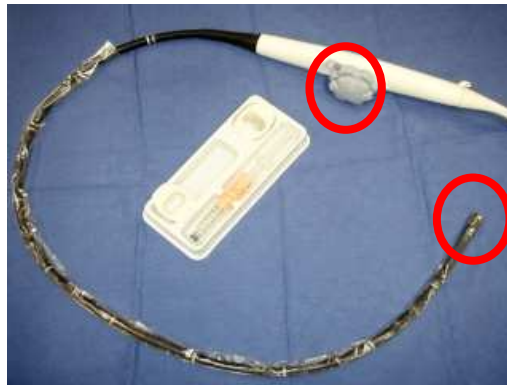


Figure 2.10 - Sonde de l'ETO (la poignée et le bout interne sont cerclés).

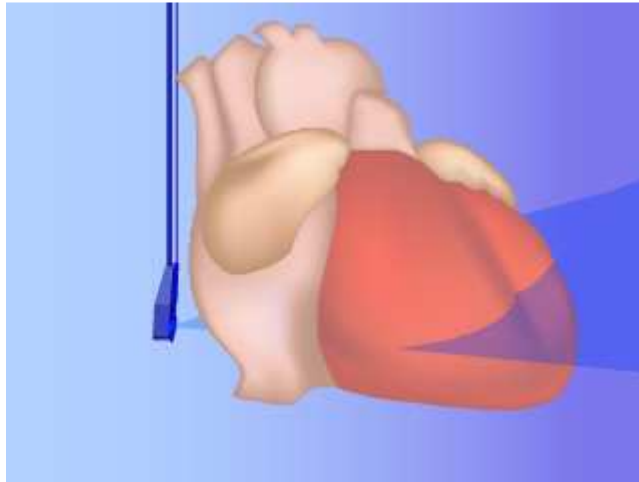


Figure 2.11 - Schéma synthétique montrant la position de la sonde par rapport au cœur.

Pour bénéficier des avantages de l'IRM et de l'US, un recalage per-opératoire *temps-réel* est nécessaire entre des données IRM pré-opératoire et des images US per-opératoire. Nous rapporterons dans la section 2.4 une revue rapide sur les travaux réalisés dans ce volet.

2.3 Modélisation cardiaque

Nous désignons par « construction d'un modèle bio-mécanique » le processus allant de données quantitatives ou sémantiques (sous la forme d'images 3D, de mesures, de tables.....) à un maillage volumique d'un organe comprenant les propriétés anatomiques nécessaires à une modélisation mécanique et éventuellement physiologique de l'organe étudié (Sermesant [144]). En effet, les avancées dans le domaine de modélisation des tissus ont largement bénéficié des progrès marqués dans la biologie, la physique et l'informatique (Ayache [145]). C'est grâce à ces trois disciplines qu'on a pu associer les observations *in vivo*, les expérimentations *in vitro* et les simulateurs *in silico* dans un même modèle biomécanique déformable (Sermesant [146]).

Besoin de modéliser les différents organes :

La modélisation des organes fut apparue dans le but d'aller plus loin dans l'exploitation des images numériques fournies par différentes modalités d'imagerie médicales. Ainsi ces modèles peuvent être utilisés dans : la segmentation (Pham [147], Papademetris [148], Sermesant [149], Montagnat [150, 151]) et le recalage des images (Clatz [2], Mäkelä [152]), la simulation de la chirurgie (Delingette [153], Schwartz [154]), la bio-mécanique

(Azar [155], Liu [156]), et aussi dans la compréhension des pathologies (Sermesant [157], Lin [158]).

La modélisation du cœur est considérée comme la plus difficile à cause du fonctionnement cardiaque complexe et son mouvement permanent. Mais grâce aux avancées réalisées au niveau de la connaissance de son fonctionnement de l'échelle nanoscopique à l'échelle mésoscopique (de la molécule à la macroscopie) et grâce aux progrès des calculs informatiques, plusieurs modèles du cœur intégrant plus ou moins ses aspects *anatomique*, *mécanique* et *électro-physiologique* ont vu le jour (McCulloch [159, 160], Nielsen [161], Rogers [162], Ayache [163], Chapelle [164], Hunter [165], Noble [166], Sermesant [167], Peyrat [168]). Ces modèles ont été par la suite largement utilisés dans les techniques d'analyse d'images cardiaques permettant d'y extraire des données qualitatives et quantitatives importantes pour le diagnostic médical et la planification chirurgicale en cardiologie. Frangi [169] présente un état de l'art sur les méthodes d'analyse d'images cardiaques par modèles et Evina Ekombo [170] fournit une classification des modèles déformables appliqués à l'imagerie cardio-vasculaire, alors que McInerney [171] expose une revue sur l'utilisation des modèles déformables dans l'analyse des images médicales en général.

En effet, les modèles organiques se classent en 3 générations selon Satava [169] qui préfère les nommer « les simulateurs médicaux » :

- Les simulateurs dits de « première génération » : sont des modèles basés sur l'anatomie et intégrant la morphologie et la forme des organes.
- Les simulateurs dits de « deuxième génération » : sont basés sur la physique et ils intègrent en plus de l'aspect anatomique les propriétés mécaniques (les contraintes et les déformations).
- Les simulateurs dits de « troisième génération » : ajoutent une partie fonctionnelle des organes, en se basant sur la physiologie et en intégrant des pathologies.

En prenant le modèle pro-actif de Sermesant [146, 167] comme un exemple, nous décrivons dans les paragraphes suivants les différentes étapes constituant le processus automatique de création d'un modèle volumique de troisième génération pour le cœur à partir d'une image cardiaque 3D acquise par une modalité d'imagerie médicale de bonne résolution (IRM, TDM). Ce processus doit aboutir à la fin à un modèle bio-mécanique intégrant les aspects anatomique, mécanique et électro-physiologique du cœur pour obtenir une représentation dynamique simulant la contraction cardiaque suite à la propagation des phénomènes électriques.

En effet, nous avons choisi le modèle de Sermesant [146, 167] car :

- Il intègre le maximum de connaissances *a priori* (anatomie, mécanique, électro-physiologie).

- Il intègre des phénomènes spatio-temporels (4D).
- Il utilise un nombre limité de paramètres utilisés avec un temps du calcul raisonnable.
- Il est construit par un processus automatique selon les étapes suivantes :
 - 1- Modélisation de l'anatomie cardiaque.
 - 2- Modélisation de l'activité électrique cardiaque.
 - 3- Modélisation de couplage électromécanique du cœur.

2.3.1 Modélisation de l'anatomie cardiaque

Le modèle anatomique du cœur considéré est sous forme d'un maillage volumique tétraédrique comportant des informations anatomiques. Sa construction passe par les deux phases suivantes :

1- Création du maillage tétraédrique à partir d'une image 3D du cœur acquise par une modalité de haute résolution (IRM, TDM) selon le processus suivant :

- Segmentation du myocarde par un seuillage binaire de l'image IRM 3D par un processus semblable à celui proposé par Mangin [173, 174] pour segmenter le cortex cérébral.
- Opérations de morphologie mathématique pour obtenir une seule région connexe lisse.
- Génération d'une surface triangulée du myocarde par l'algorithme « marching cubes » (Lorensen [175]).
- Lissage et optimisation de cette surface triangulée (Frey [176]).
- Création du maillage tétraédrique à partir de surface triangulée résultante (Frey [177]).

Le maillage obtenu définit le domaine sur lequel les calculs seront menés, autrement dit, il représente le modèle géométrique du cœur. En effet, le premier maillage réalisé pour le cœur était un maillage hexaédrique (256 nœuds), construit à partir des données de dissection d'un cœur de chien au niveau de laboratoire de bio-ingénierie de l'Université d'Auckland⁶, Nouvelle Zélande (Hunter [178]). Ce maillage a été transformé par la suite en un maillage tétraédrique plus lisse et plus fine (**Figure 2.13**) par interpolation, par l'équipe de A. McCulloch, Université de Californie, San Diego (UCSD⁷).

Figure 2.12 représente une image géométrique 3D du cœur extraite à partir des images IRM (Peyrat [168]).

⁶ <http://www.bioeng.auckland.ac.nz/home/home.php>

⁷ <http://cmrg.ucsd.edu/>

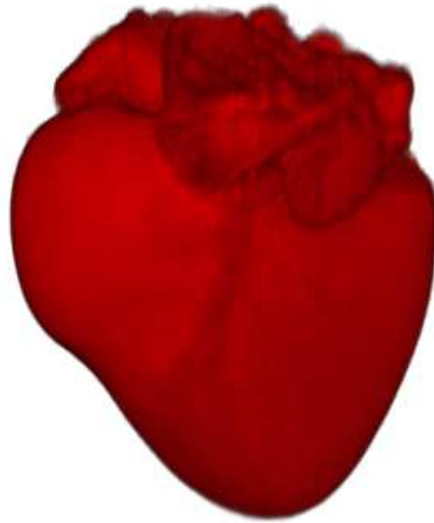


Figure 2.12 - Géométrie moyenne du cœur à partir des images IRM. disponible sur <http://www-sop.inria.fr/asclepios/data/heart> .

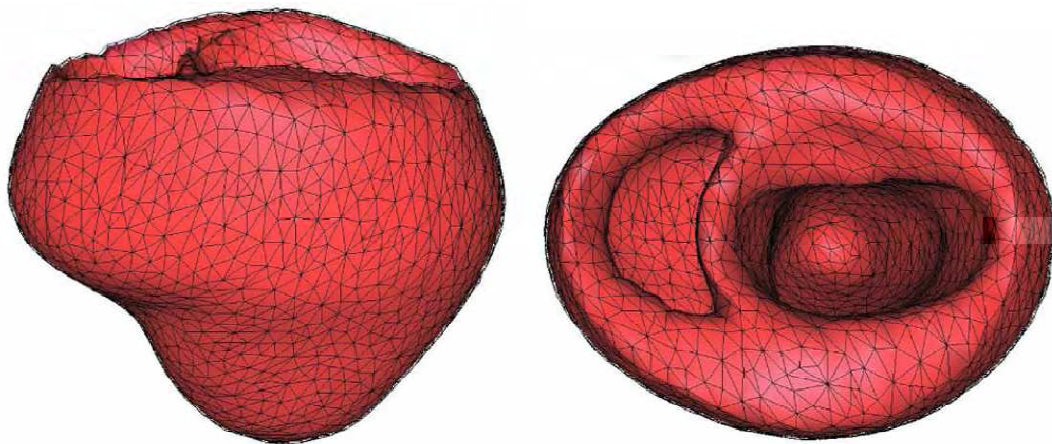


Figure 2.13 - Maillage tétraédrique bi-ventriculaire (40 000 éléments, 7 000 nœuds), réalisé à l'UCSD à partir des données de dissection Interpolées. Prise de Peyrat [168].

2- Attribution des données anatomiques au maillage :

- **Directions des fibres musculaires** : les fibres musculaires sont à l'origine de l'anisotropie dans la conductivité électrique et dans la rigidité mécanique du myocarde. Pour cette raison, il est important de les représenter pour avoir un modèle électro-mécanique plus réaliste du cœur. En plus, la connaissance de

leurs directions est nécessaire à la modélisation des forces créées par la contraction musculaire. Les premières données disponibles sur les directions des fibres musculaires ont été mesurées par un système optique lors de la dissection du cœur du chien dans le laboratoire de bio-ingénierie de l'Université d'Auckland, par l'équipe de P. Hunter (Nielsen [161]). L'équipe de A. McCulloch (UCSD) a ensuite procédé à une interpolation tri-cubique des données précédentes ce qui a permis d'obtenir des données très lisses et très fines sur les directions des fibres (comme pour le lissage de maillage hexaédrique), **Figure 2.14**. Un autre moyen pour obtenir les directions des fibres est l'imagerie par de tenseur de diffusion, qui est une modalité récente de l'imagerie par résonance magnétique (DTI-MRI). L'équipe de E. Hsu [179], Université de Duke⁸, a pu acquérir ce type d'images pour un cœur de chien, mais ses données sont beaucoup plus bruitées et moins continues que celles obtenues par UCSD. Le CCBM⁹ (Center of Cardiovascular Bioinformatics and modeling), Université de Johns Hopkins, dispose d'images DTI-MRI pour des *ex vivo* cœurs de plusieurs chiens (9 chiens) et un *ex vivo* cœur d'un être humain (Helm [180]), disponibles sur le net¹⁰. Sermesant [181] et Peyrat [167] ont utilisé les données des images DTI-MRI pour représenter les directions des fibres dans leurs modèles (**Figure 2.15**). En effet, l'acquisition des images par DTI-MRI *in vivo* est très difficile à cause des mouvements permanents du cœur.

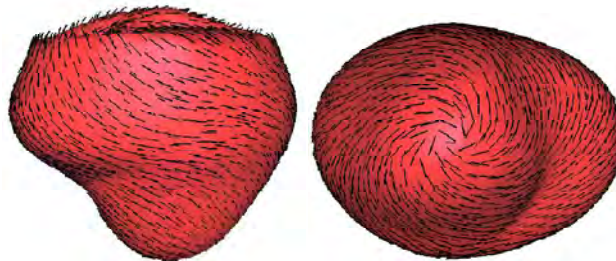


Figure 2.14 - Directions des fibres attribuées au maillage du cœur à partir des mesures de dissection interpolées, UCSD.

⁸ <http://www.duke.edu/>

⁹ <http://www.ccbm.jhu.edu/index.php>

¹⁰ <http://www.ccbm.jhu.edu/research/DTMRIDS.php>

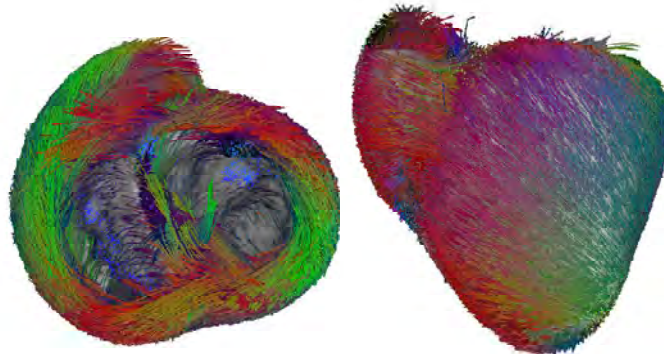


Figure 2.15 - Directions des fibres obtenues à partir des images DTA-MR. Prise de Peyrat [167], disponible sur <http://www-sop.inria.fr/asclepios/data/heart>.

- **Segmentation des zones anatomiques :** il est important de désigner sur le maillage les différentes zones anatomiques composant le myocarde, cela pour pouvoir déterminer de façon locale les propriétés électromécaniques et les paramètres d'attache aux données. Visible Human Project¹¹ dispose d'une segmentation précise de la paroi cardiaque créée à partir de données histologiques par l'équipe de Pr. Karl-Heinz Höhne, Université de Hamburg¹² (Pommert [182]) sous forme d'un atlas de référence. L'étiquetage des zones anatomiques sur le maillage se fait par recalage de maillage sur l'atlas (Sermesant [181]), **Figure 2.16**.

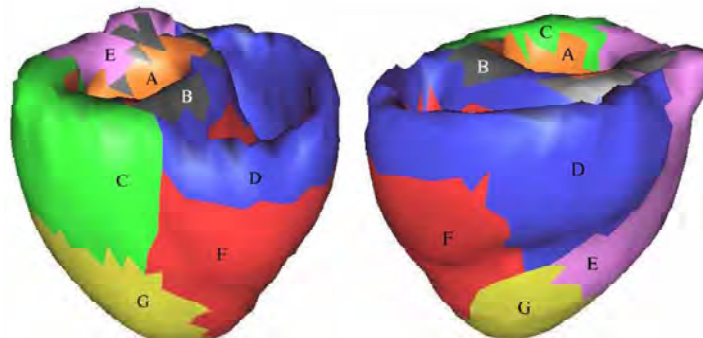


Figure 2.16 - Zones anatomiques obtenues à partir de la segmentation de la paroi cardiaque réalisée par le Visible Human Project, attribuées au maillage. Basal left endocardial ventricle (A), basal septum (B), dorsobasal left epicardial ventricle (C), basal right ventricle (D), basal left epicardial ventricle (E), apical right ventricle (F), apical left epicardial ventricle (G). Prise de Sermesant [181].

¹¹ http://www.nlm.nih.gov/research/visible/visible_human.html

¹² <http://www.uni-hamburg.de/>

2.3.2 Modélisation de l'activité électrique du cœur

Un modèle électrique du cœur simule la propagation de la vague de dépolarisation (vague de potentiel d'action) dans le myocarde, à chaque cycle cardiaque, à partir des points générateurs d'impulsions électriques, pour enfin entraîner la contraction mécanique des fibres myocardiques (section 2.1.3). Différentes approches ont été proposées pour simuler cette propagation. Les deux principales sont :

- Une modélisation au niveau cellulaire des différents canaux ioniques puis une visualisation mésoscopique basée sur les calculs du niveau cellulaire (modèle de Luo-Rudy [183-186]). Ces modèles discrétisent le myocarde en cellules dont le comportement est contrôlé par des règles de mouvements ioniques et par l'état des cellules voisines et ils propagent les potentiels avec un système d'automate cellulaire.
- Une modélisation utilisant un système plus simple d'équations reproduisant bien le comportement qualitatif de l'électrophysiologie mais n'incorporant pas des données au niveau ionique (modèle de FitzHugh-Nagumo [187]).

En effet, le modèle de FitzHugh-Nagumo est le plus classique pour la propagation des impulsions électriques dans les cellules nerveuses. Il permet des calculs 3D rapides et il représente les principaux phénomènes biologiques :

- Une cellule n'est activée que si elle reçoit un stimulus supérieur à un certain seuil.
- La forme du potentiel d'action de la cellule ne dépend pas de la forme du stimulus.
- Il existe une période réfractaire pendant laquelle la cellule ne peut être excitée à nouveau.
- Toute cellule peut déclencher une activation.

Par la suite, plusieurs versions modifiées du modèle FitzHugh-Nagumo ont été développées (Aliev & Panfilov [188], Knudsen [189], Kogan [190]). La version d'Aliev & Panfilov [188] est la plus adaptée avec la dynamique de propagation des impulsions électriques dans le myocarde. Son système d'équation s'écrit comme suit :

$$\frac{\partial u}{\partial t} = \text{div} (D \nabla u) + k u (1 - u)(u - a) - u z \quad (2.1)$$

$$\frac{\partial z}{\partial t} = e (k u(u - a - 1) + z) \quad (2.2)$$

Où :

u est le potentiel d'action normalisé, entre 0 et 1.

z est une variable auxiliaire représentant la repolarisation.

e et k sont des constant contrôlant la repolarisation.

a est le seuil d'excitation.

D est le tenseur de conductivité anisotropique :

$$D(p) = d_0 \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & r(p) & 0 \\ 0 & 0 & r(p) \end{pmatrix} \quad (2.3)$$

d_0 est la conductivité scalaire dans la direction de la fibre au point p . $r(p)$ est le rapport de la conductivité radiale par rapport la conductivité dans la direction de fibre.

Ici le myocarde est considéré comme un milieu continu anisotrope, dans lequel les potentiels d'action locaux sont soumis simultanément au phénomène de réaction-diffusion.

La mise en œuvre numérique de ce modèle électrique s'est faite par méthode des éléments finis, en résolvant le système d'équations précédent sur un maillage tétraédrique après avoir précisé les conditions initiales et imposer les conditions limites.

Selon l'électrophysiologie cardiaque normale, les impulsions électriques prennent naissance au niveau du nœud sinusal, puis se propage pour gagner de proche en proche les deux oreillettes et en enfin les deux ventricules, tout en suivant un réseau de conduction spécial (nœud sinusal, faisceau de His, réseau de Purkinje).

Par simplification, la majorité des maillages construits sont bi-ventriculaires où la modélisation de l'activité électrique se limite aux ventricules. Par conséquence les conditions initiales pour la résolution du système d'équations seront des potentiels nuls à tous les nœuds de maillage, sauf sur les nœuds de la surface de l'endocarde correspondant aux extrémités du réseau de Purkinje.

Le modèle de FitzHugh-Nagumo est préféré quand le but de la simulation est d'exploiter la contraction myocardique, car cette dernière est commandée par le potentiel transmembranaire.

2.3.3 Modélisation du comportement mécanique du myocarde et le couplage électromécanique

Le myocarde est un matériau actif anisotrope viscoélastique non-linéaire (section 2.1. 4). En effet, la modélisation d'un système comme le myocarde exhibant un tel comportement mécanique mène à des lois complexes et des calculs importants en 3D. Quelque soit l'approche utilisée pour ce fait on peut ressortir quelques directions générales guidant le processus de modélisation mécanique du myocarde :

- Le comportement peut se décomposer en une partie active représentant la contraction des fibres musculaires, commandée par l'activité électrique (modélisé

par le système d'équations décrit précédemment), et une partie passive représentant le comportement mécanique du tissu myocardique au repos.

- Il est important d'intégrer les directions des fibres dans le comportement du myocarde (actif et passif).
- Le myocarde a un comportement quasiment incompressible, du à la présence de sang dans le muscle.
- Les conditions limites liées aux phases du cycle cardiaque sont importantes car elles interviennent fortement dans le comportement du myocarde.

Plusieurs modèles électro-mécaniques ont été proposés dans la littérature (Hunter [178, 193], Humphrey [191], Guccione [192], Nash [194], Häfner [195], Caillerie [196], Bestel [197]). La majorité d'eux est inspirée d'un modèle rhéologique du muscle appelé le modèle de Hill-Maxwell [198]. Une forme simplifiée de ce modèle (Sermesant [181]) consiste à une combinaison en parallèle de deux éléments :

- Un composant actif, contractile, simulant l'activité électrique de fibre musculaire.
- Un composant passif qui simule les propriétés biomécaniques du myocarde en état de repos. Les modèles élastiques linéaires sont souvent utilisés pour ce composant.

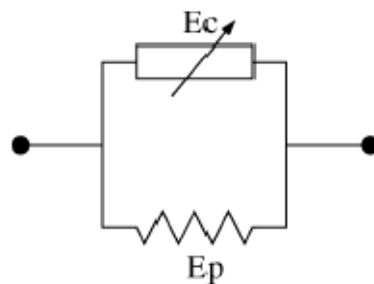


Figure 2.17 - Schéma simplifié du modèle de Hill-Maxwell.
Ec : élément contractile, *Ep* : élément passif.

L'équation dynamique et le schéma d'intégration temporelle :

Sous l'hypothèse d'élasticité linéaire (section 3.1.8.5), l'équation constitutive du comportement électro-mécanique du myocarde actif peut s'écrire :

$$\mathbf{M} \ddot{\mathbf{u}} + \mathbf{C} \dot{\mathbf{u}} + \mathbf{K} \mathbf{u} = \mathbf{F}_b + \mathbf{F}_c \quad (2.4)$$

Où :

\mathbf{u} est le champs des déplacements dans tout le myocarde, $\dot{\mathbf{u}}$ et $\ddot{\mathbf{u}}$ sont respectivement le champs des vitesses et le champs des accélérations.

\mathbf{M} est la matrice des masses.

C est la matrice des coefficients d'amortissement ou d'atténuation.

K est la matrice de raideur.

F_b est le champ des forces extérieures liées aux conditions aux limites.

F_c est le champ des forces contractiles, exercées par les composants actifs, et il est calculé à partir du potentiel d'action normalisé u .

Il s'agit d'intégrer deux phénomènes (la propagation électrique et la contraction mécanique) sur la même échelle de temps. Cela revient à considérer le phénomène électrique constant pendant l'intégration d'un pas de temps mécanique, car c'est le phénomène électrique qui entraîne la contraction mécanique.

L'intégration numérique de cette équation dans l'espace est réalisée par discrétisation en éléments finis sous forme d'un maillage tétraédrique volumique. Alors que son intégration dans le temps se fait par l'un des schémas d'intégration numérique temporelle présents dans la littérature, transformant à chaque pas temporel l'équation non linéaire précédente en un système linéaire dont la résolution donne la position de chaque nœud dans le maillage à ce pas temporel. C'est une méthode de résolution itérative.

Comme la totalité du cycle cardiaque est temporisée par l'activité électrique, le passage d'une phase à une autre durant un cycle est synchronisé en se basant sur les données de l'ECG.

Dans notre algorithme de recalage per-opératoire par modèle bio-mécanique, nous utilisons un modèle statique du cœur intégrant les propriétés mécaniques du myocarde en état de repos (en MD) dans un maillage tétraédrique, sans prendre en compte l'activité contractile due à la propagation des impulsions électriques. Pour plus de réalisme, le modèle que nous utilisons est conçu de sorte qu'il prenne en charge le comportement visco-élastique non-linéaire du myocarde passif. Cela est réalisé à l'aide de MMT comme ça sera détaillé dans les chapitres suivants.

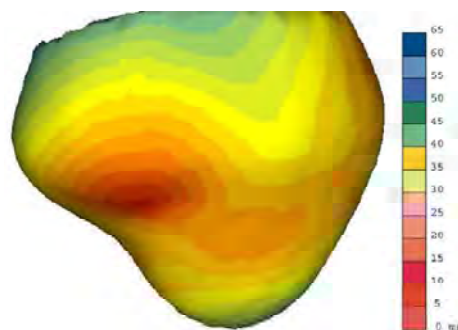


Figure 2.18 - Isochrones d'activation après un cycle complet de dépolarisation : simulation du modèle basé sur les données de UCSD.

En électrophysiologie, les isochrones sont définies comme l'instant où un endroit du myocarde a été activé, qui peut mathématiquement s'interpréter comme l'instant où la dérivée temporelle du potentiel d'action est maximale.

Les isochrones de l'instant 0 ms (couleur rouge sur **Figure 2.18**) correspondent aux points de départ de l'excitation électrique (les extrémités des réseaux de Purkinje).

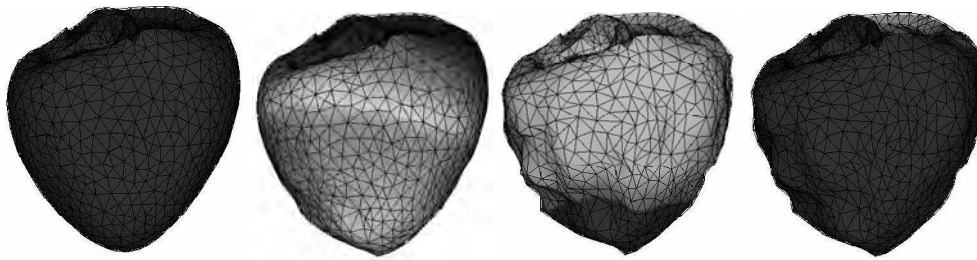


Figure 2.19 - Effet de couplage électromécanique sur le maillage volumique, simulant l'effet de la contraction des fibres. Prise de Aycha [163].

2.4 Recalage per-opératoire : état de l'art

Le recalage per-opératoire est la clé de tout IGS. Il vise à établir un référentiel commun entre les données acquises en pré-opératoire et les structures anatomiques correspondantes du patient tel qu'il est sur la table opératoire (Simon [16]). Les données pré-opératoires sont ensuite projetées sur le champ opératoire par réalité augmentée (Grimson [18], Hoff [21], Linte [199]), fournissant au chirurgien une vue en transparence du patient et ainsi un bon guidage de l'acte chirurgicale avec : une meilleure planification assurée par la révision rapide des plans concomitamment avec l'exécution de l'acte chirurgical, haute précision, réduction du temps exigée pour terminer l'intervention, exérèse complète, et moindre dommage aux tissus voisins (Grimson [20]).

La majorité des travaux réalisés s'adressent au domaine de la neurochirurgie (Lavallée [15], Hata [200], Miga [22], Arbel [201], Coupé [202], Barillot [203], Ferrant [204]) dont la plupart prennent en charge la correction des déformations qui peuvent apparaître durant l'intervention, et à moindre degré la chirurgie orthopédique (Simon [205], Merloz [206, 207], Ma [208]). Cela est dû à la nature rigide du crâne et des os du squelette qui facilite toute procédure de recalage rigide ou non rigide.

Le recalage des organes intra-thoraciques et intra-abdominaux reste d'actualité même hors les champs opératoires. En effet, la nature élastique de ces structures, leur faible rattachement direct aux os, leur disposition anatomique pseudo-libre dans les cavités thoraciques et abdominales et leur mouvement permanent induit par la respiration et la

cinétique cardiaque ouvrent la porte devant de grandes déformations entre différentes acquisitions inter-modalités ou intra-modalités, même si elles sont réalisées à des intervalles courts. Ce fait exclut d'emblée toute solution de recalage rigide dans ces régions et constitue un grand défi devant les tentatives de recalage non-rigide (Camara [61]). Nous citons quelques travaux concernant la chirurgie du foie (Miga [143], Herline [209, 210], Stefansic [211], Kaspersen [212], Nicolau [213], Clements [214], Eulenstein [215], Lange [216]) et de prostate (Bharatha [217]).

Dans le domaine de la chirurgie cardiaque, les tendances actuelles vers la chirurgie mini-invasive, la chirurgie assistée par robot, et la télé-chirurgie, et l'extrême degré de précision exigée dans telle chirurgie ont créé un besoin de développer des techniques de recalage capables de fournir au cardio-chirurgien, en absence d'une vision directe, une représentation plus réaliste pour le cœur de son patient sur la table d'intervention. Ces techniques doivent être capables d'intégrer des données morphologiques, électrophysiologiques, fonctionnelles et dynamiques, pré/per-opératoire, combinée avec le suivi des instruments chirurgicaux. Les efforts menés dans ce volet n'ont pas délivré des solutions aussi efficaces.

En effet, le problème de recalage des images cardiaques est considéré comme étant le plus complexe par rapport aux autres organes. Cela est dû aux mouvements périodiques non rigides du cœur influencés par les mouvements des structures intra-thoraciques (Mäkelä [14]).

Face à ce problème, quelques articles ont été publiés. Volkmar [121] s'est intéressé à recalculer des vues endoscopiques 3D per-opératoire avec des images angiographiques 3D pour la cardio-navigation. L'équipe Chir de l'INRIA (Coste-Manière [118]), dans son système STARS, a développé une méthode de recalage *temps-réel* permettant d'augmenter des images endoscopiques 3D acquises en intra-opératoire avec un modèle dynamique pré-opératoire du cœur, obtenu en combinant des images IRM avec des images coronarographiques. Alors que certains chercheurs ont focalisé leurs intérêts sur le recalage d'un modèle pré-opératoire, construit généralement par des acquisitions IRM avec des images issues de guidance échographiques : Huang [218,219] a proposé un algorithme rapide de recalage rigide IRM 3D / US 3D basé sur la mesure de l'information mutuelle, compatible avec une chirurgie à cœur battant, Linte [142, 220] utilise une méthode de recalage des primitives (les orifices des valves mitrale et aortique), pour intégrer un modèle pré-opératoire, segmenté obtenu à partir d'une image IRM dans une plateforme de réalité virtuelle avec l'US, et Sun [221] a développé un algorithme de recalage rigide IRM/US utilisant le rapport de corrélation normalisé. Malgré que ces solutions permettent une guidance *temps-réel* du fait que les approches rigides ne sont pas gourmandes en termes de temps calculatoire, elles sont loin de donner des résultats précis et satisfaisants. Or, en dehors des blocs opératoires, le champ de recalage en imagerie cardiaque est relativement plus riche. Mäkelä s'est presque totalement sacrifié à l'étude de recalage

multi-modal des images cardiaques. Dans son état de l'art [14], il a conclu que la plupart des méthodes existantes considèrent des transformations *linéaires* et elles portent en majorité sur le recalage des données anatomiques du cœur (TDM, IRM) sur des données fonctionnelles (PET¹³, TEMP¹⁴) : les travaux de Faber [222], Sinha [223] et [224] sont fondés sur le principe de recalage surfacique, alors que Dey [225], Bidaut [226], Klein et [227] utilisent les différences d'intensité et les mesures de corrélation. Une comparaison entre les deux approches est trouvée dans Mäkelä [228]. Contrairement au recalage per-opératoire en cardio-chirurgie, on trouve dans la littérature certaines réalisations qui adressent le recalage *non-linéaire* en imagerie cardiaque conventionnelle (Declerck [229], Klein [230], Mäkelä [231, 232], Lötjönen [233]), mais ces dernières ne sont pas inspirées à vrai dire des propriétés mécaniques du cœur.

Le recalage IRM/US quant à lui constitue un grand défi de fait de la grande différence entre la nature des informations portées par chacune d'eux d'où la difficulté de trouver une fonction qui lie les intensités des images US avec celles des images IRM (Coupé [202]). Ainsi, les premiers travaux ont concerné la neurochirurgie, et ils se sont concentrés sur le recalage des primitives extraites des images dans les deux modalités (Hata [234], Gobbi [235], King [236], Porter [237], Reinertsen [238]). Pour échapper des limitations de cette dernière approche (dépendance de phase segmentation), quelques auteurs ont essayé de réaliser des pré-traitements sur les intensités des images IRM afin qu'elles soient semblables aux celles des images US ; les images résultantes peuvent être appelées des images pseudo-US qui seront recalées par la suite sur les images US par l'une des méthodes iconiques. Parmi ceux-ci, Roche [239] incorpore le processus de transformation des images IRM vers des pseudo-US dans la procédure de mesure de similarité, en utilisant pour cela un critère de similarité appelé le rapport de corrélation bi-varié (BCR). Coupé [202] a proposé une fonction probabiliste manipulant le caractère hyper-échogène des structures échographiques, et il a prouvé qu'elle dépasse les autres mesures de similarités iconiques (MI, CC) en termes de précision. C'est cette dernière méthode que nous avons choisi pour la phase initiale de recalage rigide.

⁹ Tomographie par émission de positons.

¹⁴ Tomographie d'émission monophotonique (SPECT en anglais)

Conclusion

En effet, le cœur et les structures qui l'entourent, en plus de leur nature non-rigide, ils subissent des déformations considérables entre la phase pré- et per-opératoire car ils ne sont pas totalement attachés aux structures dures. Ce qui rend les données portées par les images per-opératoires non fiables. A défaut d'acquérir en per-opératoire des images dont la qualité est comparable à celles des images acquises en pré-opératoire (notamment les images IRM de haute résolution), une alternative est le recours au recalage *temps-réel* non-linéaire, afin de pouvoir déformer l'image de bonne qualité acquise en pré-opératoire de telle sorte qu'elle s'adapte avec les déformations du cœur en per-opératoire (captées par une modalité faisable en per-opératoire comme l'US). Cela donne l'illusion qu'une image de bonne qualité est acquise en per-opératoire.

Quel type de recalage non-linéaire ??

En effet, les applications chirurgicales, quelque soit leur type, doivent satisfaire la contrainte de haute précision. Cela ne peut être atténué en matière de recalage per-opératoire que par une technique de recalage non-linéaire par modèle bio-mécanique réaliste. Le mot *réaliste* exige automatiquement d'incriminer le comportement mécanique réel de l'organe imagé pour calculer les déformations recalant l'image pré-opératoire sur l'image per-opératoire. Notre présent travail s'inscrit dans ce volet.



« Good mathematical models don't start with the mathematics, but with a deep study of certain natural phenomena»,

Stephen Smale.

Chapitre 3 : Modèle des masses-tenseurs (MMT) viscoélastique non-linéaire

Sommaire

Introduction :	84
3.1 Eléments de base de mécanique des milieux continus	85
3.1.1 Définitions élémentaires et notations	85
3.1.2 Description des milieux continus	87
3.1.3 Cinématique des milieux continus - Tenseurs des déformations	91
3.1.4 Efforts extérieurs - Efforts intérieurs	94
3.1.5 La dynamique des milieux continus - Equations du mouvement	97
3.1.6 Loi de comportement / Relation contraintes-déformations	99
3.1.7 Résoudre un problème de mécanique d'un MC	99
3.1.8 Les modèles élastiques	101
3.1.9 Les modèles fluides	107
3.1.10 Théorie de la Viscoélasticité	109
3.1.11 La biomécanique	112
3.2 MMT élastique linéaire	113
3.2.1 Modèle de masses-ressorts MMR	113
3.2.2 Modèle des éléments finis MEF	115
3.2.3 MMT élastique linéaire	117
3.3 MMT viscoélastique non-linéaire	125
3.3.1 La non-linéarité physique	126
3.3.2 L'ajout de la composante fluide	129
3.3.3 L'expression finale de force intérieure dans le MMT viscoélastique non-linéaire	130
3.3.4 Equation dynamique et intégration temporelle	131

3.3.5	Forme générale de l'algorithme	132
3.6	Les points forts de MMT viscoélastique non-linéaire.....	135
	Conclusion.....	135

Introduction :

L'algorithme des masses-tenseurs (MMT) a été introduit initialement par Cotin *et al.* [240, 241] comme un modèle élastique linéaire pour la simulation des tissus mous. Mais ultérieurement, il a été étendu et plusieurs variantes ont apparues. Ainsi, Picinbono *et al.* [242] ont présenté une extension de MMT prenant en compte le caractère anisotrope des tissus. Puis le même groupe (Picinbono *et al.* [243, 244]) a proposé par la suite une nouvelle variante de MMT intégrant les propriétés non-linéaires.

Schwartz [154] a fait un grand pas avec le MMT par le développement d'une variante offrant une simulation plus réaliste permettant le calcul rapide des déformations et des forces incluant des effets mécaniques viscoélastiques non-linéaires ; c'est le modèle MMT viscoélastique non-linéaire. Ce modèle a été conçu spécialement pour la simulation des interventions chirurgicales et il a prouvé son efficacité en répondant aux contraintes de précision et de rapidité que le bloc opératoire exige.

Ce chapitre présente les bases théoriques de l'algorithme de MMT d'abord élastique linéaire, puis une description détaillée de sa version viscoélastique non-linéaire proposée par Schwartz [154].

Comme le MMT s'inspire des théories de la mécanique des milieux continus (MMC), il s'avère mieux d'inaugurer le chapitre par une vue sur les éléments de base de ces théories à savoir : la mécanique des matériaux élastiques, la mécanique des fluides et la théorie de la viscoélasticité.

3.1 Éléments de base de mécanique des milieux continus

Cette section présente certaines notions de base de la mécanique des milieux continus (MMC) qui sont nécessaires à la compréhension de MMT.

3.1.1 Définitions élémentaires et notations

3.1.1.1 Définition d'un milieu continu

Le concept du milieu continu (MC) est une modélisation physique macroscopique issue de l'expérience courante, dont la pertinence est avérée selon les problèmes abordés et en fonction de l'échelle des phénomènes mis en jeu. L'hypothèse des milieux continus consiste à considérer les milieux dont les propriétés caractéristiques peuvent être représentées mathématiquement par des fonctions continues et/ou dérivables. On entend par « continue » la continuité spatiale et temporelle.

La mécanique des milieux continus (MMC) s'intéresse à la déformation des solides et à l'écoulement des fluides ainsi que l'étude des matériaux intermédiaires (rhéologie). Dans la formulation mathématique de ce concept, un système mécanique est représenté par un volume constitué au niveau différentiel par des particules. L'état géométrique de ces particules, est caractérisé par la connaissance de leur position dans un référentiel R .

Nous utilisons les notations de Garrigues [245] pour définir mathématiquement un MC.

Soit D un domaine volumique dans un espace Euclidien tridimensionnel R^3 .

On dit que D est rempli d'un milieu matériel continu Ω , si à tout instant t et à chaque point x de D on peut définir des champs de grandeurs physiques locales relatives à ce milieu matériel. Ces grandeurs peuvent être définis mathématiquement par :

- Des champs scalaires sur D : masse volumique, température, énergie.....
- Des champs vectoriels sur D : déplacement, vitesse, accélération, force.....
- Des champs tensoriels sur D : tenseurs des déformations, tenseurs des contraintes.....

En effet, les différents modèles physiques continus peuvent être décrits par des relations séquentielles entre 4 entités : déplacement, déformation, contrainte et force ; comme le montre **Figure 3.1**.

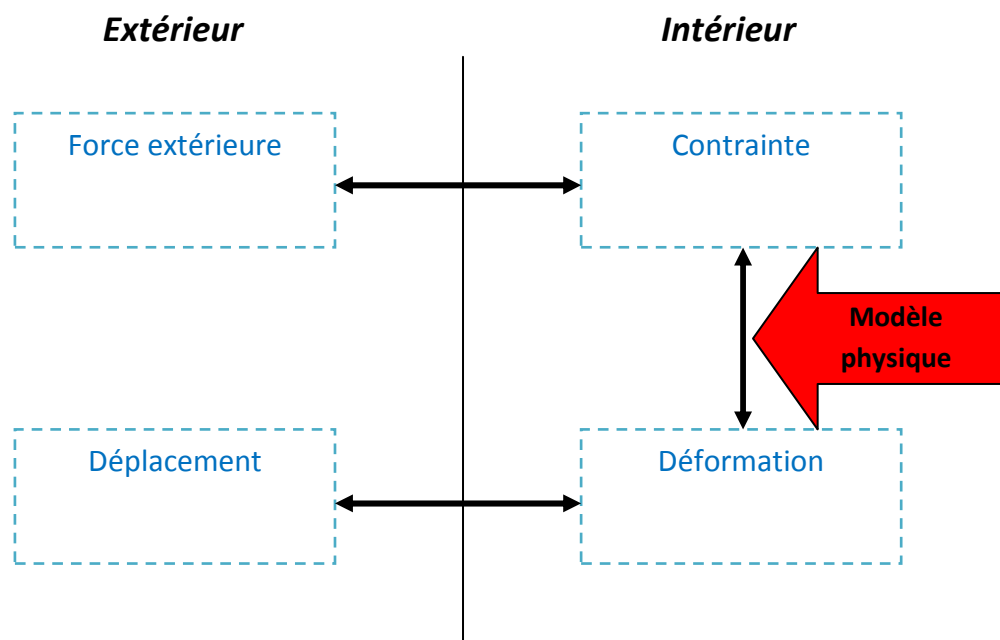


Figure 3.1 - - La relation entre les quatre entités physiques.

3.1.1.2 Dans un langage naturel

Quand une force extérieure F est appliquée sur une partie d'un milieu matériel continu Ω (généralement sur une partie de sa surface), une force intérieure se développe dans le volume, mesurée par une grandeur appelée : tenseur des contraintes σ (matrice 3×3). Cette dernière entraîne un changement de la configuration des petits éléments de volume avec des déformations qu'on peut mesurer par une grandeur appelée : tenseur des déformations ε (matrice 3×3). La réponse fournit à l'extérieur vis-à-vis à la force extérieure appliquée est sous forme d'un champ des déplacements où chaque vecteur de déplacement \mathbf{u} est lié à une particule. Le processus inverse se produit quand on impose un champ des déplacements sur un ensemble de particules de Ω .

On peut dire que les forces extérieures et les déplacements sont des facteurs externes qu'on peut observer, alors que les contraintes et les déformations sont des grandeurs mathématiques internes pour mesurer les effets des forces et des déplacements respectivement. *La relation mathématique entre les contraintes et les déformations définit le comportement élastique, fluide ou viscoélastique, linéaire ou non-linéaire du MC.*

3.1.2 Description des milieux continus

Pour décrire mathématiquement les propriétés d'un MC en mouvement, deux systèmes cohabitent, l'un et l'autre présentant des avantages dans des situations particulières. Il s'agit de **la description lagrangienne** et de **la description eulérienne**. Pour introduire ces deux descriptions nous utiliserons les notations de Carey [246] et P.G. Ciarlet [247] et qui seront adoptées aussi le long de tout ce chapitre.

Considérant p une particule d'un corps déformable Ω occupant le domaine spatiale $D \in R^3$. La particule p est définie par les coordonnées de son correspondant point \mathbf{x} dans D tel que $\mathbf{x} = [x_1, x_2, x_3]^T$ étant **le vecteur de position** de p .

Sous l'action d'une force extérieure F , le corps Ω de surface Γ se déforme d'une certaine manière et le résultat étant le corps déformé $\tilde{\Omega}$ (ou la configuration déformée). Chacune de ces particules se trouve alors à une position différente de sa position initiale.

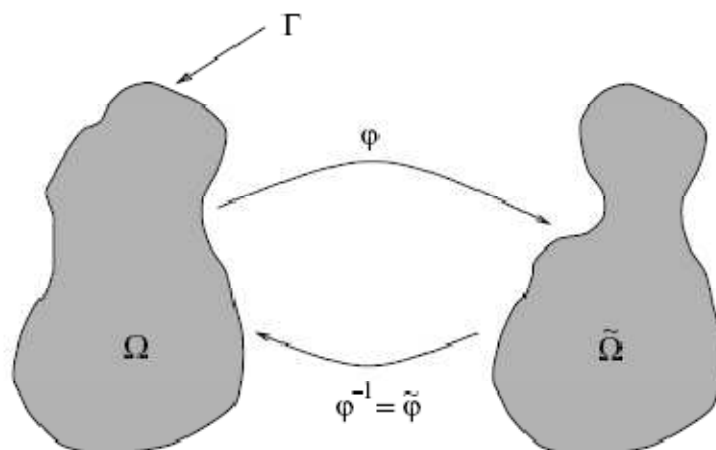


Figure 3.2 - Processus de déformation du corps Ω .

On définit la transformation φ comme la fonction continue, injective, préservant les orientations, qui déplace une particule p définie par le point $\mathbf{x} = [x_1, x_2, x_3]^T$ à sa nouvelle position $\tilde{\mathbf{x}} = [\tilde{x}_1, \tilde{x}_2, \tilde{x}_3]^T$ suite à la déformation sous l'action de la force F , tel que :

$$\varphi(\mathbf{x}, t) = \mathbf{x} + \mathbf{u}(\mathbf{x}, t) = \tilde{\mathbf{x}} = [\varphi_1, \varphi_2, \varphi_3]^T \quad (3.1)$$

$$\tilde{x}_1 = \varphi_1(x_1, x_2, x_3, t) \quad (3.2)$$

$$\tilde{x}_2 = \varphi_2(x_1, x_2, x_3, t) \quad (3.3)$$

$$\tilde{x}_3 = \varphi_3(x_1, x_2, x_3, t) \quad (3.4)$$

Où : $\mathbf{u}(\mathbf{x}, t) = [u_1, u_2, u_3]^T$ est **le vecteur de déplacement** de la particule p à l'instant t :

$$\mathbf{u} = \tilde{\mathbf{x}} - \mathbf{x} \quad (3.5)$$

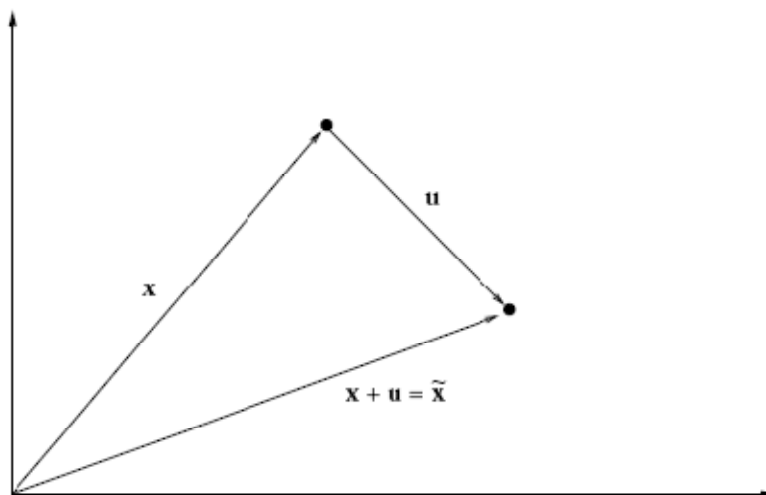


Figure 3.3 - Le vecteur de déplacement.

3.1.2.1 Description lagrangienne

La description lagrangienne identifie les particules par leurs positions dans une configuration du système prise comme référence Ω_0 par rapport à un référentiel R . Elle consiste donc à observer les modifications des propriétés de chaque particule p de Ω_0 que l'on suit dans son mouvement. Le mouvement est décrit en définissant la position de chaque particule ainsi indexée, au cours de l'évolution, c'est-à-dire en se donnant sa trajectoire et son horaire de parcours.

Ainsi toutes les fonctions décrivant le déplacement et les autres grandeurs (vitesse, accélération, ..) dépendent des variables suivantes : la particule considérée (ou sa position initiale \mathbf{x}_0 à un temps de référence t_0) et le temps t .

Le vecteur de position d'une particule p dans le MC Ω_0 à l'instant t aura toujours la forme :

$$\varphi(\mathbf{x}_0, t) = \mathbf{x}_0 + \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t) = \tilde{\mathbf{x}}(\mathbf{x}_0, t) \quad (3.6)$$

On dit que la fonction φ représente la description lagrangienne du mouvement du corps déformable Ω_0 par rapport au référentiel R . le champ lagrangien donne la valeur de la grandeur considérée portée par la particule p qui à l'instant t_0 occupait le point \mathbf{x}_0 . Cette description est souvent utilisée dans les modèles élastiques. L'inconvénient de cette

description est que le référentiel se déplace avec le MC, et donc c'est difficile de connaître l'état du MC en un point donné de l'espace physique et temporel, et donc on ne peut pas connaître l'historique d'une particule dans le MC.

3.1.2.2 Description eulérienne

La description eulérienne adopte le point de vue incrémental. Elle consiste à se placer en un point fixe du milieu d'étude et à observer les modifications des propriétés de MC qui défile en ce point en se basant sur la configuration de MC à l'instant d'observation. Ainsi, les fonctions décrivant les grandeurs dépendent des variables suivantes : le point géométrique considéré (\mathbf{x}) et le temps t .

Le vecteur de position d'une particule p dans le MC à l'instant t aura toujours la forme :

$$\mathbf{x} = \tilde{\varphi}(\tilde{\mathbf{x}}, t) = \tilde{\mathbf{x}} - \tilde{\mathbf{u}}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \quad (3.7)$$

Où $\tilde{\varphi} = \varphi^{-1}$ et $\tilde{\mathbf{u}}(\tilde{\mathbf{x}}, t)$ est le vecteur de déplacement eulérien, calculé sur le point $\tilde{\mathbf{x}}$ à l'instant t . On dit que $\tilde{\mathbf{u}}$ est le déplacement subit par une particule p à l'instant t , qui était localisée sur le point \mathbf{x} avant cette instant. **On s'intéresse beaucoup plus au vecteur de déplacement qu'au vecteur de position.**

Le champ eulérien donne la valeur de la grandeur considérée portée par la particule qui au temps t occupe le point $\tilde{\mathbf{x}}$. Une même propriété, mesurée en un même point \mathbf{x} à deux temps différents correspond à deux particules distinctes.

C'est la description que l'on utilise le plus souvent dans les problèmes de dynamique des fluides, car elle permet de calculer facilement la variation spatiale d'une propriété du fluide au temps t .

En effet, la description eulérienne définit le mouvement du système à chaque instant par le champ des vitesses des particules, puis un champ des déplacements est calculé par intégration sur le champ des vitesses.

Remarque :

Il est à noter que le vecteur de déplacement pour une particule donnée p , de l'instant de départ t_0 à l'instant donné t est indépendant du référentiel choisi :

$$\mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t) = \tilde{\mathbf{u}}(\tilde{\mathbf{x}}_0, t) \quad (3.8)$$

Dans ce qui suit, l'utilisation de la notation $\tilde{\quad}$ sur les grandeurs signifie qu'on est dans un référentiel eulérien.

3.1.2.3 Formule de la vitesse et de l'accélération dans les deux référentiels

A. Dans la description lagrangienne

En connaissant la position à chaque instant d'une particule, il est possible de définir alors sa vitesse et son accélération vis-à-vis du référentiel R.

La vitesse de la particule \mathbf{x}_0 notée $\mathbf{v}(\mathbf{x}_0, t)$ est la dérivée totale appelée "dérivée particulaire" de $\mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)$ par rapport au temps. :

$$\mathbf{v}(\mathbf{x}_0, t) = \frac{d \varphi(\mathbf{x}_0, t)}{dt} = \frac{d \tilde{\mathbf{x}}(\mathbf{x}_0, t)}{dt} = \frac{d \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt} = \frac{\partial \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{\partial t} \quad (3.9)$$

Où $\frac{d}{dt}$ représente la dérivation complète (particulaire) par rapport au temps et $\frac{\partial}{\partial t}$ représente la dérivation partielle par rapport au temps. Ici $\frac{d}{dt} = \frac{\partial}{\partial t}$ car \mathbf{x}_0 est indépendante du temps (constante).

De la même manière, on obtient la formule de l'accélération d'une particule \mathbf{x}_0 notée $\gamma(\mathbf{x}_0, t)$:

$$\gamma(\mathbf{x}_0, t) = \frac{d^2 \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt^2} = \frac{\partial^2 \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{\partial t^2} \quad (3.10)$$

B. Dans la description eulérienne

Dans la description eulérienne, on ne se préoccupe pas de savoir ce qu'il advient de chaque particule mais on étudie ce qui se passe à chaque instant en chaque point de l'espace géométrique. L'expression de vitesse notée $\tilde{\mathbf{v}}(\tilde{\mathbf{x}}, t)$ sera :

$$\tilde{\mathbf{v}}(\tilde{\mathbf{x}}, t) = \frac{d \tilde{\varphi}(\tilde{\mathbf{x}}, t)}{dt} = \frac{d \tilde{\mathbf{u}}(\tilde{\mathbf{x}}, t)}{dt} \quad (3.11)$$

Dans ce cas : $\frac{d \tilde{\mathbf{u}}(\tilde{\mathbf{x}}, t)}{dt} \neq \frac{\partial \tilde{\mathbf{u}}(\tilde{\mathbf{x}}, t)}{\partial t}$ car les coordonnées de $\tilde{\mathbf{x}}$ dépendent du temps (le calcul de la dérivée particulaire dans représentation eulérienne nécessite de prendre en compte la variation du domaine délimité par les coordonnées de $\tilde{\mathbf{x}}$ qui sont fonction du temps).

Après une série des calculs, l'expression finale de la vitesse est :

$$\tilde{\mathbf{v}}(\tilde{\mathbf{x}}, t) = \frac{\partial \tilde{\mathbf{u}}(\tilde{\mathbf{x}}, t)}{\partial t} + \tilde{\mathbf{v}}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \tilde{\mathbf{V}} \tilde{\mathbf{u}}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \quad (3.12)$$

Où : $\tilde{\nabla} = \begin{bmatrix} \frac{\partial}{\partial \tilde{x}_1} \\ \frac{\partial}{\partial \tilde{x}_2} \\ \frac{\partial}{\partial \tilde{x}_3} \end{bmatrix}$ représente l'opérateur gradient dans la représentation eulérienne.

La formule de l'accélération sera donc :

$$\gamma(\tilde{\mathbf{x}}, t) = \frac{\partial \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t)}{\partial t} + \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \tilde{\nabla} \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \quad (3.13)$$

3.1.3 Cinématique des milieux continus - Tenseurs des déformations

Il convient de bien différencier la notion de « déplacement » de la notion de « déformation ». Ainsi, il existe des champs vectoriels de déplacement qui ne créent aucune déformation. Ceci est bien constaté dans la mécanique des solides indéformables.

Pour matérialiser la déformation, on étudie la transformation d'un vecteur "matériel", c'est à dire d'un vecteur ayant des points « origine » et « extrémité » confondus avec des particules matérielles (référence lagrangien). Toutefois on conçoit bien que l'état de déformation n'étant généralement pas homogène dans la matière, il faille utiliser des particules matérielles infiniment voisines afin de bien caractériser la déformation au voisinage d'un élément matériel.

Considérant deux particules A et B très proches qui sont, avant déformation, séparées par un vecteur $d\mathbf{x}$. Le vecteur joignant ces deux particules après déformation sera $d\mathbf{x}' = d\mathbf{x} + d\mathbf{u}$ comme montré dans **Figure 3.4** :

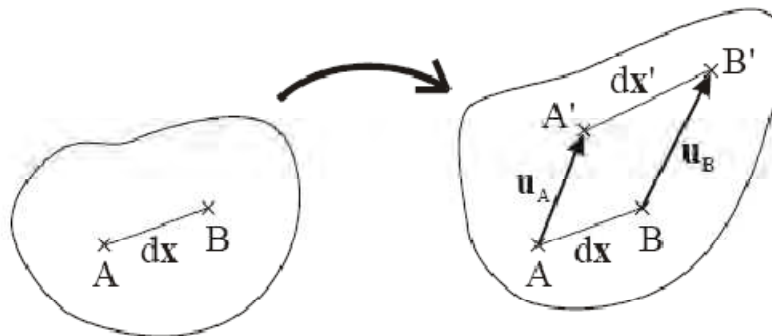


Figure 3.4 - Déplacement de deux points dans un MC déformable.

Comment mesurer les déformations localement ? En d'autres termes : **comment caractériser la relation entre dx' et dx ??**

A partir de l'étude des déplacements relatifs entre deux points très proches on arrive à caractériser la déformation d'un élément de volume infiniment petit en remplaçant les petites différences (exp : du, dx) par leurs expressions en différentielle complète.

3.1.3.1 Gradient des déformations ou tenseur gradient

Le gradient des déformations ou encore appelé *application linéaire tangente* représente le gradient de la fonction de transformation φ :

$$\nabla\varphi = \begin{bmatrix} \frac{\partial\varphi_1}{\partial x_1} & \frac{\partial\varphi_1}{\partial x_2} & \frac{\partial\varphi_1}{\partial x_3} \\ \frac{\partial\varphi_2}{\partial x_1} & \frac{\partial\varphi_2}{\partial x_2} & \frac{\partial\varphi_2}{\partial x_3} \\ \frac{\partial\varphi_3}{\partial x_1} & \frac{\partial\varphi_3}{\partial x_2} & \frac{\partial\varphi_3}{\partial x_3} \end{bmatrix} \quad (3.14)$$

Le déterminant de $\nabla\varphi$ est appelé le Jacobien de la transformation φ , noté J :

$$J = |\nabla\varphi| \quad (3.15)$$

Il est important de noter que $J = |\nabla\varphi| > 0 \quad \forall p \in \Omega$ (ou $\forall \mathbf{x} \in D$) car φ préserve les orientations.

On peut exprimer le gradient des déformations en fonction du champ des déplacements :

$$\nabla\varphi = I + \nabla\mathbf{u} \quad (3.16)$$

Tel que :

$$\nabla\mathbf{u} = \begin{bmatrix} \frac{\partial u_1}{\partial x_1} & \frac{\partial u_1}{\partial x_2} & \frac{\partial u_1}{\partial x_3} \\ \frac{\partial u_2}{\partial x_1} & \frac{\partial u_2}{\partial x_2} & \frac{\partial u_2}{\partial x_3} \\ \frac{\partial u_3}{\partial x_1} & \frac{\partial u_3}{\partial x_2} & \frac{\partial u_3}{\partial x_3} \end{bmatrix} \quad (3.17)$$

I est la matrice d'identité :

$$I = \begin{bmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 1 \end{bmatrix} \quad (3.18)$$

3.1.3.2 Tenseur de Cauchy-Green droit ou tenseur des dilatations

Le tenseur de Cauchy-Green droit, noté C , est calculé à partir du gradient des déformations :

$$C = [\nabla\varphi]^T \nabla\varphi \quad (3.19)$$

Il est à noter que C est symétrique définie positivement ($C_{ij} = C_{ji}$), car $\nabla\varphi$ est inversible ($|\nabla\varphi| \neq 0$).

On peut définir C en fonction du champ des déplacements :

$$C = I + \nabla\mathbf{u} + [\nabla\mathbf{u}]^T + [\nabla\mathbf{u}]^T \nabla\mathbf{u} \quad (3.20)$$

Il faut signaler que $C = I$ en cas de transformation rigide.

3.1.3.3 Tenseur des déformations de Green-Lagrange

Le tenseur des déformations de Green-Lagrange, noté ε , est le plus connu et le plus utilisé car il représente une mesure pure de la déformation, et elle est égale à zéro en cas de transformation rigide :

$$\varepsilon = \frac{1}{2} (C - I) = \frac{1}{2} (\nabla\mathbf{u} + [\nabla\mathbf{u}]^T + [\nabla\mathbf{u}]^T \nabla\mathbf{u}) \quad (3.21)$$

Les composantes de ε sont : $\varepsilon_{ij} = \frac{1}{2} \left(\frac{\partial u_i}{\partial x_j} + \frac{\partial u_j}{\partial x_i} + \frac{\partial u_i}{\partial x_j} \frac{\partial u_j}{\partial x_i} \right)$ (3.22)

$$\varepsilon = \begin{bmatrix} \varepsilon_{11} & \varepsilon_{21} & \varepsilon_{31} \\ \varepsilon_{12} & \varepsilon_{22} & \varepsilon_{32} \\ \varepsilon_{13} & \varepsilon_{23} & \varepsilon_{33} \end{bmatrix} \quad (3.23)$$

Le tenseur des déformations de Green-Lagrange ε est aussi symétrique ($\varepsilon_{ij} = \varepsilon_{ji}$), pour

cette raison on peut le résumer en un vecteur de 6 termes : $\varepsilon = \begin{bmatrix} \varepsilon_{11} \\ \varepsilon_{22} \\ \varepsilon_{33} \\ \varepsilon_{23} \\ \varepsilon_{13} \\ \varepsilon_{12} \end{bmatrix}$ (3.24)

On dit que la déformation est **homogène** si le tenseur des déformations ε ne dépend pas des coordonnées spatiales de référence x_i .

3.1.3.4 Tenseur linéarisé des déformations

Comme nous venons de le voir, la caractérisation de l'état de déformation d'un domaine matériel passe par la détermination des tenseurs plus ou moins compliqués. Quel que soit le choix fait au niveau des tenseurs, on constate une **non-linéarité** provenant essentiellement des termes du type : $[\nabla\mathbf{u}]^T \nabla\mathbf{u}$. Cette non-linéarité de l'état de déformation par rapport au champ des déplacements complique sérieusement les calculs.

Cependant, dans de nombreux cas, on peut linéariser l'état de déformation en faisant l'hypothèse des **transformations infinitésimales**, encore dénommée hypothèse **des petites perturbations** ou **petites déformations**.

Avec cette hypothèses, \mathbf{C} et $\boldsymbol{\varepsilon}$ deviennent :

$$\mathbf{C} = \mathbf{I} + \nabla\mathbf{u} + [\nabla\mathbf{u}]^T \quad (3.25)$$

$$\boldsymbol{\varepsilon} = \frac{1}{2} (\nabla\mathbf{u} + [\nabla\mathbf{u}]^T) \quad (3.26)$$

avec : $\varepsilon_{ij} = \frac{1}{2} \left(\frac{\partial u_i}{\partial x_j} + \frac{\partial u_j}{\partial x_i} \right)$

3.1.4 Efforts extérieurs - Efforts intérieurs

Considérant la configuration déformée $\tilde{\Omega}$, limitée par la surface fermée $\tilde{\Gamma}$. Prenant un petit élément de $\tilde{\Omega}$, de volume δV limité par une surface fermée δS .

Les efforts appliqués à toute partie de δV peuvent être classés en :

Efforts ou forces extérieurs : exercés sur δV par des effecteurs extérieurs à $\tilde{\Omega}$.

Efforts ou forces intérieurs : exercés sur δV par des effecteurs appartenant à $\tilde{\Omega}$ mais extérieurs à δV (voisins de V).

Dans ce qui suit, nous utilisons la minuscule \mathbf{f} pour noter les forces intérieures, et la majuscule \mathbf{F} pour les forces extérieures.

3.1.4.1 Forces extérieures

Elles sont généralement dues à des actions à distance telles que la pesanteur, les forces d'inertie,.....etc. Leur modélisation ne pose pas de problème car elles sont connues et leur calcul est facile.

Les forces extérieures se distinguent en : **forces volumiques** qui exercent à l'intérieur du corps déformable et modélisées par des densités de force par unité du volume ou densité

de force par unité de masse (appelées aussi *forces massiques*), et *forces surfaciques* exerçant sur les contours et les surfaces du corps et modélisées par des densités de force par unité de surface.

3.1.4.2 Forces intérieures - Tenseur des contraintes de Cauchy

On peut dire que les forces intérieures représentent les actions de contact entre les particules de MC. Chaque particule p de δV est en effet soumise à des forces de liaison provenant du reste de $\tilde{\Omega}$.

La modélisation des forces intérieures est basée sur *le postulat de Cauchy* qui suppose que les efforts exercés sur un volume δV de $\tilde{\Omega}$ par le reste de $\tilde{\Omega}$ peuvent être représentés par une répartition surfacique des forces. En d'autres termes : les particules situées de part et d'autre d'un plan géométrique à l'intérieur de MC, infiniment près de celui-ci, exercent les unes sur les autres des efforts représentés par des forces surfaciques distribuées sur ce plan géométrique appelé facette.

Si \mathbf{f} est la force par unité de volume exercée à l'intérieur de δV , la force totale appliquée à cet élément de volume peut être exprimée par l'intégrale $\int_{\delta V} \mathbf{f} dV$.

D'après le principe d'action et de réaction (3^{ème} loi de Newton), la force totale appliquée à l'élément de volume δV doit être égale à la somme de toutes les forces appliquées sur la surface δS de δV par les portions voisines de reste de MC. On aura :

$$\int_{\delta V} \mathbf{f} dV = \oint_{\delta S} \mathbf{f}_s dS \quad (3.27)$$

Où \mathbf{f}_s est la force appliquée par unité de surface.

Soit $\mathbf{f}_{s,i}$ la i -ème composante de \mathbf{f}_s . On considère les trois surfaces orthogonales aux directions des trois axes x, y, z .

$\mathbf{f}_{s,i}$ n'est que la somme des i -èmes composantes des trois forces par unité de surface, appliquées chacune à une surface orthogonale aux directions des trois axes x, y, z .

La force par unité de surface, appliquée à une surface orthogonale à la direction de l'axe j est appelée *vecteur-contrainte* sur la surface orthogonale à la direction de l'axe j .

Notant σ_{ij} la i -ème composante du vecteur-contrainte sur la surface orthogonale à la direction de l'axe j . On aura :

$$\mathbf{f}_{s,i} = \sum_{j=1}^3 \sigma_{ij} dS_j \quad (3.28)$$

D'où :

$$\int_{\delta V} \mathbf{f}_i dV = \oint_{\delta S} \sum_{j=1}^3 \sigma_{ij} dS_j \quad (3.29)$$

La matrice carrée d'ordre 3, notée σ , dont les composantes sont σ_{ij} , est appelée **le tenseur des contraintes de Cauchy** :

$$\sigma = \begin{bmatrix} \sigma_{11} & \sigma_{21} & \sigma_{31} \\ \sigma_{12} & \sigma_{22} & \sigma_{32} \\ \sigma_{13} & \sigma_{23} & \sigma_{33} \end{bmatrix} \quad (3.30)$$

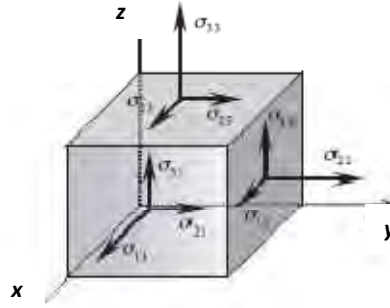


Figure 3.5 - Tenseur des contraintes.

On peut dire que le tenseur des contraintes en un point définit l'application linéaire qui détermine le vecteur-contrainte pour toute facette passant par ce point.

En utilisant le théorème de la divergence : l'intégrale surfacique d'un champ tensoriel est égale à l'intégrale volumique de la divergence de ce même champ tensoriel, on aura :

$$\int_{\delta V} \mathbf{f}_i dV = \oint_{\delta S} \sum_{j=1}^3 \sigma_{ij} dS_j = \int_{\delta V} \sum_{j=1}^3 \frac{\partial \sigma_{ij}}{\partial x_j} dV \quad (3.31)$$

On déduit de (3.31) que :

$$\mathbf{f}_i = \sum_{j=1}^3 \frac{\partial \sigma_{ij}}{\partial x_j} \quad (3.32)$$

D'où l'expression importante de la force intérieure :

$$\mathbf{f} = \tilde{\nabla} \cdot \sigma \quad (3.33)$$

$$\text{Où : } \tilde{\nabla} \cdot \sigma = \begin{bmatrix} \frac{\partial \sigma_{11}}{\partial x_1} + \frac{\partial \sigma_{21}}{\partial x_2} + \frac{\partial \sigma_{31}}{\partial x_3} \\ \frac{\partial \sigma_{12}}{\partial x_1} + \frac{\partial \sigma_{22}}{\partial x_2} + \frac{\partial \sigma_{32}}{\partial x_3} \\ \frac{\partial \sigma_{13}}{\partial x_1} + \frac{\partial \sigma_{23}}{\partial x_2} + \frac{\partial \sigma_{33}}{\partial x_3} \end{bmatrix} \quad (3.34)$$

La formule (3.33) signifie que la force intérieure développée au niveau d'une particule quelconque d'un MC soumis à des forces extérieures, est égale au gradient du tenseur des contraintes de Cauchy à ce point. Si le MC est de nature élastique, les forces intérieures sont représentées par les forces élastiques liées aux contraintes élastiques qui tendent à rendre le MC à sa forme antérieure à l'application des forces extérieures. S'il est de nature fluide, les forces intérieures seront des forces de frottements internes dues aux contraintes visqueuses, encore appelées forces visqueuses. Nous détaillerons ces forces dans les sections suivantes.

Comme le tenseur des déformations, le tenseur des contraintes est aussi symétrique ($\sigma_{ij} = \sigma_{ji}$), pour cette raison on peut le résumer en un vecteur de 6 composantes :

$$\sigma = \begin{bmatrix} \sigma_{11} \\ \sigma_{22} \\ \sigma_{33} \\ \sigma_{23} \\ \sigma_{13} \\ \sigma_{12} \end{bmatrix} \quad (3.35)$$

Les composantes de σ sont homogènes à une pression, c'est-à-dire qu'ils ont la dimension d'une force par unité de surface.

3.1.5 La dynamique des milieux continus - Equations du mouvement

Le comportement dynamique d'un milieu continu peut être obtenu par trois voies :

- Soit par l'application de la loi fondamentale de la dynamique (seconde loi de Newton).
- Soit par le théorème de conservation de la quantité de mouvement : le taux de changement de la quantité de mouvement d'une partie quelconque d'un corps est à chaque instant égal à la résultante des forces à distance et de contact qui s'exercent sur cette partie du corps et sur sa frontière.
- Soit par le théorème des puissances virtuelles en minimisant l'énergie potentielle de MC.

Toutes ces voies mènent d'une façon générale à une même équation aux dérivées partielles (EDP); c'est l'équation dynamique.

Selon la loi fondamentale de la dynamique : $\sum \text{forces} = \text{masse} \times \text{accélération}$

Comme dans un MC on a des forces intérieures et des forces extérieures, la loi devient :

$$\text{forces extérieures} + \text{forces intérieures} = \text{masse} \times \text{accélération}$$

En remplaçant les forces intérieures et celle de l'accélération par leurs expressions précédemment notées selon qu'il s'agit d'un matériau élastique, fluide ou visco-élastique, et selon qu'on utilise un référentiel lagrangien ou eulérien, on aura les équations dynamiques gérant le mouvement de MC.

3.1.5.1 Dans un référentiel lagrangien

Les forces extérieures se distinguent en forces volumiques (agissent sur des particules situées à l'intérieure de Ω) et des forces surfaciques (agissent sur des particules de surface Γ).

L'équation dynamique qui gère le mouvement de tout point p est comme suit :

$$\begin{cases} \mathbf{F}_v(\mathbf{x}_0, t) + \nabla \cdot \sigma = \rho \frac{d^2 \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt^2} & p \in \Omega \\ \mathbf{F}_s(\mathbf{x}_0, t) = \sigma n & p \in \Gamma \end{cases} \quad (3.36)$$

$$(3.37)$$

où : n est le vecteur normal à la surface.

ρ est la masse volumique de particule p , $\mathbf{F}_v(\mathbf{x}_0, t)$ est la résultante des forces extérieures par unité de volume appliquées sur une particule p située à l'intérieur de Ω , et σ est le tenseur des contraintes au niveau de cette particule. $\mathbf{F}_s(\mathbf{x}_0, t)$ est la résultante des forces extérieures appliquées sur une particule p de surface Γ .

3.1.5.2 Dans un référentiel eulérien

L'équation dynamique pour chaque point du domaine D contenant le corps déformé $\tilde{\Omega}$ aura la forme suivante :

$$\begin{cases} \mathbf{F}_v(\tilde{\mathbf{x}}, t) + \tilde{\nabla} \cdot \sigma = \tilde{\rho}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \left[\frac{\partial \tilde{\mathbf{v}}(\tilde{\mathbf{x}}, t)}{\partial t} + \tilde{\mathbf{v}}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \tilde{\nabla} \tilde{\mathbf{v}}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \right] & p \in \Omega \\ \mathbf{F}_s(\tilde{\mathbf{x}}, t) = \sigma n & p \in \Gamma \end{cases} \quad (3.38)$$

$$(3.39)$$

$\tilde{\rho}$ est la masse volumique d'une particule passée par le point $\tilde{\mathbf{x}}$. $\mathbf{F}_v(\tilde{\mathbf{x}})$ est la résultante des forces extérieures appliquées à un point $\tilde{\mathbf{x}}$ à l'intérieur de $\tilde{\Omega}$. $\mathbf{F}_s(\tilde{\mathbf{x}}, t)$ est la résultante des

forces extérieures appliquées sur une particule p de surface Γ . σ est le tenseur des contraintes spécifique du point $\tilde{\mathbf{x}}$.

3.1.6 Loi de comportement / Relation contraintes-déformations

Jusqu'à maintenant, on a pu délivrer deux équations pouvant décrire un MC : la relation déformation-déplacement (tenseurs des déformations) et l'équation dynamique. Mais cela est insuffisant pour prévoir l'évolution de MC. Le bilan *inconnus-équations* montre qu'il existe un déficit d'une troisième relation pour traiter un problème de mécanique. Ce déficit sera comblé par les relations issues de l'expérience, relations que l'on appelle **loi de comportement**. Il s'agit d'exprimer *les contraintes en fonction des déformations* et inversement :

$$\sigma = \overset{\circ}{f}(\varepsilon) \quad (3.40)$$

Cela fait intervenir généralement des quantités énergétiques.

3.1.7 Résoudre un problème de mécanique d'un MC

Comme on a déjà dit auparavant, le but de la mécanique des MCs est de pouvoir prédire l'évolution d'un MC sous certaines conditions.

Comment formuler un problème de mécanique de MC ??

Deux énoncés :

➤ *Première énoncé :*

En imposant une force extérieure qu'on note F_{Impos} sur une partie Γ_1 de surface du corps Ω , cela entrainera une déformation de tout le corps Ω et chacun de ces particules se trouve alors à une position différente de sa position initiale.

Considérant F_{Impos} comme connue, calculer le champ des déplacements \mathbf{u} sur l'ensemble de particules de Ω . En d'autre terme : prévoir la configuration déformée $\tilde{\Omega}$ en connaissant F_{Impos} .

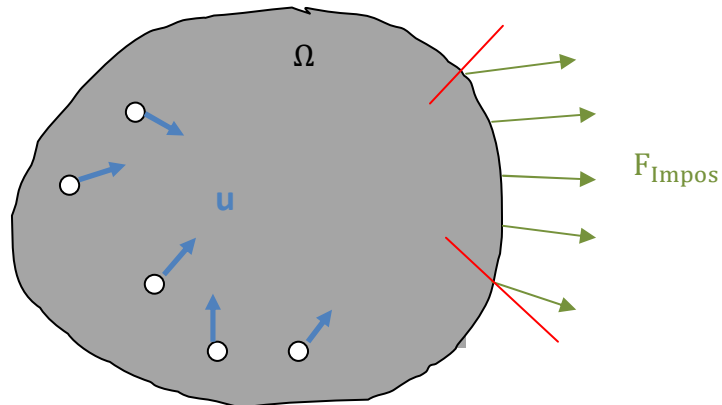


Figure 3.6 - Imposer des forces extérieures sur une partie de surface.

➤ *Deuxième énoncé :*

En imposant un champ des déplacements qu'on note $\mathbf{u}_{\text{Impos}}$ sur une partie Γ_0 de surface du corps Ω , cela entrainera une déformation de tout le corps Ω et chacun de ces particules se trouve alors à une position différente de sa position initiale.

Considérant $\mathbf{u}_{\text{Impos}}$ comme connu, calculer le champ des déplacements \mathbf{u} sur l'ensemble de particules de Ω . En d'autres termes : prévoir la configuration déformée $\tilde{\Omega}$ en connaissant $\mathbf{u}_{\text{Impos}}$.

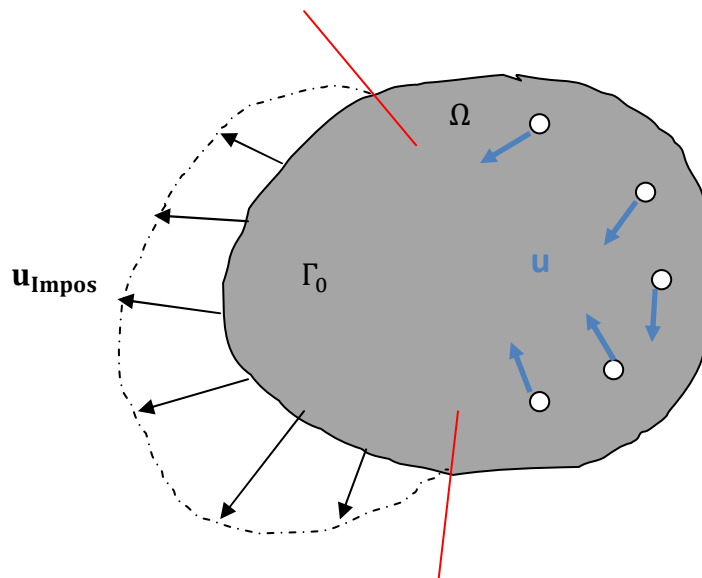


Figure 3.7 - Imposer des déplacements sur une partie de surface.

Formulation mathématique :

Cela revient à résoudre un système d'équations aux dérivées partielles (EDP) dont F_{Impos} et/ou $\mathbf{u}_{\text{Impos}}$ sont les conditions aux limites :

Equation d'équilibre (dynamique ou statique) \Leftrightarrow forces extérieurs + forces intérieures = masse * accélération

Relation déformation-déplacement $\Leftrightarrow \boldsymbol{\varepsilon} = \overset{\circ}{f}(\mathbf{u})$

La loi de comportement $\Leftrightarrow \boldsymbol{\sigma} = \underset{\circ}{f}(\boldsymbol{\varepsilon})$

Conditions aux limites frontières et initiales $\Leftrightarrow F_{\text{Impos}}$ et/ou $\mathbf{u}_{\text{Impos}}$

Dans les sections suivantes, nous rapporterons les formules d'équations de ce système pour les modèles élastiques, fluides et viscoélastiques.

3.1.8 Les modèles élastiques

On qualifie un milieu continu comme élastique s'il retourne complètement à son état initial lorsque l'on supprime l'effet déformant. Un matériau élastique est représenté selon les conventions habituelles par un ressort. On utilise souvent un référentiel lagrangien pour écrire les équations caractérisant un milieu continu élastique.

3.1.8.1 Loi de comportement

La caractéristique la plus importante des matériaux élastiques est que la relation contrainte-déformation est indépendante de l'histoire des déformations précédentes. Cette relation peut être définie à travers *la densité d'énergie de déformation par unité de volume ou de masse*.

La densité d'énergie de déformation par unité de volume, notée W_0 est une fonction telle que la loi de comportement s'écrive :

$$\sigma_{ij} = \frac{\partial W_0}{\partial \varepsilon_{ij}} \tag{3.41}$$

Soit l'élément de volume infinitésimal dV de δV dont les arêtes sont dx, dy, dz ($dV = dx dy dz$). W_0 représente l'énergie de déformation élémentaire emmagasinée dans dV suite à l'action des forces extérieures. Elle se calcule comme le travail effectué par les forces intérieures (les contraintes) agissant sur les facettes de l'élément dV , et qui naissent

comme réaction à l'application des forces extérieures,. Ainsi, le travail effectué par la contrainte σ_{ij} dans la direction de l'axe j , au cours de la variation $d\varepsilon_{ij}$ de la déformation ε_{ij} vaut :

$$dW_0 = \sigma_{ij}d\varepsilon_{ij} \quad (3.42)$$

Ainsi son expression sera :

$$W_0 = \sum_{i,j} \int_0^{\varepsilon_{ij}} \sigma_{ij}d\varepsilon_{ij} \quad (3.43)$$

3.1.8.2 *Energie potentielle de déformation*

Lorsqu'un corps élastique est soumis à l'action des forces extérieures, les forces intérieures (contraintes) naissent et elles effectuent un travail qui s'oppose au travail des forces extérieures. Ce travail intérieur, changé de signe, est désigné par **énergie potentielle de déformation**, notée W . C'est ce travail qui déforme finalement le corps. Il devient évident que W n'est que l'intégrale de W_0 sur la totalité du volume de ce corps. Ainsi l'énergie potentielle de déformation développée dans le volume δV est la fonctionnelle suivante :

$$W = \int_{\delta V} W_0 dV \quad (3.44)$$

3.1.8.3 *Expression de la force élastique*

La force élastique $\mathbf{f}(\mathbf{x}_0, t)$ exercée sur une particule p peut être calculée à partir des contraintes selon la formule de la force intérieure (3.33) (la force intérieure pour un MC élastique est la force élastique):

$$\mathbf{f}(\mathbf{x}_0, t) = \nabla \cdot \boldsymbol{\sigma} \quad (3.45)$$

Comme l'énergie potentielle de déformation représente le travail des forces intérieures dans tout le corps élastique, $\mathbf{f}(\mathbf{x}_0, t)$ peut exprimer la dérivée variationnelle de la fonctionnelle W en $\varphi(\mathbf{x}_0, t)$:

$$\mathbf{f}(\mathbf{x}_0, t) = \frac{\delta W}{\delta \varphi(\mathbf{x}_0, t)} = \frac{\delta W}{\delta \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)} \quad (3.46)$$

Où : δ est l'opérateur de dérivation variationnelle.

3.1.8.4 Equation dynamique pour un MC élastique

En utilisant l'équation (3.36), la *forme lagrangienne* de l'équation dynamique pour les particules d'un MC élastique sera (Goldstein [248]) :

$$\rho \frac{d^2 \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt^2} + c \frac{d \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt} + \frac{\delta W}{\delta \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)} = \mathbf{F}_v(\mathbf{x}_0, t) \quad (3.47)$$

Où : on ajoute un terme d'amortissement $\frac{d\mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt}$, qui signifie l'effet de dissipation interne d'énergie due au frottement. c est le coefficient d'amortissement ou d'atténuation associé à la particule p située initialement sur \mathbf{x}_0 .

Si on essaye de déchiffrer cette équation aux termes de forces :

$\rho \frac{d^2 \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt^2}$ représente la force d'inertie (si les forces extérieures sont appliquées dynamiquement)

$c \frac{d\mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt}$ est la force d'amortissement qui s'oppose au mouvement du corps élastique, elle est due au frottement.

$\frac{\delta W}{\delta \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}$ est la force élastique qui tend à rendre la particule p à son état initial.

$\mathbf{F}_v(\mathbf{x}_0, t)$ est la force extérieure appliquée sur la particule p à l'instant t .

3.1.8.5 Elasticité linéaire ou modèles Hookéens

La plupart des modèles réalisés dans le but de modéliser les matériaux élastiques sont fait sous l'hypothèse d'élasticité linéaire. Ceci pour simplifier les calculs, diminuer leur temps, et faciliter la résolution des équations dynamiques.

A. Linéarisation des tenseurs :

En effet, l'hypothèse de linéarité élastique est exprimée sur deux plans :

1- La linéarisation du tenseur des déformations (section 3.1.3.4) ou linéarisation de la relation déformation-déplacement, en négligeant les termes quadratiques pour ne garder que les termes linéaires. Cette linéarisation est faite sous hypothèse des petites déformations (formule (3.26)) :

$$\boldsymbol{\varepsilon} = \frac{1}{2} (\nabla \mathbf{u} + [\nabla \mathbf{u}]^T)$$

Certains auteurs préfèrent la nommer *la linéarité géométrique*.

2- La linéarisation du tenseur des contraintes ou linéarité de la relation contrainte-déformation : cette hypothèse consiste à supposer que les contraintes dépendent linéairement des déformations ce qui traduit la loi de Hooke. Elle est appelée aussi *la linéarité physique* et elle exprimée par la relation suivante :

$$\sigma = M\varepsilon \quad (3.48)$$

Où : M est une matrice spécifique du matériau, appelée aussi *tenseur des rigidités* :

$$\begin{bmatrix} \sigma_{11} \\ \sigma_{22} \\ \sigma_{33} \\ \sigma_{23} \\ \sigma_{13} \\ \sigma_{12} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} m_{11,11} & m_{11,22} & m_{11,33} & m_{11,23} & m_{11,13} & m_{11,12} \\ m_{22,11} & m_{22,22} & m_{22,33} & m_{22,23} & m_{22,13} & m_{22,12} \\ m_{33,11} & m_{33,22} & m_{33,33} & m_{33,23} & m_{33,13} & m_{33,12} \\ m_{23,11} & m_{23,22} & m_{23,33} & m_{23,23} & m_{23,13} & m_{23,12} \\ m_{13,11} & m_{13,22} & m_{13,33} & m_{13,23} & m_{13,13} & m_{13,12} \\ m_{12,11} & m_{12,22} & m_{12,33} & m_{12,23} & m_{12,13} & m_{12,12} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \varepsilon_{11} \\ \varepsilon_{22} \\ \varepsilon_{33} \\ \varepsilon_{23} \\ \varepsilon_{13} \\ \varepsilon_{12} \end{bmatrix}$$

Où chaque composant :

$$\sigma_{ij} = m_{ij,11}\varepsilon_{11} + m_{ij,22}\varepsilon_{22} + m_{ij,33}\varepsilon_{33} + m_{ij,23}\varepsilon_{23} + m_{ij,13}\varepsilon_{13} + m_{ij,12}\varepsilon_{12} \quad (3.49)$$

On remarque que la relation entre les tenseurs des contraintes et les tenseurs des déformations incrimine 36 paramètres distincts.

Si on introduit l'hypothèse que le matériau est isotrope, ce qui signifie que ses propriétés sont les mêmes dans toutes les directions. Cette condition introduit un certain nombre de liens entre les constantes de l'équation. En considérant toutes les symétries possibles, il est alors possible de réduire le nombre des paramètres de 36 à 2 paramètres indépendants. Ces deux paramètres sont appelés *les coefficients de Lamé* pour un solide déformable, et sont notés λ et μ (appelés aussi les constantes d'élasticité).

La matrice M aura la forme :

$$M = \begin{bmatrix} \lambda + 2\mu & \lambda & \lambda & 0 & 0 & 0 \\ \lambda & \lambda + 2\mu & \lambda & 0 & 0 & 0 \\ \lambda & \lambda & \lambda + 2\mu & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & \mu & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & \mu & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 0 & 0 & \mu \end{bmatrix} \quad (3.50)$$

La relation contrainte-déformation ainsi obtenu prend la forme :

$$\sigma_{ij} = \lambda \operatorname{tr}(\varepsilon) I + 2 \mu \varepsilon_{ij} \quad (3.51)$$

Où : $tr(\varepsilon)$ désigne la trace de ε , $tr(\varepsilon) = \varepsilon_{11} + \varepsilon_{22} + \varepsilon_{33}$, et I est la matrice d'identité.

Cette relation est une des écritures possibles de la loi de Hooke.

Une autre écriture différente peut être obtenue en inversant la relation de sorte à exprimer ε_{ij} en fonction de σ_{ij} :

$$\varepsilon_{ij} = \frac{\nu}{E} tr(\sigma) I + \frac{1+\nu}{E} \sigma_{ij} \quad (3.52)$$

Où : E est le module de Young ou module d'élasticité du matériau, ν est son coefficient de Poisson. Ces deux paramètres sont plus souvent utilisés en mécanique que les coefficients de lamé car ils sont plus faciles à interpréter expérimentalement. Mais il est tout à fait équivalent de caractériser un matériau élastique par ses deux coefficients de lamé ou par son module de Young et son coefficient de Poisson. Les relations suivantes permettent d'exprimer chaque paire de paramètres en fonction de l'autre :

$$\lambda = \frac{\nu E}{(1+\nu)(1-2\nu)} \quad (3.53)$$

$$\mu = \frac{E}{2(1+\nu)} \quad (3.54)$$

$$E = \frac{\mu(3\lambda+2\mu)}{\lambda+\mu} \quad (3.55)$$

$$\nu = \frac{\lambda}{2(\lambda+\mu)} \quad (3.56)$$

E , λ et μ ont la dimension d'une pression et sont exprimés en Pascal, ν est une grandeur sans dimension.

On qualifie un modèle élastique comme *non-linéaire* s'il conserve seulement l'une ou l'autre des hypothèses de linéarité ou s'il ne respecte aucune des deux hypothèses.

B. Equation dynamique :

En effet les deux hypothèses de linéarité guident à une relation linéaire entre les forces élastiques et les déplacements. De ce fait le terme $\frac{\delta W}{\delta \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}$ est une fonction linéaire de déplacement $\mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)$.

On peut écrire :

$$\frac{\partial W}{\partial \varphi(\mathbf{x}_0, t)} = K \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t) \quad (3.57)$$

et l'équation dynamique pour chaque particule p devient :

$$\rho \frac{d^2 \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt^2} + c \frac{d\mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt} + K \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t) = \mathbf{F}_v(\mathbf{x}_0, t) \quad (3.58)$$

K est un tenseur de raideur spécifique de particule p .

Ainsi pour résoudre un problème d'élasticité linéaire, on doit résoudre le système d'équations suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \rho \frac{d^2 \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt^2} + c \frac{d\mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t)}{dt} + K \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t) = \mathbf{F}_v(\mathbf{x}_0, t) \quad p \in \Omega \\ \varepsilon = \frac{1}{2} (\nabla \mathbf{u} + [\nabla \mathbf{u}]^T) \\ \sigma_{ij} = \lambda \operatorname{tr}(\varepsilon) I + 2 \mu \varepsilon_{ij} \\ \mathbf{F}_{\text{Impos}}(\mathbf{x}_0, t) = \sigma n \quad p \in \Gamma_1 \\ \mathbf{u}(\mathbf{x}_0, t) = \mathbf{u}_{\text{Impos}}(p) \quad p \in \Gamma_0 \end{array} \right. \quad (3.59)$$

Remarque :

Les conditions aux limites et les conditions initiales ne sont pas nécessairement restreintes aux particules de surface, elles peuvent concerner aussi des particules à l'intérieur du corps sur lesquelles on impose par exemple des déplacements initiaux.

C. La densité d'énergie de déformation par unité de masse :

Dans le cas linéaire, l'expression de la densité d'énergie de déformation par unité de masse W_0 a la forme suivante (Ciarlet [247]) :

$$W_0 = \frac{\lambda}{2} (\operatorname{tr}(\varepsilon))^2 + \mu \operatorname{tr}(\varepsilon^2) \quad (3.60)$$

3.1.8.6 Elasticité non-linéaire

Nous nous contentons ici de donner les principales propriétés de deux modèles élastiques classiques non-linéaires. Ces deux modèles font partie d'une catégorie de matériaux appelés matériaux hyper-élastiques (S. Cotin [241]).

A. Modèles de Mooney-Rivlin :

Le modèle de Mooney-Rivlin décrit une relation non-linéaire entre déformation et contraintes ainsi qu'entre déformations-déplacements. Il existe deux formulations de cette loi de comportement selon que le matériau est considéré compressible ou non.

B. Modèle de Saint Venant Kirchhoff :

Le modèle de saint Venant Kirchhoff décrit une relation contrainte-déformation linéaire mais une non-linéarité déformations-déplacements. C'est le plus utilisé des modèles non-linéaires hyper-élastique. En linéarisant les relations déformation-déplacement, sous l'hypothèse de petits déformations, on obtient alors le modèle Hookéen décrit précédemment.

3.1.9 Les modèles fluides

Les milieux continus fluides ont la caractéristique de dissiper l'énergie au cours de leur mouvement. En effet, Tous les fluides sont visqueux, c'est-à-dire que le mouvement d'une couche fluide par rapport à une autre est freiné par un phénomène du frottement qui entraîne une perte d'énergie mécanique transformée en chaleur. L'importance relative de la viscosité est mesurée par le nombre de Reynolds. A l'opposé des MCs élastiques, la déformation d'un matériau fluide à un instant donné dépend de ses déformations antérieures. La description eulérienne est la mieux adaptée pour modéliser les fluides, et elle consiste à établir à un instant t donné l'ensemble des vitesses associées à chaque point du domaine occupé par le fluide. Un matériau fluide est représenté selon les conventions habituelles par un amortisseur.

3.1.9.1 Equation dynamique d'un MC fluide

La modélisation des fluides divise le tenseur des contraintes σ en deux parties :

$$\sigma = \tau - P I \quad (3.61)$$

Où : τ est le tenseur des extra-contraintes visqueuses, P est la pression isotopique. En remplaçant (3.61) dans (3.38) on obtient :

$$\mathbf{F}_v(\tilde{\mathbf{x}}, t) + \tilde{\nabla} \cdot \boldsymbol{\tau} - \nabla P = \tilde{\rho}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \left[\frac{\partial \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t)}{\partial t} + \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \tilde{\nabla} \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \right] \quad (3.62)$$

3.1.9.2 Fluide newtonien

Un fluide est dit *Newtonien* lorsque le tenseur des extra-contraintes visqueuses est une fonction linéaire du *tenseur des taux des déformations* (l'hypothèse dit de Stokes) :

$$\boldsymbol{\tau} = \eta \frac{d \boldsymbol{\varepsilon}}{dt} = \eta \boldsymbol{\delta} \quad (3.63)$$

Où : η est la viscosité dynamique du fluide, $\boldsymbol{\delta} = \frac{d \boldsymbol{\varepsilon}}{dt}$ est le tenseur des taux des déformations.

Pour un fluide Newtonien :

$$\boldsymbol{\delta} = \frac{1}{2} \left(\tilde{\nabla} \tilde{v} + [\tilde{\nabla} \tilde{v}]^T \right) \quad (3.64)$$

Comme pour l'élasticité linéaire, sous l'hypothèse d'isotropie, la relation précédente peut s'écrire :

$$\tau_{ij} = \lambda_v \text{tr}(\boldsymbol{\delta}) I + 2 \mu_v \delta_{ij} \quad (3.65)$$

Où : λ_v et μ_v sont les coefficients de Lamé pour un fluide (appelées aussi les constantes de viscosité).

A l'opposé des fluides newtoniens, il existe une catégorie des fluides : **les fluides non-newtoniens** où la linéarité de la relation extra-contraintes/taux des déformations n'est plus vérifiée.

3.1.9.3 Equation dynamique d'un fluide newtonien

L'équation aux dérivés partielles gouvernant le mouvement du fluide est obtenu en substituant $\boldsymbol{\tau}$ et $\boldsymbol{\delta}$ dans (3.62) :

$$\mathbf{F}_v(\tilde{\mathbf{x}}, t) - \nabla P + \mu \tilde{\nabla}^2 \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) + (\lambda + \mu) \tilde{\nabla} \left(\tilde{\nabla} \cdot \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \right) = \tilde{\rho}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \left[\frac{\partial \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t)}{\partial t} + \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \tilde{\nabla} \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \right] \quad (3.66)$$

Pour un nombre de Reynold très bas, on peut négliger le terme du gradient de pression ainsi que le terme d'inertie, on aura une équation plus simplifiée appelée l'équation de **Navier-Stokes** :

$$\mathbf{F}_v(\tilde{\mathbf{x}}, t) + \mu \tilde{\nabla}^2 \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) + (\lambda + \mu) \tilde{\nabla} (\tilde{\nabla} \cdot \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t)) = 0 \quad (3.67)$$

Le champ des vitesses est estimé par résolution de l'équation (3.67) puis le champ des déplacements est déduit en utilisant la relation :

$$\tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) = \frac{\partial \tilde{\mathbf{u}}(\tilde{\mathbf{x}}, t)}{\partial t} + \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \tilde{\nabla} \tilde{\mathbf{u}}(\tilde{\mathbf{x}}, t) \quad (3.68)$$

Ainsi pour prédire l'évolution d'un fluide newtonien, on doit résoudre le système d'équations suivant :

$$\left\{ \begin{array}{l} \mathbf{F}_v(\tilde{\mathbf{x}}, t) + \mu \tilde{\nabla}^2 \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t) + (\lambda + \mu) \tilde{\nabla} (\tilde{\nabla} \cdot \tilde{v}(\tilde{\mathbf{x}}, t)) = 0 \\ \delta = \frac{1}{2} (\tilde{\nabla} \tilde{v} + [\tilde{\nabla} \tilde{v}]^T) \\ \tau_{ij} = \lambda_v \text{tr}(\delta) I + 2 \mu_v \delta_{ij} \\ \text{Les conditions initiales et conditions aux limites} \end{array} \right. \quad (3.69)$$

3.1.10 Théorie de la Visco-élasticité

3.1.10.1 Définition

La visco-élasticité est la propriété des matériaux qui montrent des caractéristiques visqueuses et élastiques en subissant une déformation.

Comme on a déjà vu, les déformations des matériaux visqueux (fluides) sous l'action des forces extérieures est fonction du temps, alors que les matériaux élastiques se tendent instantanément et se retournent rapidement à leur état initial une fois les forces sont enlevées. Ceci est dû au fait que les matériaux élastiques possèdent la capacité de stocker toute l'énergie mécanique de déformation sans dissipation, tandis qu'un fluide visqueux dissipe toute l'énergie mécanique de déformation, sans capacité d'en stocker.

Un matériau visco-élastique combine ces deux propriétés. Il réagit à l'application d'une force par une déformation instantanée et un flux. Si une seconde force est appliquée, son

effet se superpose à celui de la première, dont l'effet n'est pas limité dans le temps. Ce point implique une propriété importante des matériaux visco-élastiques, qui est de conserver la mémoire des états passés : l'état d'un matériau élastique n'est déterminé que par l'état des contraintes à l'instant présent, tandis que l'état d'un matériau viscoélastique est déterminé en plus par l'ensemble des états passés des contraintes qu'il a subit.

On peut dire qu'un matériau visco-élastique exhibe un comportement réversible tout à fait comme en élasticité, mais dans laquelle figure le temps. Après enlèvement des forces, il ne subsiste pas de déformation résiduelle, mais sous charge constante la déformation évolue. Et à déformation constante la contrainte varie et elle dépend de la vitesse de déformation et de son accélération.

Le rapport entre la contribution élastique et fluide permet d'identifier si le matériau est un solide viscoélastique ou il s'agit plutôt d'un fluide viscoélastique.

Dans la pratique courante et pour des raisons de simplification, un modèle visco-élastique est construit par une combinaison d'une composante élastique Hookéenne et une composante visqueuse newtonienne. Dans ces conditions, le comportement sera visco-élastique linéaire, avec une relation linéaire entre les contraintes et les déformations, et aussi entre leurs dérivées successives par rapport au temps. Mais la plupart des matériaux viscoélastiques ont réellement un comportement non-linéaire.

Comme dans le cas d'élasticité linéaire, la visco-élasticité linéaire s'applique habituellement seulement sous l'hypothèse des petites déformations.

3.1.10.2 Modèles pour visco-élasticité linéaire

A. Modèle de Maxwell :

Le modèle de Maxwell est construit par une combinaison en série d'un ressort Hookéens et un amortisseur newtonien comme montré dans *Figure 3.8* :



Figure 3.8 - Modèle de Maxwell.

Dans le modèle de Maxwell, la déformation totale d'un élément volumique infiniment petit dV est la somme des déformations dues à chaque composant, alors que la contrainte totale est la même que celle fournie par chaque composant, d'où les équations :

$$\sigma_{Totale} = \sigma_{Elastique} = \sigma_{Visqueuse} \Leftrightarrow \sigma_{Totale} = M\varepsilon_{Elastique} = M' \frac{d\varepsilon_{Visqueuse}}{dt} \quad (3.70)$$

$$\varepsilon_{Total} = \varepsilon_{Elastique} + \varepsilon_{Visqueuse} \quad (3.71)$$

Dès qu'on aura relation contrainte-déformation spécifique du comportement visco-élastique linéaire en utilisant ces équations, on pourra facilement élaborer l'équation dynamique (comparable à l'équation de Navier-Stokes) qui régit le mouvement de MC.

Le modèle de Maxwell est la représentation de base d'un fluide visco-élastique, car sa réponse à long terme à l'application d'une force extérieure est celle d'un fluide (il continue à se déformer).

B. Modèle de Voigt-Kelvin :

Le modèle de Voigt-Kelvin est construit par une combinaison en parallèle d'un ressort Hookéens et un amortisseur newtonien comme montré dans **Figure 3.9** :

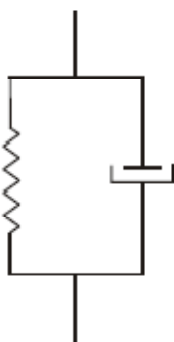


Figure 3.9 - Modèle de Voigt-Kelvin.

Dans le modèle de Voigt-Kelvin, les deux composantes présentent la même déformation alors que la contrainte totale est la somme des contraintes dues à l'élément élastique et à l'élément visqueux, d'où les équations :

$$\sigma_{Totale} = \sigma_{Elastique} + \sigma_{Visqueuse} \Leftrightarrow \sigma_{Totale} = M\varepsilon_{Elastique} + M' \frac{d\varepsilon_{Visqueuse}}{dt} \quad (3.72)$$

$$\varepsilon_{Total} = \varepsilon_{Elastique} = \varepsilon_{Visqueuse} \quad (3.73)$$

La relation contrainte-déformation spécifique du comportement visco-élastique linéaire permet de trouver l'équation qui gouverne le mouvement de MC.

Le modèle de Voigt-Kelvin est la représentation de base d'un solide visco-élastique, car sa réponse à long terme à l'application d'une force extérieure est celle d'un solide (il cesse de se déformer après une certaine période). Il est plus convenable à la modélisation des tissus mous que le modèle de Maxwell, car il est plus réaliste.

En effet, il existe d'autres modèles visco-élastiques plus complexes permettant une modélisation complète et réaliste mais dans l'autre côté ils conduisent à des équations différentielles plus complexes, difficiles à résoudre et très consommateurs en terme du temps calculatoire.

3.1.10.3 Visoélasticité non-linéaire

La modélisation des matériaux visco-élastiques avec un comportement non-linéaire constitue un grand défi à cause de la complexité de la relation contrainte-déformation. On peut citer quelques travaux (Schapery [249], Findley [250], Pioletti [251]) qui ont tenté à élaborer certaines équations constitutives pour un tel comportement. Mais ces systèmes d'équations restent inadaptée aux applications *temps-réel* comme la modélisation des tissus dans la simulation de chirurgie ou le recalage per-opératoire. Ce qui a poussé les concepteurs de telles applications à créer des modèles visco-élastiques non-linéaires dédiés au domaine de leurs applications, comme le modèle masse-tenseur (MMT) non-linéaire visco-élastique de Schwartz [154] pour la simulation des procédures chirurgicales, dans lequel la visco-élasticité et la non-linéarité sont formulées d'une façon rendant le modèle plus réaliste tout en respectant les contraintes temporelles qu'exige le domaine de chirurgie.

3.1.11 La biomécanique

La biomécanique peut être définie comme l'application des concepts de la mécanique des MCs aux sciences du vivant (Stoltz [252]). Classiquement, la biomécanique s'est consacrée à l'analyse des mouvements de l'organisme pour pouvoir construire des prothèses orthopédiques implantables. Aussi, elle a touché le domaine ergonomique et sportif. Mais Dès la moitié de 19^{ième} siècle, une nouvelle branche de la biomécanique fut apparu, qui s'intéresse à l'étude des propriétés mécaniques des cellules et des tissus en tenant compte de la complexité des structures étudiées et tentant à modéliser leurs comportements d'une façon plus ou moins réaliste. Fun [124, 253, 254] est considéré parmi les premiers constructeurs de cette branche.

La plupart des modèles biomécaniques élaborés dans la littérature sont basés sur les hypothèses de linéarité alors que la complexité extrême des systèmes biologiques et de leur

structure met en jeu différents types d'hétérogénéité rendant les modèles classiques efficaces.

Ainsi, les études expérimentales des propriétés mécaniques de tissus mous biologiques ont mis en évidence des effets viscoélastiques en plus d'un comportement non-linéaire (Miller [255, 256], Maaß [257]). D'où la nécessité de développer des modèles non-linéaires intégrant ces effets.

3.2 MMT élastique linéaire

Le MMT combine les avantages des deux simulateurs déformables : le modèle masses-ressorts (MMR) et le modèle des éléments finis (MEF) permettant ainsi une simulation en même temps rapide et réaliste.

Le MMR, en plus de l'avantage d'être très *simple*, prouve une efficacité considérable pour la simulation des déformations élastiques des tissus mous en *temps-réel*, mais les résultats obtenus en termes de comportement mécanique sont assez *peu réalistes* car il ne prend pas en compte les propriétés bio-mécaniques réelles des tissus. Dans l'autre côté, le MEF permet d'intégrer les différentes lois de comportement que révèlent les tissus à modéliser mais au prix d'une *complexité accrue* et surtout un coût calculatoire très important inadéquat avec des contraintes *temps-réel*.

Avant d'entamer la description de MMT élastique linéaire et pour bien l'assimiler, nous introduirons brièvement le MMR ainsi que le MEF.

3.2.1 Modèle de masses-ressorts MMR

Le MMR (Messmer [258]) est l'un des premiers modèles physiques qui ont fait ressortir la simulation des tissus mous du cadre des modèles purement géométriques vers une modélisation prenant en compte l'aspect physique.

Il consiste à discrétiser un objet en un maillage surfacique ou volumique et à attribuer une masse à chaque nœud i de ce maillage. Les interactions entre nœuds voisins sont modélisées par des liens élastiques, le plus souvent *linéaires*, comme si les nœuds étaient reliés entre eux par des ressorts (**Figure 3.10**) :

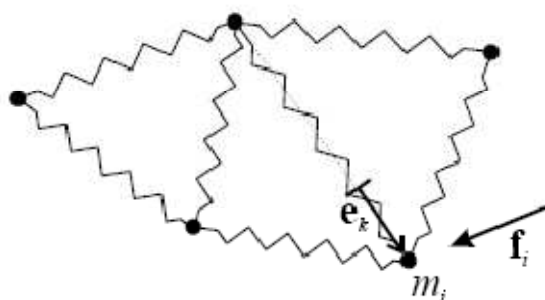


Figure 3.10 - Modèle de masses-ressort.

Les équations dynamiques du système ainsi constitué (basées sur la forme lagrangienne de l'équation dynamique pour les particules d'un MC élastique (3.47)) s'écrivent :

$$m_i \ddot{\mathbf{x}}_i + c_i \dot{\mathbf{x}}_i + \mathbf{f}_i = \mathbf{F}_i \quad (3.74)$$

Où :

\mathbf{x}_i sont les coordonnées cartésiennes vectorielles du nœud i , $\dot{\mathbf{x}}_i$ et $\ddot{\mathbf{x}}_i$ sont respectivement la vitesse et l'accélération du nœud i .

m_i est la masse du nœud i .

c_i est le coefficient d'amortissement ou d'atténuation associé au nœud i .

\mathbf{F}_i sont les forces extérieures appliquées au nœud i .

\mathbf{f}_i sont les forces intérieures appliquées au nœud i , qui s'expriment par :

$$\mathbf{f}_i = \sum_k r_k e_k \quad (3.75)$$

Où : r_k est la raideur du ressort k lié au nœud i .

Par analogie avec le modèle d'élasticité linéaire décrit dans la section (3.1.8.5) : e_k représente la déformation ε selon l'axe du ressort k lié au nœud i , et r_k représente la composante m_{ik} du tenseur des rigidités \mathbf{M} dans la formule (3.48). L'expression $r_k e_k$ n'est autre que la contrainte σ_{ik} appliquée sur le nœud i selon l'axe du ressort k . \mathbf{f}_i est donc la somme de toutes les contraintes appliquées sur le nœud i par les ressorts liés avec i , ce qui est conforme avec la formule de la force intérieure.

On s'amène alors à résoudre *itérativement* un système d'équations différentielles. A chaque itération, $3n$ équations à $3n$ inconnues avec n étant le nombre de nœuds seront résolues indépendamment. On dit que le MMR est basé sur une résolution *itérative* et *locale* de son système d'équations dynamiques.

3.2.2 Modèle des éléments finis MEF

La méthode des éléments finis (Cotin [241], Terzopoulos [259], Bro-Nielsen [260], Chandrupatla [261]) apparaît comme la plus intéressante pour simuler des déformations mécaniques avec une bonne précision physique. Contrairement au MMR qui est *discret*, le MEF est basé sur un modèle volumique et *continu* de matière : le système est découpé en un maillage d'éléments volumiques et à l'intérieur de chaque élément les champs des forces et des déplacements sont approximés par des fonctions d'*interpolation* continues. Elle offre aussi une certaine flexibilité, car à l'aide du choix des fonctions d'interpolation il est possible de modifier la précision des calculs tout en conservant le même maillage. Malheureusement les calculs qu'elle implique sont en général lourds malgré l'introduction de certain nombre d'innovations face à cette limitation.

Soit le MC Ω muni d'un système d'équations dont la résolution détermine le champ des déplacements qui associe à chaque particule de Ω sa nouvelle position. Il n'est pas possible de résoudre le système d'équations d'une façon directe pour toutes les particules de Ω ! La solution est de transformer le MC Ω en une structure discrète « maillage » en découpant son domaine en un ensemble de petits éléments.

Pour prédire l'évolution du système, le calcul du champ des déplacements se fait seulement pour les nœuds de chaque élément (sommets) à travers la résolution du système d'équations dynamiques sur ces nœuds. Puis le vecteur du déplacement pour chaque point de continuum est interpolé à partir des déplacements des sommets de l'élément auquel il appartient. Ce principe d'interpolation des champs physiques en chaque point du continuum confère au MEF la caractéristique d'être un modèle continu et donc plus adapté à modéliser la matière.

Comme le MMT est fondé sur le MEF, nous avons donc abordé le MEF en détail dans la section (3.2.3.2). Dans cette section nous nous contentons de rapporter leurs équations dynamiques à titre de comparaison avec le MMR.

Avec un modèle mécanique *élastique linéaire*, la discrétisation en éléments finis de la formulation lagrangienne de l'équation dynamique (3.47) aura la forme *d'un système non-linéaire d'équations différentielles* :

$$\mathbf{M} \ddot{\mathbf{u}} + \mathbf{C} \dot{\mathbf{u}} + \mathbf{K} \mathbf{u} = \mathbf{F} \quad (3.76)$$

Où :

\mathbf{u} est *le champ* des déplacements dans le système, $\dot{\mathbf{u}}$ et $\ddot{\mathbf{u}}$ sont respectivement le champs des vitesses et le champ des accélérations.

\mathbf{M} est la matrice des masses attribuées aux nœuds du système (matrice diagonale).

\mathbf{C} est la matrice des coefficients d'amortissement ou d'atténuation (matrice diagonale).

\mathbf{K} est la matrice de raideur du système.

\mathbf{F} est le champ des forces extérieures appliquées au système.

La résolution numérique de ce système se fait d'une façon *itérative* et *globale* par l'intégration de l'équation (3.76) à travers le temps :

Soit l'intervalle du temps (de $t = 0$ à $t = T$) est la période durant laquelle on veut calculer l'évolution dynamique de l'objet modélisé. On subdivise cet intervalle en pas temporels égaux Δt . La procédure d'intégration temporelle numérique consiste à calculer une séquence de solutions approximatives pour $t = \Delta t, 2\Delta t, \dots, t, t + \Delta t, \dots, T$. Pour en faire, on procède à la discrétisation des expressions de $\dot{\mathbf{u}}$ et $\ddot{\mathbf{u}}$ vers des fonctions linéaires de \mathbf{u} par une méthode spécifique d'intégration numérique. Puis, en remplaçant $\dot{\mathbf{u}}$ et $\ddot{\mathbf{u}}$ par leurs expressions linéaires dans (3.76), on obtiendra un système algébrique linéaire qu'on peut écrire sous forme :

$$\hat{\mathbf{K}} \mathbf{u}(t + \Delta t) = \hat{\mathbf{F}}(t) \quad (3.77)$$

$$\mathbf{u}(t + \Delta t) = \hat{\mathbf{K}}^{-1} \hat{\mathbf{F}}(t) \quad (3.78)$$

Où : $\hat{\mathbf{K}}$ représente la matrice de raideur effective, $\hat{\mathbf{K}}^{-1}$ est sa matrice inversée, et $\hat{\mathbf{F}}(t)$ est le champ des forces extérieures effectives. Pour plus de détails sur ces équations nous orientons le lecteur vers (Terzopoulos [259]).

Chaque itération se termine par la mise à jour des positions des nœuds du système selon le champ des déplacements ainsi calculé.

Au total, on convertit le système non-linéaire d'équations différentielles (3.76) de dimension $3n$ en une séquence temporelle de systèmes algébriques linéaires, chacun de dimension $3n$, où n étant le nombre des nœuds du maillage.

Les matrices $\hat{\mathbf{K}}$ et $\hat{\mathbf{K}}^{-1}$ dans le cas d'élasticité linéaire sont constantes car elles ne dépendent qu'à la topologie des nœuds. Donc leur calcul peut être effectué dans une phase préliminaire de pré-calculs, ce qui réduit considérablement la charge calculatoire en temps réel. Mais le temps requis pour les étapes qui restent (calcul de $\hat{\mathbf{F}}(t)$ et résolution du système (3.76)) reste incompatible avec une contrainte temps réel.

Aussi, si la topologie du système change suite à des coupures, déchirures ou perforations, la matrice de raideur du système se trouve modifiée et il faudrait alors la recalculer puis la ré-inverser, ce qui est une opération bien trop lourde pour être réalisée en temps réel.

Remarque :

On parle de changement de topologie dès que les connectivités entre éléments d'un maillage peuvent se trouver modifiées, part exemple une coupure sépare deux portions d'un objet.

3.2.3 MMT élastique linéaire

3.2.3.1 Principe général

L'idée principale derrière le MMT est de changer la manière de faire résoudre les équations du système dans le MEF, qui est *globale* et *itérative* en passant à une résolution *locale* et *itérative*. Pour quelles raisons ?

- Pour introduire la possibilité de modifier la topologie, tout en profitant de la *continuité* et la meilleure représentation *bio-mécanique* offertes par le MEF.
- Pour diminuer la charge calculatoire de MEF afin de le rendre faisable pour une application *temps-réel* comme la simulation chirurgicale.

Pour atteindre ces buts, Cotin et *al.*[240, 241] ont réfléchi à modifier le MEF dans le sens de pouvoir bénéficier de la localité des calculs dans le MMR et sa représentation géométrique sous forme de graphe rendant plus facile tout changement de topologie. Cela guide schématiquement au même système d'équations dynamiques que dans le MMR, à résoudre *localement* et *itérativement* mais avec une *nouvelle formulation de l'expression des forces intérieures*.

La conception d'un MMT passe par plusieurs étapes :

- 1 – Définir un maillage du domaine décrivant discrètement la géométrie de structure anatomique considérée.
- 2 – Définir une fonction dite « fonction de forme » permettant de calculer les coordonnées d'un point quelconque à l'intérieur d'un élément en fonction des coordonnées des sommets de cet élément, on parle alors de *coordonnées barycentriques*.
- 3 – Définir une fonction d'*interpolation* permettant de calculer le vecteur du déplacement en un point quelconque à l'intérieur d'un élément en fonction de ceux de ses sommets en utilisant les coordonnées barycentriques.
- 4 – Elaborer l'expression de l'énergie de déformation d'un élément en fonction des vecteurs des déplacements de ses sommets.

5 – Elaborer l’expression de la force élastique exercée sur un sommet d’un élément par l’élément lui-même en fonction des vecteurs des déplacements de ses sommets, en la dérivant de l’énergie élastique. **C’est l’étape clé dans le MMT.**

6 – Le déclenchement de MMT et la simulation par intégration temporelle dynamique : le déclenchement peut se faire par deux manières :

- Imposer des forces extérieures à valeurs connues sur certains nœuds du maillage à un instant $t = 0$, puis calculer les déplacements $\mathbf{u}(t = 0)$ qui en résultent au niveau de ces mêmes nœuds en utilisant la formule de l’équation dynamique. Enfin la diffusion de la déformation est calculée en remplaçant ces déplacements par leurs valeurs dans la formule de la force élastique pour tous les nœuds du maillage.
- Imposer des déplacements à valeurs connues sur certains nœuds du maillage à un instant $t = 0$, $\mathbf{u}_{\text{impos}}(t = 0)$, puis calculer directement la diffusion de la déformation en remplaçant ces déplacements par leurs valeurs dans la formule de la force élastique pour tous les nœuds du maillage.

Le déclenchement se fait généralement par les déplacements imposés. Mais quelque soit la manière du déclenchement, une fois la valeur de la force élastique exercée sur chaque nœud est calculée ; elle est ré-introduite dans l’équation dynamique locale gouvernant le mouvement de MC considéré, pour calculer le vecteur du déplacement de ce nœud à l’instant suivant ($\mathbf{u}(t + \Delta t)$). Cette étape est appelée l’étape de **l’intégration temporelle dynamique**. Ainsi, les déplacements calculés en chaque pas temporel sont appliqués sur les nœuds correspondants simulant la déformation de la totalité du volume de l’organe comme en réalité.

En effet, après le déclenchement, l’algorithme de MMT est répété sur chaque nœud d’une façon *itérative* en se bouclant sur :



- Calculer la force élastique à un instant donné à partir de vecteur du déplacement à cet instant de ce nœud et ceux des nœuds adjacents,
- Introduire la valeur de cette force dans l’équation dynamique pour calculer le vecteur du déplacement de ce même nœud à l’instant suivant.

L’algorithme s’arrête soit automatiquement après convergence, soit après avoir atteint un seuil donné pour la valeur des forces élastiques ou les des déplacements, soit après avoir dépassé un maximum donné pour le nombre d’itérations.

Dans les sections suivantes, nous détaillerons les différentes étapes de conception d’un MMT. Les étapes de 1 à 3 (construction du maillage, définition de fonction de forme, définition de fonction d’interpolation) sont les mêmes que dans un MEF, alors que les étapes de 4 à 6 (expression de l’énergie de déformation, expression de la force élastique, intégration temporelle dynamique) constitue la spécificité dans le MMT.

3.2.3.2 Maillage du domaine

Considérant le MC Ω , la **discrétisation** du domaine continu de Ω en un ensemble fini d'éléments géométriques simples appelés *éléments finis*, donne un maillage qu'on note $\mathcal{M}_{initial}$. Le maillage $\mathcal{M}_{initial}$ est la nouvelle **structure de données** à manipuler le long de l'algorithme au lieu de la manipulation directe des points du domaine continu de Ω .

Les éléments finis constituant le maillage peuvent être de différentes formes : en 2D les formes les plus couramment utilisées sont le triangle ou le quadrilatère, en 3D ce sont le tétraèdre ou l'hexaèdre (**Figure 3.11**). Il est possible d'utiliser différents types d'éléments dans un même maillage mais cela complique significativement l'écriture du système, dans la majorité des cas un seul type d'éléments est utilisé dans un maillage donné.

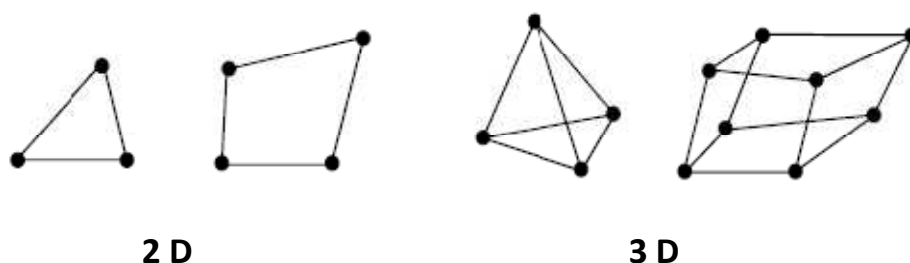


Figure 3.11 - Exemples d'éléments finis à 2D et 3D.

À chaque *élément fini* est associé un certain nombre des **nœuds**. Les nœuds forment l'ensemble discret des points du système en lesquels les propriétés physiques sont calculées. L'ensemble de nœuds ne se limite pas forcément aux sommets des éléments finis, il est possible de définir des nœuds additionnels, par exemple un quadrilatère à 8 nœuds ou un tétraèdre à 10 nœuds.

Le choix du nombre des nœuds de chaque élément est lié au choix d'un **schéma d'interpolation**.

Un maillage est ainsi décrit au terme de l'ensemble d'éléments qui le constituent, l'ensemble d'arêtes, l'ensemble de faces, et l'ensemble de sommets. Chaque élément est défini par le nombre et les coordonnées de ses sommets, ses arêtes et ses faces. Et chaque sommet est décrit par sa position avant et après déformation, et muni d'une série d'adjacences avec ses voisins.

A partir de maintenant, nous considérerons seulement le cas d'un maillage tétraédrique où chaque élément fini est un tétraèdre, noté T , comportant 4 sommets, 6 arêtes et 4 faces.

3.2.3.3 Coordonnées barycentriques ou fonction de forme

Les coordonnées barycentriques d'un point quelconque à l'intérieur du tétraèdre représentent ses coordonnées en fonction des positions des sommets de ce tétraèdre.

Soit un point $P = \begin{bmatrix} x \\ y \\ z \end{bmatrix}$ quelconque à l'intérieur d'un tétraèdre dont les sommets sont P_0, P_1, P_2, P_3 . Les coordonnées barycentriques de P dans le tétraèdre sont notées $\alpha_0, \alpha_1, \alpha_2, \alpha_3$.

Considérons le cas de la coordonnée barycentrique α_0 , tel qu'elle est présentée sur **Figure 3.12**, qui est définie par :

$$\alpha_0 = \frac{h}{H} \quad (3.79)$$

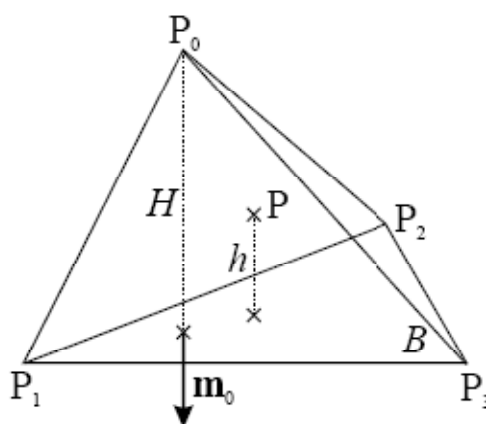


Figure 3.12 - Les coordonnées barycentriques.

Il est démontré après une série des calculs que α_0 peut s'écrire :

$$\alpha_0(P) = -\frac{1}{6V} \mathbf{m}_0 \cdot (P - P_1) \quad (3.80)$$

Où :

V est le volume du tétraèdre.

$\mathbf{m}_j = \begin{bmatrix} m_{j,x} \\ m_{j,y} \\ m_{j,z} \end{bmatrix}$ est un vecteur dirigé vers l'extérieur du tétraèdre tel que :

$$\mathbf{m}_0 = (P_2 - P_1) \wedge (P_3 - P_1) \quad (3.81)$$

$$\mathbf{m}_1 = (P_2 - P_3) \wedge (P_0 - P_2) \quad (3.82)$$

$$m_2 = (P_0 - P_3) \wedge (P_1 - P_3) \quad (3.83)$$

$$m_3 = (P_0 - P_1) \wedge (P_0 - P_2) \quad (3.84)$$

Pour plus de détail sur le calcul des coordonnées barycentriques, nous orientons le lecteur vers (Schwartz [154], Cotin [241]).

En effet, l'utilité des coordonnées barycentriques réside dans leur utilisation dans comme paramètre dans la fonction d'interpolation que nous décrivons dans la section suivante.

3.2.3.4 Fonction d'interpolation & expression du champ des déplacements en fonction des coordonnées barycentriques

Diverses fonctions d'interpolation existent dans la littérature. La plus simple est une fonction d'interpolation linéaire, dans ce cas les seuls nœuds utilisés sont les sommets des éléments finis. En cas des fonctions d'interpolation quadratique, un nœud additionnel est nécessaire sur chacune des arêtes, ce cas correspond au cas du quadrilatère à 8 nœuds ou du tétraèdre à 10 nœuds (Figure 3.13).

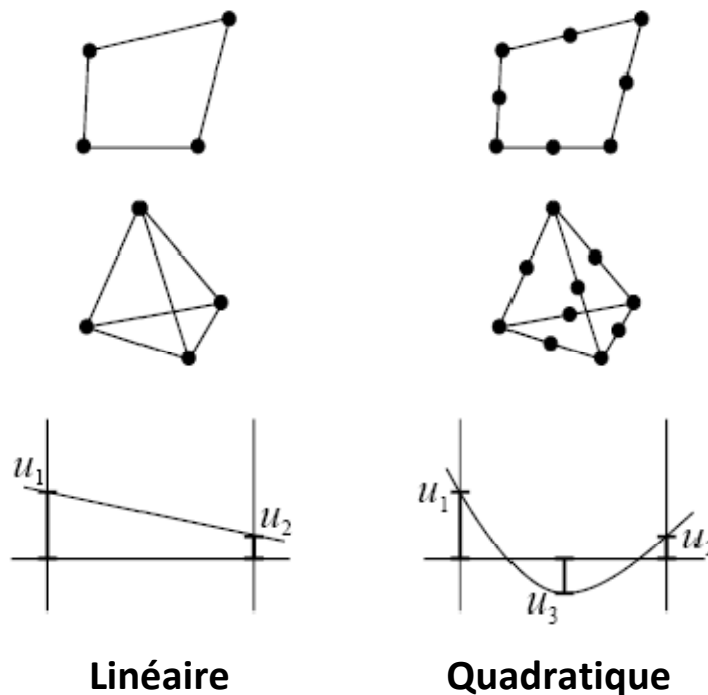


Figure 3.13 - Interpolation linéaire ou quadratique sur un élément fini.

L'interpolation permet d'estimer le déplacement d'un point quelconque $P = \begin{bmatrix} x \\ y \\ z \end{bmatrix}$ à l'intérieur du tétraèdre (tel que P n'est pas un nœud) en fonction des déplacements des sommets P_0, P_1, P_2 et P_3 de ce tétraèdre et en utilisant les coordonnées barycentriques de P .

Ainsi, le déplacement du point P s'exprime simplement dans le cas d'une fonction d'interpolation linéaire par :

$$\mathbf{u}(P) = \sum_{j=0}^3 \alpha_j(P) \mathbf{u}_j \quad (3.85)$$

Où : \mathbf{u}_j est le déplacement du sommet P_j .

En remplaçant (3.80) dans (3.85), on aura l'expression générale du champ des déplacements dans le tétraèdre :

$$\mathbf{u}(P) = -\frac{1}{6V} \sum_{j=0}^3 m_j \cdot (P - P_{j+1}) \mathbf{u}_j \quad (3.86)$$

C'est l'utilisation de l'interpolation qui offre au MMT le caractère de continuité.

3.2.3.5 Expression de l'énergie de déformation et de la force élastique dans le MMT linéaire

A. Pour un tétraèdre isolé :

Considérant un tétraèdre isolé T . Dans une modélisation en élément finis, la force élastique exercée par T après sa déformation sur le sommet P_i de T peut être calculée par dérivation de l'énergie de déformation stockée dans le tétraèdre, notée W_T (Cotin [240]).

Considérant le petit volume V de tétraèdre comme l'unité, W_T aura la signification de la densité d'énergie de déformation par unité de volume W_0 , décrit dans le cas linéaire par l'expression (3.60) et on peut écrire :

$$W_T = \frac{\lambda}{2} (\text{tr}(\boldsymbol{\varepsilon}))^2 + \mu \text{tr}(\boldsymbol{\varepsilon}^2) \quad (\lambda \text{ et } \mu \text{ sont les coefficients de Lamé}) \quad (3.87)$$

$$\mathbf{f}_i = -\frac{\partial W_T}{\partial P_i} \quad (3.88)$$

Cotin [240] démontre en utilisant (3.26), (3.51), (3.60), (3.87), et (3.88) que la force élastique exercée par le tétraèdre déformé sur le sommet P_i peut être exprimée en fonction des vecteurs des déplacements des sommets du tétraèdre :

$$\mathbf{f}_i = \sum_{j=0}^3 K_{ij} \mathbf{u}_j \quad (3.89)$$

$$\text{Où : } K_{ij} = \frac{1}{36V} (\lambda \mathbf{m}_i \mathbf{m}_j^T + \mu (\mathbf{m}_i \cdot \mathbf{m}_j) I_3 + \mu \mathbf{m}_j \mathbf{m}_i^T) \quad (3.90)$$

K_{ij} est **le tenseur de raideur** exprimant l'influence du déplacement du sommet P_j sur la force élastique exercée au sommet P_i dans un tétraèdre donné.

Il est bien évident que pour un tétraèdre donné il existe donc **16** tenseurs de raideur différents, chaque nœud possède **4** tenseurs. Mais à cause de la symétrie ($K_{ij} = K_{ji}$), ce nombre est réduit à **10** tenseurs.

On remarque d'après l'expression (3.90) que K_{ij} ne dépend que de deux coefficients de Lamé λ et μ , du volume initial du tétraèdre V et des quatre vecteurs \mathbf{m}_i , qui sont eux-mêmes définis à partir des positions initiales des quatre sommets du tétraèdre selon (3.81), (3.82), (3.83) et (3.84). Ce qui signifie que ces tenseurs peuvent être calculés initialement à partir de la géométrie du maillage et n'ont pas à être recalculés lorsque le système subit des déformations. C'est un des avantages essentiels de la méthode de masses-tenseurs qui lui permet d'être utilisable pour des applications en temps réel, car le calcul des forces en *temps-réel* se limitera donc à une série des produits matrice-vecteur conformément à l'équation (3.89).

B. Dans un maillage :

Dans un maillage d'éléments finis, un nœud donné appartient en général à plusieurs tétraèdres et la déformation de chacun d'entre eux induit une force en ce nœud conformément à l'expression (3.89). Il convient donc d'identifier l'ensemble des tenseurs propres à chaque tétraèdre. Pour cela la notation de K_{ij} devient $K_{ij}^{T_k}$ qui désigne l'ensemble des tenseurs de raideur associés au tétraèdre T_k . Le tenseur $K_{ij}^{T_k}$ exprime l'influence du déplacement du sommet j sur la force élastique exercée au sommet i du tétraèdre T_k .

Pour un nœud i , on peut diviser l'ensemble des tenseurs de raideur associés en deux groupes : les tenseurs qui expriment l'influence propre du déplacement du nœud i sur lui-même et les tenseurs avec $i \neq j$ qui expriment l'influence du déplacement d'un nœud adjacent j sur le nœud i .

Dans la formule de la force élastique, les tenseurs $K_{ii}^{T_k}$ doivent tous être multipliés par le même déplacement \mathbf{u}_i indépendamment du tétraèdre auquel ils sont rattachés. Le calcul peut donc être accéléré en sommant d'abord tous les tenseurs $K_{ii}^{T_k}$ pour l'ensemble des tétraèdres adjacents au nœud i et en multipliant ensuite la somme par \mathbf{u}_i . De la même façon, une arête (i, j) donnée appartient à plusieurs tétraèdres, ce qui permet de sommer

d'abord tous les tenseurs $\mathbf{K}_{ij}^{T_k}$ associés à cette arête avant de multiplier le résultat par \mathbf{u}_j . D'où l'expression générale de la force élastique appliquée au nœud i dans un maillage :

$$\mathbf{f}_i = \mathbf{K}_{ii} \mathbf{u}_i + \sum_{j \in N(i)} \mathbf{K}_{ij} \mathbf{u}_j \quad (3.91)$$

Où :

\mathbf{K}_{ii} désigne la somme des tenseurs $\mathbf{K}_{ii}^{T_k}$ associés aux tétraèdres adjacents au nœud i .

\mathbf{K}_{ij} désigne la somme des tenseurs $\mathbf{K}_{ij}^{T_k}$ associés aux tétraèdres adjacents à l'arête (i, j) .

$N(i)$ désigne l'ensemble des nœuds adjacents au nœud i .

3.2.3.6 Equation dynamique et intégration temporelle

Le MMT comme le MEF, utilise la formulation lagrangienne de l'équation dynamique (3.47), appelée aussi *l'équation différentielle newtonienne*, mais dans le MMT l'équation dynamique est **locale** alors que dans le FEM le système d'équations est **global**.

Le MMT dans sa forme usuelle, et sans perte de généralité, met l'hypothèse qu'aucune force extérieure n'est appliquée sur les nœuds et il laisse la liberté de choisir les conditions initiales et les conditions aux limites. Il utilise généralement des déplacements imposés au lieu des forces extérieures imposées.

L'équation dynamique pour chaque nœud i de maillage aura la forme :

$$\rho_i \ddot{\mathbf{u}}_i(t) = c_i \dot{\mathbf{u}}_i(t) + \mathbf{f}_i(t) \quad (3.92)$$

Où : ρ_i est la masse associé au nœud i .

c_i est le coefficient d'amortissement associé au nœud i .

C'est la nature locale de l'équation dynamique qui garantit l'avantage de pouvoir changer la topologie dans le MMT. Ainsi, si un découpage entre deux nœuds est parvenu, on annule localement l'influence du déplacement d'un nœud durant le calcul de la force élastique de l'autre, c'est-à-dire annuler l'effet des tenseurs de raideur associés à l'axe joignant ces deux nœuds lors du calcul de la force élastique de chacune. Alors que dans le FEM, cet incident exige de recalculer la matrice globale de raideur et son inversée, dont les dimensions sont proportionnelles aux nombre des nœuds.

Comment résoudre l'équation (3.92) ?

La résolution se fait d'une façon **itérative** et **locale** : de la même façon décrite pour le FEM dans la section (3.2.2) en transformant l'équation non-linéaire (3.92) en une séquence

d'équations linéaires. On procède à subdiviser l'intervalle du temps considéré en pas temporels égaux Δt puis on calcule par linéarisation une séquence de solutions approximatives pour $t = \Delta t, 2\Delta t, \dots, t, t + \Delta t, \dots$

Discrétisation temporelle de $\ddot{\mathbf{u}}_i(t)$ et $\dot{\mathbf{u}}_i(t)$: le choix de la méthode d'intégration temporelle numérique dépend du type de maillage et du degré de précision. Le schéma d'intégration temporelle numérique explicite d'Euler est considéré comme le plus simple et le plus rapide car il n'exige qu'une seule évaluation de force à chaque itération et permet des pas temporels petits.

La méthode d'intégration explicite d'Euler discrète $\dot{\mathbf{u}}_i(t)$ et $\ddot{\mathbf{u}}_i(t)$ par un calcul de différences finies comme suit :

$$\dot{\mathbf{u}}_i(t) = \frac{1}{\Delta t} (\mathbf{u}_i(t + \Delta t) - \mathbf{u}_i(t)) \quad (3.93)$$

$$\ddot{\mathbf{u}}_i(t) = \frac{1}{\Delta t^2} (\mathbf{u}_i(t + \Delta t) - 2\mathbf{u}_i(t) + \mathbf{u}_i(t - \Delta t)) \quad (3.94)$$

Linéarisation de l'équation dynamique :

En reportant (3.93) et (3.94) dans (3.92) on aura :

$$\mathbf{u}_i(t + \Delta t) = \frac{1}{\rho_i + c_i \Delta t} (\Delta t^2 \mathbf{f}_i(t) + (2\rho_i + c_i \Delta t) \mathbf{u}_i(t) - \rho_i \mathbf{u}_i(t - \Delta t)) \quad (3.95)$$

La formule (3.95) permet de calculer la position chaque nœud à un instant donné à partir de la force élastique exercée sur ce nœud à l'instant précédent et ses positions aux deux itérations précédentes.

Le MMT élastique linéaire est incapable de simuler des comportements mécaniques plus complexes comme l'élasticité non-linéaire et la viscoélasticité. Or, la biomécanique (3.1.11) objective que la plupart des tissus mous de l'organisme exhibent des effets viscoélastiques en plus d'un comportement non-linéaire. Cela a motivé Schwartz [154] d'étendre la version linéaire de MMT vers un MMT viscoélastique non-linéaire que nous présenterons dans la section suivante.

3.3 MMT visco-élastique non-linéaire

Comme nous avons déjà noté dans la section (3.1.10.3), le problème de visco-élasticité non-linéaire constitue un champ fertile de recherche dans la mécanique des MCs. Les modèles déjà élaborés pour traiter ce problème sont encore peu nombreux et leur implémentation est très gourmande en terme de charge calculatoire et donc inadéquatée pour une application temps réel. Face à cette limitation, Schwartz [154], au lieu d'adopter un de ces modèles visco-élastique non-linéaires pour la simulation des tissus mous, il a plutôt choisi un modèle viscoélastique linéaire ; le modèle de Voigt-Kelvin (3.1.10.2.B) ,

et il a introduit une **non-linéarité de type physique** (relation contrainte-déformation non-linéaire) dans la composante élastique de ce modèle, en utilisant le principe des masses-tenseurs tiré de la version linéaire de MMT. Ceci garantit une prise en compte des effets **visco-élastiques non-linéaires** des tissus mous tout en préservant les avantages liés au MMT en termes de **rapidité** des calculs et de **flexibilité** pour le changement de topologie. Dans les sections suivantes, nous décrivons d'abord comment Schwartz [154] a introduit la non-linéarité physique dans la composante élastique, puis comment il a ajouté la composante fluide newtonienne selon le modèle de Voigt-Kelvin.

Nous rappelons que le modèle Voigt-Kelvin est un modèle visco-élastique linéaire, construit par une combinaison en parallèle d'un ressort Hookéens et un amortisseur newtonien, et que la déformation totale est la même que dans chacune des deux composantes alors que la contrainte totale est la somme des contraintes dues à l'élément élastique et à l'élément visqueux.

3.3.1 La non-linéarité physique

Comme déjà noté, un modèle élastique est qualifié comme **non-linéaire** s'il considère une relation déformation-déplacement non-linéaire (non-linéarité géométrique) et/ou une relation contrainte-déformation non-linéaire (non-linéarité physique).

Le MMT de Schwartz garde toujours l'hypothèse de linéarité géométrique dans la composante élastique du modèle de Voigt-Kelvin: $\varepsilon = \frac{1}{2} (\nabla \mathbf{u} + [\nabla \mathbf{u}]^T)$

Et il joue sur la relation contrainte-déformation : $\sigma = \mathbf{M}\varepsilon$

L'idée de base derrière l'introduction de la non-linéarité physique est **d'adapter dynamiquement les propriétés mécaniques du tissu aux conditions locales de déformation**.

Selon la section (3.2.3), les propriétés mécaniques du tissu dans le MMT linéaire, sous l'hypothèse d'isotropie, sont définies localement pour chaque élément fini par les matrices de raideur K_{ij} associées aux nœuds de cet élément, où K_{ij} dépendent de la géométrie initiale de l'élément considéré et des coefficients de Lamé du matériau :

$$K_{ij} = \frac{1}{36V} (\lambda m_i m_j^T + \mu (m_i \cdot m_j) I_3 + \mu m_j m_i^T) \quad (3.96)$$

Pour exprimer la non-linéarité, une des solutions est de reformuler l'expression de K_{ij} en démarrant des lois mécaniques de l'élasticité non-linéaire, par exemple en utilisant le modèle de Mooney-Rivlin ou celui de saint Venant-Kirchhoff (3.1.8.5). Mais cela est inapproprié avec une application temps réel car très gourmand au terme de temps calculatoire.

Une autre solution plus simple et plus rapide est de garder la formule de K_{ij} , et jouer sur les coefficients λ et μ . C'est la solution proposée par Schwartz.

On peut réécrire l'équation (3.96) de façon à extraire les coefficients de Lamé :

$$K_{ij} = \frac{\lambda}{36V} (m_i m_j^T) + \frac{\mu}{36V} \left((m_i \cdot m_j) I_3 + m_j m_i^T \right) \quad (3.97)$$

Ou encore :

$$K_{ij} = \lambda A_{ij} + \mu B_{ij} \quad (3.98)$$

Où :

$$A_{ij} = \frac{1}{36V} (m_i m_j^T) \quad (3.99)$$

$$B_{ij} = \frac{1}{36V} \left((m_i \cdot m_j) I_3 + m_j m_i^T \right) \quad (3.100)$$

Ainsi, on peut exprimer la non-linéarité physique en rendant les coefficients de Lamé, pour un élément, variant d'une façon non-linéaire en fonction des conditions locales au cours de l'évolution du système, c'est-à-dire à chaque pas temporel, des nouvelles valeurs sont attribuées aux coefficients λ et μ . Pour en faire, deux fonctions non-linéaires $\delta\lambda$ et $\delta\mu$ sont ajoutés aux vrais coefficients de Lamé. On dit que $\delta\lambda$ et $\delta\mu$ sont des correctifs non-linéaires, ce qui permet d'écrire K_{ij} sous une autre forme notée \mathbf{K}_{ij}' :

$$\mathbf{K}_{ij}' = (\lambda + \delta\lambda) A_{ij} + (\mu + \delta\mu) B_{ij} \quad (3.101)$$

qui peut être transformée en :

$$\mathbf{K}_{ij}' = \mathbf{K}_{ij} + \delta\lambda A_{ij} + \delta\mu B_{ij} \quad (3.102)$$

\mathbf{K}_{ij}' est appelé la matrice de raideur non-linéaire.

A_{ij} et B_{ij} sont appelés les tenseurs de correction non-linéaire.

L'expression de la force élastique exercée sur un sommet P_i dans *un tétraèdre isolé* (3.89) devient :

$$\mathbf{f}_i = \sum_{j=0}^3 (K_{ij} + \delta\lambda A_{ij} + \delta\mu B_{ij}) \mathbf{u}_j \quad (3.103)$$

L'expression générale de la force élastique appliquée au nœud i dans *un maillage* (3.91) garde sa même forme générale :

$$\mathbf{f}_i = K_{ii} \mathbf{u}_i + \sum_{j \in N(i)} K_{ij} \mathbf{u}_j \quad (3.104)$$

Où :

\mathbf{K}_{ii} désigne la somme des tenseurs $\mathbf{K}_{ii}^{T_k'}$ associés aux tétraèdres adjacents au nœud i , tel que :

$$\mathbf{K}_{ii}^{T_k'} = \mathbf{K}_{ii}^{T_k} + \delta\lambda \mathbf{A}_{ii}^{T_k} + \delta\mu \mathbf{B}_{ii}^{T_k} \quad (3.105)$$

\mathbf{K}_{ij} désigne la somme des tenseurs $\mathbf{K}_{ij}^{T_k}$ associés aux tétraèdres adjacents à l'arête (i, j) , tel que :

$$\mathbf{K}_{ij}^{T_k'} = \mathbf{K}_{ij}^{T_k} + \delta\lambda \mathbf{A}_{ij}^{T_k} + \delta\mu \mathbf{B}_{ij}^{T_k} \quad (3.106)$$

avec $\delta\lambda$ et $\delta\mu$ sont les correctifs non-linéaires spécifiques du tétraèdre T_k .

$\mathbf{A}_{ij}^{T_k}$ et $\mathbf{B}_{ij}^{T_k}$ sont les tenseurs de correction non-linéaire associés au tétraèdre T_k .

$N(i)$ désigne l'ensemble des nœuds adjacents au nœud i .

Ce qui signifie que la formule de la force élastique reste toujours linéaire, mais la tangente de courbe linéaire varie à chaque pas temporel Δt , on appelle ça aussi la **linéarité par morceaux** :

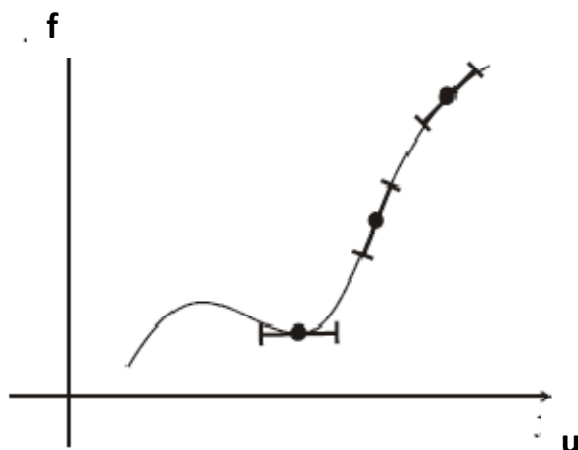


Figure 3.14 - Principe utilisé pour introduire la non-linéarité physique.

Les matrices A_{ij} et B_{ij} peuvent être calculées en phase préliminaire comme la matrice K_{ij} car elles ne dépendent que de la géométrie initiale du maillage.

Comment choisir les fonctions $\delta\lambda$ et $\delta\mu$? Quel doit être l'argument de ces deux fonctions ?

Il s'avère plus logique de faire varier $\delta\lambda$ et $\delta\mu$ en fonction de l'intensité de déformation de l'élément. Pour cela et pour des raisons de rapidité, Schwartz a choisi une grandeur appelé **le rapport moyen** (Liu [262]), noté R tel que :

$$R = \frac{12 (3V)^{2/3}}{\sum_{0 \leq i \leq j \leq 3} l_{ij}^2} \quad (3.107)$$

Où : l_{ij} sont les longueurs des arêtes du tétraèdre.

V est le volume du tétraèdre.

Le rapport R tend vers 0 pour des tétraèdres fortement aplatis ou allongés (très déformés), et il tend vers 1 lorsque le tétraèdre se rapproche du tétraèdre régulier, et possèdent une croissance continue lorsqu'un tétraèdre est progressivement déformé entre ces deux extrêmes.

Les deux fonctions non-linéaires $\delta\lambda(R)$ et $\delta\mu(R)$ ne sont généralement pas sous forme analytique, mais sous forme d'un ensemble de couples :

(Intervalle de R , valeur correspondantes de $\delta\lambda$ et $\delta\mu$)

3.3.2 L'ajout de la composante fluide

Nous rappelons que l'équation constitutive d'un fluide newtonien (3.1.9.2) est de la forme :

$$\boldsymbol{\tau} = \eta \frac{d\boldsymbol{\varepsilon}}{dt} \quad (3.108)$$

De la même façon que dans la section (3.2.3.5), on discrète cette équation pour obtenir l'expression de la force intérieure (force visqueuse) en fonction du vecteur du déplacement par dérivation de l'énergie de déformation W_T . Après une série des calculs, l'expression de la force visqueuse exercée sur chaque nœud dans un **tétraèdre isolé** a la forme suivante :

$$\mathbf{f}_i = \sum_{j=0}^3 K_{ij}^v \dot{\mathbf{u}}_j \quad (3.109)$$

Où :

$\dot{\mathbf{u}}_j$ est le vecteur de vitesse sur le nœud j .

$$K_{ij}^v = \frac{\eta}{72V} \left(((\mathbf{m}_i \cdot \mathbf{m}_j) I_3 + \mathbf{m}_j \mathbf{m}_i^T) \right) \quad (3.110)$$

K_{ij}^V est **le tenseur de viscosité** exprimant l'influence du déplacement du sommet j sur la force visqueuse exercée au sommet i dans un tétraèdre donné.

Comme pour les tenseurs de raideur, les tenseurs de viscosité ne dépendent que de la géométrie du maillage avant déformation et les propriétés mécanique du matériau (la viscosité η). Cela permet de les calculer en phase préliminaire, ce qui réduit la charge calculatoire en temps réel.

Dans un maillage, l'expression de la force visqueuse exercée sur chaque nœud aura donc la forme suivante

$$\mathbf{f}_i = K_{ii}^V \mathbf{u}_i + \sum_{j \in N(i)} K_{ij}^V \mathbf{u}_j \quad (3.111)$$

Où :

K_{ii}^V désigne la somme des tenseurs $K_{ii}^{V T k}$ associés aux tétraèdres adjacents au nœud i .

K_{ij}^V désigne la somme des tenseurs $K_{ij}^{V T k}$ associés aux tétraèdres adjacents à l'arête (i, j) .

$N(i)$ désigne l'ensemble des nœuds adjacents au nœud i .

3.3.3 L'expression finale de force intérieure dans le MMT visco-élastique non-linéaire

Ainsi, l'expression de la force intérieure totale dans un MMT viscoélastique non-linéaire exercée sur un nœud i est obtenue par la sommation des forces dues aux deux composantes conformément au modèle de Voigt-Kelvin :

Dans un tétraèdre isolé :

$$\mathbf{f}_i = \sum_{j=0}^3 (K_{ij} + \delta\lambda A_{ij} + \delta\mu B_{ij}) \mathbf{u}_j + \sum_{j=0}^3 K_{ij}^V \mathbf{u}_j \quad (3.112)$$

Où dans ce cas :

$K_{ij} = \frac{1}{36V} (\lambda m_i m_j^T + \mu (m_i \cdot m_j) I_3 + \mu m_j m_i^T)$ est **le tenseur de raideur** exprimant l'influence du déplacement du sommet P_j sur la force élastique exercée au sommet P_i du tétraèdre.

$\mathbf{K}_{ij}^v = \frac{\eta}{72V} \left((m_i \cdot m_j) I_3 + m_j m_i^T \right)$ est le **tenseur de viscosité** exprimant l'influence du déplacement du sommet j sur la force visqueuse exercée au sommet i du tétraèdre.

Dans un maillage :

$$\mathbf{f}_i = \mathbf{K}_{ii} \mathbf{u}_i + \mathbf{K}_{ii}^v \dot{\mathbf{u}}_i + \sum_{j \in N(i)} (\mathbf{K}_{ij}^v \dot{\mathbf{u}}_j + \mathbf{K}_{ij} \mathbf{u}_j) \quad (3.113)$$

Où dans un maillage :

\mathbf{K}_{ii} (même signification que dans (3.105)) désigne la somme des tenseurs $\mathbf{K}_{ii}^{T_k'}$ associés aux tétraèdres adjacents au nœud i , tel que :

$$\mathbf{K}_{ii}^{T_k'} = \mathbf{K}_{ii}^{T_k} + \delta\lambda \mathbf{A}_{ii}^{T_k} + \delta\mu \mathbf{B}_{ii}^{T_k}$$

\mathbf{K}_{ij} (même signification que dans (3.106)) désigne la somme des tenseurs $\mathbf{K}_{ij}^{T_k}$ associés aux tétraèdre adjacents à l'arête (i, j) , tel que :

$$\mathbf{K}_{ij}^{T_k'} = \mathbf{K}_{ij}^{T_k} + \delta\lambda \mathbf{A}_{ij}^{T_k} + \delta\mu \mathbf{B}_{ij}^{T_k}$$

$\mathbf{A}_{ij}^{T_k}$ et $\mathbf{B}_{ij}^{T_k}$ sont les tenseurs de correction non-linéaire associés au tétraèdre T_k .

avec $\delta\lambda$ et $\delta\mu$ sont les correctifs non-linéaires correspondant à la déformation actuelle du tétraèdre T_k .

\mathbf{K}_{ii}^v désigne la somme des tenseurs $\mathbf{K}_{ii}^{v T_k}$ associés aux tétraèdres adjacents au nœud i .

\mathbf{K}_{ij}^v désigne la somme des tenseurs $\mathbf{K}_{ij}^{v T_k}$ associés aux tétraèdres adjacents à l'arête (i, j) .

$N(i)$ désigne l'ensemble des nœuds adjacents au nœud i .

3.3.4 Equation dynamique et intégration temporelle

L'équation dynamique pour chaque nœud i est la même que dans le MMT élastique linéaire (3.92) :

$$\rho_i \ddot{\mathbf{u}}_i(t) = c_i \dot{\mathbf{u}}_i(t) + \mathbf{f}_i(t)$$

Où : ρ_i est la masse associé au nœud i .

c_i est le coefficient d'amortissement associé au nœud i .

La résolution se fait d'une façon *itérative* et *locale* pour des pas temporels égaux Δt ($t = \Delta t, 2\Delta t, \dots, t, t + \Delta t, \dots$).

Discrétisation temporelle de $\ddot{\mathbf{u}}_i(t)$ et $\dot{\mathbf{u}}_i(t)$: par le schéma d'intégration temporelle numérique explicite d'Euler :

$$\dot{\mathbf{u}}_i(t) = \frac{1}{\Delta t} (\mathbf{u}_i(t + \Delta t) - \mathbf{u}_i(t)) \quad (3.114)$$

$$\ddot{\mathbf{u}}_i(t) = \frac{1}{\Delta t^2} (\mathbf{u}_i(t + \Delta t) - 2\mathbf{u}_i(t) + \mathbf{u}_i(t - \Delta t)) \quad (3.115)$$

Linéarisation de l'équation dynamique :

$$\mathbf{u}_i(t + \Delta t) = \frac{1}{\rho_i + c_i \Delta t} (\Delta t^2 \mathbf{f}_i(t) + (2\rho_i + c_i \Delta t) \mathbf{u}_i(t) - \rho_i \mathbf{u}_i(t - \Delta t)) \quad (3.116)$$

Ce qui permet de calculer la position chaque nœud à un instant donné à partir de la force élastique exercée sur ce nœud à l'instant précédent et ses positions aux deux itérations précédentes.

3.3.5 Forme générale de l'algorithme

La construction du maillage, sa lecture, et le calcul des adjacences et des matrices de raideur ($\mathbf{K}_{ij}^{T_k}$ et $\mathbf{K}_{ij}^{v_{T_k}}$) et les tenseurs de correction non-linéaire ($\mathbf{A}_{ij}^{T_k}$ et $\mathbf{B}_{ij}^{T_k}$) sont tous réalisés durant *une phase préliminaire*.

Durant *la phase de simulation*, l'algorithme se comporte principalement comme une boucle alternant le calcul des forces élastiques et celui des déplacements. L'action de l'opérateur se traduit par *des déplacements imposés* en certains nœuds du maillage.

Dans la partie devant fonctionner en *temps-réel*, la part la plus importante est constituée par le calcul des forces élastiques. A chaque instant, la liste des nœuds est parcourue, et pour chaque nœud i , les tenseurs de raideur, les tenseurs de viscosité, et les tenseurs de correction non-linéaire, sont tous recherchés et multipliés par les déplacements courants correspondant, donnant la valeur de force élastique totale appliquée au nœud i (équation (3.113)) à cet instant. Le nouvel état de déformation à l'instant suivant sera ensuite calculé en utilisant la formule (3.116).

Le critère d'arrêt est généralement la convergence (stabilité du système). Comme la convergence n'est pas toujours garantie, ce critère est des fois remplacé par à un seuil à ne pas dépasser pour le nombre d'itérations, pour les valeurs des forces viscoélastiques, ou pour les valeurs des déplacements.

En effet, il y a en mécanique la notion de la limite d'élasticité linéaire pour un matériau visco-élastique, qui est la valeur de contrainte à partir de laquelle les caractères non-linéaires et visqueuses peuvent apparaître. De ce fait, il paraît judicieux et plus réaliste de trouver une stratégie pour éviter de parcourir les éléments et les nœuds dans les régions très faiblement déformées durant l'ajout des contributions non-linéaires et visqueuses. Ceci dans le but d'économiser le temps calculatoire. L'idée de Schwartz est de définir un seuil maximal R_{max} pour **le rapport moyen** R (mesure de déformation), de sorte que dès que la déformation d'un tétraèdre du maillage dépasse ce seuil, les contributions non-linéaires et visqueuses ne sont plus ajoutées (comportement élastique linéaire), alors qu'en dessous de ce seuil elles seront ajoutées. Toujours dans ce contexte, au sein d'un tétraèdre dont la déformation est au-dessous de R_{max} , on détermine un seuil minimal pour le déplacement d'un sommet par rapport au barycentre de l'élément auquel il appartient, noté $\mathbf{u}_{Baryc-min}$. Quand le déplacement d'un sommet par rapport au barycentre d'un tétraèdre auquel il appartient dépasse $\mathbf{u}_{Baryc-min}$, les contributions non-linéaires et visqueuses peuvent être ajoutées, sinon seule la contribution élastique linéaire sera calculée. Pour cela, l'algorithme de calcul des forces visco-élastiques non-linéaires doit en premier temps calculer les déplacements par rapport au barycentre pour les sommets de chaque tétraèdre à partir des déplacements absolus venant de la résolution de l'équation dynamique.

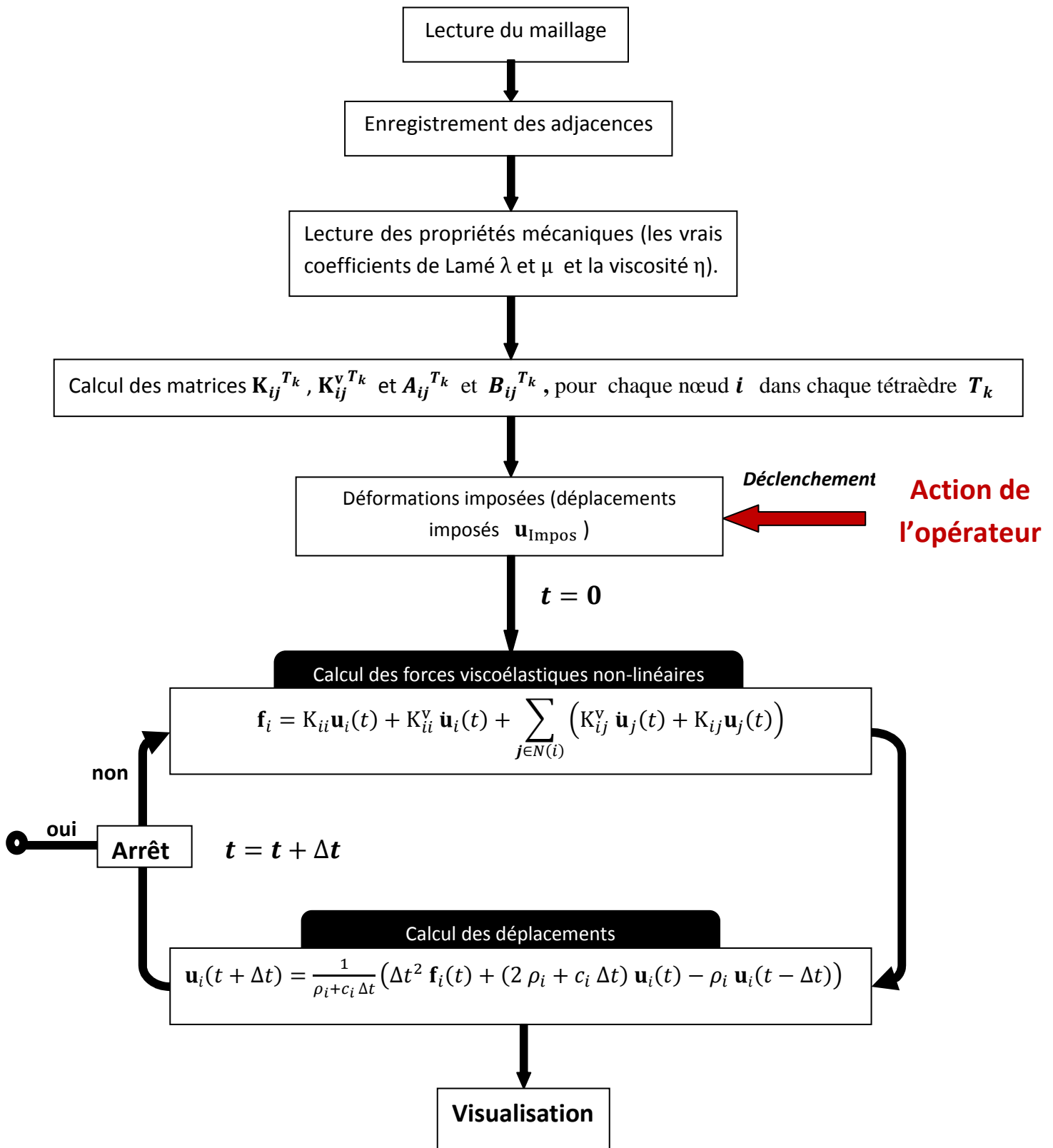


Figure 3.15 - Forme générale de l'algorithme MMT.

Note :

En cas d'isotropie λ , μ et η sont des constantes sur tout le maillage. En cas d'anisotropie, elles se diffèrent d'un élément à un autre.

3.3.6 Les points forts de MMT viscoélastique non-linéaire

D'après la description de MMT de Schwartz, on peut ressortir les nombreux avantages qu'il présente:

- Il permet une représentation *continue* et *volumique* des tissus qui est bien plus proche à la réalité physique.
- Il utilise un modèle *mécanique réaliste* basé sur les lois de la biomécanique, de l'élasticité linéaire à la viscoélasticité non-linéaire.
- Il offre une représentation *locale* des propriétés mécaniques d'où la possibilité de simuler l'hétérogénéité au sein des tissus (anisotrope).
- Il offre de *bonnes performances* en termes de temps de calcul, tout en conservant la flexibilité nécessaire à la simulation de *changements de topologie* en temps réel (adapté aux applications temps réel).

Conclusion

Le MMT viscoélastique non-linéaire introduit par Schwartz [154] offre *une simulation réaliste* des tissus mous de l'organisme en prenant en compte la continuité de leur matière et la non-linéarité de son comportement bio-mécanique ainsi que les effets visco-élastiques. Il permet de prendre en compte aussi les changements de la topologie qui résultent des incidents fréquents pour les tissus mous notamment durant les interventions chirurgicales. La représentation locale des propriétés mécaniques au niveau de chaque élément le rend un outil flexible permettant de simuler le caractère inhomogène de certains tissus. Avec tous ces avantages, il fournit de bonnes performances en termes de temps de calcul et de compatibilité avec des applications *temps-réel* comme celles du domaine chirurgical. C'est ce que nous a poussé à réfléchir d'inspirer de ce modèle la formulation de visco-élasticité non-linéaire, et l'adopter pour concevoir un modèle bio-mécanique réaliste du cœur, à utiliser dans un algorithme de recalage per-opératoire par modèle bio-mécanique, qui sera décrit dans le chapitre suivant.



*« Savoir où l'on veut aller, c'est très bien ; mais il faut encore montrer qu'on y va »,
Emil ZOLA*

Chapitre 4 : Algorithme de recalage per-opérateur par MMT visco-élastique non-linéaire

Sommaire

Introduction.....	138
4.1 Analogie entre le problème de recalage et les modèles biomécaniques	139
4.2 Description du nouvel algorithme de recalage per-opérateur IRM 3D/US 3D par modèle viscoélastique non-linéaire.....	142
4.2.1 Phase pré-opérateur	144
4.2.2 Phase per-opérateur	170
4.3 Parallélisation.....	184
4.3.1 Notion <i>temps-réel</i> dans le recalage per-opérateur	184
4.3.2 Quel hardware utilisé : machines multiprocesseurs à mémoire partagée vs machines à mémoires distribués.....	185
4.3.3 Quel software utilisé.....	186
4.3.4 Version parallélisée de l'algorithme d'appariement des blocs.....	188
4.3.5 Version parallélisée de l'algorithme de résolution itérative du système d'équations dynamiques	190
4.4 Implémentation	192
4.4.1 Environnement de programmation	192
4.4.2 Mise au point des paramètres	201
4.5 Résultats expérimentaux et discussion	202

Introduction

L'état de l'art exposé dans la section 2.4 confirme bien l'efficacité marquée et connue dans le champ de recalage per-opérateur en chirurgie cardiaque. Les quelques travaux réalisés ne garantissent en majorité qu'un alignement linéaire des images pré- et per-opératoires. Nous avons démontré dans la même section la nécessité d'un recalage par modèle déformable intégrant les propriétés bio-mécaniques du cœur. Comme les études bio-mécaniques objectivent que le myocarde est un matériau anisotrope exhibant un comportement viscoélastique non-linéaire, il paraît donc judicieux et plus réaliste d'intégrer ces effets dans la procédure de recalage.

Dans l'autre côté, nous avons rapporté dans la section 2.2.3 l'intérêt de guidage chirurgical par des séquences écho-cardiographiques (US) per-opératoires augmentées par des images IRM acquises en pré-opératoire. Mais c'est bien évident que le recalage IRM/US quant à lui constitue un grand défi de fait de la grande différence entre la nature des informations portées par chacune des deux modalités (section 2.4).

D'après l'expérience de la neurochirurgie en ce qui concerne le recalage per-opérateur par modèle déformable bio-mécanique (Hata [200], Miga [22], Arbel [201], Barillot [203], Ferrant [204, 263], Clatz [2], Warfield [264], Sermesant [265]), on conclut que ce type de recalage se heurte à deux contraintes fondamentales et opposées : d'une part le réalisme de la modélisation numérique et de l'autre part la rapidité des calculs. Il existe deux procédés à suivre face à ce problème : soit de concevoir de nouvelles approches de recalage par modèle bio-mécanique dédiées à l'usage per-opérateur répondant à ces deux contraintes, ou d'optimiser les algorithmes déjà conçus en dehors des blocs opératoires, par leur implémentation dans un environnement parallèle diminuant ainsi le temps du calcul et les rendant faisables dans un milieu opératoire. Les efforts menés dans ce volet se sont basés en majorité sur ce dernier procédé. Il s'agit en majorité d'essais d'implémentation parallèle (à mémoire partagée ou distribuée) des algorithmes de recalage par modèle bio-mécanique, qui sont, toujours dans le but de rapidité, déjà construits par simplification des lois du comportement réel (hypothèse d'élasticité linéaire).

Notre objectif de ce présent travail étant de proposer un nouvel algorithme de recalage automatique per-opérateur par modèle bio-mécanique IRM 3D/US 3D dans le domaine de la chirurgie cardiaque, à la fois *rapide* pour être compatible avec la contrainte *temps-réel* dans le bloc opératoire, et *plus réaliste* prenant en compte les effets visco-élastiques non-linéaires exhibés par le myocarde. Pour atteindre ce but, nous profiterons d'un côté des fonctionnalités offertes par le MMT de Schwartz [154] décrit dans la section (3.3) et de l'expérience de la neurochirurgie d'un autre côté.

Notre algorithme consiste à intégrer dans une même plateforme une implémentation parallèle de l'algorithme *block-matching* avec un modèle bio-mécanique du cœur discrétisé par un *MMT viscoélastique non-linéaire*. Pour une bonne initialisation et pour une convergence rapide du système, nous procédons à une phase initiale de recalage rigide par une méthode jugée robuste.

Dans ce chapitre, nous commençons par un rappel sur la formulation mathématique de recalage par modèle bio-mécanique, puis nous passons à la description détaillée de cet algorithme, phase par phase et étape par étape. Ensuite, les points de parallélisation sont abordés avant de fournir son schéma général. Les détails de l'implémentation numérique ainsi que les résultats obtenus et la discussion sont rapportés à la fin de chapitre.

4.1 Analogie entre le problème de recalage et les modèles biomécaniques

Dès que les mouvements et les déformations des organes sont gouvernés par leurs propriétés bio-mécaniques, il paraît raisonnable et plutôt plus réaliste d'utiliser des modèles bio-mécaniques pour calculer les transformations dans un processus de recalage de deux images scannant le même organe.

Le principe des approches de recalage par modèle bio-mécanique dans le domaine d'imagerie médicale est comme suit :

Considérant I_{ref} et I_{dest} respectivement l'image référence et l'image destination à recaler. Soit $D_{ref} \in R^3$ et $D_{dest} \in R^3$ respectivement les domaines de définition de I_{ref} et I_{dest} (car dans ce cas $\Omega_{ref} \equiv I_{ref}$ et $\Omega_{dest} \equiv I_{dest}$, voir section 1.3).

Les images à recaler I_{ref} et I_{dest} sont vues comme des entités matérielles continues (pièce de caoutchouc par exemple) occupant respectivement les domaines réels D_{ref} et D_{dest} . Chaque point géométrique de ces domaines (chaque voxel) correspond à une particule de ces entités matérielles à laquelle est attribuée une valeur d'intensité. Comme la configuration d'un MC (milieu continu) dépend des dispositions de ses particules, on peut considérer I_{dest} comme la configuration initiale du MC présenté par l'organe imagé et I_{ref} sa configuration finale. Recaler I_{dest} sur I_{ref} revient à calculer une transformation locale \mathbf{T} (analogue à la transformation ϕ dans la mécanique des MC, section 3.1.2) qui déforme la configuration initiale I_{dest} vers la configuration I_{ref} . La transformation \mathbf{T} consiste donc à associer à chaque point $p = [x_1, x_2, x_3]^T$ de I_{dest} un vecteur de déplacement $\mathbf{u}(p) = [u_1, u_2, u_3]^T$ de telle sorte que l'application de champ des

déplacements qui en résulte sur l'image I_{dest} entraîne un meilleur alignement de celle-ci sur I_{ref} , dans le sens d'une certaine mesure de similarité.

$$\mathbf{T} : p = [x_1, x_2, x_3]^T \rightarrow p + \mathbf{u}(p) = [x_1 + u_1(p), x_2 + u_2(p), x_3 + u_3(p)]^T \quad (4.1)$$

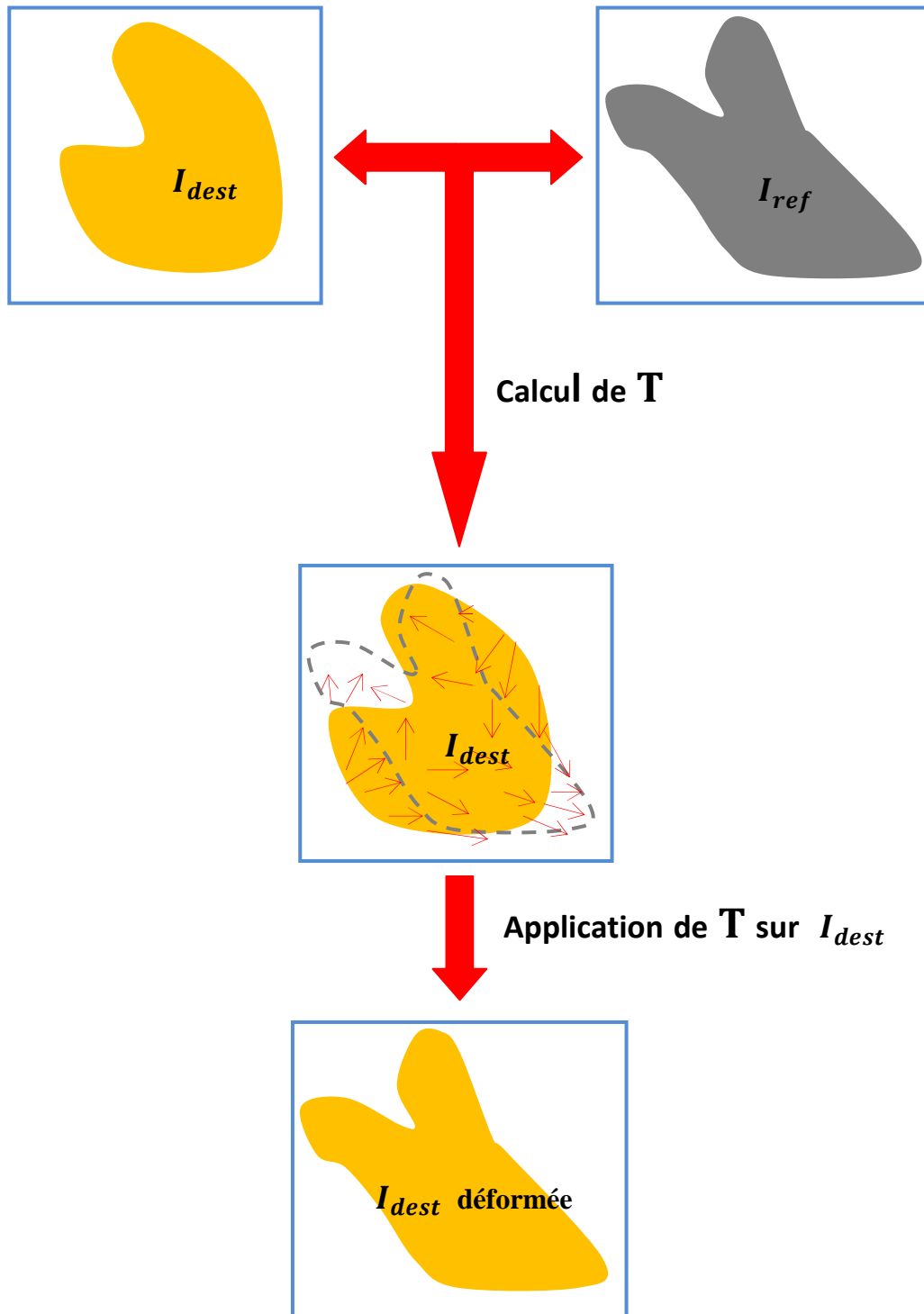


Figure 4.1 - Schéma décrivant le processus de recalage par modèle bio-mécanique sur une image du cœur.

C'est bien évident que la déformation d'un MC résulte de deux types de forces : *forces extérieures* appliquées par un agent en dehors du système, et *forces intérieures* qui tendent à rendre le MC à sa configuration initiale. La nouvelle configuration obtenue reflète donc un état d'équilibre entre les deux forces (3.1.4), ce qui permet d'écrire les équations d'équilibre (dynamique ou statique) du système.

Si les forces intérieures se développent comme réaction à l'application des forces extérieures et elles peuvent être totalement définies par le modèle bio-mécanique sous-jacent au matériau constituant l'organe imagé, **que représentent les forces extérieures pour un processus du recalage par modèle bio-mécanique ?** En effet, les forces extérieures s'obtiennent en optimisant soit une certaine mesure de similarité iconique (entre intensités), soit une mesure de distance entre primitives. On peut dire qu'il s'agit de la force qui tend à mettre en correspondance les points anatomiques dans les deux images au sens d'une certaine mesure de distance ou de similarité iconique. Pour cette raison, on dit que ce type de recalage combine des connaissances *a priori* (le modèle bio-mécanique) avec des informations extraites des images (similarité iconique ou mesure de distance).

Les approches qui calculent les forces extérieures à travers l'optimisation d'une mesure de distance entre des surfaces correspondantes dans les deux images, utilisent généralement un algorithme dit **algorithme de surface active** (Ferrant [204], Warfield [264], Davatzikos [92, 93, 266]). Cet algorithme considère les surfaces des objets dans l'image I_{dest} comme des membranes élastiques et il les fait déformer pour qu'elles se superposent sur leurs correspondantes dans I_{ref} . Le champ des déplacements surfaciques ainsi obtenu (sous l'effet des forces extérieures calculées par optimisation de distance entre les surfaces des objets) est appliqué comme conditions initiales et/ou conditions aux limites frontières au système d'équations sous-jacent au modèle élastique linéaire, pour obtenir enfin un champ des déplacements volumique déformant toutes les structures incluses dans le volume entouré par les surfaces des objets dans I_{dest} . L'inconvénient de ces approches est que la précision n'est garantie qu'au voisinage des surfaces.

Dans d'autres approches, les forces extérieures sont dérivées d'une mesure de similarité iconique (Ferrant [91], Bro-Nielsen [71], Bajcsy [87], Gee [90]). Ces approches donnent des résultats plus précis sur tout le volume des images et pas seulement au voisinage des surfaces, mais elles sont gourmandes en temps de calcul.

L'utilisation de l'algorithme **block-matching** pour le calcul des forces extérieures dans un processus de recalage par modèle déformable est d'actualité. Les approches qui l'adoptent (Clatz [2], Sermesant [265]) se considèrent comme des approches hybrides, dans le sens où l'algorithme **block-matching** est basé sur des mesures de similarité iconiques *locales* (entre plusieurs blocs appariés deux-à-deux dans les deux images).

4.2 Description du nouvel algorithme de recalage per-opérateur IRM 3D/US 3D par modèle viscoélastique non-linéaire

Dans un langage naturel et simple, l'idée de base derrière notre algorithme est de faire déformer une image du cœur IRM 3D acquise en pré-opérateur, de telle sorte que les points anatomiques (voxels) qui le constituent se superposent sur leurs correspondants dans une image US 3D (échographique) acquise en per-opérateur. Cette déformation est achevée à l'aide d'un modèle bio-mécanique du cœur.

Pour plus de réalisme, le modèle bio-mécanique utilisé est régi par un système d'équations en accord avec les propriétés mécanique du muscle cardiaque, à savoir le caractère visco-élastique non-linéaire. Les paramètres de ce modèle sont tirés à partir des données expérimentales sur le myocarde.

Les forces extérieures à exercer sur ce modèle sont calculées par la stratégie de *block-matching*, mais c'est les déplacements qui en résultent (sous forme d'un champ des déplacements épars) qui seront appliqués comme conditions initiales et/ou conditions aux limites pour résoudre le système d'équations sous-jacent au modèle bio-mécanique.

Comment construire le modèle bio-mécanique visco-élastique non-linéaire à utiliser et comment écrire son système d'équations? Comment calculer le champ des déplacements épars? Comment désigner les conditions initiales et les conditions aux limites? Comment résoudre le système d'équations pour obtenir les nouvelles positions des points anatomiques recalant bien l'image cardiaque IRM 3D acquise en pré-opérateur sur l'image US 3D per-opérateur? La réponse à ces questions raffinerait l'idée générale de notre algorithme sous forme de deux contributions principales.

Dans tout processus de recalage per-opérateur, il est important de désigner les opérations qui peuvent se réaliser comme des pré-calculs et celles qui doivent se dérouler effectivement en *temps-réel*. Les stratégies d'accélération (comme la parallélisation) et les tests de validation portent surtout sur ces dernières. Pour cette raison, nous proposons une décomposition de l'algorithme décrit en deux phases : phase pré-opérateur et phase per-opérateur. Pour avoir des résultats plus précis, les images échographiques vont subir un pré-traitement par diffusion anisotrope dans le but de les débruiter. Pour une bonne initialisation et une convergence rapide du système, il convient bien de précéder le recalage par modèle bio-mécanique par un recalage rigide initial en adoptant une méthode précise et robuste.

Ainsi, l'algorithme se déroule comme suit :

Phase pré-opératoire : contrainte temporelle lâche

1. Acquérir une image IRM 3D quelques heures avant l'intervention.
2. Acquérir l'image US 3D per-opératoire initiale juste avant l'ouverture (malade sur table d'interventions).
3. Prétraitement de l'image US 3D initiale par diffusion anisotrope.
4. Recalage rigide IRM/US.
5. Construction d'un modèle bio-mécanique statique spécifique pour le cœur du patient, sous forme d'un maillage tétraédrique intégrant le caractère visco-élastique non-linéaire du myocarde, qui est formulé à l'aide de MMT visco-élastique non-linéaire.
6. Sélection des blocs contenant l'information pertinente y compris les blocs dont les centres couvrent la surface du maillage.

Phase per-opératoire proprement dite : contrainte temps-réel

1. Acquérir une image US 3D per-opératoire après l'ouverture (durant l'intervention).
2. Diffusion anisotrope sur cette image US 3D.
3. Calculer *un champ des déplacements volumique épars*¹⁵ par la stratégie de *block-matching* entre l'image IRM 3D pré-opératoire (supportée par le modèle bio-mécanique construit dans la première phase) et l'image US 3D per-opératoire, juste après l'acquisition de celle-ci.
4. Estimer la déformation recalant l'image IRM 3D pré-opératoire (supportée par le modèle bio-mécanique construit dans la première phase) sur l'image 3D per-opératoire, sous forme d'*un champ des déplacements volumique dense*¹⁶, en appliquant le champ des déplacements épars comme conditions aux limites et/ou conditions initiales dans le système d'équations élaboré durant l'étape de construction du modèle bio-mécanique.

Dans les sections suivantes, nous détaillerons chaque étape dans chaque phase avant de fournir le schéma général de notre algorithme.

¹⁵ Un champ des déplacements épars : ensemble de vecteurs des déplacements pour quelques voxels.

¹⁶ Un champ des déplacements dense : un vecteur de déplacement par voxel, pour tous les voxels de l'image.

4.2.1 Phase pré-opératoire

On entend par « phase pré-opératoire » tout le temps s'écoulant avant le commencement de l'acte chirurgical proprement-dit, y compris le temps où le malade est entré dans le bloc opératoire et posé sur la table d'interventions, prêt à l'ouverture.

4.2.1.1 Acquisition des images

A. Acquisition de l'image IRM

L'IRM est la modalité la plus appropriée pour fournir des images de haute résolution pouvant se servir pour construire un modèle spécifique au patient, car les images délivrées sont caractérisées par une bonne discrimination des différentes structures anatomiques.

L'image IRM 3D doit être acquise quelques heures voir un jour avant l'intervention sur le cœur en MD (mid-diastole). Nous avons choisi la MD car le cœur battant est y relativement statique et par conséquent l'image est moins bruitée, contenant peu d'artefacts.

Figure 4.2 est une vue coronale d'une image cardiaque IRM 3D en MD, de résolution $256 \times 128 \times 75$ (75 coupes coronales de résolution 256×128) avec des voxels de $1.5 \text{ mm} \times 1.5 \text{ mm} \times 1.5 \text{ mm}$, acquise par 1.5 T GE CVi scanner (GE Medical Systems, Milwaukee, USA) en séquence en écho de spin rapide, synchronisé par l'ECG. Pour diminuer les artefacts dus aux mouvements de respiration, chaque coupe coronale est acquise durant un arrêt de respiration pour quelques secondes (Moore [267]).

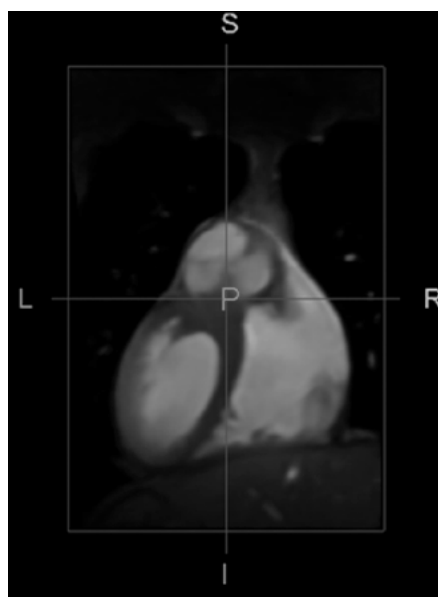


Figure 4.2 - Vue coronale d'une image IRM 3D d'un cœur sain en MD (L : left, R : right, S : superior, I : inferior. Prise de Linte [268]).

Quoique que nous disposons de plusieurs images IRM 3D comme la précédente, mais nous préférons utiliser pour notre algorithme une image IRM 3D pré-traitée de telle sorte qu'elle ne comporte que le volume cardiaque sans structures intra-thoraciques adjacentes, ni vaisseaux sanguins, ni diaphragme. Ceci pour faciliter notamment le processus de construction du modèle bio-mécanique à partir de cette image volumique et pour éliminer les calculs inutiles.

Nous avons pu obtenir une telle image 3D à partir de site du projet Asclepios¹⁷ de l'INRIA, dans les fichiers *data*¹⁸ associés au logiciel CardioViz3D¹⁹. Il s'agit d'une image IRM 3D d'un cœur isolé, dont la résolution est $256 \times 256 \times 127$ et des voxels de taille $0.3125 \text{ mm} \times 0.3125 \text{ mm} \times 0.8125 \text{ mm}$, téléchargeable sous format .vtk visualisable par le logiciel CardioViz3D, et nous l'avons transformé sous autres formats pour pouvoir la manipuler par notre application. Pour utiliser cette image nous avons demandé la permission de l'INRIA à travers Dr. Sermesant²⁰, qui nous a bien servi et nous a fourni quelques conseils en comment transformer les formats. **Figure 4.3** montre une vue coronale de cette image IRM 3D du cœur isolé avec ses trois coupes visualisées par CardioViz3D.

¹⁷ <http://www-sop.inria.fr/asclepios/>

¹⁸ http://gforge.inria.fr/frs/?group_id=731&release_id=1127

¹⁹ <http://www-sop.inria.fr/asclepios/software/CardioViz3D/>

²⁰ <http://www-sop.inria.fr/members/Maxime.Sermesant/index.php>

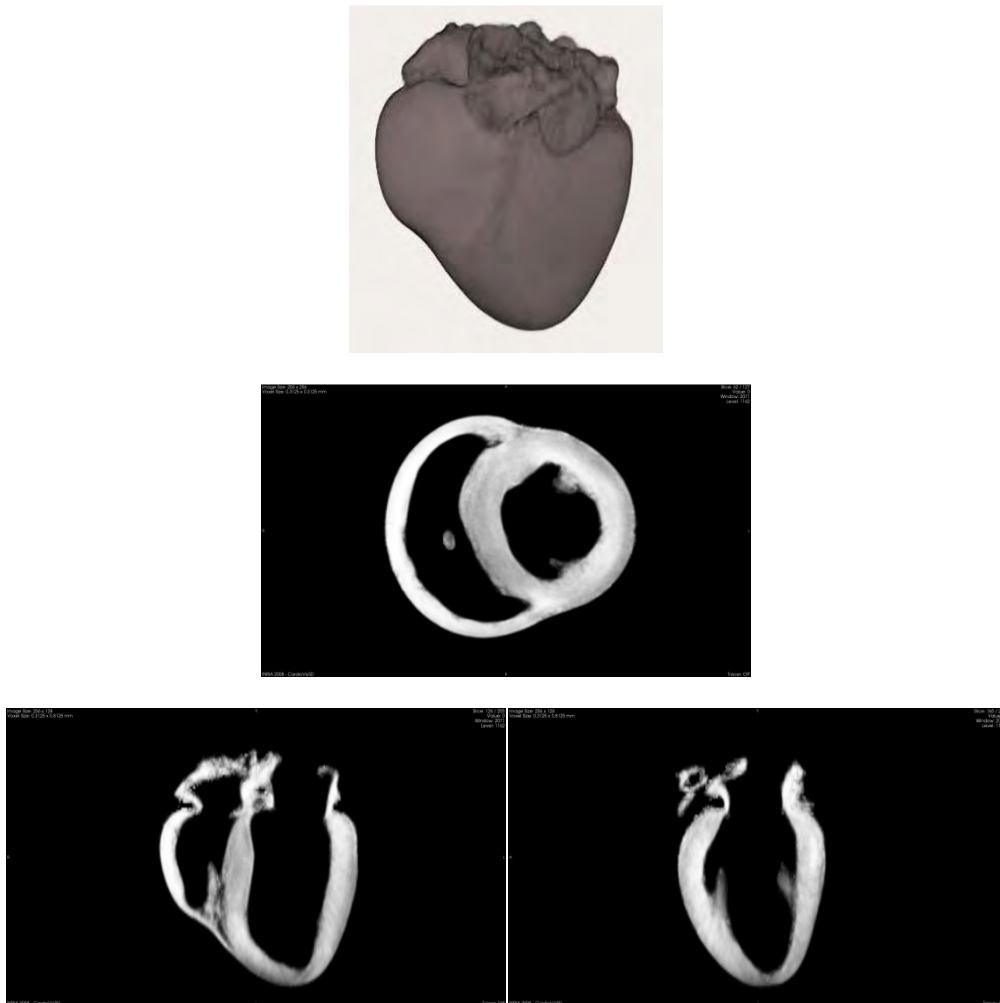


Figure 4.3 - Image IRM 3D du cœur téléchargée de site http://gforge.inria.fr/frs/?group_id=731&release_id=1127, et visualisée par CardioViz3D avec ses trois coupes : axiale, sagittale et coronale.

B. Acquisition de l'image US 3D initiale

L'image US 3D per-opérateur initiale est acquise aussi en MD juste avant l'ouverture (malade sur table d'interventions). Cette image sert à calculer la transformation rigide qui déplace l'image IRM 3D vers le référentiel du patient en per-opérateur (la transformation qui existe entre la position du patient lors de l'acquisition de l'image IRM et son position sur table d'interventions).

L'échocardiographie permet de donner une séquence d'images volumiques US 3D à travers tout un cycle cardiaque (3D + t), mais nous nous intéressons ici d'une image US

3D fixée en MD. L'échocardiographie trans-œsophagienne (ETO) est préférable en per-opératoire.

Figure 4.4 montre une image US du cœur en MD acquise pour un malade en per-opératoire, par un Philips SONOS 7500 temps-réel échographe.

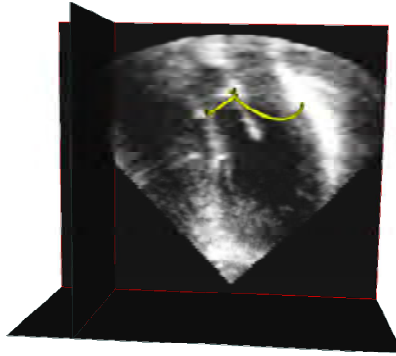


Figure 4.4 - Coupe d'une image US 3D per-opératoire d'un cœur en MD. La couleur en jaune correspond aux orifices des 2 valves mitrale et aortique. Prise de Linte [220].

Nous utilisons pour implémenter notre algorithme une image US 3D prise de la collection de S. Barré (**Figure 4.5**), disponible sur le web²¹, dont la résolution est $128 \times 120 \times 8$ avec des voxels de taille $1\text{mm} \times 1\text{mm} \times 1\text{mm}$. Pour que les voxels de l'image US 3D auront la même maille que l'image IRM 3D décrite précédemment, nous devons ré-échantillonner cette image US 3D en fixant la taille des voxels à $0.3125\text{ mm} \times 0.3125\text{ mm} \times 0.8125\text{ mm}$.

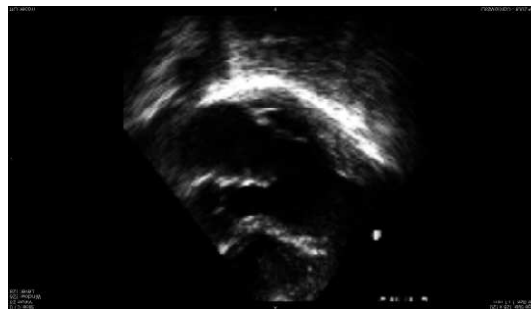


Figure 4.5 - Coupe coronale de l'image US 3D de S. Barré.

²¹ <http://barre.nom.fr/medical/samples/>

4.2.1.2 Prétraitement de l'image US 3D initiale par diffusion anisotrope

La diffusion anisotrope est un procédé de filtrage proche du filtrage gaussien visant à éliminer le bruit d'une image mais préservant les informations importantes comme les contours (Weickert [269]). Ce type de filtrage est nécessaire pour les images bruitées (comme les images US), notamment celles qui vont subir des traitements ultérieurs comme la segmentation et le recalage.

Ce type de filtrage est basé sur les principes physiques de la diffusion entre fluides : l'équation de la diffusion est similaire à celle des concentrations locales d'un fluide qui s'équilibrent sans création ni destruction de matière.

Figure 4.6 montre le résultat de filtrage par diffusion anisotrope de l'image US 3D prise de la collection de S. Barré, Nous avons réalisé la diffusion anisotrope à l'aide de l'algorithme *CurvatureAnisotropicDiffusionImageFilter* de la bibliothèque ITK²².

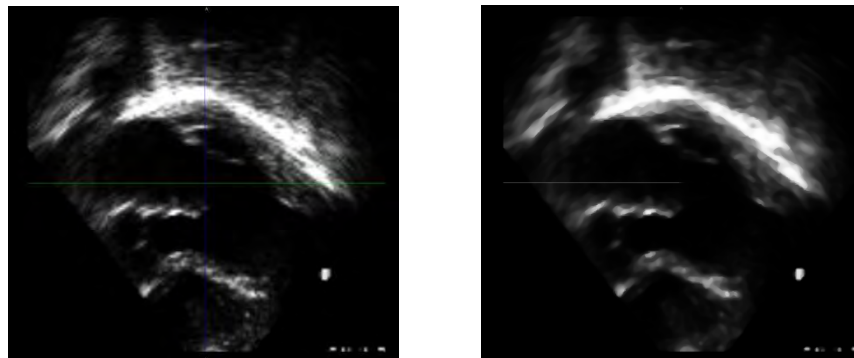


Figure 4.6 - diffusion anisotrope sur une image US 3D de S. Barré. Gauche : image original. Droite : après diffusion anisotrope, (le rehaussement des contours est évident).

4.2.1.3 Recalage rigide IRM 3D / US 3D

Les approches génériques de recalage rigide sont souvent moins applicables dans le recalage IRM / US. En effet, l'image échographique est de nature très différente puisqu'il s'agit d'une image *par réflexion* et non pas par résonance comme dans l'IRM. La réflexion du faisceau ultrasonore se fait sur des *interfaces* constituées par des tissus ayant

²² <http://www.itk.org/>

des *impédances acoustiques* différentes. Alors que la constitution de l'image IRM repose sur l'interaction d'un champ magnétique et d'une radiofréquence sur l'orientation de certains atomes dans l'organisme comme l'hydrogène (*protons*).

Les niveaux de gris (de noir au blanc) dans une image échographique reflètent les intensités des échos réfléchis par les différentes structures (l'échogénicité), ces intensités sont elles-mêmes en fonction de la présence des interfaces entre les différents tissus (en inter-structure et en intra-structure) et elles sont proportionnelles aux différences d'impédance acoustique entre les tissus adjacents. Alors que les niveaux de gris (de noir au blanc) dans une image IRM reflètent le temps de relaxation des signaux réémis par certains atomes, et donc ça dépend de la composition chimique des tissus. L'image IRM peut être vue comme une cartographie de la répartition de ces atomes et leur densité dans les différents tissus de l'organisme, et dans le cas d'atomes d'hydrogènes, ça donne une cartographie de la répartition de l'eau / lipides dans les tissus.

On conclut que le recalage IRM / US tire sa spécificité du fait de la différence des informations contenues dans chacune des deux modalités (exp : le noir dans une image US n'a pas la même signification que le noir dans une image IRM, et il peut correspondre en même temps à des zones noires, blanches ou grises dans l'IRM). Cela est dû à la grande différence de leurs principes physiques.

Plusieurs approches dédiées au recalage rigide IRM / US ont été élaborées dans la littérature. Certaines sont basées sur des méthodes iconiques (Huang [218, 219], Roche [239, 271], Letteboer [272]), d'autres reposent sur la mise en correspondance des structures homologues extraites après une phase de segmentation (Gobbi [235], Porter [237]).

Nous avons choisi d'adopter pour la phase initiale de recalage rigide un algorithme récent qui a prouvé son efficacité en termes de précision et de rapidité, c'est l'algorithme à fonction probabiliste de Coupé [202]. En effet, Coupé [202] a conçu son algorithme pour le recalage rigide en per-opérateur dans le domaine de la neurochirurgie, et il l'a validé en le comparant avec trois mesures de similarité iconiques : l'IM (information mutuelle), IMN (l'information mutuelle normalisée) et le RC (rapport de corrélation), pour enfin conclure que l'algorithme à fonction probabiliste fournit des résultats meilleurs et qu'il est plus robuste que les autres méthodes classiques.

Description de l'algorithme de recalage rigide à fonction probabiliste de Coupé :

L'idée de base derrière cet algorithme est d'extraire de l'image US l'ensemble des structures hyper-échogènes, et de l'image IRM l'ensemble des structures apparaissant hyper-échogènes en échographie (les structures contenant beaucoup de lignes et d'interfaces), puis estimer une transformation rigide optimale qui maximise une fonction probabiliste entre les structures hyper-échogènes dans les deux images IRM et US. Coupé

[202] a utilisé l'opérateur $Ml\upsilon\upsilon$ (mean curvature) pour extraire les structures hyper-échogènes de l'image IRM (qui apparaissent hyper-échogènes dans l'image US).

Considérant :

I_{US1} l'image US 3D (image référence).

I_{IRM} est l'image IRM 3D (image destination qui doit subir une transformation pour se superposer sur I_{US1}).

Φ_{US1} et Φ_{IRM} sont les structures hyper-échogènes extraites respectivement de I_{US1} et I_{IRM}

$$\Phi_{US1} : D_{\Phi_{US1}} \rightarrow R$$

$$\Phi_{IRM} : D_{\Phi_{IRM}} \rightarrow R$$

Où $D_{\Phi_{US1}}$ et $D_{\Phi_{IRM}}$ sont respectivement les domaines (les supports) de définition de Φ_{US1} et Φ_{IRM} . Ce sont des sous-ensembles de \mathbf{Z}^3 dans notre cas.

Soit $X = (x, y, z) \in D_{\Phi_{US1}}$, les voxels constituant les structures hyper-échogènes Φ_{US1} de I_{US1} .

L'algorithme de Coupé consiste à estimer une transformation rigide optimale \hat{T} tel que :

$$\hat{T} = \underset{T \in \mathcal{T}}{\arg \max} \sum_{i=1}^n P_T (X \in D_{\Phi_{US1}}, T(X) \in D_{\Phi_{IRM}}) \quad (4.2)$$

Où : P_T est la probabilité conjointe pour qu'un voxel X appartient à une structure hyper-échogène de I_{US1} et son correspondant par la transformation T appartiendra aussi à une structure hyper-échogène dans I_{IRM} (dans le sens de l'image échographique).

et n est le nombre des voxels constituant $D_{\Phi_{US1}}$.

Figure 4.7 montre le résultat de recalage rigide US / IRM par l'algorithme à fonction probabiliste de Coupé [202] sur des images du cerveau.

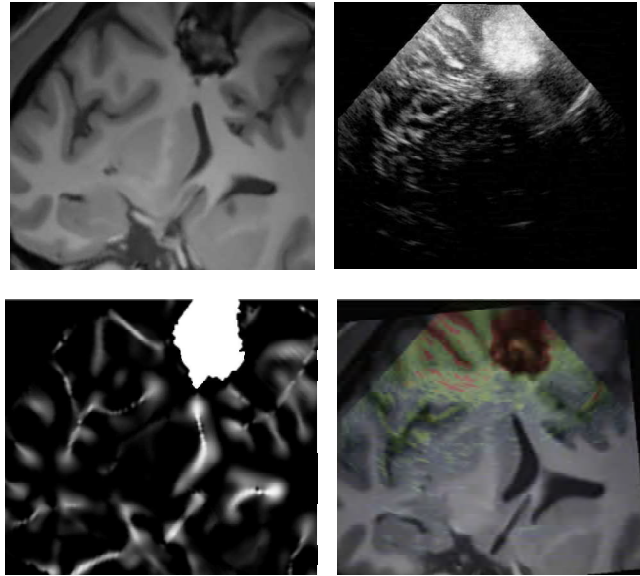


Figure 4.7 - Résultat fourni par l'algorithme de recalage rigide à fonction probabiliste. Haut : 1-Gauche : Image IRM du cerveau, 2-Droite : US per-opérateur image de cerveau. Bas : 1-Gauche : extraction des structures hyper-échogène de l'image IRM par l'opérateur $Mlvv$. 2-Droite : Résultat de recalage rigide par l'algorithme à fonction probabiliste de Coupé. Prise de Coupé [202].

Coupé montre que son algorithme de recalage rigide à fonction probabiliste prend moins de 2 minutes, en s'exécutant sur des images IRM 3D et US 3D du cerveau.

En utilisant comme *input* à l'algorithme de recalage rigide l'image IRM 3D du cœur isolé de projet Asclepios de l'INRIA (section 4.2.1.1.A) et l'image US 3D prise de la collection de S. Barré (section 4.2.1.1.B) (cette dernière représente le référentiel du patient sur table d'intervention), nous obtenons le résultat suivant :

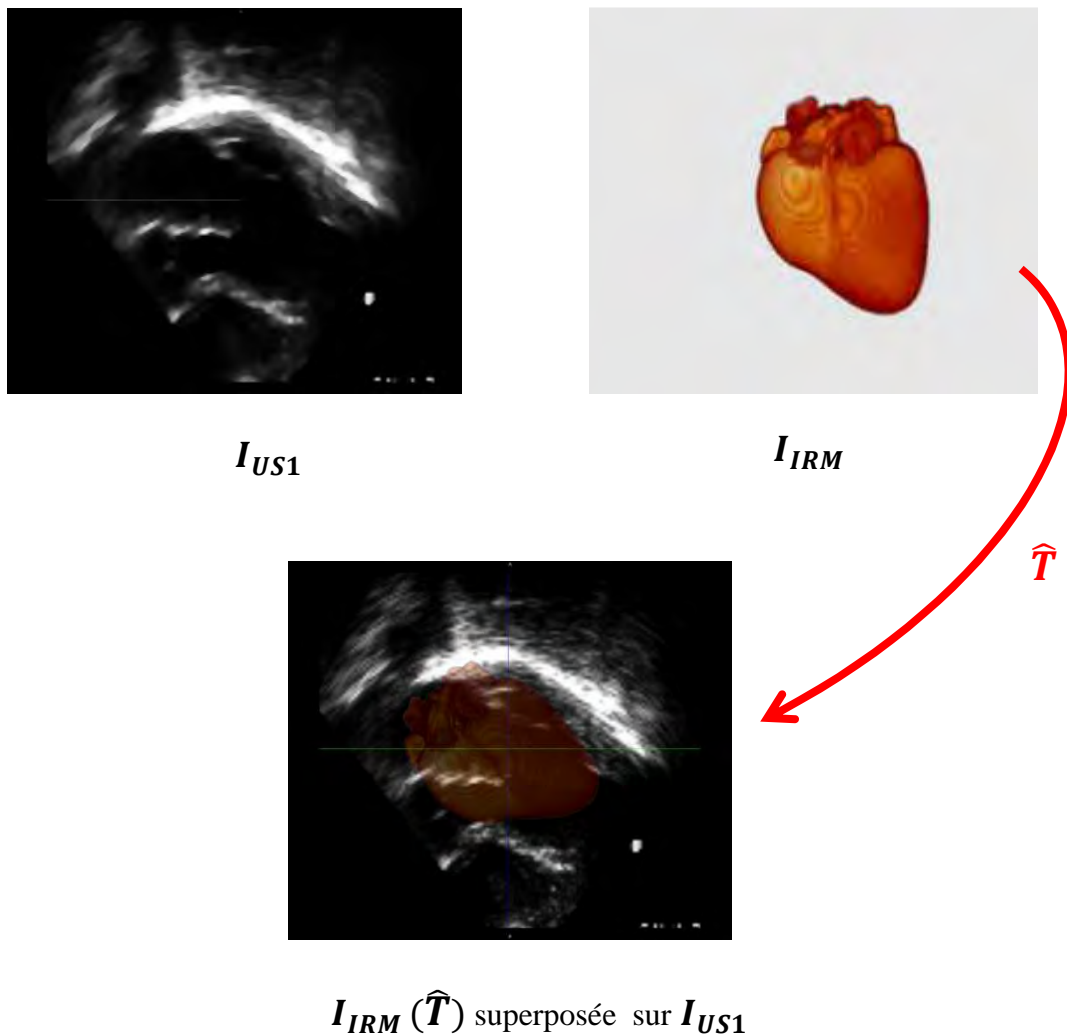


Figure 4.8 - Recalage rigide. Haut : 1-Gauche : image US 3D (I_{US1}). 2-Droite : image IRM 3D du cœur avant recalage (I_{IRM}). Bas : résultat de recalage rigide par \hat{T} (rotation + translation).

La transformation rigide \hat{T} , en alignant l'image IRM 3D initiale (I_{IRM}) sur la première image US 3D acquise en per-opérateur avant l'ouverture (I_{US1}), elle fait superposer en effet l'image I_{IRM} sur le cœur battant du patient sur table d'interventions, qui est la finalité de cette étape de recalage rigide.

C'est cette image $I_{IRM}(\hat{T})$ qui sera déformée localement durant la phase per-opérateur proprement-dit pour s'adapter avec les images US 3D per-opératoires (dont la fréquence d'acquisition dépend de type et de l'étape de l'intervention). En d'autres termes, l'image $I_{IRM}(\hat{T})$ va suivre les déformations locales pouvant apparaître sur le cœur battant durant

l'intervention, ces dernières sont captées par une séquence des images US 3D per-opératoires. Ce suivi sera réalisé à l'aide de modèle bio-mécanique construit à partir de l'image $I_{IRM}(\hat{T})$, dont nous détaillerons dans la section suivante le processus de construction.

4.2.1.4 Construction du modèle bio-mécanique statique spécifique pour le cœur du patient

A partir de l'image $I_{IRM}(\hat{T})$, qui est une image IRM 3D résultante du processus de recalage rigide précédent, nous construisons le modèle bio-mécanique à utiliser dans le processus de recalage non-linéaire durant la phase per-opératoire. Pour des raisons de simplification et comme un travail préliminaire, nous choisissons de réaliser notre algorithme de recalage par un modèle statique et non pas par un modèle dynamique. Il s'agit d'un modèle bio-mécanique statique du cœur, de deuxième génération, en phase MD (mid-diastole) du cycle cardiaque (pour les raisons citées dans la phase d'acquisition des images), sous forme d'un maillage tétraédrique volumique intégrant les propriétés mécaniques du myocarde. Nous suivons donc les étapes de modélisation cardiaque détaillées dans la section 2.3 sans passer par l'étape de modélisation électrique.

A. Création du maillage tétraédrique

La plupart des techniques de construction des maillages existantes dans la littérature s'opèrent sur des images binaires, où les objets contenus dans l'image sont segmentés. Il existe deux stratégies fondamentales pour créer un maillage à partir d'une image binaire (Fedorov [273]) :

- 1- Extraire les surfaces des objets contenus dans l'image, puis créer le maillage à partir de ces surfaces. Clatz [274] et Sermesant [146, 167] ont utilisé cette stratégie pour délivrer respectivement leurs modèles bio-mécaniques du cerveau et du cœur.
- 2- Créer le maillage directement à partir de l'image binaire. Fedorov [275] évalue trois approches différentes de discrétisation suivant cette stratégie pour une application de recalage par modèle déformable, et dans le même cadre il propose un générateur adaptatif des maillages (Fedorov [276]).

Le lecteur intéressé peut se référer à Owen [277] où une revue des techniques classiques de construction des maillages est exposée.

En effet, la deuxième stratégie est meilleure car le maillage est créé automatiquement et directement sans besoin d'un autre software pour extraire les surfaces. Nous avons

contacté Dr. Fedorov²³ pour avoir la permission pour utiliser son générateur adaptatif de maillage (Fedorov [276]) disponible sur le web²⁴, et il nous a même donné des orientations globales en comment l'utiliser, mais ça nécessite plusieurs adaptations pour qu'il marche avec notre application. Pour cette raison et vue la limite de temps, nous avons tourné à la première stratégie car on dispose pour chaque étape d'outils génériques dédiés, notamment dans les bibliothèques open source ITK²² et VTK²⁵.

Ainsi, le maillage est construit à partir de $I_{IRM}(\hat{T})$ suivant les étapes décrites dans la (section 2.3.1) :

- Segmentation du myocarde par un seuillage binaire de l'image $I_{IRM}(\hat{T})$ (**Figure 4.10**).
- Opérations de morphologie mathématique pour obtenir une seule région connexe lisse.
- Génération de surfaces triangulée du myocarde par l'algorithme « *marching-cubes* » (**Figure 4.11**, **Figure 4.12**).
- Lissage et optimisation des surfaces triangulées.
- Création du maillage tétraédrique à partir des surfaces triangulées optimisées (**Figure 4.13**, **Figure 4.14**).

La bibliothèque ITK dispose d'outils performants pour réaliser les quatre premières étapes mais pas pour la dernière étape. Donc nous avons choisi un générateur des maillages tétraédriques à partir des surfaces triangulées ; c'est le logiciel open source **TetGen**²⁶.

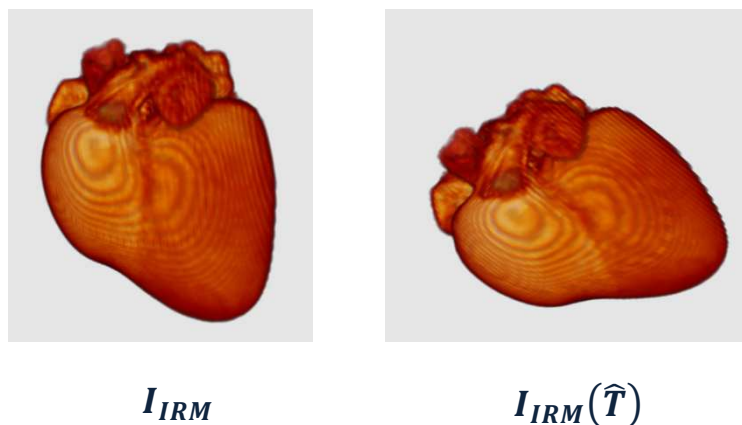


Figure 4.9 - Gauche : image IRM 3D du cœur avant recalage. Droite : la même image IRM 3D après recalage rigide (rotation + translation). Nous avons changé la couleur de $I_{IRM}(\hat{T})$ qui est en échelle de gris pour une meilleure visibilité de résultat de recalage.

²³ Chercheur en radiologie au niveau de *Brigham and Women's Hospital* (Harvard Medical School)

²⁴ <http://svn.na-mic.org/NAMICSandBox/trunk/TetrahedralMeshGeneration/>

²⁵ <http://www.vtk.org/>

²⁶ <http://tetgen.berlios.de/>



Figure 4.10 - Résultat de segmentation de $I_{IRM}(\hat{T})$ par seuillage binaire, suivie d'un lissage par des opérations de morphologie mathématique (attribution de couleur noire pour tous les voxels contenus dans la zone segmentée pour meilleure visibilité).

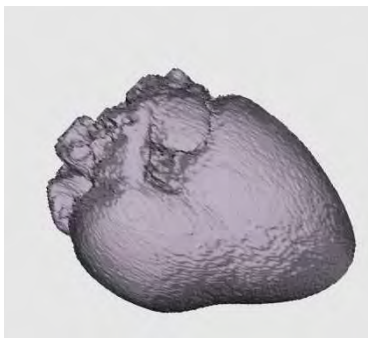


Figure 4.11 - Image volumique de surface triangulée du myocarde générée par l'algorithme « marching-cubes », après optimisation et lissage.

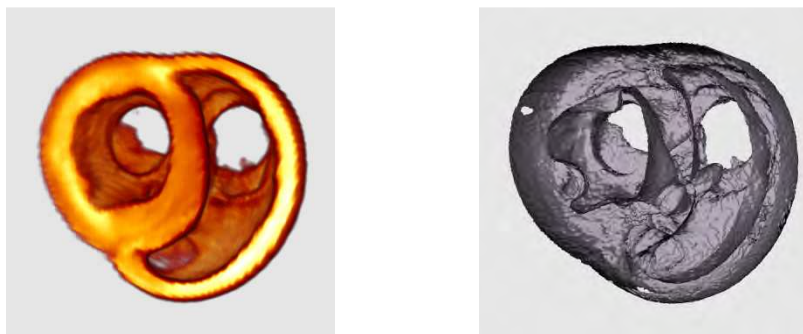


Figure 4.12 – Gauche : coupe axiale au niveau de l'image $I_{IRM}(\hat{T})$.
Droite : coupe axiale au niveau de son surface triangulée.

Nous avons entré la surface triangulée obtenue, comme *input* dans le logiciel **TetGen** pour obtenir en *output*, après désignation des paramètres, un maillage tétraédrique de grande taille, qui nécessite des post-traitements de lissage et d'optimisation et enlèvement des segments et des tétraèdres inutiles, pour qu'il soit convenable avec notre application. Pour ces raisons et vue la limite de temps, nous avons préféré remplacé ce maillage par le maillage tétraédrique de Sermesant [146, 167], disponible sur le site du projet Asclepios, sous le menu *Heart Data*²⁷, sous format .vtk, et ceci bien sur après avoir eu la permission de Dr. Sermesant.

Nous notons ce maillage tétraédrique initial obtenu directement à partir l'image $I_{IRM}(\hat{T})$ avant toute déformation par $\mathcal{M}_{initial}$.

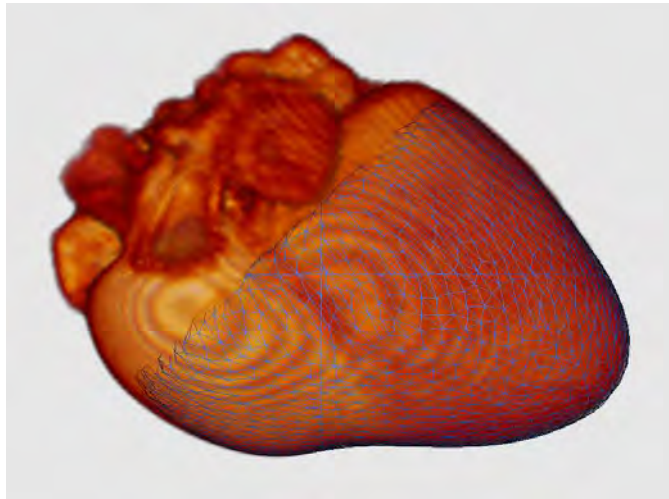


Figure 4.13 – L'image $I_{IRM}(\hat{T})$ supportée par le maillage tétraédrique $\square_{initial}$.

²⁷ <http://www-sop.inria.fr/asclepios/data/heart/index.php>

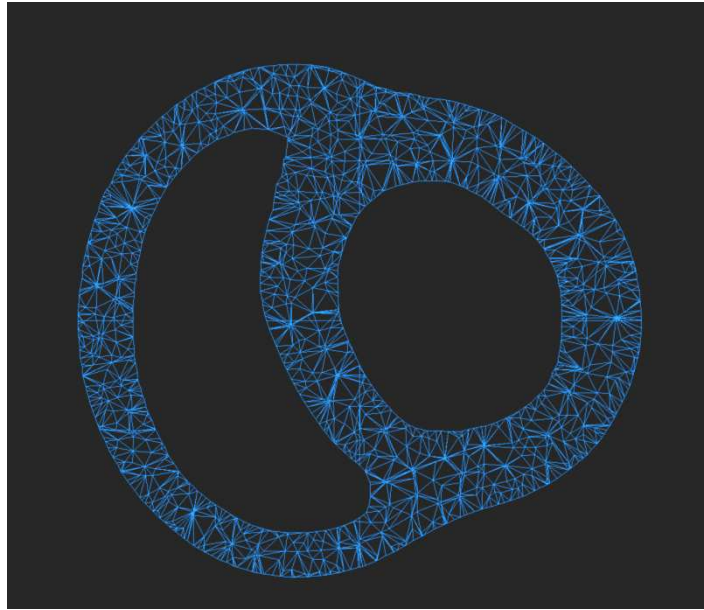


Figure 4.14 - Coupe axiale au niveau de maillage tétraédrique $\mathcal{M}_{initial}$.



Figure 4.15 - Tétraèdre isolé (l'élément le plus petit du maillage tétraédrique).

Enfin, c'est les nœuds de maillage $\mathcal{M}_{initial}$ qui vont être utilisés comme des *inputs* et manipulés durant le processus de recalage non-linéaire dans la phase per-opérateur, au lieu de manipuler directement les voxels de l'image $I_{IRM}(\hat{T})$. Le mouvement de ces nœuds sera régi par les lois visco-élastiques non-linéaires du tissu myocardique que nous modéliseront dans la section suivante.

Récapitulatif :

L'étape de construction du maillage transforme le domaine réel continu $D_{IRM}(\hat{T})$ de l'image $I_{IRM}(\hat{T})$ en un domaine discret d'éléments finis (tétraèdres) représenté par le maillage $\mathcal{M}_{initial}$ (le maillage obtenu avant toute déformation) :



Figure 4.16 - Schéma décrivant l'étape de construction du maillage

Le maillage $\mathcal{M}_{initial}$ est la structure de données sur laquelle notre algorithme va s'opérer, et au lieu de parcourir les points du domaine continu $D_{IRM}(\hat{T})$ durant le processus de recalage non-linéaire, il va parcourir les éléments du $\mathcal{M}_{initial}$ (tétraèdres) ainsi que leurs sommets.

Remarque :

- Nous ne prenons pas ici en considération les directions des fibres car il s'agit d'un modèle statique où ces données anatomiques ont peu d'influence sur le processus de recalage.
- Les structures anatomiques sont automatiquement attribuées au maillage à partir de l'image $I_{IRM}(\hat{T})$, car à la fin de construction du maillage, ces nœuds seront superposés sur les voxels de $I_{IRM}(\hat{T})$.

B. Modélisation du comportement mécanique du myocarde

Nous pouvons dire que notre contribution à-vrai-dire commence dans cette section. En effet, l'élaboration d'un modèle bio-mécanique spécifique du cœur du patient, à partir d'une image IRM 3D, où le caractère visco-élastique non-linéaire du myocarde est bien pris en compte en utilisant les formulations de MMT, constitue la première contribution dans ce travail.

Où réside l'innovation dans la première contribution?

Comme nous avons noté dans la section 2.1.4, le myocarde vivant exhibe selon les expériences *in vivo* le comportement d'un matériau **actif** de caractère **anisotropique, viscoélastique, non-linéaire**. Le myocarde en état de repos, c'est-à-dire en absence des forces contractiles, exhibe selon les expériences *in vitro* le comportement d'un matériau **passif** de caractère **anisotropique, viscoélastique, non-linéaire**. C'est ce dernier comportement passif que nous nous intéressons à intégrer dans notre modèle bio-mécanique, car il s'agit d'un modèle statique et non pas un modèle dynamique. Cela revient à enlever le composant actif dans le schéma du modèle rhéologie de Hill-Maxwell (section 2.3.3) comme montré dans **Figure 4.17** :

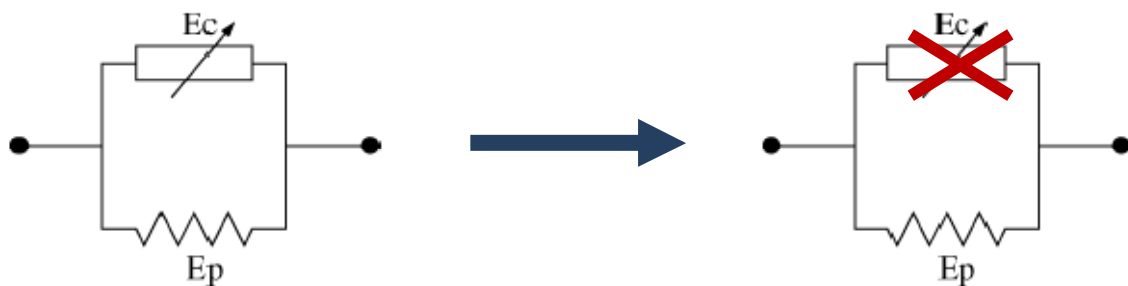


Figure 4.17 - Elimination du composant contractile du modèle de Hill-Maxwell. Ec : élément contractile, Ep : élément passif.

A notre connaissance, et après une recherche très exhaustive dans l'état de l'art, les modèles bio-mécaniques du cœur ainsi implémentés jusqu'à maintenant (voir section 2.3) sont en quasi-totalité basés sur la théorie d'élasticité linéaire, où le composant passif, qui correspond au myocarde en état de repos, est traité comme un matériau élastique linéaire. En effet, l'hypothèse d'élasticité linéaire a joué un grand rôle dans la simplification des calculs et la réduction de la charge calculatoire, notamment quand il s'agit d'appliquer ces modèles dans les domaines avec contraintes temporelles comme la chirurgie, mais les résultats qu'elle fournit sont moins précis et moins réalistes.

Même dans la MMC (mécanique des milieux continus) et loin de la modélisation des organes, la viscoélasticité non-linéaire constitue un grand défi à cause de la complexité de la relation contrainte-déformation, et à part une minorité des tentatives traitant les

modèles viscoélastiques non-linéaires, la majorité des modèles conçus sont viscoélastiques linéaires (voir section 3.1.10).

La première contribution est la conception d'un modèle bio-mécanique du cœur intégrant d'un côté le caractère visco-élastique non-linéaire du myocarde capable de reproduire avec une bonne précision le comportement réel du myocarde en temps-réel et en utilisant la formulation de MMT.

Durant ce travail, nous avons d'abord essayé d'inspirer de cette minorité des lois constitutives déjà élaborées dans la MMC, régissant la viscoélasticité non-linéaire (Schapery [249], Findley [250], Pioletti [251]), mais c'est avéré qu'elles nécessitent beaucoup de simplifications pour qu'elles soient adaptées aux applications *temps-réel* du fait de la complexité de ces lois. En plus « beaucoup de simplifications » nous font tomber sur des hypothèses donnant des résultats semblables ou même moins réalistes qu'avec l'hypothèse d'élasticité linéaire.

Alors, nous avons fait recours aux systèmes d'équations dédiés aux domaines applicatifs et créés par des chercheurs de ces domaines, notamment les domaines avec contrainte *temps-réel*, et qui n'ont pas fait naissance dans les laboratoires de la mécanique des MCs comme pour les lois constitutives classiques. Le MMT viscoélastique non-linéaire de Schwartz [154], conçu pour la simulation des procédures chirurgicales sur le foie, fait partie de ces rares systèmes.

Nous avons choisi donc d'inspirer de MMT viscoélastique non-linéaire de Schwartz la manière dont il a formulé la visco-élasticité et la non-linéarité tout en respectant les contraintes temporelles imposées par les applications chirurgicales. En effet, ce que nous intéresse plus spécifiquement dans le MMT de Schwartz est la méthode de calcul rapide des forces intérieures visco-élastique non-linéaire.

Pourquoi le MMT de Schwartz ?

Nous avons choisi le MMT de Schwartz du fait de ses points forts cités dans la section 3.3.6 :

- Il permet une représentation *continue* et *volumique* des tissus, ce qui est bien plus proche à la réalité physique.
- Il utilise un modèle *mécanique réaliste* basé sur les lois de la bio-mécanique, de l'élasticité linéaire à la visco-élasticité non-linéaire.
- Il offre une représentation *locale* des propriétés mécaniques d'où la possibilité de simuler l'hétérogénéité au sein des tissus (anisotrope), et la possibilité de *changements de topologie* (simulation des déchirures et des coupures).

- Il offre de *bonnes performances* en termes de temps de calcul (adapté aux applications *temps-réel*), tout en conservant la *flexibilité* nécessaire à la simulation des tissus vivants.

En effet, ces points forts répondent bien aux exigences de notre domaine applicatif qui est la chirurgie cardio-vasculaire, à savoir : **le réalisme** (prise en compte de continuité de la matière, du comportement bio-mécanique réel et de l'anisotropie, prise en charge des éventuelles déchirures et coupures organiques durant l'acte chirurgical) qui guide à une meilleure **précision**, et la faisabilité en **temps réel** (calculs rapides).

Dans ce qui suit, nous décrivons comment élaborer le système d'équations modélisant le caractère visco-élastique non-linéaire du myocarde en utilisant la méthode de Schwartz.

La fonction de forme :

Nous définissons d'abord **une fonction de forme** pour pouvoir calculer les **coordonnées barycentriques** $\alpha_0, \alpha_1, \alpha_2$ et α_3 d'un point quelconque $P = \begin{bmatrix} x \\ y \\ z \end{bmatrix}$ à l'intérieur du tétraèdre en fonction des positions des sommets P_0, P_1, P_2 et P_3 de ce tétraèdre (voir section 3.2.3.3) :

$$\alpha_i(P) = -\frac{1}{6V} m_i \cdot (P - P_{i+1}) \quad (4.3)$$

Où :

V est le volume du tétraèdre.

$m_j = \begin{bmatrix} m_{j,x} \\ m_{j,y} \\ m_{j,z} \end{bmatrix}$ est un vecteur dirigé vers l'extérieur du tétraèdre tel que :

$$m_0 = (P_2 - P_1) \wedge (P_3 - P_1) \quad (4.4)$$

$$m_1 = (P_2 - P_3) \wedge (P_0 - P_2) \quad (4.5)$$

$$m_2 = (P_0 - P_3) \wedge (P_1 - P_3) \quad (4.6)$$

$$m_3 = (P_0 - P_1) \wedge (P_0 - P_0) \quad (4.7)$$

Ces coordonnées barycentriques seront utilisées comme paramètres dans la fonction d'interpolation.

La fonction d'interpolation :

Puis, nous choisissons *une fonction d'interpolation linéaire* pour pouvoir estimer le déplacement d'un point quelconque $P = \begin{bmatrix} x \\ y \\ z \end{bmatrix}$ à l'intérieur du tétraèdre en fonction des déplacements des sommets P_0, P_1, P_2 et P_3 de ce tétraèdre, en utilisant les coordonnées barycentriques de P (voir section 3.2.3.4) :

$$\mathbf{u}(P) = \sum_{j=0}^3 \alpha_j(P) \mathbf{u}_j \tag{4.8}$$

Où :

$\mathbf{u}(P)$ est le vecteur de déplacement d'un point P situé à l'intérieur du tétraèdre considéré.

\mathbf{u}_j le vecteur de déplacement du sommet j du tétraèdre considéré.

La fonction d'interpolation sera utilisée dans la fin de la phase per-opérateur juste avant la visualisation. En effet, la résolution du système d'équations dynamiques ne nous fournira que les déplacements des nœuds du maillage et les déplacements de ceux des points situés à l'intérieur des tétraèdres seront interpolés à partir des déplacements des sommets du tétraèdre auquel ils appartiennent.

Expression de la force viscoélastique non-linéaire :

En utilisant le MMT de Schwartz [154], la force viscoélastique non-linéaire \mathbf{f}_i exercée sur un nœud i par le reste du maillage par la formule suivante:

$$\mathbf{f}_i = K_{ii} \mathbf{u}_i + K_{ii}^v \dot{\mathbf{u}}_i + \sum_{j \in N(i)} (K_{ij}^v \dot{\mathbf{u}}_j + K_{ij} \mathbf{u}_j) \tag{4.9}$$

Où :

\mathbf{u}_i le vecteur de déplacement du nœud i .

\mathbf{u}_j le vecteur de déplacement du nœud j adjacent au nœud i .

$\dot{\mathbf{u}}_i$ est le vecteur de vitesse sur le nœud i .

$\dot{\mathbf{u}}_j$ est le vecteur de vitesse sur le nœud j adjacent au nœud i .

K_{ii} désigne la somme des tenseurs de raideur non-linéaire $\mathbf{K}_{ii}^{T_k}$ associés aux tétraèdres T_k adjacents au nœud i , tel que :

$$\mathbf{K}_{ii}^{T_k'} = \mathbf{K}_{ii}^{T_k} + \delta\lambda \mathbf{A}_{ii}^{T_k} + \delta\mu \mathbf{B}_{ii}^{T_k}$$

\mathbf{K}_{ij} désigne la somme des tenseurs $\mathbf{K}_{ij}^{T_k}$ associés aux tétraèdre adjacents à l'arête (i, j) , tel que :

$$\mathbf{K}_{ij}^{T_k'} = \mathbf{K}_{ij}^{T_k} + \delta\lambda \mathbf{A}_{ij}^{T_k} + \delta\mu \mathbf{B}_{ij}^{T_k}$$

avec $\mathbf{K}_{ij}^{T_k} = \frac{1}{36V} (\lambda \mathbf{m}_i \mathbf{m}_j^T + \mu (\mathbf{m}_i \cdot \mathbf{m}_j) I_3 + \mu \mathbf{m}_j \mathbf{m}_i^T)$

λ et μ sont les coefficients de Lamé , et V est le volume du tétraèdre.

$\mathbf{m}_j \mathbf{m}_i^T$ est la transposée de la matrice $\mathbf{m}_j \mathbf{m}_i$, et I_3 est la matrice d'identité de dimension 3.

$\mathbf{A}_{ij}^{T_k}$ et $\mathbf{B}_{ij}^{T_k}$ sont les tenseurs de correction non-linéaire associés au tétraèdre T_k tel que :

$$A_{ij} = \frac{1}{36V} (\mathbf{m}_i \mathbf{m}_j^T)$$

$$B_{ij} = \frac{1}{36V} ((\mathbf{m}_i \cdot \mathbf{m}_j) I_3 + \mathbf{m}_j \mathbf{m}_i^T)$$

$\delta\lambda$ et $\delta\mu$ sont les correctifs non-linéaires correspondant à la déformation actuelle R du tétraèdre T_k , tel que :

$$R = \frac{12 (3V)^{2/3}}{\sum_{0 \leq i \leq j \leq 3} l_{ij}^2}$$

avec l_{ij} sont les longueurs des arêtes du tétraèdre et V est son volume.

\mathbf{K}_{ii}^v désigne la somme des tenseurs $\mathbf{K}_{ii}^{vT_k}$ associés aux tétraèdres adjacents au nœud i .

\mathbf{K}_{ij}^v désigne la somme des tenseurs $\mathbf{K}_{ij}^{vT_k}$ associés aux tétraèdres adjacents à l'arête (i, j) .

avec $\mathbf{K}_{ij}^{vT_k} = \frac{\eta}{72V} ((\mathbf{m}_i \cdot \mathbf{m}_j) I_3 + \mathbf{m}_j \mathbf{m}_i^T)$

$N(i)$ désigne l'ensemble des nœuds adjacents au nœud i .

Écriture de l'équation dynamique :

L'équation dynamique pour chaque nœud i a la forme lagrangienne suivante :

$$\rho_i \ddot{\mathbf{u}}_i = c_i \dot{\mathbf{u}}_i + \mathbf{f}_i \tag{4.10}$$

Où : ρ_i est la masse associé au nœud i .

c_i est le coefficient d'amortissement associé au nœud i .

Pour conclure sur l'étape de construction du modèle bio-mécanique :

Cette étape transforme le domaine réel continu $D_{IRM}(\hat{T})$ de l'image $I_{IRM}(\hat{T})$ en un domaine discret d'éléments finis (tétraèdres) représenté par un maillage tétraédrique $\mathcal{M}_{initial}$ (le maillage obtenu avant toute déformation) muni d'un système d'équations (fonction de forme, fonction d'interpolation, expression de la force viscoélastique non-linéaire et l'équation dynamique). On dit que l'image $I_{IRM}(\hat{T})$ est maintenant supportée par le domaine discret $\mathcal{M}_{initial}$ au lieu de domaine continu $D_{IRM}(\hat{T})$:

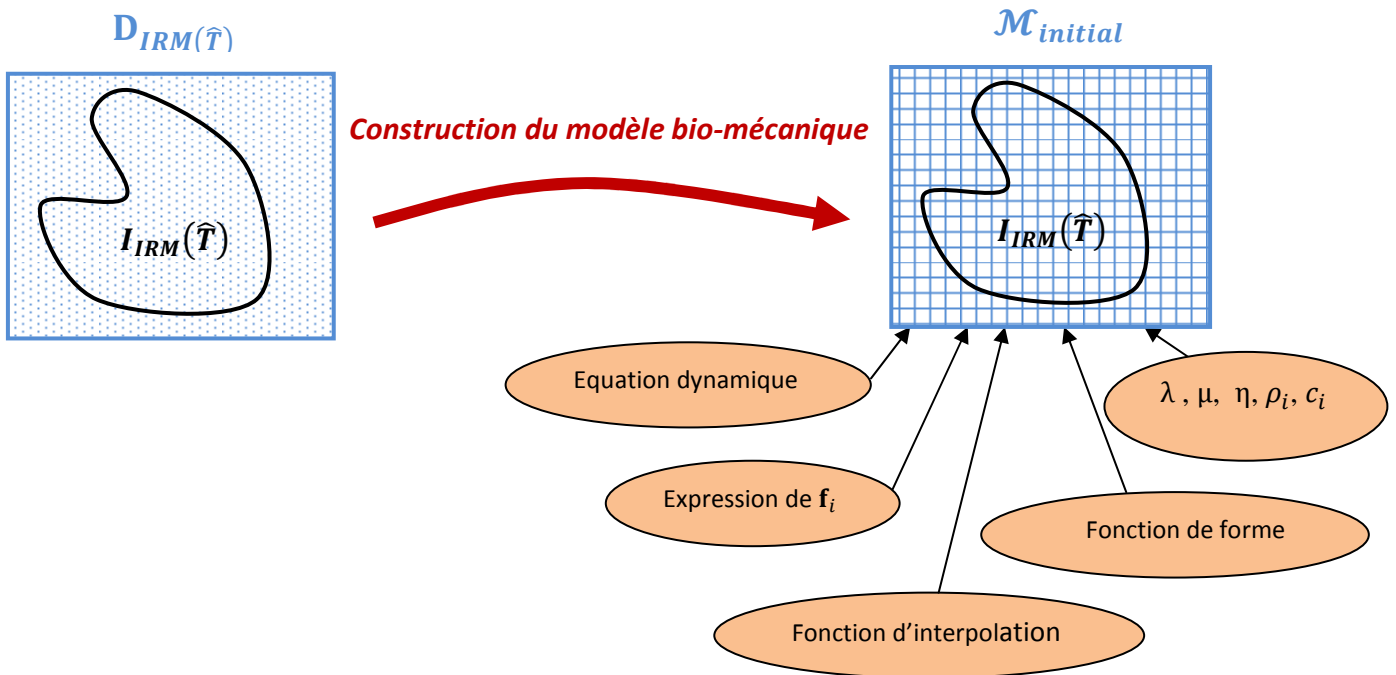


Figure 4.18 - Schéma décrivant le processus de construction du modèle bio-mécanique.

4.2.1.5 Etape de sélection des blocs / Algorithme de block-matching

En effet, la sélection des blocs est la première partie de l'algorithme de *block-matching*, et elle est à réaliser en pré-opérateur, alors que la deuxième partie de l'algorithme (*appariement des blocs*) devra s'exécuter après l'acquisition d'une image US 3D per-opérateur après l'ouverture.

En bref, l'algorithme de *block-matching*, ou encore appelé l'*algorithme d'appariement des régions*, est une méthode classique en vision par ordinateur, considérée la plus robuste et la plus populaire parmi les techniques d'estimation de mouvement et de compression vidéo (A. Jain [278], Bierling [279], Ghambari [280], Boreczky [281]). Ces dernières années, la stratégie de *block-matching* a commencé à tirer l'attention des chercheurs travaillant sur le domaine de recalage (Ourselin [282, 283, 284, 285], Prima [286], Clatz [2], Sermesant [265], Rexilius [287], Ruiz-Alzola [288], Collins [289], Gaens [290], Maintz [291]). En effet, le *block-matching* constitue un cas particulier des approches iconiques, certains auteurs préfèrent le classer comme une approche hybride (entre géométrique et iconique). Il repose sur l'hypothèse que la transformation (linéaire ou non-linéaire) peut être approximée localement par des translations. Il consiste à sélectionner un ensemble de blocs contenant de l'information pertinente dans l'image destination (*étape de sélection des blocs*), puis pour chacun de ces blocs on cherche dans l'image référence le bloc qui correspond bien à lui dans le sens d'une certaine mesure de similarité locale (*étape d'appariement des blocs*) et on calcule le déplacement que doit faire le bloc dans l'image destination pour se superposer sur son correspondant sur l'image référence. A la fin de cette opération, on obtient un champ des déplacements éparés entre les deux images référence et destination. Dans un processus de recalage linéaire, une transformation paramétrique linéaire recalant l'image destination sur l'image référence sera calculée par minimisation des distances entre les centres des blocs appariés comme dans Ourselin [282] pour le recalage rigide multi-modal, Ourselin [283] pour le recalage rigide des coupes histologiques, et dans Ourselin [284] et Prima [286] pour le calcul du plan médian sagittal du cerveau. Alors que dans un recalage par modèle déformable, le champ des déplacements éparés résultant sera par la suite régularisé par les forces intérieures sous-jacentes au modèle choisi (élastiques, visqueuses, viscoélastiquesetc) pour pouvoir inférer la déformation totale du modèle permettant de recalculer l'image destination sur l'image référence comme dans Clatz [2] et Sermesant [265].

A notre connaissance, Clatz [2] et Sermesant [265] sont les premiers et les seuls qui ont utilisé le *block-matching* dans un processus de *recalage* par *modèle bio-mécanique*. Les travaux suscités portent tous sur le recalage *per-opérateur mono-modal IRM 3D per-op / IRM 3D post-op* dans le domaine de la *neurochirurgie*.

Sermesant [265] utilise la version parallélisée de l'algorithme de *block-matching* pour calculer *les forces extérieures* (proportionnelles aux distances calculés entre les blocs

appariés deux-à-deux) qui servent à déformer en per-opérateur un maillage volumique du cerveau muni des propriétés mécaniques *élastiques linéaires*. Il adopte *CC* (le coefficient de corrélation) comme mesure locale de similarité.

Clatz [2] utilise aussi la version parallélisée de l'algorithme de *block-matching* pour estimer *un champ des déplacements initial épars*, puis il applique ces déplacements comme conditions aux limites au modèle bio-mécanique du cerveau pour calculer les déplacements des structures internes recalant ainsi l'image IRM 3D pré-opérateur sur l'image IRM 3D per-opérateur. Le modèle bio-mécanique utilisé est fondé aussi sur l'hypothèse d'*élasticité linéaire* et la mesure locale de similarité adoptée est le *CC* (coefficient de corrélation). La particularité dans l'algorithme de Clatz [2] est qu'il exploite à la fois les deux formulations classiques du problème de recalage ; l'*approximation* et l'*interpolation* dans la finalité d'augmenter la robustesse et la précision.

Notre deuxième contribution consiste à intégrer dans une plateforme *parallèle* l'algorithme de *block-matching* avec *le modèle bio-mécanique visco-élastique non-linéaire* décrit précédemment afin de réaliser un *recalage per-opérateur multi-modal (IRM 3D pré-op/US 3D per-op)*. La mesure de similarité locale que nous adoptons est l'*IM* (information mutuelle) car elle est la plus adaptée en inter-modalités.

Pourquoi l'algorithme de block-matching ??

L'algorithme de *block-matching* supporte différentes mesures de similarité iconiques (CC, MI, SDA, SDC..) d'où son intérêt pour le recalage multi-modal. Cet algorithme autorise l'estimation des déformations complexes à l'intérieur de l'objet contrairement aux approches surfaciques où le champ des déplacements est inféré dans sa totalité à partir de celui des surfaces. Ceci augmente la précision de recalage partout dans l'image et la rend indépendante de la précision de la phase de segmentation des surfaces. En plus, les déformations calculées sont plus proches des déformations réelles que lors d'une recherche classique de contour, car les forces extérieures appliquées sont dirigées vers l'appariement trouvé et non pas suivant la normale (Serresant [265]). La nature de *block-matching* le rend facilement parallélisable sur une simple architecture parallèle et sans beaucoup de changements dans son corps et sans altérer ses performances, et ainsi il a bénéficié de plusieurs tentatives de parallélisation (Ourselin [285], Chrisochoïdes [292]).

Pour tous les raisons suscitées, nous avons choisi l'algorithme de *block-matching* pour estimer *un champ des déplacements épars* entre l'image $I_{IRM}(\hat{T})$ (supportée par le maillage $\mathcal{M}_{initial}$) et une image US 3D per-opérateur acquise après l'ouverture, et que nous notons I_{US2} . Ce champ sera appliqué comme conditions aux limites et/ou conditions initiales (\mathbf{u}_{Impos}) pour déclencher et résoudre le système d'équations élaboré dans l'étape de construction du modèle bio-mécanique.

La stratégie de sélection des blocs :

Certaines approches de recalage par *block-matching* procèdent à un découpage uniforme de l'image destination, c'est-à-dire un ensemble de blocs de même taille et régulièrement espacés. Mais cette méthode de sélection ne tient pas compte de la distribution de l'information dans l'image, et on peut avoir des appariements non pertinents qui influencent la convergence du système ultérieurement. En effet, la pertinence d'un déplacement estimé par l'algorithme de *block-matching* dépend de l'existence des structures discriminantes dans ce bloc (Clatz [2]). Un bloc d'intensité homogène (blanc par exemple) dans $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$ aura plusieurs blocs similaires dans I_{US2} , et donc sa capacité discriminative est plus faible qu'un bloc centré sur le contour.

Nous utilisons ici **la variance locale** des blocs pour mesurer leur pertinence, et nous sélectionnons une fraction de tous les blocs candidats dans $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$ en se basant sur ce critère. Les blocs sélectionnés, notés $B(O_k)$ seront désignés par leurs centres O_k , et stockés dans un ensemble que nous notons Σ_{blocs} .

Les blocs sélectionnés doivent avoir des centres correspondant à des nœuds dans le maillage $\mathcal{M}_{initial}$ (pas tous les voxels de $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$ correspondent à des nœuds dans $\mathcal{M}_{initial}$), car dans l'étape d'appariement des blocs un déplacement trouvé entre le centre d'un bloc $B(O_k)$ et son bloc apparié sera appliqué ultérieurement sur le nœud superposé sur O_k . Pour une meilleure précision, tous les nœuds de la surface du maillage $\mathcal{M}_{initial}$ sont inclus dans Σ_{blocs} .

Inputs

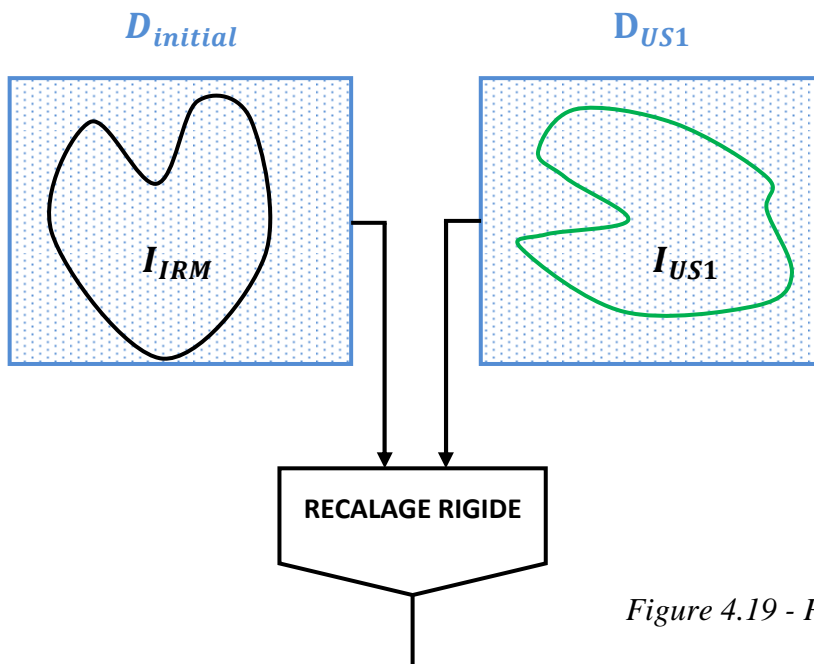
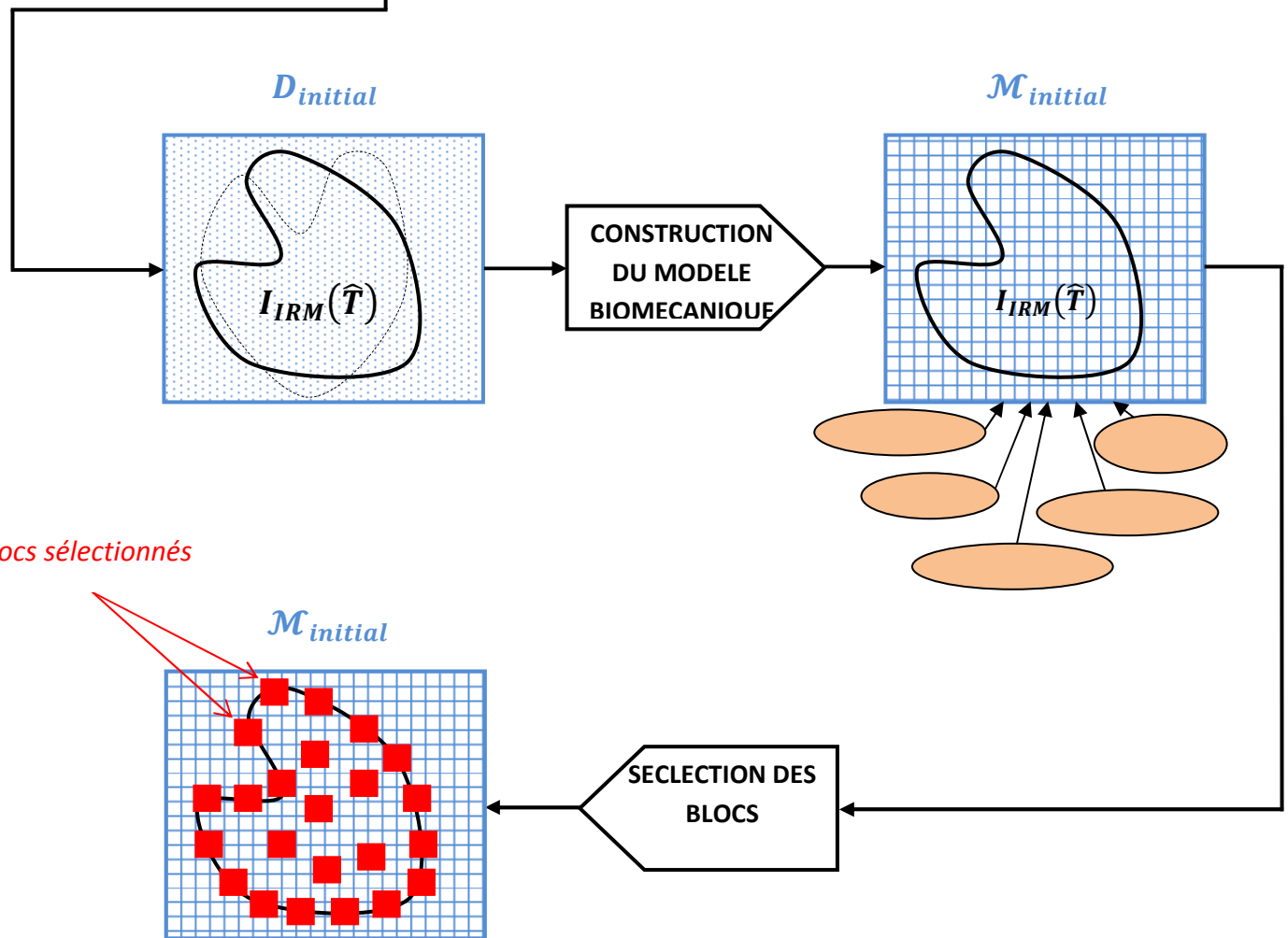


Figure 4.19 - Pipeline de la phase pré-opératoire.



Outputs

A la fin de cette phase pré-opérateur, notre algorithme utilise ces *outputs* pour réaliser les pré-calculs nécessaire à la phase per-opérateur : lecture du maillage tétraédrique $\mathcal{M}_{initial}$ et enregistrement des adjacences, lecture des propriétés bio-mécaniques : coefficients de Lamé λ et μ , et la viscosité η , ainsi que le coefficient d'amortissement c_i et la masse ρ_i désignée pour chaque nœuds i (ces paramètres sont issus des données expérimentales sur le tissu myocardique). Puis, il les utilise pour calculer les matrices $\mathbf{K}_{ij}^{T_k}$, $\mathbf{K}_{ij}^{vT_k}$, $\mathbf{A}_{ij}^{T_k}$ et $\mathbf{B}_{ij}^{T_k}$ pour chacun des nœuds i de chaque tétraèdre T_k .

Pré-calculs

$\mathcal{M}_{initial}$, Σ_{blocs}

Lire le maillage $\mathcal{M}_{initial}$, enregistrer les adjacences

Lire λ , μ et η , c_i et ρ_i

Calculer $\mathbf{K}_{ij}^{T_k}$, $\mathbf{K}_{ij}^{vT_k}$, $\mathbf{A}_{ij}^{T_k}$ et $\mathbf{B}_{ij}^{T_k}$ pour chacun des nœuds i de chaque tétraèdre T_k .

Figure 4.20 - Pré-calculs à utiliser dans la phase per-opérateur.

Le déclenchement du système sera fait dans la phase per-opérateur par le champ des déplacements épars qui résultera de l'algorithme de *block-matching* que nous détaillerons dans la section 4.2.2.3.

4.2.2 Phase per-opérateur

La phase per-opérateur commence à l'ouverture pour débiter effectivement l'acte chirurgical proprement dit. C'est la phase la plus intéressante dans toute application chirurgicale, car c'est là où la contrainte *temps-réel* est vraiment imposée. En effet, les tentatives d'accélération porte sur les calculs devant réaliser durant cette phase.

En ce qui suit, nous détaillerons les différentes étapes de cette phase en considérant un déroulement séquentielle des calculs. Dans la section 4.3 nous aborderons la procédure de parallélisation des ces différentes étapes.

4.2.2.1 Acquisition d'une image US 3D per-opérateur après l'ouverture

De la même manière que pour l'image US 3D initiale, les images US 3D per-opérateurs sont acquises en MD après l'ouverture. La fréquence de leur acquisition dépend de type de l'intervention et de la tâche à effectuer au sein de l'intervention elle-même. On peut fixer une fréquence d'acquisition constante (chaque 15 minute par exemple), ou laisser ça à la demande de chirurgien. Comme on peut monter l'échographe de telle sorte qu'il fournit des séquences continues en *temps-réel* durant toute la phase per-opérateur, et quand le chirurgien aura besoin dans une étape particulière de l'intervention d'augmenter l'image US par l'image IRM 3D pré-opérateur pour une meilleure visibilité et une meilleure détermination des structures anatomiques, il suffit de fixer l'échographe en MD puis recalculer l'image fixée sur l'image IRM 3D.

A défaut d'une image US 3D per-opérateur pour le même patient dont l'image US 3D initiale prise de la collection de S. Barré, nous utilisons cette même image US 3D comme image per-opérateur dans le processus de recalage par modèle bio-mécanique.

4.2.2.2 Prétraitement de l'image US 3D per-opérateur par diffusion anisotrope

Le filtrage par diffusion anisotrope des images US 3D est plus nécessaire dans cette phase que dans l'étape de recalage rigide.

Le fait qu'une bonne proportion des blocs sélectionnés couvre la surface du maillage (la surface du maillage correspond aux contours du cœur dans l'image IRM 3D), rend nécessaire l'élimination des bruits et surtout le rehaussement des contours dans l'image US 3D. Cela est obtenu par la diffusion anisotrope.

Le temps que prend le filtrage par diffusion anisotrope est proportionnel au nombre d'itérations, mais plus que le nombre d'itérations est augmenté, plus les résultats sont meilleurs (voir section 4.2.1.2).

4.2.2.3 Appariement des blocs

Soit les deux images 3D $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$ (supportée par le maillage $\mathcal{M}_{initial}$) et I_{US2} , Σ_{blocs} est l'ensemble des blocs sélectionnés $B(O_k)$ dans $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$.

La stratégie d'appariement des blocs consiste à rechercher les meilleurs correspondants dans l'image I_{US2} de l'ensemble des blocs Σ_{blocs} de l'image $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$.

Cela revient à trouver pour chaque bloc $B(O_k)$ de Σ_{blocs} la position O_k' dans l'image I_{US2} qui maximise une mesure de similarité entre $B(O_k)$ dans l'image $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$ et le bloc de centre O_k' dans l'image I_{US2} , dans notre cas la mesure de similarité adoptée est l'**IM** :

$$O_k' = \underset{O'}{\mathbf{arg\ max}} [\mathbf{IM}(B(O_k), B(O_k'))] \quad (4.11)$$

Tel que :

$$\mathbf{IM}(B(O_k), B(O_k')) = - \sum_{i,j} P(i, j) \log \frac{P(i, j)}{P(i)P(j)} \quad (4.12)$$

Où : $P(i, j)$ est la probabilité conjointe pour qu'un voxel de coordonnées (x, y, z) a l'intensité i dans $B(O_k)$ et l'intensité j dans $B(O_k')$.

$P(i)$ est la fréquence des voxels ayant l'intensité i dans $B(O_k')$.

$P(j)$ est la fréquence des voxels ayant l'intensité j dans $B(O_k')$.

On doit déterminer deux paramètres pour réaliser l'appariement des blocs : la taille de voisinage de recherche et le pas de recherche.

La taille de voisinage de recherche :

En effet, la recherche de centre O_k' se fait au voisinage d'un point de I_{US2} qui a les mêmes coordonnées que le centre O_k de $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$. On définit le paramètre \mathcal{U} comme le rayon du voisinage de recherche tel que $\mathcal{U} = (2\mathcal{U}_x, 2\mathcal{U}_y, 2\mathcal{U}_z)$. Donc pour un bloc $B(O_k)$ de $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$, on cherche son correspondant $B(O_k')$ dans un voisinage \mathcal{U} de O_k dans I_{US2} .

Le pas de recherche :

Le pas de recherche désigne, pour un centre de bloc O_k , la distance dans le voisinage de recherche \mathcal{U} , entre de le voxel testé actuellement et le voxel à tester dans l'étape suivante de recherche de centre O_k' . On le note par $\mathbf{q} = (q_x, q_y, q_z)$. On parle de recherche exhaustive dans le voisinage quand $\mathbf{q} = (1,1,1)$, c'est-à-dire l'algorithme explore toutes les positions en coordonnées entières dans \mathcal{U} .

La taille de voisinage \mathcal{U} et le pas de recherche \mathbf{q} sont des distances en voxels, donc ils sont toujours des entiers.

Pour garantir la convergence de notre algorithme, nous adoptons une recherche exhaustive ($\mathbf{q} = (1,1,1)$).

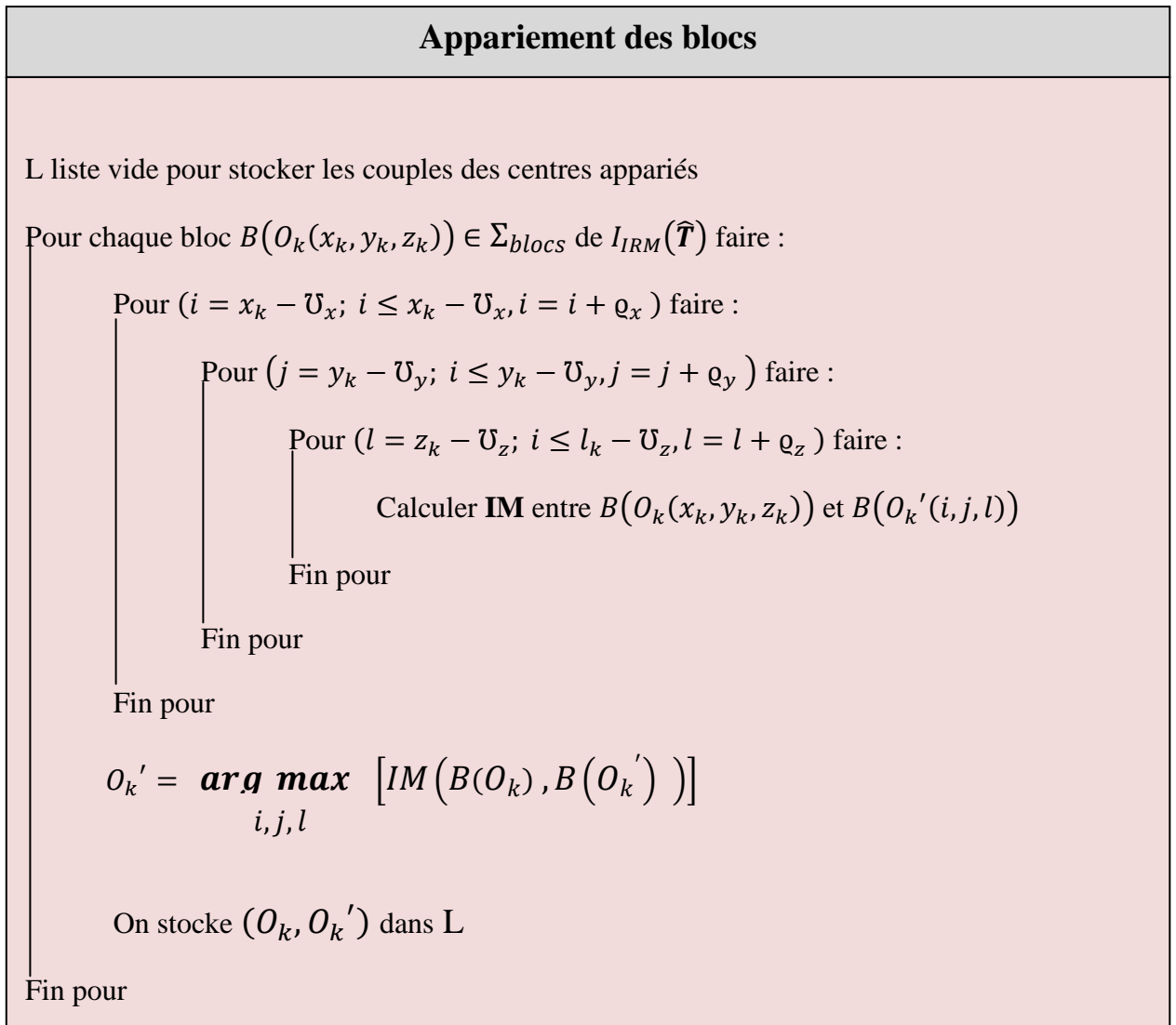


Figure 4.21 - L'algorithme d'appariement des blocs.

A la fin de cette opération, nous obtenons un ensemble de couples de blocs appariés sous forme de couples de points (O_k, O_k') .

C'est cet ensemble de couples des points qui définira le champ des déplacements épars entre les deux images $I_{IRM}(\hat{T})$ et I_{US2} .

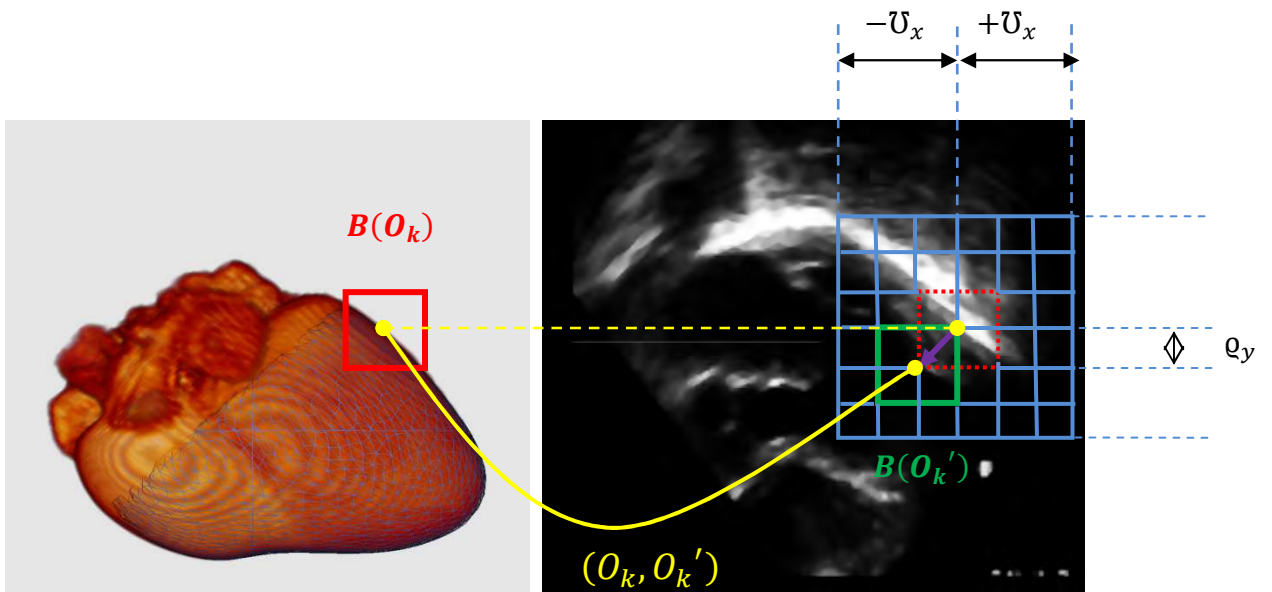


Figure 4.22 - Illustration de la stratégie d'appariements des blocs. Gauche : $I_{IRM}(\hat{T})$ (supportée par $\mathcal{M}_{initial}$) avec un bloc sélectionné $B(O_k)$, droite : I_{US2} (per-opérateur). Avec un voisinage $\bar{U} = (2\bar{U}_x, 2\bar{U}_y, 2\bar{U}_z)$ et un pas $q = (q_x, q_y, q_z)$, $B(O_k)$ (rouge) et $B(O_k')$ (vert) sont appariés.

4.2.2.4 Résolution du système d'équations dynamiques

En ce stade, le problème de recalage se résume à la résolution du système d'équations élaboré à l'étape de construction du modèle bio-mécanique du cœur, sous la contrainte de champ des déplacements épars obtenu à l'étape d'appariement des blocs. En d'autres termes, le champ des déplacements épars sera utilisé pour déclencher la dynamique du modèle bio-mécanique, dont la résolution de système d'équations sous-jacent fournira à sa convergence un champ des déplacements dense pour tous les nœuds du maillage.

La **résolution numérique** du système se fait d'une manière **itérative** (chaque itération correspond à un pas temporel) et **locale** (pour chaque nœud de maillage) :

Soit $t = 0$ l'instant de départ et Δt le pas temporel considéré, la procédure d'intégration temporelle numérique consiste à calculer une séquence de solutions approximatives pour les instants $t = t + \Delta t$ (c'est-à-dire Δt , $2\Delta t$, $3\Delta t$,).

Nous utilisons, pour discrétiser $\dot{\mathbf{u}}_i(t)$ et $\ddot{\mathbf{u}}_i(t)$, le schéma d'intégration temporelle numérique explicite d'Euler, car c'est le plus simple et le plus rapide et il permet des pas temporels petits:

$$\dot{\mathbf{u}}_i(t) = \frac{1}{\Delta t} (\mathbf{u}_i(t + \Delta t) - \mathbf{u}_i(t)) \quad (4.13)$$

$$\ddot{\mathbf{u}}_i(t) = \frac{1}{\Delta t^2} (\mathbf{u}_i(t + \Delta t) - 2\mathbf{u}_i(t) + \mathbf{u}_i(t - \Delta t)) \quad (4.14)$$

Ainsi, l'équation dynamique pour chaque nœud i sous forme **différentielle non-linéaire** (équation (4.10)) suivante :

$$\rho_i \ddot{\mathbf{u}}_i = c_i \dot{\mathbf{u}}_i + \mathbf{f}_i$$

se transforme à **une séquence temporelle d'équations linéaires** pour chaque pas Δt :

$$\mathbf{u}_i(t + \Delta t) = \frac{1}{\rho_i + c_i \Delta t} (\Delta t^2 \mathbf{f}_i(t) + (2\rho_i + c_i \Delta t) \mathbf{u}_i(t) - \rho_i \mathbf{u}_i(t - \Delta t)) \quad (4.15)$$

La résolution du système d'équations dynamique utilise les pré-calculs réalisés dans la phase pré-opérateur (les matrices $\mathbf{K}_{ij}^{T_k}$, $\mathbf{K}_{ij}^v^{T_k}$, $\mathbf{A}_{ij}^{T_k}$ et $\mathbf{B}_{ij}^{T_k}$ pour chacun des nœuds i de chaque tétraèdre T_k) (**Figure 4.20**).

Séquence des tâches pour la résolution du système d'équations dynamique :

1. Dès que l'étape d'appariement délivre l'ensemble de couples (O_k, O_k') , l'algorithme entame une étape de **désignation des conditions initiales et les conditions aux limites (Figure 4.23)**. En effet, pour chaque système d'équations différentielles dynamiques, il faut préciser :

- *Les conditions initiales* : sont les valeurs de force et/ou de déplacement et/ou de vitesse à l'instant $(t = 0)$ pour un certain nombre des nœuds.

Dans notre cas, l'algorithme initialise le déplacement \mathbf{u}_i de chaque nœud i correspondant à un centre d'un bloc $B(O_k)$ par le vecteur (O_k, O_k') . Les déplacements pour le reste des nœuds sont initialisés à 0.

- *Les conditions aux limites* : sont les valeurs de force et/ou de déplacement et/ou de vitesse à l'instant $(t \rightarrow T)$ pour un certain nombre des nœuds. Où T peut être égale à $+\infty$, ou sous forme d'une constante avec l'intervalle de $t = 0$ à $t = T$ est la période durant laquelle on veut calculer l'évolution dynamique de système. En effet, calculer l'évolution du système pour $(t \rightarrow +\infty)$ revient à laisser le système évoluer spontanément sous les conditions initiales jusqu'à l'arrêt à la convergence.

Dans notre cas, le déplacement $\mathbf{u}_i(t \rightarrow +\infty)$ d'un nœud i est fixé à (O_k, O_k') , tel que le nœud i correspond à un centre d'un bloc $B(O_k)$ situé sur la surface du maillage, au vecteur. En d'autres termes, nous ne désirons pas que les déplacements (obtenus initialement par appariements), qui ramènent les centres des blocs situés sur les lignes des contours dans $I_{IRM}(\hat{T})$ à ceux situés sur les lignes des contours dans I_{US2} , s'altèrent au cours de l'évolution de système. C'est un moyen de contraindre la déformation des structures internes à la convergence.

2. Après la désignation des conditions initiales et les conditions aux limites, l'algorithme entre dans la boucle de résolution itérative et locale du système d'équations dynamiques (Figure 4.24): pour chaque pas temporel Δt et pour chaque nœud i du maillage $\mathcal{M}_{initial}$ deux tâches s'alternent :

- Calcul de la force visco-élastique non-linéaire $\mathbf{f}_i(t)$ à l'instant t conforme à l'expression (4.9). Figure 4.25 décrit la méthode calcul de $\mathbf{f}_i(t)$.
- Calcul de déplacement du nœud i à l'insant suivant $\mathbf{u}_i(t + \Delta t)$ conforme à l'équation linéaire (4.15), après avoir remplacé $\mathbf{f}_i(t)$ par sa valeur.

Comme dans le MMT de Schwartz, pour éviter de parcourir les éléments et les nœuds dans les régions très faiblement déformées durant l'ajout des contributions non-linéaires et visqueuses, nous utilisons la stratégie de seuillage suivante :

- Nous fixons un seuil maximal R_{max} pour *le rapport moyen* R (mesure de déformation), de sorte que dès que la déformation d'un tétraèdre du maillage dépasse ce seuil, les contributions non-linéaires et visqueuses ne sont plus ajoutées (comportement élastique linéaire), alors qu'en dessous de ce seuil elles seront ajoutées.
- Au sein d'un tétraèdre, nous fixons un seuil minimal $\mathbf{u}_{Baryc-min}$ pour le déplacement d'un sommet par rapport au barycentre de tétraèdre auquel il appartient, de sorte que quand le déplacement d'un sommet par rapport au barycentre d'un tétraèdre auquel il appartient dépasse $\mathbf{u}_{Baryc-min}$, les contributions non-linéaires et visqueuses peuvent être ajoutées, sinon seule la contribution élastique linéaire sera calculée.

Pour cela, l'algorithme de résolution itérative doit au début de chaque pas temporel calculer la mesure de déformation R pour chaque tétraèdre (en utilisant l'expression (3.107)), et si pour un tétraèdre donné $R < R_{max}$, il calcule les déplacements par rapport au barycentre à l'instant t pour les sommets de ce tétraèdre à partir de ces déplacements absolus (*Figure 4.24*).

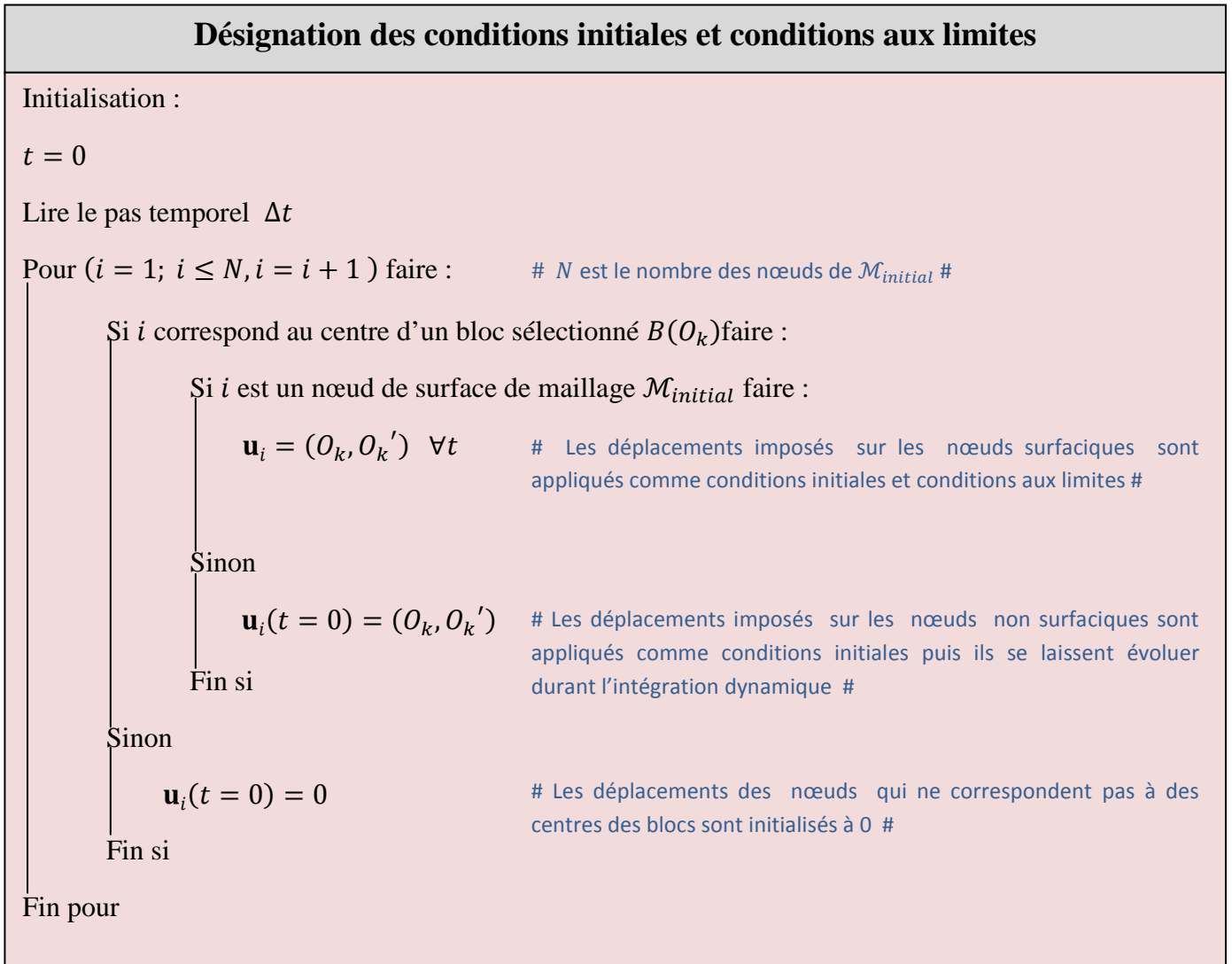


Figure 4.23 - Etape de désignation des conditions initiales et conditions aux limites.

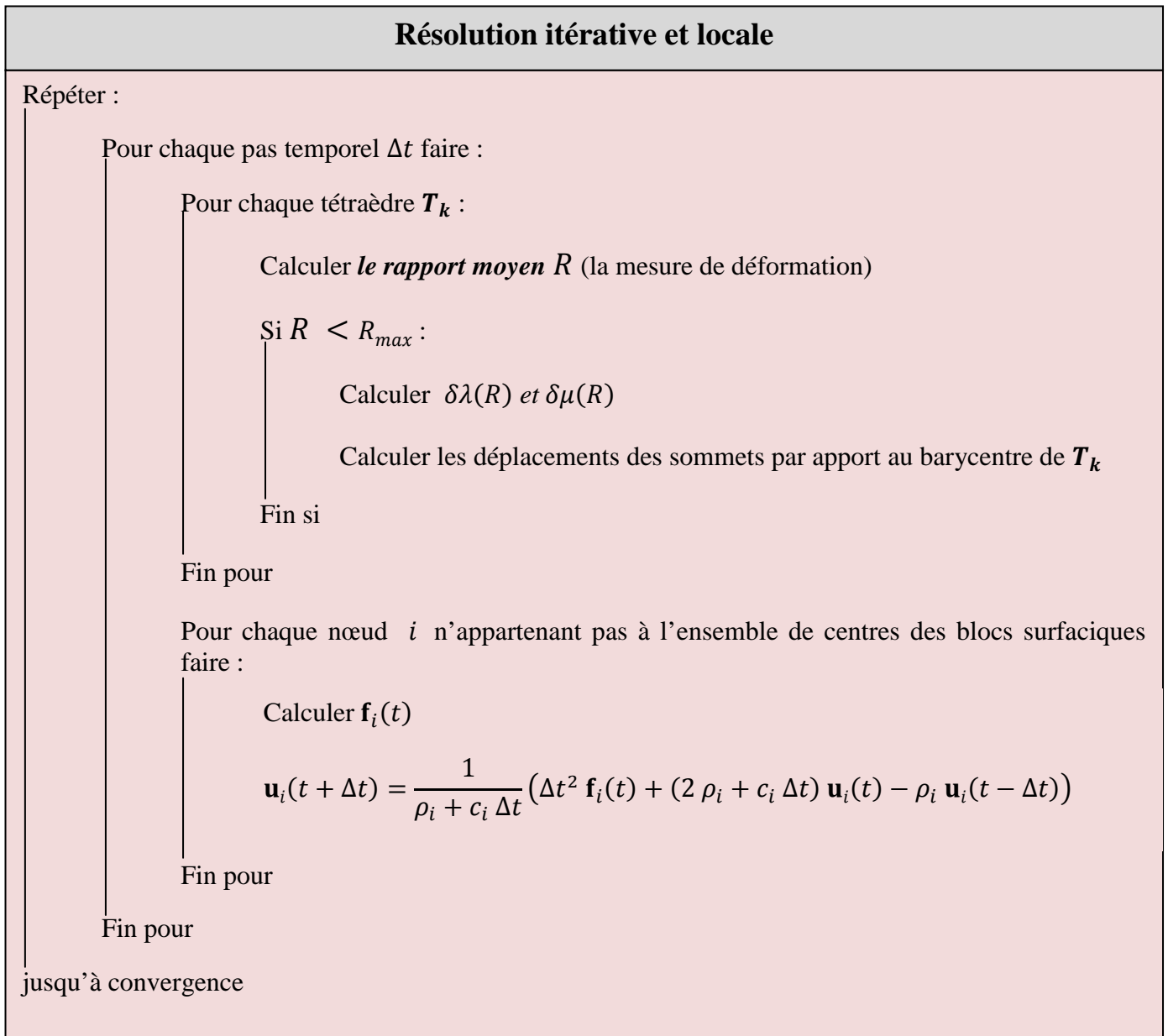


Figure 4.24 - L'algorithme de résolution locale et itérative du système d'équations dynamiques.

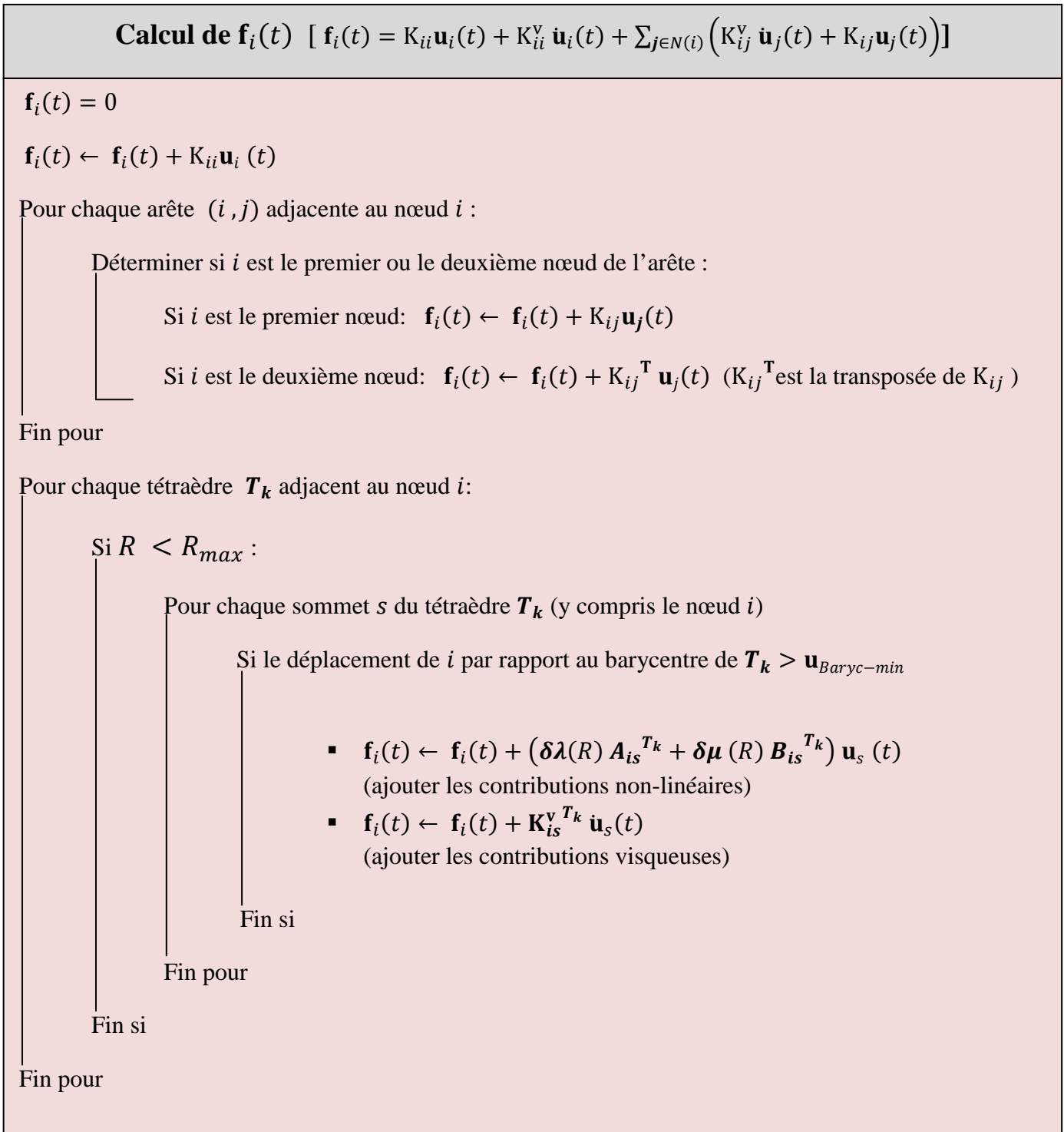


Figure 4.25 – Algorithme de calcul des forces visco-élastique non-linéaire.

La convergence et la stabilité numérique :

On dit qu'un algorithme de résolution numérique d'un système d'équations différentielles dynamiques est **stable** quand leurs solutions approximatives convergent vers les solutions exactes après un nombre fini d'itérations.

On parle de **convergence** quand $\mathbf{u}_i(t + \Delta t) = \mathbf{u}_i(t)$ pour tous les nœuds du maillage.

En effet, la stabilité numérique d'un tel système dynamique dépend de la géométrie des éléments, de schéma d'intégration numérique utilisé pour la discrétisation de $\dot{\mathbf{u}}_i(t)$ et $\ddot{\mathbf{u}}_i(t)$, de pas temporel choisi Δt et de la loi mécanique utilisée ainsi que les valeurs attribuées à ses paramètres (λ , μ , η), et les valeurs attribuées aux paramètres ρ_i , et c_i (Schwartz [154]). Pour cette raison il est très difficile d'étudier les conditions de stabilité d'un système dynamique.

Comme la convergence n'est pas toujours garantie, nous définissons un seuil maximal pour le nombre d'itérations, tel que si la convergence n'est pas atteinte durant les itérations avant ce seuil l'algorithme s'arrête en rendant le champ des déplacements calculés après ce nombre maximal d'itérations comme une solution approximative finale (nous pouvons utiliser un seuil maximal pour les valeurs des forces visco-élastiques ou pour les valeurs des déplacements à la place de seuil maximal pour le nombre d'itérations).

Ainsi, à la convergence nous aurons **un champ des déplacements dense** déterminant pour chaque nœud i dans $\mathcal{M}_{initial}$ le déplacement final \mathbf{u}_i que devra subir pour que le voxel centré sur i dans $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$ se superpose sur son correspondant dans I_{US2} .

L'interpolation des déplacements des points non-nœuds à partir de ceux des nœuds de $\mathcal{M}_{initial}$ donnera par la suite un champ des déplacements plus dense, recalant en fin tous les voxels de l'image $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$ vers leurs correspondants dans l'image per-opérateur I_{US2} , comme il sera détaillé dans la section suivante.

4.2.2.5 Interpolation des déplacements des voxels non-nœuds

En utilisant une fonction d'interpolation, nous aurons les déplacements des voxels dont les centres ne correspondent pas aux nœuds du maillage $\mathcal{M}_{initial}$, c'est-à-dire les voxels situés à l'intérieur des tétraèdres.

Selon la fonction d'interpolation linéaire définie précédemment (formule (4.8)), le déplacement d'un voxel à l'intérieur d'un tétraèdre est calculé à partir des déplacements de ses 4 sommets : $\mathbf{u}(P) = \sum_{j=0}^3 \alpha_j(P) \mathbf{u}_j$.

A la fin de cette opération, nous aurons à notre disposition **un champ des déplacements plus dense** que celui obtenu par la résolution du système d'équations dynamiques, où chaque voxel $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$ sera accompagné avec son vecteur de déplacement qui le recale bien sur son correspondant dans I_{US2} . En d'autres termes, nous aurons une transformation locale, qu'on note \mathbf{T}_{deform} qui associe à chaque voxel $p = [x_1, x_2, x_3]^T$ de $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$ un vecteur de déplacement $\mathbf{u}(p) = [u_1, u_2, u_3]^T$:

$$\mathbf{T}_{deform} : p = [x_1, x_2, x_3]^T \rightarrow p + \mathbf{u}(p) \quad (4.15)$$

Tel que :

$$p + \mathbf{u}(p) = [x_1 + u_1(p), x_2 + u_2(p), x_3 + u_3(p)]^T \quad (4.16)$$

Ainsi, l'application de \mathbf{T}_{deform} sur $I_{IRM}(\hat{\mathbf{T}})$ déforme cette dernière dans le sens où elle s'adapte bien avec I_{US2} sur la totalité de leurs points anatomiques.

L'image IRM 3D déformée qui résulte est : $I_{IRM}(\mathbf{T}_{deform}(\hat{\mathbf{T}}))$ qui désigne la composition de la transformation déformative \mathbf{T}_{deform} et la transformation rigide $\hat{\mathbf{T}}$ sur l'image I_{IRM} initiale.

4.2.2.6 Le rendu visuel

Le résultat final de recalage est projeté au chirurgien sous forme d'une seule image 3D contenant les données de $I_{IRM}(\mathbf{T}_{deform}(\hat{\mathbf{T}}))$ superposées sur celles de I_{US2} . Cette technique de visualisation nécessite des calculs arithmétiques sur les intensités des voxels (Jégou [1]). Le chirurgien peut interagir avec cette image 3D comme par exemple la désignation des coupes précises à visualiser.

Il existe une autre technique de visualisation, où les deux images $I_{IRM}(\mathbf{T}_{deform}(\hat{\mathbf{T}}))$ et I_{US2} sont affichées chacune dans une fenêtre séparée, mais elles partagent un curseur 3D qui pointe vers les points anatomiques correspondants dans les deux images. Mais cette dernière est moins adaptée pour le suivi des déformations.

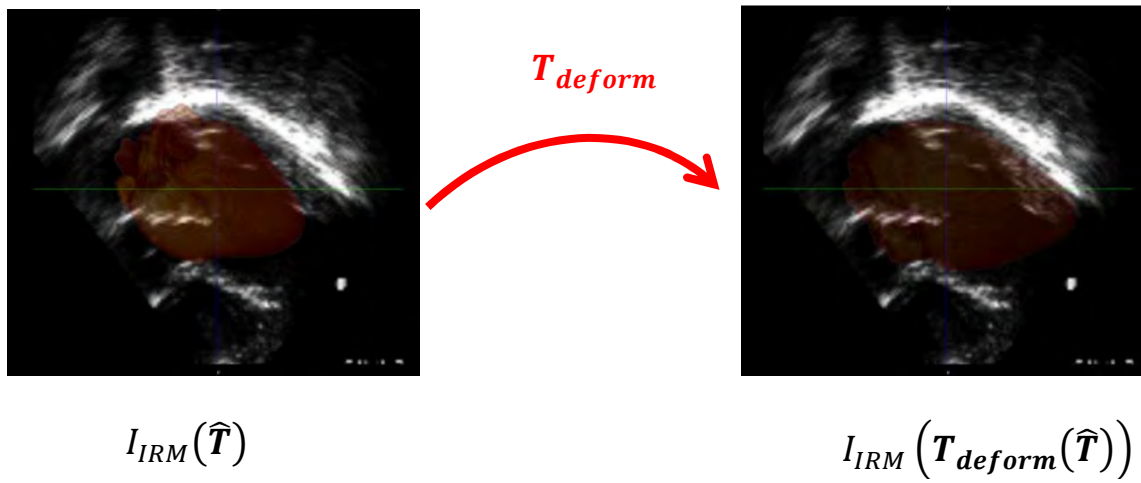


Figure 4.26 - Recalage par modèle bio-mécanique.

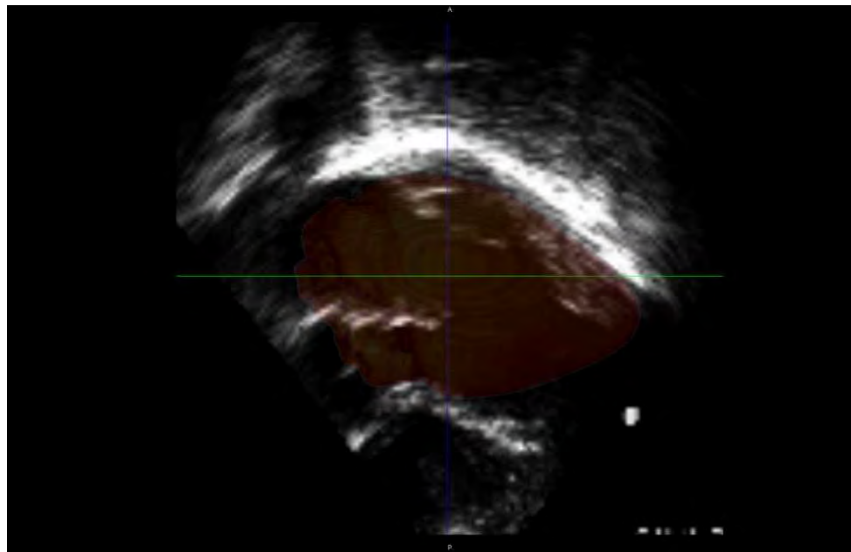
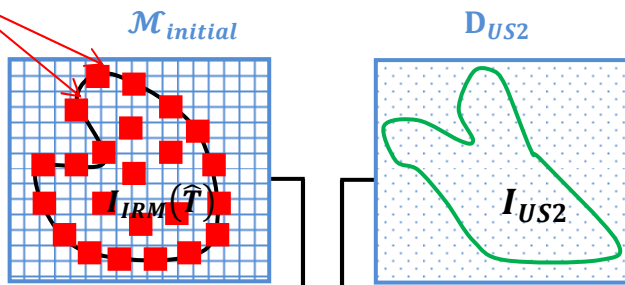


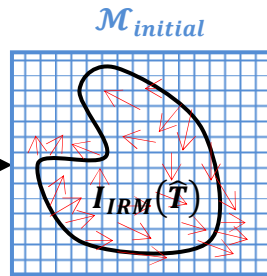
Figure 4.27 - Résultat final de l'algorithme de recalage par modèle bio-mécanique présenté:
 $I_{IRM}(T_{deform}(\hat{T}))$ superposée sur I_{US2} .

Inputs

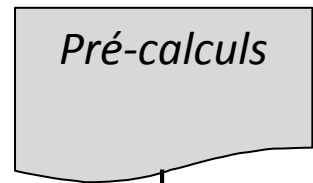
Blocs sélectionnés



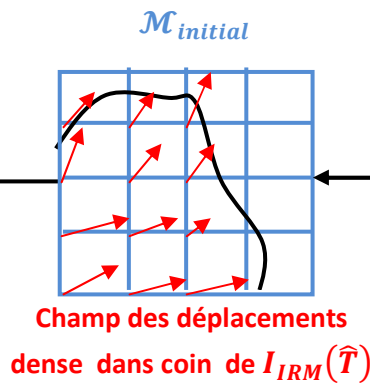
APPARIEMENT DES BLOCS



Champ des déplacements épars

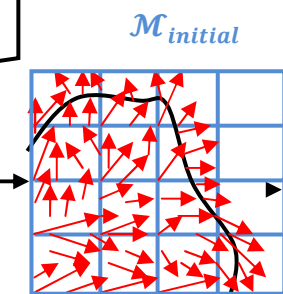


RESOLUTION ITERATIVE DU SYSTEME



Champ des déplacements dense dans coin de $I_{IRM}(\hat{T})$

INTERPOLATION



Champ des déplacements plus dense

APPLICATION DES TRANSLATIONS

Outputs



$I_{IRM}(\mathbf{T}_{deform}(\hat{T}))$

Figure 4.28 - Pipeline de la phase per-opérateur.

4.3 Parallélisation

Le but de parallélisation de l'algorithme décrit est de pouvoir délivrer ses résultats per-opérateurs en *temps-réel*.

4.3.1 Notion *temps-réel* dans le recalage per-opérateur

Parlant de contrainte *temps-réel*, on doit préciser un intervalle du temps à respecter pour ne pas violer cette contrainte. On qualifie un algorithme de recalage d'images per-opérateur comme *temps-réel* s'il fournit ses résultats le moment où le chirurgien les a besoin, avec un intervalle temporel à ne pas dépasser qui se diffère d'une intervention à une autre, et d'une tâche à une autre au sein d'une même intervention chirurgicale, d'où la difficulté de définir un intervalle commun pour la contrainte *temps-réel* à l'intérieur de bloc opératoire.

En effet, un algorithme de recalage IRM per-opérateur/US per-opérateur est une alternative aux problèmes liés à l'acquisition d'une image IRM per-opérateur. De ce fait, un temps de calcul inférieur ou égal au temps nécessaire pour acquérir une image IRM est typiquement satisfaisant (Clatz [274]).

L'acquisition d'une image IRM 3D nécessite de 1 à 5 minutes, d'où la contrainte temporelle globale imposée à une telle application de recalage est de fournir les résultats de recalage dans *moins d'une minute*.

En effet, la contrainte *temps-réel* est imposée sur la partie devant s'exécuter en phase per-opérateur (appariement des blocs, résolution itérative du système d'équations dynamiques, interpolation, visualisation)

L'exécution séquentielle des algorithmes de recalage utilisant *le block-matching* avec un modèle bio-mécanique (Clatz [2] et Sermesant [265]) montre que la partie la plus gourmande en temps de calcul est bien l'étape d'appariement des blocs et l'étape de résolution du système d'équations dynamiques. Selon le déroulement séquentiel de notre algorithme, l'interpolation est aussi gourmande en temps de calcul. Nous nous intéressons donc à paralléliser les 3 étapes suivantes: l'appariement des blocs, la résolution itérative du système d'équations, et l'interpolation.

Comme *l'appariement des blocs* consiste à une boucle d'itérations indépendantes (le calcul de déplacements de chaque bloc se fait indépendamment des autres déplacements), on peut incriminer un parallélisme par répartition des itérations de boucle sur plusieurs processeurs.

Durant *la résolution du système d'équations dynamiques*, les calculs de chaque itération temporelle dépendent des résultats de l'itération précédente, donc ces itérations doivent

s'exécuter d'une façon séquentielle. Mais à l'intérieur de chaque itération temporelle (pour chaque pas temporel Δt), l'algorithme entre dans une autre boucle d'itérations parcourant chaque nœud i n'appartenant pas à l'ensemble de centres des blocs surfaciques, pour calculer sa force intérieure $\mathbf{f}_i(t)$ et son déplacement à l'instant suivant $\mathbf{u}_i(t + \Delta t)$, d'une façon indépendante aux autres nœuds. Donc, on peut incriminer un parallélisme par répartition des itérations de boucle du parcourt des nœuds sur plusieurs processeurs.

L'interpolation s'exécute aussi par une boucle d'itérations parcourant tous les voxels à l'intérieur de chaque tétraèdre pour calculer, d'une manière indépendante, leurs déplacements à partir de ceux des sommets. Donc, on peut paralléliser la boucle d'interpolation par répartition de ses itérations sur plusieurs processeurs.

Quoique la mise-à-jour des positions de tous les voxels dans l'image $I_{IRM}(\hat{T})$, pour former l'image $I_{IRM}(\mathbf{T}_{deform}(\hat{T}))$ en les appliquant des translations selon leurs vecteurs de déplacement associés au moment de convergence, ne consomme pas beaucoup du temps, mais comme sa boucle est faite d'itérations indépendantes (parcourant tous les voxels) et comme sa parallélisation n'implique pas un ajout supplémentaire de matériel (le même hardware pour la parallélisation des 3 étapes sus-citées), il s'avère bien de répartir leurs itérations sur plusieurs processeurs.

Le critère à prendre en compte dans la procédure de parallélisation est que les exigences hardwares et softwares de l'environnement parallèle sur lequel notre algorithme va s'exécuter soient standards, moins chères et facilement disponibles dans les hôpitaux et les blocs opératoires.

Vue le caractère critique et le haut degré de sécurité exigé dans le bloc opératoire, nous devons choisir des outils de parallélisation bien testés et validés dans le sens où ils répondent aux contraintes de : fiabilité, sécurité, vitesse, portabilité.

Comme les taches à paralléliser sont sous forme des boucles d'itérations qui exécute la même pièce de programme sur des données différentes d'une itération à l'autre, l'architecture adéquate pour implémenter le parallélisme est SPMD (Single-Program-Multiple-Data).

4.3.2 Quel hardware utilisé : machines multiprocesseurs à mémoire partagée versus machines à mémoires distribués

L'avantage des machines multiprocesseurs à mémoire partagée est que l'échange des données entre les différents processeurs se fait d'une manière implicite, à travers le partage

d'espace mémoire et la possibilité d'accès aux données communes. Mais le nombre des processeurs à utiliser est limité, ainsi que la taille de mémoire séquentielle.

Dans un système distribué (machines à machines à mémoire distribuée), l'échange des données se fait d'une manière explicite, à travers l'envoi et la réception des messages *via* un réseau d'interconnexion. Théoriquement, le nombre des processeurs n'est pas limité, mais cette approche présente des problèmes de synchronisation et elle consomme plus de temps dans les échanges, avec un coût élevé.

Un choix optimal est celui qui réalise un bon compromis entre le coût et les performances de l'algorithme parallèle.

Les algorithmes de Clatz [2] et Sermesant [265] pour le recalage per-opérateur par modèle bio-mécaniques ont prouvé une bonne performance par leur implémentation dans une grappe des PCs standards, interconnectés par un réseau Ethernet. Et Ourselin [285] a conclu, en évaluant les performances de la version parallélisée de son algorithme de recalage rigide multi-échelle par *block-matching*, que pour une application chirurgicale une grappe contenant un petit nombre (environ 2 à 10) de machines bi-processeurs connectés par un réseau Ethernet réalise un bon compromis entre la performance et le coût de parallélisation.

De ce fait, nous choisissons d'implémenter les tâches parallèles de l'algorithme présenté sur une grappe de PCs standards bi-processeurs (10 PCs dual Pentium IV 2 Ghz, connectés par un réseau Ethernet rapide 100 Mb/s, Gigabit –Ethernet switch).

4.3.3 Quel software utilisé

Nous avons choisi l'**OpenMP** [293] et la **MPI** [294], car tous les deux sont des standards, et aussi pour des considérations de performances, de stabilité, et de portabilité ; ils sont indépendants de l'architecture des machines, du système d'exploitation, et de la topologie du réseau. En plus, sur une grappe de machines multiprocesseurs à mémoire partagée, la mise en œuvre d'une parallélisation à deux niveaux (MPI et OpenMP) dans un même programme apporte un avantage majeur pour les performances parallèles, sans beaucoup de modification sur le code.

4.3.3.1 OpenMP (Open Multi Processing)

Le standard OpenMP est une interface de programmation (API) disponible pour les langages de programmation C/C++ et Fortran. OpenMP consiste en un ensemble de directives de compilation, d'une bibliothèque de fonctions ainsi qu'un ensemble de variables d'environnement, pour spécifier un programme à s'exécuter d'une manière

parallèle sur *architecture à mémoire partagée* (machines multi-processeurs et multi-cœurs). La gestion des communications est à la charge de compilateur. Un programme OpenMP est une alternance de régions séquentielles et de régions parallèles :

- Une région séquentielle est toujours exécutée par le processeur maître.
- Une région parallèle peut être exécutée par plusieurs processeurs.

Ce qui nous intéresse dans OpenMP est le parallélisme par répartition des itérations d'une boucle entre plusieurs processeurs, à l'aide de la directive **parallel for**.

OpenMP est portable et il permet de développer rapidement des applications parallèles à petite granularité en restant proche du code séquentiel.

4.3.3.2 MPI (Message Passing Interface)

MPI est une bibliothèque d'échanges de messages entre des nœuds exécutant des programmes parallèles sur des systèmes à mémoire distribuée. La gestion des communications est à la charge de l'utilisateur. Ces fonctions sont utilisable avec les langages C et Fortran. Une application MPI est un ensemble de processus exécutant chacun son propre code (modèle SPMD) et communiquant via des appels à des sous-programmes de la bibliothèque MPI (*send*, *receive*, *broadcast*, *gather*, *scatter*...). MPI est largement portable, flexible, et rapide.

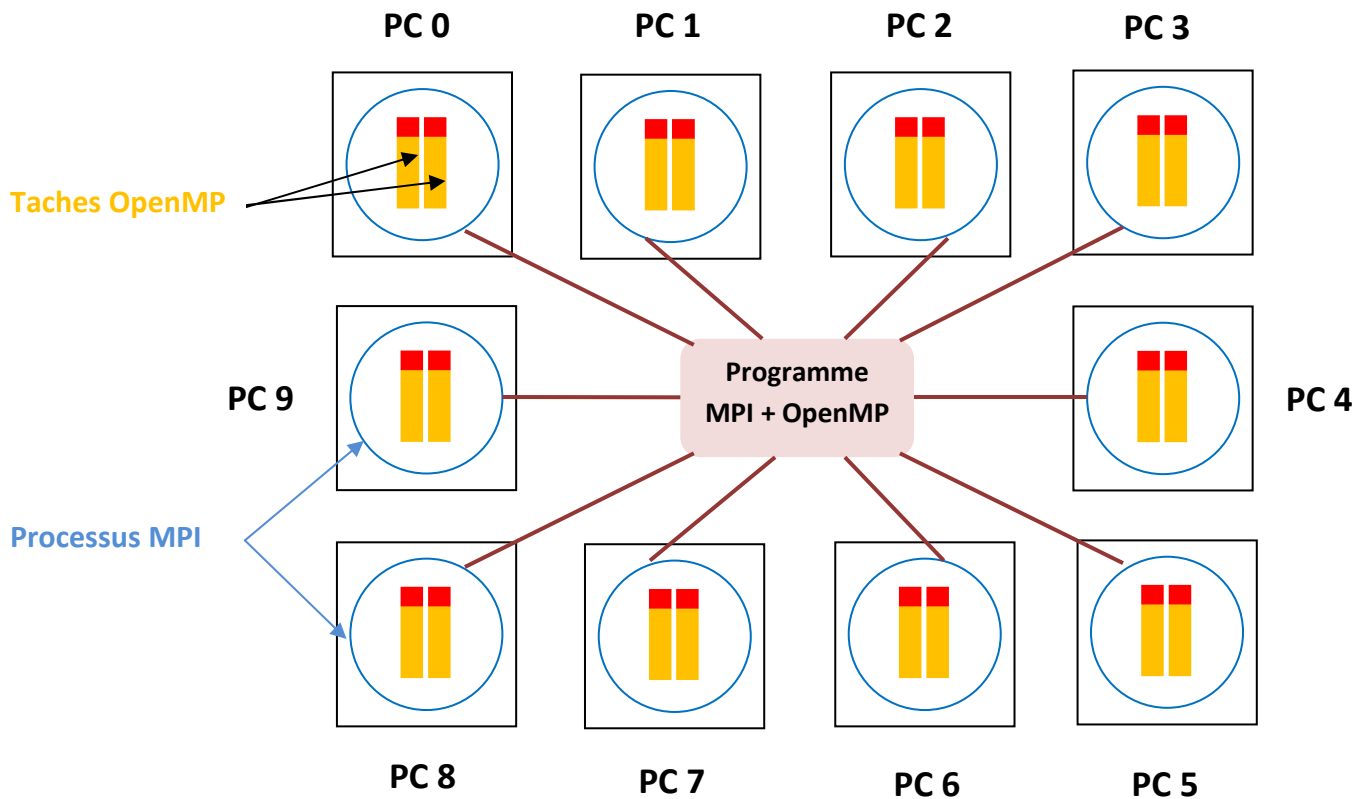


Figure 4.29 - Schéma d'implémentation OpenMP/MPI adoptée.

Nous désignons un PC dans la grappe de PCs bi-processeurs comme le *maitre*, chargé d'exécuter le processus *maitre*, qui assure les opérations des *inputs/outputst*, ainsi que les tâches séquentielles. Les autres PCs sont nommés *esclaves*, sur lesquelles les itérations des boucles seront réparties (*Figure 4.29*).

4.3.4 Version parallélisée de l'algorithme d'appariement des blocs

Soit N_{blocs} est le nombre des blocs sélectionnés ($N_{blocs} = Card(\Sigma_{blocs})$), et N_{proces} est le nombre de PCs dans la grappe.

Le processus *maitre* répartit les N_{blocs} blocs sur N_{proces} PCs grâce à la directive *scatter* de MPI. Chaque PC n aura à sa charge une sous-liste de blocs qu'on note *sous – ListB_n*

Ainsi chaque PC *esclave* répartit à son tour le calcul de N_{blocs}/N_{proces} couples (O_k, O_k') sur ses processeurs à mémoire partagée (2 dans notre cas) en utilisant la directive **parallel for** d'OpenMP.

Quand tous les PCs *esclaves* terminent l'exécution de leurs tâches parallèles, on aura N_{proces} sous-listes de couples (O_k, O_k') , qu'on note *sous – ListC_n*, qui sera retournée au *master* par la directive *gather*. Ainsi, le *maitre* collecte ces sous-listes dans une seule liste des couples L , puis il la diffuse vers tous les PCs esclaves qui vont l'utiliser dans la résolution parallèle du système d'équations dynamiques.

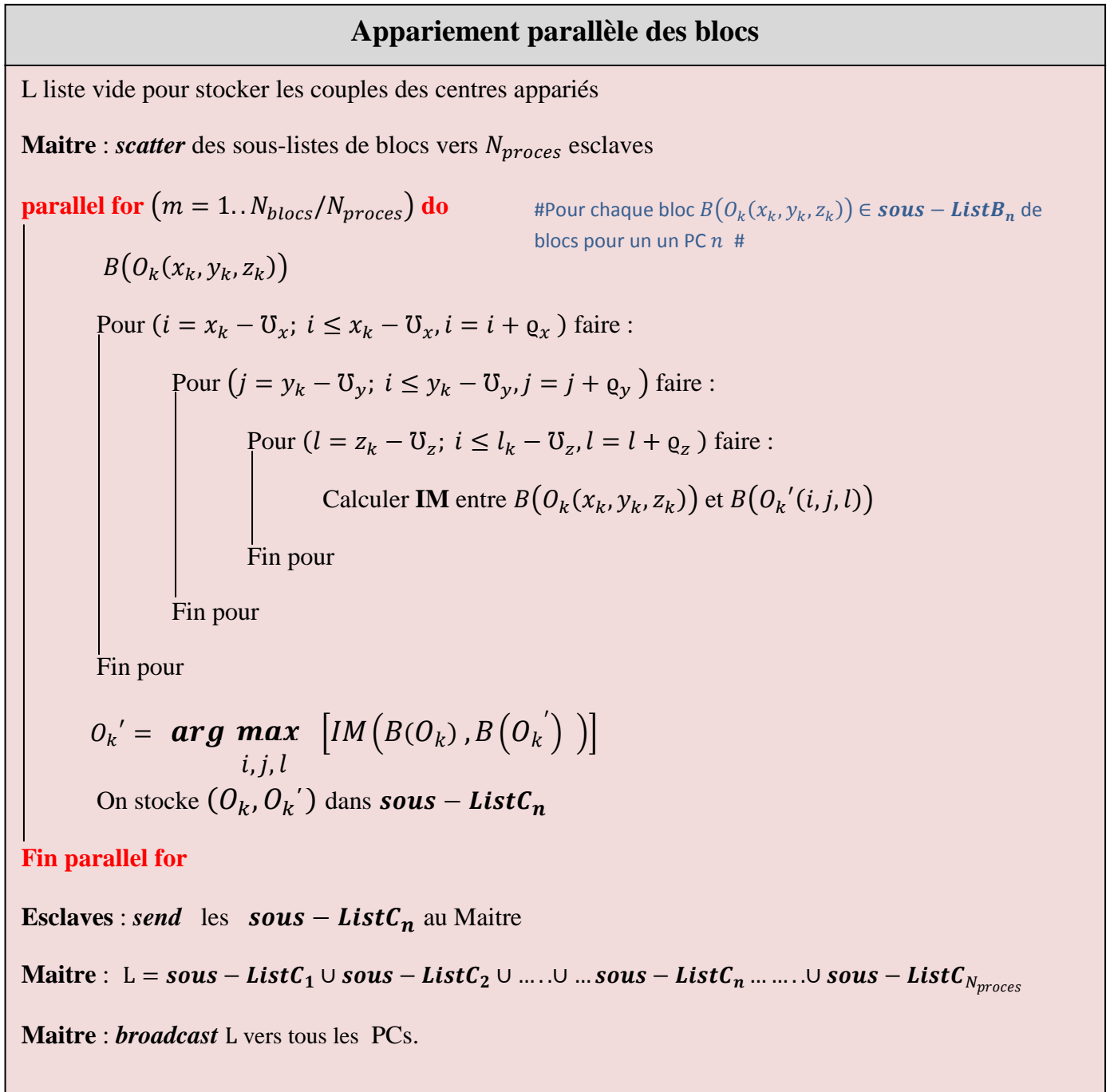


Figure 4.30 - Version parallélisée de l'algorithme d'appariement des blocs.

4.3.5 Version parallélisée de l'algorithme de résolution itérative du système d'équations dynamiques

De la même manière que dans l'algorithme d'appariement des blocs, le processus *maitre* répartit les N nœuds du maillage $\mathcal{M}_{initial}$ sur les N_{proces} PCs grâce à la directive *scatter* de MPI, et chaque PC *esclave* parallélise à son tour les itérations sur ses propres processeurs en utilisant la directive **parallel for** d'OpenMP.

Avant chaque l'itération temporelle suivante, le *maitre* diffuse la totalité des résultats obtenus vers tous les PCs *esclaves*, car ils l'auront besoin dans la pas temporel suivant.

Désignation parallèle des conditions initiales et conditions aux limites

Initialisation :

$t = 0$

Lire le pas temporel Δt

Maitre : *scatter* des sous-listes de nœuds vers N_{proces} esclaves

parallel for ($i = 1..N/N_{proces}$) **do** # N est le nombre de nœuds de $\mathcal{M}_{initial}$ #

Si i correspond au centre d'un bloc sélectionné $B(O_k)$ faire :

Si i est un nœud de surface de maillage $\mathcal{M}_{initial}$ faire :

$\mathbf{u}_i = (O_k, O_k') \quad \forall t$ # Les déplacements imposés sur les nœuds surfaciques sont appliqués comme conditions initiales et conditions aux limites #

Sinon

$\mathbf{u}_i(t = 0) = (O_k, O_k')$ # Les déplacements imposés sur les nœuds non surfaciques sont appliqués comme conditions initiales puis ils se laissent évoluer durant l'intégration dynamique #

Fin si

Sinon

$\mathbf{u}_i(t = 0) = 0$ # Les déplacements des nœuds qui ne correspondent pas à des centres des blocs sont initialisés à 0 #

Fin si

End parallel for

Esclaves : *send* les sous-listes de nœuds i associés à leurs valeurs de $\mathbf{u}_i(t = 0)$

Maitre : *gather* valeurs de $\mathbf{u}_i(t = 0)$ pour tous les nœuds i du maillage, puis il les diffuse totalement vers tous les PCs *esclaves*.

Figure 4.31 - Désignation parallèle des conditions initiales et conditions aux limites.

Résolution parallèle de système d'équations dynamiques

Répéter :

Pour chaque pas temporel Δt faire :

Maitre : *scatter* des sous-listes de tétraèdres vers N_{proces} esclaves

parallel for ($k = 1..N_{tétra}/N_{proces}$) **do** # $N_{tétra}$ est le nombre des tétraèdres de $\mathcal{M}_{initial}$ #

Calculer *le rapport moyen* R (la mesure de déformation) pour T_k :

Si $R < R_{max}$:

Calculer $\delta\lambda(R)$ et $\delta\mu(R)$

Calculer les déplacements des sommets par rapport au barycentre de T_k

Fin si

End parallel for

Maitre : *gather* les valeurs de R , $\delta\lambda(R)$, $\delta\mu(R)$ et les déplacements par rapport au barycentre pour tous les tétraèdres du maillage, puis il les diffuse totalement (*broadcast*) vers tous les PCs **esclaves**

Maitre : *scatter* des sous-listes de nœuds vers N_{proces} esclaves

parallel for ($i = 1..N/N_{proces}$) **do**

Si i n'appartenant pas à l'ensemble de centres des blocs surfaciques faire :

Calculer $\mathbf{f}_i(t)$

$$\mathbf{u}_i(t + \Delta t) = \frac{1}{\rho_i + c_i \Delta t} (\Delta t^2 \mathbf{f}_i(t) + (2 \rho_i + c_i \Delta t) \mathbf{u}_i(t) - \rho_i \mathbf{u}_i(t - \Delta t))$$

Fin si

End parallel for

Esclaves : *send* les sous-listes de nœuds i associés à leurs valeurs de $\mathbf{f}_i(t)$ et $\mathbf{u}_i(t + \Delta t)$

Maitre : *gather* les nouvelles valeurs de $\mathbf{f}_i(t)$ et $\mathbf{u}_i(t + \Delta t)$ pour tous les nœuds du maillage, puis il les diffuse totalement vers tous les PCs **esclaves**

Fin pour

jusqu'à convergence

Le calcul de la force $\mathbf{f}_i(t)$ pour un nœud i peut être aussi parallélisé par répartition des itérations, mais selon l'architecture parallèle adoptée, quand un PC esclave est en train de faire les calculs d'un nœud i , les autres PCs sont aussi occupés par les calculs concernant les sous-listes des nœuds affectés à eux. Pour cette raison, c'est inutile de paralléliser cette tâche.

La parallélisation de l'interpolation et de la mise-à-jour des positions des voxels de l'image $I_{IRM}(\hat{T})$ pour avoir l'image $I_{IRM}(T_{deform}(\hat{T}))$ se fait de la même façon et avec les mêmes directives.

4.4 Implémentation

4.4.1 Environnement de programmation

Le code source de l'application est écrit en langage C++ à l'aide de l'environnement de développement intégré (IDE) **Visual C++** de Microsoft (version 2008), en intégrant les deux bibliothèques spécifiques au traitement d'images **ITK** et **VTK**, et les deux standards **OpenMP** et **MPI** pour l'implémentation du parallélisme. Le fichier exécutable est généré par le compilateur de ce même IDE.

4.4.1.1 Pourquoi le langage C++ ?

Le C++ (développé au cours des années 1980) est un langage de programmation qui combine toutes les possibilités de la programmation «classique» et la puissance de l'approche «objets», en passant de la programmation procédurale à la programmation orientée objet et la programmation générique :

C++ garde tous les avantages du C :

- C'est un langage *très rapide* car assez bas niveau.
- C'est un langage *portable* : le même code source peut être compilé aussi bien sous Windows, Linux, Mac OS et ne dépend d'aucun type de processeur particulier.
- Le langage est *libre*, ce qui permet à n'importe qui d'écrire son propre compilateur. Cela explique donc la grande diversité des compilateurs aujourd'hui : GCC, mingw, MS Visual C++, Borland.

En plus les avantages de la programmation orientée objet :

- *Structuration des données sous formes d'objets abstraits* : rendant le programme plus simple et facile à écrire et à maintenir ; modification aisée et modularité

accrue (un objet bien défini resservira dans de nombreux programmes). Ces objets sont réutilisables par plusieurs programmes différents.

- *L'encapsulation* : la spécification du comportement d'un objet est séparée de l'implémentation pratique de ces spécifications, car l'objet est vu de l'extérieur comme une **boîte noire** ayant certaines propriétés et ayant un comportement spécifié. La manière dont ces propriétés ont été implémentées est cachée aux utilisateurs de la classe. C++ implémente l'encapsulation en permettant de déclarer les membres d'une classe avec les mots réservés *public*, *private* ou *protected*.
- *L'héritage* : permet la définition des classes filles qui héritent les caractéristiques de leurs classes mères. Cela permet la réutilisabilité et l'adaptabilité des objets.
- *La généricité* : la généricité d'une fonction repose sur son indépendance vis-à-vis du type, et éventuellement du nombre, de ses arguments. Elle permet d'augmenter le niveau d'abstraction du langage.

La généricité en C++ est implémentée par les outils suivants :

- Polymorphisme par sous-typage (les méthodes virtuelles) : consiste à définir une méthode dans une classe mère, dont on dérive une sous-classe munie d'une nouvelle méthode de même signature que la première avec changement de type de paramètres (exp : la méthode *déplacer* s'applique sur les objets suivants : point, ligne (sous-classe de point), segment (sous-classe de ligne). Ce n'est qu'à l'exécution que le type de paramètres à faire passer est déterminé.
- La surcharge des opérateurs (polymorphisme *ad hoc*) : Cette technique consiste à donner le même nom à plusieurs fonctions sémantiquement équivalentes mais agissant sur des paramètres de type différent. Lorsqu'il rencontre ce nom de fonction, le compilateur choisit l'implémentation la plus adaptée en se basant sur le nombre et le type des arguments. Le type des paramètres est défini lors de la compilation. (exp : les opérateurs « + », « - »,.....).
- Les *templates* : les *templates* permettent d'écrire du code générique, c'est-à-dire qui peut servir pour une famille de fonctions ou de classes qui ne diffèrent sans considérer explicitement les types de données avec lesquels le code sera utilisé. Ceci est intensivement utilisé dans la Standard Template Library (STL) de C++.

Ces caractéristiques de langage C++ le rendent très adaptée pour une application du traitement d'images 2D et 3D, où le concept de classe, héritage et généricité sont très efficaces pour représenter les objets géométriques et visuels (un voxel, une image, une sphère, un tétraèdre, un maillage,). En effet, plusieurs logiciels et bibliothèques de traitement d'image en C++ sont maintenant disponibles.

Le Visual C++ 2008 fournit un environnement de développement puissant et flexible pour créer des applications basées sur Microsoft Windows et Microsoft .NET. Il comprend les composants suivants :

- Les outils du compilateur de Visual C++ 2008 : Le compilateur prend en charge les développeurs de code natif traditionnels et les développeurs qui ciblent des plateformes de machine virtuelle telles que le Common Language Runtime (CLR). Visual C++ 2008 comprend des compilateurs pour cibler x64 et Itanium. Le compilateur continue de prendre en charge directement le ciblage des ordinateurs x86 et optimise les performances pour les deux plateformes.
- Bibliothèques Visual C++ : celles-ci comprennent la bibliothèque ATL (Active Template Library) standard, les bibliothèques MFC (Microsoft Foundation Class) et les bibliothèques standard telles que la bibliothèque C++ standard, composée de la bibliothèque iostreams et de la bibliothèque STL (Standard Template Library), et la bibliothèque Runtime C (CRT). La bibliothèque CRT inclut des alternatives de sécurité améliorées pour les fonctions connues pour poser des problèmes de sécurité. La bibliothèque STL/CLR apporte STL aux développeurs managés. Une bibliothèque, la bibliothèque de prise en charge C++, avec de nouvelles fonctionnalités pour le marshaling de données, est conçue pour simplifier les programmes qui ciblent le CLR.
- Environnement de développement de Visual C++ : L'environnement de développement offre une prise en charge puissante de la gestion et de la configuration de projets (notamment grâce à une meilleure prise en charge des grands projets), ainsi qu'une aide pour modifier ou parcourir le code source et des outils de débogage. Cet environnement prend également en charge IntelliSense, qui effectue des suggestions contextuelles intelligentes au cours de la création du code.

4.4.1.2 Les bibliothèques ITK / VTK

ITK²⁸ (Insight Segmentation and Registration ToolKit) est une bibliothèque de classes C++, Open source, pour le recalage, le filtrage et la segmentation des images 2D, 3D, et plus. développée en 1999 sous le support de NLM²⁹ dans le but d'analyser toute sorte d'images médicales. Elle s'est devenu ces dernières années la bibliothèque la plus utilisée pour le traitement des images médicales. ITK bénéficie de la programmation générique de C++ à travers la technique des templates. Elle ne dispose pas d'outils pour visualisation et elle ne possède pas une interface utilisateur. Pour plus de détails sur ITK, nous orientons le lecteur vers L. Ibanez [295] et Yoo [296].

²⁸ <http://www.itk.org/>

²⁹ <http://www.nlm.nih.gov/>

VTK :

VTK³⁰ (Visualization ToolKit) est une bibliothèque de classes C++ Open Source, gratuite pour la visualisation de données 2D/3D et le traitement d'image. La bibliothèque comprend plus de 1 100 classes C++. Elle a été développée à partir de 1993 au Centre de Recherche du groupe General Electric et utilisée en premier dans le domaine médical. VTK repose sur le standard OpenGL. Pour plus d'informations sur VTK, nous proposons au lecteur la référence Schroeder [297].

Caractéristiques des bibliothèques ITK/VTK :

- Elles sont des bibliothèques multi-plateformes (Unix, Windows and Mac OS X)
- Open source extensibles
- Elles s'interfacent facilement avec les langages interprétés : Tcl/Tk, Python et Java.
- Elles sont facilement intégrables dans différents GUI toolkit comme Qt et Tk.
- Elles supportent le parallélisme à mémoire partagée (multithreading).
- Elles supportent plusieurs formats d'import/export 2D/3D et images.
- Elles disposent d'une bonne documentation et fournissent de nombreux exemples, tests, applications.
- L'architecture des deux bibliothèques consiste à :
 - Un noyau composé de classes C++ compilées.
 - Une couche interprétée en Tcl/Tk, Python et Java.

La configuration du code source par CMake³¹ (logiciel open source multi-plateforme qui aide au processus de compilation des logicielles), génère des fichiers de configuration standards : makefiles sous Unix, et fichiers de projet Visual Studio sous Windows, qui seront utilisés par des outils natifs (C++, Java, Python) lors de la compilation.

Nous utilisons les versions ITK 3.14.0 et VTK 5.4.2 , et pour leur configuration sous windows XP nous utilisons Cmake 2.8.0 et Visual C++ 2008.

Inclusion des bibliothèques ITK / VTK dans notre programme :

A l'aide de l'option *additional include directories* dans le menu propriétés de projet dans l'IDE Visual c++, nous ajoutons le chemin des répertoires contenant les bibliothèques ITK et VTK pour les classes que nous utilisons (comme *ITKCommon*, *ITKIO*, *ITKBasicFilters*).

L'intégration des classes ITK et VTK dans le code source de notre programme se fait à l'aide de directive *include*.

³⁰ <http://www.vtk.org/>

³¹ <http://www.cmake.org/>

4.4.1.3 OpenMP/MPI

Nous avons choisi l'OpenMP et la MPI car tous les deux sont des standards, et aussi car tous les deux sont faits de classes en C++, ce qui est compatible avec l'IDE sur lequel nous programmons, et avec les bibliothèques ITK /VTK. En plus de leurs avantages déjà cités dans (voir section 4.3.3).

4.4.1.4 Les principales classes utilisées

Pour manipuler les images (domaine continu entier), nous utilisons la classe `itk::Image` de l'ITK avec ses propriétés (notamment `itk::Point`), et ses méthodes.

Mais pour représenter et manipuler le maillage, nous augmentons les classes `itk::Mesh`, `itk::TetrahedronCell`, `itk::LineCell`, `itk::VertexCell` par d'autres propriétés et méthodes.

Nous désignons l'espace de noms (*namespace*) contenant les mots utilisés dans notre application par `rvnl` qui est une abréviation de « recalage visco-élastique non-linéaire ». Ainsi, la classe `rvnl::Mesh` contient toutes les informations permettant de décrire la structure du maillage tétraédrique. Ces propriétés sont des tableaux de pointeurs permettant un accès rapide à tous les nœuds, les arêtes, les faces et les tétraèdres du maillage. Elle possède aussi la propriété `rvnl::adjacence` qui définit pour chaque nœud dans la maillage une structure d'adjacences (tableaux de pointeurs vers les nœuds, les arêtes et les tétraèdres adjacents). La classe `rvnl::Mesh` contient également les matrices de raideur et de viscosité associées aux nœuds (K_{ii} et K_{ii}^Y) et aux arêtes du maillage (K_{ij}^Y et K_{ij}) (voir l'expression (4.9)).

La classe `rvnl::Vertex` représente un nœud, et elle est caractérisée par les propriétés suivantes : la position initiale du nœud, sa position à l'itération précédente, sa position courante, ainsi que la force intérieure (\mathbf{f}_i) appliquée sur ce nœud.

La classe `rvnl::Tetraedron` possède les propriétés suivantes : les 16 matrices de raideur linéaires ($\mathbf{K}_{ij}^{T_k}$), les 16 correctifs non-linéaires $\mathbf{A}_{ij}^{T_k}$ et $\mathbf{B}_{ij}^{T_k}$, et les 16 matrices de viscosité ($\mathbf{K}_{ij}^{Y_{T_k}}$) associées au tétraèdre, ainsi que sa déformation R . Elle contient aussi des pointeurs permettant d'accéder vers les quatre sommets du tétraèdre et un pointeur pour l'accès aux paramètres mécaniques (λ , μ , $\delta\lambda$, $\delta\mu$, η , c_i et ρ_i). Les coordonnées barycentriques α_0 , α_1 , α_2 et α_3 de ces quatre sommets ainsi que les déplacements de ces derniers par rapport au barycentre sont aussi contenus dans la classe `rvnl::Tetraedron`.

4.4.1.4 Interface graphique

Nous développons l'interface de notre application grâce au module Qt Designer du framework Qt³² (version 4.5.3) qui offre la possibilité de dessiner des interfaces graphiques à l'aide de simples *glisser-déplacer*. En Effet, le framework Qt (Qt SDK) est un *open source* software constitué d'un ensemble de bibliothèques écrites en C++, appelées "modules", qui permettent de développer des applications graphiques (GUI) multi-plates-formes (Windows, Linux et Mac OS.) en C++, Java, Python, etc. Le module Qt Creator est l'IDE associé au framework Qt.

Pourquoi le framework Qt pour l'interface de notre application?

Toute application écrite en C++ est facilement intégrable dans l'IDE de framework Qt, et inversement, les bibliothèques de framework Qt peut être facilement incluses dans un programme développé en C++. Ainsi, nous pouvons intégrer facilement et efficacement notre application (ainsi que classes ITK/VTK que nous avons besoin) dans le framework Qt pour pouvoir développer l'interface graphique. L'avantage essentiel de Qt est qu'il permet de créer et visualiser des données 3D et 4D en utilisant l'OpenGL. En plus Qt est facile à comprendre et à prendre en main, et il offre la possibilité de développer des interfaces utilisateurs avancées et complexes.

Figure 4.33 montre la capture d'écran pour la fenêtre principale de l'interface de notre application.

³² <http://qt.nokia.com/>

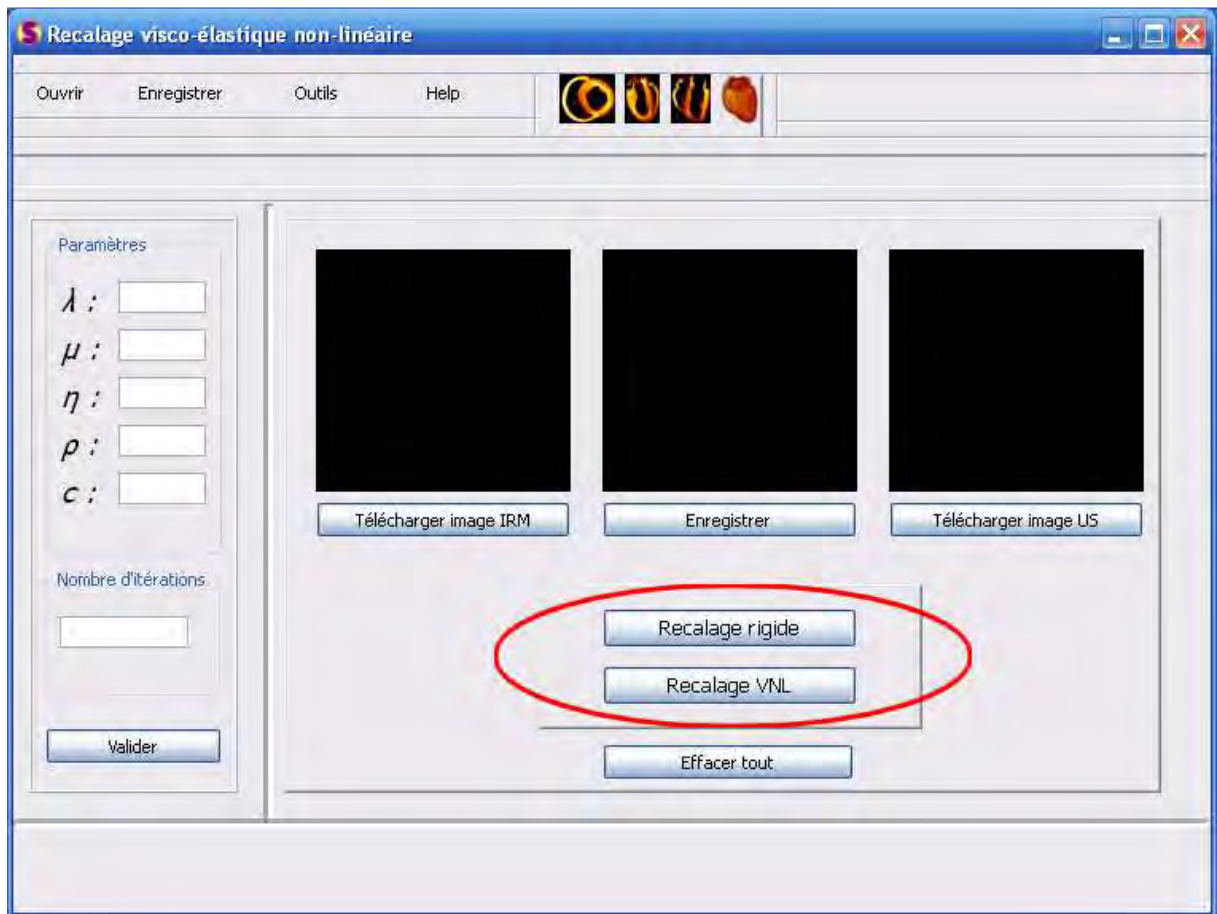


Figure 4.33 - Les éléments de l'interface graphique.

C'est une interface simple comportant en haut une barre de titre, une barre des menus, barre d'outils. A gauche, on trouve une zone de paramétrage, et à droite une zone de travail.

La barre d'outils contient quatre boutons permettant de basculer entre l'affichage en vue 3D et l'affichage en coupes axiale, coronale, ou sagittale.

En cliquant sur le bouton **Télécharger image IRM** (ou bien sur le menu **Ouvrir**), une boîte de dialogue **Ouvrir fichier** s'ouvre donnant la main pour choisir une image IRM 3D à copier dans la zone noire au dessus de ce bouton (*Figure 4.34*).

De la même façon, un clic sur le bouton **Télécharger image US** (ou sur le menu **Ouvrir**), une boîte de dialogue **Ouvrir fichier** s'ouvre donnant la main pour choisir une image US 3D qui sera copiée dans la zone noire au dessus de ce bouton.



Figure 4.34 – Ouverture des images IRM et US.

Le recalage initial rigide se lance en cliquant sur le bouton **Recalage rigide** (le premier des deux boutons cerclés en rouge dans **Figure 4.33**). Le résultat sera affichée sur la zone noire située entre les deux zones images IRM et US (**Figure 4.35**).

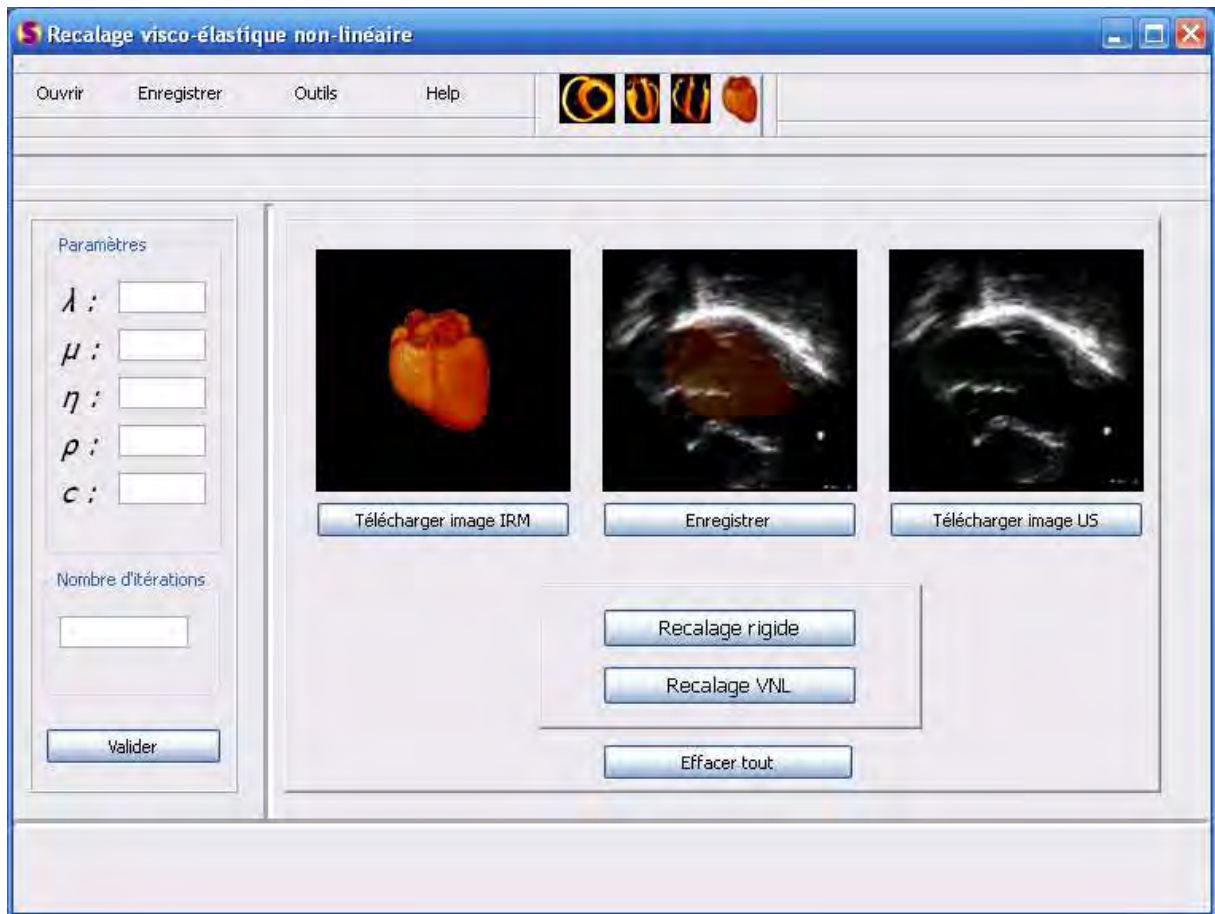


Figure 4.35 - Capture d'écran après lancement de recalage rigide.

Ce n'est qu'après l'achèvement de recalage rigide, que le bouton **Recalage VNL** donne la main pour lancer la procédure de recalage visco-élastique non-linéaire, après la fourniture des paramètres mécaniques et le seuil maximal de nombre d'itérations (**Figure 4.36**).

En effet, un clic sur le bouton **Valider** situé plus bas dans la zone de paramétrage, après l'écriture des valeurs des paramètres, déclenche la création du maillage et les pré-calculs (les matrices de raideur et de viscosité.....), ainsi que la tâche de sélection des blocs. En phase per-opérateur et après l'acquisition de l'image US 3D (cette dernière sera copiée dans la zone spécifiée), un clic sur le bouton **Recalage VNL** déclenche la séquence des tâches *temps-réel* (diffusion anisotrope, appariement des blocs, résolution itérative et locale du système d'équations dynamiques, l'interpolation), qui s'achève par la projection de résultat sur la zone spécifiée.

Enfin, le bouton **Enregistrer** permet d'enregistrer l'image résultante dans l'endroit voulu (ça se réalise aussi par le menu **Enregistrer** dans la barre des menus), et le bouton **Effacer tout** permet de nettoyer des zones images pour recommencer avec des nouvelles images.



Figure 4.36 - Capture d'écran après lancement de recalage visco-élastique non-linéaire.

4.4.2 Mise au point des paramètres

Quoique les études expérimentales sur le tissu myocardique objectivent qu'il exhibe un comportement visco-élastique non-linéaire, on ne dispose pas de données exactes sur les valeurs de ses propriétés mécaniques. Nous utilisons pour la mise en œuvre numérique de notre modèle bio-mécanique du cœur des paramètres tirés de la littérature dont Sermesant [167] a utilisé dans son modèle bio-mécanique du cœur : $\lambda = 300\,000$ Pascal, $\mu = 26\,000$ Pascal, $\rho_i = 1\,070\text{ kg/m}^3 \quad \forall i$, $c_i = 0.015 \quad \forall i$. Pour la viscosité η , nous ne trouvons pas de valeur spécifique du tissu myocardique issue des expériences, pour cela nous choisissons de conférer au myocarde une viscosité semblable à celle du foie où $\eta = 600$ Pascal.Seconde. Nous fixons le seuil maximal du rapport moyen R_{max} à 0.90, et le

seuil du déplacement minimal par rapport au barycentre $\mathbf{u}_{Baryc-min}$ à 10^{-4} mm, avec le pas temporel Δt à 10^{-5} sec.

Les fonctions $\delta\lambda(R)$ et $\delta\mu(R)$ sont choisies de la même façon que dans Schwartz [154]:

Intervalle de R	Valeurs de $\delta\lambda(R)$ et $\delta\mu(R)$
> 0.97	0 ; 0
0.945 à 0.97	3000 ; 750
0.92 à 0.945	6000 ; 1500
0.895 à 0.92	10000 ; 2500
0.87 à 0.895	16000 ; 4000
0.845 à 0.87	26000 ; 6500
0.82 à 0.845	38000 ; 9500
0.795 à 0.82	52000 ; 13000
< 0.795	68000 ; 17000

Tableau 4.1 - Les fonctions $\delta\lambda(R)$ et $\delta\mu(R)$ utilisées dans l'algorithme décrit.

Pour les paramètres de l'algorithme *block-matching* : blocs de taille $5 \text{ voxel} \times 5 \text{ voxel} \times 5 \text{ voxel}$, avec un voisinage $\mathcal{V} = (2\mathcal{U}_x, 2\mathcal{U}_y, 2\mathcal{U}_z) = (10 \text{ voxel}, 10 \text{ voxel}, 10 \text{ voxel})$, pas de recherche $\mathcal{Q} = (\mathcal{Q}_x, \mathcal{Q}_y, \mathcal{Q}_z) = (1 \text{ voxel}, 1 \text{ voxel}, 1 \text{ voxel})$, qui signifie une recherche exhaustive.

4.5 Résultats expérimentaux et discussion

L'algorithme présenté est conçu pour recalibrer une image IRM 3D pré-opératoire sur une image US 3D per-opératoire appartenant au même patient.

A défaut de telles images, nous expérimentons notre algorithme sur les deux images décrites dans la section 4.2.1.1 :

1. Image IRM 3D prise de site de projet Asclepios de l'INRIA : résolution $256 \times 256 \times 127$ et des voxels de taille $0.3125 \text{ mm} \times 0.3125 \text{ mm} \times 0.8125 \text{ mm}$.
2. Image US 3D prise de la collection de S. Barré : résolution $128 \times 120 \times 8$ avec des voxels de taille $1 \text{ mm} \times 1 \text{ mm} \times 1 \text{ mm}$, (après ré-échantillonnage la taille des voxels est ramenée à celle de l'image IRM).

Nous avons commencé d'abord par un recalage des coupes 2D de ces images avant de passer au recalage des images 3D.

Nous nous contentons dans ce présent travail d'évaluer la version séquentielle de l'algorithme décrit sur un seul PC (dual Pentium IV 2 Ghz).

Les résultats obtenus sur des images réelles sont qualitativement encourageant, le système converge après 230 itérations fournissant : une bonne superposition des deux images, les déformations calculées sont proches de comportement mécanique réel du myocarde, une grande capacité à couvrir des grandes déformations, processus de recalage purement automatique adéquat avec l'usage per-opérateur. Nous constatons aussi que les déformations recouvrent bien les structures internes que les contours (du fait de l'utilisation de la stratégie de *block-matching*, contrairement aux approches basées sur la mise en correspondance des surfaces pour le calcul des forces extérieures où la précision n'est garantie qu'au voisinage des contours).

Dans ce présent travail, nous n'évaluons pas quantitativement la précision des résultats fournis par notre algorithme, mais nous pouvons présumer que :

1. L'utilisation d'un modèle visco-élastique non-linéaire garantit trivialement une meilleure précision par rapport aux approches de recalage qui utilisent des modèles élastiques linéaires (comme dans Clatz [2] et Sermesant [265]), notamment pour la prise en compte des déformations de plus en plus grandes. Tous les travaux portés sur le recalage par modèle bio-mécanique basés sur l'hypothèse de l'élasticité linéaire présentent la limite de contourner les grandes déformations, car l'élasticité linéaire est elle-même fondée sur l'hypothèse des petites déformations, et ils se closent avec la perspective de s'étendre par l'intégration des modèles bio-mécaniques plus complexes et plus réaliste. Clatz [2] rend l'augmentation de l'erreur à proximité de la tumeur dans le cerveau aux limites de modèle élastique linéaire qu'il a utilisé dans son algorithme. D'une manière spécifique, l'utilisation de MMT de Schwartz [154] offre plus de précision à l'algorithme décrit. En effet, les études comparatives que Schwartz a réalisées entre le comportement mécanique d'un foie réel soumis à une force extérieure et les résultats obtenus par simulation à l'aide de MMT visco-élastique non-linéaire prouvent que ce modèle permet de reproduire le comportement réel des tissus mous avec une bonne précision (**Figure 4.37**).

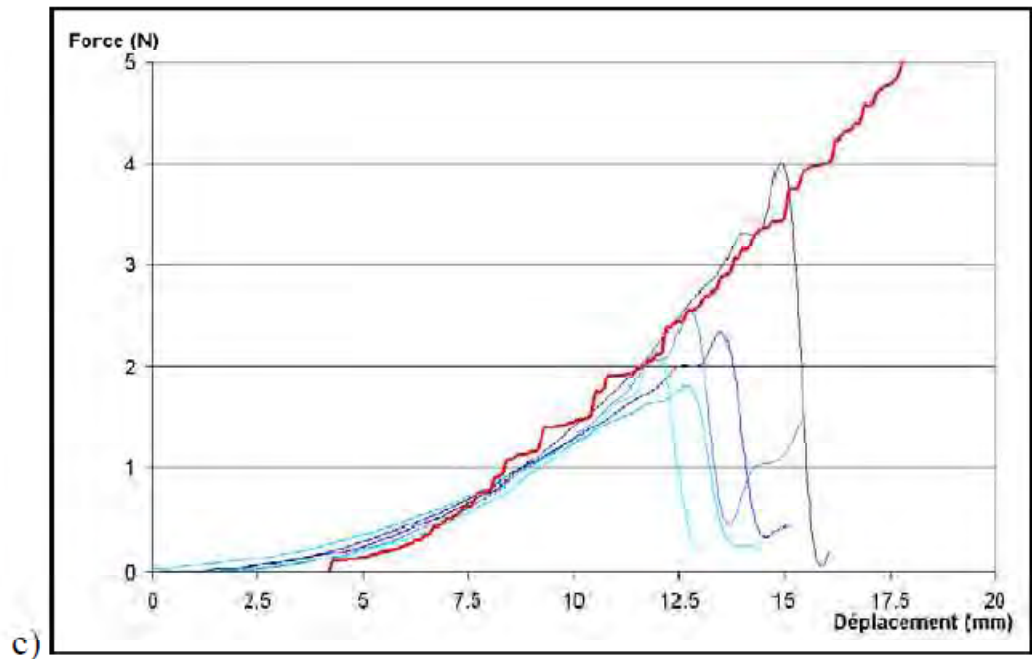


Figure 4.37 - Cinq courbes expérimentales indépendantes (en bleu) et les courbes obtenues par simulation (en rouge). La superposition de courbe rouge sur les courbes bleues est évidente. Prise de Schwartz [154].

2. La stratégie de sélection des blocs adoptée qui consiste à inclure tous les voxels correspondants aux surfaces du maillage initial dans l'ensemble des blocs sélectionnés, et l'application de ces déplacements calculés durant l'étape l'appariement comme conditions aux limites offre plus de précision à l'algorithme, que les approches qui sélectionnent les blocs en se basant seulement sur leurs variances locales (comme dans Clatz [2]).
3. Précéder le processus de recalage par modèle bio-mécanique par une phase initiale de recalage rigide à fonction probabiliste de Coupé [202], spécifique pour la dualité IRM/US, qui a prouvé son précision et son robustesse.

Les performances de notre algorithme en termes de temps d'exécution ne sont pas bien exploitées sur une architecture parallèle vue la limite du temps. Mais en effet, deux éléments garantissent la faisabilité de cet algorithme en *temps-réel* :

1. L'utilisation de la méthode de Schwartz [154] pour le calcul rapide des forces visco-élastiques non-linéaires : Schwartz [154] a démontré à partir des résultats obtenus par des simulations sur des maillages test de petite taille que son modèle visco-élastique non-linéaire est bien adapté aux applications *temps-réel* pour des maillages de taille égale à celle des organes (sur un PC Pentium III 1 Ghz, avec un maillage de 768 tétraèdres, 200 itérations / 1,23 seconde).

2. La parallélisation de toutes les étapes de l'algorithme notamment l'appariement des blocs et la résolution itérative du système d'équations dynamiques et l'architecture parallèle choisi: sachant que par la seule parallélisation de l'étape d'appariement des blocs dans Clatz [2], son algorithme délivre ses résultats dans moins de 35 seconde avec un maillage du cerveau de 30 000 tétraèdres, sur un une grappe de PCs (3 dual Pentium IV 2 Ghz, 9 dual Pentium III 1 Ghz).

L'initialisation par le recalage rigide à fonction probabiliste qui a prouvé sa robustesse, et l'utilisation de *block-matching* qui est connu comme robuste garantit la robustesse de l'algorithme décrit.

Une validation quantitative rigoureuse de la précision est envisagée dans les travaux ultérieurs (malgré que c'est une tâche délicate), soit par mesure de l'erreur moyenne sur des points caractéristiques homologues sélectionnés manuellement par un expert dans l'image US per-opérateur et l'image IRM résultante (déformée), soit par des mesures de similarité iconiques globales (comme l'IM) entre l'image IRM résultante et l'image US per-opérateur. Aussi une étude expérimentale de la robustesse de l'algorithme (par la comparaison des résultats obtenus avant et après l'ajout d'un bruit sur les deux images à recalculer (IRM et US), ainsi que le calcul de temps exact que prend notre algorithme en s'exécutant sur l'architecture parallèle spécifiée dans la section 4.2 sont à réaliser dans un avenir proche.

Conclusion générale et perspectives

Nous avons présenté le long de ce manuscrit un nouvel algorithme de recalage automatique per-opératoire multi-modal (IRM pré-opératoire/US per-opératoire) par modèle bio-mécanique pour la chirurgie cardiaque, où deux contributions principales sont apportées.

La première consiste à concevoir un modèle cardiaque capable de reproduire en *temps-réel* le comportement bio-mécanique réel du myocarde, à savoir la visco-élasticité non-linéaire, en utilisant la méthode de Schwartz [154] qu'il a conçu pour le calcul rapide des forces visco-élastiques non-linéaires dans son MMT pour la simulation des procédures chirurgicales sur le foie.

La deuxième contribution est d'intégrer dans une plateforme parallèle le modèle cardiaque conçu avec la stratégie de *block-matching*, pour calculer finalement un champ des déplacements dense recalant en *temps-réel* chaque point anatomique dans l'image destination sur son homologue dans l'image référence.

La caractéristique essentielle de l'algorithme présenté est qu'il est générique, car quoique son domaine applicatif soit la chirurgie cardiaque, sa conception ne présage pas de spécificité de domaine cardiaque, et il peut être utilisé dans n'importe quelle chirurgie. En plus, s'il est conçu pour pouvoir reproduire le comportement visco-élastique non-linéaire, il peut trivialement reproduire les comportements moins complexes (la visco-élasticité linéaire, l'élasticité non-linéaire, et l'élasticité linéaire). Et s'il est multi-modal (IRM/US), il est évidemment applicable avec excellence en mono-modalité (comme IRM/IRM).

Les premiers résultats obtenus sur des images 2D et 3D réelles objectivent une bonne précision visuelle de l'algorithme présenté, avec des déformations proches du comportement réel du myocarde, sur les structures internes qu'au voisinage des surfaces. En plus, il prouve la capacité à contourner les grands déplacements. Tout ça démontre que cet algorithme satisfait la contrainte de précision exigée par les interventions chirurgicales.

Quoique nous n'ayons pas pu faire actuellement des études quantitatives, nous pouvons présumer théoriquement que l'algorithme décrit garantit la *précision* exigée par le milieu chirurgical pour les raisons suivantes : l'utilisation d'un modèle bio-mécanique réaliste, basé sur le MMT visco-élastique non-linéaire dont la précision est déjà prouvée, l'inclusion des blocs couvrant la surface du maillage dans l'ensemble de blocs sélectionnées et la désignation de ses déplacements calculés par appariement comme condition aux limites, l'initialisation par une méthode de recalage rigide à fonction

probabiliste de Coupé [202], spécifique pour la dualité IRM/US, qui a prouvé son précision.

En effet, l'utilisation de la formulation de MMT de Schwartz [154] pour le calcul rapide des forces visco-élastiques non-linéaires, qui est conçue spécialement pour des applications *temps-réel*, ainsi que la parallélisation de toutes les étapes de l'algorithme avec des outils software bien testés et validés, sur une architecture SPMD faite d'un grappe de PCs standards, moins chères et facilement disponibles dans les hôpitaux et les blocs opératoires, tout ça rendent l'algorithme présenté faisable en *temps-réel* et sans faire recours à des machines et des équipements dédiés dont le coût est élevé.

L'utilisation de la stratégie de *block-matching* (qui est considérée comme une approche hybride géométrique/iconique) pour le calcul du champ des déplacements épars, offre à l'algorithme une robustesse acceptable aux bruits, comme prouvé dans Sermesant [265]. L'initialisation par un recalage rigide à fonction probabiliste contribue aussi à la robustesse de cet algorithme.

En outre, le modèle cardiaque conçu est caractérisé par sa capacité à prendre en compte le changement de topologie (hérité de MMT) ce qui permet de présenter les incisions et les déchirures qui résultent sur le tissu myocardique durant l'intervention chirurgicale. Cette propriété constitue une innovation importante dans le domaine de recalage en général, car la majorité des procédures de recalage sont basés sur l'hypothèse de conservation de topologie.

La représentation locale des propriétés mécaniques au niveau de chaque tétraèdre (héritée de MMT) le rend un outil flexible permettant de prendre en compte le caractère inhomogène des tissus.

Le défi majeur que nous confrontons est l'obtention des données expérimentales précises sur le tissu myocardique, pour bien paramétrer le modèle bio-mécanique du cœur. Mais comme le modèle conçu donne toujours la main à l'utilisateur pour fournir les paramètres avant de commencer ses calculs, cela ne pose guère de problème.

En conclusion, nous pouvons oser à dire :

Image IRM pré-opératoire + échographie per-opératoire + algorithme présenté \Leftrightarrow IRM per-opératoire

Perspectives :

Les perspectives d'amélioration de l'algorithme présenté sont nombreuses :

1. Une validation quantitative rigoureuse de cet algorithme dans l'environnement parallèle spécifié, en termes de : vitesse, précision, et robustesse.
2. Etude de *trade-off* entre le nombre des PCs parallèles et le temps de calcul.
3. La mise en œuvre pratique *temps-réel* de l'algorithme dans un milieu chirurgical réel par collaboration avec un service de chirurgie cardio-vasculaire.
4. Etendre le champ d'application l'algorithme décrit aux autres domaines chirurgicaux.
5. Introduction d'une technique de rejet des déplacements aberrants parmi les déplacements épars estimés par la stratégie d'appariement des blocs (ne considérer que les appariements physiquement réalistes).
6. Etude approfondie afin de caractériser les conditions de convergence et les critères de stabilité de cet algorithme.
7. Supporter le caractère non-linéaire dans le modèle conçu (non-linéarité physique) par une non-linéarité géométrique pour plus de réalisme.
8. Intégration de l'activité électrique dans le modèle bio-mécanique, pour avoir un modèle dynamique du cœur, et étendre l'algorithme vers un algorithme de recalage par modèle dynamique, permettant de suivre en *temps-réel* les mouvements périodiques du cœur ainsi que ces déformations durant l'intervention chirurgicale.
9. Pour garantir de manière plus exhaustive la sécurité et la fiabilité liée au domaine chirurgical, notamment la chirurgie cardiaque, nous aimerions opter à utiliser les méthodes formelle, ce qui guidera à re-développer formellement le corps de l'algorithme pour qu'il soit prêt à subir une vérification formelle, notamment pour garantir le respect des contraintes temporelles liées à chaque tâche au sein d'une même intervention chirurgicale.
10. Enfin, l'intégration de l'algorithme présenté comme un système embarqué dans l'appareil d'échographie per-opératoire permettra de faciliter son usage. Ainsi, il suffit de fournir à l'échographe au tout début de l'intervention l'image IRM 3D pré-opératoire, et on le laisse donner en *temps-réel* et en continue sa séquence d'images US 3D per-opératoire, puis à la demande l'aide chirurgien clique sur un bouton de commande et le résultat de recalage sera directement affiché sur l'écran de ce même échographe. Cela réduira considérablement le temps du calcul et rendra l'algorithme plus pratique.

« Une personne qui n'a jamais commis d'erreurs, n'a jamais tenté d'innover », Albert Einstein.

Bibliographie

- [1] Ch. Jégou, A. Bonmartin. Fusion d'images en multimodalité. *Médecine Nucléaire - Imagerie fonctionnelle et métabolique*, vol. 20, no. 10, pp. 553-560, 2004.
- [2] O.Clatz, H. Delingette, I. F. Talos, A. J. Golby, R. Kikinis, , F. A. Jolesz, , N. Ayache and S. K.Warfield. Robust non-rigid registration to capture brain shift from intra-operative MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 24, no. 11, pp. 1417–1427, 2005.
- [3] B. Zitová, J. Flusser, F. Šroubek. Image registration: A survey and recent advances. *Proceedings of the 12th IEEE International Conference on Image Processing, ICIP'05*, 2005.
- [4] G. Malandain. Les mesures de similarité pour le recalage des images médicales. *Habilitation à diriger des recherches*, Université Nice Sophia-Antipolis, 2006.
- [5] C. A. Glasbey, K. V. Mardia. A review of image-warping methods. *Journal of Applied Statistics*, vol. 25, no. 2, pp. 155-171, 1998.
- [6] L.G. Brown. A survey of image registration techniques. *ACM Computing Surveys*, vol. 24, no. 4, pp. 325-376, 1992.
- [7] P. Gerlot, Y. Bizais. Image registration: A review and a strategy for medical applications. *Information Processing in Medical Imaging*, pp. 81-89, 1987.
- [8] J. B. A. Maintz , M. A. Viergever. A survey of medical image registration. *Medical Image Analysis*, vol. 2, no. 1, pp. 1-36, 1998.
- [9] C. R. Maurer, J. M. Fitzpatrick. A review of medical image registration. In R. J. Maciunas, editor, *Interactive image-guided neurosurgery* (American Association of Neurological Surgeons, Parkridge, IL), pp. 17-44, 1993.
- [10] P. A. Van Den Elsen, E. J. D. Pol, and M. A. Viergever. Medical image matching – a review with classification. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, vol. 12, pp. 26–39, 1993.
- [11] H. Lester and S. R. Arridge. A survey of hierarchical non-linear medical image registration. *Pattern Recognition*, 32:129–149, 1999.
- [12] D.L.G. Hill, P.G. Batchelor, M. Holden, and D.J. Hawkes. Medical image registration. *Physics in Medicine and Biology*, vol. 46, pp.1–45, 2001.
- [13] M. C. Gilardi, G. Rizzo, A. Savi, and F. Fazio. Registration of multi-modal biomedical images of the heart. *Quarterly J Nucl Med*, vol. 40, no. 1, pp. 142–150, 1996.

- [14] T. Mäkelä, P. Clarysse, O. Sipila, N. Pauna, Q. C. Pham, T. Katila, and I. E. Magnin. A review of cardiac image registration methods. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol.21, no.9, pp. 1011–1021, 2002.
- [15] S. Lavallée. Registration for computer-integrated surgery: methodology, state of the art. In R. H. Taylor, S. Lavallée, G. C. Burdea, and R. Mösges, (eds), *Computer-integrated surgery*, Technology and clinical applications, chapter 5, pp. 77–97. MIT Press, Cambridge, MA, 1996.
- [16] D. A. Simon, M. Hebert and T. Kanade. Techniques for Fast and Accurate Intrasurgical Registration. *Image Guided Surgery*, vol. 1, no. 1, pp. 17-29, 1995.
- [17] D. A. Simon and S. Lavallée. Medical imaging and registration in computer-assisted surgery. *Clinical Orthopaedics and related research*, vol. 354, pp. 17-27, 1998.
- [18] E. Grimson, T. Lozano-Pérez, W. Wells, G. Ettinger, S. White, and R. Kikinis. Automated registration for enhanced reality visualization in surgery. In *Applications of computer vision in medical image processing*, pp. 26–29, 1994.
- [19] E. Grimson, T. Lozano-Perez. An Automated Registration Method for Frameless Stereotaxy, *Image Guided Surgery*, and Enhanced Reality Visualization. *Proceedings IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pp. 430-436, 1994.
- [20] E. Grimson, R. Kikinis. Registration for Image-Guided Surgery. Book Chapter in : *Handbook of Medical Imaging: Processing and Analysis*, ed. Isaac N. Bankman, Academic Press, San Diego, CA, Chapter 39, pp. 623-633, 2000.
- [21] W. A. Hoff and N. Khoi. Computer vision-based registration techniques for augmented reality. *Proceedings of Intelligent Robots and Computer Vision XV*, SPIE vol. 2904, pp. 538-548, 1996.
- [22] M. I. Miga, *et al.* Model-Updated Image Guidance: Initial Clinical Experiences with Gravity-Induced Brain Deformation. *IEEE Trans Med Imaging*, vol. 18, pp. 866-74, 1999.
- [23] C. Barillot. Fusion de données et imagerie 3D en médecine. Habilitation à diriger des recherches, Université de Rennes 1, IRISA, 1999.
- [24] N. Vincent. Recalage non rigide d'images cérébrales 3D avec contrainte de conservation de la topologie. Thèse de doctorat, université de Louis Pasteur - Strasbourg I, 2006.
- [25] J. Canny. A computational approach to edge detection. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 8, pp. 679–698, 1986.
- [26] D. Marr and E. Hildreth. Theory of edge detection. *Proc. R. Soc. London*, vol. 207, pp. 187–217, 1980.
- [27] J. P. Thirion. New Feature Points based on Geometric Invariants for 3D Image Registration. *International Journal of Computer Vision*, vol. 18, no. 2, pp. 121-137, 1996.

- [28] A. Guézic & N. Ayache. Smoothing and matching of 3-d space curves. *International Journal of Computer Vision*, vol. 12, no. 1, pp. 79-104, 1994.
- [29] 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*, vol. 17, no. 3, pp. 463-468, 1998.
- [30] N. Royackkers, M. Desvignes, H. Fawal & M. Revenu. Detection and Statistical Analysis of Human Cortical Sulci. *NeuroImage*, vol. 10, pp. 625-641, 1999.
- [31] H. Li, B. S. Manjunath, and S. K. Mitra. A contour-based approach to multisensor image registration. *IEEE Trans. Image Processing*, vol. 4, pp. 320–334, 1995.
- [32] C. Davatzikos. Spatial transformation and registration of brain images using elastically deformable models. *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 66, no. 2, pp. 207-222, 1997.
- [33] N. R. Pal and S. K. Pal. A review on image segmentation techniques. *Pattern Recognition*, vol. 26, pp. 1277–1294, 1993.
- [34] A. Goshtasby, G. C. Stockman, and C. V. Page. A region-based approach to digital image registration with subpixel accuracy. *IEEE Trans. Geoscience and Remote Sensing*, vol. 24, pp.390– 399, 1986.
- [35] E. D'Agostino, F. Maes, D. Vandermeulen & P. Suetens. An information theoretic approach for non-rigid image registration using voxel class probabilities. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, LNCS-2879, pp. 812-820, Montréal, Québec, Canada, 2003.
- [36] D. Shen & C. Davatzikos. HAMMER : hierarchical attribute matching mechanism for elastic registration. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, no. 11, pp. 1421-1439, 2002.
- [37] M. Mellor & M. Brady. Phase mutual information as a similarity measure for registration. *Medical Image Analysis*, vol. 9, no. 4, pp. 330-343, 2005.
- [38] Z. Xue, D. Shen and C. Davatzikos. Determining correspondence in 3-D MR brain images using attribute vectors as morphological signatures of voxels. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 23, no. 10, pp. 1276-1291, 2004.
- [39] A. Roche. Recalage d'images médicales par inférence statique. Thèse de doctorat. Université de Nice – Sophia Antipolis, 2001.
- [40] P. Hellier and C. Barillot. Coupling dense and landmark-based approaches for nonrigid registration. *IEEE Trans Med Imaging*, vol. 22, no. 2, pp. 217–27, 2003.
- [41] K. S. Arun, T. Huang & S. D. Blostein. Least-squares fitting of two 3-D point sets. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 6, no. 5, pp. 698-700, 1987.

- [42] D. Akca. Generalized procrustes analysis and its applications in photogrammetry. Internal Colloquium at Photogrammetry and Remote Sensing Group of IGP - ETH Zurich . Federal Institute of Technology Zurich Institute of Geodesy and Photogrammetry, 2003.
- [43] P. J. Besl and N. D. McKay. A method for registration of 3D shapes. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 14, pp. 239–254, 1992.
- [44] R. S. J. Estépar, A. Brun, C-F. Westin. Robust Generalized Total Least Squares Iterative Closest Point Registration. *MICCAI (1) 2004*, pp. 234-241.
- [45] J. Feldmar, J. Declerck, G. Malandain, and N. Ayache. Extension of the ICP Algorithm to Non-Rigid Intensity-Based Registration of 3D Volumes. *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 66, no. 2, pp. 193-206, 1997.
- [46] H. G. Barrow, J. M. Tenenbaum, R. C. Bolles, and H. C. Wolf. Parametric correspondence and chamfer matching: Two new techniques for image matching. *Proc. 5th Int'l. Joint Conf. Art. Intell.*, pp. 659–663, Cambridge, Massachusetts, 1977.
- [47] G. Borgefors. Hierarchical chamfer matching: A parametric edge matching algorithm. *IEEE Trans. Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 10, pp. 849–865, 1988.
- [48] M.L. Goris, G. Malandain, and I. Marque. Automatic registration of myocardial perfusion study using a potential based rigid transformation. In *2nd International Conference of Nuclear Cardiology*, Cannes France, 1995.
- [49] C.A. Pelizzari, G.T.Y. Chen, D.R. Spelbring, R.R. Weichselbaum & C.-T. Chen. Accurate three-dimensional registration of CT,PET, and/or MR images of brain. *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 13, pp. 20-26, 1989.
- [50] R. C. Veltkamp. Shape Matching: Similarity Measures and Algorithms. In *Shape Modeling International (SIM 2001)*, 2001.
- [51] A. Goshtasby. *2-D and 3-D Image Registration for Medical, Remote Sensing, and Industrial Applications*. Book, 280 pages, Wiley Interscience, Hoboken, New Jersey, 2005.
- [52] R.P. Woods, J.C. Mazziota & S.R. Cherry. MRI-PET registration with automated algorithm. *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 17, no. 4, pp. 536-546, 1993.
- [53] A. Roche, G. Malandain, X. Pennec & N. Ayache. The Correlation Ratio as a New Similarity Measure for Multimodal Image Registration. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, vol. 1496, pp. 1115-1124, Cambridge, Etats-Unis., Springer Verlag, 1998.
- [54] Y. H. Lau, M. Braun and B.F. Hutton. Non-rigid image registration using a median-filtered coarse-to-fine displacement and a symmetric correlation ratio. *Physics in Medicine and Biology*, vol. 46, no. 4, pp. 1297-1319, 2001.
- [55] C. Shannon. A mathematical theory of communication. *Bell System Technical Journal*, vol. 27, pp. 379-423 and 623-656, 1948.

- [56] J.P.W. Pluim, J.B.A. Maintz & M. A. Viergever. Mutual-information-based registration of medical images: a survey. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 22, no. 8, pp. 986-1004, 2003.
- [57] P. Viola and W. M. Wells III. Alignment by maximization of mutual information. In *International Conference on Computer Vision*, E. Grimson, S. Shafer, A. Blake, and K. Sugihara, Eds. 1995, pp. 16–23, IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, CA, 1995.
- [58] P. A. Viola. Alignment by maximization of mutual information. Ph.D. thesis, Massachusetts Institute of Technology, Boston, MA, USA, 1995.
- [59] A. Collignon, F. Maes, D. Delaere, D. Vandermeulen, P. Suetens, and G. Marchal. Automated multi-modality image registration based on information theory. In *Information Processing in Medical Imaging*, Y. Bizais, C. Barillot, and R. Di Paola, Eds. 1995, pp. 263–274, Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, 1995.
- [60] A. Collignon. Multi-modality medical image registration by maximization of mutual information. Ph.D. thesis, Catholic University of Leuven, Leuven, Belgium, 1998.
- [61] O. Camara. Non-linear registration of thoracic and abdominal CT and 18-FDG whole-body emission PET images: methodological study and application in clinical routine. PhD thesis, Télécom Paris, ENST, 2003.
- [62] C. Studholme, D. L. G. Hill, and D. J. Hawkes. An overlap invariant entropy measure of 3D medical image alignment. *Pattern Recognition*, vol. 1, no. 32, pp. 71–86, 1999.
- [63] A. Roche, G. Malandain, N. Ayache, and S. Prima. Towards a better comprehension of similarity measures used in medical image registration. In C. Taylor and A. Colchester, editors, *Proc. of 2nd Int. Conf. on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'99)*, number 1679 in LNCS, pages 555–566, Cambridge, UK, Springer Verlag, 1999.
- [64] O. Faugeras. *Three-Dimensional Computer Vision: A Geometrical Viewpoint*, MIT Press, Cambridge, MA, London, U.K, 1993.
- [65] J. Talairach & P. Tournoux. *Co-Planar Stereotactic Atlas Of The Human Brain*, Georg Thieme Verlag, Stuttgart, 1988.
- [66] A. Goshtasby. Piecewise linear mapping functions for image registration. *Pattern Recognition*, vol. 19, pp. 459–466, 1986.
- [67] A. Goshtasby. Piecewise cubic mapping functions for image registration. *Pattern Recognition*, Vol. 20, pp. 525–533, 1987.
- [68] A. Goshtasby. Image registration by local approximation methods. *Image and Vision Computing*, vol. 6, pp. 255–261, 1988.
- [69] J-P. Thirion. Image matching as a diffusion process : an analogy with Maxwell's demons. *Medical Image Analysis*, vol. 2, no. 3, pp. 243-260, 1998.

- [70] P. Cachier & N. Ayache. Isotropic energies, filters and splines for vectorial regularization. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, vol. 20, no. 3, pp. 251-265, 2004.
- [71] M. Bro-Nielsen & C. Gramkow. Fast Fluid Registration of Medical Images. In *Visualization in Biomedical Computing*, LNCS-1131, pp. 267- 276, Hambourg, Allemagne, 1996.
- [72] C. Broit. Optimal Registration of Deformed Images. Thèse de doctorat, Université de Pennsylvanie, 1981.
- [73] P. Cachier, E. Bardinet, D. Dormont, X. Pennec & N. Ayache. Iconic feature based nonrigid registration : the PASHA algorithm. *Computer Vision and Image Understanding*, vol. 89, no. 2-3, pp. 272-298, 2003.
- [74] R.P. Woods, S.T. Grafton, J.D.G. Watson, N.L. Sicotte & J.C. Mazziotta. Automated image registration: 2. Intersubject validation of linear and non-linear models. *Journal of Computer Assisted Tomography*, vol. 22, no. 1, pages 153-165, 1998.
- [75] J. Ashburner & K.J. Friston. Nonlinear Spatial Normalization Using Basis Functions. *Human Brain Mapping*, vol. 7, pp. 254-266, 1999.
- [76] Y. Amit. A Nonlinear Variational Problem for Image Matching. *SIAM, Journal on Scientific Computing*, vol. 15, no. 1, pp. 207-224, 1994.
- [77] R. Szeliski & J. Coughlan. Spline-based image registration. *International Journal of Computer Vision*, vol. 22, no. 3, pp. 199-218, 1997.
- [78] C. O.S. Sorzano, P. Th_ evenaz & M. Unser. Elastic Registration of Bio-logical Images Using Vector-Spline Regularization. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, vol. 52, no. 4, pp. 652-663, 2005.
- [79] N. Arad, N. Dyn, D. Reissfeld, Y. Yeshurun: Image Warping by Radial Basis Functions: Application to Facial Expressions. *CVGIP: Graphical Model and Image Processing*, vol. 56, no. 2, pp. 161-172, 1994.
- [80] R.L. Hardy. Multiquadric equations of topography and other irregular surfaces. *Journal of . Geophysical . Research*, vol. 76, no. 8, pp. 1905-1915, 1971.
- [81] F.L. Bookstein. Principal warps : Thin-plate splines and the decomposition of deformations. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 11, no. 6, pp. 567-585, 1989.
- [82] A. Goshtasby. Registration of Images with Geometric Distortions. *IEEE Trans. Geoscience and Remote Sensing*, vol. 26, no. 1, pp. 60-64. 1988.
- [83] D. Ruprecht and H. Muller. Image warping with scattered data interpolation. *IEEE Computer Graphics and Applications*, vol. 15, no. 2, pp. 37-43, 1995.

- [84] T.W. Sederberg & S.R. Parry. Free-form deformation of solid geometric models. In Proceedings of the 13th annual conference on Computer graphics and interactive techniques, pp. 151-160, 1986.
- [85] D. Rueckert, L.I. Sonoda, C. Hayes, D.L.G. Hill, M.O. Leach & D.J. Hawkes. Non-rigid registration using free-form deformations: Application to breast MR images. IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 18, no. 8, pp. 712-721, 1999.
- [86] T. Rohlfing, C. Maurer, D. Bluemke & M. Jacobs. Volume-preserving non-rigid registration of MR breast images using free-form deformation with an incompressibility constraint. IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 22, no. 6, pp. 730-741, 2003.
- [87] R. Bajcsy & S. Kovačič. Multiresolution elastic matching. Computer Vision, Graphics, and Image Processing, vol. 46, pp. 1-21, 1989.
- [88] M. I. Miller, G. E. Christensen, Y. Amit, U. Grenander. Mathematical textbook of deformable neuroanatomies. Proc. Nat Acad. Sci., vol. 90, no. 24, pp. 11944-11948, 1993.
- [89] G.E. Christensen, M.I. Miller and M. Vannier, A 3D deformable magnetic resonance textbook based on elasticity, in AAAI Spring Symposium Series: Applications of Computer Vision in Medical Image Processing, pp. 153-156, Stanford University, March 1994
- [90] J.C. Gee, M. Reivich & R. Bajcsy. Elastically Deforming 3D Atlas to Match Anatomical Brain Images. Journal of Computer Assisted Tomography, vol. 17, no. 2, pp. 225-236, 1993.
- [91] M. Ferrant, C.R.G. Guttmann S.K. War_eld, R.V. Mulkern, F.A. Jolesz & R. Kikinis. 3D Image Matching Using a Finite Element Based Elastic Deformation Model. In Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention, Springer-Verlag, Lecture Notes in Computer Sciences LNCS-1679, vol. 1679, pp. 202-209, 1999.
- [92] C. Davatzikos. Spatial Normalization of 3D Brain Images Using Deformable Models. Journal of Computer Assisted Tomography, vol. 20, no. 4, pp. 656-665, 1996.
- [93] C. Davatzikos. Spatial transformation and registration of brain images using elastically deformable models. Computer Vision and Image Understanding, vol. 66, no. 2, pp. 207-222, 1997.
- [94] G.E. Christensen, R.D. Rabbitt & I. Miller. Deformable templates using large deformation kinematics. IEEE Transactions on Image Processing, vol. 5, no. 10, pp. 1435-1447, 1996.
- [95] G.E. Christensen, M.I. Miller, M.W. Vannier & U. Grenander. Individualizing neuro-anatomical atlases using a massively parallel computer. IEEE Computer, pp. 32-38, 1996.
- [96] G.E. Christensen, S.C. Joshi & M.I. Miller. Volumetric transformation of brain anatomy. IEEE Transactions on Medical Imaging, vol. 16, no. 6, pp. 864-877, 1997.
- [97] G.E. Christensen. MIMD Vs. SIMD Parallel Processing : A Case Study in 3D Medical Image Registration. Parallel Computing, vol. 24, pages 1369-1383, 1998.

- [98] M.I. Miller, S.C. Joshi & G.E. Christensen. Large deformation fluid diffeomorphisms for landmark and image matching. In A.W. Toga, éditeur, *Brain Warping*, chapitre 7, pages 115-131. Academic Press, 1999.
- [99] G. Wollny and F. Kruggel. Computational cost of non rigid registration algorithms based on fluid dynamics. *IEEE Transaction on Medical Imaging*, vol. 21, pp. 946-952, 2002.
- [100] S. Tang and T. Jiang. Nonrigid registration of medical image by Maxwell model of viscoelasticity. *IEEE Symp. Biomedical Imaging: From Nano to Macro*, pages 1443-1446, 2004.
- [101] Z. Yi and J.Wan. Viscoelastic registration of medical images. Technical Report, CS-2005-36, Waterloo university, Canada, 2005.
- [102] B. Horn & B. Schunck. Determining optical flow. *Artificial Intelligence*, vol. 17, pp. 185-203, 1981.
- [103] M.J.D. Powell. An efficient method for finding the minimum of a function of several variables without calculating derivatives. *The Computer Journal*, vol. 7, no. 2, pp. 155-162, 1964.
- [104] J.A. Nelder & R. Mead. A simplex method for function minimization. *The Computer Journal*, vol. 7, no. 4, pp. 308-313, 1965.
- [105] D. W. Marquardt. An algorithm for least-squares estimation of non-linear parameters. *Journal of the Society for Industrial and Applied Mathematics*, vol. 11, no. 2, pp. 431-441, 1963.
- [106] S. Kirkpatrick, C. D. Gelatt & M. P. Vecchi. Optimization by Simulated Annealing. *Science*, vol. 220, no. 4598, pp. 671-680, mai 1983.
- [107] D.E. Goldberg. Genetic algorithms in search, optimization, and machine learning. Addison-Wesley, 1989.
- [108] J-J. Jacq, C. Roux Automatic registration of 3D images using a simple genetic algorithm with a stochastic performance function. *Proceeding of EMBS'93*, pp. 90-91, 1993.
- [109] J-J. Jacq, C. Roux. Registration Of 3-D Images By Genetic Optimization. *Pattern Recognition Letters*, vol. 16, no. 8, pp. 823-841, 1995.
- [110] Hassiba Talbi and M. Batouche. Particle swarm optimization for image registration. International Conference on Computer Theory and Applications, IEEE Press, Damascus, Syria, 2004.
- [111] F. Richard. A comparative study of markovian and variational image matching techniques in application to mammograms. *Pattern Recognition Letters*, vol. 26, no. 12, pp. 1819-1829, 2005.

- [112] J.-M. Rouet, J.-J. Jacq & Ch. Roux. Genetic algorithms for a robust 3-D MR-CT registration. *IEEE Transactions on Information Technology in Biomedicine*, vol. 4, no. 2, pp. 126-136, 2000.
- [113] Hichem Talbi, A. Draa and M. Batouche. A quantum genetic algorithm for image registration. In *ICCTA 2004 Proceedings, International Conference on Computer Theory and Applications*, IEEE Press, Damascus, Syria, April 2004.
- [114] M. Jenkinson & S.M. Smith. A Global Optimisation Method for Robust Affine Registration of Brain Images. *Medical Image Analysis*, vol. 5, pp. 143-156, 2001.
- [115] M. Salomon, F. Heitz, G.-R. Perrin & J.-P. Armspach. A massively parallel approach to deformable matching of 3D medical images via stochastic differential equations. *Parallel Computing*, vol. 31, no. 1, pp. 45-71, 2005.
- [116] W. H. Press, S. A. Teukolsky, W. T. Vetterling, and B. P. Flannery. *Numerical Recipes: The Art of Scientific Computing*. 3rd edition, Cambridge, 2007.
- [117] F. Volkmar, A. Diegeler, T. Walther, et *al.* Total endoscopic coronary artery bypass grafting. *Eur J Cardiothorac Surg*, vol. 17, pp. 38–45, 2000.
- [118] È. Coste-manière, L. Adhami. Planning, Simulation and Augmented Reality for Robotic Cardiac Procedures : the Stars system of the Chir Team. *Seminars in Thoracic and Cardiovascular Surgery*, 2002.
- [119] È. Coste-manière, L. Adhami, F. Mourgues, O. Bantiche, D. Lé, N. Swarup, D. Daunt, K. Salisbury, G. Guthart. Optimal Planning of Robotically Assisted Heart Surgery : Transfer Precision in the Operating Room. *International Journal of Robotics Research* , 2002.
- [120] N. A. Pike and S. R. Gundry. Robotically assisted cardiac surgery: Minimally invasive techniques to totally endoscopic heart surgery. *Journal of Cardiovascular Nursing*, vol. 18, pp. 382–88, 2003.
- [121] F. Volkmar, M. Fabien, L. Adhami, J. Stefan, T. Holger, N. Stefan, M. Friedrich, È. Coste-Manière. Cardio navigation: planning, simulation, and augmented reality in robotic assisted endoscopic bypass grafting. *The Annals of thoracic surgery*, vol. 79, no. 6, 2005.
- [122] W. Thomas; K. Jörg, B. Michael A, F. Jens, F. Volkmar, J. Blumenstein, M. Dehdashtian, G. Schuler, F. Mohr. Human minimally invasive off-pump valve-in-a-valve implantation. *The Annals of thoracic surgery* , vol. 85, no. 3, pp. 1072-3, 2008.
- [123] H. M. David, J. Stephan, M. Michael, M. Denis, W. Thomas, M. Friedrich, F. Volkmar Minimally invasive hybrid coronary artery revascularization. *The Annals of thoracic surgery*, vol. 86, no. 6, pp. 1856-60, 2008.
- [124] Y. C. Fung. *Biomechanics, Mechanical properties of living tissues*. Springer-Verlag, 1993.

- [125] I. Mirsky, W. W. Parmley. *Cardiac Mechanics: Physiological, Clinical and Mathematical Considerations*. Pergamon Press, chap. 4, 1974.
- [126] F. A. Huxley. *Muscle Structure and Theory of Contraction*. *Progr. Biomech. Biophys. Chem.* vol. 7, pp. 255–318, 1957.
- [127] A.Y.K. Wong. Mechanics of cardiac muscle, based on Huxley's model: mathematical simulation of isometric contraction. *J. Biomechanics*, vol. 4, pp. 529, 1971.
- [128] I. Mirsky, W. W. Parmley. Assessment of passive elastic stiffness for isolated heart muscle and the intact heart. *Circul. Research*, vol. 33, pp. 233–243, 1973.
- [129] H. Ghaemi, K. Behdinan, A.D. Spence. *In vitro* technique in estimation of passive mechanical properties of bovine heart: Part I. Experimental techniques and data Corrected Proof, *Medical Engineering & Physics*, 2008.
- [130] Philips, editor. *Basic Principles of MR Imaging*. Philips Internal Press, 1998.
- [131] M. Sonka, D. R. Thedens, B. P. F. Lelieveldt, S. C. Mitchell, R. J. Van der Geest, J. H. C. Reiber. Cardio-vascular MR Image Analysis. In: *Computer Vision Beyond the Visible Spectrum*, B Bhanu and I Pavlidis eds., Springer Verlag London, pp. 193-240. 2005.
- [132] H. Feigenbaum. *Echocardiography*. Lippincott Williams & Wilkins, 5 edition, 1994.
- [133] J. G. Bosch, S. C. Mitchell, B. P. F. Lelieveldt, M. Sonka, F. Nijland, and J. H. C. Reiber, Model-based automated border detection for quantitative stress echocardiography. *European Heart Journal*, abstract supplement ESC, vol.21, p. 37, 2000.
- [134] M. Sonka. Rapid and Accurate LV Surface Generation from 3D Echocardiography by a Catalog-based Method – Editorial, *International Journal of Cardiovascular Imaging*, Vol. 19, pp. 19–21, 2003.
- [135] F.A. Jolesz, A. Nabavi R. Kikinis. Integration of interventional MRI with computer-assisted surgery. *J Magn. Reson Imaging*, vol.13, pp.69–77, 2001.
- [136] F.A. Jolesz. Future perspectives for intraoperative MRI. *Neurosurgery Clinics of North America*, vol. 16, no. 1, pp. 201 – 213, 2005.
- [137] M.A. Guttman, R.J. Lederman, J.M. Sorger and E.R. McVeigh. Real-time volume rendered MRI for interventional guidance. *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance*, vol. 4, no. 4, pp. 431-442, 2002.
- [138] E. R. McVeigh, M. A. Guttman, R. J. Lederman, M. Li, O. Kocaturk, T. Hunt, S. Kozlov, and K. A. Horvath. Real-time interactive MRI-guided cardiac surgery: Aortic valve replacement using a direct apical approach. *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 56, pp. 958–64, 2006.
- [139] Y. Suematsu, G. R. Marx, J. A. Stoll, P. E. Dupont, R. O. Cleveland, R. D. Howe, J. K. Triedman, B. N. M. T. Mihaljevic, B. J. Savord, I. S. Salgo, and P. J. del Nido. Three-dimensional echo-guided beating heart surgery without cardiopulmonary bypass: a

feasibility study. *Journal of Thoracic & Cardiovascular Surgery*, vol. 128, pp. 579–87, 2004.

[140] T. Z. Naqvi and D. Zarbatany. Intracardiac echocardiography for percutaneous mitral valve repair in a swine model. *Journal of the American Society of Echocardiography*, Mosby and S. Louis, eds., Proc. A. Soc. Echo. 19, pp. 147–53, 2006.

[141] F. Lindseth. *Ultrasound Guided Surgery: Multimodal Visualization and Navigation Accuracy*. Thèse de doctorat, Norwegian University of Science and Technology. 2002

[142] C.A. Linte, J. Moore, AD. Wiles, C. Wedlake, and TM. Peters. Virtual Reality-Enhanced Ultrasound Guidance: A Novel Technique for Intracardiac Interventions. *Journal of Computer Aided Surgery*, vol. 13, no. 2, 2008.

[143] I. Miga, D. M. Cash, Z. Cao, R. L. Galloway, B. Dawant, W. C. Chapman. Intraoperative registration of the liver for image-guided surgery using laser range scanning and deformable models. *Medical Imaging 2003: Visualization, Display, and Image-guided Procedures: Proc. of the SPIE*, 2003.

[144] M. Sermesant, C. Forest, X. Pennec, H. Delingette, and N. Ayache. Biomechanical model construction from different modalities: Application to cardiac images. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'02)*, vol. 2208 of Lecture Notes in Computer Science (LNCS), pp. 714–721, 2002.

[145] N. Ayache, *Computational Models for the Human Body*. Handbook of Numerical Analysis, P. Ciarlet, Ed. Amsterdam, The Netherlands: Elsevier, 2004.

[146] M. Sermesant. *Modèle électromécanique du cœur pour l'analyse d'image et la simulation*. Thèse de sciences, Université de Nice Sophia Antipolis, 2003.

[147] Q.C. Pham, F. Vincent, P. Clarysse, P. Croisille, and I. Magnin. A FEM-based deformable model for the 3D segmentation and tracking of the heart in cardiac MRI. In *Image and Signal Processing and Analysis (ISPA'01)*, 2001.

[148] X. Papademetris, A. J. Sinusas, D. P. Dione, and J. S. Duncan. Estimation of 3D left ventricle deformation from echocardiography. *Medical Image Analysis*, vol. 5, no1, pp.17–28, 2001.

[149] M. Sermesant, Y. Coudière, H. Delingette, N. Ayache, and J.A. Désidéri. An electro-mechanical model of the heart for cardiac image analysis. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'01)*, vol. 2208 of Lecture Notes in Computer Science (LNCS), pp. 224–231, 2001.

[150] J. Montagnat. *Modèles déformables pour la segmentation et la modélisation d'images médicales 3D et 4D*. Thèse de sciences, Université de Nice-Sophia Antipolis, 1999.

[151] J. Montagnat. 4D deformable models with temporal constraints: application to 4d cardiac image segmentation. *Med. Image Anal.*, vol. 9, no. 1, pp. 87–100, 2005.

- [152] T. Mäkelä, Q-C Pham, P. Clarysse, J. Lötjönen, K. Lauerma, H. Hänninen, J. Knuuti, T. Katila, and I. Magnin. A 3-D model-based approach for the PET-functional and MR-anatomical cardiac imaging data fusion. In *Functional Imaging and Modeling of the Heart (FIMH'01)*, no. 2230 in *Lecture Notes in Computer Science (LNCS)*, pp. 83–90. Springer, 2001.
- [153] H. Delingette and N. Ayache. Soft tissue modeling for surgery simulation. In *Computational Models for the Human Body. Handbook of Numerical Analysis (Ed : Ph. Ciarlet)*, N. Ayache, Ed. Elsevier, 2004, pp. 453–550.
- [154] J. M. Schwartz. Calcul rapide de forces et de déformations mécaniques non-linéaires et visco-élastiques pour la simulation de chirurgie. Thèse de doctorat, Université Laval, 2003.
- [155] F. Azar, D. Metaxas, and M. Schnall. Methods for modeling and predicting mechanical deformations of the breast under external perturbations. *Medical Image Analysis*, vol. 6, no. 1, pp.1–27, 2002.
- [156] H. Liu and P. Shi. Simultaneous estimation of left ventricular motion and material properties with maximum *a posteriori* strategy. In *IEEE Comput. Vis. Pattern Recognit.*, pp. I-161–I-168, 2003.
- [157] M. Sermesant, K. Rhode, G. I. Sanchez-Ortiz, O. Camara, R. Andriantsimiavona, S. Hegde, D. Rueckert, P. Lambiase, C. Bucknall, E. Rosenthal, H. Delingette, D. L. Hill, N. Ayache, and R. Razavi. Simulation of Cardiac Pathologies Using an Electromechanical Biventricular Model and XMR Interventional Imaging. *Medical Image Analysis*, vol. 5, no. 9, pp. 467–80, 2005.
- [158] W-T. Lin and R.A. Robb. Simulation and interactive multidimensional visualization of cardiac dynamics using a patient-specific physics-based model. In *Computer Assisted Radiology and Surgery (CARS'00)*, 2000.
- [159] A. McCulloch, J.B. Bassingthwaite, P.J. Hunter, D. Noble, T.L. Blundell, and T. Pawson. Computational biology of the heart: From structure to function. *Progress in Biophysics & Molecular Biology*, vol. 69, pp. 151–559, 1998.
- [160] A. McCulloch, D. Sung, M. Thomas, and A. Michailova. Experimental and computational modeling of cardiac electromechanical coupling. In *Functional Imaging and Modeling of the Heart*, no. 2230 in *Lecture Notes in Computer Science (LNCS)*, pp. 113–119, 2001.
- [161] P. Nielsen, I. L. Grice, B. Smail, and P. Hunter. Mathematical model of geometry and fibrous structure of the heart. *Am. J. Physiol.*, vol. 260, no. 29, pp. 1365–1378, 1991.
- [162] J. Rogers, M. Courtemanche, and A. McCulloch. Computational biology of the heart, chapter Finite element methods for modelling impulse propagation in the heart, pp. 217–233. John Wiley & Sons, 1996.
- [163] N. Ayache, D. Chapelle, F. Clément, Y. Coudière, H. Delingette, J.A. Désidéri, M. Sermesant, M. Sorine, and J. Urquiza. Towards model-based estimation of the cardiac

electro-mechanical activity from ECG signals and ultrasound images. In *Functional Imaging and Modeling of the Heart (FIMH'01)*, no. 2230 in *Lecture Notes in Computer Science (LNCS)*, pp. 120–127, 2001.

[164] D. Chapelle, F. Clément, F. Génot, P. L. Tallec, M. Sorine, and J. Urquiza, A physiologically-based model for the active cardiac muscle contraction. *Lecture Notes in Computer Science*, ser. (LNCS). Berlin, Germany: Springer-Verlag, vol. 2230, *Functional Imaging and Modeling of the Heart (FIMH'01)*, pp. 128–133, 2001.

[165] P. Hunter, A. Pullan, and B. Smaill. Modeling total heart function. *Annu. Rev. Biomed. Eng.*, vol. 5, pp. 147–177, 2003.

[166] D. Noble. Modeling the heart. *Physiology*, vol. 19, pp. 191–197, 2004.

[167] M. Sermesant, H. Delingette, and N. Ayache. An electromechanical model of the heart for image analysis and simulation. *IEEE Transactions in Medical Imaging*, vol. 25, no. 5, pp. 612–625. 2006.

[168] J.-M. Peyrat, M. Sermesant, X. Pennec, H. Delingette, C. Xu, E. R. McVeigh, N. Ayache. *IEEE A Computational Framework for the Statistical Analysis of Cardiac Diffusion Tensors: Application to a Small Database of Canine Hearts. Transactions on Medical Imaging*, vol. 26, no. 11, pp.1500-1514, 2007.

[169] A.F. Frangi, W.J. Niessen, and M.A. Viergever. Three-dimensional modeling for functional analysis of cardiac images: A review. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 1, no. 20, pp.2–25, 2001.

[170] P.L. Evina Ekombo, M. Oumsis, M. Meknassi. Classification des modèles déformables appliqués à l'imagerie cardiovasculaire. *WOTIC'05*, Kenitra, MAROC, 2005.

[171] T. McInerney and D. Terzopoulos. Deformable models in medical images analysis: a survey. *Med. Image Anal.*, vol. 1, no. 2, pp. 91–108, 1996.

[172] R. Satava. Medical virtual reality: the current status of the future. In *Medecine Meets Virtual Reality (MMVR IV)*, pp. 100–106, 1996.

[173] J.-F. Mangin, V. Frouin, I. Bloch, J. Régis, and J. Lopez-Krahe, From 3D magnetic resonance images to structural representations of the cortex topography using topology preserving deformations. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, vol. 5, no. 4, pp. 297–318, 1995.

[174] J.-F. Mangin, O. Coulon, and V. Frouin. Robust brain segmentation using histogram scale-space analysis and mathematical morphology. *Lecture Notes in Computer Science*, vol. 1496, pp.1230–1241, 1998.

[175] W. Lorensen and H. Cline. Marching cubes: a high resolution 3d surface construction algorithm. In *Siggraph 87 Conference Proceedings*, ser. *Computer Graphics*, vol. 21, pp. 163–170, 1987.

- [176] P. J. Frey. Yams a fully automatic adaptive isotropic surface remeshing procedure. INRIA, Technical Report RT-0252, 2001.
- [177] P. J. Frey and P. L. George, Mesh Generation. Hermes Science Publications, 2000.
- [178] P. Hunter and B. Smaill. The analysis of cardiac function: a continuum approach. Biophysical molecular Biology, 1988.
- [179] E. Hsu and C. Henriquez, Myocardial fiber orientation mapping using reduced encoding diffusion tensor imaging. *J. Cardiovasc. Magn. Reson.*, vol. 3, pp. 325–333, 2001.
- [180] P. A. Helm, H. J. Tseng, L. .Younes, E. R. McVeigh, and R. L. Winslow. Ex Vivo 3D Diffusion Tensor Imaging and Quantification of Cardiac Lamellar Structure. *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 54, no. 4, pp. 850–859, 2005.
- [181] M. Sermesant, C. Forest, X. Pennec, H. Delingette, and N. Ayache, Deformable biomechanical models: application to 4D cardiac image analysis. *Med. Image Anal.*, vol. 7, no. 4, pp. 475–488, 2003.
- [182] A. Pommert, K.-H.Höhne, B. Pflessner, E. Richter, M. Riemer, T. Schiemann, R. Schubert, U. Schumacher, and U. Tiede. Creating a high-resolution spatial/symbolic model of the inner organs based on the visible human. *Med. Image Anal.*, vol. 5, no. 3, pp. 221–228, 2001.
- [183] A. Hodgkin and A. Huxley. A quantitative description of membrane current and its application to conduction and excitation in nerve. *J. Physiol.*, vol. 177, pp. 500–544, 1952.
- [184] G. W. Beeler and H. Reuter. Reconstruction of the action potential of ventricular myocardial fibers. *J. Physiol.*, vol. 268, pp. 177–210, 1977.
- [185] C. Luo and Y. Rudy. A model of the ventricular cardiac action potential: depolarization, repolarization, and their interaction. *Circ. Res.*, vol. 68, pp. 1501–1526, 1991.
- [186] D. Noble, A. Varghese, P. Kohl, and P. Noble. Improved guinea-pig ventricular cell model incorporating a diadic space I and length and tension dependent processes. *Can. J. Cardiol.*, vol. 14, pp. 123–134, 1998.
- [187] R. FitzHugh, Impulses and physiological states in theoretical models of nerve membrane, *Biophys. J.*, vol. 1, pp. 445–466, 1961.
- [188] R. Aliev and A. Panfilov. A simple two-variable model of cardiac excitation. *Chaos, Solitons & Fractals*, vol. 7, no. 3, pp. 293–301, 1996.
- [189] Z. Knudsen, A.V. Holden, and J. Brindley. Qualitative modeling of mechano-electrical feedback in a ventricular cell. *Bulletin of mathematical biology*, vol. 6, no. 59, pp. 115–181, 1997.

- [190] B. Kogan, W. Karplus, B. Billett, A. Pang, H. Karagueuzian, and S. Khan. The simplified FitzHugh-Nagumo model with action potential duration restitution: effects on 2D wave propagation. *Physica D*, vol. 50, pp. 327–340, 1991.
- [191] J. Humphrey, R. Strumpf, and F. Yin. Determination of a constitutive relation for passive myocardium: I. A new functional form. *ASME J. Biomechan. Eng.*, vol. 112, pp. 333–339, 1990.
- [192] J. Guccione and A. McCulloch. Finite element modeling of ventricular mechanics. In *Theory of Heart: Biomechanics, Biophysics, and Nonlinear Dynamics of Cardiac Function*. Berlin, Germany: Springer-Verlag, pp. 121–144, 1991.
- [193] P. Hunter, M. Nash, and G. Sands. Computational electromechanics of the heart. In *Computational Biology of the Heart*. New York: Wiley, ch. 12, pp. 345–407, 1997.
- [194] M. Nash. Mechanics and Material Properties of the Heart using an Anatomically Accurate Mathematical Model. PhD thesis, University of Auckland, New Zealand, 1998.
- [195] J. Häfner, F. Sachse, C. Sansour, G. Seemann, and O. Dössel. Hyperelastic description of elastomechanic properties of the heart: a new material law and its application. *Biomedizinische Technik*, vol. 47-1/2, pp. 770–773, 2002.
- [196] D. Caillerie, A. Mourad, and A. Raoult. Toward a fiber-based constitutive law for the myocardium. In *Proc. Modeling & Simulation for Computer-Aided Medicine and Surgery (MS4CMS'02)*, vol. 12, ESAIM Proceedings, pp. 25–30, 2002.
- [197] J. Bestel, F. Clément, and M. Sorine. A biomechanical model of muscle contraction. In *Lecture Notes in Computer Science*. Berlin, Germany: Springer-Verlag, vol. 2208, Medical Image Computing and Computer-Assisted intervention (MICCAI'01), pp. 1159–1161, 2001.
- [198] A.V. Hill. The heat of shortening and the dynamic constants in muscle. *Proc. Roy. Soc. London*, vol. 126, pp. 136–165, 1938.
- [199] C. A. Linte, A. D. Wiles, J. T. Moore, C. Wedlake, G. M. Guiraudon, D. L. Jones, D. Bainbridge and T.M. Peters. An Augmented Reality Environment for Image-Guidance of Off-Pump Mitral Valve Implantations. *Proc of SPIE 6509: Visualization and Image-Guided Procedures*. pp. 6509ON-12, 2007.
- [200] N. Hata, R. Dohi, S. Warfield, W.M. Wells, R. Kikinis, and Jolesz F.A. Multimodality deformable registration of pre- and intraoperative images for MRI-guided brain surgery. *MICCAI '98*, Lecture Notes in Computer Science, pages 1067–1074. Springer-Verlag, 1998.
- [201] T. Arbel, *et al.* Automatic non-linear MRI-ultrasound registration for the correction of intraoperative brain deformations. *Comput Aided Surg*, vol. 9, pp. 123-36, 2004.
- [202] P. Coupé, *et al.* A Probabilistic Objective Function for 3D Rigid Registration of Intraoperative US and Preoperative MR Brain Images, *IEEE ISBI*, 2007.

- [203] C. Barillot, *et al.* Image guidance in neurosurgical procedures, the visages point of view *IEEE ISBI*, 2007.
- [204] Ferrant, M; Nabavi, A; Macq, B; Jolesz, FA; Kikinis, R; Warfield, SK. Registration of 3-D intraoperative MR images of the brain using a finite-element biomechanical model. *IEEE Trans Med Imaging*, 2001.
- [205] D.A. Simon. What is “Registration” and why is it so important in CAOS ?. Proceedings of the First Joint CVRMed / MRCAS Conference, pp. 57-60, 1997.
- [206] Ph. Merloz. Chirurgie Orthopédique Assistée par Ordinateur. « *Cahiers d’enseignement de la SO.F.C.O.T.* ». In J. Duparc et Ph. Merloz eds. Paris : Elsevier, 233 pages, 2002.
- [207] Ph. Merloz Chirurgie orthopédique assistée par ordinateur : état actuel et perspectives d’avenir. « *Cahiers d’enseignement de la SO.F.C.O.T.* ». e-mémoires de l’Académie Nationale de Chirurgie, vol. 5, no. 3, pp. 17-21, 2006.
- [208] B. Ma and R. E. Ellis. Robust registration for computer-integrated orthopedic surgery: laboratory validation and clinical experience. *Med. Image Anal.*, vol. 7, pp. 237–250, 2003.
- [209] A. J. Herline, J. D. Stefansic, J. P. Debelak, S. L. Hartmann, C. W. Pinson, R. L. Galloway, and W. C. Chapman. Image-guided surgery: preliminary feasibility studies of frameless stereotactic liver surgery. *Arch Surg*, vol. 134, pp. 644-9, 1999.
- [210] A. J. Herline, J. L. Herring, J. D. Stefansic, W. C. Chapman, R. L. Galloway, Jr., and B. M. Dawant. Surface registration for use in interactive, image-guided liver surgery. *Comput Aided Surg*, vol. 5, pp. 11-7, 2000.
- [211] J. D. Stefansic, A. J. Herline, Y. Shyr, W. C. Chapman, J. M. Fitzpatrick, B. M. Dawant, and R. L. Galloway .Registration of physical space to laparoscopic image space for use in minimally invasive hepatic surgery. *IEEE Trans Med Imaging*, vol. 19, pp. 1012-23, 2000.
- [212] J.H. Kaspersen, , E. Sjølie, , J. Wesche, , J. Asland, , J. Lundbom, , A. Odegard, , F. Lindseth. Three-dimensional ultrasound-based navigation combined with preoperative CT during abdominal interventions: a feasibility study, *Cardiovasc Intervent Radiol*, vol. 26, pp. 47-356, 2003.
- [213] S. Nicolau. Un système de réalité augmentée pour guider les opérations du foie en radiologie interventionnelle. PhD thesis, Université de Nice-Sophia Antipolis, 2004.
- [214] W. L. Clements ogan, M. D. Cash, C. W. Chapman, L. R. Galloway, I. M. Miga. Robust surface registration using salient anatomical features in image-guided liver surgery. *Progress in biomedical optics and imaging*, vol. 7, no. 27, 2006.
- [215] S. Eulenstein , T. Lange, M. Hünerbein, P-M. Schlag, H. Lamecker: Ultrasound Based Navigation System Incorporating Preoperative Planning for Liver Surgery Proc. CARS (H. Lemke et al, eds.), vol. 1268, pp. 758-763, 2004.

- [216] T. Lange et al. Augmenting Intraoperative 3D Ultrasound with preoperative models for navigation in liver surgery. In Proc MICCAI 2004. Part II. p. 534-541.
- [217] A. Bharatha, M. Hirose, N. Hata, SK. Warfield, M. Ferrant, KH. Zou, E. Suarez-Santana, J. Ruiz-Alzola, A. D'Amico, RA. Cormack, et al. Evaluation of three-dimensional finite element-based deformable registration of pre- and intraoperative prostate imaging. *Med Phys*, vol. 28, pp. 2551–2560, 2001.
- [218] X. Huang, N. Hill, J. Ren, G. Guiraudon, and T. M. Peters. Dynamic 3D ultrasound and MRI image registration of the beating heart. *Lecture Notes in Computer Science, Part I - Medical Image Computing and Computer-Assisted Interventions*, J. Duncan and G. Gerig, eds., Proc. MICCAI 3750, pp. 171–78, 2005.
- [219] X. Huang, N. Hill, J. Ren, G. Guiraudon, and T. M. Peters. Rapid Registration of Multimodal Images Using a Reduced Number of Voxels. In Proc. of SPIE, vol. 6141, pp. 614-116, 2006.
- [220] C. A. Linte, M. Wierzbicki, JT. Moore, GM. Guiraudon, DL. Jones and TM. Peters. An Enhancing Planning and Navigation of Beating-Heart Mitral Valve Surgery Using Pre-operative Cardiac Models. *IEEE Engineering in Medicine and Biology Society – EMBS: 29th International Annual Conference, Lyon, France. Proc IEEE Eng Med Biol Soc.* pp. 475-478, 2007.
- [221] Y. Sun, S. Kadoury, Y. Li, M. John, J. Resnick, G. Plambeck, R. Liao, F. Sauer, Ch. Xu. Image Guidance of Intracardiac Ultrasound with Fusion of Pre-operative Images. *Proc. MICCAI (1)*, pp.60-67, 2007.
- [222] T. Faber, R. McColl, R. Opperman, , J. Corbett, et R. Peshock. Spatial and temporal registration of cardiac SPECT and MR images: methods and evaluation. *Radiology*, vol. 179, no. 3, pp. 857-861, 1991.
- [223] S. Sinha, U. Sinha, , J. Czernin, , G. Porenta, , et H. Schelbert. Noninvasive assessment of myocardial perfusion and metabolism: feasibility of registering gated MR and PET images. *Am. J. Roentgenol*, vol. 36, pp. 301-307, 1995.
- [224] S. Nekolla, T. Ibrahim, , T. Balbach, , et C. Klein. Understanding cardiac imaging techniques from basic pathology to image fusion. *Chapitre Coregistration and fusion of cardiac magnetic resonance and positron emission tomography studies*, pp 144-154. IOS Press, Amsterdam, 2000.
- [225] D. Dey, P. Slomka, , L. Hahn, , et R. Kloiber. Automatic three-dimensional multimodality registration using radionuclide transmission CT attenuation maps: A phantom study. *J. Nucl. Med.*, vol. 40, no. 3, pp. 448-455,1999.
- [226] Bidaut, L. et Vallée, J.-P. Automated registration of dynamic MR images for the quantification of myocardial perfusion. *Journal of magnetic resonance imaging*, vol. 13, pp. 648-655, 2001.

- [227] J. G. Klein, B. W. Reutter, et R. H. Huesman. Fourdimensional affine registration models for respiratory-gated PET. *IEEE Trans. Medical Imag.*, vol. 48, no. 3, pp. 756-760, 2002.
- [228] T. Mäkelä, M. Pollari, J. Lötjönen, N. Pauna, A. Reilhac, P. Clarysse, I. E. Magnin, et T. Katila. Evaluation and comparison of surface and intensity based rigid registration methods for thorax and cardiac MR and PET images. In et al., I. E. M., editor, *Second International Workshop on Functional Imaging and Modeling of the Heart, FIMH 2003*, pp 224-233. Springer, 2003.
- [229] J. Declerck, J. Feldmar, M. Goris, et F. Betting. Automatic registration and alignment on a template of cardiac stress and rest reoriented SPECT images. *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 16, no. 6, pp. 727-737, 1997.
- [230] G. J. Klein, R. H. Huesman. Four-dimensional processing of deformable cardiac PET data. *Medical Image Analysis*, vol.6, pp. 29-46, 2002.
- [231] T. Mäkelä, P. Clarysse, J. Lötjönen, O. Sipilä, K. Lauerma, H. Hänninen, E.-P. Pyökkimies et al. A new method for the registration of cardiac PET and MR images using deformable model based segmentation of the main thorax structures. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'01)*, vol. 2208 of *Lecture Notes in Computer Science (LNCS)*, pp. 557-564, 2001.
- [232] T. Mäkelä, Q. Pham, P. Clarysse, J. Nenonen, J. Lötjönen, O. Sipilä, H. Hänninen, K. Lauerma et al. A 3-D model-based registration approach for the PET, MR and MCG cardiac data fusion. *Medical Image Analysis*, vol. 7, pp. 377-389, 2003.
- [233] J. Lötjönen et T.J. Mäkelä. Elastic matching using a deformation sphere. *Lect. Notes Comput. Sci. 2208: Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention, MICCAI'01*, W. Niessen, M.A. Viergever (Eds.), Springer, pp. 541-548, 2001.
- [234] N. Hata, M. Suzuki, T. Dohi, H. Iseki, K. Takakura, and D. Hashimoto. Registration of ultrasound echography for intraoperative use: a newly developed multiproperty method. *SPIE*, vol. 2359, pp. 251-259, 1994.
- [235] D. G. Gobbi, R. M. Comeau, and T. M. Peters. Ultrasound/MRI Overlay with Image Warping for Neurosurgery. *MICCAI*, vol. 1935 of *LNCS*, pp. 106–114, Springer, 2000.
- [236] A. P. King, J. M. Blackall, G. P. Penney, P. J. Edwards, D. L. G. Hill, and D. J. Hawkes. Bayesian estimation of intra-operative deformation for image-guided surgery using 3-D ultrasound. *MICCAI*, vol. 1935 of *LNCS*, pp. 588–597, Springer, 2000.
- [237] B. C. Porter, D. J. Rubens, J. G. Strang, J. Smith, S. Totterman, and K. J. Parker. Three-dimensional registration and fusion of ultrasound and MRI using major vessels as ducial markers. *IEEE TMI*, vol. 20, no. 4, pp. 354–359, 2001.
- [238] I. Reinertsen, M. Descoteaux, S. Drouin, K. Siddiqi, and D. L. Collins. Vessel driven correction of brain shift. *MICCAI*, vol. 3217 of *LNCS*, pp. 208–216, Springer, 2004.

- [239] A. Roche, X. Pennec, G. Malandain, and N. Ayache, .Rigid registration of 3D ultrasound with MR images : a new approach combining intensity and gradient information., *IEEE TMI*, vol. 20, no. 10, pp. 1038-1049, 2001.
- [240] S. Cotin, Delingette H., Ayache N. Efficient linear elastic models of soft tissues for real-time surgery simulation. *Proc. MMVR 7 (Medicine Meets Virtual Reality, San Francisco, USA, pp. 139-151, 1999.*
- [241] S. Cotin. Modèles anatomiques déformables en temps-réel. Thèse de doctorat, INRIA Sophia Antipolis - Université de Nice, Sophia Antipolis, 1997.
- [242] G. Picinbono, J.-C. Lombardo, H. Delingette, N. Ayache: Anisotropic elasticity and force extrapolation to improve realism of surgery simulation. *Proc. ICRA 2000 (IEEE International Conference on Robotics and Automation, San Francisco, USA,)*, vol. 1, pp. 596-602, 2000.
- [243] G. Picinbono, H. Delingette, N. Ayache: Non-linear and anisotropic elastic soft tissue models for medical simulation. *Proc. ICRA 2001 (IEEE International Conference on Robotics and Automation, Seoul, Korea,vol. 2, pp. 1370-1375, 2001.*
- [244] G. Picinbono, H. Delingette, N. Ayache: Non-linear anisotropic elasticity for real-time surgery simulation. *Graphical Models*, vol. 65, no.5, pp. 305-321, 2003.
- [245] J. Garrigues. Fondements de la mécanique des milieux continus. Hermès, Méthodes numériques, 2007.
- [246] G.F. Carey and J.T. Oden. Finite elements: Fluid mechanics. Volume VI, Prentice-Hall, New Jersey, ISBN 0-13-317132-9 025, 1986
- [247] P.G. Ciarlet, Mathematical elasticity: Three-dimensional elasticity. North-Holland, Amsterdam, ISBN 0-444-70259-8, vol. 1, 1987.
- [248] H. Goldstein. Classical Mechanics. Addison-Wesley, Reading, MA, 1950.
- [249] R. A. Schapery . On the characterization of nonlinear viscoelastic materials. *Polym Eng Sci*, vol 9, no 4, pp. 295–310, 1969.
- [250] W. N. Findley, J. S. Lai, K. Onaran . Creep and relaxation of nonlinear viscoelastic materials. North Holland, Amsterdam, 1976.
- [251] D. P. Pioletti, L. R. Rakotomanana, J. F. Benvenuti, P. F. Leyvraz . Viscoelastic constitutive law in large deformations: application to human knee ligaments and tendons. *J Biomech Eng*, vol. 31, no. 8, pp. 753–757, 1998.
- [252] J-F Stoltz, X. Wang. De la biomecanique a la mecanobiologie. XVème Congrès Français de Mécanique, 2001.
- [253] Y. C. Fung. Stress strain history relations of soft tissues in simple elongation in biomechanics, its foundations and objectives. Fung YC, Perrone N, Anliker M (eds) Prentice Hall, Englewood Cliffs, NJ, 1972.

- [254] Y.-C. Fung . *Biomechanics: Motion, Flow, Stress, and Growth*. Springer-Verlag, New York, 1990.
- [255] K. Miller, K. Chinzei. Constitutive modelling of brain tissue: experiment and theory. *Journal of Biomechanics*, vol.30, no. 11/12, pp. 1115-1121, 1997.
- [256] K. Miller. Biomechanics of soft tissues. *Medical Science Monitor*, vol.6, no. 1, pp.158-167, 2000.
- [257] H. Maaß, U. Kühnapfel. Non-invasive measurement of elastic properties of living tissue. *Proc. CARS '99 (Computer Assisted Radiology and Surgery, Paris, France)*, pp. 865-870, 1999.
- [258] J. Messmer, M. Fierro. Personal identification by radiographic comparison of vascular groove patterns of the calvarium. *American Journal of Medicine and Pathology*, vol. 7, pp. 159-162, 1986.
- [259] D. Terzopoulos, J. Platt, A. Barr, K. Fleischer. Elastically deformable models. *Proc. SIGGRAPH '87, Anaheim, USA*, pp. 205-214, 1987.
- [260] M. Bro-Nielsen, Medical image registration and surgery simulation, IMM-DTU Ph.D. Dissertation, 1996.
- [261] T. R. Chandrupatla, A. D. Belegundu. *Introduction to Finite Elements in Engineering*. 2nd Edition, Prentice-Hall, Upper Saddle River, (pp. 1-20, 279-309, 371-381), 1997.
- [262] Z. Liu, L. Bilston. On the viscoelastic character of liver tissue: experiments and modelling of the linear behaviour. *Biorheology*, vol. 37, no. 3, pp. 191-201, 2000.
- [263] Ferrant M, Nabavi A, Macq B, Black P M, Jolesz F, Kikinis R, and Warfield S. Serial registration of intraoperative MR images of the brain. *Medical Image Analysis*, vol. 6, pp. 337–359, 2002.
- [264] Warfield, S. K., Talos, F., Tei, A., Bharatha, A., Nabavi, A., Ferrant, M., Black, P., Jolesz, F. A., and Kikinis, R.. Real-time registration of volumetric brain MRI by biomechanical simulation of deformation during image guided neurosurgery. *Computing and Visualization in Science*, vol. 5, no. 1, pp. 3–11, 2002.
- [265] M. Sermesant, O. Clatz, Z. Li, S. Lantri, H. Delingette, and N. Ayache. A parallel implementation of non-rigid registration using a volumetric biomechanical model. In *WBIR'03*, pp. 398–407, 2003.
- [266] C. Davatzikos. Non-linear registration of brain images using deformable models. In *proc. IEEE MMBIA, San Francisco, USA, June 1996*.
- [267] J. Moore, M. Drangova, M. Wierzbicki, J. Barron, T.M. Peters. A high resolution dynamic heart model based on averaged MRI data. In *Proceedings of the Medical Image Computing and Computer-Assisted Interventions – MICCAI, Vol. 2878 of Lecture Notes in Computer Science; Montre´al (Canada). Berlin (Germany): Springer-Verlag. p. 549-555, 2003*.

- [268] C. A. Linte, M. Wierzbicki, T. M. Peters, A. Samani. Towards a biomechanics-based technique for assessing myocardial contractility: an inverse problem approach. *Comput Methods Biomech Biomed Engin*, vol.11, no. 3, pp.243-55, 2008.
- [269] J. Weickert. *Anisotropic diffusion in image processing*. Teubner Verlag, 1998.
- [270] J. Montagnat, M. Sermesant, H. Delingette, G. Malandain and N. Ayache. Anisotropic Filtering for Model-Based Segmentation of 4D Cylindrical Echocardiographic Images. In *Pattern Recognition Letters*, vol.24, no. 4-5, pp. 815-828, 2003.
- [271] A. Roche, X. Pennec, M. Rudolph, D. P. Auer, G. Malandain, S. Ourselin, L. M. Auer, and N. Ayache. Generalized Correlation Ratio for Rigid Registration of 3D Ultrasound with MR Images. In *Proc. of MICCAI'00*, LNCS 1935, pages 567–577, October 2000. Submitted to IEEE TMI.
- [272] M. M. J. Letteboer, M. A. Viergever, and W. J. Niessen, Rigid registration of 3D ultrasound data of brain tumours. In *CARS*, pp. 433-439, 2003.
- [273] A. Fedorov, N. Chrisochoides. Tetrahedral Mesh Generation for Non-rigid Registration of Brain MRI: Analysis of the Requirements and Evaluation of Solutions. In *Proc. of 17th International Meshing Roundtable*, pp.55-72, 2008.
- [274] O. Clatz. *Modèles biomécaniques et physio-pathologiques pour l'analyse d'images cérébrales*. Thèse de sciences, École des Mines de Paris, 2006.
- [275] A. Fedorov, N. Chrisochoides, R. Kikinis, S. K. Warfield. An evaluation of three approaches to tetrahedral mesh generation for deformable registration of brain MR images. *IEEE International Symposium on Biomedical Imaging: From nano to macro (ISBI 2006)*, pp.658-661, 2006.
- [276] A. Fedorov, N. Chrisochoides, R. Kikinis, S. Warfield. Tetrahedral mesh generation for medical imaging. *Open-Source Workshop, Int Conf Med Image Comput Comput Assist Interv, MICCAI 2005*.
- [277] S. J. Owen. A survey of unstructured mesh generation technology. In: *Proc. Of 7th IMR*, 239-267, 1998.
- [278] A. Jain. Image data compression: a review. *Proc. IEEE*, vol. 69, pp.349-389, 1981.
- [279] M. Bierling. Displacement estimation by hierarchical blockmatching. In *Proc. SPIE Conf. Visual Commun. Image Processing '88*, vol. 1001, pp. 942-951, 1988.
- [280] M. Ghambari. The Cross-Search Algorithm for Motion Estimation. *IEEE Transaction on Communication*, vol. 38, no.7, pp. 950-953, 1990.
- [281] J. Boreczky and L. Rowe. Comparison of video shot boundary detection techniques. In *Storage and Retrieval for Image and Video Databases (SPIE)*, pp. 170-179, 1996.
- [282] S. Ourselin, A. Roche, S. Prima, and N. Ayache. Block Matching: A General Framework to Improve Robustness of Rigid Registration of Medical Images. In *Proc. of MICCAI'00*, pp. 557–566, USA, 2000.

- [283] S. Ourselin, A. Roche, G. Subsol, X. Pennec, and N. Ayache. Reconstructing a 3D Structure from Serial Histological Sections. *Im. Vis. Comp.*, vol. 19, no.1-2, pp.25–31, 2001.
- [284] S. Ourselin. Recalage d'images médicales par appariement de régions - Application à la construction d'atlas histologiques 3D. Thèse de sciences, Université de Nice Sophia-Antipolis, 2002.
- [285] S. Ourselin, Radu Stefanescu, and Xavier Pennec. Robust registration of multi-modal images: towards real-time clinical applications. In Takeyoshi Dohi and Ron Kikinis, editors, Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'02), vol. 2489 of LNCS, pp.140-147, 2002.
- [286] S. Prima, S. Ourselin, N. Ayache. Computation of the mid-sagittal plane in 3D brain images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, no. 2, pp. 122-138, 2002.
- [287] J. Rexilius, S. Warfield, C. Guttmann, X. Wei, R. Benson, L. Wolfson, M. Shenton, H. Handels, and R. Kikinis. A novel nonrigid registration algorithm and applications. In Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'01), vol. 2208 of LNCS, pp. 923–931, 2001.
- [288] J. Ruiz-Alzola, C.-F. Westin, S. K. Warfield, C. Alberola, S. E. Maier, and R. Kikinis. Nonrigid registration of 3d tensor medical data. *Medical Image Analysis*, vol.6, no. 2, pp.143-161, 2002.
- [289] D. L. Collins and A. C. Evans. ANIMAL: Validation and Applications of Nonlinear Registration-Based Segmentation. *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, vol. 11, no. 8, pp. 1271–1294, 1997.
- [290] T. Gaens, F. Maes, D. Vandermeulen, and P. Suetens. Non-rigid Multimodal Image Registration Using Mutual Information. In *Proc. MICCAI'98*, volume 1496 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 1099–1106,1998.
- [291] J.B. A. Maintz, E.H.W. Meijering, and M.A. Viergever. General multimodal elastic registration based on mutual information. In K. M. Hanson, editor, *Medical Imaging: Image Processing*, vol. 3338 of *Proc SPIE*, Bellingham, WA, 1998.
- [292] N. Chrisochoides, A. Fedorov, A. Kot, N. Archip, Peter Black, O. Clatz, A. Golby, R. Kikinis, S. K. Warfield. Toward Real-Time, Image Guided Neurosurgery Using Distributed and Grid Computing. *Supercomputing 2006*, 2006.
- [293] OpenMP Architecture Review Board. *OpenMP C and C++ Application Program Interface Version 1.0*, October 1998.
- [294] Message Passing Interface Forum. *MPI: A Message-Passing Interface Standard*, May 1995. <http://www.mpi-forum.org/>.
- [295] L. Ibanez, W. Schroeder, et al. The ITK Software Guide. Kitware Inc.; 2003. 2. Augustine K, Holmes D, Robb R. ITK and Analyze: A synergistic integration. In: *SPIE, Medical Imaging 2004*, p. 6 -15, 2004.

[296] T.S. Yoo. *Insight Into Images: Principles and Practice for Segmentation, Registration, and Image Analysis*. A.K. Peters, 2004.

[297] W. Schroeder, K. Martin, and B. Lorensen, *The Visualization Toolkit*. Kitware Inc., 2002.