

# *Fusion de données*

---

## Mise en correspondance d'objets 3D par une approche mécanique : application aux images médicales multimodales

---

### *Mechanical Based Rigid Registration of 3D Objects : Application to Multimodal Medical Images*

par Grégoire MALANDAIN, Sara FERNÁNDEZ-VIDAL\*, Jean-Marie ROCCHISANI\*\*

greg@sophia.inria.fr, INRIA-Project Epidaure, 2004 route des Lucioles,  
BP 93, 06902 Sophia Antipolis Cedex, France.

\* svidal@sophia.inria.fr, INRIA-Project Epidaure, 2004 route des Lucioles,  
BP 93, 06902 Sophia Antipolis Cedex, France.

\*\* rocchi@bora.inria.fr, Hôpital Avicenne, Service de Médecine Nucléaire  
125 rue de Stalingrad, 93000 Bobigny, France.

#### Résumé

La mise en correspondance d'objets 3D est un problème important dans le domaine du traitement d'image. Il apparaît lorsque des données acquises par différents capteurs, à des moments ou/et des instants différents doivent être fusionnées. Si l'on suppose que les objets à mettre en correspondance sont rigides, nous avons à retrouver les paramètres d'une transformation rigide. Lorsque l'utilisation d'amers ou de caractéristiques communes n'est pas possible pour résoudre cette tâche, une méthode itérative peut être utilisée avec profit.

Cet article présente une méthode itérative générale pour la mise en correspondance d'objets 3D. Son originalité réside dans ses fondements mécaniques : plutôt que de minimiser une énergie potentielle par rapport aux paramètres de la transformation rigide, qui est l'approche classique, nous étudions le mouvement d'un objet rigide, c'est-à-dire un solide, dans un champ de potentiel. Cette approche particulière prend en compte l'énergie cinétique du solide, ce qui permet de «sauter» certains maxima locaux de l'énergie potentielle et donc d'éviter certains minima locaux. Nous montrons que notre approche, si l'on considère l'énergie cinétique toujours nulle, est équivalente à une méthode de descente de gradient, l'introduction de la vitesse permet donc d'en accélérer la convergence. En outre, nous montrons que notre méthode se laisse moins facilement «piéger» par les minima locaux de l'énergie que les méthodes classiques de minimisation.

L'article est illustré par l'application de la méthode au recalage d'images médicales réelles, où nous utilisons la totalité du volume segmenté.

**Mots clés :** imagerie médicale, fusion de données, mécanique des solides, mise en correspondance d'images, minimisation d'énergie potentielle

#### Abstract

*The registration of 3-D objects is an important problem in computer vision and especially in medical imaging. It arises when data acquired by different sensors and/or at different times have to be fused. Under the basic assumption that the objects to be registered are rigid, the problem is to recover the six parameters of a rigid transformation. If landmarks or common characteristics are not available, the problem has to be solved by an iterative method. However such methods are inevitably attracted to local minima. This paper presents a novel iterative method designed for the rigid registration of 3-D objects. Its originality lies in its physical basis : instead of minimizing an energy function with respect to the parameters of the rigid transformation (the classical approach) the minimization is achieved by studying the motion of a rigid object in a potential field. In particular, we consider the kinetic energy of the solid during the registration process, which allows it to "jump over" some local maxima of the potential energy and so avoid some local minima of that energy. We present extensive experimental results on real 3-D medical images. In that particular application, we perform the matching process with the whole segmented volumes.*

**Key words :** medical imaging, data fusion, solid mechanics, image matching, potential energy minimization

## 1. Introduction

Les images tridimensionnelles (3D) sont de plus en plus courantes dans le domaine de l'imagerie médicale : elles sont par exemple

produites par scanner X, résonance magnétique (IRM), tomographie par émission de positron (TEP), tomographie par émission d'un seul photon (SPECT) et, plus récemment, par échographie. Les deux premières modalités, ainsi que l'échographie, donnent l'anatomie de la partie du corps étudiée, alors que les deux autres rendent compte de son fonctionnement.

Pour suivre et quantifier l'évolution d'une pathologie, ou pour localiser le site d'un métabolisme particulier, il est alors nécessaire de savoir comparer et/ou combiner plusieurs images 3D de la même partie du corps. Cependant, comme la position du patient n'est en général jamais connu par rapport à la machine d'acquisition, des outils de recalage tridimensionnels aussi précis et automatique que possible doivent être mis en œuvre.

Dans ce but, certains auteurs ont proposés d'utiliser directement l'intensité des points de l'image 3D : le recalage se fait alors en maximisant un indice de similarité [27, 41], ou en minimisant la variance de l'image quotient [42], ou encore en maximisant un critère de recouvrement de régions [14]. Ces techniques peuvent donner de bons résultats pour les images fonctionnelles (TEP ou SPECT) mais sont rarement employées pour les autres modalités. En outre, comme l'intensité des points de l'image n'est évidemment pas invariante d'une modalité à l'autre, une première segmentation est généralement nécessaire pour obtenir des amers.

Différents marqueurs externes (points fixes sur un cadre stéréotaxique ou sur un casque qui peuvent être vus dans plusieurs modalités [11, 26, 39, 43, 45]) ou internes (des points anatomiques particuliers, comme la bifurcation de vaisseaux sanguins [18]) ont été largement étudiés. Après leur segmentation (et éventuellement la construction d'une liste de points appariés), les paramètres de la transformation rigide sont calculés par une méthode classique de minimisation (par exemple les moindres carrés). Chacune de ces méthodes a ses propres inconvénients. Les marqueurs externes demandent au patient de porter un cadre stéréotaxique entre les deux acquisitions à comparer. En outre, la comparaison avec des images plus anciennes n'est pas possible. Les marqueurs internes nécessitent généralement une détection manuelle, dont la précision dépend de la résolution de l'image étudiée, et qui influe sur le calcul des paramètres de la transformation. En outre, des points particuliers comme la bifurcation de vaisseaux ne sont pas aisément détectables dans des images de type fonctionnel. Certains types de marqueurs internes, issus de caractéristiques différentielles comme les lignes de crêtes ou les points extrémaux [36, 38, 40], sont plus robustes par rapport au bruit, à la résolution et aux variations anatomiques, mais ils ne peuvent être extraits que dans des images de bonne qualité et de résolution suffisante.

Plutôt que de segmenter seulement quelques points particuliers (comme ceux présentés ci-dessus), nous préférons nous intéresser à une partie plus significative de l'image, comme un organe complet (nos expérimentations utilisent le crâne ou le cerveau). Comme la segmentation d'une telle partie peut être imparfaite, ou que l'organe considéré peut être tronqué dans l'image, nous recherchons une procédure de recalage capables de prendre en

compte les occultations. Une première segmentation doit donc fournir deux ensembles de points tels qu'une partie significative du premier d'entre eux puisse être recalée rigidement avec une partie du second<sup>1</sup>.

A cause des occultations possibles, une méthode globale de recalage (utilisant les centres et les axes d'inertie par exemple [1]) ne peut pas être envisagée.

Plusieurs approches de recalage tolérant les occultations peuvent être trouvées dans les domaines de la vision par ordinateur, de la robotique [2, 3, 15] et également de l'imagerie médicale [16, 21, 25]. Toutefois, à cause du grand nombre de points fourni par la segmentation classique d'une image 3D, des techniques comme la prédiction-vérification, les tables de hachages géométriques ou la transformée de Hough sont trop coûteuses. D'un autre côté, les méthodes itératives utilisant des potentiels d'attraction [3, 5, 19, 21, 25, 28, 40, 41] sont potentiellement plus économiques, et donc plus adaptées à notre problème.

Nous proposons dans cet article une nouvelle méthode de ce type.

Nous allons d'abord présenter ses fondements, qui proviennent de la mécanique des solides, ensuite nous montrerons comment les appliquer pour en déduire un algorithme de minimisation. Nous aborderons succinctement une extension multi-échelles de notre méthode, puis nous en ferons une étude comparative avec les méthodes classiques : nous établirons d'une part le lien entre notre approche et les dérivées de l'énergie (par rapport aux paramètres de transformations) qui sont communément utilisées, et nous montrerons d'autre part sa robustesse par rapport au minima locaux à l'aide d'un exemple simple. Finalement, nous montrons l'application de notre méthode au problème du recalage d'images médicales mono ou multimodales.

## 2. Méthode

Nous proposons ici une méthode itérative générale pour la mise en correspondance rigide de deux objets de forme quelconque. Nous supposons que ces objets sont déjà connus (dans les applications médicales, nous considérons qu'ils sont déjà segmentés).

L'un des objets, que nous appellerons objet (ou solide) de référence par la suite et noté  $R$ , génère un champ de potentiel  $p$  : la mise en correspondance rigide consiste alors à trouver le minimum de potentiel pour le second objet, appelé objet (ou solide) en mouvement et noté  $S$ .

Il existe déjà un certain nombre de méthodes qui minimisent explicitement l'énergie potentielle par rapport aux paramètres de transformation [3, 5, 8, 19, 21, 25, 28, 40, 44].

L'originalité de notre approche consiste à utiliser les équations du mouvement d'un solide dans un champ de potentiel, et donc à introduire un aspect dynamique lors de la mise en correspondance. Notre méthode est ensuite mise en œuvre :

1. Nous supposons qu'une telle procédure de segmentation peut toujours être trouvée. Cette condition préliminaire est moins contraignante que de demander au moins la segmentation parfaite d'une des deux images. De telles méthodes de segmentation existent déjà pour le cerveau [6, 13, 20, 32] et pour d'autres organes [7, 10]. Les méthodes de segmentation utilisées dans nos expérimentations mettent en œuvre des outils simples de morphologie mathématique [34, 35].

1. en discrétisant les équations du mouvement par un développement de Taylor;
2. en diminuant l'énergie par paliers (au lieu d'une dissipation énergétique continue), ce qui nous évite d'avoir à régler un coefficient de viscosité.

Le solide en mouvement  $S$  a un centre d'inertie  $G$ , une vitesse linéaire  $\vec{v}(G)$  et une vitesse angulaire  $\vec{\omega}$ . La matrice d'inertie de  $S$ , calculée en  $G$ , est notée  $\mathbf{J}(G)$ . Nous supposons en outre qu'il existe un potentiel  $p(P)$  en chaque point  $P$  de  $S$ . Les énergies cinétique  $E_C$  et potentielle  $E_P$  du solide en mouvement  $S$  sont données par :

$$E_C = \frac{1}{2} (m(S) \vec{v}(G)^2 + \vec{\omega} \cdot \mathbf{J}(G) \vec{\omega}) \quad (1)$$

$$E_P = \int_S p(P) dv(P) \quad (2)$$

Des rappels détaillés sur la mécanique des solides sont donnés en appendice.

## 2.1. POSITION D'UN SOLIDE : PARAMÈTRES DE TRANSFORMATION

La position à l'instant  $t$  d'un solide  $S$  pendant son mouvement peut être définie par la transformation rigide entre sa position initiale (à l'instant  $t = 0$ ) et sa position courante (à l'instant  $t$ ), c'est-à-dire par une matrice de rotation  $\mathbf{R}$  et un vecteur de translation  $\vec{t}$ . Nous notons la position initiale du centre d'inertie de  $S$  par  $G_0$ , et la position courante par  $G(t)$ . De même, un point  $P(t)$  de  $S$  est lié à sa position initiale  $P_0$  par :

$$\begin{cases} \vec{t} & = \overrightarrow{G_0 G(t)} \\ \overrightarrow{G(t) P(t)} & = \mathbf{R} \overrightarrow{G_0 P_0} \end{cases} \quad (3a) \quad (3b)$$

Par la suite, la mention explicite du temps sera omise pour plus de clarté. Les équations (3) sont équivalentes à :

$$\overrightarrow{OP} = \mathbf{R} \overrightarrow{G_0 P_0} + \overrightarrow{OG} + \vec{t} \quad (4)$$

où  $O$  désigne le centre du repère des coordonnées.

La matrice d'inertie  $\mathbf{J}$  de  $S$  à l'instant  $t$  (voir paragraphe A.1) peut être exprimée en fonction de la matrice d'inertie initiale  $\mathbf{J}_0$  et de la matrice de rotation par :

$$\mathbf{J} = \mathbf{R} \mathbf{J}_0 \mathbf{R}^T \quad (5)$$

En différenciant l'équation (3a), nous pouvons relier les dérivées du vecteur translation à la vitesse et à l'accélération de  $G$  :

$$\dot{\vec{t}} = \vec{v}(G) \quad \text{et} \quad \ddot{\vec{t}} = \vec{\gamma}(G) \quad (6)$$

La différenciation de l'équation (3b) donne :

$$\dot{\vec{v}}(P) - \dot{\vec{v}}(G) = \dot{\mathbf{R}} \overrightarrow{G_0 P_0}$$

En outre, la substitution de l'équation (3b) dans la loi de composition des vitesses (13) donne :

$$\vec{v}(P) = \vec{v}(G) + \vec{\omega} \wedge \mathbf{R} \overrightarrow{G_0 P_0}$$

En combinant ces deux dernières équations, nous pouvons relier la dérivée de la matrice de rotation à elle-même et au vecteur vitesse de rotation :

$$\dot{\mathbf{R}} = \mathbf{X}(\vec{\omega}) \mathbf{R}$$

où  $\mathbf{X}(\vec{\omega})$  est l'opérateur matriciel correspondant au produit vectoriel par  $\vec{\omega}$ . En prenant en compte les résultats sur la dérivée de  $\mathbf{R}$  (paragraphes B.2 et B.3), nous relierons le vecteur angulaire au vecteur rotation (qui est une représentation minimale de la rotation : la norme de ce vecteur est égale à l'angle de la rotation tandis que sa direction est colinéaire à l'axe de la rotation) et à sa dérivée par :

$$\vec{\omega} = \mathbf{H}(\vec{r}) \dot{\vec{r}} \quad (7)$$

où  $\mathbf{H}(\vec{r}) = \mathbf{I} + g(\theta) \mathbf{X}(\vec{r}) + h(\theta) \mathbf{X}(\vec{r})^2$ ,  
avec  $\theta = \|\vec{r}\|$ ,  $g(\theta) = \frac{1 - \cos \theta}{\theta}$ , et  $h(\theta) = \frac{1 - f(\theta)}{\theta^2}$ .

## 2.2. ÉQUATIONS DU MOUVEMENT D'UN SOLIDE

Les équations du mouvement d'un solide s'obtiennent en écrivant la relation fondamentale de la dynamique (15) en fonction des paramètres de transformation. Pour cela, nous dérivons l'expression suivante, obtenue à partir des équations (14), (7) et (5) :

$$\vec{\sigma}(G) = \mathbf{R} \mathbf{J}_0 \mathbf{R}^T \mathbf{H}(\vec{r}) \dot{\vec{r}}$$

Ce qui donne le système d'équations :

$$\begin{cases} m(S) \ddot{\vec{t}} & = \vec{f} & (8a) \\ \mathbf{X}(\mathbf{H}(\vec{r}) \dot{\vec{r}}) \mathbf{J}(G) \mathbf{H}(\vec{r}) \dot{\vec{r}} + \mathbf{J}(G) \dot{\mathbf{H}}(\vec{r}) \dot{\vec{r}} \\ \quad + \mathbf{J}(G) \mathbf{H}(\vec{r}) \ddot{\vec{r}} & = \vec{m}(G) & (8b) \end{cases}$$

Si la force totale et le moment des forces ne proviennent que du champ de potentiel et d'un champ de viscosité (paragraphe A.3), le système précédent devient :

$$\begin{cases} m(S) \left( \ddot{\vec{t}} + \frac{\kappa}{\rho} \dot{\vec{t}} \right) & = \vec{f}_p & (9a) \\ \left( \mathbf{X}(\mathbf{H}(\vec{r}) \dot{\vec{r}}) + \frac{\kappa}{\rho} \mathbf{I} \right) \mathbf{J}(G) \mathbf{H}(\vec{r}) \dot{\vec{r}} \\ \quad + \mathbf{J}(G) \dot{\mathbf{H}}(\vec{r}) \dot{\vec{r}} + \mathbf{J}(G) \mathbf{H}(\vec{r}) \ddot{\vec{r}} & = \vec{m}_p(G) & (9b) \end{cases}$$

où  $\dot{\mathbf{H}}(\vec{r}) \dot{\vec{r}}$  est donné par (22).

## 2.3. MINIMISATION DE L'ÉNERGIE POTENTIELLE

Pour trouver un minimum de l'énergie potentielle  $E_P$  du solide en mouvement  $S$ , nous discrétisons l'équation (8) par rapport au temps, un petit pas de temps  $dt$  est choisi et nous itérons jusqu'à ce que le système se stabilise.

### 2.3.1. Champs de force et de potentiel

Nous supposons que le solide de référence  $R$  génère un champ de potentiel  $p$  dont la valeur en un point  $P$  est :

$$p(P) = \frac{d(P, R)^2}{2}$$

où  $d(P, R)$  désigne la distance de  $P$  à son plus proche point dans  $R$ . Le champ de distance  $d$  de  $R$  peut être pré-calculé en utilisant les distances du chanfrein [4], et la valeur du champ de force en  $P$  est donnée par  $-d(P, R)\vec{\nabla}d(P, R)$ .

Nous pouvons également pré-calculer le champ de force au lieu du champ de distance. Si le champ de distance est différentiable, alors nous pouvons approximer son gradient par :  $-d(P, R)\vec{\nabla}d(P, R) = \vec{PQ}$ . Ce dernier vecteur peut être calculé avec des méthodes d'« euclidean mapping » [9]. La valeur du champ de potentiel en  $P$  est alors donnée par :  $p(P) = \frac{\|\vec{PQ}\|^2}{2}$ .

Si le nombre de points de  $R$  n'est pas trop important, ces points peuvent également être conservés dans une structure appropriée, par exemple un « kd-tree » [30], qui permet un calcul efficace du vecteur  $\vec{PQ}$ .

### 2.3.2. Discrétisation des équations

La mise à jour des paramètres de transformation se fait par un développement de Taylor, ce qui nous donne pour les paramètres eux-mêmes :

$$\begin{cases} \vec{t}_{t+dt} \approx \vec{t}_t + \dot{\vec{t}}_t dt + \frac{\ddot{\vec{t}}_t}{2} dt^2 \\ \vec{r}_{t+dt} \approx \vec{r}_t + \dot{\vec{r}}_t dt + \frac{\ddot{\vec{r}}_t}{2} dt^2 \end{cases} \quad (10)$$

où  $\dot{\vec{t}}_t$  et  $\dot{\vec{r}}_t$  sont donnés par les équations (8). L'évolution des premières dérivées de ces mêmes paramètres est donnée par :

$$\begin{cases} \dot{\vec{t}}_{t+dt} \approx \dot{\vec{t}}_t + \ddot{\vec{t}}_t dt \\ \dot{\vec{r}}_{t+dt} \approx \dot{\vec{r}}_t + \ddot{\vec{r}}_t dt \end{cases} \quad (11)$$

Les valeurs initiales des premières dérivées sont choisies nulles :  $\dot{\vec{t}}_0 = \dot{\vec{r}}_0 = \vec{0}$ .

### 2.3.3. Dissipation de l'énergie

Pour assurer la convergence de la minimisation de potentiel, un terme de dissipation d'énergie peut être ajouté aux équations du mouvement (9). Le problème est alors de choisir la viscosité  $\kappa$ . Elle peut être choisie constante ou dépendant du temps : par exemple, petite au début et grande à la fin [33].

Au lieu d'introduire une viscosité (considérons maintenant les équations (9) avec  $\kappa = 0$ ), nous utilisons un algorithme de minimisation qui diminue brutalement l'énergie à certains instants, en annulant les premières dérivées temporelles des paramètres de transformation (c'est-à-dire l'énergie cinétique) : voir figure 1. Les instants où nous diminuons brutalement l'énergie sont ceux qui définissent un minimum local de l'énergie potentielle, qui peut être le premier minimum de potentiel détecté (figure 2; ce minimum n'est pas forcément le premier minimum de l'énergie potentielle, voir figure 8) ou non (figure 3). Effectivement, le premier minimum de potentiel détecté n'est pas forcément le minimum global, c'est-à-dire la bonne position de recalage. Poursuivre le mouvement plus loin que ce premier minimum permet de mieux éviter les minima locaux.

1. à la  $k^{\text{ème}}$  itération, nous considérons le solide  $S$  étudié comme étant immobile (en lui imposant une vitesse et un moment cinétique nuls);
2. nous recherchons une nouvelle transformation qui donne la  $(k+1)^{\text{ème}}$  position de  $S$  tout en minimisant son énergie potentielle :
  - (a) si la transformation trouvée est la même que celle donnant la  $k^{\text{ème}}$  position (l'énergie potentielle n'a pas pu être minimisée), nous allons nous intéresser à des déplacements plus petits en diminuant la valeur de  $dt$ ; si  $dt$  devient trop petit, nous arrêtons l'algorithme;
  - (b) sinon nous retournons à l'étape 1 avec la nouvelle position de  $S$  ou la nouvelle valeur de  $dt$ .

Figure 1. - Algorithme de minimisation.

Les deux heuristiques précédentes sont adaptées si l'objet en mouvement  $S$  est un sous-ensemble (dans la position de recalage) du solide de référence  $R$ . Cependant, comme des occultations ou des erreurs dans le prétraitement des images (c'est-à-dire la segmentation) peuvent intervenir, nous présentons dans la figure 4 une version modifiée de l'heuristique de la figure 2 qui peut rejeter des points aberrants : les points « trop éloignés » de l'objet de référence  $R$  sont écartés lors du calcul de la force et du moment.

Nous disposons maintenant de trois heuristiques de recherche d'une transformation minimisant l'énergie potentielle (figures 2, 3 et 4) ainsi que d'un algorithme (figure 1) pouvant les utiliser. Dès lors, tous les choix sont possibles pour utiliser ces heuristiques au sein de l'algorithme, toutefois nous préconisons la démarche suivante :

1. à l'instant  $t$ , calculer la force totale  $\vec{f}$  et le moment  $\vec{m}(G)$  qui s'appliquent sur le solide  $S$ ;
2. calculer ensuite les paramètres de la transformation qui permettent d'atteindre la nouvelle position du solide à l'instant  $t + dt$  et mettre à jour leurs premières dérivées;
3. comparer les énergies potentielles  $E_P$  aux instants  $t$  et  $t + dt$  :
  - (a) si  $E_P(t+dt) < E_P(t)$ , le mouvement se dirige toujours vers un minimum, retourner à l'étape 1 avec  $t = t + dt$
  - (b) si  $E_P(t + dt) \geq E_P(t)$ , un minimum local de l'énergie vient d'être passé; la transformation recherchée est donc celle qui a permis d'atteindre la position à l'instant  $t$ .

Figure 2. – Recherche d'une transformation minimisant localement l'énergie potentielle grâce à l'étude du mouvement d'un solide. La recherche s'arrête au premier minimum d'énergie potentielle détecté.

1. à l'instant  $t$ , calculer la force totale  $\vec{f}$  et le moment  $\vec{m}(G)$  qui s'appliquent sur le solide  $S$ ;
2. calculer ensuite les paramètres de la transformation qui permettent d'atteindre la nouvelle position du solide à l'instant  $t + dt$  et mettre à jour leurs premières dérivées;
3. nous comparons les énergies potentielles  $E_P$  aux instants  $t - dt$ ,  $t$  et  $t + dt$  :
  - (a) si  $E_P(t)$  est un minimum local d'énergie potentielle,
    - i. si un premier minimum avait déjà été trouvé, on garde la position donnant la plus petite énergie potentielle;
    - ii. sinon on conserve le minimum trouvé comme minimum *a priori*;
  - (b) sinon nous laissons le mouvement continuer librement;
4. la condition d'arrêt est un peu plus délicate que celle, simple, mis en œuvre dans l'heuristique de la figure 2 : cette heuristique s'arrête après un « certain temps » qui peut soit être une constante (par exemple  $25 dt$ ), soit dépendre du temps mis pour atteindre le premier minimum (si celui-ci existe et a été atteint à  $t_{min}$ , le temps passé dans l'heuristique ne doit pas excéder  $6 t_{min}$  par exemple).

Figure 3. – Recherche d'une transformation minimisant l'énergie potentielle grâce à l'étude du mouvement d'un solide. La recherche ne s'arrête pas au premier minimum d'énergie potentielle détecté.

1. éventuellement (si la position initiale est très éloignée du minimum), utiliser l'heuristique présentée figure 3 pendant quelques itérations (3 par exemple);
2. utiliser l'heuristique présentée figure 2 jusqu'à convergence;
3. éventuellement, pour corriger un déplacement dû à une occultation, utiliser l'heuristique présentée figure 4 jusqu'à convergence.

1. à l'instant  $t$ , calculer un seuil à partir de l'histogramme des distances entre le solide en mouvement  $S$  et l'objet de référence  $R$ ; la force totale  $\vec{f}$  et le moment  $\vec{m}(G)$  qui s'appliquent sur le solide  $S$  sont calculés à partir des points dont la distance à  $R$  est inférieure à ce seuil.
2. étape identique à celle de la figure 2;
3. étape identique à celle de la figure 2.

Figure 4. – Recherche d'une transformation minimisant l'énergie potentielle grâce à l'étude du mouvement d'un solide. La recherche s'arrête au premier minimum d'énergie potentielle détecté, mais tous les points ne sont pas pris en compte.

## 3. Un exemple synthétique

Nous allons illustrer certains résultats avec un exemple synthétique comportant des minima locaux.

### 3.0.4. Description du test

Considérons deux objets à recaler, formés chacun de trois points alignés régulièrement espacés :  $M = \{-d, 0, d\}$  et  $S(x) = \{-d + x, x, d + x\}$ , avec  $d \neq 0$ . Nous ne considérons qu'un seul degré de liberté, une translation selon l'axe des trois points,  $x$ . Nous obtenons une courbe d'énergie potentielle en fonction de  $x$  présentée figure 6 : il y a un minimum global pour  $x = 0$ , deux minima locaux pour  $x \in \{-0.66d, 0.66d\}$  (voir figure 7) et deux maxima locaux ( $E_p = 0.375 d^2$ ) pour  $x \in \{-0.5d, 0.5d\}$  qui correspondent à des discontinuités de la dérivée de l'énergie potentielle.

À cause de la symétrie de l'exemple, nous ne considérerons plus que le cas  $x < 0$  par la suite. Considérons maintenant une position initiale  $x_0$  :

- si  $-0.5d \leq x_0 \leq 0$ , l'objet  $S(x_0)$  se trouve dans la cuvette de potentiel du minimum global, ce minimum est trouvé par toute méthode de minimisation;
- l'énergie du maximum local  $E_p(-0.5d) = 0.375 d^2$  est aussi atteinte pour  $x \in \{-5/6d, 5/6d\}$  : donc si  $-5/6d \leq x_0 < -0.5d$ , l'énergie  $E_p(x_0)$  est inférieure à celle du maximum local, l'objet  $S(x_0)$  se trouve dans la cuvette de potentiel du minimum local à  $-0.66d$  : en général, les méthodes de minimisation sont piégées par ce minimum;
- discutons maintenant le cas  $x_0 < -5/6d$  : l'énergie potentielle  $E_p(x_0)$  est plus importante que celle du maximum local mais le plus proche minimum est un minimum local.

### 3.0.5. Sensibilité par rapport aux minima locaux

Nous avons comparé les méthodes de minimisation suivantes : minimisation aux moindres carrés [3], minimisation par descente de gradient [31], un autre type de descente (où l'évolution est

**Tableau 1. – Taux de réussite pour l'algorithme de la figure 1 utilisant la seule heuristique de la figure 2, avec  $dt = 1$ .**

Intervalle	$[-5/6d, -0.5d]$	$[-5d, -5/6d]$	$[-10d, -5/6d]$	$[-11d, -10d]$	$[-20d, -10d]$
Pas d'étude	$0.001d$	$0.001d$	$0.001d$	$0.001d$	$0.001d$
Nombre d'essais	334	4167	9167	1000	10000
Essais réussis	0	3552	7829	1000	8553
Taux de réussite	0.00 %	85.24 %	85.40 %	100.00 %	85.53 %

**Tableau 2. – Taux de réussite pour l'algorithme de la figure 1 utilisant la seule heuristique de la figure 3, avec  $dt = 1$ .**

Intervalle	$[-5/6d, -0.5d]$	$[-5d, -5/6d]$	$[-10d, -5/6d]$	$[-11d, -10d]$	$[-20d, -10d]$
Pas d'étude	$0.001d$	$0.001d$	$0.001d$	$0.001d$	$0.001d$
Nombre d'essais	334	4167	9167	1000	10000
Essais réussis	330	4159	9158	1000	9983
Taux de réussite	98.80 %	99.80 %	99.90 %	100.00 %	99.83 %

donnée par l'opposé de l'inverse du hessien que multiplie le gradient [31], la méthode de Levenberg-Marquardt [21] et notre approche, soit avec l'heuristique présentée figure 2, soit avec l'heuristique présentée figure 3.

Nous avons testé plusieurs intervalles de positions initiales (par exemple 4167 positions initiales de  $-5d$  à  $-5/6d$  avec un pas de  $0.001d$ , ou 9167 positions initiales de  $-10d$  à  $-5/6d$  avec le même pas). Les quatre méthodes classiques de minimisation sont toujours « piégées » par le plus proche minimum local, ce qui correspond à notre attente, tandis que notre méthode trouve le minimum global avec un pourcentage élevé de réussite (tableaux 1 et 2).

Ce résultat provient du fait que les autres méthodes ne considèrent que l'énergie potentielle et sont alors piégées par le premier minimum de cette énergie. Notre méthode, au contraire, considère les deux énergies potentielle et cinétique : l'énergie totale peut donc être supérieure au maximum local d'énergie, et le mouvement peut dépasser ce maximum. Ceci est illustré par la figure 8.

L'utilisation d'une heuristique ne s'arrêtant pas au premier minimum de potentiel détecté améliore nettement les résultats comme le montre la comparaison des tableaux 1 et 2.

Cependant, le taux d'échec n'est toujours pas nul, nous remarquons que :

1. Comme toute autre méthode itérative, le résultat dépend de la position initiale.
2. Toute méthode itérative demande le réglage d'un certain nombre de paramètres. Nous devons fixer la valeur initiale de  $dt$ . Dans ce test, ainsi que dans nos expérimentations pratiques, nous fixons cette valeur à 1, bien que le développement de Taylor ne soit valable que pour des petites valeurs de  $dt$ .

– Donner à  $dt$  une grande valeur permet d'accroître artificiellement l'énergie cinétique du solide en mouvement : cela permet non seulement de mieux éviter les minima locaux (comparer les figures 8 et 9) mais encore de « sortir » d'une cuvette de potentiel, c'est-à-dire d'échapper à un minimum

local (l'intervalle de la première colonne des tableaux 1 et 2 se situe dans la cuvette de potentiel, cependant l'heuristique de la figure 3 trouve le minimum global avec un taux de réussite appréciable).

- Toutefois, donner à  $dt$  une grande valeur peut provoquer des déplacements trop grands dans le voisinage du minimum global et celui-ci peut être manqué.

## 4. Résultats expérimentaux

Nous présentons des résultats mettant en œuvre des images médicales (mono ou multimodales), toutefois il est clair que notre méthode peut se substituer à n'importe laquelle des méthodes de mise en correspondance rigide existantes, et donc que d'autres types d'expérimentation sont envisageables.

Nos résultats sont tous obtenus avec un intervalle de temps  $dt$  initial de 1; dans l'étape 2a de l'algorithme de minimisation (figure 1), nous diminuons la valeur de  $dt$  en la divisant par 2 et nous arrêtons l'algorithme si  $dt$  devient plus petit que 0.1.

La segmentation du cerveau dans les images IRM se fait avec des outils de morphologie mathématiques [6, 22]. Dans les images métaboliques, elle se fait par un simple seuillage. Pour la mise en correspondance, tous les points du volume segmenté sont utilisés.

### 4.1. RECALAGE MONOMODALITÉ IRM-IRM

Cet exemple illustre le problème du suivi temporel d'un même patient (ici atteint de sclérose en plaques).

Nous avons deux images IRM représentant donc la tête du même patient, prises à quelques mois d'intervalle, comprenant respectivement 54 et 51 coupes de  $256 \times 256$  voxels. La taille d'un voxel est de  $0.94 \times 0.94 \times 3$  mm<sup>3</sup>. Les cerveaux des deux images sont

facilement segmentables par morphologie mathématique [22]. Nous avons ensuite recalé rigidement les deux cerveaux segmentés, puis nous avons rééchantillonné l'une des images par rapport à l'autre pour les comparer. La figure 10 présente des coupes axiales (originales) de ces images, la figure 11 des coupes sagittales et la figure 12 des coupes coronales. Dans ces deux dernières figures, les coupes présentées semblent floues car elles ont été rééchantillonnées avant présentation pour compenser l'anisotropie des données.

## 4.2. RECALAGE MULTIMODALITÉ IRM-TEP

Cet exemple illustre le problème du recalage multimodalité. Nous avons une image IRM d'une tête de 120 coupes sagittales de  $256 \times 256$  voxels, chaque voxel ayant une taille de  $1.3 \times 1.3 \times 1.3 \text{ mm}^3$ , sans distance intercoupes. Comme précédemment, le cerveau se segmente facilement avec des outils de morphologie mathématique 3D [17, 22].

Nous avons également une image TEP du même cerveau, comportant seulement 7 coupes axiales de  $256 \times 256$  voxels, chaque voxel ayant une taille de  $1 \times 1 \times 9 \text{ mm}^3$ , deux coupes successives étant de plus séparées par 3 mm (ce qui revient à dire que les centres de deux coupes successives sont espacés de 12 mm). Comme ce type d'imagerie rend compte du métabolisme du cerveau, celui-ci est facilement segmentable par un simple seuillage.

Nous présentons la superposition des 7 coupes du cerveau TEP sur les coupes du cerveau IRM dans la figure 13 : nous retrouvons bien l'orientation typique des coupes TEP (selon l'axe orbitoméatal, c'est-à-dire allant de l'œil au creux de l'oreille) due au protocole d'acquisition de cette modalité.

Ensuite nous avons interpolé les coupes IRM correspondant aux coupes TEP et extrait les contours de ces nouvelles coupes IRM pour les superposer aux coupes TEP (figure 14). Cette dernière figure présente donc la fusion d'informations anatomiques et métaboliques.

## 4.3. RECALAGE MULTIMODALITÉ IRM-SPECT

La modalité fonctionnelle présentée précédemment (TEP) est encore une modalité peu répandue. Cliniquement, les images fonctionnelles sont plutôt obtenues à l'aide de la modalité SPECT, dont la qualité est moindre.

Nous présentons dans ce dernier paragraphe des résultats obtenus avec des images plus proches de la réalité clinique.

Nous avons une image IRM d'une tête de 12 coupes sagittales de  $256 \times 256$  voxels, chaque voxel ayant une taille de  $1.033 \times 1.033 \times 10 \text{ mm}^3$ , deux coupes successives étant de plus séparées par 2 mm. Comme précédemment, le cerveau se segmente facilement avec des outils de morphologie mathématique. Comme l'anisotropie des données est très prononcée, nous avons

simplement utilisé une méthode 2D pour chacune des coupes plutôt qu'une méthode 3D pour toute l'image.

Nous avons également une image SPECT du même cerveau, de 64 coupes de  $64 \times 64$  voxels, chaque voxel ayant une taille de  $3.2 \times 3.2 \times 6.4 \text{ mm}^3$ . Ce type d'imagerie rendant compte du métabolisme du cerveau, celui-ci est facilement segmentable par un simple seuillage.

Après recalage, nous avons interpolé les coupes SPECT correspondant aux coupes IRM, et extrait les contours de ces coupes IRM pour les superposer aux coupes SPECT interpolées (figure 15).

## 5. Autres potentialités de l'algorithme de recalage

### 5.1. RÉÉCHANTILLONNAGE DU SOLIDE EN MOUVEMENT $S$

Dans nos expérimentations sur des images médicales, la position initiale donnée par la géométrie d'acquisition (supposée connue) a toujours été suffisante pour recalculer ces images. Cependant, dans d'autres applications, une telle position initiale peut ne pas être connue. Plusieurs positions initiales doivent être alors testées, et il devient important de réduire le coût algorithmique du processus de mise en correspondance, tout en conservant une bonne qualité de recalage.

Ce coût algorithmique est directement lié au nombre de points de l'objet en mouvement  $S$  à cause du calcul de la force et du moment (voir paragraphe A.3). Pour cela, nous rééchantillons l'objet en mouvement, et éventuellement (dans le cadre d'une approche hiérarchique) l'objet de référence (ou son champ de distance associé) [12].

#### 5.1.1. Rééchantillonnage uniforme

Nous considérons un bloc de  $\mathbf{b}_x \cdot \mathbf{b}_y \cdot \mathbf{b}_z$  voxels de l'image originale afin de créer un nouveau voxel du solide en mouvement rééchantillonné. Les changements de résolution selon chacun des axes peuvent être différents.

Comme  $S$  est un solide, un volume élémentaire est attaché à un chacun de ses points. Ce volume élémentaire est lié à la masse élémentaire du point par la densité  $\rho$ . Nous devons prendre garde de conserver au mieux les caractéristiques inertielles du solide : son volume (*i.e.* sa masse), son centre d'inertie, et sa matrice d'inertie. Pour cela, nous attribuons au nouveau voxel (le bloc de  $\mathbf{b}_x \cdot \mathbf{b}_y \cdot \mathbf{b}_z$  voxels) un volume égal à la somme des volumes des points de  $S$  qui le composent.

Toutefois, ce rééchantillonnage ne conserve pas le centre d'inertie du solide : le centre d'inertie de quelques points dans un bloc de  $\mathbf{b}_x \cdot \mathbf{b}_y \cdot \mathbf{b}_z$  points ne se trouve généralement pas au centre du bloc.

Pour cette raison, l'opération de rééchantillonnage ne transforme pas l'image originale en une autre image (un sous-ensemble de  $\mathbb{Z}^3$ ) mais en une liste de points avec des coordonnées réelles (les coordonnées du centre d'inertie des points du bloc) associés à un volume. Ainsi, le volume total et le centre d'inertie de l'image originale sont également ceux de la liste des points rééchantillonnés.

Malheureusement, la matrice d'inertie des nouveaux points ainsi formés n'est plus égale à celle du solide initial  $S$ . Cependant, comme nous devons examiner l'ensemble des points de l'image originale pour construire ces nouveaux points, nous pouvons calculer en même temps la matrice d'inertie de  $S$  et l'utiliser comme matrice d'inertie du solide formé par les nouveaux points.

Ainsi, nous avons préservé les caractéristiques inertielles du solide initial. Les résultats d'un tel rééchantillonnage, appliqué à l'image binaire de la figure 16, sont présentés dans la figure 17.

### 5.1.2. Rééchantillonnage de type octree

Dans la méthode de rééchantillonnage présentée auparavant, la précision de la mise en correspondance décroît avec l'augmentation de la taille des blocs : ceci est dû au changement de géométrie de l'objet lors du rééchantillonnage.

En fait, un rééchantillonnage adapté, qui préserve au mieux la géométrie de l'objet initial, est préférable. Cette méthode transforme un bloc de  $\mathbf{b}_x \cdot \mathbf{b}_y \cdot \mathbf{b}_z$  points en un nouveau point si et seulement si le bloc est inclus dans l'objet en mouvement, sinon le bloc est divisé en huit sous-blocs (ou quatre pour un rééchantillonnage de type quadtree) et chacun de ces huit sous-blocs est examiné de la même façon.

Ainsi, nous préservons une bonne qualité de mise en correspondance en conservant un grand nombre de points sur le bord de l'objet. Les résultats d'un tel rééchantillonnage, appliqué à l'image binaire de la figure 16, sont présentés dans la figure 18.

### 5.1.3. Rééchantillonnage de type kd-tree

Nous pouvons encore diminuer le nombre de points obtenu par la dernière méthode, en changeant la subdivision d'un bloc. Au lieu de le diviser en huit (ou en quatre) sous-blocs, nous le divisons seulement en deux selon une direction (et ensuite les sous-blocs seront divisés en deux selon la direction suivante). Les résultats d'un tel rééchantillonnage, appliqué à l'image binaire de la figure 16, sont présentés dans la figure 19.

Ces deux dernières méthodes de rééchantillonnage adapté du solide en mouvement donnent globalement les mêmes résultats que l'utilisation du solide original.

## 5.2. RÉÉCHANTILLONNAGE DU SOLIDE DE RÉFÉRENCE $R$

Une approche hiérarchique nécessite de rééchantillonner à la fois le solide en mouvement et le solide de référence. Nous avons déjà présenté un rééchantillonnage uniforme du solide en mouvement dans le paragraphe 5.1.1. Un rééchantillonnage uniforme du solide de référence peut être effectué :

- en rééchantillonnant l'image binaire originale contenant l'objet de référence : un voxel de l'image rééchantillonnée (c'est-à-dire un bloc de  $\mathbf{b}_x \cdot \mathbf{b}_y \cdot \mathbf{b}_z$  voxels de l'image originale) appartient à l'objet de référence rééchantillonné si au moins un des  $\mathbf{b}_x \cdot \mathbf{b}_y \cdot \mathbf{b}_z$  voxels appartient à l'objet de référence original. Cette approche est préconisée par Borgfors [5] qui affirme que le sous-échantillonnage de la carte des distances ne préserve pas le minimum du potentiel (elle considère un sous-échantillonnage par moyennage). Toutefois, elle nécessite de calculer un champ de distance pour chaque niveau de rééchantillonnage.
- en rééchantillonnant directement la carte de distance de l'objet de référence original. Plutôt que de moyennner les distances dans un bloc de  $\mathbf{b}_x \cdot \mathbf{b}_y \cdot \mathbf{b}_z$  voxels, nous considérons le minimum des distances dans ce bloc : ceci nous donne la distance minimum de ce bloc au plus proche point du solide de référence. Ainsi, une seule carte de distance (au niveau le plus fin) doit être calculée et les autres cartes de distance s'en déduisent.

Remarquons pour conclure qu'il existe d'autres approches qui fournissent une carte de distance adaptée, plus détaillée au voisinage du solide de référence qu'au loin (les octree-splines, [21]).

## 5.3. MINIMISATION PAR POTENTIELS DIFFÉRENCIÉS

L'avantage des méthodes itératives, dont fait partie celle présentée ici, est qu'elles ne nécessitent pas une correspondance point à point entre les deux objets à recaler. Cependant, dans ces objets, des parties caractéristiques communes peuvent souvent être identifiées : elles peuvent être de nature topologique (comme les lignes de jonction entre surfaces [23]) ou géométriques (comme les lignes de crête [37]).

Les points des deux objets à recaler sont donc d'abord classés selon un type. Un champ de potentiel est associé à chacun des types présent dans le solide de référence, et les points du solide en mouvement ne sont alors « attirés » que par les points de même type du solide de référence.

Cette dernière amélioration, lorsqu'elle est possible, permet d'accroître d'une part la précision de la mise en correspondance et d'autre part la robustesse vis-à-vis des minima locaux [12].

## 6. Qualité de la mise en correspondance

Le problème est le suivant : comment mesurer la précision du recalage, en sachant que nous ne disposons pas d'une correspondance point à point?

Si certains amers sont disponibles pour recalibrer les deux images, on peut d'abord les extraire, puis les mettre en correspondance pour obtenir une transformation rigide et une erreur associée (due à l'acquisition, à la segmentation et à la méthode de mise en correspondance) : la précision de la méthode testée ne peut pas être estimée en dessous de cette erreur.

Au lieu d'amers (devant être segmentés), on peut utiliser un algorithme de recalage de référence ne nécessitant aucune segmentation et où l'erreur finale est connue [29, 36] : l'algorithme ici cité utilise les points extrémaux, mais n'est utilisable que pour des images de même modalité et de bonne résolution, comme celles présentées dans le paragraphe 4.1. Sur de telles données, notre méthode donne les mêmes résultats que celle des points extrémaux (avec des différences inférieures au millimètre pour la translation et au degré pour la rotation) : les images rééchantillonnées après recalage sont visuellement indifférenciables.

Une autre façon d'estimer la précision de la mise en correspondance est d'appliquer une transformation rigide connue à un objet connu et d'essayer de retrouver cette transformation en recalant le premier objet avec son transformé. Nous avons déjà réalisé une telle étude avec un objet synthétique [24]. Nous retrouvons la transformation cherchée avec une précision inférieure au voxel pour la translation et au degré pour la rotation, pour des angles initiaux inférieurs à 30 degrés (pour des angles plus grands, des erreurs apparaissent parfois). Toutefois, cette méthode est dépendante de l'objet utilisé, et les résultats obtenus sont difficilement extrapolables à d'autres objets.

Ces premières études, comme les résultats expérimentaux, montrent la qualité de la mise en correspondance obtenue dans le cadre des images monomodales. Dans le cadre des images médicales multimodales, des études sont en cours, qui montrent la stabilité et la reproductibilité des résultats obtenus : la position de recalage est obtenue par une première mise en correspondance, puis l'algorithme est relancé avec des positions initiales choisies autour de cette position de référence, qui est alors retrouvée avec une bonne précision (pas de différence visuelle). Cependant, la précision intrinsèque de la méthode pour ce type d'images est difficile à estimer.

## 7. Conclusion

Nous avons présenté un nouvel algorithme de mise en correspondance rigide tridimensionnelle, qui appartient à la classe des méthodes itératives de minimisation d'une énergie.

Son originalité réside dans sa formulation qui est dérivée de la mécanique des solides, plutôt que de la dérivation explicite de l'énergie à minimiser.

Son avantage principal est alors de pouvoir tenir compte d'une énergie cinétique, grâce à l'introduction de la vitesse, qui donne à notre algorithme une plus grande robustesse par rapport aux minima locaux.

Nous avons montré son application au cas de la mise en correspondance d'images médicales mono ou multimodales où nous utilisons la totalité des volumes segmentés. Toutefois il peut être appliqué à tout problème nécessitant un recalage rigide (2D ou 3D). Ces résultats prouvent son efficacité et sa précision.

Cependant certains points restent à approfondir : d'une part, notre algorithme peut encore être piégé par un minimum local (voir paragraphe 3) et cela demande à être étudié, d'autre part il reste à formuler explicitement l'erreur restante sur les paramètres de transformation après recalage.

## Remerciements

Nous remercions Digital Equipment Corporation pour son soutien financier. Nous tenons à remercier également Ron Kikinis (Department of Radiology, Brigham and Women's Hospital, Harvard Medical School, Boston, MA.), Jael Travère (centre Cy-ceron, CEA, Caen, France) et Philippe Boulle (Focus-Medical, Grenoble, France) pour nous avoir fourni les images médicales présentées dans cet article.

## A Éléments de mécanique du solide

### A.1 CENTRE ET MATRICE D'INERTIE

Nous considérons un solide  $S$ . Nous attribuons à chaque point  $P$  de ce solide un volume élémentaire  $dv(P)$  et une masse volumique  $\rho(P)$ , la masse élémentaire attachée à ce point  $P$  est alors  $dm(P) = \rho(P)dv(P)$ . Par la suite, nous supposons que la masse volumique de  $S$  est constante et égale à  $\rho$ .

Par définition d'un solide, la distance entre deux points quelconques du solide, la densité et le volume élémentaire attachés à chaque point du solide sont invariants au cours du temps. Un solide est alors décrit en partie par son centre d'inertie et sa matrice d'inertie.

Les coordonnées du centre d'inertie  $G$  d'un solide  $S$  se calculent par :

$$\int_{P \in S} P dm(P) = m(S) G \quad \text{avec} \quad m(S) = \int_{P \in S} dm(P) \quad (12)$$

où  $m(S)$  est la masse totale du solide  $S$ .

La matrice d'inertie  $\mathbf{J}$  du solide  $S$  se calcule par rapport à un point donné  $Q$ . Si  $(x, y, z)$  sont les coordonnées du vecteur  $\overrightarrow{QP}$  dans une base orthonormale  $(X, Y, Z)$ , nous avons :

$$\mathbf{J}(Q) = \begin{bmatrix} \int_{P \in S} (y^2 + z^2) dm(P) & - \int_{P \in S} xy dm(P) & - \int_{P \in S} zx dm(P) \\ - \int_{P \in S} xy dm(P) & \int_{P \in S} (z^2 + x^2) dm(P) & - \int_{P \in S} yz dm(P) \\ - \int_{P \in S} zx dm(P) & - \int_{P \in S} yz dm(P) & \int_{P \in S} (x^2 + y^2) dm(P) \end{bmatrix}$$

Cette matrice est celle de l'application linéaire suivante ( $\vec{u}$  désigne un vecteur et  $\wedge$  le produit vectoriel) :

$$\vec{u} \xrightarrow{\mathbf{J}(Q)} \int_S \overrightarrow{QP} \wedge (\vec{u} \wedge \overrightarrow{QP}) dm(P)$$

Les trois termes diagonaux de cette matrice sont appelés les moments d'inertie alors que les trois autres termes sont appelés les produits d'inertie. Les vecteurs propres de la matrice d'inertie sont les axes d'inertie du solide  $S$  et les valeurs propres associées les moments principaux d'inertie.

Connaissant la matrice d'inertie du solide en un point  $Q$ , nous sommes alors capables de la calculer pour tout autre point de ce solide grâce au théorème d'Huyghens généralisé :

$$\mathbf{J}(Q) = \mathbf{J}(G) + \mathbf{J}(Q, \{G, m(S)\})$$

où  $\mathbf{J}(Q, \{G, m(S)\})$  désigne la matrice d'inertie en  $Q$  d'un solide ponctuel en  $G$  avec une masse  $m(S)$ .

## A.2 ÉLÉMENTS DE CINÉTIQUE

Considérons un point  $P$  d'un solide  $S$ . Ce point a une vitesse  $\vec{v}(P)$  et une accélération  $\vec{\gamma}(P)$  qui sont définies par :

$$\vec{v}(P) = \dot{P} \quad \vec{\gamma}(P) = \ddot{P}$$

où  $\dot{\phantom{x}}$  et  $\ddot{\phantom{x}}$  représentent respectivement les dérivées premières et secondes par rapport au temps.

### A.2.1 Vitesses

En dérivant l'équation 12, nous obtenons la vitesse du centre d'inertie :

$$m(S)\vec{v}(G) = \int_{P \in S} \vec{v}(P) dm(P)$$

Soit  $(\vec{\omega}, \vec{v}(Q))$  le torseur distributeur des vitesses de  $S$  en  $Q$  ( $\vec{\omega}$  est le vecteur vitesse de rotation du solide  $S$ ), et  $P$  un point de  $S$ . D'après la loi de composition des vitesses, nous avons :

$$\vec{v}(P) = \vec{v}(Q) + \vec{\omega} \wedge \overrightarrow{QP}$$

En particulier, nous obtenons pour  $Q = G$  :

$$\vec{v}(P) = \vec{v}(G) + \vec{\omega} \wedge \overrightarrow{GP} \quad \forall P \in S \quad (13)$$

Le moment cinétique du solide  $S$  en un point  $Q$  est défini par :

$$\vec{\sigma}(Q) = \int_{P \in S} \overrightarrow{QP} \wedge \vec{v}(P) dm(P)$$

L'expression générale du moment cinétique est plutôt complexe, mais elle se simplifie si le moment cinétique est exprimé par rapport au centre d'inertie  $G$  du solide (en utilisant l'équation (13)) :

$$\vec{\sigma}(G) = \mathbf{J}(G)\vec{\omega} \quad (14)$$

L'énergie cinétique  $E_C$  de  $S$  est :

$$E_C = \frac{1}{2} (m(S) \vec{v}(G)^2 + \vec{\omega} \cdot \mathbf{J}(G)\vec{\omega})$$

### A.2.2 Accélération

En dérivant deux fois l'équation (12), nous obtenons l'accélération du centre d'inertie :

$$m(S)\vec{\gamma}(G) = \int_{P \in S} \vec{\gamma}(P) dm(P)$$

Le moment dynamique du solide  $S$  en un point  $Q$  est défini par :

$$\vec{\delta}(Q) = \int_{P \in S} \overrightarrow{QP} \wedge \vec{\gamma}(P) dm(P)$$

Nous donnons maintenant l'expression du moment dynamique de  $S$  par rapport au centre d'inertie  $G$  (comme pour le moment cinétique, son expression générale est plutôt compliquée, et l'égalité ci-dessous est généralement fautive si les moments sont exprimés par rapport à un autre point que le centre d'inertie) :

$$\vec{\delta}(G) = \dot{\vec{\sigma}}(G)$$

## A.3 FORCE ET MOMENT

### A.3.1 Champ de force dérivant d'un champ de potentiel

Tout champ de potentiel  $p$  génère un champ de force de la forme  $-\vec{\nabla}p(P)$  où  $\vec{\nabla}$  est l'opérateur gradient. Nous pouvons alors définir la force totale  $\vec{f}_p$  et le moment des forces  $\vec{m}_p$ , dus au champ de force, agissant sur  $S$  par :

$$\begin{cases} \vec{f}_p & = \int_S (-\vec{\nabla}p(P)) dv(P) \\ \vec{m}_p(Q) & = \int_S \overrightarrow{QP} \wedge (-\vec{\nabla}p(P)) dv(P) \end{cases}$$

### A.3.2 Champ de viscosité

Une dissipation d'énergie peut facilement être introduite en ajoutant un terme de viscosité. Soit  $\kappa$  la constante de viscosité, le champ de force de viscosité est alors  $-\kappa\vec{v}(P)$ . La force totale  $\vec{f}_v$  et le moment  $\vec{m}_v$  dus à la viscosité sont :

$$\begin{cases} \vec{f}_v &= -m(S)\frac{\kappa}{\rho}\vec{v}(G) \\ \vec{m}_v(G) &= -\frac{\kappa}{\rho}\vec{\sigma}(G) \end{cases}$$

### A.3.3 Relation fondamentale de la dynamique

La relation fondamentale de la dynamique (également connue comme lois de Newton et d'Euler) établit l'égalité entre, d'une part la force totale et l'accélération du centre d'inertie (multipliée par la masse du solide) et, d'autre part, le moment des forces et le moment dynamique :

$$\begin{cases} \vec{f} &= m(S)\vec{\gamma}(G) & (15a) \\ \vec{m}(Q) &= \vec{\delta}(Q) & (15b) \end{cases}$$

## B Rotation

Nous rappelons ici quelques propriétés des rotations (voir [2] pour plus de détails).

Toute rotation dans  $\mathbb{R}^3$  peut être représentée par une matrice  $3 \times 3$  orthogonale  $\mathbf{R}$  dont le déterminant est égal à 1, c'est-à-dire :

$$\mathbf{R}^T \mathbf{R} = \mathbf{I} \quad \text{et} \quad \det(\mathbf{R}) = 1$$

### B.1 VECTEUR ROTATION

Toute rotation  $\mathbf{R}$  de  $\mathbb{R}^3$  a un axe invariant de vecteur directeur unitaire  $\vec{n}$ . Les vecteurs colinéaires à  $\vec{n}$  sont invariants par  $\mathbf{R}$ , tandis que les vecteurs orthogonaux subissent une rotation d'angle  $\theta$  dans un plan orthogonal à  $\vec{n}$ . La rotation  $\mathbf{R}$  est représentée par le vecteur  $\theta\vec{n}$ .

Considérons la figure 5, qui montre l'image  $\vec{u}'$  d'un vecteur  $\vec{u}$  par la rotation  $\mathbf{R}$ , d'axe  $\vec{n}$  et d'angle  $\theta$ . Nous pouvons décomposer  $\vec{u}$  en

$$\vec{u} = (\vec{u} \cdot \vec{n})\vec{n} + (\vec{u} - (\vec{u} \cdot \vec{n})\vec{n})$$

Le premier terme, colinéaire à  $\vec{n}$ , est invariant par  $\mathbf{R}$ , tandis que le second subit une rotation d'angle  $\theta$  dans le plan orthogonal à  $\vec{n}$ , qui s'écrit :

$$\cos \theta (\vec{u} - (\vec{u} \cdot \vec{n})\vec{n}) + \sin \theta (\vec{n} \wedge (\vec{u} - (\vec{u} \cdot \vec{n})\vec{n}))$$

Cela nous donne :

$$\vec{u}' = \cos \theta \vec{u} + \sin \theta \vec{n} \wedge \vec{u} + (1 - \cos \theta)(\vec{u} \cdot \vec{n})\vec{n}$$

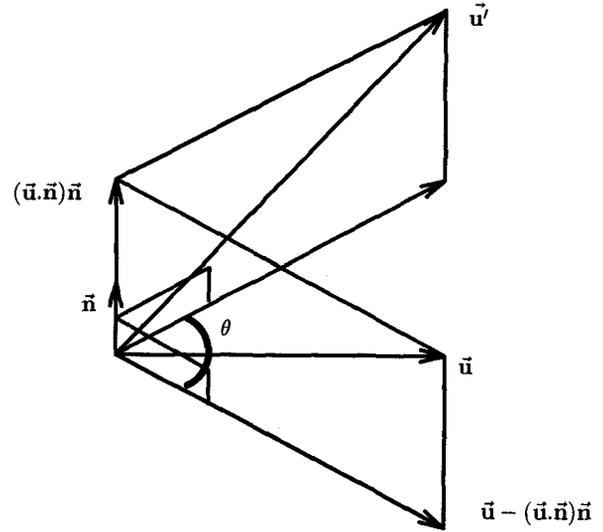


Figure 5. – Représentation géométrique de la rotation.

Considérant que  $\vec{n} \wedge (\vec{n} \wedge \vec{u}) = (\vec{n} \cdot \vec{u})\vec{n} - \vec{u}$ , nous obtenons :

$$\vec{u}' = \vec{u} + \sin \theta \vec{n} \wedge \vec{u} + (1 - \cos \theta)\vec{n} \wedge (\vec{n} \wedge \vec{u})$$

La rotation  $\mathbf{R}$  peut donc s'écrire (formule de Rodrigues) :

$$\mathbf{R} = \mathbf{I} + (\sin \theta)\mathbf{X}(\vec{n}) + (1 - \cos \theta)\mathbf{X}(\vec{n})^2 \quad (16)$$

où  $\mathbf{X}(\vec{n})$  est l'opérateur matriciel correspondant au produit vectoriel par  $\vec{n}$ , c'est-à-dire la matrice antisymétrique formée par les composantes  $(n_x, n_y, n_z)$  de  $\vec{n}$

$$\mathbf{X}(\vec{n}) = \begin{pmatrix} 0 & -n_z & n_y \\ n_z & 0 & -n_x \\ -n_y & n_x & 0 \end{pmatrix}$$

ce qui permet d'écrire  $\vec{n} \wedge \vec{u}$  comme le produit matriciel  $\mathbf{X}(\vec{n})\vec{u}$ .

Tout vecteur  $\vec{r} \in \mathbb{R}^3$  définit une rotation  $\mathbf{R}$  avec

$$\theta = \|\vec{r}\| \quad ; \quad \vec{n} = \frac{\vec{r}}{\|\vec{r}\|}$$

$\mathbf{R}$  s'écrit alors

$$\mathbf{R} = \mathbf{I} + f(\theta)\mathbf{X}(\vec{r}) + g(\theta)\mathbf{X}(\vec{r})^2 \quad (17)$$

dans laquelle  $f(\theta) = \frac{\sin \theta}{\theta}$  et  $g(\theta) = \frac{1 - \cos \theta}{\theta^2}$ .

### B.2 DÉRIVATION DE LA MATRICE ROTATION

**proposition 1 (Dérivée d'une matrice orthogonale)** pour toute matrice orthogonale  $\mathbf{R}$  et tout paramètre  $q$ , nous avons

$$\frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} = \Delta_q \mathbf{R}$$

où  $\Delta_q$  est une matrice antisymétrique  $3 \times 3$  notée  $\Delta_q = \mathbf{X}(\vec{s})$ , et qui satisfait

$$\Delta_q = \frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} \mathbf{R}^T$$

Le calcul de la dérivée partielle de  $\mathbf{R}$  peut donc toujours être réduite au calcul des trois composantes d'un vecteur  $\vec{s}$ .

**Démonstration :** Toute matrice de rotation  $\mathbf{R}$  est orthogonale, ce qui signifie :

$$\mathbf{R}^T \mathbf{R} = \mathbf{I} \quad (18)$$

La différenciation de (18) par rapport à un paramètre  $q \in \mathbb{R}$  donne :

$$\frac{\partial (\mathbf{R}^T)}{\partial q} \mathbf{R} + \mathbf{R}^T \frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} = 0$$

En multipliant à gauche par  $\mathbf{R}$  et à droite par  $\mathbf{R}^T$ , et en utilisant à nouveau l'orthogonalité de  $\mathbf{R}$ , nous obtenons l'égalité :

$$\mathbf{R} \frac{\partial (\mathbf{R}^T)}{\partial q} = -\frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} \mathbf{R}^T \quad (19)$$

L'associativité du produit matriciel et l'orthogonalité de  $\mathbf{R}$  nous permet d'écrire :

$$\frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} = \frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} (\mathbf{R}^T \mathbf{R}) = \left( \frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} \mathbf{R}^T \right) \mathbf{R}$$

Le coefficient matriciel de  $\mathbf{R}$  dans le dernier terme est antisymétrique puisque :

$$\left( \frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} \mathbf{R}^T \right)^T = \mathbf{R} \left( \frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} \right)^T = \mathbf{R} \frac{\partial (\mathbf{R}^T)}{\partial q} = -\frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} \mathbf{R}^T$$

où la dernière égalité est due à (19).  $\square$

### B.3 DÉRIVATION DE $\mathbf{R}$ PAR LE VECTEUR ROTATION $\vec{r}$

Les dérivées de  $\theta$ ,  $f$  et  $g$  sont respectivement :

$$\frac{\partial \theta}{\partial q} = \frac{\vec{r} \cdot \frac{\partial \vec{r}}{\partial q}}{\theta} ; \quad \frac{\partial f(\theta)}{\partial q} = (h(\theta) - g(\theta)) \left( \vec{r} \cdot \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) ;$$

$$\frac{\partial g(\theta)}{\partial q} = (f(\theta) - 2g(\theta)) \frac{\vec{r} \cdot \frac{\partial \vec{r}}{\partial q}}{\theta^2}$$

$$\text{où } h(\theta) = \frac{1 - f(\theta)}{\theta^2}.$$

Nous calculons :

$$\Delta_p = \frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} \mathbf{R}^T = \frac{\partial \mathbf{R}}{\partial q} (\mathbf{I} - f(\theta) \mathbf{X}(\vec{r}) + g(\theta) \mathbf{X}(\vec{r})^2)$$

en utilisant  $\mathbf{X}(\vec{r})^3 = -\theta^2 \mathbf{X}(\vec{r})$  et  $\mathbf{X}(\vec{r})^4 = -\theta^2 \mathbf{X}(\vec{r})^2$

$$= [h(\theta) - g(\theta) - \theta^2 g(\theta) h(\theta) + \theta^2 g^2(\theta)]$$

$$+ f^2(\theta) - 2f(\theta)g(\theta)] \left( \vec{r} \cdot \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \mathbf{X}(\vec{r})$$

$$+ [f(\theta) - 2g(\theta) - \theta^2 f(\theta)h(\theta) + \theta^2 f(\theta)g(\theta) - \theta^2 f(\theta)g(\theta) + 2\theta^2 g^2(\theta)] \frac{\vec{r} \cdot \frac{\partial \vec{r}}{\partial q}}{\theta^2} \mathbf{X}(\vec{r})^2$$

$$+ f(\theta) \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) + [g(\theta) - f^2(\theta) - \theta^2 g^2(\theta)] \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \mathbf{X}(\vec{r})$$

$$+ g(\theta) \mathbf{X}(\vec{r}) \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) - f(\theta)g(\theta) \mathbf{X}(\vec{r}) \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \mathbf{X}(\vec{r})$$

$$+ g^2(\theta) \mathbf{X}(\vec{r}) \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \mathbf{X}(\vec{r})^2$$

$$= [h(\theta) - f(\theta)g(\theta)] \left( \vec{r} \cdot \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \mathbf{X}(\vec{r}) + g^2(\theta) \left( \vec{r} \cdot \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \mathbf{X}(\vec{r})^2 + f(\theta) \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) - g(\theta) \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \mathbf{X}(\vec{r})$$

$$+ g(\theta) \mathbf{X}(\vec{r}) \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) - f(\theta)g(\theta) \mathbf{X}(\vec{r}) \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \mathbf{X}(\vec{r})$$

$$+ g^2(\theta) \mathbf{X}(\vec{r}) \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \mathbf{X}(\vec{r})^2$$

Cette expression peut être simplifiée avec les remarques suivantes :

- $\mathbf{X}(\vec{u}) \mathbf{X}(\vec{v}) - \mathbf{X}(\vec{v}) \mathbf{X}(\vec{u}) = \mathbf{X}(\vec{u} \wedge \vec{v})$
- $\mathbf{X}(\vec{u}) \mathbf{X}(\vec{v}) \mathbf{X}(\vec{u}) = -(\vec{v} \cdot \vec{u}) \mathbf{X}(\vec{u})$
- puisque  $\vec{u} \wedge (\vec{v} \wedge \vec{w}) = \vec{v}(\vec{w} \cdot \vec{u}) - \vec{w}(\vec{u} \cdot \vec{v})$  nous avons

$$\left( \vec{r} \cdot \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \mathbf{X}(\vec{r}) = \theta^2 \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) + \mathbf{X} \left( \vec{r} \wedge \left( \vec{r} \wedge \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \right)$$

Nous obtenons finalement la relation :

$$\Delta_p = \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) + g(\theta) \mathbf{X} \left( \vec{r} \wedge \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) + h(\theta) \mathbf{X} \left( \vec{r} \wedge \left( \vec{r} \wedge \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right) \right) = \mathbf{X} \left( \mathbf{H}(\vec{r}) \frac{\partial \vec{r}}{\partial q} \right)$$

dans laquelle :

$$\mathbf{H}(\vec{r}) = \mathbf{I} + g(\theta) \mathbf{X}(\vec{r}) + h(\theta) \mathbf{X}(\vec{r})^2 \quad (20)$$

#### B.3.1 Singularités et inverse de $\mathbf{H}(\vec{r})$

Tous calculs faits, nous trouvons :

$$|\mathbf{H}(\vec{r})| = 2g(\theta) = 2 \frac{1 - \cos \theta}{\theta^2}$$

Cela montre que la matrice  $\mathbf{H}(\vec{r})$  est définie pour  $\theta \in ]-2\pi, 2\pi[$ . Le calcul de l'inverse de  $\mathbf{H}(\vec{r})$  se fait en résolvant le problème général du calcul de l'inverse d'une matrice  $\mathbf{M}$  de la forme  $\mathbf{I} + a\mathbf{X}(\vec{r}) + b\mathbf{X}(\vec{r})^2$ .

Nous cherchons une matrice inverse de la même forme, c'est-à-dire,  $\mathbf{N} = \mathbf{I} + c\mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}}) + d\mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}})^2$ , et nous devons résoudre  $\mathbf{MN} = \mathbf{I}$ . Comme  $\mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}})^3 = -\theta^2\mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}})$  (et donc  $\mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}})^4 = -\theta^2\mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}})^2$ ),  $\mathbf{MN} = \mathbf{I}$  est équivalent à :

$$\begin{cases} c(1 - \theta^2 b) + d(-\theta^2 a) + a = 0 \\ c(a) + d(1 - \theta^2 b) + b = 0 \end{cases}$$

qui a une solution unique si et seulement si  $(1 - \theta^2 b)^2 + \theta^2 a^2 \neq 0$ . Avec  $a = g(\theta)$  et  $b = h(\theta)$ , le système ci-dessus a une solution unique si et seulement si  $2 \frac{1 - \cos \theta}{\theta^2} \neq 0$  (c'est-à-dire  $\mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}}) \neq 0$ ).

Pour  $g(\theta) \neq 0$ , nous pouvons explicitement calculer  $c$  et  $d$  :

$$c = \frac{1}{2g(\theta)} (h(\theta)(-\theta^2 g(\theta)) - g(\theta)(1 - \theta^2 h(\theta))) = -\frac{1}{2}$$

$$d = \frac{1}{2g(\theta)} (g(\theta)(g(\theta)) - h(\theta)((1 - \theta^2 h(\theta)))) = \frac{2g(\theta) - f(\theta)}{2\theta^2 g(\theta)}$$

Lorsqu'elle est définie, l'inverse de  $\mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}})$  est donc donnée par :

$$\mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}})^{-1} = \mathbf{I} - \frac{1}{2}\mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}}) + \frac{2g(\theta) - f(\theta)}{2\theta^2 g(\theta)}\mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}})^2 \quad (21)$$

### B.3.2 Dérivation de $\mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}})$

La dérivée de  $h$  est :

$$\frac{\partial h(\theta)}{\partial q} = (g(\theta) - 3h(\theta)) \frac{\vec{\mathbf{r}} \cdot \frac{\partial \vec{\mathbf{r}}}{\partial q}}{\theta^2}$$

La différenciation de (20) donne :

$$\begin{aligned} \frac{\partial \mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}})}{\partial q} &= (f(\theta) - 2g(\theta)) \frac{\vec{\mathbf{r}} \cdot \frac{\partial \vec{\mathbf{r}}}{\partial q}}{\theta^2} \mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}}) + g(\theta) \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{\mathbf{r}}}{\partial q} \right) \\ &+ (g(\theta) - 3h(\theta)) \frac{\vec{\mathbf{r}} \cdot \frac{\partial \vec{\mathbf{r}}}{\partial q}}{\theta^2} \mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}})^2 \\ &+ h(\theta) \left[ \mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}}) \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{\mathbf{r}}}{\partial q} \right) + \mathbf{X} \left( \frac{\partial \vec{\mathbf{r}}}{\partial q} \right) \mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}}) \right] \end{aligned}$$

La dérivée temporelle de  $\mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}})$  est :

$$\begin{aligned} \dot{\mathbf{H}}(\vec{\mathbf{r}}) &= (f(\theta) - 2g(\theta)) \frac{\vec{\mathbf{r}} \cdot \dot{\vec{\mathbf{r}}}}{\theta^2} \mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}}) + g(\theta) \mathbf{X}(\dot{\vec{\mathbf{r}}}) \\ &+ (g(\theta) - 3h(\theta)) \frac{\vec{\mathbf{r}} \cdot \dot{\vec{\mathbf{r}}}}{\theta^2} \mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}})^2 \\ &+ h(\theta) \left[ \mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}}) \mathbf{X}(\dot{\vec{\mathbf{r}}}) + \mathbf{X}(\dot{\vec{\mathbf{r}}}) \mathbf{X}(\vec{\mathbf{r}}) \right] \end{aligned}$$

Dans plusieurs équations, nous avons à calculer  $\dot{\mathbf{H}}(\vec{\mathbf{r}})\dot{\vec{\mathbf{r}}}$  :

$$\begin{aligned} \dot{\mathbf{H}}(\vec{\mathbf{r}})\dot{\vec{\mathbf{r}}} &= (f(\theta) - 2g(\theta)) \frac{\vec{\mathbf{r}} \cdot \dot{\vec{\mathbf{r}}}}{\theta^2} \dot{\vec{\mathbf{r}}} \wedge \dot{\vec{\mathbf{r}}} + (g(\theta) - 3h(\theta)) \frac{\vec{\mathbf{r}} \cdot \dot{\vec{\mathbf{r}}}}{\theta^2} \dot{\vec{\mathbf{r}}} \wedge (\dot{\vec{\mathbf{r}}} \wedge \dot{\vec{\mathbf{r}}}) \\ &+ h(\theta) \dot{\vec{\mathbf{r}}} \wedge (\dot{\vec{\mathbf{r}}} \wedge \dot{\vec{\mathbf{r}}}) \end{aligned}$$

L'expression précédente se simplifie avec les remarques suivantes :

$$-\dot{\vec{\mathbf{r}}} \wedge (\dot{\vec{\mathbf{r}}} \wedge \dot{\vec{\mathbf{r}}}) = \dot{\vec{\mathbf{r}}}(\dot{\vec{\mathbf{r}} \cdot \dot{\vec{\mathbf{r}}}) - \dot{\vec{\mathbf{r}}} \theta^2$$

$$-\dot{\vec{\mathbf{r}}} \wedge (\dot{\vec{\mathbf{r}}} \wedge \dot{\vec{\mathbf{r}}}) = \dot{\vec{\mathbf{r}}} \dot{\vec{\mathbf{r}}}^2 - \dot{\vec{\mathbf{r}}}(\dot{\vec{\mathbf{r}} \cdot \dot{\vec{\mathbf{r}}})$$

et nous obtenons finalement :

$$\begin{aligned} \dot{\mathbf{H}}(\vec{\mathbf{r}})\dot{\vec{\mathbf{r}}} &= \left( \dot{\vec{\mathbf{r}}}^2 h(\theta) + \frac{(\dot{\vec{\mathbf{r}} \cdot \dot{\vec{\mathbf{r}}})^2}{\theta^2} [g(\theta) - 3h(\theta)] \right) \dot{\vec{\mathbf{r}}} \\ &+ (\dot{\vec{\mathbf{r}} \cdot \dot{\vec{\mathbf{r}}}) [2h(\theta) - g(\theta)] \dot{\vec{\mathbf{r}}} \end{aligned} \quad (22)$$

$$+ \frac{\vec{\mathbf{r}} \cdot \dot{\vec{\mathbf{r}}}}{\theta^2} [f(\theta) - 2g(\theta)] \dot{\vec{\mathbf{r}}} \wedge \dot{\vec{\mathbf{r}}} \quad (23)$$

### B.3.3 Autres propriétés de $\mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}})$

En utilisant les égalités (17) et (20), nous obtenons par calcul direct :

$$\mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}})^T = \mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}}) \mathbf{R}^T = \mathbf{R}^T \mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}}) \quad (24)$$

$$\mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}}) = \mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}})^T \mathbf{R} = \mathbf{R} \mathbf{H}(\vec{\mathbf{r}})^T \quad (25)$$

## BIBLIOGRAPHIE

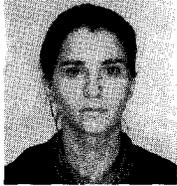
- [1] N.M. Alpert, J.F. Bradshaw, D. Kennedy, and J.A. Correia. The principal axes transformation - a method for image registration. *The Journal of Nuclear Medicine*, 31(10), October 1990.
- [2] N. Ayache. *Vision stéréoscopique et perception multisensorielle - Applications de la robotique mobile*. Sciences informatiques. InterEditions, 1989.
- [3] P.J. Besl and N.D. McKay. A method for registration of 3-D shapes. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 14 :239-256, February 1992.
- [4] G. Borgefors. Distance transformations in digital images. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 34 :344-371, 1986.
- [5] G. Borgefors. Hierarchical chamfer matching : A parametric edge matching algorithm. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 10(6) :849-865, november 1988.
- [6] M.E. Brummer, R.M. Mersereau, R.L. Eisner, and R.R.J. Lewine. Automatic detection of brain contours in MRI data sets. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 12(2) :153-166, june 1993.
- [7] I. Cohen, L.D. Cohen, and N. Ayache. Using deformable surfaces to segment 3-D images and infer differential structures. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing : Image Understanding*, 56(2) :242-263, September 1992.
- [8] A. Collignon, D. Vandermeulen, P. Suetens, and G. Marchal. Registration of 3D multi-modality medical images using surfaces and point landmarks. *Pattern Recognition Letters*, 15 :461-467, May 1994.
- [9] P.E. Danielsson. Euclidean distance mapping. *Computer Graphics and Image Processing*, 14 :227-248, 1980.
- [10] R. Declerck, J. Cornelis, and M. Bister. Segmentation of medical images. *Image and Vision Computing*, 11(8) :486-503, october 1993.
- [11] A.C. Evans, C. Beil, S. Marret, C.J. Thompson, and A. Hakim. Anatomical-functional correlation using an adjustable MRI-based region of interest atlas with positron emission tomography. *Journal of Cerebral Blood Flow Metabolism*, 8 :513-529, 1988.
- [12] S. Fernández-Vidal. Mise en correspondance d'images médicales 3D. Master's thesis, Université de Nice-Sophia Antipolis, september 1993. (in french).
- [13] G. Gerig and al. Automating segmentation of dual-echo MR head data. In A.C.F. Colchester and D.J. Hawkes, editors, *XIIIth international conference*

- on *Information Processing in Medical Imaging (IPMI)*, pages 175-187, Wye, Kent, England, July 1991. Lecture notes in Computer Science 511, Heidelberg, Springer Verlag.
- [14] P. Gerlot-Chiron and Y. Bizais. Registration of multimodality medical images using a region overlap criterion. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing : Graphical Models and Image Processing*, 54(5) :396-406, september 1992.
- [15] W.E.L. Grimson. *Object recognition by computer : the role of geometric constraints*. MIT Press, 1990.
- [16] A. Guézic and N. Ayache. Smoothing and matching of 3-D space curves. In *2nd European Conference on Computer Vision (ECCV'92)*, pages 620-629, Santa Margherita, Ligure, Italy, May 18-23 1992.
- [17] K.H. Höhne and W. Hanson. Interactive 3-D segmentation of MRI and CT volumes using morphological operations. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 16(2) :285-294, March/April 1992.
- [18] D.L.G. Hill and al. Registration of MR and CT images for skull base surgery using point-like anatomical features. *The British Journal of Radiology*, 64(767) :1030-1035, November 1991.
- [19] H. Jiang, R. Robb, and K. Holton. A new approach to 3-D registration of multimodality medical images by surface matching. In *Visualization in Biomedical Computing*, volume 1808 of *SPIE proceedings series*, pages 196-213. SPIE, 1992.
- [20] M. Joliot and B.M. Mazoyer. Three-dimensional segmentation and interpolation of magnetic resonance brain images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 12(2) :269-277, june 1993.
- [21] S. Lavallée, R. Szeliski, and L. Brunie. Matching 3-D smooth surfaces with their 2-D projections using 3-D distance maps. In *Geometric Methods in Computer Vision*. SPIE, July 25-26 1991. San Diego.
- [22] G. Malandain. *Filtrage, topologie et mise en correspondance d'images médicales multidimensionnelles*. PhD thesis, École Centrale de Paris, Septembre 1992.
- [23] G. Malandain, G. Bertrand, and N. Ayache. Topological segmentation of discrete surfaces. *International Journal of Computer Vision*, 10(2) :183-197, 1993.
- [24] G. Malandain and J.M. Rocchisani. Matching of 3-D medical images with a potential based method. Technical Report 1890, INRIA, 2004 route des Lucioles BP 93, 06902 Sophia Antipolis Cedex, France, March 1993.
- [25] J.F. Mangin, V. Frouin, and B. Bendriem. Nonsupervised 3-D registration of PET and MRI data using chamfer matching. In *Conference on medical imaging, Nuclear Science Symposium*, Orlando, Florida, october 27-31 1992.
- [26] C.C. Meltzer and al. Anatomical localization for PET using MR imaging. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 14(3) :418-426, 1990.
- [27] S. Minoshima, K.L. Berger, K.S. Lee, and M.A. Mintun. An automated method for rotational correction and centering of the three-dimensional functional brain images. *The Journal of Nuclear Medicine*, 33 :1579-1585, 1992.
- [28] C.A. Pelizzari and al. Accurate three-dimensional registration of CT, PET and/or MR images of the brain. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 13(1) :20-26, 1989.
- [29] X. Pennec. Correctness and robustness of 3D rigid matching with bounded sensor error. Technical Report 2111, INRIA, 2004 route des Lucioles BP 93, 06902 Sophia Antipolis Cedex, France, November 1993.
- [30] F. Preparata and M. Shamos. *Computational Geometry, an Introduction*. Springer Verlag, 1986.
- [31] W.H. Press, B.P. Flannery, S.A. Teukolsky, and W.T. Vetterling. *Numerical Recipes in C*. Cambridge University Press, 1988.
- [32] S.P. Raya. Low-level segmentation of 3-D magnetic resonance brain images - a rule based system. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 12(3) :327-337, 1990.
- [33] N. Rougon. *Éléments pour la reconnaissance de formes tridimensionnelles déformables - Application à l'imagerie biomédicale*. PhD thesis, École Nationale Supérieure des Télécommunications, Février 1993.
- [34] J. Serra. *Image analysis and mathematical morphology*, volume 1. Academic Press, 1982.
- [35] J. Serra. *Image analysis and mathematical morphology : theoretical advances*, volume 2. Academic Press, 1988.
- [36] J-P. Thirion and S. Benayoun. Image surface extremal points, new features points for image registration. Technical Report 2003, INRIA, 2004 route des Lucioles BP 93, 06902 Sophia Antipolis Cedex, France, August 1993.
- [37] J-P. Thirion and A. Gourdon. The 3-D marching lines algorithm : new results and proofs. Technical Report 1881, INRIA, 2004 route des Lucioles BP 93, 06902 Sophia Antipolis Cedex, France, March 1993.
- [38] J-P Thirion, O. Monga, S. Benayoun, A. Guézic, and N. Ayache. Automatic registration of 3-D images using surface curvature. In *IEEE Int. Symp. on Optical Applied Science and Engineering*, San-Diego, July 1992.
- [39] P.A. van den Elsen. *Multimodality Matching of Brain Images*. PhD thesis, Utrecht University, 1993. ISBN number : 90-71546-02-0.
- [40] P.A. van den Elsen, J.B. Antoine Maintz, E.J.D. Pol, and M.A. Viergever. Image fusion using geometrical features. In *Visualization in Biomedical Computing*, volume 1808 of *SPIE proceedings series*, pages 172-186. SPIE, 1992.
- [41] A. Venot, J.F. Lebruchec, and J.C. Roucaurol. A new class of similarity measures for robust image registration. *Computer Vision, Graphics, and Image Processing*, 28 :176-184, 1984.
- [42] R.P. Woods, S.R. Cherry, and J.C. Mazziotta. Rapid automated algorithm for aligning and reslicing PET images. *Journal of Computer Assisted Tomography*, 16(1) :1-14, 1992.
- [43] J. Zhang and al. Multimodality imaging of brain structures for stereotactic surgery. *Radiology*, 175(2) :435-441, May 1990.
- [44] Z. Zhang. Iterative point matching for registration of free-form curves and surfaces. *International Journal of Computer Vision*, 13(2) :119-152, 1994.
- [45] G. Zubal, H. Tagare, L. Zhang, and J. Duncan. 3-D registration of inter-modality medical images. In *Proceedings of the 13th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society*, volume 13, pages 293-294, Orlando, Florida, USA, October 31 - November 3 1991. Part 1/5.

Manuscrit reçu le 19 mai 1994.

## LES AUTEURS

### S. FERNÁNDEZ VIDAL



Sara Fernández Vidal a obtenu son diplôme d'ingénieur en informatique de la «Universidad Politécnica de Valencia, UPV» (Espagne) en 1991. Elle a été ensuite élève du «Master CAD/CAM» de la «Escuela Superior de Ingenieros Industriales» à l'UPV en 1992. Après un DEA en Vision Artificielle à l'Université de Nice, elle a obtenu une bourse HCM de la C.E.E. pour faire sa thèse en Imagerie Médicale au sein du projet EPI-DAURE, à l'INRIA. Ses travaux portent sur le recalage rigide et non-rigide des images médicales.

### G. MALANDAIN



Grégoire Malandain a obtenu son diplôme d'ingénieur de l'École Centrale de Paris en 1989. Il a ensuite préparé sa thèse à l'INRIA (unité de Rocquencourt) qu'il a présentée à l'ECP en 1992. Il est chargé de recherche à l'INRIA (unité de Sophia-Antipolis) depuis octobre 1993. Il est l'organisateur scientifique de la Première Conférence Internationale sur la Vision par ordinateur, la Réalité Virtuelle et la Robotique en Médecine (CVRMed'95). Ses centres d'intérêt se partagent entre la détection de contours, la topologie

discrète, la morphologie mathématique et la mise en correspondance d'images.

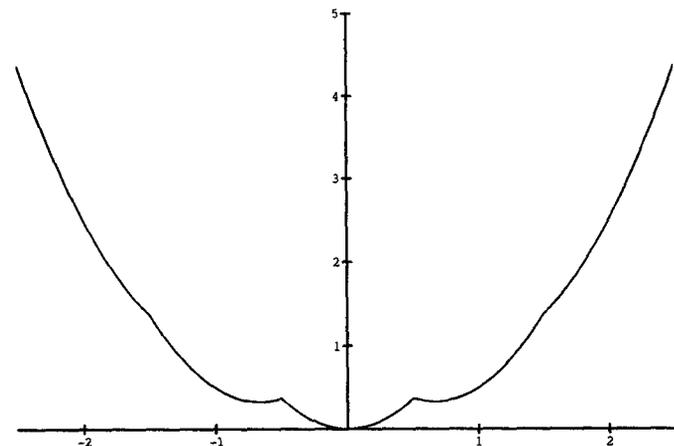


Figure 6. – Énergie potentielle de  $S(x)$  dans le champ de potentiel généré par  $M$  avec  $d = 1.0$ .

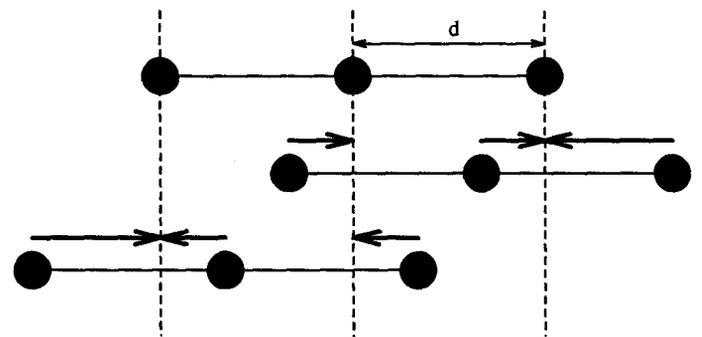


Figure 7. – Les deux minima locaux : la somme des forces qui s'appliquent sur les 3 points de  $S(x)$  est égale à  $\vec{0}$ .

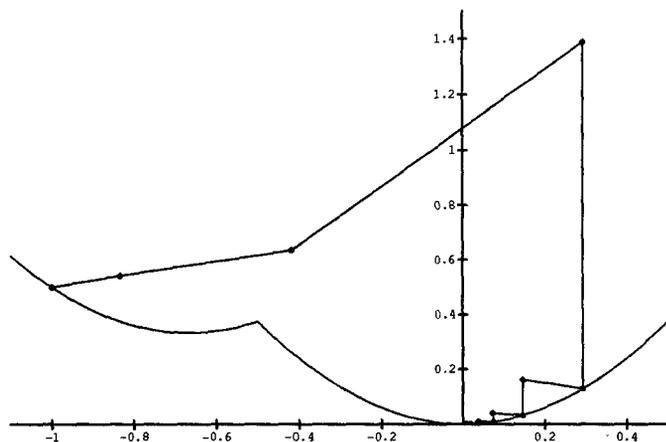


Figure 8. – Comportement de notre algorithme (figure 1 avec la seule heuristique de la figure 2) avec une position initiale  $x_0 = -d$ , et  $dt = 1$ . Les points reliés par une ligne représentent les positions successives de  $S(x)$  : l'ordonnée de ces points donne l'énergie totale (énergie potentielle plus énergie cinétique) de  $S(x)$  pour chacune des positions.

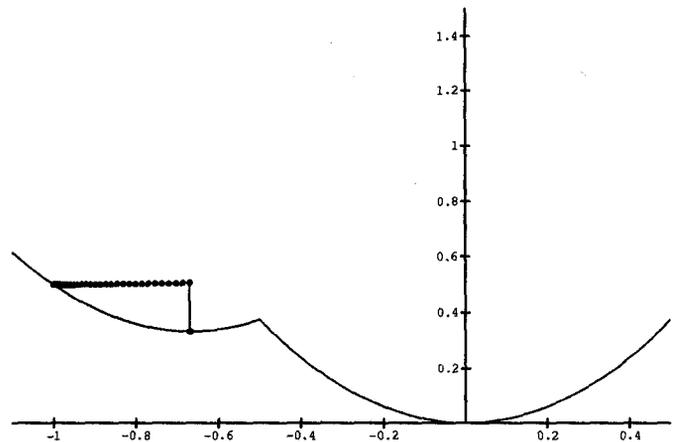


Figure 9. – Comportement de notre algorithme (figure 1 avec la seule heuristique de la figure 2) avec une position initiale  $x_0 = -d$ , et  $dt = 0.05$ . L'algorithme converge vers le minimum local.

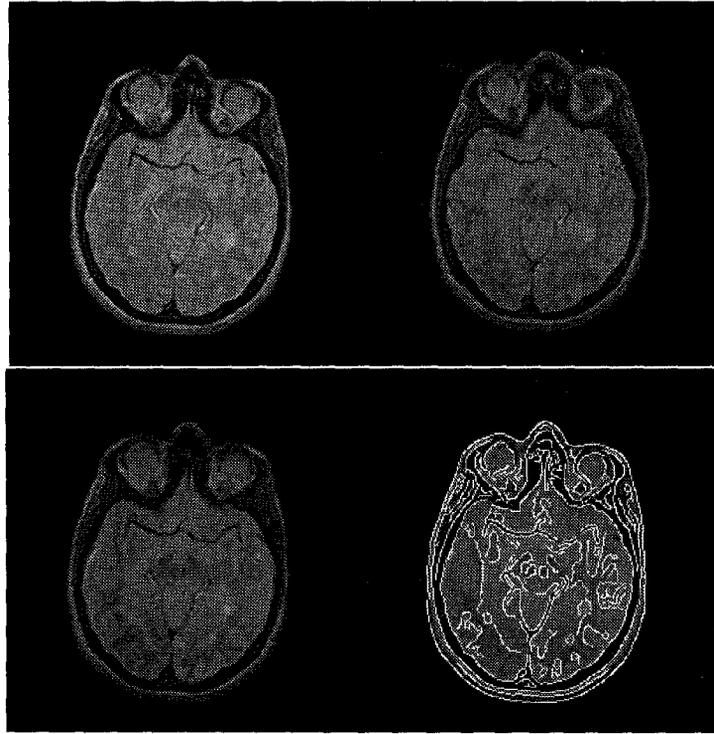


Figure 10. – De haut en bas et de gauche à droite : coupe axiale originale de la première image; coupe axiale originale de la seconde image; coupe axiale de la seconde image rééchantillonnée correspondant à la coupe axiale originale de la première image; la même coupe avec les contours extraits de la coupe originale de la première image. Les données nous ont été fournies par Ron Kikinis, M.D., Department of Radiology, Brigham and Women's Hospital, Harvard Medical School, Boston, MA.



Figure 11. – De haut en bas et de gauche à droite : coupe sagittale de la première image; coupe sagittale de la seconde image; coupe de la seconde image rééchantillonnée correspondant à la coupe de la première image; la même coupe avec les contours extraits de la coupe sagittale de la première image.



Figure 12. – De haut en bas et de gauche à droite : coupe coronale de la première image; coupe coronale de la seconde image; coupe de la seconde image rééchantillonnée correspondant à la coupe de la première image; la même coupe avec les contours extraits de la coupe coronale de la première image.

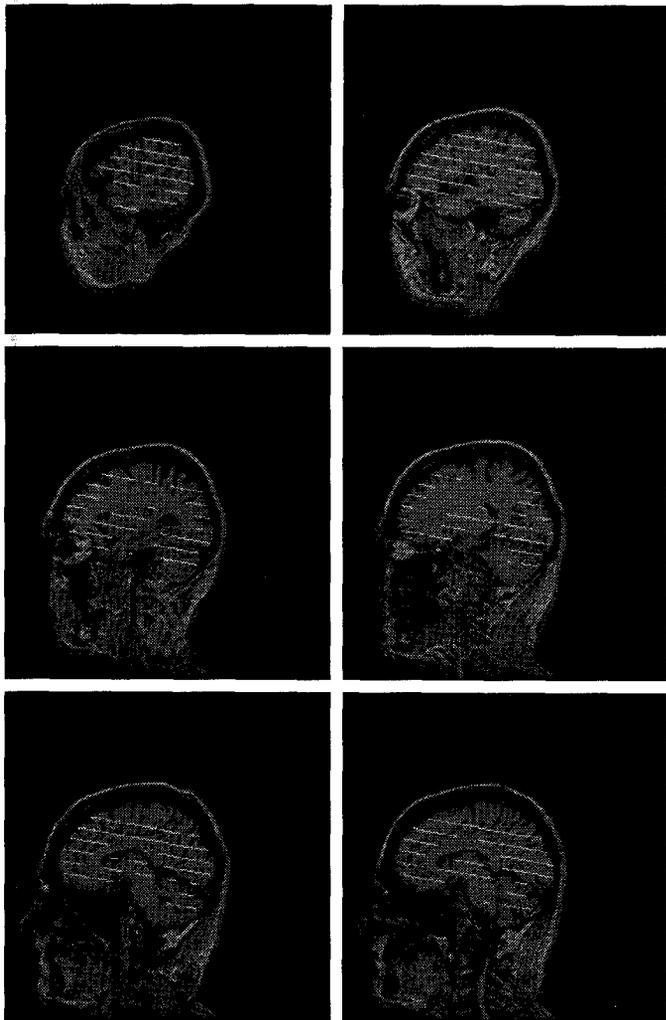


Figure 13. – Après recalage, voici la trace des sept coupes du cerveau TEP dans le cerveau IRM. Les images nous ont été transmises par Jael Travère du centre Cyceron (CEA, Caen, France).

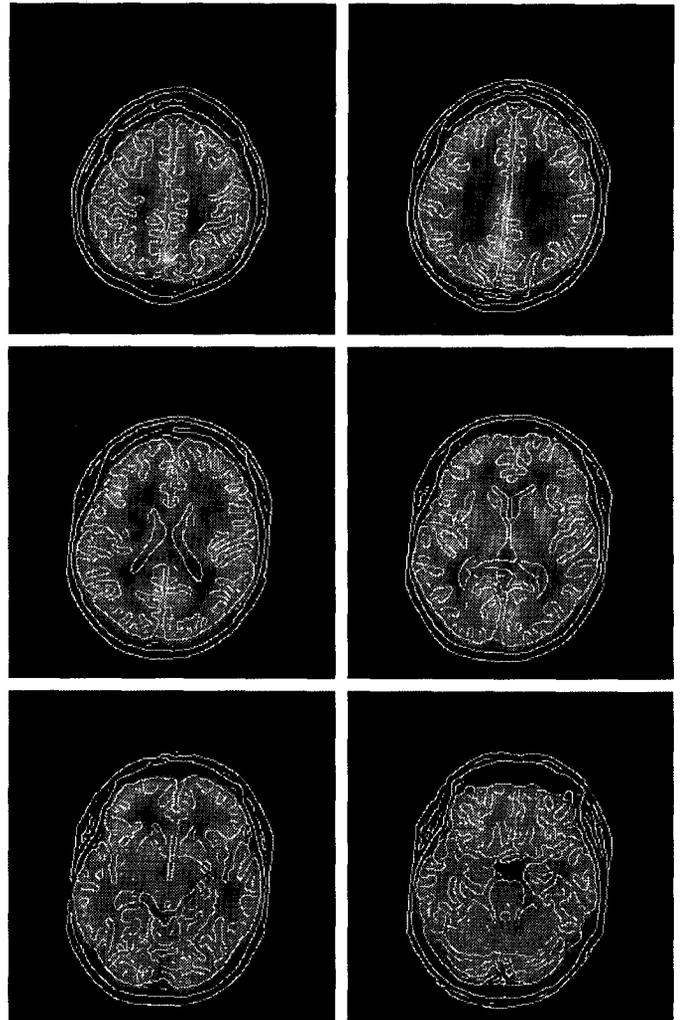


Figure 14. – Contours anatomiques déduits des coupes IRM rééchantillonnées) superposés au coupes métaboliques (TEP).

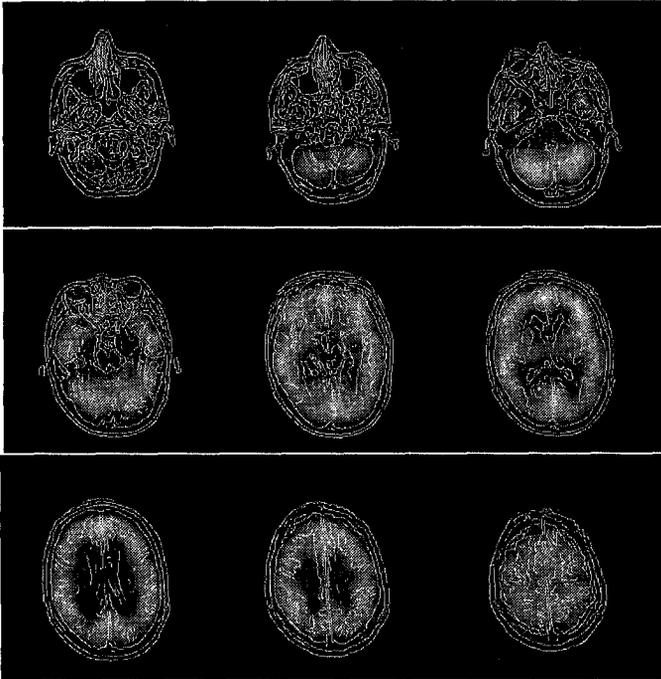


Figure 15. – Contours anatomiques (dédiuits des coupes IRM) superposés aux coupes métaboliques rééchantillonnées (SPECT). Les images nous ont été transmises par Philippe Boule (Focus-Medical, Grenoble, France).



Figure 16. – Image binaire originale de  $64 \times 64$  pixels : l'objet est composé de 463 points.



Figure 17. – Rééchantillonnage uniforme de l'image binaire de la figure 16. De gauche à droite, nous avons considéré des blocs de  $2 \times 2 \times 2$ ,  $4 \times 4 \times 4$  et  $8 \times 8 \times 8$  pixels, et obtenu respectivement 144, 49 et 16 points. Chaque point est représenté par un disque, dont la taille est proportionnelle au volume associé au point.



Figure 18. – Rééchantillonnage de type quadtree de la figure 16. De gauche à droite, nous avons considéré des blocs de  $2 \times 2 \times 2$ ,  $4 \times 4 \times 4$  et  $8 \times 8 \times 8$  pixels, et obtenu respectivement 196, 160 et 160 points.



Figure 19. – Rééchantillonnage de type kd-tree de la figure 16. De gauche à droite, nous avons considéré des blocs de  $2 \times 2 \times 2$ ,  $4 \times 4 \times 4$  et  $8 \times 8 \times 8$  pixels, et obtenu respectivement 165, 121 et 120 points.