

Recalage des images médicales par les algorithmes évolutionnaires

Nabil Neggaz et Abdelkader Benyettou

Laboratoire Signal Image Parole (SIMPA) Algérie,
Université des Sciences et de la Technologie d'Oran USTO-MB
neggaz_nabil@yahoo.fr
a_benyettou@yahoo.fr

Résumé Le recalage est un sujet important pour plusieurs applications concernant l'analyse d'images médicales comme la correction de mouvements, la télédétection et la cartographie. Beaucoup de stratégies de minimisation classiques ont été appliquées au problème de recalage d'images qui sont décrits dans la littérature. Dans cette contribution, on introduit une méthodologie de recalage d'images rigide fondée sur l'optimisation par les techniques des algorithmes évolutionnaires. L'idée principale est de trouver la meilleure transformation qui superpose deux images en minimisant une fonction objective par les algorithmes évolutionnaires (algorithmes génétiques (GA) et algorithme de l'évolution différentielle (DE)). La contrainte principale dans ce domaine réside dans l'obtention des paramètres exacts de n'importe quelle transformation et de réduire son temps d'exécution. L'objectif principal de cet article est de trouver des approches biologiques récentes qui vérifient la contrainte du temps et qui minimisent la fonction d'erreur.

Mots clés Algorithme génétique, L'évolution différentielle, Recalage rigide.

1 Introduction

Le recalage est un outil important pour résoudre plusieurs problèmes d'analyse d'images médicales. Plusieurs stratégies d'optimisation ont été appliquées au problème de recalage d'images, comme la recherche exhaustive, la descente de gradient, la méthode du simplexe, le recuit simulé, les algorithmes évolutionnaires. La notion de recalage est associée à la définition d'une correspondance point à point entre les coordonnées d'un point dans un espace à celle d'un autre point dans un autre espace (aussi appelé référentiel), cette correspondance n'étant pas tenue d'être une bijection. Dans le domaine médical, cette notion se trouve renforcée par le fait que ces points correspondent tous à un point anatomique [1]. Dans la plupart des cas, le recalage est effectué en deux étapes : traitement de l'image et optimisation d'un critère de similarité. Le traitement de l'image vise à améliorer la qualité de l'image et à extraire l'information pertinente permettant d'effectuer au mieux l'étape d'optimisation. Celle-ci a pour but de trouver les valeurs des opérations géométriques, conformément à une fonction objective décrivant la qualité du recalage. Cet article est organisé comme suit. Dans la section 2, nous introduisons le principe de recalage. La section 3 est dédiée à la définition des algorithmes évolutionnaires. Dans la section 4, nous décrivons comment les algorithmes évolutionnaires peuvent être utilisés pour estimer les différentes transformations. La section 5 présente les résultats expérimentaux. La conclusion ainsi que les perspectives sont données dans la section 6.

2 Le modèle de recalage

Il s'agit tout d'abord de construire une transformation mathématique d'une image susceptible de venir compenser non seulement les différences géométriques d'acquisition des images mais aussi les variations de niveaux de gris. Pour illustrer le principe de recalage, nous présentons un modèle qui s'applique bien à des techniques d'imagerie médicale comme les images radiologiques.

Le modèle comporte une partie géométrique composée :

- D'une translation bidimensionnelle T_{xy} où x et y sont respectivement les paramètres des translations horizontale et verticale exprimées en pixels (T_{xy} compense l'essentiel des variations de position de l'objet observé dans le champ du capteur),
- D'une rotation $R\theta$ où θ est l'angle de rotation en degré ($R\theta$ complète la correction assurée par T_{xy}),
- D'une homothétie H_z où z est le rapport d'homothétie (H_z vient compenser les variations de distance entre objet et capteur en optique géométrique).

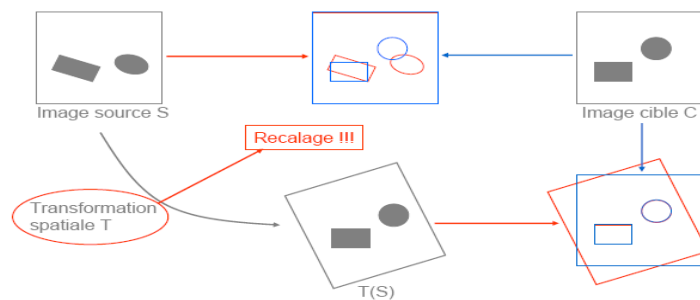


Figure 1 : Le schéma du recalage

Le modèle comporte aussi une partie consacrée au recalage des niveaux de gris. Un modèle linéaire s'avère efficace dans de nombreux cas pour compenser les variations globales des niveaux de gris dans les images. Recaler une image consistera alors à déterminer les valeurs des quatre paramètres $T_x, T_y, R\theta$ et H_z dans le cas des images 2D, puis à transformer l'image par le modèle de recalage utilisant ces valeurs des paramètres. Toute la difficulté de la procédure de recalage consiste à déterminer ces valeurs en affranchissant des modifications de l'image dues à l'évolution de la pathologie étudiée. Cette détermination doit être effectuée en minimisant un critère de similitude [2].

3 Les algorithmes évolutionnaires

L'appellation Algorithmes Evolutionnaires (en anglais Evolutionary algorithms (EA)) est un terme générique pour décrire les approches informatiques reposant sur les principes de l'évolution comme éléments clefs de leurs fonctionnements. Ils sont inspirés du concept de sélection naturelle élaboré par Charles Darwin [3]. Il existe un grand nombre d'algorithmes évolutionnaires, toutes ces approches ont en commun la simulation de l'évolution d'une population d'individus divers (généralement tirée aléatoirement au départ) à laquelle on applique différents opérateurs (recombinaisons, mutations...) et que l'on soumet à une sélection, à chaque génération. Parmi les algorithmes évolutionnaires les plus utilisés, on va expliquer tout d'abord les algorithmes génétiques d'une façon succincte ensuite on va détailler d'autre technique plus récente appelée l'évolution différentielle (en anglais Differential Evolution (DE)) [4].

3.1 Les algorithmes génétiques (GA)

Inventés par John Holland, puis développés par David Goldberg, les algorithmes génétiques ont gagné une renommée certaine. Ils utilisent une représentation génotypique binaire en chaînes de bit de longueur fixe qui représentent les solutions du problème. Au cours des générations, les individus sont sélectionnés par tirage à la roulette, donnant une plus grande probabilité aux individus les plus adaptés à être sélectionnés ; ceux-là sont ensuite croisés entre eux, par un croisement en un point, puis les nouveaux individus sont mutés avec une petite probabilité par une mutation d'un bit. Il est intéressant de noter que les algorithmes génétiques originaux n'intégraient pas la notion d'élitisme; toute la population était remplacée par les enfants [5].

3.2 L'évolution différentielle (DE)

DE est un algorithme basé sur une population comme les algorithmes génétiques, il utilise les mêmes opérateurs : croisement, mutation et sélection. La différence principale en construisant de meilleures solutions est que les algorithmes génétiques se fondent sur le croisement tandis que le DE se fonde sur l'opération de mutation, cette opération principale est basée sur la différence des paires de solutions aléatoirement prélevées dans la population [6]. L'algorithme utilise l'opération de mutation comme un mécanisme de recherche et l'opérateur de sélection pour diriger la convergence vers les régions éventuelles dans l'espace de recherche [7]. DE utilise également un croisement non uniforme qui peut prendre des paramètres de vecteur d'enfant d'un seul parent. Dans DE, la population des vecteurs de solution d'une taille égale NP est aléatoirement créée au début. Cette population est améliorée avec succès en appliquant des opérateurs de mutation, de croisement et de sélection [8].

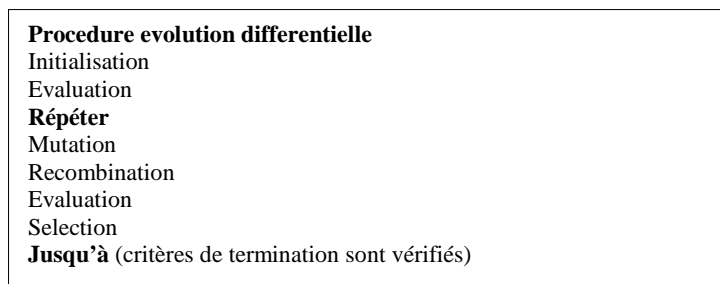


Figure 2 : Structure d'un algorithme DE

L'algorithme DE favorise l'opérateur de mutation et pour cette raison, plusieurs variantes de l'évolution différentielle se sont confirmées d'être fonctionnelles. Elles sont citées dans [9] :

- DE/rand/1

Cette notation indique que le vecteur à perturber est aléatoirement choisi et que la perturbation se compose sur une seule différence. Pour chaque individu $x_{i,G}$ $i = 0, 1, \dots, NP - 1$ l'individu muté est généré par :

$$v_{i,G+1} = x_{r3,G} + F \cdot (x_{r1,G} - x_{r2,G}) \quad (1)$$

- DE/best/1

Comme la stratégie précédente compte que l'individu de la prochaine génération est produit par le meilleur membre de la population :

$$v_{i,G+1} = x_{best,G} + F \cdot (x_{r1,G} - x_{r2,G}) \quad (2)$$

- DE/best/2

DE/best/2 emploie deux vecteurs de différence comme perturbation :

$$v_{i,G+1} = x_{best,G} + F \cdot (x_{r1,G} - x_{r2,G} + x_{r3,G} - x_{r4,G}) \quad (3)$$

– DE/rand to best/1

Cette stratégie place la perturbation à un endroit entre un membre aléatoirement choisi de population et le meilleur membre de population :

$$v_{i,G+1} = x_{i,G} + F \cdot (x_{best,G} - x_{i,G}) + F \cdot (x_{r1,G} - x_{r2,G}) \quad (4)$$

Tels que :

$x_{i,G}$: i^{th} individu de la génération courante G

x : ensemble de population et F : constante de mutation $\in [0,2]$

$x_{best,G}, x_{r1,G}, x_{r2,G}, x_{r3,G}, x_{r4,G}$, sont aléatoirement choisis dans la génération courante. Après mutation, le croisement est appliqué sur les individus par la règle suivante :

$$u_{i,G+1} = x_{i,G} \cdot (1 - p_c) + v_{i,G+1} \cdot p_c \quad (5)$$

telle que p_c est la probabilité de croisement.

Concernant la sélection, toutes les solutions dans la population ont la même chance d'être sélectionnées comme des parents selon la fonction d'adaptation. Après les opérations de mutation et de croisement l'enfant est produit et évalué. Puis, la performance de l'enfant et son parent est comparée et le meilleur d'entre eux est choisi. Si le parent est encore meilleur, il est maintenu dans la population.

4 Le concept du recalage en utilisant les AEs

Ayant deux images I_1 et I_2 de la même scène prises en utilisant le même capteur, l'algorithme proposé calcule la meilleure transformation géométrique alignant les deux images. Etant donnée deux images I_1 et I_2 , il s'agit de trouver la transformation géométrique T qui permet d'aligner correctement les deux images c.-à-d. $I_2 = T(I_1)$, en considérant la transformation rigide avec zoom. Cette transformation est formée par la combinaison d'une translation, une rotation et un changement d'échelle (agrandissement ou réduction).

4.1 La structure et la fitness du chromosome

Pour modéliser le recalage par les algorithmes évolutionnaires, il faut déterminer deux choses :

La structure du chromosome et le critère de similarité. L'individu est représenté par les quatre transformations c-à-d le facteur de zoom et le degré de rotation, le facteur de translation selon x et y , donc le chromosome dans les contient 4×20 bits et dans DE contient quatre paramètres réels. Plusieurs critères de similitude ou de disparité entre images ont été proposés pour le calcul des paramètres de recalage. Parmi ses critères: la somme des carrés ou les valeurs absolues des écarts [10].

$$MSE = \frac{1}{M \cdot N} \sum_i \left(\sum_j |I_1(i, j) - I_2(i, j)|^2 \right) \quad (6)$$

5 Résultats expérimentaux

5.1 Corpus utilisé

Nos expériences ont été réalisées sur une base de données constituée des images médicales de différents organes, chaque image est de taille de 128x128.

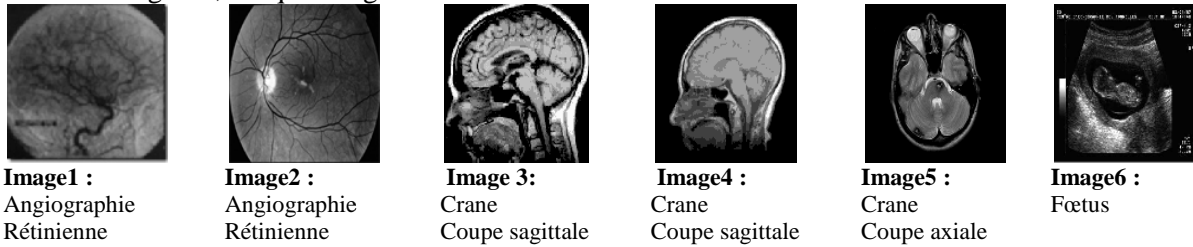


Figure 3 : La base de données des images médicales

5.2 Expériences

Le tableau suivant montre les différentes transformations possibles, qu'on veut appliquer sur chaque image de la base de données.

Tableau 1 : Transformations

N° Transformation	Z (zoom)	Phi (angle de rotation)	Tx (translation selon x)	Ty (translation selon y)
1	1.7	60	-45	55
2	0.9	15	10	-10

– Test sur l'image 1

Tableau 1 : Résultats globale par GA

N° Trans	GA					
	Paramètres	Fitness minimale	Mean	Std	Temps (S)	
1	$Z \pm \Delta Z $	1.64±0.06	$2.18 \cdot 10^{-2}$	$6.58 \cdot 10^{-2}$	$3.32 \cdot 10^{-2}$	505.11
	$\Phi \pm \Delta \Phi $	59.86±0.14				
	$T_x \pm \Delta T_x $	-43.49±1.51				
	$T_y \pm \Delta T_y $	51.99±3.01				
2	$Z \pm \Delta Z $	0.9±00	$1.84 \cdot 10^{-4}$	$1.06 \cdot 10^{-2}$	$1.09 \cdot 10^{-2}$	453.38
	$\Phi \pm \Delta \Phi $	14.98±0.02				
	$T_x \pm \Delta T_x $	10±00				
	$T_y \pm \Delta T_y $	-9.99±0.01				

Il est bien clair, et par comparaison, que l'algorithme de l'évolution différentielle estime d'une façon plus exacte le mouvement de translation pour les images d'angiographie rétiniennes, prenant l'exemple de la première transformation $\Delta T_x = 0$, $\Delta T_y = 0.03$ (voir table 3) par ailleurs l'algorithme génétique montre son impuissance ($\Delta T_x = 1.51$, $\Delta T_y = 3.01$), (voir table 1)

Tableau 2 : Résultats globale par DE

N° Transformation	DE					Temps (S)
	Paramètres	Fitness minimale	Mean	Std		
1	Z± ΔZ	1.69±0.01	2.99*10 ⁻⁴	5.14*10 ⁻⁴	1.71*10 ⁻⁴	311.26
	Phi± ΔPhi	59.98±0.02				
	Tx± ΔTx	-45±00				
	Ty± ΔTy	54.97±0.03				
2	Z± ΔZ	0.9±00	0	1.06*10 ⁻⁵	8.73*10 ⁻⁶	235.35
	Phi± ΔPhi	15±00				
	Tx± ΔTx	10±00				
	Ty± ΔTy	-10±00				

6 Conclusion et perspectives

L'algorithme DE est une nouvelle approche heuristique ayant principalement ces avantages; trouver le minimum global quelque soit l'initialisation des paramètres de contrôle et la convergence rapide. Dans ce travail, la performance de l'algorithme DE a été comparé succinctement à l'algorithme génétique. A partir de cette étude, il est observable que le temps de calcul est mieux que celui de l'GA avec la garantie d'une fitness optimale indiquant la précision de l'estimation des paramètres de mouvements pour le problème du recalage rigide monomodale. Par conséquent, l'algorithme DE semble être une approche prometteuse pour d'autres problèmes d'optimisation dans l'imagerie médicale. Comme travail future, on propose d'ouvrir une nouvelle porte sur la recherche vers les réseaux immunitaires artificiels appliqués au recalage des images 3D ou la construction des modèles hybrides plus récents basés sur la recherche dispersée et les algorithmes évolutionnaires.

Références

- [1] C. Barillot. *Fusion de Données et Imagerie 3D en Médecine. HDR*, Institut de Formation Supérieure en Informatique et en Communication, université de Rennes 1, 1999.
- [2] G. Malandain. *Les mesures de similarité pour le recalage des images médicales. HDR*, Université de NICE SOPHIA-ANTIPOLIS, 2006.
- [3] A. Godzik. *Approche évolutionnaires pour la robotique modulaire et anticipatoire*. Thèse de doctorat .Dept.I nformatique., Paris XI Univ ., Paris , 2005.
- [4] A. E. Eiben & J. E. SMITH. *Introduction to Evolutionary Computing*. Berlin : Springer Verlag, Heidelberg, 2003.
- [5] D. Goldberg. *Algorithmes génétiques*. Addison Weisly, 1994.
- [6] K. V. Price., R. M. Storn. & J. A. Lampinen. *Differential Evolution : A practical Approach to global Optimization*. Heidelberg ,Berlin : Springer Verlag, 2005
- [7] D. Karaboga. & S. Okdem. A simple and global optimization algorithm for engineering problems: Differential Evolution Algorithm. *TUBITAK*, 1: 53–60, 2004.
- [8] J. Lampinen. & Y. Zelinka. On stagnation of the differential evolution algorithm. in *Proc.MENDEL Conf* : 76-83, 2000.
- [9] S. Kannan., S. Mary. & N. Padhy. Application and comparison of metaheuristic Techniques to generation expansion planning problem. *IEEE Trans. on power systems*, 2005.
- [10] F. L. Seixas., L. S. Ochi., A. Couci & D. C. M. Saade. Image registration using genetic algorithms. *GECCO'08*, Atlanta, USA.