

RECONSTRUCTION TRIDIMENSIONNELLE DE RESEAUX VASCULAIRES

C. Venaille*, D. Mischler**, J.Y. Catros**, J.L. Coatrieux*

(*) Lab. Signaux et Images en Medecine _ Universite Rennes 1 _ Campus de Beaulieu _ 35042 RENNES Cedex.

(**) THOMSON CSF/ LER _ Avenue de Bellefontaine _ 35510 CESSON SEVIGNE.

RESUME

Nous nous interessons au problème de la reconstruction 3D de réseaux vasculaires, à partir de 3 projections. La méthode décrite exploite les résultats obtenus en vision trinoculaire, et réalise la mise en correspondance globale de primitives "branches" (partie de vaisseaux sans bifurcations). L'appariement des branches est vu comme la recherche d'un chemin optimal à travers un graphe valué. Deux algorithmes sont proposés : l'un utilise la programmation dynamique et fournit la meilleure solution au sens du critère choisi; l'autre effectue une recherche exhaustive des chemins possibles. Des résultats expérimentaux sont présentés pour cette dernière méthode.

SUMMARY

This paper deals with the 3D reconstruction problem of vascular networks from 3 projections. The described method is based on trinocular vision results, and performs the global matching of "segments" (part of vessel without crossing-point). The segment matching problem is seen as the research of an optimal path through a weighted graph. Two algorithms are proposed : one is using dynamic programming and provides the best path according to the chosen criterion, the other carries out an exhaustive search of all the possible paths. Experimental results are given for this last method.

1. INTRODUCTION

Pour détecter des lésions vasculaires ou guider ses gestes au cours d'interventions chirurgicales, le médecin ne dispose actuellement que d'angiographies 2D (clichés rayons X obtenus après avoir injecté dans les artères un produit opacifiant). L'accès à l'information 3D est perturbé par la double non-stationnarité du signal (mouvement des vaisseaux, propagation du produit de contraste dans les artères). Cela interdit une approche tomographique de type scanner ($N=200$ à 500 clichés). Une première solution est la recherche d'algorithmes de tomographies aux angles rares [1] ($10 < N < 50$). Nous proposons ici un algorithme de reconstruction 3D de la ligne centrale des vaisseaux à partir de 3 angiographies prises sous des incidences non-coplanaires quelconques; notre approche s'appuie sur les travaux réalisés en vision passive.

On suppose que le système d'acquisition des images peut être modélisé par une transformation perspective. Recouvrer l'information 3D à partir de 2 ou 3 images est alors un problème classique qui peut se décomposer en 3 étapes :

- calibration [2]
- mise en correspondance de points homologues dans les images
- reconstruction tridimensionnelle de l'objet.

De nombreuses solutions ont été proposées pour réaliser la phase délicate de mise en correspondance. Elles diffèrent essentiellement par le type de primitive à apparier (points, contours, régions, graphes), par les contraintes imposées, et le type d'algorithme mis en oeuvre pour assurer la cohérence globale des appariements locaux (corrélation, pro-

grammation dynamique, relaxation, prédiction-vérification, recuit simulé). Pour une bibliographie complète sur le sujet, on pourra se référer à [3-4].

Pour restreindre la complexité de la recherche des homologues, on a souvent recours à des contraintes : unicité des appariements, continuité de la disparité, conservation de l'ordre des primitives entre vues, similarité d'attributs caractérisant l'objet dans le cas d'angles stéréoscopiques. Les fortes discontinuités d'un réseau vasculaire (objet filaire transparent) interdisent de telles hypothèses. En revanche, la contrainte épipolaire est une contrainte géométrique forte, partout vérifiée. En tenant compte de la géométrie des imageurs, on montre que l'homologue dans I_2 d'un point P_1 d'une image I_1 se trouve le long d'une droite L_{21} appelée épipolaire conjuguée. La recherche des homologues devient alors monodimensionnelle.

Plusieurs auteurs [5-9] ont cherché à étendre la contrainte épipolaire en utilisant une troisième vue. Soit P_1 un point de I_1 , ses homologues se trouvent sur l'épipolaire L_{21} dans I_2 et sur L_{31} dans I_3 (figure 1). Supposons que P_2 soit un homologue potentiel pour P_1 , alors son homologue dans I_3 doit se trouver sur L_{31} . Pour que P_1 et P_2 soient des points homologues, il faut donc vérifier l'existence d'un point P_3 semblable à P_1, P_2 au point prédit $(L_{31} \cap L_{32})$ dans I_3 . Ceci réduit considérablement les ambiguïtés, augmente la précision de la reconstruction, autorise le choix d'angles d'incidences quelconques, et évite le recours à des hypothèses incertaines. Dans le contexte des réseaux artériels, ces deux derniers points semblent particulièrement intéressants.

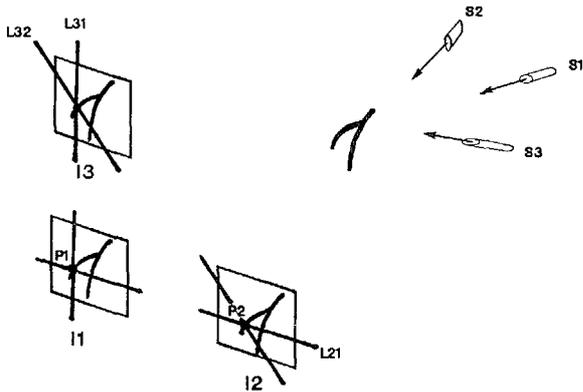


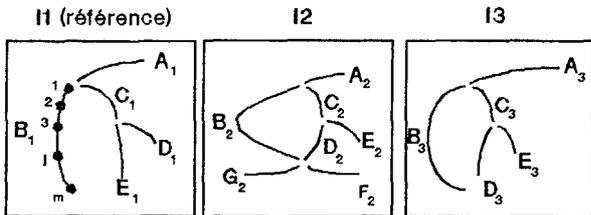
Figure 1 : Contrainte épipolaire pour 3 vues

2. PRETRAITEMENT DES IMAGES

On extrait la ligne centrale des vaisseaux par segmentation et squelettisation. Les images binaires obtenues sont structurées en primitives "branches" (suite de points 8-connexes ayant au plus deux voisins); les branches sont ensuite échantillonnées en une suite de points formant une chaîne polygonale (figure 2).

3. GENERATION DES HYPOTHESES

A chaque branche B_1 de l'image I_1 (vue de référence), on associe une table d'hypothèses. La figure 2 illustre l'initialisation de ces tables. Pour chaque échantillon $P_1(j)$ ($1 \leq j \leq m$) de B_1 , on dresse la liste des hypothèses $(P_1(j), P_2^i, P_3^i)$ vérifiant la contrainte épipolaire. En général, en l'absence de critère de similarité, il existe plusieurs triplets solutions; plutôt que d'effectuer une sélection locale, on conserve toutes ces solutions dans la colonne j de la table en fonction des branches X_2, Y_3 auxquelles appartiennent les points P_2^i et P_3^i . La décision d'appariement de B_1 sera prise globalement après avoir rempli la table. Pour chaque triplet $(P_1(j), P_2^i, P_3^i)$ on associe un coût c_{ij} mesurant la qualité de l'appariement. Ce coût est basé sur la distance moyenne inter-droites (S_1P_1) , (S_2P_2) et (S_3P_3) , ainsi que sur la cohérence des directions des tangentes aux points P_1, P_2, P_3 à appairer.



(a)

H_i	j	1	2	3		j				m			
A2-A3		0.1	0.4										
A2-C3		0.2	0.5	0.7									
B2-C3		0.1	0.3										
B2-B3		0.1	0.1	0.1	0.2	0.1	...	C_{ij}	...	0.3	0.1		
C2-C3										0.6	0.3		
D2-B3										0.6	0.5	0.7	
G2-B3										0.4	0.3	0.4	0.4
F2-B3										0.1	0.1	0.2	0.1

(b)

Figure 2 : a) Images structurées en branches. La branche B_1 est figurée échantillonnée. b) Table d'hypothèses associée à B_1 .

4. HYPOTHESES SUR LE MODELE

Apparier une branche B_1 , c'est choisir une suite de triplets-hypothèses (c_{ij}) ($1 \leq j \leq m$) dans la table associée. Pour guider cette recherche, on suppose que l'appariement de l'échantillon $P_1(j)$ n'est pas indépendant du choix fait pour $P_1(j-1)$ et qu'une branche doit être associée à une suite connexe de points (ou de branches) dans les 2 autres images. Ces contraintes nous conduisent à considérer chaque ligne $H_i = X_2 - Y_3$ de la table, comme un bloc d'hypothèses indissociables (figure 3).

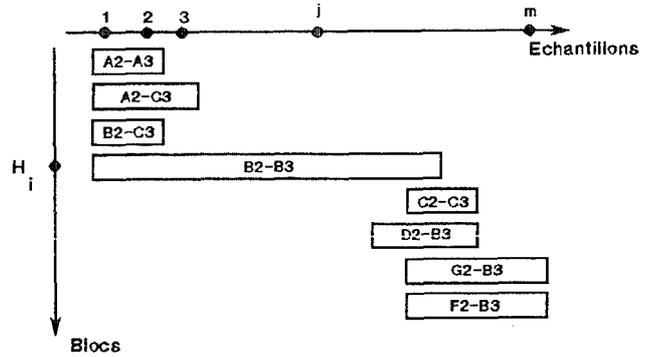


Figure 3 : Représentation de la table en blocs.

Apparier B_1 revient donc à construire une suite de blocs $(H_i)_{i \in [1, n]}$. Ceci se fait sous la contrainte de prolonger, quand c'est possible, l'une des branches X_2 ou Y_3 du bloc $H_i = X_2 - Y_3$ précédent. A chaque bloc H_i on associe le coût total :

$$(1) \quad C_i = \sum_j c_{ij}$$

5. APPARIEMENT DES BRANCHES

Nous présentons deux méthodes pour effectuer la mise en correspondance d'une branche.

5.1 PROGRAMMATION DYNAMIQUE :

Soit \mathcal{G} le graphe dont les noeuds sont les blocs H_i de poids C_i . On ajoute à \mathcal{G} un noeud fictif départ "D" qui correspondrait à un échantillon 0, et un noeud fin "F" qui correspondrait à un échantillon $(m+1)$. Apparier une branche donnée peut alors être vu comme la recherche d'un chemin optimal de D à F à travers \mathcal{G} , et peut se résoudre par un algorithme de programmation dynamique (P.D.) [10]. Les prédecesseurs du noeud H_i sont les noeuds H_k tels que :

$$(2) \quad |Deb(H_i) - Fin(H_k)| < \theta_i \quad (\text{seuil})$$

avec $Deb(H_i)$: premier échantillon de H_i
 $Fin(H_k)$: dernier échantillon de H_k .

H_k doit également vérifier les contraintes de connexité avec H_k énoncées à la section 4.

Remarque : l'algorithme de P.D. ne s'est pas avéré toujours satisfaisant. L'étude des échecs a permis de mettre en évidence les cas délicats suivants :

a) la branche à apparier est la superposition de K branches : la P.D. ne fournit que la meilleure.

b) une branche de l'une des trois images est confondue avec une des lignes épipolaires; cela peut générer plusieurs solutions concurrentes (cf. annexe) : la P.D. fournit alors de manière aveugle "la" meilleure solution au sens du critère.

Les résultats concernant cette partie ne sont pas présentés dans cet article.

5.2 RECHERCHE EXHAUSTIVE DES SOLUTIONS :

Ces remarques nous ont amenés à envisager une deuxième approche, plus souple, qui dresserait la liste exhaustive des appariements possibles pour une branche donnée, c'est à dire la liste de tous les chemins possibles (H_i) reliant D à F dans \mathcal{G} (figure 4). Afin d'éviter une explosion combinatoire, la recherche de chemins se fait en 3 étapes :

a) Filtrage initial des blocs : soit N_i , le nombre d'échantillons contenus dans H_i . On inhibe un bloc $H_i = X_2 - Y_3$ dans les cas suivants :

- (4) $N_i = 1$
- (5) $C_i/N_i > \theta_2$: seuil
- (6) $B_1 - Y_3$ (resp. $B_1 - X_2$) n'est pas un bloc de la table associée à X_2 (resp. Y_3) quand I_2 (resp. I_3) est la vue de référence.

b) Construction des chemins possibles : Soit \mathcal{G}' le graphe dont les noeuds sont ceux de \mathcal{G} moins les noeuds inhibés à l'étape précédente. Les successeurs de : H_k ($i \in [0, n+1]$ avec $H_0 = D$ et $H_{n+1} = F$) sont les noeuds H_i vérifiant (2) et les contraintes du § 4. On recherche alors tous les chemins de D à F (figure 4).

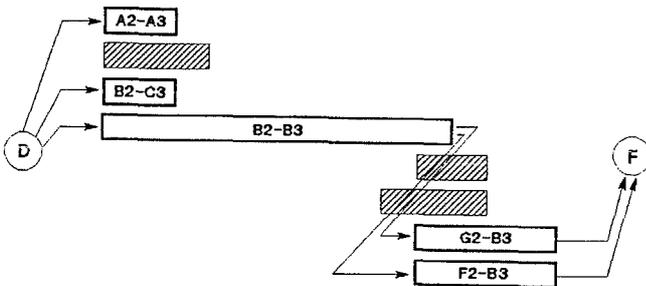


Figure 4 : Recherche des chemins dans le graphe. Les blocs hachurés sont ceux qui ont été éliminés lors du filtrage initial.

c) Filtrage des chemins trouvés : On s'intéresse au coût global (au sens des deux critères définis en annexe 1) des chemins trouvés. Les chemins dont le coût est double du chemin de coût minimal sont rejetés. Les chemins restants à ce stade sont considérés comme autant de solutions possibles pour la mise en correspondance de B_1 .

Remarques :

- Toutes les solutions éliminées sont stockées à part, avec la raison de l'échec. Ceci permet d'éventuels retours arrières.
- La structure très modulaire de l'algorithme permet de rajouter d'autres filtrages selon l'application (le cas des angles stéréos pourrait, par exemple, faire l'objet d'un module supplémentaire)
- Toutes les opérations réalisées à ce stade sont parallélisables branche par branche.
- Un contrôle global des appariements vérifiant la cohérence des appariements de branches voisines, devrait permettre de réduire le nombre d'ambiguïtés dans certains cas, et reste à écrire.
- Aucune connaissance liée à l'objet (connaissance anatomique, structure filaire arborescente) n'a été utilisée.

6. LOGICIELS ET RESULTATS

Les logiciels ont été écrits en Lisp sur une machine Symbolics 3620. Les temps de calcul pour la mise en correspondance et la reconstruction 3D d'un arbre vasculaire d'une quinzaine de branches, sont de l'ordre de 2 minutes, mais les logiciels ne sont pas optimisés. Les algorithmes ont été testés sur deux types d'images :

- des images simulées par un générateur interactif de branches 3D, permettant d'obtenir des projections sous des angles quelconques. Les résultats ont été obtenus à partir de trois vues 2 à 2 orthogonales.

- des images réelles d'un "fantôme fil-de-fer" de coeur acquises dans des conditions normales d'examen clinique à l'Hotel Dieu (Rennes). Les incidences réalisées correspondent à des incidences classiques : OAG 60, OAG 60-20 et TRANSVERSE (angles de 20° à 30°). La calibration a été réalisée grâce à 15 billes placées dans un cube de géométrie connue.

Les résultats obtenus avec la méthode décrite en section 5.2 sont encourageants : aucune erreur d'appariement pour les deux types d'images (figures 6 et 7). Seul un morceau de branche de la 3ème image dans le cas des images réelles n'a pas été apparié (cas d'une occlusion), mais ce problème devrait être résolu par un contrôle final ultérieur.

La figure 8 compare la reconstruction effectuée au modèle exact, dans le cas des images simulées.

7. CONCLUSION

Nous avons montré que l'utilisation de 3 vues simultanées est un moyen rapide et efficace d'obtenir une reconstruction 3D de réseaux vasculaires. Nous généralisons la contrainte épipolaire en vision trinoculaire à des primitives haut-niveau de type "branches". L'appariement des branches est décrit en termes de recherche de chemins à travers une table d'hypothèse, ce qui fournit toutes les solutions géométriques possibles sous contrainte de l'existence d'une solution connexe en 3D. Le faible nombre d'hypothèses permet l'utilisation d'incidences quelconques (jusqu'à 90°). Les résultats obtenus sont prometteurs et devraient être améliorés par un contrôle global des appariements.

ANNEXE

Le cas d'une branche parallèle aux épipolaires dans l'une des vues est un problème qui apparaît lorsqu'un vaisseau est contenu dans le plan formé par les directions de deux des trois sources. Cette situation peut engendrer des ambiguïtés, comme le montre la figure 5. Quand on cherche à appairer la branche A_1 , pour tout point de cette branche, l'épipolaire L_{21} coupe les branches A_2 et B_2 . Si B_2 est parallèle à l'épipolaire L_{23} , il y aura toujours un point de B_2 à l'intersection de L_{31} et L'_{32} dans la vue I_3 . Dans ce cas, il existe deux solutions concurrentes à l'appariement de A_1 : $A_1 - A_2 - A_3$ et $A_1 - B_2 - B_3$.

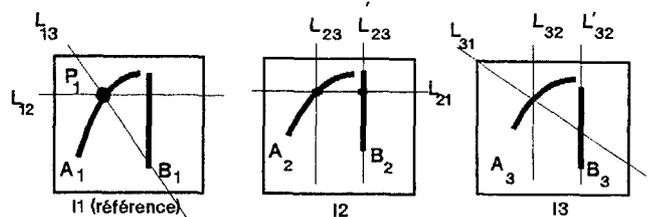


Figure 5: Cas ambigu : 2 solutions concurrentes

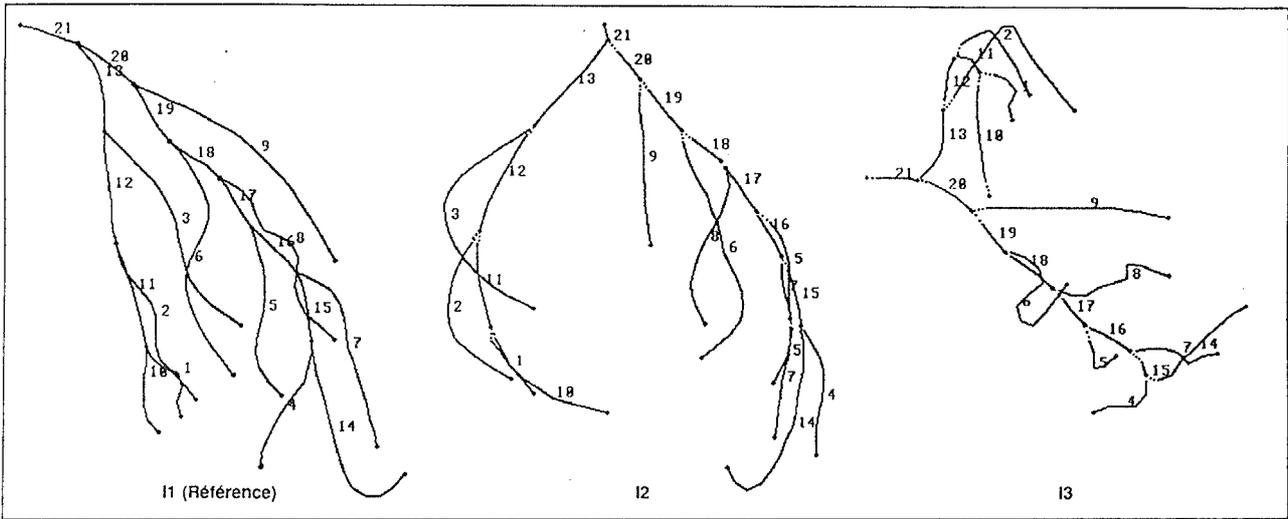


Figure 6 : Appariement des branches (images simulées)

11, 12 et 13 sont orthogonales 2 à 2; tous les appariements sont corrects.

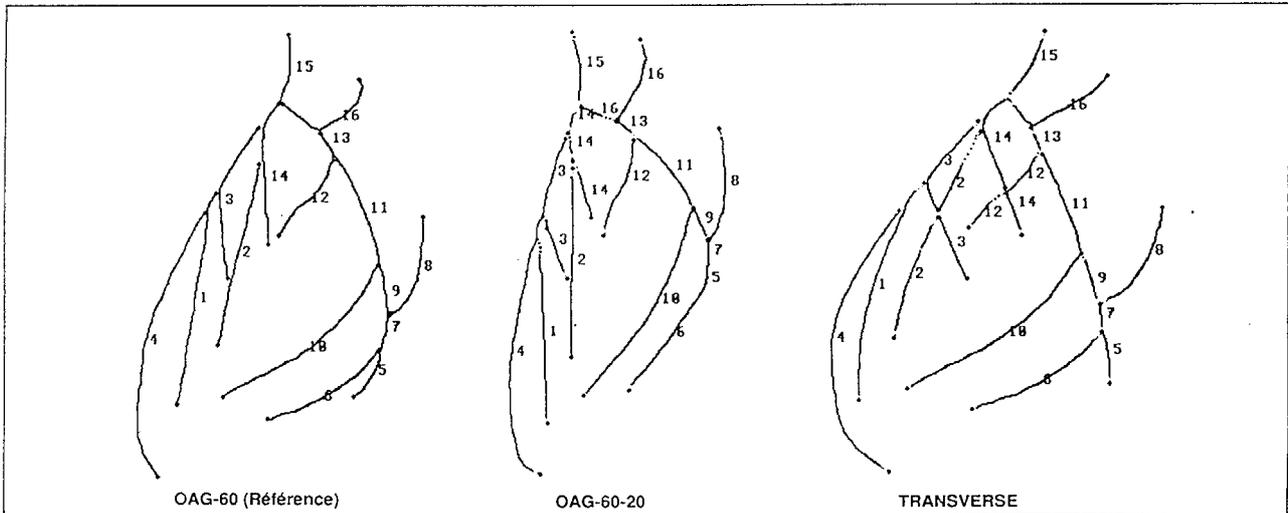


Figure 7 : Appariement des branches (images réelles)

Une partie de branche dans la 3ème vue (TRANSVERSE) n'a pas été appariée.

REFERENCES

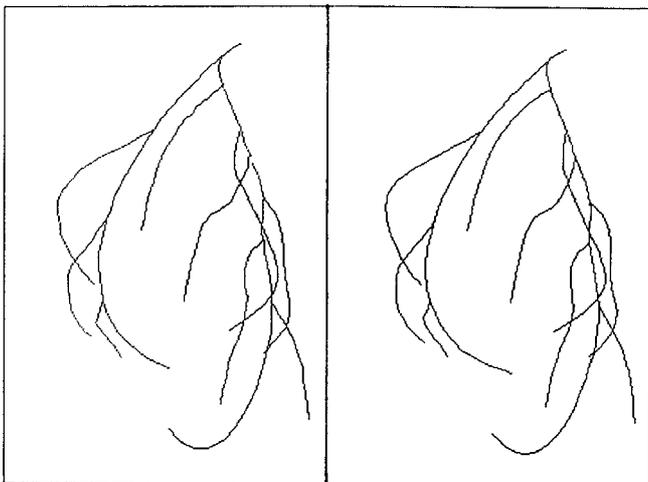


Figure 8 : Comparaison de la reconstruction obtenue (à gauche) avec le modèle exact (à droite) sur images simulées.
Les deux arbres 3D ont été reprojétés sous un même angle de vue.

- [1] HAMON C, ROUX C, COATRIEUX J.L. & COLLOREC R. (1988)
"Tomographic reconstruction of vascular network from few projections."
Proc. 10th IEEE-EMBS, New Orleans.
- [2] FAUGERAS O.D. & TOSCANI G. (1986)
"The calibration problem for stereo."
Proc. Int. Conf. on Computer Vision & Pattern Recognition, Miami.
- [3] FAUGERAS O.D. (1988)
"Quelques pas vers la vision artificielle en trois dimensions."
TSI - Vol. 7 - No.6 - pp.548-590 - Dunod / Afcet.
- [4] REMION Y. (1988)
"Stereo vision par zones: outils et structure d'un système expert"
These ENST, 88-E015.
- [5] GERHARD A. & PLATZER & STEURER & LENZ (1986)
"Depth extraction by stereo triples & a fast correspondence estimation algorithm."
Proc. of the 8th Int. Conf. on Pattern Recognition.
- [6] ITO M. & ISHII A. (1986)
"Three-view stereo analysis"
IEEE Trans. on PAMI, PAMI-8, No 4, July 86.
- [7] PIETIKAINEN M. & HARWOOD D. (1986)
"Depth from three camera stereo."
Proc. of Int. Conf. on Computer Vision & Pattern Recognition, Florida.
- [8] YACHIDA M., KITAMURA Y. & KIMACHI M. (1986)
"Trinocular vision : new approach for correspondence problem."
Proc. of the 8th Int. Conf. on Pattern Recognition.
- [9] AYACHE N. & LUSTMAN (1987)
"Trinocular Stereo vision : Recent Results."
Proc. Int. Joint Conf. on Artificial Intelligence. Milano.
- [10] MINOUX M. (1983)
"Programmation mathématique."
Dunod, Paris.