



HAL
open science

Imagerie adaptative en IRM : utilisation des informations de mouvements physiologiques pour l'optimisation des processus d'acquisition et de reconstruction

Freddy Odille

► **To cite this version:**

Freddy Odille. Imagerie adaptative en IRM : utilisation des informations de mouvements physiologiques pour l'optimisation des processus d'acquisition et de reconstruction. Autre. Université Henri Poincaré - Nancy 1, 2007. Français. NNT : 2007NAN10107 . tel-01748239

HAL Id: tel-01748239

<https://hal.univ-lorraine.fr/tel-01748239v1>

Submitted on 29 Mar 2018

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



AVERTISSEMENT

Ce document est le fruit d'un long travail approuvé par le jury de soutenance et mis à disposition de l'ensemble de la communauté universitaire élargie.

Il est soumis à la propriété intellectuelle de l'auteur. Ceci implique une obligation de citation et de référencement lors de l'utilisation de ce document.

D'autre part, toute contrefaçon, plagiat, reproduction illicite encourt une poursuite pénale.

Contact : ddoc-theses-contact@univ-lorraine.fr

LIENS

Code de la Propriété Intellectuelle. articles L 122. 4

Code de la Propriété Intellectuelle. articles L 335.2- L 335.10

http://www.cfcopies.com/V2/leg/leg_droi.php

<http://www.culture.gouv.fr/culture/infos-pratiques/droits/protection.htm>

FACULTE DES SCIENCES ET TECHNIQUES

UFR Sciences et Techniques Mathématiques, Informatique et Automatique

Ecole doctorale : IAEM Lorraine

Département : Automatique

Spécialité : Automatique et Traitement du Signal

Thèse

présentée pour l'obtention du titre de

Docteur en Sciences de l'Université Henri Poincaré, Nancy-I

par **Freddy ODILLE**

**Imagerie Adaptative en IRM :
Utilisation des Informations de Mouvements
Physiologiques pour l'Optimisation des Processus
d'Acquisition et de Reconstruction.**

Soutenue le 14 novembre 2007

Membres du jury :

Rapporteurs : M. Luc DARASSE

Directeur de recherche CNRS, Paris

M. Alain HERMENT

Directeur de recherche INSERM, Paris

Examineurs : M. Jacques FELBLINGER

Professeur, UHP Nancy I (Directeur de thèse)

Mme. Isabelle E. MAGNIN

Directeur de recherche INSERM, Lyon (Président du jury)

M. Pierre-Yves MARIE

Professeur, UHP Nancy I

Laboratoire d'Imagerie Adaptative Diagnostique et Interventionnelle

INSERM ERI 13, U.H.P., CHU de Nancy – 54511 Vandoeuvre-lès-Nancy

Remerciements

La recherche est avant tout un travail d'équipe. J'aimerais dans cet avant-propos exprimer toute ma reconnaissance, mon estime et ma sympathie envers les personnes qui ont rendu cette thèse possible, qui ont permis de la faire avancer sur le plan scientifique, mais aussi qui ont contribué à établir une ambiance propice à ce travail d'équipe.

Mes premiers remerciements vont naturellement à mon directeur de thèse, Jacques Felblinger, et vont bien au-delà des formalités d'usage. Ses idées ambitieuses, son dynamisme, ses compétences et ses qualités humaines ont permis de bâtir une équipe pluridisciplinaire et complémentaire et un environnement stimulant, qui sont tout simplement à l'origine de mon désir de m'investir dans la recherche scientifique.

Je remercie les différents organismes qui ont cofinancé cette thèse, à savoir le Ministère de l'Industrie et de la Recherche (RNTS 2003), l'Inserm et la Région Lorraine.

Je remercie également mes rapporteurs, MM. Luc Darasse et Alain Herment, et examinateurs, Mme Isabelle Magnin et M. Pierre-Yves Marie, qui m'ont fait l'honneur d'accepter la longue lecture de ce mémoire et le travail d'évaluation qui s'ensuit.

Les quelques résultats présentés ici n'auraient été possibles sans le concours des personnes suivantes, que je tiens à remercier particulièrement.

Pierre-André Vuissoz a été le co-directeur officieux de cette thèse. Sa compréhension des différents aspects physiques et techniques de la RMN (et de bien d'autres domaines), la hauteur de ses points de vue et son sens critique ont été d'une aide inestimable. Mais son soutien ne s'est pas arrêté là, pour ne citer que quelques exemples : la relecture express d'articles et mémoires, le don de soi (RXXX dans les parties résultats ; petit jeu : trouver tous les XXX correspondants), ou bien encore la rédaction de brevets (service 24h/24). C'est bien simple, tout thésard devrait avoir la chance de partager son bureau avec un Pierre-André. Mais sans doute est-il unique !

Vivre la phase de création du laboratoire IADI a été une expérience enrichissante à bien des égards. Parmi les « pionniers » du IADI, Cédric Pasquier a joué un rôle essentiel. Architecte et artisan de notre chaîne d'acquisition des signaux physiologiques, Cédric est à l'origine, avec l'aide des nombreux stagiaires qu'il a « coachés », de tous les outils qui ont permis la mise en œuvre expérimentale de notre imagerie adaptative, de l'adaptation des capteurs au développement des fantômes mobiles.

Je me contenterai de ce bref message pour deux autres « anciens » du labo, Yannick Ponvianne et Damien Husson : que notre entente résonne à travers ArchiMed !

Je souhaite à feu l'équipe Scanner (c'est-à-dire à Romain Grosjean) une aussi bonne fin de thèse qu'à son guide spirituel, le Dr. Rui Guerra. Heureusement que vous étiez là tous les deux pour parler NBA de temps en temps, parce que les autres alors, question basket...

Après trois ans de thèse et près de 1800 cafés, que reste-t-il de ces discussions dans la salle de repos, parfois légères, parfois passionnées ? Combien de fois avons-nous tenté de refaire le monde avec Adnane Benhadid (sans jamais y parvenir, tant ça devenait incohérent) ?

Je n'oublie pas Laurent Koessler, ainsi que la délégation Supélec du IADI : Brice Fernandez (alias Janos Lopez), Julien Oster et Maélène Lohézic. Je m'excuse auprès des trois derniers pour les codes Matlab peu commentés que je leur ai laissés, et également auprès de Zhor Ramdane Cherif pour ce qui est du LabVIEW. Les moments passés ensemble lors des vacances recherche ou dans la salle à café sont autant de bons souvenirs que je garderai de la thèse. J'espère que Julien se remettra du choix retenu pour la dénomination du GRICS. Sa proposition ayant finalement été entérinée, elle ne sera pas dévoilée dans cette thèse. Je souhaitais donc lui rendre ici un dernier hommage.

Outre les moments passés avec les personnes précédemment citées, je garderai le souvenir des discussions du lundi après-midi avec Nicolae Cîndea, qui ont toujours été passionnantes et nous ont permis d'aborder les problèmes sous des angles différents. Ces discussions ont aussi largement contribué à ce que notre tableau soit toujours dûment rempli d'équations (ce qui impressionner toujours les visiteurs !).

Remercions également les nombreux stagiaires qui ont fait un bout de chemin avec le IADI et ont participé à la vie trépidante du labo. Le travail des personnes suivantes a été utilisé, intégré, directement ou indirectement, dans le projet résumé dans ce mémoire (la liste n'est pas exhaustive) : Jean-Christophe Guériaud, Grégory Kazubski et Emilien Micard (pour la partie détection de mouvements), Nedja Nouri (en imagerie parallèle), Loïc Girod (développement du fantôme mobile), David Leval (capteurs respiratoires), Nathalie Mannet (interface du système de rétrocontrôle visuel).

Grâce aux diverses collaborations du IADI, des échanges très enrichissants ont pu avoir lieu, que ce soit avec Schiller Médical et Schiller AG (en particulier avec Roger Abaecherli), mais aussi avec les mathématiciens de l'Institut Elie Cartan (en particulier Marius Tucsnak et Bruno Pinson), ou encore avec Supélec (en particulier Olivier Piétquin et Béatrice Chevaillier).

Assurément, l'un des aspects les plus intéressants de la thèse a été son caractère multidisciplinaire. Ceci a été possible grâce aux échanges avec les nombreux médecins qui ont fait l'effort de s'intéresser à l'objet de nos recherches, et qui ont essayé de nous apporter un peu de leur savoir (et parfois aussi nous remettre un peu les pieds sur terre !). Je remercie donc les radiologues et cardiologues que j'ai côtoyés à Nancy, en particulier le Pr. Michel Claudon, le Dr. Damien Mandry, le Dr. Valérie Laurent, le Pr. Pierre-Yves Marie, le Dr. Andrei Codreanu, le Dr. Gilles Bossier (la liste n'est pas exhaustive), pour leurs exposés/cours, toutes leurs idées et suggestions.

Sans la présence des manipulatrices IRM au cours des vacances recherche du lundi soir, les séances de « relaxation » auraient souvent tourné au casse-tête. Je remercie donc, pour leur aide et la bonne humeur dont elles ont toujours fait preuve, Isabelle (les deux), Valérie (les deux aussi !), Sylvie, Christine (là non plus, la liste n'est pas exhaustive).

Merci également aux assistantes qui se sont succédé au secrétariat du IADI, d'Amina Hajdi à Céline Fournier, en passant par Odile Clément.

Mes derniers remerciements enfin, et non des moindres, vont à ma famille, qui m'a toujours encouragé et soutenu en toutes circonstances.

Résumé

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique d'imagerie relativement lente. Les mouvements du patient, en particulier en imagerie cardiaque et abdominale, constituent un obstacle important, venant perturber le processus d'encodage spatial nécessaire à la réalisation d'une image. Ces mouvements induisent des dégradations de l'image, appelées artéfacts, qui prennent des formes complexes du fait que cet encodage est réalisé dans un espace inhabituel (espace hybride Fourier/sensibilités d'antennes). Les méthodes généralement utilisées (apnée du patient, synchronisation de l'acquisition avec l'électrocardiogramme) sont imparfaites et ne sont pas toujours applicables. A l'aide d'une plateforme spécialement développée pour l'acquisition et l'analyse des données physiologiques pendant l'examen IRM, nous proposons d'intégrer des informations de mouvement *a priori*, à différents niveaux des processus d'acquisition et de reconstruction, avec un intérêt particulier pour la correction des erreurs d'encodage spatial. Nous construisons un modèle prédictif permettant d'estimer les champs de déplacements élastiques dans le plan ou le volume imagé, à partir de combinaisons linéaires des signaux fournis par la plateforme. Puis nous définissons un cadre de reconstruction généralisé permettant d'inclure les données de déplacements prédites par le modèle, afin de reconstruire une image corrigée, minimisant ainsi les artéfacts de mouvement. Les hypothèses et conditions de validité sont analysées, et le modèle prédictif ainsi que les différentes méthodes de reconstruction proposées sont validés sur des données réelles, cardiaques et abdominales, de sujets sains.

Abstract

Magnetic resonance imaging (MRI) is a relatively slow imaging technique. In the context of cardiac and abdominal imaging, patient motion is a major impediment that disturbs the spatial encoding process needed to form an image. Motion results in image deteriorations, called artifacts. These artifacts can take complex forms as this encoding occurs in an unusual space (Fourier/coil sensitivity hybrid space). Generally the patient is asked for a breathhold in order to minimize the influence of respiration, and the acquisition is synchronized to the electrocardiogram in order to handle cardiac contraction. These methods are imperfect and not always applicable, and therefore alternative approaches are desirable. We propose to integrate prior knowledge in the acquisition and reconstruction processes, based on a specially designed platform, developed to acquire and analyze physiological data during the MRI examination. Various solutions are investigated to implement this adaptive imaging, with special care to the correction of motion induced spatial encoding errors. For that purpose, we build a predictive model that allows elastic displacement fields in the field of view to be predicted, from linear combinations of signals provided by the platform. Then we define a generalized reconstruction framework in which predicted displacement data are included, leading to the reconstruction of a motion-compensated image. The hypotheses are analyzed, and the predictive model, as well as the proposed reconstruction methods, are validated on real cardiac and abdominal data from healthy volunteers, in 2D and 3D free breathing scans.

Table des matières

Remerciements	2
Résumé	6
Abstract	7
Table des matières	8
Liste des figures	12
Notations et abréviations	16
Introduction	18
Chapitre 1 L'Imagerie par Résonance Magnétique et la Problématique du Mouvement	22
1.1 Bases physiques de l'IRM	22
1.1.1 Bref historique.....	22
1.1.2 Résonance magnétique d'un spin	23
1.1.3 Aimantation résultante, relaxation et équations de Bloch	24
1.1.4 Imagerie 2D et codage de l'espace.....	27
1.1.5 Principales séquences IRM	31
1.1.6 Trajectoire de balayage de l'espace k	33
1.2 Imagerie parallèle	35
1.2.1 De l'acquisition multi-antennes à l'imagerie parallèle	35
1.2.2 Sous-échantillonnage de l'espace k.....	36
1.2.3 Reconstruction en imagerie parallèle : l'algorithme SENSE généralisé.....	39
1.2.4 Détermination des cartes de sensibilité des antennes	43
1.3 Influence du mouvement sur l'acquisition IRM	45
1.3.1 Les hypothèses sur le mouvement.....	45
1.3.2 Mouvement intra-acquisitions	47
1.3.3 Mouvement inter-acquisitions	49
1.4 Conclusion sur la problématique du mouvement en IRM	59
Chapitre 2 Acquisition et traitement de signaux physiologiques pendant l'examen IRM	62
2.1 Intérêt d'une plateforme dédiée à l'acquisition et au traitement des signaux physiologiques	63
2.1.1 Stratégies d'acquisition généralement utilisées pour s'affranchir du mouvement	63
2.1.2 Limitations des techniques existantes	71
2.1.3 L'environnement IRM.....	75
2.1.4 Architecture matérielle et logicielle de la plateforme IRM	77
2.2 Mise en œuvre d'une plateforme temps-réel dédiée à l'acquisition et au traitement des signaux physiologiques	79
2.2.1 Architecture matérielle	79
2.2.2 Capteurs et signaux d'entrée de la plateforme	81
2.2.3 Architecture logicielle.....	83
2.2.4 Validation du système temps-réel.....	85

2.3 Traitement des signaux de la plateforme et applications temps-réel	87
2.3.1 Correction des interférences sur l'ECG dues aux gradients de champ magnétique	88
2.3.2 Analyse du signal ECG.....	92
2.3.3 Application à la double synchronisation cardio-respiratoire prospective.....	98
2.4 Conclusion sur la plateforme SAEC	101
<i>Chapitre 3 Modélisation prédictive des mouvements physiologiques</i>	104
3.1 Modélisation linéaire des mouvements	105
3.1.1 Principe du modèle linéaire.....	105
3.1.2 Calibration du modèle et prédiction	106
3.1.3 Justification de l'utilisation du modèle linéaire.....	107
3.1.4 Applications de la modélisation linéaire des mouvements.....	113
3.2 Classification des méthodes de modélisation linéaire existantes	113
3.2.1 Les données d'entrée du modèle	113
3.2.2 Les données de sortie du modèle.....	121
3.2.3 Choix de la méthode de régression multivariable.....	125
3.3 Méthode de régression alternative basée sur une approche variationnelle	129
3.3.1 Intérêt d'une approche alternative : vers une détection de mouvement guidée par un modèle	129
3.3.2 Formulation variationnelle du problème de régression.....	131
3.3.3 Résolution numérique	133
3.3.4 Cas limite	135
3.4 Validation du modèle prédictif de mouvements	135
3.4.1 Matériels et méthodes	136
3.4.2 Résultats	140
3.4.3 Discussion et conclusions	147
3.5 Perspectives : détection de mouvements guidée par le modèle	148
3.6 Conclusion sur la modélisation prédictive des mouvements physiologiques	150
<i>Chapitre 4 Reconstruction intégrant les informations de mouvements physiologiques</i>	152
4.1 Reconstruction après suppression de données corrompues.....	153
4.1.1 Principe.....	153
4.1.2 Méthodes	154
4.1.3 Résultats expérimentaux.....	156
4.1.4 Discussion sur les avantages et limites de la méthode	160
4.2 Reconstruction intégrant les mouvements physiologiques	160
4.2.1 Etat de l'art.....	161
4.2.2 Reconstruction généralisée incluant la correction des mouvements élastiques et l'imagerie parallèle	165

4.2.3 Validation de la reconstruction généralisée à l'aide du modèle prédictif du mouvement	171
4.3 Reconstruction généralisée à l'aide d'un modèle du mouvement autocalibré	181
4.3.1 Propagation des erreurs de prédiction et stabilité de la reconstruction généralisée	181
4.3.2 Méthode du résidu	183
4.3.3 Validation de la méthode du résidu	190
4.3.4 Discussions et conclusions sur la méthode du résidu	202
4.4 Conclusion sur la reconstruction intégrant les données physiologiques	205
Conclusions et perspectives	208
Annexe 1 Exemple d'images reconstruites après suppression de données corrompues.....	212
Annexe 2 Exemples de reconstructions généralisées à l'aide d'un modèle autocalibré (méthode du résidu)	214
Annexe 3 Reconstruction IRM vue comme un problème d'optimisation couplée : application à l'imagerie parallèle	216
Bibliographie.....	220

Liste des figures

Figure 1-1 Mouvement de précession d'un spin (a) et d'une toupie (b)	24
Figure 1-2 Basculement du moment magnétique dans le plan transversal par une impulsion RF à 90°	24
Figure 1-3 Relaxation longitudinale (a) et transversale (b)	26
Figure 1-4 Retour à l'équilibre de l'aimantation résultante (solution de l'équation de Bloch après une impulsion RF à 90°)	26
Figure 1-5 Détection du signal IRM	27
Figure 1-6 Sélection de tranche par application d'un gradient de champ magnétique linéaire	28
Figure 1-7 Dualité entre l'espace k et l'espace image	30
Figure 1-8 Espace k pleine résolution (a), reconstruction des basses fréquences uniquement (b), et des hautes fréquences uniquement (c)	31
Figure 1-9 Séquence écho de spin	32
Figure 1-10 Séquence écho de gradient	33
Figure 1-11 Exemples de trajectoires cartésiennes	34
Figure 1-12 Exemples de trajectoires non cartésiennes	35
Figure 1-13 Image d'un fantôme acquise en antenne volumique et en antennes de surface	36
Figure 1-14 Acquisition numérique et repliement	38
Figure 1-15 Effet d'un sous-échantillonnage de l'espace k	38
Figure 1-16 Exemples de reconstruction SENSE	43
Figure 1-17 Détermination des cartes de sensibilité	45
Figure 1-18 Déphasage dû à une vitesse uniforme pendant l'application du gradient de lecture	48
Figure 1-19 Compensation de vitesse à l'aide d'un gradient dont le moment d'ordre 1 est nul	49
Figure 1-20 Artéfacts provoqués par un objet en mouvement	50
Figure 1-21 Exemples d'artéfacts dus aux mouvements cardiaques et respiratoires	51
Figure 1-22 Profil de dispersion du signal (en module) dans la direction de fréquence	54
Figure 1-23 Plateforme mobile et ventilateur utilisé pour la commande pneumatique	56
Figure 1-24 Mouvement décrit par la plateforme et fréquence d'acquisition des lignes de phase	57
Figure 1-25 PSF théorique et expérimentale pour un mouvement sinusoïdal en fréquence	58
Figure 1-26 PSF théorique et expérimentale pour un mouvement sinusoïdal en phase	58
Figure 2-1 Exemple d'écho-navigateurs [Nehrke et al. , 2001]	65
Figure 2-2 Synchronisation cardiaque rétrospective	66
Figure 2-3 Synchronisation cardiaque prospective	67
Figure 2-4 Influence de la synchronisation cardiaque	67
Figure 2-5 Illustration des techniques k-t BLAST et k-t SENSE (images extraites de [Tsao et al. , 2003])	69
Figure 2-6 Variabilité cardiaque chez un sujet sain, en respiration libre et en apnée	73
Figure 2-7 Exemple d'ECG acquis hors IRM, dans le champ statique, et pendant la séquence	76
Figure 2-8 Schéma simplifié des principaux modules du système IRM	78
Figure 2-9 Architecture matérielle de la plateforme d'acquisition et de traitement des signaux physiologiques	80
Figure 2-10 Le châssis PXI et ses interfaces de communication	81
Figure 2-11 Capteur ECG de la société Schiller Médical	82
Figure 2-12 Programme principal LabVIEW TM exécuté sur la cible temps-réel	84
Figure 2-13 Interface utilisateur du SAEC	85
Figure 2-14 Dispositif utilisé pour la comparaison de la synchronisation constructeur et de la synchronisation SAEC	86
Figure 2-15 Enregistrements ECG et fenêtre d'acquisition permettant de mesurer le délai de traitement	86
Figure 2-16 Comparaison des systèmes de synchronisation du constructeur et du SAEC, lors d'une séquence IRM synchronisée (32 expériences, TD=20ms)	87
Figure 2-17 Modèle LTI pour la correction des artéfacts de gradients sur le signal ECG	89
Figure 2-18 Influence de la respiration sur le calcul des réponses impulsionnelles	90
Figure 2-19 Exemple de correction des artéfacts de gradients : capteur ECG 25 Hz (a-b), et capteur ECG 60 Hz (c-d)	91
Figure 2-20 Représentation schématique de l'ECG	92
Figure 2-21 Séquence RARE en sans noir en systole	94

Figure 2-22 Synchronisation adaptative, tenant compte de la variabilité RR, pour réaliser une image en systole	95
Figure 2-23 Optimisation du temps d'inversion à l'aide de la prédiction RR, appliquée à l'imagerie en sang noir en systole.....	96
Figure 2-24 Extraction de l'amplitude de l'onde R de l'ECG (3 voies ECG approximativement orthogonales)	98
Figure 2-25 Système de rétrocontrôle visuel.....	100
Figure 2-26 Coupes axiales pulmonaires acquises en apnée, et en synchronisation respiratoire à l'aide du SAEC	101
Figure 3-1 Modèle linéaire liant les données du SAEC au mouvement réel	105
Figure 3-2 Calibration du modèle linéaire et prédiction du mouvement.....	106
Figure 3-3 Points de contrôle utilisés pour la détection de mouvements.....	108
Figure 3-4 Analyse en composantes principales des déplacements calculés aux points de contrôle chez un sujet sain (R619, respiration libre).....	110
Figure 3-5 Erreur d'estimation des déplacements en fonction du nombre de modes propres choisis	112
Figure 3-6 Exemples de trajectoires dans l'espace k d'écho-navigateurs permettant de détecter des paramètres de transformations rigides globales (images extraites de [Welch et al. , 2002, van der Kouwe et al. , 2006]) ..	116
Figure 3-7 Profils obtenus à l'aide de la ligne de phase centrale de chaque antenne (antenne corps 8 éléments), dans une coupe sagittale du foie	117
Figure 3-8 Signaux des navigateurs intégrés produits par chaque antenne	118
Figure 3-9 Système de capteurs basé sur un dispositif optique compatible IRM [Wu et al. , 2006]	121
Figure 3-10 Exemple de coupe sagittale utilisée dans le protocole: les rectangles blancs représentent les images partielles (profils 1D) utilisées comme entrées supplémentaires du modèle ; en vert, quelques régions d'intérêt pour la prédiction de mouvement (ici, les parois thoracique et abdominale, le foie et le rein gauche).....	137
Figure 3-11 Exemple de cartes de coefficients pour la prédiction du mouvement dans la direction x (horizontale)	141
Figure 3-12 Exemple de cartes de coefficients pour la prédiction du mouvement dans la direction y (verticale).....	141
Figure 3-13 Exemple de déplacements prédits dans la direction x (horizontale).....	143
Figure 3-14 Exemple de déplacements prédits dans la direction y (verticale)	143
Figure 3-15 Projection temporelle d'une série d'images avec et sans recalage.....	144
Figure 3-16 Erreur de prédiction (4 sujets, 72 séries d'images) obtenue avec la méthode variationnelle (régularisation TV) lors de différents modes respiratoires.....	145
Figure 3-17 Influence de la régularisation sur l'erreur de prédiction	146
Figure 3-18 Influence de la calibration et des signaux d'entrée sur l'erreur de prédiction en respiration libre ..	147
Figure 4-1 Détection des données corrompues et reconstruction à l'aide de l'imagerie parallèle	154
Figure 4-2 Correction d'artéfacts dus à une apnée incomplète	157
Figure 4-3 Correction d'artéfacts dus au mouvement respiratoire résiduel.....	158
Figure 4-4 Correction d'artéfacts dus à des erreurs de synchronisation ECG (a), et idem avec, en plus, suppression des lignes correspondant à la dérive en fin d'apnée (b).....	159
Figure 4-5 Description de l'acquisition IRM avec mouvement à l'aide d'opérateur linéaires.....	163
Figure 4-6 Description de l'acquisition IRM multi-antennes avec mouvement, à l'aide d'opérateur linéaires ...	168
Figure 4-7 Reconstruction du fantôme mobile : standard (Fourier) (a), généralisée (b), référence statique (c), et les images de différence entre la reconstruction généralisée et la référence (d).....	174
Figure 4-8 Champs de déplacement prédits par le modèle au cours d'un cycle respiratoire typique	176
Figure 4-9 Champs de déplacement prédits par le modèle au cours d'un cycle respiratoire typique	176
Figure 4-10 Reconstruction d'une coupe sagittale (foie et poumon) : standard (Fourier) (a), généralisée (b), référence statique (c), et les images de différence entre la reconstruction généralisée et la référence (d)	177
Figure 4-11 Reconstruction d'une coupe sagittale (cœur) : standard (Fourier) (a), généralisée (b), référence statique (c), et les images de différence entre la reconstruction généralisée et la référence (d).....	178
Figure 4-12 Algorithme de reconstruction généralisée à l'aide d'un modèle de mouvements autocalibré (« méthode du résidu »).....	187
Figure 4-13 Reconstructions 2D du fantôme mobile (R686 S7-8-9-10)	193
Figure 4-14 Reconstruction 3D du fantôme mobile, vue sur trois plans orthogonaux (R765 S6-7-8-9).....	194
Figure 4-15 Reconstructions 2D de différentes coupes sagittales. De haut en bas : cœur (R714, S8-9-10), poumon-foie (R676, S24-25), et foie-rein (R754, S8-9-10)	195
Figure 4-16 Reconstructions 2D de coupes du cœur en orientation petit axe (en haut R714, S14-15-16 ; en bas R719, S12-13-14).....	196
Figure 4-17 Reconstructions 3D de la région abdominale (foie et rein), vues sur trois plans orthogonaux.....	197

<i>Figure 4-18 Evaluation de la qualité des reconstructions 2D (reconstruction standard et méthode du résidu) .</i>	<i>198</i>
<i>Figure 4-19 Comparaison des déplacements prédits par le modèle (calibration préalable et autocalibration) dans l'expérience du fantôme 2D (R686 S7-8-9-10)</i>	<i>200</i>
<i>Figure 4-20 Comparaison des déplacements prédits par le modèle (calibration préalable et autocalibration) (R690 S13-14-15).....</i>	<i>200</i>
<i>Figure 4-21 Comparaison des déplacements prédits par le modèle (calibration préalable et autocalibration) (R714 S8-9-10).....</i>	<i>201</i>
<i>Figure 4-22 Evolution du résidu au cours des itérations de l'algorithme de reconstruction en 2D</i>	<i>202</i>

Notations et abréviations

AP	Anterior-Posterior : direction antérieure-postérieure.
ECG	Electrocardiogramme : enregistrement de l'activité électrique du cœur.
EPI	Echo Planar Imaging : séquence IRM en écho de gradient, constituée d'une seule excitation RF suivie d'un balayage rapide de l'espace k en zigzag.
EPIC	Environment for Pulse programming In C : environnement de programmation des séquences IRM de General Electric.
FFT	Fast Fourier Transform : algorithme de calcul rapide de la transformée de Fourier discrète.
FID	Free Induction Decay : mouvement de précession libre, décrit par l'aimantation en l'absence d'excitation RF.
FOV	Field Of View : le champ de vue.
IRM	Imagerie par Résonance Magnétique (MRI : Magnetic Resonance Imaging).
k-t BLAST	Broad-use Linear Acquisition Speed-up Technique : technique d'acquisition dynamique accélérée exploitant les corrélations spatio-temporelles.
MIP	Maximum Intensity Projection.
NEX	Number of EXcitations : nombre de répétition d'une expérience IRM élémentaire.
PCA	Principal Component Analysis : analyse en composantes principales.
PROPELLER	Periodically Rotated Overlapping Parallel Lines with Enhanced Reconstruction : technique comprenant l'acquisition de l'espace k sous forme de bandes tournant comme une hélice, et une reconstruction corrigeant des mouvements rigides entre les acquisitions.
PSF	Point Spread Function : fonction d'étalement du point.
RARE	Rapid Acquisition with Relaxation Enhancement : séquence IRM qui consiste à recueillir un train d'échos à partir d'une excitation RF initiale à 90°.
RF	RadioFréquence.
RL	Right-Left : direction droite-gauche.
RMN	Résonance Magnétique Nucléaire (NMR : Nuclear Magnetic Resonance).
ROI	Region Of Interest : région d'intérêt

SAEC	Signal Analyzer and Event Controller : plateforme d'acquisition et de traitement en temps réel des données physiologiques développée par le laboratoire IADI.
SAR	Specific Absorption Rate : débit d'absorption spécifique.
SENSE	SENSitivity Encoding : méthode de reconstruction en imagerie parallèle.
SI	Superior-Inferior : direction supérieure-inférieure.
SNR	Signal to Noise Ratio : rapport signal sur bruit.
SSFP	Steady-State Free Precession : séquence IRM qui consiste à manipuler l'aimantation des spins dans un état hors équilibre afin de créer un état quasi stationnaire.
SVD	Singular Value Decomposition : décomposition en éléments singuliers d'une matrice quelconque.
T_1	Temps de la relaxation longitudinale.
T_2	Temps de la relaxation transversale.
TD	Trigger Delay : retard fixé à partir de la détection de l'onde R de l'ECG pour le départ d'une acquisition cardiaque avec synchronisation prospective.
TE	Temps d'Echo de l'expérience IRM
TR	Temps de Répétition de l'expérience IRM (c'est-à-dire le délai entre deux expériences successives)
TW	Trigger Window : Pourcentage de l'intervalle RR de l'ECG fixant la durée maximale d'acquisition lors d'une synchronisation prospective.
UNFOLD	Unaliasing by Fourier-Encoding the Overlaps Using the Temporal Dimension : technique d'acquisition dynamique accélérée exploitant les corrélations spatio-temporelles.

Les résultats expérimentaux présentés dans ce document font référence à la base de données du laboratoire (ArchiMed), et sont notés de la façon suivante : Rxxx Syyy, où xxx désigne le code du sujet ou patient inclus dans le protocole recherche, et yyy désigne le numéro de la série d'images réalisée. Les données contenues dans le système ArchiMed sont anonymes, et ont fait l'objet d'une déclaration à la CNIL (Commission Nationale de l'Informatique et des Libertés).

Introduction

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique radiologique non invasive, relativement récente, basée sur le phénomène physique de résonance magnétique nucléaire (RMN). L'acquisition IRM d'images du corps humain consiste en une répétition d'expériences de RMN élémentaires, soit une succession d'excitations/acquisitions, chacune de ces expériences permettant de recueillir une partie de l'information image, codée en fréquence (acquisition dans l'espace de Fourier). Ce processus est séquentiel par nature, et donc relativement lent.

Lors de l'établissement d'un protocole clinique, le choix des séquences d'imagerie et de leurs paramètres se fait en tenant compte de plusieurs contraintes. Ces contraintes sont tout d'abord d'ordre physique, puisque l'enchaînement temporel des excitations/acquisitions doit tenir compte des grandeurs physiques caractéristiques intervenant dans l'expérience, en particulier les temps de relaxation des tissus T_1 et T_2 . Les contraintes sont également technologiques, en raison de l'énergie nécessaire pour commuter, en un temps très bref, les courants nécessaires pour générer les gradients de champs magnétiques. Certaines limites physiologiques ne doivent pas être dépassées. Ces dernières sont liées à l'échauffement des tissus induit par les impulsions radiofréquences (RF), caractérisé par le taux d'absorption spécifique (specific absorption rate ou SAR) ou encore aux courants induits dans le corps humain par les variations de champ magnétique, qui peuvent donner lieu à des stimulations nerveuses. Enfin les contraintes sont d'ordre pratique, car le choix des paramètres de la séquence doit établir un compromis entre le type de contraste désiré, la résolution spatiale/temporelle, le rapport signal sur bruit (signal to noise ratio ou SNR), et enfin le temps d'acquisition nécessaire.

Dans le contexte de l'imagerie du corps humain, et en particulier en imagerie cardiaque et abdominale, le temps d'acquisition est souvent le facteur limitant. Les mouvements du patient en sont très souvent la cause principale. En cas de mouvement pendant l'acquisition, l'hypothèse implicite d'invariance de la distribution de protons imagée n'est plus vraie. La manifestation la plus évidente de ce phénomène est la modification du processus d'encodage spatial, qui est à l'origine d'une dégradation de la qualité des images obtenues. Cette dégradation est relativement complexe du fait que l'information image est codée en fréquence lors de l'acquisition IRM. En comparaison, la photographie d'un objet en mouvement a pour résultat une dégradation de l'image sous forme de flou, c'est-à-dire une dispersion du signal dans les pixels voisins. Ici, au contraire, une fois l'image reconstruite, le signal des structures en mouvement peut se trouver dispersé dans des pixels/voxels très éloignés de leur position attendue, et prennent en général la forme de motifs répétitifs. Ces

dégradations sont appelées artéfacts de type « fantômes », et peuvent rendre difficile, voire impossible, l'interprétation de l'image, et donc le diagnostic.

Les mouvements du patients peuvent être de natures diverses. En imagerie cardiaque et abdominale, ce sont principalement les mouvements physiologiques qui entrent en jeu : les mouvements respiratoires et le battement cardiaque. En IRM neurologique, les pulsations des vaisseaux peuvent aussi perturber l'acquisition. Outre la physiologie, des mouvements fortuits peuvent survenir, tels que des déplacements de la tête ou des mouvements résiduels lors d'apnées imparfaites. Enfin certains patients ne sont pas en mesure de tenir les apnées demandées (difficultés respiratoires...), et d'autres peuvent être non-coopératifs (enfants...).

Deux directions de recherches et de développements ont permis de repousser les limitations dues aux mouvements du patient. La première consiste à accélérer le processus d'acquisition IRM, et la deuxième consiste à modifier les processus d'acquisition et/ou de reconstruction de façon à intégrer ces mouvements ou à s'en affranchir.

La réduction du temps d'acquisition a pu se faire grâce à des évolutions technologiques (temps de montée, amplitude des gradients, acquisition multi-antennes), au développement de nouvelles méthodes d'acquisition (RARE, EPI, SSFP) et de reconstruction (acquisition partielle de l'espace de Fourier, imagerie parallèle).

Plusieurs solutions ont été mises au point dans le but de s'affranchir des mouvements physiologiques. L'apnée est le moyen le plus fréquemment utilisé afin d'éliminer le mouvement respiratoire. En complément, il est possible de « geler » le battement cardiaque en acquérant, à chaque cycle cardiaque, une petite partie des données, dans la phase cardiaque d'intérêt : c'est la synchronisation cardiaque prospective. Il est également possible d'acquérir les données de façon continue sur plusieurs cycles cardiaques, et de trier rétrospectivement des données, en utilisant l'information de l'électrocardiogramme (ECG) pour réaffecter les données à leur phase cardiaque correspondante : c'est la synchronisation cardiaque rétrospective (encore appelée « gating »). Ces techniques sont aujourd'hui bien établies et utilisées de façon systématique lors des examens cliniques. Cependant elles ne sont pas exemptes d'inconvénients. L'apnée en particulier, outre les difficultés qu'elle pose à certains patients, ne peut guère dépasser une vingtaine de secondes. De plus, lors d'une apnée, les organes ne sont pas toujours parfaitement immobiles, et des phénomènes de dérives physiologiques en position ont été mis en évidence. Quant aux méthodes de synchronisation, elles nécessitent un degré élevé de reproductibilité du mouvement. Or le rythme cardiaque varie, que ce soit chez un patient souffrant d'arythmies, ou même chez un sujet sain (variabilité cardiaque en respiration libre, ou au cours d'une apnée).

C'est dans ce contexte, nécessitant une meilleure maîtrise des mouvements du patient, qu'intervient l'imagerie adaptative. Les techniques d'acquisitions rapides se confrontant désormais aux limites physiques et physiologiques, il apparaît nécessaire de proposer des approches nouvelles visant à appréhender, à analyser, à modéliser les mouvements du patient de façon plus fine, et à adapter les techniques d'acquisition/reconstruction des images. Pour être réalistes et utilisables en pratique, ces adaptations devront être compatibles avec les techniques d'acquisition modernes (séquences rapides couramment utilisées, imagerie parallèle...), afin de profiter de toutes ces évolutions dans une large mesure.

Le premier chapitre présente quelques bases physiques de l'IRM nécessaires à la compréhension de ce travail de thèse. Nous introduirons également l'imagerie parallèle qui tient aujourd'hui un rôle important dans l'utilisation clinique de l'IRM. Puis nous décrirons plus en détail l'influence du mouvement sur l'acquisition IRM, et en particulier ses effets sur le processus d'encodage spatial, à l'origine des artéfacts « fantômes ».

Le deuxième chapitre portera sur l'acquisition et le traitement des signaux physiologiques dans l'environnement IRM. L'approche proposée consiste à recueillir un certain nombre de données physiologiques caractéristiques du patient, à l'aide de différents capteurs placés sur le patient pendant l'examen IRM, tels que des capteurs respiratoires (ceintures pneumatiques) ou l'ECG. L'enregistrement et l'analyse de ces données physiologiques ont nécessité le développement d'une plateforme d'acquisition et de traitement en temps-réel, que nous appelons le Signal Analyzer and Event Controller (SAEC). Le SAEC nous a permis de constituer des bases de données d'enregistrements physiologiques, couplés aux événements IRM (information séquences, gradients, fenêtre d'acquisition des images...), et à l'enregistrement des données brutes IRM. Plusieurs applications temps-réel du SAEC sont proposées afin d'améliorer les techniques de synchronisation existantes.

Dans le troisième chapitre, nous proposons de modéliser les mouvements du patient en analysant de façon conjointe les informations physiologiques recueillies par le SAEC et les déplacements « réels » des tissus ou des organes, qui peuvent être mis en évidence par des séquences IRM rapides, basse résolution. Cette analyse permet de construire un modèle linéaire prédictif du mouvement, calibré spécifiquement pour chaque patient, qui permet d'estimer le mouvement au cours d'une séquence ultérieure, en utilisant les données physiologiques nouvelles fournies par le SAEC. Le but de cette modélisation prédictive est donc de donner une information de mouvement *a priori*, disponible à tout moment, pendant l'acquisition d'une séquence IRM arbitraire, et utilisable soit par la séquence

IRM elle-même (équivalant à une boucle de rétrocontrôle), soit par l'algorithme de reconstruction (intégration en post-traitement).

Enfin, le dernier chapitre sera consacré aux méthodes de reconstruction intégrant les informations de la plateforme SAEC. Deux approches sont étudiées. La première consiste à détecter, à l'aide du SAEC, les données corrompues par le mouvement, à les éliminer rétrospectivement, et à reconstruire les jeux de données brutes incomplètes ainsi formés à l'aide d'une technique d'imagerie parallèle. La deuxième approche, quant à elle, consiste à corriger les données brutes corrompues par le mouvement, lorsque cela s'avère possible (les hypothèses et conditions seront discutées). Nous proposons en particulier un algorithme de reconstruction généralisée permettant de reconstruire une image ou un volume acquis en respiration libre. A partir des champs de déplacements prédits par le modèle linéaire, cette méthode permet de corriger, en reconstruction, des mouvements élastiques (non rigides, ni affines). Nous proposons également une version entièrement autocalibrée de la méthode, qui permet de fusionner la correction du mouvement en reconstruction à l'élaboration du modèle. Le résultat est un algorithme robuste de correction des mouvements en reconstruction, qui est validé sur des données réelles, à l'aide d'une plateforme dynamique comprenant des objets (encore appelés fantômes) mobiles, et à l'aide d'acquisitions cardiaques et abdominales réalisées sur des sujets sains en respiration libre.

CHAPITRE 1 L'IMAGERIE PAR RESONANCE MAGNETIQUE ET LA PROBLEMATIQUE DU MOUVEMENT

1.1 BASES PHYSIQUES DE L'IRM

Dans cette première partie, nous rappellerons quelques notions de base de la physique de l'IRM. Nous nous attacherons à présenter les notions les plus importantes, permettant de comprendre les différentes étapes de l'acquisition du signal IRM et de la formation d'une image. Pour une description plus approfondie des phénomènes entrant en jeu, nous renvoyons à [Haacke *et al.*, 1999]).

1.1.1 BREF HISTORIQUE

Le phénomène de résonance magnétique nucléaire a été mis en évidence par Rabi en 1939. Les premières expériences de RMN dans la matière condensée ont été réalisées en 1945, simultanément par Bloch, de l'université de Stanford, et Purcell, du MIT, qui reçurent tous deux le prix Nobel de physique en 1952 pour leurs travaux. La RMN devint rapidement un outil de spectroscopie très utile pour l'analyse chimique des matériaux, grâce aux travaux de Proctor et Yu (1950), qui montrèrent que la fréquence de résonance d'un noyau variait en fonction de son environnement moléculaire.

En 1971 Damadian parvenait à mettre en évidence une différence de temps de relaxation longitudinal (T1) entre un échantillon de tissus sain et de tissus tumoral [Damadian, 1971]. Bien qu'à l'époque, cette découverte fut accueillie avec scepticisme par la communauté scientifique, elle laissa entrevoir le potentiel extraordinaire de la RMN comme outil de diagnostic. C'est Lauterbur, de l'université de New York, qui réalisa en 1973 la première image par RMN [Lauterbur, 1973], représentant une coupe transversale de deux tubes d'eau. L'idée de base nécessaire à la réalisation d'une image était relativement simple : puisque la fréquence de résonance d'un noyau est proportionnelle au champ magnétique, en faisant varier spatialement ce champ magnétique, on fait également varier spatialement la fréquence de résonance, ce qui permet de localiser dans l'espace le signal RMN mesuré. Enfin, les premières expériences sur un sujet humain furent produites par Mansfield de l'université de New York, en 1976 [Mansfield & Maudsley, 1976] (coupe de doigt). En 1980, l'imagerie par RMN est introduite dans le domaine médical, sous une forme proche de l'IRM clinique que nous connaissons aujourd'hui.

1.1.2 RESONANCE MAGNETIQUE D'UN SPIN

L'expérience de RMN s'appuie sur les propriétés magnétiques des atomes, plus précisément de leur noyau. Au niveau macroscopique, on observe que les nucléons (protons et neutrons) composant le noyau se comportent comme des dipôles qui tendent à s'aligner dans des directions privilégiées en présence d'un champ magnétique extérieur (on parle de paramagnétisme nucléaire). Pauli a introduit en 1924 la notion de spin nucléaire associée à ce paramagnétisme : le spin \vec{S} d'un nucléon peut être interprété comme la rotation de la particule sur elle-même. Les protons, étant chargés positivement et tournant, induisent autour d'eux un champ magnétique appelé moment magnétique $\vec{\mu}$. Le moment magnétique est lié au spin par la relation :

$$\vec{\mu} = \gamma \vec{S}, \quad (1.1)$$

Où γ est le rapport gyromagnétique, constante caractéristique du noyau étudié. Le noyau le plus utilisé en IRM est le proton 1H du fait de son abondance dans le corps humain (70% de la masse corporelle étant composée d'eau), même si d'autres noyaux de spin non nul peuvent avoir un intérêt pour les sciences du vivant (^{13}C , ^{15}N , ^{17}O , ^{23}Na , ^{31}P , ...).

En l'absence de champ magnétique extérieur, le spin d'un noyau est orienté dans une direction aléatoire. Lorsque ce spin est plongé dans un champ magnétique statique \vec{B}_0 , un couple se crée qui tend à aligner le moment magnétique $\vec{\mu}$ dans la direction de \vec{B}_0 . Le formalisme de la mécanique classique permet de montrer que le mouvement du vecteur $\vec{\mu}$ est alors régi par l'équation suivante (équation de Bloch simplifiée pour un spin) :

$$\frac{d\vec{\mu}}{dt} = \gamma \vec{\mu} \times \vec{B}_0 \quad (1.2)$$

La solution de cette équation est un mouvement de précession du vecteur $\vec{\mu}$ autour de la direction de \vec{B}_0 . Plus précisément, la précession du spin peut se faire de façon parallèle ou antiparallèle à \vec{B}_0 , les spins parallèles se trouvant en léger excès par rapport aux antiparallèles. Le mouvement de précession est analogue à celui d'une toupie tournant autour de l'axe \vec{z} (voir Figure 1-1). L'angle de précession θ est déterminé par les conditions initiales (état $\vec{\mu}(0)$), et la vitesse de rotation angulaire est donnée par la relation de Larmor :

$$\omega_0 = 2\pi f_0 = \gamma B_0 \quad (1.3)$$

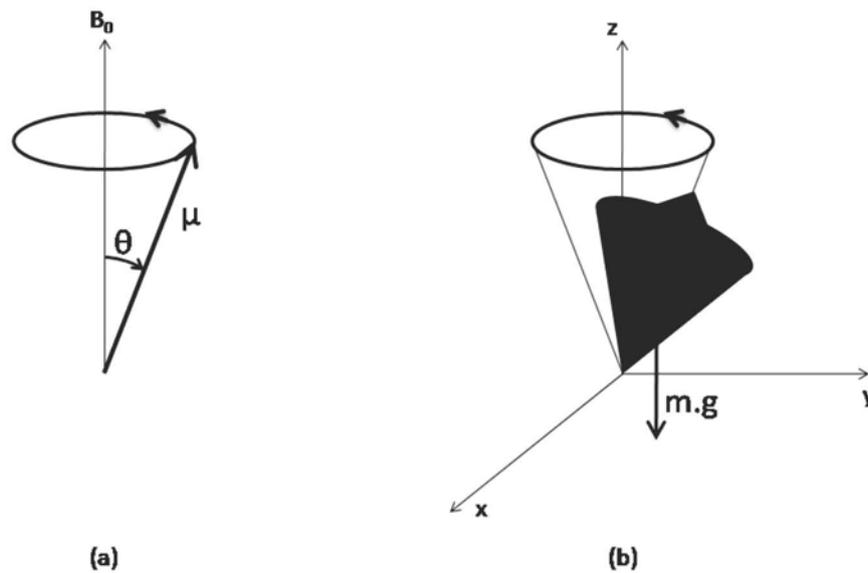


Figure 1-1 Mouvement de précession d'un spin (a) et d'une toupie (b)

Le phénomène de résonance magnétique se produit lorsque l'on applique un champ additionnel orienté dans le plan transversal et tournant à la même vitesse que le spin. est appliqué sous la forme d'une brève impulsion RF de durée . On montre que, dans ces conditions, l'angle de précession est basculé d'un facteur , appelé angle de bascule.

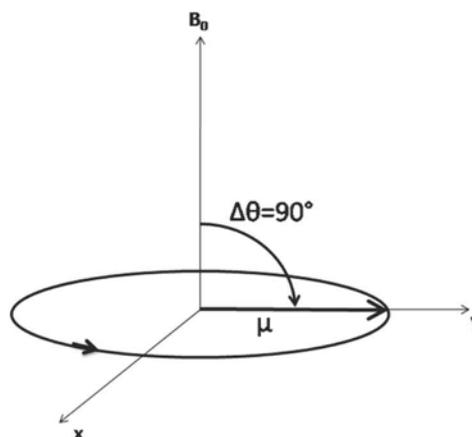


Figure 1-2 Basculement du moment magnétique dans le plan transversal par une impulsion RF à 90°

1.1.3 AIMANTATION RESULTANTE, RELAXATION ET EQUATIONS DE BLOCH

Lors d'une expérience IRM, ce n'est plus un seul spin qu'il faut considérer, mais l'ensemble des spins d'un volume. La somme des moments magnétiques des spins a pour résultante une aimantation totale . En sommant l'équation (1.2) sur tous les spins, on voit que la dynamique est régie par la même équation, en substituant simplement par .

En présence du champ statique \vec{B}_0 , tous les spins précessent autour de la direction du champ, mais avec des phases aléatoires. La résultante \vec{M} est donc parallèle¹ à \vec{B}_0 . Pour décrire le phénomène de résonance au niveau macroscopique, il suffit donc d'appliquer le même raisonnement que pour la résonance d'un spin seul, avec la condition initiale $\theta = 0$. Lors d'une impulsion RF de 90° par exemple, l'aimantation se trouve initialement dans la direction du champ statique, puis bascule vers le plan transversal, comme illustré dans la Figure 1-2.

Cependant, si le modèle du spin isolé permet de décrire la résonance au niveau macroscopique, des termes additionnels doivent être introduits dans l'équation afin de rendre compte des interactions entre protons. L'effet de ces interactions peut être appréhendé de la façon suivante : lorsque le système de spins est perturbé par une impulsion RF, le conduisant à la résonance, il va finir par retourner à son état d'équilibre. Les interactions expliquant ce retour à l'équilibre sont de deux natures : 1) les interactions spin-réseau expliquent la tendance des spins, après avoir été conduits à la résonance, à s'orienter de nouveau dans la direction du champ statique \vec{B}_0 (ceci correspond à un minimum d'énergie potentielle). Les interactions spin-réseau expliquent ainsi la « repousse » de l'aimantation longitudinale M_z , suivant une loi de croissance exponentielle, de constante de temps T_1 (temps de relaxation longitudinal, voir Figure 1-3). 2) Les interactions spin-spin traduisent les perturbations de champ local, causées par les spins voisins. Elles expliquent comment les spins, après avoir été mis en cohérence de phase pendant la phase de résonance, retournent à un état incohérent (avec des phases aléatoires). Les interactions spin-spin ont pour conséquence la décroissance de l'aimantation transversale M_\perp suivant une loi exponentielle, de constante de temps T_2 (temps de relaxation transversal, voir Figure 1-3).

¹ La direction de \vec{M} est parallèle à \vec{B}_0 et non antiparallèle, car la population des spins parallèles est en léger excès.

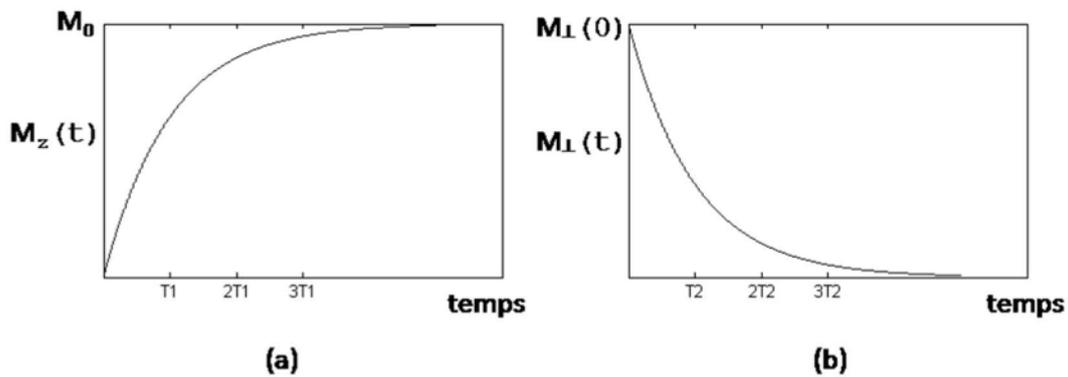


Figure 1-3 Relaxation longitudinale (a) et transversale (

Compte-tenu de ces interactions, l'aimantation résultante obéit à la loi suivante (équation de Bloch) :

$$(1.4)$$

Par rapport au modèle du spin isolé, l'aimantation résultante ne reste pas dans l'état de résonance, mais revient à son état d'équilibre en suivant une trajectoire amortie (voir Figure 1-4), caractérisée par les temps de relaxation T_1 et T_2 .

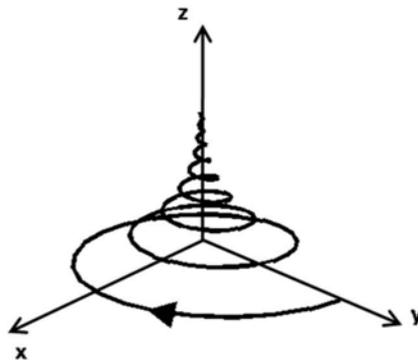


Figure 1-4 Retour à l'équilibre de l'aimantation résultante (solution de l'équation de Bloch après une impulsion RF à 90°)

L'équation de Bloch est au cœur du processus d'IRM et permet de rendre compte de l'état du système de spins au cours de l'application d'une séquence d'impulsions RF quelconque. A partir de telles séquences ont lieu des successions d'excitations et de relaxations. En plaçant une antenne de réception en regard de l'échantillon, les variations temporelles de l'aimantation résultante induisent des variations de flux à travers l'antenne, qui induisent ainsi un courant électrique mesurable (voir Figure 1-5).

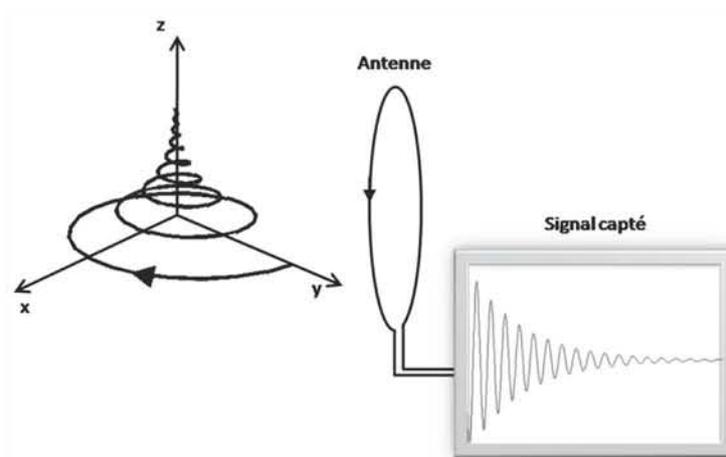


Figure 1-5 Détection du signal IRM

1.1.4 IMAGERIE 2D ET CODAGE DE L'ESPACE

Dans la section précédente, le signal mesuré provient de l'aimantation totale du système de spin. Pour aboutir à une image (ou un volume), il est nécessaire de localiser spatialement la provenance du signal capté. Puisque la fréquence de résonance est proportionnelle au champ statique, un moyen simple de « discriminer » les spins en fonction de leur localisation est d'appliquer un champ statique dépendant de la position spatiale, selon une relation linéaire. Ainsi, les spins localisés à des positions différentes résonneront à des fréquences différentes.

Le processus d'acquisition d'une image 2D se fait en deux étapes : 1) une excitation spatialement sélective permet sélectionner un plan de coupe ; 2) la position des spins dans le plan de coupe est ensuite encodée en phase et en fréquence. L'image est finalement reconstruite en inversant le processus d'encodage spatial (transformée de Fourier inverse).

1.1.4.1 SELECTION DE COUPE

Par le processus de sélection du plan de coupe, on peut choisir d'imager un plan dans une orientation quelconque. Cette sélection se fait en appliquant une excitation RF dite sélective, c'est-à-dire qu'elle est couplée à l'application d'un gradient de champ magnétique linéaire dans la direction normale au plan désiré. Pour une coupe axiale par exemple, on introduit une dépendance entre le champ statique et la position dans la direction selon :

(1.5)

Ainsi, pour une impulsion à la fréquence f_0 , et de bande passante Δf , seul les spins situés dans la tranche comprise entre $z_0 - \Delta z$ et $z_0 + \Delta z$ seront excités, comme représenté Figure 1-6.

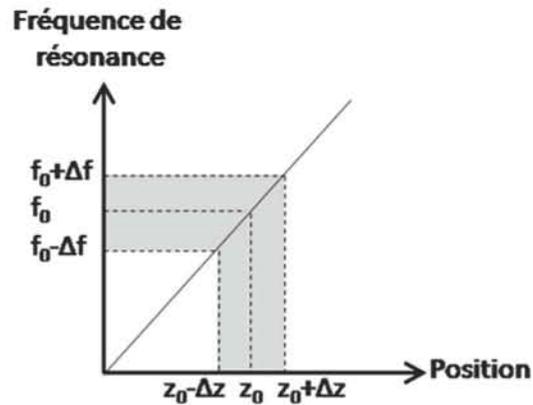


Figure 1-6 Sélection de tranche par application d'un gradient de champ magnétique linéaire

1.1.4.2 CODAGE EN PHASE ET EN FREQUENCE DU PLAN DE COUPE

Une fois les spins du plan de coupe entrés en résonance, tous précessent à la même vitesse angulaire autour de la direction de \vec{z} . Pour discriminer les spins selon leur position dans le plan, on modifie le mouvement de précession de l'aimantation résultante de deux façons : en jouant sur la vitesse de rotation (ou la fréquence) et sur la phase du vecteur aimantation. Pour cela, on introduit à nouveau des variations spatiales linéaires du champ statique, à l'aide de gradients.

En appliquant un gradient de champ magnétique linéaire dans la direction \vec{z} , pendant une courte durée Δt , les spins du plan de coupe vont précesser à des vitesses légèrement différentes selon leur position dans la direction \vec{z} . Une fois la durée terminée, l'aimantation résultante aura accumulé une phase liée linéairement à leur coordonnée z . Cette étape est appelée l'encodage en phase du signal IRM.

Après la sélection de coupe et l'encodage en phase, il reste à discriminer les spins dans la direction \vec{y} . Le gradient G_y permet de finir le travail d'encodage spatial. Pendant toute la durée d'application de G_y , les spins précessent à des fréquences différentes, dépendant linéairement de leur coordonnée y . C'est pendant l'application du gradient de fréquence que la fenêtre d'acquisition du signal IRM est ouverte (c'est pourquoi G_y est aussi appelé gradient de lecture). Cette étape constitue l'encodage en fréquence du signal IRM.

1.1.4.3 EQUATION DU SIGNAL ET FORMATION DE L'ESPACE K

Afin de décrire plus formellement le processus d'acquisition-reconstruction, nous introduisons quelques notations. On note $s(t)$ le signal IRM mesuré, pendant l'application du gradient de lecture,

par l'antenne de réception (Figure 1-5). La densité de protons dans la tranche sélectionnée est notée $\rho(x, y)$, avec $(x, y) \in \Omega$ (Ω est le support dans lequel la densité de protons est non nulle). Dans ce qui suit, nous omettons les termes dus à la relaxation afin de concentrer la discussion sur l'encodage spatial. On montre que le signal recueilli lors d'une expérience IRM est décrit par une équation de la forme :

$$s(G_x, G_y, t) = \iint_{\Omega} \rho(x, y) e^{-i2\pi(k_x x + k_y y)} dx dy, \quad (1.6)$$

où l'on a introduit les variables d'encodage k_x et k_y , dépendant du gradient de phase G_y appliqué pendant une durée τ , juste avant l'acquisition, et du gradient de fréquence G_x appliqué pendant l'acquisition, telles que :

$$\begin{cases} k_x = \frac{\gamma}{2\pi} \int_0^t G_x(t') dt' = \frac{\gamma}{2\pi} G_x t \\ k_y = \frac{\gamma}{2\pi} \int_0^t G_y(t') dt' = \frac{\gamma}{2\pi} G_y \tau \end{cases} \quad (1.7)$$

L'équation (1.6) fait apparaître la relation particulière liant le signal IRM à la densité de protons (l'image) par une transformée de Fourier 2D. Pour reconstruire ρ à partir du signal mesuré s , il est nécessaire de réaliser une série d'expériences, en faisant varier les amplitudes des gradients G_x et G_y de façon à parcourir l'espace formé par (k_x, k_y) . Cet espace, également appelé espace k ou espace de Fourier, est le dual de l'espace image qui nous intéresse.

Les propriétés d'un signal et de sa transformée de Fourier sont bien connues en traitement du signal. En particulier, puisque l'acquisition IRM se fait par un processus séquentiel, discret, on sait que l'acquisition d'une matrice de taille donnée $N_x \times N_y$ permettra de reconstruire une image de même dimension $N_x \times N_y$ à l'aide d'une simple transformée de Fourier 2D (voir Figure 1-7). On a également les relations suivantes entre la résolution dans l'un des deux espaces et la taille du champ de vue (field of view ou FOV) dans l'espace réciproque :

$$\begin{cases} \Delta x = \frac{1}{FOV_{k_x}} \text{ et } \Delta y = \frac{1}{FOV_{k_y}} \\ \Delta k_x = \frac{1}{FOV_x} \text{ et } \Delta k_y = \frac{1}{FOV_y} \end{cases} \quad (1.8)$$

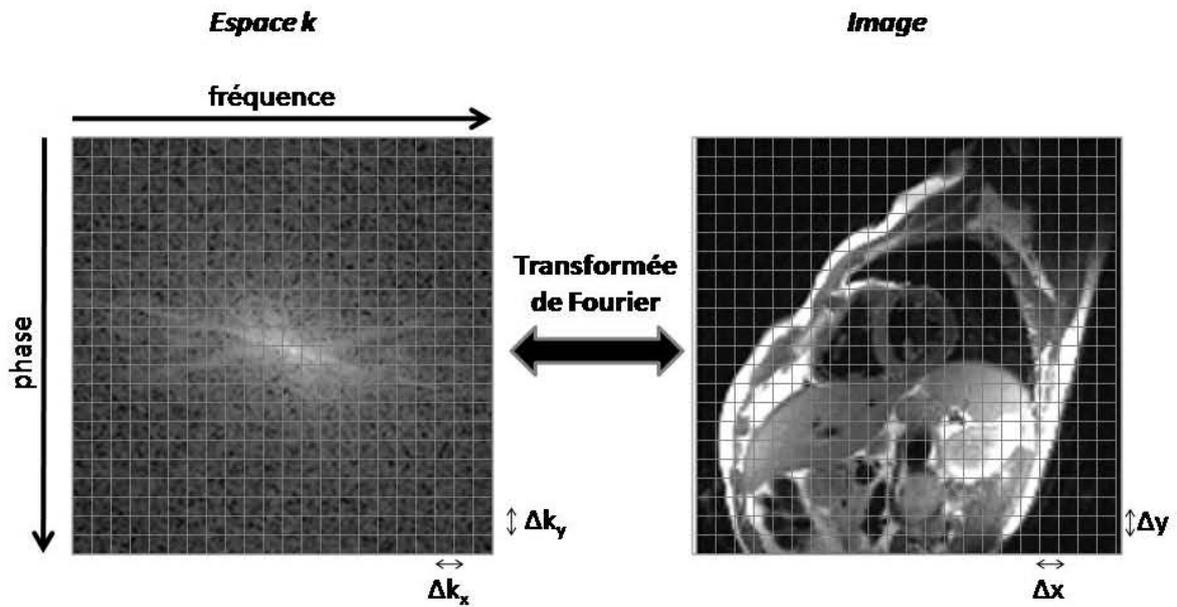


Figure 1-7 Dualité entre l'espace k et l'espace image

Une acquisition IRM consiste donc à balayer l'espace k afin d'obtenir l'information image codée en fréquence spatiale. Différentes techniques peuvent être adoptées, la plus simple d'entre elles étant le balayage séquentiel, ligne par ligne.

Notons enfin que l'encodage Fourier est très efficace, dans le sens où il peut être vu comme un moyen de compresser de façon native le contenu de l'image acquise. L'énergie du signal se trouve concentrée au milieu de l'espace k, et l'acquisition de quelques données centrales (premiers coefficients de la décomposition Fourier) permet déjà de reconstituer une image basse résolution (voir Figure 1-8). La périphérie de l'espace k représente quant à elle les hautes fréquences spatiales, c'est-à-dire les contours de l'image.

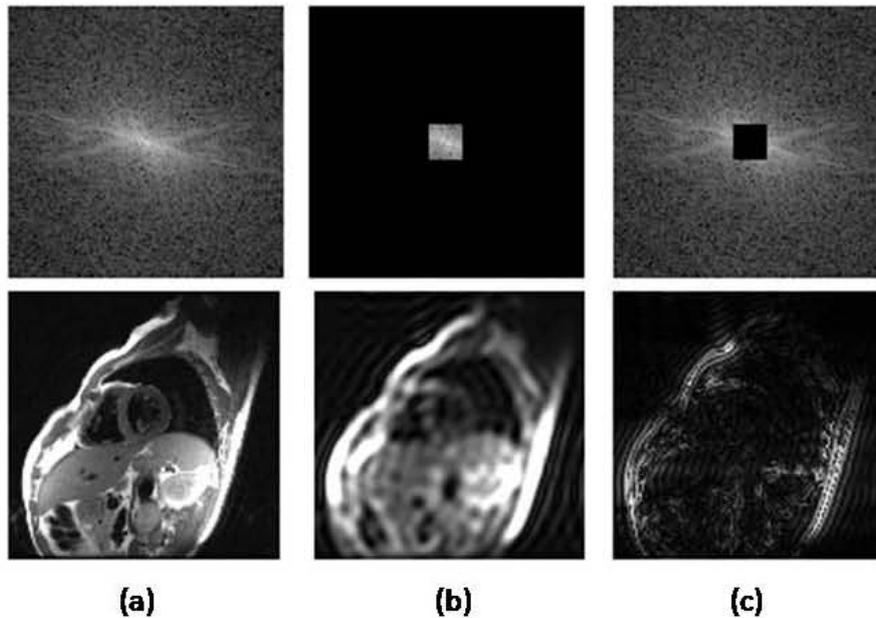


Figure 1-8 Espace k pleine résolution (a), reconstruction des basses fréquences uniquement (b), et des hautes fréquences uniquement (c)

Il est possible d'acquérir également des images 3D, en appliquant la sélection de coupe sur une tranche plus épaisse, et en ajoutant un gradient de phase dans la troisième direction. Le formalisme décrivant le processus de reconstruction est alors similaire à ce qui vient d'être décrit, mais avec une dimension supplémentaire.

1.1.5 PRINCIPALES SEQUENCES IRM

Jusqu'à présent, nous avons considéré l'expérience IRM la plus simple, consistant à basculer l'aimantation dans le plan transversal par une impulsion RF à 90° . Le mouvement se produisant après l'excitation RF, aussi appelé mouvement de précession libre (free induction decay ou FID), est un retour à l'équilibre comme schématisé dans la Figure 1-5. On montre que le FID produit un signal sinusoïdal, de fréquence ω , amorti selon une exponentielle décroissante de constante de temps T_2^* du milieu excité.

La description qui nous venons de faire du FID est théorique. En pratique, du fait que le champ magnétique n'est pas parfaitement homogène, certains spins de l'échantillon ne sont pas tout à fait en résonance. Ceci est dû à la fois aux hétérogénéités du champ statique B_0 , et aux hétérogénéités dans l'échantillon. Le signal mesuré lors d'un FID décroît alors plus rapidement qu'en théorie. On modélise généralement cette décroissance altérée en remplaçant l'enveloppe e^{-t/T_2^*} par $e^{-t/T_2} e^{-\gamma \Delta B_0 t}$, rendant compte à la fois de la relaxation transversale et des hétérogénéités de B_0 . Heureusement, il

est possible de récupérer cette perte de signal, en provoquant ce qu'on appelle un écho. Un écho peut être réalisé de deux façons différentes, que nous allons décrire brièvement.

1.1.5.1 SEQUENCE ECHO DE SPIN

La technique d'écho de spin consiste à refocaliser le signal de l'aimantation en précession libre, au moyen d'une impulsion RF à 180°, comme schématisé à la Figure 1-9.

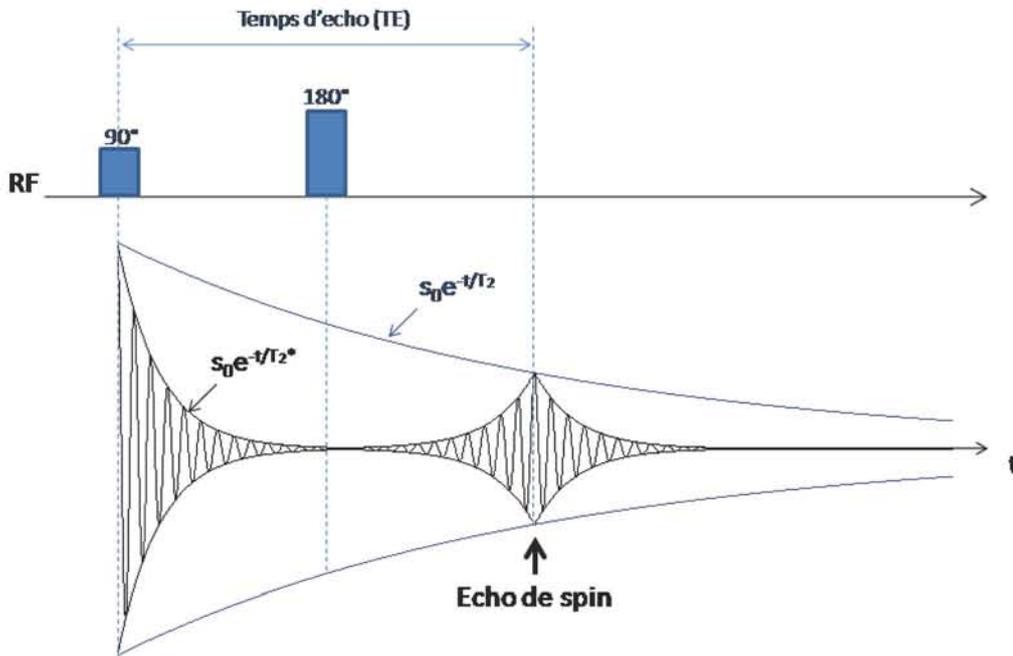


Figure 1-9 Séquence écho de spin

Il est également possible d'appliquer plusieurs impulsions à 180° à la suite, de façon à provoquer plusieurs échos (un « train d'écho ») à partir d'une même excitation initiale à 90°. On obtient alors la séquence appelée RARE (Rapid Acquisition with Relaxation Enhancement) [Hennig *et al.*, 1986]. L'acquisition de trains d'échos permet de réduire considérablement le temps d'acquisition par rapport à la séquence écho de spin standard. En revanche, le contraste de l'image peut être modifié légèrement car les échos seront acquis à des moments différents de la relaxation.

1.1.5.2 SEQUENCE ECHO DE GRADIENT

La deuxième méthode possible utilise le gradient de lecture pour refocaliser l'aimantation. L'inversion du gradient permet d'inverser l'aimantation des spins avant de commencer l'acquisition (voir Figure 1-10). Contrairement à l'écho de spin, l'écho de gradient ne refocalise pas la totalité du signal perdu, ceci à cause des hétérogénéités de champ (il ne compense pas le déphasage introduit par les hétérogénéités du champ statique).

Comme pour l'écho de spin, il est possible d'enchaîner plusieurs échos de gradients à la suite. Lorsque l'acquisition de la totalité des lignes de l'espace k est réalisée de cette façon, à la suite d'une seule excitation RF, on obtient une séquence très rapide appelée EPI (Echo Planar Imaging) [Mansfield, 1977].

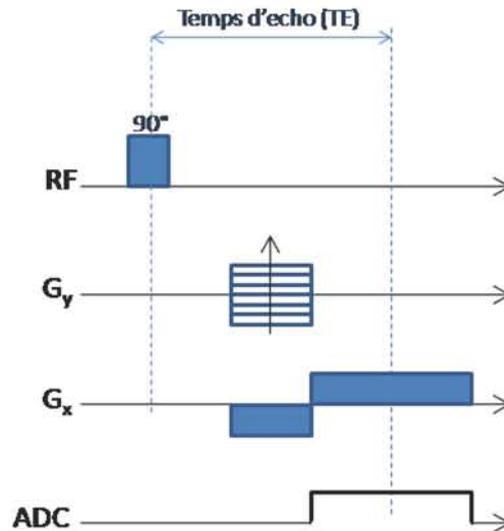


Figure 1-10 Séquence écho de gradient

Notons que, lors d'une séquence en écho de spin, il est nécessaire d'appliquer un gradient de lecture pour encoder le signal en fréquence. Un gradient bipolaire est alors utilisé, de façon similaire à la séquence en écho de gradient, mais une telle séquence, combinant écho de spin et écho de gradient, est toujours appelée écho de spin.

1.1.6 TRAJECTOIRE DE BALAYAGE DE L'ESPACE K

Que les séquences d'imagerie soient basées sur l'écho de spin ou l'écho de gradient, il est nécessaire, pour former une image complète, d'appliquer le processus d'encodage spatial que nous avons décrit dans la partie 1.1.4. Nous avons vu que ce processus peut être vu comme un échantillonnage de l'espace réciproque de l'image, l'espace k. Plusieurs stratégies de balayage peuvent être mises en œuvre.

1.1.6.1 TRAJECTOIRES CARTESIENNES

La stratégie la plus simple à réaliser consiste à parcourir l'espace k ligne par ligne, produisant des données échantillonnées sur une grille cartésienne. La totalité de l'espace k peut ainsi être échantillonnée. Les acquisitions cartésiennes nécessitent l'application de gradients constants pendant leur durée d'application, ce qui rend leur réalisation pratique relativement aisée. L'ordre d'acquisition des lignes paires et impaires peut être inversé selon la séquence utilisée. Enfin, les

lignes de phases peuvent être acquises par peignes, dans le cas de séquences avec trains d'échos (voir Figure 1-11).

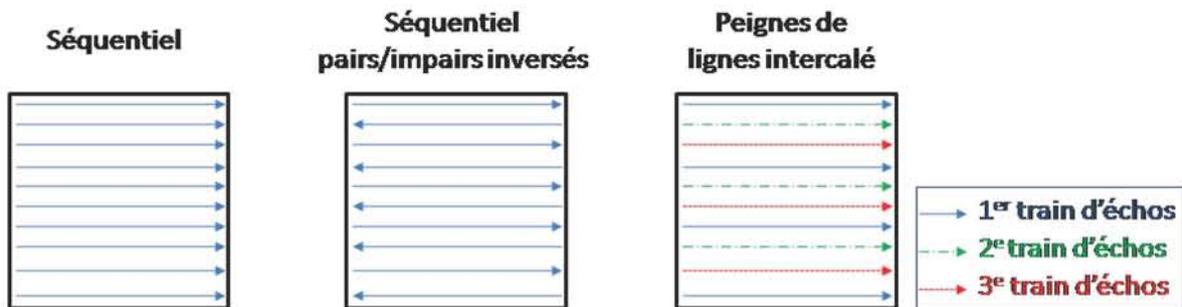


Figure 1-11 Exemples de trajectoires cartésiennes

1.1.6.2 TRAJECTOIRES RADIALES

Des trajectoires radiales sont également possibles (voir Figure 1-12). Celles-ci présentent l'avantage d'échantillonner le point central de l'espace k à chaque acquisition. Les basses résolutions de l'image étant acquises à chaque acquisition, les trajectoires radiales sont moins sensibles au mouvement que les trajectoires cartésiennes, car un effet de moyennage se produit lors de leur reconstruction [Glover & Pauly, 1992]. En revanche, l'échantillonnage de l'espace k n'est pas uniforme, puisque le centre est sur-échantillonné, la périphérie est sous-échantillonnée, et les coins ne sont pas échantillonnés du tout. Il faut noter également que, d'un point de vue pratique, le passage par le centre exact de l'espace k n'est pas facile de réaliser.

1.1.6.3 PROPELLER

Se basant sur la même idée d'utiliser l'information centrale de l'espace k , une trajectoire en forme d'hélice, appelée PROPELLER, a été proposée dans [Pipe, 1999]. A chaque acquisition, on acquiert une bande formée d'un ensemble de lignes parallèles (voir Figure 1-12). Le cercle central permet de reconstruire une image basse résolution à chaque acquisition. L'auteur propose alors une méthode de recalage des images basse résolution, à l'aide de transformations rigides (translations+rotations). Les paramètres trouvés permettent ensuite de corriger l'ensemble des données brutes acquises, et de reconstruire l'image haute résolution avec compensation de mouvement. Comme pour les trajectoires radiales, l'échantillonnage n'est pas uniforme. De manière générale, l'inconvénient des techniques utilisant de tels échantillonnages est leur faible efficacité puisque, bien que le sur-échantillonnage des données centrales ait des conséquences bénéfiques en termes de SNR, le temps passé à acquérir ces basses fréquences se fait au détriment des hautes fréquences.

1.1.6.4 SPIRALES

Les trajectoires en spirales peuvent être utilisées pour parcourir rapidement une large partie de l'espace k [Ahn *et al.* , 1986, Meyer *et al.* , 1992] (voir Figure 1-12). La combinaison des trajectoires en spirales avec l'imagerie parallèle est très intéressante car elle permet d'atteindre des facteurs d'accélération élevés, puisqu'elle exploite le sous-échantillonnage dans les deux dimensions de l'espace k (voir partie 1.2). L'inconvénient principal des séquences en spirales est lié au fait qu'elles nécessitent de générer des gradients très spécifiques. A cause des courants de Foucault générés par de tels gradients, la trajectoire réelle est généralement légèrement différente de la trajectoire programmée, par conséquent des corrections supplémentaires sont nécessaires.

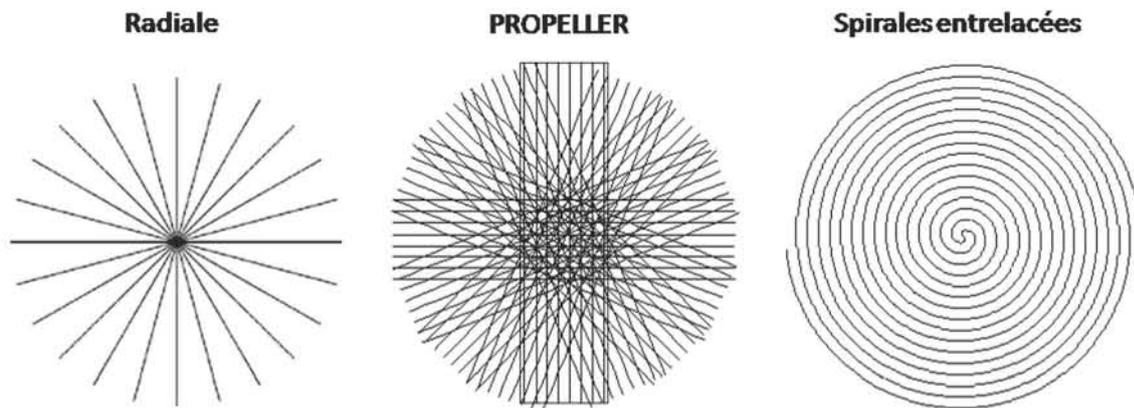


Figure 1-12 Exemples de trajectoires non cartésiennes

1.2 IMAGERIE PARALLELE

1.2.1 DE L'ACQUISITION MULTI-ANTENNES A L'IMAGERIE PARALLELE

Parmi les différents éléments constituant la chaîne d'acquisition IRM, l'antenne ou les antennes de réception ont un rôle essentiel. Les propriétés requises sont principalement le rapport signal sur bruit (SNR), et l'homogénéité du signal capté sur le volume imagé.

Deux types d'antennes peuvent être utilisés : les antennes volumiques et les antennes de surfaces (voir Figure 1-13). La première catégorie est, le plus souvent en IRM, réalisée à l'aide d'une configuration de type cage à oiseaux (birdcage coil), intégrée dans le tunnel IRM. Ce type d'antenne produit généralement un champ très homogène dans le volume délimité par l'antenne, et dans lequel est placé le patient. L'image obtenue sera alors elle aussi homogène, mais en contrepartie, l'antenne captera le bruit provenant de l'ensemble du volume. Les antennes de surface, quant à elles, placées directement sur le patient, permettent d'imager une zone particulière avec un meilleur

SNR. En revanche, l'image ne sera pas homogène dans l'ensemble du volume, du fait que la sensibilité de ce type d'antennes décroît très vite à mesure que l'on s'en éloigne.

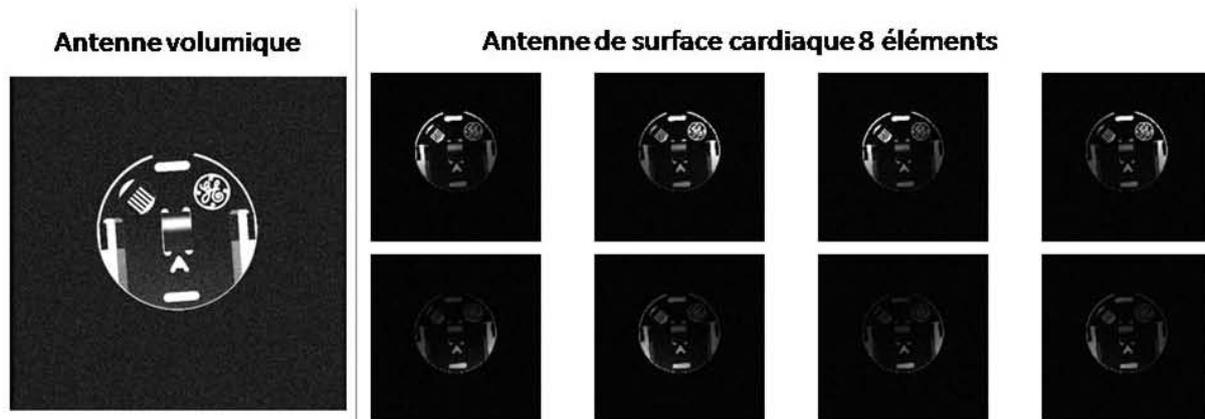


Figure 1-13 Image d'un fantôme acquise en antenne volumique et en antennes de surface

Pour pallier le manque d'homogénéité des antennes de surface, l'idée de multiplier leur nombre et de les disposer de façon « intelligente » autour du patient a été introduite. Le SNR se trouve ainsi amélioré, mais cela suppose de savoir combiner les images produites par chaque antenne de façon à reconstituer une seule image homogène.

La multiplication des antennes de réception entraîne également une multiplication du volume de données à reconstruire (il y a autant d'espaces k que d'antennes). Dès 1987, l'idée est apparue d'utiliser cette redondance d'information pour paralléliser le processus d'acquisition IRM [Carlson, 1987] qui, par nature, est séquentiel et donc relativement lent. En 1999, le cadre théorique décrivant l'acquisition parallèle accélérée, indépendamment de la configuration spatiale des antennes, est défini par Pruessmann [Pruessmann *et al.*, 1999]. L'imagerie parallèle connaît alors un essor particulier, elle est déployée par les principaux constructeurs, et est aujourd'hui utilisée de façon systématique dans des protocoles cliniques.

1.2.2 SOUS-ECHANTILLONNAGE DE L'ESPACE K

La notion d'acquisition IRM parallèle implique une remise en question du processus séquentiel basé sur l'encodage Fourier, que nous avons décrit dans la partie 1.1.4. L'idée sous-jacente est de reporter une partie de l'encodage spatial réalisé par les gradients sur un encodage spatial réalisé par le réseau d'antennes. En effet la sensibilité des antennes donne une information de localisation, qui varie avec leur disposition. Ainsi, intuitivement, il devrait être possible de réduire le temps d'acquisition par un facteur égal, ou tout du moins s'approchant, du nombre d'antennes.

Avant toute chose, il est nécessaire de bien comprendre l'effet qu'aurait une telle réduction du temps d'acquisition si elle était pratiquée avec l'encodage Fourier uniquement (une seule antenne).

La réduction du temps d'acquisition revient à sous-échantillonner l'espace k , c'est-à-dire à n'acquérir qu'une partie des lignes de phases². Nous prendrons l'exemple d'un sous-échantillonnage régulier de l'espace k , c'est-à-dire que l'on n'acquiert qu'une ligne de phase sur r , r étant appelé le facteur de réduction. Rappelons que, d'après le théorème de Shannon, un signal ne doit pas être échantillonné au-dessous d'une fréquence d'échantillonnage limite, égale à deux fois la fréquence maximale contenue dans ce signal. En effet, comme schématisé à la Figure 1-14, l'opération d'échantillonnage correspond à un produit du signal brut (l'espace k ici) par un peigne de Dirac. Dans le domaine dual (le domaine image), cela correspond à une convolution avec un peigne de Dirac, ce qui introduit une périodicité, se traduisant par une répétition de l'image. Lorsque le critère de Shannon n'est plus vérifié, on assiste à un repliement (aliasing) du spectre du signal acquis, c'est-à-dire un repliement de l'image. Un exemple de tel repliement est donné dans la Figure 1-15.

² Ce sont les lignes dans la direction de phase dont on essaie de réduire le nombre, et non dans la direction de fréquence, car on a plus intérêt à réduire le nombre d'expériences (le nombre d'excitations RF), qu'à réduire la durée de l'expérience élémentaire.

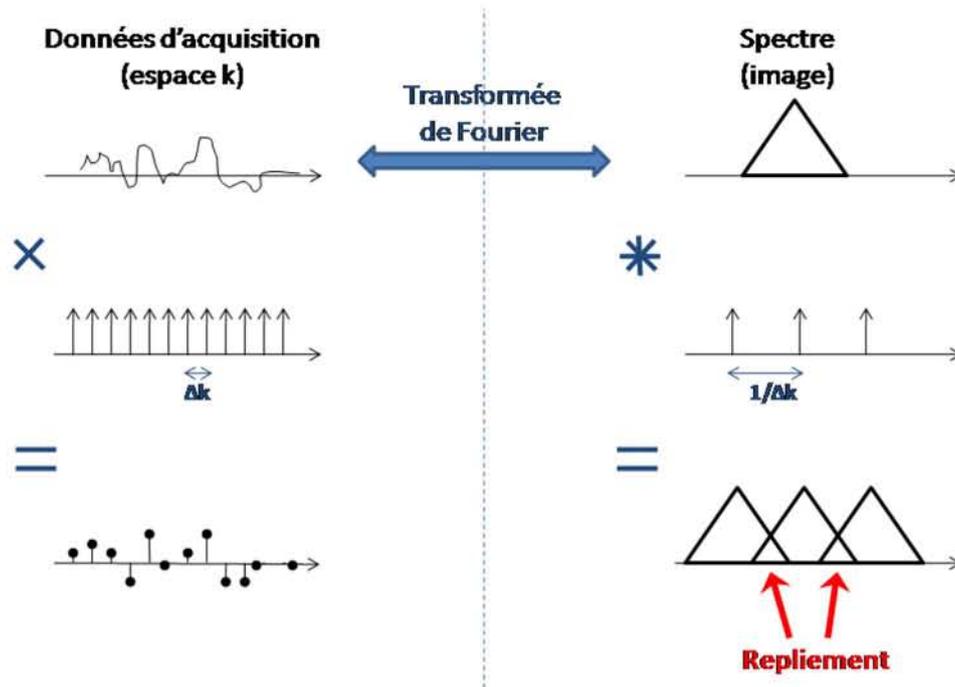


Figure 1-14 Acquisition numérique et repliement

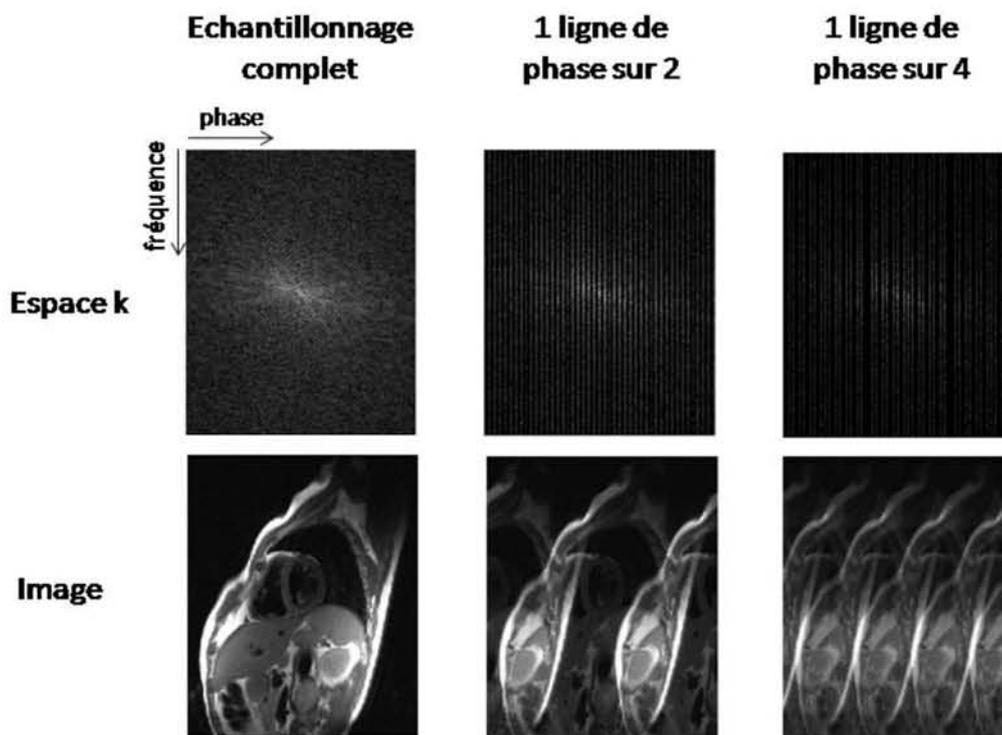


Figure 1-15 Effet d'un sous-échantillonnage de l'espace k

Ainsi, l'imagerie parallèle peut être vue comme l'utilisation du surplus d'informations fourni par le réseau d'antennes, permettant de corriger le repliement induit par le sous-échantillonnage de

l'espace k . En d'autres termes, l'algorithme de reconstruction devra « déplier » l'image. Pour cela, on introduit une connaissance *a priori*, en supposant que la sensibilité de chaque antenne est connue.

1.2.3 RECONSTRUCTION EN IMAGERIE PARALLELE : L'ALGORITHME SENSE GENERALISE

Dans cette partie, nous décrivons la méthode permettant de reconstruire les données acquises en imagerie parallèle dans le cas général, c'est-à-dire pour une trajectoire de parcours arbitraire de l'espace k . Cette description a été proposée dans [Pruessmann *et al.*, 2001] sous le nom de SENSE généralisé.

L'introduction de l'encodage spatial en sensibilités d'antennes nécessite de réécrire l'équation liant le signal de l'espace k à l'image. On suppose que l'on dispose de N_γ antennes. On note s_γ le signal acquis par l'antenne γ ($\gamma = 1 \dots N_\gamma$), et σ_γ la sensibilité de l'antenne γ . L'équation du signal (1.6) est alors modifiée ainsi :

(1.9)

$$s_\gamma(k) = \xi(k) \int_{\Omega} \rho(r) \sigma_\gamma(r) e^{-i2\pi k \cdot r} dr,$$

avec

$$r = [x \ y]^T \quad (r = [x \ y \ z]^T \text{ dans le cas d'un encodage 3D})$$

$$k = [k_x \ k_y]^T \quad (k = [k_x \ k_y \ k_z]^T \text{ respectivement})$$

$$\xi(k) : \text{la trajectoire parcourue de l'espace } k \ (\xi(k) \in \{0,1\})$$

La modification du terme d'encodage Fourier apparaît ici explicitement. Le signal provenant de l'ensemble du réseau d'antennes $s = [s_1 \ s_2 \ \dots \ s_{N_\gamma}]^T$ est alors lié à l'image par un opérateur d'encodage généralisé E , qui est linéaire :

$$s = E\rho. \quad (1.10)$$

E est un opérateur de $\Omega = [x_{min}, x_{max}] \times [y_{min}, y_{max}]$ à valeurs dans $\mathbb{K} = \{k_{x_{min}}, \dots, k_{x_{max}}\} \times \{k_{y_{min}}, \dots, k_{y_{max}}\} \times \{1, \dots, N_\gamma\}$. Ω peut être discrétisé, ainsi l'intégrale dans (1.9) est remplacée par une somme discrète. (1.10) peut alors être réinterprétée comme un système d'équations linéaires, soit :

$$s_k = \sum_{j=1}^N E_{k,j} \rho_j, \forall k \in \mathbb{K}. \quad (1.11)$$

On obtient donc un système linéaire de grande taille, que l'on doit résoudre afin de reconstruire l'image ρ . Dans le cas d'une image 2D de taille $N_x \times N_y$, ρ est un vecteur de taille $(N_x \cdot N_y) \times 1$,

l'espace k multi-antennes est un vecteur de taille N , et \mathbf{A} est une matrice de taille $(N \times N)$ (typiquement, $N \approx 10^6$).

1.2.3.1 RESOLUTION NUMERIQUE

De tels systèmes, denses, sont trop grands pour être résolus à l'aide de méthodes directes³. On a alors recours à des méthodes itératives telles que le gradient conjugué, comme proposé dans [Pruessmann *et al.*, 2001]. Ces méthodes sont généralement utilisées sur des systèmes carrés et les propriétés de convergence sont démontrées lorsque la matrice vérifie certaines conditions supplémentaires (matrice symétrique ou définie positive). On travaille donc préférentiellement sur le système équivalent :

$$(1.12)$$

Où \mathbf{A}^H désigne la transposée hermitienne de \mathbf{A} . Ainsi, $\mathbf{A}^H \mathbf{A}$ est carrée et symétrique (à symétrie hermitienne plus exactement) par construction. De plus, si elle est de rang maximal, ou de façon équivalente, si elle n'a pas de valeurs propres nulles ou quasi-nulles, elle est alors définie positive. Cette propriété est une garantie de convergence pour l'algorithme du gradient conjugué.

L'algorithme est réalisable en pratique car, contrairement aux méthodes directes, il n'est pas nécessaire de connaître explicitement les éléments de la matrice $\mathbf{A}^H \mathbf{A}$ (au nombre de N^2 pour une image de \sqrt{N} pixels). Il suffit de connaître la fonction $\mathbf{A}^H \mathbf{A} \mathbf{x}$, qui est appelée à chaque itération. Pour cela, on peut réécrire $\mathbf{A}^H \mathbf{A} \mathbf{x}$ comme la composition de plusieurs opérateurs linéaires appliqués en cascade, en notant que :

$$(1.13)$$

où l'on a introduit l'opérateur de transformée de Fourier \mathbf{F} . Les matrices \mathbf{F} , \mathbf{F}^H et \mathbf{D} sont de taille $(N \times N)$. Dans le cas d'un échantillonnage cartésien de l'espace k , \mathbf{F} est diagonale et sa diagonale est constituée de $\exp(-i 2\pi k_x x)$ et de $\exp(-i 2\pi k_y y)$. Dans le cas contraire, c'est un opérateur d'interpolation, qui permet de rééchantillonner à des positions arbitraires les valeurs de l'espace k connues sur une grille cartésienne. \mathbf{D} peut alors être décrit de plusieurs manières, mais il est préférable de la

³ Le stockage d'une matrice de taille N^2 , composée de nombres complexes double précision, requiert déjà $2N^2$ de RAM.

représenter à l'aide d'une base d'interpolation restreinte⁴ (interpolation bilinéaire, spline, avec fenêtrage...). Chaque est diagonale, et les éléments de sa diagonale sont constitués des valeurs de sensibilités de l'antenne. L'opérateur de Fourier est la seule matrice dense dans cette écriture, cependant peut être calculé de façon efficace par l'intermédiaire d'un algorithme de transformée de Fourier rapide (fast Fourier transform ou FFT).

Utilisant cette notation d'opérateurs en cascade :

(1.14)

Le calcul de , intervenant à chaque itération de l'algorithme de reconstruction, se fait donc en appliquant successivement les opérateurs de la somme (1.14), comme décrit ci-dessus.

1.2.3.2 CONDITIONNEMENT ET REGULARISATION

Comme nous l'avons mentionné, une condition nécessaire pour garantir la convergence est que soit définie positive (ou non-dégénérée). Or, comprend des données déterminées expérimentalement, à savoir les cartes de sensibilité des antennes (leur calcul sera détaillé dans la partie suivante). Ainsi un mauvais conditionnement du système (1.12) n'est pas à exclure, en cas d'erreur d'estimation de ces cartes de sensibilité. Par ailleurs, si des données de l'image se trouvent repliées dans des zones « mal couvertes » par les antennes, c'est-à-dire dans lesquelles toutes les antennes ont une sensibilité très faible, l'information des antennes peut ne pas suffire à inverser le processus de repliement. L'encodage spatial en sensibilités d'antennes est donc imparfait par nature, et la disposition optimale des antennes conditionnant au mieux le problème de reconstruction est toujours un sujet de recherche actif.

Pour ces raisons, il est préférable d'introduire une contrainte additionnelle au problème. Une régularisation de Tikhonov est généralement proposée. Dans le cas où l'opérateur est dégénéré, cela revient à choisir, dans le sous-espace des solutions admissibles, la solution à norme minimale. La reconstruction régularisée peut être vue comme un problème de minimisation de l'erreur de reconstruction, avec une contrainte sur la norme de la solution :

⁴ Etant donné que nous travaillons sur des signaux numériques, donc supposés à bande passante limitée, ceux-ci s'expriment naturellement dans une base constituée de fonctions , et donc l'interpolation semble recommandée. Cependant, une telle interpolation, calculée de manière exacte (avec tous les lobes du), est plus coûteuse en temps de calcul.

(1.15)

dont la solution est déterminée en écrivant la condition nécessaire (le gradient de la fonction de coût doit être nul) :

(1.16)

Le problème s'écrit donc sous une forme très similaire à (1.12). Pour obtenir la solution régularisée, il suffit de remplacer par dans l'algorithme itératif.

1.2.3.3 EXEMPLES DE RECONSTRUCTIONS SENSE

Deux exemples de reconstruction SENSE sont donnés à la Figure 1-16. Les données ont été acquises sur un sujet sain (coupe petit axe du cœur), avec une antenne cardiaque 8 éléments, en échantillonnant l'espace k complètement (la reconstruction de l'espace k échantillonné complètement est donnée comme référence). Nous donnons un exemple de reconstruction sous-échantillonnée régulièrement (facteur de réduction), en utilisant l'encodage Fourier uniquement (chaque antenne est reconstruite par transformée de Fourier, puis les images d'antennes sont combinées par une moyenne quadratique), puis en utilisant la reconstruction SENSE décrite précédemment. Le deuxième exemple simule une trajectoire d'acquisition décrivant une spirale restant sur une grille cartésienne. Le facteur de réduction est ici par rapport à un parcours exhaustif de l'espace k (ce facteur est à relativiser car les coins de l'espace k ne sont pas échantillonnés).

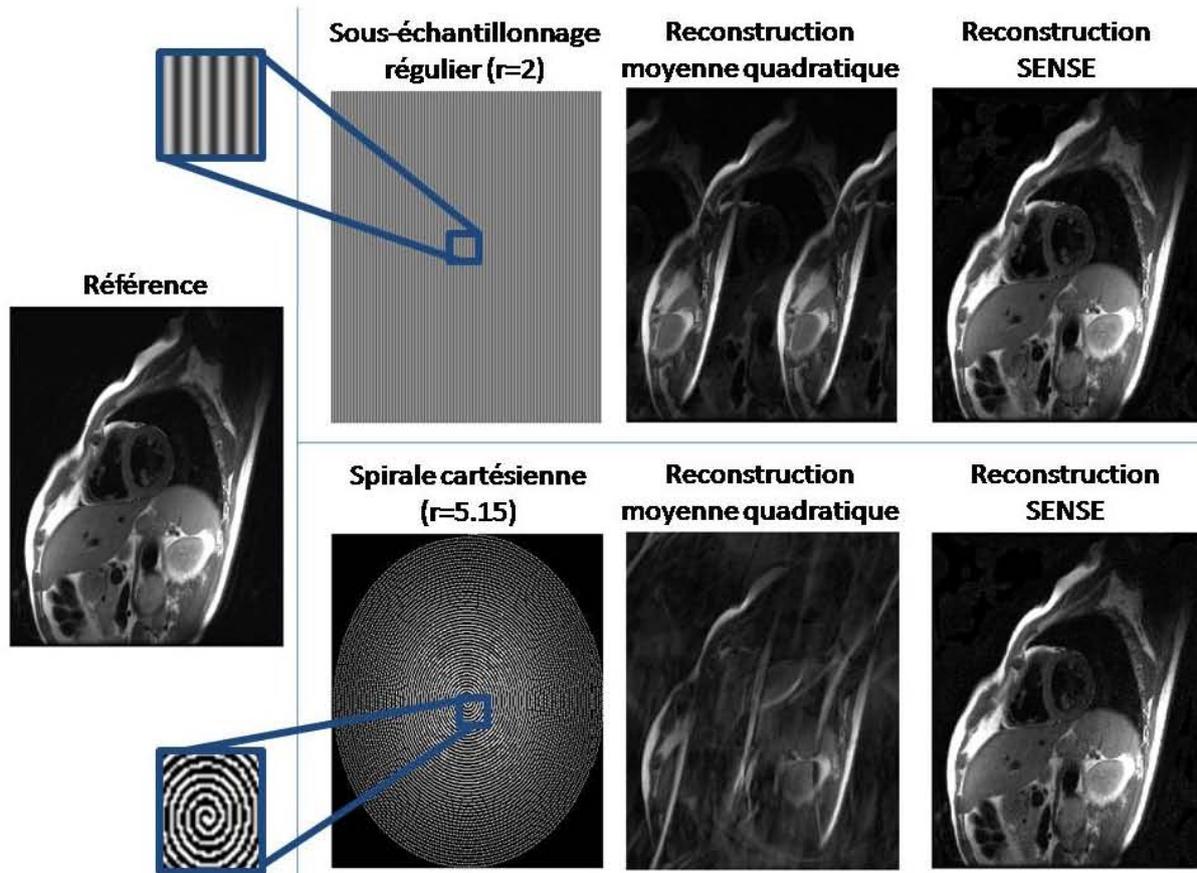


Figure 1-16 Exemples de reconstruction SENSE

Notons que, dans le cas d'une trajectoire en spirale réelle, l'espace k n'est pas échantillonné sur une grille cartésienne comme dans notre exemple, donc l'opérateur devrait être implémenté sous la forme d'une interpolation. Par ailleurs, dans [Pruessmann *et al.*, 2001], des termes supplémentaires peuvent être ajoutés dans l'équation (1.9). En particulier, des corrections de densité sont proposées pour compenser le fait que certaines régions de l'espace k sont plus échantillonnées que d'autres. Une analyse de la propagation du bruit dans l'algorithme est également proposée. Pour cela, il est nécessaire de définir des matrices de corrélation de bruits entre les différentes antennes. Les matrices de corrélations de bruits peuvent alors être introduites dans l'algorithme de reconstruction de façon à trouver une solution optimisant le SNR final. Un opérateur linéaire supplémentaire est alors introduit dans l'opérateur d'encodage. La résolution que nous venons de décrire correspond donc au cas où les antennes sont parfaitement découplées, c'est-à-dire que les matrices de corrélation de bruit sont supposées égales à l'identité.

1.2.4 DETERMINATION DES CARTES DE SENSIBILITE DES ANTENNES

En pratique, l'algorithme SENSE nécessite de connaître *a priori* les cartes de sensibilité des antennes, qui vont conditionner l'algorithme de reconstruction. La première considération à prendre en

compte est que la sensibilité n'est pas une caractéristique absolue, intrinsèque de l'antenne. Au contraire, la sensibilité varie en fonction de la charge de l'antenne, car le facteur de qualité de l'antenne change en fonction de la présence du corps humain ou d'un autre objet à proximité de l'antenne. C'est pourquoi une calibration spécifique est nécessaire pour chaque patient. Cette calibration peut être réalisée en début d'examen, à l'aide d'une image basse résolution de l'ensemble du volume couvert par le réseau d'antennes.

Une première solution pour calculer les sensibilités d'antennes *in vivo* serait de réaliser deux acquisitions basse résolution (nécessitant l'acquisition de quelques lignes au centre de l'espace k) : l'une avec l'antenne volumique (homogène) et l'autre avec les antennes de surfaces. La sensibilité de l'antenne γ est alors définie comme étant le rapport, pixel par pixel, de l'image obtenue par l'antenne γ par l'image homogène. Cette solution peut poser problème au cas où le patient aurait bougé entre les deux acquisitions, ou ne serait pas exactement dans la même phase respiratoire.

Une deuxième solution consiste à acquérir une seule image basse résolution, à l'aide des antennes de surface. L'image homogène est alors formée en combinant les images par une moyenne quadratique des modules des images reconstruites de chaque antenne [Murakami *et al.*, 1996], comme dans l'exemple de la Figure 1-17. Dans cet exemple, un espace k de 32 lignes a été utilisé pour obtenir les images à basse résolution. Un masque binaire a été appliqué avant de calculer le rapport pixel à pixel, afin d'éviter les divisions par zéro. Le résultat du rapport est un nombre complexe, représenté à la Figure 1-17 par un code de couleur : l'intensité de l'image représente le module et la couleur représente la phase.

On peut encore envisager une troisième solution, qui revient à inclure les données nécessaires à la calibration, c'est-à-dire les lignes du centre de l'espace k , dans l'acquisition accélérée. On dit alors de ces acquisitions qu'elles sont auto-calibrées. Les cartes de sensibilité peuvent être calculées de la même manière de précédemment.

D'autres méthodes de reconstruction que SENSE (ou sa version généralisée) ont été proposées. Certaines sont applicables à des échantillonnages cartésiens réguliers, comme SMASH [Sodickson & Manning, 1997], GRAPPA [Griswold *et al.*, 2002], cartésiens irréguliers dans une dimension, comme SPACE-RIP [Kyriakos *et al.*, 2000], ou généralisées à des trajectoires arbitraires, comme PARS [Yeh *et al.*, 2005]. Dans la suite de ce travail, nous nous sommes appuyés principalement sur SENSE car il permet de traiter le problème d'imagerie parallèle dans le cas général. De plus, sa formulation découle directement de la réécriture de l'équation du signal, et de ce fait l'introduction des données de mouvement dans l'algorithme de reconstruction (qui sera présenté au Chapitre 4) se fera naturellement, avec des méthodes de résolution numérique très similaires.

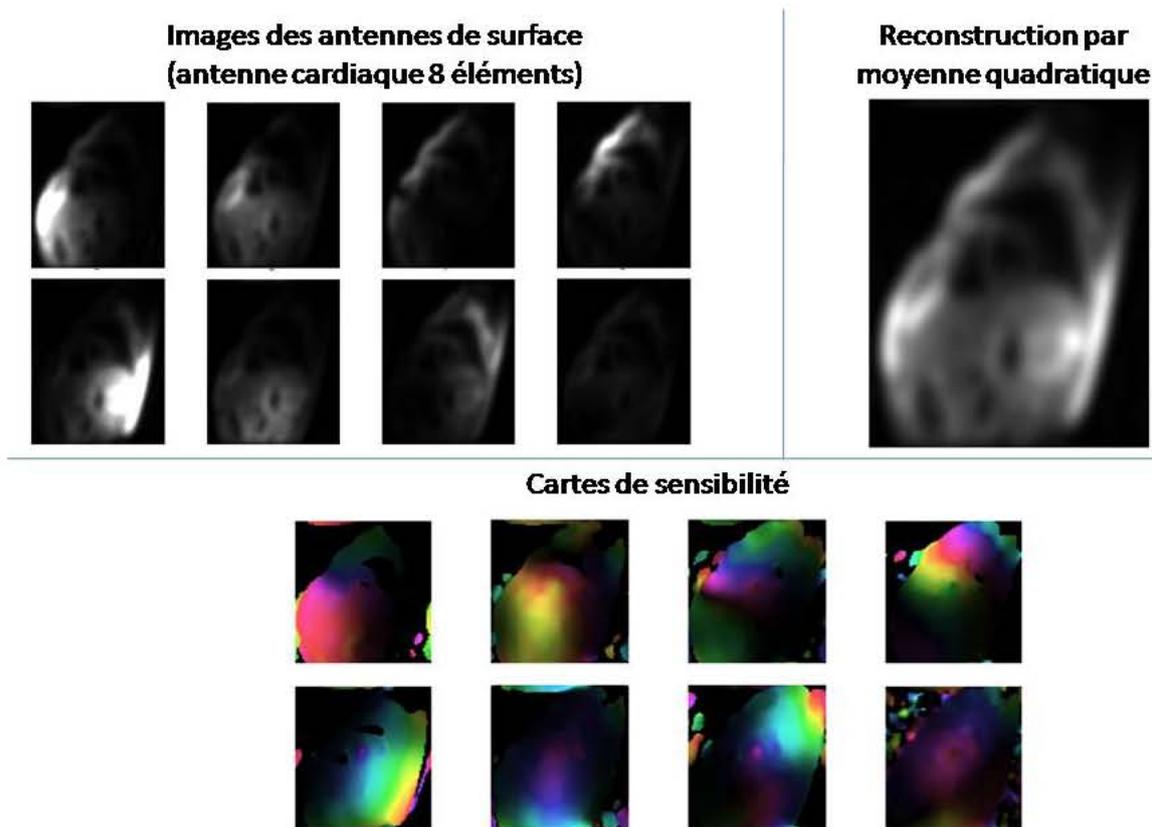


Figure 1-17 Détermination des cartes de sensibilité

1.3 INFLUENCE DU MOUVEMENT SUR L'ACQUISITION IRM

1.3.1 LES HYPOTHESES SUR LE MOUVEMENT

Jusqu'à présent, l'hypothèse a été faite implicitement que la distribution de spins dans l'espace était statique. C'est sur cela que reposent le processus d'encodage spatial et la formation d'un écho. Or en réalité cette hypothèse n'est jamais totalement vraie, que ce soit au niveau macroscopique, à cause des mouvements du patient, ou au niveau microscopique, avec la diffusion libre des molécules. Ici, puisque nous nous intéressons aux mouvements physiologiques, c'est bien l'effet d'un mouvement macroscopique cohérent qui sera considéré.

L'influence d'un tel mouvement sur l'acquisition IRM est multiple. Il convient d'emblée de différencier le mouvement se produisant *pendant* l'acquisition et le mouvement se produisant *entre* les acquisitions. En effet, un mouvement se produisant pendant l'acquisition, c'est-à-dire entre l'excitation RF et la fin de l'acquisition de l'écho (ou du dernier écho du train d'échos) aura des conséquences directes sur le signal effectivement enregistré. Comme nous allons le voir dans la suite, la phase accumulée par les spins sera modifiée, mais des modifications de séquences ont été proposées afin de réduire cet effet. Dans le cas où le mouvement se produit entre les acquisitions,

alors l'acquisition de chaque écho ne pose pas de problème. En revanche, c'est le processus d'encodage spatial qui n'est plus cohérent, puisque d'une acquisition à l'autre, le contenu du plan/volume imagé change. Dans le cas des mouvements physiologiques, souvent on pourra faire l'hypothèse que le mouvement pendant l'acquisition est négligeable (lorsque le TR est petit devant la période du mouvement), et donc que le mouvement a lieu uniquement entre les acquisitions. Par conséquent, c'est cet effet que nous analyserons le plus en détail.

Une deuxième distinction importante doit être faite, entre les processus d'acquisition IRM où l'intensité du signal IRM est conservée au cours du temps et ceux où elle ne l'est pas. Ce que nous désignons comme étant l'intensité du signal IRM peut être, tout simplement, la masse totale des protons du volume imagé. Mais de façon plus générale, ce sera l'intégrale sur le volume imagé de la densité de protons, pondérée par différents facteurs selon la séquence et le type de contraste choisis (pondération par le T_1 et le T_2 des tissus en particulier). Donnons deux exemples dans lesquels il n'y a pas cette conservation : 1) lorsqu'un mouvement dans la direction normale au plan de coupe survient au cours d'une séquence d'imagerie 2D (sortie de plan de coupe ou « through-plane motion ») ; 2) lorsque du sang dont le signal est rehaussé par un produit de contraste arrive dans une cavité, ou vient perfuser des tissus, l'intensité du signal de ces tissus change au cours du temps, il n'y a donc plus conservation. En revanche, dans le cas d'un mouvement purement dans le plan de coupe (« in-plane motion »), ou purement dans le volume excité pour un encodage 3D, il y a conservation de l'intensité du signal IRM au cours du temps. C'est sur cette hypothèse que nous nous baserons lorsque nous traiterons des méthodes de correction d'artéfacts liés aux erreurs d'encodage spatial.

Enfin, le mouvement peut avoir des conséquences indirectes. Par exemple, si les cartes de sensibilité utilisées en imagerie parallèle ont été déterminées dans une phase respiratoire très différente de l'acquisition accélérée, on introduit un mauvais conditionnement du problème de reconstruction qui pourra générer des artéfacts. On peut citer, comme autre exemple, les séquences de diffusion couramment utilisées en IRM neuroradiologique, pour lesquelles un encodage spécifique est ajouté pour mesurer la diffusion dans différentes directions de l'espace. Dans ce cas, si une rotation de la tête a lieu au cours de la séquence, les coefficients de diffusion mesurés ne correspondent pas à la diffusion dans la direction initialement souhaitée. Ces exemples sont donc des cas particuliers qui peuvent avoir des conséquences diverses.

Nous nous intéresserons tout d'abord aux effets du mouvement pendant l'acquisition, que nous appellerons intra-acquisitions, afin de bien comprendre quels sont les effets induits sur le signal, et quelles sont les méthodes de compensation existantes. Puis, dans l'optique d'intégrer les mouvements physiologiques, nous analyserons plus en détail l'effet du mouvement entre les

acquisitions, que nous désignerons comme le mouvement inter-acquisitions. Nous nous baserons sur un calcul analytique de la fonction d'étalement du point (« point spread function » ou PSF) pour un mouvement sinusoïdal, puis nous vérifierons expérimentalement que les artéfacts sont conformes à ceux prédits par la PSF théorique.

1.3.2 MOUVEMENT INTRA-ACQUISITIONS

Rappelons que, par mouvement intra-acquisitions, nous entendons mouvement entre l'excitation RF initiale et la fin de l'acquisition de l'écho ou du train d'échos. A partir de l'équation du signal IRM (1.6) et (1.7), nous avons vu que l'acquisition se fait par un processus d'accumulation de phase, à l'aide d'un gradient de lecture. La phase accumulée par les spins dépend de leur position. Le problème est bien connu et documenté dans la littérature (voire par exemple [Haacke *et al.* , 1999], chapitre 23).

Dans ce qui suit nous considérons le cas d'un gradient de lecture G_x bipolaire, comme représenté dans la Figure 1-18. La variable de position x , dans la direction de lecture, est désormais considérée comme une fonction du temps, et nous introduisons un champ de vitesse uniforme :

$$x(t) = x_0 + v_x t. \quad (1.17)$$

La phase accumulée par un spin initialement en x_0 (au début de l'application du gradient bipolaire) s'exprime par :

$$\varphi(t) = \gamma \int_0^t G_x(t') x(t') dt'. \quad (1.18)$$

La position x n'étant plus constante par rapport au temps nous ne pouvons plus la sortir de l'intégrale. En intégrant, il vient alors facilement que la phase totale est composée d'une phase due à l'encodage spatial de la position initiale, $\varphi_0(t)$, et d'une phase additionnelle due au mouvement, $\varphi_v(t)$:

$$\varphi(t) = \varphi_0(t) + \varphi_v(t), \quad (1.19)$$

avec

$$\begin{cases} \varphi_0(t) = -\gamma G x_0 t & \text{si } 0 \leq t \leq \tau \\ \varphi_0(t) = \gamma G x_0 (t - 2\tau) & \text{si } \tau \leq t \leq 3\tau \end{cases} \quad (1.20)$$

et

(1.21)

Dans le cas d'une distribution de spins statique, tous les spins sont rephasés au moment de l'écho, c'est-à-dire qu'on a $\phi = 0$. Or, à cause du terme dû au mouvement, la phase ne s'annule plus puisque $\phi \neq 0$.

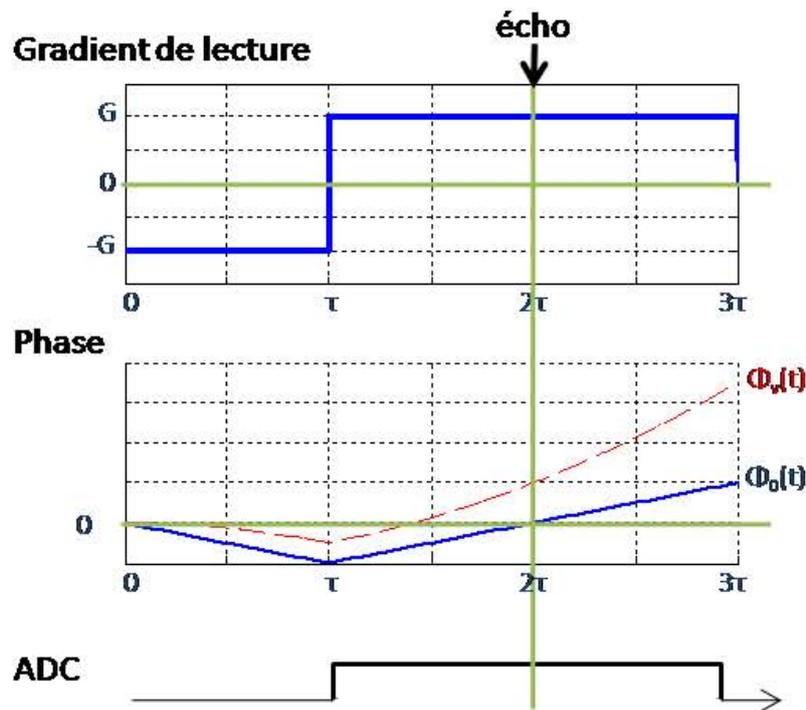


Figure 1-18 Déphasage dû à une vitesse uniforme pendant l'application du gradient de lecture.

L'influence de ce déphasage sur l'image peut être vue en s'appuyant sur l'équation du signal (1.6), qui est alors modifiée ainsi :

(1.22)

Le terme de déphasage étant dépendant de la variable de position x , de sa vitesse, et du temps d'acquisition, les conséquences peuvent être complexes. En ajoutant des hypothèses fortes sur les champs de vitesse, on peut prédire des résultats particuliers. Ces hypothèses se prêtent davantage à des écoulements fluides dans le plan de coupe (écoulement de sang dans les vaisseaux) qu'à des mouvements d'organes. Dans le cas où le champ de vitesse est constant dans le temps et dans l'espace sur une région fixe de l'image (profil d'écoulement turbulent), le déphasage est constant, et l'image reconstruite par transformée de Fourier ne sera pas modifiée en module, mais aura une

phase non nulle. Dans le cas d'un écoulement laminaire, le champ de vitesse varie dans l'espace selon le profil laminaire. Ces variations peuvent créer un effet de volume partiel qui se ressentira lors de l'intégration dans la direction du profil, et se traduira par une perte de signal (voire même une annulation du signal).

Afin de minimiser les problèmes de pertes de signal ou de déphasage, des techniques de compensation peuvent être mises en œuvre, en modifiant l'application des gradients. En plus d'annuler le moment d'ordre 0 du gradient de lecture (condition nécessaire pour réaliser l'écho), il suffit d'annuler son moment d'ordre 1 pour que la phase s'annule au moment de l'écho (voir Figure 1-19).

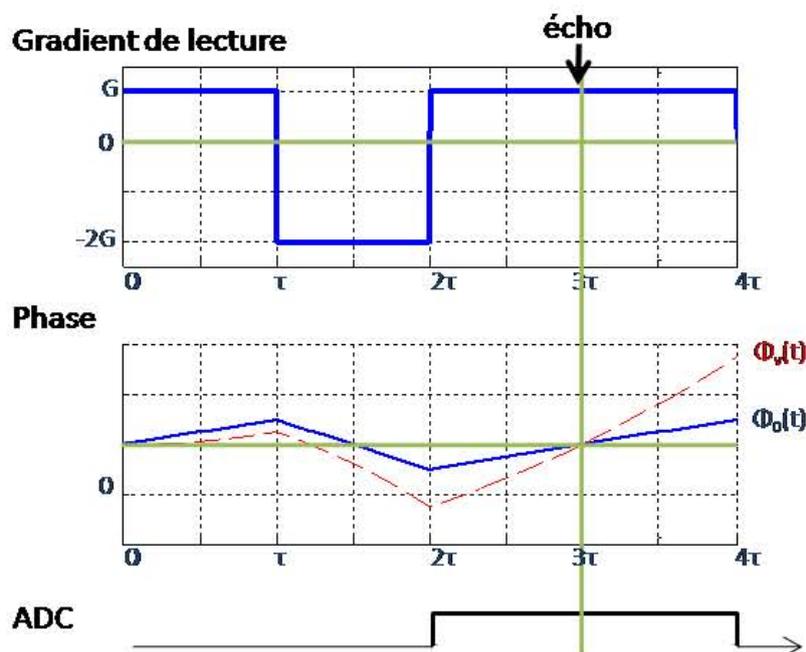


Figure 1-19 Compensation de vitesse à l'aide d'un gradient dont le moment d'ordre 1 est nul

1.3.3 MOUVEMENT INTER-ACQUISITIONS

Nous considérons dans cette partie que la période caractéristique du mouvement est grande devant le temps d'acquisition de l'écho ou du train d'échos. Dans ce cas, on néglige le mouvement se produisant pendant l'application des gradients. Si les techniques de compensation de vitesse décrites dans le paragraphe précédent permettent d'annuler le déphasage dû au mouvement lors d'une acquisition, elles ne permettent pas de compenser la variation de position initiale d'une expérience à l'autre. Par conséquent, comme nous allons le voir dans cette partie, des artéfacts peuvent être générés par un mouvement dans la direction de fréquence ou de phase.

1.3.3.1 EXEMPLES D'ARTEFACTS DUS A L'ENCODAGE SPATIAL

Avant d'étudier l'effet du mouvement d'un point de vue plus théorique, donnons quelques exemples d'artéfacts provoqués par des objets ou organes en mouvement, au cours de différentes séquences. Nous considérons principalement des trajectoires cartésiennes qui représentent actuellement la majeure partie des séquences utilisées lors des protocoles cliniques. La Figure 1-20 présente des exemples d'artéfacts de type « fantôme » provoqués par la partie mobile du dispositif (la plateforme utilisée sera détaillée plus loin).

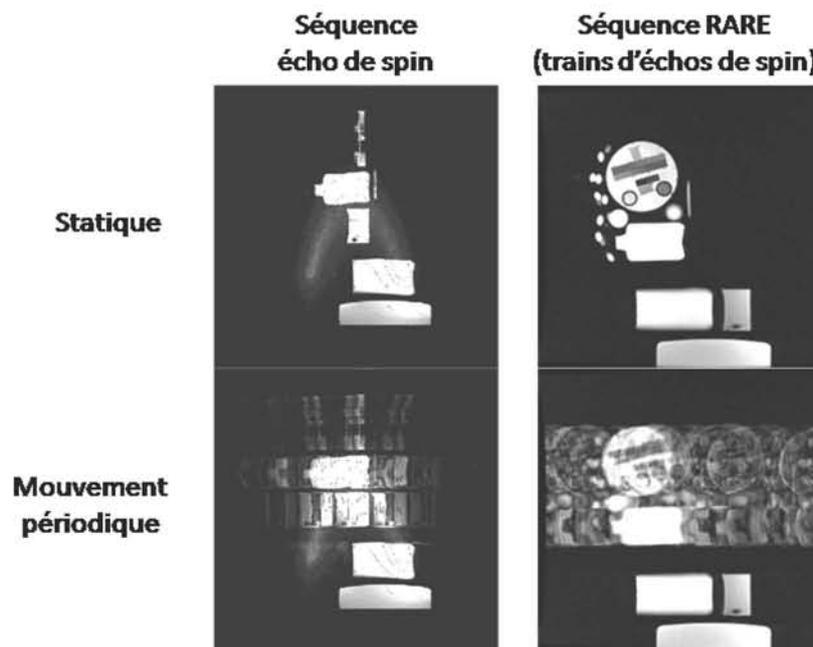


Figure 1-20 Artéfacts provoqués par un objet en mouvement

La Figure 1-21 présente divers exemples d'artéfacts dus au mouvement cardiaque, c'est-à-dire sans avoir recours à des techniques de synchronisation, et aux mouvements des organes en respiration libre.

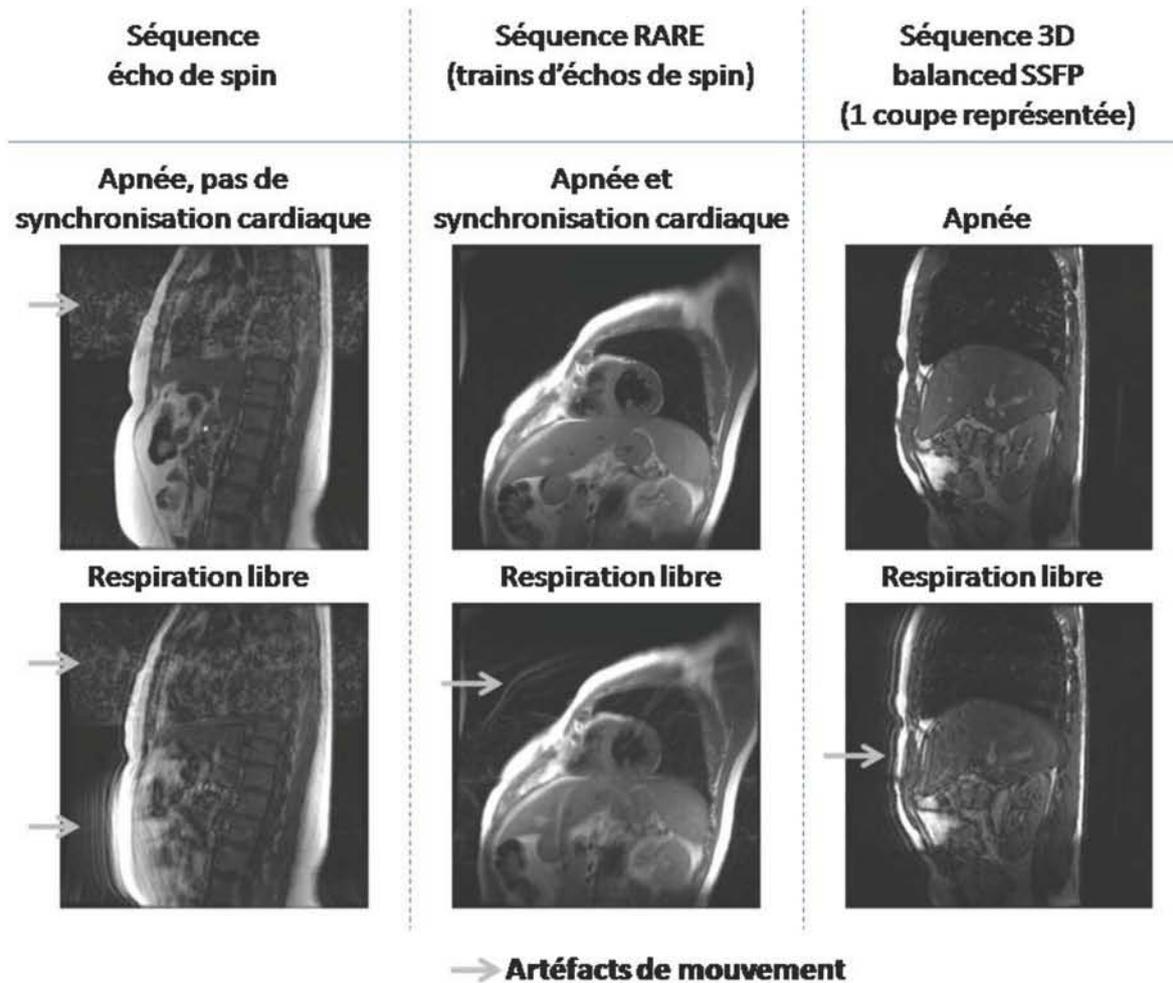


Figure 1-21 Exemples d'artéfacts dus aux mouvements cardiaques et respiratoires

1.3.3.2 CALCUL ANALYTIQUE DE LA POINT SPREAD FUNCTION (PSF) : MOUVEMENTS PERIODIQUES

Le phénomène de production d'artéfacts de type fantôme a été décrit dès 1985 dans [Wood & Henkelman, 1985] ainsi que dans [Haacke & Patrick, 1986]. Les auteurs montrent qu'il est possible de calculer analytiquement la PSF dans le cas d'un mouvement sinusoïdal dans la direction de fréquence ou de phase. Les mouvements physiologiques tels que la contraction cardiaque et la respiration étant périodiques ou pseudo-périodiques, l'étude d'un mouvement sinusoïdal présente un intérêt particulier. Les artéfacts dus à un mouvement périodique quelconque seraient obtenus par un raisonnement similaire, en écrivant le mouvement comme une somme de sinusoïdes. Dans ce qui suit, nous adaptons et illustrons le raisonnement développé dans [Wood & Henkelman, 1985].

MOUVEMENT SINUSOÏDAL DANS LA DIRECTION DE FREQUENCE

Supposons tout d'abord le mouvement sinusoïdal dans la direction de fréquence :

$$x(t) = x_0 + A_m \sin(\omega_m t + \phi_m). \quad (1.23)$$

Nous considérons une acquisition en écho de spin, ligne par ligne, avec une seule antenne de réception. Dans ce cas, l'espace k est parcouru en N_y expériences (N_y lignes de phases). Avec le mouvement, la densité de protons dépend désormais de l'espace mais aussi du temps : $\rho(x, y, t)$. Si l'on note t_{k_y} l'instant d'acquisition de la ligne k_y , alors le signal IRM est exprimé par :

$$s(k_x, k_y) = \iint_{\Omega} \rho(x, y, t_{k_y}) e^{-i2\pi[k_x x(t_{k_y}) + k_y y]} dx dy. \quad (1.24)$$

On peut alors supprimer la dépendance en temps dans la densité de protons ρ à l'aide du changement de variable $x_0 = x - A_m \sin(\omega_m t)$:

$$s(k_x, k_y) = \iint_{\Omega} \rho(x_0 + A_m \sin(\omega_m t_{k_y} + \phi_m), y, t_{k_y}) e^{-i2\pi[k_x(x_0 + A_m \sin(\omega_m t_{k_y} + \phi_m)) + k_y y]} dx_0 dy. \quad (1.25)$$

Le domaine d'intégration Ω est inchangé car on considère que l'objet en mouvement reste dans le FOV, et que la densité de protons est nulle en dehors de l'objet. Or, puisque la densité de protons à l'instant t_{k_y} , au point déplacé $x_0 + A_m \sin(\omega_m t_{k_y} + \phi_m)$, n'est autre que la densité de protons initiale en x_0 , on peut simplifier l'écriture ainsi :

$$s(k_x, k_y) = \iint_{\Omega} \rho_0(x_0, y) e^{-i2\pi[k_x(x_0 + A_m \sin(\omega_m t_{k_y} + \phi_m)) + k_y y]} dx_0 dy. \quad (1.26)$$

Poursuivons le calcul en utilisant l'identité suivante :

$$e^{-i\alpha \sin(\theta)} = \sum_{p=-\infty}^{\infty} J_p(\alpha) e^{-ip\theta}, \quad (1.27)$$

où J_p est la fonction de Bessel de première espèce d'ordre p . En reportant dans (1.26), on obtient :

$$s(k_x, k_y) = \iint_{\Omega} \rho_0(x_0, y) e^{-i2\pi(k_x x_0 + k_y y)} dx_0 dy \sum_{p=-\infty}^{\infty} J_p(2\pi k_x A_m) e^{-ip(\omega_m t_{k_y} + \phi_m)}. \quad (1.28)$$

Ou encore, en notant \mathcal{F} l'opérateur de transformée de Fourier :

$$s(k_x, k_y) = \mathcal{F}^{-1}\{\rho\}(k_x, k_y) \cdot \sum_{p=-\infty}^{\infty} J_p(2\pi k_x A_m) e^{-ip(\omega_m t_{k_y} + \phi_m)}. \quad (1.29)$$

L'image reconstruite par transformée de Fourier du signal, notée $\tilde{\rho}(x, y)$, peut être calculée en utilisant la propriété que les produits dans le domaine spatial donnent des produits de convolution dans le domaine de Fourier :

$$\tilde{\rho} = \mathcal{F}\{s\} = \rho *_x *_y \sum_{p=-\infty}^{\infty} \mathcal{F}\{J_p(2\pi k_x A_m) e^{-ip(\omega_m t_{k_y} + \phi_m)}\}, \quad (1.30)$$

où $*_x$ et $*_y$ désignent le produit de convolution dans la dimension x et y respectivement. La PSF est obtenue, par définition, pour $\rho(x, y) = \delta(x - x_0)\delta(y - y_0)$, δ étant l'impulsion de Dirac :

$$PSF(x, y) = \delta(x - x_0)\delta(y - y_0) *_x *_y \sum_{p=-\infty}^{\infty} \mathcal{F}\{J_p(2\pi k_x A_m) e^{-ip(\omega_m t_{k_y} + \phi_m)}\}. \quad (1.31)$$

On peut expliciter davantage le terme dans la somme. On suppose pour cela que le temps d'acquisition de la ligne k_y est : $t_{k_y} = k_y N_y T_R$, où T_R est le temps de répétition de l'expérience. Alors, en séparant les parties dépendant de x et de y :

$$\begin{aligned} & \mathcal{F}\{J_p(2\pi k_x A_m) e^{-ip(\omega_m t_{k_y} + \phi_m)}\}(x, y) \\ &= \mathcal{F}_x\{J_p(2\pi k_x A_m)\}(x) \cdot \delta\left(y - p \frac{\omega_m T_R N_y}{2\pi}\right) e^{-ip\phi_m}. \end{aligned} \quad (1.32)$$

La transformée de Fourier de la fonction de Bessel peut s'exprimer à l'aide des polynômes de Chebyshev de première espèce d'ordre p , notés T_p , soit :

$$\mathcal{F}_x\{J_p(2\pi k_x A_m)\}(x) = \begin{cases} \frac{2(-i)^p T_p(x/A_m)}{\sqrt{A_m^2 - x^2}} & \text{si } |x| < A_m \\ 0 & \text{si } |x| > A_m \end{cases}. \quad (1.33)$$

Finalement, la PSF s'exprime sous la forme :

$$PSF(x, y) = \begin{cases} \delta(x - x_0)\delta(y - y_0) *_x *_y \sum_{p=-\infty}^{\infty} e^{-ip\phi_m} \frac{2(-i)^p T_p(x/A_m)}{\sqrt{A_m^2 - x^2}} \cdot \delta\left(y - p \frac{\omega_m T_R N_y}{2\pi}\right) & \text{si } |x| < A_m \\ 0 & \text{si } |x| > A_m \end{cases} \quad (1.34)$$

Ainsi, on voit qu'un point initialement en (x_0, y_0) et oscillant dans la direction x verra son signal dispersé, à la fois dans la dimension x , selon le terme de gauche dans la somme, mais aussi dans la direction y , selon le terme de droite.

La dispersion selon y se fait sous forme de répliquas régulièrement espacés, à l'origine des artéfacts de type fantôme. L'espacement entre ces répliquas est une fraction $\frac{\omega_m T_R}{2\pi}$ du champ de vue dans la

direction de phase. On peut réécrire cet espacement comme le rapport de la fréquence du mouvement sur la fréquence d'acquisition des lignes de phase : $\frac{v}{f_{acq}}$. Si $\frac{v}{f_{acq}} > \Delta x$, alors l'espacement est supérieur à Δx et donc les fantômes sortent du champ de vue. De manière générale pour un signal non sinusoïdal, les mouvements à plus basses fréquences provoqueront des fantômes qui apparaîtront dans le champ de vue. Ceci est important en particulier pour les mouvements respiratoires ou encore les dérives des organes observées lors d'apnées imparfaites, qui contiennent des composantes à basses ou très basses fréquences. Enfin, augmenter l'intervalle entre l'acquisition des lignes de phases permet également d'augmenter l'espacement.

La dispersion en x se traduit quant à elle par un flou, se manifestant sur une distance $2A_m$ (l'amplitude du mouvement). La forme de la dispersion dépend de l'amplitude du mouvement et de l'indice n du réplica (voir Figure 1-22). En plus d'être bornée, la dispersion fait apparaître une concentration du signal près des extrémités du mouvement, positions les plus fréquentes statistiquement dans un mouvement sinusoïdal.

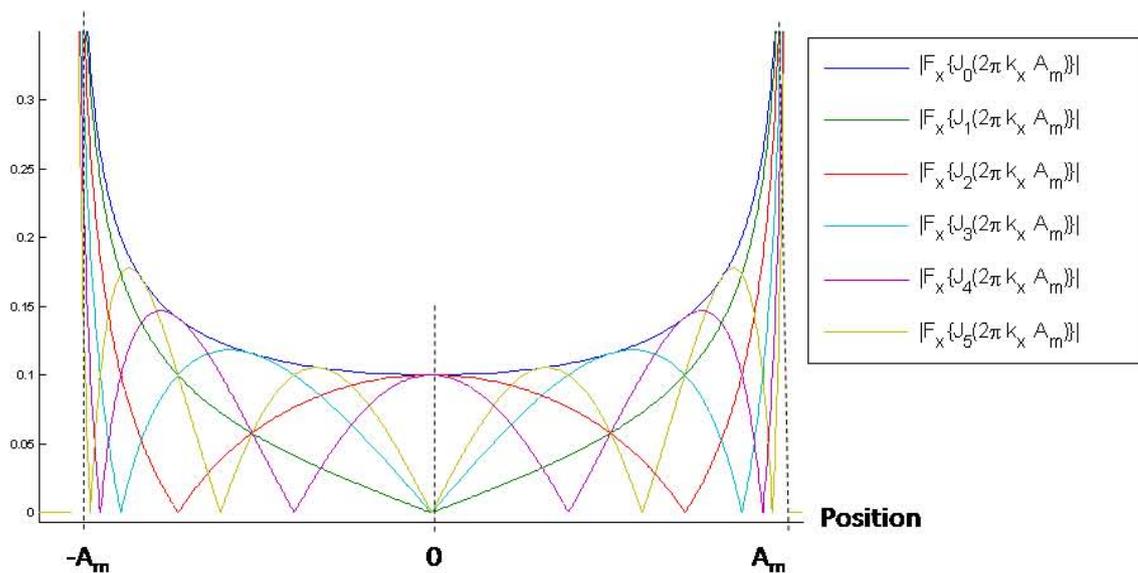


Figure 1-22 Profil de dispersion du signal (en module) dans la direction de fréquence

La phase du signal du fantôme d'ordre n est modulée par le terme $J_n(x)$, ce qui aura pour conséquence de changer la part du signal réel et imaginaire dans le signal fantôme, mais cela ne jouera pas sur son module.

Enfin, notons que la PSF que nous venons de calculer est celle de la version continue du processus d'acquisition/reconstruction. Afin de ne pas alourdir l'écriture, nous avons donc omis les termes correspondant à la discrétisation du problème (multiplications/convolutions avec des peignes de Dirac/fonctions portes). Deux modifications sont alors à prendre en compte. La première est la

diminution de l'intensité du signal des répliques à mesure qu'ils s'éloignent du centre de l'espace k . Ceci peut s'expliquer par le fait que le terme de dispersion dans la direction x (représenté à la Figure 1-22), pour les valeurs de p élevées, présente des pics à hautes fréquences qui sont filtrés lors de la discrétisation. La deuxième modification est liée à la périodicité de l'image introduite par la discrétisation de l'espace de Fourier (comme nous l'avons décrite dans la Figure 1-14). Par conséquent, si des répliques d'ordre p élevé sortent du champ de vue mais ne voient pas leur intensité suffisamment diminuée, ils peuvent apparaître tout de même dans le champ de vue à cause du repliement.

MOUVEMENT SINUSOÏDAL DANS LA DIRECTION DE PHASE

Dans le cas d'un mouvement sinusoïdal dans la direction y , selon

$$y(t) = y_0 + A_m \sin(\omega_m t + \phi_m), \quad (1.35)$$

le raisonnement est très similaire, seul le calcul de la somme étant légèrement différent. La somme ne dépend plus de x , et donc le produit dans le domaine spatial aboutit à une convolution dans le domaine de Fourier, dans la direction y . On obtient alors la PSF suivante :

$$PSF(x, y) = \begin{cases} \delta(x - x_0) \delta(y - y_0) *_x *_y \sum_{p=-\infty}^{\infty} (-1)^p \frac{2(-i)^p T_p(y/A_m)}{\sqrt{A_m^2 - y^2}} *_y \delta\left(y - p \frac{\omega_m T_R N_y}{2\pi}\right) e^{-ip\phi_m} & \text{si } |y| < A_m \\ 0 & \text{si } |y| > A_m \end{cases} \quad (1.36)$$

Le terme $(-1)^p$ vient du fait que, dans la séquence d'écho de spin, la phase est inversée lors de chaque impulsion RF à 180° . Cette fois, on obtient également des répliques espacés régulièrement, de $\frac{\omega_m T_R}{2\pi}$, en revanche le terme de flou se manifeste dans la direction y (toujours sur une bande bornée par l'amplitude A_m du mouvement). Les conclusions sur la relation entre fréquence du mouvement et apparition ou non des fantômes dans le champ de vue sont les mêmes que pour le mouvement en x .

Les calculs précédents se généralisent au cas 3D en ajoutant le terme d'encodage de phase dans la direction z . Le temps séparant l'acquisition de deux lignes de phase successives dans la direction z est plus grand que dans la direction y , car on doit acquérir toutes les lignes de phase en y avant d'incrémenter le gradient z . Ainsi, l'espacement entre les fantômes dans la direction z sera N_y fois plus grand qu'en y .

1.3.3.3 EVALUATION EXPERIMENTALE DE LA PSF

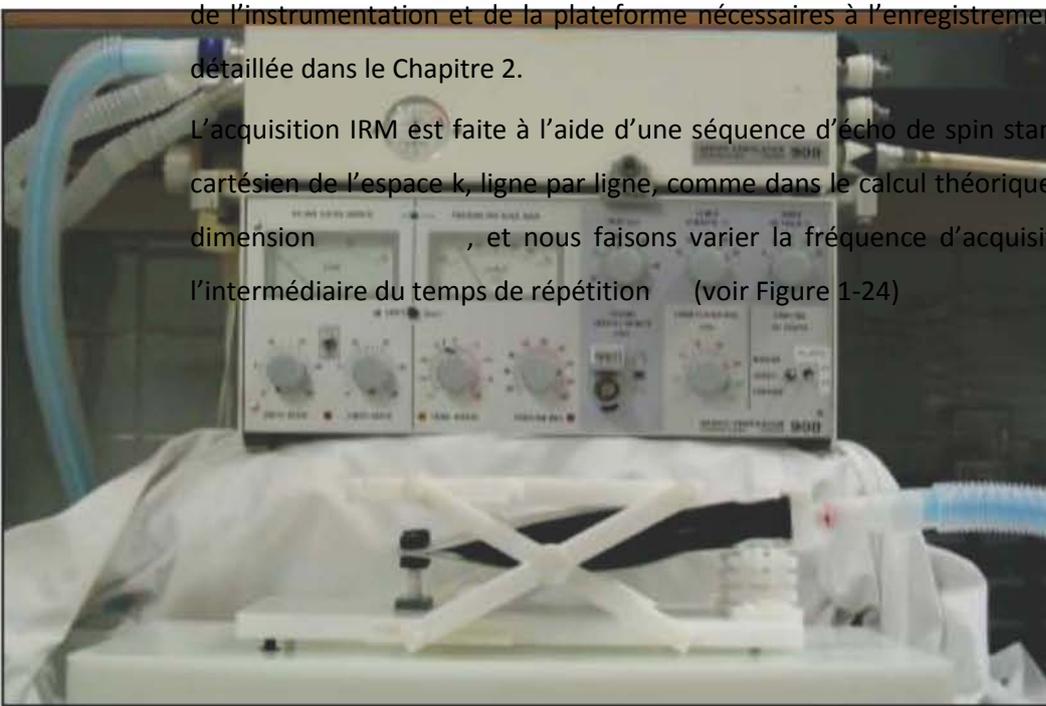
Afin de vérifier les résultats prédits par la PSF théorique que nous venons de calculer, nous avons mis en œuvre le dispositif expérimental suivant. Une plateforme mobile, développée au sein du laboratoire, permet de réaliser des mouvements de translation périodiques de haut en bas, à l'aide d'une commande pneumatique délivrée par un ventilateur (voir photo à la Figure 1-23).



Figure 1-23 Plateforme mobile et ventilateur utilisé pour la commande pneumatique

L'évaluation expérimentale de la PSF peut se faire à l'aide d'une distribution de spins proche d'un Dirac. Pour cela, nous disposons une petite bille de gadolinium de diamètre 8 mm (BrainLAB, Heimstetten, Allemagne), sur la partie mobile de la plateforme. Un objet statique « visible » à l'IRM est ajouté afin de disposer de suffisamment de signal IRM pour réaliser l'acquisition. Les paramètres de la commande pneumatique sont choisis de façon à réaliser un mouvement proche d'une sinusoïde (0,24 Hz ici, voir Figure 1-24). Une ceinture pneumatique est disposée sur la partie mobile afin de suivre et d'enregistrer le mouvement réel au cours du temps. Une description plus complète de l'instrumentation et de la plateforme nécessaires à l'enregistrement des différents signaux sera détaillée dans le Chapitre 2.

L'acquisition IRM est faite à l'aide d'une séquence d'écho de spin standard, effectuant un parcours cartésien de l'espace k , ligne par ligne, comme dans le calcul théorique précédent. L'espace k est de dimension $k_x \times k_y$, et nous faisons varier la fréquence d'acquisition des lignes de phase par l'intermédiaire du temps de répétition TR (voir Figure 1-24)



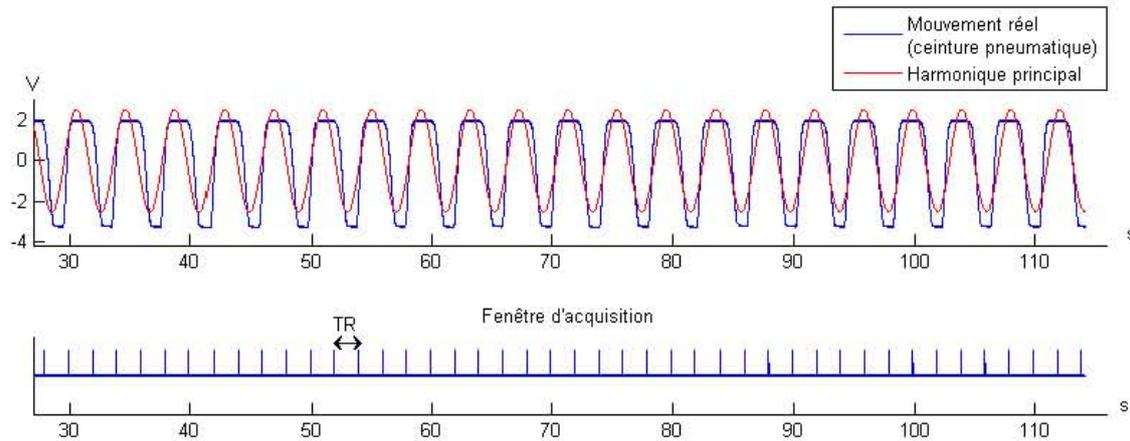


Figure 1-24 Mouvement décrit par la plateforme et fréquence d'acquisition des lignes de phase

Les résultats présentés à la Figure 1-25 montrent les artéfacts apparaissant sur les images reconstruites, lorsque le mouvement se produit dans la direction de fréquence. Nous présentons le module des images uniquement, car le comportement en phase dépend du terme de phase du mouvement, qui est difficile à évaluer puisque le mouvement réel de la plateforme n'est pas parfaitement périodique. La forme et l'espacement entre les répliques observés dans les images reconstruites sont très similaires à ceux prédits par le calcul théorique de la PSF. Notamment, l'espacement entre les répliques augmente bien lorsque le Δt augmente et, à chaque réplique, le signal se disperse dans la direction du mouvement, produisant un flou, avec des pics d'intensité aux extrémités. Comme nous l'avons signalé, la PSF théorique ne modélise pas le processus de discrétisation, et de ce fait ne rend pas compte de la décroissance du signal des répliques à mesure qu'ils s'éloignent du centre. Notons que, dans les images présentées, la partie immobile ne l'est pas parfaitement, ce qui explique qu'elle soit à l'origine d'artéfacts fantômes également.

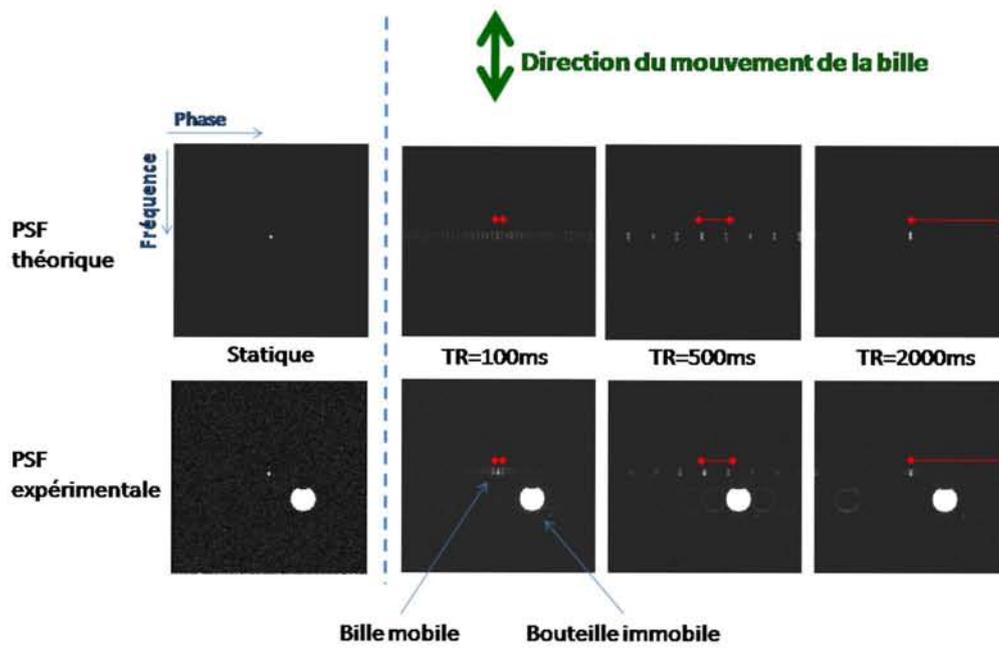


Figure 1-25 PSF théorique et expérimentale pour un mouvement sinusoïdal en fréquence

La même expérience est ensuite répétée en inversant la direction de phase et de fréquence. Le mouvement est donc désormais dans la direction de phase. La Figure 1-26 montre que les répliques se produisent toujours dans la direction de phase, mais la dispersion sous forme de flou se fait toujours dans la direction du mouvement, c'est-à-dire en .

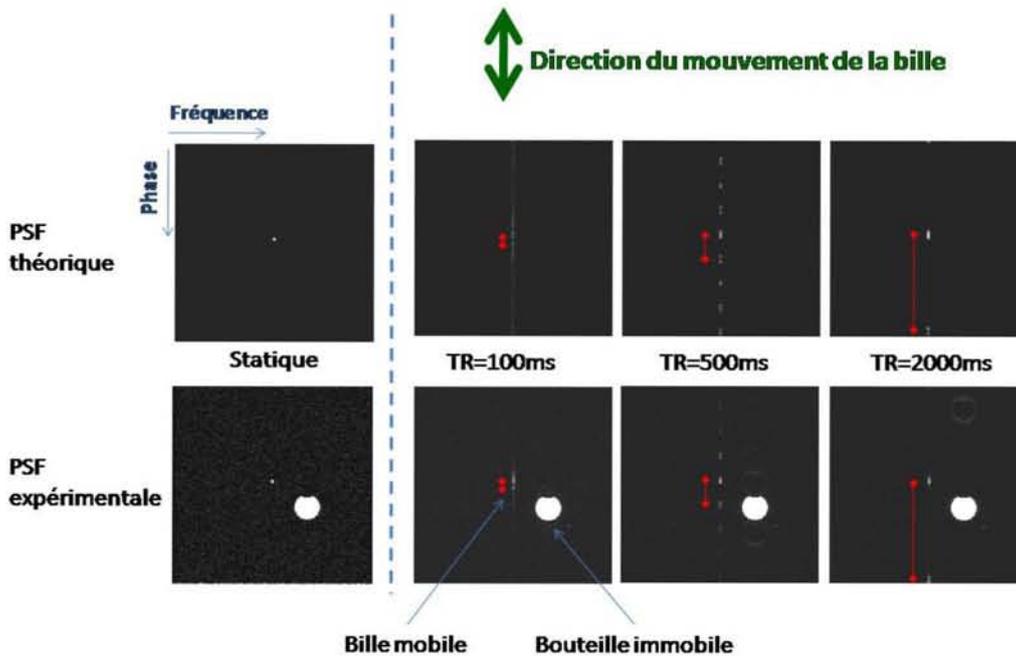


Figure 1-26 PSF théorique et expérimentale pour un mouvement sinusoïdal en phase

1.4 CONCLUSION SUR LA PROBLEMATIQUE DU MOUVEMENT EN IRM

L'IRM est un processus complexe qui nécessite la maîtrise de toutes les étapes qui mènent à la formation de l'image. Cela inclut la connaissance du phénomène de résonance magnétique et des propriétés physico-chimiques des tissus, une très grande exigence au niveau de la technologie utilisée (homogénéité du champ magnétique principal, linéarité des gradients de champ magnétiques, temps de commutation très faibles...), et le recours à une multitude de techniques ou d'astuces permettant de corriger certaines imperfections matérielles, de diminuer le temps d'acquisition, d'obtenir un meilleur SNR, de produire un contraste particulier, etc... Cet équilibre est relativement fragile et se trouve perturbé lorsque des hypothèses de bases ne sont plus vérifiées. Dans ce contexte, le mouvement du patient devient un facteur important à prendre en compte.

Nous proposons de nous intéresser aux mouvements physiologiques et plus particulièrement aux mouvements cardiaques et respiratoires. Nous considérerons que le mouvement intra-acquisitions est négligeable, ou que ses effets peuvent être compensés par des techniques telles que l'annulation des moments d'ordre 1 des gradients. Ainsi le mouvement sera supposé inter-acquisitions, et son influence se fera sentir uniquement sur le processus d'encodage spatial. La deuxième hypothèse que nous faisons est la conservation de l'intensité du signal IRM. Cela suppose de se placer dans des conditions expérimentales permettant d'éviter, entre autres, les phénomènes de sortie de coupe ou l'arrivée rapide d'un produit de contraste pendant la séquence.

L'étude théorique et expérimentale de la PSF résultant d'un mouvement sinusoïdal nous a permis de voir que l'encodage spatial est modifié de façon complexe. Cela se traduit par un flou dans la direction du mouvement, et des motifs répétés dans la direction de phase. Tout mouvement périodique d'un voxel peut être décomposé en une somme de sinusoïdes par l'intermédiaire de sa série de Fourier. Un mouvement quelconque peut également être approché par une somme de sinusoïdes grâce à sa transformée de Fourier discrète. Connaissant la trajectoire d'acquisition et le mouvement, un raisonnement similaire à celui que nous avons appliqué permet en théorie de prédire les artéfacts créés par le mouvement de ce voxel. Pour une distribution de spins assujettie à des déplacements non uniformes (translations par morceaux, rotations, dilatations, mouvements élastiques...), il est possible, en raison de la linéarité du système IRM (acquisition puis reconstruction par transformée de Fourier), d'étudier l'influence du mouvement de chaque voxel indépendamment, et de sommer les différentes contributions afin de prédire les artéfacts qui apparaîtront dans l'image finale.

Plusieurs solutions peuvent être envisagées afin de minimiser ces effets ou de s'en affranchir. On peut regrouper ces solutions en deux catégories. La première regroupe les techniques de synchronisation, qu'elles soient prospectives, c'est-à-dire visant à toujours acquérir les données dans

les mêmes configurations cardio-respiratoires, ou rétrospectives, c'est-à-dire en effectuant un tri, *a posteriori*, de façon à réaffecter les données à la phase cardio-respiratoire dans laquelle elles ont été acquises. Ces méthodes requièrent un niveau de reproductibilité élevé du mouvement. La deuxième catégorie consiste à corriger les données acquises afin de compenser les artéfacts causés par le mouvement. Nous étudierons deux directions de recherches : l'une se basant sur la suppression de données corrompues par le mouvement, applicable dans les cas où la synchronisation est possible mais imparfaite, et l'autre s'attaquant directement au problème d'inversion du processus de production des artéfacts, dans un cadre général prenant en compte des mouvements physiologiques complexes.

La mise en œuvre des méthodes de correction nécessite de disposer d'informations *a priori* sur les mouvements du patient. Dans l'approche proposée, nous nous appuyerons sur les données issues de capteurs externes, tels que des ceintures respiratoires ou l'électrocardiogramme (ECG). L'analyse de ces données et leur intégration aux processus d'acquisition et de reconstruction requiert la conception et le développement d'une plateforme dédiée. Ainsi nous disposerons des outils appropriés afin d'acquérir, de façon synchrone, des informations physiologiques variées, ainsi que les événements IRM importants (formes d'ondes RF, commandes des gradients, fenêtre d'acquisition des données IRM). La plateforme devra offrir également des possibilités de prétraitements des signaux, et d'interaction en temps-réel avec les séquenceurs IRM. Il sera également possible de constituer des bases de données d'enregistrements physiologiques couplés à l'acquisition des données brutes IRM, et d'utiliser ces données de façon rétrospective, en reconstruction.

CHAPITRE 2 ACQUISITION ET TRAITEMENT DE SIGNAUX PHYSIOLOGIQUES PENDANT L'EXAMEN IRM

Nous définissons l'imagerie adaptative comme étant l'ensemble des techniques permettant d'adapter le processus d'imagerie au patient, afin de tenir compte de la physiologie et du mouvement du patient ou de ses organes.

Nous proposons de nous appuyer sur les données issues de capteurs externes, tels que des ceintures respiratoires ou l'ECG, afin d'introduire des informations de mouvements *a priori* dans les processus d'acquisition et de reconstruction IRM. Ces capteurs fournissent en effet des informations précieuses, disponibles pendant toute la durée de l'examen IRM, et sont déjà utilisées en pratique clinique pour le monitoring du patient (rythme cardiaque, suivi des apnées...) et également pour la synchronisation cardiaque (détection des ondes R de l'ECG).

Mais ces informations ne sont pas exploitées de façon optimale, pour diverses raisons. Premièrement, ces signaux sont acquis dans un environnement électromagnétique « hostile » (champ magnétique statique, gradients et RF), ce qui rend difficile leur acquisition et leur prétraitement, en particulier pour les signaux électrophysiologiques comme l'ECG. Deuxièmement, ces informations donnent une représentation du mouvement qui est indirecte (activité électrique des cellules myocardiques pour l'ECG) ou partielle (mesures des mouvements en surface pour les ceintures respiratoires). Il apparaît donc nécessaire d'avoir recours à des méthodes de modélisation et de traitement de signal spécifiques, afin d'extraire les informations d'intérêt, et d'établir le lien entre ces « projections » du mouvement et les positions réelles ou les déplacements réels des organes.

Par ailleurs, certaines de ces informations doivent être disponibles en temps réel, c'est-à-dire qu'elles doivent être actualisées de façon déterministe, avec un délai de traitement borné et faible devant la période du mouvement physiologique considéré. C'est le cas des techniques de synchronisation cardiaque prospective en particulier.

Afin de répondre à ces contraintes et limitations, nous proposons la mise en œuvre d'une plateforme dédiée à l'acquisition et au traitement des signaux physiologiques. La flexibilité et l'évolutivité de la plateforme seront des critères importants dans son développement, car le champ d'applications de l'imagerie adaptative est large. Une partie seulement de ces applications sera abordée dans cette thèse, avec un intérêt plus particulier pour la reconstruction. Mais nous donnerons également quelques exemples d'évolutions rendues possibles par la plateforme, et qui font actuellement l'objet de travaux de recherche parallèles au sein du laboratoire.

2.1 INTERET D'UNE PLATEFORME DEDIEE A L'ACQUISITION ET AU TRAITEMENT DES SIGNAUX PHYSIOLOGIQUES

2.1.1 STRATEGIES D'ACQUISITION GENERALEMENT UTILISEES POUR S'AFFRANCHIR DU MOUVEMENT

Dans un certain nombre de cas, on utilise déjà les signaux physiologiques pour adapter le processus d'imagerie au patient. Cette adaptation peut se faire à différents niveaux de la chaîne d'acquisition-reconstruction. On distingue les méthodes prospectives, qui agissent en amont de l'acquisition, des méthodes rétrospectives, qui agissent en aval. Il convient également de distinguer les techniques de synchronisation des techniques de correction des mouvements. Les techniques de synchronisation reviennent à sélectionner ou à classer les données d'acquisition, de façon à s'affranchir du mouvement. Cela permet de corriger les effets du mouvement de façon indirecte, sans « mélanger » les données acquises dans des phases cardiaques ou respiratoires différentes. Au contraire, les techniques de correction de mouvements visent à modéliser le mouvement dans le but de combiner les données acquises dans des configurations cardiaques ou respiratoires différentes. L'objectif est alors de reconstruire une image ou un volume dans une position de référence, en « recalant » toutes les acquisitions par rapport à cette référence.

Ces différentes approches de synchronisation et de correction peuvent être combinées et donner lieu à une multitude de stratégies d'acquisition. Par exemple, une technique couramment utilisée lors d'un examen clinique consiste à fixer la phase respiratoire en demandant au patient de réaliser une apnée, à acquérir les données de façon continue, et à reconstruire les différentes phases cardiaques par synchronisation rétrospective. Une autre stratégie possible est d'utiliser la synchronisation cardiaque prospective pour « geler » la phase cardiaque, et de corriger les mouvements respiratoires en reconstruction.

Dans ce qui suit, nous présentons les principales techniques actuellement utilisées lors d'examens cliniques perturbés par le mouvement, à savoir la coopération du patient (essentiellement par l'apnée), et les techniques de synchronisation. Nous évoquons ensuite des techniques plus récentes, telles que d'imagerie dynamique rapide et la correction de mouvements prospective. Des méthodes de corrections de mouvements en reconstruction sont également possibles, mais ne seront pas abordées ici, car le Chapitre 4 y sera consacré.

2.1.1.1 TECHNIQUES NECESSITANT LA COOPERATION DU PATIENT

A la différence des mouvements cardiaques, la respiration peut, dans une certaine mesure, être contrôlée par le patient. Généralement, on a recours à l'apnée, lorsque cela s'avère possible, pour

imager les organes sensibles aux mouvements respiratoires. Une apnée dure entre 20 et 30 secondes au maximum dans le cadre d'un examen clinique. Exceptionnellement et à des fins de recherche, certains sujets sains sont capables de réaliser des apnées longues de plusieurs minutes.

Il est possible également de demander au patient de respirer de façon contrôlée, afin que son cycle respiratoire soit reproductible en termes d'amplitude ou de fréquence. Cela nécessite la mise en œuvre d'un dispositif particulier. En effet, le signal de monitoring du mouvement respiratoire doit être renvoyé au patient sous la forme d'une courbe par exemple, qui est affichée et mise à jour en temps réel. Une interface de commande du dispositif doit permettre de placer des seuils dans lesquels le patient essaie de se positionner de façon reproductible, ou encore une courbe « modèle » sur laquelle il essaie de se caler. La mise en place du système d'affichage, dans l'environnement IRM, pose néanmoins des problèmes techniques et pratiques non négligeables. Des systèmes commerciaux existent actuellement mais restent onéreux et peu utilisés en clinique.

2.1.1.2 TECHNIQUES DE SYNCHRONISATION

Les techniques de synchronisation sont très utilisées dans les examens cliniques, en particulier la synchronisation cardiaque. Cette dernière est généralement combinée avec l'apnée pour s'affranchir de l'ensemble des mouvements cardio-respiratoires. Lorsque le temps d'acquisition est supérieur à une vingtaine de secondes, par exemple lors de certaines séquences 3D haute résolution, telles que l'imagerie des coronaires, l'apnée n'est plus possible et l'on peut avoir recours également à la synchronisation respiratoire.

SIGNAUX DE SYNCHRONISATION

Plusieurs signaux peuvent être utilisés pour la synchronisation cardiaque. L'ECG est le plus utilisé. Il donne une information sur l'activité électrique du cœur, qui précède l'activité mécanique, et donc la contraction. L'oxymétrie de pouls permet également de fournir un signal de synchronisation [Denslow & Buckles, 1993], facile à mettre en œuvre, mais elle se base sur une conséquence de l'activité cardiaque (la saturation artérielle en oxygène), et introduit donc un délai intrinsèque de plusieurs centaines de millisecondes. Enfin, des méthodes auto-synchronisées (« self-gating ») ont été proposées [Larson *et al.*, 2004, Crowe *et al.*, 2004], et se basent sur les données brutes IRM pour extraire un signal de synchronisation. Mais ces méthodes ne sont applicables que pour la synchronisation rétrospective, et sont limitées à des stratégies d'acquisition de l'espace k particulières. L'ECG fait donc office de méthode de référence, mais son acquisition, comme nous le verrons dans la partie 2.1.3, subit des perturbations du fait de l'environnement électromagnétique particulier. Malgré cela, il est disponible pendant toute la durée de l'examen, et donne une

information à résolution temporelle élevée, qui peut être analysée en temps-réel. De plus, l'ECG est requis pour le monitoring de certains patients, lors d'examen sous anesthésie, ou encore en IRM interventionnelle.

La synchronisation respiratoire se distingue quelque peu de la synchronisation cardiaque. Les mouvements cardiaque et respiratoire sont pseudo-périodiques. En première approximation, on peut les représenter par des signaux périodiques modulés en amplitude et en fréquence. Synchroniser l'acquisition IRM sur l'ECG revient à le démoduler en fréquence, en détectant les instants de début de chaque cycle cardiaque. La variation d'amplitude du mouvement cardiaque est supposée négligeable. En revanche, le mouvement respiratoire présente une grande variabilité à la fois en fréquence et en amplitude. On se base plutôt sur l'amplitude que sur la phase respiratoire pour synchroniser. On fixe généralement un seuil sur l'amplitude de la respiration, de façon à acquérir les données, par exemple, pendant des plateaux expiratoires reproductibles. Le signal d'amplitude peut être déduit de données IRM, à l'aide d'écho-navigateurs (voir Figure 2-1), ou de capteurs externes, tels que la ceinture respiratoire pneumatique. Les écho-navigateurs peuvent cibler des organes et ainsi suivre des mouvements internes, au contraire de la ceinture respiratoire, qui donne une mesure de mouvement en surface (thorax ou abdomen). En revanche, l'écho navigateur ne peut pas être localisé facilement dans la même zone du corps que le plan ou le volume d'intérêt, car il induit une modification de l'aimantation susceptible de créer des artéfacts dans l'image.

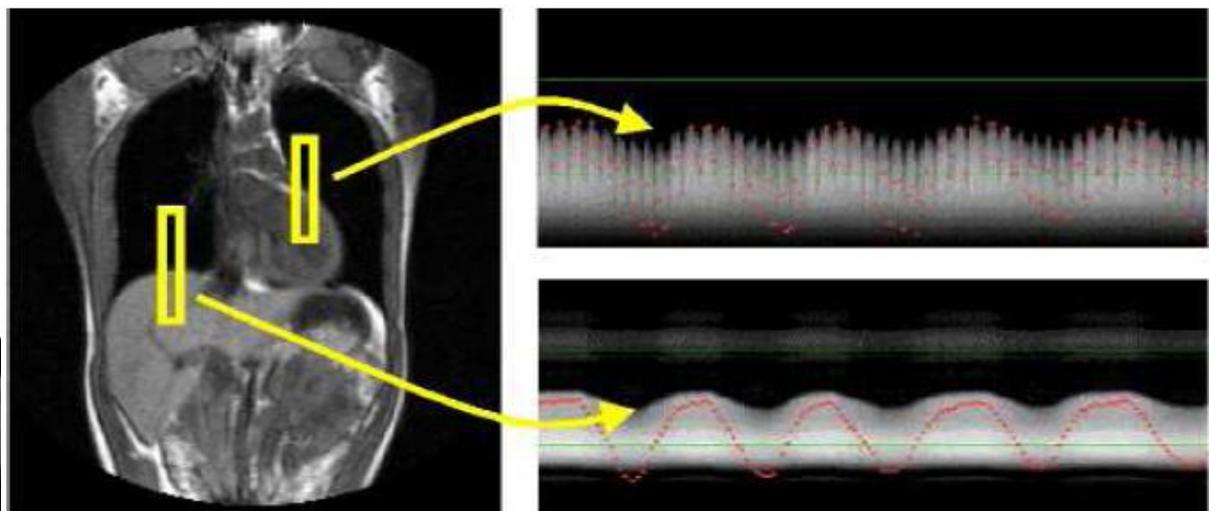


Figure 2-1 Principe de l'écho-navigateurs [Nehrke *et al.*, 2001]

SYNCHRONISATION RESPIRATOIRE

Le principe de la synchronisation respiratoire

continue, et de réaffecter rétroactivement les données à la phase cardiaque ou respiratoire dans

laquelle elles ont été acquises. Cette technique est très utilisée pour la synchronisation cardiaque à l'aide de l'ECG (voir Figure 2-2). En revanche, elle est moins répandue pour la synchronisation respiratoire, car cela nécessite une grande reproductibilité du mouvement d'un cycle à l'autre, alors que les mouvements respiratoires peuvent être très variables en amplitude.

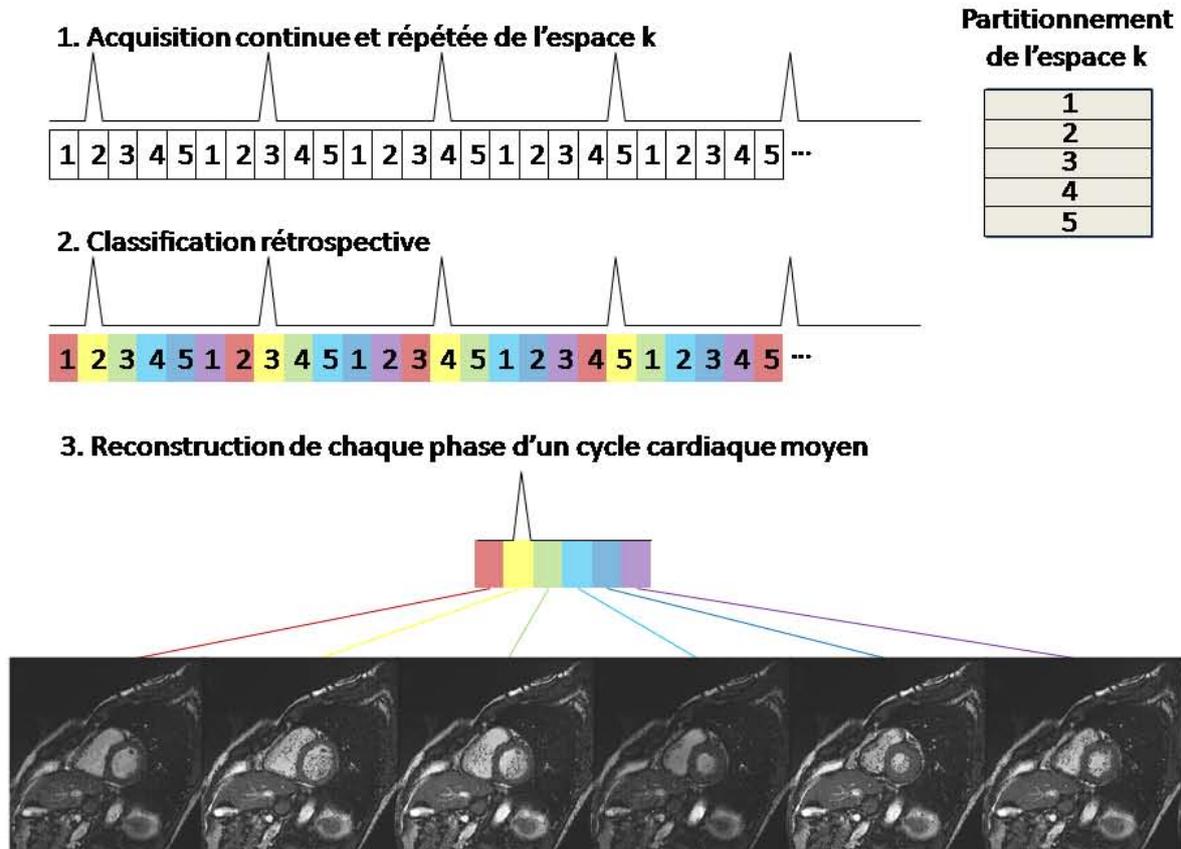


Figure 2-2 Synchronisation cardiaque rétrospective

Chaque phase cardiaque doit contenir, à la fin de l'acquisition, des données couvrant la totalité de l'espace k (ou la majeure partie). Cela nécessite que la durée d'acquisition d'un espace k ne soit pas un multiple de la période du battement cardiaque. Le rythme cardiaque n'étant jamais parfaitement constant, l'acquisition des différentes partitions de l'espace k est échantillonnée à des instants du cycle cardiaque non-uniformément répartis, et donc la reconstruction peut être vue comme un problème d'interpolation dans la dimension temporelle.

SYNCHRONISATION PROSPECTIVE

La synchronisation prospective a pour but de déclencher l'acquisition IRM dans une phase cardiaque ou respiratoire d'intérêt à l'aide d'un « trigger » (voir Figure 2-3). Pour la synchronisation cardiaque prospective utilisant l'ECG, le signal de synchronisation est fourni par la détection de l'onde R, qui

correspond à l'activation électrique des cellules du ventricule gauche, précédant sa contraction et donc l'éjection du sang. Le trigger delay (TD) permet de retarder le départ de l'acquisition par rapport à l'onde R, en fonction de la phase cardiaque d'intérêt (systole, diastole, télé-diastole...). Le trigger window (TW) représente le pourcentage du cycle cardiaque moyen que l'on désire laisser vacant à la fin du cycle cardiaque. C'est en fonction des paramètres TD et TW qu'est déterminé le temps alloué à l'acquisition de l'espace k pour chaque cycle cardiaque. On suppose alors que le cœur est immobile pendant la période d'acquisition.

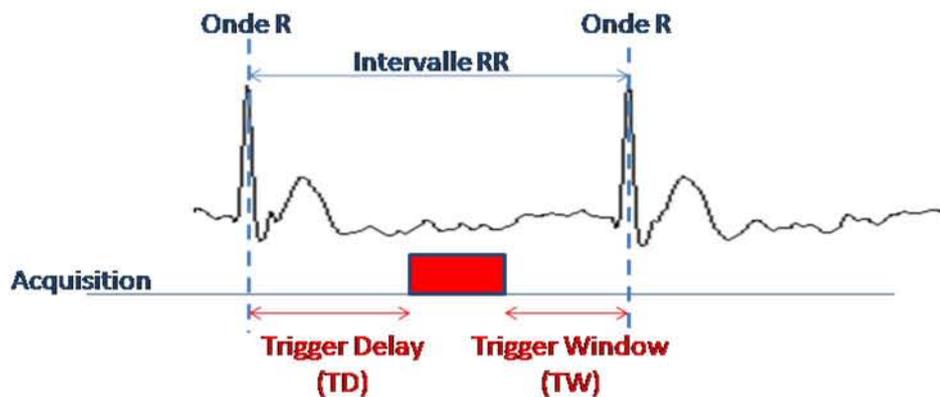


Figure 2-3 Synchronisation cardiaque prospective

L'importance de la synchronisation cardiaque est visible sur l'exemple de la Figure 2-4, où des erreurs de synchronisation ont été générées : sur l'image de gauche, 70% de l'acquisition a été réalisée en systole, contre 30% en diastole.

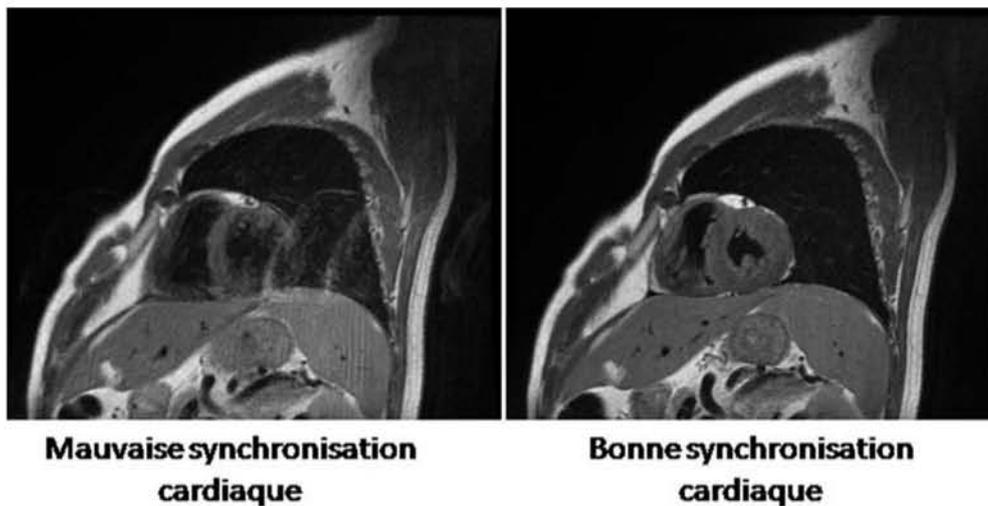


Figure 2-4 Influence de la synchronisation cardiaque

Pour s'affranchir des mouvements respiratoires, la synchronisation prospective peut se faire en plaçant une fenêtre d'acceptation sur une courbe respiratoire fournie par des données écho-

navigateurs ou par un capteur de mouvement. Le temps d'acquisition est alors allongé inévitablement, et ce d'autant plus que la fenêtre d'acceptation est restrictive. Un compromis est alors nécessaire entre la taille de la fenêtre et la qualité de l'image obtenue, puisque le mouvement résiduel pourra induire des artéfacts de type flou ou fantôme.

La stratégie d'acquisition de l'espace k peut aussi être déterminée en fonction du cycle respiratoire. La technique ROPE (Respiratory Ordered Phase Encoding) [Bailes *et al.*, 1985] a été proposée à cet effet. Une stratégie est définie pour répartir, à l'intérieur de la fenêtre d'acceptation, l'ordre d'acquisition des lignes de phase de l'espace k . Les lignes centrales de l'espace k (basses fréquences spatiales, contraste) sont acquises préférentiellement dans une sous-fenêtre d'acceptation plus restrictive, alors que les données à la périphérie (hautes fréquences spatiales) sont acquises dans le reste de la fenêtre d'acceptation. L'essentiel de l'énergie étant regroupé au centre de l'espace k , cela a pour effet de limiter l'énergie des artéfacts qui seront produits par les mouvements résiduels. En revanche, les hautes fréquences, c'est-à-dire les détails de l'image, seront plus affectés.

2.1.1.3 IMAGERIE DYNAMIQUE RAPIDE

Une manière indirecte de s'affranchir du mouvement est de réduire le temps d'acquisition des images. Les évolutions technologiques, telles que l'augmentation de la vitesse de commutation des gradients ou l'acquisition multi-antennes, et le développement de séquences rapides (SSFP en particulier), ont déjà permis de réduire considérablement la durée d'acquisition nécessaire pour atteindre un SNR et une résolution spatiale/temporelle déterminée. Dans le cas d'acquisitions dynamiques, c'est-à-dire mettant en jeu un processus évoluant dans le temps, des techniques particulières ont été proposées pour réduire davantage encore le temps d'acquisition. Le principe sous-jacent est très simple : les images acquises aux différents instants du processus dynamique sont très fortement corrélées entre elles. Il doit donc être possible de compresser l'acquisition dans la dimension temporelle, dans une large mesure, en exploitant ces corrélations temporelles.

Les méthodes UNFOLD (Unaliasing by Fourier-Encoding the Overlaps Using the Temporal Dimension) [Madore *et al.*, 1999], puis k - t BLAST (Broad-use Linear Acquisition Speed-up Technique) [Tsao *et al.*, 2003], entre autres, ont été proposées à cet effet. L'acquisition du processus dynamique est alors décrite par le remplissage de l'espace k - t , t désignant la dimension temporelle. Les auteurs montrent qu'il est possible, pour les processus dynamiques à bande passante réduite dans la dimension temporelle, de reporter sur la bande passante temporelle non-utilisée une partie de l'information spatiale. En effet, sous-échantillonner l'information temporelle en-dessous de la limite de Shannon revient à créer un repliement de son spectre. Avec la méthode UNFOLD, on suppose que la dynamique est à bande passante étroite. Les répliques composant le spectre restent distincts, et donc

peuvent être séparés par filtrage. Le repliement reste contrôlé et peut être inversé, de façon à reconstruire la série dynamique complète. La technique k-t BLAST peut être vue comme une généralisation de UNFOLD, dans la mesure où un repliement plus complexe peut être inversé, y compris dans le cas où les spectres ne sont plus distinct, c'est-à-dire se recouvrent. Cela est possible grâce à un apprentissage du mouvement, réalisé au préalable à l'aide d'une séquence à basse résolution spatiale, permettant d'estimer l'allure du spectre temporel. C'est cette connaissance *a priori* qui permet de déplier le signal de l'espace k-t. UNFOLD, comme k-t BLAST, ont été étendus à l'acquisition multi-antenne avec UNFOLD-SENSE [Madore, 2004] et k-t SENSE [Tsao *et al.*, 2003] respectivement, ce qui permet d'utiliser également de la redondance d'informations apportée par le réseau d'antennes, pour accélérer encore davantage l'acquisition dynamique. Un sous-échantillonnage d'un facteur 2 dans la dimension spatiale, et d'un facteur 2 dans la dimension temporelle permet de diviser par 4 le temps nécessaire par rapport à une acquisition conventionnelle, ce qui représente déjà un gain considérable (voir Figure 2-5).

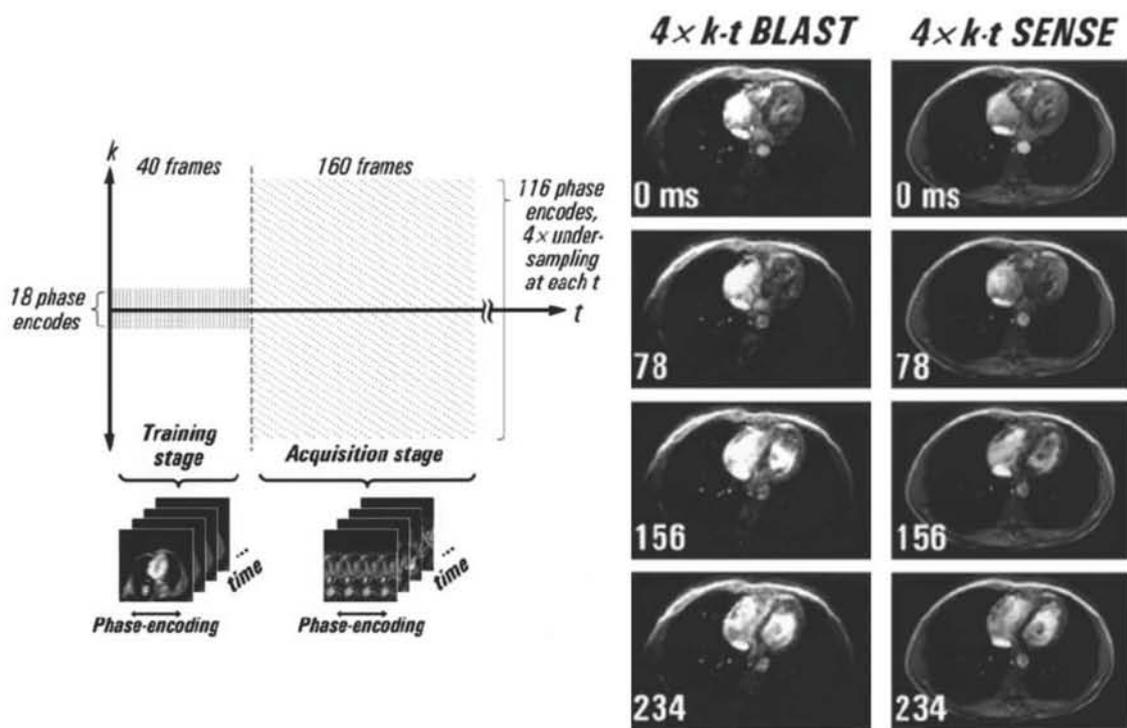


Figure 2-5 Illustration des techniques k-t BLAST et k-t SENSE (images extraites de [Tsao *et al.*, 2003])

2.1.1.4 CORRECTION PROSPECTIVE DES MOUVEMENTS

SUIVI DE PLAN DE COUPE

Plutôt que de contourner les problèmes liés au mouvement par la synchronisation ou l'imagerie rapide, on peut également essayer de compenser ses effets. Ceci peut se faire en amont de

l'acquisition, par des techniques de correction prospectives. L'idée de base est très simple : si l'organe d'intérêt se déplace, dans la direction perpendiculaire au plan de coupe par exemple, on peut compenser ce mouvement en changeant la position du plan de coupe, de manière adaptative, afin de suivre le déplacement de l'organe. Des techniques de suivi de plan de coupe (« slice-tracking ») ont été proposées pour compenser ainsi les mouvements des organes [Sachs *et al.* , 1994, Danias *et al.* , 1997, Stuber *et al.* , 1999]. Elles s'appuient généralement sur des paramètres de déplacement (translations et rotations) fournies par des écho-navigateurs. La conception des séquences générant ces écho-navigateurs est un sujet de recherche très actif [Welch *et al.* , 2002, Hackenbroch *et al.* , 2005, Costa *et al.* , 2005, Petrie *et al.* , 2005, van der Kouwe *et al.* , 2006], car ils doivent permettre d'estimer ces paramètres de transformation de façon robuste et en un minimum de temps, pour ne pas allonger excessivement la séquence. Pour les organes de la zone cardiaque ou abdominale, le suivi de plan de coupe est habituellement couplé à la synchronisation respiratoire, car l'approximation du mouvement par de simples translations et rotations, en pratique, n'est valable que pour des petits déplacements. Mais à la différence de la synchronisation respiratoire seule, on peut se permettre d'agrandir la fenêtre d'acceptation des données, puisque les mouvements seront compensés. Bien que le recours à ces techniques soit moins fréquent dans les protocoles cliniques, plusieurs applications cardiaques ont été rapportées et montrent tout leur intérêt : la coronarographie [Danias *et al.* , 1997, Stuber *et al.* , 1999], l'imagerie haute résolution du ventricule droit [Keegan *et al.* , 2006], la visualisation de la dynamique des valves cardiaques [Dowsey *et al.* , 2006] en sont des exemples. Le suivi de plan de coupe est aussi utilisé en IRM interventionnelle, mais il s'agit alors de suivre le déplacement d'un cathéter plutôt que celui d'un organe en particulier [Coutts *et al.* , 1998].

CORRECTION PROSPECTIVE D'UN MOUVEMENT AFFINE ARBITRAIRE

Une méthode plus générale encore que le suivi de plan de coupe a été décrite dans [Nehrke & Boernert, 2005]. Reprenant l'équation de Bloch (1.4), les auteurs montrent qu'il est possible de compenser une transformation spatiale affine quelconque. En effet, dans le repère tournant à la fréquence de résonance ω_0 , l'équation de Bloch (1.4) s'écrit sous la forme :

$$\begin{cases} \dot{M}_{xy}(t) = \left(-\frac{1}{T_2} - i\gamma \vec{G}^T(t) \cdot \vec{r} \right) M_{xy}(t) + i\gamma B_1(t) M_z(t) \\ \dot{M}_z(t) = \gamma \text{Im}(B_1(t) \overline{M_{xy}(t)}) + \frac{1}{T_1} (M_0 - M_z(t)) \end{cases} \quad (2.1)$$

où $\vec{G} = [G_x \ G_y \ G_z]$ est le système de gradients, et $\vec{r} = [x \ y \ z]$ est la position spatiale. Ainsi, si la distribution de spins est modifiée par une transformation affine au cours de l'acquisition, la position à l'instant t dépend de la position initiale \vec{r}_0 selon une relation :

(2.2)

est une matrice de taille (décrivant une composition de rotations, facteurs d'échelle et étirements), et un vecteur de translation , le tout définissant une transformation affine. On introduit ensuite les notations suivantes :

(2.3)

On montre que l'on peut alors réécrire l'équation (2.1) dans le nouveau système de coordonnées ainsi défini :

(2.4)

Ainsi, on voit que, en utilisant les gradients modifiés et les formes d'ondes RF définis en (2.3), on peut supprimer la dépendance en temps de la position , et exprimer l'équation de Bloch en fonction à la position initiale . On obtient une équation similaire à (2.1), en remplaçant l'aimantation par . Cela signifie que l'on peut encore appliquer le formalisme de l'espace k, au prix d'une modulation appliquée aux formes d'onde des gradients et des impulsions RF. Le signal capté par l'antenne, proportionnel à , devra être démodulé pour reconstituer . Finalement, la reconstruction se fera par transformée de Fourier de ce signal démodulé.

L'application pratique de la correction prospective nécessite donc l'adaptation en temps réel des 12 paramètres de transformation affine (et). Un modèle est donc nécessaire pour connaître par avance le mouvement pendant la séquence avec correction prospective. Nous reviendrons sur cette étape dans le 0 qui sera consacré à la modélisation prédictive des mouvements.

2.1.2 LIMITATIONS DES TECHNIQUES EXISTANTES

2.1.2.1 LIMITES DE L'APNEE

L'apnée comporte plusieurs inconvénients. En premier lieu, elle n'est pas toujours possible, comme chez les enfants en bas âge. On pratique régulièrement l'examen IRM sous anesthésie, pour ces patients en particulier. L'apnée est contrôlée manuellement par le médecin anesthésiste, qui débranche le respirateur pendant la durée nécessaire, ce qui comporte certains risques. Chez les

patients âgés ou atteints de maladies respiratoires, l'apnée peut s'avérer très difficile également, d'autant plus que l'examen se déroule dans des conditions particulières (stress de l'examen, bruit intense, environnement confiné favorisant la claustrophobie).

Lorsque l'apnée est possible, celle-ci n'est pas toujours parfaite. Idéalement, la position des organes devrait être parfaitement stable pendant toute la durée de l'apnée. En pratique, on observe des dérives en position, qui peuvent être plus ou moins marquées d'un patient à l'autre [Plathow *et al.*, 2006]. Ces dérives sont généralement plus importantes lorsque l'apnée est faite en fin d'inspiration qu'en fin d'expiration. On peut expliquer cela par le fait que l'inspiration est un phénomène actif nécessitant une contraction musculaire, et qu'après un certain temps, la fatigue musculaire conduit à un relâchement vers l'expiration qui, elle, est un phénomène passif.

2.1.2.2 LIMITES DE LA SYNCHRONISATION

L'inconvénient majeur des techniques de synchronisation est qu'elles s'appuient sur l'hypothèse de reproductibilité du mouvement d'un cycle à l'autre (à un facteur de mise à l'échelle près éventuellement). En réalité, cette hypothèse n'est jamais parfaitement vérifiée.

En effet, le cycle cardiaque n'est pas parfaitement constant, que le patient soit en respiration libre ou en apnée. On peut observer cette variabilité sur l'exemple représenté à la Figure 2-6, chez un sujet sain, où les variations de l'intervalle RR, séparant deux ondes R successives, varie de 10 à 20 % (voir courbe du milieu). Ce problème n'est actuellement pas du tout pris en compte lors de la synchronisation prospective. En synchronisation rétrospective, on peut envisager de corriger ces variations par une normalisation de la longueur de chaque cycle (mise à l'échelle linéaire), mais cela n'est pas exact d'un point de vue physiologique, car la phase de systole est relativement stable d'un cycle à l'autre, et la variation se fait plutôt dans la phase de diastole.

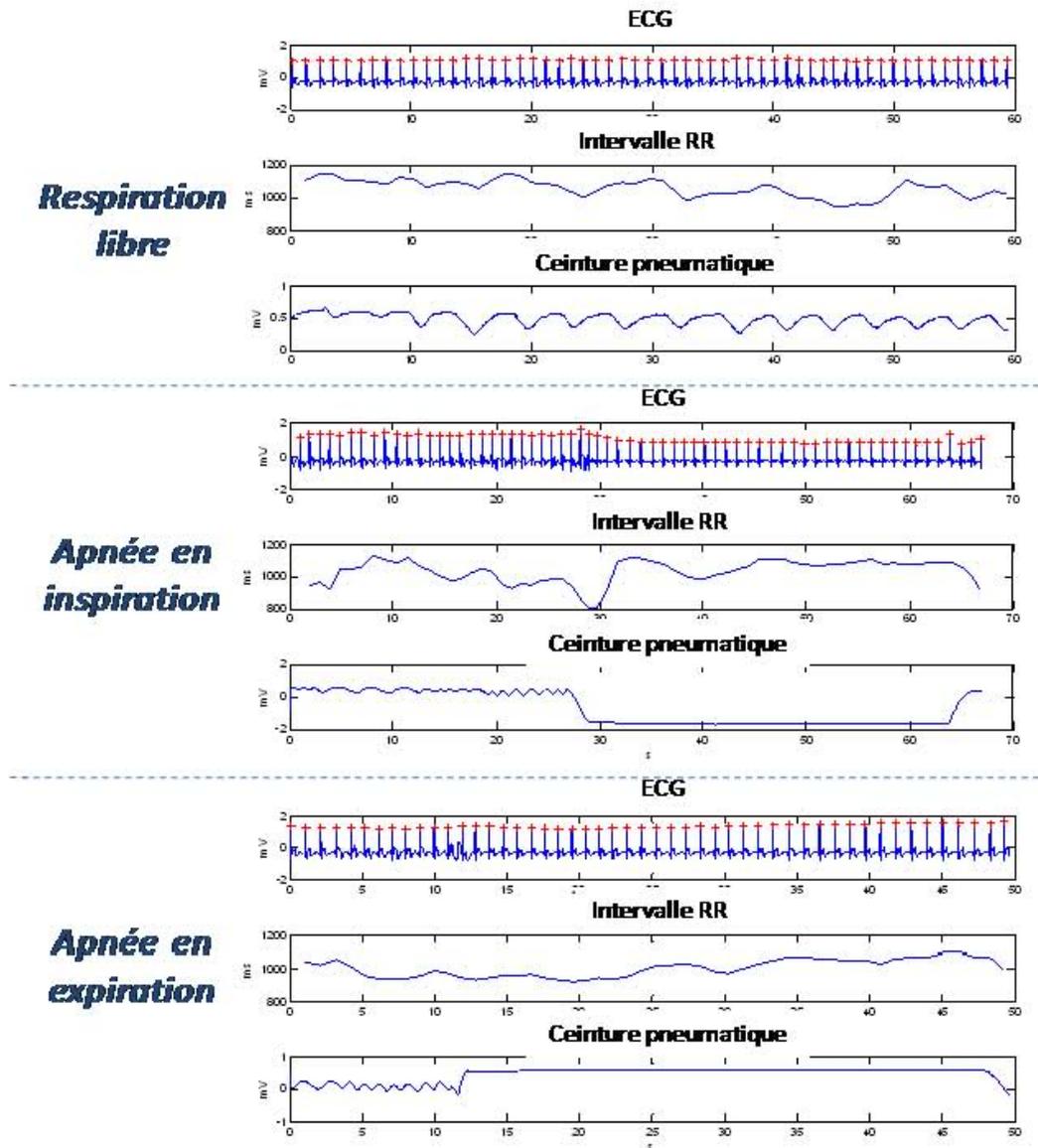


Figure 2-6 Variabilité cardiaque chez un sujet sain, en respiration libre et en apnée

Par ailleurs, pour les patients arythmiques ou souffrant de troubles du rythmes, tels que les extrasystoles, la mécanique de contraction cardiaque se trouve modifiée de façon plus complexe encore. La synchronisation cardiaque est alors difficile voire impossible. De façon rétrospective, des algorithmes de réjection d'arythmies permettent d'éliminer certains cycles cardiaques anormaux. Mais les troubles du rythme complexes ne sont pas pris en compte, car cela nécessite une analyse automatique fiable de l'ECG, qui n'est pas possible actuellement dans l'environnement IRM.

En ce qui concerne les techniques de synchronisation respiratoires, l'inconvénient principal réside dans l'allongement de la durée de la séquence qu'elles provoquent. L'amplitude et la fréquence respiratoires pouvant être très variables en respiration libre, l'acquisition n'est efficace que si le mouvement est d'une grande reproductibilité. Le choix de la taille de la fenêtre d'acceptation des

données est un compromis, puisque plus la fenêtre est étroite, meilleure sera la qualité d'image (on sera moins sensible au mouvement), mais plus le temps d'acquisition sera long (l'efficacité sera moindre). Cependant, en pratique, il est difficile de garantir une reproductibilité parfaite du mouvement sur une longue période d'acquisition.

En outre, le choix du signal utilisé pour le monitoring du mouvement respiratoire et le placement des seuils d'acceptation est également très important. Ce signal doit être corrélé, le mieux possible, avec le mouvement de l'organe ciblé. Lorsque des écho-navigateurs sont utilisés, le « tracker » doit être positionné à un emplacement différent de l'organe d'intérêt, afin de ne pas créer d'artéfacts supplémentaires. Le mouvement mesuré ne sera pas exactement le mouvement réel de l'organe ciblé. Le même problème survient avec l'utilisation de capteurs externes tels que les ceintures pneumatiques, qui donnent une mesure de déplacement en surface.

Enfin, des phénomènes de dérive du mouvement respiratoire sont parfois observés lors d'examens en respiration libre. Si aucun retour visuel n'est affiché au patient afin de « corriger » sa respiration, le signal de respiration peut, au bout d'un certain temps, ne plus atteindre du tout la fenêtre d'acceptation. Certains auteurs ont proposé de compenser la dérive observée sur le signal d'écho-navigateur, cela permet alors de terminer la séquence, mais puisque la dérive est bien un mouvement physiologique réel, l'image sera dégradée.

2.1.2.3 LIMITES DE L'IMAGERIE RAPIDE

Toutes les techniques de réduction du temps d'acquisition mettant en jeu un sous-échantillonnage des données sont pénalisées par une perte de SNR : les techniques d'acquisition partielle de l'espace k, l'imagerie parallèle, ou encore les méthodes de compression de l'espace k-t. Les avancées technologiques, à l'heure actuelles, en termes de temps de commutation des gradients, d'augmentation du nombre d'antennes, de montée en champ magnétique statique, semblent atteindre un pallier, et se heurtent également à des limites physiologiques (stimulations nerveuses dues aux gradients, problème d'échauffement RF du patient à haut champ...). Si toutes les techniques de réductions du temps d'acquisition présentent un grand intérêt, le problème du mouvement sera toujours d'actualité pour les séquences longues ou extrêmement longues, telles que l'imagerie 3D haute résolution, ou les techniques avancées de diffusion ou de spectroscopie.

2.1.2.4 LIMITES DE LA CORRECTION PROSPECTIVE DES MOUVEMENTS

La correction de mouvement prospective générale proposée dans [Nehrke & Boernert, 2005] est limitée à des transformations affines. Cette limitation est due au fait que les systèmes IRM actuels permettent de générer uniquement des gradients de champ variant linéairement avec la position

spatiale. Dans le cadre de l'imagerie cardiaque ou abdominale, les déformations peuvent être complexes et le modèle affine n'est plus suffisant, car il n'offre pas assez de degrés de liberté. Par conséquent, pour les acquisitions cardiaques, les auteurs utilisent toujours une fenêtre d'acceptation des données, plus large qu'en synchronisation respiratoire simple, les données acceptées étant corrigées. Cela revient à considérer le mouvement comme affine pour les petites déformations.

Une deuxième limitation de la méthode est liée aux contraintes technologiques et physiologiques. Les temps de commutation des gradients sont limités à une valeur de sécurité car les champs électriques, induits par les variations temporelles rapides du champ magnétique, peuvent causer des stimulations nerveuses. Les amplitudes des gradients sont aussi limitées, pour des raisons techniques.

2.1.3 L'ENVIRONNEMENT IRM

Comme nous l'avons vu dans le Chapitre 1, l'IRM met en jeu un environnement électromagnétique particulier. Le champ magnétique statique, les gradients de champ magnétiques nécessaires à l'encodage spatial, et les impulsions RF permettant d'amener les spins à la résonance sont autant de contraintes qui viennent compliquer l'utilisation de dispositifs électroniques dans l'environnement IRM. Nous allons donner quelques exemples de ces contraintes et de leurs manifestations, avec une attention plus particulière à l'ECG. Des problèmes similaires se posent lors de l'acquisition d'autres signaux électrophysiologiques, tels que l'électroencéphalogramme (EEG), l'électromyogramme (EMG), ou encore l'électrooculogramme (EOG). Les phénomènes que nous allons décrire sont à l'origine de perturbations sur les signaux électro-physiologiques, qui nécessitent à la fois de repenser les techniques de mesure, de mettre en œuvre des techniques de traitement de signal et de correction lorsque cela s'avère possible, et également de donner une interprétation nouvelle de ces signaux, adaptée à ces conditions expérimentales particulières.

2.1.3.1 CHAMP MAGNETIQUE STATIQUE

Le champ statique , dans les imageurs utilisés actuellement en clinique, est le plus souvent un champ permanent généré par des bobinages supraconducteurs, de valeur très élevée (1.5 T typiquement, mais pouvant aller de 0.2 à 3 T pour une utilisation clinique). Outre l'effet attracteur lié à la présence d'objets ferromagnétiques dans le champ (qui représente une contrainte importante pour la fabrication de capteurs), des tensions parasites peuvent être créées du fait de la présence de . En effet, une boucle conductrice mobile dans le champ induit un courant, selon la loi de Faraday :

(2.5)

qui peut venir perturber la mesure. Par ailleurs, une particule chargée se déplaçant à la vitesse dans le champ induit un champ électrique, selon la loi de Lorentz :

(2.6)

Dans le corps humain, ce phénomène se produit lorsque des particules chargées circulent dans les vaisseaux, en particulier dans l'aorte. Cet effet est appelé effet magnétohydrodynamique (MHD). Dans le cas d'un vaisseau de forme cylindrique, de diamètre , une différence de potentiel se crée, de valeur :

(2.7)

Cette tension induit une modification du signal ECG dès lors que le patient est placé dans le champ statique (voir Figure 2-7).

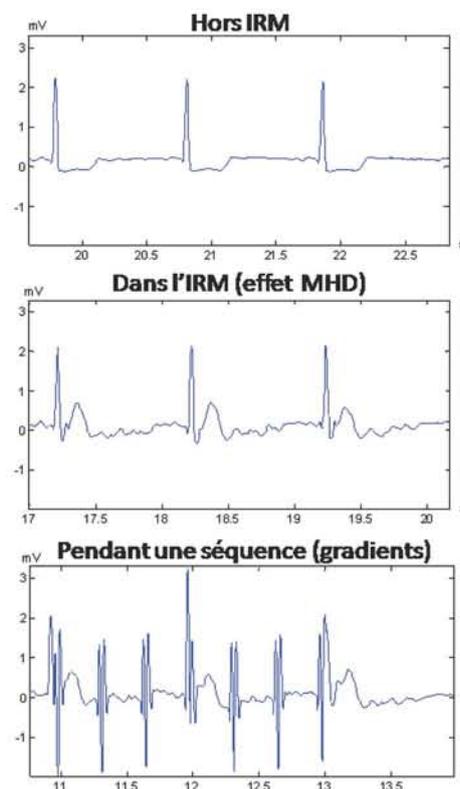


Figure 2-7 Exemple d'ECG acquis hors IRM, dans le champ statique, et pendant la séquence

2.1.3.2 GRADIENTS DE CHAMP MAGNETIQUE

Les gradients de champ magnétiques, appliqués pour réaliser l'encodage spatial, induisent également, dans une boucle conductrice de surface , une force électromotrice pendant leur commutation, selon la loi de Faraday :

(2.8)

La surface des boucles doit donc être minimisée dans la réalisation des capteurs et dans la disposition des câbles (ceci est nécessaire pour des raisons de sécurité également, afin de limiter les courants induits et les risques d'échauffement et de brûlures). Le corps humain étant un conducteur, un champ électrique est aussi induit dans celui-ci par les variations spatiales et temporelles de champ magnétique. Ce champ électrique vérifie l'équation de Maxwell-Faraday :

(2.9)

2.1.3.3 IMPULSIONS RADIOFREQUENCES

Les impulsions RF peuvent également être à l'origine de courants parasites venant perturber l'acquisition du signal ECG. En effet, les câbles constitutifs du capteur se comportent comme des antennes. En fonction de la longueur d'onde de l'onde RF, de la forme et de la longueur du câble, un transfert d'énergie peut avoir lieu, qui transformera de l'énergie électromagnétique en un courant électrique dans le conducteur, et vice-versa.

2.1.4 ARCHITECTURE MATERIELLE ET LOGICIELLE DE LA PLATEFORME IRM

Le système IRM comprend une plateforme technologique dynamique permettant de répéter des séquences d'impulsions RF et de gradients avec un cadencement extrêmement précis (la résolution temporelle étant de quelques microsecondes). Les formes d'ondes, les amplitudes, les instants d'application, entre autres, sont susceptibles d'être modifiés d'une expérience à l'autre (par exemple, l'amplitude du gradient de phase), ce qui nécessite une architecture électronique et informatique temps réel fiable. Dans le cadre de ce travail, les acquisitions IRM ont été effectuées sur l'imageur Signa Excite HDX 1,5 T (General Electric, Milwaukee, WI) de l'hôpital de Brabois, au cours des vacances recherche hebdomadaires.

Le système est composé d'un ordinateur dédié à l'interface utilisateur (la console IRM ou PC hôte), d'un système temps réel permettant la commande des paramètres de séquence et l'acquisition du signal IRM analogique, et d'une unité dédiée à la reconstruction des images (voir Figure 2-8).

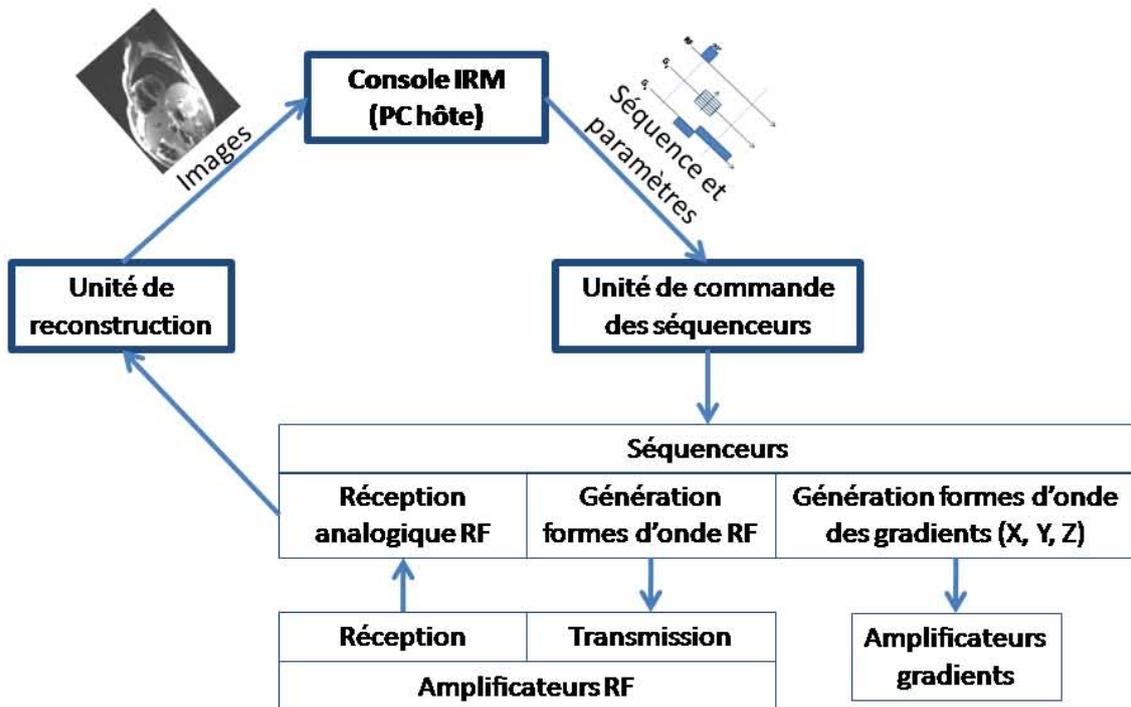


Figure 2-8 Schéma simplifié des principaux modules du système IRM

La console IRM permet au manipulateur IRM de choisir un type de séquence d'impulsion, et les paramètres associés, tels que le temps d'écho (TE), le temps de répétition (TR), la position et l'orientation du ou des plans de coupe, la taille de l'espace k... Une fois ces choix effectués, la séquence et ses paramètres sont téléchargés sur une cible temps-réel, chargée de « jouer » la séquence.

L'unité de commande de la séquence est munie d'un système d'exploitation temps-réel. Elle pilote différents séquenceurs chargés de générer les formes d'ondes des gradients et des canaux RF d'émission. Les formes d'ondes numériques sont généralement fixées lors du téléchargement de la séquence, et seuls certains paramètres, tels que l'amplitude des gradients ou l'instant de départ de la prochaine expérience, sont actualisés en temps-réel. Elles sont ensuite transmises à des amplificateurs qui vont générer les courants des bobines de gradients et de l'antenne d'émission RF. Le signal IRM analogique capté par l'antenne (ou les antennes) de réception, est démodulé, filtré, numérisé et stocké de façon à constituer l'espace k. La programmation de séquences est ouverte aux laboratoires de recherche disposant d'une licence spécifique, ce qui est le cas du laboratoire IADI. Les codes sources des principales séquences sont fournis par General Electric, et peuvent être modifiés et recompilés à l'aide de l'environnement EPIC (Environment for Pulse programming In C).

Enfin la reconstruction des images est assurée par la dernière unité. Cette reconstruction peut se faire par transformée de Fourier inverse ou à l'aide d'un algorithme d'imagerie parallèle, et peut être

accompagnée de divers traitement numériques : filtre, algorithme de complétion de l'espace k par symétrie hermitienne pour les acquisitions partielles (partial Fourier), corrections des distorsions géométriques dues aux non-linéarités des gradients... Les images reconstruites sont alors retournées à la console pour affichage et archivage. Contrairement aux programmes d'acquisition, les codes sources de reconstruction ne sont pas ouverts aux équipes de recherches par General Electric. En revanche, il est possible de sauvegarder et d'exporter les fichiers de données brutes d'acquisition, c'est-à-dire les espaces k des différentes antennes, et d'appliquer une reconstruction personnalisée. Les données brutes étant disponibles et la programmation des séquences étant ouverte, nous disposons des outils nécessaires pour interagir avec le système IRM, que ce soit pendant le déroulement de la séquence, en temps réel, ou rétrospectivement, en reconstruction. Plusieurs interfaces de communications sont possibles. Un réseau Ethernet permet la connexion d'un système tiers avec le système temps-réel et l'accès aux données brutes. Des interfaces analogiques permettent d'acquérir les formes d'onde des gradients et des canaux RF pendant la séquence. Enfin, des entrées/sorties TTL permettent de connaître les instants d'ouverture de la fenêtre d'acquisition du signal IRM, et également d'envoyer un signal de synchronisation externe à la séquence.

2.2 MISE EN ŒUVRE D'UNE PLATEFORME TEMPS-REEL DEDIEE A L'ACQUISITION ET AU TRAITEMENT DES SIGNAUX PHYSIOLOGIQUES

Nous avons vu que les techniques d'acquisition existantes visant à s'affranchir du mouvement comportent certaines limitations. Une analyse plus poussée du mouvement est donc nécessaire, et des méthodes de traitement de signal spécifiques doivent être mises en œuvre afin d'exploiter les signaux physiologiques de façon optimale. L'approche proposée repose en partie sur l'utilisation des capteurs externes. Nous avons choisi pour cela de développer une plateforme dédiée, fonctionnant en parallèle de l'examen IRM.

Nous présentons dans cette partie l'architecture générale de la plateforme. Celle-ci comprend une chaîne complète d'acquisition et de traitements allant du capteur à l'informatique de traitement numérique, ainsi que diverses interfaces de communication avec le système IRM.

2.2.1 ARCHITECTURE MATERIELLE

L'architecture générale de la plateforme est représentée sur le schéma de la Figure 2-9.

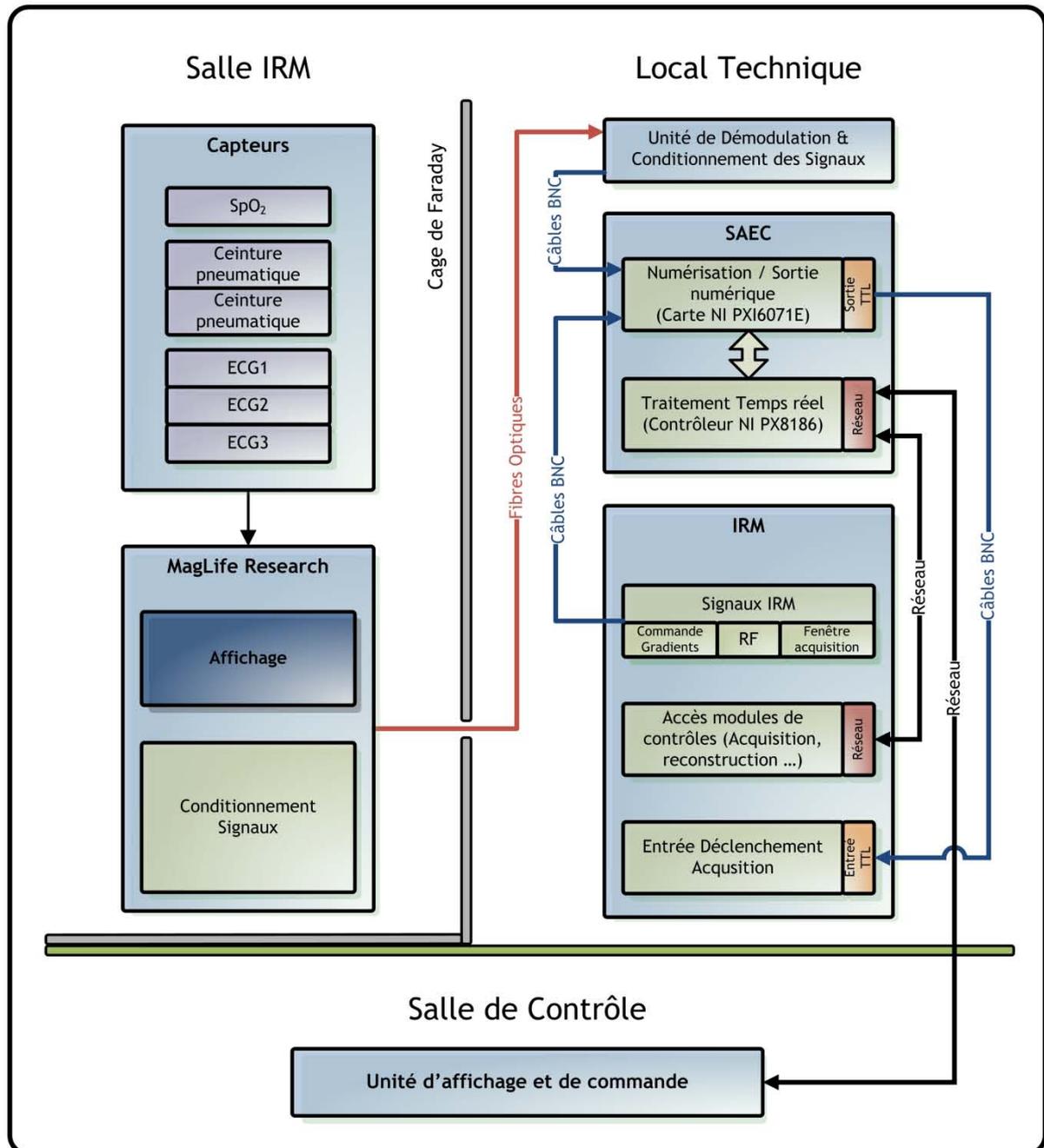


Figure 2-9 Architecture matérielle de la plateforme d'acquisition et de traitement des signaux physiologiques

Les signaux physiologiques sont acquis par différents capteurs dans la salle IRM, qui est isolée de l'environnement électromagnétique externe par une cage de Faraday. Ces signaux sont centralisés sur la version recherche du Maglife™, système de monitoring et de synchronisation cardiaque, produit de la société Schiller Médical (Wissembourg, France). Le Maglife™ est un appareil compatible IRM et certifié aux normes pour l'utilisation sur l'homme.

Les signaux sont modulés, transmis par fibre optique vers le local technique. Ils sont ensuite démodulés, puis numérisés et traités en temps-réel par le Signal Analyzer and Event Controller (SAEC). Les adaptations du Maglife™ recherche aux besoins spécifiques du laboratoire, ainsi que la

mise en place des différents éléments matériels de la chaîne d'acquisition (unités de démodulation, filtres anti-repliement, connectiques) ont été développées par Cédric Pasquier, dans le cadre de sa thèse CIFRE au sein du laboratoire IADI, avec la société Schiller Médical.

La partie temps-réel du SAEC est constituée d'un système PXI (National Instruments, Austin, TX) et d'un PC pour l'interface utilisateur. Le châssis PXI (NI-1042) comprend (voir Figure 2-10) :

- un contrôleur embarqué (NI-8186) : processeur Intel® Pentium® 4, 2.2 GHz, 512 Mo de RAM, un port Ethernet 10/100 Base TX, disque dur 40 Go ;
- une carte d'acquisition multifonction (NI-6071E) : 12 bits, 1.25 MS/s, 32 entrées analogiques, 2 sorties analogiques, 8 entrée-sorties numériques TTL.

L'interface utilisateur est réalisée par un PC hôte (processeur Intel® Xeon®, 3.2 GHz, 2 Go de RAM), capable d'effectuer également des post-traitements.

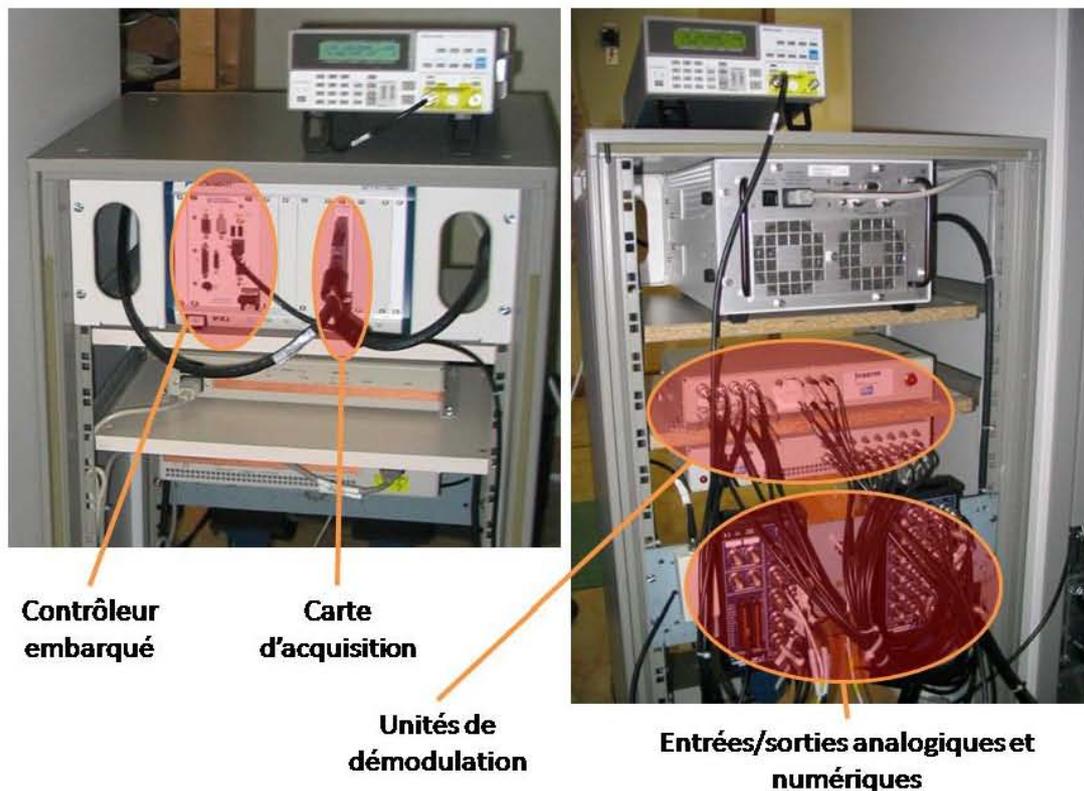


Figure 2-10 Le châssis PXI et ses interfaces de communication

2.2.2 CAPTEURS ET SIGNAUX D'ENTREE DE LA PLATEFORME

Les signaux d'entrée de la plateforme sont de deux natures : on acquiert des signaux physiologiques, provenant du Maglife™, et des signaux ou événements IRM, provenant du constructeur.

Les signaux IRM disponibles comprennent :

- les gradients de champ magnétique, ou plus exactement les courants de monitoring des bobines de gradients (trois signaux analogiques),
- le module de la commande RF, ou plus exactement son enveloppe, étant donné que notre fréquence d'échantillonnage est très inférieure à la fréquence de Larmor (un signal analogique),
- les fenêtres d'acquisition du signal IRM (un signal TTL).

Les signaux physiologiques sont fournis par plusieurs capteurs externes, connectés au Maglife™ recherche :

- L'ECG (voir Figure 2-11) : 3 capteurs peuvent être branchés simultanément sur le Maglife™ recherche. Chaque capteur donne une dérivation ECG (configurable), c'est-à-dire une différence de potentiel entre 2 des 3 électrodes positionnées sur le patient. Les capteurs ECG sont mis à notre disposition par Schiller Médical, en version clinique (bande passante de 25 Hz), ainsi qu'en version recherche (bande passante de 60 Hz).



Figure 2-11 Capteur ECG de la société Schiller Médical

- La ceinture respiratoire pneumatique : 2 capteurs peuvent être branchés simultanément sur le Maglife™ recherche. La ceinture pneumatique est le capteur respiratoire le plus utilisé en IRM, car elle est amagnétique et facile d'utilisation. La bande passante d'acquisition n'a pas besoin d'être limitée comme pour l'ECG, et va de 0 à 410 Hz dans notre chaîne d'acquisition.
- L'oxymétrie de pouls / SpO₂ (non utilisée dans les applications décrites ici).

D'autres capteurs de mouvements respiratoires, utilisables en IRM, ont également été étudiés et testés dans le cadre de la thèse de Cédric Pasquier :

- La ceinture optique : la mesure est basée sur l'atténuation de la lumière dans une fibre optique à mesure que celle-ci se déforme (le signal est plus atténué lorsque la courbure augmente).
- L'accéléromètre : des tels capteurs sont commercialisés sous forme de puce, sur la base de la technologie MEMS.

- La mesure d'impédance : en envoyant un courant très faible dans le corps humain, on peut effectuer une mesure d'impédance entre deux points, susceptible de varier avec le mouvement respiratoire.

Ces derniers capteurs sont toujours en cours d'amélioration ou d'adaptation, et n'ont donc pas pu être utilisés pour les applications du SAEC décrites dans cette thèse. Nous nous sommes donc restreints, dans nos expérimentations, aux ECG (jusqu'à 3 capteurs) et aux ceintures pneumatiques (2 capteurs).

2.2.3 ARCHITECTURE LOGICIELLE

L'architecture logicielle de la plateforme a été conçue et développée dans le cadre de ce travail de thèse. Elle se compose d'un noyau temps-réel, s'exécutant sur le contrôleur embarqué et permettant d'inclure différents modules de traitement, et une interface utilisateur permettant de visualiser, d'enregistrer les signaux, et d'envoyer certaines commandes aux modules temps-réel.

Les développements logiciels ont été réalisés à l'aide du langage de programmation graphique LabVIEW™ (National Instruments, Austin, TX). L'environnement LabVIEW™ dispose d'un module temps-réel permettant le développement d'applications déterministes sur le contrôleur embarqué, encore appelé cible temps-réel. Le développement s'effectue sur le PC hôte, sous Windows®, puis les programmes temps-réel sont téléchargés et exécutés sur la cible, munie d'un système d'exploitation temps-réel. L'environnement de programmation graphique permet un développement rapide et simplifié, tout en offrant les outils nécessaires au développement temps-réel (gestion des priorités de tâches, sémaphores, chiens de garde, files d'attentes temps-réel...). Il est également possible d'inclure des modules spécifiques en langage C, sous forme de librairie dynamique (DLL). L'architecture logicielle (acquisition, traitements simples, communications réseau, et interface utilisateur) a été développée en langage LabVIEW™, et les modules de traitements de signal avancés ont été écrits en langage C, pour des raisons à la fois d'efficacité et de portabilité.

Le programme principal exécuté sur la cible est illustré dans la Figure 2-12. Après une étape d'initialisation et de configuration, trois tâches sont démarrées en parallèle (étape 2) : la tâche principale « temps critique » est chargée de l'acquisition et du traitement des différents signaux acquis par la plateforme ; une deuxième tâche, en priorité basse, s'occupe de déporter l'affichage des signaux acquis par l'envoi d'un flux de donnée continu à travers le réseau, vers le PC hôte (protocole UDP) ; enfin, la troisième tâche, en priorité normale, ouvre une communication bidirectionnelle avec le PC hôte (protocole TCP/IP) qui permet de transmettre des paramètres de commande de l'hôte vers la cible, ou de retourner des informations diagnostiques du logiciel temps-

réel. La communication interprocessus se base sur un mécanisme de files d'attente à taille limitée (« RT FIFO »).

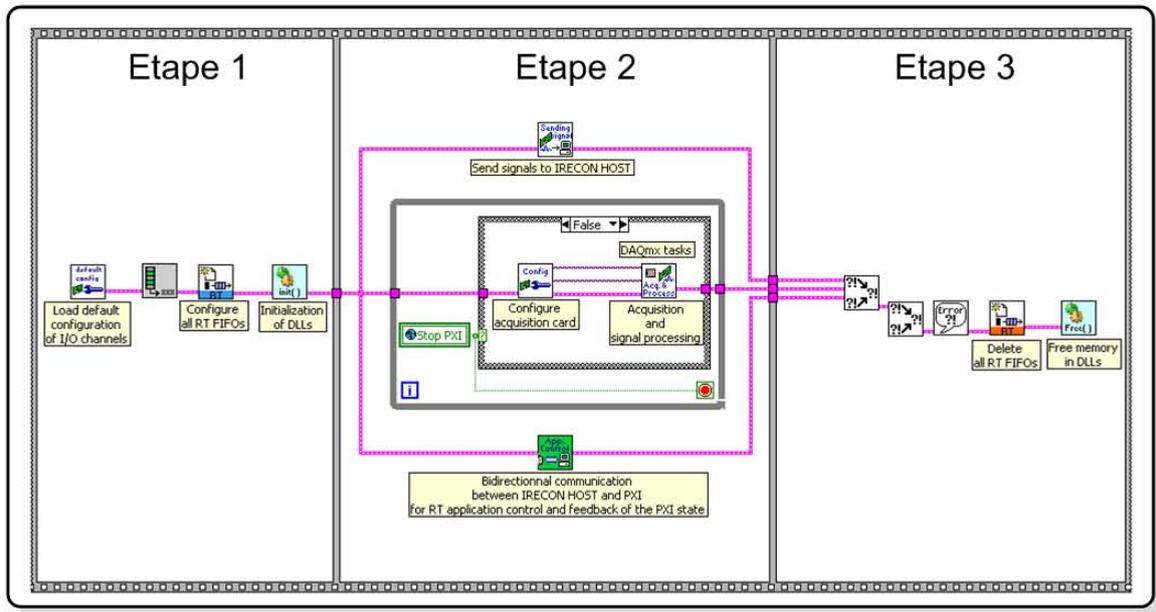


Figure 2-12 Programme principal LabVIEW™ exécuté sur la cible temps-réel

Au cœur du noyau temps réel, le module d'acquisition et de traitements se compose d'une boucle « hardware-timed », qui permet de lire les données d'acquisition point par point (par opposition à une acquisition bufférisée) à intervalles de temps précis et inférieurs à la milliseconde. Actuellement, nous utilisons deux versions du programme temps-réel : une version « allégée », avec une fréquence d'échantillonnage de 10 kHz, pour un enregistrement à haute résolution des formes d'ondes des gradients (utile pour l'étude des interférences sur l'ECG dues aux gradients, ou encore pour le débogage des séquences IRM développées par le laboratoire) ; une deuxième version acquiert les données à 1 kHz, et comprend davantage de fonctionnalités, telles que la correction en temps-réel des interférences sur l'ECG (filtre adaptatif LMS, voir partie 2.3.1), et le module de détection des ondes R et de classification automatique des battements cardiaques en temps-réel (voir partie 2.3.2.1). Un signal de synchronisation cardiaque est généré en sortie de notre carte d'acquisition, à la fin de chaque boucle temps réel, et est connecté à l'entrée « trigger externe » du système IRM General Electric.

Le noyau temps-réel permet l'enregistrement de toutes les données d'acquisition, de la sortie trigger, ainsi que d'autres signaux comme les voies ECG après correction des interférences. Dans la version actuelle, le programme permet d'acquérir 21 voies analogiques simultanément. L'enregistrement est fait en RAM plutôt que directement sur disque dur, afin de ne pas être pénalisé par les temps d'accès au disque dur. Une durée limite d'enregistrement est définie (3 minutes 30s),

et si ce temps est dépassé, les données les plus anciennement acquises sont écrasées. Une fois l'enregistrement terminé, la mémoire tampon est vidée vers le disque dur. Les informations d'acquisition sont ajoutées dans l'en-tête du fichier d'enregistrement, ainsi les fichiers peuvent être archivés dans la base de données du laboratoire (ArchiMed), et liés aux fichiers images (au format DICOM) ainsi qu'aux fichiers de données brutes IRM.

L'interface utilisateur (voir Figure 2-13) permet de visualiser les signaux physiologiques, les événements IRM, ainsi que des informations complémentaires, de choisir les paramètres de fonctionnement, et de démarrer un enregistrement.

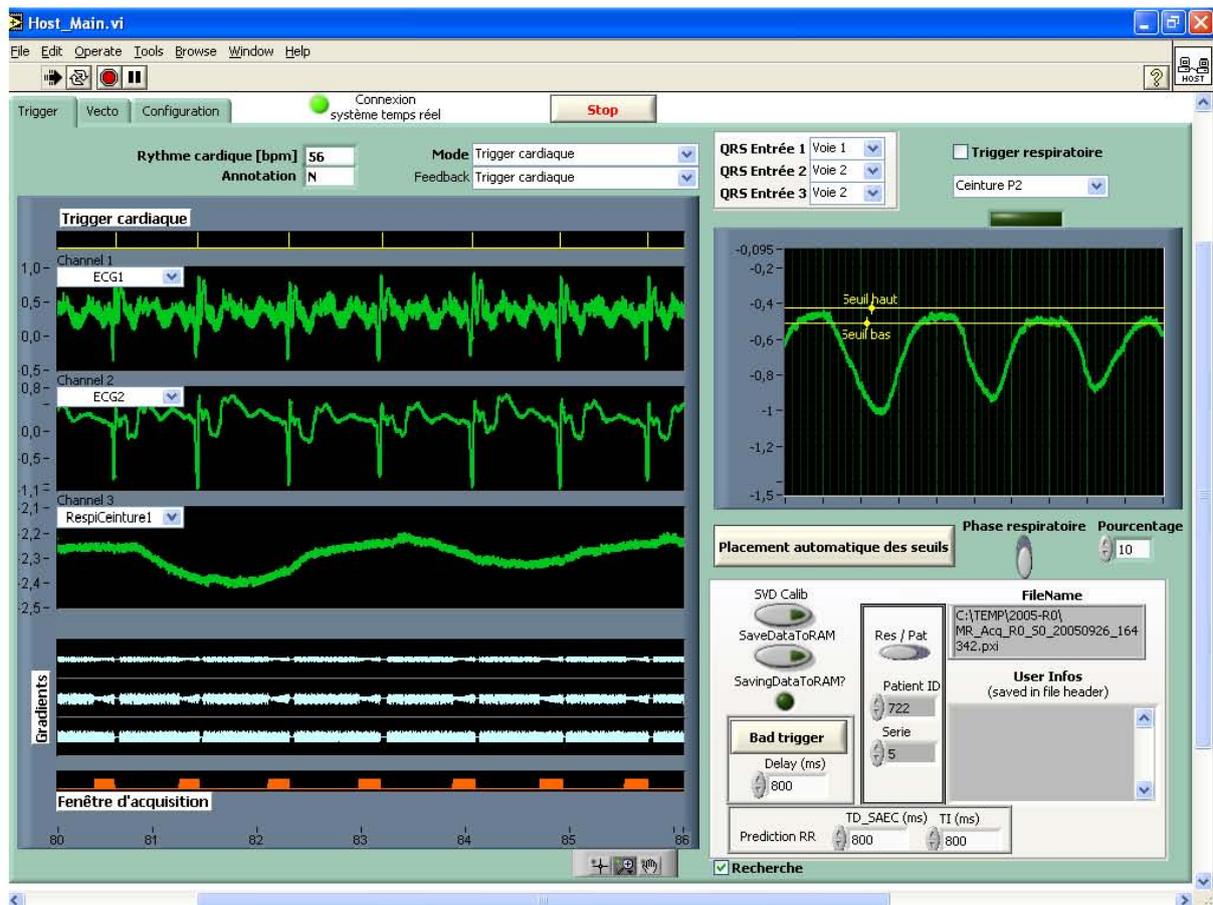


Figure 2-13 Interface utilisateur du SAE

2.2.4 VALIDATION DU SYSTEME TEMPS-REEL

Afin de valider le bon fonctionnement de la plateforme, à la fois en termes de performances et de déterminisme, nous proposons un test simple permettant de comparer le délai introduit par la chaîne de traitement SAEC à la chaîne de traitement ECG standard du système General Electric. Pour cela nous effectuons une séquence IRM synchronisée, d'abord *via* le système de synchronisation du constructeur, puis par une synchronisation externe gérée par le SAEC (voir Figure 2-14). Le signal

source pour la synchronisation est produit par un simulateur ECG. L'ECG est recueilli à la fois par le système d'acquisition ECG du constructeur, et par le capteur ECG Schiller connecté au SAEC. Le départ de l'acquisition IRM est commandé lors de la réception du signal de synchronisation (signal TTL). Le SAEC permet d'enregistrer de façon synchrone le signal ECG et la fenêtre d'acquisition des données IRM, nous disposons donc d'un moyen simple de mesurer le délai entre l'onde R de l'ECG et le début de l'acquisition effective (voir Figure 2-15). Ce délai doit être conforme à la commande imposée par la séquence IRM, appelée « trigger delay » ou TD (voir Figure 2-3).

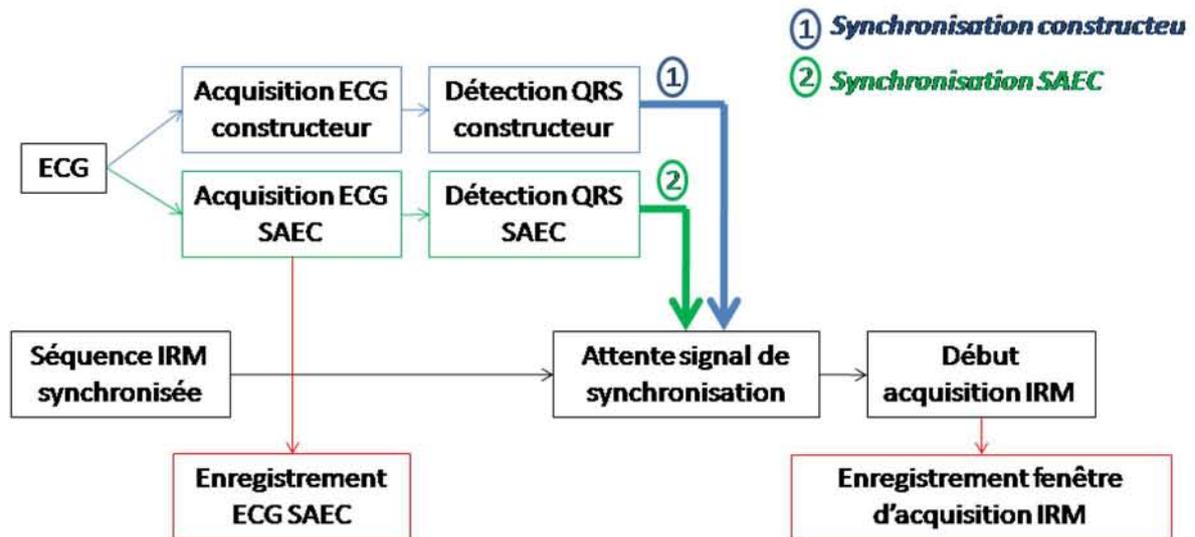


Figure 2-14 Dispositif utilisé pour la comparaison de la synchronisation constructeur et de la synchronisation SAEC

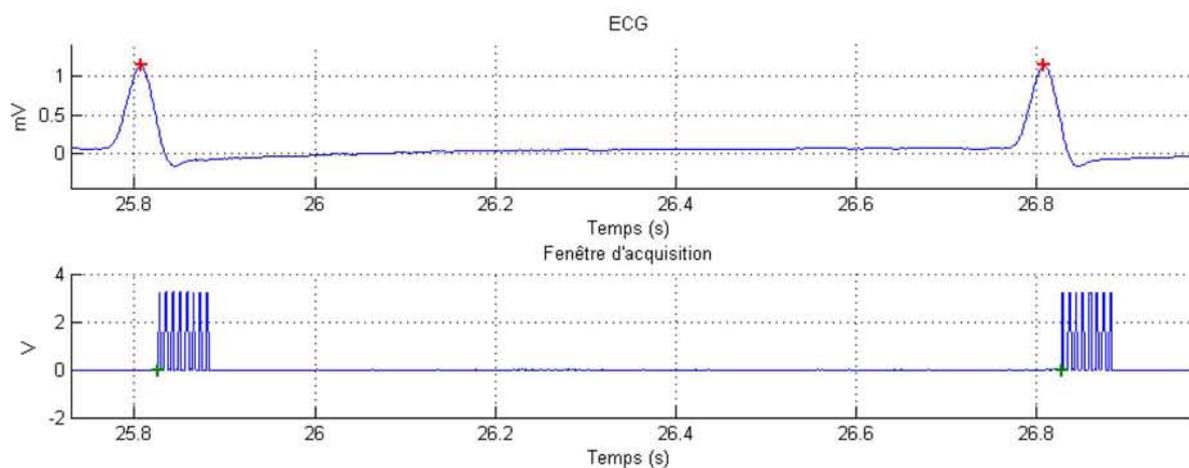


Figure 2-15 Enregistrements ECG et fenêtre d'acquisition permettant de mesurer le délai de traitement

Les mesures effectuées sur les enregistrements du SAEC (voir Figure 2-16) montrent que le délai entre l'onde R de l'ECG et le début de l'acquisition IRM effective est bien conforme à la valeur de TD

imposée par la séquence (ici $TD=20ms$). La variabilité observée est de l'ordre de la période d'échantillonnage du SAEC (l'écart type est d'environ 1 ms), pour la synchronisation constructeur comme pour la synchronisation SAEC. En effet, la discrétisation introduit une erreur sur la détermination du maximum de l'amplitude ECG correspondant à l'onde R, ainsi que sur l'estimation du début réel de la fenêtre d'acquisition.

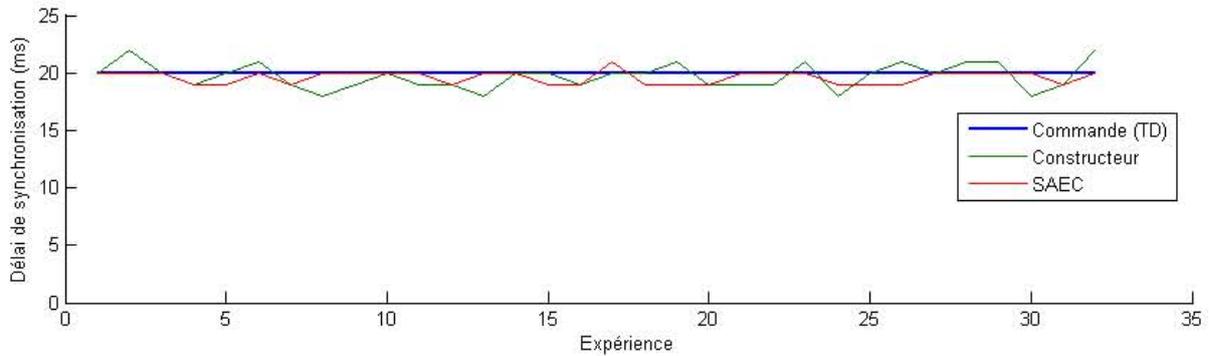


Figure 2-16 Comparaison des systèmes de synchronisation du constructeur et du SAEC, lors d'une séquence IRM synchronisée (32 expériences, $TD=20ms$)

Ce test simple permet donc de valider l'utilisation du SAEC pour la gestion de la synchronisation. Le SAEC permet en outre d'effectuer des traitements avancés qui ne sont pas disponibles avec le système du constructeur. Nous présentons dans la partie suivante quelques exemples de fonctionnalités supplémentaires qui ont été intégrées au SAEC. Celles-ci ont pour but, d'une part, l'amélioration de la synchronisation cardiaque ou cardio-respiratoire, et d'autre part, l'extraction d'informations supplémentaires qui seront utiles pour la modélisation et la correction des mouvements physiologiques.

2.3 TRAITEMENT DES SIGNAUX DE LA PLATEFORME ET APPLICATIONS TEMPS-REEL

La plateforme d'acquisition des signaux physiologiques constitue une base de travail performante pour l'analyse des données physiologiques et du mouvement. L'objectif recherché est d'extraire un maximum d'informations à partir des données disponibles, puis de construire un modèle du mouvement à partir de ces informations, afin de les intégrer, en particulier, au processus de reconstruction des images. Nous nous intéressons dans un premier temps à l'extraction des informations d'intérêt pour la modélisation des mouvements. Les étapes de modélisation et de reconstruction seront décrites dans les chapitres suivants.

Les signaux issus de capteurs respiratoires fournissent directement une information de mouvement, ou tout du moins, un signal fortement corrélé avec le déplacement d'une zone particulière du corps humain (généralement la paroi thoracique ou abdominale). Au contraire, l'ECG est une mesure de

l'activité électrique du cœur, et pas de son activité mécanique. On peut extraire de l'ECG une information de phase cardiaque, en détectant les ondes R de l'ECG à chacun de ses cycles. Mais il est également possible d'extraire une information de position du cœur, qui renseigne donc sur le mouvement respiratoire.

Nous présentons dans ce qui suit les méthodes que nous avons mises en œuvre pour extraire certaines informations du signal ECG. Cela nécessite en premier lieu de corriger les interférences dues à l'environnement IRM, et en particulier aux gradients, afin de rendre l'analyse possible. Les méthodes d'analyse que nous proposons sont applicables à la fois offline (en temps différé) mais aussi en temps réel. Pour finir, nous donnerons un exemple d'application du SAEC à la double synchronisation prospective cardiaque et respiratoire.

2.3.1 CORRECTION DES INTERFERENCES SUR L'ECG DUES AUX GRADIENTS DE CHAMP MAGNETIQUE⁵

Nous avons vu dans la partie 2.1.3 que les signaux électrophysiologiques, et en particulier l'ECG, subissent des perturbations dans l'environnement IRM. Ces perturbations ont principalement deux conséquences : elles rendent le monitoring (visuel voire automatisé) plus difficile, et peuvent modifier la détection des ondes R, et donc la synchronisation cardiaque nécessaire à l'imagerie.

L'effet MHD a la particularité d'être corrélé à l'activité cardiaque, ainsi le signal ECG se trouve modifié dans le champ statique, mais de manière reproductible d'un cycle à l'autre. La détection des ondes R peut donc être adaptée en conséquence. En revanche, les interférences dues aux gradients sont corrélées avec la séquence IRM, et donc peuvent survenir à des moments arbitraires dans le cycle cardiaque. Enfin, les interférences RF peuvent être minimisées à l'aide d'un blindage efficace et de câbles très résistifs. Par conséquent, nous nous intéressons plus particulièrement aux artéfacts sur le signal ECG causés par les gradients.

Nous avons proposé une méthode de correction de ces artéfacts dans [Odille *et al.* , 2007d, Odille *et al.* , 2006]. Cette méthode est « semi-online », c'est-à-dire utilisable en temps-réel, après une étape de calibration. Il a été proposé dans [Felblinger *et al.* , 1999] de modéliser le phénomène de création des artéfacts sur l'ECG par un système linéaire invariant dans le temps (LTI), reliant les artéfacts aux signaux de gradients dans les trois directions de l'espace (voir Figure 2-17). L'hypothèse

⁵ Le travail décrit dans cette partie a fait l'objet d'un article publié dans IEEE Transactions on Biomedical Engineering [Odille *et al.* , 2007d], et d'une communication au congrès de l'ISMRM 2006 (présentation poster) [Odille *et al.* , 2006]

du système LTI, ainsi que les conditions d'expériences dans lesquelles il s'applique, ont été discutées dans [Abaecherli, 2005].

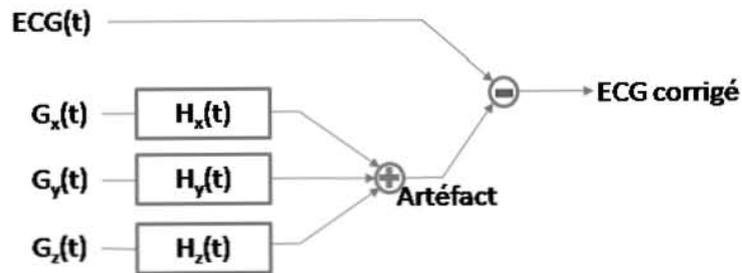


Figure 2-17 Modèle LTI pour la correction des artéfacts de gradients sur le signal ECG

La méthode décrite dans [Odille *et al.*, 2007d] revient à effectuer une séquence de calibration, comprenant des gradients dans les trois directions de l'espace, et servant à calculer les réponses impulsionnelles $H_x(t)$, $H_y(t)$ et $H_z(t)$. Une fois ces réponses impulsionnelles connues, d'après l'hypothèse du système LTI, les artéfacts peuvent être prédits à partir d'une séquence de gradients arbitraire, par convolution des nouveaux gradients par les $H_x(t)$, $H_y(t)$ et $H_z(t)$. L'ECG corrigé est obtenu par soustraction de l'artéfact prédit au signal ECG brut.

L'étape de calibration est faite, selon la technique proposée, en réécrivant l'équation de production des artéfacts décrite par le schéma de la Figure 2-17 sous forme matricielle. Cette écriture aboutit à un système d'équations linéaires, qui peut être inversé à l'aide d'une matrice pseudo-inverse du système. L'inversion est stabilisée en calculant le pseudo-inverse par une décomposition en valeur singulière tronquée (t-SVD).

L'article présente des exemples de réponses impulsionnelles obtenues avec des capteurs ECG de bande passante 25 Hz (standard clinique pour l'ECG dans l'IRM) et 60 Hz (capteur modifié à des fins de recherche). Nous étudions également l'influence de la respiration sur le calcul des réponses impulsionnelles, les résultats étant relativement robustes par rapport à la position respiratoire dans laquelle l'étape de calibration s'est déroulée (voir Figure 2-18).

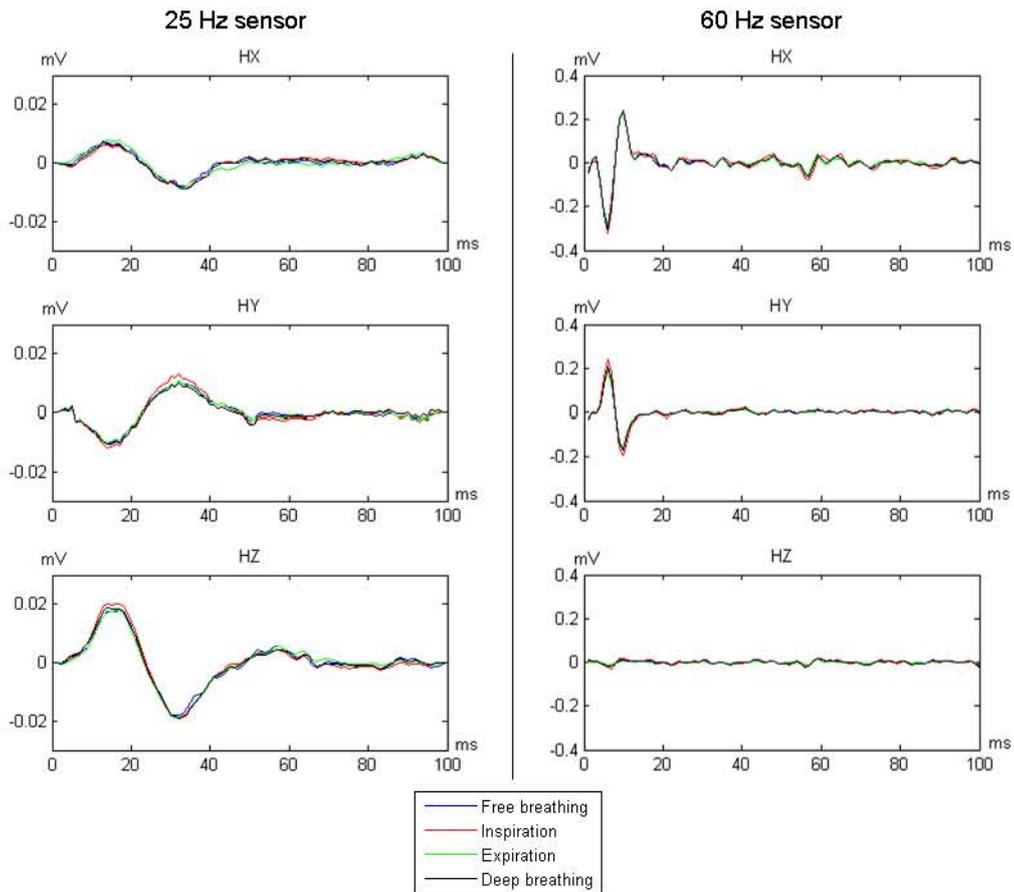


Figure 2-18 Influence de la respiration sur le calcul des réponses impulsionnelles

La Figure 2-19 montre des exemples de corrections obtenus avec les capteurs ECG à 25 Hz et 60 Hz. Nous avons proposé dans l'article un protocole de validation complet, comprenant un jeu de séquences utilisées en clinique (14 sujets sains, 201 séquences au total), et l'estimation de la réduction de l'énergie des artéfacts mesurés sur le signal ECG.

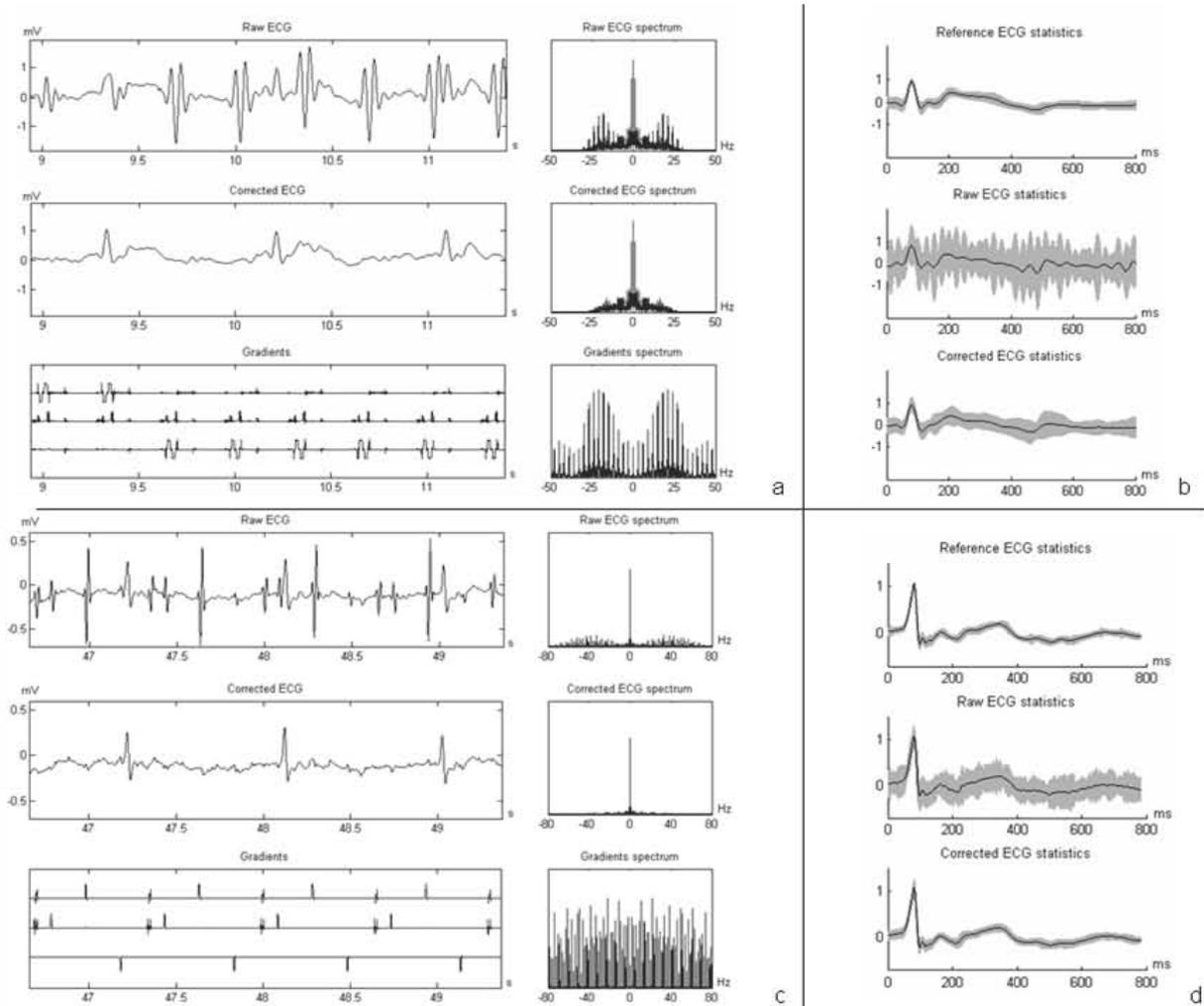


Figure 2-19 Exemple de correction des artéfacts de gradients : capteur ECG 25 Hz (a-b), et capteur ECG 60 Hz (c-d)

A ce travail s'ajoute celui de Roger Abächerli, effectué dans le cadre de sa thèse au sein du laboratoire IADI. Une méthode online a été proposée dans [Abaecherli *et al.*, 2005], qui repose également sur le modèle LTI, à la différence près que les réponses impulsionnelles sont automatiquement mises à jour au cours du temps, à l'aide d'un algorithme de filtrage adaptatif (« least mean squares » ou LMS). La méthode LMS a l'avantage de simplifier la correction des ECG en temps-réel, puisqu'aucune étape de calibration n'est nécessaire. En revanche, un temps de convergence est nécessaire avant que la correction ne soit efficace. Ce temps dépend d'un paramètre dans l'algorithme LMS, dont le réglage optimal peut, en pratique, s'avérer difficile.

Actuellement, dans le cadre des vacances recherches hebdomadaires et des protocoles cliniques en cours dans le laboratoire, la correction en temps-réel est une fonctionnalité disponible du SAEC, qui peut être enclenchée par un simple clic, et ne nécessite aucune modification du protocole IRM en cours (avec la version LMS). Trois voies ECG peuvent être corrigées simultanément. Le délai introduit

par l'algorithme de correction est de 1 ms seulement, car le produit de convolution permettant la prédiction des artéfacts est réalisé en mode point par point (c'est-à-dire dans le domaine temporel plutôt que fréquentiel), et donc le signal corrigé a un échantillon de retard (pour une fréquence de traitement de 1 kHz). Nous enregistrons systématiquement les ECG bruts et les ECG corrigés. Ainsi, si la correction faite en temps-réel n'est pas optimale, du fait d'une convergence trop lente du LMS par exemple, la correction offline peut être appliquée avant analyse en post-traitement de l'ECG.

2.3.2 ANALYSE DU SIGNAL ECG

2.3.2.1 DETECTION QRS ET CLASSIFICATION

La première information à extraire de l'ECG est, comme nous l'avons déjà mentionné, l'onde R du complexe QRS (voir Figure 2-20), qui correspond à la période précédant l'éjection du sang.

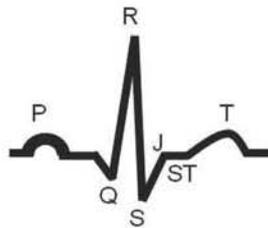


Figure 2-20 Représentation schématique de l'ECG

La conception d'un bon détecteur QRS n'est pas un problème trivial. Les qualités recherchées sont sa sensibilité (le pourcentage de complexes QRS qui seront détectés par l'algorithme), sa spécificité (il ne doit pas en détecter là où il n'y en a pas), la précocité de la détection (éventuellement une détection à l'onde Q du complexe QRS), et une variabilité ou « jitter » minimale (il doit toujours détecter au même moment du complexe QRS). Si la détection est faite entre l'onde Q et l'onde R, il est possible d'ajuster la détection afin de synchroniser exactement sur l'onde R, en repérant simplement un changement de signe de la dérivée du signal.

La détection QRS du SAEC est réalisée par un module mis à notre disposition par Schiller AG (Argus PB-1000, Schiller AG, Baar, Suisse). L'algorithme est fourni sous forme compilée pour des raisons de confidentialité. Le module prend jusqu'à trois voies ECG en entrées, ce qui permet d'améliorer la robustesse de la détection. Les entrées ECG sont échantillonnées à la fréquence de 1 kHz. Il fournit également une classification automatique des battements cardiaques, online, avec un délai d'analyse de deux battements cardiaques. Le module permet donc, théoriquement, de détecter les troubles du rythme, comme les arythmies ou les extrasystoles, et de les classer. Mais en pratique, cela n'est pas aussi simple, car ces algorithmes sont validés sur des bases de données d'enregistrements

standards (bases de données d'arythmies ventriculaires de l'American Heart Association ou du Massachusetts Institute of Technology), sans tenir compte des spécificités de l'IRM. En particulier, l'effet MHD induit une modification du segment ST, d'autant plus importante que le champ statique est élevé, alors qu'une élévation du segment ST peut être interprétée comme un signe de dysfonctionnement cardiaque. D'après notre expérience, la détection QRS fonctionne tout de même de façon robuste dans notre configuration. En revanche, la classification automatique peut être perturbée, et doit donc être adaptée sur une base de données d'ECG acquis dans l'IRM. La réalisation d'une telle base de données est en cours actuellement dans le laboratoire, et cette évaluation et d'éventuelles adaptations seront abordées, en partie, dans la thèse de Julien Oster, en étroite collaboration avec Schiller Médical.

Les applications de l'imagerie adaptative nécessitant la classification des battements cardiaques est donc un objectif à long terme du SAEC. Plusieurs applications seront envisageables : supprimer ou refaire des données acquises pendant un battement cardiaque anormal, ou encore synchroniser l'acquisition sur un battement anormal pour l'imager.

Dans le cadre de cette thèse, nous nous sommes donc restreints à l'information de détection QRS. Le module dont nous disposons pour cela est un outil industriel fiable et performant, idéal pour nos applications temps-réel.

2.3.2.2 PREDICTION RR

Pour obtenir des images de qualité optimale, certaines séquences nécessitent de connaître à l'avance la durée du cycle cardiaque à venir. Supposons par exemple que l'on souhaite réaliser une image en systole à l'aide d'une séquence RARE en sang noir (black blood FSE). Une double inversion de l'aimantation est appliquée préalablement à la séquence d'imagerie. La première inversion (impulsion à 180°) est non sélective, c'est-à-dire qu'elle excite l'ensemble des spins du volume. La deuxième inversion est sélective, donc seuls les spins de la tranche considérée sont excités. Après la double inversion, on attend pendant une durée TI (temps d'inversion) avant de commencer la séquence d'imagerie en écho de spin rapide. Le sang « frais » qui est arrivé dans la tranche entre la double inversion et l'acquisition de l'image, voit son signal diminué, voire complètement annulé si le TI est réglé de façon optimale. Théoriquement, la valeur $TI=830\text{ms}$ annule le signal du sang (le T_1 du sang étant de 1200ms) à $1,5 T$ [Bernstein *et al.*, 2004]. Mais cela suppose un retour total de l'aimantation à sa valeur à l'équilibre après chaque expérience, c'est-à-dire que $TR > 3T_1$. Or en pratique, on n'attend pas aussi longtemps entre deux expériences, afin de ne pas allonger la séquence de manière excessive. Des valeurs de TI de l'ordre de 500 ou 600 ms donnent généralement une bonne suppression du signal du sang.

Lorsque l'on souhaite une image en sang noir en diastole, la double inversion est déclenchée sur l'onde R de l'ECG. Alors, le TI détermine à la fois le temps d'inversion du signal du sang, mais aussi la phase cardiaque dans laquelle l'image sera acquise. Pour un rythme cardiaque normal, une acquisition effectuée 500 ou 600ms après l'onde R se situera en diastole.

Si l'on souhaite acquérir l'image en systole, il faut déclencher la double inversion pendant le cycle cardiaque précédent (voir Figure 2-21), car on ne dispose pas de suffisamment de temps entre l'onde R et la phase de contraction du cœur (l'éjection du sang est repérable sur l'ECG par l'effet MHD).

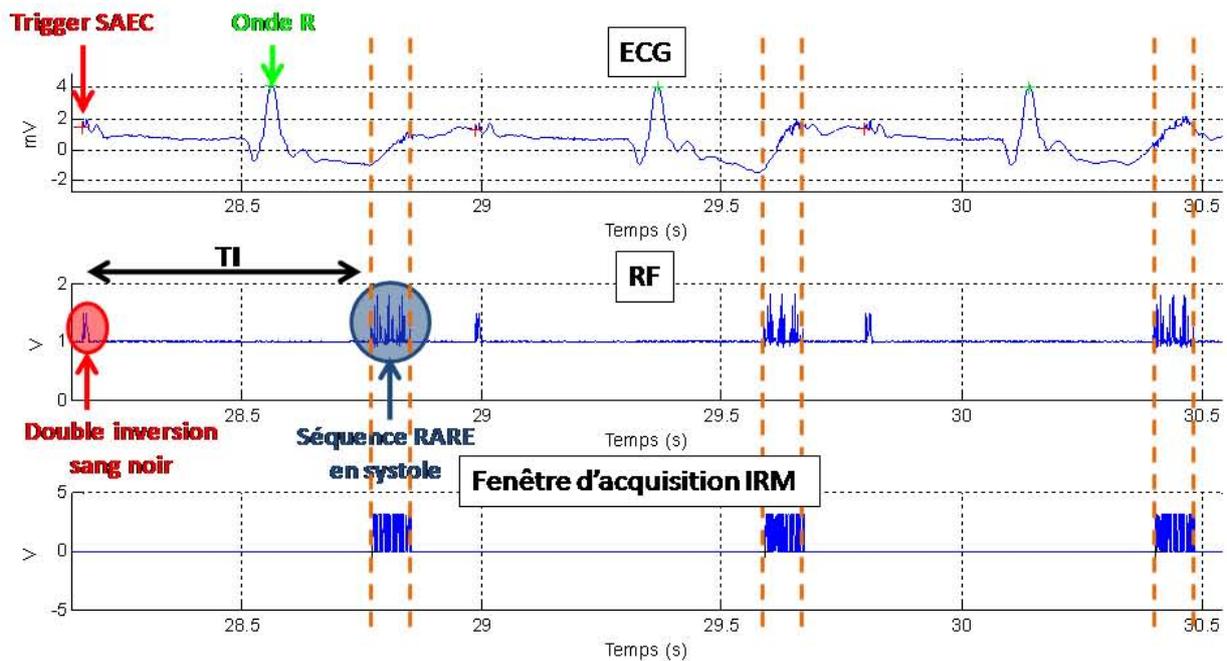


Figure 2-21 Séquence RARE en sang noir en systole

Le rythme cardiaque étant variable, il est préférable d'adapter le déclenchement de la double inversion en tenant compte du rythme cardiaque, comme représenté à la Figure 2-22.

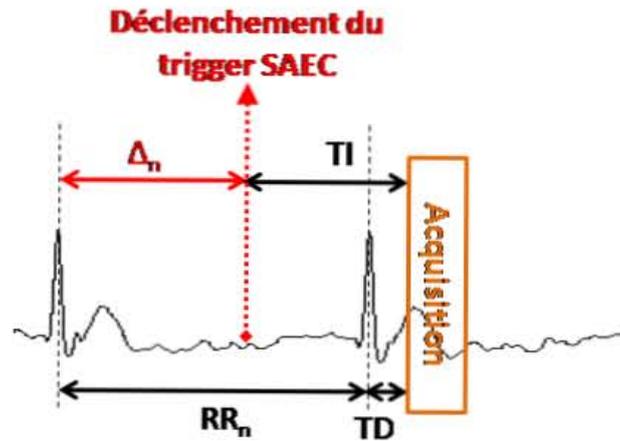


Figure 2-22 Synchronisation adaptative, tenant compte de la variabilité RR, pour réaliser une image en systole

Dans l'exemple qui suit, le temps d'inversion est fixé à $TI=600\text{ms}$. Une séquence CINE permet de visualiser la contraction cardiaque afin de déterminer le temps de systole, ici nous le fixons à $TD=220\text{ms}$. On voit donc d'après le schéma de la Figure 2-22 que le signal de synchronisation doit être déclenché par le SAEC un certain temps après la $n^{\text{ième}}$ onde R, selon la formule :

$$(2.10)$$

Plusieurs stratégies peuvent être mises en œuvre pour prédire la longueur du cycle à venir. Dans l'exemple de la Figure 2-23, nous l'estimons tout simplement par la formule. Il est possible d'affiner la prédiction à l'aide, par exemple, d'un modèle autorégressif [Oster *et al.*, 2007]. Dans ce cas, l'intervalle RR est prédit selon la formule, où les coefficients peuvent être fixés, ou bien mis à jour en temps-réel, à l'aide d'un algorithme de type LMS.

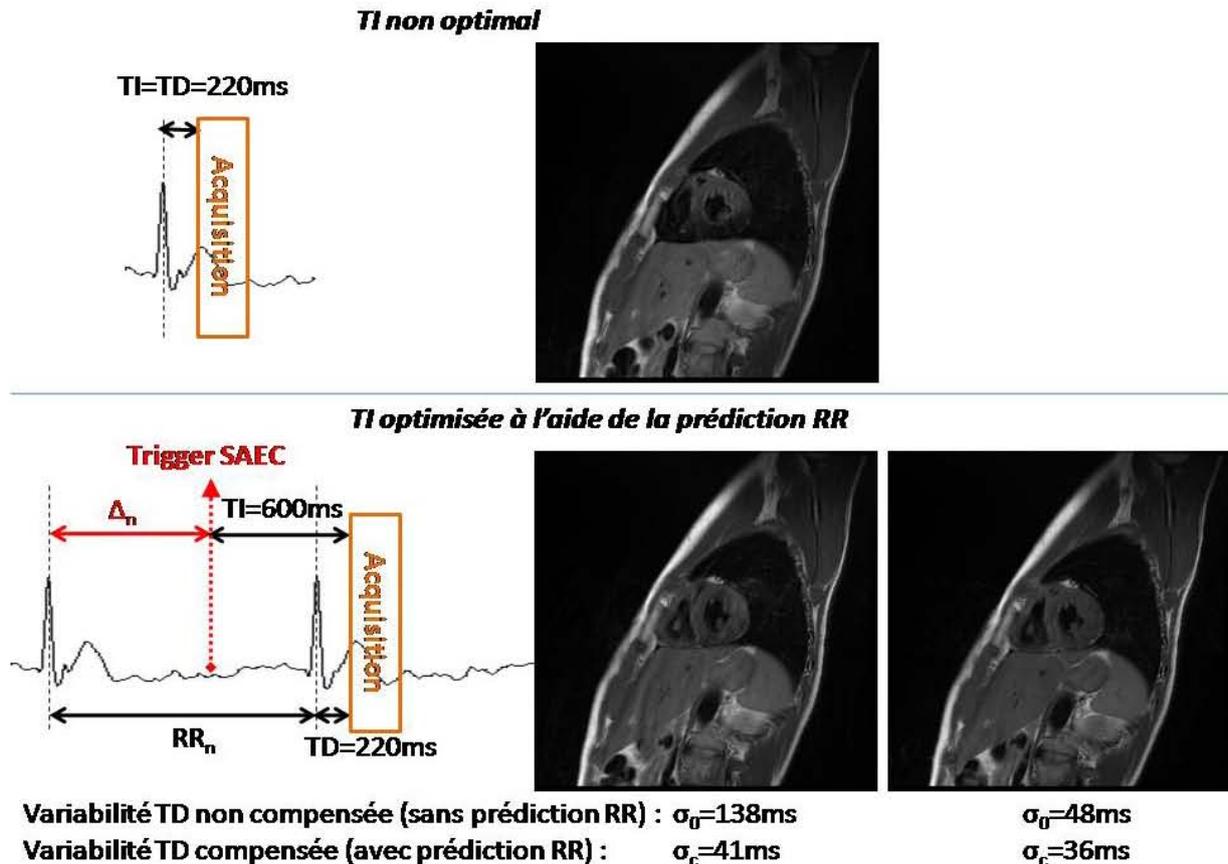


Figure 2-23 Optimisation du temps d'inversion à l'aide de la prédiction RR, appliquée à l'imagerie en sang noir en systole

Dans l'exemple de la Figure 2-23, l'image obtenue avec la synchronisation adaptative, tenant compte de la variabilité RR, est comparée à une acquisition dans laquelle le TI est raccourci, de façon à faire tenir la totalité de la séquence d'impulsions dans le même cycle cardiaque. Le TI n'est pas optimal dans ce cas, et on observe une perte de signal dans le myocarde. On peut avancer plusieurs hypothèses pour expliquer ce phénomène. D'une part, le temps d'échange étant court entre l'inversion et l'acquisition, le brassage du sang, nécessaire à une bonne inversion, ne se fait pas aussi bien que pour des TI plus longs. Lorsque l'image est faite en diastole, l'éjection du sang se produit entre l'inversion et l'acquisition, et ce brassage se trouve favorisé. D'autre part, une différence importante de position du cœur, entre l'inversion et l'acquisition, induit un léger changement de plan de coupe [Keegan *et al.*, 2006], qui entraîne une perte de signal (ici on peut supposer une rotation de la partie inférieure du myocarde).

En revanche, en utilisant la synchronisation adaptative, le TI peut être optimisé. L'allongement du TI permet un meilleur brassage du sang, et les effets de changement de plan de coupes sont moins importants. La variabilité cardiaque est compensée en partie par la prédiction RR. La variabilité

résiduelle a été évaluée rétrospectivement, en calculant l'écart entre le début de chaque acquisition et l'onde R le précédant. Notamment, dans l'exemple donné, une très grande variabilité RR a été observée pendant l'une des acquisitions en apnée (écart type =138ms). L'acquisition en systole a tout de même été possible car la variabilité, c'est-à-dire l'erreur par rapport à la phase cardiaque souhaitée, a été réduite à =41ms grâce à la prédiction RR. On note tout de même la présence d'artéfacts de mouvements résiduels. Malgré cela, les parois apparaissent plus nettement, notamment dans le ventricule droit.

Ces données constituent des résultats préliminaires. L'étude devra être poursuivie afin d'affiner le modèle de prédiction RR. La détermination du modèle optimal nécessite une compréhension plus approfondie des phénomènes physiologiques qui interviennent. En effet, la variabilité cardiaque n'est pas comparable entre un sujet respirant librement et lors d'une apnée. En respiration libre, l'information de respiration fournie par la ceinture peut être ajoutée comme entrée du modèle prédictif, car l'intervalle RR est corrélé avec la respiration. En apnée, on distingue des profils de variation RR très différents entre l'inspiration et l'expiration. Ces profils sont plus ou moins reproductibles d'un patient à l'autre. Néanmoins, une telle étude pourrait permettre d'optimiser les paramètres d'acquisition de certaines séquences, telles que les séquences en systole nécessitant des impulsions de préparation, comme nous l'avons vu avec la séquence RARE en sang noir. On peut également penser à l'optimisation du trigger delay (TD) et du trigger window (TW) pour les séquences en télé-diastole, c'est-à-dire en toute fin du cycle cardiaque.

2.3.2.3 EXTRACTION D'INFORMATIONS RESPIRATOIRES A PARTIR DU SIGNAL ECG

En plus de l'information de phase cardiaque, on peut extraire, à partir de l'ECG, des informations concernant le mouvement respiratoire. En effet, lorsque la position du cœur change, l'axe électrique du cœur change. Par conséquent, l'extraction de l'information de position à partir de l'ECG fournira une information respiratoire supplémentaire.

Cet effet peut être mesuré par l'amplitude de l'onde R [Felblinger & Boesch, 1997], comme on peut le voir sur l'exemple de la Figure 2-24. Le rythme cardiaque n'étant pas parfaitement régulier, le signal de respiration ainsi extrait se trouve échantillonné à des intervalles irréguliers. Lors d'une analyse en post-traitement, on peut interpoler le signal afin de le rééchantillonner aux instants d'intérêt.

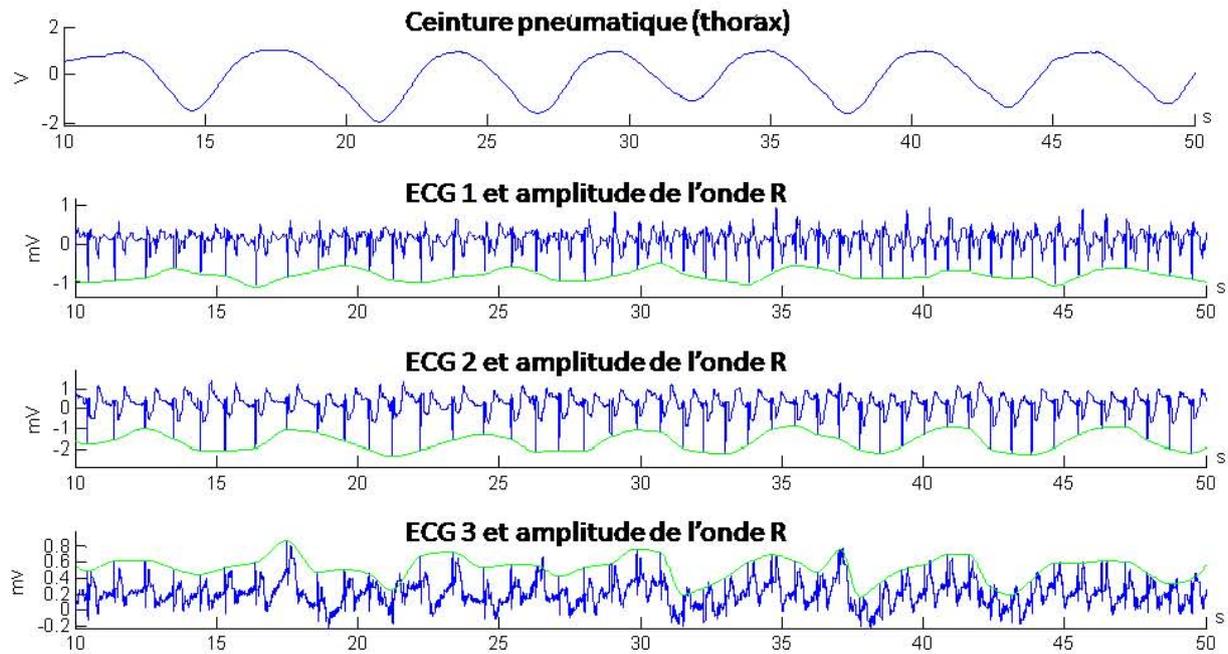


Figure 2-24 Extraction de l'amplitude de l'onde R de l'ECG (3 voies ECG approximativement orthogonales)

D'autres techniques, inspirées de la vectocardiographie, peuvent être employées pour extraire l'information de respiration. Si l'on représente le signal électrique de l'ECG par un vecteur dans l'espace tridimensionnel, on peut s'intéresser, plutôt qu'à la variation d'amplitude de l'onde R dans chaque projection, à la variation d'amplitude du module du vecteur, ou encore à la variation d'angle dans différents plans de projection. Cela nécessite que les trois voies ECG soit orthogonales, ce qui n'est pas tout à fait le cas.

2.3.3 APPLICATION A LA DOUBLE SYNCHRONISATION CARDIO-RESPIRATOIRE PROSPECTIVE

Le SAEC offre la possibilité d'acquérir des données IRM en double synchronisation prospective, c'est-à-dire à la fois cardiaque et respiratoire. L'ECG fournit le signal de synchronisation cardiaque et l'une des ceintures pneumatiques est utilisée pour sélectionner les données selon une zone d'acceptation du mouvement respiratoire.

Cette fonctionnalité est utilisée dans le cadre d'un protocole de recherche actuellement en cours, faisant intervenir plusieurs membres du laboratoire IADI, et en particulier Damien Mandry, Cédric Pasquier et Pierre-André Vuissoz. L'objectif est l'évaluation de l'IRM dans l'étude de la gravité de l'atteinte pulmonaire au cours de la mucoviscidose.

2.3.3.1 APPLICATION A L'EVALUATION DE L'IRM DANS L'ETUDE DE LA GRAVITE DE L'ATTEINTE PULMONAIRE AU COURS DE LA MUCOVISCIDOSE

L'investigateur principal est le Dr. Damien Mandry. L'étude a été soumise au CCPPRB (Comités de Protection des Personnes se prêtant aux Recherches Biomédicales) et a été acceptée le 07/06/2006. Elle est financée par un CPRC (Contrat de Promotion de la Recherche Clinique).

Le pronostic de la mucoviscidose est lié à l'atteinte pulmonaire. De ce fait, il est indispensable de disposer de méthodes d'imagerie permettant un diagnostic précoce des anomalies et un suivi fiable. Actuellement, l'évaluation repose sur la radiographie thoracique, qui progressivement cède un peu de place au scanner haute résolution, mais au prix d'une irradiation plus importante. L'IRM est une alternative intéressante, car elle permet d'obtenir des informations à la fois morphologiques et fonctionnelles, tout en évitant l'utilisation de radiations ionisantes, chez une population qui est essentiellement pédiatrique.

2.3.3.2 METHODES

L'étude prévoit l'inclusion de 30 patients atteints de mucoviscidose. L'examen IRM comprend une séquence de perfusion pulmonaire après injection (séquence FSPGR en apnée), et une séquence multicoupes en haute résolution (2D FGRE), réalisée d'abord en apnée, sans synchronisation cardiaque (matrice de 384x256 ; TE=1,4ms ; TR=90ms ; épaisseur de coupe=7mm ; NEX=1), puis en double synchronisation (matrice de 360x312 ; TE=1,8ms ; TR=8.8ms ; épaisseur de coupe=7mm ; NEX=3). La séquence a été modifiée par Pierre-André Vuissoz afin de permettre une acquisition segmentée en plusieurs blocs, chaque bloc étant déclenché par le signal de synchronisation externe envoyé par le SAEC.

Deux capteurs ECG sont utilisés pour améliorer la fiabilité de la détection QRS. Deux ceintures pneumatiques sont positionnées, l'une sur l'abdomen, et l'autre sur le thorax (au niveau du sternum, endroit où le mouvement est le plus important). Afin d'améliorer l'efficacité de la synchronisation respiratoire, nous utilisons un système de rétrocontrôle visuel, développé par le laboratoire IADI (voir Figure 2-25). Un vidéoprojecteur, situé en dehors de la cage de Faraday, projette l'image à afficher sur un écran en bout de lit. Le patient peut visualiser sa courbe de respiration sur l'écran, à l'aide d'un miroir fixé sur un arceau, ainsi que les seuils d'acceptation dans lesquels il doit essayer de se placer. Des deux signaux de ceintures respiratoires, l'un est choisi pour le rétrocontrôle visuel, en fonction du type de respiration du patient (plutôt thoracique ou abdominale).

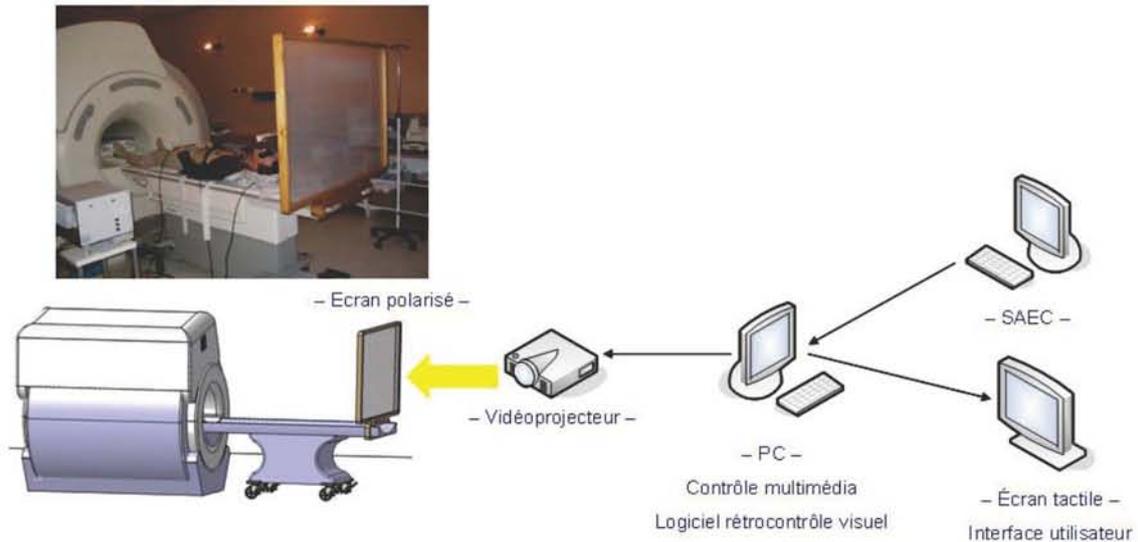


Figure 2-25 Système de rétrocontrôle visuel

L'évaluation de l'atteinte pulmonaire par le radiologue se fait à l'aide d'un critère appelé score de Bhalla, permettant de quantifier les anomalies selon leur catégorie, leur nombre et leur étendue. La reproductibilité inter et intra-opérateur sera évaluée.

2.3.3.3 RESULTATS PRELIMINAIRES DE L'ETUDE

L'examen a pu être mené à son terme dans 7 des 8 cas réalisés à ce jour, le huitième patient n'ayant pas pu réaliser l'examen pour cause de claustrophobie. L'IRM met en évidence les anomalies morphologiques caractéristiques de la mucoviscidose (bronchectasies, épaissement pariétal bronchique, impacts mucoïdes, condensations parenchymateuses). De plus, dans tous les cas, des anomalies de perfusion ont été notées, essentiellement dans les territoires postérieurs. Enfin, les images acquises en double synchronisation se sont avérées interprétables chez tous les patients (voir exemple à la Figure 2-26), bien que des artéfacts résiduels, d'origine respiratoire et cardiaque, ont été notés.

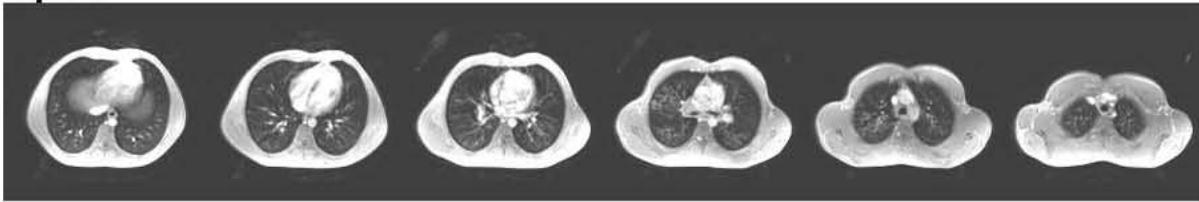
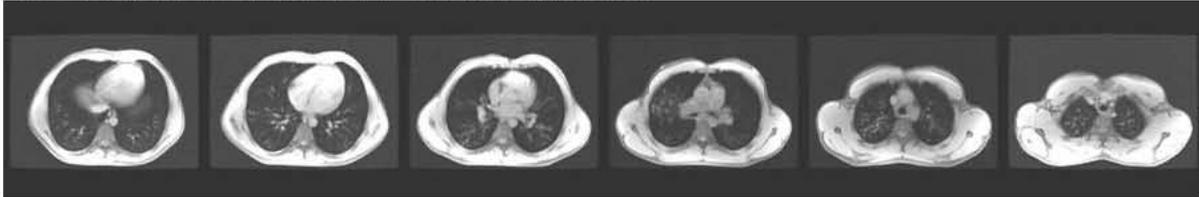
Apnée**Double synchronisation cardiaque et respiratoire**

Figure 2-26 Coupes axiales pulmonaires acquises en apnée, et en synchronisation respiratoire à l'aide du SAEC

2.4 CONCLUSION SUR LA PLATEFORME SAEC

Nous avons vu dans ce chapitre que les méthodes couramment utilisées, à savoir l'apnée et les techniques de synchronisation, reposent sur des hypothèses fortes qui ne sont pas toujours valables (stabilité de l'apnée, et reproductibilité des mouvements pour la synchronisation). Des améliorations ont été proposées avec notamment les méthodes prospectives de correction des mouvements respiratoires, telles que suivi de plan de coupe. Mais les méthodes de correction prospective sont intrinsèquement limitées aux mouvements pouvant être représentés par des transformations affines. Ceci est dû au fait que les gradients des systèmes IRM sont conçus pour dépendre linéairement de la position spatiale.

Nous proposons la mise en place d'une plateforme dédiée à l'acquisition et au traitement des signaux physiologiques. Sa pièce maîtresse, le SAEC, permet un certain nombre de traitements temps-réel, tels que la correction des artéfacts de gradients sur les signaux ECG, la détection QRS, et la génération d'un trigger cardiaque et/ou respiratoire pour la synchronisation prospective. La chaîne des traitements effectués par le SAEC a été évaluée dans son ensemble, et comparée au standard clinique proposé par le constructeur. Nous pouvons conclure que notre système permet d'optimiser la synchronisation cardiaque IRM, du fait que nous ajoutons une correction en temps réel des interférences dues aux gradients, et qu'un module de prédiction de l'intervalle RR suivant est disponible pour certaines applications.

La maîtrise du mouvement cardiaque, à l'aide d'une synchronisation ECG optimisée, couplée à la maîtrise du mouvement respiratoire, à l'aide des méthodes de modélisation et de correction qui sont

proposées dans les chapitres suivants, devrait nous permettre de réduire considérablement les problèmes dus aux mouvements.

CHAPITRE 3 MODELISATION PREDICTIVE DES MOUVEMENTS PHYSIOLOGIQUES

Dans ce chapitre, nous nous proposons d'analyser les mouvements de façon plus précise. En effet, lorsque l'hypothèse de reproductibilité n'est pas vérifiée, les méthodes de synchronisation habituelles n'annulent pas complètement les effets du mouvement, et les images reconstruites présentent des artéfacts résiduels. Nous proposons de construire un modèle permettant de rendre compte de ces mouvements, et s'appuyant sur les données physiologiques recueillies par notre plateforme SAEC. Le modèle doit permettre de fournir des informations de mouvements *a priori*, utilisables par des algorithmes de correction de mouvements, qu'ils soient prospectifs (voir partie 2.1.1.4) ou rétrospectifs (voir partie 4.2).

Les données du SAEC provenant de capteurs externes sont disponibles pendant toute la durée de l'examen, et sont acquises à une fréquence d'échantillonnage élevée (1 kHz). Les capteurs donnent des informations partielles, des « projections » du mouvement réel des organes, ou d'une zone particulière du corps. L'étape de modélisation revêt un rôle essentiel : elle a pour but de retrouver les déplacements réels à partir de ces données partielles.

Le mouvement réel des organes peut être complexe, en particulier en imagerie cardiaque et abdominale. Nous nous préoccupons plus particulièrement des mouvements respiratoires. En effet, ceux-ci étant plus lents que les mouvements cardiaques, ils vérifient d'autant mieux l'hypothèse du mouvement inter-acquisition (par opposition à intra-acquisition), discutée dans la partie 1.3.3.

Nous présentons tout d'abord le principe général de la modélisation linéaire des mouvements, et de son application à la prédiction, sur la base d'un nombre réduit de signaux d'entrées (capteurs externes, écho-navigateurs...). Nous proposons une classification des modèles linéaires de mouvements possibles, en fonction de la représentation du mouvement choisie, des signaux d'entrée disponibles, et de la méthode de calibration du modèle. Nous présentons ensuite une méthode alternative, avec l'objectif de représenter des mouvements élastiques dans le champ de vue. Dans ce modèle, les champs de déplacements prédits sont contraints dans la dimension temporelle, à l'aide de combinaisons linéaires des signaux d'entrées, et dans la dimension spatiale, à l'aide d'une contrainte géométrique. Le modèle est validé à l'aide d'un protocole réalisé sur des sujets sains, et comparé aux méthodes usuelles. Ce modèle sera également utilisé dans le Chapitre 4 pour la correction des artéfacts de mouvements en reconstruction. Enfin, nous présentons quelques extensions possibles du modèle, en particulier son application possible au problème de détection de mouvement guidée par un modèle (« model-driven motion detection »).

3.1 MODELISATION LINEAIRE DES MOUVEMENTS

3.1.1 PRINCIPE DU MODELE LINEAIRE

Nous disposons d'un ensemble de capteurs permettant de recueillir des données physiologiques. Après prétraitement des signaux issus de ces capteurs, différentes informations d'intérêt sont extraites, qui donnent une représentation partielle du mouvement (signaux issus de ceintures respiratoires, d'écho-navigateurs, amplitude de l'onde R de l'ECG...). Le modèle que nous construisons vise à établir une relation simple entre ces informations partielles et le mouvement réel des organes. Le modèle proposé est un modèle linéaire, comme schématisé à la Figure 3-1.

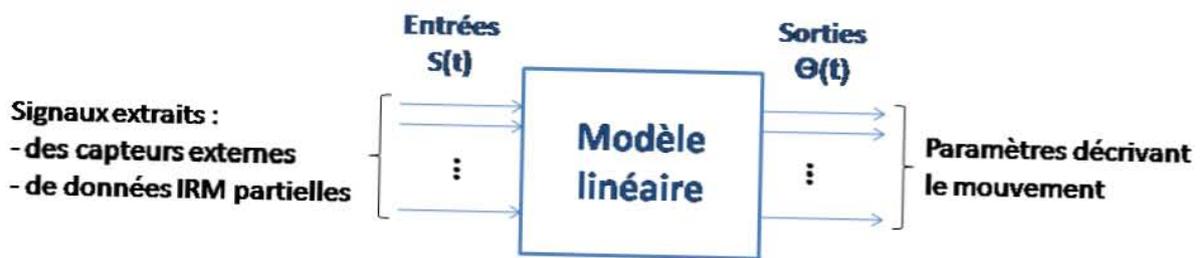


Figure 3-1 Modèle linéaire liant les données du SAEC au mouvement réel

Les informations partielles, extraites des données de capteurs externes ou des données IRM, constituent les signaux d'entrée du modèle. Nous disposons, en entrée du modèle, de signaux fonctions du temps, notés $S(t)$. Le modèle a pour sorties un jeu de paramètres décrivant le mouvement dans le plan ou le volume d'intérêt, soit $\Theta(t)$. Les sorties du modèle peuvent être soit des paramètres de transformation spatiale, tels que des paramètres de transformation affine, soit des champs de déplacements complets, échantillonnés sur une grille cartésienne par exemple, ou encore une combinaison des deux (transformation affine + déformations libres localement).

Le modèle linéaire peut être décrit par la relation suivante, moyennant une erreur ϵ :

$$(3.1)$$

ou encore :

$$(3.2)$$

Autrement dit, on suppose que l'évolution temporelle des paramètres décrivant le mouvement peut être approchée par des combinaisons linéaires des signaux d'entrée.

3.1.2 CALIBRATION DU MODELE ET PREDICTION

Le modèle linéaire liant les signaux d'entrée aux paramètres du mouvement réel est entièrement décrit par les coefficients de la matrice α , qui sont inconnus. Ces coefficients dépendent du choix des signaux d'entrée, du placement des capteurs sur le patient, mais aussi du patient lui-même, car le mouvement sera différent d'un patient à l'autre.

Par conséquent, on envisage de déterminer la matrice α pour une configuration de capteurs fixée pour la durée de l'examen. Le modèle est donc calibré spécifiquement pour chaque patient, et pour une configuration de capteurs donnée (voir schéma de la Figure 3-2). Une fois la calibration effectuée, il est possible de prédire les paramètres décrivant les mouvements réels du patient par simple produit de α par les nouvelles valeurs fournies par les signaux d'entrée.

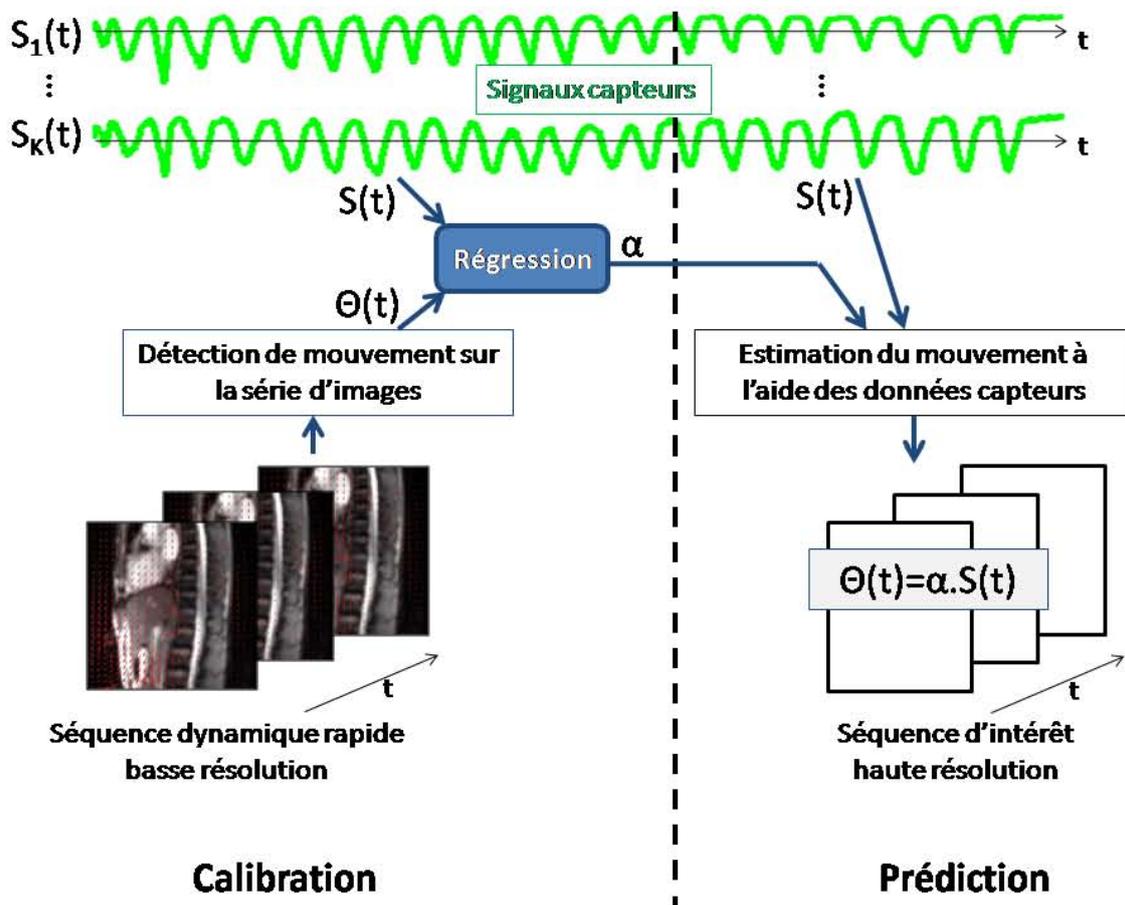


Figure 3-2 Calibration du modèle linéaire et prédiction du mouvement

L'étape de calibration permet d'identifier les coefficients du modèle linéaire. Pour cela, on réalise une séquence IRM dynamique rapide, à basse résolution spatiale, mais à résolution temporelle élevée. Un algorithme permet ensuite de détecter, à partir des données images, les paramètres décrivant le mouvement dans le champ de vue (paramètres de transformations affines ou champs de déplacements complets). La dimension temporelle est discrétisée en rééchantillonnant les signaux

d'entrées aux instants d'acquisition des images. Le modèle ayant plusieurs entrées et plusieurs sorties, l'identification se ramène à un problème de régression multivariable, entre les paramètres décrivant le mouvement et les signaux d'entrées.

3.1.3 JUSTIFICATION DE L'UTILISATION DU MODELE LINEAIRE

Plusieurs représentations du mouvement peuvent être utilisées (différentes variantes seront présentées dans la partie 3.2.2). Dans le cas où l'on souhaite prédire des champs de déplacements complets, le nombre de paramètres de sortie du modèle est élevé. Le nombre d'entrées, quant à lui, peut être limité, en fonction du nombre de capteurs à disposition. Ceci nous amène à nous interroger sur le nombre d'entrées nécessaires à une estimation robuste des champs de déplacements.

Remarquons tout d'abord que les données d'entrée, comme les données de sortie, ne sont pas toutes indépendantes. En effet, il est possible que plusieurs capteurs donnent des informations très similaires, c'est-à-dire des signaux fortement corrélés. Les sorties du modèle également ne sont pas toutes indépendantes car, par exemple, deux points de contrôle voisins, situés dans un même organe, auront des déplacements fortement corrélés.

Les corrélations entre signaux peuvent être étudiées à l'aide de méthodes statistiques usuelles telles que l'analyse en composantes principales (principal component analysis ou PCA). Nous nous intéressons dans ce qui suit aux corrélations entre les données de sortie, dans le cas de déformations élastiques, c'est-à-dire représentées par des déplacements libres en des points de contrôle particuliers. Pour cela, nous utilisons un algorithme de détection de mouvements, basé sur la technique du flux optique (algorithme de Lucas et Kanade [Lucas & Kanade, 1981]), disponible dans la librairie OpenCV (open source computer vision library) d'Intel. Avant détection des mouvements, nous appliquons une égalisation d'histogramme à la série d'images. Puis l'algorithme détecte les déplacements entre une image choisie comme référence et chaque image de la série. L'algorithme comprend une résolution pyramidale, ce qui permet d'estimer des champs de déplacements relativement importants. Préalablement à la détection proprement dite, un ensemble de points de contrôle est automatiquement sélectionné par l'algorithme (voir Figure 3-3). C'est en ces points, correspondant à un flux optique maximal, que les valeurs de déplacements dans les deux directions x et y sont calculées.

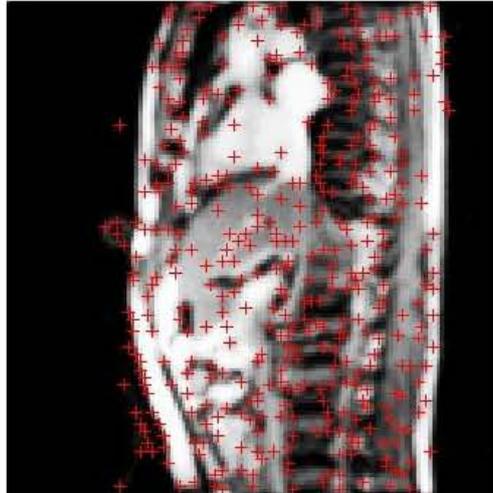


Figure 3-3 Points de contrôle utilisés pour la détection de mouvements

Les déplacements en x et en y , en un point de contrôle i , sont notés respectivement Δx_i et Δy_i . Les paramètres décrivant le mouvement sont alors la concaténation des déplacements en x et en y aux points de contrôles :

(3.3)

La PCA se fait par décomposition en valeurs singulières (SVD) du jeu de données D :

(3.4)

avec (dans le cas où $n < m$) :

(3.5)

Les coefficients α_k sont les valeurs propres de la matrice d'autocovariance C du jeu de données. La décomposition permet d'ordonner les relations linéaires existant entre les différents signaux du jeu de données. Lorsque le jeu de données contient des signaux fortement corrélés entre eux, seules les premières valeurs propres sont significatives. Le jeu de données complet peut alors être approximativement reconstruit, à partir des premiers modes propres significatifs.

Nous nous intéressons, dans le cas de séquences d'images 2D de la région cardiaque et abdominale, aux modes propres significatifs permettant de reconstruire les vecteurs de déplacements. La séquence IRM utilisée est une SSFP (2D FIESTA ; TE=0,9 ms ; TR=2,6 ms ; matrice 128x128 ; pixels carrés de taille 2,8 mm ; épaisseur de coupe de 10 mm ; SENSE facteur 2). La résolution temporelle des images est de 5,7 images /s, et la durée de la séquence est de 43 s. L'acquisition n'est pas synchronisée, ainsi nous visualisons des mouvements dus à la fois aux battements cardiaques et à la respiration. Nous demandons à 5 sujets sains de respirer suivant quatre configurations différentes pendant la séquence :

- respiration libre,
- respiration ample,
- inspiration rapide, expiration normale,
- inspiration normale, expiration rapide.

Les 5 sujets sains sont désignés par un code dans les résultats présentés ci-après (R619, R620, R621, R626, R628).

Après détection des déplacements aux points de contrôle par l'algorithme de Lucas et Kanade, nous effectuons la PCA, et nous reconstruisons les déplacements à l'aide des k premiers modes propres ($k \in \{1, \dots, 64\}$). Pour chaque reconstruction, nous calculons l'erreur moyenne quadratique (RMSE), définie par :

$$\text{RMSE} = \left(\frac{1}{P} \sum_{p=1}^P \frac{1}{T} \sum_{k=1}^T \|u^p(t_k) - \hat{u}^p(t_k)\|^2 \right)^{1/2}, \quad (3.6)$$

ainsi qu'une version normalisée (NRMSE) par rapport à l'énergie totale du déplacement :

$$\text{NRMSE} = \frac{\text{RMSE}}{\left(\frac{1}{P} \sum_{p=1}^P \frac{1}{T} \sum_{k=1}^T \|u^p(t_k)\|^2 \right)^{1/2}}, \quad (3.7)$$

où $u^p = [u_x^p \ u_y^p]$ est le déplacement au nœud p , \hat{u}^p désigne le déplacement reconstruit à l'aide des k premiers modes propres, et $\|\cdot\|$ la norme euclidienne. Un exemple de reconstruction est donné à la Figure 3-4. On voit sur cet exemple que la connaissance d'un nombre restreint de modes propres permet déjà de reconstruire l'ensemble du jeu de paramètres avec une bonne approximation. Des résultats similaires sont obtenus chez les 5 sujets sains (10 séquences au total pour chacun des quatre modes de respiration), et sont détaillés dans le Tableau 3-1 et dans la Figure 3-5.

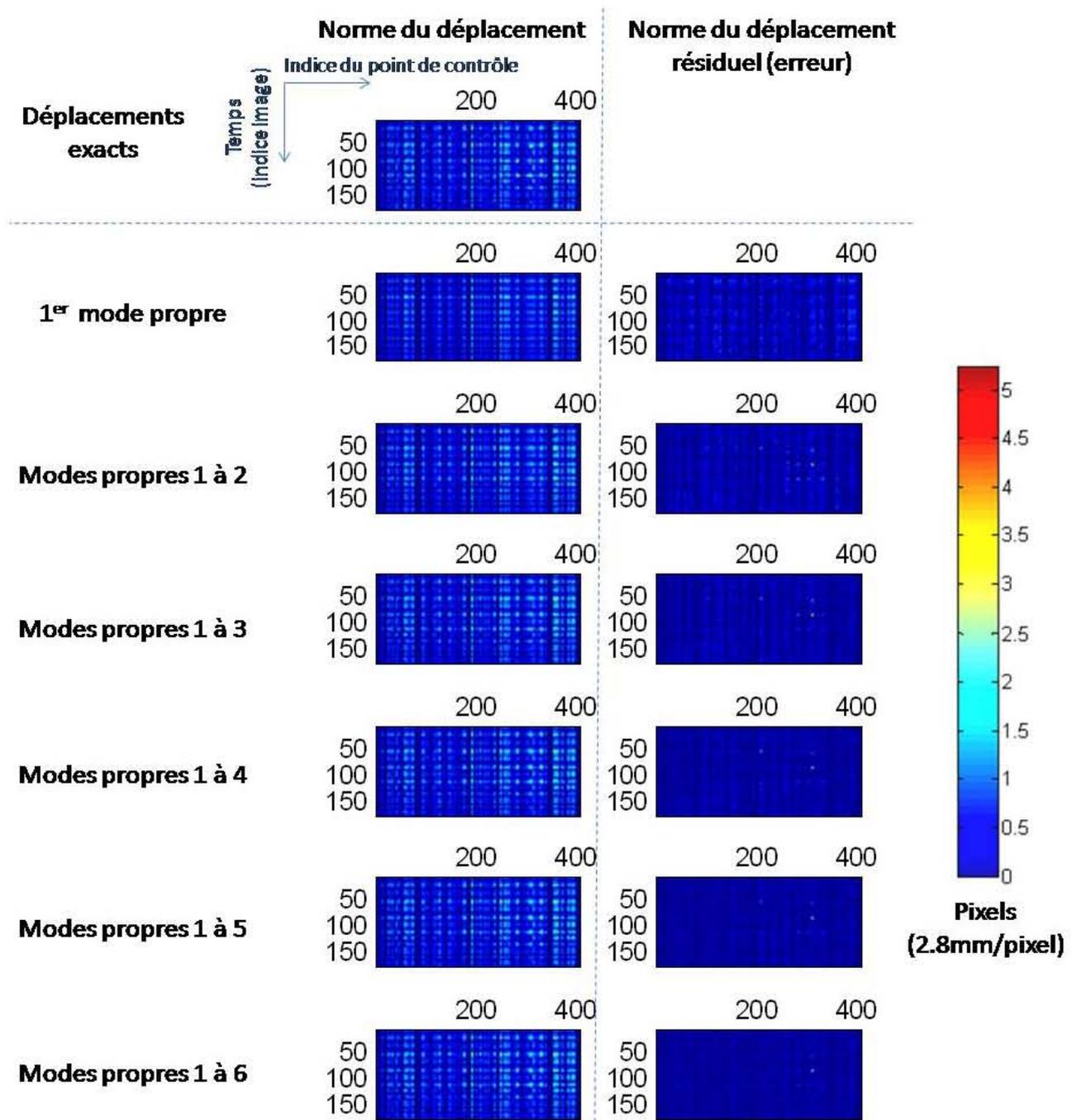


Figure 3-4 Analyse en composantes principales des déplacements calculés aux points de contrôle chez un sujet sain (R619, respiration libre)

Tableau 3-1 Erreur de reconstruction des déplacements aux points de contrôle selon le nombre de modes propres choisis

Sujet	Série	Mode de respiration	NRMSE								
			1	2	3	4	5	6	16	32	64
R619	5	Respiration libre	0.463	0.340	0.287	0.235	0.205	0.182	0.083	0.043	0.020
R620	11	Respiration libre	0.535	0.422	0.335	0.266	0.239	0.217	0.115	0.065	0.030
R620	30	Respiration libre	0.291	0.214	0.164	0.130	0.113	0.098	0.049	0.027	0.011
R621	5	Respiration libre	0.542	0.389	0.299	0.228	0.192	0.159	0.062	0.030	0.014
R621	17	Respiration libre	0.322	0.249	0.191	0.155	0.118	0.102	0.042	0.021	0.010
R621	29	Respiration libre	0.495	0.353	0.262	0.203	0.174	0.152	0.064	0.031	0.014
R626	5	Respiration libre	0.389	0.321	0.265	0.223	0.199	0.180	0.102	0.052	0.019
R628	5	Respiration libre	0.492	0.412	0.330	0.263	0.229	0.193	0.080	0.042	0.019
R628	17	Respiration libre	0.327	0.241	0.200	0.158	0.136	0.122	0.062	0.036	0.017
R628	29	Respiration libre	0.339	0.244	0.195	0.176	0.157	0.144	0.076	0.038	0.015
R619	6	Respiration ample	0.534	0.394	0.343	0.299	0.278	0.256	0.162	0.102	0.051
R620	12	Respiration ample	0.453	0.362	0.322	0.286	0.260	0.242	0.156	0.101	0.051
R620	31	Respiration ample	0.351	0.257	0.201	0.175	0.159	0.145	0.083	0.051	0.026
R621	6	Respiration ample	0.515	0.370	0.335	0.298	0.276	0.259	0.162	0.113	0.065
R621	18	Respiration ample	0.359	0.266	0.177	0.145	0.123	0.108	0.048	0.023	0.009
R621	30	Respiration ample	0.416	0.327	0.246	0.200	0.164	0.140	0.066	0.035	0.015
R626	6	Respiration ample	0.414	0.351	0.313	0.280	0.253	0.232	0.147	0.098	0.055
R628	6	Respiration ample	0.476	0.363	0.291	0.263	0.240	0.221	0.141	0.098	0.056
R628	18	Respiration ample	0.360	0.260	0.214	0.180	0.153	0.134	0.079	0.051	0.028
R628	30	Respiration ample	0.457	0.333	0.258	0.227	0.202	0.183	0.115	0.080	0.048
R619	7	Inspiration rapide expiration normale	0.564	0.488	0.421	0.353	0.317	0.291	0.178	0.107	0.047
R620	13	Inspiration rapide expiration normale	0.585	0.470	0.393	0.309	0.275	0.241	0.130	0.074	0.032
R620	32	Inspiration rapide expiration normale	0.356	0.271	0.195	0.174	0.157	0.140	0.070	0.040	0.017
R621	7	Inspiration rapide expiration normale	0.527	0.410	0.325	0.295	0.262	0.236	0.135	0.078	0.034
R621	19	Inspiration rapide expiration normale	0.276	0.202	0.165	0.136	0.115	0.103	0.046	0.022	0.009
R621	31	Inspiration rapide expiration normale	0.430	0.348	0.257	0.217	0.182	0.157	0.066	0.033	0.014
R626	7	Inspiration rapide expiration normale	0.405	0.315	0.284	0.257	0.238	0.218	0.144	0.095	0.046
R628	7	Inspiration rapide expiration normale	0.534	0.439	0.369	0.328	0.289	0.265	0.136	0.075	0.034
R628	19	Inspiration rapide expiration normale	0.405	0.319	0.247	0.203	0.157	0.143	0.080	0.048	0.024
R628	31	Inspiration rapide expiration normale	0.329	0.259	0.212	0.191	0.169	0.148	0.075	0.044	0.021
R619	8	Inspiration normale expiration rapide	0.637	0.458	0.398	0.338	0.310	0.287	0.168	0.097	0.040
R620	14	Inspiration normale expiration rapide	0.446	0.384	0.335	0.300	0.267	0.247	0.142	0.085	0.038
R620	33	Inspiration normale expiration rapide	0.362	0.267	0.202	0.158	0.130	0.113	0.057	0.031	0.014
R621	8	Inspiration normale expiration rapide	0.524	0.443	0.361	0.301	0.261	0.226	0.095	0.046	0.020
R621	20	Inspiration normale expiration rapide	0.423	0.333	0.227	0.186	0.157	0.137	0.052	0.026	0.012
R621	32	Inspiration normale expiration rapide	0.530	0.396	0.341	0.281	0.234	0.204	0.072	0.036	0.017
R626	8	Inspiration normale expiration rapide	0.494	0.419	0.376	0.336	0.307	0.285	0.195	0.135	0.073
R628	8	Inspiration normale expiration rapide	0.683	0.494	0.370	0.288	0.239	0.205	0.112	0.066	0.033
R628	20	Inspiration normale expiration rapide	0.640	0.419	0.312	0.259	0.215	0.192	0.090	0.050	0.022
R628	32	Inspiration normale expiration rapide	0.511	0.374	0.307	0.270	0.233	0.206	0.104	0.059	0.028

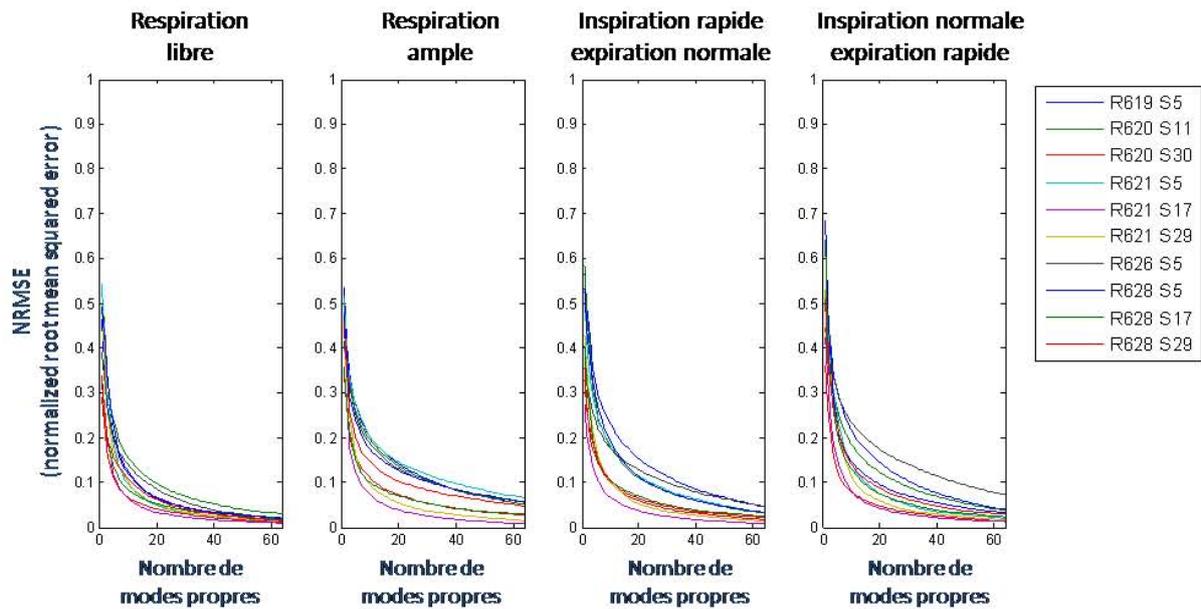


Figure 3-5 Erreur d'estimation des déplacements en fonction du nombre de modes propres choisis

Ces résultats montrent que les déplacements calculés aux différents points de contrôle sont fortement corrélés, puisque la majeure partie de l'information est concentrée dans un nombre restreint de modes propres. En respiration libre, la connaissance d'un seul mode propre permet déjà de reconstituer quasiment la moitié de l'information de mouvement (). 80% de l'information de mouvement peut être reconstituée à partir de 10 modes propres (), et 90% avec 20 modes (). Pour les autres modes de respiration, on constate que davantage de modes propres sont nécessaires qu'en respiration libre, ce qui signifie une plus grande variabilité du mouvement, liée à un plus grand nombre de degrés de liberté. Cependant, ce sont évidemment les mouvements en respiration libre qui présentent le plus grand intérêt, les autres modes respiratoires étant des cas extrêmes donnés à titre indicatif.

Ainsi, dans la construction du modèle linéaire prédictif, il sera possible d'utiliser un nombre restreint de signaux d'entrée, pourvu qu'ils soient corrélés avec les premiers vecteurs singuliers de la matrice . Autrement dit, on cherche des signaux d'entrée appartenant aux premiers espaces propres . En l'état actuel de notre SAEC, un nombre restreint de signaux d'entrée est disponible. Nous espérons donc disposer d'une information de mouvement *a priori*, qui pourra être approximative. Les développements théoriques qui seront présentés dans la suite seront d'autant plus valables que la description du mouvement sera précise, et donc que le nombre de signaux d'entrées linéairement indépendants, et appartenant aux , sera grand.

3.1.4 APPLICATIONS DE LA MODELISATION LINEAIRE DES MOUVEMENTS

De tels modèles linéaires ont déjà été proposés dans la littérature, et différentes applications en ont été faites spécifiquement pour le mouvement en IRM. Dans [Priatna *et al.* , 1999], un modèle linéaire très simple, comprenant une entrée et une sortie, est proposé pour étudier la relation entre le mouvement du diaphragme et le signal d'une ceinture respiratoire (capteur piézoélectrique) disposée sur le thorax. L'intérêt de cette étude était de montrer qu'il est possible d'estimer un mouvement interne à partir d'un capteur externe, à l'aide d'un modèle linéaire calibré spécifiquement pour chaque patient.

Des modèles linéaires plus complexe, à plusieurs entrées et plusieurs sorties, ont été proposés dans [McLeish *et al.* , 2002, Ablitt *et al.* , 2004a]. Les applications visées ici étaient la modélisation des déformations des organes (foie ou cœur) dues aux mouvements respiratoires.

Des modèles prédictifs basés sur des transformations affines (12 paramètres de mouvement en sortie) ont été mis en œuvre dans [Manke *et al.* , 2002, Manke *et al.* , 2003], avec, récemment, des applications à la correction de mouvement prospective [Nehrke & Boernert, 2005].

3.2 CLASSIFICATION DES METHODES DE MODELISATION LINEAIRE EXISTANTES

Comme nous venons de l'évoquer dans le paragraphe précédent, diverses applications faisant intervenir un modèle linéaire ont été proposées. Les modèles en jeu diffèrent quelques peu d'un auteur à l'autre. Nous proposons dans cette partie une classification des modèles linéaires permettant de prédire les mouvements. Les modèles recensés présentent des variantes dans trois principales composantes : le choix des données d'entrées, le choix des données de sortie, et la méthode de régression servant à calibrer le modèle.

3.2.1 LES DONNEES D'ENTREE DU MODELE

Plusieurs types de signaux peuvent être utilisés comme entrées du modèle. On peut les regrouper en deux catégories. La première catégorie comprend les signaux issus de données IRM, et la deuxième comprend les signaux provenant de capteurs.

Les signaux provenant de l'IRM (écho-navigateurs, lignes centrales de l'espace k...) présentent l'avantage de donner directement une information image. Il est possible de suivre des mouvements en surface ou des mouvements internes d'organes. Le principal inconvénient est la nécessité d'utiliser des séquences spécifiques, modifiées pour inclure l'acquisition de ces images partielles. Selon la méthode utilisée, la séquence peut être allongée de façon significative. En outre, le modèle prédictif est dépendant de la modalité d'imagerie, c'est-à-dire que la calibration du modèle et l'étape de prédiction nécessitent toutes les deux l'utilisation de l'IRM. Ceci peut constituer une limitation si

l'on souhaite utiliser le modèle pour d'autres modalités. En effet, une compensation des mouvements du patient est souhaitable dans toutes les interventions guidée par l'image [Hawkes *et al.*, 2005] : chirurgie ou intervention guidée par l'imagerie en rayons X, en ultrasons, par l'IRM (IRM interventionnelle), ou encore par des systèmes mixtes couplant l'IRM et le scanner (XMR). La problématique du mouvement se pose également pour la planification en radiothérapie [Blackall *et al.*, 2006]. En effet, pour toutes ces techniques, il pourrait être intéressant de construire un modèle du mouvement, dont la calibration pourrait être faite à l'aide de l'imagerie IRM, et s'appuyant uniquement sur des capteurs ou des repères externes, pour prédire le mouvement au cours de l'intervention.

L'utilisation de données provenant de capteurs externes permet de prédire les mouvements indépendamment de l'acquisition IRM. Cela signifie que, dans le cas de la correction des mouvements au cours de l'examen IRM, on pourra faire usage du modèle sans aucune modification de séquence, puisque les informations des capteurs sont disponibles de façon continue pendant toute la durée de l'examen.

3.2.1.1 SIGNAUX PROVENANT DE DONNEES IRM

La première catégorie de signaux utilisables tire profit de la technique d'imagerie IRM. Il est possible d'acquérir, au prix d'une légère modification d'une séquence existante, des images partielles (1D, 2D, 3D), à l'aide d'écho-navigateurs, ou encore de lignes de phase supplémentaires, intercalés dans la séquence haute résolution d'intérêt. Pour le post-traitement (pour le recalage ou l'analyse d'images), des données extraites directement des images reconstruites peuvent également être utilisées.

ECHO-NAVIGATEURS

Un écho-navigateur est constitué d'une séquence d'impulsions dédiée, intercalée dans la séquence haute résolution d'intérêt. L'écho-navigateur le plus simple revient à acquérir une image 1D, c'est-à-dire une ligne dans l'espace. Le profil imagé (« tracker ») est positionné sur une région où le mouvement sera facilement détectable. Par exemple, pour l'imagerie cardiaque, on le dispose généralement sur le diaphragme, à l'interface entre le foie et le poumon. Le positionnement du tracker est délicat, car deux impulsions RF sélectives sont nécessaires pour exciter une ligne de l'espace (ou plus exactement, un parallélépipède d'épaisseur très faible dans deux dimensions). Des artéfacts apparaissent aux intersections des plans excités avec le volume haute résolution. En effet, dans les zones d'intersection, l'aimantation est perturbée par la séquence d'écho-navigation.

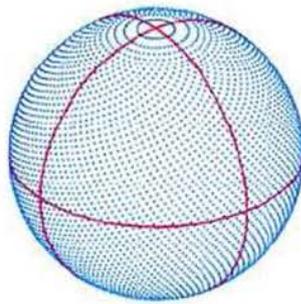
Gardant à l'esprit ces difficultés, il est possible de positionner un ou plusieurs écho-navigateurs 1D, et d'utiliser l'information recueillie pour corriger le mouvement. Lorsqu'un seul écho-navigateur est

utilisé, le modèle linéaire ne comprend qu'une seule entrée. On cherche alors un coefficient liant le mouvement détecté par le navigateur (diaphragme) au mouvement de la région à imager (par exemple une artère coronaire). Ce coefficient est parfois fixé de façon empirique. Le mouvement est alors approché par une translation globale, généralement restreinte à la direction SI (supérieur-inférieur), le mouvement dans les autres directions étant négligé. Plusieurs auteurs se basent sur l'étude, dans [Wang *et al.* , 1995], de la linéarité entre le mouvement du diaphragme et le mouvement de différentes parties du cœur (partie supérieure et inférieure du cœur, apex, coronaire droite (RCA) et interventriculaire antérieure (LAD)). Cependant l'étude porte sur un petit nombre de sujets (10), et la reproductibilité n'est pas évaluée. Des coefficients obtenus par régression linéaire sont variables d'un patient à l'autre, et sont fonction de la zone imagée. Une calibration spécifique est donc préférable lorsque c'est possible.

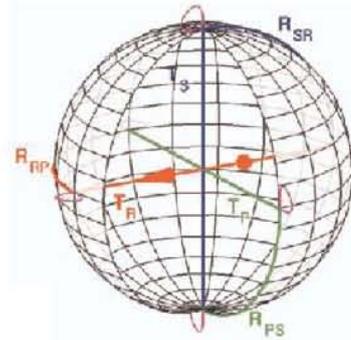
L'utilisation combinée de plusieurs écho-navigateurs 1D permet de disposer de plusieurs entrées pour le modèle [Manke *et al.* , 2003]. Toutefois, le nombre maximal d'écho-navigateurs utilisables pendant la séquence est limité par leur temps d'acquisition. Dans [Nehrke & Boernert, 2005], une durée de 50 ms est mentionnée pour l'acquisition de trois navigateurs, appliqués juste avant la séquence d'intérêt. Ainsi, si l'écho-navigateur est trop éloigné de l'acquisition haute résolution dans le temps, l'information de mouvement ne sera pas tout à fait exacte. Pour compenser cet effet, les auteurs proposent d'ajouter des navigateurs appelés précurseurs : les mêmes navigateurs sont appliqués une deuxième fois, mais légèrement décalés dans le temps. Ainsi, on dispose d'une information de dérivée temporelle, qui peut être utilisée pour compenser le délai entre les navigateurs et la séquence d'intérêt. D'autres navigateurs virtuels peuvent également être ajoutés aux entrées du modèle pour compenser les non-linéarités entre les signaux d'entrée et de sortie. Par exemple, des navigateurs quadratiques sont obtenus en élevant au carré les signaux des navigateurs réels.

Des écho-navigateurs plus complexes, 2D ou 3D, sont également possibles. L'objectif est de détecter des paramètres de transformations globales, permettant de décrire les déformations dans le champ de vue. Généralement, on se limite à la recherche d'une translation tridimensionnelle et de deux ou trois rotations. La conception de séquences permettant de détecter ces paramètres, moyennant un temps d'acquisition minimal, a fait l'objet de travaux récents [Welch *et al.* , 2002, Hackenbroch *et al.* , 2005, Costa *et al.* , 2005, Petrie *et al.* , 2005, van der Kouwe *et al.* , 2006]. Ces méthodes s'appuient sur la propriété suivante : une transformation affine (incluant translations et rotations globales) dans le domaine image résulte en une transformation affine dans le domaine spectral. Ainsi, le problème équivaut à rechercher des paramètres de transformations globales dans l'espace k . Des exemples de trajectoires de l'espace k possibles sont donnés à la Figure 3-6. En général, ces écho-navigateurs sont

utilisés directement pour la correction du positionnement du plan de coupe, en temps réel. Du fait que l'on se limite aux transformations rigides, les applications visées sont plutôt l'IRM neurologique ou l'IRM fonctionnelle, pour lesquelles on souhaite compenser des mouvements fortuits de la tête. Le modèle rigide est insuffisant en imagerie cardiaque ou abdominale. Mais cela dit, rien n'empêche d'utiliser ces paramètres de transformations globales comme entrées d'un modèle linéaire plus complexe, faisant intervenir des mouvements élastiques.



**Navigateurs orbital (les 3 cercles rouges)
et sphérique (surface de la sphère)**



**Navigateur en feuilles de trèfle
(« coverleaf »)**

Figure 3-6 Exemples de trajectoires dans l'espace k d'écho-navigateurs permettant de détecter des paramètres de transformations rigides globales (images extraites de [Welch *et al.*, 2002, van der Kouwe *et al.*, 2006])

NAVIGATEURS INTEGRES DANS LA SEQUENCE D'INTERET

Alors que les écho-navigateurs requièrent une séquence d'impulsion dédiée, il existe une solution alternative permettant de recueillir des images partielles, en s'appuyant sur la séquence haute résolution elle-même. En intercalant l'acquisition de données centrales de l'espace k, on peut obtenir des images basse résolution à intervalles réguliers. Ces données doivent être insérées suffisamment fréquemment pour pouvoir détecter les variations temporelles liées au mouvement considéré. En revanche, plus on insère de données supplémentaire, plus on allonge le temps d'acquisition.

Dans [Uribe *et al.*, 2007], chaque segment de l'espace k (un segment étant un ensemble de lignes de phase) est précédé de l'acquisition de la ligne de phase centrale. Cela permet de reconstruire, par transformée de Fourier 1D, un profil spatial 1D. La résolution du profil est la même que celle de l'image dans la direction de phase, en revanche, dans la direction de fréquence, le profil ne contient qu'un point, correspondant à une très basse fréquence spatiale, assimilable à une projection. Les auteurs proposent d'appliquer la méthode à la synchronisation respiratoire prospective. Chaque profil est comparé à un profil de référence, acquis en apnée. Lorsque le profil est trop différent du profil de référence, au sens d'un coefficient de corrélation, on se trouve dans une mauvaise phase

respiratoire. On répète alors l'acquisition du même segment jusqu'à ce qu'il soit accepté, ensuite on peut passer à l'acquisition du segment suivant. L'avantage de cette technique est de ne pas perturber l'aimantation, comme on peut le faire avec les écho-navigateurs, ce qui est particulièrement important pour les séquences SSFP par exemple (on ne perturbe pas l'état d'équilibre des spins).

Plutôt que d'utiliser ces navigateurs intégrés à des fins de synchronisation, on peut envisager d'en extraire des données d'entrées pour le modèle linéaire, en calculant des déplacements à partir de chaque profil. Un exemple de profils obtenus à l'aide de la ligne de phase centrale est représenté à la Figure 3-7. Dans cet exemple, nous avons extrait la ligne de phase centrale de l'espace k de chaque antenne, dans une série d'images dynamique rapide (SSFP), rétrospectivement. Une première approche consiste à considérer le mouvement uniforme sur l'étendue du profil. En recherchant le déplacement qui minimise un critère de similarité entre les profils deux à deux, on en déduit un paramètre de translation globale. Les déplacements obtenus par cette méthode sont annotés en vert sur les profils de la Figure 3-7. En raison de la pondération en sensibilité, la détection d'une translation globale, pour une antenne donnée, sera plus sensible au mouvement de la zone couverte par cette antenne.

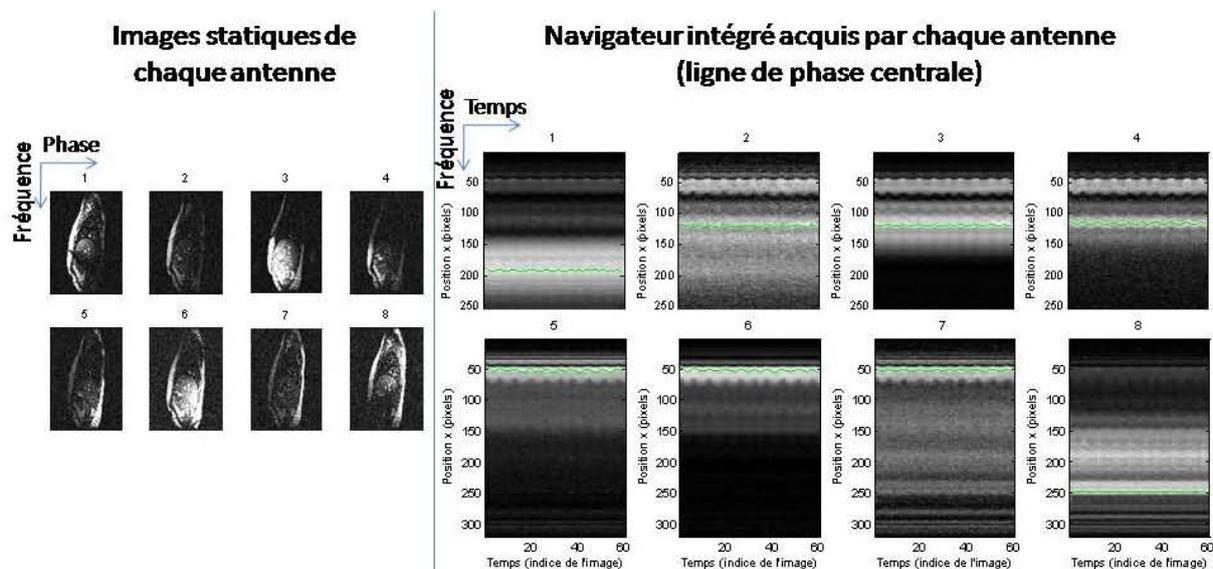


Figure 3-7 Profils obtenus à l'aide de la ligne de phase centrale de chaque antenne (antenne corps 8 éléments), dans une coupe sagittale du foie

Dans l'exemple considéré, l'antenne 6 donne le signal le mieux corrélé avec le signal fourni par la ceinture pneumatique disposée sur l'abdomen (voir Figure 3-8), avec un coefficient de corrélation de 0,97. Toutefois, l'approximation du mouvement uniforme sur l'ensemble du profil est assez grossière. Une stratégie plus judicieuse serait de détecter des mouvements 1D élastiques le long du

profil. On disposerait ainsi d'un grand nombre de signaux de navigation, qui seraient autant d'entrées pour notre modèle. Cependant, la détermination de ces déplacements élastiques n'est pas aisée, car l'intensité d'un profil, au cours du temps, n'est pas conservée à cause de la pondération en sensibilités d'antennes.

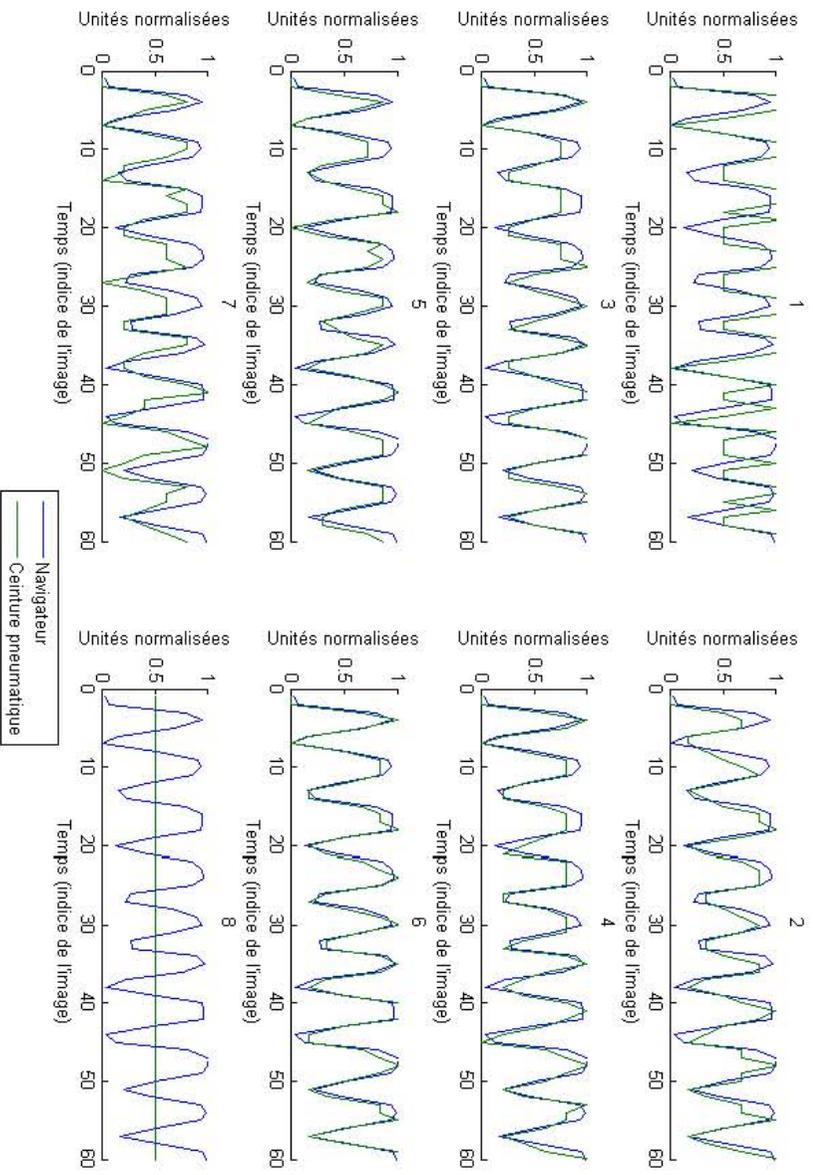


Figure 3-8 Signaux des navigateurs intégrés produits par chaque antenne

Les navigateurs intégrés ne sont pas limités à des profils 1D tels que nous venons de le voir. Des données intercalées dans des séquences en spirales ont été proposées dans [Bammer *et al.*, 2007]. L'avantage des trajectoires en spirale est de parcourir des surfaces importantes de l'espace k , en un temps très faible. On peut donc tenter de reconstruire, plutôt qu'un profil 1D, une image basse résolution.

IMAGES PARTIELLES (NAVIGATEURS SIMULES)

Les modèles de mouvement peuvent aussi avoir des applications pour le post-traitement des images obtenues en IRM. Lors d'une série d'images dynamiques, si le mouvement est lent par rapport à l'acquisition d'une seule image, les images de la série ne présentent pas d'artéfacts, mais ne sont pas alignées, ce qui complique le post-traitement. Un recalage des images est alors nécessaire. Les problèmes de recalage sont parfois difficiles, du fait de la complexité des mouvements (nombre

élevé de degrés de liberté), des variations d'intensité au cours du temps (par exemple au cours des séquences de perfusion), ou encore des effets d'entrée ou de sortie de plan de coupe. On rencontre parfois des problèmes localisés, où une région ou une partie d'un organe est mal recalée, alors que le recalage d'autres structures se fait sans problèmes. C'est pourquoi il peut être intéressant d'apporter des informations supplémentaires *a priori* à l'aide d'un modèle du mouvement. Puisque nous disposons d'une série d'image complète, il est possible d'extraire un certain nombre d'images partielles, par exemple des profils, localisés sur des régions dont le mouvement sera bien identifié (surface du thorax ou de l'abdomen, diaphragme, frontière entre deux organes particuliers...). Ces images partielles 1D peuvent ainsi être utilisées de la même façon que les écho-navigateurs, mais s'appliquent aux problèmes de post-traitement des images uniquement. Il a également été proposé d'utiliser de telles images partielles pour la modélisation, en post-traitement, des déformations cardiaques dues aux mouvements respiratoires [Ablitt *et al.* , 2004b].

3.2.1.2 DONNEES ISSUES DE CAPTEURS EXTERNES

CEINTURE RESPIRATOIRE

Le capteur externe le plus utilisé pour suivre le mouvement respiratoire est la ceinture pneumatique. Elle présente l'avantage d'être amagnétique et simple d'utilisation. L'un de ses inconvénients est de fournir une information moyennée du mouvement sur une certaine distance. Un autre inconvénient est lié à l'imperfection du dispositif pneumatique. Si ce dernier n'est pas parfaitement étanche, et si les variations de pression sont importantes (dans le cas de grands mouvements), alors des fuites se produisent, ce qui induit une dérive du signal mesuré.

La respiration peut être plutôt thoracique ou abdominale, selon le patient, et suivant son état (difficultés respiratoires, stress...). Nous utilisons, au cours de nos expériences, deux ceintures pneumatiques. L'une est disposée sur le thorax, au niveau du sternum (où l'amplitude du mouvement est maximale). L'autre est placée sur l'abdomen.

Nous avons vu qu'avec les écho-navigateurs, des signaux additionnels peuvent être utilisés pour compenser les limitations du modèle linéaire (navigateurs précurseurs et quadratiques). On peut procéder de façon analogue avec les signaux de ceintures respiratoires, en considérant leurs dérivées ou en les élevant au carré par exemple.

SIGNAUX EXTRAITS DE L'EKG

L'EKG renseigne en premier lieu sur la phase cardiaque. En première approximation, on peut considérer que le mouvement induit par la contraction cardiaque est une pseudo-sinusoïde. Si l'on

note t_k les instants de détection des ondes R de l'ECG, et $RR_k = t_{k+1} - t_k$ l'intervalle RR au $k^{\text{ième}}$ battement cardiaque, on peut ajouter comme entrées du modèle les signaux définis par :

$$\begin{cases} \varphi_R(t) = \cos\left(\frac{2\pi}{RR_k}t\right), \forall t \in [t_k, t_{k+1}] \\ \varphi_I(t) = \sin\left(\frac{2\pi}{RR_k}t\right), \forall t \in [t_k, t_{k+1}] \end{cases} \quad (3.8)$$

La combinaison linéaire de φ_R et φ_I qui sera trouvée après calibration du modèle permettra ainsi de déterminer un mouvement du type $\cos\left(\frac{2\pi}{RR_k}t + \varphi_k\right)$, c'est-à-dire une sinusoïde avec une fréquence et une phase ajustable en fonction de l'intervalle RR. L'information de phase cardiaque sera utile pour les séquences d'image non synchronisées à l'ECG. Si l'approximation par une simple sinusoïde n'est pas suffisante, on pourra ajouter des coefficients supplémentaires de la décomposition en série de Fourier du mouvement cardiaque (toujours selon l'hypothèse d'un mouvement pseudo-périodique). Lors de nos expériences, nous avons été amenés à utiliser l'information de phase cardiaque pour la calibration du modèle car, pour des raisons de durée totale d'acquisition, les séquences de calibration étaient non-synchronisées (voir partie 4.2.3). En revanche, pour les séquences haute résolution, nous avons eu recours de préférence à la synchronisation cardiaque prospective, afin d'éliminer de façon plus robuste le mouvement cardiaque. Dans ce cas φ_R et φ_I ont une valeur fixée pour la prédiction. Notons que l'introduction de ces signaux est nécessaire, même si la séquence haute résolution est synchronisée à l'ECG, car les champs de déplacements dépendent de la phase cardiaque dans laquelle se fait l'acquisition, et pas seulement de la mécanique respiratoire.

En plus de la phase cardiaque, on peut tirer profit de l'information de mouvement respiratoire grâce à l'amplitude de l'onde R, comme nous l'avons vu dans la partie 2.3.2.3. Avec trois voies ECG dans des directions approximativement orthogonales, ou tout du moins indépendantes, nous disposons de trois signaux d'entrées supplémentaires.

SYSTEME OPTIQUE

Dans [Wu *et al.*, 2006], les auteurs utilisent un dispositif compatible IRM, permettant de recueillir des informations de mouvement en surface (voir Figure 3-9). Le système est composé de « trackers » optiques capables de réfléchir la lumière, et d'une caméra.

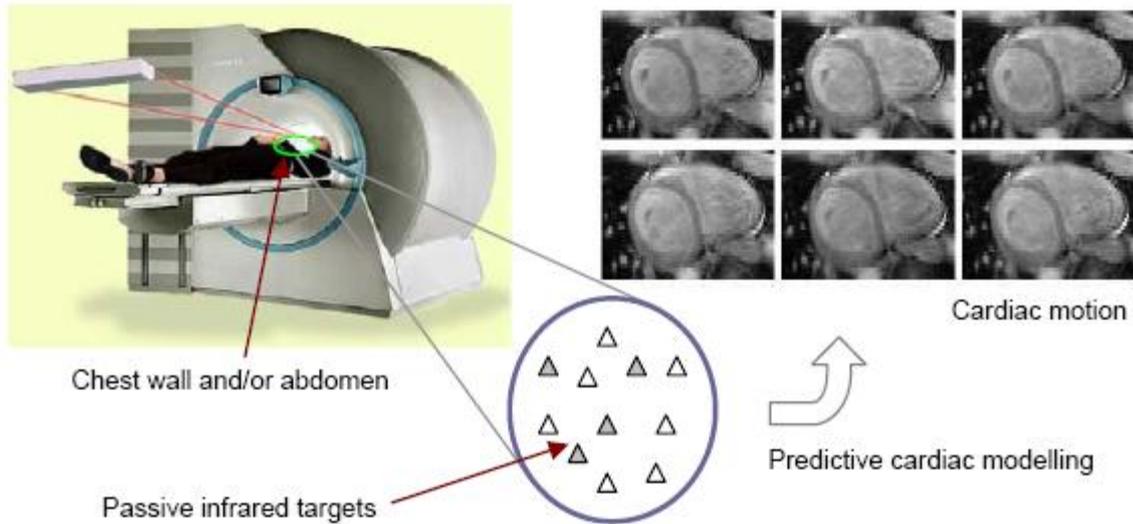


Figure 3-9 Système de capteurs basé sur un dispositif optique compatible IRM [Wu *et al.* , 2006]

Mais en pratique, cette technique s’avère difficile à réaliser, car les trackers doivent être visibles depuis l’extérieur du tunnel IRM. Or, les examens actuels font systématiquement appel à l’imagerie parallèle, et les antennes de surface disposées sur le patient rendent cette technique inapplicable.

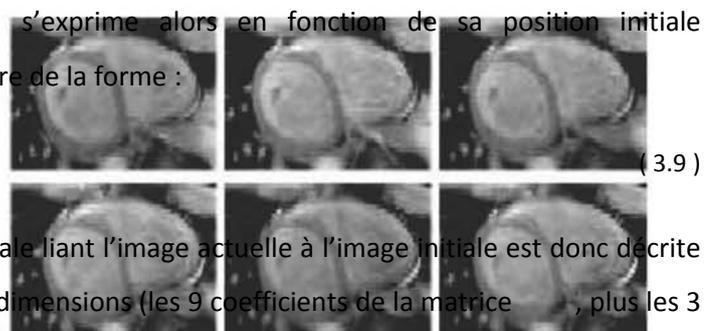
3.2.2 LES DONNEES DE SORTIE DU MODELE

Les paramètres de sortie du modèle peuvent prendre plusieurs formes, allant d’une description à l’aide d’un nombre restreint de paramètres (simples translations, mouvements rigides ou affines) à une description permettant un grand nombre de degrés de liberté (déformations spatiales libres en certains points de contrôles, champs de déplacements complets).

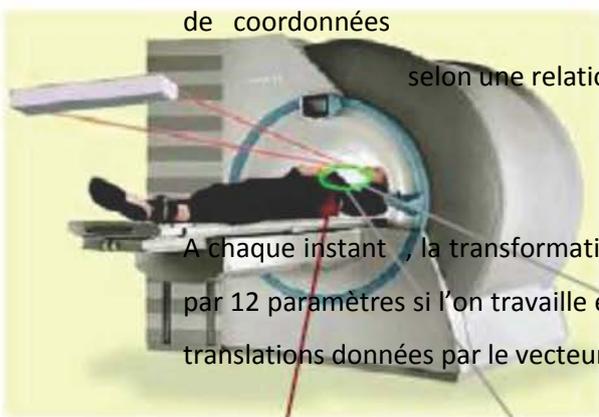
3.2.2.1 MODELE PARAMETRIQUE DECRIVANT LE MOUVEMENT

Un modèle composé de transformations affines a été proposé dans [Manke *et al.* , 2003, Nehrke & Boernert, 2005]. Il permet de rendre compte de mouvements de translations et rotations globales, mais aussi d’un facteur de dilatation et de cisaillement dans chaque direction. Un point de l’espace de coordonnées

s’exprime alors en fonction de sa position initiale selon une relation linéaire de la forme :

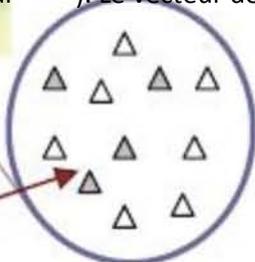


A chaque instant , la transformation spatiale liant l’image actuelle à l’image initiale est donc décrite par 12 paramètres si l’on travaille en trois dimensions (les 9 coefficients de la matrice , plus les 3 translations données par le vecteur). Le vecteur de paramètres en sortie du modèle sera alors :



Chest wall and/or abdomen

Passive infrared targets



Predictive cardiac modelling

(3.10)

Le modèle affine a l'avantage de réduire à quelques paramètres la description du mouvement. Cette représentation est bien adaptée aux mouvements rigides, comme par exemple pour la description de mouvements fortuits de la tête. En revanche, les composantes de dilatation et d'étirement du modèle affine ont un intérêt limité. En effet, si de tels mouvements peuvent très bien exister localement, il est rare qu'ils soient uniformes sur l'ensemble du volume imagé. En particulier, le centre de l'homothétie est, dans le modèle affine, confondu avec le centre de rotation, ce qui constitue une limitation importante.

Le principal inconvénient du modèle affine est que la représentation du mouvement dépend du référentiel dans lequel l'image a été acquise. Si l'utilisation des translations et rotations globales est intéressante, pour les déformations plus complexes il est préférable d'introduire des déformations locales libres. Ainsi on pourra représenter des champs de déplacements plus réalistes pour l'imagerie cardiaque ou abdominale.

3.2.2.2 DEPLACEMENTS LIBRES

Pour représenter des déformations plus complexes (dites élastiques) que les transformations spatiales linéaires du modèle affine, on décrit le mouvement par des valeurs de déplacement en certains points de contrôle. Si les points de contrôle sont répartis selon une grille cartésienne, le modèle sera d'autant plus précis que la grille sera fine. Si le déplacement de chaque point de contrôle est une simple translation \vec{d}_i , le vecteur de paramètres en sortie du modèle sera de la forme :

(3.11)

L'inconvénient majeur de ce modèle est qu'il requiert un grand nombre de paramètres par rapport au modèle affine. En 3D en particulier, la résolution de la grille est généralement limitée pour des raisons de mémoire et de temps de calcul de ces champs de déplacements.

3.2.2.3 COMBINAISON D'UN MODELE PARAMETRIQUE ET DE DEPLACEMENTS LIBRES

Dans [Ablitt *et al.* , 2004b], un modèle combinant des transformations affines et de déformations libres est proposé. On recherche tout d'abord des paramètres de transformations globales (modèle affine), puis on recherche des déformations libres résiduelles en certains points de contrôle. Les paramètres de sortie du modèle sont donc la concaténation des paramètres de transformations affines et des déplacements aux points de contrôle :

(3.12)

3.2.2.4 CHOIX DE LA METHODE DE DETECTION DE MOUVEMENTS

La détermination des paramètres de mouvements nécessite l'acquisition d'une série de calibration faisant apparaître la dynamique du mouvement. Un algorithme de détection de mouvements ou de recalage d'images doit ensuite être choisi, en fonction de la représentation du mouvement faite dans le modèle. De nombreuses techniques de recalage sont applicables à l'imagerie médicale, nous en citons quelques unes ici.

RECALAGE PAR MINIMISATION D'UN CRITERE DE SIMILARITE

Les algorithmes de recalage d'images médicales les plus couramment utilisés se basent sur la minimisation d'un critère de similarité entre deux images. Les critères les plus utilisés sont l'erreur quadratique moyenne entre les deux images, le coefficient de corrélation, ou encore les critères basés sur l'entropie de Shannon, tels que l'information mutuelle [Maes *et al.* , 1997, Rueckert *et al.* , 1999, Pluim *et al.* , 2003]. Le problème consiste à rechercher une transformation , dépendant du jeu de paramètres représentant le mouvement. doit minimiser une fonction de coût C entre l'image de référence et l'image à recaler , après transformation spatiale :

(3.13)

Lorsque le nombre de paramètres décrivant le mouvement est important, l'optimisation a lieu dans une espace de très grande dimension, ce qui peut rendre la résolution difficile. Selon des conditions d'acquisition (bruit, artéfacts de mouvement, phénomènes de sortie de plan de coupe, effets de volume partiels...), le problème peut être mal posé, c'est-à-dire qu'il n'y a pas nécessairement existence, unicité de la solution, et stabilité. Dans le cas où l'on recherche des déformations libres, on peut ajouter un terme supplémentaire à la fonction de coût, afin d'imposer une contrainte de régularité sur les champs de déplacements (contrainte spline des plaques minces ou « thin plate spline » par exemple, comme dans [Rueckert *et al.* , 1999]).

Les critères de similarités les plus évolués, comme l'information mutuelle, sont aussi les plus difficiles à optimiser, car ils conduisent à des problèmes d'optimisation non-linéaires. Pour les critères simples, il est possible de linéariser le problème dans le cas de petites variations des paramètres, ce qui permet d'accélérer l'algorithme. Mais étant donné que l'on applique des transformations spatiales aux images à chaque itération du processus d'optimisation, les temps de calculs peuvent

être longs, surtout si une base d'interpolation à noyau large est utilisée (interpolation linéaire, cubique, *sinc* fenêtré...).

DETECTION DE MOUVEMENT PAR LE FLUX OPTIQUE

Dans notre application, il n'est pas nécessaire d'appliquer les transformations spatiales trouvées aux images, comme on le fait pour les algorithmes de recalage. Ce sont uniquement les valeurs de déplacements qui nous intéressent.

L'approche du flux optique repose sur l'hypothèse de conservation de l'intensité de l'image au cours du temps. Pour des petits déplacements $u(r, t)$, avec $r = [x, y, z]^T$, la conservation de l'intensité $I(r, t)$ s'écrit :

$$\frac{dI}{dt}(r, t) = 0 \simeq \frac{\partial I}{\partial t}(r, t) + \nabla I(r, t)^T \cdot u(r, t) \quad (3.14)$$

L'équation (3.14) fournit une relation linéaire entre les valeurs des déplacements u et les données images (gradients spatial et temporel de I). Ainsi, il est possible d'estimer les champs de déplacements de calibration sans passer par l'application des transformations spatiales aux images. L'équation du flux optique est un problème mal posé puisque l'on a une équation et deux ou trois inconnues selon que l'on travaille en 2D ou en 3D (le déplacement $u(r, t)$ a une composante dans chaque dimension). On doit donc ajouter une contrainte supplémentaire, comme par exemple une contrainte de lissage sur les champs de déplacement. Les premières méthodes de résolution numérique du flux optique, basée sur une formulation variationnelle, ont été formulées dans [Horn & Schunck, 1981, Lucas & Kanade, 1981], et de nombreuses variantes et améliorations ont été proposées, y compris récemment [Weickert & Schnoerr, 2001, Brox *et al.* , 2004].

L'équation (3.14) n'est valable que pour les petits déplacements. Pour prendre en compte des grands déplacements, on peut adopter une stratégie multirésolution. En effet, il existe toujours un niveau de résolution pour lequel les déplacements seront petits, et donc pour lequel l'équation du flux optique s'applique.

RECALAGE FLUIDE

Le recalage fluide a été proposé dans [Christensen *et al.* , 1996]. Il se base sur l'équation de Navier-Stokes, qui régit la dynamique des milieux continus déformables (mécanique des fluides). L'image est déformée de façon itérative, sous le contrôle d'une métrique basée sur l'image, qui joue le rôle d'un champ de forces virtuel. Les champs de vitesses $v(r, t)$, à chaque itération, sont solutions de l'équation de Navier-Stokes :

(3.15)

et représentent les termes viscosité du milieu, et est le champ de forces. Les champs de déplacement à l'itération suivante sont calculés en fonction de ceux de l'itération précédente et du champ de vitesse trouvé. Le champ de forces encourage les régions de l'image qui sont mal recalées à se mouvoir. On peut le calculer par exemple sur la base de l'erreur quadratique moyenne ou de l'information mutuelle.

Le recalage fluide est, à notre avis, la théorie la plus puissante pour résoudre les problèmes de recalage élastique d'images médicales, car elle combine l'utilisation des métriques permettant de quantifier la ressemblance statistique entre les images, et un modèle d'équation aux dérivées partielles (EDP) permettant d'assurer des contraintes locales robustes, le tout sous le contrôle d'un modèle ayant une signification physique. Mais c'est aussi le plus complexe et le plus difficile à mettre en œuvre.

3.2.3 CHOIX DE LA METHODE DE REGRESSION MULTIVARIABLE

Une fois les données d'entrée et de sortie déterminés, il reste à établir les coefficients du modèle linéaire. Dans le cas général, on dispose de plusieurs entrées et de plusieurs sorties. La détermination des coefficients du modèle linéaire est un problème de régression multivariable, qui peut être résolu de plusieurs manières. Le problème consiste à déterminer les coefficients de la matrice dans l'équation (3.2). Cette équation peut être réécrite sous forme discrétisée, en supposant que les signaux d'entrée et de sortie sont connus à différents instants d'acquisition :

(3.16)

Ou encore :

(3.17)

Dans cette écriture, est une matrice de taille PxT, est de taille PxK, et est de taille KxT.

3.2.3.1 REGRESSION EN MOINDRES CARRÉS ORDINAIRES (OLS)

La régression en moindres carrés ordinaires (« ordinary least squares » ou OLS), résout l'équation (3.17) au sens des moindres carrés, ce qui donne la solution :

(3.18)

où \mathbf{X}^+ est le pseudo-inverse de la matrice \mathbf{X} .

Le calcul du pseudo-inverse peut poser problème, dans le cas où la matrice \mathbf{X} est dégénérée. Premièrement, le nombre d'instants d'acquisition T doit être supérieur au nombre d'entrées du modèle K pour que le système soit surdéterminé et non sous-déterminé (on doit avoir plus d'équations que d'inconnues). Deuxièmement, dans le cas où des signaux d'entrée sont colinéaires, le rang de \mathbf{X} sera inférieur à K , et donc la matrice sera dégénérée. Dans ces deux cas de figures, \mathbf{X} contient des valeurs propres nulles, et donc n'est pas inversible. Les méthodes qui suivent permettent de résoudre ce problème.

3.2.3.2 REGRESSION EN COMPOSANTES PRINCIPALES (PCR)

La régression en composantes principales (« principal component regression » ou PCR) résout le problème en restreignant la matrice \mathbf{X} à ses p premiers sous-espaces propres (correspondant à ses p plus grandes valeurs propres). Pour cela, on utilise la décomposition en valeurs singulières (« singular value decomposition » ou SVD) de \mathbf{X} :

(3.19)

avec (dans le cas où $p < K$)

(3.20)

\mathbf{U} et \mathbf{V} sont des matrices orthonormées de tailles respectives $K \times K$ et $T \times T$, et $\mathbf{\Sigma}$ est de taille $K \times T$ et contient les valeurs singulières de \mathbf{X} . La restriction aux p composantes principales se fait en gardant uniquement les p premières valeurs singulières $\sigma_1, \dots, \sigma_p$, avec $\mathbf{\Sigma}_p$. Les \mathbf{U}_p représentent les valeurs propres de la matrice de covariance \mathbf{C}_X , et sont classées dans l'ordre décroissant. La solution du problème de régression est alors calculée ainsi :

(3.21)

avec

(3.22)

\mathbf{U}_p et \mathbf{V}_p étant composés des p premières colonnes de \mathbf{U} et \mathbf{V} respectivement. Toutes les matrices ici sont réelles, puisque les déplacements et les signaux de capteurs sont réels.

La signification de la restriction aux composantes principales du jeu de données est que les valeurs propres petites ou nulles permettent de détecter la source du mauvais conditionnement lors de l'inversion. En cherchant une solution dans un sous-espace plus petit, dans lequel la majeure partie de l'information se trouve, l'inversion est plus stable.

3.2.3.3 REGRESSION EN MOINDRES CARRÉS PARTIELS (PLSR)

Théoriquement, la PCR n'est pas nécessairement la meilleure méthode de régression. En effet, il est possible que l'information sélectionnée dans les composantes principales ne soit pas la plus corrélée avec les données de sortie du modèle. Dans le cas où l'information la plus corrélée se trouve dans des sous-espaces propres qui ont été tronqués, la régression ne sera pas optimale. C'est pourquoi des méthodes alternatives ont été proposées, telles que la régression en moindres carrés partiels (« partial least squares regression » ou PLSR) [Naes & Martens, 1984, Geladi & Kowalski, 1986]. Plutôt que de sélectionner les sous-espaces propres de X qui contiennent le plus d'information, la PLSR vise à sélectionner les sous-espaces propres de X qui sont les mieux corrélés avec le jeu de données en sortie du modèle. Le critère à maximiser est la covariance entre X et Y . Plusieurs algorithmes permettent de résoudre le problème, et se basent sur la recherche des valeurs singulières de $X^T Y$. On peut citer le SIMPLS [de Jong, 1993], le NIPALS [Geladi & Kowalski, 1986], qui donnent des résultats très similaires en pratique. Une analyse en PLSR a été proposée dans [Ablitt *et al.*, 2004b, Wu *et al.*, 2006] dans le cadre d'un modèle prédictif des mouvements en IRM (l'algorithme utilisé était le NIPALS).

3.2.3.4 DISCUSSION DES METHODES EXISTANTES

CHOIX DE LA METHODE DE REGRESSION

Le choix d'une méthode de régression dépend du type de modèle choisi. Idéalement, la matrice des signaux d'entrée X doit contenir un nombre de mesure M supérieur au nombre d'entrées N , et les signaux d'entrées ne doivent pas être colinéaires. Plus on dispose d'un nombre élevé d'entrées, plus la probabilité d'avoir des signaux colinéaires est grande. Dans ce cas la PCR ou la PLSR devra être privilégiée par rapport à la méthode OLS.

Les solutions trouvées par les méthodes OLS et PCR sont indépendantes d'un paramètre de sortie à l'autre. Cela signifie que, pour ces deux méthodes, on peut effectuer une régression de chaque paramètre du mouvement séparément, ou encore que l'on peut résoudre l'équation (3.16) ligne par ligne.

Le fait de tronquer les petites valeurs propres d'une matrice revient à régulariser l'inversion du système linéaire associé. Avec la PLSR, on effectue une régularisation à la fois sur les données d'entrées et de sortie du modèle, puisque le critère de sélection est la covariance des deux jeux de données. Au contraire, la PCR ne régularise que les données d'entrée (la matrice S), même s'il est possible, préalablement à la PCR, de régulariser également les données de sortie (toujours en éliminant les sous-espaces propres non significatifs).

SOURCES D'ERREURS OU D'INSTABILITE DU MODELE

On peut regrouper des sources possibles d'erreurs ou d'instabilité dans la construction du modèle prédictif en plusieurs catégories :

- Les erreurs provenant des paramètres de sortie
- Les erreurs provenant des paramètres d'entrées
- Les erreurs de modélisation

Les erreurs provenant des paramètres de sorties (les paramètres du mouvement) seront dues principalement à l'imprécision de l'algorithme de détection de mouvement ou de recalage. En pratique, cette erreur est difficile à évaluer car, en recalage d'images médicales, nous ne disposons pas de vérité terrain qui permette de valider objectivement les résultats obtenus. Les algorithmes utilisés peuvent être validés à l'aide d'images synthétiques, de fantômes reproduisant un mouvement parfaitement connu (et proche d'un mouvement physiologique réel), ou par comparaison avec un recalage manuel effectué par un radiologue. Lorsque des mouvements élastiques entrent en jeu, ces méthodes sont d'autant plus difficiles à valider. Les variations d'intensités au cours du temps, ou encore des phénomènes de sortie de coupe, en 2D, sont autant de sources d'instabilité lors de la détection de mouvement.

Les erreurs provenant des paramètres d'entrée (les données capteurs) peuvent provenir d'un bruit de mesure, qui dépend du type de signal considéré. Les signaux issus des écho-navigateurs 1D (ou de navigateurs intégrés dans la séquence) sont déterminés par une méthode de détection entre les différents profils temporels. Le mouvement est généralement approché par une translation uniforme dans la direction du profil. Si un mouvement additionnel se produit dans la direction perpendiculaire par exemple, on mesurera un déplacement apparent dans la dimension du profil qui ne sera pas le déplacement réel. Les données issues de signaux électrophysiologiques, en particulier l'ECG, peuvent être perturbées pendant l'examen, ainsi l'extraction d'informations d'intérêt pour le modèle peut être imparfaite. Nous avons également cité les possibilités de dérives de signaux issus de ceintures pneumatiques. De plus, pour les signaux respiratoires extraits de l'amplitude de l'onde R de l'ECG,

une interpolation est nécessaire car les données sont échantillonnées à des instants irréguliers, et relativement espacés dans le temps. Enfin, lorsque le modèle possède un nombre élevé d'entrées, le problème éventuel des entrées colinéaires doit être traité.

En ce qui concerne les erreurs de modélisation, plusieurs points doivent être pris en considération. Comme nous l'avons vu dans la partie 3.1.3, un nombre restreint de signaux d'entrées ne permet pas de reconstituer la totalité de l'information de mouvement. Cela dit, l'objectif est de reconstituer les premiers modes propres du mouvement, afin de disposer d'une information *a priori* pour la correction. L'information résiduelle ne sera pas accessible. Nous avons vu également qu'un changement de mode respiratoire modifie ces modes propres, ce qui pourra perturber la prédiction.

En réalité, l'hypothèse sous-jacente à ces changements de modes respiratoires est la stationnarité des signaux d'entrée et de sortie du modèle. L'hypothèse de stationnarité revient à supposer que les caractéristiques statistiques des signaux (moyenne, moment d'ordre 2) sont invariantes dans le temps. Dans le cas d'un changement important de mode respiratoire, la prédiction pourra donc être biaisée. En théorie, il semble donc préférable d'effectuer la calibration et la prédiction dans un mode respiratoire similaire. Au cours de nos expérimentations, nous tenterons d'évaluer la robustesse de la prédiction lorsque des modes respiratoires différents interviennent lors de la calibration et de la prédiction.

3.3 METHODE DE REGRESSION ALTERNATIVE BASEE SUR UNE APPROCHE VARIATIONNELLE⁶

3.3.1 INTERET D'UNE APPROCHE ALTERNATIVE : VERS UNE DETECTION DE MOUVEMENT GUIDEE PAR UN MODELE

Dans la construction du modèle que nous avons décrite jusqu'ici, les deux étapes importantes, à savoir la détection du mouvement sur la série de calibration et la régression, sont effectuées séparément, de façon aveugle. Une approche alternative, sans doute meilleure, serait de fusionner ces deux étapes, et ainsi de voir la construction du modèle comme un problème de détection de mouvement ou de recalage guidé(e) par un modèle (« model-driven motion detection » ou « model-driven registration »).

⁶ Le travail décrit dans cette partie a fait l'objet d'un article qui a été soumis à IEEE Transactions on Medical Imaging [Odille *et al.*, 2007e], et d'une communication au congrès de l'ISMRM 2007 (présentation poster) [Odille *et al.*, 2007b]

Cette approche aurait plusieurs avantages. Tout d'abord, on éviterait d'accumuler les erreurs de chacune des deux étapes sur l'autre. Mais en plus de cela, on peut espérer améliorer à la fois la détection de mouvement et la régression. En effet, dans les cas où le problème de détection du mouvement est mal posé, l'algorithme ne donnera qu'une solution approchée, minimisant un certain critère, qui dépendra du type de régularisation que l'on aura imposé (contrainte de lissage sur les champs de déplacements généralement). Or l'utilisation du modèle permettrait d'ajouter une autre contrainte *a priori* sur les déplacements : leurs variations temporelles devraient s'exprimer comme des combinaisons linéaires de signaux d'entrées du modèle.

Par ailleurs, la régression se ferait sous le contrôle d'une contrainte géométrique. Dans le cas d'un point de contrôle ayant des déplacements de faible amplitude lors de la calibration, ou mal corrélé avec les signaux d'entrée, on pourrait privilégier de lui affecter des coefficients proches des points de contrôle voisins. Car en effet, avec les méthodes de régression que nous avons présentées jusqu'ici, chaque paramètre du mouvement (le déplacement de chaque point de contrôle dans le cas d'un modèle élastique) est traité indépendamment des autres. Or si l'on tient compte de la position de chacun de ces points de contrôles, on dispose d'une information supplémentaire puisque l'on peut supposer que deux points de contrôle voisins auront des déplacements hautement corrélés.

Si l'approche de la détection de mouvement guidée par un modèle peut paraître intéressante, sa mise en œuvre se confronte à certaines difficultés. En premier lieu, il convient de s'interroger sur la façon dont on peut réécrire le problème de régression dans un cadre mathématique plus adapté à la détection du mouvement. Ensuite, il est nécessaire de sélectionner, parmi toutes les méthodes de détection de mouvements existantes, celles qui se prêteraient le mieux à une telle formulation.

Nous proposons dans la fin de ce chapitre un travail qui peut être vu comme préliminaire à la détection de mouvements guidée par le modèle. Le problème de régression est réécrit dans une formulation variationnelle, que nous avons également décrite dans [Odille *et al.*, 2007e, Odille *et al.*, 2007b]. Les étapes de détection de mouvements et de régression sont toujours séparées. Mais ici, l'approche variationnelle permet d'envisager le problème de régression dans un cadre mathématique très similaire à celui utilisé par les méthodes « flux optique » en particulier. Nous présentons une méthode de résolution numérique possible dans ce nouveau cadre. Nous proposons ensuite une validation du modèle (calibration du modèle puis prédiction du mouvement) à l'aide d'un protocole expérimental réalisé sur des sujets sains.

En revanche, notre objectif principal étant la correction des artéfacts de mouvements, nous avons consacré la fin de ce travail de thèse à l'adaptation des techniques de reconstruction. Nous n'avons donc pas disposé de suffisamment de temps pour proposer un algorithme complet de détection de mouvement guidé par le modèle. Nous donnons néanmoins quelques pistes possibles, notamment

avec le flux optique, qui feront l'objet de travaux futurs. Toutefois, la formulation du problème que nous proposons présente de nombreuses similarités avec la méthode de reconstruction généralisée basée sur un modèle autocalibré, que nous décrivons dans la partie 4.3.

3.3.2 FORMULATION VARIATIONNELLE DU PROBLEME DE REGRESSION

Dans ce qui suit, nous choisissons comme représentation du mouvement (sorties du modèle) des champs de déplacements élastiques, connus en certains points de contrôle. Cette description nous permettra d'introduire une contrainte géométrique.

Nous formulons deux hypothèses afin de réécrire le problème de régression :

- Une hypothèse de prédictibilité : si l'on suit le mouvement d'un point particulier dans le champ de vue, le déplacement de ce point pourra être approximé par une combinaison linéaire des signaux d'entrée ;
- Une hypothèse de consistance locale : si deux points dans le champ de vue sont voisins, alors leur relation linéaire avec les signaux d'entrée seront proches.

Nous proposons une approche variationnelle permettant de déterminer les coefficients du modèle sous ces deux contraintes. Dans ce qui suit, nous traitons uniquement le cas 2D, mais le cas 3D serait traité de façon similaire. On adopte les notations suivantes :

- $r = [x, y]^T$ désigne la position spatiale,
- $u(r, t) = [u_x(r, t), u_y(r, t)]^T$ désigne le déplacement, à l'instant t d'un point initialement en r ,
- $S(t) = [S_1(t), \dots, S_K(t)]^T$ désigne l'ensemble des signaux d'entrée du modèle (K est le nombre total d'entrées).

Il s'agit donc de déterminer un ensemble de cartes de coefficients α défini ainsi :

$$\alpha(r) = [\alpha_1(r) \quad \dots \quad \alpha_K(r)] = \begin{bmatrix} \alpha_{1,x}(r) & \dots & \alpha_{K,x}(r) \\ \alpha_{1,y}(r) & \dots & \alpha_{K,y}(r) \end{bmatrix}. \quad (3.23)$$

Pour chaque point r dans le champ de vue, on cherche donc un jeu de $2K$ coefficients α (un coefficient par capteur et par direction de prédiction). Ce jeu de coefficients doit minimiser une fonctionnelle de la forme :

$$E(\alpha, \nabla\alpha) = \int_{\Omega} F(r, \alpha) dr + \lambda \int_{\Omega} R(\nabla\alpha) dr. \quad (3.24)$$

La fonctionnelle est composée de deux termes correspondant respectivement à la contrainte de prédictibilité et de consistance locale (ou de régularisation). Le paramètre λ permet de contrôler le poids accordé à chacune des deux contraintes. Le terme de prédictibilité est exprimé ainsi :

$$F(r, \alpha) = \int_0^T \left\| \sum_{k=1}^K S_k(t) \alpha_k(r) - u(r, t) \right\|^2 dt. \quad (3.25)$$

Nous cherchons donc à minimiser l'erreur quadratique entre les champs de déplacements de calibration $u(r, t)$ et les combinaisons linéaires des signaux d'entrée $S_k(t)$, calculée sur la durée T de la séquence de calibration. La norme utilisée ici désigne la norme euclidienne, définie par :

$$\|v(r)\| = \sqrt{v_x(r)^2 + v_y(r)^2} \text{ (en 2D).}$$

Pour le terme de régularisation, nous proposons deux types de contraintes, par analogie avec d'autres problèmes de traitement d'images se basant sur des équations aux dérivées partielles (EDP). En effet on rencontre des formulations variationnelles dans des problèmes tels que le débruitage ou le défloutage (« deblurring ») [Rudin *et al.*, 1992, Vogel & Oman, 1996, Vogel & Oman, 1998], l'inpainting (reconstruction de parties manquantes dans une image) [Chan & Shen, 2002], l'estimation de mouvements [Horn & Schunck, 1981, Aubert *et al.*, 1999, Brox *et al.*, 2004], ou encore le recalage d'images [Chefd'Hotel *et al.*, 2001, Hermosillo, 2002, Petitjean, 2003].

Nous considérons ici deux choix pour le terme de régularisation :

$$R(\nabla\alpha) = |\nabla\alpha|^2 \quad (3.26)$$

ou

$$R(\nabla\alpha) = |\nabla\alpha| \quad (3.27)$$

La norme utilisée ici est définie par $|\alpha| = \sum_{k=1}^K \|\alpha_k(r)\|^2$. Le choix $R(\nabla\alpha) = |\nabla\alpha|^2$ est désigné comme une régularisation de Tikhonov. Le choix $R(\nabla\alpha) = |\nabla\alpha|$ est appelé régularisation de la variation totale (« total variation » ou TV). La régularisation de Tikhonov est relativement simple à mettre en œuvre, comme nous allons le voir, car elle aboutit à un problème d'optimisation linéaire. La contrainte sur le gradient de α permet d'assurer que la répartition spatiale des coefficients sera relativement lisse. Cependant, la régularisation de Tikhonov produit parfois un lissage excessif sur la solution, car elle correspond à une contrainte de diffusion isotrope du signal. La régularisation TV est une approche alternative qui permet d'assurer une consistance locale tout en préservant les discontinuités, qui donne généralement de meilleurs résultats [Rudin *et al.*, 1992, Vogel & Oman, 1996, Brox, 2005]. La résolution du problème sous la contrainte de la variation totale est néanmoins

plus ardue, car la fonctionnelle (3.27) à minimiser n'est pas différentiable en 0. Une solution possible est alors de modifier le terme de régularisation avec un petit paramètre β tel que :

$$R(\nabla\alpha) = \sqrt{|\nabla\alpha|^2 + \beta^2} \quad (3.28)$$

Cette forme de contrainte TV peut être résolue à l'aide des méthodes proposées dans [Rudin *et al.*, 1992, Vogel & Oman, 1996].

3.3.3 RESOLUTION NUMERIQUE

Une condition nécessaire pour minimiser (3.24) est donnée par l'équation d'Euler-Lagrange :

$$\frac{\partial F}{\partial \alpha_{j,\xi}} - \lambda \nabla \cdot \frac{\partial R}{\partial \nabla \alpha_{j,\xi}} = 0, \quad \forall j \in \{1 \dots K\}, \text{ et } \forall \xi \in \{x, y\}. \quad (3.29)$$

Si l'on note $\frac{\partial}{\partial \alpha_j} = \left[\frac{\partial}{\partial \alpha_{j,x}}, \frac{\partial}{\partial \alpha_{j,y}} \right]^T$, les dérivées partielles dans (3.29) s'expriment par :

$$\frac{\partial F}{\partial \alpha_j} = 2 \int_0^T S_j(t) \left(\sum_{k=1}^K S_k(t) \alpha_k(r) - u(r, t) \right) dt, \quad (3.30)$$

et, suivant que l'on considère une régularisation de Tikhonov ou TV :

$$\frac{\partial R}{\partial \nabla \alpha_j} = \begin{cases} 2\nabla \alpha_j, & \text{si } R(\nabla\alpha) = |\nabla\alpha|^2 \\ \frac{\nabla \alpha_j}{\sqrt{|\nabla\alpha|^2 + \beta^2}}, & \text{si } R(\nabla\alpha) = \sqrt{|\nabla\alpha|^2 + \beta^2} \end{cases} \quad (3.31)$$

On peut trouver des solutions numériques en discrétisant les équations ci-dessus. L'intégrale en temps dans (3.30) est calculée par une somme discrète sur les T images de la série de calibration ($T=250$ dans les expériences que nous décrivons plus loin, soit 43s d'enregistrement). Les opérateurs de dérivées partielles sont calculés à l'aide des différences avant (« forward difference »), c'est-à-dire que, pour une fonction $f(x, y)$, qui est discrétisée sur une grille de $N \times N$ pixels, $(\nabla f)_i = [f_{i+1} - f_i, f_{i+N} - f_i]^T$ ($i \in \{1 \dots N^2\}$). Dans la suite, nous remplaçons les fonctions des variables continues r et t par les vecteurs correspondants, sans changer les notations. L'équation (3.30) devient donc, sous forme discrète :

$$\left(\frac{\partial F}{\partial \alpha_j} \right)_i = 2 \sum_{k=1}^K S_j^T S_k (\alpha_k)_i - 2 S_j^T u_i, \quad \forall i \in \{1 \dots N^2\}, \quad (3.32)$$

où S_k représente désormais le $k^{\text{ième}}$ signal d'entrée discret (vecteur de taille $T \times 1$), et u_i le vecteur déplacement associé à un point donné indexé par i (u_i est de taille $T \times 2$).

3.3.3.1 RESOLUTION NUMERIQUE DANS LE CAS D'UNE REGULARISATION DE TIKHONOV

En utilisant (3.32), l'équation d'Euler-Lagrange (3.29) donne, avec une régularisation de Tikhonov :

$$(3.33)$$

En écrivant cette équation pour chaque , et chaque pixel , on obtient un système linéaire creux de la forme :

$$(3.34)$$

est une matrice de taille , et les vecteurs et sont de taille .

La résolution de ce système linéaire donne un vecteur qui est constitué de cartes de coefficients de taille permettant de prédire le mouvement dans la direction , et cartes de coefficients pour la direction .

3.3.3.2 RESOLUTION NUMERIQUE DANS LE CAS D'UNE REGULARISATION TV

Dans le cas d'une contrainte de type TV, (3.29) est un système non linéaire de la forme :

$$(3.35)$$

Nous proposons de le résoudre par l'itération du point fixe (« fixed point » ou FP) décrite dans [Vogel & Oman, 1998]. Pour cela, nous introduisons l'opérateur , étant donné un vecteur fixé , défini par :

$$(3.36)$$

Un procédé itératif est mis en œuvre pour résoudre le système non linéaire (3.35) : la solution à l'issue de l'itération, est définie comme étant la solution du système linéaire creux suivant :

$$(3.37)$$

où l'on a utilisé la solution de l'itération précédente . Le procédé est répété jusqu'à ce qu'une condition d'arrêt soit vérifiée (par exemple , étant la tolérance). Il est montré dans [Vogel & Oman, 1996] que l'itération du point fixe est une méthode quasi-Newton, donc elle a de très bonnes propriétés de convergence.

3.3.4 CAS LIMITE

On peut noter que, dans le cas limite où $\lambda = 0$, aucune contrainte de régularisation n'est imposée, c'est donc la solution au sens des moindres carrés qui est trouvée (méthode OLS vue dans la partie 3.2.3.1).

3.4 VALIDATION DU MODELE PREDICTIF DE MOUVEMENTS

Nous proposons d'évaluer le modèle pour la prédiction de mouvements élastiques dans la région thoraco-abdominale, à l'aide d'un protocole comprenant des séquences IRM dynamiques rapides, réalisées sur des sujets sains. Nous déterminons les champs de déplacements sur toutes ces séries d'images. L'une de ces séries est choisie pour la calibration du modèle, les autres permettront d'évaluer l'erreur entre les champs de déplacements de référence, donnés par l'algorithme de détection (basé sur les données images), et la prédiction du modèle (basée sur les données capteurs).

Nous nous limiterons dans cette étude au cas 2D, pour deux raisons essentiellement. Premièrement, la séquence d'imagerie nécessaire à la calibration du modèle doit avoir une résolution temporelle élevée, afin de ne pas subir elle-même des artéfacts de mouvement (en particulier à cause du mouvement respiratoire que nous souhaitons corriger). Des séquences IRM 2D rapides, telles que les séquences SSFP ou EPI, peuvent être utilisées. Dans le protocole que nous avons mis en œuvre, la durée d'acquisition de chaque image était inférieure à 200ms. La conception de séquences 3D ayant les mêmes caractéristiques est beaucoup plus difficile. Cela n'est pas impossible, mais il s'agit de trouver un compromis entre la résolution temporelle, la résolution spatiale, le SNR, et la durée d'acquisition. L'emploi des techniques d'imagerie dynamiques rapides telles que k-t SENSE (voir partie 2.1.1.3), avec des facteurs d'accélération élevés, permettrait de repousser ces limites. La deuxième raison pour se focaliser sur le cas 2D est aussi liée au compromis sur les paramètres d'acquisition. Puisque nous sommes limités en temps d'acquisition, la calibration permettra, dans le cas 2D, de construire des champs de déplacements plus fins qu'en 3D (à meilleure résolution spatiale). Cela permettra de d'évaluer les possibilités et les limites du modèle prédictif à un niveau de résolution spatiale plus élevé que dans le cas 3D. L'inconvénient de la 2D, en revanche, est de rendre le problème sensible aux effets de sortie de coupes. Le problème est donc moins bien posé en 2D qu'en 3D.

3.4.1 MATERIELS ET METHODES

3.4.1.1 CHOIX DU MODELE

REPRESENTATION DU MOUVEMENT

Puisque nous nous intéressons plus particulièrement aux déformations élastiques, nous utilisons une représentation du mouvement à l'aide de champs de déplacements connus en certains points de contrôle, définis par une grille cartésienne de taille $N \times N$. Les valeurs de déplacements dans les directions x et y , à chaque point de contrôle, constituent donc les sorties du modèle. Comme nous travaillons ici en 2D, nous choisirons des orientations telles que le mouvement reste dans le plan de coupe, autant que possible (coupes sagittales).

CHOIX DES SIGNAUX D'ENTREE DU MODELE

Les signaux d'entrée du modèle sont constitués, dans ce protocole de validation, de signaux issus de capteurs externes. Les signaux physiologiques ont été collectés à l'aide de la plateforme SAEC décrite dans le Chapitre 2. Deux ceintures pneumatiques ont été utilisées (une sur le thorax, l'autre sur l'abdomen), ainsi que trois capteurs ECG, les électrodes étant placées dans trois directions indépendantes (approximativement orthogonales). Nous disposons donc de trois signaux respiratoires déduits de l'ECG, grâce à l'amplitude de l'onde R, extraite de chacun des trois capteurs (voir partie 2.3.2.3).

En plus des signaux physiologiques enregistrés par le SAEC, des informations extraites d'images partielles 1D sont utilisées comme entrées additionnelles pour le modèle (voir exemple à la Figure 3-10). Ces profils fournissent une information comparable à celles que l'on pourrait obtenir à l'aide d'écho-navigateurs, et nous les positionnons soit sur la paroi thoracique ou abdominale, soit sur le diaphragme.

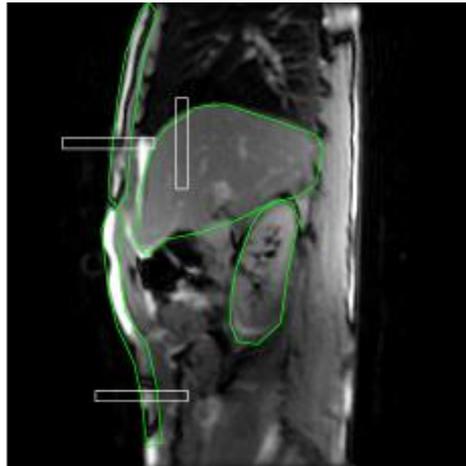


Figure 3-10 Exemple de coupe sagittale utilisée dans le protocole: les rectangles blancs représentent les images partielles (profils 1D) utilisées comme entrées supplémentaires du modèle ; en vert, quelques régions d'intérêt pour la prédiction de mouvement (ici, les parois thoracique et abdominale, le foie et le rein gauche)

Différentes combinaisons des signaux d'entrée sont testées. Pour cela, nous définissons sept ensembles de capteurs, comme résumé dans le Tableau 3-2.

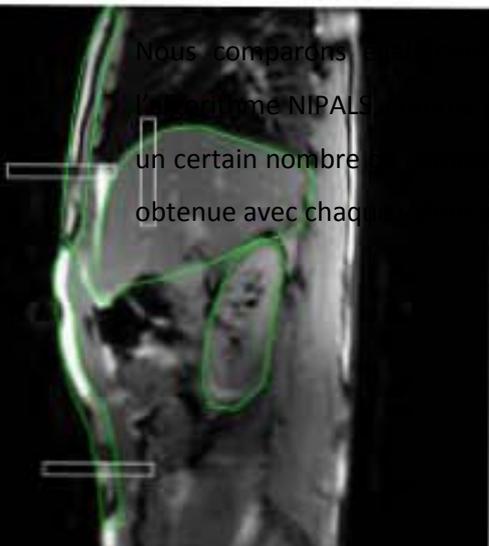
Tableau 3-2 Ensembles de capteurs utilisés comme signaux d'entrée du modèle prédictif de mouvement

Ensemble de capteurs	Description des capteurs	Nombre total de signaux d'entrée
1	2 profils parois (abdominale et thoracique)	2
2	1 profil diaphragme	1
3	2 profils parois + 1 profil diaphragme	3
4	2 ceintures	2
5	2 ceintures + amplitude de l'onde R sur 3 voies ECG	5
6	2 ceintures + 1 profil diaphragme	3
7	2 ceintures + amplitude de l'onde R sur 3 voies ECG + 1 profil diaphragme	6

CHOIX DE LA METHODE DE REGRESSION

Enfin, nous utilisons la méthode variationnelle décrite précédemment pour déterminer les coefficients du modèle.

Nous comparons ces résultats à ceux obtenus avec la méthode PLSR, en utilisant l'algorithme NIPALS proposé dans [Ablitt *et al.*, 2004b]. La méthode PLSR requiert de choisir un certain nombre de composantes principales. Dans l'exemple choisi, nous calculons la prédiction obtenue avec chaque nombre possible de composantes principales, et nous gardons le meilleur résultat obtenu.



3.4.1.2 PROTOCOLE D'IMAGERIE

Les acquisitions IRM ont été réalisées sur l'imageur 1,5 T Signa Excite HD (General Electric, Milwaukee, WI). Rappelons que, grâce au SAEC, l'acquisition de tous les signaux physiologiques et IRM (fenêtre d'acquisition des images) est parfaitement synchrone (la fréquence d'échantillonnage de ces signaux étant de 1 kHz).

Quatre volontaires sains ont été soumis à notre protocole de validation comprenant une succession de séquences IRM dynamiques rapides (séquence SSFP : 2D FIESTA ; TE=0,9 ms ; espace k de taille 128x128 ; pixels de taille 2,8 mm ; épaisseur de coupe 10 mm ; SENSE avec un facteur d'accélération de 2). La résolution temporelle de la séquence est de 5,7 images par seconde.

Le plan de coupe est positionné dans une orientation sagittale afin de minimiser les phénomènes de sortie de coupe. Différentes régions sont étudiées à l'aide de ces coupes sagittales :

- Coupe passant par le cœur et foie gauche (top-left, ou TL)
- Coupe passant par le foie gauche, le rein gauche, et le cœur (lorsque disponible, suivant la morphologie du sujet) (bottom-left, ou BL)
- Coupe passant par le foie droit et le rein droit (bottom-right, ou BR)

Les séquences dynamiques sont répétées en demandant au sujet de changer de mode respiratoire, suivant un protocole défini ainsi :

- Respiration libre (free-breathing ou FB)
- Respiration ample (deep breathing ou DB)
- Inspiration rapide, expiration normale (quick inspiration normal expiration ou QINE)
- Inspiration normale, expiration rapide (normal inspiration quick expiration ou NIQE)

Le protocole de respiration est répété une deuxième fois pour évaluer la reproductibilité du modèle.

3.4.1.3 PRETRAITEMENT DES IMAGES ET DES SIGNAUX PHYSIOLOGIQUES

La détection de mouvement sur les séries d'images dynamiques est effectuée à l'aide de l'algorithme de Lucas et Kanade pyramidal [Lucas & Kanade, 1981], disponible dans la librairie OpenCV d'Intel [Intel, n.d.], déjà décrit dans la partie 3.1.3. Une égalisation d'histogramme de la série d'images est appliquée préalablement à la détection. L'algorithme fournit des valeurs de déplacements en des points particuliers présélectionnés (les « coins » de l'image, où le flux optique est maximal). Ces points ne sont pas espacés régulièrement, nous appliquons donc un rééchantillonnage des champs de déplacement sur une grille cartésienne (« gridding »). L'interpolation cubique est choisie lors du rééchantillonnage, ce qui permet d'obtenir des champs relativement lisses. Le temps de calcul

nécessaire à la détermination de ces champs est de l'ordre de la minute, pour une pile de 250 images (détection de mouvement + rééchantillonnage sur une grille de 128x128 pixels).

Tous les signaux physiologiques sont rééchantillonnés aux instants d'acquisition des images pour produire les signaux d'entrée du modèle. Chaque signal est normalisé, ce qui signifie que l'on utilise $\frac{x - \mu}{\sigma}$ comme entrée du modèle, où μ et σ sont la moyenne et l'écart type du signal sur la série de calibration.

Nous choisissons également un temps d'acquisition de référence t_0 , pour lequel les signaux sont proches de leur valeur moyenne μ . Les champs de déplacements sont tous calculés par rapport à l'image acquise à l'instant t_0 , ce qui permet d'obtenir des variables quasiment centrées en entrée comme en sortie du modèle.

3.4.1.4 EVALUATION DE L'ERREUR DE PREDICTION

Nous évaluons l'erreur de prédiction en choisissant, dans le protocole d'imagerie, une série pour la calibration. Ensuite, nous comparons les champs de déplacements prédits par le modèle aux champs de déplacements « réels » déterminés par la méthode flux optique. Ainsi, dans tous les résultats qui sont présentés par la suite, nous avons utilisés des jeux de données indépendants pour la calibration et la prédiction.

Pour une analyse quantitative, nous définissons l'erreur de prédiction moyenne comme l'erreur euclidienne moyenne sur une région d'intérêt (ROI) donnée, et calculée sur la durée de la série dynamique :

$$(3.38)$$

Nous avons ainsi évalué l'erreur de prédiction sur l'ensemble du champ de vue, avec une ROI couvrant toute l'image (à l'exception du fond noir où les champs de déplacements ne sont pas définis). Puis nous évaluons l'erreur de prédiction dans différentes ROI (si disponibles, suivant le plan de coupe choisi) : cœur, foie, rein, paroi thoracique et abdominale (voir Figure 3-10).

3.4.1.5 PROTOCOLE DE VALIDATION

La méthode de prédiction dépend de plusieurs paramètres : le choix du paramètre de régularisation de la méthode variationnelle (ou le nombre de valeurs propres si on utilise une régression PCR ou PLSR), mais aussi le choix des signaux d'entrée du modèle, et enfin le mode respiratoire dans lequel est effectué la calibration (FB, DB, QINE ou NIQE, définis en 3.4.1.2).

Nous évaluons tout d'abord l'erreur de prédiction, définie précédemment, pour chaque sujet de notre base de donnée d'images dynamiques (4 sujets, 72 séries d'images au total). Les résultats spécifiques de chaque ROI sont donnés. Ces résultats ont été obtenus avec la méthode variationnelle (régularisation TV, $\lambda = 0.001$), la calibration étant faite dans le mode respiratoire QINE, et en utilisant l'ensemble de capteurs n°5 (voir Tableau 3-2), composé de deux ceintures pneumatiques et de l'amplitude de l'onde R de trois voies ECG.

Puis, dans un deuxième temps, nous analysons l'influence de la régularisation (Tikhonov ou TV) sur un exemple particulier (calibration faite en mode QINE, ensemble de capteurs n°7). Nous étudions la variation de l'erreur de prédiction en fonction du paramètre λ choisi. Nous comparons également ces résultats à ceux obtenus avec la méthode PLSR.

Finalement, nous comparons les résultats obtenus avec chacun des ensembles de capteurs définis dans le Tableau 3-2, également sur un sujet particulier. Nous testons également l'influence du mode respiratoire utilisé pour la calibration.

3.4.1.6 DETAILS D'IMPLEMENTATION

Les algorithmes décrits ont été implémentés sous l'environnement Matlab® (Mathworks, Natick, MA). Les systèmes linéaires, avec la régularisation de Tikhonov ou TV, sont creux (de taille $N \times K$, mais seulement K éléments non nuls). Des méthodes de résolution directe standard ont été utilisées. Dans nos expériences, la taille de la grille était fixée à $N=128$, et le nombre de signaux d'entrée variait de $K=1$ à $K=6$.

Pour la méthode TV, le paramètre introduit dans le terme de régularisation a été fixé à $\lambda = 0.001$. En pratique, l'itération du point fixe converge très rapidement, puisque moins de 10 itérations étaient nécessaire pour atteindre la tolérance désirée, qui a été fixée à 10^{-6} . Le temps de calcul allait de quelques secondes (pour $K=1$) à 10 min (pour $K=6$) avec un processeur de 3 GHz.

3.4.2 RESULTATS

3.4.2.1 CARTES DE COEFFICIENTS DU MODELE

Des exemples de cartes de coefficients sont donnés à la Figure 3-11 et à la Figure 3-12 (prédiction dans les directions x et y), montrant les différences obtenues entre la solution en moindres carrés ordinaires (équivalente à la méthode variationnelle lorsque $\lambda = 0$), et la méthode variationnelle (régularisation de Tikhonov et TV, $\lambda = 0.001$). Les ROI, représentées sur les cartes à l'aide des délimitations en noir, sont les mêmes que dans la Figure 3-10.

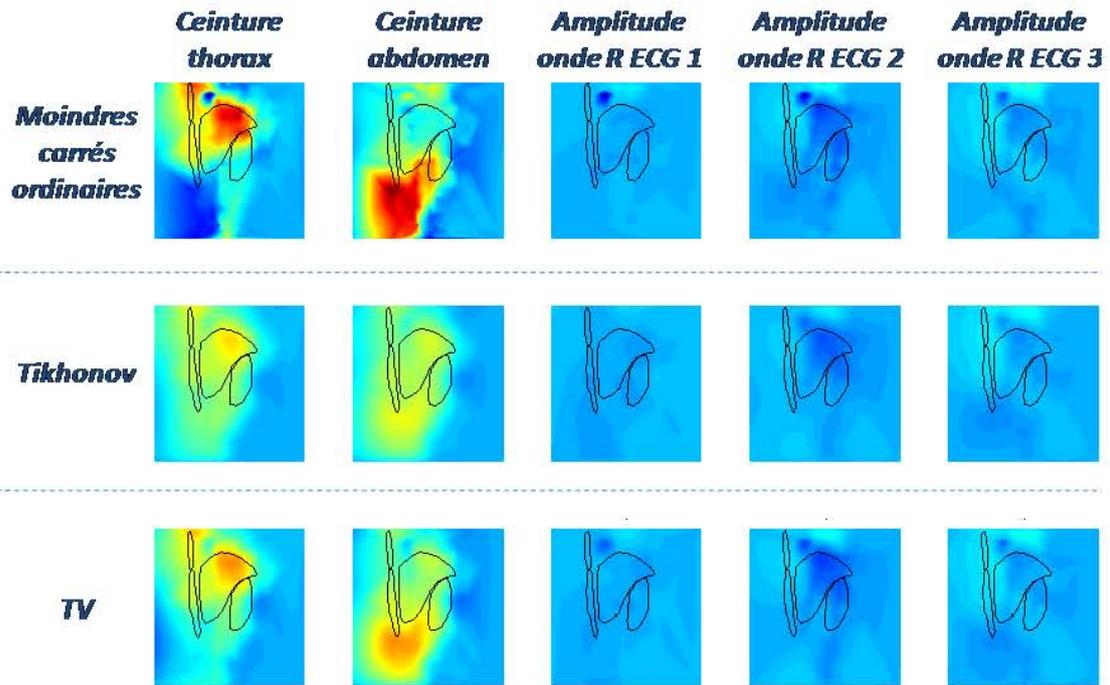


Figure 3-11 Exemple de cartes de coefficients pour la prédiction du mouvement dans la direction x (horizontale)

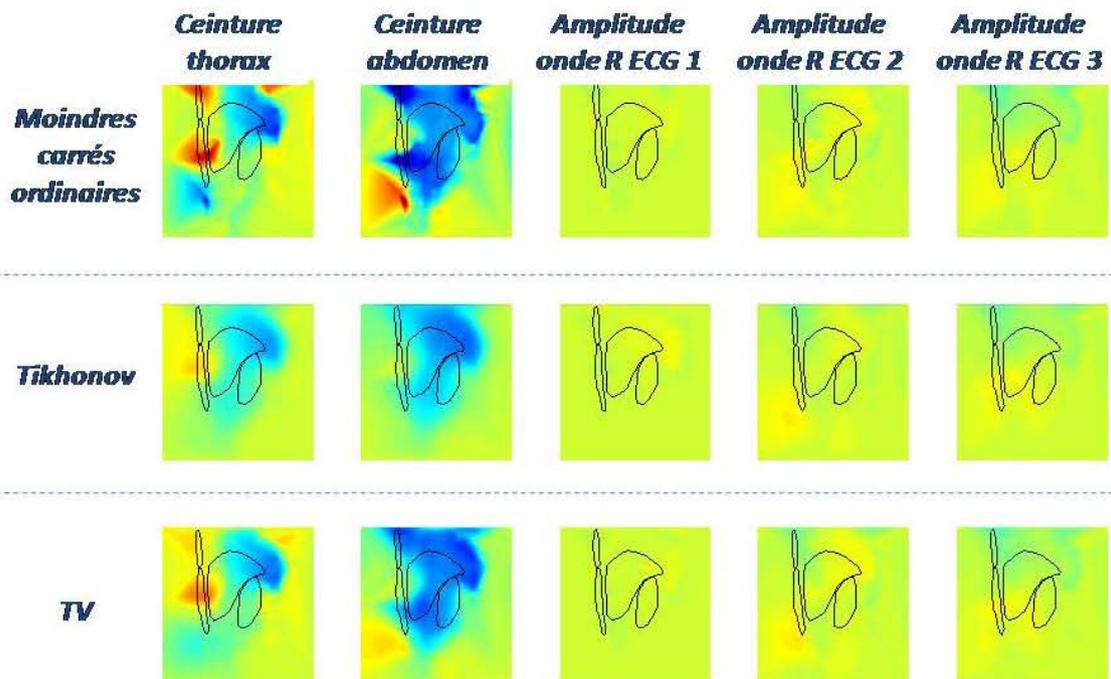


Figure 3-12 Exemple de cartes de coefficients pour la prédiction du mouvement dans la direction y (verticale)

La décomposition du mouvement se fait majoritairement, dans cet exemple, sur les deux ceintures pneumatiques, même si l'information ECG (ECG 2 et 3) contribue également au modèle. Pour la prédiction dans la direction (horizontale), le poids de la ceinture thoracique est nettement plus

important dans la région supérieure, alors que celui de la ceinture abdominale est plus important dans la région inférieure, ce qui est conforme à la disposition des capteurs. La contrainte de lissage est très visible sur cet exemple, et on voit également que la régularisation de Tikhonov modifie davantage les données que la régularisation TV dans les zones de fortes variations des coefficients.

Les champs de déplacement prédits, au cours d'une séquence en respiration libre (différente de la séquence de calibration), sont représentés à la Figure 3-13 et à la Figure 3-14. Différents temps d'acquisition sont représentés et couvrent un cycle respiratoire. Les trois méthodes de prédiction (moindres carrés ordinaires, régularisation de Tikhonov et TV) donnent une bonne estimation des champs de déplacements de référence (donnés par la méthode flux optique), avec des résultats légèrement différents d'une méthode à l'autre.

Pour évaluer visuellement la précision des champs de référence et prédits, un recalage non rigide a été appliqué aux images de la série dynamique. Le recalage se fait par interpolation des valeurs de pixels de chaque image de la série, aux points de contrôle déplacés. Avant et après le réaligement des images, une projection en maximum d'intensité (« maximum intensity projection » ou MIP) est calculée dans la dimension temporelle. Ces MIP temporels peuvent être visualisés à la Figure 3-15, où l'on peut voir clairement la réduction de l'erreur sur le mouvement.

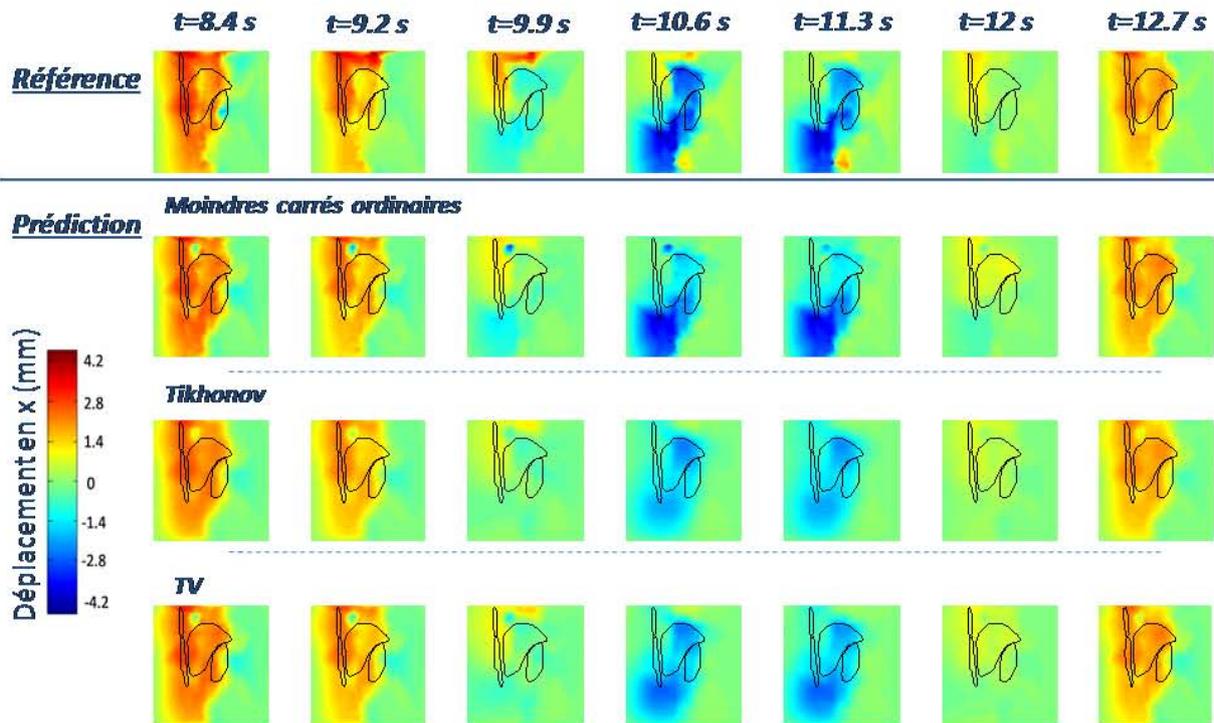


Figure 3-13 Exemple de déplacements prédits dans la direction x (horizontale)

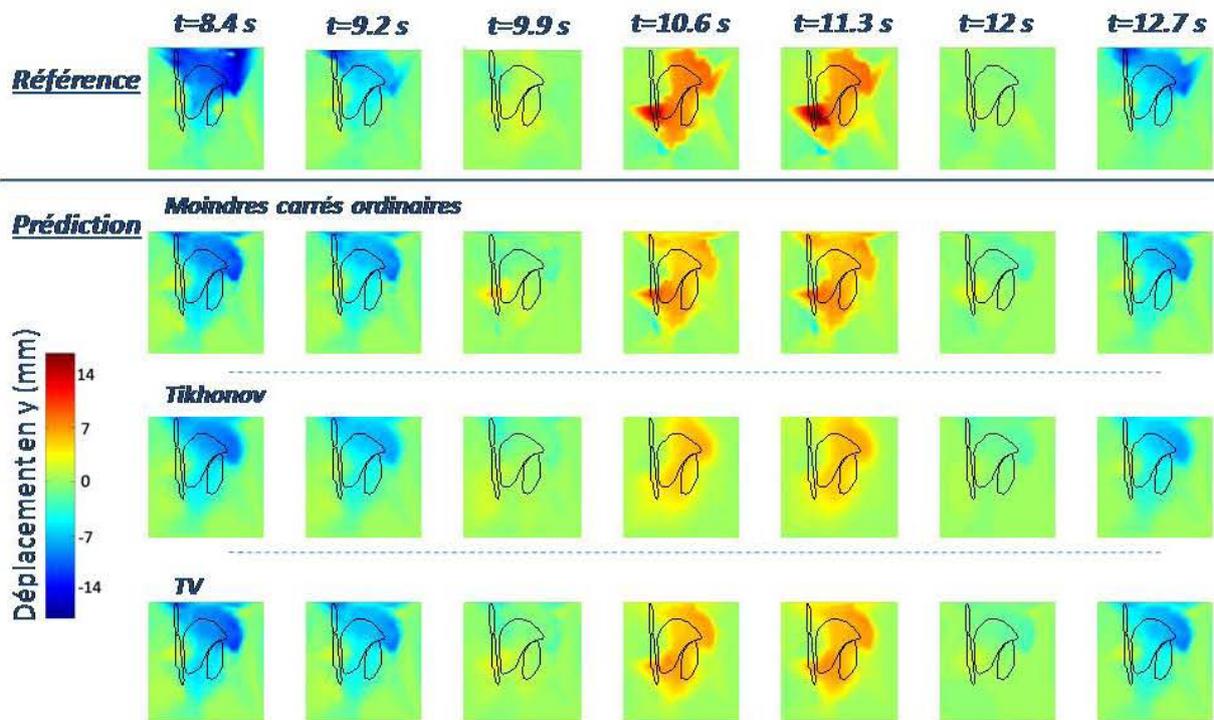


Figure 3-14 Exemple de déplacements prédits dans la direction y (verticale)

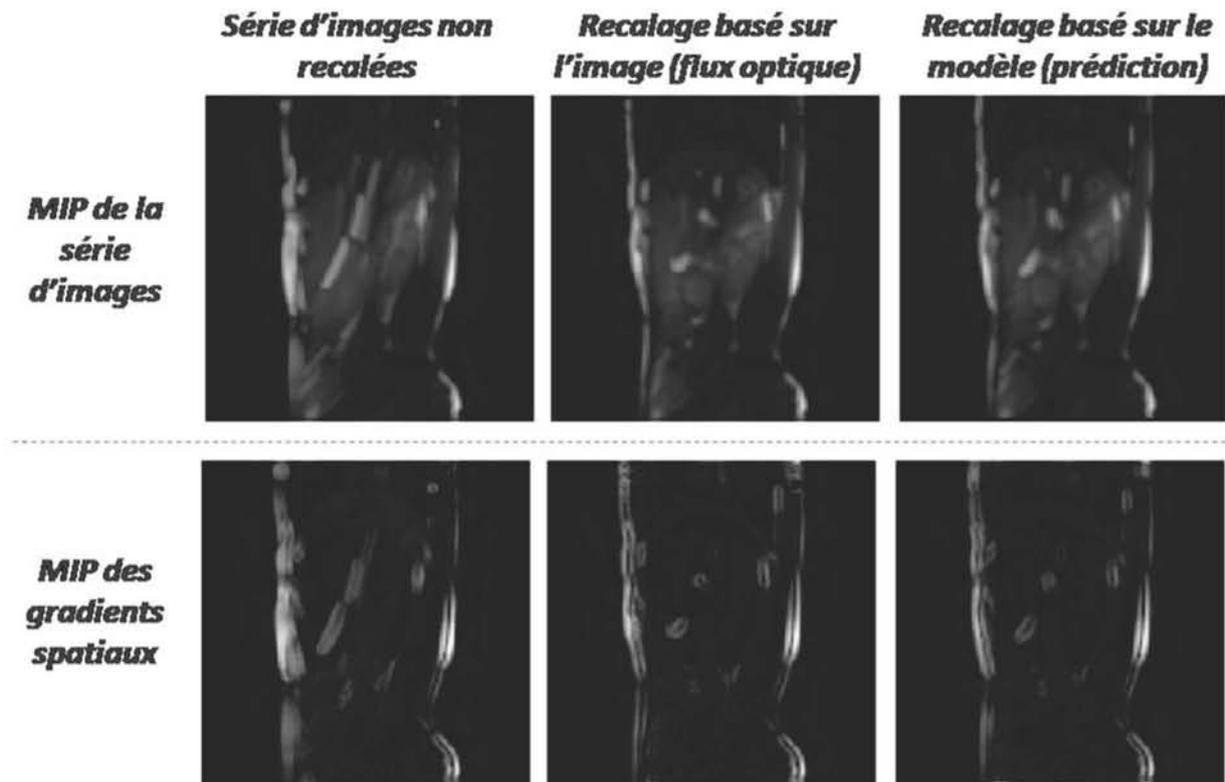


Figure 3-15 Projection temporelle d'une série d'images avec et sans recalage

3.4.2.2 ERREUR DE PREDICTION

Les résultats de prédiction de mouvement sont présentés dans la Figure 3-16. Les graphes montrent que l'erreur moyenne est réduite dans l'ensemble du champ de vue, ainsi que dans chaque ROI, comparé à la situation dans laquelle aucune prédiction n'est faite. La taille du pixel (2,8 mm), représentée par une ligne horizontale sur les graphes, donne une indication de la précision que l'on peut atteindre. Les résultats les meilleurs sont obtenus en respiration libre, ce qui confirme les constatations faites dans la partie 3.1.3, à savoir que c'est le mode respiratoire dans lequel un nombre minimal de modes propres est nécessaire pour représenter la majeure partie de l'information de mouvement. Dans la plupart des cas testés, le modèle permet de réduire l'erreur de prédiction à une valeur s'approchant de la résolution spatiale (à l'exception du jeu de donnée n°8 pour lequel la prédiction est moins bonne). En revanche, pour les modes respiratoires DB en particulier, le modèle linéaire est imparfait. Un nombre plus important de signaux d'entrée devrait être utilisé pour remédier à ce problème.

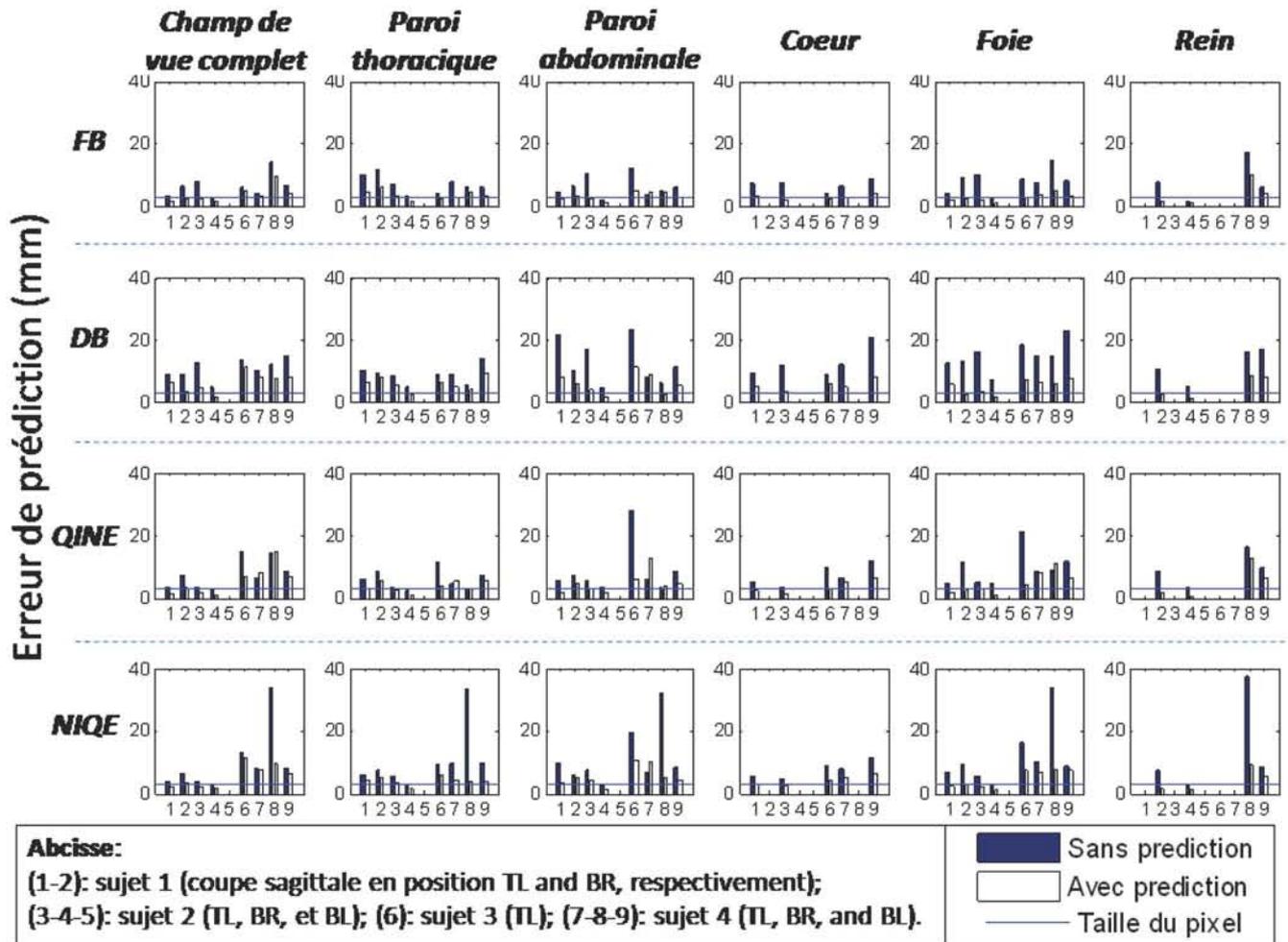


Figure 3-16 Erreur de prédiction (4 sujets, 72 séries d’images) obtenue avec la méthode variationnelle (régularisation TV) lors de différents modes respiratoires

3.4.2.3 INFLUENCE DE LA REGULARISATION

L’influence de la régularisation a été étudiée sur un sujet particulier, en comparant les résultats obtenus par la méthode Tikhonov (inversion du système (3.33)) et par la méthode TV (itération du point fixe décrite par (3.37)). Pour chacune des deux méthodes, plusieurs valeurs du paramètre ont été considérées (de à) pour déterminer le réglage optimal dans ce cas précis, en termes d’erreur de prédiction minimale. Nous considérons aussi le cas , correspondant à la solution au sens des moindres carrés ordinaires (OLS). Les « courbes en L » obtenues, pour différents modes respiratoires, sont représentées à la Figure 3-17. Ces courbes expérimentales montrent un minimum obtenu pour une certaine valeur optimale de . La régularisation de Tikhonov et TV donnent toutes les deux une amélioration par rapport à la prédiction sans régularisation. De façon intéressante, la régularisation de Tikhonov donne ici un résultat légèrement meilleur lorsque est

réglé de manière optimale, mais la prédiction est plus sensible à un mauvais réglage de λ que pour la régularisation TV, puisque la zone d'inflexion est plus étroite.

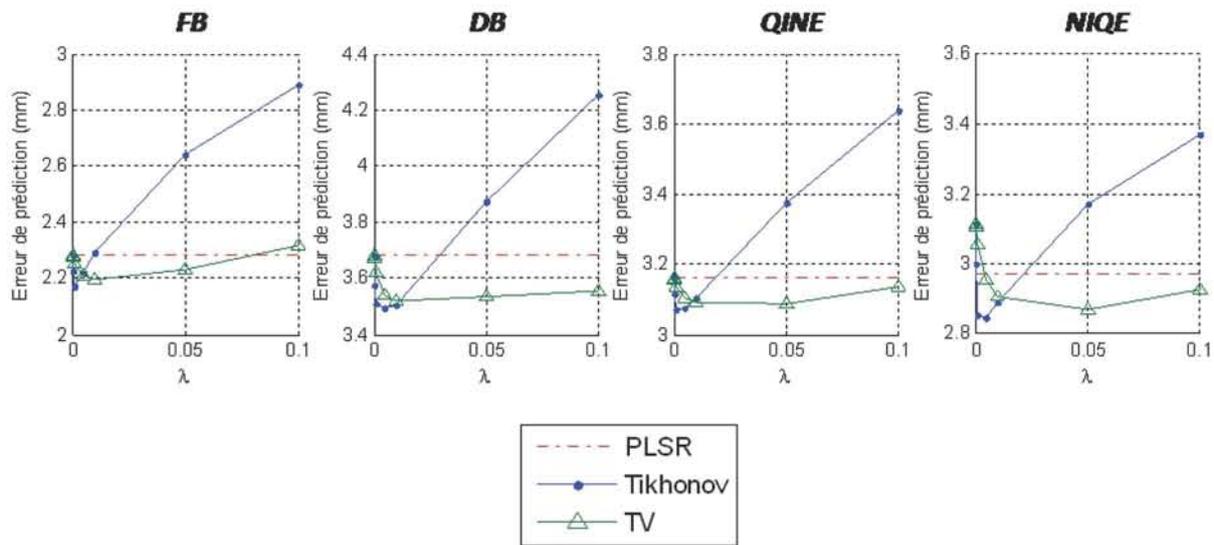


Figure 3-17 Influence de la régularisation sur l'erreur de prédiction

Les résultats obtenus par la méthode PLSR sont aussi indiqués sur le graphe. Dans les trois premiers modes respiratoires, la PLSR donne les mêmes résultats que la calibration non régularisée. Cela signifie que les signaux d'entrée du modèle sont suffisamment indépendants et qu'ils se situent bien dans les sous-espaces propres dominants des données de sortie. Dans le dernier mode respiratoire, la PLSR utilise un nombre réduits de composantes principales, ce qui améliore légèrement la prédiction. Les résultats obtenus avec la contrainte géométriques restent toutefois légèrement meilleurs que la PLSR dans tous les modes.

3.4.2.4 ROBUSTESSE DU MODELE

Enfin, nous souhaitons évaluer la robustesse du modèle par rapport à la séquence de calibration et par rapport au nombre de signaux d'entrées.

La Figure 3-18 montre les erreurs de prédiction en respiration libre, obtenues après différentes séquences de calibration (en FB, DB, QINE et NIQE), et à l'aide de chacun des sept ensembles de capteurs définis dans le Tableau 3-2. Globalement, les résultats sont ici relativement robustes par rapport à la calibration, car des résultats similaires sont obtenus pour les différentes séquences de calibrations. On constate aussi dans l'ensemble que plus le nombre de signaux d'entrées est important, meilleure est la prédiction.

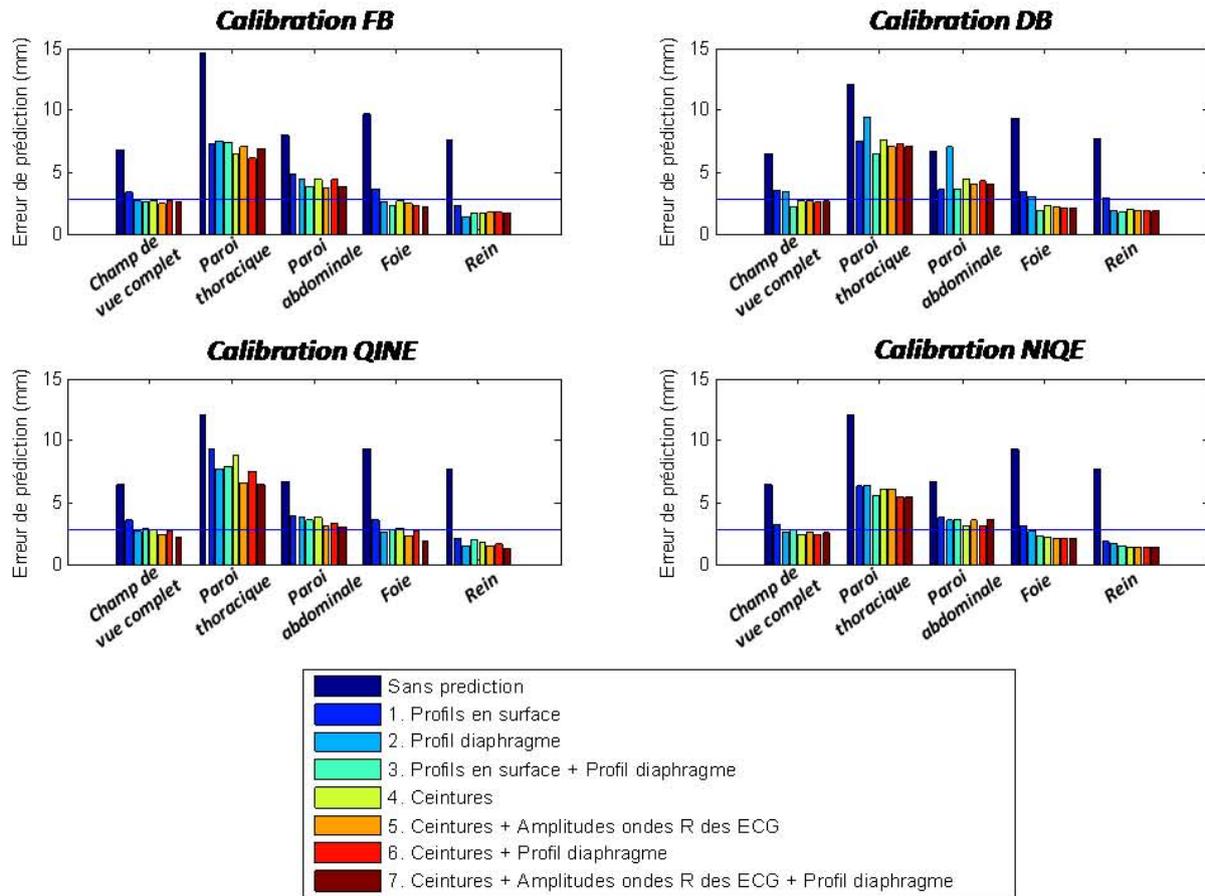


Figure 3-18 Influence de la calibration et des signaux d'entrée sur l'erreur de prédiction en respiration libre

3.4.3 DISCUSSION ET CONCLUSIONS

Le protocole de validation nous a permis de montrer que le modèle de mouvement peut être utilisé pour retrouver, tout du moins en partie, l'information de mouvement, à l'aide d'un nombre restreint de données capteurs. La méthode variationnelle que nous avons proposée permet d'introduire une contrainte de régularité (une contrainte géométrique) sur les champs de déplacements prédits. Cette propriété nous intéresse particulièrement dans le cadre de la correction de mouvements en reconstruction qui sera présentée au Chapitre 4.

Nous nous sommes intéressés dans cette étude au cas 2D, qui est mathématiquement « plus mal posé » que le cas 3D, en raison des effets de sortie de coupes. En effet, la détermination des champs de déplacement peut poser problème localement, d'où l'importance d'une contrainte de régularisation dans la construction du modèle. Cette contrainte peut être appliquée directement dans l'algorithme de détection de mouvement, ou bien dans la méthode variationnelle que nous avons proposée.

Le modèle repose sur une hypothèse forte, qui est la stationnarité des signaux d'entrées et des paramètres du mouvement. La prédiction sera d'autant plus efficace que cette hypothèse sera

vérifiée, et que le nombre d'entrées linéairement indépendantes, et corrélées avec le mouvement, sera grand.

Le temps de calcul nécessaire à la détermination des coefficients, avec la méthode variationnelle, dépend de la taille de la grille choisie et du nombre de signaux d'entrée. Ici, nous avons utilisé des méthodes directes pour la résolution des systèmes linéaires. Si la taille du problème augmente (en 3D, ou avec un nombre de capteurs plus grand), on peut envisager des résolutions itératives, telles que les méthodes de type SOR (successive over relaxation) ou gradient conjugué.

3.5 PERSPECTIVES : DETECTION DE MOUVEMENTS GUIDÉE PAR LE MODÈLE

Le cadre variationnel que nous avons utilisé pour reformuler le problème de régression se prête bien aux problèmes de détection de mouvement ou de recalage d'images. Comme nous l'avons évoqué dans la partie 3.3.1, fusionner l'étape de détection de mouvement et de régression pourrait avoir des applications intéressantes. En particulier, les méthodes basées sur le flux optique pourraient tirer profit de l'information supplémentaire fournie par le modèle.

L'équation du flux optique est valable pour les petits déplacements, lorsqu'il y a conservation du signal d'une image à l'autre. Elle relie les dérivées partielles de l'intensité $I(r, t)$ de l'image aux champs de déplacements $u(r, t)$, selon l'équation :

$$\frac{\partial I}{\partial t}(r, t) + \nabla I(r, t)^T \cdot u(r, t) = 0 \quad (3.39)$$

Dans le cas où les champs de déplacements sont estimés par un modèle, dans lequel le mouvement est représenté par des déformations élastiques (comme nous l'avons fait précédemment), on peut rechercher des cartes de coefficients $\alpha_k(r)$ vérifiant :

$$\frac{\partial I}{\partial t}(r, t) + \nabla I(r, t)^T \cdot \sum_{k=1}^K S_k(t) \alpha_k(r) = 0 \quad (3.40)$$

On remplace ainsi l'équation linéaire en u par une équation linéaire en α . Les champs de déplacements, grâce au modèle, sont contraints dans la dimension temporelle, puisque le déplacement d'un point r donné, $u(r, \cdot)$, doit être dans l'espace vectoriel engendré par les signaux d'entrée, $\text{vect}\{S_1(\cdot), \dots, S_K(\cdot)\}$.

Les problèmes de flux optiques peuvent être résolus à l'aide d'écritures variationnelles. Par exemple, par analogie avec la méthode de Horn et Schunk [Horn & Schunck, 1981], on peut résoudre (3.40) en minimisant une fonctionnelle de la forme :

$$E(\alpha, \nabla\alpha) = \int_{\Omega} \left\| \frac{\partial I}{\partial t}(r, t) + \nabla I(r, t)^T \cdot \sum_{k=1}^K S_k(t) \alpha_k(r) \right\|^2 dr + \lambda \int_{\Omega} |\nabla\alpha(r)|^2 dr. \quad (3.41)$$

Notons que la contrainte de régularité, ici, serait appliquée sur le gradient de cartes de coefficients, et non sur le gradient des champs de déplacements, ce qui est une hypothèse plus forte. En effet, une régularité de α implique une régularité spatiale de u , puisque $u(r, t) = \sum_{k=1}^K S_k(t) \alpha_k(r)$. Mais la réciproque n'est pas vraie. La contrainte de régularisation permettrait ici non seulement d'assurer un lissage des champs de déplacements, comme dans l'algorithme de Horn et Schunck initial, mais aussi de résoudre le problème des entrées colinéaires comme le font les régressions PCR ou PLSR.

La minimisation de (3.41) n'aurait un intérêt que dans le cas de la détection de mouvement sur une série d'images, et serait bien posée mathématiquement pour un nombre d'images $T > 2K$, car on aurait ainsi plus d'équations que d'inconnues. En effet, avec cette détection de mouvement guidée par le modèle, ajouter des instants de mesures (et des images dans la série) n'augmente pas le nombre d'inconnues, contrairement au problème du flux optique standard, qui cherche à retrouver les champs de déplacements à chaque instant d'acquisition. Ici, on se contenterait de chercher les cartes de coefficients du modèle (à partir desquelles on pourrait aussi donner une estimation des champs de déplacements).

Une autre formulation pourrait être la suivante, par analogie avec les travaux récents décrits dans [Brox *et al.* , 2004, Brox, 2005] :

$$E(\alpha, \nabla\alpha) = \int_{\Omega} \left\| \frac{\partial I}{\partial t}(r, t) + \nabla I(r, t)^T \cdot \sum_{k=1}^K S_k(t) \alpha_k(r) \right\| dr + \lambda \int_{\Omega} |\nabla\alpha(r)| dr. \quad (3.42)$$

Brox *et al.* ont obtenu des résultats meilleurs en écrivant le problème du flux optique sous une contrainte de type TV qu'avec les autres méthodes existantes. En effet, avec la contrainte TV, la modification des données, au cours du processus itératif, ne se fait plus selon une diffusion isotrope comme avec la régularisation de Tikhonov. Ceci permet de mieux préserver les discontinuités contenues dans la solution.

Dans le dernier chapitre, nous proposons une méthode très similaire au problème que nous venons de décrire, mais adaptée au problème de correction des artéfacts de mouvement en reconstruction (voir partie 4.3). La méthode de résolution que nous proposons inclut le même modèle de mouvements, ainsi qu'une contrainte géométrique de type Tikhonov. Le problème est donc très proche de celui décrit en (3.41). Sa résolution consiste en un problème d'optimisation linéaire, et met en œuvre une stratégie multirésolution afin de traiter les grands déplacements. Le problème traité dans la partie 4.3 est même plus complexe, car il ne fait pas intervenir directement les dérivées

partielles de l'image, mais un résidu de reconstruction (une information codée dans l'espace de Fourier), qui est lié au modèle par un opérateur d'encodage complexe (dans les deux sens du terme).

3.6 CONCLUSION SUR LA MODELISATION PREDICTIVE DES MOUVEMENTS PHYSIOLOGIQUES

L'introduction d'un modèle linéaire tel que ceux que nous avons décrits permet d'adopter une représentation du mouvement qui se prête bien à la correction des artéfacts de mouvements. Les variations de position, dans la dimension temporelle, sont contraintes par des combinaisons linéaires de quelques signaux d'entrées. Par conséquent, cette représentation permet de trouver un compromis entre l'hypothèse basique de reproductibilité, utilisées par les méthodes de synchronisation (représentation du mouvement à l'identique), et une description exhaustive du mouvement (dans laquelle la position ne serait contrainte ni dans l'espace, ni dans le temps) qui contiendrait trop de paramètres pour conduire à des problèmes bien posés.

A partir de ce concept, il est possible de construire un modèle adapté à l'application visée. Certains auteurs proposent également de contraindre la dimension spatiale en imposant également un modèle de transformation affine. Cette hypothèse est justifiée dans le cas où l'on souhaite appliquer le modèle à la correction de mouvements prospective, qui impose cette contrainte (voir partie 2.1.1.4), ou encore à la correction des mouvements de la tête, qui peut être considéré comme rigide avec une bonne approximation. Dans notre cas, nous avons choisi de conserver des déformations spatiales libres afin de traiter les mouvements complexes de la région thoraco-abdominale.

Il est possible d'utiliser différentes méthodes de régression afin de calibrer le modèle. Nous avons souhaité tester une technique de calibration différente des méthodes traditionnelles (OLS, PCR, PLSR) pour plusieurs raisons. D'une part, en imposant une contrainte de régularité, nous souhaitons compenser les erreurs éventuelles dans la détermination des champs de déplacements de calibration (la méthode de Luca-Kanade utilisée étant rapide, mais pas un « gold standard » en recalage d'images médicales). D'autre part, la correction des mouvements en reconstruction, dans le cadre que nous définissons dans la partie 4.2.2, nécessite que les déplacements soient différentiables, c'est pourquoi nous avons jugé prudent de leur imposer une certaine régularité. Néanmoins, si les champs de déplacements de calibration sont déjà suffisamment réguliers, la méthode variationnelle ne devrait pas apporter d'amélioration significative par rapport aux autres méthodes. Dans les résultats que nous avons présentés, les différences de performances entre les différentes méthodes de régression n'étaient pas très importantes. Pour la suite de nos applications, le choix de la méthode de régression devrait donc avoir peu d'importance, d'autant que nous avons utilisé un nombre restreint de signaux d'entrée. Ce problème pourrait se poser, en revanche, avec l'utilisation d'un nombre plus élevé d'entrée, que l'on pourrait obtenir, par exemple, avec un réseau de capteurs de

mouvements externes, ou encore par une analyse plus poussée des profils fournis par les navigateurs intégrés, décrits dans la partie 3.2.1.1.

Dans le cas idéal, où les signaux d'entrées comme de sorties sont parfaitement stationnaires, les solutions proposées sont des estimateurs optimaux ou quasi-optimaux pour la prédiction. L'erreur de prédiction dépend alors du nombre d'entrées. En théorie, il est possible d'en choisir un nombre suffisamment grand pour reconstituer le mouvement exact à une certaine précision. En pratique, évidemment, les signaux physiologiques ne sont jamais parfaitement stationnaires. De plus, la disposition des capteurs sur le patient peut être une contrainte importante. Gardant à l'esprit les hypothèses et les limites du modèle linéaire, nous allons voir dans la dernière partie quelques pistes d'applications à la correction des artéfacts de mouvements en reconstruction.

CHAPITRE 4 RECONSTRUCTION INTEGRANT LES INFORMATIONS DE MOUVEMENTS PHYSIOLOGIQUES

Plusieurs stratégies peuvent être adoptées pour corriger les artéfacts dus aux mouvements en reconstruction. Nous avons énoncé dans le Chapitre 1 les hypothèses pouvant être faites sur le mouvement. Ainsi, nous considérons ici que l'effet du mouvement intra-acquisition est négligeable, et que les artéfacts sont principalement dus au mouvement inter-acquisition, provoquant des erreurs d'encodage spatial. Ce chapitre s'organise autour de trois méthodes possibles d'intégration des données physiologiques dans l'algorithme de reconstruction : la suppression des données corrompues, la correction de ces données à l'aide d'un modèle de mouvement calibré au préalable, et enfin la correction à l'aide d'un modèle autocalibré.

La première solution consiste à supprimer les données corrompues par le mouvement. Cette méthode n'est applicable que lorsque ces données sont en petit nombre. Il s'agit alors de reconstruire un jeu de données sous-échantillonné.

Plutôt que de jeter les données corrompues, une meilleure solution consiste à les corriger. Nous proposons pour cela un cadre de reconstruction généralisée, dans lequel la chaîne d'encodage spatial est modélisée par un ensemble d'opérateurs linéaires. Cette formulation comprend la description de mouvements élastiques dans le champ de vue au cours de l'acquisition, ainsi que l'acquisition multi-antenne (la théorie de l'imagerie parallèle). Le processus d'acquisition avec mouvement s'écrit alors sous la forme d'une équation linéaire, que nous cherchons à inverser. L'inversion est théoriquement possible à condition que le signal IRM soit conservé dans le champ de vue au cours de l'acquisition. La réalisation pratique de la reconstruction généralisée nécessite la connaissance *a priori* du mouvement. A l'aide des signaux physiologiques recueillis par le SAEC (voir Chapitre 2) et du modèle de mouvement proposé dans le 0, nous validons le cadre de reconstruction généralisée à l'aide d'acquisitions 2D haute résolution d'un fantôme mobile, et sur sujets sains en respiration libre (images cardiaques et abdominales). Les exemples choisis se concentrent sur la correction des artéfacts dus aux mouvements respiratoires, le mouvement cardiaque étant traité à l'aide de la synchronisation ECG prospective.

Dans la dernière partie, nous proposons un moyen de déterminer le modèle directement à partir des données brutes corrompues. Cette méthode permet de s'affranchir de l'étape d'apprentissage, et la reconstruction ainsi proposée est autocalibrée. La méthode repose sur l'étude de l'influence d'une erreur de calibration du modèle sur l'image reconstruite (sa propagation dans l'algorithme). Sous l'hypothèse de conservation du signal IRM, le résultat d'une telle erreur est un résidu de

reconstruction. Nous montrons que ce résidu peut s'exprimer comme une fonction linéaire de l'erreur de calibration. A partir de cette constatation, nous dérivons un nouvel algorithme, agissant en multirésolution, qui permet de résoudre de façon couplée le problème de reconstruction généralisée, connaissant le mouvement, à l'élaboration du modèle permettant de connaître ce mouvement. La méthode est également validée sur des données réelles de sujets sains, acquises en respiration libre.

4.1 RECONSTRUCTION APRES SUPPRESSION DE DONNEES CORROMPUES⁷

4.1.1 PRINCIPE

Les techniques d'acquisition multi-antennes sont actuellement utilisées de façon systématique lors des examens cliniques. Nous avons vu dans la partie 1.2 que l'imagerie parallèle permet d'utiliser la redondance d'information apportée par le réseau d'antennes afin de sous-échantillonner l'espace k. L'image est reconstruite à partir du jeu de données sous-échantillonné à l'aide de l'information supplémentaire donnée par les cartes de sensibilité des différentes antennes. Généralement, l'imagerie parallèle est utilisée pour accélérer l'acquisition IRM, c'est-à-dire en sous-échantillonnant l'acquisition de façon prospective.

Une autre possibilité est de sous-échantillonner l'espace k de façon rétrospective, en éliminant des données corrompues par le mouvement par exemple. Ici, l'imagerie parallèle est donc utilisée dans le but d'améliorer la qualité d'image plutôt que pour accélérer l'acquisition. Le principe a déjà été appliqué à la suppression d'artéfacts de type fantôme, dans [Bydder *et al.* , 2002, Winkelmann *et al.* , 2005]. Dans ces méthodes, la détection des données corrompues est faite par une analyse de la consistance du jeu de données brutes, qui permet de détecter les données corrompues.

Nous proposons une approche alternative, plus directe, qui s'appuie sur notre système SAEC. La détection des données corrompues est faite de façon externe, indépendamment de l'acquisition IRM, à partir d'une analyse des signaux physiologiques (voir Figure 4-1). Nous avons décrit la méthode dans [Vuissoz *et al.* , 2007, Odille *et al.* , 2007c].

⁷ Le travail décrit dans cette partie a fait l'objet d'une communication au congrès de l'ISMRM 2007 (présentation orale) [Odille *et al.* , 2007c]

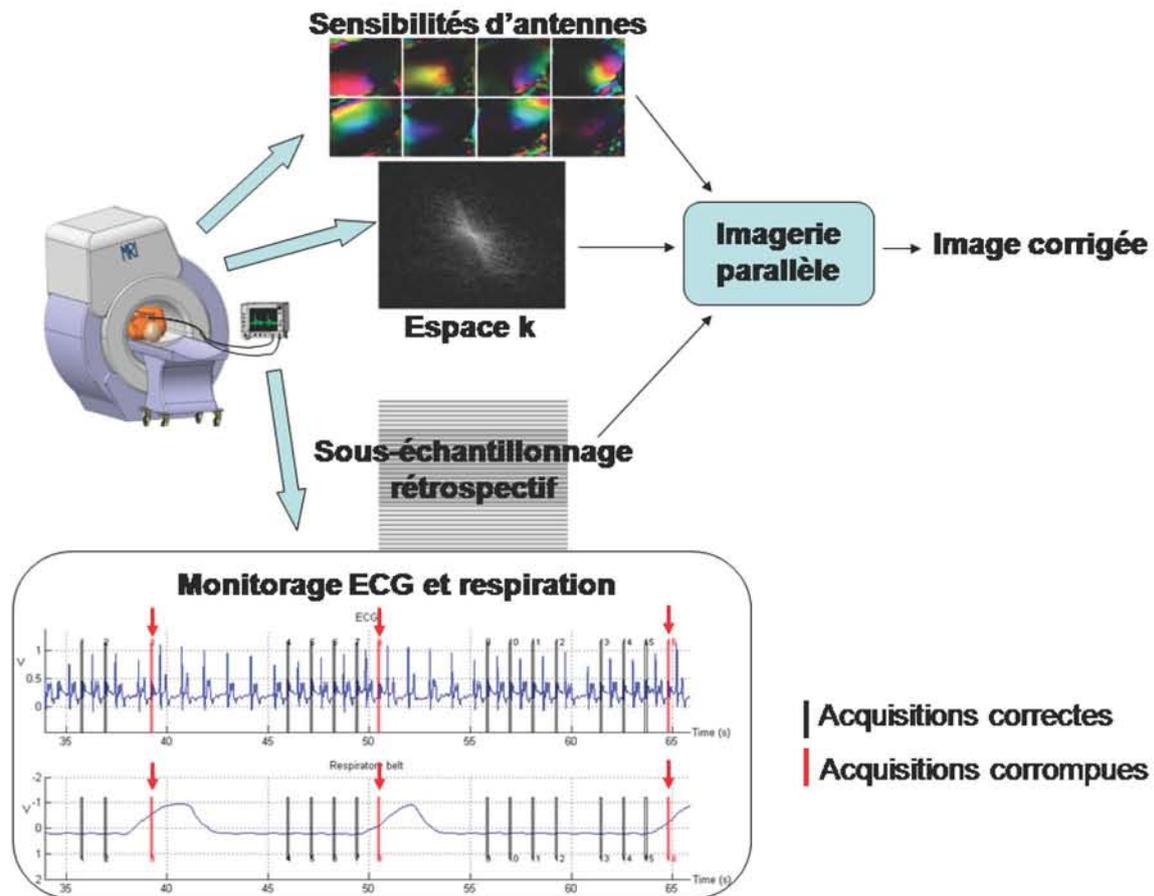


Figure 4-1 Détection des données corrompues et reconstruction à l'aide de l'imagerie parallèle

4.1.2 METHODES

4.1.2.1 PROTOCOLE D'IMAGERIE

Nous proposons de tester la méthode de reconstruction à l'aide d'une séquence RARE en sang noir (black blood FSE, espace k de taille 256x320). Cette séquence est utilisée en routine clinique pour l'imagerie haute résolution du cœur. Les données sont acquises avec une antenne cardiaque 8 éléments. L'acquisition est synchronisée à l'ECG, et réalisée soit en apnée, soit en double synchronisation prospective (cardiaque et respiratoire). L'acquisition se compose de plusieurs trains d'échos, chaque train d'échos permettant de couvrir un ensemble de ligne de l'espace k. L'étude porte sur 5 volontaires sains (10 séquences au total). Des artéfacts sont provoqués suivant trois cas de figure différents (voir Tableau 4-1), susceptibles de se produire au cours d'un examen clinique :

- Des artéfacts dus à une apnée incomplète,
- Des artéfacts dus à des erreurs de synchronisation respiratoire (lors d'une double synchronisation cardiaque et respiratoire),
- Des artéfacts dus à des erreurs de synchronisation ECG (lors d'une apnée).

Tableau 4-1 Protocole d'imagerie pour la suppression des artéfacts à l'aide de l'imagerie parallèle

Sujet	Série	Facteur d'accélération	Facteur de réduction total(r)	Type d'artéfacts	Nombre de trains d'échos
R543	19	2	2,67	Apnée incomplète	8
	18	2	2,29	Apnée incomplète	8
R570	13	2	2,29	Apnée incomplète	8
	12	2	2,29	Apnée incomplète	8
R641	10	1	1,23	Synchronisation respiratoire	16
	9	1	1,03	Synchronisation respiratoire	32
R642	24	1	1,3	Synchronisation respiratoire	48
	21	1	1,14	Synchronisation respiratoire	24
R664	5	2	2,67	Apnée incomplète + Synchronisation ECG	16
	6	1	1,23	Synchronisation ECG	16

4.1.2.2 DETECTION DES LIGNES CORROMPUES A L'AIDE DES DONNEES DE LA PLATEFORME

Les instants d'acquisition de chaque train d'échos sont connus d'après les enregistrements du SAEC, et détectant les fronts montant et descendant des fenêtres d'acquisition des données IRM (comme représenté dans la Figure 4-1). Ainsi, nous pouvons utiliser l'information des signaux physiologiques (ceinture pneumatique et ECG), pour détecter les trains d'échos acquis dans une mauvaise phase cardiaque ou respiratoire. Lorsque c'est le cas, toutes les lignes de l'espace k acquises pendant ce train d'échos sont supprimées.

Au final, nous calculons le facteur de réduction total, noté r , défini comme le rapport du nombre de lignes total sur le nombre de lignes utilisées pour la reconstruction. Parmi les séquences testées, certaines sont déjà accélérées d'un facteur 2, c'est-à-dire que seule une ligne sur deux de l'espace k est acquise. Dans ce cas, la reconstruction SENSE standard est ensuite appliquée. Si, en plus de cela, on supprime des données corrompues, on aura donc

4.1.2.3 DETERMINATION DES CARTES DE SENSIBILITES

Les cartes de sensibilités sont calculées à l'aide d'une séquence séparée, réalisée en apnée. La sensibilité de l'antenne est alors calculée par le quotient, pixel à pixel, entre l'image de l'antenne, notée S , et la moyenne quadratique de toutes les antennes, qui fournit notre image de référence homogène :

$$(4.1)$$

4.1.2.4 SENSE GENERALISE CARTESIEN

L'algorithme d'imagerie parallèle que nous utilisons est SENSE (vu dans la partie 1.2.3), dans sa version généralisée, car la suppression de lignes induit des schémas d'échantillonnage irréguliers.

Il faut noter que, dans la séquence RARE que nous utilisons ici, l'acquisition se fait par peignes de lignes intercalés (voir Figure 1-11). Ainsi, lorsqu'un train d'échos est supprimé, on évite de supprimer une partie dense de l'espace k . Cette règle doit être respectée autant que possible, sous peine de produire des facteurs de réduction trop élevés, pour lesquels la reconstruction en imagerie parallèle n'est plus possible.

L'algorithme SENSE est implémenté sous forme itérative, afin d'inverser le système linéaire formé par le problème d'imagerie parallèle. Le gradient conjugué est choisi comme méthode d'inversion. Les itérations sont accomplies jusqu'à ce qu'une tolérance soit atteinte, fixée ici à . Une régularisation de Tikhonov est appliquée avec un paramètre fixé de façon empirique à , afin de limiter la propagation du bruit dans la reconstruction SENSE. Etant donné que le sous-échantillonnage est opéré uniquement dans la direction de phase, les opérateurs de Fourier (direct et inverse) ne sont appliqués que dans la direction de phase, la dimension de fréquence restant inchangée (les artefacts de repliement apparaissent principalement dans la direction de phase). Ceci permet d'obtenir un algorithme de reconstruction relativement rapide (15 s pour une image de taille 256x320, acquise sur 8 antennes), avec notre implémentation Matlab®.

4.1.3 RESULTATS EXPERIMENTAUX

4.1.3.1 ARTEFACTS DUS A UNE APNEE IMPARFAITE

L'apnée imparfaite est un cas se produisant fréquemment lors d'un examen réel. Le patient peut ne pas tenir l'apnée jusqu'à la fin de la séquence. Une dérive en position des organes peut également se produire.

Nous avons demandé ici aux sujets sains de respirer avant la fin de la séquence (voir courbe respiratoire de la Figure 4-2). Dans cet exemple, les deux derniers trains d'échos sont supprimés. L'acquisition étant initialement accélérée d'un facteur 2, nous obtenons un facteur de réduction total de (les lignes de phase éliminées sont représentées en rouge sur la figure). On constate bien une réduction des artefacts de type fantôme, qui sont dus principalement au déplacement des parois ayant un signal intense.

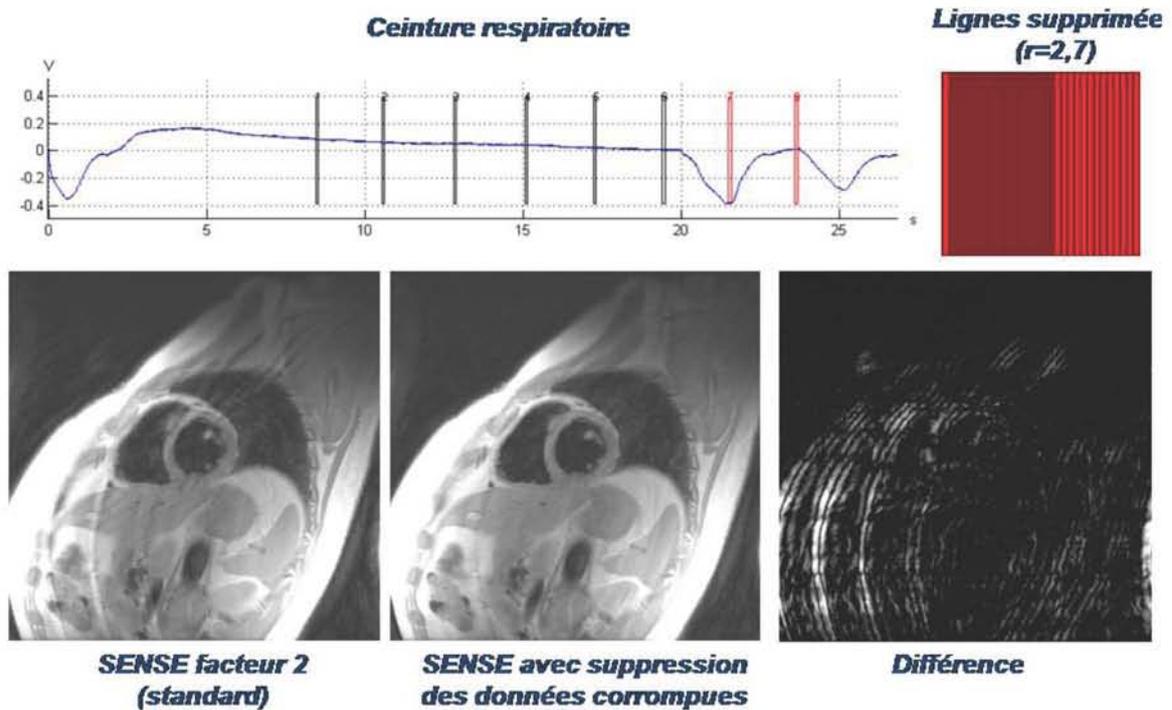


Figure 4-2 Correction d'artéfacts dus à une apnée incomplète

Les autres exemples, correspondant aux acquisitions du Tableau 4-1, sont donnés dans l'Annexe 1.

4.1.3.2 ARTEFACTS PRODUITS AU COURS D'UNE DOUBLE SYNCHRONISATION CARDIO-RESPIRATOIRE

Lors d'une acquisition en double synchronisation prospective (cardiaque et respiratoire), des erreurs peuvent se produire dans certains cas particuliers.

Dans l'exemple suivant, on souhaite obtenir une image en sang noir, en diastole, donc en fin de cycle cardiaque. La séquence est déclenchée lorsque, conjointement, le signal de la ceinture respiratoire se trouve dans la zone d'acceptation, et une onde R de l'ECG est détectée. Une double inversion de l'aimantation est immédiatement appliquée pour produire l'effet sang noir. Puis on attend un certain temps (le temps d'inversion TI) avant d'acquérir l'image. Lorsque l'onde R est située en fin de plateau expiratoire, il se peut donc que l'acquisition débute pendant la phase inspiratoire, comme on le voit pour les trains d'échos annotés en rouge sur la Figure 4-3.

Ce cas de figure se prête bien à la méthode de correction proposée, et permet de réduire également les artéfacts fantômes. D'autres exemples sont donnés en Annexe 1.

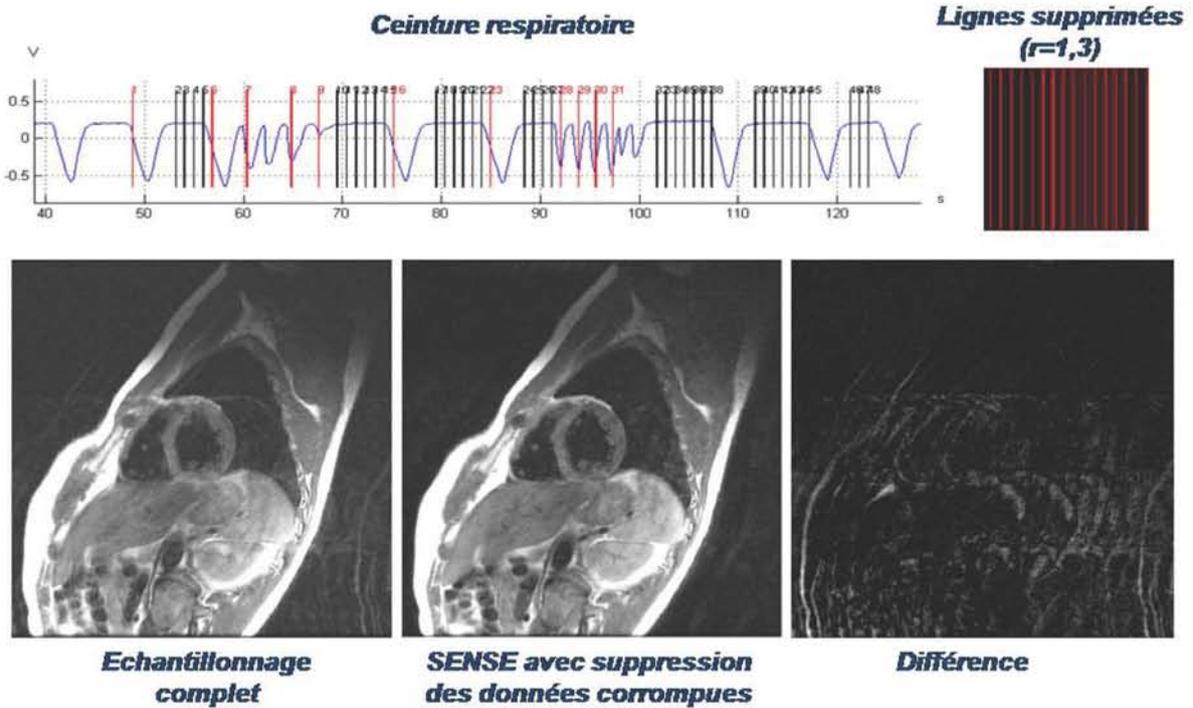


Figure 4-3 Correction d'artéfacts dus au mouvement respiratoire résiduel

4.1.3.3 ARTEFACTS DUS A DES ERREURS DE SYNCHRONISATION ECG

Pour le dernier type d'artéfacts, des erreurs de synchronisation ECG ont lieu au cours d'une séquence en apnée (Figure 4-4). Nous utilisons le module de prédiction RR du SAEC, afin d'imager le cœur en systole (voir partie 2.3.2.2). La prédiction est accomplie à l'aide de l'algorithme très simple . La prédiction est imparfaite, et donc certaines acquisitions sont acquises en diastole.

Dans l'exemple de la Figure 4-4 (a), la majeure partie des acquisitions est faite en systole. Les acquisitions corrompues, dues à une erreur de prédiction RR, sont supprimées. On voit nettement, sur la reconstruction standard, l'artéfact de diastole. La reconstruction corrigée permet de réduire l'artéfact de manière très significative.

On voit également sur cet exemple une légère dérive à la fin de l'apnée. Sur la Figure 4-4 (b), nous appliquons la reconstruction après suppression des derniers trains d'échos de l'apnée. Le SNR est légèrement diminué, mais cela permet de supprimer de légers artéfacts en stries sur la partie droite de l'image.

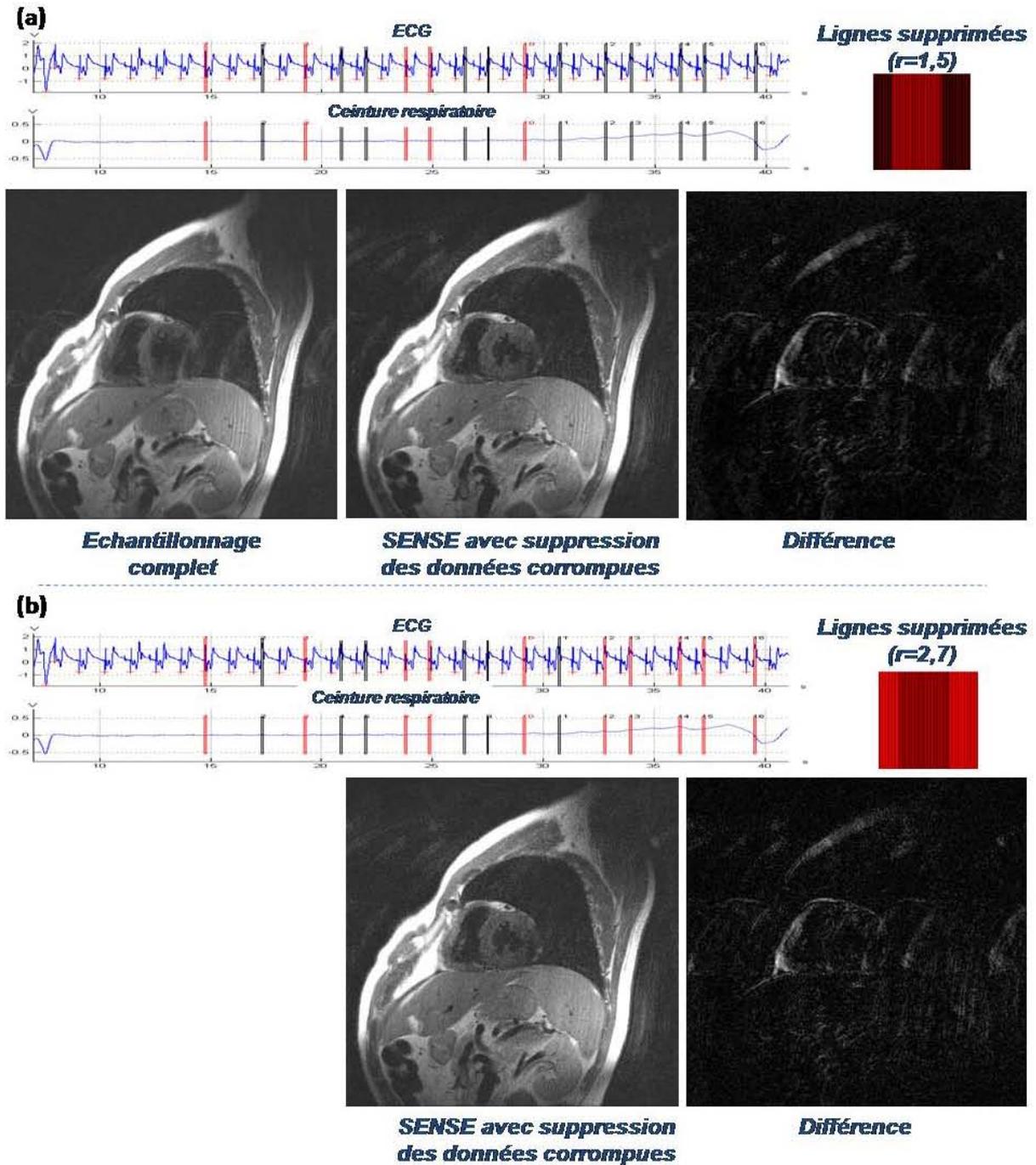


Figure 4-4 Correction d'artéfacts dus à des erreurs de synchronisation ECG (a), et *idem* avec, en plus, suppression des lignes correspondant à la dérive en fin d'apnée (b)

Notons que l'étude des erreurs de synchronisation cardiaque a aussi un intérêt pour l'examen des patients atteints de dysfonctionnements cardiaques. Dans le cas d'arythmies ou d'extrasystoles, certains trains d'échos se trouveraient acquis dans une mauvaise phase cardiaque, et la méthode serait également applicable.

4.1.4 DISCUSSION SUR LES AVANTAGES ET LIMITES DE LA METHODE

La suppression des données corrompues permet, dans un certain nombre de cas particuliers, tels que ceux que nous venons de décrire, de corriger les artéfacts dus à un mouvement résiduel. Nous avons supposé ici que l'échantillonnage était dispersé, si bien qu'une acquisition corrompue est répartie sur des lignes éloignées de l'espace k . En effet, l'imagerie parallèle permet de reconstruire des données manquantes, pourvu que suffisamment de données connues se trouvent « à proximité » dans l'espace k , dans un rayon relativement faible (l'algorithme peut être vu comme une convolution dans l'espace k , avec un noyau de taille restreinte) [Yeh *et al.*, 2005].

Etant donné que la reconstruction s'appuie sur un algorithme de type SENSE, les conclusions de la théorie de l'imagerie parallèle s'appliquent. En particulier, nous savons que le facteur de réduction des lignes ne peut guère être augmenté au-delà de $r = 3$ ou $r = 4$ à $1,5 T$, pour un sous-échantillonnage dans une dimension [Wiesinger *et al.*, 2004b, Wiesinger *et al.*, 2004a]. A plus haut champ en revanche, il est possible d'utiliser des facteurs de réduction plus importants, et ainsi de mieux tirer profit du réseau d'antennes.

L'algorithme de reconstruction est très rapide dans le cas cartésien, grâce à la méthode de résolution itérative (environ 15 s avec notre implémentation Matlab®, non optimisée). La méthode est applicable à d'autres schémas d'échantillonnages (radial, en spirales...) mais dans ce cas l'algorithme sera plus long, en raison des opérations d'interpolation ou de rééchantillonnage nécessaires à chaque itération.

Dans le cas plus général ou les problèmes dus au mouvement apparaissent pendant toute la durée de la séquence, la simple suppression des données corrompues n'est plus possible. Si l'on ne dispose plus de suffisamment de données consistantes pour reconstruire, la perte de SNR sera trop importante. Il apparaît donc nécessaire de disposer d'un cadre de reconstruction plus général afin de réellement prendre en compte le mouvement.

4.2 RECONSTRUCTION INTEGRANT LES MOUVEMENTS PHYSIOLOGIQUES

Plusieurs travaux font déjà état de corrections possibles, sous certaines conditions. Toutes ces méthodes ont été restreintes, soit en théorie, soit dans leur implémentation pratique, à des mouvements décrits, au mieux, par des transformations affines.

Dans un premier temps, nous allons décrire quelques-unes des principales approches qui ont été développées. Puis nous proposerons une méthode généralisant ces différentes techniques, afin de prendre en compte à la fois la présence d'un mouvement physiologique complexe (dit élastique), et également l'acquisition multi-antenne (et donc l'imagerie parallèle).

4.2.1 ETAT DE L'ART

Parmi les techniques existantes de correction des mouvements en reconstruction, on peut distinguer celles qui se basent uniquement sur les données corrompues, et celles qui nécessitent une information de mouvement externe à ce jeu de données.

4.2.1.1 RECONSTRUCTION BASEE EXCLUSIVEMENT SUR LE JEU DE DONNEES BRUTES CORROMPUES

RECONSTRUCTION PAR OPTIMISATION D'UNE FONCTION DE COUT (QUALITE D'IMAGE).

Dans [Atkinson *et al.*, 1999], une approche totalement automatisée est proposée. Les auteurs décrivent le mouvement se produisant pendant l'acquisition par un petit nombre de paramètres (translations, rotations... à chaque temps d'acquisition). L'idée est ensuite de rechercher ces paramètres en optimisant une fonction de coût quantifiant la qualité de l'image reconstruite. L'entropie de Shannon est proposée pour cela. En effet, les artéfacts dans l'image correspondent à une dispersion du signal, comme nous l'avons vu dans la partie 1.3.3. Ainsi, la présence d'artéfacts augmente la dispersion du signal, et donc l'entropie de l'image.

L'avantage de cette technique est d'être totalement automatique, et elle ne nécessite pas d'information autre que le jeu de données brutes. Des résultats ont été démontrés sur des images de volontaires sains et de patients.

Le principal inconvénient réside dans le nombre de paramètres qu'il est possible de choisir pour décrire le mouvement. Les résultats sont démontrés en imagerie neurologique uniquement, avec correction de mouvements rigides de la tête. Une description du mouvement plus fine que de simples rotations et translations nécessiterait un nombre très grand de paramètres. Le choix d'un critère comme l'entropie conduit à la résolution d'un problème non-linéaire difficile à optimiser, en particulier dans un espace de dimension élevée.

PROPELLER

La technique PROPELLER [Pipe, 1999] s'appuie sur un schéma d'acquisition particulier de l'espace k (voir Figure 1-12). L'acquisition se fait selon un rectangle de données passant par le centre de l'espace k , appelé une pale (« blade »), auquel on applique une rotation au cours du temps. Dans cette configuration, les données centrales de l'espace k sont acquises à chaque pale. Ceci permet de reconstruire une image basse résolution correspondant à chaque temps d'acquisition. On fait implicitement l'hypothèse que le mouvement est négligeable pendant l'acquisition d'une pale. L'auteur propose de rechercher des paramètres de translations et rotations permettant de recalibrer les images basse résolution ainsi constituées. Les paramètres trouvés sont ensuite utilisés pour corriger

l'ensemble du jeu de données brutes. Ceci est possible car les transformations affines (telles que les translations et rotations globales), se produisant dans le domaine image, équivalent à des transformations affines dans le domaine spectral (dans l'espace k). La technique est donc intrinsèquement limitée aux transformations affines.

Comme pour la méthode précédente, l'avantage est de permettre la correction totalement automatisée des mouvements rigides, et donc là encore, PROPELLER se prête bien à l'imagerie neurologique. Mais en pratique, elle ne s'applique pas à l'imagerie cardiaque ou abdominale.

Plusieurs limites doivent être mentionnées. Du fait de la rotation des directions de fréquence et de phase au cours de la séquence, l'orientation du plan de coupe n'est pas libre. En effet, en IRM, il ne doit pas y avoir d'objets induisant un signal IRM à l'extérieur du champ de vue, dans la direction de phase. Rappelons que le champ de vue représente la bande passante de l'acquisition de l'espace k . Un signal à l'extérieur du champ de vue sera donc en dehors de la bande passante d'acquisition. Le théorème de Shannon est alors invalidé, et l'image sera repliée (voir aussi Figure 1-14).

Des généralisations de PROPELLER en 3D ont été proposées, mais le problème se pose de la durée d'acquisition des pales 3D (qui sont alors des parallélépipèdes rectangles). Si l'acquisition de chaque pale est trop longue, ou d'une durée significative par rapport au mouvement considéré, les images basse résolution comporteront elles aussi des artéfacts, et la reconstruction ne sera pas efficace.

4.2.1.2 RECONSTRUCTION UTILISANT DES INFORMATIONS DE MOUVEMENT EXTERNES AU JEU DE DONNEES CORROMPUES

RECONSTRUCTION INTEGRANT UN MOUVEMENT ARBITRAIRE

Le cas d'un mouvement général, que l'on appellera « arbitraire », peut être traité à l'aide de la reconstruction proposée dans [Batchelor *et al.* , 2005]. En supposant que les champs de déplacements sont connus, les auteurs montrent qu'il est possible de réécrire le problème d'acquisition IRM avec mouvement à l'aide d'un formalisme matriciel (voir Figure 4-5). Dans cette formulation, discrète, tous les opérateurs intervenant sont linéaires. L'objet initial subit des déformations qui peuvent être modélisées, à un instant d'acquisition , par un opérateur de transformation spatiale . Puis l'objet est encodé spatialement (à l'aide du système de gradients), de façon à réaliser l'acquisition dans l'espace de Fourier. Une partie seulement des données est acquise à chaque acquisition, ce qui peut être représenté par un opérateur de trajectoire de parcours de l'espace k , noté .

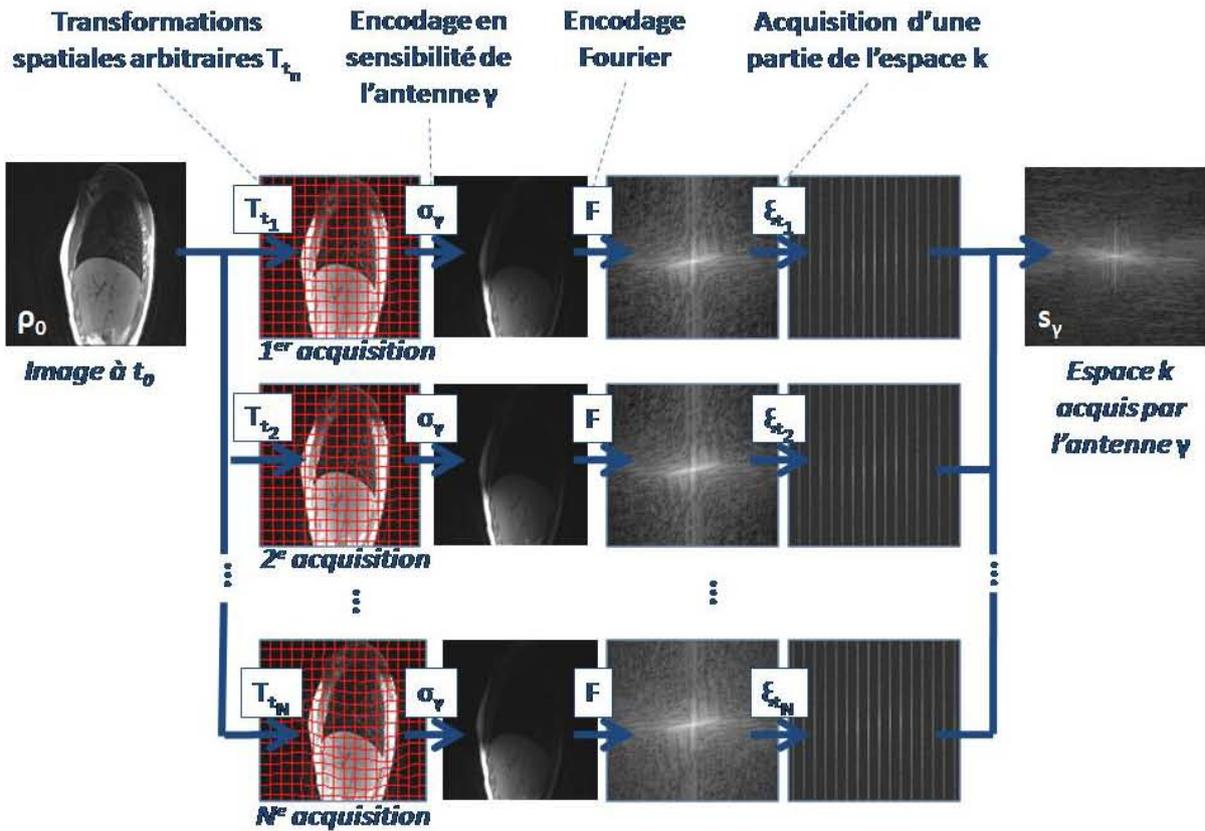


Figure 4-5 Description de l'acquisition IRM avec mouvement à l'aide d'opérateur linéaires

Comme pour l'algorithme SENSE généralisé, décrit dans la partie 1.2.3, on peut voir le problème de reconstruction comme la résolution d'un système matriciel de la forme :

$$(4.2)$$

où E est un opérateur d'encodage de la forme :

$$(4.3)$$

Comme dans l'algorithme SENSE généralisé, le signal acquis est mis sous la forme d'un vecteur de taille (en 2D pour une image de taille), de même que l'image initiale que l'on cherche à reconstruire. Les sont des matrices creuses, composées uniquement de et de dans le cas d'une trajectoire cartésienne. Les sont des opérateurs d'interpolation. En effet, l'image transformée est calculée en interpolant les valeurs de pixels de l'image initiale, afin de ne pas créer de trous dans l'image transformée. Les peuvent aussi être représentés par des matrices creuses, de taille . Le nombre d'éléments non nuls dépend de la base d'interpolation choisie. Par

exemple, si l'interpolation au plus proche voisin est choisie, seuls N^2 éléments seront non nuls en 2D, N^3 en 3D. Il est possible de choisir d'autres bases d'interpolation (linéaire, cubique, *sinc* avec une fenêtre de Kaiser-Bessel...) au prix d'un nombre d'éléments plus grand, et donc d'un temps de calcul plus long. L'opérateur de Fourier est le seul à être dense, mais on peut faire appel à un algorithme de transformée de Fourier rapide. Comme pour SENSE, l'algorithme se prête bien à une stratégie de résolution itérative, qui ne nécessite pas de connaître explicitement les éléments de l'opérateur à inverser $E^H E$.

L'application pratique de la méthode se heurte néanmoins à une difficulté de taille. Elle nécessite la connaissance *a priori* des matrices T_{t_n} , c'est-à-dire du mouvement. Les auteurs montrent donc des résultats en simulation qui valident l'emploi de la technique, mais les exemples réels sont limités à un exemple de translation uniforme, dans lequel la valeur du déplacement est donnée manuellement en entrée de l'algorithme.

La mise en œuvre d'un modèle prédictif du mouvement nous apparaît donc comme la suite logique permettant la réalisation pratique de cette méthode.

RECONSTRUCTION SENSE AUGMENTEE

Une méthode différant légèrement de la précédente a été proposée dans [Bammer *et al.*, 2007]. Les auteurs proposent une autre formulation, qui permet de voir le problème sous un autre angle. Comme nous l'avons déjà évoqué, les transformations affines sont changées en des transformations affines au cours d'une transformée de Fourier. Si l'on suppose que l'objet imagé subit de telles transformations, et que la trajectoire d'acquisition dans l'espace k est fixée, alors il est équivalent de considérer que c'est l'objet qui est fixe, et que c'est la trajectoire d'acquisition qui est déformée. Nous insistons sur le fait que ceci n'est vrai que pour des transformations affines, donc la méthode est moins générale que la précédente.

Les auteurs proposent d'utiliser une séquence permettant d'acquérir des images basse résolution de navigation, intercalées dans la séquence haute résolution d'intérêt. Les paramètres de translations et rotations sont déduits de ces images, et permettent de corriger la trajectoire. La méthode agit comme si l'on se plaçait dans un référentiel déformé, lié au patient, afin de reconstruire l'image. Du point de vue de la résolution, la méthode est très similaire à la précédente, mis à part que l'opérateur de transformation spatiale est appliqué après l'opérateur de Fourier, contrairement à l'équation (4.3) où il est appliqué avant.

Les auteurs appliquent la méthode à des trajectoires en spirale. Les opérations d'interpolation sont regroupées : celle contenue dans l'opérateur de trajectoire ξ_{t_n} , et celle contenue dans l'opérateur

que nous notons \mathcal{D} , qui représente la déformation de la trajectoire ici, ou encore la transformation équivalente dans le domaine de Fourier.

Une autre particularité intéressante de cet algorithme est qu'il est couplé à l'imagerie parallèle (à SENSE généralisé). Les auteurs introduisent donc des opérateurs de pondération en sensibilités d'antennes. Dans le cas où les antennes sont fixes, l'opérateur de sensibilité s'intercale juste avant l'opérateur de Fourier dans l'équation (4.3). Il faut donc appliquer la transformation spatiale inverse à l'opérateur de sensibilité pour que l'application de la transformation spatiale puisse être faite dans l'espace k .

4.2.2 RECONSTRUCTION GENERALISEE INCLUANT LA CORRECTION DES MOUVEMENTS ELASTIQUES ET L'IMAGERIE PARALLELE⁸

Dans cette partie, nous proposons une généralisation des méthodes existantes. Nous souhaitons d'une part conserver le cadre général présenté dans [Batchelor *et al.*, 2005], qui permet des déformations élastiques, plus adaptées à l'imagerie cardiaque ou abdominale, et d'autre part tirer profit du réseau d'antennes comme dans [Bammer *et al.*, 2007], sur la base des travaux en imagerie parallèle [Pruessmann *et al.*, 2001]. L'objectif est d'appliquer cette reconstruction généralisée, en se basant sur des champs de déplacements prédits à l'aide du modèle construit dans le 0.

Toutes les notations ayant déjà été introduites dans les parties correspondantes, la généralisation de l'algorithme de reconstruction, dans sa forme discrète, est relativement aisée. Nous proposons également une formulation continue du problème afin de mieux comprendre les hypothèses qui sont faites implicitement. Nous discutons ensuite plus en détail certains points importants pour la résolution numérique, avant de passer à une validation expérimentale, rendue possible par notre modèle prédictif.

4.2.2.1 FORMULATION CONTINUE DU PROBLEME

La formulation que nous proposons dans [Odille *et al.*, 2007a] établit une relation entre le signal capté par les différentes antennes et la densité de protons ρ . Les antennes sont indexées par a . Le signal acquis en un point \mathbf{r} de l'espace k multi-antennes, est noté $S_a(\mathbf{r})$.

Au cours d'une reconstruction classique (par transformée de Fourier ou en imagerie parallèle), le sujet imagé est supposé statique pendant la durée de l'acquisition. Pour prendre en compte le

⁸ Le travail décrit dans cette partie a fait l'objet d'un article qui a été soumis à Magnetic Resonance in Medicine [Odille *et al.*, 2007a]

mouvement, la position $r = [x, y, z] \in \Omega$ doit être considérée comme une variable du temps d'acquisition, c'est-à-dire $r = f(r_0, t)$, et donc comme une variable de la position dans l'espace k , c'est-à-dire que $t = t(k)$ (puisque le processus d'acquisition IRM, pour chaque antenne, est séquentiel).

La trajectoire de parcours de l'espace k est toujours notée ξ ($\xi(k) = 0$ ou 1 dans le cas d'un échantillonnage cartésien) et peut être utilisée également pour accélérer l'acquisition à l'aide d'un sous-échantillonnage. La pondération en sensibilité est notée $\sigma(\gamma, r)$, ou de façon équivalente, $\sigma(k, r)$.

En négligeant les termes de relaxation, l'équation du signal IRM s'écrit :

$$s(k) = \xi(k) \int_{\Omega} \rho(r, t(k)) \sigma(k, r) e^{-i2\pi k \cdot r} dr, \quad (4.4)$$

où l'on a noté : $k \cdot r = k_x x + k_y y + k_z z$.

Notons que, par simplicité, nous n'introduisons pas de dépendance en temps explicite de la sensibilité (nous n'écrivons pas $\sigma(k, r, t)$). Cela revient à considérer que les antennes sont fixes. De plus, lorsque le patient respire, la charge des antennes varie légèrement, et donc nous négligeons également les variations de sensibilité dues à ces changements de charge. En revanche, le changement de sensibilité vu par les voxels qui se déplacent est bien pris en compte, en raison de la dépendance de σ en r .

Nous supposons que la fonction de mouvement f est connue, ou peut être prédite à l'aide d'un modèle, tel que ceux qui ont été présentés dans le 0. De plus, nous supposons que, pour chaque temps d'acquisition $t(k)$, la fonction $\phi_k: r_0 \mapsto r = f(r_0, t(k))$ est « presque bijective », c'est-à-dire injective, différentiable, qu'elle a ses dérivées partielles continues, et un Jacobien J_{ϕ_k} non nul pour tout $r_0 \in \Omega$. Sous ces hypothèses, un changement de variable peut être fait dans l'intégrale. Par simplicité, nous supposons également que $\phi_k(\Omega) = \Omega$, ce qui signifie que la frontière $\partial\Omega$ du champ de vue n'est pas déformée pendant l'acquisition. Le changement de variable entre r et r_0 donne l'équation suivante :

$$s(k) = \int_{\Omega} K(k, r_0) \rho_0(r_0) dr_0, \quad (4.5)$$

avec $K(k, r_0) = \xi(k) \sigma(k, \phi_k(r_0)) e^{-i2\pi k \cdot \phi_k(r_0)} |J_{\phi_k}(r_0)|$, et ρ_0 désignant la densité de protons au temps de référence t_0 à partir desquels les champs de déplacements sont calculés. En notations opérateurs, l'équation (4.5) s'écrit :

(4.6)

où E désigne un opérateur d'encodage généralisé, qui est linéaire. L'équation (4.5) ou (4.6) relie donc le signal IRM à la densité de protons dans une position de référence, par l'intermédiaire d'une équation intégrale de noyau, comprenant la sélection des données dans l'espace k , les opérateurs de sensibilité d'antennes utilisés en imagerie parallèle, et l'opérateur d'encodage Fourier, modifié par les informations de mouvements physiologiques. Le problème de reconstruction généralisée revient à inverser l'équation (4.6).

L'équation (4.5) est connue dans la littérature sous le nom d'équation de Fredholm de première espèce. Généralement, l'hypothèse est faite que le noyau est compact. Cette hypothèse peut être faite ici car, en pratique, les expériences IRM consistent en un échantillonnage discret et fini de l'espace k multi-antennes. De telles équations intégrales sont connues pour être mal posées au sens de Hadamard, c'est-à-dire qu'on ne peut pas prouver, dans le cas général, l'existence, l'unicité d'une solution, et la stabilité du problème. Cependant, le problème peut être discrétisé dans le but de rechercher des solutions numériques, et une régularisation de Tikhonov, par exemple, peut être utilisée pour ajouter une contrainte de régularité supplémentaire à la solution.

Une formulation plus pratique peut être donnée, en introduisant l'opérateur adjoint, formé à l'aide du noyau, défini ainsi :

(4.7)

Où nous avons noté : . L'équation (4.6) peut alors être réécrite sous la forme :

(4.8)

avec et . Cette forme est plus avantageuse car l'opérateur agit de vers, et est à symétrie hermitienne par construction.

4.2.2.2 RESOLUTION NUMERIQUE

Pour la résolution numérique de l'équation (4.8), nous procédons de la même manière que pour SENSE généralisé décrit dans la partie 1.2.3, et que pour l'algorithme de correction des mouvements proposé dans [Batchelor *et al.*, 2005] et présenté dans la partie 4.2.1.2. Nous décomposons les différentes étapes comme représenté à la Figure 4-6. En effet, la description est plus avantageuse sous cette forme, car elle permet de séparer les étapes pouvant être représentées par des matrices

creuses, et fait apparaître l’algorithme de transformée de Fourier rapide. L’opérateur d’encodage discret se réécrit alors sous la forme :

(4.9)

Qui diffère de l’expression en (4.3) par l’ajout de l’encodage en sensibilités d’antennes.

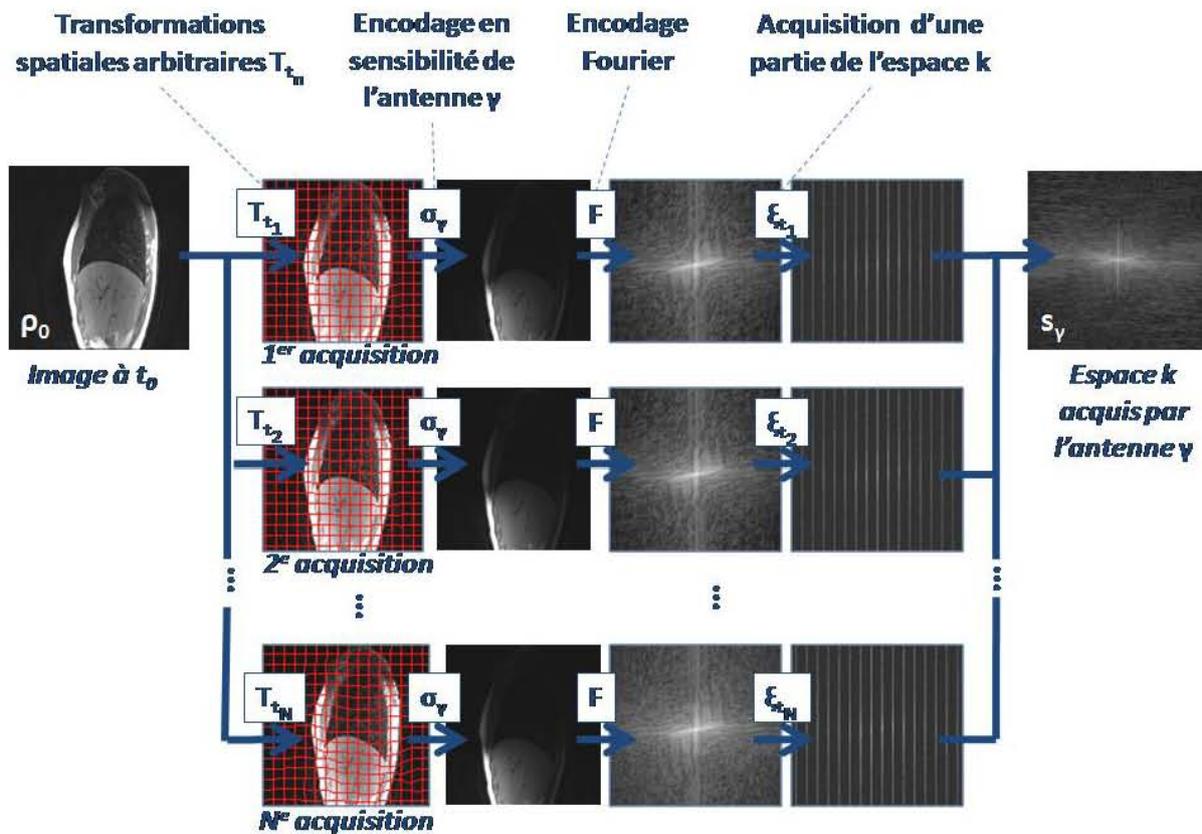


Figure 4-6 Description de l'acquisition IRM multi-antennes avec mouvement, à l'aide d'opérateur linéaires

La reconstruction généralisée se fait donc par résolution itérative du système (4.8), discrétisé à l’aide de la représentation en (4.9) de l’opérateur d’encodage. A chaque itération, l’algorithme fait donc appel à la fonction , avec :

(4.10)

Les mêmes remarques que nous avons faites précédemment s'appliquent pour le calcul des différents opérateurs appliqués en cascade.

CONDITIONNEMENT DE L'OPERATEUR D'ENCODAGE

Par construction, l'opérateur à inverser est à symétrie hermitienne. De plus, si la matrice est de rang maximal, alors elle est définie positive. Les algorithmes itératifs permettant la résolution de systèmes linéaires, tels que le gradient conjugué, le GMRES (Generalized Minimum RESidual), ou encore le gradient biconjugué, ont de bonnes propriétés de convergence lorsque ces conditions sont remplies. Cependant, en pratique, contient les cartes de sensibilité des antennes, ainsi que les champs de déplacements prédits par un modèle de mouvement, qui sont tous deux déterminés sur la base de données expérimentales. En imagerie parallèle, on s'assure que le problème est surdéterminé, en garantissant que le rapport du nombre d'antennes sur le facteur d'accélération est supérieur à 1. Cela revient à forcer la matrice à contenir plus de lignes que de colonnes, et donc à augmenter le rang de , ou de façon équivalente, à augmenter le nombre de valeurs propres significatives dans . En plus de cela, dans le problème présent, une autre source de surdétermination doit être introduite, directement liée à l'encodage en mouvement physiologique. Un moyen simple pour cela est de répéter l'acquisition de l'espace k , c'est-à-dire d'avoir recours à un nombre d'excitations $NEX > 1$. Mais contrairement à l'approche conventionnelle, dans laquelle les données des différentes excitations sont moyennées avant de reconstruire l'image, ici les données de chaque excitation sont traitées comme des acquisitions indépendantes, car elles ne sont pas acquises dans la même configuration cardio-respiratoire.

Si n'est toujours pas suffisamment bien conditionnée pour la résolution numérique, du fait des erreurs de modélisation par exemple, une régularisation peut être mise en œuvre. La régularisation de Tikhonov est une technique classique qui, en pratique, revient à remplacer par , où est la matrice identité, et un paramètre ajustable, généralement petit.

4.2.2.3 IMPLEMENTATION RAPIDE DE L'ALGORITHME DE RECONSTRUCTION GENERALISEE

Si l'algorithme de reconstruction est décrit de manière remarquablement simple par l'expression de l'opérateur en (4.10), l'implémentation numérique comporte un certain nombre de difficultés. Le temps de calcul nécessaire à la reconstruction est un problème non négligeable en vue d'une utilisation en routine clinique. Plusieurs optimisations peuvent être envisagées pour accélérer l'inversion. Le temps de reconstruction dépend de la façon dont le calcul de la somme (4.10) est fait. C'est cette opération qui est effectuée à chaque itération.

En premier lieu, nous avons tout intérêt à regrouper les lignes de l'espace k qui ont été acquises dans des configurations cardio-respiratoires similaires. Dans les exemples donnés ci-après, toutes les lignes appartenant à un même train d'échos ont été groupées, si bien que la somme comprenait un nombre de termes égal au nombre de trains d'échos dans la séquence. Pour les besoins de la section suivante, nous avons dû « comprimer » davantage encore le nombre de termes, en appliquant une quantification des signaux d'entrée sur un nombre réduit n de valeurs ($n = 8$ ou $n = 16$ par exemple), permettant d'effectuer des regroupements de données. De plus, il est possible de précalculer les opérateurs d'interpolation, et de les stocker (en utilisant de préférence une librairie adaptée à la gestion des matrices creuses, telle que celle proposée par Matlab®). Ainsi l'interpolation peut être faite très rapidement par multiplication matrice-vecteur (la matrice étant creuse). Ceci permet une résolution bien plus efficace, l'inconvénient étant une utilisation de larges volumes de mémoire, qui peut poser problème en 3D. Cela dit, que ce soit avec ou sans ce précalcul, la reconstruction 3D est tout à fait réalisable, nous en donnerons des exemples dans la partie 4.3.3.5.

La somme interne, sur les antennes, représente l'opérateur de repliement des données dans l'image, dû à l'échantillonnage de la ligne (ou du groupe de lignes) en cours. Cet opérateur de repliement prend une forme simplifiée dans le cas d'une acquisition cartésienne, ligne par ligne. Dans ce cas, le repliement ne se fait que dans la (les) direction(s) de phase. L'opérateur de repliement $\sum_{\gamma=1}^{N_{\gamma}} \sigma_{\gamma}^H F^H \xi_{t_n}^H \xi_{t_n} F \sigma_{\gamma}$ n'est plus totalement dense, mais il est composé de blocs de données non-nulles sur la diagonale. Il est possible qu'un précalcul explicite des éléments non-nuls permettent également d'accélérer l'algorithme, surtout si un nombre élevé d'antennes N_{γ} est utilisé. Cependant, la demande en mémoire est importante. Nous avons donc préféré, à ce jour, le calcul implicite, par application des transformées de Fourier rapides, dans les dimensions où le repliement apparaît.

Notons que le calcul explicite de tous éléments non-nuls de l'opérateur global A est difficilement envisageable dans le cas général. Ceci est dû au fait que les éléments non-nuls dans les matrices T_{t_n} (et $T_{t_n}^H$) peuvent être localisés à des indices arbitraires, et différents d'un temps d'acquisition t_n à l'autre. Par exemple, un pixel qui s'est déplacé va induire un noyau d'interpolation décalé par rapport à la position statique, le décalage dépendant de la valeur du déplacement. Au final, en sommant sur tous les temps d'acquisition, A pourra contenir un grand nombre d'éléments non-nuls.

Enfin, l'algorithme est hautement parallélisable, puisque les opérations de la boucle externe comme de la boucle interne sont indépendantes, et peuvent donc être traitées par des processus séparés, avant de regrouper les données par sommation.

4.2.3 VALIDATION DE LA RECONSTRUCTION GENERALISEE A L'AIDE DU MODELE PREDICTIF DU MOUVEMENT

Nous souhaitons valider l'algorithme de reconstruction généralisée sur la base des champs de déplacements prédits par le modèle proposé au 0. Nous proposons d'appliquer la méthode à une séquence haute résolution en respiration libre. Une séquence de calibration est nécessaire au préalable, afin de déterminer les coefficients du modèle. La validation est faite à l'aide d'une plateforme mobile, et de sujets sains, avec des images de la région thoraco-abdominale.

4.2.3.1 PROTOCOLE DE VALIDATION

SEQUENCE D'IMAGERIE

L'acquisition haute résolution utilisée est une séquence RARE en sang noir (black blood FSE, TE=35,9 ms ; 16 échos par train d'échos ; TI=650 ms ; espace k de taille 256x256 ; pixels carrés de taille 1,4 mm ; épaisseur de coupe de 10 mm). L'acquisition est faite en antenne cardiaque 8 éléments. La synchronisation ECG prospective est gérée par le SAEC. Cette séquence a été choisie car elle est utilisée en routine clinique pour l'imagerie haute résolution du cœur.

La séquence de calibration du modèle est la même que lors des expériences présentées dans la partie 3.4.1.2 (2D FIESTA ; 128x128). Les coefficients sont déterminés par la méthode variationnelle (taille de la grille de 128x128, régularisation TV,).

FANTOME MOBILE

Les expériences sur fantômes mobiles sont réalisées à l'aide de la plateforme déjà décrite dans la partie 1.3.3.3. Le dispositif est composé d'objets en mouvement sur la plateforme, et d'objets statiques. Les déplacements dans le champ de vue sont donc des translations par morceaux, approximativement périodiques. Un simulateur ECG produit un signal de synchronisation cardiaque afin d'être dans les mêmes conditions que pour les expériences sur sujets.

Il est important de rappeler que les translations par morceaux ne rentrent pas dans la catégorie des transformations affines, et que toutes les théories qui se restreignent à des modèles affines ne s'appliquent pas ici.

Le plan de coupe est positionné dans une orientation telle que le mouvement reste dans le plan. La plateforme génère des déplacements de 30 mm en amplitude dans la direction haut/bas, et 5 mm dans la direction droite/gauche, et la période du mouvement est réglée à 5 s. Ces valeurs sont caractéristiques de la respiration d'un adulte. L'acquisition haute résolution est répétée quatre fois (NEX=4) en configuration dynamique, et une acquisition de référence est faite en configuration

statique, à des fins de comparaisons. L'acquisition statique est également utilisée pour la détermination des cartes de sensibilités, à l'aide des 32 lignes centrales de l'espace k.

Du fait de la simplicité du mouvement, le modèle de mouvement ne contient ici que deux entrées : le premier est fourni par une ceinture pneumatique disposée sur la partie mobile, et le second est la dérivée du premier signal. Le signal de dérivée peut être utilisé pour prendre en compte d'éventuelles non-linéarités ou pour compenser des délais entre le signal mesuré et le mouvement réel. Cette information supplémentaire est similaire à celle fournie par les navigateurs précurseurs proposés dans [Manke *et al.*, 2003].

SUJETS SAINS

Deux volontaires sains ont été soumis au protocole, pour des expériences faisant intervenir des déplacements élastiques réels de la région thoraco-abdominale. Deux plans de coupe ont été positionnés : l'un dans le foie et le poumon gauche (premier sujet), l'autre dans le cœur (deuxième sujet). Chez les deux sujets, le plan de coupe a été choisi en orientation sagittale de façon à minimiser les phénomènes de sortie de coupe. Ces incidences ne visent pas une application clinique spécifique, notre souci étant de mettre en avant des exemples de mouvements élastiques (ni rigides, ni affines) dans le plan. L'acquisition haute résolution est répétée trois fois, en respiration libre, pour obtenir une surdétermination d'un facteur trois dans l'opérateur d'encodage. Une acquisition de référence est également faite, en apnée, pour comparaison. Les cartes de sensibilités sont aussi extraites à l'aide des 32 lignes centrales de l'acquisition de référence.

Les entrées du modèle comprennent quatre signaux liés au mouvement respiratoire : deux ceintures pneumatiques (thorax et abdomen), et leurs dérivées. De plus, deux signaux sont ajoutés pour le suivi du mouvement cardiaque, basés sur l'ECG. Si l'on note t_i l'instant de détection de l'onde R du $i^{\text{ème}}$ battement cardiaque, et $RR_i = t_{i+1} - t_i$, les deux signaux supplémentaires sont définis par $\cos\left(\frac{2\pi}{RR_i} t\right)$ et $\sin\left(\frac{2\pi}{RR_i} t\right)$, $\forall t \in [t_i, t_{i+1}]$. Cela équivaut à approximer le mouvement dû à la contraction cardiaque par une pseudo-sinusoïde, avec une fréquence ajustée au rythme cardiaque, et avec une amplitude et une phase réglable. Les deux signaux ainsi définis sont utilisés essentiellement pour la calibration, car la séquence basse résolution n'est pas synchronisée au cycle cardiaque, alors que les champs de déplacements dépendent à la fois de la phase respiratoire et cardiaque. Pendant la séquence haute résolution en revanche, puisque la phase cardiaque est fixée, les deux entrées cardiaques du modèle sont constantes (phase de diastole, à $t=650$ ms dans le cycle cardiaque).

EVALUATION DE QUALITE D'IMAGE

Les champs de déplacements de calibration nécessitent de choisir une image de référence. Afin d'évaluer la reconstruction quantitativement, nous avons choisi comme référence, dans la série de calibration, l'image la plus proche de l'acquisition haute résolution faite en apnée, au sens de l'information mutuelle normalisée (NMI). Ainsi, l'image reconstruite se trouve approximativement dans la même phase respiratoire que l'apnée, car les acquisitions sont « recalées » par rapport à cette référence. Cependant, puisque la série de calibration a une résolution moindre, un léger décalage subsiste. Avant de comparer l'image reconstruite et l'apnée, le léger décalage est compensé par un recalage élastique, basé sur le même algorithme de détection de mouvements élastiques que celui utilisé pour la calibration (Lucas-Kanade). L'interpolation intervenant dans le recalage est faite à l'aide d'un noyau *sinc* avec fenêtrage, afin de ne pas introduire de flou dans l'image, ce qui fausserait la comparaison d'images.

La qualité de l'image reconstruite est évaluée en termes de différents critères de similarité avec l'acquisition en apnée (après la correction du léger décalage). Nous avons choisi les critères suivants, qui sont communément utilisés en traitement d'images : l'erreur moyenne absolue (MAE), le coefficient de corrélation (CC), l'entropie conjointe (JE), et l'information mutuelle normalisée (NMI).

De plus, nous évaluons la qualité d'image de la reconstruction standard (basée sur la transformée de Fourier) et de la reconstruction généralisée à l'aide des deux critères suivants : l'entropie de l'image est calculée pour quantifier la dispersion du signal (l'entropie augmente en cas d'apparition d'un bruit ou d'un flou), et l'entropie du gradient de l'image est utilisée pour quantifier la singularité de l'image (c'est-à-dire la présence de détails fins).

DETAILS D'IMPLEMENTATION

L'algorithme de reconstruction est implémenté sous Matlab®. L'interpolation bilinéaire est choisie pour décrire les opérateurs d'interpolation dans (4.10), et les transformées de Fourier sont calculées à l'aide de l'algorithme FFTW. Le paramètre de régularisation de Tikhonov a été réglé de façon empirique à $\lambda = 0,1$. L'inversion de l'équation (4.8) est faite à l'aide de l'algorithme GMRES car, avec les jeux de données présentés, il permettait une convergence légèrement plus rapide que le gradient conjugué, pour une tolérance fixée à $\varepsilon = 10^{-3}$. Le temps de reconstruction nécessaire ici était de 2 à 5 minutes.

4.2.3.2 RESULTATS

FANTÔME MOBILE

Les images reconstruites du fantôme mobile sont présentées à la Figure 4-7, pour les différentes valeurs de NEX. Les reconstructions standard (basées sur la transformée de Fourier) présentent des artéfacts typiques produits dans la direction de phase, en formes de fantômes (similaires à ceux décrits dans la partie 1.3.3). L'augmentation des NEX fait apparaître un effet de moyennage. Notons que l'utilisation d'un nombre important de NEX, avec la reconstruction standard, a pour effet de concentrer les artéfacts en un flou resserré autour de l'objet, qui peut être décrit par un noyau de convolution, dont la taille est de l'ordre de l'amplitude du mouvement [Wang *et al.*, 1995]. La reconstruction généralisée permet de réduire efficacement ces artéfacts. L'image de référence est également représentée, ainsi que les images de différences.

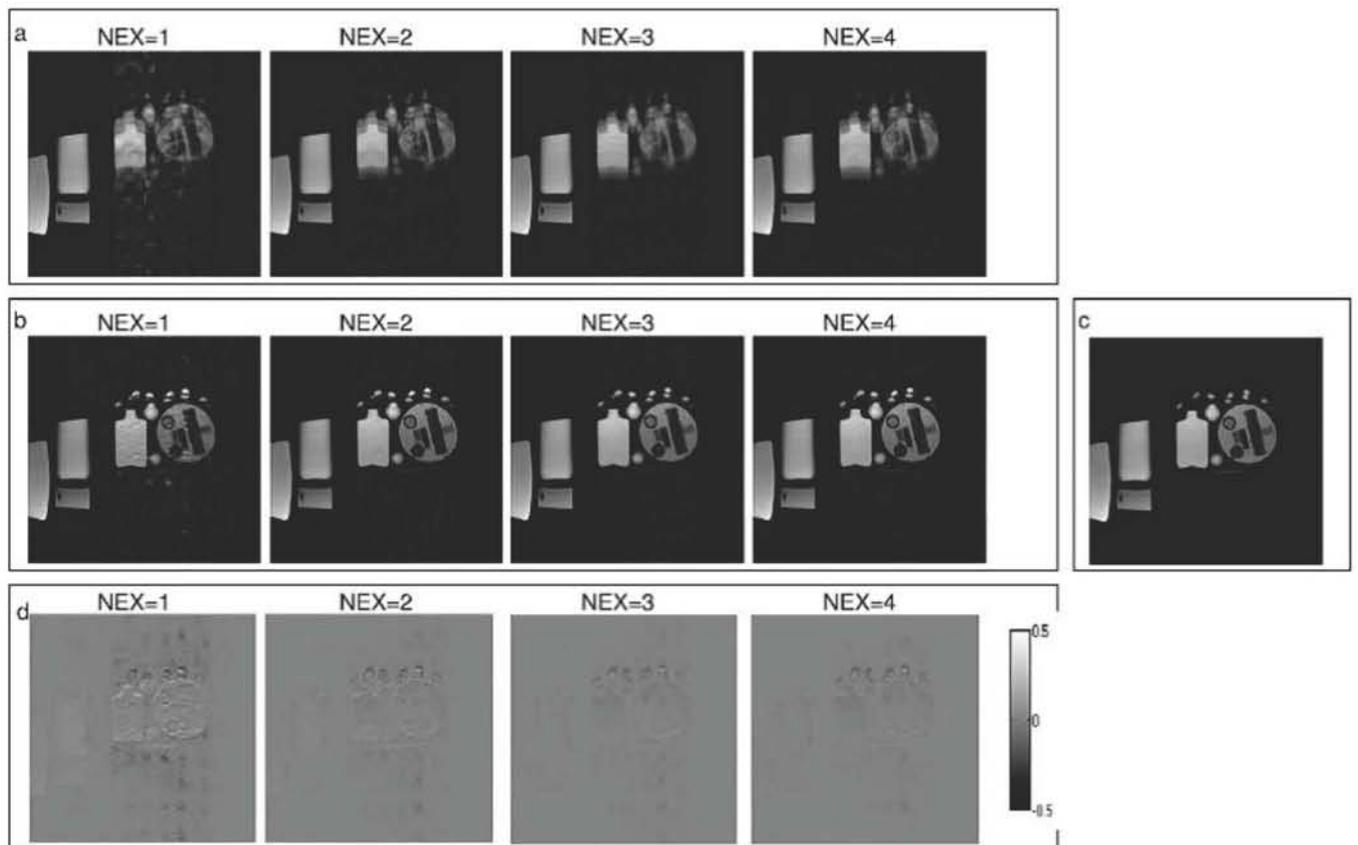


Figure 4-7 Reconstruction du fantôme mobile : standard (Fourier) (a), généralisée (b), référence statique (c), et les images de différence entre la reconstruction généralisée et la référence (d)

Une évaluation quantitative est donnée dans le Tableau 4-2. Les résultats montrent clairement que, au sens des différents critères de similarité et de qualité d'image, la reconstruction généralisée est meilleure que la reconstruction standard, et que la reconstruction s'améliore lorsque le NEX

augmente. Dans cet exemple, l'amélioration la plus significative est observée pour $NEX = 2$ ou $NEX = 3$.

Tableau 4-2 Comparaison entre les reconstructions généralisée et standard, dans l'expérience du fantôme mobile

	Critère	Reconstruction	NEX			
			1	2	3	4
<i>Similarité avec la référence statique</i>	MAE (meilleur si plus petit)	Fourier	0,078	0,073	0,068	0,067
		Généralisée	0,057	0,031	0,024	0,024
	CC (meilleur si plus grand)	Fourier	0,789	0,815	0,831	0,843
		Généralisée	0,924	0,973	0,983	0,982
	NMI (meilleur si plus grand)	Fourier	1,214	1,228	1,234	1,236
		Généralisée	1,221	1,269	1,285	1,285
	JE (meilleur si plus petit)	Fourier	8,536	8,436	8,398	8,391
		Généralisée	7,988	8,033	8,011	7,998
<i>Qualité d'image</i>	Entropie (meilleur si plus petit)	Référence	5,116			
		Fourier	5,249	5,247	5,247	5,252
		Généralisée	4,913	5,138	5,192	5,187
	Entropie du gradient (meilleur si plus grand)	Référence	2,310			
		Fourier	2,142	2,061	1,989	2,009
		Généralisée	2,529	2,373	2,348	2,369

SUJETS SAINS

Les champs de déplacements prédits par le modèle, pour les deux sujets sains, sont représentés à la Figure 4-8 et à la Figure 4-9, et correspondent respectivement aux reconstructions présentées à la Figure 4-10 et à la Figure 4-11. Les champs sont représentés au cours d'un cycle respiratoire typique tiré de l'acquisition haute résolution. Le déplacement maximal (c'est-à-dire l'amplitude entre l'inspiration et l'expiration), tel que prédit par le modèle, était de 21,3 mm dans la direction supérieur-inférieur (SI) et de 6,3 mm dans la direction antérieur-postérieur (AP) pour le premier sujet (coupe dans le foie et le poumon), et de 12,6 mm en SI et 6,9 mm en AP pour le deuxième sujet (coupe dans le cœur). Sur ces deux exemples, il est clair qu'un modèle affine global serait insuffisant.

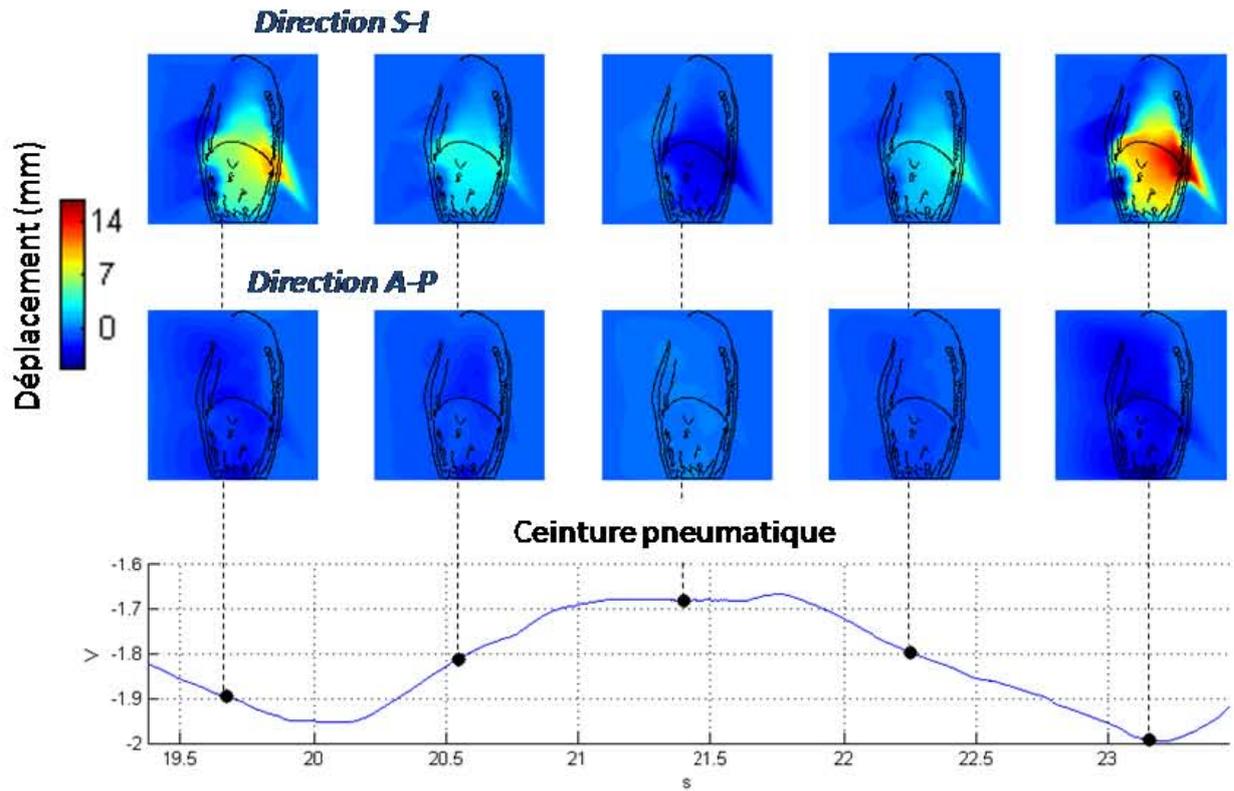


Figure 4-8 Champs de déplacement prédits par le modèle au cours d'un cycle respiratoire typique

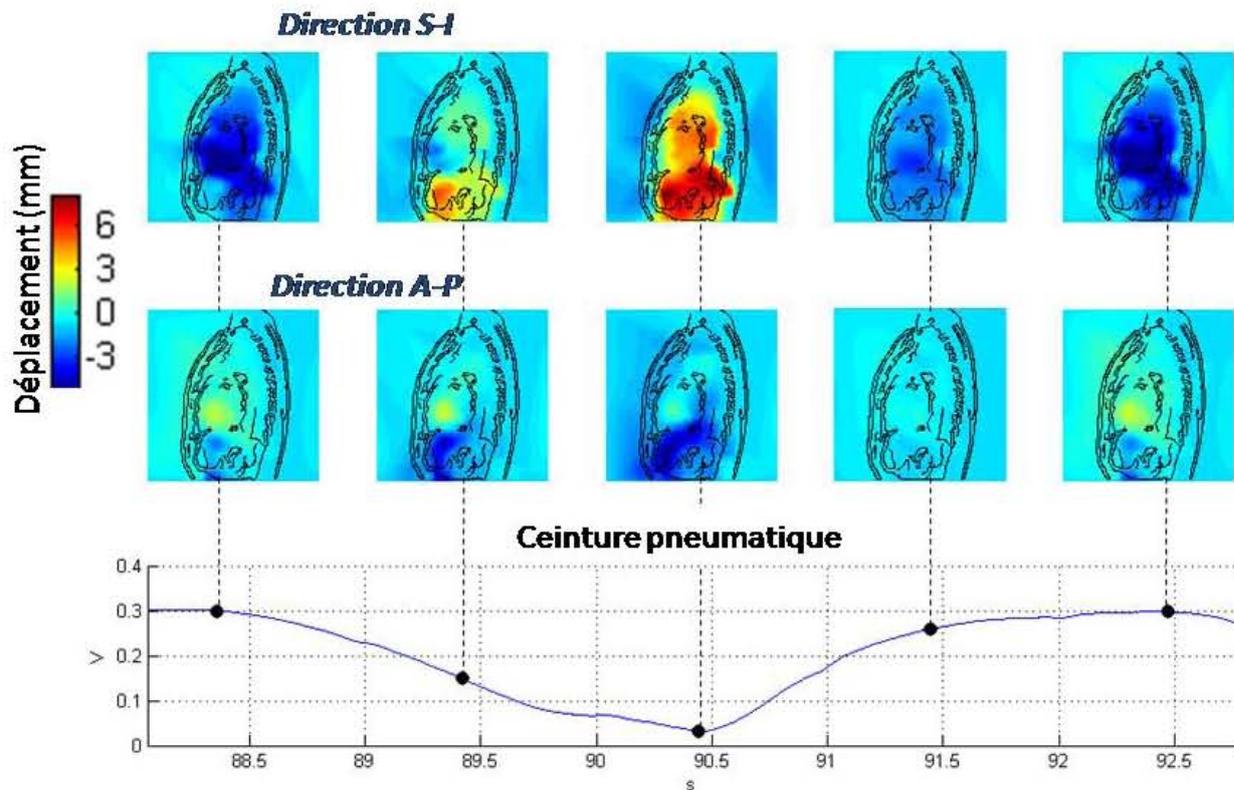


Figure 4-9 Champs de déplacement prédits par le modèle au cours d'un cycle respiratoire typique

Les images reconstruites, pour chacun des deux sujets, sont représentées à la Figure 4-10 et à la Figure 4-11. La comparaison visuelle avec la reconstruction standard et avec l'apnée montre clairement une réduction des artéfacts de type flou ou fantôme. On constate, sur les images de différences, que la reconstruction s'améliore à mesure que le NEX augmente.

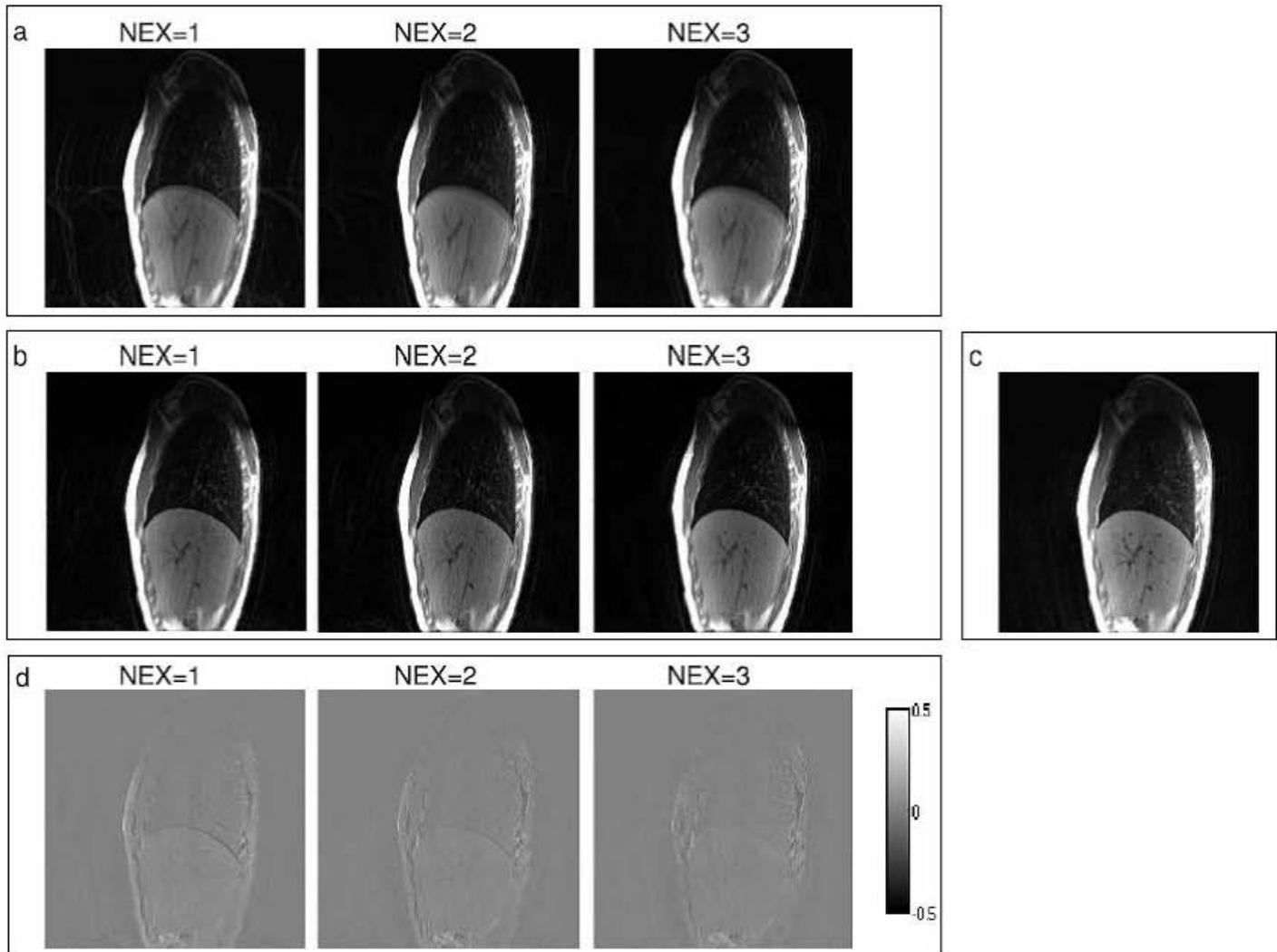


Figure 4-10 Reconstruction d'une coupe sagittale (foie et poumon) : standard (Fourier) (a), généralisée (b), référence statique (c), et les images de différence entre la reconstruction généralisée et la référence (d)

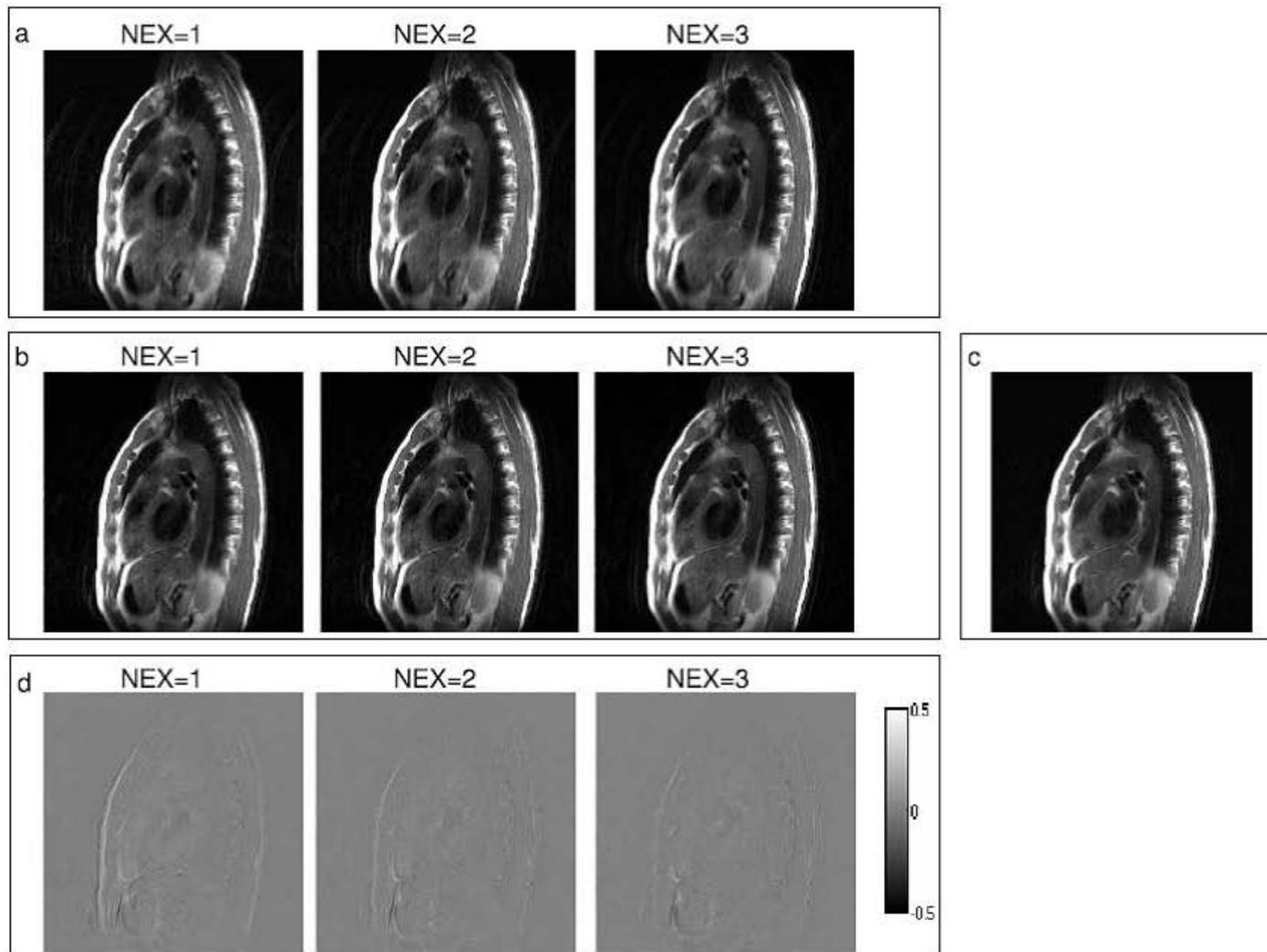


Figure 4-11 Reconstruction d'une coupe sagittale (cœur) : standard (Fourier) (a), généralisée (b), référence statique (c), et les images de différence entre la reconstruction généralisée et la référence (d)

Les résultats quantitatifs, pour les deux sujets, sont regroupés dans le Tableau 4-3. L'amélioration entre NEX=1 et NEX=3 est mise en évidence par les différents critères de similarité (MAE, CC, JE, NMI). Notons que la similarité entre les images avec et sans correction de mouvements, et l'apnée, est difficile à évaluer, car les images n'ont pas toutes les mêmes caractéristiques en terme de SNR. De plus, l'apnée n'étant en général pas parfaite, des mouvements résiduels peuvent également subsister, et de ce fait, l'image de référence n'est pas totalement dépourvue d'artéfacts. Cependant, le coefficient de corrélation (CC) et les critères basés sur l'entropie (JE et NMI) montrent que la reconstruction généralisée est meilleure que la reconstruction standard pour NEX=2 et NEX=3. L'entropie également montre une amélioration de la qualité d'image.

Tableau 4-3 Comparaison entre les reconstructions généralisée et standard, dans les expériences sur sujets sains

Critère	Reconstruction	Sujet 1 (foie et poumon)			Sujet 2 (cœur)		
		NEX			NEX		
		1	2	3	1	2	3
MAE (meilleur si plus petit)	Fourier	0,027	0,028	0,029	0,017	0,015	0,014
	Généralisée	0,043	0,034	0,031	0,020	0,015	0,013
Similarité avec la référence statique CC (meilleur si plus grand)	Fourier	0,986	0,982	0,979	0,983	0,987	0,987
	Généralisée	0,980	0,984	0,985	0,981	0,989	0,990
NMI (meilleur si plus grand)	Fourier	1,248	1,244	1,239	1,217	1,231	1,237
	Généralisée	1,241	1,257	1,260	1,220	1,247	1,251
JE (meilleur si plus petit)	Fourier	7,482	7,506	7,546	7,188	7,112	7,080
	Généralisée	7,461	7,406	7,402	7,139	6,994	6,982
Entropie (meilleur si plus petit)	Référence		4,668			4,337	
	Fourier	4,670	4,672	4,678	4,427	4,418	4,419
	Généralisée	4,591	4,638	4,656	4,372	4,385	4,398
Entropie du gradient (meilleur si plus grand)	Référence		2,117			1,969	
	Fourier	1,995	1,953	1,951	1,880	1,861	1,856
	Généralisée	1,968	2,007	2,026	1,877	1,859	1,828

4.2.3.3 DISCUSSIONS ET CONCLUSIONS SUR LA RECONSTRUCTION GENERALISEE

Nous avons donc proposé une formulation généralisée du problème de reconstruction en présence d'un mouvement physiologique élastique. Sur la base des travaux dans [Batchelor *et al.* , 2005, Bammer *et al.* , 2007, Pruessmann *et al.* , 2001], nous avons étendu le cadre de reconstruction en présence de mouvements à l'acquisition multi-antennes. Nous avons proposé une formulation continue et discuté les points importants de la résolution numérique. En particulier, nous avons montré qu'il était possible d'introduire une surdétermination, en répétant l'acquisition haute résolution plusieurs fois. Les résultats expérimentaux, sur la plateforme mobile et sur les sujets sains, montrent que les résultats s'améliorent clairement avec le NEX, et que les artéfacts peuvent être réduits efficacement.

Contrairement aux méthodes précédentes, la technique de reconstruction proposée n'est restreinte ni en théorie, ni en pratique, à des mouvements rigides ou affines, ce qui la rend applicable à des régions sujettes à des mouvements complexes, comme c'est le cas en imagerie cardiaque ou abdominale. Cela nous est rendu possible par un modèle autorisant de tels déplacements. Une étape de calibration est nécessaire au préalable pour déterminer les coefficients du modèle. La précision du modèle, ici, était suffisante pour mettre en avant une amélioration significative de la qualité de l'image reconstruite.

Ce travail a été réalisé en 2D, avec un mouvement approximativement dans le plan de coupe, dans le but de limiter de temps de calcul nécessaire à la reconstruction (moins de 5 minutes pour une image de taille 256x256, avec un réseau de 8 antennes, sous Matlab®), mais la théorie s'applique en 3D également. La principale difficulté qui se présente si l'on souhaite une implémentation 3D réside dans la phase de calibration. En effet, la conception d'une séquence rapide, basse résolution, est possible, mais la précision de la reconstruction généralisée risque d'être limitée par la résolution spatiale de la phase de calibration, dans le cas où une trop grande différence entre les deux existe. Nous proposerons de contourner ce problème grâce à la méthode autocalibrée qui sera présentée dans la partie suivante.

La théorie inclut l'imagerie parallèle : lorsque les champs de déplacements sont nuls, l'algorithme équivaut à SENSE généralisé, présenté dans la partie 1.2.3 (cette étude était restreinte au cas cartésien, mais un échantillonnage non-cartésien peut être traité de la même manière). Il est donc possible d'accélérer l'acquisition en sous-échantillonnant l'espace k . En gardant à l'esprit que les reconstructions, en imagerie parallèle, sont pénalisées par une perte de SNR, cette propriété peut être utilisée pour compenser, en partie, le temps perdu avec la répétition des acquisitions. Cela dit, nous sommes intéressés essentiellement par l'amélioration du SNR, car si l'on parvient à maîtriser le mouvement, le temps d'acquisition n'est plus une limitation aussi contraignante.

La méthode comporte plusieurs limitations qui doivent être mentionnées. L'hypothèse a été faite que le mouvement est inter-acquisition et non intra-acquisition, et donc que les artéfacts sont dus à des erreurs d'encodage spatial. Les séquences avec des TR longs doivent être traitées avec attention, car un mouvement entre une impulsion de préparation et l'encodage spatial peut induire des modifications du signal (perte de signal, déphasage, suppression incomplète du signal du sang ou de la graisse par exemple). Dans la séquence que nous avons utilisée ici, l'inversion sang noir avait lieu $T_I=650$ ms avant l'encodage spatial et l'acquisition IRM effective. Cependant, nous n'avons pas observé de modification de signal car le mouvement hors plan de coupe était négligeable, en raison de l'orientation sagittale et de l'épaisseur de coupe relativement grande (10 mm). Plus généralement, c'est l'hypothèse de conservation du signal dans le plan de coupe ou le volume excité qui est faite. Si cette hypothèse est invalidée, comme par exemple dans le cas d'un mouvement hors plan de coupe, ou d'un changement d'intensité dû à l'arrivée d'un produit de contraste, la méthode ne sera plus applicable en l'état. Toutefois, en introduisant une connaissance *a priori*, on pourrait envisager de modéliser ces variations d'intensité par un opérateur linéaire supplémentaire dans la chaîne d'encodage de l'image.

Les expériences menées ici n'ont nécessité aucune modification de séquence, contrairement aux méthodes basées sur les navigateurs. Ceci constitue un avantage important car, potentiellement,

toutes les séquences IRM pourraient profiter de la technique. Notre approche, basée sur l'utilisation du système SAEC, dédié à l'acquisition des signaux physiologiques, permet de construire un modèle du mouvement indépendamment de la séquence IRM utilisée. Toutefois, lorsque les écho-navigateurs sont disponibles, ceux-ci peuvent être ajoutés comme entrées additionnelles pour améliorer la précision du modèle.

4.3 RECONSTRUCTION GENERALISEE A L'AIDE D'UN MODELE DU MOUVEMENT AUTOCALIBRE

La méthode que nous venons de décrire repose sur la manière dont le modèle est capable de prédire le mouvement. Il est donc naturel de se demander quelle est la précision du modèle nécessaire à une correction optimale. Dans ce qui suit, nous tentons de répondre à cette question en étudiant l'influence d'une erreur de prédiction sur la reconstruction. Nous allons voir que l'analyse de la propagation des erreurs dans l'algorithme nous permet de construire un modèle du mouvement optimisé.

4.3.1 PROPAGATION DES ERREURS DE PREDICTION ET STABILITE DE LA RECONSTRUCTION GENERALISEE

Nous proposons d'étudier l'influence d'une erreur de prédiction du mouvement. Dans un premier temps, nous supposons cette erreur petite.

Pour cela, nous repartons de l'équation généralisée du signal en (4.6), dans sa forme discrète, incluant l'encodage en sensibilités et le mouvement :

$$s = E\rho_0 = \begin{bmatrix} \xi_{t_1} F\sigma_1 T_{t_1} \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F\sigma_1 T_{t_N} \\ \vdots \\ \xi_{t_1} F\sigma_{N_Y} T_{t_1} \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F\sigma_{N_Y} T_{t_N} \end{bmatrix} \rho_0. \quad (4.11)$$

Nous modifions légèrement cette écriture de façon à faire apparaître les images aux instants $(t_n)_{n \in \{1 \dots N\}}$, notées ρ_{t_n} , plutôt que l'image initiale :

$$s = \begin{bmatrix} \xi_{t_1} F\sigma_1 (T_{t_1} \rho_0) \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F\sigma_1 (T_{t_N} \rho_0) \\ \vdots \\ \xi_{t_1} F\sigma_{N_Y} (T_{t_1} \rho_0) \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F\sigma_{N_Y} (T_{t_N} \rho_0) \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} \xi_{t_1} F\sigma_1 \rho_{t_1} \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F\sigma_1 \rho_{t_N} \\ \vdots \\ \xi_{t_1} F\sigma_{N_Y} \rho_{t_1} \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F\sigma_{N_Y} \rho_{t_N} \end{bmatrix}. \quad (4.12)$$

Supposons que le modèle prédictif du mouvement ne donne qu'une estimation $\hat{\rho}_{t_n}$ des images réelles ρ_{t_n} . Nous pouvons alors séparer la partie estimée de la partie résiduelle :

$$s = \begin{bmatrix} \xi_{t_1} F \sigma_1 \hat{\rho}_{t_1} \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F \sigma_1 \hat{\rho}_{t_N} \\ \vdots \\ \xi_{t_1} F \sigma_{N_y} \hat{\rho}_{t_1} \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F \sigma_{N_y} \hat{\rho}_{t_N} \end{bmatrix} + \begin{bmatrix} \xi_{t_1} F \sigma_1 (\rho_{t_1} - \hat{\rho}_{t_1}) \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F \sigma_1 (\rho_{t_N} - \hat{\rho}_{t_N}) \\ \vdots \\ \xi_{t_1} F \sigma_{N_y} (\rho_{t_1} - \hat{\rho}_{t_1}) \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F \sigma_{N_y} (\rho_{t_N} - \hat{\rho}_{t_N}) \end{bmatrix}, \quad (4.13)$$

que l'on peut réécrire sous la forme simplifiée suivante :

$$s = \hat{E} \rho_0 + \varepsilon. \quad (4.14)$$

L'opérateur \hat{E} représente l'opérateur d'encodage généralisé estimé à partir du modèle. Le terme ε représente le résidu introduit par l'erreur de prédiction.

Il est possible de développer davantage le résidu ε , en introduisant quelques hypothèses supplémentaires. Nous avons déjà évoqué l'hypothèse de conservation du signal IRM, qui se traduit, avec nos notations, par la conservation de l'intensité de l'image ρ_0 . Nous proposons de traduire cette loi de conservation, localement, à l'aide de l'équation du flux optique (à ce sujet, voir également la partie 3.2.2.4). Pour un temps d'acquisition donné t_n , une petite différence entre les images estimées et réelles peut alors s'écrire en fonction de l'erreur de prédiction $\delta u_{t_n} = [\delta u_{x, t_n}, \delta u_{y, t_n}, \delta u_{z, t_n}]^T$ sur les champs de déplacements, selon la relation :

$$\rho_{t_n} - \hat{\rho}_{t_n} = (-\nabla \hat{\rho}_{t_n})^T \cdot \delta u_{t_n} + \mathcal{O}(\|\delta u_{t_n}\|^2) \quad (4.15)$$

(équation du flux optique)

Ainsi, le résidu peut être réécrit en fonction de l'erreur faite sur les champs de déplacements :

$$\varepsilon \simeq \begin{bmatrix} \xi_{t_1} F \sigma_1 (-\nabla \hat{\rho}_{t_1})^T \cdot \delta u_{t_1} \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F \sigma_1 (-\nabla \hat{\rho}_{t_N})^T \cdot \delta u_{t_N} \\ \vdots \\ \xi_{t_1} F \sigma_{N_y} (-\nabla \hat{\rho}_{t_1})^T \cdot \delta u_{t_1} \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F \sigma_{N_y} (-\nabla \hat{\rho}_{t_N})^T \cdot \delta u_{t_N} \end{bmatrix}. \quad (4.16)$$

L'équation (4.16) est intéressante à plus d'un titre. En premier lieu, elle fait apparaître clairement la manière dont les erreurs de prédiction se propagent. En particulier, une petite erreur aura des conséquences plus importantes si elle est localisée en un endroit de l'image présentant un gradient

de signal, c'est-à-dire sur les zones à fortes variations d'intensité. Au contraire, une erreur de prédiction dans une zone homogène de l'image aura peu de conséquences. De plus, la multiplication scalaire α a pour résultat une image pondérée en gradients, qui contiendra donc plutôt des hautes fréquences. En conséquence, l'acquisition des lignes à la périphérie de l'espace k sera particulièrement sensible aux erreurs de prédiction.

Par ailleurs, l'équation (4.16) nous renseigne sur la stabilité du problème de reconstruction généralisée tel que nous l'avons posé. En effet, plus le modèle sera précis, plus le résidu sera faible, et plus l'image reconstruite sera proche de la solution exacte. Cette propriété peut s'exprimer mathématiquement par le fait que, si l'on construit une suite

telle que $\|r_n\| \rightarrow 0$, alors le résidu correspondant vérifiera $\|e_n\| \rightarrow 0$. Cette propriété de stabilité est importante car elle n'apparaît pas dans la formulation continue décrite précédemment. En effet, l'équation intégrale de Fredholm en (4.5), nous donnait une formulation trop générale du problème pour pouvoir garantir la stabilité. Pour une petite erreur de prédiction, le problème de reconstruction généralisée est donc bien posé, puisque qu'il y a existence et unicité de la solution (la solution régularisée par la méthode de Tikhonov est la solution à norme minimale dans l'espace des solutions admissibles), et que la stabilité vient d'être montrée.

Enfin, la relation entre l'erreur de prédiction $\|e\|$ et le résidu de reconstruction $\|r\|$ prend une forme particulièrement intéressante d'un point de vue algorithmique, puisqu'il s'agit d'une relation linéaire. Il est donc possible, et même pratique, d'optimiser le résidu de reconstruction en fonction de l'erreur de prédiction. Dans ce qui suit, nous déduisons de ces constatations un nouvel algorithme de reconstruction, utilisant toujours le modèle de mouvements mais, cette fois, autocalibré.

4.3.2 METHODE DU RESIDU

4.3.2.1 FORMULATION DU PROBLEME

Dans la partie 4.2.2, nous avons vu que, en présence de mouvements physiologiques élastiques, il est possible de réduire les artéfacts à l'aide d'une technique de reconstruction généralisée. Cela a nécessité, au préalable, la construction d'un modèle afin de prédire les champs de déplacements dans le champ de vue. Désormais, nous souhaitons fusionner ces deux étapes. L'objectif est de résoudre deux problèmes d'optimisation de façon couplée :

- La reconstruction généralisée connaissant le mouvement,
- La construction d'un modèle optimal permettant de connaître ce mouvement, en minimisant le résidu de reconstruction.

Dans le cadre du modèle linéaire, nous recherchons toujours des déplacements prenant la forme de combinaisons linéaires des signaux d'entrée. Le résidu peut donc être réécrit en fonction des paramètres du modèle, et l'équation (4.16) devient :

$$(4.17)$$

L'opérateur établit une relation linéaire entre le résidu de reconstruction et les paramètres du modèle. Il dépend des , c'est-à-dire à la fois de la solution du problème de reconstruction , et d'une estimation initiale du mouvement, à l'aide d'un jeu de paramètres initial.

En résumé, l'image solution du problème de reconstruction dépend du modèle, or le modèle optimal dépend lui-même de l'image solution. Nous sommes donc confrontés à deux problèmes d'optimisation couplés. Les deux visent à minimiser le résidu de reconstruction . Le premier vise à le minimiser au sens de la reconstruction généralisée, et recherche une image solution . Le deuxième vise à le minimiser au sens de la détermination d'un modèle optimal, et recherche une solution permettant de corriger les coefficients du modèle. Ceci peut être résumé par le système suivant :

$$(4.18)$$

4.3.2.2 ALGORITHME DE RESOLUTION PROPOSE (« METHODE DU RESIDU »)

Nous proposons de résoudre le système (4.18) à l'aide d'une stratégie multirésolution, selon l'algorithme représenté à la Figure 4-12. En effet, l'équation (4.17) n'est valable que pour une petite erreur du modèle. Or il existe toujours un niveau de résolution pour lequel le mouvement peut être considéré comme petit. On commence donc par résoudre un problème réduit, à basse résolution, avec comme modèle initial (toutes les cartes de coefficients sont initialisées à zéro). Nous prendrons comme exemple un premier niveau de résolution de taille 32x32, dans le but de reconstruire une image 2D finale de taille 256x256.

Nous résolvons tout d'abord la première optimisation du système (4.18), à l'aide de la technique de reconstruction présentée dans la partie 4.2.2. L'optimisation est faite au niveau de résolution en cours, c'est-à-dire que nous utilisons uniquement les données centrales de l'espace k (un carré central de 32x32 dans notre exemple). Le signal de l'espace k restreint est noté $s_{|32}$, et l'opérateur d'encodage réduit $E(\alpha^{(0)})_{|32}$. On cherche une solution régularisée du problème de reconstruction généralisée (avec la régularisation de Tikhonov) :

$$\rho_0^{(0)} = \min_{\rho_0} \left\{ \left\| s_{|32} - E(\alpha^{(0)})_{|32} \rho_0 \right\|^2 + \lambda \|\rho_0\|^2 \right\}. \quad (4.19)$$

Le procédé de résolution a été décrit en détail dans la partie précédente. Cette reconstruction étant généralement imparfaite, il existe un résidu de reconstruction non-nul :

$$\varepsilon^{(0)} = s_{|32} - E(\alpha^{(0)})_{|32} \rho_0^{(0)}. \quad (4.20)$$

On suppose alors que ce résidu est dû principalement à l'erreur de détermination des coefficients du modèle. On cherche donc une variation des coefficients du modèle, $\delta\alpha^{(0)}$, minimisant ce résidu. Comme dans la méthode variationnelle vue dans la partie 3.3, nous introduisons une contrainte supplémentaire sur le gradient des cartes de coefficients :

$$\delta\alpha^{(0)} = \min_{\delta\alpha} \left\{ \left\| \varepsilon^{(0)} - R(\rho_0^{(0)}, \alpha^{(0)}) \delta\alpha \right\|^2 + \mu \left\| \nabla(\alpha^{(0)} + \delta\alpha) \right\|^2 \right\}. \quad (4.21)$$

Ici, l'ajout de la contrainte sur le gradient est indispensable, car nous voyons d'après (4.17) que ce sont principalement les erreurs de coefficients sur les gradients de l'images qui augmentent le résidu, et donc l'optimisation débouchera essentiellement sur des valeurs de $\delta\alpha$ non-nulles sur les gradients de l'image, et le problème sera mal conditionné dans les zones homogènes⁹. La contrainte de lissage permet de préserver des champs de déplacements différentiables.

Une fois $\delta\alpha^{(0)}$ déterminé, on peut mettre à jour le modèle :

$$\alpha^{(1)} = \alpha^{(0)} + \delta\alpha^{(0)}. \quad (4.22)$$

⁹ Il serait possible d'affiner la méthode en s'inspirant des techniques d'inpainting utilisées en traitement d'images, dans lesquelles les données indéterminées (les « trous » dans l'image) font l'objet de contraintes de régularisation spécifiques. Ici, nous nous sommes limités à une régularisation de Tikhonov globale, qui donne déjà des résultats satisfaisants.

On répète ensuite le procédé à partir de l'équation (4.19), avec le nouveau modèle. On peut choisir d'itérer pendant un nombre fixé de boucles, ou encore d'imposer une condition d'arrêt (par exemple $\|\delta\alpha^{(k)} - \delta\alpha^{(k-1)}\| < \xi$).

Ensuite, on peut passer au niveau de résolution supérieur. Les cartes de coefficients sont alors interpolées, et l'on recommence le procédé, jusqu'à atteindre la solution du niveau de résolution final. Nous avons choisi un incrément de 2 entre chaque niveau de résolution, ce qui donne en 2D les niveaux de résolution suivants : 32x32, 64x64, 128x128, 256x256. Arrivé au dernier niveau de résolution, on peut éventuellement se contenter du modèle trouvé à l'avant-dernier niveau, ce qui permet d'économiser la dernière étape d'optimisation du modèle (qui est aussi la plus coûteuse en temps de calcul). Au final, le choix du nombre d'itérations et des niveaux de résolution sera, inévitablement, le résultat d'un compromis entre la précision de la solution et le temps de calcul.

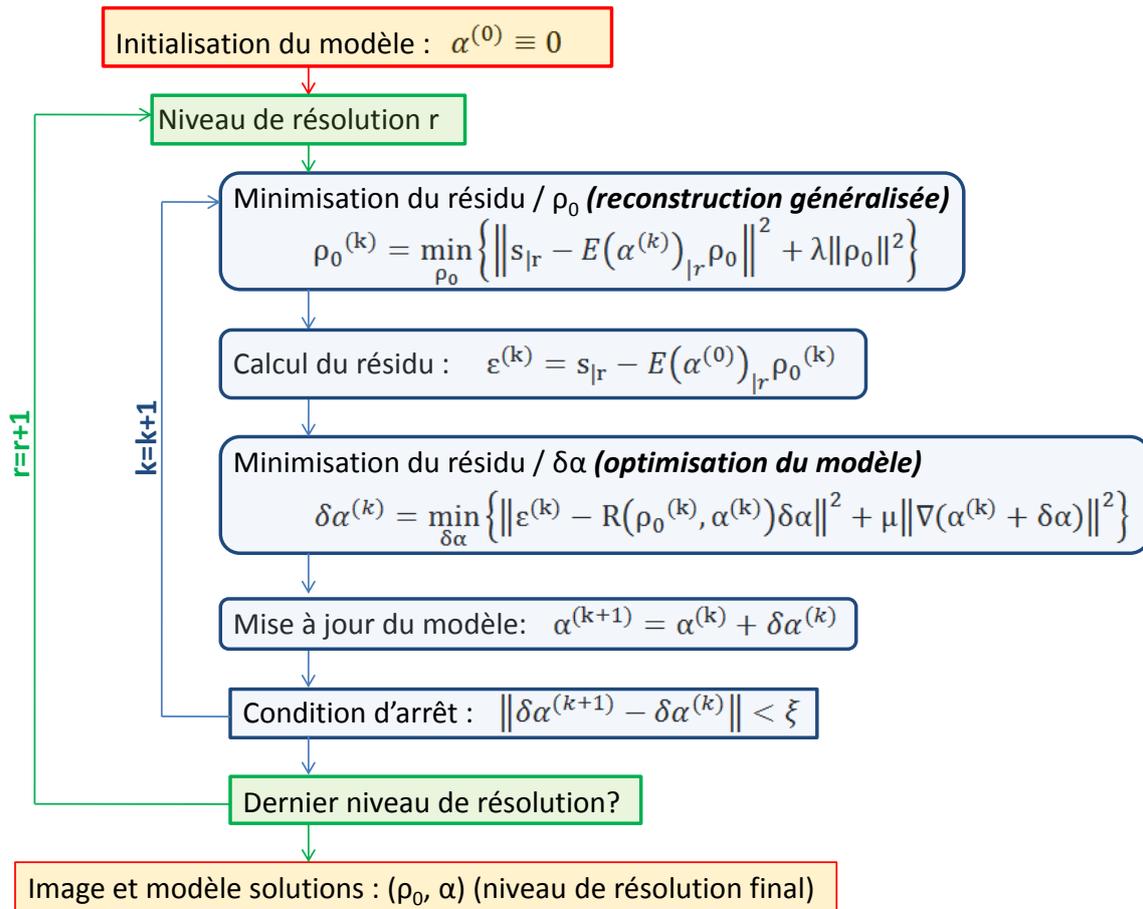


Figure 4-12 Algorithme de reconstruction généralisée à l'aide d'un modèle de mouvements auto-calibré (« méthode du résidu »)

4.3.2.3 LES DIFFERENTES ETAPES DE LA METHODE DU RESIDU

$$\epsilon^{(k)} = s|_r - E(\alpha^{(k)})|_r \rho_0^{(k)}$$

ETAPE DE RECONSTRUCTION GENERALISEE

L'algorithme de reconstruction généralisée, pour un modèle de mouvement fixé, a été décrit dans la partie 4.2.2. La seule différence à signaler vient du fait que, dans le cadre de l'approche multirésolution, nous nous restreignons aux données les plus centrales de l'espace k pour les premiers niveaux de résolution. L'image reconstruite à chaque itération est de même dimension que chaque espace k contenu dans le vecteur de données brutes multi-antennes .

L'opérateur d'encodage comprend également les cartes de sensibilités des antennes. Dans les reconstructions présentées ici, nous avons construit les cartes de sensibilité à partir du jeu de données brutes à corriger. Nous avons donc pris les données centrales, qui correspondent également à un niveau de résolution de petite dimension. Ainsi l'algorithme est également auto-calibré en ce qui concerne l'acquisition multi-antennes. Il serait donc possible de sous-échantillonner les données à la périphérie de l'espace k, puisque l'algorithme inclut SENSE généralisé. Mais ici, notre but principal

n'est pas de diminuer le temps d'acquisition, mais plutôt d'améliorer le SNR au cours d'acquisitions haute résolution. Nous nous sommes donc restreints à des acquisitions échantillonnées complètement.

Puisque les cartes de sensibilités sont déterminées à partir du jeu de données corrompues, précisons que nous faisons l'hypothèse que, au niveau de résolution des cartes de sensibilités, le mouvement est négligeable. C'est également cette hypothèse que nous faisons pour initialiser l'algorithme de reconstruction. Dans le cas où le mouvement aurait un rôle non négligeable, une stratégie possible serait de réévaluer des cartes de sensibilités après chaque itération, puisque plus on itère, plus le modèle est précis, et plus on réduit l'effet du mouvement.

Du point de vue de la mise en œuvre pratique, nous avons utilisé le même paramètre de régularisation de Tikhonov que dans la partie précédente, à savoir $\lambda = 0,1$. L'algorithme de résolution itérative est toujours le GMRES et, à chaque itération, nous utilisons l'image solution trouvée à l'itération précédente comme initialisation.

ETAPE D'OPTIMISATION DU MODELE

L'optimisation des paramètres du modèle se fait de manière très similaire à la méthode variationnelle que nous avons décrite dans la partie 3.3. Pour simplifier la lecture, nous réécrivons le problème (4.21) avec des notations allégées :

$$\delta\alpha^{(k)} = \min_{\delta\alpha} \{ \|\varepsilon - R\delta\alpha\|^2 + \mu \|\nabla(\alpha + \delta\alpha)\|^2 \}. \quad (4.23)$$

Le problème se résout en écrivant l'équation d'Euler-Lagrange, qui donne la condition nécessaire suivante :

$$R^H(R\delta\alpha - \varepsilon) - \mu\nabla^2(\alpha + \delta\alpha) = 0. \quad (4.24)$$

Il vient alors que la solution $\delta\alpha$ vérifie :

$$(R^H R - \mu\nabla^2)\delta\alpha = R^H \varepsilon + \mu\nabla^2\alpha. \quad (4.25)$$

On obtient à nouveau un système de la forme $A\delta\alpha = b$, que nous résolvons, comme pour la reconstruction généralisée, à l'aide de l'algorithme GMRES. Le paramètre μ a été fixé empiriquement à $0,1 \cdot \|b\|$ pour les reconstructions 2D et à $0,01 \cdot \|b\|$ pour les reconstructions 3D.

Contrairement à la reconstruction généralisée, ici nous stoppons les itérations avant convergence de l'algorithme, afin d'économiser un peu de temps de calcul (cette partie étant la plus coûteuse). Nous nous permettons cela car, puisque nous sommes dans un système d'optimisation couplée, nous avons plutôt intérêt à réévaluer le résidu de reconstruction assez fréquemment. Il est inutile de

chercher la solution $\delta\alpha$ exacte à l'itération en cours, car celle-ci dépend de l'image cherchée, dont on aura une estimation bien meilleure à la prochaine itération. Et puisqu'on arrête d'itérer lorsque $\delta\alpha$ est suffisamment petit, la solution exacte n'a plus aucune importance.

Un autre point important de la résolution pratique doit être mentionné : le système (4.25) fait intervenir des opérateurs complexes, or nous cherchons des coefficients réels purs pour le modèle. Dans notre implémentation, nous avons simplement tronqué la partie imaginaire de la solution à chaque itération. Une autre possibilité serait d'introduire une contrainte supplémentaire au problème. Des problèmes similaires sont rencontrés pour la reconstruction de données partielles dans la direction de fréquence (partial Fourier) [Margosian *et al.* , 1986, Noll *et al.* , 1991], et en imagerie parallèle [Willig-Onwuachi *et al.* , 2005].

Explicitons davantage les notations dans le cas d'une acquisition 3D. Nous considérons l'acquisition d'un volume de dimension $N_x \times N_y \times N_z$ (dimensions respectives dans la direction de fréquence, de phase, et de coupe). Le vecteur $\delta\alpha$ a la dimension des cartes de coefficients 3D, il est donc de taille $(3KN_xN_yN_z) \times 1$ (il y a une carte de coefficients par capteur et par dimension de l'espace). En reprenant la formule (4.17), l'opérateur R s'exprime de la façon suivante :

$$R = \begin{bmatrix} \xi_{t_1} F \sigma_1 \psi_{t_1} \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F \sigma_1 \psi_{t_N} \\ \vdots \\ \xi_{t_1} F \sigma_{N_y} \psi_{t_1} \\ \vdots \\ \xi_{t_N} F \sigma_{N_y} \psi_{t_N} \end{bmatrix}, \quad (4.26)$$

où l'on a noté :

$$\psi_{t_n} = \left[\psi_{t_n}^{(x)} \mid \psi_{t_n}^{(y)} \mid \psi_{t_n}^{(z)} \right], \quad (4.27)$$

avec pour chaque direction $w \in \{x, y, z\}$:

$$\psi_{t_n}^{(w)} = - \begin{bmatrix} S_1(t_n) \frac{\partial \hat{\rho}_{t_n}}{\partial w} [1] & & 0 & \dots & S_K(t_n) \frac{\partial \hat{\rho}_{t_n}}{\partial w} [1] & & 0 \\ & \ddots & & & & \ddots & \\ 0 & & S_1(t_n) \frac{\partial \hat{\rho}_{t_n}}{\partial w} [N_x N_y N_z] & \dots & 0 & & S_K(t_n) \frac{\partial \hat{\rho}_{t_n}}{\partial w} [N_x N_y N_z] \end{bmatrix}. \quad (4.28)$$

Les différents opérateurs ont les dimensions suivantes :

- ξ_{t_n} (opérateur d'échantillonnage) : (Nombre de points acquis à t_n) \times ($N_x N_y N_z$)
- F (opérateur de Fourier 3D) : ($N_x N_y N_z$) \times ($N_x N_y N_z$)

- (opérateur diagonal de sensibilité de l'antenne) :
- (opérateur creux liant une petite variation de l'image aux coefficients du modèle):

Et comme dans la partie 3.3, l'opérateur est le gradient spatial, que nous appliquons à l'aide des différences avant, c'est-à-dire que, pour chaque capteur , et pour chaque voxel indexé par :

(4.29)

CONVERGENCE DE LA METHODE DU RESIDU

Nous n'avons pas démontré rigoureusement la convergence de l'algorithme proposé. Il est donc prudent d'ajouter un test à chaque itération afin de vérifier si le résidu décroît. Il est possible de garder en mémoire le meilleur résidu obtenu au cours des itérations de chaque niveau de résolution. Ainsi, si le résidu stagne ou s'accroît, ce sont les coefficients correspondant au meilleur résidu qui serviront d'initialisation pour le niveau de résolution suivant. A l'aide de ce procédé simple, nous garantissons la robustesse de l'algorithme, puisque nous sommes assurés que le résidu ne peut être supérieur au résidu initial (avec le modèle). Autrement dit, l'image ne pourra pas être moins bonne que la reconstruction standard, au sens du résidu de reconstruction minimal.

4.3.3 VALIDATION DE LA METHODE DU RESIDU

4.3.3.1 METHODES

SEQUENCES D'IMAGERIE

Nous avons validé la méthode à l'aide d'expériences sur fantôme mobile et sur sujets sains, composées de différentes séquences IRM 2D et 3D. Nous avons utilisé différentes antennes de réception, comprenant au minimum 8 canaux de réception. Le détail de ces séquences est indiqué dans le Tableau 4-4.

Tableau 4-4 Séquences utilisées pour valider la reconstruction généralisée à l'aide du modèle autocalibré

	<i>Code sujet</i>	<i>N° séries</i>	<i>NEX</i>	<i>Orientation</i>	<i>Organe</i>	<i>Séquence</i>	<i>Espace k</i>	<i>Antennes de réception</i>
<i>Fantôme mobile</i>	R686	7-8-9-10	4	sagittale	-	black blood FSE	256x256	HD Body Lower, 8 canaux
	R765	14-15-16-17-18	5	double-oblique	-	3D FIESTA	128x128x32	HD Body Lower, 8 canaux
		6-7-8-9	4	sagittale	-	3D FIESTA	256x256x32	
	R637	15-16-17	3	sagittale	cœur	black blood FSE	256x256	Body Full FOV, 8 canaux
	R676	13-14	2	sagittale	cœur	black blood FSE	256x256	Cardiac, 8 canaux
15-16		2	sagittale	cœur	black blood FSE	512x512		
22-23		2	sagittale	foie	black blood FSE	256x256		
24-25		2	sagittale	foie	black blood FSE	512x512		
<i>Sujets sains</i>	R690	13-14-15	3	sagittale	foie	black blood FSE	256x256	Cardiac, 8 canaux
		6-7-8	3	sagittale	cœur	black blood FSE	256x256	
	R714	14-15-16	3	petit axe	cœur	black blood FSE	256x256	Cardiac, 8 canaux
		8-9-10	3	sagittale	cœur	black blood FSE	256x256	
	R719	6-7-8	3	sagittale	cœur	black blood FSE	512x512	Cardiac, 8 canaux
12-13-14		3	petit axe	cœur	black blood FSE	512x512		
R722	10-11-12	3	sagittale	foie/rein	3D FIESTA	256x256x32	Cardiac, 8 canaux	
R754	8-9-10	3	sagittale	foie/rein	GRASS	256x256	HD Body Full, 12 canaux	
R764	15-16-17	3	sagittale	foie/rein	3D FIESTA	256x256x32	HD Body Upper, 8 canaux	

Les expériences sur fantôme mobile ont été réalisées au moyen de la plateforme déjà décrite dans la partie 4.2.3.1. Le mouvement est composé de translations par morceaux, approximativement périodiques. Pour les acquisitions 3D, nous avons choisi un champ de vue suffisamment large pour contenir l'ensemble de la partie mobile. Ceci permet de respecter l'hypothèse de conservation du signal, et l'on peut supposer le mouvement nul sur toute la frontière du champ de vue.

Au cours des expériences sur sujets sains, nous avons choisi des images ou des volumes de la région thoracique et abdominale (cœur, foie, rein), acquis en respiration libre, c'est-à-dire sans donner de consigne au sujet. Les séquences sont répétées afin de disposer de plusieurs NEX, et d'améliorer ainsi le conditionnement du problème. Pour les séquences 2D, nous avons positionné les plans de coupe dans des orientations sagittales majoritairement, avec des épaisseurs de coupes relativement grandes (10 mm), afin de minimiser les sorties de coupe. Nous avons également testé des plans de coupe du cœur en petit axe. Les acquisitions ciblant le cœur ont été synchronisées à l'ECG de façon prospective (acquisition en diastole).

4.3.3.2 SIGNAUX D'ENTREES DU MODELE

Nous nous sommes limités à un nombre restreint de signaux d'entrée afin de minimiser le temps de reconstruction. Pour les acquisitions 2D de taille 256x256 et 512x512, nous avons utilisé 2 à 4 signaux d'entrée (ceintures thoracique et abdominale, en fonction de leur disponibilité, plus leurs dérivées).

Pour les reconstructions 3D, nous avons utilisé un seul signal d'entrée (une des deux ceintures, choisie en fonction de la région imagée).

4.3.3.3 VALIDATION DE LA RECONSTRUCTION

Pour évaluer la qualité de l'image reconstruite, nous mesurons, pour les reconstruction 2D, l'entropie de l'image reconstruite (qui quantifie la dispersion du signal), ainsi que l'entropie du gradient (qui quantifie la singularité de l'image).

4.3.3.4 PUISSANCE DE CALCUL NECESSAIRE

Les reconstructions 3D ont été exécutées sur une station de travail récente (Processeur AMD Opteron™ 265, Dual Core 1,8 GHz, 8 Go de RAM). A titre indicatif, voici quelques exemples de temps de reconstruction pour les images présentées ici, obtenus avec notre programme Matlab® non parallélisé:

- Reconstruction 2D, de taille 256x256, avec 1 signal d'entrée (fantôme) : 3 min
- Reconstruction 2D, de taille 256x256, avec 4 signaux d'entrée : 10 min
- Reconstruction 3D, de taille 128x128x32, avec 1 signal d'entrée : 40 min
- Reconstruction 3D, de taille 256x256x32, avec 1 signal d'entrée : 3h 30 min

Le temps dépend essentiellement du nombre d'itérations accomplies dans les derniers niveaux de résolution, il est donc très variable, et pourrait être optimisé (voir courbes d'évolution du résidu dans la partie suivante).

4.3.3.5 RESULTATS

FANTOME MOBILE

Les images reconstruites du fantôme mobile sont représentées à la Figure 4-13 (séquence 2D) et à la Figure 4-14 (séquence 3D). Dans les deux cas, nous avons zoomé sur le fantôme de résolution afin mieux visualiser les détails. L'acquisition dynamique comprenant 4 NEX, la reconstruction standard présente un effet de moyennage, qui fait que les artéfacts fantômes se regroupent en un flou au voisinage des objets en mouvement [Wang *et al.*, 1995].

Dans le cas 2D, La reconstruction généralisée donne de très bons résultats, sachant que le mouvement réel de la plateforme n'est pas parfaitement reproductible, qu'il comprend une légère rotation lors des plateaux en position haute, et donc que le mouvement n'est qu'approximativement dans le plan. De plus, comme nous l'avons expliqué dans la partie 4.2.2.3, nous avons quantifié le signal de la ceinture respiratoire sur 8 valeurs afin d'accélérer la reconstruction. Sur les images

zoomées, on voit que seuls les détails les plus fins, sur la partie droite, sont lissés par rapport à l'acquisition statique. Un artéfact résiduel est également visible au centre.

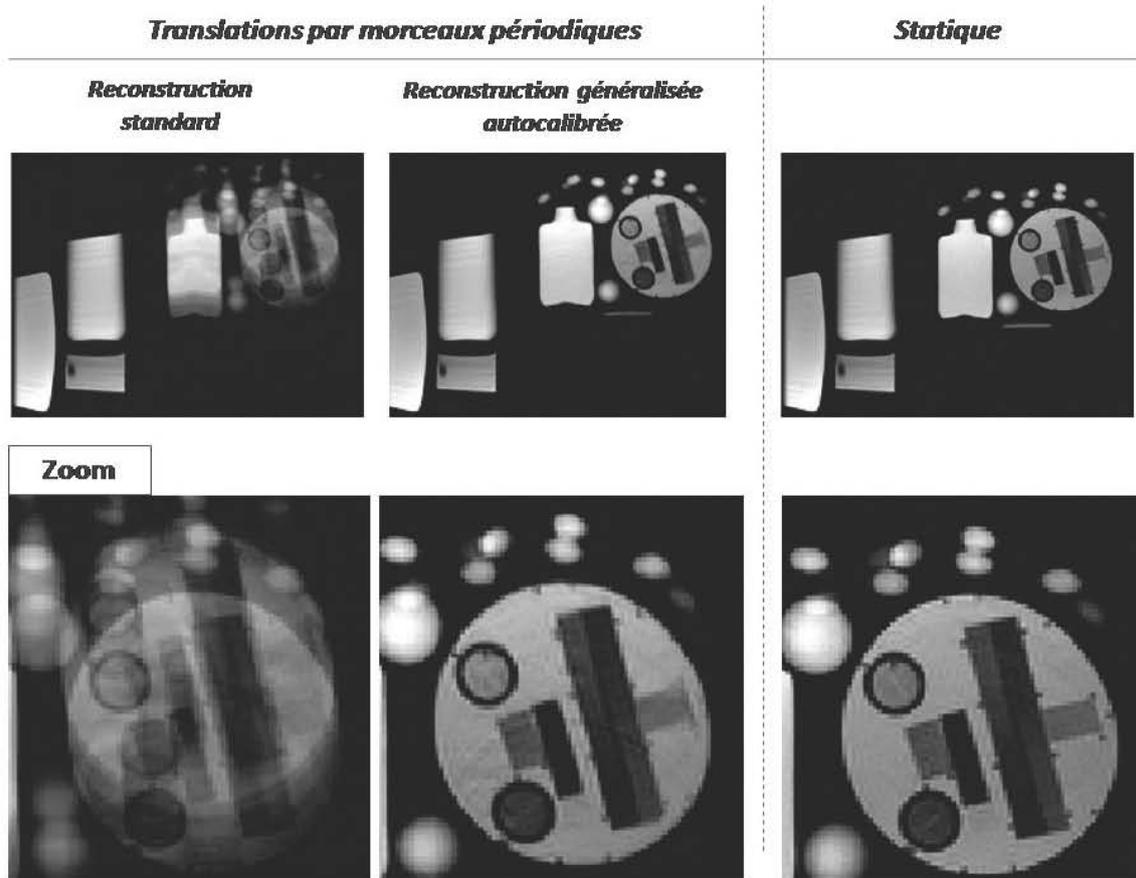


Figure 4-13 Reconstructions 2D du fantôme mobile (R686 S7-8-9-10)

La reconstruction 3D montre une réduction très nette des artéfacts, cependant la reconstruction n'est pas aussi efficace que dans le cas 2D. Des artéfacts résiduels sont toujours visibles au niveau des billes et la perte de SNR est visiblement plus importante qu'en 2D. Il faut noter que la séquence 2D était une séquence RARE (FSE) avec un schéma d'acquisition composé de peignes de lignes intercalés, alors que la séquence 3D était une SSFP (3D FIESTA) avec une acquisition séquentielle des lignes de phases. Pour la 3D, tous les points d'un même plan ont été regroupés en un même paquet de données, dans le but de simplifier le calcul de l'opérateur d'encodage. La longueur des paquets était alors de l'ordre de 100 ms.

Plusieurs choix ou contraintes d'implémentation peuvent expliquer ces résultats. Il est possible que des paquets trop longs aient été définis. Il se peut également que l'échantillonnage séquentiel permette moins bien de tirer profit du modèle, et donc de la surdétermination temporelle, que l'échantillonnage par peignes intercalés. Bien que des travaux complémentaires soient nécessaires,

nous avons tout de même souhaité présenter ces résultats 3D, qui permettent déjà de vérifier que la théorie s'applique en 3D.

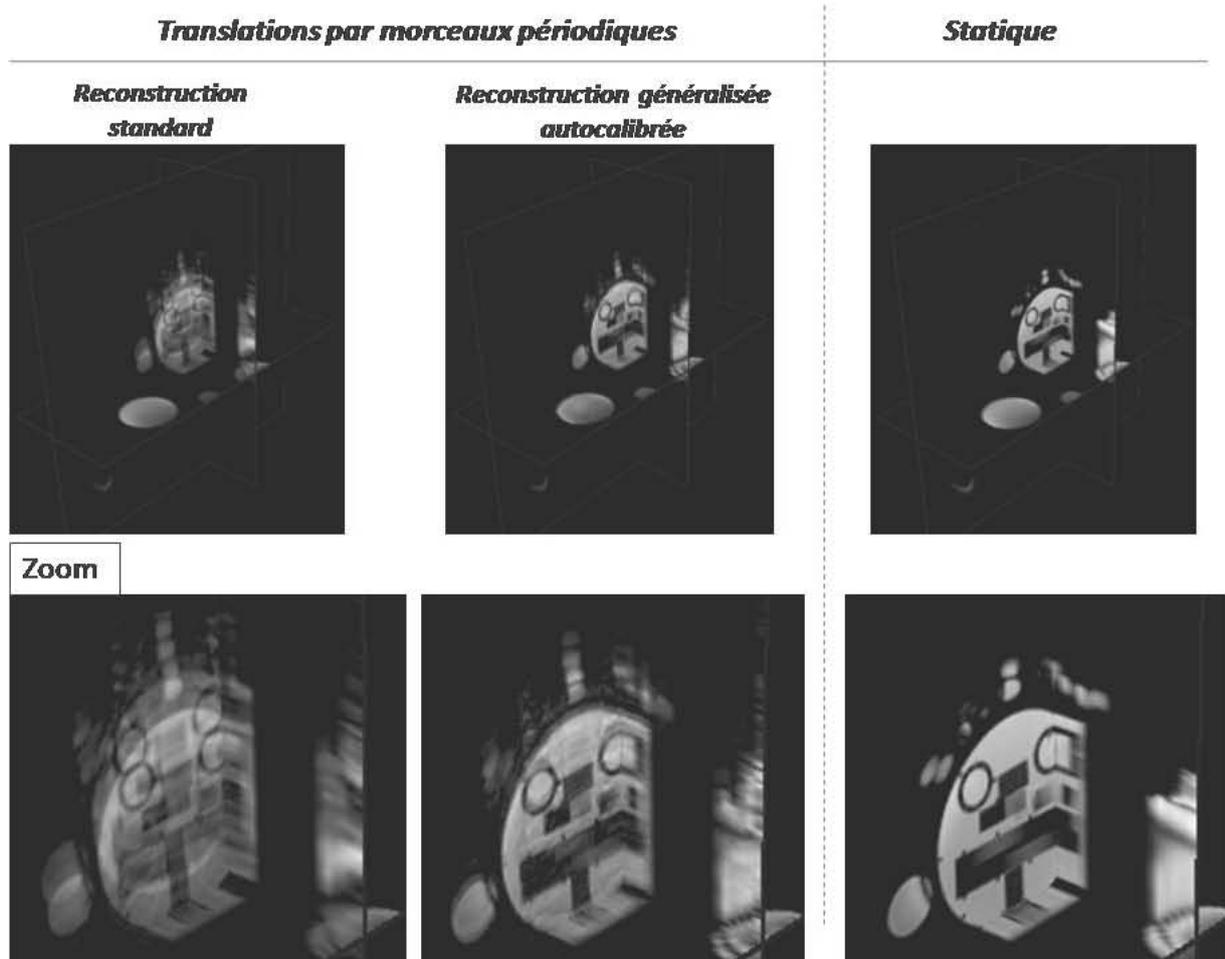


Figure 4-14 Reconstruction 3D du fantôme mobile, vue sur trois plans orthogonaux (R765 S6-7-8-9)

SUJETS SAINS

Des exemples 2D d'images reconstruites de sujets sains sont représentés à la Figure 4-15 (en coupes sagittales) et à la Figure 4-16 (en coupes petit axe), et les exemples 3D à la Figure 4-17. D'autres exemples sont donnés en Annexe 2. Toutes les images reconstruites présentent une amélioration par rapport à la reconstruction standard. Bien que la qualité de la reconstruction proposée n'égal pas systématiquement celle de l'apnée, plusieurs cas donnent lieu à une amélioration spectaculaire (en particulier les exemples en coupes petit axe du cœur).

On note également sur la reconstruction 3D une diminution légère du flou. On remarque en particulier que l'artéfact de repliement de la paroi abdominale, sur le sujet R764, est supprimé dans les deux dimensions de phase. Les zones de l'image à forts gradients d'intensité sont donc corrigées en priorité.

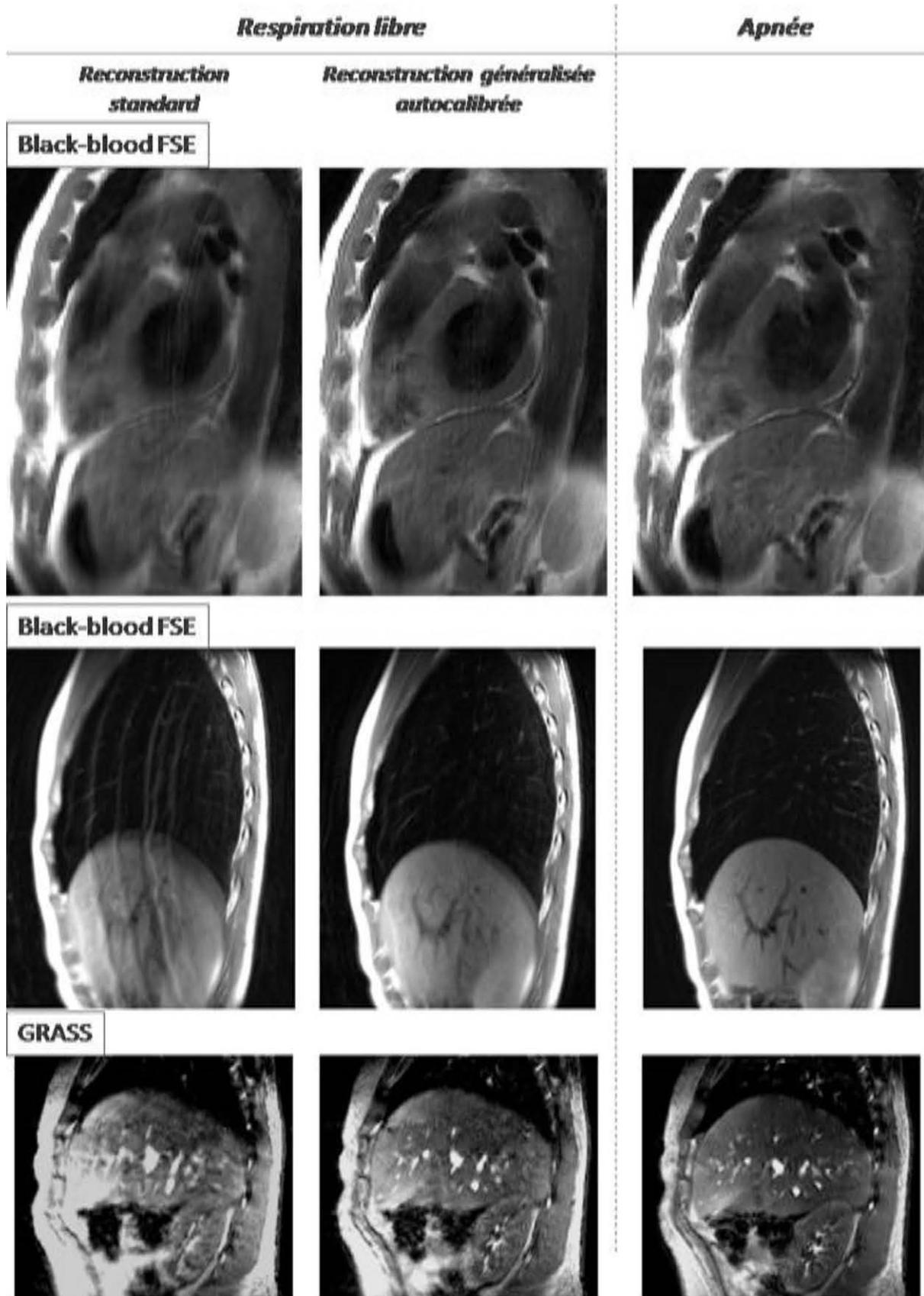


Figure 4-15 Reconstructions 2D de différentes coupes sagittales. De haut en bas : cœur (R714, S8-9-10), poumon-foie (R676, S24-25), et foie-rein (R754, S8-9-10)

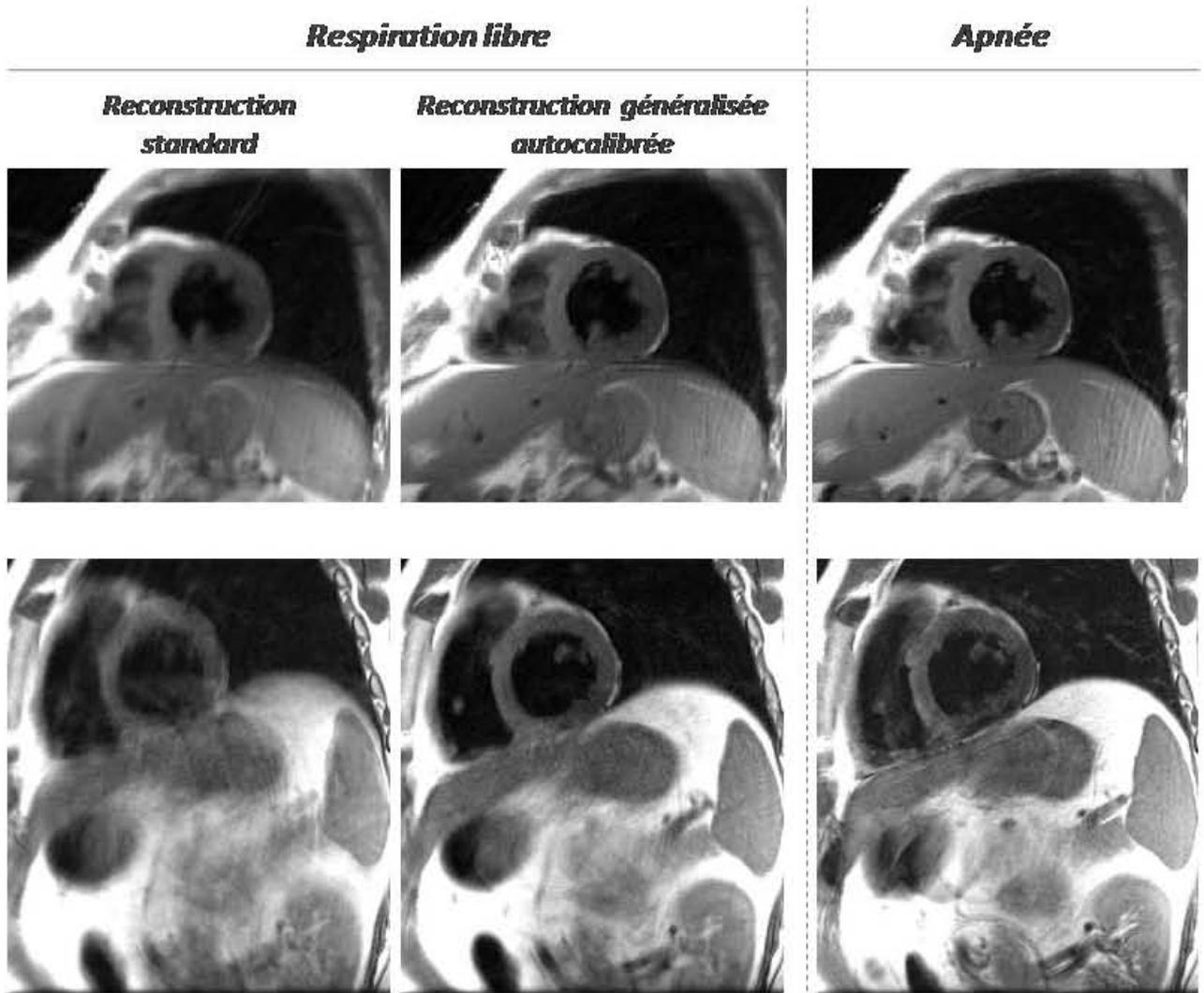


Figure 4-16 Reconstructions 2D de coupes du cœur en orientation petit axe (en haut R714, S14-15-16 ; en bas R719, S12-13-14)

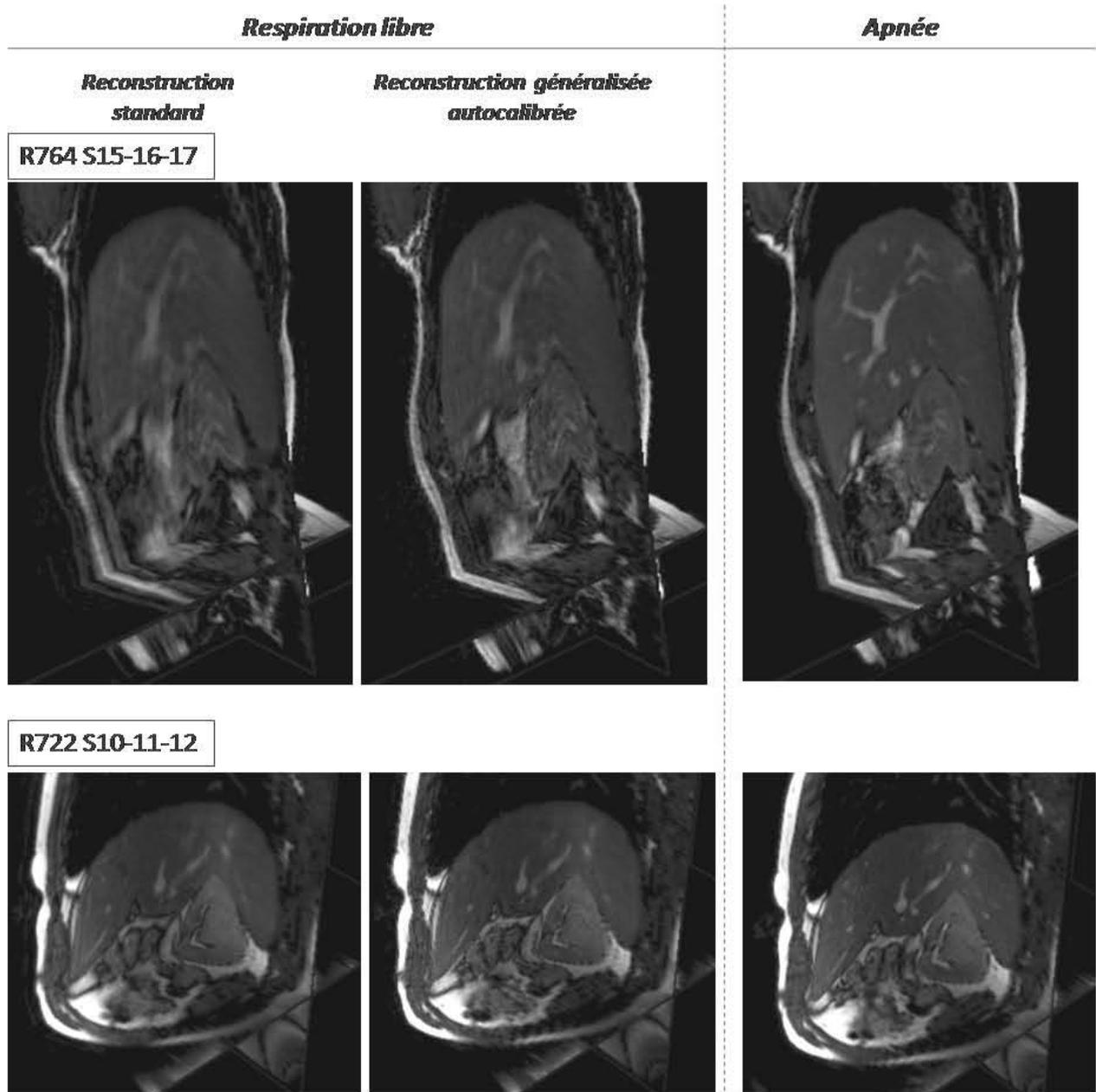


Figure 4-17 Reconstructions 3D de la région abdominale (foie et rein), vues sur trois plans orthogonaux

Les calculs d'entropie sur les images reconstruites sont regroupés dans les graphes de la Figure 4-18. On constate que la reconstruction par la méthode du résidu diminue généralement l'entropie, qui est un critère utilisé par certains algorithmes de reconstruction tels que celui présenté dans [Atkinson *et al.*, 1999]. Mais en pratique, l'entropie ne suffit pas à quantifier la qualité de l'image. Par exemple, un artéfact produisant un flou, selon un noyau de convolution gaussien par exemple, peut jouer le rôle d'un filtre moyenneur. Dans ce cas, l'artéfact tend à uniformiser les valeurs des pixels et donc à diminuer l'entropie, ce qui est l'effet inverse de ce que l'on cherche à quantifier. Pour ces raisons, nous donnons également l'entropie du gradient qui quantifie la singularité de l'image. Sur l'ensemble

des images reconstruites, on a toujours au moins un de ces deux critères qui montre une amélioration objective de la qualité d'image. Dans la majorité des cas, on a les deux critères.

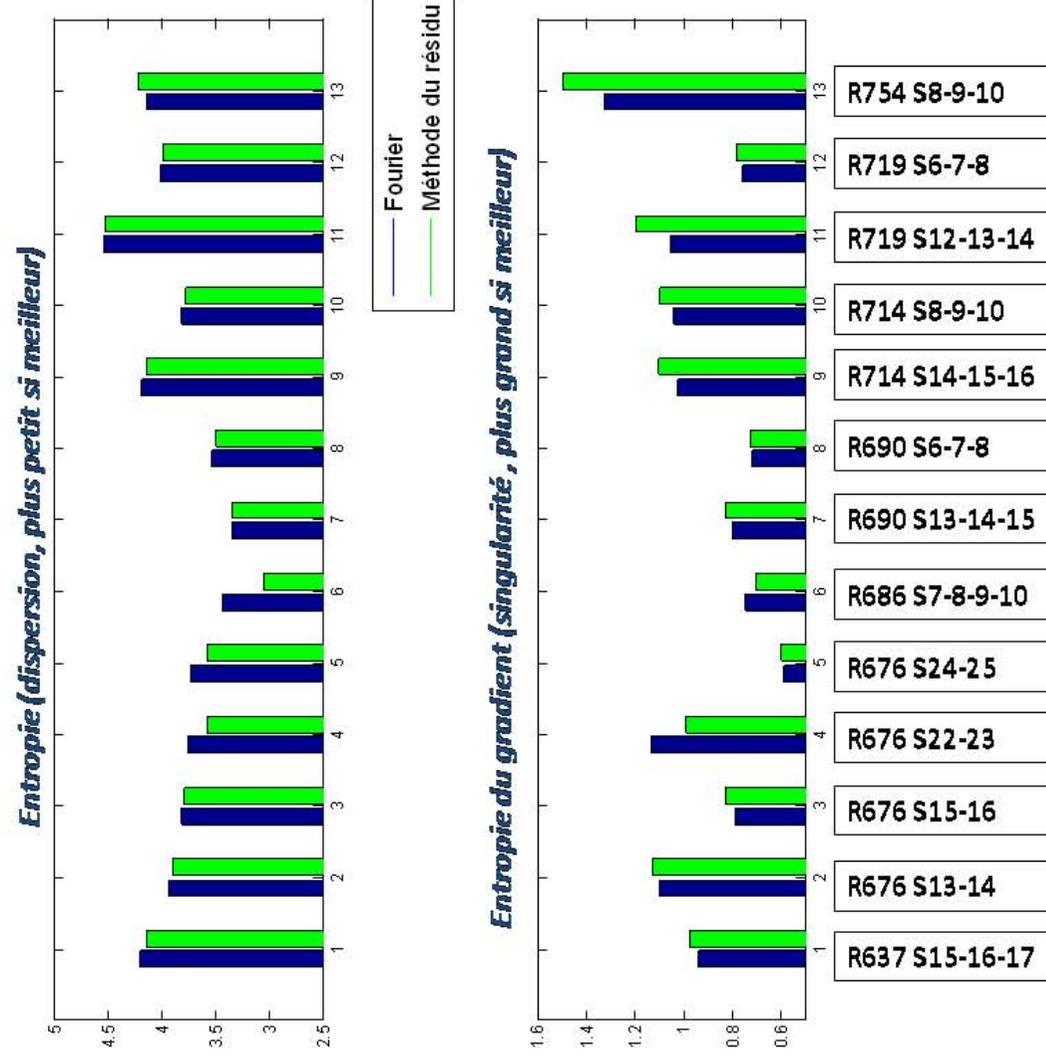


Figure 4-18 Evaluation de la qualité des reconstructions 2D (reconstruction standard et méthode du résidu)

MODELE AUTOCALIBRE VS CALIBRATION PREALABLE

Nous proposons dans cette partie une comparaison les champs de déplacements prédits par le modèle, tout d'abord sur la base d'une calibration préalable (comme nous l'avons fait dans la partie 4-2), puis en autocalibration (méthode du résidu).

La comparaison a été faite sur l'acquisition 2D du fantôme et sur deux sujets sains. Le même nombre de signaux d'entrée a été utilisé pour les deux types de calibration. Les amplitudes maximales des déplacements trouvés sont données dans le Tableau 4-5, et les champs de déplacements sont représentés au cours d'un cycle respiratoire, pour le fantôme (Figure 4-19) et les sujets sains (Figure 4-20 et Figure 4-21).

Tableau 4-5 Comparaison des déplacements donnés par le modèle : calibration préalable et méthode du résidu

Sujet	Séries	Direction	Amplitude maximale du mouvement (mm)	
			Calibration préalable	Méthode du résidu
R686 (fantôme)	7-8-9-10	droite-gauche	5,1	8,8
		haut-bas	29,5	29,7
R714 (coeur)	8-9-10	AP	6,9	5,9
		SI	12,6	11,8
R690 (foie)	13-14-15	AP	6,2	11,8
		SI	21,3	14,9

On voit d'après ces différents résultats que les déplacements diffèrent quelque peu entre la calibration préalable et l'autocalibration. Cependant, les résultats sont cohérents puisque l'on retrouve les principales zones en mouvements, et que les valeurs ne sont pas très éloignées. Il faut noter que les deux méthodes n'utilisent pas la même position de référence, puisque l'autocalibration se base sur une position moyenne lors de la séquence à corriger, alors que la calibration préalable a été faite par rapport à l'image en apnée. La régularisation n'est pas strictement identique (régularisation TV pour la calibration préalable, Tikhonov pour l'autocalibration), ce qui peut également expliquer des différences d'intensité et d'étalement sur les cartes de déplacements.

On remarque également que, comme nous l'avons vu dans la partie théorique, les déplacements sont estimés en priorité sur les gradients forts de l'image, alors que dans les zones homogènes, le déplacement trouvé peut être différent du déplacement réel (voir la bouteille sur la partie mobile du fantôme à la Figure 4-19, ou encore le foie à la Figure 4-20). Pour la bouteille, qui est homogène, peu importe quel est le déplacement réel à l'intérieur de cette zone (déplacement uniforme, déformations élastiques...), seuls les déplacements des gradients auront des conséquences sur l'image reconstruite.

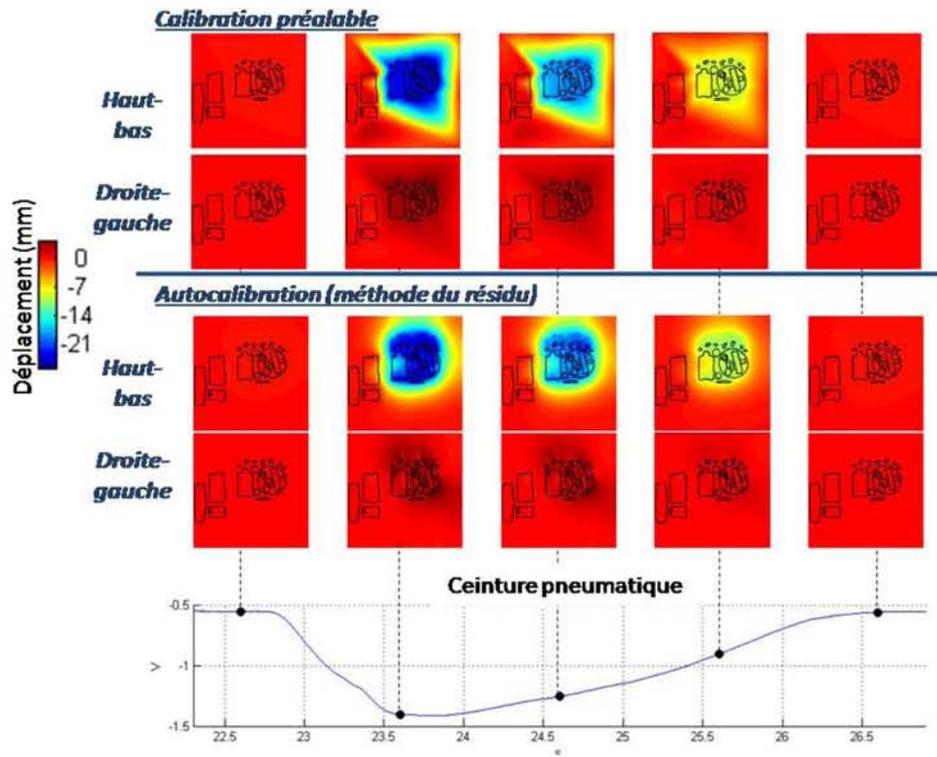


Figure 4-19 Comparaison des déplacements prédits par le modèle (calibration préalable et autocalibration) dans l'expérience du fantôme 2D (R686 S7-8-9-10)

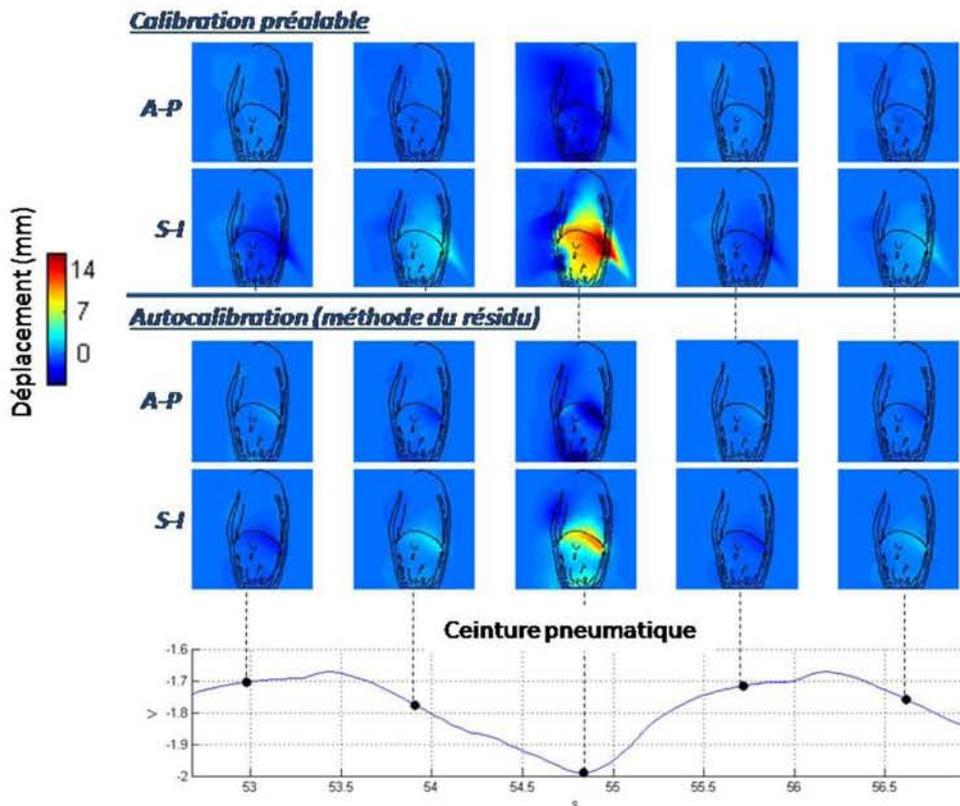


Figure 4-20 Comparaison des déplacements prédits par le modèle (calibration préalable et autocalibration) (R690 S13-14-15)

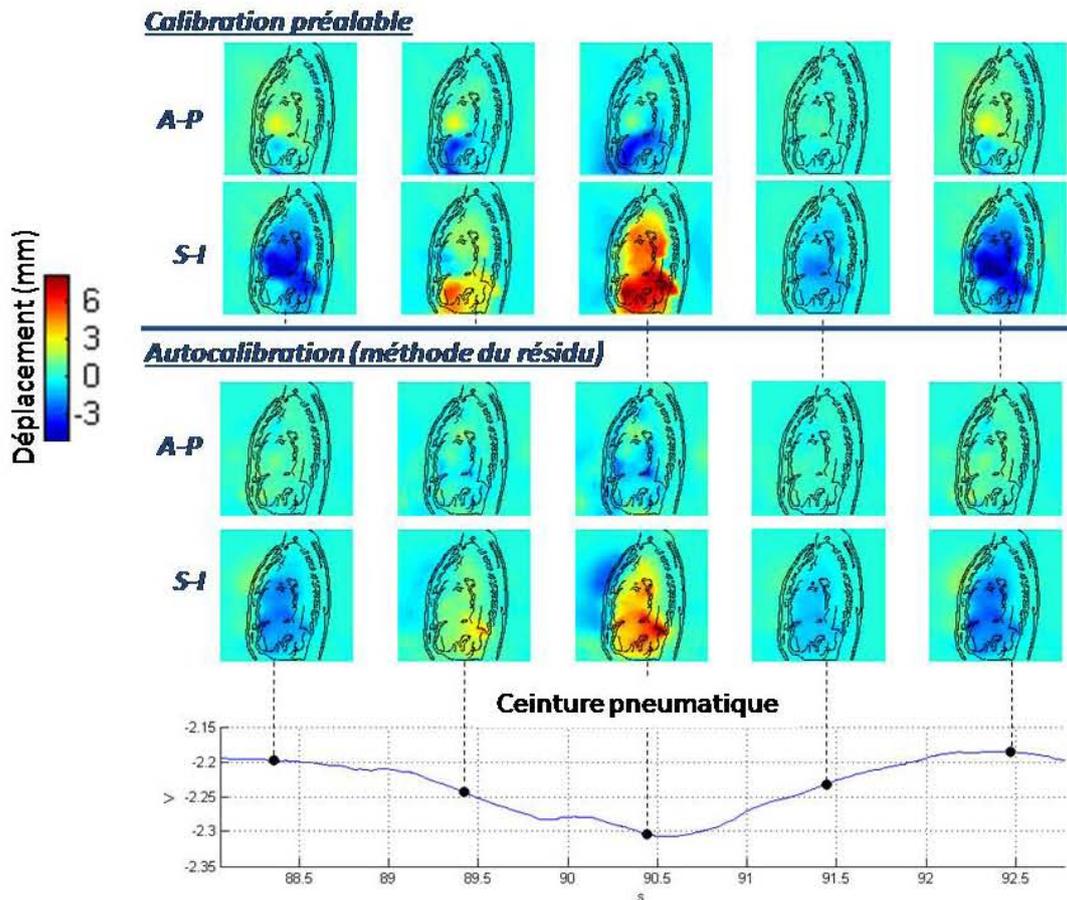


Figure 4-21 Comparaison des déplacements prédits par le modèle (calibration préalable et autocalibration)
(R714 S8-9-10)

CONVERGENCE

La Figure 4-22 représente l'évolution du résidu de reconstruction à chaque itération de la reconstruction, que nous avons étudiée pour les reconstructions 2D. Un nombre maximal de 8 itérations a été fixé. Lorsque le résidu cesse de décroître, nous stoppons l'itération et passons au niveau de résolution suivant. Pour garder le temps de reconstruction relativement faible, nous avons utilisé le modèle trouvé à l'avant-dernier niveau pour reconstruire l'image au niveau de résolution final. Les courbes montrent que le résidu de la reconstruction généralisée est bien diminué par l'optimisation des coefficients du modèle. On voit également qu'il aurait été possible de réduire encore le nombre d'itérations afin d'améliorer le temps de calcul.

Evolution du résidu aux différents niveaux de résolution

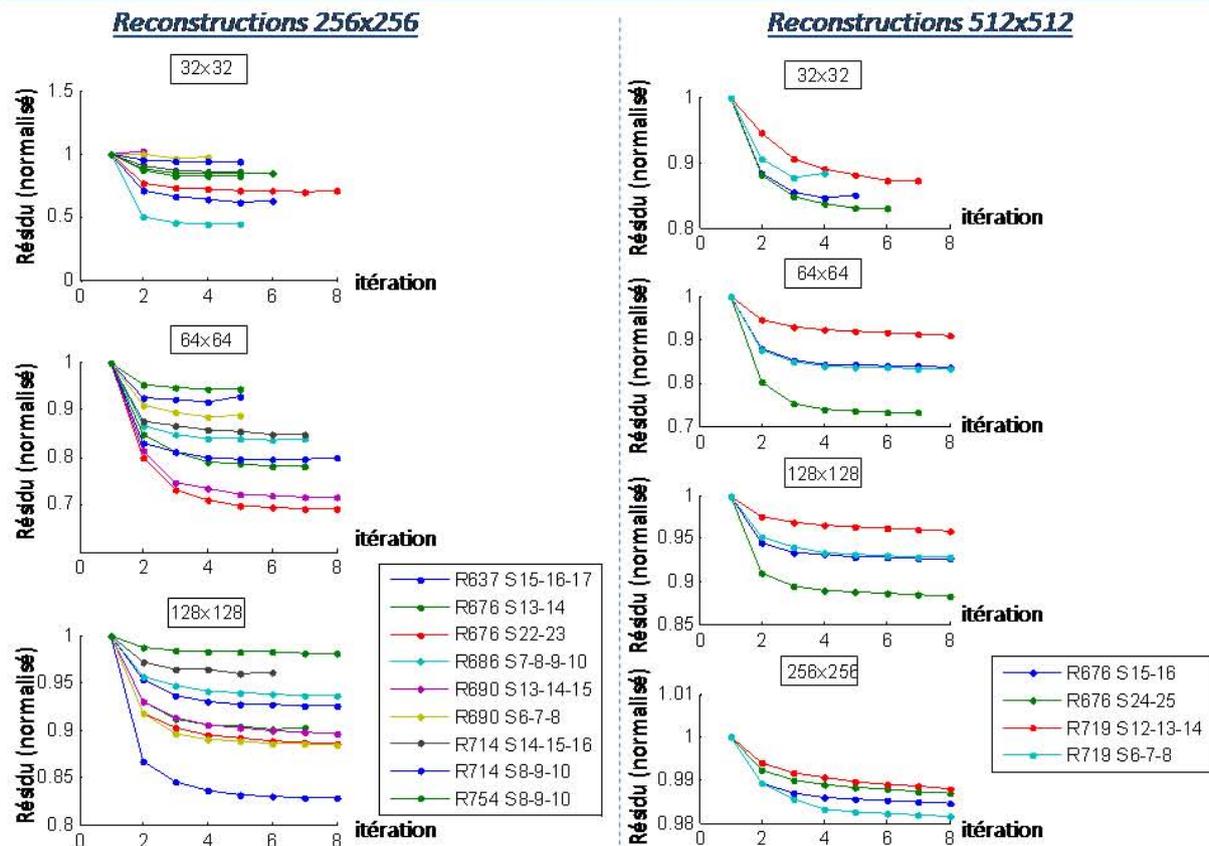


Figure 4-22 Evolution du résidu au cours des itérations de l'algorithme de reconstruction en 2D

4.3.4 DISCUSSIONS ET CONCLUSIONS SUR LA METHODE DU RESIDU

La méthode du résidu ainsi définie est entièrement autocalibrée, c'est-à-dire que la calibration du modèle de mouvements ainsi que la calibration nécessaire à l'imagerie parallèle (les cartes de sensibilités) sont déduites de la séquence haute résolution d'intérêt, que l'on souhaite corriger. Ceci représente un grand avantage du point de vue de son application pratique, car aucune séquence supplémentaire n'est à ajouter au protocole. De plus, cela permet d'éviter un certain nombre de problèmes : « bougé » du patient entre la calibration et la séquence d'intérêt ; changement de profil de respiration (qui peut rendre les entrées et sorties du modèle non stationnaires) ; phénomènes de dérive du mouvement respiratoire au cours du temps...

Bien que les reconstructions présentées ne permettent pas toutes d'égalier la qualité de l'image de référence acquise en apnée, les résultats montrent clairement une réduction des artéfacts dus à des mouvements « arbitraires », non limités à des modèles rigides ou affines. Quelques signaux d'entrée (voire un seul), raisonnablement corrélés avec le mouvement, permettent déjà d'éliminer les artéfacts les plus importants (causés par les zones à forts gradients d'intensité qui se déplacent),

pour autant que les conditions d'application que nous avons énoncées soient vérifiées (mouvement inter-acquisition, conservation du signal).

Néanmoins, certains aspects théoriques de la méthode nécessiteraient une investigation plus poussée. En particulier, nous avons fait l'hypothèse que le résidu de reconstruction était principalement dû à l'erreur de prédiction du mouvement. D'autres facteurs peuvent être à l'origine d'une reconstruction imparfaite, entraînant un résidu non nul : le bruit d'acquisition, un mauvais conditionnement du système d'encodage par les sensibilités d'antennes (en cas de facteurs d'accélération élevés, ou encore d'erreurs sur les cartes de sensibilité), toute rupture des hypothèses que nous avons faites (mouvement inter-acquisition et conservation du signal), voire d'autres sources d'artéfacts (artéfacts dus aux hétérogénéités de B_0 , artéfacts spécifiques à certaines séquences ou trajectoires...). Un travail important reste donc à faire dans le but d'étudier la part de ce résidu qui est due effectivement à l'erreur de prédiction, et ainsi mieux définir les limites d'applicabilité de la méthode. On peut noter cependant qu'il serait possible de modéliser ces autres sources de perturbation dans la chaîne d'acquisition, voire même d'optimiser ces modèles de la même manière que le modèle de mouvements. A ce sujet, nous proposons en Annexe 3 une application à l'imagerie parallèle du principe de reconstruction par optimisation couplée. Cet exemple d'application montre comment il est possible de traiter une perturbation sur les cartes de sensibilité d'antennes..

L'optimisation des coefficients du modèle est faite dans un espace complexe, alors que nous cherchons à décrire des déplacements, donc des réels. Plutôt que de tronquer la partie imaginaire comme nous l'avons fait, il devrait être possible d'imposer une contrainte supplémentaire permettant de chercher des solutions réelles pures uniquement.

Il serait intéressant de pouvoir imposer que l'image solution soit également réelle pure. Ceci rendrait la méthode compatible avec les techniques d'acquisition partielle de l'espace k (« partial-Fourier »). Ce point est relativement important, surtout en 3D. En effet l'acquisition partielle en k_x permet d'acquérir les plans $k_x - k_z$ en un temps plus court, pour un encodage de phase k_y fixé. Ainsi, on peut grouper tous les points du plan $k_x - k_z$ en un seul et même paquet d'acquisition. L'opérateur de repliement dû à l'échantillonnage de chaque paquet d'acquisition, $F^H \xi_{t_n}^H \xi_{t_n} F$, se simplifie grandement, puisqu'il n'opère que dans la direction k_y , et est égal à l'identité dans les deux autres dimensions.

L'hypothèse de base sur laquelle nous nous sommes appuyés est la conservation du signal, qui nous a permis d'exprimer le résidu comme une fonction linéaire de l'erreur du modèle. Cette contrainte a été appliquée sous la forme de l'équation du flux optique. On peut faire une analogie entre la conservation de l'intensité du signal et la conservation de la masse en mécanique des milieux

continu (MMC). En MMC, si l'on considère un milieu de densité ρ , et un champ de vitesse \vec{v} , la conservation de la masse, dans le cas général, s'écrit :

$$\frac{\partial \rho}{\partial t} + \nabla \cdot (\rho \vec{v}) = 0, \quad (4.30)$$

Or nous avons utilisé la formulation du flux optique, qui se traduit ainsi:

$$\frac{\partial \rho}{\partial t} + \vec{v} \cdot \vec{\nabla} \rho = 0, \quad (4.31)$$

Les équations (4.30) et (4.31) sont équivalentes dans le cas où $\nabla \cdot \vec{v} = 0$ (champ de vitesse à divergence nulle), ce qui correspond à la description d'un mouvement incompressif (qui n'induit pas de variations de volume localement). Cette hypothèse est souvent faite en MMC, pour décrire les milieux incompressibles. Les mouvements réels dans le corps humain peuvent être raisonnablement décrits par un tel champ de vitesses, en considérant l'ensemble du corps humain comme un milieu incompressible. En revanche, dans l'équation du flux optique que nous utilisons, seule la masse visible à l'IRM apparaît dans le bilan de matière. On ne peut donc plus raisonner en termes de bilan de masse à partir du signal IRM mais, puisque l'hypothèse du champ de vitesse à divergence nulle est suggérée d'un point de vue physique, l'emploi de l'équation du flux optique se trouve de fait justifié.

Enfin, le temps de reconstruction est une contrainte importante, et imposera nécessairement de faire quelques simplifications (nombre réduit de signaux d'entrée, éventuellement quantifiés ; optimisation du modèle jusqu'à l'avant-dernier niveau de résolution...). Toutefois, on peut remarquer que ce temps de reconstruction dépend fortement de l'échantillonnage. Il existe des schémas d'échantillonnage pour lesquels l'opérateur de repliement dû à l'échantillonnage ($F^H \xi_{t_n}^H \xi_{t_n} F$) prend une forme particulière. Dans le cas où l'acquisition se fait par lignes régulièrement espacées, cet opérateur est un peigne de Dirac. Si l'on « forçait » tous les ($F^H \xi_{t_n}^H \xi_{t_n} F$) à prendre cette forme, il serait alors possible de le décrire par une matrice creuse en calculant explicitement ses éléments non nuls. Ainsi, on éviterait d'appliquer les transformées de Fourier à chaque itération, ce qui accélérerait encore la résolution des deux problèmes d'optimisation de la méthode du résidu.

Une voie d'amélioration possible serait donc de lier la stratégie d'acquisition à la reconstruction, avec l'objectif de construire de telles matrices de repliement simplifiées. De façon analogue à la technique ROPE [Bailes *et al.* , 1985], on pourrait choisir d'acquérir les données en fonction de la phase respiratoire dans laquelle on se trouve. Dans la technique ROPE, on acquiert les données centrales de l'espace k en phase expiratoire, les données périphériques sont acquises dans les autres phases, mais ne sont pas corrigées. Dans notre cas, si l'on subdivise le mouvement respiratoire en 8 paliers par exemple, on pourrait acquérir des lignes dont les indices sont des multiples de 8 lorsqu'on se situe

dans le première palier, d'indices 1 modulo 8 dans le deuxième palier, 2 modulo 8 dans le troisième, etc...

4.4 CONCLUSION SUR LA RECONSTRUCTION INTEGRANT LES DONNEES PHYSIOLOGIQUES

Nous avons étudié deux pistes pour l'intégration des données physiologiques en reconstruction. La première solution consiste à simplement supprimer les données corrompues, et à reconstruire le jeu de données sous-échantillonné à l'aide de l'imagerie parallèle. Nous avons vu que cette technique peut être mise en œuvre très facilement grâce à notre système SAEC. Les résultats permettent de conclure que la méthode est applicable, dans le cas où une petite partie du jeu de données est corrompue par le mouvement.

Dans le cas général il est nécessaire de faire appel à des techniques de reconstruction alternatives qui prennent en compte le mouvement. Parmi les méthodes existantes, la plupart se restreint à des modèles du mouvement comprenant peu de degrés de liberté (transformations rigides ou affines), ce qui les rend difficilement applicables aux mouvements complexes. Seul le travail dans [Batchelor *et al.*, 2005] permettait de traiter en théorie des transformations arbitraires, dites élastiques, mais là encore, les résultats pratiques étaient limités à des transformations affines. De plus l'algorithme ne prenait pas en compte l'acquisition multi-antennes.

Nous avons donc proposé une formulation nouvelle du problème de reconstruction, généralisant la méthode proposée dans [Batchelor *et al.*, 2005] à l'acquisition multi-antennes. Puis nous avons utilisé le modèle proposé dans le 0, afin de prédire les champs de déplacements requis par l'algorithme de reconstruction généralisée. Le modèle proposé permet de conserver des déplacements libres dans les dimensions spatiales, et contraints dans la dimension temporelle (par des combinaisons linéaires des signaux d'entrée). Nous avons ainsi pu mettre en évidence les premiers exemples de mouvements réels élastiques (mouvement respiratoire dans la zone du cœur et du foie), dont l'effet peut être corrigé efficacement. La méthode nécessite, préalablement à la séquence d'intérêt, une phase de calibration afin de déterminer les coefficients du modèle permettant de prédire les déplacements.

Cependant, le recours à une étape de calibration comporte plusieurs inconvénients : d'une part, cela suppose implicitement que les signaux d'entrée et de sortie du modèle sont stationnaires (dans le cas contraire, l'estimation peut être biaisée), et d'autre part, les champs de déplacement prédits ont une résolution limitée à celle de la séquence de calibration.

Afin de répondre à cette limitation, nous avons proposé un cadre de reconstruction nouveau, dans lequel la construction du modèle du mouvement est couplée à la correction. C'est un processus de minimisation du résidu de reconstruction qui nous permet d'optimiser les paramètres du modèle. Le

résultat est un algorithme de reconstruction adapté aux mouvements élastiques, compatible avec l'acquisition multi-antennes, et entièrement autocalibré. Nous avons discuté les différents points de la résolution numérique, et démontré que la théorie était valide sur des exemples réels de sujets sains, au cours d'acquisitions 2D et 3D haute résolution.

Puisque les techniques de correction que nous avons proposées incluent l'imagerie parallèle, il est possible de les combiner avec la technique de suppression de la partie 4.1. En particulier, il est possible d'éliminer des données si l'on sait qu'elles vont invalider les hypothèses de base de la correction.

Enfin, on peut noter que l'acquisition à plusieurs NEX que nous proposons peut être vue comme une technique d'échantillonnage multi-phase de l'espace k - t . En répétant l'acquisition un grand nombre de fois, et en choisissant des schémas d'échantillonnage adaptés, c'est-à-dire couvrant l'espace k - t sans laisser de « trous » trop importants, il devrait être possible de reconstituer un modèle du mouvement suffisamment précis pour imager la dynamique du mouvement. Contrairement aux méthodes k - t habituelles (UNFOLD, k - t SENSE...), la reconstruction proposée ne repose pas sur une hypothèse forte de reproductibilité ou de périodicité du signal évoluant dans le temps. L'hypothèse sur laquelle nous nous appuyons est la stationnarité des signaux d'entrée du modèle et des paramètres décrivant le mouvement.

Conclusions et perspectives

Les mouvements du patient pendant l'acquisition IRM constituent un problème majeur, face auquel nous avons proposé quelques voies d'amélioration possibles.

Notre approche repose sur un système dédié à l'acquisition et à l'analyse des informations physiologiques disponibles pendant l'examen. Nous avons proposé différents moyens d'optimiser les techniques de synchronisation existantes. La synchronisation cardiaque peut être améliorée à l'aide, d'une part, de la réduction des interférences causées par la séquence IRM (essentiellement les gradients) sur l'ECG et, d'autre part, de l'adaptation de la séquence au rythme cardiaque. Nous avons donné un exemple d'application possible, avec la prédiction du prochain intervalle RR, permettant d'optimiser le temps d'inversion lors de l'acquisition d'images en contraste sang noir, en systole. Le système SAEC permet également de combiner ces méthodes à la synchronisation respiratoire. De nombreuses pistes de recherche restent à développer, concernant notamment l'optimisation des modèles prédictifs du rythme cardiaque, ou encore le développement de séquences adaptatives visant des applications cliniques spécifiques, à définir.

Nos efforts se sont concentrés sur le mouvement inter-acquisition, à l'origine des artéfacts de type flou ou fantôme, qui traduisent des erreurs d'encodage spatial. Les travaux existants, relatifs à la correction de tels artéfacts, sont limités à des représentations rigides ou affines du mouvement, ce qui les rend difficilement transposables à l'imagerie cardiaque ou abdominale. C'est pourquoi nous avons souhaité proposer un cadre plus général, autorisant des déplacements plus complexes. Pour cela, nous avons dû introduire un modèle adapté, se basant sur quelques signaux d'entrées, fournis par le SAEC, pour prédire les paramètres du mouvement. Nous avons décrit différentes variantes possibles pour la construction d'un tel modèle. Une perspective intéressante est la fusion de l'étape de détection des déplacements de calibration avec l'étape de régression, qui pourrait avoir des applications en post-traitement des images (problèmes mal posés de recalage d'images ou d'analyse du mouvement), bien qu'ici nous nous soyons limités aux applications de ce modèle en reconstruction.

La correction, en reconstruction, des artéfacts dus aux erreurs d'encodage spatial peut être abordée de différentes manières. Le SAEC permet d'identifier aisément, et avec précision, les données corrompues par le mouvement. Si ces données sont peu nombreuses, il est possible de les supprimer, et d'utiliser l'imagerie parallèle pour reconstruire le jeu de données sous-échantillonné. Une approche plus généralement applicable consiste à corriger les données corrompues. Nous avons vu qu'il était théoriquement possible d'inverser le processus de création des artéfacts, en modélisant

les différentes étapes de l'acquisition de l'image à l'aide d'opérateurs linéaires. La résolution pratique du problème, toutefois, est loin d'être aisée. Nous avons étudié une première possibilité, consistant à utiliser un modèle, préalablement calibré à l'aide d'une séquence dynamique à basse résolution, afin de prédire les champs de déplacements aux différents temps d'acquisition. Nous avons montré que la méthode permettait bien de réduire les artéfacts, cependant, la nécessité d'une étape de calibration préalable peut constituer une difficulté pratique, un obstacle à une utilisation systématique de la technique.

Pour remédier à ces inconvénients, nous avons proposé une méthode de reconstruction généralisée autocalibrée, qui constitue le résultat principal de cette thèse. La méthode est basée sur la propriété suivante : les petites erreurs de prédiction des déplacements se propagent linéairement dans l'algorithme de reconstruction. Nous avons alors proposé de résoudre, de façon couplée, la reconstruction permettant de corriger des mouvements connus, et l'élaboration du modèle de mouvement optimal. La méthode a été validée à l'aide d'acquisitions cardiaques et abdominales réelles, 2D et 3D, sur des sujets sains respirant librement. Les résultats obtenus montrent qu'il est possible de réduire de façon notable les artéfacts provenant des erreurs d'encodage spatial. Cependant, de nombreuses perspectives d'amélioration sont envisageables quant à l'optimisation de la méthode du résidu. Celles-ci incluent, entre autres, la recherche de solutions réelles pures, l'amélioration des techniques de régularisation, et la mise en œuvre de stratégies d'acquisition adaptatives, liées à la reconstruction. Par ailleurs, certains aspects théoriques méritent d'être étudiés plus en détail, afin de mieux comprendre comment se comportera l'algorithme dans le cas où d'autres sources de mauvais conditionnement que le mouvement sont présentes. Nous avons tout de même donné un élément de réponse, en montrant qu'il était possible de modéliser également d'autres sources de perturbation que le mouvement. Par exemple les erreurs de détermination des cartes de sensibilité d'antennes peuvent être formulées, de façon similaire, par un problème d'optimisation couplée (décrit en Annexe 3).

Il est important de rappeler ici les conditions de validité des algorithmes de correction proposés. Premièrement, nous avons supposé que le mouvement était inter-acquisition (TR petit devant la période caractéristique du mouvement), et que l'influence du mouvement intra-acquisition était négligeable. Le signal IRM est supposé conservé au cours du temps, dans le volume excité (les variations d'intensités et les sorties de coupes doivent être faibles). Il est préférable de travailler avec des champs de déplacements ayant de bonnes propriétés de régularité, même si cette hypothèse apparaît seulement comme une condition suffisante (et pas nécessaire) dans notre formulation continue du problème (décrite dans la partie 4.2.2.1). La conservation du signal, pour la méthode du résidu, a été traduite localement par l'équation du flux optique, ce qui revient à rechercher des

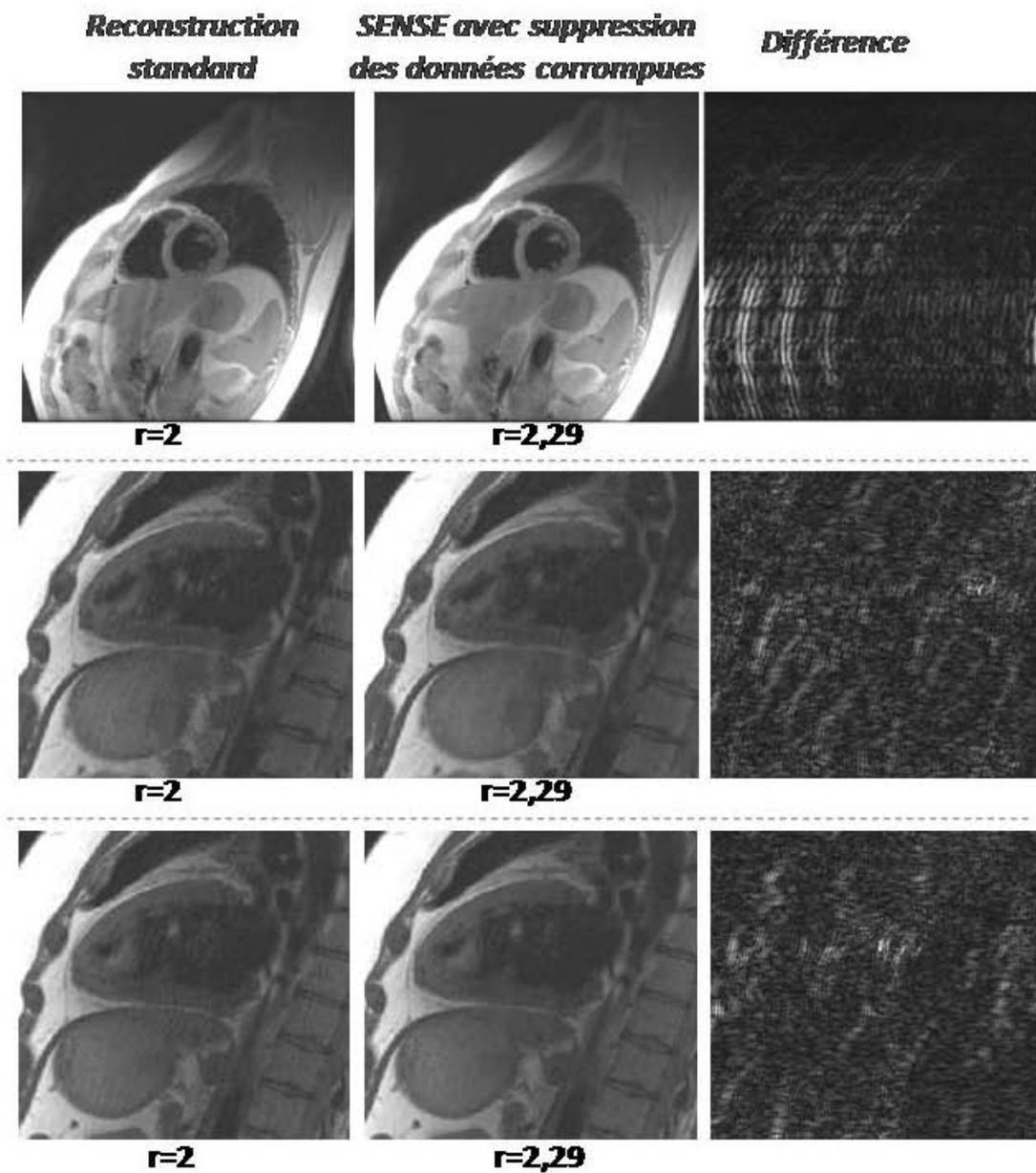
champs de vitesses à divergence nulle. Cette hypothèse est couramment appliquée, en MMC, à l'étude des milieux déformables incompressibles, elle n'est donc pas très restrictive en pratique.

Il faut noter que l'hypothèse de conservation du signal est toujours faite lors d'une acquisition IRM, bien que, généralement, elle ne soit pas énoncée explicitement. En effet, une acquisition statique (ou en apnée), dans laquelle de signal subit des fluctuations au cours de la séquence, comportera des artéfacts. Nous n'avons donc pas fait d'hypothèse supplémentaire à proprement parler concernant le signal IRM. Nous avons simplement traduit une hypothèse qui était déjà faite implicitement.

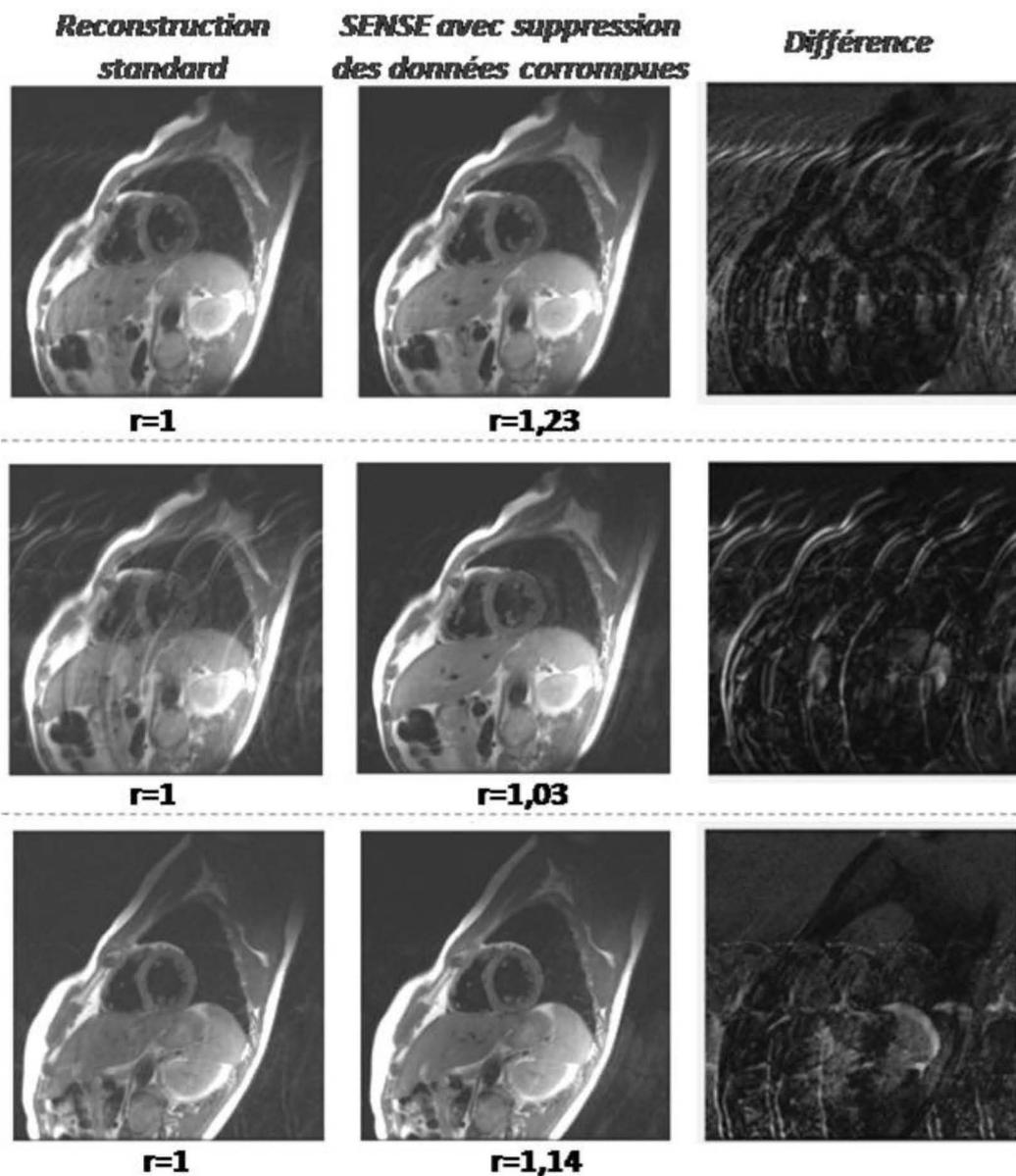
Toute rupture des hypothèses que nous venons de rappeler est toujours susceptible d'induire des artéfacts. Et bien que les exemples présentés montrent clairement une amélioration de la qualité des reconstructions proposées par rapport à une reconstruction standard, cela ne signifie pas qu'il est possible d'obtenir systématiquement une qualité équivalente à l'apnée « parfaite ».

L'association des méthodes de reconstruction proposées avec les techniques de correction prospectives devrait permettre d'améliorer encore la maîtrise du mouvement en IRM. Ceci est d'autant plus vrai que le cadre proposé dans [Nehrke & Boernert, 2005], bien qu'il soit limité au modèle affine, compense également les effets du mouvement intra-acquisition. En plus de cela, la correction prospective permettrait de minimiser les effets de sorties de coupes (ou de volumes), et donc de mieux conditionner le problème de reconstruction. L'association des différentes techniques de correction, ainsi que de synchronisation avancées, est donc une perspective intéressante qui pourrait permettre, à terme, de relever les défis posés par certains problèmes non résolus à l'heure actuelle : on peut citer par exemple l'imagerie CINE 3D du cœur à haute résolution (en routine clinique), l'imagerie fonctionnelle cardiaque et rénale 3D à haute résolution, ou encore l'imagerie moléculaire dans les organes en mouvement (diffusion, spectroscopie...).

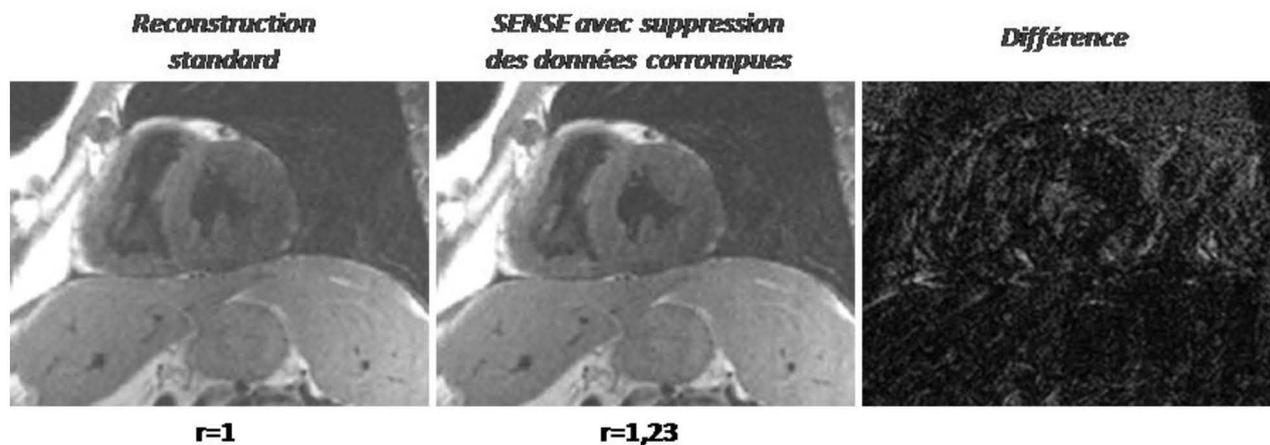
Annexe 1 Exemple d'images reconstruites après suppression
de données corrompues



Correction d'artéfacts dus à une apnée incomplète

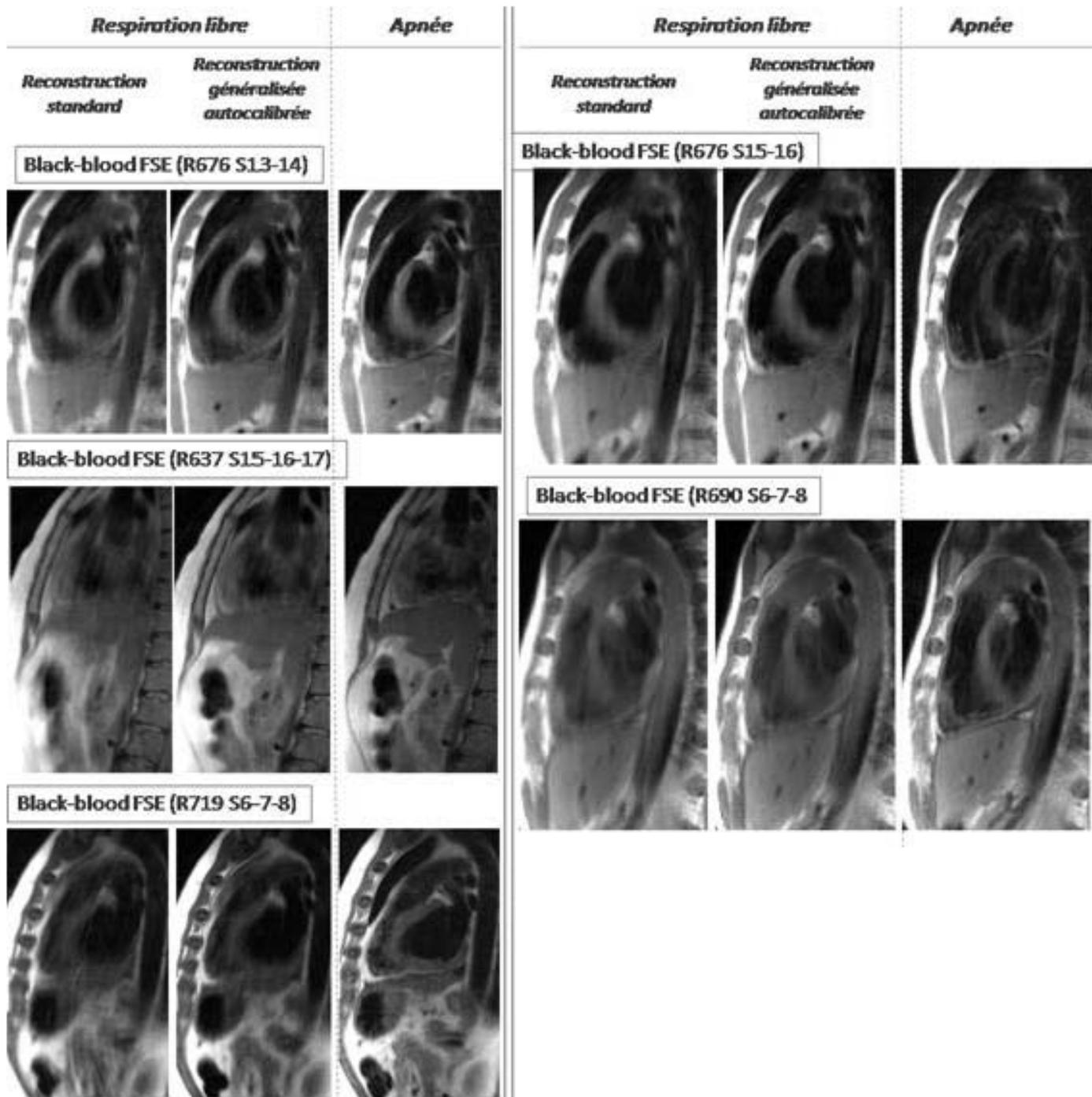


Correction d'artéfacts dus au mouvement respiratoire résiduel

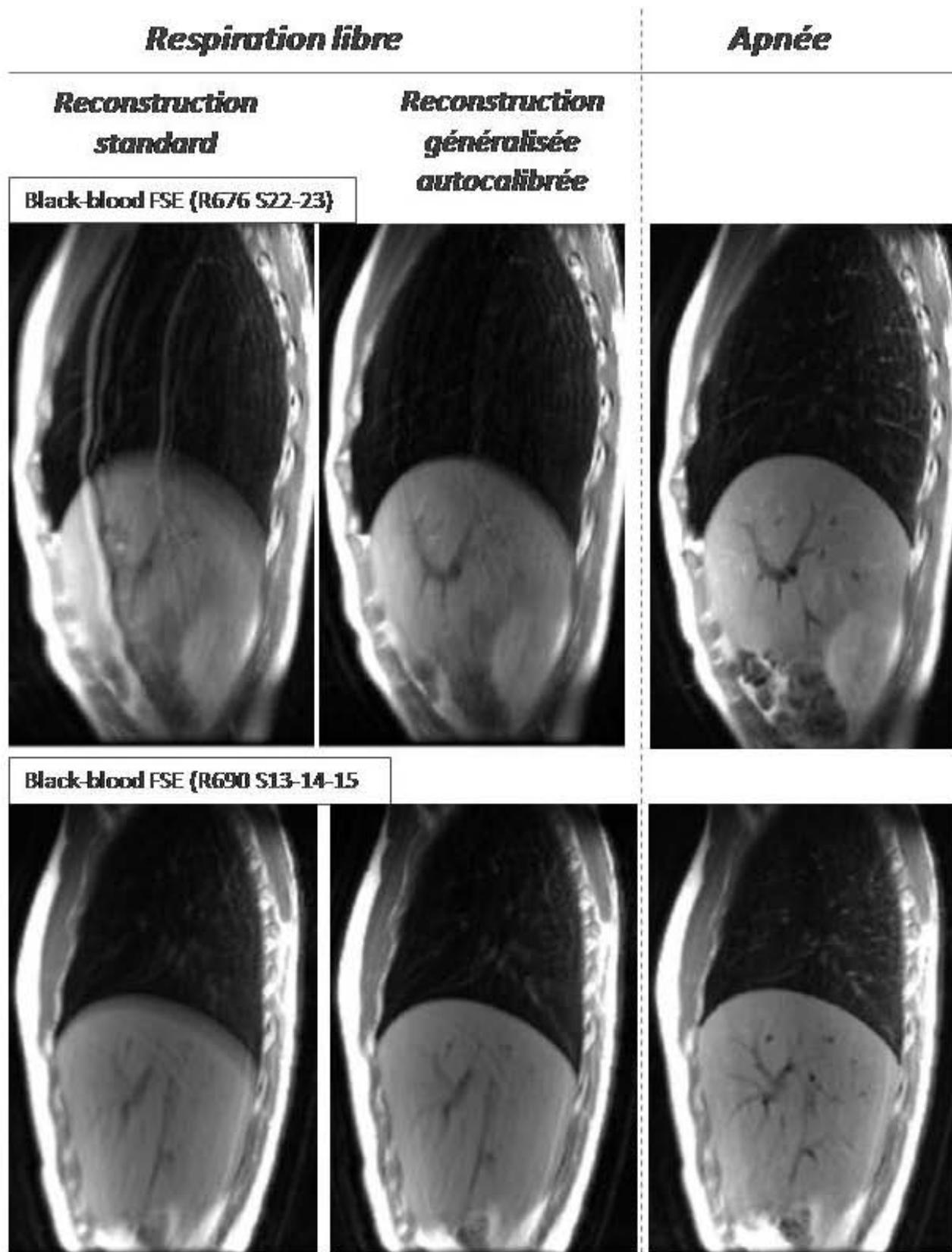


Correction d'artéfacts dus à des erreurs de synchronisation ECG

Annexe 2 Exemples de reconstructions généralisées à l'aide
d'un modèle autocalibré (méthode du résidu)



Reconstructions généralisées à l'aide d'un modèle autocalibré (exemples 2D, images cardiaques)



Reconstructions généralisées à l'aide d'un modèle autocalibré (exemples 2D, coupes du foie)

Annexe 3 Reconstruction IRM vue comme un problème d'optimisation couplée : application à l'imagerie parallèle

Nous avons proposé dans la partie 4.3.2 de réécrire le problème de reconstruction sous la forme de deux problèmes d'optimisation couplés. On peut imaginer d'appliquer cette méthode à d'autres problèmes que la correction des mouvements. Nous proposons dans cette annexe une approche similaire pour la résolution d'un problème d'imagerie parallèle.

Nous considérons ici le problème de reconstruction de données sous-échantillonnées en imagerie parallèle, sans nous préoccuper du mouvement. Il s'agit alors de résoudre de façon couplée la reconstruction du jeu de données sous-échantillonné (de type SENSE), se basant sur des cartes de sensibilité des antennes, et la détermination de ces cartes de sensibilités. Ces dernières jouent ici le rôle du modèle fournissant les données *a priori* nécessaires à la reconstruction. L'équation à résoudre a été donnée en (1.10), avec l'opérateur d'encodage défini en (1.13).

Une erreur de détermination des coefficients de sensibilité, notée $\delta\sigma$, aura pour résultat un résidu de reconstruction ε , donné par :

$$\varepsilon = \begin{bmatrix} \xi F \text{diag}(\rho_0) \delta\sigma_1 \\ \xi F \text{diag}(\rho_0) \delta\sigma_2 \\ \vdots \\ \xi F \text{diag}(\rho_0) \delta\sigma_{N_y} \end{bmatrix} = R(\rho_0) \delta\sigma.$$

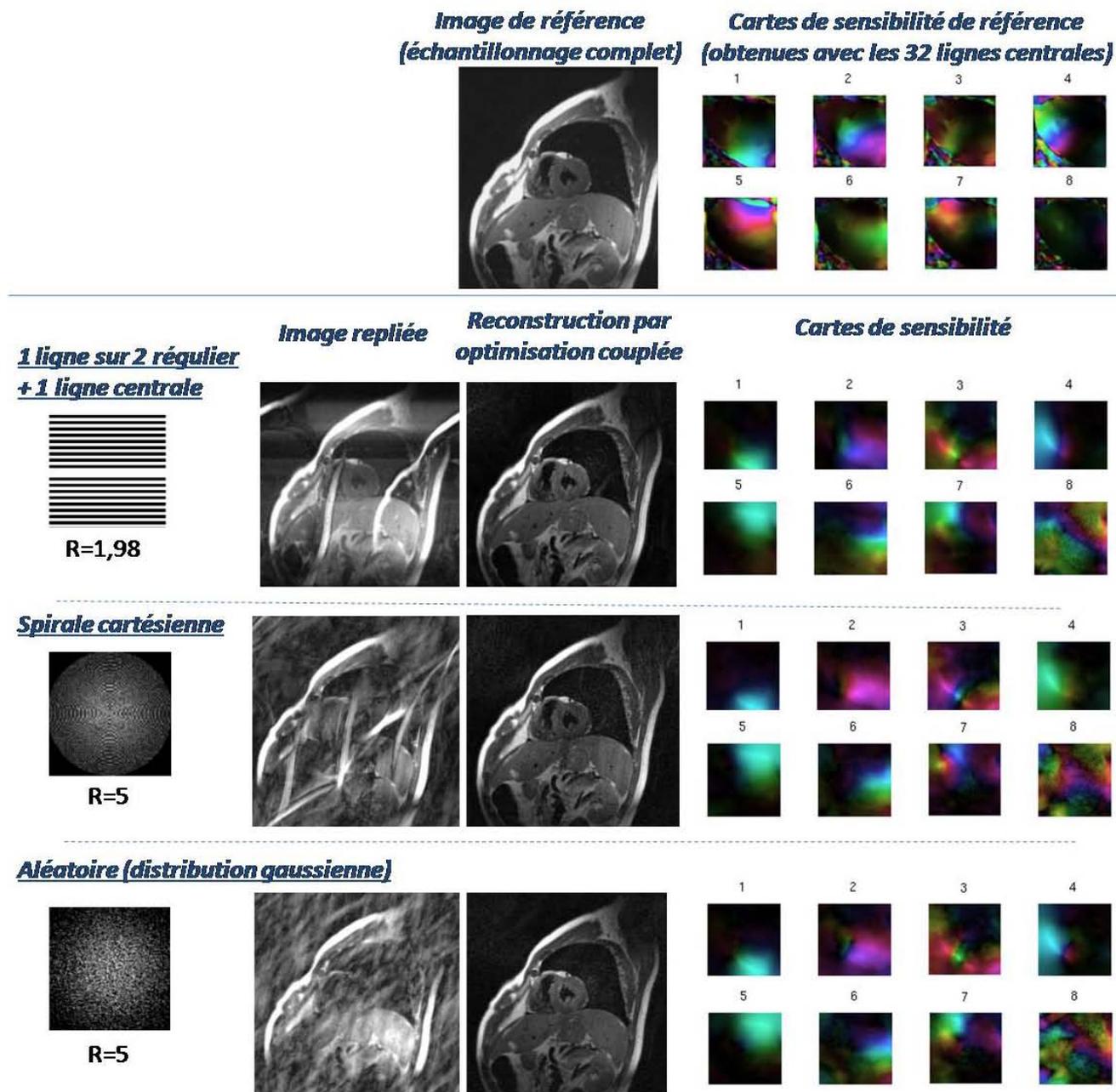
Comme dans la méthode de correction de mouvements autocalibrée, nous résolvons, à l'aide d'une stratégie multirésolution, un système de la forme :

$$\begin{cases} \varepsilon(\rho_0, \sigma, \delta\sigma) = s - E(\sigma)\rho_0 & (\text{erreur de la reconstruction SENSE}) \\ \varepsilon(\rho_0, \sigma, \delta\sigma) = R(\rho_0)\delta\sigma & (\text{erreur sur les cartes de sensibilité}) \end{cases}$$

L'approche multirésolution, ici, vient du fait que nous attendons des cartes de sensibilité contenant essentiellement des basses fréquences spatiales, ainsi nous pensons converger plus rapidement vers une solution stable. La mise à jour des cartes de sensibilité, à l'itération k , se fait également en imposant une contrainte de régularisation (contrainte sur le gradient spatial) :

$$\delta\sigma^{(k)} = \min_{\delta\sigma} \{ \|\varepsilon - R\delta\sigma\|^2 + \mu \|\nabla(\sigma + \delta\sigma)\|^2 \}.$$

Des exemples de reconstructions sous-échantillonnées et de cartes de sensibilité, obtenues par la méthode de résolution couplée, sont représentés ci-dessous.



Exemple de reconstructions et de cartes de sensibilité obtenus par la méthode d'optimisation couplée

On constate sur ces exemples que la résolution couplée permet bien d'obtenir des images dépliées. Les cartes de sensibilités sont, en module (représenté par l'intensité de l'image), très semblables aux cartes de sensibilité de référence. En revanche la phase (représentée par la couleur) présente des différences, et l'antenne n°8, qui a une sensibilité faible en réalité, se voit affecter une sensibilité relativement importante par la méthode proposée. Il est probable que le bruit corrélé entre les antennes soit compensé par la régularisation sur le gradient pour les antennes 1 à 7, et qu'il soit reporté sur l'antenne 8. Il serait donc préférable, comme dans [Pruessmann *et al.*, 2001],

d'introduire la matrice de corrélation de bruits, et de travailler sur un jeu d'antennes virtuel, parfaitement découplé.

D'autres problèmes de reconstruction pourraient être décrits par des problèmes d'optimisation couplés :

- La prise en compte de la dépendance explicite des sensibilités d'antennes en temps lors de la correction de mouvements que nous avons proposée (cas où les antennes sont mobiles, ou encore lorsque les sensibilités varient avec la respiration en raison des variations de charge de l'antenne) ;
- La modélisation des variations d'intensités dues, par exemple, à l'injection d'un produit de contraste ;
- La correction d'artéfacts dus aux hétérogénéités de B_0 ou B_1 , en introduisant dans la chaîne d'acquisition des cartes de B_0 ou de B_1 (par exemple pour la détermination d'images en eau et en graisse);
- La correction d'artéfacts spécifiques à certaines séquences ou trajectoires (déphasages lors des séquences EPI ou multi-écho, déformations de trajectoires lors d'acquisitions en spirales...).

En fait, toute perturbation de l'acquisition, de préférence linéarisable, pourrait être modélisée de cette façon (dans les limites permettant l'optimisation). Dans le cas où plusieurs sources de perturbations sont présentes, le système est composé de plusieurs problèmes d'optimisation couplés (plus de 2), que l'on pourrait résoudre par une méthode de type point fixe. Cela reviendrait à optimiser le résidu de reconstruction par rapport à un seul modèle à la fois, les coefficients de tous les autres modèles de perturbation étant fixés.

Bibliographie

- [Abaecherli, 2005] Abaecherli, R. 2005. *Restauration et Analyse de l'ECG acquis pendant les examens d'imagerie à résonance magnétique*. Ph.D. thesis, IAEM Lorraine.
- [Abaecherli et al. , 2005] Abaecherli, R., Pasquier, C., Odille, F., Kraemer, M., Schmid, J-J., & Felblinger, J. 2005. Suppression of MR gradient artefacts on electrophysiological signals based on an adaptive real-time filter with LMS coefficient updates. *Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology, and Medicine*, **18**(1), 41–50.
- [Ablitt et al. , 2004a] Ablitt, Nicholas A, Gao, Jianxin, Keegan, Jennifer, Stegger, Lars, Firmin, David N, & Yang, Guang-Zhong. 2004a. Predictive cardiac motion modeling and correction with partial least squares regression. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, **23**(10), 1315–1324.
- [Ablitt et al. , 2004b] Ablitt, Nicholas A, Gatehouse, Peter D, Firmin, David N, & Yang, Guang-Zhong. 2004b. Respiratory reordered UNFOLD perfusion imaging. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, **20**(5), 817–825.
- [Ahn et al. , 1986] Ahn, C. B., Kim, J. H., & Cho, Z. H. 1986. High-speed spiral-scan echo planar NMR imaging - Part 1. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, **MI-5**(1), 2–7.
- [Atkinson et al. , 1999] Atkinson, D., Hill, D. L., Stoyke, P. N., Summers, P. E., Clare, S., Bowtell, R., & Keevil, S. F. 1999. Automatic compensation of motion artifacts in MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, **41**(1), 163–170.
- [Aubert et al. , 1999] Aubert, G., Deriche, R., & Kornprobst, P. 1999. Computing Optical Flow via Variational Techniques. *SIAM Journal on Applied Mathematics*, **60**, 156–182.
- [Bailes et al. , 1985] Bailes, D. R., Gilderdale, D. J., Bydder, G. M., Collins, A. G., & Firmin, D. N. 1985. Respiratory ordered phase encoding (ROPE): a method for reducing respiratory motion artefacts in MR imaging. *Journal of Computer Assisted Tomography*, **9**(4), 835–838.
- [Bammer et al. , 2007] Bammer, Roland, Aksoy, Murat, & Liu, Chunlei. 2007. Augmented generalized SENSE reconstruction to correct for rigid body motion. *Magnetic Resonance in Medicine*, **57**(1), 90–102.
- [Batchelor et al. , 2005] Batchelor, P. G., Atkinson, D., Irrarrazaval, P., Hill, D. L G, Hajnal, J., & Larkman, D. 2005. Matrix description of general motion correction applied to multishot images. *Magnetic Resonance in Medicine*, **54**(5), 1273–1280.
- [Bernstein et al. , 2004] Bernstein, Matt A., King, Kevin F., & Zhou, Xiaohong Joe. 2004. *Handbook of MRI Pulse Sequences*. Elsevier.

- [Blackall *et al.* , 2006] Blackall, J. M., Ahmad, S., Miquel, M. E., McClelland, J. R., Landau, D. B., & Hawkes, D. J. 2006. MRI-based measurements of respiratory motion variability and assessment of imaging strategies for radiotherapy planning. *Physics in Medicine and Biology*, **51**(17), 4147–4169.
- [Brox, 2005] Brox, T. 2005. *From Pixels to Regions: Partial Differential Equations in Image Analysis*. Ph.D. thesis, Saarland University.
- [Brox *et al.* , 2004] Brox, T., Bruhn, A., Papenberg, N., & Weickert, J. 2004. High Accuracy Optical Flow Estimation Based on a Theory for Warping. *Pages 25–36 of:8th European Conference on Computer Vision, Prague, Czech Republic*, vol. vol. 4. Springer LNCS 3024, T. Pajdla and J. Matas (Eds.).
- [Bydder *et al.* , 2002] Bydder, M., Larkman, D. J., & Hajnal, J. V. 2002. Detection and elimination of motion artifacts by regeneration of k-space. *Magnetic Resonance in Medicine*, **47**(4), 677–686.
- [Carlson, 1987] Carlson, J. W. 1987. An algorithm for NMR imaging reconstruction based on multiple RF receiver coils. *Journal of Magnetic Resonance*, **74**, 376–380.
- [Chan & Shen, 2002] Chan, T., & Shen, J. 2002. Mathematical Models for local nontexture inpaintings. *SIAM Journal on Applied Mathematics*, **62**, 1019–1043.
- [Chefd'Hotel *et al.* , 2001] Chefd'Hotel, C., Hermosillo, G., & Faugeras, O. 2001 (13 July). A variational approach to multi-modal image matching. *Pages 21–28 of:Variational and Level Set Methods in Computer Vision, 2001. Proceedings. IEEE Workshop on*.
- [Christensen *et al.* , 1996] Christensen, G. E., Rabbitt, R. D., & Miller, M. I. 1996. Deformable templates using large deformation kinematics. *IEEE Transactions on Image Processing*, **5**(10), 1435–1447.
- [Costa *et al.* , 2005] Costa, Andreu F, Petrie, Daniel W, Yen, Yi-Fen, & Drangova, Maria. 2005. Using the axis of rotation of polar navigator echoes to rapidly measure 3D rigid-body motion. *Magnetic Resonance in Medicine*, **53**(1), 150–158.
- [Coutts *et al.* , 1998] Coutts, G. A., Gilderdale, D. J., Chui, M., Kasuboski, L., & DeSouza, N. M. 1998. Integrated and interactive position tracking and imaging of interventional tools and internal devices using small fiducial receiver coils. *Magnetic Resonance in Medicine*, **40**(6), 908–913.
- [Crowe *et al.* , 2004] Crowe, Mark E, Larson, Andrew C, Zhang, Qiang, Carr, James, White, Richard D, Li, Debiao, & Simonetti, Orlando P. 2004. Automated rectilinear self-gated cardiac cine imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, **52**(4), 782–788.
- [Damadian, 1971] Damadian, R. 1971. Tumor detection by nuclear magnetic resonance. *Science*, **171**(976), 1151–1153.

- [Danas *et al.*, 1997] Danas, P. G., McConnell, M. V., Khasgiwala, V. C., Chuang, M. L., Edelman, R. R., & Manning, W. J. 1997. Prospective navigator correction of image position for coronary MR angiography. *Radiology*, **203**(3), 733–736.
- [de Jong, 1993] de Jong, S. 1993. SIMPLS: An alternative approach to partial least squares regression. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, **18**, 251–263.
- [Denslow & Buckles, 1993] Denslow, S., & Buckles, D. S. 1993. Pulse oximetry-gated acquisition of cardiac MR images in patients with congenital cardiac abnormalities. *American Journal of Roentgenology*, **160**(4), 831–833.
- [Dowsey *et al.*, 2006] Dowsey, Andrew W, Keegan, Jennifer, Lerotic, Mirna, Thom, Simon, Firmin, David, & Yang, Guang-Zhong. 2006. Motion-compensated MR valve imaging with COMB tag tracking and super-resolution enhancement. *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention International Conference*, **9**(Pt 2), 364–371.
- [Felblinger & Boesch, 1997] Felblinger, J., & Boesch, C. 1997. Amplitude demodulation of the electrocardiogram signal (ECG) for respiration monitoring and compensation during MR examinations. *Magnetic Resonance in Medicine*, **38**(1), 129–136.
- [Felblinger *et al.*, 1999] Felblinger, J., Slotboom, J., Kreis, R., Jung, B., & Boesch, C. 1999. Restoration of electrophysiological signals distorted by inductive effects of magnetic field gradients during MR sequences. *Magnetic Resonance in Medicine*, **41**(4), 715–721.
- [Geladi & Kowalski, 1986] Geladi, P., & Kowalski, B. 1986. Partial least-squares regression: A tutorial. *Analytica Chimica Acta*, **185**, 1–17.
- [Glover & Pauly, 1992] Glover, G. H., & Pauly, J. M. 1992. Projection reconstruction techniques for reduction of motion effects in MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, **28**(2), 275–289.
- [Griswold *et al.*, 2002] Griswold, Mark A, Jakob, Peter M, Heidemann, Robin M, Nittka, Mathias, Jellus, Vladimir, Wang, Jianmin, Kiefer, Berthold, & Haase, Axel. 2002. Generalized autocalibrating partially parallel acquisitions (GRAPPA). *Magnetic Resonance in Medicine*, **47**(6), 1202–1210.
- [Haacke & Patrick, 1986] Haacke, E.M., & Patrick, J.L. 1986. Reducing motion artifacts in two-dimensional Fourier transform imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, **4**, 359–76.
- [Haacke *et al.*, 1999] Haacke, Mark E., Brown, Robert W., Thompson, Michael R., & Venkatesan, Ramesh. 1999. *Magnetic Resonance Imaging: Physical Principles and Sequence Design*. Wiley-Liss.
- [Hackenbroch *et al.*, 2005] Hackenbroch, M., Nehrke, K., Gieseke, J., Meyer, C., Tiemann, K., Litt, H., Dewald, O., Naehle, C. P., Schild, H., & Sommer, T. 2005. 3D motion adapted gating (3D MAG): a new navigator technique for accelerated acquisition of free breathing navigator gated 3D coronary MR-angiography. *European Radiology*, **15**(8), 1598–1606.

- [Hawkes *et al.* , 2005] Hawkes, D. J., Barratt, D., Blackall, J. M., Chan, C., Edwards, P. J., Rhode, K., Penney, G. P., McClelland, J., & Hill, D. L G. 2005. Tissue deformation and shape models in image-guided interventions: a discussion paper. *Medical Image Analysis*, **9**(2), 163–175.
- [Hennig *et al.* , 1986] Hennig, J., Nauerth, A., & Friedburg, H. 1986. RARE imaging: a fast imaging method for clinical MR. *Magnetic Resonance in Medicine*, **3**(6), 823–833.
- [Hermosillo, 2002] Hermosillo, G. 2002. *Variational methods for multimodal image matching*. Ph.D. thesis, Université de Nice-Sophia-Antipolis.
- [Horn & Schunck, 1981]Horn, Berthold K.P., & Schunck, Brian G. 1981. Determining optical flow. *Artificial Intelligence*, **17**, 185–203.
- [Intel, n.d.] Intel. *OpenCV: Open Source Computer Vision Library*.
- [Keegan *et al.* , 2006] Keegan, Jennifer, Gatehouse, Peter D, Prasad, Sanjay K, & Firmin, David N. 2006. Improved turbo spin-echo imaging of the heart with motion-tracking. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, **24**(3), 563–570.
- [Kyriakos *et al.* , 2000] Kyriakos, W. E., Panych, L. P., Kacher, D. F., Westin, C. F., Bao, S. M., Mulkern, R. V., & Jolesz, F. A. 2000. Sensitivity profiles from an array of coils for encoding and reconstruction in parallel (SPACE RIP). *Magnetic Resonance in Medicine*, **44**(2), 301–308.
- [Larson *et al.* , 2004] Larson, Andrew C, White, Richard D, Laub, Gerhard, McVeigh, Elliot R, Li, Debiao, & Simonetti, Orlando P. 2004. Self-gated cardiac cine MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, **51**(1), 93–102.
- [Lauterbur, 1973] Lauterbur, P.C. 1973. Image Formation by Induced Local Interactions: Examples Employing Nuclear Magnetic Resonance. *Nature*, **242**, 190 – 191.
- [Lucas & Kanade, 1981]Lucas, B. D., & Kanade, T. 1981. An Iterative Image Registration Technique with an Application to Stereo Vision. *Pages 121–130 of:Proceedings of Imaging Understanding Workshop*.
- [Madore *et al.* , 1999] Madore, B., Glover, G. H., & Pelc, N. J. 1999. Unaliasing by fourier-encoding the overlaps using the temporal dimension (UNFOLD), applied to cardiac imaging and fMRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, **42**(5), 813–828.
- [Madore, 2004]Madore, Bruno. 2004. UNFOLD-SENSE: a parallel MRI method with self-calibration and artifact suppression. *Magnetic Resonance in Medicine*, **52**(2), 310–320.
- [Maes *et al.* , 1997] Maes, F., Collignon, A., Vandermeulen, D., Marchal, G., & Suetens, P. 1997. Multimodality image registration by maximization of mutual information. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, **16**(2), 187–198.

- [Manke *et al.* , 2002] Manke, Dirk, Roesch, Peter, Nehrke, Kay, Boernert, Peter, & Doessel, Olaf. 2002. Model evaluation and calibration for prospective respiratory motion correction in coronary MR angiography based on 3-D image registration. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, **21**(9), 1132–1141.
- [Manke *et al.* , 2003] Manke, Dirk, Nehrke, Kay, & Boernert, Peter. 2003. Novel prospective respiratory motion correction approach for free-breathing coronary MR angiography using a patient-adapted affine motion model. *Magnetic Resonance in Medicine*, **50**(1), 122–131.
- [Mansfield, 1977] Mansfield, P. 1977. Multi-planar image formation using NMR spin echoes. *Journal of Physics C: Solid State Physics*, **10**, L55–L58.
- [Mansfield & Maudsley, 1976] Mansfield, P., & Maudsley, A. A. 1976. Planar spin imaging by NMR. *Journal of Physics C: Solid State Physics*, **9**(Aug.), L409–L412.
- [Margosian *et al.* , 1986] Margosian, P., Schmitt, F., & Purdy, D. 1986. Faster MR imaging: Imaging with half the data. *Health Care Instrumentation*, **1**(6), 195–197.
- [McLeish *et al.* , 2002] McLeish, K., Hill, D.L.G., Atkinson, D., Blackall, J.M., & Razavi, R. 2002. A study of the motion and deformation of the heart due to respiration. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, **21**(9), 1142–1150.
- [Meyer *et al.* , 1992] Meyer, C. H., Hu, B. S., Nishimura, D. G., & Macovski, A. 1992. Fast spiral coronary artery imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, **28**(2), 202–213.
- [Murakami *et al.* , 1996] Murakami, J. W., Hayes, C. E., & Weinberger, E. 1996. Intensity correction of phased-array surface coil images. *Magnetic Resonance in Medicine*, **35**(4), 585–590.
- [Naes & Martens, 1984] Naes, Tormod, & Martens, Harald. 1984. MULTIVARIATE CALIBRATION. II. CHEMOMETRIC METHODS. *TrAC - Trends in Analytical Chemistry*, **3**(10), 266–271.
- [Nehrke *et al.* , 2001] Nehrke, K., Boernert, P., Manke, D., & Boeck, J. C. 2001. Free-breathing cardiac MR imaging: study of implications of respiratory motion—initial results. *Radiology*, **220**(3), 810–815.
- [Nehrke & Boernert, 2005] Nehrke, Kay, & Boernert, Peter. 2005. Prospective correction of affine motion for arbitrary MR sequences on a clinical scanner. *Magnetic Resonance in Medicine*, **54**(5), 1130–1138.
- [Noll *et al.* , 1991] Noll, Douglas C., Nishimura, Dwight G., & Macovski, Albert. 1991. Homodyne detection in magnetic resonance imaging. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, **10**(2), 154–163.
- [Odille *et al.* , 2006] Odille, F., Pasquier, C., Abaecherli, R., Vuissoz, P.-A., Zientara, G. P., & Felblinger, J. 2006. Real-time electrocardiogram artifact correction using a finite impulse response

filter signal processing method and computer system. *In:Proceedings 14th Scientific Meeting, International Society for Magnetic Resonance in Medicine, Seattle.*

[Odille *et al.* , 2007a] Odille, F., Cîndea, N., Pasquier, C., Vuissoz, P., & Felblinger, J. 2007a. Generalized MRI reconstruction including elastic physiological motion and coil sensitivity encoding. *Article soumis à Magnetic Resonance in Medicine.*

[Odille *et al.* , 2007b] Odille, F., Pasquier, C., Vuissoz, P.-A., & Felblinger, J. 2007b. Linear predictive modeling of patient motion using external sensors. *In:Proceedings 15th Scientific Meeting, International Society for Magnetic Resonance in Medicine, Berlin.*

[Odille *et al.* , 2007c] Odille, F., Pasquier, C., Vuissoz, P.-A., & Felblinger, J. 2007c. Motion artifact correction in cardiac MRI as an irregularly sampled parallel imaging reconstruction. *In:Proceedings 15th Scientific Meeting, International Society for Magnetic Resonance in Medicine, Berlin.*

[Odille *et al.* , 2007d] Odille, F., Pasquier, C., Abaecherli, R., Vuissoz, P.-A., Zientara, G. P., & Felblinger, J. 2007d. Noise Cancellation Signal Processing Method and Computer System for Improved Real-Time Electrocardiogram Artifact Correction during MRI Data Acquisition. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, **54**(Mar), 630–640.

[Odille *et al.* , 2007e] Odille, F., Pasquier, C., Vuissoz, P., & Felblinger, J. 2007e. Variational method based predictive modeling of physiological motion for adaptive MRI. *Article soumis à IEEE Transactions on Medical Imaging.*

[Oster *et al.* , 2007] Oster, J, Odille, F., Bosser, G., Piétquin, O., Pasquier, C., Vuissoz, P.-A., & Felblinger, J. 2007. Adaptive Prediction of RR interval for online MR parameters changes. *In:Proceedings 15th Scientific Meeting, International Society for Magnetic Resonance in Medicine, Berlin.*

[Petitjean, 2003] Petitjean, C. 2003. *Recalage non rigide d'images par approches variationnelles statistiques : Application à l'analyse et à la modélisation de la fonction myocardique en IRM.* Ph.D. thesis, Université René Descartes - Paris V.

[Petrie *et al.* , 2005] Petrie, Daniel W, Costa, Andreu F, Takahashi, Atsushi, Yen, Yi-Fen, & Drangova, Maria. 2005. Optimizing spherical navigator echoes for three-dimensional rigid-body motion detection. *Magnetic Resonance in Medicine*, **53**(5), 1080–1087.

[Pipe, 1999] Pipe, J. G. 1999. Motion correction with PROPELLER MRI: application to head motion and free-breathing cardiac imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, **42**(5), 963–969.

[Plathow *et al.* , 2006] Plathow, Christian, Ley, Sebastian, Zaporozhan, Julia, Schiöbinger, Max, Gruenig, Ekkehard, Puderbach, Michael, Eichinger, Monika, Meinzer, Hans-Peter, Zuna, Ivan, & Kauczor, Hans-Ulrich. 2006. Assessment of reproducibility and stability of different breath-hold

maneuvers by dynamic MRI: comparison between healthy adults and patients with pulmonary hypertension. *European Radiology*, **16**(1), 173–179.

[Pluim *et al.*, 2003] Pluim, J.P.W., Maintz, J.B.A., & Viergever, M.A. 2003. Mutual-information-based registration of medical images: a survey. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, **22**(8), 986–1004.

[Priatna *et al.*, 1999] Priatna, A., Paschal, C. B., & Shiavi, R. G. 1999. Evaluation of linear diaphragm-chest expansion models for magnetic resonance imaging motion artifact correction. *Computers in Biology and Medicine*, **29**(2), 111–127.

[Pruessmann *et al.*, 1999] Pruessmann, K. P., Weiger, M., Scheidegger, M. B., & Boesiger, P. 1999. SENSE: sensitivity encoding for fast MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, **42**(5), 952–962.

[Pruessmann *et al.*, 2001] Pruessmann, K. P., Weiger, M., Boernert, P., & Boesiger, P. 2001. Advances in sensitivity encoding with arbitrary k-space trajectories. *Magnetic Resonance in Medicine*, **46**(4), 638–651.

[Rudin *et al.*, 1992] Rudin, Leonid I., Osher, Stanley, & Fatemi, Emad. 1992. Nonlinear total variation based noise removal algorithms. *Physica D*, **60**, 259–268.

[Rueckert *et al.*, 1999] Rueckert, D., Sonoda, L. I., Hayes, C., Hill, D. L., Leach, M. O., & Hawkes, D. J. 1999. Nonrigid registration using free-form deformations: application to breast MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, **18**(8), 712–721.

[Sachs *et al.*, 1994] Sachs, T. S., Meyer, C. H., Hu, B. S., Kohli, J., Nishimura, D. G., & Macovski, A. 1994. Real-time motion detection in spiral MRI using navigators. *Magnetic Resonance in Medicine*, **32**(5), 639–645.

[Sodickson & Manning, 1997] Sodickson, D. K., & Manning, W. J. 1997. Simultaneous acquisition of spatial harmonics (SMASH): fast imaging with radiofrequency coil arrays. *Magnetic Resonance in Medicine*, **38**(4), 591–603.

[Stuber *et al.*, 1999] Stuber, M., Botnar, R. M., Danias, P. G., Kissinger, K. V., & Manning, W. J. 1999. Submillimeter three-dimensional coronary MR angiography with real-time navigator correction: comparison of navigator locations. *Radiology*, **212**(2), 579–587.

[Tsao *et al.*, 2003] Tsao, Jeffrey, Boesiger, Peter, & Pruessmann, Klaas P. 2003. k-t BLAST and k-t SENSE: dynamic MRI with high frame rate exploiting spatiotemporal correlations. *Magnetic Resonance in Medicine*, **50**(5), 1031–1042.

[Uribe *et al.*, 2007] Uribe, Sergio, Muthurangu, Vivek, Boubertakh, Redha, Schaeffter, Tobias, Razavi, Reza, Hill, Derek L G, & Hansen, Michael S. 2007. Whole-heart cine MRI using real-time respiratory self-gating. *Magnetic Resonance in Medicine*, **57**(3), 606–613.

- [van der Kouwe *et al.* , 2006] van der Kouwe, André J W, Benner, Thomas, & Dale, Anders M. 2006. Real-time rigid body motion correction and shimming using cloverleaf navigators. *Magnetic Resonance in Medicine*, **56**(5), 1019–1032.
- [Vogel & Oman, 1996] Vogel, C. R., & Oman, M. E. 1996. Iterative Methods for Total Variation Denoising. *SIAM Journal on Scientific Computing*, **17**(1), 227–238.
- [Vogel & Oman, 1998] Vogel, C.R., & Oman, M.E. 1998. Fast, robust total variation-based reconstruction of noisy, blurred images. *IEEE Transactions on Image Processing*, **7**(6), 813–824.
- [Vuissoz *et al.* , 2007] Vuissoz, P.-A., Odille, F., Pasquier, C., & Hoge, W. and Kyriakos, W. and Felblinger J. 2007. Faulty trigger and motion artifact canceling in cardiac MRI using SPACE-RIP. *In: Proceedings 15th Scientific Meeting, International Society for Magnetic Resonance in Medicine, Berlin*.
- [Wang *et al.* , 1995] Wang, Y., Riederer, S. J., & Ehman, R. L. 1995. Respiratory motion of the heart: kinematics and the implications for the spatial resolution in coronary imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, **33**(5), 713–719.
- [Weickert & Schnoerr, 2001] Weickert, J., & Schnoerr, C. 2001. Variational optic flow computation with a spatio-temporal smoothness constraint. *Journal of Mathematical Imaging and Vision*, **14**(3), 245–255.
- [Welch *et al.* , 2002] Welch, Edward Brian, Manduca, Armando, Grimm, Roger C, Ward, Heidi A, & Jack, Clifford R. 2002. Spherical navigator echoes for full 3D rigid body motion measurement in MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, **47**(1), 32–41.
- [Wiesinger *et al.* , 2004a] Wiesinger, Florian, Boesiger, Peter, & Pruessmann, Klaas P. 2004a. Electrodynamics and ultimate SNR in parallel MR imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, **52**(2), 376–390.
- [Wiesinger *et al.* , 2004b] Wiesinger, Florian, de Moortele, Pierre-Francois Van, Adriany, Gregor, Zanche, Nicola De, Ugurbil, Kamil, & Pruessmann, Klaas P. 2004b. Parallel imaging performance as a function of field strength—an experimental investigation using electrodynamic scaling. *Magnetic Resonance in Medicine*, **52**(5), 953–964.
- [Willig-Onwuachi *et al.* , 2005] Willig-Onwuachi, Jacob D, Yeh, Ernest N, Grant, Aaron K, Ohliger, Michael A, McKenzie, Charles A, & Sodickson, Daniel K. 2005. Phase-constrained parallel MR image reconstruction. *Journal of Magnetic Resonance*, **176**(2), 187–198.
- [Winkelmann *et al.* , 2005] Winkelmann, Richard, Börner, Peter, & Dössel, Olaf. 2005. Ghost artifact removal using a parallel imaging approach. *Magnetic Resonance in Medicine*, **54**(4), 1002–1009.

[Wood & Henkelman, 1985] Wood, M. L., & Henkelman, R. M. 1985. MR image artifacts from periodic motion. *Medical Physics*, **12**, 143–151.

[Wu *et al.* , 2006] Wu, Qian, Chung, Adrian J, & Yang, Guang-Zhong. 2006. Optimal sensor placement for predictive cardiac motion modeling. *Proceedings 9th International Conference, Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention, Copenhagen*, **9**(Pt 2), 512–519.

[Yeh *et al.* , 2005] Yeh, Ernest N, McKenzie, Charles A, Ohliger, Michael A, & Sodickson, Daniel K. 2005. Parallel magnetic resonance imaging with adaptive radius in k-space (PARS): constrained image reconstruction using k-space locality in radiofrequency coil encoded data. *Magnetic Resonance in Medicine*, **53**(6), 1383–1392.

Titre : Imagerie Adaptative en IRM : Utilisation des Informations de Mouvements Physiologiques pour l'Optimisation des Processus d'Acquisition et de Reconstruction.

Résumé : L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique d'imagerie relativement lente. Les mouvements du patient, en particulier en imagerie cardiaque et abdominale, constituent un obstacle important, venant perturber le processus d'encodage spatial nécessaire à la réalisation d'une image. Ces mouvements induisent des dégradations de l'image, appelées artéfacts, qui prennent des formes complexes du fait que cet encodage est réalisé dans un espace inhabituel (espace hybride Fourier/sensibilités d'antennes). Les méthodes généralement utilisées (apnée du patient, synchronisation de l'acquisition avec l'électrocardiogramme) sont imparfaites et ne sont pas toujours applicables. A l'aide d'une plateforme spécialement développée pour l'acquisition et l'analyse des données physiologiques pendant l'examen IRM, nous proposons d'intégrer des informations de mouvement *a priori*, à différents niveaux des processus d'acquisition et de reconstruction, avec un intérêt particulier pour la correction des erreurs d'encodage spatial. Nous construisons un modèle prédictif permettant d'estimer les champs de déplacements élastiques dans le plan ou le volume imagé, à partir de combinaisons linéaires des signaux fournis par la plateforme. Puis nous définissons un cadre de reconstruction généralisé permettant d'inclure les données de déplacements prédites par le modèle, afin de reconstruire une image corrigée, minimisant ainsi les artéfacts de mouvement. Les hypothèses et conditions de validité sont analysées, et le modèle prédictif ainsi que les différentes méthodes de reconstruction proposées sont validés sur des données réelles, cardiaques et abdominales, de sujets sains.

Mots clés : Imagerie par résonance magnétique, reconstruction d'images, artéfacts, correction de mouvements, modélisation de mouvements.

Title: Adaptive imaging in MRI: Optimization of Image Acquisition and Reconstruction using Physiological Motion Information.

Abstract: Magnetic resonance imaging (MRI) is a relatively slow imaging technique. In the context of cardiac and abdominal imaging, patient motion is a major impediment that disturbs the spatial encoding process needed to form an image. Motion results in image deteriorations, called artifacts. These artifacts can take complex forms as this encoding occurs in an unusual space (Fourier/coil sensitivity hybrid space). Generally the patient is asked for a breathhold in order to minimize the influence of respiration, and the acquisition is synchronized to the electrocardiogram in order to handle cardiac contraction. These methods are imperfect and not always applicable, and therefore alternative approaches are desirable. We propose to integrate prior knowledge in the acquisition and reconstruction processes, based on a specially designed platform, developed to acquire and analyze physiological data during the MRI examination. Various solutions are investigated to implement this adaptive imaging, with special care to the correction of motion induced spatial encoding errors. For that purpose, we build a predictive model that allows elastic displacement fields in the field of view to be predicted, from linear combinations of signals provided by the platform. Then we define a generalized reconstruction framework in which predicted displacement data are included, leading to the reconstruction of a motion-compensated image. The hypotheses are analyzed, and the predictive model, as well as the proposed reconstruction methods, are validated on real cardiac and abdominal data from healthy volunteers, in 2D and 3D free breathing scans.

Keywords: Magnetic resonance imaging, image reconstruction, artifacts, motion correction, motion modeling.