



HAL
open science

Mise en oeuvre d'un système de reconstruction adaptif pour l'IRM 3D des organes en mouvement

Anne Menini

► **To cite this version:**

Anne Menini. Mise en oeuvre d'un système de reconstruction adaptif pour l'IRM 3D des organes en mouvement. Autre. Université de Lorraine, 2013. Français. NNT : 2013LORR0289 . tel-01750641

HAL Id: tel-01750641

<https://hal.univ-lorraine.fr/tel-01750641>

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>

Thèse
présentée pour l'obtention du titre de
Docteur en Sciences de l'Université de Lorraine
École Doctorale IAEM – Mention Automatique
par **Anne Menini**

Mise en œuvre d'un système de reconstruction adaptatif pour l'IRM 3D des organes en mouvement

(Soutenance le 9 décembre 2013)

Rapporteurs :

M. Frank Kober Chargé de Recherche, CNRS, Marseille
M. Bruno Madore Professeur Associé, Harvard, Boston

Président :

M. Tobias Schäffter Professeur, King's College, Londres

Examineurs :

M. Jacques Felblinger Professeur, Université de Lorraine, Nancy (Directeur de thèse)
M. Freddy Odille Chargé de Recherche, INSERM, Nancy (Co-directeur de thèse)

Membre invité :

Mme. Anja Brau Directeur Scientifique - Manager, GE Healthcare, Munich

Anne Menini : Mise en œuvre d'un système de reconstruction adaptatif pour l'IRM 3D des organes en mouvement, *ou comment tirer le meilleur parti des variations du signal IRM telles que le mouvement et le contraste*

Final Version as of 17 octobre 2013 (classicthesis version 1.0).



Je ne sais qu'une chose, c'est que je ne sais rien.
– Socrate

Un problème compliqué n'est toujours qu'un mille-feuille de choses simples ...
– "Zanzan"
... ce qui est compliqué, c'est l'empilement ; mais qu'est-ce que c'est bon !
– "Nanette"

à ceux qui m'ont portée et supportée jusque là
– à mes parents, à Steren

Remerciements

(à écrire pour la version finale)

Résumé

L’Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) présente deux caractéristiques principales. La première, sa capacité à manipuler le contraste, constitue son principal avantage par rapport aux autres modalités d’imagerie. Cela permet d’obtenir des informations complémentaires pour une meilleure détectabilité et une meilleure précision dans le diagnostic. Cela est particulièrement appréciable pour les pathologies du myocarde. La seconde caractéristique de l’IRM est également l’un de ces principaux inconvénients : le processus d’acquisition est relativement lent. De ce fait, les mouvements du patient constituent un obstacle important puisqu’ils perturbent ce processus d’acquisition, ce qui se traduit par des artéfacts dans l’image reconstruite. L’imagerie cardiaque et abdominale sont donc particulièrement sensibles à cette problématique du mouvement. L’objectif de cette thèse est donc de proposer une méthode de correction de mouvement intégrable dans un contexte multi-contraste. Nous avons étudié dans un premier temps la question de la correction de mouvement seule. Pour cela, nous nous sommes plus particulièrement intéressés à la méthode GRICS déjà développée au laboratoire IADI. Cette méthode permet la reconstruction conjointe d’une image sans artéfact et d’un modèle de mouvement non rigide permettant de corriger les déplacements qui surviennent pendant l’acquisition. Le premier apport majeur de cette thèse a consisté à améliorer la méthode GRICS, notamment pour l’adapter à l’imagerie volumique 3D. Il s’agit d’une nouvelle méthode de régularisation adaptative particulièrement adaptée au problème inverse posé dans GRICS. Le second apport majeur de cette thèse a consisté à gérer la correction de mouvement GRICS de manière conjointe sur des acquisitions présentant des contrastes différents. Il s’agit de concevoir l’examen IRM comme un tout et d’exploiter au mieux les informations partagées entre les différents contrastes. Toutes ces méthodes ont été appliquées et validées par des simulations, des tests sur fantôme, sur volontaires sains et sur des patients dans le cadre d’études cliniques. L’application cardiaque a été particulièrement visée. Les méthodes développées ont permis d’améliorer le processus d’acquisition et de reconstruction dans le contexte clinique réel.

Mots clés

Imagerie par Résonance Magnétique, reconstruction d’image, problème inverse, correction de mouvement, déformation non-rigide, multi-contraste, imagerie cardiaque

Abstract

Magnetic Resonance Imaging (MRI) has two main features. The first one, its ability to manipulate contrast, is a major advantage compared to the other imaging modalities. It allows to access complementary information for a better detectability and a more accurate diagnosis. This is especially useful for myocardial pathologies. The second feature of MRI is also one of its main drawbacks: the acquisition process is slow. Therefore, patient motion is a significant obstacle because it disturbs the acquisition process, which leads to artifacts in the reconstructed image. Cardiac and thoracic imaging are particularly sensitive to this motion issue. The aim of this thesis is to develop a new motion correction method that can be integrated into a multi-contrast workflow. In a first step, we studied the motion correction problem separately. To do so, we focused more particularly on the GRICS method which was already developed in the IADI laboratory. This method allows the joint reconstruction of an artifact-free image and a non-rigid motion model that describes the displacements occurring during the acquisition. The first major contribution of this thesis is an improvement of the GRICS method consisting mainly in adapting it to 3D imaging. This was achieved with a new adaptive regularization method that particularly suits the inverse problem posed in GRICS. The second major contribution of this thesis consists in the simultaneous motion correction of multiple acquisitions with different contrasts. To do so, the MRI examination is considered as a whole. Thus we make the most of information shared between the different contrasts. All these methods have been applied and validated by simulations, tests on phantom, on healthy volunteers and on patients as part of clinical studies. We focused more particularly on cardiac MR. Finally the developed methods improve the acquisition and reconstruction workflow in the framework of a real clinical setup.

Keywords

Magnetic Resonance Imaging, image reconstruction, inverse problem, motion correction, non-rigid distortion, multi-contrast, cardiac imaging

Sommaire

Remerciements	v
Résumé	vii
Abstract	ix
Sommaire	xi
Liste des figures	xiv
Liste des algorithmes	xvii
Notations et abréviations	xviii
INTRODUCTION	xxi
I LE MOUVEMENT EN IRM	3
1 LE MOUVEMENT EN IRM : AMI OU ENNEMI ?	5
1.1 Caractérisation des mouvements rencontrés	6
1.1.1 Pseudo-périodicité	6
1.1.2 Mouvements non périodiques	10
1.2 Consistance des données	11
1.2.1 L'acquisition en IRM : un processus séquentiel	11
1.2.2 Impact du mouvement intra TR	14
1.2.3 Impact du mouvement inter TR	15
1.2.4 Impact du mouvement inter séquence	17
1.2.5 Généralisation	17
1.3 Une information valorisable	18
1.3.1 Analyse du mouvement	18
1.3.2 Modélisation du mouvement	19
1.4 Discussion	19
2 CORRIGER ET EXPLOITER LE MOUVEMENT EN IRM	21
2.1 Formalisme mathématique pour la résolution de problèmes inverses	21
2.1.1 Qu'est-ce qu'un problème inverse ?	22
2.1.2 Comment résoudre un problème inverse ?	23
2.1.3 A quoi sert la régularisation ?	28
2.1.4 Ce qu'il faut retenir sur les problèmes inverses	30
2.2 Correction de mouvement inter-acquisition	31
2.2.1 Déformations : hypothèses et mise en œuvre	33
2.2.2 État de l'art du recalage non-rigide	40
2.2.3 Apport de cette thèse : recalage adaptatif	45

2.3	Correction de mouvement intra-acquisition	56
2.3.1	État de l'art	57
2.3.2	Apport de cette thèse : GRICS 3D	68
II	AMÉLIORATION DU PROCESSUS ACQUISITION/RECONSTRUCTION EN IRM	89
3	LE CONTRASTE EN IRM	91
3.1	Le processus acquisition/reconstruction actuel	92
3.1.1	Le contraste en IRM	92
3.1.2	Acquisitions séquentielles et indépendantes?	104
3.2	Vers un processus d'acquisition et de reconstruction multi-contraste .	106
3.2.1	Etat de l'art	106
3.2.2	Accélération de l'acquisition multi-contraste à l'aide de la SVD	109
3.2.3	Debruitage d'images multi-contraste	115
3.3	Discussion	117
4	CORRECTION DE MOUVEMENT POUR L'IRM MULTI-CONTRASTE	119
4.1	Correction de mouvement avec hypothèse sur le contraste	119
4.1.1	T_2 GRICS	121
4.1.2	T_1 GRICS	130
4.1.3	DCE GRICS	135
4.1.4	Discussion	136
4.2	Correction de mouvement sans <i>a priori</i> sur le contraste	136
4.2.1	Recalage d'images multi-contraste	137
4.2.2	Adaptation de GRICS à l'imagerie multi-contraste : MC-GRICS	140
4.3	Discussion autour de la correction de mouvement pour l'imagerie multi-contraste	155
	CONCLUSIONS ET PERSPECTIVES	157
III	ANNEXES	161
A	FICHES TECHNIQUES	163
A.1	Dualité entre l'espace géométrique et l'espace de Fourier	163
A.2	Réflexion autour de la mise en pratique de l'apnée en IRM	167
B	APPROFONDISSEMENTS	169
B.1	Démonstration de l'impact du mouvement intra-TR	169
B.2	Démonstration autour de la transformée hermitienne	171
B.3	Démonstration de l'équation du flux optique	173
B.4	Autre interprétation de l'optimisation du système couplé dans GRICS	174
B.5	Correction de mouvement avec la méthode GRICS pour l'IRM 3D du sein	175
B.6	Correction de mouvement appliquée à la séquence Block-Siegert pour la cartographie B_1	177

PUBLICATIONS	179
BIBLIOGRAPHIE	183

Table des figures

FIGURE 0.1	Évolution du nombre de publications en IRM	xxi
FIGURE 1.1	Comparaison entre une acquisition IRM en apnée et en respiration libre	5
FIGURE 1.2	Le mouvement ventilatoire	7
FIGURE 1.3	Position relative du cœur et des organes alentours	8
FIGURE 1.4	Les trois axes du cœur	9
FIGURE 1.5	Encodage spatial du signal RMN	13
FIGURE 1.6	Transformée de Fourier	14
FIGURE 1.7	Artéfacts de mouvement et repliement	16
FIGURE 2.1	Problème mal posé	26
FIGURE 2.2	Déplacement apparent et déplacement transversal à un plan de coupe 2D	34
FIGURE 2.3	Différence entre modèle de mouvement <i>forward</i> et <i>backward</i>	36
FIGURE 2.4	Déformation et incompressibilité	37
FIGURE 2.5	Approches <i>forward</i> et <i>backward</i> pour les modèles de mouvement linéaires	39
FIGURE 2.6	Illustration de l'équation du flux optique	41
FIGURE 2.7	Modification de la qualité locale	46
FIGURE 2.8	Sélection des points clés de part et d'autre des gradients	47
FIGURE 2.9	Déformation de l'image avec une interpolation linéaire par morceaux	48
FIGURE 2.10	Recalage d'un mouvement respiratoire en 2D	49
FIGURE 2.11	Maillage 2D obtenu pour un recalage d'un mouvement respiratoire	50
FIGURE 2.12	Recalage d'un battement cardiaque en 2D	51
FIGURE 2.13	Champ de déplacements 2D obtenu pour un recalage d'un battement cardiaque	51
FIGURE 2.14	Reconstruction par tri rétrospectif des données en fonction de la position	52
FIGURE 2.15	Recalage d'un mouvement respiratoire en 3D	53
FIGURE 2.16	Champ de déplacements 3D obtenu pour un recalage d'un mouvement respiratoire	54
FIGURE 2.17	Compromis résolution / bruit / durée	58
FIGURE 2.18	Schéma de sous-échantillonnage des principales méthodes d'accélération	61
FIGURE 2.19	Cartes de sensibilité	62
FIGURE 2.20	Opérateur d'encodage pour la reconstruction SENSE	63
FIGURE 2.21	Opérateur d'encodage pour la reconstruction GRICS	66
FIGURE 2.22	Linéarité du modèle de mouvement	71
FIGURE 2.23	Validité du modèle linéaire	72

FIGURE 2.24	Convergence avec la méthode du point fixe	76
FIGURE 2.25	Détail d'une boucle multi-résolution dans GRICS	77
FIGURE 2.26	Description d'une simulation de mouvement non-rigide	82
FIGURE 2.27	Validation <i>in silico</i> de la régularisation adaptative dans GRICS	83
FIGURE 2.28	Correction de mouvement avec GRICS 3D	84
FIGURE 2.29	Validation <i>in vivo</i> de la régularisation adaptative dans GRICS	85
FIGURE 3.1	Capacité à manipuler le contraste en IRM	91
FIGURE 3.2	Relaxation longitudinal et transversale	93
FIGURE 3.3	Schéma d'une séquence en écho de spin	94
FIGURE 3.4	Lien entre la pondération du contraste et les paramètres d'acquisition TE et TR	95
FIGURE 3.5	Préparation du signal avec saturation sélective	97
FIGURE 3.6	TI correspondant à l'annulation du signal du myocarde sain	97
FIGURE 3.7	Principaux types de contraste utilisés en IRM cardiaque	99
FIGURE 3.8	Impact de l'inhomogénéité du champ B_1 sur la quantification T_1	102
FIGURE 3.9	Images pondérées T_2 pour la quantification	103
FIGURE 3.10	Reconstruction multi-contraste avec contrainte sur les gradients	108
FIGURE 3.11	Interprétation de la décomposition en valeurs singulières	110
FIGURE 3.12	Jeu de données utilisé pour la reconstruction multi-contraste	111
FIGURE 3.13	Décomposition SVD de données sous échantillonnées	112
FIGURE 3.14	Résultats de la méthode de reconstruction multi-contraste basée sur la SVD (images)	113
FIGURE 3.15	Résultats de la méthode de reconstruction multi-contraste basée sur la SVD (erreur relative)	114
FIGURE 3.16	Lissage adaptatif des composantes de la SVD	115
FIGURE 3.17	Comparaison des différentes techniques de reconstruction multi-contraste	116
FIGURE 3.18	Etude de la convergence des optimisations standard et alternées	118
FIGURE 4.1	Opérateur d'encodage incluant la variation de contraste et le mouvement	122
FIGURE 4.2	Optimisation alternée itérative de la méthode T_2 -GRICS	124
FIGURE 4.3	Définition des 6 segments du myocarde dans l'orientation petit axe selon l'AHA	126
FIGURE 4.4	Comparaison respiration libre / T_2 -GRICS / apnée	127
FIGURE 4.5	Animation de l'objet test pour la validation de T_1 -GRICS	131
FIGURE 4.6	Résultat de l'algorithme T_1 -GRICS sur fantôme	132
FIGURE 4.7	Résultat de l'algorithme T_1 -GRICS sur fantôme (analyse par région d'intérêt)	132
FIGURE 4.8	Résultat de l'algorithme T_1 -GRICS sur volontaire sain	133
FIGURE 4.9	Egalisation de l'histogramme pour le recalage multi-contraste	138
FIGURE 4.10	Recalage d'images pondérées T_2	139
FIGURE 4.11	Inefficacité de la reconstruction d'images multi-contraste de manière indépendante avec GRICS	140
FIGURE 4.12	Optimisation commune du mouvement	142
FIGURE 4.13	Algorithme MC-GRICS	143

FIGURE 4.14	Cartes de quantification obtenues sur fantôme avec la méthode MC-GRICS	145
FIGURE 4.15	Quantification T_1 par ROI obtenues sur fantôme avec la méthode MC-GRICS	146
FIGURE 4.16	Quantification T_2 par ROI obtenues sur fantôme avec la méthode MC-GRICS	146
FIGURE 4.17	Influence du nombre de répétition sur les différentes méthodes (exemple)	147
FIGURE 4.18	Comparaison des différentes méthodes pour $N_{rep} = 1$	148
FIGURE 4.19	Influence du nombre de répétition sur les différentes méthodes (moyenne)	149
FIGURE 4.20	Résultat de la reconstruction MC-GRICS sur les images pondérées chez un volontaire sain	150
FIGURE 4.21	Impact de la reconstruction MC-GRICS sur les quantifications chez un volontaire	151
FIGURE 4.22	Suivi de la dynamique pre- et post-injection du T_1	152
FIGURE 4.23	Comparaison des méthodes T_2 -GRICS et MC-GRICS	154
FIGURE A.1	Convention	164
FIGURE A.2	Basses et hautes fréquences	164
FIGURE A.3	FOV <i>vs.</i> résolution	164
FIGURE A.4	Sous-échantillonnage <i>vs.</i> repliement	166
FIGURE A.5	Théorème de la ligne centrale	166
FIGURE B.1	Evaluation de GRICS sur le sein	175
FIGURE B.2	Evaluation de GRICS sur la séquence Bloch-Siegert	177

Toutes les illustrations ont été réalisées par l’auteur de ce manuscrit à partir des logiciels suivants :

Inkscape Logiciel libre de dessin vectoriel

Gimp Logiciel libre de traitement d’image

L’ensemble des données médicales (images, signaux physiologiques, espaces-k) utilisées dans ce manuscrit proviennent de la base de données du laboratoire IADI, à l’exception des images acquises à l’aide de la séquence RUFIS provenant de la base de donnée du GE Global Research Center de Munich. Toutes ces données proviennent d’études ayant été préalablement approuvées par le comité d’éthique local et ayant été conduites en accord avec les lois locales concernant la recherche clinique. Un consentement écrit a été signé par chacun des sujets participant à ces études.

Liste des Algorithmes

2.1	Optimisation d'un champ de déplacements à l'aide de l'équation du flux optique	42
2.2	Sélection automation de l'ensemble des points clés Ω	46
2.3	Déformation de l'image	48
2.4	GRICS : Optimisation itératif multi-résolution par optimisation alternée de l'image et du mouvement et méthode du point fixe	78
3.1	Reconstruction multi-contraste avec seuillage itératif sur la SVD	112

Notations et abréviations

Acronymes

CIC-IT	Centre d'Investigation Clinique pour l'Innovation Technologique
ECG	Electro-CardioGramme/Graphe
ECV	<i>Extra-Cellular Volume</i>
DCE	<i>Dynamic Contrast-Enhancement</i>
DMD	Dystrophie Musculaire de Duchenne
FFT	<i>Fast Fourier Transform</i>
GMRES	<i>Generalized Minimal RESidual method</i>
GRICS	<i>Generalized Reconstruction by Inversion of a Coupled System</i>
IADI	Laboratoire d'Imagerie Adaptative, Diagnostic et Interventionnelle
IRM	Imagerie par Résonance Magnétique
NRMSE	<i>Normalized Root Mean Squared Error</i>
RF	Radio Fréquence
RMN	Résonance Magnétique Nucléaire
SAR	<i>Specific Absorption Rate</i>
SNR	<i>Signal to Noise Ratio</i>
SVD	<i>Singular Value Decomposition</i>
TEP	Tomographie par Émission de Positron

Notations

Les notations dans les équations mathématiques ont été utilisées de manière consistante autant que faire se peut. De plus, la plupart de ces notations sont consistantes avec les notations utilisées par Freddy Odille dans son manuscrit de thèse et ses publications. Ci-dessous est décrit la signification des symboles les plus employés.

ρ	Image
s	Données brutes acquises dans le domaine de Fourier
E	Opérateur d'encodage (traduction du processus d'encodage)
R	Opérateur d'optimisation pour le mouvement
W	Opérateur de déformation
α	Paramètres du modèle de mouvement
S	Signaux physiologiques

σ	Carte de sensibilité des éléments d'antenne ou opérateur matriciel de sensibilité
F	Opérateur matriciel de la transformée de Fourier
ξ	Opérateur matriciel correspondant à la sélection des trajectoires dans l'espace-k
∇	Opérateur matriciel des gradients
ρ_r	Image de référence
ρ_f	Image flottante (déformée)
ρ_t	Image cible (<i>target</i>)
ρ_{reg}	Image (flottante) recalée sur l'image cible
\vec{u}^f	Champ de déplacements (approche <i>forward</i>)
\vec{u}^b	Champ de déplacements (approche <i>backward</i>)
λ, μ	Paramètres de pondération des régularisations

Note : Pour des raisons de simplification d'écriture, nous n'avons pas souhaité distinguer les formulations continues des formulations discrètes. D'autre part, la notation W peut soit représenter l'opérateur matriciel de déformation correspondant à un champ de déplacement, soit l'opérateur généralisé qui applique à une image les différents champs de déplacements pour obtenir plusieurs images déformées (resp. S , F , ξ , ∇ , *etc.*). Le ou les opérateurs correspondants sont alors dupliqués ou concaténés dans une matrice plus grande. Le contexte permet toujours de lever cette ambiguïté.

Grandeurs physiques & paramètres de séquences

FSE	<i>Fast Spin Echo</i>
FGRE	<i>Fast GRadient Echo</i>
FIESTA	<i>Fast Imaging Employing STeady-state Acquisition</i>
FSPGR	<i>Fast SPoiled GRadient echo</i>
RUFIS	<i>Rotating Ultra-Fast Imaging Sequence</i>
T	Tesla
T_1	Temps de relaxation longitudinal
T_2	Temps de relaxation transversal
TE	Temps d'Echo
TI	Temps d'Inversion
TR	Temps de Répétition
TS	Temps de Saturation
RR	Intervalle de temps entre deux ondes R de l'ECG
TD	<i>Trigger Delay</i>
ETL	<i>Echo Train Length</i>
ESP	<i>Echo SPacing</i>

B_0	Champ magnétique principal
B_1	Champ magnétique de l'onde RF

Introduction

L'IRM : Imagerie par Résonance Magnétique L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) est une modalité d'imagerie médicale non invasive et non ionisante. Cette technique qui est apparue au début des années 80 découle du principe physique de la Résonance Magnétique Nucléaire (RMN) [1, 2] auquel un encodage spatial a été ajouté [3, 4].

Depuis, le nombre de publications dans le domaine de l'IRM n'a cessé d'augmenter (figure 0.1), attestant du dynamisme de cette technologie. Ainsi, si la neurologie était initialement la principale application clinique, le champ de ses applications s'est depuis largement développé. En particulier, l'imagerie cardiaque par résonance magnétique attire notre attention. En effet, si cette application ne représentait en 2010 que 1% des examens cliniques [5], elle représente en revanche un des plus forts taux de croissance en nombre d'examens ainsi que plus de 10% des publications (figure 0.1).

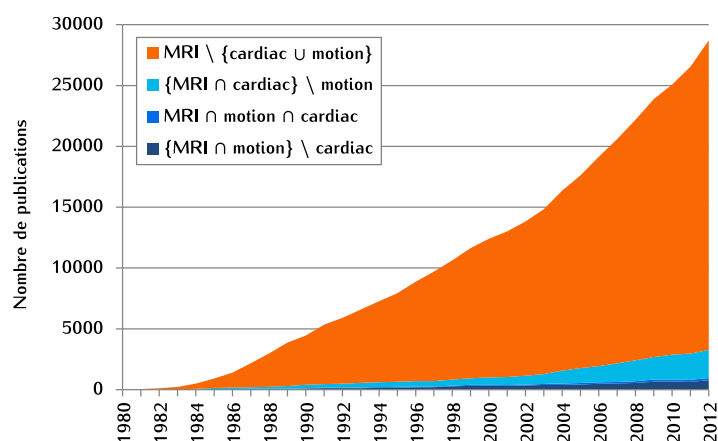


FIGURE 0.1: Nombre de publications [6] sur le thème de l'IRM, et notamment sur la cardiologie et le mouvement

Comparée aux autres modalités d'imagerie (ultra-son, rayons-X, médecine nucléaire), l'IRM se distingue par sa capacité à manipuler le contraste. Cela permet d'obtenir des informations aussi variées que l'anatomie, la fonction, les caractéristiques physiques, la structure mésoscopique des tissus, etc. L'analyse comparée de ces informations complémentaires améliore la détection et la précision du diagnostic. C'est cette caractéristique multi-contraste de l'IRM qui en fait une modalité de choix pour l'imagerie cardiaque.

En revanche, l'IRM se caractérise également par un processus relativement lourd : installation du patient et du matériel d'acquisition, réglage des paramètres d'acquisition, temps d'acquisition intrinsèque (de quelques secondes à quelques minutes pour chaque contraste), reconstruction et analyse des images.

Le mouvement en IRM Du fait des longs temps d'acquisition, des mouvements peuvent survenir tels que la respiration ou le battement cardiaque. Ces derniers vont perturber le signal enregistré et induire des artéfacts sur les images obtenues. L'IRM cardiaque est donc particulièrement sensible à cette problématique du mouvement. On voit d'ailleurs dans la figure 0.1 que l'IRM cardiaque n'a réellement démarré qu'au début des années 2000, lorsque les premières techniques d'imagerie parallèle ont été développées, permettant l'accélération de l'acquisition.

L'objectif principal de cette thèse est donc de proposer une méthode de correction de mouvement intégrable dans la pratique clinique, c'est-à-dire dans un contexte d'examen multi-contraste. L'objectif secondaire de cette thèse consiste à tirer parti du mouvement et des différents contrastes afin d'optimiser l'examen IRM en tant que processus complet d'acquisition et de reconstruction. Les méthodes proposées ont été principalement appliquées à l'IRM cardiaque, mais pas exclusivement.

Dans la première partie de cette thèse, la problématique du mouvement sera étudiée :

1. Quelles sont les principales sources de mouvement ? Comment affectent-elles le signal ? Le mouvement doit-il être uniquement considéré comme une perturbation ?
2. Les principales méthodes de la littérature pour la compensation de mouvement en IRM seront étudiées. Nous nous attacherons plus particulièrement à la méthode GRICS, méthode de reconstruction compensée en mouvement d'images acquises en respiration libre. La première contribution majeure de cette thèse sera présentée : l'adaptation de l'algorithme GRICS à la 3D.

La seconde partie de cette thèse est tournée vers l'intégration de la méthode de correction de mouvement proposée dans le contexte clinique, c'est-à-dire à un processus d'acquisition et de reconstruction multi-contraste.

3. Nous verrons comment les différents contrastes sont obtenus et nous proposerons une première piste d'optimisation de ce processus indépendamment de la notion de mouvement.
4. La seconde contribution majeure de cette thèse sera exposée : l'adaptation de la correction de mouvement à des acquisitions multi-contraste. Nous verrons comment la correction de mouvement peut ainsi être intégrée au processus acquisition/reconstruction et permettre l'optimisation de ce dernier.

Tout au long de ce manuscrit, des outils théoriques et pratiques seront présentés. Ils seront synthétisés par des fiches techniques disponibles à tout instant de la lecture en annexe.

Environnement de travail de la thèse Ce doctorat a été financé par le laboratoire d'Imagerie Adaptative Diagnostic et Interventionnelle (IADI) de Nancy, et s'est déroulé en son sein. Le laboratoire IADI constitue un environnement de travail idéal pour cette thèse. Tout d'abord, le laboratoire possède une forte expertise dans la gestion du mouvement, et ce, aux différentes étapes clé du processus acquisition/-reconstruction : capteurs physiologiques compatibles IRM, techniques d'acquisition

adaptatives en temps réel, algorithmes de reconstruction d'images compensées en mouvement, analyse du mouvement en post-traitement. D'autre part, le laboratoire se situe au sein du Centre Hospitalier Universitaire (CHU) de l'Université de Lorraine (UL). Ainsi il dispose d'un accès privilégié à deux imageurs (Signa HDx, General Electric, 1,5T et 3T). Grâce à cet environnement hospitalier, la collaboration avec des radiologues et cardiologues a été possible. Leur expertise est extrêmement précieuse lorsqu'il s'agit de confronter une méthodologie à la pratique clinique. De plus, la présence du Centre d'Investigation Clinique pour l'Innovation Technologique (CIC-IT) du CHU de Nancy a également participé à la translation de méthodologies de la recherche vers l'application clinique. Enfin, c'est également au sein du laboratoire IADI qu'a été développé l'algorithme GRICS par Freddy Odille *et al.* [7]. Cet algorithme qui constitue la base de ce travail doctoral est présenté en détail dans le chapitre 2.3.

*Freddy Odille
co-dirige cette
thèse*

Dans le cadre de cette thèse, un projet collaboratif de recherche a été effectué en partenariat avec le Global Research Center (GRC) de General Electric (GE) à Munich. Ce centre de recherche est un centre d'expertise dans le développement d'applications médicales avancées pour l'imagerie diagnostique et plus particulièrement en IRM cardiaque. C'est en partie dans cette structure qu'ont été développés les travaux de cette thèse concernant l'aspect multi-contraste de l'IRM. Là, les méthodologies employées ont pu être confrontées aux contraintes de la recherche en milieu industriel.

Première partie

Le mouvement en IRM

Le mouvement en IRM : ami ou ennemi ?

L'acquisition d'une image ou d'un volume en IRM est un processus séquentiel et donc relativement lent. La durée d'une acquisition peut varier et dépend principalement des paramètres d'acquisition choisis. Mais en règle générale, il faut compter entre une vingtaine de secondes et 2 minutes pour la plupart des acquisitions. Au cours de ce processus, l'objet imagé, *i.e.* la zone d'intérêt du patient, va évoluer. En particulier, des mouvements peuvent survenir du fait de la respiration, du battement cardiaque, etc.

En photographie, l'impact d'un mouvement pendant le temps d'exposition va se traduire par un flou sur l'image. Dans ce cas, le processus d'acquisition est relativement simple : la pellicule est impressionnée directement par l'objet observé. En IRM, le processus d'acquisition est moins direct qu'en photographie et l'impact d'un mouvement va se traduire de manière différente. Sur la figure 1.1, entre une acquisition réalisée en apnée et une seconde en respiration libre, on voit apparaître des artéfacts de mouvement : les zones mobiles sont plus floues et l'image entière semble se répéter. Avec cet exemple, on comprend que la qualité diagnostique d'une image obtenue avec une apnée incomplète ou imparfaite serait nettement dégradée. On voit donc déjà apparaître l'importance de la gestion du mouvement en IRM.

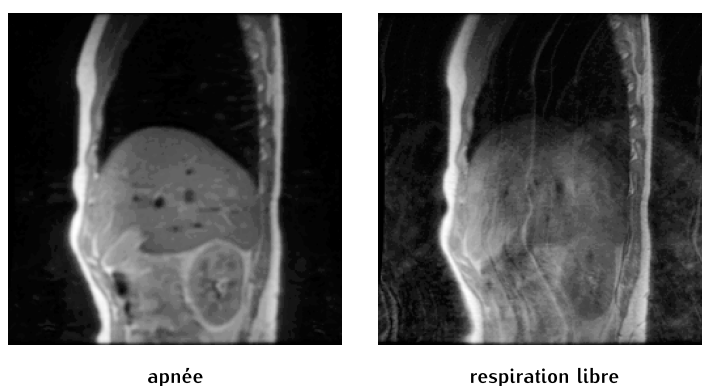


FIGURE 1.1: Comparaison entre une acquisition IRM en apnée et en respiration libre sur une coupe sagittale du foie

Ainsi, le mouvement est une source importante d'inconsistances dans les données acquises ; inconsistances qui se traduisent par des artéfacts dans les images reconstruites. Pour mieux comprendre l'impact du mouvement sur les images finales obtenues, il nous faut mettre en regard d'un côté les différents types de mouvement qui peuvent survenir au cours de l'acquisition, et de l'autre, les différents processus d'acquisition. En effet, chaque amplitude ou fréquence de mouvement a des conséquences différentes en fonction de la résolution ou de la durée de l'acquisition.

Dans ce chapitre, nous caractériserons dans un premier temps les différents types de mouvement qui peuvent survenir pendant un examen IRM. A cette occasion, nous

présenterons également les différentes zones anatomiques [8] qui seront étudiées par la suite. Ensuite nous présenterons les différents types d'acquisition en IRM et les différentes étapes de ces processus. Nous verrons également que le mouvement n'est pas la seule source d'inconsistances. Enfin, si le mouvement constitue souvent une source de perturbations, nous verrons qu'il peut également être un objet d'étude à part entière.

1.1 Caractérisation des mouvements rencontrés

On peut distinguer deux grands types de mouvement en IRM. Le premier correspond aux mouvements périodiques ou pseudo-périodiques tels que la respiration ou le battement cardiaque. Le second, correspondant aux mouvements non-périodiques, comprend une gamme plus large de mouvements : déplacements constants, évènementiels, etc. Dans ces deux cas, la grande majorité des mouvements présentent deux caractéristiques qu'il est important de souligner pour la suite de cette étude : la non-rigidité et l'incompressibilité des champs de déplacements observés.

Le descriptif des mouvements rencontrés en IRM proposé ne se veut pas exhaustif. En revanche, il devrait donner au lecteur une assez bonne vision des principaux mouvements rencontrés, de leur diversité et de leur complexité.

1.1.1 Pseudo-périodicité

Le mouvement respiratoire

On appelle communément respiration le processus complet permettant de fournir de l'oxygène aux tissus et d'éliminer le dioxyde de carbone qui résulte de leur métabolisme. Les événements impliqués dans ce processus sont multiples : mécanique ventilatoire, diffusion des gaz au niveau des interfaces pulmonaires et capillaires, transport de ces gaz dans le sang, respiration cellulaire au sein de la mitochondrie, etc. On notera l'abus de langage communément admis dans la littérature sur la correction de mouvement en IRM : lorsque l'on parle de mouvement respiratoire on parle en réalité de mouvement ventilatoire. Par exemple, au cours d'une apnée, la respiration (cellulaire) ne s'arrête pas, en revanche la ventilation s'interrompt.

Le mouvement ventilatoire résulte de l'action simultanée de plusieurs structures (figure 1.2) :

Le diaphragme est le muscle inspirateur principal. On peut le comparer à un piston. Lorsqu'il se contracte, il s'abaisse et induit une augmentation du volume pulmonaire. Lorsqu'il se relâche les poumons retrouvent naturellement leur volume initial. Le diaphragme a donc un rôle actif à l'inspiration et passif à l'expiration.

Les muscles de la paroi thoracique sont principalement actifs lors de l'inspiration. Ils participent à l'ampliation thoracique.

Les muscles de l'abdomen sont impliqués lors de l'expiration plus complète, lors d'un effort par exemple. Ils permettent d'abaisser les côtes et de réduire le diamètre de l'abdomen, poussant ainsi le diaphragme vers le haut.

La plèvre est une séreuse. Elle est constituée de deux feuillets enfermant un voile liquide qui assurent l'adhésion et le coulissement des poumons avec la cage thoracique.

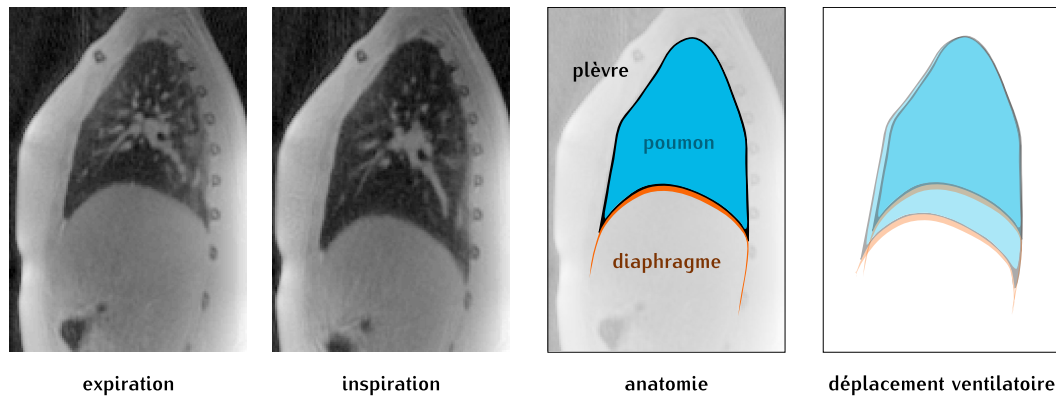


FIGURE 1.2: Le mouvement ventilatoire (coupe sagittale du poumon droit sous IRM)

Voici les caractéristiques qualitatives que l'on peut retenir pour la suite de cette étude :

- Le mouvement ventilatoire est pseudo-périodique
- Les champs de déplacements observés sont non-rigides (incompressibilité des tissus mous, c'est à dire déformations sans variation de volume, mais variation de volume des poumons)
- Les champs de déplacement sont continus par morceaux (glissements au niveau des séreuses)
- Le cœur est directement affecté par la ventilation puisque directement posé sur le diaphragme (figure 1.3). Tous les organes du thorax et de l'abdomen sont également affectés (foie, reins, seins, rate, intestins, etc.). Leurs déplacements sont induits par ceux du diaphragme et des muscles de l'abdomen. C'est le péritoine (séreuse) qui autorise ces déplacements.
- Le mouvement ventilatoire est plus important à droite qu'à gauche. En effet, du fait de la position excentrée du cœur vers la gauche, le poumon gauche présente un plus petit volume que le poumon droit. La variation de volume au cours de la ventilation est donc plus importante dans le poumon droit que dans le poumon gauche pour équilibrer les gradients de pression.
- Il existe une grande variabilité de mouvement inter-individus. Cette variabilité peut dépendre des variabilités anatomiques. On pourra noter que les nouveau-nés ont une ventilation majoritairement abdominale qui a tendance à laisser place à une ventilation thoracique chez l'adulte.

- Il existe également une grande variabilité de mouvement intra-individu. La position (debout/allongé) ou encore l'état physique (effort/repos) modifient de manière conséquente des déplacements observés.



FIGURE 1.3: Position relative du cœur et des organes alentours (coupe frontale du thorax)

Voici quelques caractéristique quantitatives à retenir pour la suite de cette étude :

- Plus de 12 groupes musculaires interviennent dans ce processus
- Le mouvement ventilatoire se fait principalement dans l'axe vertical, de façon moindre dans l'axe antéro-postérieur et enfin de façon négligeable dans l'axe transversal. Par exemple, on a mesuré chez un volontaire sain entre l'inspiration et l'expiration un déplacement maximal de 17 mm de bas en haut, 12 mm d'avant en arrière et de 5 mm de droite à gauche (poumon droit).
- L'amplitude du déplacement au niveau du centre du diaphragme est de l'ordre de 1 à 2 cm. Rappelons toutefois la grande variabilité inter et intra-individu : l'amplitude maximale peut avoisiner les 10 cm.
- La durée du cycle respiratoire chez un individu sain adulte au repos se situe entre 4 et 5 secondes

Le battement cardiaque

Le cœur a pour fonction, à travers le battement cardiaque, de faire circuler le sang afin d'apporter l'oxygène et les nutriments nécessaires au métabolisme d'une part et de débarrasser les déchets qui en résultent. L'observation du cœur en IRM est l'application clinique principale de ce travail doctoral. Avant de décrire son mouvement, nous proposons ci-dessous une brève description anatomique.

Le cœur est un organe creux, mû par le myocarde (muscle), entouré par le péricarde (séreuse) à l'extérieur et tapissé par l'endocarde (tissu épithélial) à l'intérieur :

Le myocarde est un muscle qui présente quatre cavités visibles sur le grand axe horizontal. On a coutume de l'observer selon ses trois axes anatomiques principaux : petit axe, grand axe horizontal et grand axe vertical (figure 1.4). On notera que ces orientations ne coïncident pas avec les orientations habituelles (axiale,

sagittale, frontale); elles sont dites obliques. On s'intéresse principalement aux ventricules droit et surtout gauche puisqu'ils ont la fonction vitale d'envoyer le sang aux poumons et au reste du corps respectivement. L'orientation petit axe est alors privilégiée.

Le péricarde est la séreuse qui assure la liberté de mouvement du cœur par rapport aux organes qui l'entourent.

Le positionnement relatif Le cœur est entouré au dessus et sur les côtés par les poumons et en dessous par le foie (figure 1.3).

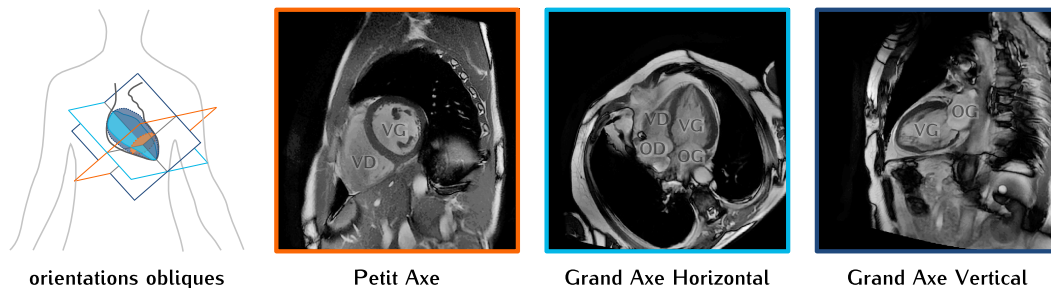


FIGURE 1.4: Les trois axes du cœur. (VG = Ventricule Gauche, VD = Ventricule Droit, OG = Oreillette Gauche, OD = Oreillette Droite)

Voici les caractéristiques du mouvement du cœur qu'il faut retenir pour cette étude :

- Le battement cardiaque est pseudo-périodique. La contraction du myocarde est induite par l'onde électrique qui le parcourt à chaque cycle.
- La fréquence cardiaque standard chez l'adulte au repos se situe entre 60 et 80 battements par minute. Ici encore, on observe une grande variabilité inter- et intra-individu. On peut par exemple observer un abaissement du rythme cardiaque au cours d'un examen (environ 40 minutes) dû à la détente du patient ou encore des variations de l'ordre de 10 % au cours d'une seule acquisition en apnée.
- Au cours du cycle cardiaque, vont se succéder la phase d'éjection (systole) correspondant à la contraction des ventricules, et la phase de remplissage (diastole) correspondant au relâchement des ventricules.
- La contraction des ventricules résulte de la contraction des 3 couches musculaires du myocarde qui présentent des orientations différentes. Ainsi, lors de cette contraction, on observe une torsion ainsi qu'un raccourcissement du myocarde de l'apex (pointe) vers la base du cœur.
- L'ordre de grandeur des déplacements observé est : un raccourcissement de 40 % dans la direction longitudinale (15 mm), 20 % dans la direction transversale (5 mm) [9], une variation de volume de 60 % au niveau du ventricule gauche (70 ml).

Le cœur présente donc un mouvement propre relativement important, mais il induit également à d'autres organes des déplacements non négligeables pour cette étude :

- Tout d'abord, et c'est son rôle premier, le cœur induit un flux de sang dans le système vasculaire. Ce flux peut atteindre une vitesse maximale de 60 cm.s^{-1} et une variation de diamètre de l'aorte de 2.6 mm entre la systole et la diastole [10].
- Le cœur transmet également ses mouvements aux organes dans son entourage direct (figure 1.3). Ainsi, le foie, les poumons et l'aorte présentent des déformations pouvant aller jusqu'à 1,7 mm du fait du battement cardiaque. On notera que ce sont les mouvements perpendiculaires au péricarde qui sont transmis, notamment le raccourcissement du myocarde, et non les mouvements parallèles (torsion). C'est en effet le rôle du péricarde d'absorber ces distorsions.
- Enfin, la pulsativité des vaisseaux induit elle aussi des déplacements dont l'amplitude dépend de la distance au cœur. Par exemple, on a mesuré des déplacements induits sur le foie de l'ordre de 5 mm. On a même observé des déplacements de l'ordre de 0,4 mm dans le cerveau du fait de la pulsativité du liquide céphalo-rachidien indirectement induite par la pulsativité du sang [11].

*Encadrement
du Master 2 de
Mélanie Loock*

1.1.2 Mouvements non périodiques

D'autres mouvements, non périodiques, moins reproductibles et donc moins prévisibles peuvent survenir au cours de l'acquisition :

Déplacement en bloc L'examen IRM durant entre vingt minutes et une heure, le patient peut ressentir de l'inconfort dans la position allongé. Ce sont donc avec les enfants et les personnes âgées (arthrose) que des changements de positions risquent le plus de survenir.

Mouvement péristaltique Ce mouvement du tube digestif correspond à la contraction des muscles situés tout au long de l'intestin. Il s'agit d'un mouvement involontaire, et incontrôlable. Ce mouvement présente une fréquence caractéristique de l'ordre de 10 à 16 bpm [12]. Même s'il est pseudo périodique, ce mouvement est beaucoup moins reproductible que le mouvement respiratoire et cardiaque. Au cours d'une acquisition, on peut observer des déplacements de l'ordre du centimètre du tube digestif lui-même et du bol alimentaire qu'il contient.

Relaxation Au cours de l'examen, le patient peut se détendre ce qui va induire un léger changement de la position générale du corps. Cela va également entraîner des variations dans les modes et les rythmes respiratoires et cardiaques (amplitude, fréquence, etc.). D'autre part, au cours d'une seule acquisition en apnée on peut également observer un relâchement. En effet, le corps va naturellement et progressivement adopter la position la plus stable, *i.e.* la plus relâchée. Ceci va se traduire par un relâchement et donc une remontée du diaphragme, même si l'apnée est correctement maintenue.

1.2 Consistance des données

Nous allons à présent nous intéresser à l'impact du mouvement sur l'image finale. Pour cela, il faut tout d'abord comprendre comment le mouvement perturbe le signal acquis puis comment ces perturbations se répercutent sur l'image finale à travers la reconstruction. Nous verrons que le mouvement conduit à des inconsistances dans les données à différents niveaux de l'acquisition. A chacun de ces niveaux, nous verrons quels mouvements peuvent apporter des perturbations significatives et comment, après reconstruction, elles se traduisent par des images fantômes, *i.e.* des artéfacts dans l'image finale.

1.2.1 L'acquisition en IRM : un processus séquentiel

Dans ce qui suit, nous allons présenter le principe de fonctionnement de l'IRM. Cette présentation ne se veut pas suffisante à la compréhension du fonctionnement complet de l'IRM pour une personne novice. Pour cela, nous orientons le lecteur vers les ouvrages de Haacke *et al.* [13] pour les principes physiques à la base de l'IRM et Bernstein *et al.* [14] pour les séquences IRM. En revanche, nous souhaitons faire la lumière sur quelques aspects du fonctionnement de l'IRM.

Nous avons vu que l'IRM est une modalité d'imagerie relativement lente, et c'est pour cela que le mouvement est problématique. Dans « IRM », ce sont à la fois les aspects « Imagerie » et « Résonance » qui expliquent la limitation de vitesse d'acquisition.

La résonance

Le phénomène physique à la base de l'imagerie par rayon X est l'absorption (d'une onde électro-magnétique), en ultra-son c'est la réflexion (d'une onde de pression) et en médecine nucléaire c'est l'émission spontanée (d'un positon puis d'une onde électro-magnétique). Ces phénomènes sont tous liés à la propagation d'une onde et donc quasi instantanés. L'IRM, de son côté, est basée sur le principe physique de la RMN. Il s'agit donc d'observer la résonance du noyau de certains atomes présentant un moment magnétique (en IRM c'est le noyau d'hydrogène, *i.e.* le proton que l'on observe). Plus précisément, c'est la réponse du système résonant que l'on observe, et notamment ses modes de relaxation. En effet, les interactions du proton avec son environnement vont modifier sa relaxation. L'information ainsi obtenue est donc beaucoup plus riche que la résonance elle-même qui ne renseignerait que sur la densité de proton des tissus.

voir encadré

Or, l'observation d'un phénomène de relaxation nécessite l'observation de la réponse d'un système à distance de l'excitation. Par exemple, les temps de relaxation caractéristiques sont de l'ordre de la centaine de millisecondes dans la direction du champ magnétique principal (temps de relaxation longitudinal T_1), et de l'ordre de la dizaine de millisecondes dans la direction transversale (T_2). Cela signifie qu'il faut attendre un délai de l'ordre de ces temps caractéristiques pour être capable de distinguer les tissus entre eux, *i.e.* d'avoir un contraste. Cela signifie également qu'au delà de trois fois ces temps caractéristiques, la relaxation sera presque totale. Si l'ac-

Fréquence de résonance, déphasage et modulation

Un noyau paramagnétique rentre en résonance lorsqu'il est excité par une onde électromagnétique de fréquence bien précise : la fréquence de Larmor ν . Cette fréquence de résonance dépend du champ magnétique B_0 dans lequel le noyau se trouve et du rapport gyromagnétique γ de ce dernier. Lorsqu'il résonne, le noyau présente un mouvement de précession, également à la fréquence de Larmor.

$$\nu = \gamma B_0$$

On notera que si l'on applique un gradient spatial de champ magnétique G en plus du champ permanent B_0 , on induit une variation locale de la vitesse de précession et donc, après une durée Δt , un gradient de déphasage $\Delta\phi$.

$$\Delta\phi = \gamma G \Delta t$$

On obtient alors une modulation du signal RMN en phase, avec une fréquence spatiale k_x .

$$k_x = \frac{2\pi}{\gamma G \Delta t}$$

quisition des données est trop lente, il faudra donc répéter à nouveau l'expérience. Le temps entre deux excitations successives est appelé Temps de Répétition (TR). On notera que pour que les expériences soient reproductibles, elles doivent toutes démarrer du même état initial. Pour cela, on pourra par exemple attendre la relaxation quasi totale, soit idéalement un TR de l'ordre de 5 temps caractéristiques.

L'imagerie

En imagerie, en plus d'obtenir un signal porteur d'information, il faut être capable d'obtenir ce signal en chaque point de la zone anatomique ou du moins d'être capable de remonter à sa provenance. Par exemple, en rayon X, on maîtrise la source de l'onde, et sa direction de propagation, on sait donc que l'information enregistrée par un capteur provient de ce qui est positionné en ligne droite entre la source et le récepteur. En ultra-son, de manière analogue, on maîtrise la source de l'onde. En médecine nucléaire on peut remonter à la localisation de la source émettrice car on sait qu'elle émet des photons dans des directions opposées. En IRM, il n'est pas possible de focaliser l'onde d'excitation. En effet, la fréquence de résonance du proton sous un champ de 3 T est de 127 MHz (on parle d'onde Radio Fréquentielle (RF)), ce qui équivaut à une longueur d'onde de 2,3 m. Ainsi, après l'application d'une onde RF, tout ce qui se trouve dans le champ de l'IRM est potentiellement une source émettrice d'un signal de relaxation.

C'est pourquoi en IRM, au lieu de localiser géométriquement le signal enregistré, on va sélectionner des fréquences spatiales. Pour sélectionner une fréquence spatiale (k_x, k_y, k_z) , on va appliquer une modulation en phase dans les différentes directions de l'espace, de sorte que seules les structures distantes d'un certain pas d'encodage $(1/k_x, 1/k_y, 1/k_z)$ peuvent générer un signal cohérent, *i.e.* en phase (figure 1.5). Cette modulation en phase est possible grâce à l'application de gradients sur le champ magnétique permanent principal. L'information ainsi recueillie correspond donc à un point de l'espace-k, *i.e.* un point du domaine de Fourier, qui est le domaine dual du domaine géométrique.

voir encadré

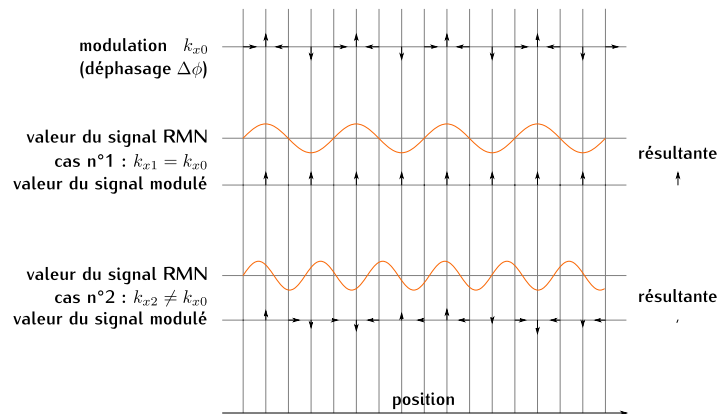


FIGURE 1.5: Encodage spatial du signal RMN. L'application d'un gradient induit un déphasage périodique de fréquence k_{x0} . Dans la structure imagée, seules les composantes de fréquence spatiale $k_x = k_{x0}$ vont alors participer au signal enregistré.

Pour acquérir toutes les données nécessaires à la formation d'une image, il nous faut donc parcourir tout l'espace-k. Le parcours d'une ligne droite dans cet espace se fait de façon très aisée puisqu'il suffit de conserver les mêmes gradients mais d'échantillonner le signal émis à différents temps Δt . En revanche, l'échantillonnage de l'espace entier ne pourra se faire sans la variation des gradients dans les différentes directions de l'espace. Or la vitesse de variation des gradients est limitée d'une part par les capacités matérielles des bobines et des amplificateurs qui génèrent ces champs et d'autre part par des contraintes physiologiques (risques de stimulation nerveuse et d'échauffement traduit par le SAR). On pourrait donc envisager le parcours de l'espace-k selon une trajectoire courbe continue et la plus dérivable possible. Mais comme on l'a vu précédemment, la durée de vie du signal est limitée. D'autre part, la vitesse d'échantillonnage suivant notre trajectoire est elle aussi limitée. En effet, plus on augmente la vitesse d'échantillonnage du signal, plus on augmente la part de bruit perçu.

Finalement, l'acquisition en IRM ne peut se faire que de manière séquentielle. A chaque excitation radio-fréquentielle, seul un segment continu de l'espace-k peut être observé. L'acquisition d'une image ou d'un volume complet nécessite donc la répétition de ce cycle général:

1. Excitation (ou préparation de l'aimantation de façon générale)
2. Attente pour être dans la phase de relaxation la plus appropriée à l'observation du contraste souhaité
3. Lecture d'une portion continue de l'espace-k
4. Retour à l'état initial

Une fois les données acquises, il reste encore à interpréter le signal enregistré pour le traduire par une image dans le domaine géométrique. Cette phase de reconstruction est principalement basée sur la transformée de Fourier qui est la transformation entre les deux espaces duaux (l'espace de Fourier et l'espace géométrique). Nous invitons le lecteur à se reporter à la fiche technique [A.1](#) pour mieux comprendre la dualité entre

ces deux espaces. Dans la première partie de cette thèse nous nous intéressons donc à la question suivante : comment interpréter le signal enregistré lorsqu'un mouvement est survenu ?

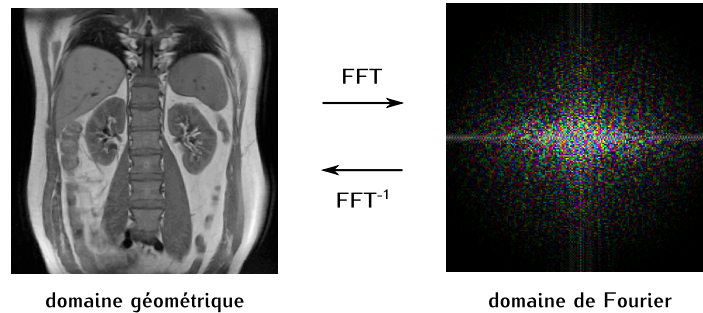


FIGURE 1.6: La transformée de Fourier est la transformation qui lie les deux espaces duaux : domaine géométrique et domaine de Fourier. Son équivalent pour les signaux discrets est la FFT.

1.2.2 Impact du mouvement intra TR

Nous résumons ici l'impact du mouvement survenant au cours du niveau d'acquisition le plus bas, *i.e.* intra-TR. Pour retrouver ces résultats, il suffit de savoir qu'au cours du processus d'acquisition, le spin accumule une phase qui est fonction du champ local et donc des gradients. Pour plus de détails sur ces notions, nous invitons le lecteur à se reporter à l'annexe B.1.

Pendant l'onde RF

Le mouvement n'a pas d'impact s'il survient pendant l'excitation par l'onde RF elle-même puisque celle-ci est non sélective spatialement. En revanche, un gradient de sélection de coupe peut être appliqué en même temps.

Entre l'application des gradients

Le déplacement n'a aucun impact sur la phase des spins s'il survient en dehors de l'application des gradients. C'est à dire qu'au moment de la lecture, chaque spin possède la phase qui lui a été donnée au moment de l'application des gradients. Donc l'information portée par un spin mobile entre les gradients est équivalente à l'information que l'on aurait obtenue si sa position avait été $(x_{t_x}, y_{t_y}, z_{t_z})$ tout au long de l'acquisition, où x_{t_x} est la coordonnée dans la direction x du spin au moment t_x de l'application du gradient dans la direction x (resp. y, z). Donc en théorie, si le mouvement est reproductible, l'image résultante correspond à une position virtuelle.

Pendant le gradient de sélection de coupe

Un déplacement dans la direction du gradient de sélection de coupe pendant son application induit une phase dans l'image reconstruite au niveau de la zone mobile.

Pendant les gradients d'encodage

Ici, l'impact va dépendre du type de mouvement et de la forme des gradients. Par exemple, un mouvement de vitesse constante n'a aucun impact sur un gradient dont le moment d'ordre 1 est nul. En revanche, pour les autres gradients, ou pour un déplacement plus complexe, le déplacement dans la direction des gradients pendant leur application peut induire une phase correspondant à une position aberrante des structures mobiles dans la direction de ces mêmes gradients. Cela se traduit alors par l'apparition d'artéfacts dans l'image appelés fantômes. De façon générale, les déplacements rapides qui surviennent pendant l'application des gradients induisent des déphasages locaux des spins et donc une atténuation du signal.

Dans la pratique

La durée qui s'écoule entre l'application de deux gradients peut aller de quelques millisecondes à une centaine de millisecondes et la durée d'application d'un gradient est de l'ordre de la milliseconde. Seul le flux sanguin dans les gros vaisseaux présente des vitesses de déplacement suffisamment importantes pour que les déplacements qui en découlent soient non négligeables.

De plus, les gradients utilisés pour les séquences d'imagerie qui nous intéressent dans cette étude présentent souvent la propriété d'être insensibles aux déplacements de vitesse constante. Dans le cas contraire, comme pour la séquence FSE, les vitesses de déplacement survenant au cours même de l'application des gradients ne sont pas suffisamment importantes pour induire des pertes de signal significatives.

Enfin, ici, on a supposé que le mouvement intra-TR est parfaitement reproductible d'un TR à l'autre. Nous allons à présent passer au niveau d'acquisition supérieur : l'impact d'une variation de position ou bien d'une variation de vitesse entre les répétitions.

1.2.3 Impact du mouvement inter TR

Nous venons de voir que les caractéristiques des mouvements physiologiques induisent peu d'inconsistances au sein de l'acquisition de chaque segment de l'espace-k. En revanche le temps qui s'écoule entre l'acquisition de deux segments peut aller jusqu'à quelques secondes. A cette échelle de temps, les distances parcourues (de l'ordre de plusieurs millimètres du fait de la respiration) sont non négligeables par rapport à la résolution des images obtenues en IRM (de l'ordre du millimètre). Les vitesses de déplacement peuvent également varier à cette échelle (pulsatilité du flux sanguin). Nous allons donc à présent nous intéresser à l'impact de ces variations inter-TR dans les images reconstruites.

Prenons le cas courant, d'une acquisition 2D cartésienne, c'est à dire une acquisition où le parcours dans l'espace-k s'effectue selon des lignes droites parallèles. Dans ce cas, on appelle la direction de fréquence la direction parallèle aux segments et la direction de phase la direction perpendiculaire. Avec ce type d'acquisition, on constate que lorsqu'un mouvement survient, l'image obtenue avec la reconstruction standard (transformée de Fourier) semble se répéter dans la direction de phase (figure 1.1).

Nous allons expliquer avec un exemple simple pourquoi cette interprétation naïve (FFT) de ces données inconsistantes génère ces fantômes.

Imaginons que les segments pairs sont acquis en inspiration et les segments impairs en expiration (figure 1.7). L'interprétation naïve des données ainsi obtenues, consiste à utiliser la méthode de reconstruction standard, *i.e.* la transformée de Fourier. La transformée de Fourier est une transformation linéaire. Donc la transformée de Fourier de l'espace-k acquis en mouvement est la résultant de la transformée de Fourier de l'espace-k sous-échantillonné acquis en inspiration et de la transformée de Fourier de l'espace-k sous-échantillonné acquis en expiration. Or les sous-échantillonnages obtenus ne respectent plus l'hypothèse de Nyquist-Shannon. Les deux composantes (images) ainsi obtenues présentent donc des repliements (ici on a un sous-échantillonnage d'un facteur deux, donc des repliements correspondant à deux répétitions de l'image). Lorsque l'on combine ces images repliées, les zones qui n'ont pas bougé vont se compenser parfaitement au niveau des repliements. C'est comme si l'on avait des interférences destructives. En revanche, au niveau des structures qui se sont déplacées, la compensation est imparfaite : il y a une inconsistance entre les deux composantes. On obtient alors une interférence constructive, *i.e.* un artéfact.

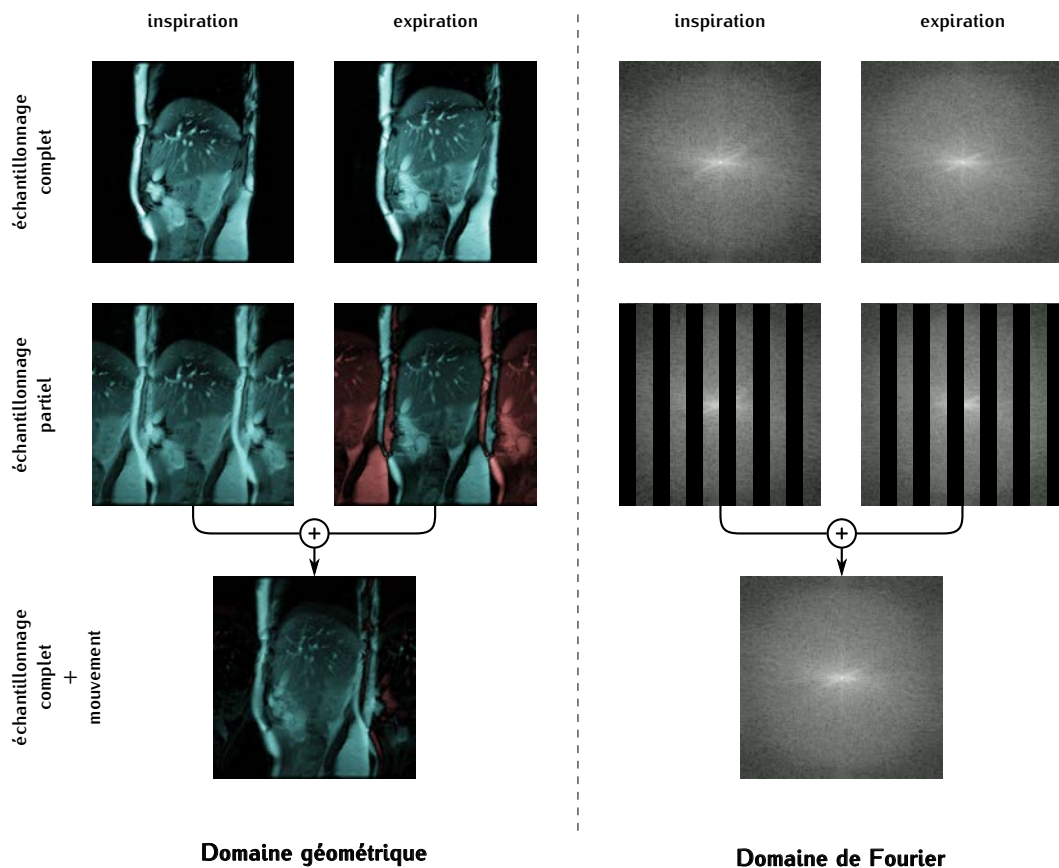


FIGURE 1.7: Les artéfacts de mouvements sont intrinsèquement liés aux repliements dus au sous-échantillonnage dans le domaine fréquentiel. La couleur des images représente leur phase.

Finalement, l'échelle de temps qui s'écoule entre l'échantillonnage de deux points est complètement différente dans la direction de phase et dans la direction de fréquence. Tous les mouvements physiologiques que l'on rencontre en IRM peuvent participer à une inconsistance dans la direction de phase mais rarement dans la direction de fréquence : les déplacements génèrent des différences de position et les variations de vitesse génèrent des différences de phase. Tous ces mouvements, quelle que soit leur direction, participent à la répétition de fantômes dans la direction de phase et à un flou dans toutes les directions du fait de la superposition de plusieurs positions. On notera que l'emplacement des fantômes est intrinsèquement lié à la localisation des structures mobiles et au schéma d'encodage employé.

1.2.4 Impact du mouvement inter séquence

On a vu que la capacité à manipuler le contraste est l'un des principaux atouts de l'IRM. Cela signifie bien que l'analyse des images est faite de manière transversale, c'est à dire que l'information d'une image est interprétée avec d'autant plus de richesse qu'elle est interprétée relativement à une autre image. Cet aspect de l'IRM sera principalement développé dans la seconde partie de cette thèse (II). Mais on comprend déjà que cette analyse devient difficile si le référentiel spatial est différent d'une image à l'autre. Des images sans variation de position, *i.e.* recalées sont donc souhaitables.

Nous verrons également dans la partie II que la reconstruction de certaines images nécessite la connaissance de certaines informations extraites d'autres acquisitions. Si un mouvement survient entre ces deux acquisitions, la reconstruction sera donc encore une fois corrompue par l'inconsistance des données.

1.2.5 Généralisation

Nous venons de présenter l'impact du mouvement sur l'acquisition en IRM. Mais le raisonnement exposé est applicable à tout phénomène qui présente une variation temporelle. Par exemple, le contraste peut varier au cours de l'acquisition (injection d'un produit de contraste, modification des paramètres d'acquisition, *etc.*). Mais une fois encore, il faut mettre en regard la dynamique de ces variations temporelles avec les échelles de temps correspondant aux différents niveaux de l'acquisition.

Dans tous les cas, une variation temporelle qui survient entre l'acquisition des images n'affecte que l'analyse de l'examen si celle-ci nécessite la confrontation ou la combinaison de plusieurs images. Une variation inter-TR affecte la reconstruction des images et donc l'exploitation de l'examen entier. Et une variation intra-TR affecte ces trois niveaux d'analyse : la consistance des données sur un segment, la reconstruction de l'image et l'exploitation de l'examen. La complexité de la gestion de ces variations suivra donc ce même schéma puisqu'elle nécessite d'aller de plus en plus en profondeur dans la modélisation du processus d'acquisition.

1.3 Une information valorisable

Nous venons de voir que le mouvement peut être une source importante d'inconsistances des données enregistrées en IRM. Nous allons à présent voir que la notion du mouvement peut être abordée sous un autre angle. Au lieu d'éviter à tout prix cette perturbation ou de la corriger, on peut chercher au contraire à en extraire une information valorisable. Nous discutons ici des applications potentielles de l'extraction du mouvement en IRM.

1.3.1 Analyse du mouvement

Le corps n'est pas une structure statique. Le diagnostic d'une pathologie ne passe donc pas uniquement par l'analyse anatomique. L'analyse de la fonction des organes passe donc souvent par l'analyse de leur dynamique, de leur cinétique.

Fonction cardiaque

Le cœur en est un très bon exemple. Il a le rôle d'une pompe dans le corps, rôle dynamique par nature. Ainsi, pour évaluer la bonne fonction du cœur, on s'intéresse à sa capacité de contraction, d'éjection [15], *etc.* Pour cela, il faut être capable d'observer le mouvement du cœur entre la phase diastolique et systolique : quelle fraction volumique le cœur a-t-il éjecté dans le système vasculaire ? Tout le myocarde participe-t-il à la contraction ? Cette contraction se fait-elle de manière synchrone ? *etc.*

Fonction intestinale

On a vu que le mouvement péristaltique est la traduction de la fonction digestive des intestins. Dans la maladie de Crohn, l'étude de ce mouvement permet d'affiner le diagnostic. Elle peut permettre de distinguer les zones saines des zones malades qui sont inertes [16].

Flux et pulsatilité

On notera que l'analyse des flux et des pulsatilités, notamment dans l'aorte, permet de remonter à des informations de débit ou de rigidité. Dans ce cas il s'agit plus de l'analyse de vitesses (dans cette étude nous nous intéressons plutôt aux déplacements).

Cinétiques

On a vu que le mouvement n'est pas la seule source de variation temporelle. L'analyse de cinétiques telles, que la perfusion des tissus, est aussi très riche en informations diagnostiques. Cette notion sera abordée dans la seconde partie de ce manuscrit.

1.3.2 Modélisation du mouvement

Il est parfois nécessaire d'étudier le mouvement pour mieux le comprendre ou pour mieux le corriger. L'IRM est alors une modalité privilégiée puisqu'elle permet d'obtenir un signal avec un très bon contraste au niveau des tissus mous.

Comprendre le mouvement

La compréhension anatomique et physiologique de certains mouvements complexes a été rendue possible grâce à l'imagerie par résonance magnétique. On pourra citer pour exemples, l'analyse de mouvements comme ceux de la langue [17], de l'orbite [18] ou encore le flux aortique [19].

Corriger le mouvement

L'IRM n'est pas la seule modalité d'imagerie qui est affectée par le mouvement. La Tomographie par Émission de Positons (TEP) est également une modalité lente qui nécessite une gestion du mouvement. Nous verrons dans le chapitre suivant qu'il n'est pas toujours possible ni souhaitable de supprimer le mouvement (notamment respiratoire). On peut alors utiliser un modèle de mouvement obtenu en IRM pour reconstruire et corriger une acquisition faite en respiration libre. Ces considérations seront développées dans le chapitre 2.

Une autre application clinique peut bénéficier d'un modèle de mouvement respiratoire. Il s'agit de la chirurgie assistée par ordinateur. Pour des chirurgies complexes comme la pose d'implants endo-vasculaires par exemple, la superposition d'un volume pré-opératoire est souvent très utile au chirurgien pour aider à la navigation. Or les tissus mous ne sont pas toujours visibles avec les modalités utilisées comme la fluoroscopie. Le recalage pre/per-opératoire pourrait alors bénéficier d'un modèle de mouvement respiratoire déterminé par IRM auparavant.

Ici, l'intérêt de la modélisation du mouvement par l'IRM est que l'on obtient un bon contraste au niveau des tissus mous pour extraire le mouvement sans pour autant ajouter de dose de rayons ionisants au patient.

1.4 Discussion

Le mouvement peut intervenir à différents niveaux de l'acquisition en IRM. Dans cette étude, nous nous intéressons aux mouvements inter-TR, qui se traduisent par des artefacts ou fantômes, et inter-acquisition, qui se traduisent par des décalages. Ces mouvements sont majoritairement dus à la respiration et au battement cardiaque.

S'ils se traduisent par des artefacts dans l'image, c'est parce qu'ils ne sont pas pris en compte ou prévus dans le processus de reconstruction ou d'analyse des données. Ils sont alors interprétés comme des inconsistances. En outre, si le mouvement peut être vu comme une perturbation indésirable, il peut également être l'objet d'intérêt de l'IRM.

La modélisation de ces mouvements présente donc un double intérêt : une fois le mouvement connu, il peut être corrigé ou bien être exploité, voire les deux à la fois.

Corriger et exploiter le mouvement en IRM

Dans la partie précédente, on a vu qu'il y a un grand intérêt à gérer le mouvement, que ce soit pour le corriger ou pour l'exploiter. On a également vu que le mouvement peut intervenir à différents niveaux de l'acquisition.

Dans ce chapitre, nous proposons de développer des méthodes de correction de mouvement, et ce, du niveau de l'acquisition le plus externe au plus interne. En effet, plus le mouvement intervient dans une boucle interne du processus d'acquisition, plus il faudra être capable de modéliser finement ce processus d'acquisition, et donc plus la correction sera complexe. Ainsi, nous présenterons tout d'abord les méthodes permettant de corriger les mouvements qui surviennent entre les acquisitions. Nous verrons ensuite les méthodes de correction de mouvements qui surviennent au cours même d'une acquisition.

Dans les deux cas, nous présenterons à la fois les méthodes standard proposées dans la littérature et les méthodes qui ont été développées au cours de cette thèse.

Mais avant tout, il nous paraît utile d'introduire quelques outils et notions qui seront nécessaires pour la mise en œuvre de ces méthodes de correction de mouvement.

2.1 Formalisme mathématique pour la résolution de problèmes inverses

Généralisation, cas simple et cas particulier Dans ce qui suit, nous allons formaliser la problématique de la reconstruction d'image en IRM. Nous pourrions ainsi généraliser le problème posé, présenter les outils mathématiques permettant sa résolution. Nous ferons également autant que possible le parallèle entre cette généralisation, notre problème en IRM, et un problème plus simple : la photographie.

L'objet d'intérêt On s'intéresse à un objet d'intérêt. En photographie il s'agit d'une scène, d'un paysage ou d'une personne. En IRM, il s'agit du patient se trouvant dans le tunnel de l'imageur.

La représentation ou image On souhaite obtenir une représentation de cet objet d'intérêt. En photographie il s'agit d'une image, en noir et blanc ou en couleur, d'une série d'images ou d'une vidéo. Il s'agit donc de la scène apparente du point de vue du photographe. En IRM, il s'agit d'une coupe ou d'un volume, avec un certain contraste, ou bien d'une série. On notera donc qu'il y a bien une différence entre la représentation obtenue et la réalité.

L'appareil de mesure C'est un appareil de mesure qui permet d'obtenir cette représentation de la réalité. Il s'agit de l'appareil photo ou de l'imageur IRM.

Le signal mesuré L'appareil de mesure ne permet pas d'obtenir directement cette représentation. Tout ce que fait l'appareil, c'est mesurer un signal. La matrice de capteurs photosensibles de l'appareil photo génère un signal électrique, tout comme le font les antennes de l'imageur IRM.

La reconstruction ou interprétation Il faut donc interpréter ce signal de sortie pour reconstruire une représentation. En photographie, cette reconstruction peut être relativement simple puisque le signal enregistré est directement proportionnel à l'intensité lumineuse perçue par le capteur. En IRM, ce processus est déjà plus complexe puisque le signal est encodé dans le domaine de Fourier.

Les perturbations Le processus d'acquisition de l'appareil peut être perturbé par des éléments externes ou internes. Par exemple, la présence de poussière sur le capteur ou la survenue d'un mouvement pendant le temps d'exposition vont modifier le signal obtenu. Si ces éléments ne sont pas pris en compte dans la reconstruction, ils vont alors perturber la représentation obtenue. Il en est de même avec l'IRM.

Le problème La question que nous nous posons ici est donc la suivante : comment obtenir une représentation la plus proche possible de la réalité à partir des signaux de sortie, et comment faire en sorte que cette représentation soit la moins faussée possible par les perturbations.

2.1.1 Qu'est-ce qu'un problème inverse ?

Le modèle d'acquisition La plupart du temps, il est possible de modéliser les relations de causes à effet qui permettent de passer de la réalité de l'objet d'intérêt au signal mesuré. Il suffit pour cela de connaître le fonctionnement de l'appareil de mesure. En photographie, il s'agit de décrire le parcours lumineux depuis la source jusqu'au capteur en passant par les séries de lentilles. En IRM, là encore on connaît le principe physique (RMN) à la base du signal, les processus d'encodage, de réception, *etc.* La modélisation du système d'acquisition en IRM sera développée dans le chapitre 2.3.1.6.

Il est donc possible, si l'on connaît l'objet d'intérêt ρ et le modèle d'acquisition ou « opérateur d'encodage » E , de simuler les données acquises \tilde{s} .

$$\tilde{s} = E(\rho) \quad (2.1)$$

Le problème inverse Cependant, le problème qui nous intéresse ici est exactement le problème inverse : on connaît les données de sortie s du système ainsi que la modélisation du système d'acquisition, et l'on cherche à retrouver une représentation fidèle $\tilde{\rho}$ de l'objet d'intérêt.

$$\text{Trouver } \tilde{\rho} \text{ tel que } s = E(\tilde{\rho}) \quad (2.2)$$

Intégration du bruit Mais en réalité, il y a toujours une différence entre la façon dont on modélise l'acquisition \tilde{E} et la façon dont se déroule réellement le processus

d'acquisition E . En effet, à chaque étape de l'acquisition, des perturbations peuvent potentiellement intervenir. Ces perturbations se traduisent par une erreur ϵ entre le signal réellement mesuré s et le signal prévisible \tilde{s} , erreur que l'on appelle bruit.

$$s = \tilde{E}(\rho) + \epsilon \quad (2.3)$$

Et le problème devient :

$$\text{Trouver } \tilde{\rho} \text{ tel que } s = \tilde{E}(\tilde{\rho}) + \epsilon \text{ avec } \epsilon \text{ inconnu} \quad (2.4)$$

Ces perturbations peuvent par exemple être la traduction d'une erreur dans le modèle d'acquisition. Par exemple, une modélisation simpliste de l'acquisition en photographie consiste à considérer des projections de la scène à travers le point focal des lentilles alors qu'en réalité, il faut considérer l'impact de l'ouverture de l'appareil qui induit une profondeur de champ finie. En IRM, de façon équivalente, on verra que la modélisation de l'acquisition passe par la modélisation de la sensibilité des différents éléments d'antenne. Il faudra donc être attentif à cette modélisation.

Ces perturbations peuvent également être la traduction d'un effet que l'on ne sait pas prédire. Que ce soit en photographie ou en IRM, la survenue d'un mouvement peut être, si elle n'est pas prévue, une source de perturbation. Mais si l'on ne sait pas prédire la survenue de ce type de perturbation, on sait en revanche traduire l'impact d'un tel événement s'il est défini par les paramètres α qui le caractérisent.

$$\text{Trouver } \tilde{\rho} \text{ tel que } s = \tilde{E}(\tilde{\rho}, \alpha) + \epsilon \quad (2.5)$$

Finalement, on peut minimiser l'erreur de modélisation au prix d'une augmentation du nombre d'inconnues du problème :

$$\text{Trouver } (\tilde{\rho}, \tilde{\alpha}) \text{ tel que } s = \tilde{E}(\tilde{\rho}, \tilde{\alpha}) + \epsilon \quad (2.6)$$

On notera que le fait de modéliser l'impact d'une perturbation dans le système d'encodage et de passer ce phénomène dans les inconnues du problème revient simplement à complexifier notre vision de l'objet d'intérêt, *i.e.* à améliorer la représentation que l'on s'en fait. On est alors équivalent à la formulation de l'équation 2.4.

2.1.2 Comment résoudre un problème inverse ?

Linéarité Le cas où le modèle d'acquisition est linéaire est un cas idéal. En effet, on verra que les systèmes linéaires possèdent des propriétés mathématiques qui aident à la résolution du problème. De plus, la littérature a été particulièrement développée dans ce domaine puisque les problèmes linéaires sont très largement répandus. Heureusement, on verra que la plupart des étapes du processus d'acquisition sont effectivement linéaires. Par exemple, la transformée de Fourier est un opérateur linéaire (voir l'annexe A.1). Le problème posé par l'équation paramétrique 2.5 s'écrit alors :

$$\text{Trouver } \tilde{\rho} \text{ tel que } s = \tilde{E}(\alpha)\tilde{\rho} + \epsilon \quad (2.7)$$

On notera que c'est uniquement la relation avec l'inconnue du problème qui nécessite d'être linéaire. L'opérateur d'encodage peut ne pas avoir de relation linéaire avec les paramètres qui le caractérisent si ceux-ci sont connus, puisqu'ils sont alors fixes.

On notera également qu'il est presque toujours possible de se ramener à un autre problème qui lui est linéaire. En effet, il suffit que la fonction E soit une fois dérivable par rapport à l'inconnue ρ dans un intervalle proche de la solution et que nous disposions d'une première estimation ρ_0 de cette solution dans l'intervalle. Le développement en série de Taylor assure alors que :

$$\begin{aligned} E(\rho) - E(\rho_0) &= E'(\rho_0) (\rho - \rho_0) + O(\|\rho - \rho_0\|) \\ \Leftrightarrow s - E(\rho_0) &= E'(\rho_0) \delta\rho + O(\|\delta\rho\|) \\ \Leftrightarrow b &= F \delta\rho + \epsilon_2 \quad \text{avec} \quad \rho = \rho_0 + \delta\rho \end{aligned} \tag{2.8}$$

Ainsi, au lieu de résoudre le problème non linéaire de l'équation 2.5, on va résoudre le problème linéaire suivant :

$$\text{Trouver } \delta\rho \text{ tel que } b = F \delta\rho + \epsilon_2, \text{ puis } \tilde{\rho} = \rho_0 + \delta\rho \tag{2.9}$$

Inversibilité Pour pouvoir résoudre le problème (équation 2.7), il faut qu'il soit bien posé. C'est à dire que la fonction qui lie ρ et s doit respecter les trois propriétés suivantes illustrées dans la figure 2.1 :

- **Existence** Pour tout élément du domaine d'arrivée de la fonction, il doit exister une solution dans le domaine d'entrée. Cette propriété est respectée si l'on choisit bien l'espace dans lequel on cherche la solution. Par exemple, en IRM, on ne pourra pas trouver d'image d'entrée dans le domaine réel \mathbb{R} correspondant au signal s dans le domaine de Fourier si ce dernier ne respecte pas la propriété de symétrie (voir annexe A.1). Dans ce cas, il faut chercher la solution du problème dans le domaine des images complexes \mathbb{C} . On notera que la non-existence peut être le fruit des perturbations subies par le signal. Élargir le champ de recherche de la solution peut alors conduire à une solution aberrante et non réaliste. Par exemple, la phase de l'image obtenue n'a pas forcément de sens physique. On notera qu'une fonction de transfert linéaire de \mathbb{R}^n dans \mathbb{R}^m avec $m > n$ correspond exactement à un cas où l'existence de la solution n'est pas assurée. On dit alors que le système est sur-déterminé. Ainsi, au lieu de rechercher une solution exacte dont l'existence n'est pas assurée, on cherchera plutôt une solution minimisant l'erreur avec les données acquises (voir plus loin la *Transformation du problème*).
- **Unicité** Pour tout élément du domaine d'arrivée, la solution doit être unique. Encore une fois, le choix de l'espace de recherche pour la solution est déterminant. Par exemple en photographie, si l'on cherche à reconstruire une image en couleur alors que le capteur est uniquement sensible à l'intensité lumineuse globale, on pourra trouver plusieurs images distinctes qui concordent avec les signaux de sortie de l'appareil. Il faut alors restreindre le domaine de recherche de la solution. Finalement, cette propriété traduit le fait que le processus d'acquisition s'effectue avec perte d'information. On notera qu'une fonction de transfert linéaire E de \mathbb{R}^n dans \mathbb{R}^m avec $m < n$, ou $m = n$ et $\text{rang}(E) < n$

voir encadré

Inversibilité et redondances

Prenons un système linéaire $E \in \mathbb{R}^{m \times n}$. Si $m > n$, on a plus de sorties que d'entrées. Il y a nécessairement des redondances en sorties. On notera que ces redondances peuvent être considérées comme néfastes ou bénéfiques selon le point de vue que l'on adopte.

D'un point de vue mathématique, les redondances risquent de ne pas être affectées par le même bruit, ce qui correspond alors à une incohérence et donc à un système non-inversible.

En revanche, du point de vue du signal, les redondances permettent statistiquement de s'approcher du signal réel. Car si on se contente d'une seule répétition, le signal risque d'être faux et d'aboutir à une solution juste du point de vue mathématique (car le système serait bien inversible), mais aberrante du point de vue physique.

correspond exactement au cas où l'unicité de la solution n'est pas assurée. On dit alors que le système est sous-déterminé. Dans ce cas, on pourra rechercher une solution qui respecte un critère, ou une contrainte supplémentaire que le critère de consistance avec les données acquises (voir plus loin *A quoi sert la régularisation ?*)

- **Continuité** La solution du problème doit dépendre continûment des signaux mesurés. Cela signifie que deux signaux proches dans le domaine d'arrivée doivent correspondre à deux solutions relativement proches dans l'espace objet. Or à cause des perturbations, on voit (figure 2.1) qu'un même objet peut aboutir à deux solutions distinctes et que inversement un même signal mesuré peut correspondre à deux objets relativement éloignés. Le non-respect de cette propriété peut induire d'importantes instabilités numériques lors de la résolution du problème. On notera que, idéalement, une fonction de transfert est linéaire sans perturbation. Elle est alors nécessairement continue. Par conséquent elle est inversible si et seulement si les deux premières conditions (existence et unicité) sont respectées.

Un problème qui ne respecte pas l'ensemble de ces trois propriétés est dit mal posé.

On notera qu'un problème mal posé dans sa formulation continue, peut devenir bien posé dans sa formulation discrète. Mais pour autant, la résolution du problème peut être très instable. On dit alors que le problème est mal conditionné. Le problème discret sera d'autant plus mal conditionné qu'il est initialement mal posé. De plus le problème discret sera d'autant plus mal conditionné qu'il est optimisé avec une résolution fine puisqu'on se rapproche alors du cas continu.

Transformation du problème On vient de voir qu'une première étape pour la résolution d'un problème inverse en imagerie est la formulation du problème avec un opérateur linéaire et discret. Nous venons également de voir que le problème n'est pas inversible car, d'une part son rang est la plupart du temps inférieur à la dimension de l'espace d'entrée ou de l'espace de sortie, et d'autre part des perturbations s'ajoutent au signal idéalement mesuré.

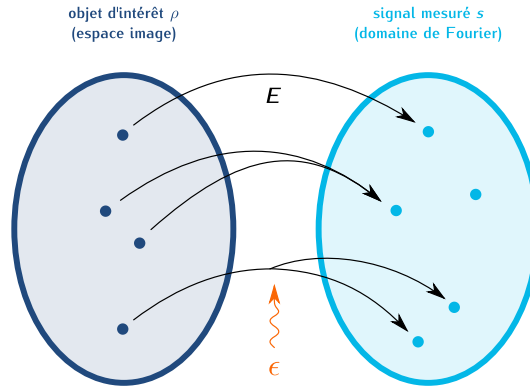


FIGURE 2.1: Ici sont représentés les différents cas de figure que l'on peut observer avec un problème mal posé qui transforme un objet de l'espace image en un signal mesuré par la transformation E et perturbé par ϵ . Deux objets distincts peuvent donner le même signal de sortie si l'acquisition induit une perte d'information. Certains objets du domaine d'arrivée peuvent être invisibles. Enfin, un même objet en entrée du système d'acquisition peut donner plusieurs signaux de sortie différents du fait des perturbations.

Ce n'est donc pas la solution idéale et exacte que nous pouvons espérer obtenir, mais une solution qui s'en approche le plus. De plus, dans la formulation de l'équation 2.7, les perturbations sont inconnues. Pour pouvoir résoudre le problème, il faut donc nécessairement ajouter une hypothèse, *i.e.* un *a priori* sur la forme de ces perturbations.

La première approche consiste donc à supposer qu'une solution acceptable est une solution qui minimise l'erreur entre les données réellement acquises et les données que l'on aurait obtenues avec notre modélisation de l'opérateur d'encodage. C'est à dire qu'en l'absence de connaissance sur les perturbations, on va les supposer gaussienne.

La seconde approche consiste à émettre un *a priori* sur la nature statistique des perturbations. Nous ne souhaitons pas développer ces méthodes dans cette thèse car même si elles apportent une reformulation plus fine du problème, elles sont également souvent plus complexes à mettre en œuvre du point de vue de la complexité calculatoire. Or nous verrons que le problème qui nous intéresse est déjà complexe du point de vue calculatoire du fait de ses grandes dimensions. Néanmoins, le lecteur curieux pourra s'orienter vers les méthodes de maximisation de vraisemblance [20] et les méthodes bayésiennes [21] comme le filtre de Wiener [22].

Revenons donc à la première approche. La minimisation au sens des moindres carrés nous donne :

$$\text{Trouver } \rho \text{ tel que } \rho = \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \|s - E\rho\|^2 \quad (2.10)$$

On peut montrer (*c.f.* annexe B.2) que cette assertion implique :

$$E^H s = E^H E \rho \quad (2.11)$$

L'idée est de développer la dérivée de la formulation précédente (équation 2.10) sachant que sa nullité est une condition nécessaire à la présence d'un minimum local.

Finalement, pour que ρ maximise la similitude des données simulées $E\rho$ avec les données réellement acquises s , ρ doit remplir la condition nécessaire $E^H s = E^H E \rho$. La solution de l'équation 2.11 constitue donc une bonne représentation de l'objet imagé. On notera également que cette équation 2.11 peut être reformulée de la façon suivante :

$$b = A\rho \quad \text{avec} \quad \begin{cases} b = E^H s \in \mathbb{C}^n \\ A = E^H E \in \mathbb{C}^{n \times n} \end{cases} \quad \text{alors que} \quad E \in \mathbb{C}^{m \times n} \quad (2.12)$$

On s'est donc ramené à une matrice carrée au lieu d'une matrice rectangulaire. Ceci est avantageux pour deux raisons. Tout d'abord, les méthodes d'inversion ou de pseudo-inversion sont quasiment toutes développées pour des systèmes linéaires carrés puisque les systèmes linéaires rectangulaires sont par définition non inversibles.

Optimisation de la solution Une fois le problème posé sous la forme $b = A\rho$, on dispose de nombreuses méthodes pour résoudre ce système. Nous ne citerons ici que trois d'entre elles car ce sont celles qui sont couramment utilisées et qui présentent un bon compromis entre la complexité calculatoire, leur justesse et leur robustesse à converger :

- Méthode itérative de Landweber
- Méthodes basées sur la descente de gradient
- GMRES
- LSQR (pour les opérateurs qui peuvent être décrits par une matrice creuse)

Nous choisissons de ne présenter ici que la méthode itérative de Landweber car il s'agit d'une des méthodes les plus simples. De plus, contrairement aux autres méthodes, elle ne nécessite pas le passage à la formulation $b = A\rho$ avec A une matrice carrée. Enfin, il sera nécessaire de comprendre son fonctionnement pour le chapitre 3. Les autres méthodes ont également été employées (majoritairement) dans cette thèse. En revanche leur utilisation ne nécessite pas de comprendre leur fonctionnement précis.

On souhaite donc trouver l'image ρ la plus similaire possible aux données acquises s à travers l'opérateur d'encodage E , *i.e.* on souhaite minimiser l'erreur $f(\rho) = \|s - E\rho\|^2$. En un point ρ_n , l'erreur évolue proportionnellement à $\partial f / \partial \rho_{n,i}$ dans la direction i . Il faut donc modifier ρ_n de façon proportionnelle à ce gradient et dans la direction opposée pour faire diminuer l'erreur. Ainsi, on peut diminuer l'erreur avec la nouvelle estimation $\rho_{n+1} = \rho_n - \nabla f(\rho_n)$. On a vu dans l'annexe B.2 le développement de cette dérivée. On obtient alors :

$$\rho_{n+1} = \rho_n + E^H (s - E\rho_n) \quad (2.13)$$

L'optimisation de la solution à l'aide de cette méthode itérative est appelée méthode de Landweber. Il s'agit en réalité d'une descente de gradient avec un pas fixe.

Cette méthode est souvent employée en reconstruction d'images tomographiques. C'est pourquoi la méthode itérative de Landweber est aussi appelée méthode itérative par projection et *back-projection*

2.1.3 A quoi sert la régularisation ?

Difficulté de résolution Si l'on résume en quelques mots ce qui a été exposé précédemment, on peut dire que l'on est en face d'un problème mal conditionné lorsque l'on remplit l'une des conditions suivantes :

- On cherche la solution dans un espace trop restreint qui ne décrit pas suffisamment la réalité de l'objet
- On dispose de moins de sorties indépendantes que l'on ne cherche d'entrées
- Le modèle d'encodage ne traduit pas la réalité de façon suffisamment fine et les phénomènes non décrits sont interprétés comme des perturbations

Plus un problème est mal conditionné, plus cela va avoir d'impact sur la justesse de la solution car :

- L'optimisation risque de converger vers un minimum local ne correspondant pas au minimum global
- Le minimum global peut correspondre à un objet aberrant du point de vue physique
- La convergence est hautement instable numériquement

On peut alors améliorer le conditionnement du problème en apportant des connaissances *a priori* sur la forme de la solution. C'est ce que l'on appelle l'ajout d'une régularisation.

Tikhonov Il existe plusieurs types de contraintes *a priori* que l'on peut appliquer à la solution. Par exemple, puisque l'on observe un objet réel, on sait qu'il n'est pas réaliste, du point de vue physique, qu'il présente des valeurs infinies, ou du moins très grandes. D'autre part, on souhaiterait que la solution présente une entropie la plus basse possible puisque l'entropie est souvent le reflet d'un bruit, d'une perturbation. Cette contrainte peut se traduire par la minimisation de l'énergie de la solution :

$$\text{Trouver } \rho \text{ tel que } \begin{cases} \rho = \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \|s - E\rho\|^2 \\ \rho = \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \|\rho\|^2 \end{cases} \quad (2.14)$$

On cherche donc une solution qui soit un compromis entre sa compatibilité avec les données acquises à travers notre modèle du système d'acquisition et sa vraisemblance physique à travers le respect de la contrainte *a priori*. La formulation de Tikhonov [23] permet d'obtenir ce compromis. Il s'agit de trouver la solution qui minimise la somme pondérée de ces deux contraintes :

$$\text{Trouver } \rho \text{ tel que } \rho = \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \|s - E\rho\|^2 + \lambda \|\rho\|^2 \quad (2.15)$$

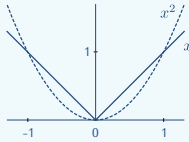
Et encore une fois, le problème peut être reformulé (c.f. annex B.2) sous la forme $A\rho = b$:

$$\rho = \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \|s - E\rho\|^2 + \lambda \|\rho\|^2 \Rightarrow (E^H E + \lambda Id) \rho = E^H s \quad (2.16)$$

Différences entre les normes \mathcal{L}^1 et \mathcal{L}^2

On définit les normes \mathcal{L}^1 et \mathcal{L}^2 d'un vecteur $(x_n)_n \in \mathbb{C}^n$ de la façon suivante :

$$\|x_n\|_1 = \sum_n |x_n| \quad \|x_n\|_2^2 = \sum_n |x_n|^2$$



Ainsi les petites valeurs ont un poids relativement plus important avec la norme \mathcal{L}^1 qu'avec la norme \mathcal{L}^2 . Inversement les grandes valeurs ont un poids relativement moins important avec la norme \mathcal{L}^1 qu'avec la norme \mathcal{L}^2 . Donc d'un point de vue théorique, la norme \mathcal{L}^1 va favoriser les vecteurs avec un petit support tandis que la norme \mathcal{L}^2 va limiter les vecteurs avec de grandes valeurs.

En revanche, il est important de noter que la fonction $\|x_n\|_2^2$ est dérivable tandis que $\|x_n\|_1$ ne l'est pas en zéro. Donc dans la pratique, les méthodes d'optimisation basées sur la transformée hermitienne ne fonctionnent plus avec la norme \mathcal{L}^1 .

On peut remplacer la contrainte de minimisation de l'énergie de la solution $\|\rho\|^2$ par d'autres contraintes, comme par exemple une contrainte de lissage de la solution $\|\nabla\rho\|^2$. Cette contrainte tend à minimiser le bruit de la solution.

Variation totale Avec la régularisation de Tikhonov, les variations dans l'image, et donc les artefacts, sont d'autant plus atténuées que l'amplitude de ces variations sont importantes. De ce fait, les variations normales de l'image risquent elles aussi d'être atténuées. Un autre type de régularisation consiste donc à se baser sur la quantité totale de variation (*TV*) [24] plutôt que sur leur amplitude. La formulation dans un cas à une dimension est la suivante :

$$TV(\rho) = \sum_k |\rho_{k+1} - \rho_k| \quad (2.17)$$

D'un point de vue mathématique, il s'agit ici de se baser sur la norme \mathcal{L}^1 au lieu de la norme \mathcal{L}^2 . Ainsi, le problème ne peut plus être reformulé sous la forme habituelle $A\rho = b$, et nécessite alors des méthodes d'optimisation itératives différentes.

voir encadré

$$\rho = \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \|s - E\rho\|^2 + \lambda TV(\rho) \quad (2.18)$$

Contrainte sur la dispersion du signal Plus récemment, une autre méthode de régularisation a vu le jour avec la théorie du *compressed sensing* [25, 26]. Le *compressed sensing* est une théorie qui assure que sous certaines conditions bien précises, il est possible de restaurer, *i.e.* de reconstruire un signal sans perte, même si la condition de Nyquist-Shannon sur l'échantillonnage n'est pas respectée. Pour résumer de façon simpliste, il faut que :

- L'échantillonnage respecte un schéma aléatoire.
- Il existe une transformation W vers un domaine dans lequel le signal a un support significativement plus petit. C'est à dire que le nombre d'éléments dont la valeur est supérieure à une valeur seuil est petit par rapport au nombre total d'éléments dans le vecteur porteur d'information. Plus concrètement, si l'on étudie des images de perfusion par exemple, et que l'on soustrait à l'image perfusée une image masque obtenue avant perfusion, on s'attend à ce que le nombre de pixels non nuls soit faible. Il est alors possible d'utiliser cette connaissance *a priori*. Pour cela il suffit d'utiliser la norme \mathcal{L}^1 dans ce domaine pour contraindre les données à avoir un petit support.
- L'échantillonnage ne se fait pas dans le domaine où le signal est épars.

voir encadré

$$\rho = \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \left\| s - E\rho \right\|^2 + \lambda \left\| W(\rho) \right\|_1 \quad (2.19)$$

On notera que les trois méthodes de régularisation proposées ci-dessus sont toutes basées sur le choix d'un paramètre de régularisation λ .

Régularisation explicite et régularisation implicite Toutes les méthodes de régularisation proposées ci-dessus sont des méthodes de régularisation explicites. C'est à dire que la contrainte apparaît explicitement dans l'équation du problème à résoudre. Mais il est également possible d'utiliser une régularisation implicite. Cette notion a déjà été évoquée précédemment mais nous souhaitons revenir dessus.

Plutôt que de s'assurer de l'aspect réaliste de la solution en ajoutant une contrainte, il est parfois possible de chercher directement la solution parmi un sous espace de l'espace de recherche initial. Si les éléments de ce sous-espace respectent par défaut la contrainte souhaitée, le nombre d'inconnues à résoudre est moins important et l'optimisation est donc plus rapide. De plus, aucune contrainte explicite n'a besoin d'être calculée. En revanche, si ce sous-espace est mal choisi, on risque d'être confronté à un problème de non existence de la solution dans ce sous-espace, ce qui risque de perturber la convergence de l'algorithme.

2.1.4 Ce qu'il faut retenir sur les problèmes inverses

- L'image reconstruite n'est finalement qu'une représentation, une projection perturbée de la réalité
- Les incohérences du signal ou perturbations ne sont que la traduction d'un phénomène non modélisé dans l'opérateur d'encodage
- Les perturbations affectent l'existence et la stabilité numérique de la solution
- Lorsque la résolution du problème nécessite une reformulation passant par une linéarisation, la convergence vers un minimum local peut être assurée, mais pas la convergence vers le minimum global
- Les régularisations permettent d'assurer l'unicité de la solution ou du moins d'assurer la convergence vers une solution réaliste

- On peut contraindre la solution à avoir une certaine forme soit en ajoutant une régularisation, soit en cherchant la solution dans un sous-espace plus restreint

Nous invitons le lecteur qui souhaiterait approfondir ces notions à se tourner vers l'ouvrage de Bertero et Boccacci [27].

2.2 Correction de mouvement inter-acquisition

Nous allons à présent nous intéresser à la correction de mouvements qui surviennent uniquement entre deux acquisitions. Il s'agit donc de corriger des décalages dans une série d'images chacune d'entre elles étant non affectée par le mouvement. On parle donc de recalage. On rappelle que cette correction de mouvement peut avoir un double objectif :

- Ramener une série d'images dans une même position de référence pour pouvoir effectuer une analyse transversale de ces images
- Extraire le mouvement qui survient entre deux positions physiologiques afin de pouvoir l'analyser

Quelques notations Supposons que l'on image un objet ρ avec les mêmes paramètres d'acquisition, mais dans deux positions physiologiques ρ_1 et ρ_2 . On obtient ainsi les jeux de données s_1 et s_2 .

Supposons que l'on considère la position ρ_1 comme étant la position de *référence* ρ_r . Elle peut par exemple correspondre à une position moyenne (à mi-chemin entre l'inspiration et l'expiration, à mi-chemin entre la diastole et la systole, *etc.*) ou à une position physiologiquement stable (expiration, diastole, *etc.*). On souhaite trouver le mouvement qui est survenu entre la position de référence et la position quelconque ρ_2 . Pour cela, on va donc chercher le champ de déplacements \vec{u} qui va transformer la position de référence en la position *cible* ρ_2 que l'on note alors ρ_t (*target*) et $\vec{u}_{r \rightarrow t}$.

$$\rho_r \xrightarrow[\vec{u}_{r \rightarrow t}]{} \rho_t \quad (2.20)$$

Pour cela, on va chercher le champ de déplacement \vec{u} qui déforme la position de référence et la fait correspondre à la position cible. On appelle cette position déformée la position *flottante* ρ_f .

$$\rho_r \xrightarrow[\vec{u}]{} \rho_f \quad (2.21)$$

Une fois que l'on a trouvé la position flottante qui correspond le mieux à la position cible, i.e. qui minimise un critère de similarité S , on appelle la nouvelle position obtenue la position *recalée* ρ_{reg} (*registered*).

$$\rho_{reg} = \underset{\rho_f}{\operatorname{argmin}} S(\rho_t, \rho_f) \quad (2.22)$$

Formalisme Comme il s'agit d'un mouvement physiologique réel, il existe bien un champ de déplacements \vec{u} tel que lorsque l'on applique cette déformation à l'objet ρ_r , on obtient l'objet ρ_t . L'opérateur qui permet d'appliquer cette déformation est noté W (*warping operator*).

$$\exists \vec{u} \text{ tel que } \rho_t = W(\vec{u}, \rho_r) \quad (2.23)$$

Or on ne connaît pas les objets ρ_r et ρ_t . En effet, on ne dispose que des données mesurées et donc on ne peut accéder qu'aux représentations $\tilde{\rho}_r$ et $\tilde{\rho}_t$ que l'on peut s'en faire à travers notre modèle de l'opérateur d'encodage \tilde{E} . Par exemple, avec une régularisation de Tikhonov :

$$\tilde{\rho}_i = \underset{\rho_i}{\operatorname{argmin}} \left\{ \|s_i - \tilde{E}\rho_i\|^2 + \lambda \|\rho_i\|^2 \right\} \quad (2.24)$$

Il s'agit donc à présent de trouver le mouvement à partir de ces représentations :

$$\text{Trouver } \vec{u} \text{ tel que } \tilde{\rho}_t = W(\vec{u}, \tilde{\rho}_r) \quad (2.25)$$

Mais à présent, l'existence d'un tel champ de déplacements n'est plus assurée puisqu'on ne dispose que de représentations. Notamment, le bruit est indépendant pour les deux acquisitions et les reconstructions sont donc affectées différemment. De plus on n'est pas assuré que la représentation ρ_r contienne suffisamment d'information pour reconstruire la représentation ρ_t , même avec un modèle de mouvement \vec{u} idéal.

On se ramène donc encore une fois à la minimisation d'une similarité accompagnée d'une éventuelle régularisation :

$$\text{Trouver } \tilde{\vec{u}} \text{ tel que } \tilde{\vec{u}} = \underset{\vec{u}}{\operatorname{argmin}} \left\{ \|\tilde{\rho}_t - W(\vec{u}, \tilde{\rho}_r)\|^2 + \lambda \|\nabla \vec{u}\|^2 \right\} \quad (2.26)$$

Ou plus généralement :

$$\text{Trouver } \tilde{\vec{u}} \text{ tel que } \tilde{\vec{u}} = \underset{\vec{u}}{\operatorname{argmin}} \{ S(\tilde{\rho}_t, W(\vec{u}, \tilde{\rho}_r)) + \lambda R(\nabla \vec{u}) \} \quad (2.27)$$

Ce n'est donc encore une fois qu'une représentation du mouvement que l'on peut espérer obtenir, *i.e.* un mouvement apparent. Afin de simplifier les notations, la notation $\tilde{\rho}$ sera remplacée par ρ dans toute la suite de ce manuscrit.

On notera que dans l'équation 2.24 l'opérateur d'encodage \tilde{E} ne dépend *a priori* pas de l'objet imagé et donc ne dépend pas de sa position. C'est d'ailleurs pour cela que l'optimisation du modèle de mouvement ne nécessite pas l'intervention de cet opérateur supposé identique pour toutes les positions. Cette hypothèse sera discutée à la fin de ce chapitre.

Nous allons à présent voir comment mettre en œuvre ce recalage dans le cadre des mouvements que l'on rencontre en IRM, c'est à dire principalement la respiration et le battement cardiaque. Nous verrons dans un premier temps quelles hypothèses peuvent être formulées sur les champs de déplacements et comment se traduit l'opérateur de déformation W . Nous présenterons ensuite les principales méthodes de la littérature adaptées à ces recalages : quels critères de similarité, quelles régularisations, quelles méthodes d'optimisation sont les plus adaptées à notre problème. Enfin nous présenterons le premier apport majeur de cette thèse qui consiste en une méthode de régularisation adaptative implicite adaptée au recalage des mouvements que l'on rencontre en IRM.

2.2.1 Déformations : hypothèses et mise en œuvre

2.2.1.1 Champ de déplacements \vec{u}

Propriétés physiques Si l'on s'appuie sur la description qui a été faite dans le chapitre 1.1, on note que les principaux mouvements, qui sont induits par la respiration et le battement cardiaque, respectent un certain nombre de caractéristiques :

- **Non-rigidité** Les champs de déplacements sont extrêmement non-rigides : torsion du cœur, glissement des organes les uns par rapport aux autres au niveau des séreuses.
- **Continuité par morceaux** Si les champs de déplacements sont non-rigides, le mouvement de chaque élément de tissu n'est pas pour autant indépendant de celui de ses voisins. En effet, deux éléments de tissus adjacents, auront un mouvement très corrélé s'ils appartiennent à la même structure. En revanche, deux éléments de tissus correspondant à l'interface entre deux structures peuvent avoir des déplacements indépendants, notamment au niveau des séreuses.
- **Homéomorphisme** Les champs de déplacements doivent respecter la topologie des structures anatomiques. C'est à dire qu'il ne peut pas y avoir création ou disparition d'une communication entre deux cavités ou d'un trou au niveau d'une paroi par exemple. Nous attirons l'attention du lecteur sur le fait que cette propriété est vraie pour les champs de déplacements réels (3D), mais ne l'est plus nécessairement pour des champs de déplacements apparents en 2D (voir figure 2.2).
- **Incompressibilité** Les tissus mous du corps sont incompressibles, c'est-à-dire qu'ils peuvent se déformer mais sans variation de volume. Seuls les gaz sont compressibles et on ne trouve de gaz que dans l'appareil respiratoire, la sphère ORL et par poches dans le système digestif. De plus ces variations sont négligeables à l'échelle des pressions en jeu. C'est plutôt l'échange de gaz avec l'extérieur qui doit éventuellement être pris en compte (variation du volume pulmonaire).

Modèle envisageable Chacune de ces propriétés peut se traduire par une modélisation, une simplification ou un *a priori* sur le champ de déplacements qui peut modéliser le mouvement :

- **Non-rigidité** Un modèle paramétrique sera donc insuffisant. En effet, une translation et rotation ne suffisent pas à décrire le mouvement en chaque point. Même l'ajout d'une homothétie et d'un agrandissement sont insuffisants pour décrire des torsions et glissements. Il sera donc nécessaire de décrire en tout point le déplacement qui survient. Si on note (x_i^f, y_i^f, z_i^f) la position d'un élé-

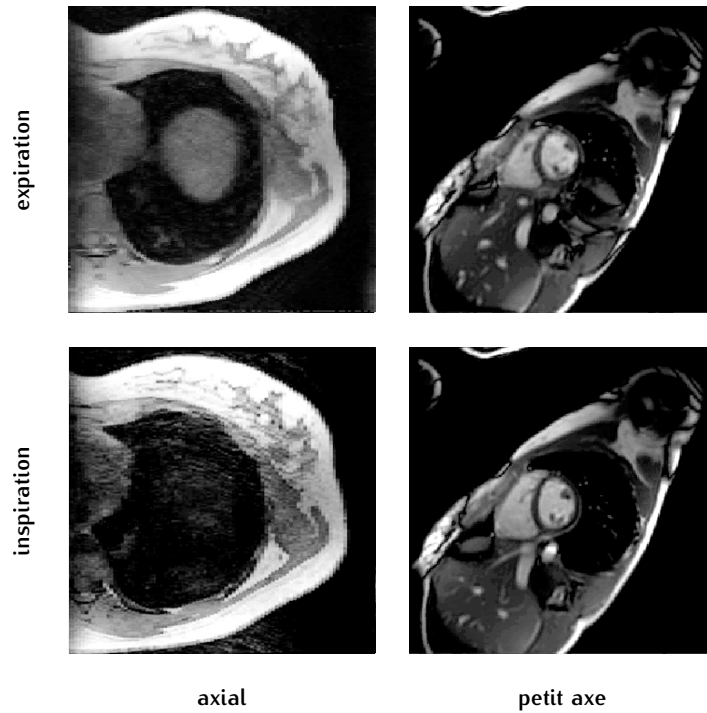


FIGURE 2.2: Il n'existe pas toujours de champ de déplacements 2D qui puisse décrire la transformation entre deux images acquises en 2D et correspondant à deux positions physiologiques différentes, notamment lorsque le mouvement réel présente une composante transversale au plan de l'image. Ainsi, dans les exemples ci-dessus, on voit le foie disparaître et apparaître entre l'expiration et l'inspiration. En réalité, certains tissus vus dans l'image en expiration ne sont pas visibles dans l'image en inspiration et inversement. Il n'est donc pas possible de reconstruire la première image en fonction de la seconde et réciproquement. Ce phénomène est particulièrement présent sur les orientations axiales et petit axe dans le cas de l'imagerie cardiaque.

ment de tissu i dans la position de référence ρ_r et (x_i^t, y_i^t, z_i^t) sa position cible dans ρ_t :

$$\text{Modèle paramétrique insuffisant : } \begin{pmatrix} x_i^t \\ y_i^t \\ z_i^t \end{pmatrix} = A \begin{pmatrix} x_i^r \\ y_i^r \\ z_i^r \end{pmatrix} \quad (2.28)$$

$$\text{Modèle non-rigide suffisant : } \begin{pmatrix} x_i^t \\ y_i^t \\ z_i^t \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} x_i^r + u_i^x \\ y_i^r + u_i^y \\ z_i^r + u_i^z \end{pmatrix} \quad (2.29)$$

- **Continuité par morceaux** On peut traduire cette notion de la façon suivante : les champs de déplacements sont globalement lisses, sauf éventuellement aux interfaces entre les tissus. C'est pourquoi les régularisations du type Tikhonov sont souvent appliquées sur les gradients des champs de déplacements afin de contraindre (uniquement) l'aspect de lissage.

- **Homéomorphisme** En 2D, on peut donc voir des structures apparaître ou disparaître entre les différentes positions. De ce fait, il est parfois impossible de trouver un champ de déplacements qui puisse décrire ces transformations, ou de reconstruire une image à partir d’une autre. On voit apparaître ici l’importance de travailler en 3D, ou du moins dans une orientation 2D qui limite les déplacements au travers de la coupe.
- **Incompressibilité** Cette notion d’incompressibilité des tissus mous peut se traduire par un jacobien J constant égal à 1 en 3D. Mais cette contrainte peut être délicate à appliquer puisqu’elle n’est pas respectée au niveau des zones où il y a de l’air. De plus, comme on vient de le voir, en 2D, le mouvement apparent peut être complètement différent de la réalité 3D. On peut ainsi avoir une impression de compression alors qu’il n’y en a pas en réalité. Par exemple si l’on considère une coupe axiale au niveau du dôme du foie, on va voir le foie se « dilater » et se « comprimer ». Nous verrons que cette propriété d’incompressibilité peut être malgré tout quasiment toujours respectée grâce à une manipulation dans l’opérateur de déformation W .

2.2.1.2 Opérateur de déformation W

Interpolateur Intéressons nous à présent à l’application d’un champ de déplacements \vec{u} à une image ρ_r pour obtenir une image flottante ρ_f . À la fois l’image d’origine et l’image finale doivent être échantillonnées sur une grille régulière. Or les déplacements non-rigides ne correspondent pas nécessairement à des pas entiers de cette grille. Donc pour chaque pixel d’origine, il va falloir répartir l’information portée par ce pixel sur les pixels de l’image finale les plus proches de la coordonnée de destination (voir figure 2.3). Cette approche est appelée interpolation *forward* puisqu’elle part de l’image source pour aller vers l’image finale. De manière réciproque on peut utiliser une approche *backward*. Il s’agit alors de partir de l’image finale et de chercher rétrospectivement pour chaque pixel les informations correspondantes dans l’image source.

Dans les deux cas, il s’agit d’effectuer une interpolation. Le choix du noyau d’interpolation pourrait être discuté mais n’est pas ici un problème propre à notre étude. Nous invitons le lecteur à se reporter à la littérature [28]. Dans la pratique, nous avons majoritairement utilisé un noyau linéaire lorsque l’on souhaitait optimiser les performances calculatoires ou de Lanczos [29] (à noter qu’une *look-up table* permet d’optimiser les performances calculatoires pour les noyaux complexes).

On notera que l’opérateur de déformation W qui effectue cette interpolation connaissant le champ de déplacements \vec{u} est bien linéaire par rapport à l’image d’entrée, mais pas par rapport au champ de déplacements.

$$\begin{aligned} \rho_f &= W(\vec{u}, \rho_r) = W(\vec{u}) \rho_r \\ \rho_i^f &= \sum_{j=1}^N w(\vec{u})_{ij} \rho_j^f \quad \text{avec } N \text{ le nombre de pixels dans les images} \end{aligned} \quad (2.30)$$

Pour une interpolation en 2D avec une noyau d'interpolation K on peut développer :

$$\begin{aligned}
 w(\vec{u}^f)_{ij} &= K(x_j + u_j^x - x_i) K(y_j + u_j^y - y_i) && \text{avec l'approche } forward \\
 w(\vec{u}^b)_{ij} &= K(x_i - u_i^x - x_j) K(y_i - u_i^y - y_j) && \text{avec l'approche } backward
 \end{aligned}
 \tag{2.31}$$

Dans les deux cas, cet interpolateur est une matrice creuse (chaque pixel d'une image n'est lié qu'à un nombre limité de pixels de l'autre image).

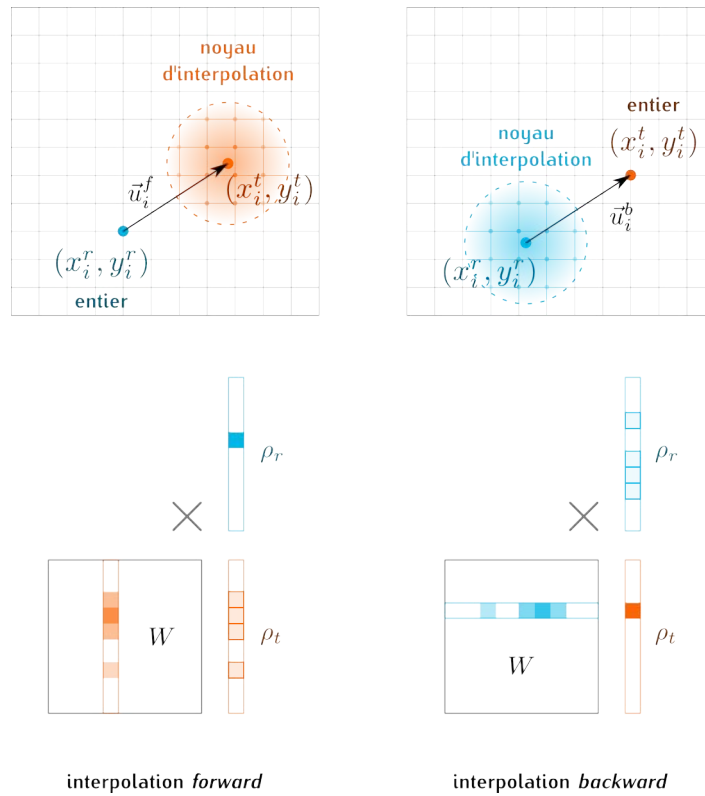


FIGURE 2.3: Différence entre modèle de mouvement *forward* et *backward*. Le modèle forward se place du point de vue de l'image source (référence) : pour chaque pixel de l'image source, comment répartir l'information dans l'image cible? Le modèle backward se place du point de vue de l'image finale (ou flottante) : pour chaque pixel de l'image finale quels sont les pixels de l'image source qui ont contribué?

Différence entre modèle *forward*, *backward* et *inverse* On notera que l'approche *forward* amène à construire l'opérateur d'interpolation W colonne par colonne tandis que l'approche *backward* amène à la construire ligne par ligne.

On notera que l'opérateur W_f construit avec un champ de déplacements *forward* \vec{u}_f est différent de l'opérateur W_b construit avec un champ de déplacements *backward* \vec{u}_b . En effet, pour passer du champ *forward*, décrit en partant de tout pixel de l'image source, au champ *backward*, décrit pour arriver en tout pixel de l'image d'arrivée, il faut effectuer une interpolation. Ainsi, à partir d'un champ de déplacements *forward*,

on peut obtenir plusieurs champs de déplacements *backward* légèrement différents en fonction de l'interpolation que l'on utilise et donc plusieurs opérateurs W_b différents.

L'autre différence majeure entre ces deux approches se situe autour de la notion d'incompressibilité. On a vu que le champ de déplacements apparent en 2D peut présenter un jacobien $J \neq 1$, par exemple une compression apparente ($J < 1$). Si l'on considère une approche *forward*, pour un pixel de l'image d'arrivée dans la zone de compression, il aura plus de pixels de l'image source qui vont apporter leur contribution (figure 2.4). Par conséquent, le niveau de gris de l'image d'arrivée sera localement plus élevé. En revanche, avec l'approche *backward*, pour un pixel de l'image d'arrivée, il y a toujours le même nombre de pixel de l'image source qui contribuent. La compression ne sera donc pas retranscrite par une variation de l'intensité. Si l'on souhaite obtenir cette même propriété avec une approche *forward*, il suffit donc de normaliser l'opérateur d'interpolation ligne par ligne. Les approches *backward* et *forward* normalisées sont donc intéressantes car on ne souhaite pas que les champs apparents compressibles induisent de variation d'intensité puisque les champs réels ne sont pas compressibles. Par exemple le foie doit garder son niveau de gris de départ même après déformation par un champ compressible 2D.

$$\begin{aligned}
 \textit{Forward} & \quad \forall j \quad \sum_i w_{ij} = 1 \\
 \textit{Backward} & \quad \forall i \quad \sum_j w_{ij} = 1 \\
 \textit{Forward normalisé} & \quad \forall j \quad \sum_i w_{ij} = 1 \quad \text{puis} \quad \forall(i, j) \quad w_{ij} \leftarrow \frac{w_{ij}}{\sum_j w_{ij}}
 \end{aligned}
 \tag{2.32}$$

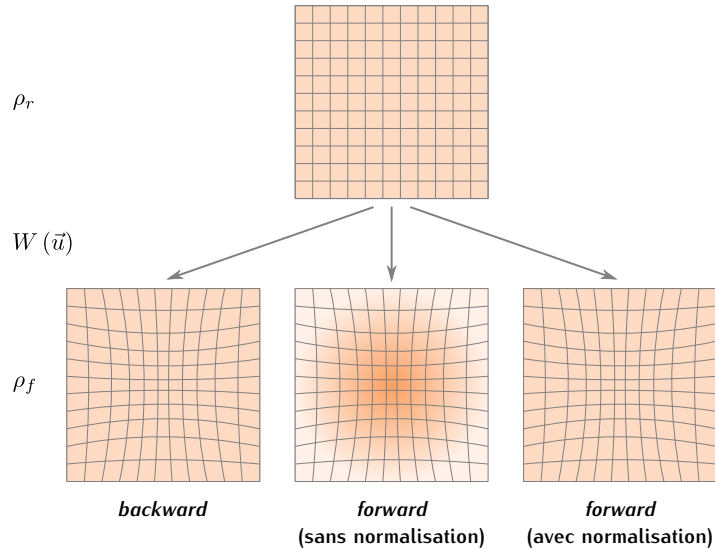


FIGURE 2.4: Le champ de déplacements apparent ne respecte pas toujours la propriété d'incompressibilité des tissus mous. La déformation basée sur une approche *backward* ne répercute pas les variations de densité dans les niveau de gris contrairement à l'approche *forward*. Mais cela peut être corrigé par une normalisation de l'opérateur d'interpolation W ligne par ligne.

On notera que cette propriété n'est pas gênante pour les zones qui étaient initialement réellement comprimées ou dilatées puisque ces zones correspondent à de l'air qui ne donne pas de signal. La normalisation n'a alors aucune influence. Le seul cas où cette propriété puisse donner un résultat incorrect correspond aux images où il y a beaucoup de volume partiel entre des tissus mous et de l'air. Prenons le cas du parenchyme pulmonaire : c'est le seul cas où la compression des poumons doit induire une augmentation du niveau de gris car le ratio entre parenchyme et air devient plus important. Encore faut-il que la séquence présente un contraste suffisant sur cette zone, ce qui très rarement le cas à cause des temps de relaxation très courts et de la basse densité de proton de ce tissu.

Malgré leurs différences les deux approches sont liées entre elles par la notion d'inverse. En effet, l'inverse du champ de déplacements permettant de passer de l'image ρ_1 à l'image ρ_2 avec une approche *forward*, est le champ de déplacements permettant de passer de l'image ρ_2 à l'image ρ_1 avec l'approche *backward*.

$$\left(\vec{u}^f\right)^{-1} = \vec{v}^b \quad \text{avec} \quad \vec{v}^b(x, y) = -\vec{u}^f(x, y) \quad (2.33)$$

On en déduit donc facilement le lien entre les matrices d'interpolation :

$$W\left(\left(\vec{u}^f\right)^{-1}\right) = {}^tW\left(\vec{u}^f\right) \quad (2.34)$$

Ainsi, si l'on connaît une matrice l'interpolation pour passer de l'image ρ_1 à l'image ρ_2 on dispose également d'une matrice d'interpolation dans l'autre sens en prenant sa transposée. Attention, la transposée n'est pas l'inverse de l'opérateur du point de vue mathématique (${}^tW \neq W^{-1}$), mais correspond bien à une opération inverse juste du point de vue de l'interpolation.

On vient de voir que les deux approches sont toutes les deux acceptables, mais n'aboutissent pas exactement au même résultat. En effet, cet écart reste restreint à la marge d'erreur induite par une interpolation, il est donc minime. Cependant, nous allons à présent voir que l'approche *forward* sera dans un cas particulier préférable à l'approche *backward*. Il s'agit du cas où l'on ne souhaite pas trouver un unique champ de déplacements, mais plusieurs champs de déplacements \vec{u}_i à partir d'une même position de référence. Plutôt que de résoudre un champ de déplacements par position, on peut parfois faire l'approximation que tous les champs de déplacements sont proportionnels les uns aux autres ce qui réduit significativement le nombre d'inconnues du problème (cette hypothèse de linéarité sera développée dans le chapitre 2.3) :

$$\text{Hypothèse de linéarité:} \quad \forall i \quad \exists \alpha_i \quad \text{tel que} \quad \vec{u}_i = \alpha_i \vec{u}_0 \quad (2.35)$$

Par exemple, si un élément de tissu effectue un déplacement \vec{u} entre la position physiologique moyenne et l'inspiration, on peut supposer que ce même élément effectue le déplacement $-\vec{u}$ entre la position physiologique moyenne et l'expiration, et le déplacement $1,5 \vec{u}$ entre la position physiologique moyenne et une inspiration forcée, etc. On voit que l'approche *forward* est ici beaucoup mieux adaptée que l'approche *backward* puisque la première utilise comme référence le point de départ. D'ailleurs, si on prend un champ de déplacements décrit par les deux approches \vec{u}^f et \vec{u}^b , ces deux approches ne sont plus nécessairement équivalentes si on les multiplie par un facteur (figure 2.5).

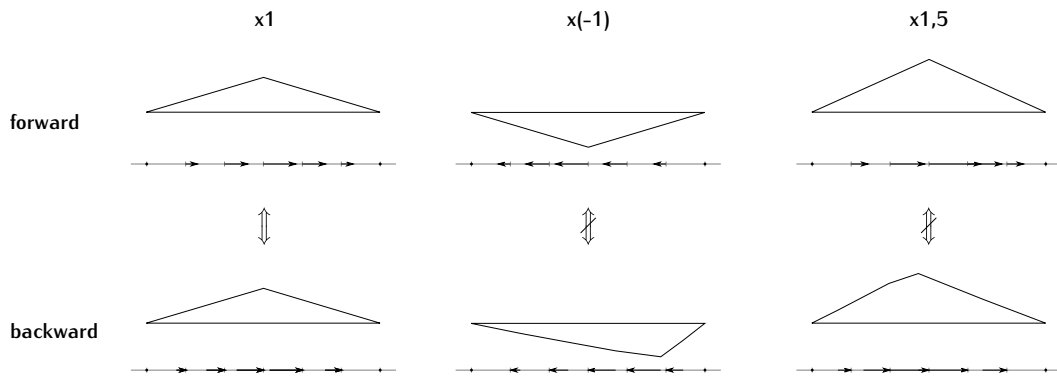


FIGURE 2.5: Pour une meilleure visualisation, ont été représentés à la fois l'amplitude de manière continue et le champ de déplacements discret. On voit que lorsque l'on multiplie les champs des déplacements par un facteur, les approches ne sont plus équivalentes. Seule l'approche *forward* permet d'obtenir un modèle de mouvement linéaire correct.

Finalement, on peut résumer de la façon suivante les avantages et inconvénients des formulations *forward* et *backward* :

- La formulation *forward* est la seule formulation valide lorsque l'on émet une hypothèse de linéarité sur les champs de déplacements
- Si l'on utilise un noyau d'interpolation de taille fixe, avec la formulation *forward*, on risque de ne jamais atteindre certains pixels de l'image d'arrivée. Il faut donc adapter localement la taille du noyau d'interpolation en fonction du jacobien du champ de déplacements.
- Si l'on utilise encore un noyau d'interpolation de taille fixe, avec la formulation *backward* cette fois, tous les pixels d'arrivée sont assurés d'être atteints. En revanche, certains pixels de l'image d'origine peuvent être plus exploités que d'autres. Certains pixels peuvent même ne pas être utilisés du tout (champ de déplacements avec une dilatation locale notamment).
- L'interpolation utilisant la formulation *backward* est donc plus facile à implémenter que celle utilisant la formulation *forward*. D'ailleurs, les routines d'interpolation fournies dans Matlab par exemple (fonction *interp2*) utilisent la formulation *backward* : elles requièrent une grille régulièrement échantillonnée pour la description de l'image originale et la position dans l'image originale des nœuds correspondant à la grille finale régulièrement échantillonnée.

2.2.1.3 Ce qu'il faut retenir sur la mise en œuvre de déformations en IRM

- Les déformations non rigides que l'on observe en IRM entre deux images peuvent être décrites par des champs de déplacements
- On peut utiliser deux approches : soit décrire le déplacement que va suivre chaque pixel de l'image de départ (*forward*), soit le déplacement qu'a suivi chaque pixel de l'image d'arrivée (*backward*)

- Les deux approches sont similaires mais non équivalentes
- L’application de ces déformations à une image peut se faire via un opérateur linéaire par rapport à l’image et non linéaire par rapport au champ de déplacements
- Les champs de déplacements réels sont quasiment toujours non-compressibles alors que les champs de déplacements apparents (en 2D) peuvent l’être
- La conservation de l’intensité pour les champs apparents compressibles peut être obtenue en utilisant soit l’approche *backward*, soit une approche *forward* normalisée
- L’hypothèse de proportionnalité entre plusieurs champs de déplacements nécessite l’utilisation de l’approche *forward* si on veut pouvoir se ramener à un unique champ de déplacements

2.2.2 État de l’art du recalage non-rigide

Nous venons de voir comment déformer une image de façon non-rigide à l’aide d’un champ de déplacements. Nous allons maintenant présenter les principales méthodes de la littérature permettant de trouver le champ de déplacements optimal entre deux images à recalcr, i.e. résoudre l’équation 2.27.

2.2.2.1 Critère de similarité

Il s’agit de trouver la déformation \vec{u} qui va rendre l’image cible et l’image déformée les plus similaires possible.

En recalage, il est parfois nécessaire de s’affranchir du bruit, d’artéfacts, ou encore du fait que les images n’ont pas le même contraste pour pouvoir les comparer, i.e. étudier leur similarité. Il existe alors deux grandes familles de critères de similarité : celle basée sur les niveaux de gris des images et celle basée sur l’extraction de caractéristiques dans les images [30].

Les critères de similarité basés sur les niveaux de gris des images utilisent souvent l’histogramme 2D. Le critère le plus naïf est la norme de la différence des deux images. Mais on pourra également citer la corrélation croisée normalisée, l’entropie conjointe, l’information mutuelle, la différence de gradient, *etc.* Ces critères sont riches puisqu’ils se basent sur toute l’image. Mais par conséquent, ils sont également rapidement perturbés par des inconsistances entre les deux images.

Les critères basés sur l’extraction de caractéristiques consistent à extraire des images des structures telles que des points, lignes ou encore surfaces, puis à ne comparer que la similarité de ces caractéristiques (distance, forme, nombre, *etc.*). Ces critères sont souvent très robustes face à des différences de nature entre les images à recalcr. En revanche, elles peuvent induire une perte de précision du fait des erreurs qui peuvent être commises lors de l’extraction. De plus cette opération nécessite parfois des méthodes d’analyse d’image avancée.

Dans notre cas, les images sont de même nature et ne présentent *a priori* pas d’artéfacts car le mouvement survient uniquement entre les acquisitions. On pourra

donc se contenter de la norme de la différence des images pour ce chapitre (à noter que dans le chapitre 3, on s'intéressera au recalage d'images multi-contraste).

$$\text{Trouver } \vec{u} \text{ tel que } \vec{u} = \underset{\vec{u}}{\operatorname{argmin}} \|\rho_t - W(\vec{u})\rho_r\|^2 \quad (2.36)$$

2.2.2.2 Optimisation

Il s'agit à présent de minimiser le critère de similarité par rapport au champ de déplacements. On a vu que l'opérateur de déformation n'est pas linéaire par rapport à ce champ de déplacements. Pour pouvoir optimiser ce système linéaire, on va donc linéariser l'équation à l'aide d'un développement limité comme proposé dans l'équation 2.8. On obtient alors l'équation du flux optique (la démonstration fournie dans l'annexe B.3 se base à la fois sur un développement limité et sur l'hypothèse de conservation de l'intensité) :

$$\rho_t - \rho_f = -\nabla\rho_f \cdot \delta\vec{u} \quad (2.37)$$

Ainsi, si l'on dispose d'une première approximation ρ_f de l'image recalée avec le champ de déplacements \vec{u} , alors l'erreur $\delta\vec{u}$ avec le champ de déplacements réel peut être obtenue grâce à l'optimisation du système linéaire de l'équation 2.37 (figure 2.6).

$$\begin{aligned} &\text{Connaissant } (\rho_f, \vec{u}) \text{ tel que } \rho_f = W(\vec{u})\rho_r \\ &\text{trouver } \delta\vec{u} \text{ tel que } \delta\vec{u} = \underset{\delta\vec{u}}{\operatorname{argmin}} \|(\rho_t - \rho_f) + \nabla\rho_f \cdot \delta\vec{u}\|^2 \\ &\Leftrightarrow \delta\vec{u} \text{ tel que } \delta\vec{u} = \underset{\delta\vec{u}}{\operatorname{argmin}} \|b - R\delta\vec{u}\|^2 \\ &\Rightarrow \text{résoudre } R^H R \delta\vec{u} = R^H b \\ &\text{puis } \vec{u} \leftarrow \vec{u} + \delta\vec{u} \end{aligned} \quad (2.38)$$

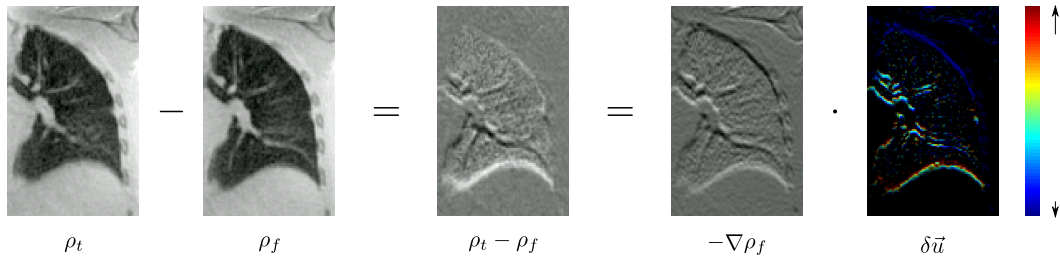


FIGURE 2.6: Illustration du flux optique. Si l'on dispose de deux images ρ_t et ρ_f suffisamment proches l'une de l'autre, alors on peut déduire de leur différence et du gradient $\nabla\rho_f$ une bonne approximation du champ de déplacements $\delta\vec{u}$ entre ces deux images. On notera que l'approximation ne peut être déterminée que là où les gradients sont non nuls (ici seuls le gradient et champ de déplacements dans la direction verticale ont été représentés).

Ainsi, l'approche de la solution d'un recalage se fait à l'aide d'une optimisation itérative. De plus il est nécessaire de disposer d'une première initialisation suffisamment proche de la solution pour que l'approximation de l'équation du flux optique

soit valide, *i.e.* pour que l'algorithme puisse converger. Or aucune estimation n'est en général disponible *a priori*. On peut alors utiliser un champ de déplacements nul comme initialisation et travailler à basse résolution pour que cette initialisation soit suffisamment proche de la solution. En effet, plus on descend en résolution, plus les déplacements réels sont négligeables par rapport à la taille du pixel. Un déplacement nul est alors une assez bonne approximation. Une fois le champ de déplacements approché à basse résolution, on peut augmenter progressivement la résolution du problème et utiliser la solution obtenue précédemment comme initialisation du niveau de résolution suivant avec une simple interpolation. Finalement, l'algorithme complet 2.1 consiste en un algorithme itératif multi-résolution. Il y a donc deux niveaux d'itération : interne avec l'optimisation du champ de déplacements et externe avec la progression de la résolution spatiale du problème.

Algorithme 2.1 Optimisation d'un champ de déplacements à l'aide de l'équation du flux optique

Require: Deux images ρ_t et ρ_r de résolution N

Ensure: Le champ de déplacements \vec{u} qui transforme ρ_r en ρ_t

```

1:  $\vec{u}^0 \leftarrow 0$ 
2:  $\rho_f^0 \leftarrow \rho_r$ 
3: for niveau de résolution  $i := 1$  to  $n_{res}$  do
4:   résolution courante  $N^i = N/2^{n_{res}-i}$ 
5:   interpolation à la résolution courante :  $(\rho_t^i, \rho_f^i, \vec{u}^i)$  à partir de  $(\rho_t, \rho_f^{i-1}, \vec{u}^{i-1})$ 
6:    $iter \leftarrow 0$ 
7:   résidu  $\epsilon \leftarrow \|\rho_t^i - \rho_f^i\|^2$ 
8:   while  $iter < iter_{max}$  & résidu  $\epsilon$  diminue do
9:     optimise  $\delta\vec{u} \leftarrow \underset{\delta\vec{u}}{\operatorname{argmin}} \left\| (\rho_t^i - \rho_f^i) + \nabla\rho_f^i \cdot \delta\vec{u} \right\|^2$ 
10:     $\vec{u}^i \leftarrow \vec{u}^i + \delta\vec{u}$ 
11:     $\rho_f^i \leftarrow W(\vec{u}^i)\rho_r^i$ 
12:     $\epsilon \leftarrow \|\rho_t^i - \rho_f^i\|^2$ 
13:     $iter \leftarrow iter + 1$ 
14:   end while
15: end for

```

On notera que le problème ainsi posé est très mal posé car il présente une infinité de solutions. En effet, aucun déplacement ne peut être estimé là où il n'y a pas de gradient dans l'image. Quel que soit le déplacement que l'on applique à une zone homogène, l'image déformée résultante sera toujours la même. C'est donc bien un champ de déplacements apparent que l'on obtient et non pas le champ de déplacements réel. Nous verrons que l'on peut appliquer des régularisations pour contraindre la solution à respecter une propriété *a priori*, ou tout simplement pour améliorer la convergence de l'algorithme.

De plus, on notera également que si l'objectif du recalage est d'obtenir des images recalées pour leur analyse, le fait d'obtenir un champ de déplacements apparent et non pas le champ de déplacements réel n'est en aucun cas gênant. Le déplacement réel aurait dans tous les cas abouti à la même image recalée. En revanche, si l'objectif du recalage est d'extraire le mouvement pour l'analyser, il faudra s'assurer de la présence

de gradients perpendiculaires à la direction des déplacements dans la région d'intérêt. Dans le cas contraire, les résultats devront être interprétés avec précaution.

Nous venons ici de présenter un algorithme de base adapté au problème du recalage en IRM. Autour de cette trame, on trouve de multiples variations. Par exemple, dans le cas de l'imagerie cinétique les images sont toutes très proches les unes des autres. L'initialisation n'est alors plus nécessaire et une seule itération du flux optique est suffisante. La méthode de Lucas-Kanade [31] sera alors particulièrement adaptée. On peut aussi proposer des critères de similarités plus évolués [32]. L'évaluation du gradient de la fonction de coût aura alors souvent une complexité calculatoire plus importante. Dans certains cas la linéarisation peut même être délicate et il faudra alors employer des algorithmes d'optimisation non linéaires tel que les simplex, algorithmes génétiques ou encore réseaux de neurones [33]. D'autres méthodes d'optimisations peuvent également être employées afin d'améliorer l'efficacité calculatoire et la robustesse du recalage comme les algorithmes *Demon* [34]. La partie initialisation peut elle aussi être modifiée. On peut par exemple approcher plus rapidement la solution en se limitant à un recalage rigide ou semi-rigide dans un premier temps.

Mais dans notre cas, comme nous venons de le voir, c'est principalement la régularisation de la solution qui doit attirer notre attention.

2.2.2.3 Régularisation

Comme nous l'avons déjà vu dans le chapitre 2.1, la régularisation de Tikhonov est une méthode de régularisation standard. Pour notre problème de recalage, son utilisation consiste à contraindre le lissage du champ de déplacements, i.e. à minimiser la norme de son gradient $\|\nabla\vec{u}\|^2$.

$$\begin{aligned} \text{Trouver } \delta\vec{u} \text{ tel que } \delta\vec{u} &= \underset{\delta\vec{u}}{\operatorname{argmin}} \left\{ \|b - R\delta\vec{u}\|^2 + \lambda \|\nabla(\vec{u} + \delta\vec{u})\|^2 \right\} \\ \Rightarrow \text{résoudre } (R^H R + \lambda \nabla^H \nabla) \delta\vec{u} &= R^H b - \lambda \nabla^H \nabla \vec{u} \end{aligned} \quad (2.39)$$

On peut interpréter cette contrainte de lissage de la manière suivante : si la pondération λ de la régularisation est bien choisie, en présence d'un gradient dans l'image, c'est l'équation du flux optique qui prédomine et détermine la valeur du déplacement. En l'absence de gradient dans l'image, c'est la contrainte de lissage qui prédomine. Ainsi en théorie, le champ de déplacements devrait être lisse entre les points où il peut être déterminé, i.e. il sera en quelque sorte interpolé entre les zones de gradients dans l'image.

Ainsi le choix du paramètre de régularisation est déterminant dans la régularisation de Tikhonov.

Or ce paramètre est délicat à déterminer. En effet, il s'agit d'un paramètre adimensionnel qui ne présente pas de signification physique. Des méthodes ont été proposées dans la littérature afin de le déterminer de manière automatique [35]. Cependant, ces méthodes peuvent être lourdes du point de vue calculatoire. Dans la pratique, le paramètre de régularisation est souvent choisit empiriquement en retenant celui qui permet d'obtenir les meilleurs recalages qualitatifs ou quantitatifs (résidu) en un minimum d'itérations.

On peut également se demander s'il existe un paramètre de régularisation optimal. En effet le paramètre λ de pondération de la régularisation est dans le cas de Tikhonov fixé de manière globale pour toute l'image. Or le paramètre idéal peut potentiellement varier d'une région d'intérêt à l'autre.

Enfin le paramètre idéal pour la convergence d'un point de vue mathématique n'est pas nécessairement idéal du point de vue physique. Par exemple, si on considère un problème en 2D, le nombre d'inconnues est $N_I^{2D} = 2 \cdot N_x \cdot N_y$ (il faut déterminer le mouvement dans les deux directions x et y en tout point) et le nombre de données est $N_D^{2D} = N_x \cdot N_y$ (comparaison des deux images à recalculer en tout point). En 3D, le nombre d'inconnues est $N_I^{3D} = 3 \cdot N_x \cdot N_y \cdot N_z$ (cette fois-ci il faut déterminer le mouvement dans les trois directions x, y et z en tout point) et le nombre de données est $N_D^{3D} = N_x \cdot N_y \cdot N_z$. Le nombre d'inconnues augmente donc 3/2 de fois plus vite que le nombre de données en passant de la 2D à la 3D. Par conséquent, le problème inverse est bien plus mal conditionné en 3D. Pour résoudre ce problème inverse, la contrainte de lissage devra donc avoir un poids plus fort. Mais cela peut se traduire par un lissage excessif et non réaliste de la solution.

2.2.2.4 Modèle de déformation

Afin de s'affranchir des limites des méthodes de régularisation explicites que l'on vient de présenter, on trouve dans la littérature des méthodes de régularisation dites implicites. Il s'agit de chercher le champ de déplacements dans un sous-espace plus restreint respectant directement certaines propriétés *a priori*.

Modèle par morceaux Il s'agit de modèles où les déplacements sont linéaires par morceaux. Chaque zone associée à un modèle linéaire correspond soit à un découpage régulier de l'espace, soit à un découpage manuel, soit à un découpage raffiné localement avec plus ou moins de précision en fonction de l'erreur estimée à l'itération précédente de l'algorithme de recalage. Cela signifie que la construction de ce découpage est un processus relativement lourd.

B-Splines Il s'agit de décomposer le champ de déplacements en une combinaison linéaire de *B-splines* formant une base libre et génératrice [36]. De cette façon on diminue le nombre de paramètres et on contraint les champs de déplacements à être relativement lisses. Là encore, la base des B-splines peut être construite sur une grille régulière ou localement raffinée en fonction de l'erreur locale estimée précédemment. Mais cette grille doit rester régulière et surtout, il semble difficile de décrire le mouvement de glissement du foie sur les côtes avec ce type de modèle.

Modèle de mouvement vs. modèle de déformation Lorsque l'on souhaite recalculer une série d'images, on peut supposer que les champs de déplacements, entre l'image de référence et chacune des images cibles, présentent une relation de linéarité (c.f. chapitre 2.3). Il s'agit alors de résoudre le problème avec un modèle de mouvement commun. Cela permet encore une fois de diminuer de manière drastique le nombre d'inconnues et donc d'améliorer la convergence. Cela permet également d'obtenir des champs de déplacements cohérents entre eux.

On notera qu'il s'agit ici d'une modélisation du mouvement plutôt que d'une modélisation de la déformation. Cette modélisation linéaire du mouvement sera donc compatible avec les différentes modélisations de déformation possibles.

2.2.3 Apport de cette thèse : recalage adaptatif

Nous venons de présenter les méthodes standard de régularisation de la littérature telle que la régularisation de Tikhonov. Mais nous avons vu qu'avec ces méthodes, la solution dépend souvent du bon choix du paramètre de régularisation λ , surtout lorsque le nombre d'inconnues est important comme dans les recalages 3D.

Dans ce qui suit, nous proposons une méthode de régularisation implicite et adaptative qui se traduit par un lissage du champ de déplacements avec des variations locales et spécifiques à chaque recalage. L'idée consiste à ne résoudre les déplacements qu'en certains points clés qui forment un maillage irrégulier. Nous présentons la mise en œuvre de cette méthode permettant de générer automatiquement ce maillage. Cette méthode a été appliquée à des recalages *in silico* et *in vivo* en 2D et 3D. Nous verrons que la nouvelle méthode proposée présente une meilleure vitesse de convergence que la méthode de Tikhonov et permet d'aboutir à une meilleure justesse que la plupart des méthodes de la littérature.

Ces travaux ont fait l'objet de plusieurs communications scientifiques :

- Un brevet européen [MVFO11]
- Un article dans le journal de la conférence *Medical Imaging Computing and Computer Assisted Intervention* [MVFO12]
- Une communication orale à la *European Society of Magnetic Resonance in Medicine and Biology* [MGO⁺13]

2.2.3.1 L'idée : régularisation adaptative

Les régularisations se basent souvent sur l'hypothèse que le champ de déplacements est relativement lisse. Si cette hypothèse est acceptable au sein d'un même tissu, elle ne l'est plus à l'interface entre différents tissus qui se déplacent dans des directions différentes, comme par exemple avec le glissement du foie sur la cage thoracique.

Il serait alors plus efficace de permettre une variation locale de la contrainte plutôt que d'appliquer la même contrainte sur toute l'image. Cela peut être obtenu en faisant varier la densité des points où le mouvement est décrit (points que l'on appelle alors *points clés*). De cette façon, le champ de déplacements est contraint à être lisse uniquement là où la densité de points clés est faible (figure 2.7). De plus, cela réduit de manière drastique le nombre d'inconnues par la même occasion ce qui facilite la convergence de l'optimisation.

2.2.3.2 Génération automatique du maillage

Supposons que l'on dispose d'une première estimation du champ de déplacements \vec{u} et de l'image à recaler ρ . Elle peut provenir d'une précédente itération de l'algo-

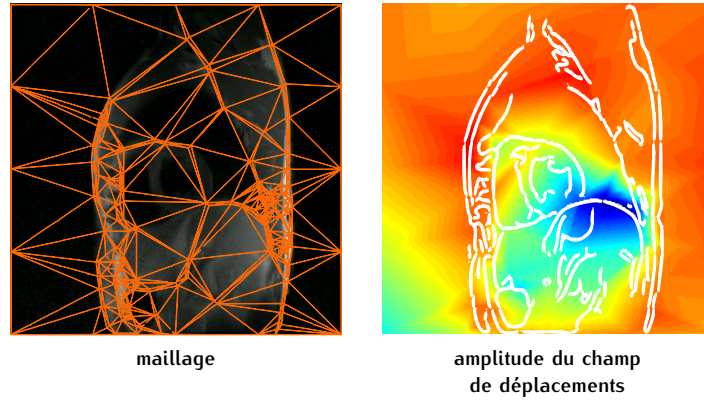


FIGURE 2.7: Modification de la qualité locale. Exemple d'un maillage 2D adapté à une acquisition petit axe. Le champ de déplacements obtenu est lisse là où la densité du maillage est faible

rithme de recalage. L'algorithme 2.2 permet alors de sélectionner automatiquement l'ensemble des points où le mouvement doit être résolu.

Algorithme 2.2 Sélection automation de l'ensemble des points clés Ω

- 1: $\Omega \leftarrow \emptyset$
 - 2: $\delta\rho \leftarrow \|\nabla\rho\|_2$
 - 3: $\delta\vec{u} \leftarrow \|\nabla\vec{u}\|_2$
 - 4: **for** voxel x_i s.t. $\delta\rho_i = \delta\rho_{\max}$ **to** $\delta\rho_i = \delta\rho_{\min}$ **do**
 - 5: $r \leftarrow \lambda(\delta\vec{u}_i - \delta\vec{u}_{\max}) / (\delta\vec{u}_{\min} - \delta\vec{u}_{\max})$ (rayon d'exclusion) ▷ λ
 - est une longueur caractéristique des structures d'intérêt de l'image (ne nécessite pas d'être ajusté)
 - 6: **if** $\Omega \cap \{\text{voxel } x_j \text{ s.t. } x_i - x_j < r\} = \emptyset$ **then**
 - 7: $\Omega \leftarrow \Omega \cup x_i$
 - 8: **end if**
 - 9: **end for**
-

L'idée est la suivante : on sélectionne le point correspondant au gradient de l'image le plus fort, *i.e.* un point positionné sur une interface. Ensuite on dessine autour de lui une zone de « sécurité » dont la taille dépend de la complexité locale du mouvement, *i.e.* des gradients du champ de déplacements. Plus le mouvement est complexe, plus cette zone de sécurité est petite. Plus précisément, lorsque la complexité correspond à la complexité maximale présente dans l'image, la zone de sécurité à une largeur nulle, et lorsque la complexité est minimale, la zone de sécurité à une largeur égale à la dimension caractéristique des structures visibles dans le champ de vue. Par exemple pour l'imagerie cardiaque on a pris $\lambda = 5$ cm. On a pu montrer que le choix précis de ce paramètre n'a pas un grand impact sur les résultats. Ensuite, plus aucun point ne pourra être sélectionné dans cette zone de sécurité. On passe ensuite au second point dont l'intensité du gradient de l'image est la plus forte. Si ce point se trouve dans une zone de sécurité, on passe au troisième point, sinon on le sélectionne et on ajoute sa zone de sécurité. Et ainsi de suite.

Avec cet algorithme de construction du maillage, les points se trouvant à l'interface entre deux tissus distincts, *i.e.* au niveau d'un gradient dans l'image, sont sélection-

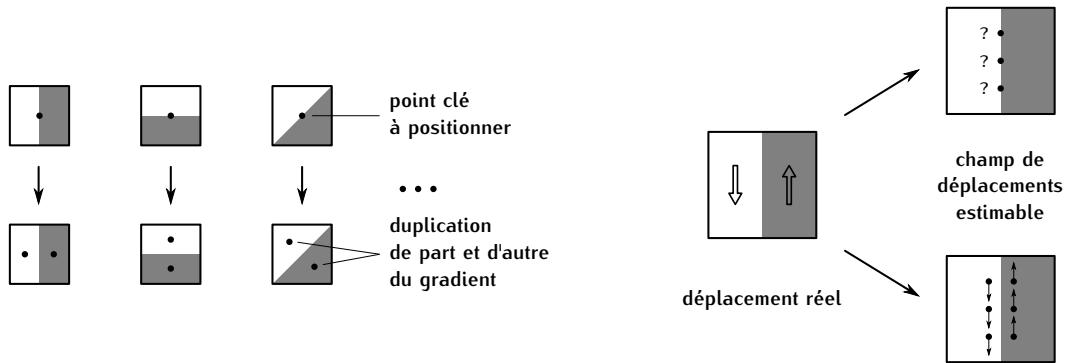


FIGURE 2.8: Lorsqu'un point clé peut être sélectionné, au lieu de le sélectionner au niveau du gradient, deux points clés sont sélectionnés de part et d'autre du gradient. C'est seulement dans ces conditions qu'un glissement entre deux tissus peut être décrit correctement.

nés en priorité. De plus, la densité de points est proportionnelle à la complexité locale du champ de déplacements estimé (reflété par ses gradients). Afin d'initialiser l'algorithme lorsqu'aucune estimation du champ de déplacements n'est disponible, les nœuds du maillage sont simplement répartis sur les gradients de l'image.

On notera qu'avec l'algorithme 2.2, les points clés sélectionnés devraient se trouver exactement au niveau des interfaces entre les tissus. Or cette répartition ne permet pas de décrire un mouvement de glissement au niveau de ces mêmes interfaces puisqu'elles constituent alors l'emplacement de la discontinuité du champ de déplacements. Il faut donc ajouter l'étape suivante à l'algorithme précédent : lorsqu'un point clé devrait être sélectionné, nous proposons de sélectionner à sa place deux points de part et d'autre du gradient local (voir figure 2.8).

Avec cet ensemble de points clés, les voxels qui présentent un déplacement similaire sont automatiquement groupés, ce qui correspond à une variation locale de la régularisation. De plus, les limites des régularisations classiques sont évitées. En particulier, la sélection de l'ensemble des points clés est automatique et aucun paramètre ne nécessite d'être ajusté. D'autre part, la construction du maillage doit être relativement rapide pour ne pas alourdir la méthode de recalage finale. Ainsi, cette méthode de sélection directe est préférable à d'autres méthodes itératives.

On notera enfin que cette méthode de sélection des nœuds du maillage est complètement automatique, c'est-à-dire qu'elle ne nécessite pas l'intervention de l'opérateur pour sélectionner des paramètres tels que les paramètres de régularisation. Le seul paramètre qui doit être entré correspond à la distance maximale entre les points du maillage. Mais ce paramètre a une grandeur physique et peut être choisi de façon à correspondre à l'ordre de grandeur de la structure d'intérêt. Une variation de ce paramètre n'a donc pas une grande influence sur le résultat final du recalage. Par exemple on pourra choisir 10 cm pour le recalage d'un mouvement respiratoire et 5 cm pour le recalage d'un battement cardiaque.

2.2.3.3 Intégration du maillage

L'image peut être découpée en zones à l'aide de la triangulation (ou pavage) de Delaunay des points clés [37]. Un maillage est ainsi obtenu. En 2D (resp. 3D) chaque

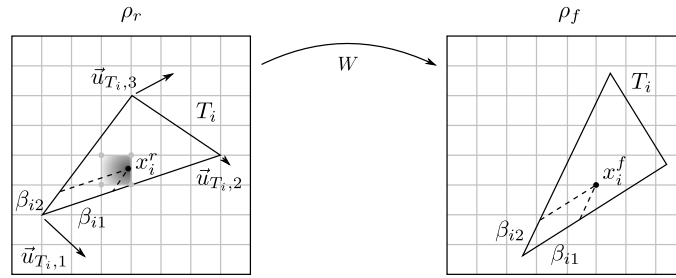


FIGURE 2.9: Déformation de l'image avec une interpolation linéaire par morceaux. On notera l'utilisation de la description *forward* pour le champ de déplacements.

point P_i de l'image appartient à un triangle (resp. tétraèdre) T_i . De cette façon, son déplacement dépend des déplacements inconnus $(\hat{\mathbf{u}}_{T_i,j})_{j=1..N_V}$ de seulement N_V nœuds (ou *vertice*) $(V_{T_i,j})_{j=1..N_V}$ avec $N_V = 3$ (resp. $N_V = 4$). Ainsi, le déplacement \vec{u}_i d'un point P_i de l'image peut être obtenu par une interpolation barycentrique.

On a utilisé le pavage de Delaunay car il assure que pour tout point de l'image il existe un unique triangle qui lui est associé, et ce triangle est optimal dans le sens que ses sommets sont les nœuds du maillage les plus proches. Ceci constitue donc le cas idéal pour effectuer une interpolation.

$$\left\{ \begin{array}{l} P_i = \sum_{j=1}^{N_V} \beta_{ij} V_{T_i,j} \\ \vec{u}_i = \sum_{j=1}^{N_V} \beta_{ij} \hat{\mathbf{u}}_{T_i,j} \end{array} \right. \quad (2.40)$$

Par conséquent, en utilisant un maillage, il n'est pas nécessaire de calculer explicitement le déplacement en tout point. En effet, on peut calculer la déformation d'une texture en se basant sur la déformation du maillage. Ceci peut être obtenu en effectuant une interpolation linéaire par morceaux (voir algorithme 2.3 et figure 2.9).

Algorithme 2.3 Déformation de l'image

- 1: **for** voxel $x_i^t \in \rho_t$ **do**
 - 2: Trouver T_i^t tel que $x_i^t \in T_i^t$
 - 3: Calculer $(\beta_{i,j})_{j=1..N_V}$ tel que (équation 2.40)
 - 4: Calculer x_i^0 en utilisant $(\beta_{i,j})_{j=1..N_V}$
 - 5: $\rho_i^t \leftarrow$ interpolation de ρ_0 sur les voisins de x_i^0
 - 6: **end for**
-

On notera que le pavage de Delaunay est déterminé une fois pour toute sur l'image de référence (fixée) plutôt que sur l'image flottante qui varie en fonction de l'estimation du champ de déplacements. Il est donc naturel d'utiliser une approche *forward* pour décrire le mouvement des nœuds de la grille puisqu'on ne veut décrire le mouvement qu'en ces points et que c'est leur position de départ qui est connue. Ensuite, la complexité calculatoire pour extrapoler le champ de déplacements complet en

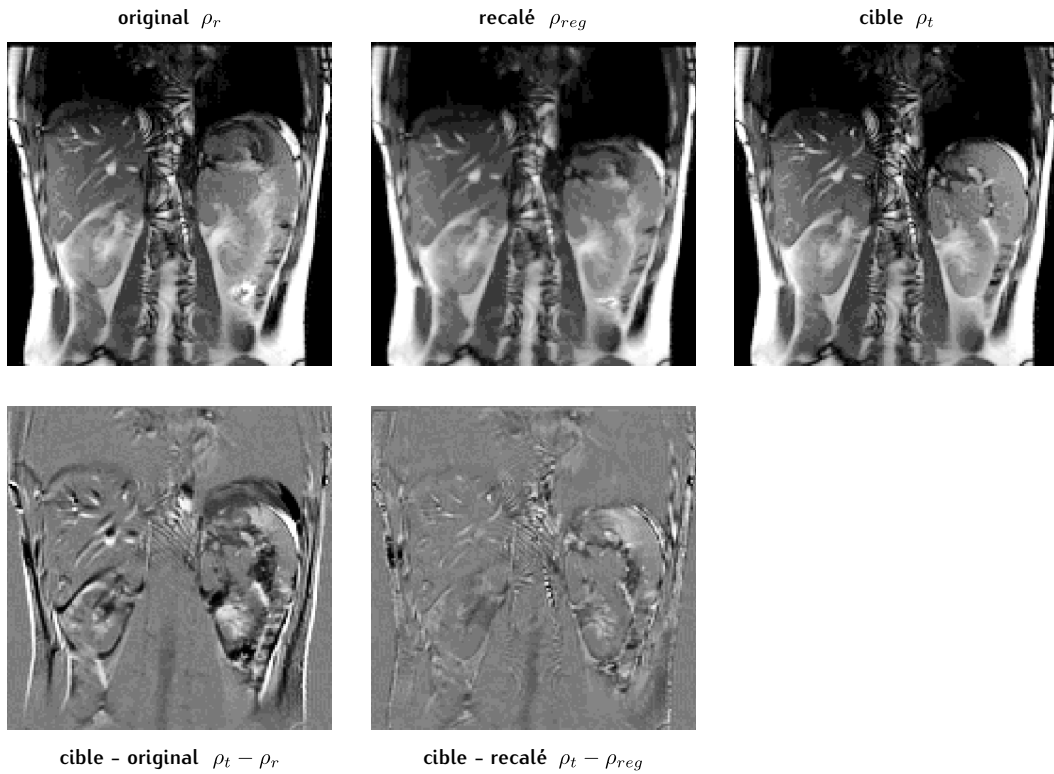


FIGURE 2.10: Recalage d'une acquisition en expiration sur une inspiration en 2D

tout point (pour effectuer l'interpolation de l'image déformée) est équivalente pour la description *forward* et *backward* des champs complets.

Puisque la construction du maillage est basée sur l'estimation du champ de déplacements, on pourrait actualiser ce maillage à chaque fois que le champ de déplacements est amélioré, *i.e.* à chacune itération. Cependant, nous suggérons de n'actualiser le maillage qu'à chaque changement de niveau de résolution spatiale dans l'approche multi-résolution. On obtient alors un bon compromis entre l'optimalité du maillage et la quantité de calcul nécessaire.

2.2.3.4 Validation

Notre méthode régularisation implicite pour le recalage a été testée sur des volontaires sains, sur des coupes 2D et des volumes 3D.

Mouvement respiratoire en 2D A 3T, sur un volontaire sain, des images du foie ont été acquises en respiration libre, avec la séquence FIESTA en mode multi-phase, avec une orientation frontale. Cette séquence rapide a ainsi permis d'obtenir une série d'images du cycle respiratoire avec des artefacts de mouvement intra-acquisition négligeables. L'image correspondant à l'expiration a ensuite été recalée sur l'image en inspiration (image cible) (figure 2.10).

Le maillage final obtenu pour ce recalage est présenté dans la figure 2.11. On voit que les nœuds du maillage sont positionnés préférentiellement au niveau des interfaces entre les tissus et avec une plus grande densité là où le mouvement est complexe (entre le foie et les côtes).

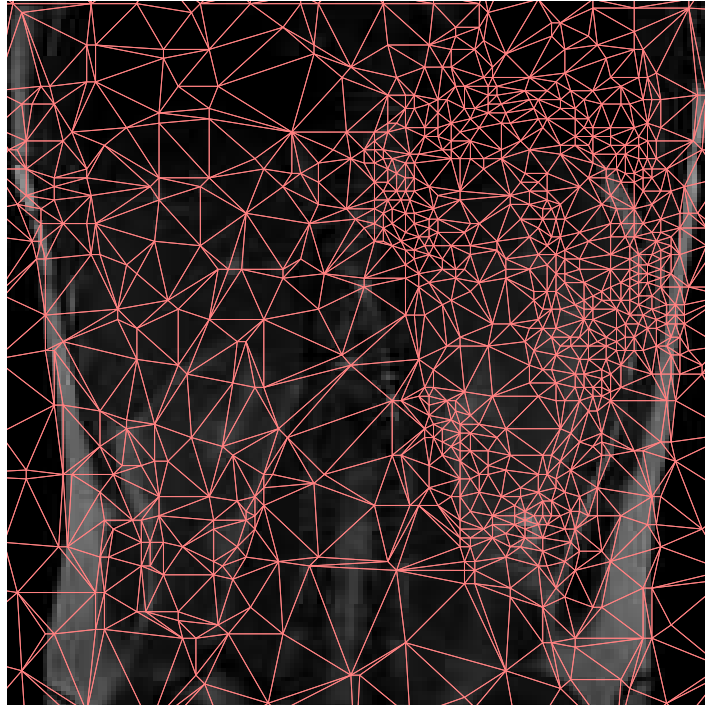


FIGURE 2.11: Maillage 2D obtenu pour un recalage d'un mouvement respiratoire

Si l'on compare l'image cible et les images avant et après recalage, l'erreur quadratique moyenne passe de 27,6 % à 18,3 %. On relève des décalages maximaux de 20,6 mm avant recalage contre 1,9 mm après recalage (taille du pixel). Le temps de convergence de l'algorithme a été de 71 s pour cet exemple avec une taille de matrice de 224×224 .

Mouvement cardiaque en 2D A 3T, sur volontaire sain, deux images du cœur ont été acquises en apnée avec une séquence FSE synchronisée sur le battement cardiaque, avec une orientation petit axe. Le délai (TD) entre la détection de l'onde R et la fenêtre d'acquisition a été modifié [38] entre ces deux acquisitions afin d'obtenir une image diastole et une en systole. Comme les acquisitions sont faites en apnée et synchronisées sur le battement cardiaque, on peut effectivement négliger le mouvement intra-acquisition et se pencher sur la correction de mouvement inter-acquisition. L'image en diastole a ensuite été recalée sur l'image en systole (figure 2.12).

Le champ de déplacements obtenu, c'est-à-dire décrit aux nœuds du maillage, est présenté dans la figure 2.13. On voit très bien dans cet exemple l'aspect non rigide du mouvement du fait de la convergence du champ de vecteurs. De plus, on retrouve bien le mouvement de torsion caractéristique du cœur.

Si l'on compare l'image cible et les images avant et après recalage, l'erreur quadratique moyenne passe de 17,1 % à 8,4 %. On relève des décalages maximaux de 15,0 mm avant recalage contre 2,0 mm après recalage. Le temps de convergence de l'algorithme a été de 8 min pour cet exemple avec une taille de matrice de 512×512 .

Il est important de noter ici que la structure morphologique apparente du cœur en 2D a changé entre la systole et la diastole. En effet, ces deux images ne correspondent en réalité pas à la même coupe anatomique car le cœur présente un

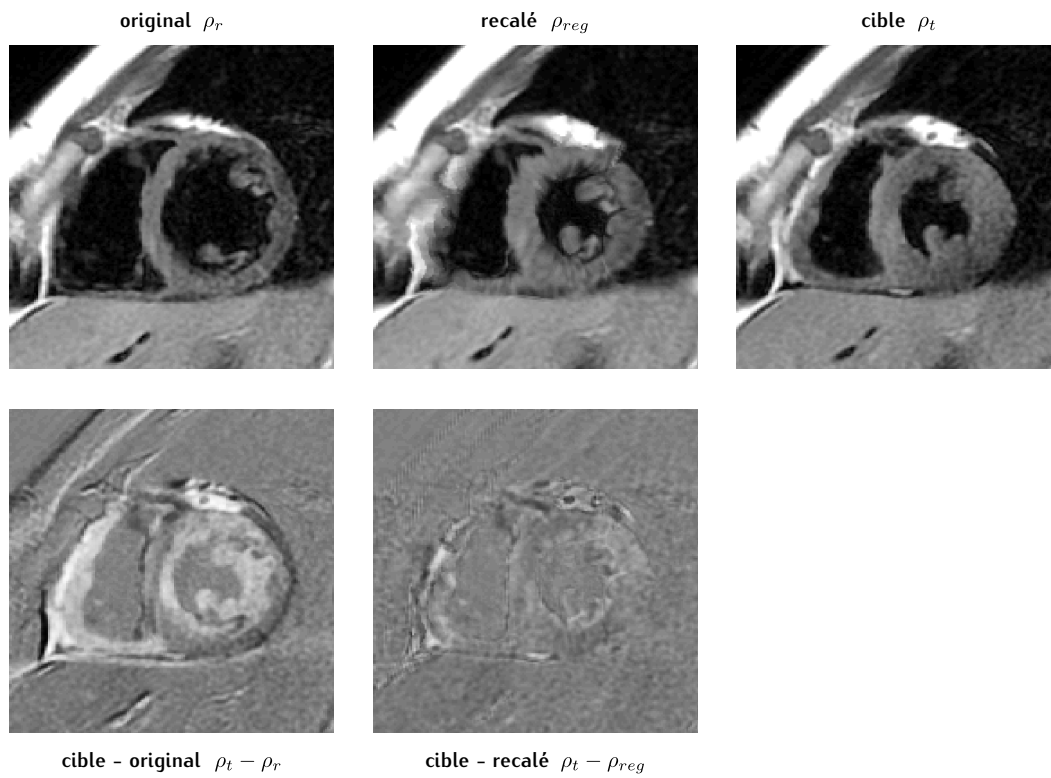


FIGURE 2.12: Recalage d'une acquisition en diastole sur une acquisition en systole en 2D

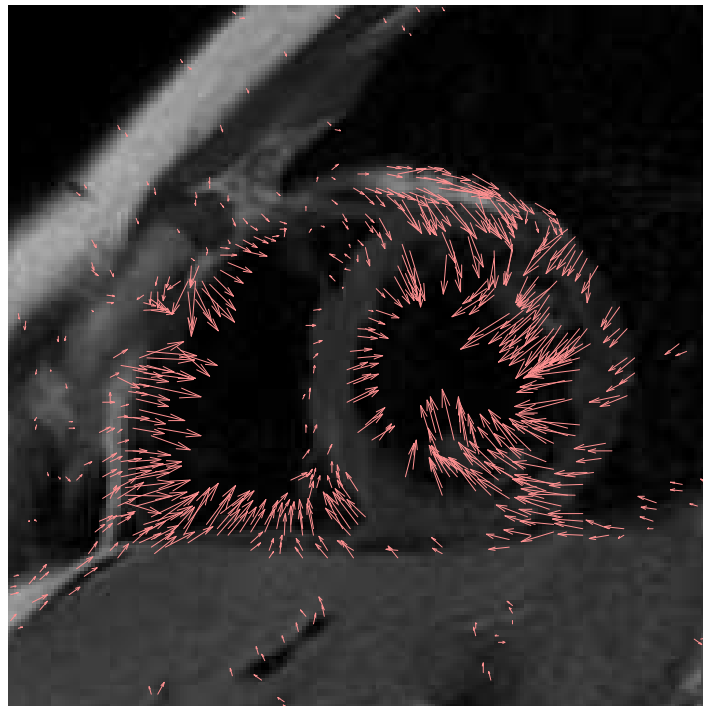


FIGURE 2.13: Champ de déplacements 2D obtenu sur les nœuds du maillage pour un recalage d'un battement cardiaque

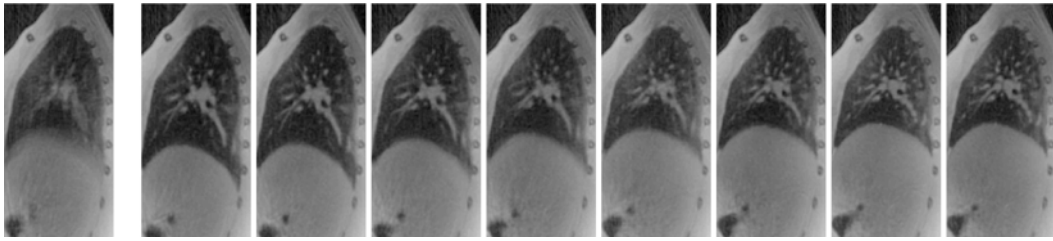


FIGURE 2.14: Vue sagittale du volume obtenu avant (premier à gauche) et après (droite) reconstruction par tri rétrospectif des données en fonction de la position physiologique

mouvement de contraction perpendiculaire au plan petit axe lors du cycle cardiaque. Pourtant, de nombreux critères comme la fraction d'éjection [39] et la contractilité du myocarde [40] se basent sur ce type d'image pour évaluer la fonction cardiaque. Dans cette perspective, même si les champs de déplacements obtenus doivent être interprétés avec précaution, on remarquera qu'ils rendent tout de même bien compte de la composante transversale du mouvement apparent.

Mouvement respiratoire en 3D [MGO⁺13] Nous avons déjà évoqué l'intérêt du recalage 3D du mouvement respiratoire pour l'imagerie TEP 1.3. En effet, des méthodes de compensation de mouvements pour l'imagerie TEP ont déjà été proposées [41]. Ces méthodes de correction nécessitent un modèle de mouvement respiratoire qui pourrait être obtenu à l'aide de recalages d'images de l'appareil respiratoire.

Cependant, l'extraction de ce modèle à partir de l'imagerie du poumon en IRM est délicat à cause de la faible densité de proton de ce tissu et de la faible durée de vie de son signal RMN. De ce fait, l'extrapolation du mouvement respiratoire uniquement à partir du mouvement apparent du foie et des côtes peut être faussée car des pathologies peuvent affecter la rigidité du parenchyme et les mouvements de glissement peuvent être manqués.

Nous avons donc utilisé une séquence spécialement adaptée à l'imagerie du parenchyme [GSM⁺13a] : une amélioration de la séquence RUFIS [42]. Cette séquence permet d'obtenir des images avec un temps d'écho nul ce qui permet de visualiser le parenchyme qui a des temps de relaxation très courts. De plus, la trajectoire d'échantillonnage dans l'espace-k est radiale, ce qui rend la séquence relativement peu sensible aux mouvements intra-acquisition. Enfin, la séquence a été dotée de navigateurs qui permettent de connaître la phase respiratoire à n'importe quel instant de l'acquisition.

A 3T, sur un volontaire sain, un volume 3D a été acquis avec la séquence RUFIS en respiration libre. Afin de s'affranchir des mouvements intra-acquisition, les données ont été triées rétrospectivement en fonction de la phase respiratoire donnée par le navigateur. L'acquisition a donc été répétée 8 fois afin de permettre l'échantillonnage suffisant et la reconstruction de 8 images correspondant à 8 positions dans le cycle respiratoire (figure 2.14). La durée de chaque acquisition était inférieure à 2 minutes.

Afin d'extraire un modèle de mouvement respiratoire, les différentes positions ont toutes été recalées sur l'expiration (la position la plus stable dans le cycle respira-

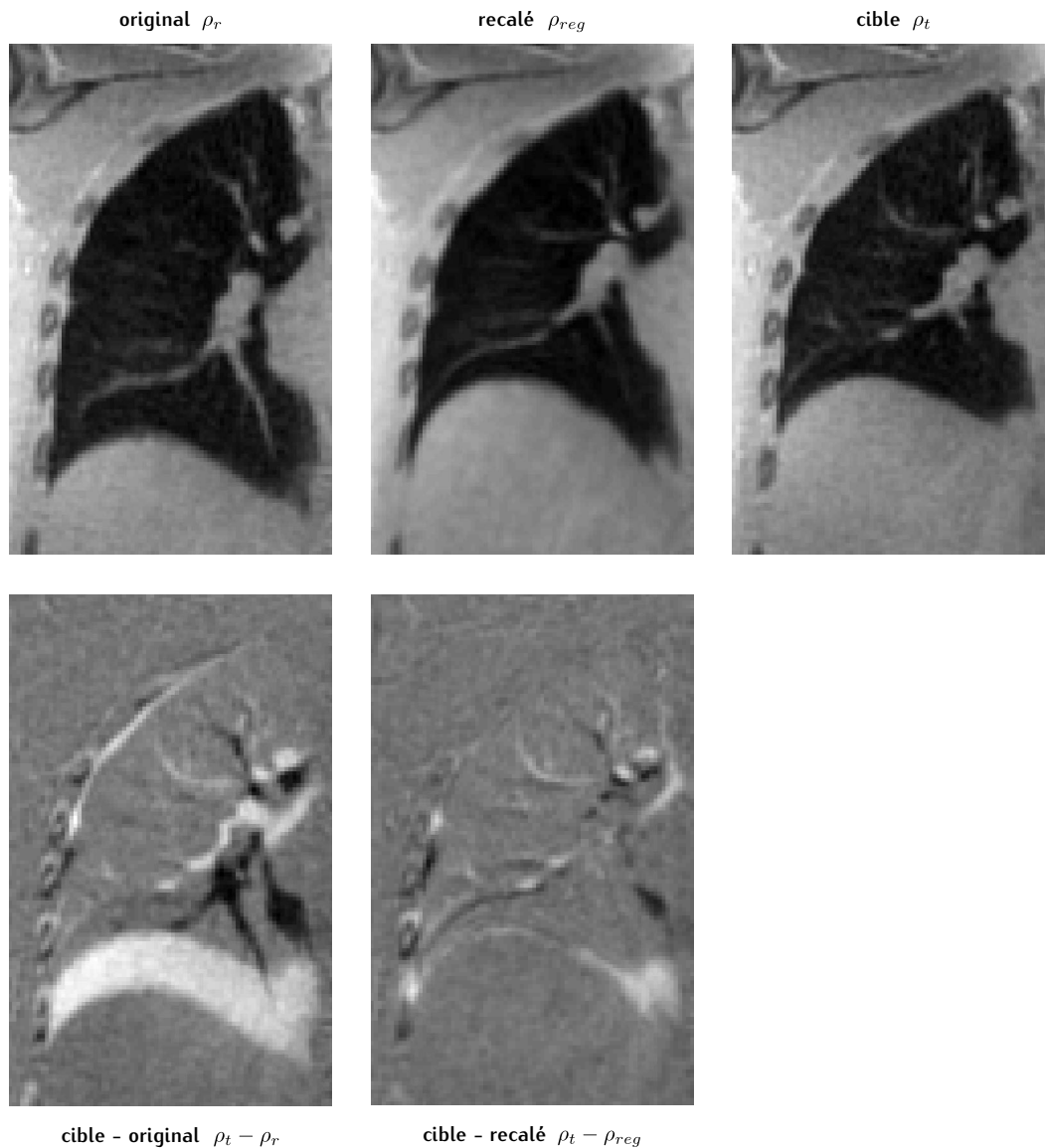


FIGURE 2.15: Recalage d'une acquisition en inspiration sur une expiration en 3D. Ici sont représentées des coupes frontales extraites des volumes de travail.

toire). On présente dans la figure 2.15 le recalage obtenu entre les deux phases les plus extrêmes (l'inspiration recalée sur l'expiration). Il s'agit bien ici du recalage 3D d'un volume sur un autre volume.

Le champ de déplacements obtenu pour ce recalage est présenté dans la figure 2.16. Il s'agit bien d'un champ de déplacements 3D cette fois. On retrouve bien les déplacements décrits dans le chapitre 1.1 : le mouvement s'effectue principalement selon la direction verticale, puis de façon moindre selon la direction antéro-postérieure et enfin de façon négligeable dans la direction latérale.

Le recalage obtenu permet d'obtenir de très bonnes correspondances entre l'image cible et l'image recalée. On notera d'ailleurs dans la figure 2.15, une structure qui n'était pas visible dans la coupe représentée sur l'image originale apparaît dans l'image recalée (structure qui était effectivement visible sur l'image cible). Comme

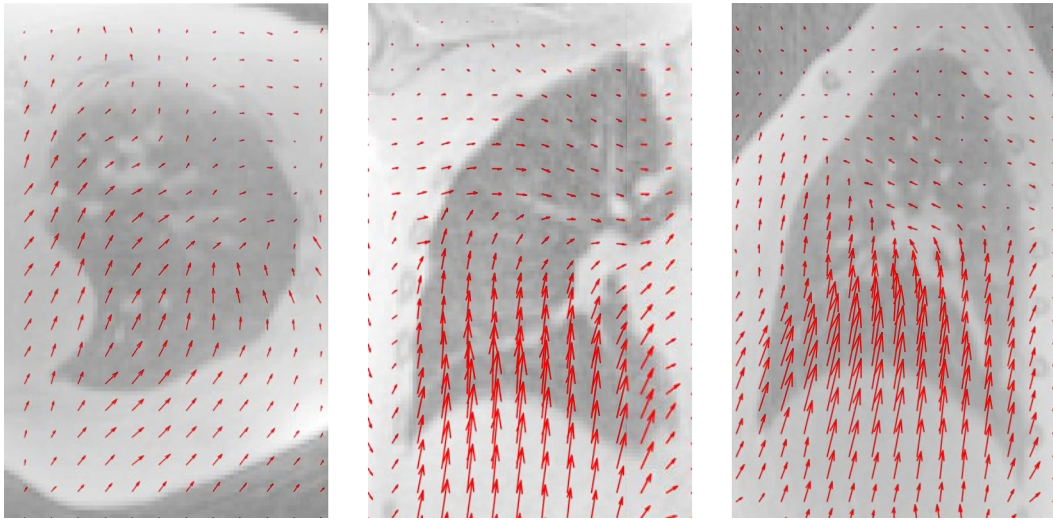


FIGURE 2.16: De gauche à droite : projection axiale, coronale et sagittale du champ de déplacements obtenu entre l'inspiration et l'expiration. Pour améliorer la visualisation, le champ de vecteurs a été re-échantillonné sur une grille régulière avec un pas de 36 pixels et l'amplitude a été magnifiée d'un facteur 2.

le recalage ne peut faire apparaître de structure de nulle part, il s'agit bien d'un déplacement dans la direction perpendiculaire au plan représenté. Les décalages résiduels ont été mesurés manuellement et sont inférieurs à 5 mm (pour une résolution de 1,8 mm).

On notera que pour améliorer les performances de l'algorithme, si on note P_0 l'expiration, P_1 la deuxième position la plus proche de l'expiration et P_8 l'inspiration, il est préférable de commencer par le recalage de P_1 sur P_0 puis d'utiliser le champ de déplacements ainsi obtenu pour initialiser le recalage de P_2 sur P_0 , *etc.* Cela permet d'éviter la boucle multi-résolution dans le recalage et de converger plus rapidement et plus justement.

2.2.3.5 Discussion

La régularisation adaptative pour le recalage Finalement, l'idée développée ici consiste à dire qu'il est suffisant de décrire les déplacements à la surface d'un tissu et d'interpoler le mouvement interne du tissu à partir de sa surface car il constitue une structure cohérente. En revanche, la description aux interfaces ne doit en aucun cas être contrainte afin de permettre un mouvement indépendant des tissus les uns par rapport aux autres, *i.e.* aucune régularisation explicite ne doit être ajoutée.

En faisant cela, on utilise une régularisation implicite qui ne nécessite pas le lourd réglage d'un paramètre adimensionnel.

Les méthodes standard de recalage appliquées sur le recalage du myocarde en IRM [43], donnent des erreurs résiduelles de l'ordre de 2,5 mm contre 1,9 mm dans notre cas. On notera qu'il s'agit alors de recalages de myocards dans la même phase cardiaque alors qu'ici le recalage était plus complexe puisque entre deux phases cardiaques très différentes.

La capacité d'un recalage à décrire de manière robuste un champ de déplacements qui contient des discontinuités est d'actualité comme le montre la littérature. Par

exemple, Rueckert *et al.* [44] ont amélioré leur méthode de description du champ de déplacements utilisant des *B-splines*, en y ajoutant une contrainte de dispersion permettant d'obtenir des recalages à la fois robustes et capables de décrire des discontinuités. Ils ont ainsi pu obtenir une faible erreur résiduelle de 1,6 mm sur le recalage d'un battement cardiaque. Cependant, il leur reste un grand nombre de paramètres à optimiser pour obtenir ces résultats : espacement initial et final de la grille régulière, et surtout paramètre de pondération de la régularisation explicite basée sur la norme \mathcal{L}^1 .

Interprétation des résultats du recalage On a vu qu'il est inutile de décrire les mouvements là où l'image est homogène car, a) tel que le problème inverse est posé, aucun déplacement apparent n'y est détectable, b) l'image recalée ne dépend pas du mouvement trouvé dans ces zones. Avec notre description du mouvement sur notre grille irrégulière, nous optimisons donc le nombre d'inconnues au strict nécessaire.

Nous avons également vu que le recalage a deux domaines d'application principaux : le recalage d'images et l'extraction de champ de déplacements. Pour cette première application, la méthode proposée constitue une méthode particulièrement adaptée pour les cas présentant des discontinuités comme le recalage du mouvement cardiaque et respiratoire. Pour la seconde application, on rappelle que les résultats doivent être interprétés avec précaution dans les cas suivants :

- si le déplacement est extrait d'images 2D alors qu'il s'agit d'un mouvement 3D. On n'obtient alors qu'un déplacement apparent. Dans le cas du mouvement respiratoire on préférera donc utiliser l'orientation sagittale qui minimise les déplacements perpendiculaires au plan de coupe. Dans le cas du mouvement cardiaque il est difficile de se passer d'une analyse en 3D.
- si l'image ne présente pas de gradient dans une direction perpendiculaire au déplacement. Encore une fois on n'obtient qu'un déplacement apparent. Pour pallier à cette limite, on pourra par exemple utiliser un contraste différent qui fait apparaître des contrastes dans la zone d'intérêt. C'est notamment ce qui a été fait avec l'utilisation de la séquence RUFIS pour le recalage des poumons. L'autre solution consiste à faire apparaître des gradients artificiels dans l'image. C'est ce que font les séquences de *tagging* en IRM qui consistent à n'exciter qu'une grille de points dans l'image puis à observer l'évolution de la déformation de cette grille au cours du temps. On peut alors extraire la fonction cardiaque de manière fiable en recalant ces grilles [45]. On notera cependant que la remarque précédente concernant le mouvement apparent en 2D est toujours valable. Il faudrait donc idéalement travailler sur une séquence de *tagging* en 3D. De plus, le champ de déplacements obtenu présente la même résolution spatiale que la grille de *tagging*, i.e. une résolution spatiale faible (environ 5 mm) sur laquelle on peut manquer des déplacements fins.

Recalage et correction de mouvement inter-acquisition en IRM Revenons à présent sur l'hypothèse qui a été formulée au début de ce chapitre sur la correction de mouvement inter-acquisition. Nous avons supposé que la survenue d'un mouvement entre deux acquisitions ne modifie pas le processus d'acquisition, et de ce fait qu'il

suffit de se placer dans le domaine image pour effectuer le recalage. Autrement dit, il n'est pas nécessaire de détailler le processus d'acquisition puisqu'il est *a priori* le même.

Cependant, si l'on rentre dans le détail de l'acquisition, on voit que la position a une influence sur la façon dont le signal est perçu. Par exemple, le signal RMN est la plupart du temps acquis avec plusieurs antennes qui ont chacune une sensibilité qui varie spatialement. Donc si la position de l'objet d'intérêt varie relativement aux antennes, le signal perçu sera différent. C'est ce qui explique que dans la figure 2.10, même avec un recalage juste du point de vue des déplacements, l'erreur entre l'image cible et l'image recalée est non nulle : les deux images n'ont pas été acquises avec les mêmes sensibilités ce qui se traduit par une légère variation du contraste. De la même manière, certaines séquences comme les séquences utilisant un état stabilisé de l'aimantation RMN (comme la séquence FIESTA) sont très sensibles aux inhomogénéités du champ B_0 , ce qui se traduit par des lignes noires concentriques (artéfact de bandes). Or la position du patient dans l'aimant principal modifie de façon non négligeable les lignes de champ. Ainsi ces artefacts de bande ont une localisation différente d'une position à l'autre, ce qui peut perturber la robustesse du recalage.

C'est pourquoi il peut être utile d'utiliser un autre critère de similarité que la norme de la différence quadratique des images. L'adaptation ou la modification de ce critère peut alors être moins perturbée par ces incohérences, mais on veillera à ce qu'elle ne complexifie pas trop sa minimisation.

On aurait donc pu rentrer dans la description du processus d'acquisition. Mais il n'est pas évident que l'affinement du recalage ait été significatif. Il est même possible que la convergence de l'algorithme en devienne moins robuste. Nous allons à présent passer à la question de la correction de mouvements intra-acquisition. Nous verrons que la description du processus d'acquisition devient cette fois absolument nécessaire.

2.3 Correction de mouvement intra-acquisition

Nous nous intéressons à présent aux mouvements qui peuvent survenir au cours d'une acquisition, et qui sont supposés négligeables à l'échelle du TR. Plus précisément, ce qui nous intéresse ici, c'est d'être capable d'obtenir une image qui n'a pas été affectée par ces mouvements.

Dans un premier temps, nous développerons la littérature dans ce domaine. Nous verrons qu'il existe de nombreuses méthodes pour limiter les artefacts de mouvement. Les stratégies employées peuvent consister à éviter, limiter ou encore à compenser le mouvement qui peut survenir au cours de l'acquisition.

C'est justement ce dernier type de méthode qui nous intéresse plus particulièrement dans cette thèse. Parmi ces méthodes nous présenterons plus particulièrement l'algorithme GRICS qui a été développé au sein du laboratoire IADI par Freddy Odille *et al.* [7]. Cette méthode consiste à modéliser le mouvement qui est survenu pour mieux le compenser. Nous verrons que ce problème d'optimisation du mouvement peut être vu comme une généralisation du problème de recalage étudié précédemment.

Nous présenterons alors les adaptations qui ont été apportées au cours de cette thèse à cette méthode pour la correction de mouvement intra-acquisition en 3D. L'application de la méthode de régularisation adaptative dans le cadre de GRICS sera alors présentée.

2.3.1 État de l'art

Les solutions proposées dans la littérature pour limiter l'impact du mouvement intra-acquisition peuvent être classifiées en différents niveaux stratégiques :

- Supprimer tout mouvement : effectuer l'acquisition en apnée
- Faire en sorte qu'il n'y ait aucun mouvement apparent : synchronisation de l'acquisition sur le mouvement
- Faire en sorte que les mouvements résiduels soient négligeables : accélération de l'acquisition
- Faire en sorte que le mouvement ait un impact négligeable sur l'image : travail sur la trajectoire dans l'espace-k pour éviter les artefacts constructifs
- Ne plus chercher à éviter le mouvement, mais le prendre en compte dans la reconstruction : il s'agit alors de la catégorie des méthodes de correction rétrospectives

2.3.1.1 Apnée

La façon la plus simple de s'affranchir des artefacts de mouvement consiste à stopper le mouvement à sa source, *i.e.* de demander au patient de faire une apnée pendant l'acquisition. On obtient la position la plus stable et la plus reproductible avec une apnée effectuée à la fin d'une expiration naturelle. C'est dans cette position qu'un maximum de muscles impliqués dans la ventilation sont relâchés.

Nous proposons une réflexion sur la mise en œuvre de l'apnée dans la pratique clinique de l'IRM dans l'annexe [A.2](#).

L'apnée permet donc en théorie de stopper les mouvements dus à la respiration. Les limitations de cette technique sont les suivantes :

- Les acquisitions en apnée sont limitées à une vingtaine de secondes. De ce fait, il est nécessaire de faire un compromis entre la résolution, le rapport signal sur bruit et le temps d'acquisition (figure [2.17](#)). Ce compromis peut être amélioré dans une certaine mesure avec l'utilisation des méthodes d'accélération présentées plus loin.
- Un examen cardiaque sous IRM peut contenir jusqu'à une trentaine d'apnées. Cela induit un inconfort du patient qui peut entamer la qualité de ces apnées.
- Lorsque les apnées ne sont pas effectuées dans les conditions optimales, *i.e.* pas dans la position de relâchement maximum, on peut observer une dérive de la position (relâchement progressif du diaphragme) et une mauvaise reproductibilité de la position d'une apnée à l'autre.

- L’apnée induit une modification naturelle du rythme cardiaque (schématiquement, bradycardie suivie d’une tachycardie). Ceci peut être gênant pour la stabilité du signal pour les séquences synchronisées cardiaque. Ainsi certaines quantifications basées sur la connaissance *a priori* de cet état stable peuvent être faussées.
- De plus, si l’apnée a été prise en dehors de la position de relâchement maximale, elle peut induire une variation de la pression intra-thoracique qui peut modifier la fonction cardiaque dans le cas de certaines pathologies.
- Enfin, à chaque apnée, il faut un temps de préparation avant pour prendre quelques inspirations puis un temps de récupération après. Sur un examen cardiaque, ce temps devient non négligeable et devrait être pris en compte lorsque l’on compare les temps d’acquisition d’une méthode à l’autre.

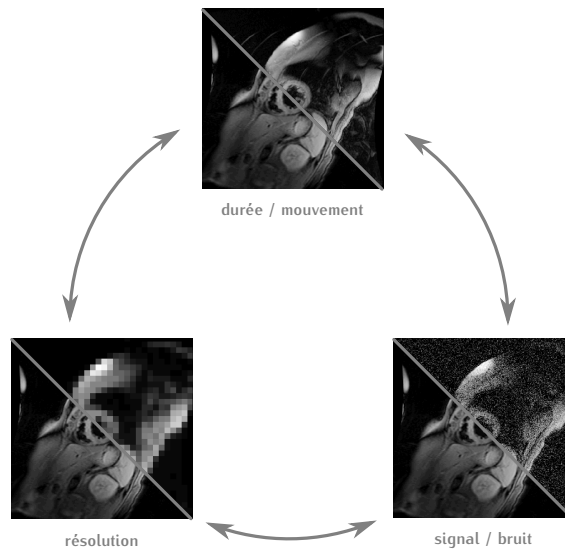


FIGURE 2.17: Compromis résolution / bruit / durée. Pour une résolution fixée, plus on augmente la durée d’acquisition meilleur sera le rapport signal sur bruit que l’on peut atteindre. Pour une durée d’acquisition fixée (par exemple pour une apnée de 20 s), plus on augmente la résolution, plus on va diminuer le rapport signal sur bruit, *etc.*

Des stratégies différentes de l’apnée peuvent être utilisées pour immobiliser la région d’intérêt. Par exemple, dans l’imagerie du sein, la position sur le ventre minimise les mouvements induits par la respiration. Au passage, cette position permet de ramener la zone d’intérêt plus au centre de l’aimant là où le champ est plus homogène.

Dans le cas du cœur, le battement ne peut être interrompu de manière volontaire. Il faudra donc utiliser d’autres stratégies comme la synchronisation.

2.3.1.2 Synchronisation

Si l'on dispose d'un signal indiquant la phase dans le cycle respiratoire (ou cardiaque), il est possible de ne déclencher l'acquisition que lorsque l'on est dans la position souhaitée. De cette façon, on limite le mouvement apparent. On peut par exemple utiliser une ceinture respiratoire et sélectionner une fenêtre d'acquisition autour de la valeur moyenne correspondant à l'expiration. Pour se synchroniser sur le cycle cardiaque, on peut définir une fenêtre d'acquisition d'une centaine de millisecondes située à 80 % du cycle. Il faut donc détecter à chaque cycle l'onde R correspondant au début du cycle (diastole).

Enfin, au lieu d'utiliser des capteurs physiologiques externes, on peut utiliser des navigateurs. Il s'agit d'un signal RMN acquis avec une fréquence temporelle suffisamment élevée pour pouvoir en extraire un signal physiologique. Pour cela on peut par exemple acquérir des images basse résolution rapidement [46] à l'aide de spirales [47], une zone placée au niveau du diaphragme [48], la ligne centrale de l'espace-k correspondant à la projection de l'image sur une ligne, etc. On peut ainsi parfois extraire à la fois un signal respiratoire et cardiaque [49].

Les limitations de cette technique sont les suivantes :

- Les acquisitions synchronisées sont très peu efficaces du point de vue de la durée d'acquisition. Par exemple, avec une synchronisation respiratoire l'acquisition est 4 fois plus longue que si l'on avait pu acquérir en continu. Ce ratio augmente significativement en double synchronisation cardiaque et respiratoire. C'est pourquoi on combine souvent la synchronisation cardiaque avec l'apnée. D'autres méthodes ont été développées afin d'améliorer l'efficacité de la synchronisation. Par exemple, on peut demander de courtes apnées à chaque fin d'expiration afin d'augmenter le ratio de l'acquisition réelle [50]. Mais cela demande une grande coopération de la part du patient.
- Il faut faire un compromis sur la taille de la fenêtre d'acquisition : plus elle est grande, plus courte sera la durée totale de l'acquisition mais plus on aura de mouvement apparent.
- La synchronisation nécessite l'utilisation de capteurs physiologiques ou d'un navigateur. L'extraction de la phase, respiratoire ou cardiaque, s'accompagne nécessairement d'erreurs (difficulté de l'extraction de l'onde R parmi les artefacts RF dans l'ECG [51], dérive du signal de la ceinture respiratoire, etc.). De plus, ce signal 1D n'est pas nécessairement représentatif de la position physiologique globale.
- Dans le cas des navigateurs, leur utilisation peut venir perturber la stabilité de l'aimantation ou inversement, l'encodage spatial et l'histoire des spins peut perturber le navigateur.
- Certaines séquences nécessitent une longue phase de préparation de l'aimantation de l'ordre de plusieurs centaines de millisecondes à chaque répétition (inversion, saturations, etc.). Il faut donc être capable de prédire le mouvement afin de commencer cette préparation au bon moment [38].

2.3.1.3 Accélération de l'acquisition

Accélérer l'acquisition peut avoir un double intérêt :

- Le temps d'acquisition peut devenir négligeable par rapport aux temps caractéristiques du mouvement. L'impact du mouvement devrait alors être lui aussi négligeable.
- L'accélération rend surtout possible certaines acquisitions en une apnée (une vingtaine de secondes)

Les méthodes d'accélération consistent à n'acquérir qu'une partie de l'espace-k et à reconstruire une image à partir de ces données partielles. Cette reconstruction n'est uniquement possible lorsque l'on dispose d'une connaissance *a priori* qui permet de compléter les données manquantes ou de contraindre la reconstruction. Ainsi toutes les méthodes d'accélération s'accompagnent d'une méthode de reconstruction associée.

Nous présentons rapidement ici la plupart des méthodes d'accélération de la littérature :

- **SENSE** Une acquisition avec une accélération SENSE d'un facteur n consiste à n'acquérir qu'une ligne sur n dans l'espace-k. Avec une reconstruction naïve, on devrait donc obtenir l'image souhaitée mais repliée sur elle-même n fois (voir annexe A.1). Mais si l'on dispose des cartes de sensibilité des différentes antennes, on devrait être capable de discriminer l'origine géométrique du signal et donc de déplier l'image [52]. Cet algorithme est détaillé dans la suite de ce chapitre.
- **GRAPPA** Ici l'idée générale est la même que pour SENSE excepté que la reconstruction se fait dans le domaine de Fourier au lieu de se faire dans le domaine image. Les lignes centrales densément échantillonnées permettent alors de calibrer l'interpolation des données manquantes dans le domaine de Fourier [53].
- **Fourier partiel** Il s'agit ici de n'acquérir que la moitié de l'espace-k plus quelques lignes pour avoir un échantillonnage basse résolution complet. Ensuite, on se base sur la propriété suivante : la transformée de Fourier F d'une image ρ de \mathbb{R} présente une symétrie hermitienne, *i.e.* $F(\rho) = (F(\rho))^H = {}^t\overline{F(\rho)}$. On peut donc utiliser cette propriété pour reconstruire la moitié manquante de l'espace-k à partir de la moitié connue. Et comme l'image n'est en réalité par une image réelle pure mais complexe (à cause des artefacts de mouvement résiduels, des décalages de fréquence dus à la graisse, etc.), on corrige la phase en utilisant la phase extraite de l'espace-k basse résolution complètement échantillonné. Il y a donc ici une approximation sur la phase. Cette reconstruction est appelée reconstruction homodyne [54].
- **Accélération temporelle** Cette accélération est basée sur l'idée qu'il existe une grande corrélation temporelle dans une série d'images. Les informations d'une image peuvent donc être utilisées pour aider à compléter les informations manquantes des images proches temporellement. On peut donc étendre

le principe de la reconstruction SENSE initialement proposée pour un sous-échantillonnage dans l'espace-k à la reconstruction k-t SENSE pour un sous-échantillonnage dans l'espace k-t (fréquences spatiales - temps). Le repliement survient alors dans le domaine spatial - fréquence temporelle. De la même manière, on se base sur l'échantillonnage complet de l'espace k(basse résolution)-t pour contraindre la reconstruction. Lorsque l'on n'utilise pas l'imagerie parallèle (une seule antenne) on peut alors utiliser la reconstruction UNFOLD [55] ou k-t BLAST [56] pour résoudre ce problème sous-déterminé.

- **Compressed sensing** Le critère de Nyquist-Shannon indique que pour reconstruire sans perte un signal comprenant une fréquence maximale f_{max} il faut échantillonner avec une fréquence minimale $f_{min} = 2f_{max}$. La théorie du *compressed sensing* [26] montre qu'il est possible de diminuer cette fréquence d'échantillonnage sous certaines conditions. Notamment, il doit exister une base dans laquelle le support du signal est épars. La seconde condition importante consiste à échantillonner le signal de manière aléatoire. Enfin, l'échantillonnage ne doit pas se faire dans un domaine où le support des données est épars. Si on note H la transformation permettant de passer du domaine image au domaine dans lequel le signal est épars, alors on peut effectuer la reconstruction sous la contrainte de dispersion :

$$\text{Trouver } \rho \text{ tel que } \rho = \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \|H(\rho)\|_0 \text{ et sujet à } s = E\rho \quad (2.41)$$

Il a été montré [57] l'équivalence entre l'utilisation de la norme \mathcal{L}^0 et \mathcal{L}^1 , cette dernière étant plus facile à mettre en œuvre dans la pratique pour les problèmes largement sous-déterminés car l'optimisation de la norme \mathcal{L}^1 est convexe.

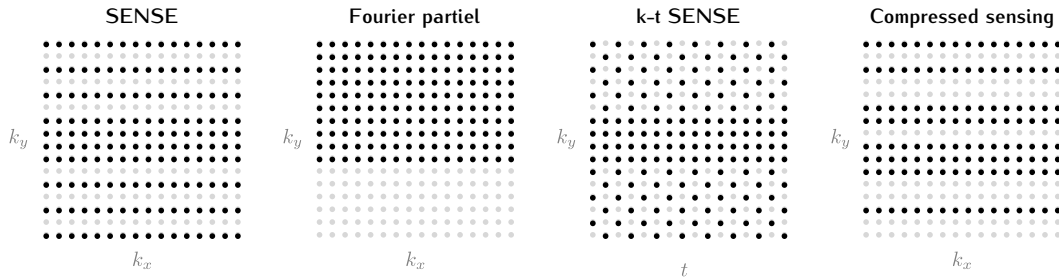


FIGURE 2.18: Schéma de sous-échantillonnage des principales méthodes d'accélération obtenues pour avec un facteur 2

A présent, nous allons développer la méthode de reconstruction SENSE car elle utilise des notions nécessaires pour la suite de cette étude.

En IRM, le signal RMN est enregistré soit à l'aide d'une seule antenne (appelée antenne *body*, ou antenne volumique) qui couvre la majeure partie du tube de l'imager, soit par un réseau d'antennes qui ont chacune une sensibilité propre (figure 2.19). On appelle ces antennes des antennes surfaciques car elles sont capables de capter un signal provenant d'une zone proche dont la taille est de l'ordre de grandeur de leur rayon.

Voici l'idée générale derrière la reconstruction SENSE. Prenons le cas de deux antennes qui couvrent l'une la partie gauche de l'image et l'autre la partie droite, et

prenons une acquisition dont la direction de phase est horizontale. Avec une accélération d'un facteur 2, chaque antenne obtient une image repliée horizontalement. Mais ces images ne représentent pas les mêmes zones anatomiques. Donc si on connaît les sensibilités des antennes, on est capable de remonter à leur localisation et donc de recombinaison ces informations pour obtenir une image complète dépliée.

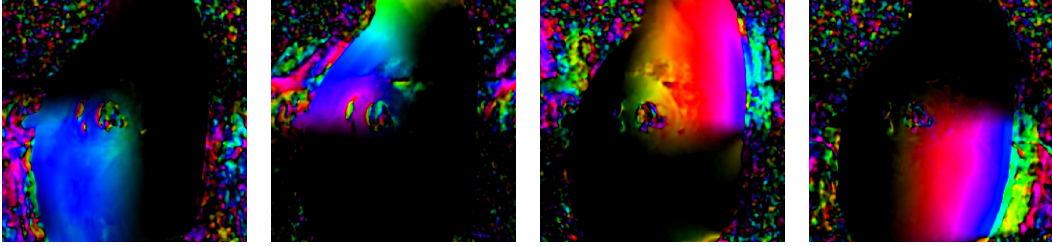


FIGURE 2.19: Cartes de sensibilité d'une antenne cardiaque 8 canaux (4 sont représentées parmi les 8). Le module est représenté dans la luminosité et la phase dans le ton de l'image.

On peut interpréter l'idée différemment. Si l'on dispose des cartes de sensibilité, on est alors capable de modéliser toute la chaîne d'acquisition :

- L'image théorique ρ que l'on cherche correspond à la zone d'intérêt. Si on note N le nombre de pixels (ou voxels), l'image peut être représentée par un vecteur de taille $N \times 1$.
- Chaque antenne voit cette zone avec sa propre sensibilité σ_i . Cela correspond à multiplier l'image théorique par la carte de sensibilité. Cette opération correspond donc à une multiplication du vecteur image par une matrice diagonale. On peut concaténer ces matrices pour obtenir l'opérateur σ qui prend en entrée le vecteur image et donne en sortie les vecteurs concaténés des images vues par chaque antenne. Si on note N_σ le nombre d'antenne, σ est une matrice de taille $N \cdot N_\sigma \times N$.
- L'acquisition se fait dans le domaine de Fourier. La transformée de Fourier modélise cette étape et est linéaire. On notera que de la même manière, on peut dupliquer cet opérateur linéaire de façon à l'appliquer simultanément sur toutes les antennes. On obtient alors une matrice F diagonale par bloc (les blocs diagonaux correspondant à la transformée de Fourier). F est donc de taille $N \cdot N_\sigma \times N \cdot N_\sigma$.
- Enfin, on n'acquière que certaines lignes de l'espace-k lors d'une acquisition accélérée. Il faut donc appliquer un masque qui peut être encore une fois représenté par un opérateur diagonal ξ constitué de matrices diagonale concaténées. ξ est donc de taille $(N \cdot N_\sigma)/R \times N \cdot N_\sigma$ avec R le facteur d'accélération.

Finalement la chaîne d'acquisition peut être modélisée par l'opérateur d'encodage E décrit par l'équation 2.42 et la figure 2.20. Si l'on reprend le formalisme développé dans le chapitre 2.1, on obtient :

$$\begin{aligned} s &= E\rho \\ &= \xi F \sigma \rho \end{aligned} \tag{2.42}$$

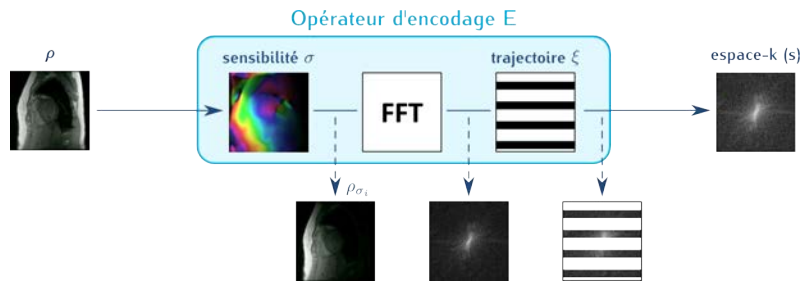


FIGURE 2.20: Opérateur d'encodage pour la reconstruction SENSE. On notera que la chaîne d'acquisition n'a été représentée que pour une antenne ici, mais le schéma général reste le même.

Reconstruire l'image ρ consiste donc à résoudre le problème inverse décrit par l'opérateur d'encodage E . Et comme les cartes de sensibilité présentent des variations dans la direction de la phase, on dispose de suffisamment d'équations indépendantes pour résoudre le problème posé.

En théorie, avec N_σ antennes présentant des sensibilités indépendantes dans la direction de phase et qui couvrent toute l'image, on devrait être capable de reconstruire une acquisition accélérée N_σ fois.

On peut relever les limites suivantes concernant les méthodes d'accélération :

- Toutes les méthodes d'accélération s'accompagnent d'une perte de signal inhérente. En imagerie parallèle, pour un facteur d'accélération R , on obtient une reconstruction avec un rapport signal sur bruit (SNR, *i.e.* *Signal to Noise Ratio*) réduit d'un facteur $g\sqrt{R}$ [52] avec g un facteur géométrique décrivant la corrélation du bruit mesuré par les différents éléments d'antenne. En *compressed sensing*, si on note M la taille réelle du support du signal et N le nombre d'échantillons mesurés, on obtient une perte de détectabilité proportionnelle à $M/\log N$ [58]. Le compromis résolution - temps d'acquisition - bruit reste donc valable.
- La répartition du bruit dans l'image peut devenir très inhomogène, comme l'indique le *g-factor* dans le cas de la reconstruction SENSE [52].

2.3.1.4 Éviter les artefacts constructifs

On a vu que dans le cas d'une acquisition cartésienne, la localisation des artefacts de mouvement dépend de plusieurs facteurs dont le schéma d'échantillonnage, *i.e.* la trajectoire dans l'espace-k (voir chapitre 1.2.3). En effet, avec un échantillonnage régulier et toujours identique, on a plus de risque d'obtenir des artefacts constructifs, et toujours au même endroit d'une image à l'autre, donc plus difficiles à supprimer en s'appuyant sur d'autres images.

Certaines stratégies basées sur la trajectoire dans l'espace-k ont été développées afin de réduire les artefacts apparents.

- Lorsque l'acquisition d'un jeu de données nécessite la répétition de plusieurs acquisitions, on peut suggérer d'utiliser différentes trajectoires sélectionnées aléatoirement (nous reviendrons sur ce point dans la partie II)

- On a vu que les artéfacts de mouvement surviennent dans la direction de phase. Une idée consiste donc à modifier la direction de phase à chaque répétition. De cette façon, les artéfacts vont se disperser au lieu de s'additionner. Ils sont donc toujours présents mais la perturbation induite est bien moins importante. Elle se traduit par un flou résiduel et du bruit. Concrètement, on peut utiliser des acquisition radiales, radiales par blocs [46], que ce soit en 2D où les rayons décrivent un cercle, ou en 3D où les rayons décrivent une sphère. D'autres schémas plus complexes peuvent être utilisés tels que les spirales [59].

2.3.1.5 Méthodes de correction prospectives

On notera qu'il est possible de corriger prospectivement le mouvement si l'on est capable de le prédire en temps réel [60]. Cependant, cette correction se limite aux mouvements rigides à cause de la linéarité des gradients. De plus c'est tout le champ de vue qui doit présenter un mouvement rigide au risque d'induire un déplacement artificiel des zones fixes. Le principal intérêt de ces méthodes est de pouvoir conserver l'histoire des spins comme si aucun mouvement n'était survenu en compensant les déplacements intra-TR.

2.3.1.6 Méthodes de correction rétrospective

S'affranchir des limites précédentes Au delà de ses limites inhérentes, l'apnée nécessite surtout de faire un compromis sur la qualité du signal puisque les acquisitions doivent être accélérées à l'aide d'un sous échantillonnage qui affecte le SNR. Idéalement, on souhaiterait donc pouvoir effectuer les acquisitions en respiration libre et ainsi atteindre une meilleure qualité d'image. Les acquisitions synchronisées permettent cela mais sont très inefficaces car elles passent une grande partie du temps à n'acquérir aucune donnée et elles souffrent aussi d'un certain nombre de limites propres.

L'idéal serait donc d'effectuer l'acquisition en respiration libre, et d'utiliser toutes les données acquises. Il faut alors être capable de compenser l'impact du mouvement. C'est ce que se proposent de faire les reconstructions avec correction de mouvement rétrospective. C'est également cette catégorie de méthodes de correction de mouvement qui nous intéresse plus particulièrement dans cette thèse.

Un modèle incomplet Le mouvement qui survient pendant une acquisition a un impact sur les données mesurées. Cet impact est vu comme une inconsistance de données et se traduit par des artéfacts après reconstruction uniquement parce que notre modélisation du système est trop simpliste. Autrement dit, comme notre modélisation de l'acquisition ne prend (jusque là) pas en compte le mouvement, les inconsistances induites par le mouvement mènent à des solutions aberrantes du point de vue physique voire rendent le système mal posé, non inversible, et la solution qui minimise le système contient des artéfacts.

A partir de là, deux solutions s'offrent à nous : soit on tente de se ramener à un cas où le modèle naïf est suffisant, soit on complète le modèle de l'acquisition en y ajoutant un modèle de mouvement.

Dans les deux cas, il sera nécessaire de disposer d'un système synchronisé sur l'imageur IRM, qui permet de connaître à n'importe quel instant de l'acquisition la phase du mouvement (comme pour les acquisitions synchronisées).

Se ramener au cas où le modèle naïf est suffisant La première solution se décompose de la façon suivante [61] :

- Les données sont triées rétrospectivement en fonction de la position physiologique à laquelle elles correspondent
- Pour chaque position physiologique, on dispose donc d'un jeu de données sous-échantillonné. Pour chacun de ces jeux de données, il n'y a pas de mouvement apparent et le modèle d'acquisition naïf est alors suffisant. On peut donc utiliser une des méthodes de reconstruction de données sous-échantillonnées comme le *compressed sensing*. En effet, comme l'acquisition se fait indépendamment du mouvement l'échantillonnage de chaque position peut être considéré comme pseudo aléatoire. On obtient ainsi une série d'images avec un SNR plus ou moins bon en fonction de la quantité de données disponibles pour chaque position.
- Cette série d'images peut alors être recalée dans une même position physiologique
- Il ne reste plus qu'à fusionner les images recalées entre elles à l'aide d'une moyenne par exemple.

Il y a donc deux inconnues dans la méthode proposée ici : l'image finale et les champs de déplacements. Ces deux inconnues sont obtenues avec une reconstruction en deux phases successives : on obtient des images puis le mouvement. La qualité des champs de déplacements obtenus (et donc la qualité de l'image finale) va donc largement dépendre de la qualité de la reconstruction des images intermédiaires. Or il y a de fortes chances que certaines images soient hautement sous-échantillonnées et que l'image ainsi obtenue soit très bruitée et difficile à recalée. On pourrait alors pondérer certaines images au moment de leur recombinaison mais cela reviendrait à perdre de l'information.

Compléter le modèle Si l'on reprend les modélisations de l'opérateur d'encodage à travers le formalisme développé dans le chapitre 2.1, nous avons développé jusqu'à présent le modèle naïf avec une simple transformée de Fourier et l'adaptation de ce modèle à l'imagerie parallèle pour la reconstruction SENSE :

$$\begin{aligned}
 \text{Formalisme : } s &= E\rho \\
 \text{Naïf : } s &= F\rho \\
 \text{SENSE : } s &= \zeta F\sigma\rho
 \end{aligned}
 \tag{2.43}$$

A présent, pour pouvoir exploiter toutes les données d'une acquisition en respiration libre, il faut compléter le modèle avec un opérateur de mouvement $W(\vec{u})$, description initialement proposée par Batchelor *et al.* [62] :

$$\begin{aligned} s &= E\rho \\ &= \xi F \sigma W(\vec{u}) \rho \end{aligned} \quad (2.44)$$

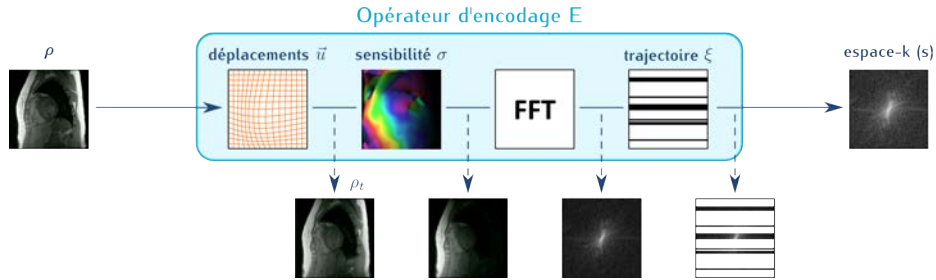


FIGURE 2.21: Opérateur d'encodage incluant la correction de mouvement. La chaîne d'acquisition est illustrée ici pour un instant donné et une antenne donnée.

La chaîne d'acquisition contient une étape de plus et peut être détaillée de la manière suivante :

- On cherche une image ρ sans artefact, représentative d'une position physiologique moyenne (taille : $N \times 1$)
- A chaque instant t de l'acquisition, la zone d'intérêt se trouve dans une position physiologique donnée ρ_t . Cette position correspond à un déplacement \vec{u}_t par rapport à la position de référence ρ . Nous avons vu dans le chapitre 2.2 que cette déformation (*warping*) peut être traduite par l'application d'un opérateur linéaire $W(\vec{u}_t)$ qui est en fait une matrice d'interpolation. On peut regrouper chaque instant de l'acquisition en un nombre N_t de positions physiologiques différentes. La taille de l'opérateur complet $W(\vec{u})$ est $N \cdot N_t \times N$.
- Les opérateurs σ et F qui modélisent l'utilisation des antennes et le passage dans le domaine de Fourier restent inchangés. Il faut simplement les dupliquer pour les appliquer à chaque position. Leur taille est alors $N \cdot N_t \cdot N_\sigma \times N \cdot N_t \cdot N_\sigma$.
- Enfin, l'opérateur ξ indique comment les données acquises se découpent en plusieurs ensembles de trajectoires dans l'espace-k correspondant à chaque position physiologique. Lorsque la trajectoire est radiale, cet opérateur intègre une opération d'interpolation permettant de passer d'un échantillonnage cartésien à un échantillonnage radial [63, 64]. Sa taille est donc $(N \cdot N_\sigma) / R \times N \cdot N_t \cdot N_\sigma$.

Le mouvement apparaît donc maintenant comme un paramètre inconnu de la chaîne d'acquisition. Deux stratégies ont été proposées dans la littérature pour résoudre l'équation 2.44. La première consiste à pré-calibrer le modèle de mouvement, l'autre consiste à l'auto-calibrer. Par analogie, certaines méthodes de reconstruction SENSE ont été développées avec une pré-calibration des cartes de sensibilité à l'aide d'une acquisition supplémentaire et d'autres méthodes SENSE proposent d'auto-calibrer les cartes de sensibilité avec les données sous-échantillonnées.

Reconstruction avec modèle de mouvement pré-calibré Il est relativement simple de pré-calibrer les cartes de sensibilité à l'aide d'une acquisition supplémentaire car les cartes de sensibilité sont en théories les mêmes quelle que soit la séquence. Mais la pré-calibration du modèle de mouvement est plus complexe puisque le mouvement est différent d'une séquence à l'autre.

Cette calibration consiste à acquérir une série d'images avec une résolution temporelle élevée et une résolution spatiale faible. De cette façon, le mouvement intra-acquisition est négligeable et on peut extraire les mouvements inter-acquisition à l'aide d'un recalage. Ces déplacements peuvent ensuite être corrélés à un signal physiologique synchronisé avec l'acquisition de la calibration (ceinture respiratoire, navigateur, *etc*). Ainsi, pour n'importe quelle autre acquisition, si l'on dispose de ce même signal physiologique, on peut associer à n'importe quel instant de l'acquisition le déplacement de la calibration correspondant.

On connaît donc le mouvement qui est survenu au cours de l'acquisition. Il ne reste donc plus qu'à résoudre le problème inverse posé par l'équation 2.44 tout comme dans la reconstruction SENSE. On parle de reconstruction compensée en mouvement.

On peut relever les limites suivantes concernant la pré-calibration du modèle de mouvement :

- La question de la durée de validité d'un tel modèle calibré en début d'acquisition peut se poser. En effet, on peut avoir une dérive physiologique de la position et du mouvement du patient, et une dérive des capteurs physiologiques. Le cas échéant, le modèle calibré n'est plus applicable.
- Dans cette méthode de reconstruction, les deux inconnues sont obtenues à l'aide de deux phases de reconstruction successives : on résoud dans un premier temps le mouvement puis l'image. Ainsi, la qualité de reconstruction de l'image va être directement impactée par la qualité de reconstruction du mouvement.
- Notamment, le modèle de mouvement est calibré sur une acquisition basse résolution. Des déplacements complexes tels que la déformation cardiaque ou le glissement du foie sur les côtes peuvent alors être mal estimés

Reconstruction avec modèle de mouvement auto-calibré : GRICS Si l'on ne souhaite pas ajouter de séquence de calibration du mouvement, celui-ci apparaît comme un paramètre inconnu de la chaîne d'acquisition. La formulation généralisée du problème devient alors :

$$\text{Trouver } (\rho, \vec{u}) \text{ tel que } (\rho, \vec{u}) = \underset{\rho, \vec{u}}{\operatorname{argmin}} \|s - E(\vec{u})\rho\|^2 \quad (2.45)$$

Le problème ainsi décrit correspond toujours au formalisme qui a été introduit. Mais pour que le problème soit mieux posé, il a simplement fallu rechercher la solution dans un espace plus vaste : l'espace des couples image - modèle de mouvement.

L'algorithme GRICS proposé par Freddy Odille *et al.* [7] propose une implémentation permettant la résolution de cette reconstruction généralisée avec auto-calibration du modèle de mouvement. Cet algorithme avait été initialement proposé dans une formulation 2D. L'objectif premier de cette thèse étant de proposer une mise en

œuvre 3D de cet algorithme, nous proposons dans le chapitre suivant une présentation détaillée du fonctionnement de GRICS ainsi que des différentes adaptations qui ont été apportées par cette thèse pour la mise en œuvre 3D.

Limites des méthodes de correction de mouvement rétrospective Pour résumer, nous venons de présenter trois méthodes de correction de mouvement rétrospective. Les deux premières méthodes procèdent en deux étapes successives. La première reconstruit des images à partir d'espaces-k sous-échantillonnés puis recalc ces images. La seconde extrait un modèle de mouvement d'une acquisition de calibration puis utilise ce modèle pour reconstruire l'image à travers l'opérateur d'encodage complet. Enfin la dernière méthode optimise de manière simultanée l'image et le mouvement à travers ce même opérateur d'encodage. Ainsi, dans tous les cas, ces trois méthodes permettent d'obtenir à la fois une image sans artéfact de mouvement et le mouvement qui survient pendant l'acquisition. On voit donc déjà apparaître les limites suivantes concernant les méthodes de correction rétrospective de mouvement en général :

- Le nombre d'inconnues du problème est plus important. Il en découle donc un problème avec un moins bon conditionnement.
- On peut alors par exemple répéter l'acquisition plusieurs fois afin d'améliorer le conditionnement du problème (plus de données d'entrée). Plus on augmente le nombre de répétitions plus on se rapproche d'un échantillonnage complet de toutes les positions physiologiques mais plus on s'éloigne de l'objectif qui était de raccourcir le temps d'acquisition par rapport à une acquisition synchronisée.
- Pour répondre à ce mauvais conditionnement, on peut également ajouter des régularisations au problème. Mais on retombe alors dans les mêmes limites que celles rencontrées avec le problème de recalage : la régularisation nécessite l'optimisation du paramètre de régularisation, peut aboutir à des solutions non réalistes si le critère de régularisation est mal choisi, etc.
- Enfin, la complexité calculatoire de ces méthodes est plus importante. Les temps de reconstruction sont donc plus importants que pour une reconstruction de type SENSE et peuvent même nécessiter des ressources matérielles plus importantes.

Nous reviendrons sur ces notions lorsque nous détaillerons le principe de fonctionnement de l'algorithme GRICS.

2.3.2 Apport de cette thèse : GRICS 3D

Avec les méthodes de correction de mouvement rétrospective, on devrait pouvoir accéder à de très bonnes résolutions avec de bons SNR (contrairement aux acquisitions en apnée accélérées), et cela de manière assez rapide (contrairement aux acquisitions synchronisées). De plus, si l'on reconstruit l'image et le mouvement de manière conjointe, on évite les biais des méthodes où ces deux inconnues sont optimisées de manière découplée, à savoir une forte dépendance par rapport à la première étape de la reconstruction.

C'est pourquoi nous nous intéressons dans cette thèse à la méthode de reconstruction GRICS qui reconstruit de manière conjointe une image sans artéfact de mouvement ainsi que le mouvement qui survient au cours de l'acquisition et ce, à partir de données obtenues en respiration libre.

Il s'agit donc de résoudre l'équation 2.45.

2.3.2.1 Modèle de mouvement

Nous avons vu que la modélisation complète du système d'acquisition nécessite de connaître le déplacement à chaque instant de l'acquisition. On a également vu que le déplacement intra-TR est souvent négligeable. Enfin, comme les déplacements sont non-rigides, il nous faut décrire ce déplacement en tout point. Donc en principe, le nombre d'inconnues devrait être $N_{TR} \cdot N_{\text{voxel}} \cdot N_{\text{direction}}$, *i.e.* $(N_y \cdot N_z) \cdot (N_x \cdot N_y \cdot N_z) \cdot 3$ pour une acquisition 3D cartésienne (codage en fréquence dans la direction x et codage de phase dans les directions y et z).

Cela représente donc un nombre très important d'inconnues. Or il existe de fortes corrélations entre les champs de déplacements correspondant aux différents instants de l'acquisition. En se basant sur cette remarque, deux stratégies ont été précédemment développées afin de réduire ce nombre : regrouper les instants de l'acquisition autour de temps virtuels et décomposer la composante temporelle et spatiale des champs de déplacements à l'aide d'une hypothèse de linéarité.

Dans les deux cas, il nous faut disposer d'un signal physiologique synchronisé sur l'acquisition (ceinture respiratoire, navigateur, *etc.*).

Notion de temps virtuel Les différents temps de l'acquisition peuvent être classifiés en plusieurs groupes en fonction du signal physiologique associé de façon à ce que le mouvement interne à chaque groupe soit négligeable. En créant N_t groupes, on divise donc le nombre de champs de déplacements à trouver par N_t .

Cette classification peut être réalisée à l'aide d'une quantification simple du signal physiologique, ou bien d'une classification plus évoluée qui permet de faire un compromis entre le mouvement apparent et le nombre d'acquisitions dans chaque groupe. En effet, l'algorithme GRICS semble alors plus stable. On a par exemple utilisé la méthode *k-means* pour regrouper nos signaux.

*évaluation
empirique*

A chaque groupe, *i.e.* à chaque temps virtuel correspond donc une position physiologique virtuelle représentative de la position moyenne dans le groupe. On l'appelle position virtuelle car elle ne correspond pas nécessairement à une position effectivement survenue pendant l'acquisition.

On notera que le regroupement des temps d'acquisition en temps virtuels permet également d'accélérer considérablement l'évaluation de l'opérateur d'encodage E . En effet, au lieu d'appliquer $N_y \cdot N_z$ opérateurs de déformation différents (qu'il faut évaluer), il suffit à présent l'appliquer N_t opérateurs de déformation.

Hypothèse de linéarité L'idée suivante consiste à décomposer la composante spatiale et la composante temporelle des champs de déplacements et à supposer que la composante temporelle est corrélée aux signaux physiologiques. Il semble en effet naturel de penser que en tout point (x, y, z) , l'amplitude du déplacement dû à la

respiration au cours du temps t est proportionnelle à l'amplitude du signal donné par une ceinture respiratoire $S_{respi}(t)$:

$$\vec{u}_{respi}(x, y, z, t) = \vec{\alpha}(x, y, z) \cdot S_{respi}(t) \quad (2.46)$$

Le paramètre α donne ici la relation de proportionnalité entre le déplacement et le signal physiologique. Par exemple, une zone affectée par le déplacement maximal (comme le dôme du diaphragme) aura un coefficient α_{max} dans la direction verticale et quasiment nul dans les autres directions : $\vec{\alpha}_{dome} \approx (0, 0, \alpha_{max})$. Une zone des poumons un peu plus éloignée aura par exemple un coefficient plus faible dans la direction verticale mais plus important dans la direction antéro-postérieure du fait du mouvement des côtes : $\vec{\alpha}_{poumon} \approx (0, 0, 2 \cdot \alpha_{max}, 0, 5 \cdot \alpha_{max})$ par exemple. Enfin une zone qui n'est pas affectée par le mouvement respiratoire aura un coefficient nul : $\vec{\alpha} = 0$.

Cette hypothèse de linéarité par rapport aux signaux physiologiques a été initialement proposée par Manke *et al.* [65]. D'autres modèles ont été proposés dans la littérature [66], mais leur utilisation n'a pas été testée dans le cadre de GRICS.

Par ailleurs, le mouvement global du patient a souvent des origines multiples. Par exemple, on a vu que le mouvement respiratoire a deux sources musculaires principales : le diaphragme (qui induit un déplacement visible de l'extérieur au niveau de l'abdomen) et les muscles de la cage thoracique (qui induisent un déplacement visible de l'extérieur au niveau de la cage thoracique). Aussi, une ceinture respiratoire placée au niveau de l'abdomen aura un signal S_1 principalement représentatif de la première source de déplacement et une ceinture placée au niveau du thorax aura un signal S_2 principalement représentatif de la seconde source de déplacement.

Le déplacement global étant la combinaison de ces deux déplacements, il suffit d'additionner les deux modèles correspondants (figure 2.22).

$$\vec{u}(x, y, z, t) = \sum_i \vec{\alpha}_i(x, y, z) \cdot S_i(t) \quad (2.47)$$

Avec cette modélisation, les inconnues du problème sont les modèles de déplacements $\vec{\alpha}_i$ (un champ de déplacements par signal physiologique). Un modèle de déplacements $\vec{\alpha}_i$ correspond au champ de déplacements induit par la source de mouvement i et correspondant à un signal normal $S_i = 1$. On est donc passé de $(N_y \cdot N_z) \cdot (N_x \cdot N_y \cdot N_z) \cdot 3$ inconnues à $N_\alpha \cdot N_x \cdot N_y \cdot N_z \cdot 3$ inconnues, avec N_α le nombre de signaux physiologiques. Si on note α l'ensemble des paramètres des modèles de mouvement $\vec{\alpha}_i$, le problème à résoudre s'écrit donc maintenant:

$$\text{Trouver } (\rho, \alpha) \text{ tel que } (\rho, \alpha) = \underset{\rho, \alpha}{\operatorname{argmin}} \|s - E(\alpha) \rho\|^2 \quad (2.48)$$

On notera que les champs de déplacements \vec{u} ainsi obtenus donnent le déplacement qui survient entre une position physiologique moyenne et la position physiologique réelle à chaque instant t . Cette position physiologique moyenne correspond à une position théorique où tous les signaux physiologiques seraient nuls. Cette position théorique n'a pas nécessairement de réalité physiologique. En effet l'annulation d'un signal physiologique peut être incompatible avec l'annulation de l'ensemble des

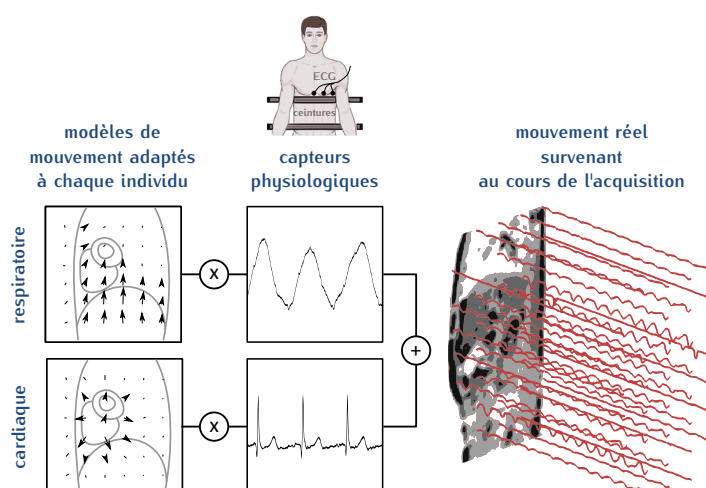


FIGURE 2.22: Linéarité du modèle de mouvement. On notera que l'ECG n'est pas directement lié à l'amplitude du déplacement cardiaque. On revanche on peut créer un signal pseudo périodique dont la phase est synchronisée sur la phase de l'ECG et qui dont l'amplitude est proportionnelle à l'amplitude des mouvements cardiaques (tout comme l'amplitude du signal d'une ceinture respiratoire est proportionnelle à l'amplitude des mouvements respiratoires).

autres signaux. On veillera donc à normaliser les signaux ou à faire correspondre leur annulation avec la position la plus récurrente. De cette façon, la position virtuelle moyenne sera la plus réaliste possible.

Enfin, puisque ces champs de déplacements utilisés dans la modélisation E de la chaîne d'acquisition décrivent le mouvement à partir de cette position virtuelle moyenne, c'est bien dans cette même position que va être reconstruite l'image ρ lors de l'optimisation du problème inverse de l'équation 2.48.

L'hypothèse de linéarité utilise donc comme référence la position théorique moyenne. On rappelle donc qu'il est alors préférable d'utiliser une formulation *forward* pour décrire les champs de déplacements (chapitre 2.2.1.2). En effet, avec une formulation *backward*, la multiplication d'un modèle de déplacement α_i par le signal physiologique S_i ne donnerait pas un champ de déplacements proportionnel à α_i . Le fait de prendre en compte cette remarque constitue déjà une amélioration de GRICS car cette observation n'avait pas été faite dans sa formulation initiale.

Signaux physiologiques On voit ici que plus on dispose de signaux physiologiques indépendants et représentatifs du mouvement réel, plus on aura une représentation fidèle du mouvement réel [67]. C'est pourquoi le développement de capteurs physiologiques compatibles IRM constitue un champ de recherche à part entière dans la littérature.

Nous avons déjà présenté l'utilisation des ceintures respiratoires abdominale et thoracique, ainsi que les navigateurs (chapitre 2.3.1.2). L'ECG contient lui aussi une foule de renseignements concernant le battement cardiaque mais ne peut pas être exploité tel quel. En effet, l'ECG reflète l'activité électrique du cœur et non la contraction qui s'en suit. En revanche la phase du signal électrique est la même que la phase du mouvement.

Vuissoz et al. [68] ont utilisé ce signal de la phase pour corriger le mouvement cardiaque dans une fenêtre d'une centaine de millisecondes autour d'une phase cardiaque donnée. De cette façon ils ont pu utiliser plus de données pour reconstruire chaque phase cardiaque, *i.e.* augmenter le SNR dans une acquisition CINE et ce, sans ajouter de flou ou d'artefact de mouvement par la même occasion.

Un autre signal physiologique peut être facilement obtenu : la dérivée S' des signaux enregistrés. Sur un signal respiratoire, cette dérivée peut permettre de distinguer le mouvement à l'inspiration du mouvement à l'expiration. Cela peut être très utile si le mouvement présente une hystérésis (un élément de tissu ne passe pas par le même chemin à l'inspiration et à l'expiration) (figure 2.23).

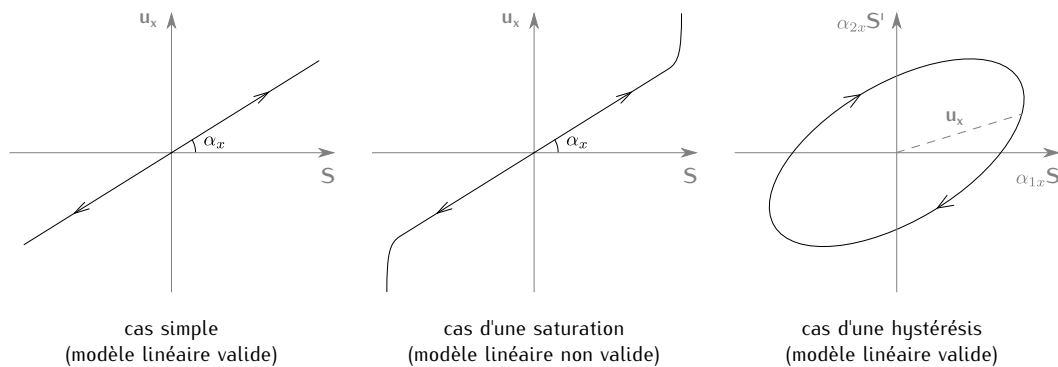


FIGURE 2.23: Étude de la validité du modèle linéaire.

D'autres capteurs physiologiques tels que des accéléromètres ou gyroscopes ont été développés. Mais l'exploitation de leurs signaux nécessite des traitements qui induisent nécessairement des erreurs (constantes d'intégration, *etc.*).

Validité de l'hypothèse de linéarité L'hypothèse de linéarité a déjà été validée [67]. Nous rappelons cependant les conditions qui doivent être respectées :

- On doit disposer de suffisamment de capteurs donnant des signaux indépendants et corrélés au mouvement. On utilise la plupart du temps 2 ceintures respiratoires et éventuellement leurs dérivées.
- Pour que les capteurs soient corrélés au mouvement ils doivent être correctement positionnés (bon contact électrique de l'ECG, pas de roulement des ceintures, *etc.*)
- La qualité du signal est un critère important (saturation, synchronisation avec l'acquisition, bruit, *etc.*). Notamment, la saturation du signal sera rédhitoire si trop importante (figure 2.23)
- Le mouvement lui-même doit être le plus naturel possible pour qu'une valeur donnée d'un signal physiologique corresponde toujours à la même position. On notera bien que le mouvement n'a pas besoin d'être parfaitement périodique ou reproductible. Une légère augmentation de la fréquence ou de l'amplitude sera en effet reflétée dans les signaux physiologiques. En revanche si le mouvement s'écarte trop du mode naturel, l'hypothèse de linéarité ne sera plus respectée.

Par exemple, un stress ou inversement un endormissement peu modifier le mode respiratoire dans une certaine mesure.

On notera que la première méthode de correction de mouvement rétrospective que nous avons présenté se contente d'utiliser les signaux physiologiques pour trier les données. Ensuite, les images y sont recalées sans aucune hypothèse de linéarité relativement à ces signaux. L'inconvénient est qu'il faut donc optimiser plus de champs de déplacements, mais l'avantage est que le résultat n'est pas entaché par une non linéarité des signaux.

Finalement le signal physiologique est une donnée supplémentaire mesurée qui aide à mieux conditionner le problème d'optimisation du mouvement.

2.3.2.2 Système couplé

Données d'entrée et de sortie du système Nous avons présenté la description complète de la chaîne d'acquisition E . De plus, nous venons de voir une modélisation simplifiée des mouvements permettant de les décrire à l'aide d'un nombre restreint de paramètres à déterminer.

Nous souhaitons retrouver l'image ρ sans artéfact correspondant à une position moyenne et les paramètres α des modèles de mouvement. Pour cela, nous disposons des données suivantes :

- s les données enregistrées par l'IRM dans le domaine de Fourier
- S les signaux physiologiques synchronisés sur l'acquisition
- σ les cartes de sensibilité pré-calibrées
- ξ la trajectoire d'acquisition dans l'espace de Fourier

Le système proposé dans l'équation 2.48 n'est pas facilement soluble tel quel car les données connues ne dépendent pas linéairement de l'inconnue (ρ, α) (on rappelle que l'expression de l'opérateur de déformation $W(\vec{u}(\alpha))$ ne dépend pas de manière linéaire des champs de déplacements $u(\vec{\alpha})$ et donc de ses paramètres α). On va voir que pour résoudre ce système il faut le décomposer en deux systèmes couplés.

Optimisation de l'image ρ En revanche, si l'on suppose que l'on dispose d'une première estimation du modèle de mouvement $\tilde{\alpha}$, alors l'opérateur d'encodage E est entièrement connu. On peut donc obtenir l'image ρ par inversion de ce système linéaire :

$$\begin{aligned} \text{Trouver } \tilde{\rho} \text{ tel que } \tilde{\rho} &= \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \|s - E(\tilde{\alpha})\rho\|^2 \\ \Rightarrow E^H E \tilde{\rho} &= E^H s \end{aligned} \quad (2.49)$$

Optimisation du modèle de mouvement α Dans l'équation précédente, comme toutes les données de l'opérateur d'encodage (s , σ , ξ , *etc.*) sont supposées être parfaitement connues et correctes, à l'exception du modèle de mouvement $\tilde{\alpha}$. On peut donc supposer que l'erreur entre l'image $\tilde{\rho}$ obtenue et l'image réelle ρ est uniquement le fruit d'une erreur entre le modèle de mouvement estimé $\tilde{\alpha}$ et le modèle de mouvement réel

α . Il existe donc un lien entre cette erreur commise sur le modèle de déplacements $\delta\alpha$ et l'erreur commise sur l'image $\rho - \tilde{\rho}$. Or l'image réelle ρ n'est pas connue (c'est justement ce que l'on cherche). On peut donc essayer de se ramener à l'erreur entre les données réellement acquises s et les données que l'on aurait pu acquérir \tilde{s} avec ces estimations de l'image et du mouvement $(\tilde{\rho}, \tilde{\alpha})$.

$$\begin{aligned}
s - \tilde{s} &= E(\alpha)\rho - E(\tilde{\alpha})\tilde{\rho} \\
&= \xi F \sigma (W(\alpha)\rho - W(\tilde{\alpha})\tilde{\rho}) \\
&= \xi F \sigma \sum_t W(u_t)\rho - W(\tilde{u}_t)\tilde{\rho} \\
&= \xi F \sigma \sum_t \rho_t - \tilde{\rho}_t
\end{aligned} \tag{2.50}$$

Et c'est là que nous souhaitons apporter une précision par rapport à la démonstration initialement proposée dans la thèse de Freddy Odille [67]. On peut facilement montrer que :

$$W(u_t)\rho - W(\tilde{u}_t)\rho = -\nabla\rho \cdot \delta u_t \quad \text{avec} \quad \tilde{u}_t + \delta u_t = u_t \tag{2.51}$$

En effet, il s'agit très précisément du même problème que celui posé par un recalage (chapitre 2.2) : on cherche le déplacement δu_t entre les images $W(u_t)\rho$ et $W(\tilde{u}_t)\rho$. Il suffit donc de faire un développement limité et de faire l'hypothèse de conservation de l'intensité pour retrouver ce résultat, i.e. l'équation du flux optique (voir annexe B.3).

Puisqu'il s'agit d'un développement limité, on rappelle également qu'il est nécessaire de disposer d'une première estimation suffisamment proche de la solution pour que cette approximation ait un sens.

Mais attention, ici, ce que l'on cherche à développer, c'est l'erreur $W(u_t)\rho - W(\tilde{u}_t)\tilde{\rho}$ et non pas $W(u_t)\rho - W(\tilde{u}_t)\rho$. Or l'image estimée $\tilde{\rho}$ peut, entre autre, présenter des artéfacts de mouvement résiduels à cause de l'approximation faite sur le modèle de mouvement $\tilde{\alpha}$. Il n'est donc pas clair que l'actualisation du mouvement obtenu δu_t soit idéale. Ce que l'on peut en revanche affirmer, c'est que plus l'estimation de l'image est proche de la solution, plus cette approximation sera juste. Autrement dit, une erreur dans l'estimation de l'image se répercutera sur l'optimisation du modèle de mouvement.

En réalité, le fait de devoir se comparer aux données réellement acquises s nécessite de simuler les données qui auraient été acquises \tilde{s} . Et pour cela, on a à la fois besoin de l'estimation courante du modèle de mouvement $\tilde{\alpha}$ et de l'estimation courante de l'image $\tilde{\rho}$. Donc l'erreur exprimée dans l'espace-k est à la fois entachée par l'erreur commise sur le modèle de mouvement et sur l'image. Ici on fait donc l'approximation que seule l'erreur sur le modèle de mouvement est responsable de l'erreur visible dans l'espace-k.

En définitive, l'amélioration du modèle de mouvement est faite de la façon suivante :

$$\begin{aligned}
s - \tilde{s} &= \xi F \sigma \sum_t -\nabla \tilde{\rho}_t \cdot \delta u_t \\
s - \tilde{s} &= \xi F \sigma \sum_t -\nabla W(\tilde{\alpha}, \tilde{\rho}) \cdot \delta u_t \\
&= \xi F \sigma \sum_t -\nabla W(\tilde{\alpha}, \tilde{\rho}) \cdot \sum_i S_i(t) \delta \alpha_i \\
\Leftrightarrow b &= R(\tilde{\alpha}, \tilde{\rho}) \delta \alpha \\
\text{avec } R(\alpha, \rho) &= \xi F \sigma (-\nabla) W(\alpha, \rho) S, \quad b = s - E(\tilde{\alpha}), \quad \alpha = \tilde{\alpha} + \delta \alpha \\
\Rightarrow R^H R \delta \alpha &= R^H b
\end{aligned} \tag{2.52}$$

Nous proposons dans l'annexe B.4 une autre façon de présenter ce problème d'optimisation et d'interpréter l'approximation qui a été faite.

Découpage du système en deux systèmes couplés Pour résumer, le problème général a été décomposé en deux systèmes couplés. Le premier permet de trouver la meilleure image qui correspond aux données acquises avec un modèle de mouvement donné. La seconde équation permet de trouver l'erreur qui a été commise sur le modèle de mouvement en fonction de l'erreur qui persiste entre les données réellement acquises et les données que l'on aurait pu obtenir avec la solution courante.

$$\begin{cases} s = E(\alpha) \rho \\ \epsilon = s - E(\alpha) \rho = R(\rho, \alpha) \delta \alpha \end{cases} \tag{2.53}$$

$$\begin{cases} \text{Trouver } \rho \text{ tel que } \rho = \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \|s - E(\alpha) \rho\|^2 \\ \text{Trouver } \alpha \text{ tel que } \alpha = \underset{\alpha}{\operatorname{argmin}} \|\epsilon - R(\rho, \alpha) \delta \alpha\|^2 \end{cases} \tag{2.54}$$

$$\begin{cases} E^H E \rho = E^H s \\ R^H R \delta \alpha = R^H \epsilon \end{cases} \tag{2.55}$$

On peut montrer (annexe B.4) que cette formulation classique de GRICS à l'aide d'un système couplé constitue un cas particulier d'une formulation plus générale. Ce cas particulier correspond à l'optimisation du système complet à l'aide de la méthode de la descente de gradient alternée. On montre ainsi que dans un environnement proche de la solution, la fonction à minimiser est convexe. En théorie, la convergence est donc assurée pour les méthodes classique d'optimisation avec une bonne initialisation.

2.3.2.3 Stratégie d'optimisation

Le fait que les deux systèmes soient couplés signifie que l'optimisation de l'image dépend de l'estimation du modèle de mouvement et réciproquement. Par conséquent,

une amélioration dans le modèle de mouvement doit permettre de s'approcher encore un peu plus de l'image originale et réciproquement.

La stratégie d'optimisation consiste donc à résoudre alternativement l'image et le modèle de mouvement et ce, de manière itérative, afin de se rapprocher de la solution par pas successifs. On appelle cette méthode la méthode du point fixe. Le fait de faire une optimisation itérative du système couplé à l'aide de la méthode du point fixe peut être un cercle vertueux tout comme un cercle vicieux. Si l'optimisation converge correctement, les inconnues vont mutuellement tirer parti de l'amélioration de l'autre inconnues, mais inversement une erreur dans l'estimation d'une inconnue peut également aggraver l'optimisation de l'autre inconnue et ainsi de suite, pour aboutir à la divergence du problème.

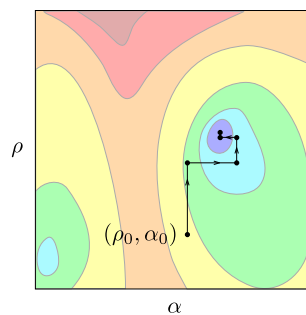


FIGURE 2.24: Convergence avec la méthode du point fixe avec optimisation alternée de l'image et du modèle de mouvement. Les couleurs indiquent la similarité des données acquises avec l'estimation courante de la solution à travers l'opérateur d'encodage.

On a vu que la validité du développement limité permettant de corriger le modèle de mouvement ainsi que la convergence de l'algorithme global ne sont assurées que lorsque l'on dispose d'une initialisation du modèle de mouvement suffisamment proche de la réalité. Donc tout comme pour le problème du recalage, il suffit d'utiliser une stratégie multi-résolution. De cette façon, à basse résolution, le déplacement est négligeable face à la taille des pixels et une initialisation avec un modèle de mouvement nul est acceptable. On peut donc monter progressivement la résolution en utilisant à chaque niveau de résolution la méthode d'optimisation du point fixe pour approcher la solution finale.

L'algorithme 2.4 présente une synthèse de l'algorithme itératif multi-résolution utilisé dans GRICS et la figure 2.25 détaille une boucle multi-résolution.

2.3.2.4 Adaptation à la 3D

Nous abordons à présent les adaptations qui ont été apportées dans l'algorithme de base de GRICS et qui constituent un apport majeur de cette thèse. On peut distinguer deux modifications principales : la première est simple et a consisté à décrire le mouvement dans les trois directions de l'espace. La seconde, plus importante a consisté à adopter une nouvelle méthode de régularisation. Il s'agit de la méthode de régularisation adaptative que nous avons déjà présenté pour les problèmes de recalage. Nous verrons que cette méthode de régularisation adaptative a en fait été initialement développée pour l'adaptation de GRICS en 3D. Ces travaux ont été pu-

bliés dans un article du journal MICCAI [MVFO12] et correspondent à la méthode décrite dans le brevet [MVFO11].

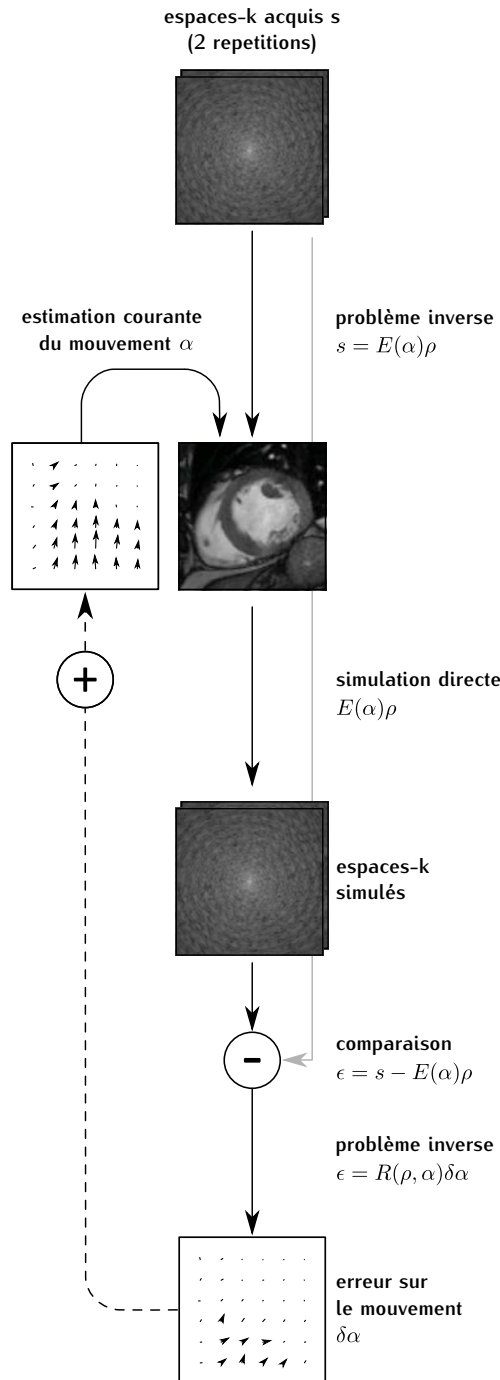


FIGURE 2.25: Détail d'une boucle multi-résolution dans GRICS

Mais revenons tout d'abord sur le passage de la 2D à la 3D. Les modifications apportées sont relativement simples puisqu'il s'agit d'une généralisation de la description en 2D. Concrètement, cela signifie qu'il faut rajouter une dimension à la plupart des matrices (ρ , σ , ξ , α , etc.), rajouter une composante α_z de plus à tous les champs de déplacement, ou encore qu'il faut gérer la transformée de Fourier en 3D.

Algorithme 2.4 GRICS : Optimisation itératif multi-résolution par optimisation alternée de l'image et du mouvement et méthode du point fixe

Require: Un espace-k acquis s , des signaux physiologiques synchronisés S , les éventuelles cartes de sensibilité pré-calibrées σ , la trajectoire d'acquisition dans l'espace-k ξ

Ensure: L'image ρ sans artéfact de mouvement et les paramètres du modèle de mouvement α

```

1:  $\alpha \leftarrow 0$ 
2:  $\rho \leftarrow$  reconstruction naïve ou SENSE
3: for niveau de résolution  $res := 1$  to  $n_{res}$  do
4:   résolution courante  $N_{res} = N/2^{n_{res}-res}$ 
5:   interpolation à la résolution courante :  $(\rho_0, \alpha_0)$  à partir de  $(\rho, \alpha)$ 
6:    $\epsilon \leftarrow s - E(\alpha_0) \rho_0$ 
7:   initialise résidu  $r \leftarrow \|\epsilon\|^2$ 
8:    $i \leftarrow 1$ 
9:   while  $i < i_{max}$  & résidu  $r$  diminue do
10:     $\rho \leftarrow \rho_{i-1}$  &  $\alpha \leftarrow \alpha_{i-1}$ 
11:    optimise  $\delta\alpha \leftarrow \underset{\delta\alpha}{\operatorname{argmin}} \|\epsilon - R(\rho, \alpha) \delta\alpha\|^2$ 
12:     $\alpha_i \leftarrow \alpha_{i-1} + \delta\alpha$ 
13:    optimise  $\rho_i \leftarrow \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \|s - E(\alpha_i) \rho\|^2$ 
14:     $\epsilon \leftarrow s - E(\alpha_i) \rho_i$ 
15:     $i \leftarrow i + 1$ 
16:   end while
17: end for

```

La quantité de données à gérer est donc beaucoup plus importante. Il a donc fallu optimiser l'implémentation. Parmi ces optimisations on pourra citer :

- pré-calcul des opérateurs de déformation pour chaque temps virtuel
- implémentation en C++
- parallélisation du code sur les temps virtuels pour l'évaluation des opérateurs E, E^H, R, R^H
- utilisation de machines adaptées (mémoire vive 64 Go, 8 processeurs)

2.3.2.5 Régularisation adaptative

Conditionnement de GRICS Le problème de reconstruction jointe de l'image et du mouvement posé dans GRICS est un problème mal conditionné. Il l'est pour plusieurs raisons :

- Les données acquises sont impactées par un bruit inhérent à l'acquisition en IRM
- Le problème de la reconstruction du mouvement est à lui seul mal posé pour les mêmes raisons que les problèmes de recalage le sont aussi. En effet, on a vu qu'il existe une infinité de champs de déplacements possibles là où il n'y a pas de gradients dans l'image, etc.
- La reconstruction se base sur une hypothèse de linéarité entre l'amplitude des signaux physiologiques et l'amplitude des déplacements. Si cette hypothèse est invalidée à cause d'un mouvement non visible par les capteurs ou à cause d'un signal de mauvaise qualité, il n'existera pas de solution au problème.
- Il est nécessaire de disposer d'une bonne calibration des cartes de sensibilité sinon on induit une erreur dans la simulation de l'acquisition des données, erreur qui aggrave donc le conditionnement.
- Enfin le nombre d'inconnues est relativement important par rapport à la quantité de données acquises

Le passage de la 2D à la 3D dégrade encore plus ce conditionnement puisque le nombre d'inconnues augmente 2/3 fois plus le nombre de données acquises (comme pour le problème de recalage).

Méthodes de régularisation courantes C'est pourquoi on peut utiliser des méthodes de régularisation afin de garantir la convergence de l'optimisation vers une solution réaliste. Par exemple, on peut ajouter une régularisation de Tikhonov sur l'énergie de l'image ou sur sa variation totale :

$$\begin{aligned} \text{Trouver } \rho \text{ tel que } \rho &= \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \left\{ \|s - E(\alpha)\rho\|^2 + \lambda \|\rho\|^2 \right\} \\ \Rightarrow (E^H E + \lambda Id) \rho &= E^H s \end{aligned} \quad (2.56)$$

Concernant le modèle de mouvement, on peut appliquer une contrainte du type Tikhonov sur les gradients des champs de déplacements. Comme le terme de gauche dans l'équation précédente n'impose aucune contrainte sur la forme du modèle de mouvement là où il n'y a pas de gradient dans l'image (équation du flux optique), c'est le terme de régularisation qui déterminera la forme de la solution. Ainsi, en théorie, dans les zones sans gradient dans l'image, on obtiendra un champs de déplacements localement lisse :

$$\begin{aligned} \text{Trouver } \delta\alpha \text{ tel que } \delta\alpha &= \underset{\delta\alpha}{\operatorname{argmin}} \left\{ \|\epsilon - R(\rho, \alpha) \delta\alpha\|^2 + \mu \|\nabla(\alpha + \delta\alpha)\|^2 \right\} \\ \Rightarrow (R^H R + \mu \nabla^H \nabla) \delta\alpha &= R^H \epsilon - \mu \nabla^H \nabla \alpha \end{aligned} \quad (2.57)$$

Attention, la formulation précédente n'est valable que si la description des champs de déplacements utilise la formulation *forward*. Avec une formulation *backward*, on pourra écrire :

$$\begin{aligned} (R^H R + \mu \nabla^H \nabla) \delta\alpha^f &= R^H \epsilon - \mu \nabla^H \nabla \alpha^f \quad \text{et} \quad \alpha^f \leftarrow \alpha^f + \delta\alpha^f \\ \text{ou } (R^H R + \mu \nabla^H \nabla) \delta\alpha^f &= R^H \epsilon + \mu \nabla^H \nabla \alpha^b \quad \text{et} \quad \alpha^b \leftarrow \alpha^b - \delta\alpha^f \\ \text{ou } (R^H R + \mu \nabla^H \nabla) \delta\alpha^b &= -R^H \epsilon - \mu \nabla^H \nabla \alpha^b \quad \text{et} \quad \alpha^b \leftarrow \alpha^b + \delta\alpha^b \end{aligned} \quad (2.58)$$

Dans les deux cas (régularisation de l'image ou du mouvement), le choix du paramètre de pondération de la régularisation est décisif. Il détermine en effet l'importance relative de la correspondance de la solution aux données du problème, par rapport à la correspondance de la solution avec la contrainte de régularisation. Or lorsque le conditionnement du problème se dégrade, il faut augmenter le poids du paramètre de régularisation pour assurer la convergence de la solution. Ainsi en 3D, on risque d'aboutir à un modèle de mouvement trop lisse et donc non réaliste. Nous rappelons que le mouvement respiratoire ne peut pas être correctement représenté avec un modèle de mouvement trop lisse.

Nouvelle régularisation adaptative Nous proposons donc d'utiliser la régularisation adaptative qui a précédemment été introduite dans ce manuscrit pour régulariser les problèmes de recalage (chapitre 2.2.3). Cette méthode a d'ailleurs été initialement développée pour la régularisation de GRICS car le choix d'une bonne régularisation est très critique dans cet algorithme.

Nous invitons donc le lecteur à se reporter au chapitre 2.2.3 pour plus de détails concernant cette régularisation adaptative. Nous rappelons simplement ici l'idée générale : il s'agit de construire un maillage adapté à l'anatomie et au mouvement du patient de manière à ne résoudre le mouvement qu'au niveau des nœuds de ce maillage. Le mouvement est interpolé partout ailleurs. De cette façon on décrit tout le détail du mouvement avec un nombre minimum d'inconnues. Il s'agit donc d'une régularisation implicite, automatique, adaptative, et qui ne nécessite pas le réglage d'un paramètre de régularisation.

Intégration de la nouvelle régularisation dans GRICS L'intégration de cette régularisation implicite dans GRICS est relativement simple. En effet, on peut construire

une matrice d'interpolation I qui permet de passer de n'importe quel champ de déplacements décrit au niveau des nœuds du maillage à un champ de déplacements décrit en tout point comme dans la formulation classique de GRICS. Les coefficients de cette matrice d'interpolation sont simplement les coefficients barycentriques qui donnent la position de n'importe quel point dans le tétraèdre du maillage auquel il appartient (équation 2.40). On notera que cette matrice d'interpolation ne dépend pas de la valeur du déplacement aux nœuds mais uniquement de la position des nœuds.

On peut ainsi décrire le champ de déplacements qui survient à l'instant t :

$$\vec{u}_t = I \cdot \sum_i \alpha_i \cdot S_i(t) \quad (2.59)$$

A présent, les paramètres α qui permettent de décrire le mouvement complet ne sont plus des champs de déplacements modèles, mais uniquement la valeur de ces champs de déplacements modèles au niveau des points clés du maillage. L'opérateur E conserve donc exactement la même écriture, et l'opérateur R s'écrit maintenant :

$$R(\rho, \alpha) = \xi F \sigma(-\nabla) W(\alpha) \rho S I \quad (2.60)$$

On notera que l'on pourrait construire un maillage adaptatif par modèle de mouvement. En effet, on a vu que la construction du maillage s'appuie à la fois sur les gradients de l'image et sur la complexité du mouvement pour pouvoir décrire avec une plus grande densité de points les zones présentant des mouvements complexes. Or le battement cardiaque et la respiration (par exemple) présentent des complexités importantes dans des zones différentes. Cependant, il semble que l'utilisation d'un seul maillage soit un bon compromis (on utilise alors le mouvement global correspondant aux signaux physiologiques $\forall i, S_i = 1$). Comme pour le recalage, on pourrait actualiser le maillage à chaque fois que le modèle de mouvement ou l'image sont actualisés. Mais il semble être un bon compromis de n'actualiser le modèle de mouvement qu'à chaque changement de niveau de résolution.

On appelle GRICS 3D l'algorithme final qui comporte ces adaptations.

2.3.2.6 Validation

Nous avons validé l'algorithme GRICS 3D sur un jeu de données de synthèse et sur des volontaires sains.

In silico Nous avons simulé l'acquisition d'un volume thoracique en respiration libre. Pour cela, nous avons construit différents volumes correspondant à différentes positions respectant une relation de linéarité avec trois champs de déplacements (figure 2.26). Le premier représente le mouvement d'une respiration thoracique, le second une respiration abdominale et le dernier un battement cardiaque. L'amplitude des déplacements était donnée par des signaux physiologiques réels normalisés obtenus sur volontaire sain. Ensuite nous avons simulé l'acquisition de ces volumes avec la même trajectoire dans l'espace-k que celle d'une acquisition FGRE 3D. Huit cartes de sensibilité ont également été simulées pour cela.

Nous avons ensuite comparé le volume théorique (qui correspond aux signaux nuls) avec les volumes obtenus avec l'algorithme GRICS 3D, soit avec la régularisation de

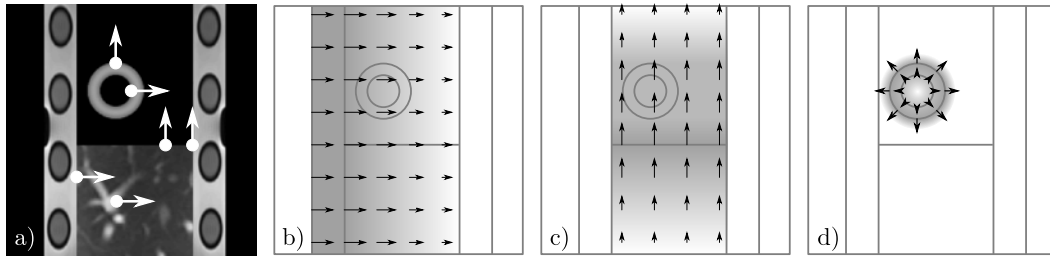


FIGURE 2.26: De gauche à droite : une coupe du volume synthétique et points en lesquels le mouvement a été évalué (a), modèles de mouvement utilisés pour simuler les données : respiration thoracique (b), respiration abdominale (c) et battement cardiaque (d)

Tikhonov, soit avec la régularisation adaptative (figure 2.27). Pour la régularisation de Tikhonov, plusieurs reconstructions ont été effectuées avec différents paramètres de régularisation μ . La meilleure reconstruction correspondant au paramètre $\mu = 0,01$ a été utilisée pour l'analyse des résultats.

L'image obtenue avec la reconstruction naïve, *i.e.* sans correction de mouvement, présente comme prévu des artéfacts de mouvement (figure 2.27 (a)). Les deux méthodes de régularisation ont correctement corrigé le mouvement de respiration thoracique ainsi que le battement cardiaque (figure 2.27 (b, c)). En revanche, avec la régularisation classique, on observe des artéfacts de mouvement résiduels au niveau du « foie », correspondant au mouvement de la respiration abdominale. Comme ce mouvement présente des discontinuités contrairement aux autres modèles de mouvement utilisés, cela montre bien la limite de la contrainte de lissage homogène. L'erreur quadratique moyenne normalisée (NRMSE) calculée sur les volumes atteint 5,3 % avec la méthode de régularisation classique contre 4,7 % avec la méthode adaptative (figure 2.27 (e, f)). De plus, la NRMSE calculée sur le mouvement obtenu au niveau de 6 emplacements clés (figure 2.27 (a)) est passée de 69,5 % à 22,3 %. Le nombre d'inconnues a été divisé par 100 avec la méthode adaptative. Enfin, pour chaque niveau de résolution, le nombre d'itérations n nécessaire à l'optimisation pour converger vers une même tolérance atteignait systématiquement le nombre maximal ($n_{max}=8$) avec la régularisation de Tikhonov contre $n=3,3$ en moyenne avec notre méthode. La convergence était donc plus rapide.

On peut légitimement critiquer la méthode de validation à l'aide de simulations car elle présente de nombreux biais. Par exemple, les cartes de sensibilité sont parfaites, on maîtrise le niveau de bruit et on est sûr que l'hypothèse de linéarité sur le mouvement était respectée. Si cette méthode ne permet donc pas de valider la méthode GRICS 3D complète, elle permet en revanche de comparer facilement plusieurs méthodes de régularisation et d'être sûr que les résultats reflètent le paramètre qui a été modifié (ici la régularisation) et non pas une autre source d'erreur qui rendrait la comparaison impossible.

Mais surtout, la simulation est le seul moyen d'avoir une image de référence. En effet, sur des données *in vivo*, les apnées doivent être accélérées et n'ont pas le même SNR, elles ne correspondent pas à la même position physiologique et les données synchronisées sont extrêmement longues à acquérir voire impossibles lorsque la séquence nécessite de longs temps de préparation de l'aimantation.

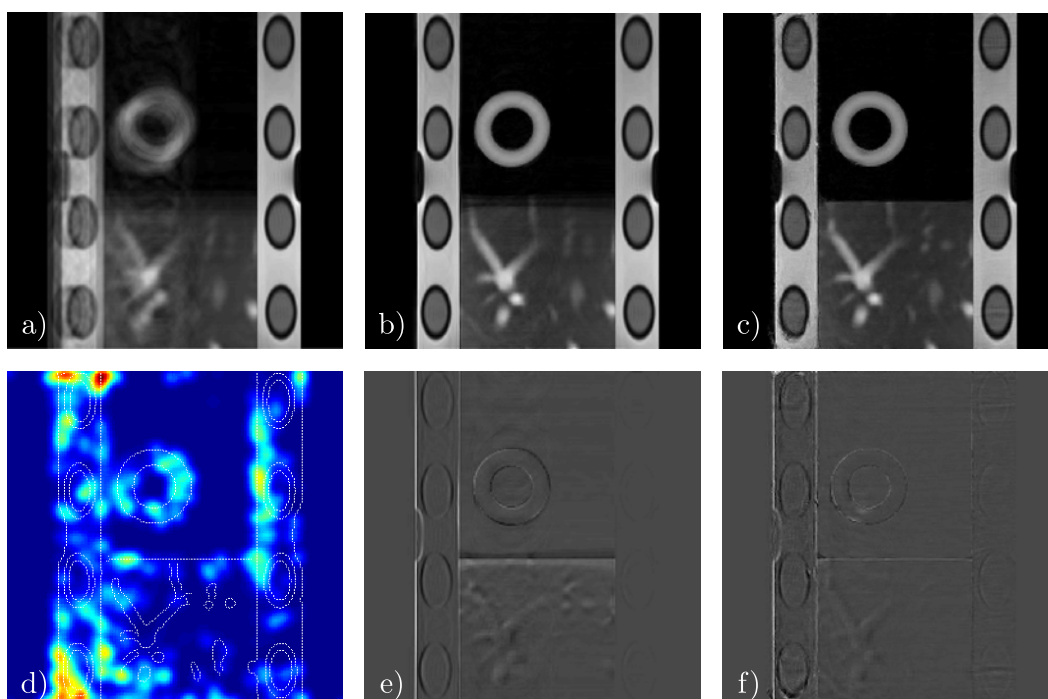


FIGURE 2.27: Validation *in silico* de la régularisation adaptative dans GRICS. En haut de gauche à droite : reconstruction du jeu de données synthétiques sans correction de mouvement (a), avec la correction de mouvement utilisant la régularisation de Tikhonov (b), utilisant la régularisation adaptative (c). La visualisation du maillage adaptatif obtenu étant difficile, nous avons représenté sa densité de point (d). L'erreur résiduelle entre l'image théorique et la reconstruction obtenue est donnée pour la régularisation de Tikhonov (e) et pour la régularisation adaptative (f).

In vivo La méthode GRICS 3D a été utilisée pour reconstruire une acquisition volumique effectuée en respiration libre (figure 2.28). Il s'agissait d'une séquence FGRE 3D avec une orientation sagittale du volume (dimensions matricielles : $224 \times 224 \times 90$).

On peut observer sur la reconstruction naïve du flou au niveau des structures mobiles (foie principalement), ainsi que des artefacts de mouvement sur toute l'image. Ces artefacts sont très gênants pour l'imagerie du sein car cet organe présente de nombreuses structures fibreuses qui peuvent être confondues avec ces artefacts. Après reconstruction, les artefacts ont disparu et toutes les structures sont nettes. Ces résultats montrent donc la faisabilité de l'acquisition et de la reconstruction d'acquisition 3D en respiration libre.

La régularisation adaptative a également été comparée à la méthode de régularisation classique de Tikhonov. Des acquisitions 3D du foie ont été obtenues sur un volontaire sain en respiration libre et en apnée ($TE/TR = 1,82/3,92$ ms, dimensions matricielles : $320 \times 288 \times 16$, facteur d'accélération (SENSE) : 2, 3T SIGNA HDxt, GE Healthcare, Milwaukee, WI). Deux reconstructions GRICS 3D ont été effectuées sur le jeu de données en respiration libre avec les deux méthodes de régularisation (figure 2.29). Qualitativement, les deux méthodes améliorent significativement la qualité des images par rapport à l'image reconstruite sans correction de mouvement.

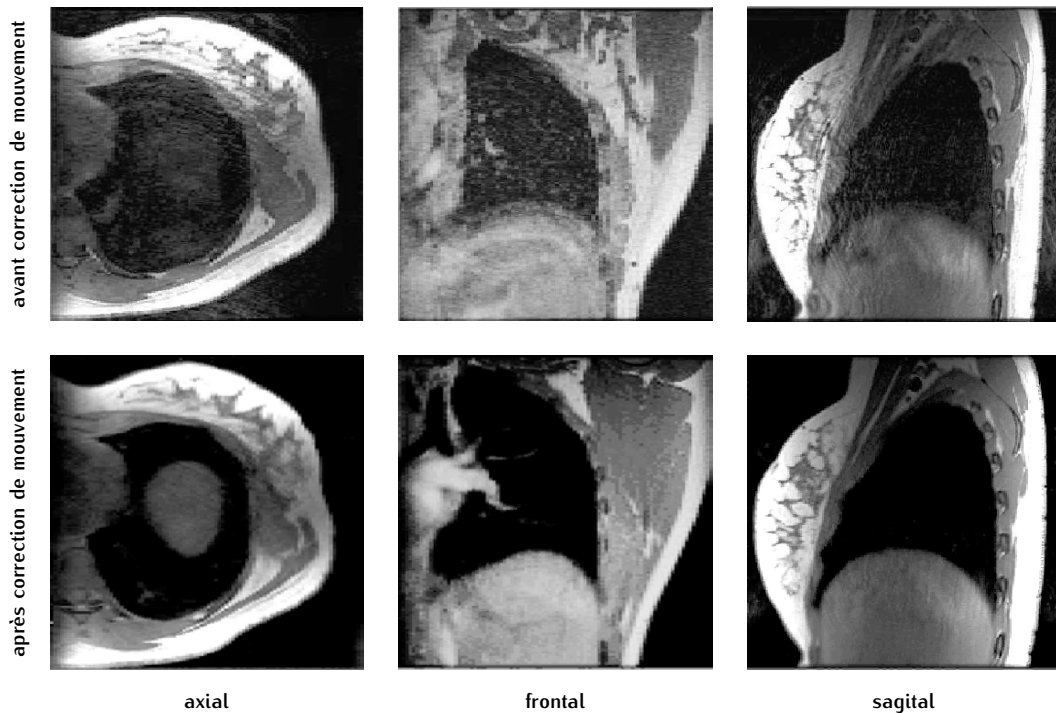


FIGURE 2.28: Volume thoracique reconstruit avec et sans la méthode de correction de mouvement GRICS 3D

Les images obtenues sont comparables à l'apnée. On notera cependant la présence d'artéfacts résiduels et une baisse du SNR dans les deux cas. La vitesse de convergence était meilleure avec la régularisation adaptative tout comme avec les données simulées ($n = 3$ contre $n = 8$).

L'annexe B.5 présente les résultats de GRICS sur l'imagerie 3D du sein.

2.3.2.7 Discussion concernant les méthodes de correction de mouvement rétrospective

Concernant la méthode de régularisation adaptative La méthode de régularisation adaptative proposée permet de mieux maîtriser la convergence de l'optimisation de problèmes mal conditionnés. Ainsi, comparée à la régularisation de Tikhonov, la justesse de la solution de l'optimisation conjointe a été améliorée. De plus, la vitesse de convergence a été accélérée et le nombre d'inconnues a été divisés par un facteur 100.

Ici nous avons uniquement relevé la vitesse de convergence (nombre d'itérations) et non la durée de calcul effective. En effet, notre méthode nécessite l'utilisation de plusieurs algorithmes avec une complexité calculatoire assez importante (pavage de Delaunay, recherche du tétraèdre contenant tel point, interpolation, *etc.*). Or ces étapes n'ont pas encore été optimisées dans notre implémentation. En attendant, ces pertes d'efficacité au niveau du temps de calcul sont compensées par une diminution du nombre d'itérations nécessaires. L'algorithme devrait donc beaucoup bénéficier d'une implémentation GPU.

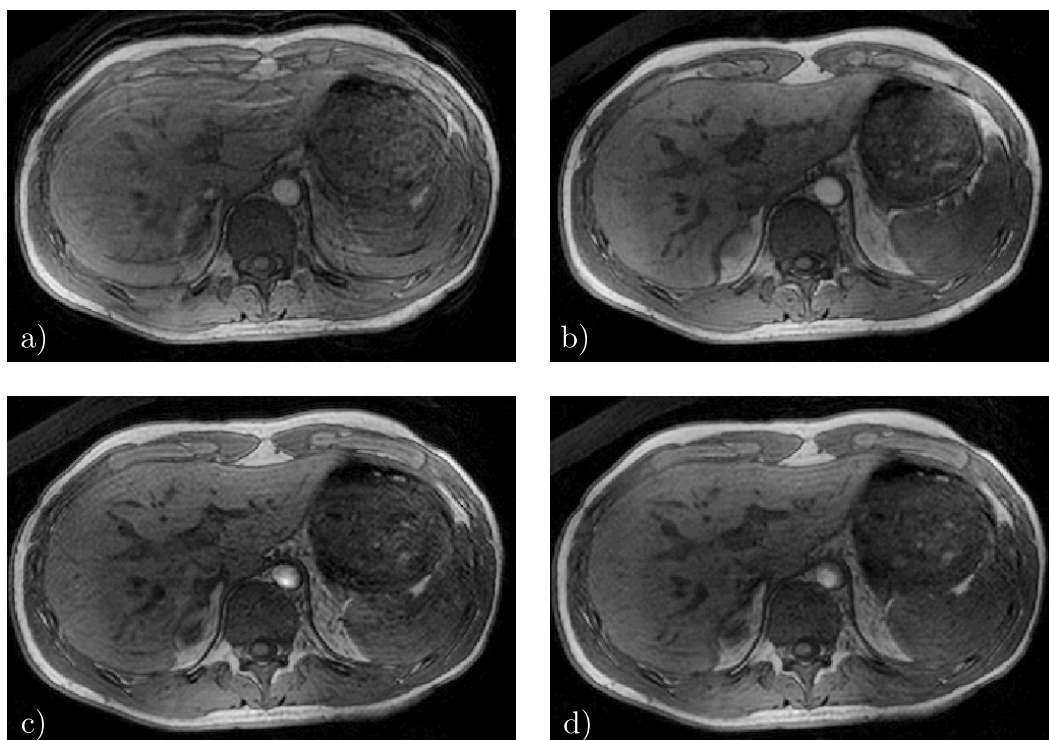


FIGURE 2.29: Validation *in vivo* de la régularisation adaptative dans GRICS. Reconstruction d'une acquisition au niveau du foie chez un volontaire sain : acquisition en respiration libre sans correction de mouvement (a), acquisition en apnée (b), reconstruction de l'acquisition en respiration libre avec correction de mouvement utilisant la régularisation de Tikhonov (c) et utilisant la régularisation adaptative (d).

Théoriquement, le gain devrait être plus significatif si l'on augmente le nombre de temps virtuels. En effet, habituellement, on doit faire un compromis entre le temps de reconstruction et la qualité des résultats obtenus. Mais avec cette méthode, comme le nombre d'inconnues est significativement diminué, on pourrait se permettre d'augmenter le nombre de temps virtuels. De la même manière, le gain de cette méthode devrait être plus important si l'on travaille sur des plus gros problèmes comme la super-résolution par exemple. En effet, passé une certaine résolution, le nombre de points clés nécessaire stagne alors qu'avec une formulation classique le nombre d'inconnues continue à augmenter proportionnellement au cube de la résolution en 3D.

Des méthodes alternatives de régularisation ont été proposées dans la littérature afin de pallier aux limitations de la régularisation de Tikhonov. En particulier, la régularisation par contrainte sur la variation totale permet de préserver les discontinuités [69]. Cependant, cette régularisation se fait au prix d'une optimisation plus complexe qui mène à des temps de calcul plus longs. Des méthodes utilisant une approche par éléments finis ont également été proposées [70], mais ces méthodes ne sont pas toujours adaptatives. D'autres méthodes utilisent des maillages adaptatifs [71]. Mais ces adaptations consistent à raffiner itérativement le maillage en se basant sur l'erreur résiduelle obtenue à l'itération précédente. Dans notre cas, la construction du maillage est directe.

Finalement, on notera que en théorie, cette régularisation adaptative réduit le conditionnement du problème. On se rapproche d'un problème avec une solution unique minimisant l'erreur avec les données acquises puisque l'on a supprimé la majeure partie des sources de mauvais conditionnement du problème (on ne cherche à décrire le mouvement que là où il est nécessaire de le décrire).

Exploitation des résultats La fonction première des méthodes de correction de mouvement rétrospective est d'obtenir des images sans artéfact à partir d'acquisitions en respiration libre. Cette utilisation de l'algorithme GRICS a déjà été validée par de nombreuses publications [7, 49, 68, 72, LME⁺11, 64, 73] sur volontaires sains ou sur patients.

En revanche, la question de l'exploitation directe des modèles de mouvement extraits de la reconstruction GRICS n'a pas beaucoup été étudiée. On notera que les remarques faites à propos de l'exploitation des champs de déplacements obtenus par recalage sont également applicables ici : il faut être très prudent avec l'interprétation des mouvements en l'absence de gradients orthogonaux dans l'image. Mais dans le cas du recalage, les images sont parfaitement connues et l'évaluation d'une erreur de recalage est très précise. Dans le cas de la reconstruction GRICS, les images sont elles aussi inconnues, et l'évaluation de l'erreur sur les champs de déplacements est indissociable (ou difficilement dissociable) de l'erreur commise sur l'image. De ce fait, la précision finale obtenue sur les modèles de mouvement est nécessairement moins importante que celle que l'on peut obtenir avec un recalage.

Validité des cartes de sensibilité La modélisation de toute la chaîne d'acquisition comporte un certain nombre d'étapes qui ont été jusque là supposées parfaitement connues : le passage du champ de vue complet aux images vues par chaque antenne, ou encore la trajectoire dans l'espace-k.

On a en effet utilisé des cartes de sensibilité auto-calibrées ou bien pré-calibrées sur une acquisition précédente. Mais dans tous les cas ces cartes ont été considérées fixes. Or si l'on rentre plus en détail dans le processus d'acquisition, on réalise rapidement qu'il s'agit d'une approximation. En effet, lorsque les organes se déplacent dans l'antenne, la charge de l'antenne est modifiée (par exemple le ratio air/matière est modifiée pour une antenne proche du diaphragme). De ce fait, les permittivités et conductivités du milieu sont modifiées induisant nécessairement une modification de la sensibilité des antennes. On pourrait alors se demander si le processus d'acquisition ne serait pas mieux modélisé en appliquant les cartes de sensibilité avant les modèles de mouvement dans la chaîne d'acquisition. Mais les éléments d'antenne positionnés dans le dos (contre la table) sont fixes par rapport à l'imageur et mobiles par rapport à l'abdomen et inversement les éléments d'antenne positionnés sur le thorax sont mobiles par rapport à l'imageur lors de la respiration et fixes par rapport à l'abdomen. La modélisation de cette variation de sensibilité est donc plus complexe. Il faudrait donc en théorie calibrer les cartes de sensibilité pour toutes les positions virtuelles.

Cette question n'a pas été étudiée en détail pendant cette thèse et l'apport d'une telle modélisation est peut être négligeable par rapport à la complexification calculatoire induite. On a pu en revanche constater que la qualité des reconstructions

obtenues avec GRICS est nettement dégradée lorsque les acquisitions sont accélérées (accélération de type SENSE), *i.e.* lorsque la justesse des cartes de sensibilité joue un rôle majeure dans la reconstruction.

Similitudes et différences avec le problème de recalage On a vu que la méthode GRICS présente de nombreuses similitudes avec celle utilisée pour résoudre un recalage : le formalisme est le même, la même idée est employée pour actualiser les champs de déplacements, les mêmes régularisations peuvent être utilisées, *etc.* De façon générale, tout ce qui est valable pour le recalage l'est aussi pour GRICS. En réalité, un recalage est un cas particulier du problème plus général posé par GRICS : un recalage est une reconstruction GRICS où l'opérateur d'encodage est simplement l'opérateur de déformation $E(\alpha) = W(\alpha)$ et où les données acquises sont directement les images elles-mêmes.

L'algorithme GRICS est donc un algorithme plus général. De ce fait il permet de gérer plus de cas et notamment la survenue d'un mouvement au cours de l'acquisition. Pour pouvoir être plus générale, la modélisation de l'acquisition doit aller plus en détail pour prendre en compte plus de phénomènes. Dans le cas de GRICS on va donc jusqu'à l'acquisition dans le domaine de Fourier. Mais cette généralisation se fait au prix d'une plus grande complexité (deux inconnues couplées au lieu d'une seule), une plus grande instabilité. Cette complexité est à la fois algorithmique et calculatoire.

Comparaison des méthodes de correction de mouvement intra-acquisition ? Comme ces méthodes agissent à des niveaux différents (à l'acquisition, à la reconstruction, dans la régularisation, *etc.*), elles sont compatibles entre elles. On notera donc que les solutions courantes consistent souvent à faire une combinaison de toutes ces stratégies. Par exemple les acquisitions cardiaques sont souvent des acquisitions accélérées, en apnée, et synchronisées sur le battement cardiaque. On a également pu, au cours de cette thèse, combiner la méthodes GRICS avec la plupart des méthodes d'accélération (SENSE, Fourier partiel [OMV⁺12], compressed sensing (voir la partie II)). En combinant des méthodes agissant à différents niveaux, on combine leurs forces et on compense leurs faiblesses.

Finalement, cela n'a pas vraiment de sens de désigner une méthode de référence ou de comparer les méthodes entre elles. Elles ont simplement chacune des domaines d'application privilégiés et bénéficient dans tous les cas à être combinées.

Intérêt de la méthode GRICS Par rapport à la plupart des autres méthodes de correction de mouvement intra-acquisition, la méthode GRICS présente deux intérêts majeurs.

Tout d'abord, elle permet d'obtenir des acquisitions autrement impossibles sur certains patients. Par exemple, les jeunes enfants peuvent difficilement tenir une apnée. D'autre part, certaines pathologies rendent les apnées difficilement supportables (tétralogies de Fallot, insuffisances respiratoires, *etc.*). Les acquisitions doivent donc être réalisées en respiration libre et corrigées.

De plus, cette méthode présente également un intérêt majeur pour atteindre des caractéristiques d'imagerie inatteignables avec les méthodes classiques car l'apnée

limite trop le temps d'acquisition et les accélérations limitent trop le SNR. Par exemple, on voit dans la littérature un intérêt grandissant pour l'étude de la tractographie du myocarde afin de mieux traiter des zones fibrosées à l'origine de dysfonctions du rythme cardiaque [74]. Or ce type de caractérisation nécessite un très bon SNR, la variation des paramètres d'acquisition (par exemple ici la *b-value* et les directions de diffusion) et une parfaite maîtrise de la correction de mouvements sur ces longs temps d'acquisition. Pour le moment, la méthode GRICS n'a pas encore été employée pour cette application précise, mais elle fait l'objet d'un vif intérêt pour la quantification des caractéristiques des tissus de façon générale (caractéristiques de diffusion, de perfusion, T_1 , T_2 , etc.). En effet ces acquisitions demandent toutes de longs temps d'acquisition et un bon SNR pour permettre une quantification fiable.

Mais lorsque l'on vise ce type d'application, on se confronte à une nouvelle difficulté : on ne dispose pas de mesures de référence permettant de valider ces reconstructions. En effet, l'objectif est justement de repousser les limites des caractéristiques d'acquisition actuelles que l'on est capable d'atteindre.

En revanche, l'intérêt paraît beaucoup plus discutable si l'on cherche à atteindre des caractéristiques d'acquisition standard et si le patient peut tenir des apnées correctes. En effet, comparée à une acquisition avec des paramètres standard atteignables en apnée et sans accélération, la qualité d'image sera équivalente voire inférieure avec une acquisition réalisée en respiration libre et accompagnée d'une reconstruction GRICS comparée à une apnée. De plus, on pourrait mettre en balance la complexité calculatoire nécessaire pour GRICS. Mais on notera que cet argument ne devrait que très peu rentrer en compte lorsque l'on voit avec quelle vitesse les puissances de calcul évoluent rapidement ainsi que les optimisations d'implémentation que l'on obtient avec les nouvelles implémentations GPU.

Finalement, il est indéniable que l'avenir de la méthode consiste à la combiner avec d'autres méthodes pour atteindre des images inatteignables autrement, notamment pour la caractérisation quantifiée des tissus. C'est ce que nous allons voir dans la seconde partie de cette thèse

Deuxième partie

Amélioration du processus acquisition/reconstruction en IRM

Le contraste en IRM

Le contraste Le contraste d'une image IRM est la différence relative de magnitude ou de phase que l'on peut observer d'une structure à l'autre. C'est ce qui rend ces structures distinguables, c'est donc l'information même que contient l'image. On devrait d'ailleurs plutôt s'intéresser au rapport contraste sur bruit plutôt qu'au rapport signal sur bruit pour évaluer l'importance relative du bruit dans une image.

Le contraste est la traduction en image de la variation d'une ou de plusieurs propriétés physiques, chimiques, structurales, *etc.* Par exemple, avec les modalités d'imagerie basées sur le rayonnement X, le contraste indique la variation d'absorption de l'onde par le nuage électronique des atomes constitutifs des différents tissus ; avec l'ultra-son, c'est la variation de réflectivité de l'on observe au niveau des interfaces, *etc.* Ainsi, la plupart des modalités d'imagerie ne permettent généralement d'accéder qu'à un ou deux types de contraste, *i.e.* un nombre limité de propriétés des tissus.

L'examen IRM construit autour du contraste La capacité à manipuler le contraste est l'une des caractéristiques principales de l'IRM mais surtout l'un de ses principaux avantages. On peut ainsi obtenir un grand nombre de contrastes (figure 3.1), qui permettent de visualiser des propriétés aussi variées que les propriétés de relaxométrie, la densité de proton, la vitesse de flux, la composition chimique, *etc.*

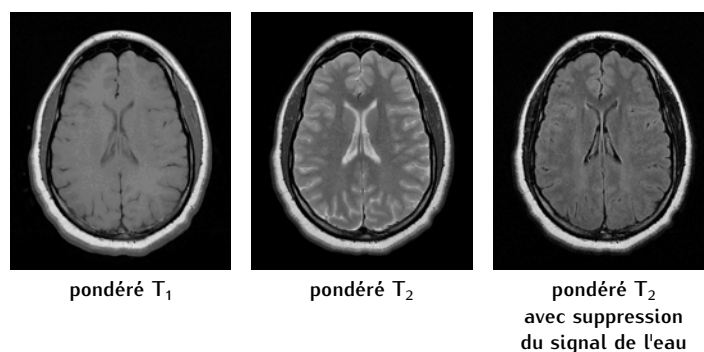


FIGURE 3.1: Trois exemples de contrastes que l'on peut obtenir en IRM sur un coupe axiale du cerveau

Chacun de ces contrastes apporte donc des informations diagnostiques complémentaires. Le processus d'analyse est donc construit autour de l'analyse transversale des différents contrastes afin de mettre en regard toutes les informations fournies. Mais avant tout, le processus d'acquisition doit être construit autour de l'obtention des différents contrastes nécessaires pour le diagnostic de la pathologie recherchée.

Impact du mouvement à l'échelle de l'examen Or on a vu que l'acquisition en IRM est un processus relativement lent du fait de son caractère séquentiel. L'acquisition

de plusieurs contrastes ne peut donc qu'aggraver la durée d'acquisition de l'examen complet. Il semble donc naturel de se pencher sur la question de l'impact du mouvement à l'échelle de l'examen entier.

Dans la partie I, nous avons vu que le mouvement peut souvent être négligé à l'échelle du TR, mais qu'il doit être géré à l'échelle inter-TR et inter-acquisition. La gestion du mouvement à l'échelle de l'examen, *i.e.* intra-examen, devra donc nécessairement combiner ces deux aspects au minimum. Nous avons également vu dans la partie I que pour reconstruire des images à partir de données perturbées par le mouvement, il est préférable de traiter toutes les données de manière simultanée plutôt que de reconstruire indépendamment des sous-groupes de données qui correspondraient à des positions distinctes.

Ici il s'agit de généraliser cette idée à l'échelle de l'examen. Dans cette partie, nous allons traiter la question du mouvement au sein de l'examen entier en utilisant toutes les données que nous avons à disposition. La principale différence par rapport à ce qui a pu être présenté dans la partie précédente, c'est que le contraste évolue au sein du jeu de données.

Pour la correction de mouvement intra-acquisition, les méthodes existantes présentent différents niveaux stratégiques (apnée, synchronisation, accélération, méthodes rétrospectives, *etc.*). Ces mêmes stratégies peuvent être généralisées à l'échelle de l'examen. Nous allons notamment nous intéresser aux deux derniers niveaux : l'accélération de l'acquisition à l'échelle de l'examen sera étudiée dans ce chapitre et la correction de mouvement rétrospective à l'échelle de l'examen sera étudiée dans le chapitre suivant. Nous verrons que pour ces deux méthodes, il nous faut repenser le processus d'acquisition et de reconstruction complet.

Mais avant cela, nous allons présenter les principaux types de contrastes utilisés en IRM cardiaque ainsi que le processus d'acquisition et de reconstruction employé actuellement.

3.1 Le processus acquisition/reconstruction actuel

3.1.1 Le contraste en IRM

Nous ne prétendons pas exposer ici une liste exhaustive de tous les contrastes existant en IRM. Nous souhaitons simplement rappeler les principales familles de contrastes que l'on rencontre couramment et présenter plus en détail les contrastes qui ont été majoritairement utilisés dans cette thèse. Nous présenterons alors la propriété physique représentée par le contraste, la manière de l'obtenir ainsi que l'interprétation clinique qui en est faite.

3.1.1.1 Propriétés RMN : T_1 , T_2 , T_2^* , densité de proton

Interprétation physique Nous avons brièvement abordé dans le chapitre 1.2.1 les propriétés de relaxométrie du système résonnant en IRM qu'est le proton. Lorsqu'un spin entre en résonance, il présente un mouvement de précession (figure 3.2). Lors de son retour à l'équilibre, la relaxation de ce mouvement peut être entièrement

caractérisée par deux temps caractéristiques : T_1 pour la relaxation de la composante M_z de l'aimantation dans la direction du champ magnétique principal B_0 et T_2 pour la composante M_{xy} de l'aimantation dans la direction transversale.

$$\begin{aligned} M_z &= 1 - e^{-\frac{t}{T_1}} \\ M_{xy} &= e^{-\frac{t}{T_2}} \end{aligned} \tag{3.1}$$

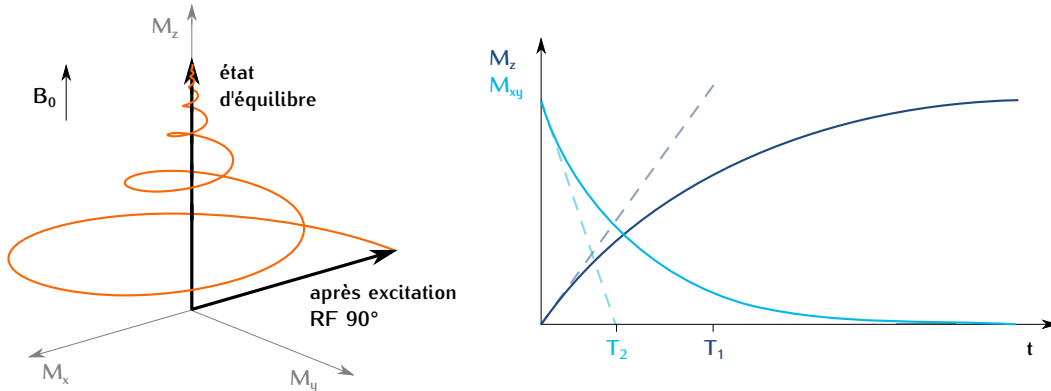


FIGURE 3.2: Après l'excitation d'un spin à l'aide une onde RF (jusqu'à une bascule de 90° ici), l'aimantation va progressivement retrouver son état d'équilibre en passant par une phase de relaxation pendant laquelle le spin présente un mouvement de précession. Cette relaxation se caractérise par un temps de relaxation T_1 dans la direction longitudinale et T_2 dans la direction transversale.

Ces deux temps de relaxation sont des caractéristiques indépendantes et propres aux tissus. Le temps de relaxation longitudinal T_1 traduit la relaxation induite par les échanges d'énergie du spin avec son environnement. On parle d'interaction spin-réseau. On notera qu'il est donc dépendant du champ principal B_0 ainsi que de la température. Le temps de relaxation transversal T_2 traduit les échanges d'énergie entre spins voisins. Ces interactions ne changent pas l'énergie totale du système, mais dispersent l'aimantation dans le milieu. Il sera donc par exemple beaucoup plus long dans les liquides que dans la graisse composée de longues chaînes carbonées où les interactions des spins se font de manière contrainte, la diffusion de l'énergie se faisant donc beaucoup plus rapidement.

Obtention du contraste On rappelle que l'on peut mesurer une variation de l'aimantation, *i.e.* observer le phénomène de résonance des spins, uniquement dans la direction transversale au champ principale. En effet, dans la direction longitudinale ces variations sont négligeables par rapport au champ B_0 . Il est donc relativement aisé d'observer le phénomène de relaxation longitudinal. Pour visualiser un contraste représentatif d'une variation de T_2 , *i.e.* un contraste pondéré T_2 , il faudra donc simplement attendre une durée suffisante pour que les deux courbes de relaxation transversale se différencient. Pour se faire, on pourra donc utiliser un long temps d'écho TE (temps entre l'excitation et l'enregistrement du signal). De plus, comme le processus d'enregistrement est séquentiel, il faudra attendre une durée suffisante après l'enregistrement pour retrouver l'état d'équilibre initial afin de répéter l'observation

de la relaxation dans les mêmes conditions. Cela se traduit donc par un long temps de répétition.

On notera que du fait des inhomogénéités locales du champ magnétique, la fréquence de précession des spins varie légèrement. Cela va induire un déphasage progressif des spins et donc une annulation plus rapide de l'aimantation transversale résultante. Cette relaxation plus rapide est caractérisée par le temps de relaxation T_2^* . C'est pourquoi on utilise généralement une impulsion de refocalisation (excitation qui bascule les aimantations de 180°) afin d'inverser l'effet de ces déphasages et retrouver un écho (figure 3.3). La séquence qui effectue cet enchaînement [excitation 90°]-[refocalisation 180°]-[lecture du signal] est appelée écho de spin.

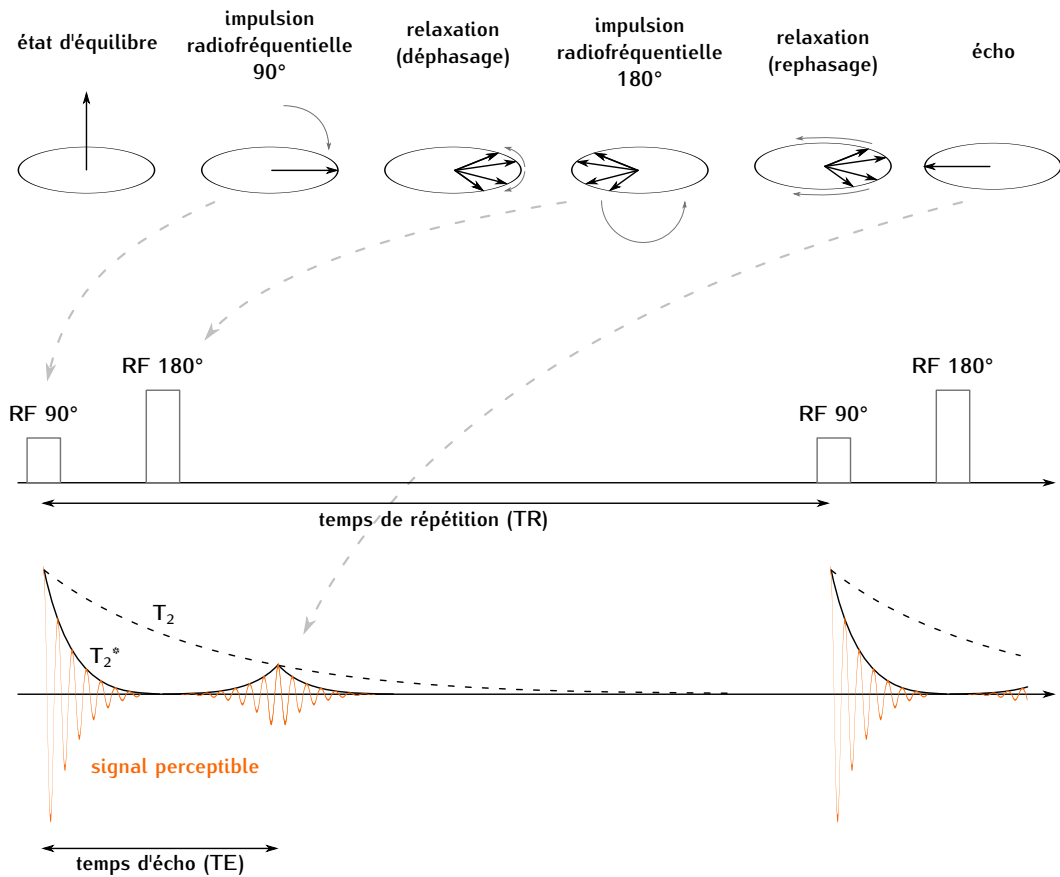


FIGURE 3.3: Schéma d'une séquence en écho de spin. On notera que pour obtenir un écho à un temps TE, l'impulsion de refocalisation doit être appliqué à $TE/2$.

Pour visualiser un contraste représentatif d'une variation de T_1 , *i.e.* un contraste pondéré T_1 , il va falloir faire basculer l'information contenue dans l'aimantation longitudinale dans le plan transversal qui lui seul est observable puis acquérir très rapidement ce signal (TE court) comme pour figer l'aimantation longitudinale dans le plan transversal (figure 3.4).

Finalement, l'aimantation observée et donc le contraste dépendent des paramètres d'acquisition comme le temps d'écho (TE) ou le temps de répétition utilisés (TR). A partir de l'équation 3.1, on peut montrer que l'aimantation finale mesurée ρ au temps d'écho TE, avec une excitation RF d'un angle de bascule θ après une répétition TR,

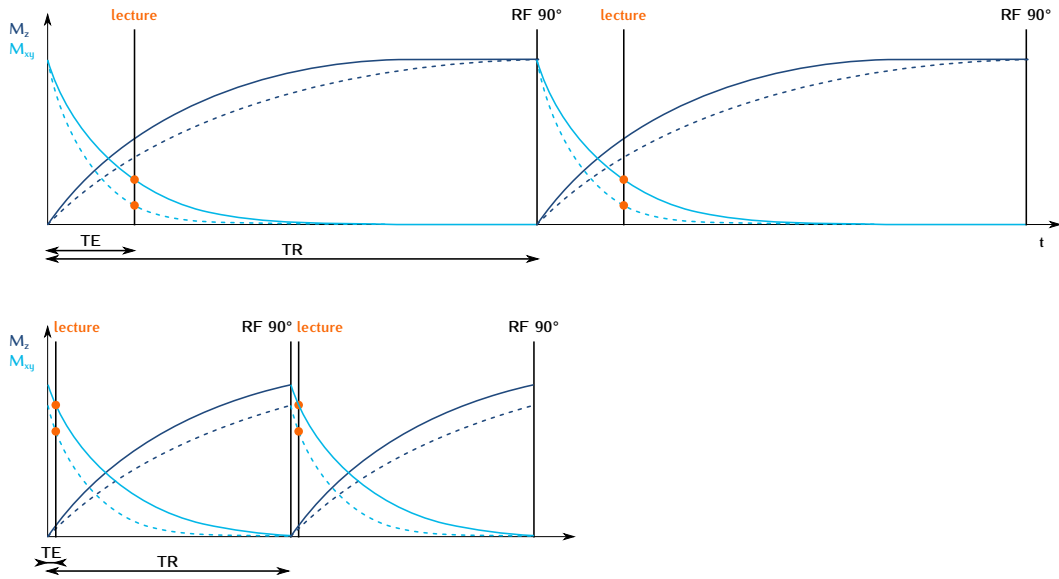


FIGURE 3.4: Lien entre la pondération du contraste et les paramètres d'acquisition TE et TR. On a représenté ici le comportement de deux aimantations, l'une avec un T_1 court et un T_2 long (trait plein) et l'autre avec un T_1 long et un T_2 court (trait pointillé). L'aimantation transversale est représentée en bleu azur et l'aimantation longitudinale en bleu marine. Seule l'aimantation transversale peut être observée. Lorsqu'une impulsion RF 90° est appliquée, l'aimantation précédemment longitudinale devient transversale. Pour obtenir un contraste pondéré T_2 (en haut) il faut un TE long pour que les relaxations longitudinales se distinguent. En revanche, pour ne pas avoir d'impact du T_1 à la prochaine répétition il faut attendre un TR long pour que les deux aimantations repartent du même état initial. Pour obtenir un contraste pondéré T_1 (en bas), il faut attendre un TR plus court pour être encore capable de distinguer les deux courbes de relaxation longitudinale. Il faut ensuite basculer cette information dans le plan transversal observable et acquérir très vite un signal (TE court) avant que la différence de T_2 ait un impact sur le signal mesuré.

s'écrit de la façon suivante avec ρ_0 un paramètre qui dépend notamment de la densité de proton :

$$\rho = \rho_0 \left(1 - (1 - \cos \theta) e^{-\frac{TR}{T_1}} \right) e^{-\frac{TE}{T_2}} \quad (3.2)$$

Interprétation clinique En imagerie cardiaque, voici quelques exemples de la façon avec laquelle on peut interpréter les contrastes ainsi obtenus au niveau du myocarde :

- Dans un contraste pondéré T_2 , un hyper-signal peut indiquer la présence d'eau. Un œdème correspond par définition à un excès d'eau dans la matrice interstitielle. C'est par exemple ce que l'on peut observer au moment de la phase aiguë d'un infarctus du myocarde. La fibrose, qui peut correspondre à une phase plus tardive de l'évolution de l'infarctus, contient elle aussi une quantité d'eau plus importante dans la matrice interstitielle comparée à un tissu sain. La fibrose se traduit donc elle aussi par un hyper-signal T_2 mais dans une moindre mesure.
- Dans un contraste pondéré T_1 , un hypo-signal peut indiquer une modification de la structure musculaire comme par exemple dans le cas d'une fibrose. De

plus, de la variation relative de T_1 pre- post-injection (produit de contraste à base de gadolinium), entre le sang et un tissu, on peut extraire le volume extracellulaire qui est très fortement à l'état de fibrose du tissu [75]. Cela permet une meilleure caractérisation de la fibrose.

- Dans un contraste pondéré T_2^* , un hypo-signal peut indiquer une concentration anormale en fer puisque cet élément induit de fortes in-homogénéités locales du champ magnétique.

Bien entendu on trouve des applications cliniques à l'interprétation de ces contrastes pour toutes les zones anatomiques. A titre d'exemple, l'imagerie fonctionnelle du cerveau et basée sur l'effet BOLD : une augmentation locale de l'apport en oxy-hémoglobine qui a un T_2^* différent de la désoxy-hémoglobine. L'effet BOLD peut donc être visualisé avec une image pondérée T_2^* .

3.1.1.2 Contrastes sélectifs

Malgré le contraste, il est parfois difficile de différencier certains tissus qui sont pourtant de nature différente. Par exemple, en imagerie cardiaque, la lésion peut parfois être confondue avec la graisse du péricarde lorsque ces deux tissus sont en hyper-signal. On peut alors se baser sur une propriété de la graisse afin d'éliminer son signal. On sait que les protons des graisses présentent une fréquence de résonance légèrement différente de celle du proton en dehors des tissus adipeux. On peut donc utiliser une impulsion avec cette fréquence précise afin de saturer sélectivement tout signal provenant de ces tissus.

Avec une idée similaire, on peut supprimer le signal des liquides aqueux. Cette fois, on se base sur la connaissance *a priori* du temps de relaxation T_1 de l'eau. En ajoutant une impulsion d'inversion 180° puis en attendant un temps d'inversion (TI) avant de jouer la séquence standard de telle sorte que l'aimantation longitudinale de l'eau s'annule, on supprime toute contribution de l'eau (séquence FLAIR). On peut calculer ce temps d'inversion théorique TI_{eau} pour supprimer le signal de l'eau de la façon suivante :

$$\begin{aligned} M_z &= 1 - 2e^{-\frac{t}{T_1^{\text{eau}}}} \\ TI_{\text{eau}} &= \ln(2) T_1^{\text{eau}} \end{aligned} \tag{3.3}$$

Enfin, toujours pour l'imagerie cardiaque, il peut être intéressant d'accentuer le contraste entre le myocarde sain et la lésion qui présente un T_1 légèrement différent. On peut employer la même idée que pour l'annulation du signal de l'eau et ainsi annuler le signal provenant du myocarde sain. On peut obtenir cela avec la séquence MDE (Myocardium Delayed Enhancement) (figure 3.7). Cette fois il nous faut connaître le temps d'inversion permettant d'annuler le signal du myocarde sain. Cela peut être calibré à l'aide d'une séquence d'inversion-récupération ; on cherche alors le TI correspondant à l'annulation du signal du myocarde sain (figure 3.6).

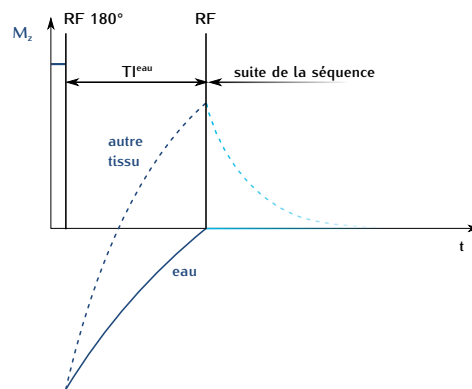


FIGURE 3.5: Préparation du signal avec saturation sélective du signal de l'eau

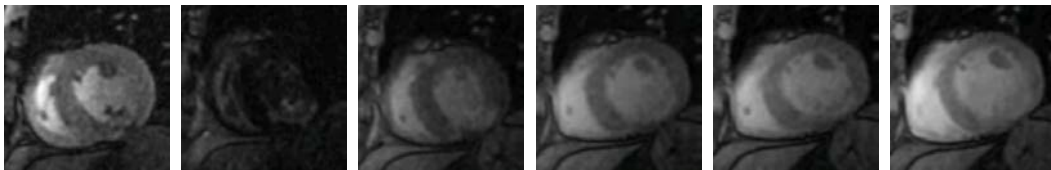


FIGURE 3.6: Obtention du TI correspondant à l'annulation du signal du myocarde sain à l'aide d'une série d'images en inversion-récupération (CINE IR).

3.1.1.3 Contraste basé sur des déplacements macroscopiques

D'autres contrastes peuvent être obtenus en se basant sur les déplacements de certains liquides pour les exciter sélectivement ou au contraire pour les saturer sélectivement.

C'est par exemple le cas avec l'imagerie *sang noir*. Cela permet de supprimer uniquement le sang mobile présent dans les ventricules afin d'obtenir une bonne distinction entre le myocarde et le sang. Le principe est le suivant : une première impulsion d'inversion non sélective spatialement est appliquée sur l'ensemble du volume, immédiatement suivie par une seconde impulsion d'inversion, mais cette fois uniquement sur la coupe d'intérêt. La séquence d'écho de spin démarre ensuite après un temps d'inversion correspondant à l'annulation du signal du sang. De cette façon, pour les structures qui sont restées dans la coupe, les deux impulsions d'inversion n'ont aucun effet. Après le temps d'inversion, le sang qui se trouve dans la cavité du myocarde au niveau de la coupe n'est plus le même sang que celui qui se trouvait dans la coupe au moment de l'inversion sélective. Ce sang n'a donc vu que l'inversion non sélective spatialement, son signal est donc nul (figure 3.7).

On notera qu'avec une idée similaire il est possible d'obtenir un contraste de type angiographie, *i.e.* ne visualiser que les vaisseaux. Le principe consiste à appliquer une excitation sélective spatialement sur une carotide par exemple puis à mesurer après un certain délai d'où provient le signal au niveau du cerveau : le signal provient de l'arbre vasculaire. Cette méthode peut également être employée pour visualiser les coronaires.

Dans le même ordre d'idées, on peut utiliser la méthode de labellisation des spins pour quantifier la perfusion myocardique [76]. L'idée est la suivante : après avoir inversé sélectivement une coupe du myocarde avec une impulsion 180° , du fait du

processus de perfusion du muscle, des spins frais, *i.e.* avec une aimantation non inversée, vont entrer dans la coupe. Il va alors se produire un échange de magnétisation entre les deux types de spin en plus du processus de relaxation longitudinale. Cela va donc modifier la repousse globale de l'aimantation longitudinale par rapport à une acquisition où l'impulsion 180° aurait été non sélective. Si l'on est capable de quantifier le T_1 du muscle avec l'impulsion sélective et non-sélective ainsi que le T_1 du sang, on peut alors remonter à une quantification de la perfusion.

3.1.1.4 Contraste encodé dans la phase

Dans le chapitre 1.2.2, nous avons vu que l'encodage spatial en IRM est basé sur la manipulation de la phase des spins. Nous avons également étudié l'impact d'un mouvement au cours ou entre l'application de ces gradients d'encodage. En général, ces gradients sont conçus de façon à ce qu'il soient insensibles à un déplacement de vitesse constante (gradient avec moment nul à l'ordre 1). Mais on peut chercher au contraire à extraire cette information de déplacement du déphasage accumulé.

Par exemple si l'on applique successivement deux gradients opposés, le déphasage induit sera nul sauf si le spin s'est déplacé entre ces deux applications. Plus la diffusion est importante, plus le signal RMN résultant sera atténué car les spins seront plus déphasés. C'est sur cette idée qu'est basée l'imagerie de diffusion en IRM.

Les contrastes obtenus en imagerie de diffusion permettent donc de visualiser les mouvements browniens et contraints qu'effectuent les molécules d'eau. Ils permettent donc de visualiser l'organisation mésoscopique des tissus. On peut ainsi retrouver l'orientation des fibres des trois couches musculaires constitutives du myocarde. Dans la pratique clinique, cela permettrait de localiser et traiter les fibroses qui peuvent perturber la propagation de l'onde électrique dans le cœur et qui induisent des arythmies. On notera qu'il y a 6 ordres de grandeur de différence entre les déplacements produits par la diffusion et ceux induits par le battement cardiaque. Pour la correction de mouvement, l'imagerie de diffusion *in vivo* du cœur semble donc une cible très intéressante mais également très lointaine pour le moment.

On peut également encoder la vitesse plutôt que le déplacement dans la phase. Il suffit pour cela d'utiliser des gradients qui ont un moment d'ordre 1 non nul. Cela permet notamment d'analyser le flux aortique, la fonction cardiaque, les propriétés d'élasticité des artères, *etc.*

3.1.1.5 Contraste exogène

Jusque là, tous les contrastes qui ont été présentés sont endogènes, c'est-à-dire uniquement le fruit des propriétés des tissus eux-mêmes. Pour améliorer la visualisation de certaines lésions, on peut chercher à accentuer ce contraste. Cela peut être obtenu avec certains agents de contraste exogènes.

Le gadolinium (Gd) est un agent de contraste qui présente un temps de relaxation longitudinal T_1^{Gd} très court. Sa présence se traduit donc par un hyper-signal sur une image pondérée T_1 . Il est souvent utilisé pour localiser les zones fibrosées du myocarde. En effet, à distance de l'injection d'un produit de contraste contenant du Gd, comme la matrice interstitielle représente une part plus importante dans le

tissu fibrosé que dans le tissu sain, une fibrose contient une concentration en Gd plus importante. On notera que la dynamique du contraste induit est également intéressante à analyser. En effet, une zone fibrosée est moins vascularisée qu'un tissu sain. Dans l'arrivée du gadolinium, le processus de diffusion sera donc plus important que le processus de perfusion par rapport à un tissu sain.

Au final, dans une image pondérée T_1 , relativement à un tissu sain, une zone fibrosée devrait se traduire par un hypo-signal avant injection (T_1 long), un hyper-signal après injection (T_1 court) et une transition plus lente entre les deux.

D'autres agents de contraste existent. On pourra citer les SPIO (*SuperParamagnetic Iron Oxide*) qui sont les agents de contraste à base de fer. Comme le fer est très ferromagnétique, la présence ne serait-ce que d'une seule molécule suffit à induire un effet de susceptibilité, c'est-à-dire une déformation locale des lignes de champ magnétique suffisamment forte pour induire un trou de signal dans l'image reconstruite. L'avantage de cet agent est donc sa forte sensibilité. On peut fonctionnaliser la molécule de manière à lui donner une cible précise. Par exemple en le fonctionnalisant, on peut lui donner une affinité particulière avec des macrophages. Ainsi, cet agent de contraste pourra par exemple aller se fixer préférentiellement au niveau des plaques d'artériosclérose.

3.1.1.6 Pondération et quantification

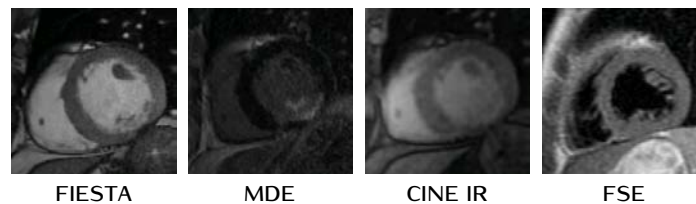


FIGURE 3.7: Principaux types de contraste utilisés en IRM cardiaque. Les trois premières images correspondent à trois images obtenues sur un même patient avec différents paramètres d'acquisition. On notera la présence d'une lésion au niveau du segment postérieur du myocarde. La séquence FIESTA permet d'obtenir une pondération T_1 avec une bonne définition des structures anatomiques. La séquence MDE permet d'obtenir un contraste pondéré T_1 avec annulation du signal du myocarde sain afin d'obtenir un très bon contraste entre la lésion et le muscle sain. La séquence CINE IR permet d'obtenir plusieurs images pondérées T_1 avec différents temps d'inversion. Enfin la séquence FSE sang noir permet d'obtenir un contraste pondéré T_2 .

Limites de l'analyse transversale des images pondérées Jusque là, les contrastes qui ont été présentés donnent une information relative pour un tissu par rapport aux tissus voisins.

Lorsque le contraste d'une image n'est pas suffisant, il gagne à être mis en regard avec les autres contrastes de l'examen à travers une analyse transversale. Cela permet d'obtenir une détection plus fiable et un diagnostic plus précis [77]. Par exemple, en imagerie cardiaque, une lésion du myocarde peut être bien distinguée du muscle sain à l'aide d'un contraste obtenu à distance d'une injection de gadolinium avec annulation

du signal du myocarde sain. En revanche un autre contraste, plus anatomique, peut être utile afin de distinguer la lésion du sang (figure 3.7) [78].

Mais cette analyse transversale peut parfois être insuffisante. On souhaite donc accéder à une information quantifiée plutôt qu'à l'information relative donnée par les images pondérées dans les cas suivants :

- Dans le cas d'une pathologie diffuse, comme dans le cas des pathologies qui atteignent l'ensemble du myocarde par exemple, on ne dispose pas d'une référence saine pour obtenir un contraste. Il faut donc obtenir une valeur quantifiée pour pouvoir se rapporter à une valeur de référence.
- De même, lorsque le diagnostique binaire n'est plus suffisant pour le traitement d'une pathologie, la classification de la lésion est nécessaire et nécessite parfois de se comparer à une référence. Ce processus passe donc nécessairement par une quantification.
- Enfin le suivi de la lésion dans le temps nécessite là encore une référence commune et donc une quantification.

Pour l'imagerie cardiaque on s'intéressera plus particulièrement à la quantification T_1 et T_2

Quantification T_1 Les méthodes de quantification sont basées sur la connaissance *a priori* d'un modèle décrivant l'évolution du signal en fonction des paramètres d'acquisition (connus) et des paramètres tissulaires (inconnus). Connaissant ce modèle, il s'agit alors de choisir le bon paramètre d'acquisition à modifier pour obtenir une variation du signal dépendant d'un minimum de paramètres inconnus et notamment de celui que l'on cherche. Il suffira ensuite d'utiliser une méthode de régression linéaire ou non afin de trouver les paramètres inconnus qui lient les données mesurées au modèle théorique.

On peut distinguer 4 grandes méthodes de quantification du paramètre de relaxation longitudinal T_1 :

- **Inversion-récupération** Il s'agit de préparer l'aimantation longitudinale à l'aide d'une impulsion d'inversion puis d'acquérir le signal à différents temps d'inversion afin d'échantillonner la courbe donnée par le modèle suivant déduit de l'équation 3.2 :

$$\rho = \rho_0 \left(1 - 2e^{-\frac{t}{T_1}} \right) \quad (3.4)$$

Les séquences CINE-IR et MOLLI [79] sont basées sur ce principe. On notera la limite principale de ces séquences : la repousse de l'aimantation longitudinale est perturbée par l'emploi de plusieurs modules de lecture au cours de chaque cycle d'inversion-récupération. De ce fait, on ne peut accéder qu'à un T_1 apparent. D'autre part, avec la séquence CINE-IR, les images correspondant aux différents TI sont obtenues dans des phases cardiaques différentes.

- **Saturation-récupération** L'idée est ici la même que pour les séquences d'inversion-récupération excepté que l'on utilise une impulsion de saturation (90°) au lieu

d'une inversion (180°) et que l'on se contente d'échantillonner la courbe de repousse à partir de l'aimantation longitudinale nulle à différents temps de saturation (TS). Le signal est modélisé par l'équation suivante :

$$\rho = \rho_0 \left(1 - e^{-\frac{TS}{T_1}} \right) \quad (3.5)$$

La séquence MLLSR [80] est similaire à MOLLI mais avec une impulsion de saturation. Elle présente donc la même limite de n'accéder qu'à un T_1 apparent. Pour corriger ce biais, la séquence SMART1Map (*Saturation Method using Adaptive Recovery Times for cardiac T1 Mapping*) a été proposée dans la littérature [81, 82]. Cette fois, un seul point est acquis par courbe de saturation-récupération, aucune mesure n'est donc perturbée. De plus, la courbe de récupération complète est accessible puisque les temps de saturation peuvent s'étendre sur plusieurs cycles cardiaques. Enfin elle est insensible aux variations du rythme cardiaque puisque les temps de saturation exacts sont utilisés pour la régression du modèle.

- **Echo de spin** L'utilisation de la variation du temps de répétition TR dans la séquence d'écho de spin constitue la méthode de référence pour la quantification T_1 en général. Le signal obtenu suit le modèle suivant :

$$\rho = \rho_0 \left(1 - e^{-\frac{TR}{T_1}} \right) \quad (3.6)$$

Ici, ρ_0 représente une pseudo-densité de proton puisque ce terme inclue l'impact du temps d'écho et du temps de relaxation transversal e^{-TE/T_2} . Mais pour chaque pixel, comme ces paramètres ne varient pas, ils sont transparents pour la régression du modèle. Cette méthode est très difficilement applicable à l'IRM cardiaque puisque très longue : une seule de ligne de l'espace-k est acquise à chaque répétition.

- **Variation des petits angles** On peut montrer que si l'on applique de façon répétée un petit angle de bascule θ , alors l'aimantation atteint un état stabilisé au bout de quelques répétitions. De plus, cet état dépend entre autre de l'angle de bascule et du T_1 selon la relation suivante :

$$\rho = \rho_0 E_2 \sin \theta \frac{1 - E_1}{1 - E_1 \cos \theta} \quad \text{avec} \quad E_1 = e^{-\frac{TR}{T_1}}, E_2 = e^{-\frac{TE}{T_2}} \quad (3.7)$$

ou sous forme linéarisée : $\frac{\rho}{\sin \theta} = E_1 \frac{\rho}{\tan \theta} + \rho_0 E_2 (1 - E_1)$

On peut donc retrouver le T_1 par régression de la fonction $\frac{\rho}{\sin \theta} = A \frac{\rho}{\tan \theta} + B$. L'intérêt de cette méthode est qu'elle ne nécessite pas de préparation de l'aimantation ni d'attente d'aucun temps de saturation ou d'inversion. L'application et l'acquisition avec la méthode des petits angles est donc très rapide ce qui permet d'effectuer des acquisitions volumiques. D'autre part, le T_1 ainsi obtenu est le T_1 réel et non une valeur apparente.

On notera que toutes ces méthodes sont basées sur des impulsions RF de saturation (90°), d'inversion (180°), ou de bascule quelconque (θ) et surtout que la quantification est basée sur la connaissance *a priori* de ces angles de bascule. Ainsi,

si l'angle de bascule réellement appliqué est différent de l'angle de bascule prescrit, le modèle utilisé pour la régression sera faux et les valeurs quantifiées aussi. Les méthodes de quantification T_1 sont donc très sensibles aux inhomogénéités du champ B_1 (figure 3.8). On rappelle que $\frac{B_1^{\text{reel}}}{B_1^{\text{prescrit}}} = \frac{\theta^{\text{reel}}}{\theta^{\text{prescrit}}}$.

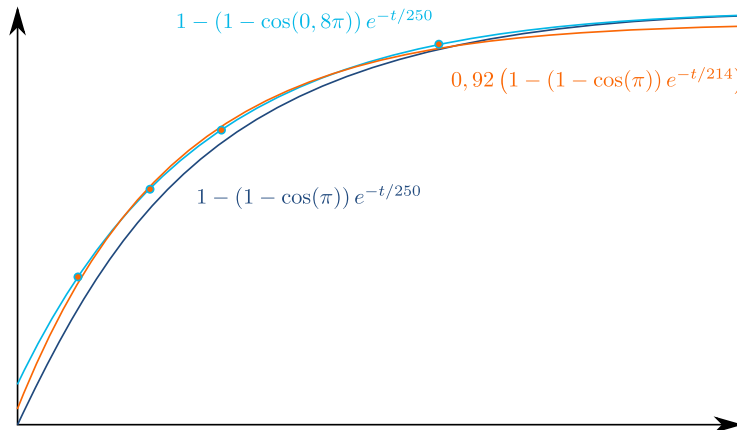


FIGURE 3.8: Impact de l'inhomogénéité du champ B_1 sur la quantification T_1 . Prenons un tissu avec une densité de proton de 1 et un $T_1=250$ ms. Avec une inversion-récupération, on devrait obtenir le signal de la courbe bleu marine. En revanche si le B_1 n'est pas parfaitement homogène, supposons par exemple que localement $B_1 = 0,8 \cdot B_1^{\text{prescrit}}$, alors on obtient la courbe bleu azur. Si on tente d'obtenir le T_1 à partir de quatre échantillons de ce signal avec l'hypothèse que l'inversion était parfaite, alors, on obtient des valeurs faussées de densité de proton et de T_1 , correspondant à la courbe orange.

Quantification T_2 Les méthodes de quantification T_2 sont pour la plupart basées sur la séquence d'écho de spin. On a en effet vu qu'avec un TE long et un TR long, le contraste résultant est pondéré T_2 . Le signal suit la loi suivante :

$$\rho = \rho_0 e^{-\frac{TE}{T_2}} \quad (3.8)$$

En répétant l'acquisition avec différents TE, on peut donc remonter au paramètre T_2 (figure 3.9). On notera que l'on peut ici utiliser une régression linéaire :

$$\ln \rho = \frac{1}{T_2}(-TE) + \ln \rho_0 \quad (3.9)$$

On notera que la séquence utilisée est souvent la séquence FSE (Fast Spin Echo). Elle est construite sur une base d'écho de spin. Après avoir obtenu l'écho avec l'impulsion de refocalisation 180° , on laisse les spins recommencer à se déphaser puis on les refocalise de nouveau pour obtenir un second écho et ainsi de suite. En procédant ainsi, on peut donc acquérir une ligne de l'espace-k à chaque écho. Cependant on notera bien que chacun de ces échos correspond à un temps d'écho de plus en plus long. Le contraste de l'image finale sera représentatif du temps d'écho TE_{eff} correspondant à l'acquisition de la ligne centrale qui contient le plus d'énergie (temps d'écho effectif). L'espace-k ainsi obtenu contient donc de légères inconsistances puisque les lignes de l'espace-k ne correspondent pas toutes au même contraste. Lorsque l'on

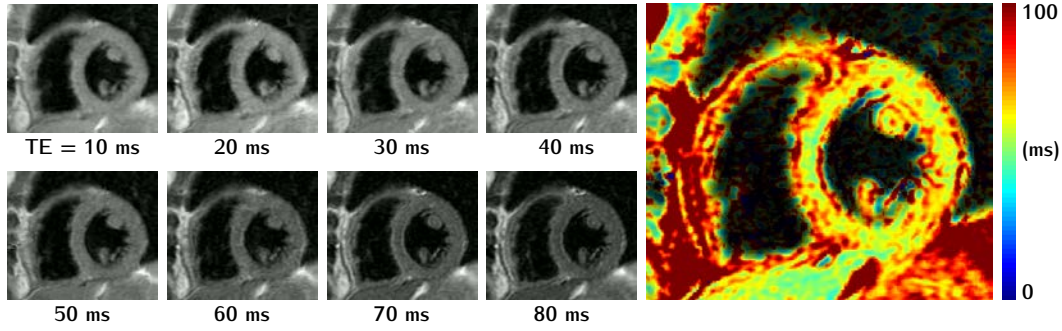


FIGURE 3.9: Images pondérées T_2 obtenues avec la séquence FSE à différents temps d'écho pour la quantification. La carte de quantification T_2 calculée pixel par pixel est présentée à droite

souhaite acquérir plusieurs images avec plusieurs TE différents, nous suggérons donc de procéder de la façon suivante : au lieu de ne remplir qu'un espace-k avec tous les échos du train d'écho et de répéter l'acquisition en changeant l'ordre de remplissage des lignes pour obtenir les contrastes correspondants aux différents TE_{eff} , il est préférable d'utiliser chaque écho pour remplir autant d'espace-k différents. Le temps d'acquisition total reste le même et les données sont bien plus consistantes. On parle alors de séquence FSE multi-écho.

Finalement, que ce soit pour la quantification T_1 , T_2 ou n'importe quel type de quantification, il faut obtenir plusieurs images avec des paramètres d'acquisition différents et donc des contrastes légèrement différents. En revanche, le type de contraste reste le même au sein d'une série d'images obtenue dans le but de procéder à une quantification. Il faut donc bien distinguer la notion de pondérations différentes ou types de contrastes différents, et la notion de contrastes différents qui peuvent correspondre ou non au même type de pondération.

Méthodes de régression linéaire On remarquera que le problème de la quantification est un problème inverse. On dispose de données mesurées (le niveau de gris des images), d'un modèle (l'équation du signal), de paramètres connus (paramètres d'acquisition TE, TR, *etc.*) et d'inconnues à résoudre (T_2 , ρ_0 , *etc.*). Toutes les notions abordées dans la partie I sont donc transposables ici. Par exemple, avec l'équation linéarisée du signal d'images ρ_i pondérées T_2 :

$$\begin{aligned}
 & \text{Trouver les cartes } (A, B) = (-1/T_2, \ln \rho_0) \text{ tel que } \forall i, \ln \rho_i = A \cdot TE_i + B \\
 \Rightarrow & \text{ Trouver le vecteur } v = (-1/T_2, \ln \rho_0) \text{ tel que} \\
 & v = \underset{v}{\operatorname{argmin}} \|\ln \rho - Qv\|^2 + \lambda \|(\nabla - 1/T_2, \nabla \ln \rho_0)\|^2 \\
 \Rightarrow & \text{ Trouver le vecteur } v = (-1/T_2, \ln \rho_0) \text{ tel que } (Q^H Q + \nabla^H \nabla) v = Q^H \ln \rho
 \end{aligned} \tag{3.10}$$

3.1.2 Acquisitions séquentielles et indépendantes ?

3.1.2.1 Processus d'acquisition/reconstruction en routine clinique

Nous venons de présenter ce que sont les contrastes et pourquoi ils sont indispensables à la pratique clinique. A présent, on cherche à résoudre la problématique du mouvement dans ce contexte. Il nous faut maintenant comprendre comment ces contrastes sont gérés dans l'examen afin de savoir si une solution peut être trouvée à ce niveau. C'est donc à la notion de processus, ou *workflow*, que nous nous intéressons. Ce processus caractérise la façon dont s'organisent temporellement les différents événements, leurs interactions, et ce, aux trois niveaux du processus : l'acquisition, la reconstruction et l'analyse. Nous allons caractériser le processus complet actuel et voir comment il pourrait être amélioré.

De façon générale le processus d'acquisition, et de reconstruction en IRM est relativement basique et n'a pas beaucoup évolué depuis l'apparition de cette modalité. L'acquisition des différents contrastes se fait de manière séquentielle et indépendante. Elle suit des protocoles prédéfinis et présente de nombreux temps morts. Il en est de même pour la reconstruction. De plus, les relations entre les trois niveaux de ce processus (acquisition, reconstruction et analyse) sont complètement unidirectionnelles. Nous allons cependant voir que dans certains cas relativement anecdotiques en routine clinique à l'heure actuelle, à la fois le processus d'acquisition, de reconstruction ou encore d'analyse commencent à croiser les données, à combiner ces informations, à tirer parti ces premières pour améliorer les secondes, *etc.* On passe donc progressivement d'un processus séquentiel et indépendant à un processus adaptatif et continu.

3.1.2.2 Premiers pas vers l'imagerie adaptative

Acquisition adaptative L'exemple le plus ancien d'imagerie adaptative est celui de l'acquisition synchronisée, sur l'ECG par exemple. Ainsi l'acquisition s'adapte aux variations du rythme cardiaque. En revanche seul le minutage est adaptatif. L'histoire de l'aimantation des spins est elle aussi modifiée lorsque le rythme cardiaque varie. Par exemple dans une séquence d'écho de spin, la repousse ne sera pas toujours la même puisque le TR est synchronisé sur l'ECG. Quelques études se proposent alors de gérer l'impact de cette adaptation au niveau de la reconstruction ou de l'analyse [DRME⁺10][83].

Comme autre exemple d'adaptation de l'acquisition, on pourra citer la pré-calibration du meilleur temps d'inversion pour l'annulation du signal du myocarde sain. Comme on a pu le voir, la séquence CINE-IR permet d'obtenir le TI optimal qui peut ensuite être utilisé pour la séquence MDE.

Reconstruction adaptative On appelle reconstruction adaptative une méthode de reconstruction qui s'adapte au problème particulier. Cette adaptation passe souvent par la calibration d'un paramètre dépendant du sujet comme la morphologie, de l'imageur, *etc.*

La reconstruction d'une acquisition accélérée basée sur la calibration des cartes de sensibilités à l'aide d'une acquisition initiale est donc un exemple de reconstruction adaptative. De la même manière, on a vu que l'algorithme GRICS construit un

modèle de mouvement adapté, propre à chaque sujet. Le modèle de mouvement peut également être pré-calibré sur une séquence préliminaire [84].

Analyse adaptative et croisée L'analyse peut elle aussi être améliorée lorsqu'elle est adaptative et faite de manière globale sur tout l'examen. De cette façon on tire le plus d'information possible. Nous avons par exemple déjà évoqué la combinaison de la séquence FIESTA avec la séquence MDE, la première permettant de distinguer sang et myocarde et la seconde permettant de distinguer myocarde sain et myocarde infarci.

Les méthodes de quantification sont elles aussi basées sur le croisement de plusieurs contrastes et donc souvent de plusieurs acquisitions. Cependant, on notera que la plupart du temps, lorsqu'une quantification est recherchée, on ne fait varier qu'un seul paramètre à la fois et chaque acquisition n'est utilisée que pour une quantification. La mesure quantifiée d'un second paramètre nécessitant alors d'acquisition d'un nouveau jeu de données complet.

3.1.2.3 Eléments de réflexion autour d'un futur processus d'acquisition/reconstruction

Voir l'examen comme un tout On souhaite donc aller plus loin dans cette démarche d'amélioration du processus d'acquisition-reconstruction-analyse. Dans cette nouvelle démarche, l'examen serait vu comme un tout. Gérer l'examen comme un tout signifie gérer ce qui varie au cours de l'examen de manière commune : contraste, position physiologique, orientation ou zone anatomique, résolution, *etc.* Le mouvement serait alors géré comme un paramètre de l'examen à part entière. Il n'y a pas que le contraste qui peut en bénéficier : la résolution par exemple peut être améliorée en combinant différentes orientations avec les méthodes de reconstruction super-résolution [85].

Intérêt Jusque là les analyses des contrastes se basaient sur la variation d'un paramètre à la fois en supposant les autres variables fixées (reconstructions indépendantes). Cela nécessite donc beaucoup de mesures, et dans la pratique plusieurs paramètres varient souvent ensemble. Le traitement de l'examen comme un tout, comme la reconstruction commune, devrait donc à la fois permettre des mesures plus justes et plus rapides.

Pour comprendre le gain ainsi obtenu, on peut faire une analogie avec les méthodes proposées dans la première partie de ce manuscrit. Au lieu de reconstruire des images correspondant à des positions physiologiques différentes, avec peu de données pour chaque reconstruction et un résultat peu robuste, on peut reconstruire une vision plus complète de la réalité et tirer parti de toutes les données pour reconstruire une représentation plus robuste. Mais comme on a pu le voir avec la correction de mouvement, une autre vision de l'acquisition s'accompagne d'une adaptation du processus de reconstruction. En effet l'acquisition et reconstruction sont intrinsèquement liées puisque la reconstruction modélise le processus d'acquisition.

Première étape : partage d'informations entre contrastes Dans un premier temps, nous allons nous intéresser au partage d'informations entre différents contrastes dans

un cadre simple, c'est-à-dire sans mouvement. Dans le chapitre suivant nous ferons un pas de plus vers la reconstruction adaptative généralisée de l'examen en intégrant le mouvement dans cette vision.

3.2 Vers un processus d'acquisition et de reconstruction multi-contraste

Dans ce qui suit, nous nous intéressons aux méthodes de reconstruction multi-contraste. Il s'agit de reconstruire de manière conjointe tous les contrastes, et pour ce faire, de tirer le meilleur parti possible des informations partagées entre ces images. En effet, si les différents contrastes sont indépendants et donnent des informations complémentaires, ils partagent malgré tout certaines autres informations, ne serait-ce que l'anatomie visible dans l'image.

Nos hypothèses de travail sont les suivantes :

- Même zone anatomique, *i.e.* même coupe et même champ de vue ou même volume
- Les différents contrastes peuvent être du même type ou de type différents
- Aucun *a priori* sur le type de contraste n'est émis (pas de modèle d'évolution du signal)
- Aucun mouvement intra- ou inter-acquisition ne survient

Nous verrons que l'on peut ainsi soit accélérer l'acquisition, *i.e.* la sous-échantillonner, soit diminuer le bruit dans les images reconstruites.

3.2.1 Etat de l'art

3.2.1.1 *Line process*

Haldar *et al.* [86] partent de l'observation que l'organisation anatomique est visible dans tous les contrastes et reste la même. C'est-à-dire que la localisation des gradients doit être la même. L'estimation de la position des gradients G est difficile à partir d'une seule image sous-échantillonnée puisqu'elle présente très probablement du bruit et des artefacts de repliement. En revanche, il est possible d'obtenir une bonne estimation de G à partir de plusieurs images si l'échantillonnage est indépendant et aléatoire. On rappelle en effet que les artefacts de repliement dépendent du schéma d'échantillonnage (voir chapitre 1.2.3). Cette carte de probabilité est aussi appelée *line process* par son auteur.

Ainsi, si l'on dispose d'une première estimation ρ_i des images à reconstruire, on peut en extraire une carte de probabilité des gradients directionnels G relativement

fiable. Pour une acquisition 2D, dans la direction X , on peut écrire pour le pixel (i, j) :

$$G_{i,j}^X = \begin{cases} 1 & \text{si } D_{i,j}^X \leq \epsilon \\ \frac{D_{i,j}^X}{\epsilon} & \text{si } D_{i,j}^X > \epsilon \end{cases} \quad \text{avec } D_{i,j}^X = \sqrt{\sum_{c=1}^N \beta_c^2 |\rho_{i+1,j}^c - \rho_{i,j}^c|^2} \quad (3.11)$$

Le paramètre β_c permet de choisir le poids relatif des différents contrastes. Si l'on souhaite accorder le même poids à tous les contrastes, on choisira β_c égal à l'inverse de la magnitude moyenne de l'image ρ_c .

On peut ensuite contraindre la reconstruction standard des images en ajoutant un paramètre de régularisation basé sur cette connaissance *a priori* de la position des gradients. On devrait ainsi minimiser les artéfacts de repliement induits par le sous-échantillonnage.

$$\begin{aligned} \text{Trouver } (\rho_i)_i \quad \text{tel que } \forall i \quad \rho_i &= \underset{\rho_i}{\operatorname{argmin}} \left\{ \|s_i - E_i \rho_i\|^2 + \lambda \left\| \frac{\nabla \rho_i}{G} \right\|^2 \right\} \\ \Leftrightarrow \rho &= \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \left\{ \|s - E\rho\|^2 + \lambda \left\| \frac{\nabla \rho}{G} \right\|^2 \right\} \quad (\text{reconstruction simultanée}) \end{aligned} \quad (3.12)$$

Avec cette régularisation, un gradient dans une zone correspondant à une haute probabilité de gradient n'induit qu'un très faible poids via le terme de droite (ϵ). En revanche, un gradient qui serait dû à un artéfact de repliement ou à du bruit ne devrait pas correspondre à une forte probabilité dans la carte G et induirait donc un poids plus élevé via le terme de régularisation. La solution de l'équation 3.12 devrait donc à la fois correspondre aux données acquises à travers l'opérateur d'encodage E et avoir des gradients similaires à ceux proposés dans G , *i.e.* tous les contrastes auront des gradients localisés aux mêmes endroits.

Une fois les images reconstruites, on peut évaluer une nouvelle fois la carte G avec une meilleure justesse et répéter itérativement ces deux étapes (reconstruction contrainte des images, actualisation de G) jusqu'à la stabilisation de la solution (figure 3.10).

On notera que cette méthode fait intervenir plusieurs paramètres dans le terme de régularisation qu'il faut optimiser :

- β_c permet de choisir le poids relatif des différents contrastes. Il est relativement facile de les choisir (magnitude moyenne des contrastes par exemple)
- λ poids relatif du terme de régularisation par rapport au terme de correspondance aux données acquises à travers l'opérateur d'encodage E
- ϵ seuil de bruit. Plus ce paramètre est grand, plus la régularisation correspond à une régularisation de lissage simple. Plus ce terme est petit, plus les gradients communs auront un poids relatif important par rapport aux gradients de plus faible probabilité. Cela signifie que selon le choix du paramètre λ , le bruit pourra être conservé, ou bien les différences de gradients seront accentuées (les gradients communs seront très marqués et les zones lisses seront encore plus lisses).

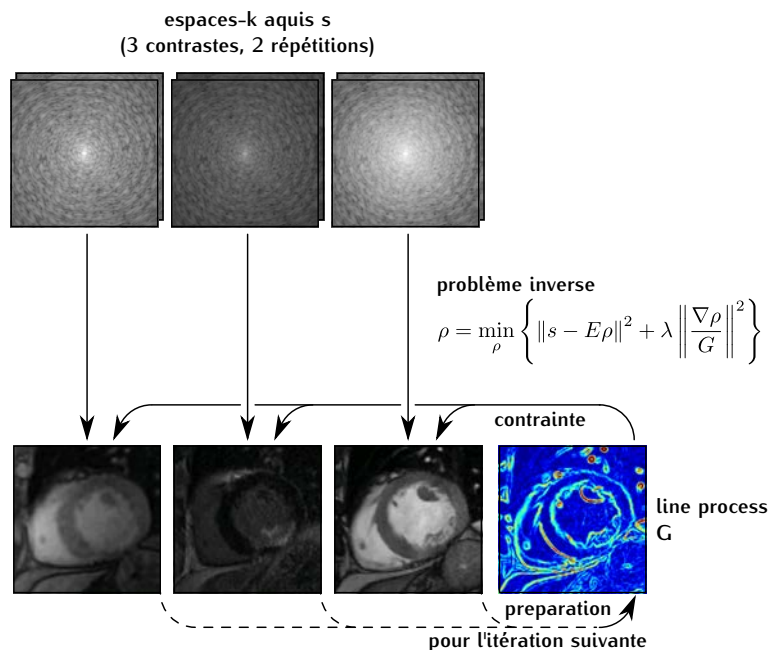


FIGURE 3.10: Reconstruction multi-contraste avec contrainte basée sur la probabilité de gradient. La méthode itérative consiste en l'exécution successive des deux étapes suivantes : 1 - l'évaluation de la carte de probabilité de présence d'un gradient à partir de l'estimation courante des images, 2 - la reconstruction au sens des moindres carrés des images à partir des espaces-k acquis et de la connaissance à priori de l'emplacement des gradients.

Pour conclure, cette méthode est très intéressante puisqu'elle part d'une observation simple et surtout qu'elle est compatible avec la formulation classique de la reconstruction d'images. En revanche, sa mise en œuvre passe par une étape relativement longue de réglage des paramètres de régularisation, réglage d'autant plus long que les paramètres sont dépendants (la diminution de ϵ devrait s'accompagner de l'augmentation de λ).

3.2.1.2 Compressed sensing

Axel *et al.* [87] proposent une méthode de reconstruction multi-contraste qui reprend une idée similaire à celle qui vient d'être présentée. Il s'agit encore une fois de contraindre les différents contrastes à avoir un comportement similaire à travers un certain opérateur. Mais ici, au lieu d'utiliser l'opérateur de gradient ∇ , ce sont les opérateurs de variation totale TV et de décomposition en ondelettes Φ qui sont utilisés. De plus, les régularisations sont appliquées avec le formalisme du *compressed sensing*, c'est-à-dire que l'on suppose que le support de la variation totale et de la décomposition en ondelette sont éparés. On utilise donc la norme \mathcal{L}^1 pour les termes de régularisation.

$$\text{Trouver } \rho \text{ tel que } \rho = \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \left\{ \|s - E\rho\|_2^2 + \lambda_{TV} \frac{\|\rho\|_{TV}}{\|TV_0\|_{TV}} + \lambda_{\Phi} \left\| \frac{\Phi\rho}{\Phi_0} \right\|_1 \right\} \quad (3.13)$$

3.2.1.3 Méthode bayésienne

La méthode de reconstruction multi-contraste proposée par Bilgic *et al.* [88] est basée sur une approche légèrement différente. La reconstruction est toujours basée sur une reconstruction *compressed sensing* avec contrainte sur la variation totale. Mais cette fois ces concepts sont traduits dans le formalisme bayésien, ce qui entraîne une complexité calculatoire très importante (plus de 30h de reconstruction pour deux contrastes).

3.2.1.4 Finger printing

La méthode de *finger printing* proposée par Ma *et al.* [89] est très intéressante car elle s'appuie sur une nouvelle approche du processus d'acquisition et de reconstruction. Il s'agit ici de faire varier continûment et aléatoirement tous les paramètres d'acquisition à la fois au travers des différentes acquisitions. Ensuite, les données sont reconstruites en utilisant une base de données qui constitue un dictionnaire et une méthode de reconnaissance de forme. Cette formulation émet également l'hypothèse que le signal à reconstruire correspond à une décomposition dans le dictionnaire – décomposition dont le support est éparse. Là encore, le formalisme du *compressed sensing* est donc encore employé.

3.2.2 Accélération de l'acquisition multi-contraste à l'aide de la SVD

Au cours de cette thèse, une nouvelle méthode de reconstruction multi-contraste a été développée. Elle se base sur la décomposition en valeur singulière (SVD). Nous avons appliqué cette méthode à la reconstruction d'acquisitions multi-contraste sous-échantillonnées et à la reconstruction débruitée d'acquisitions multi-contraste complètement échantillonnées. Nous avons comparé les résultats ainsi obtenus à la méthode *line process* proposée par Haldar *et al.*

3.2.2.1 Que représente la SVD d'images multi-contraste

Dans la représentation classique, chaque pixel possède un niveau de gris indépendant dans chaque image associée à chaque contraste. Avec une vision globale de l'examen, chaque pixel, *i.e.* chaque élément de tissu présente un mode de variation spécifique du contraste d'une acquisition à l'autre. On considère donc la variation de niveau de gris intra-acquisition (le contraste) et la variation de niveau de gris inter-acquisition. La décomposition en valeurs singulières (SVD) consiste à décomposer ces variations de niveaux de gris sur une base de variations de niveaux de gris indépendantes (*i.e.* base libre) et permettant de décrire n'importe quelle variation (*i.e.* base génératrice). De plus, cette base est construite de façon à être orthonormale directe, la décomposition est donc unique.

Si l'on représente les N_c images de N pixels correspondant aux N_c contrastes par une matrice ρ de taille $N \times N_c$, la décomposition SVD s'écrit :

$$\rho = USV^H \tag{3.14}$$

On peut interpréter cette décomposition de la façon suivante (figure 3.11) :

- chaque ligne v_i de la matrice V^H représente un mode principal de variation du niveau de gris à travers les contrastes
- chaque élément S_i de la matrice diagonale S représente le poids global du mode de variation v_i dans la zone d'intérêt
- chaque colonne u_i de la matrice U représente le poids relatif du mode de variation v_i pour les différents pixels de la zone d'intérêt

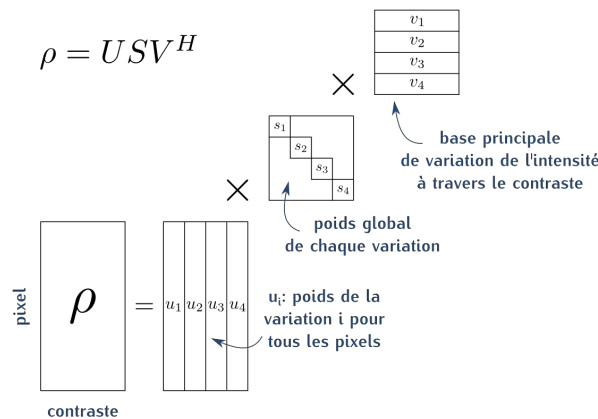


FIGURE 3.11: Interprétation de la décomposition en valeurs singulières

3.2.2.2 Jeu de données

Pour évaluer et comparer les différentes méthodes de reconstruction multi-contraste, des données ont été acquises sur un cœur humain ex-vivo. De cette façon, la structure est très proche des structures rencontrées dans la pratique clinique et toutes les problématiques de mouvement sont écartées.

8 contrastes différents ont été acquis correspondant à 2 types de contrastes différents :

- 4 images pondérées T_1 ont été acquises avec une séquence FSPGR en faisant varier l'angle de bascule $\theta = [2^\circ, 9^\circ, 15^\circ, 20^\circ]$
- 4 images pondérées T_2 ont été acquises avec une séquence FSE en faisant varier le temps d'écho $TE = [20 \text{ ms}, 40 \text{ ms}, 60 \text{ ms}, 80 \text{ ms}]$

Les jeux de données ont été complètement échantillonnés afin d'obtenir les images de référence. Les espaces-k ont ensuite été rétrospectivement sous-échantillonnés (figure 3.12). Le schéma de sous-échantillonnage suit une loi normale (plus grande probabilité d'acquisition des lignes centrales qui concentrent la majeure partie de l'information). Différents facteurs d'accélération ont été évalués. On cherche donc à reconstruire les images multi-contraste à partir des données sous-échantillonnées et de se comparer aux images de référence obtenues avec les acquisitions complètement échantillonnées.

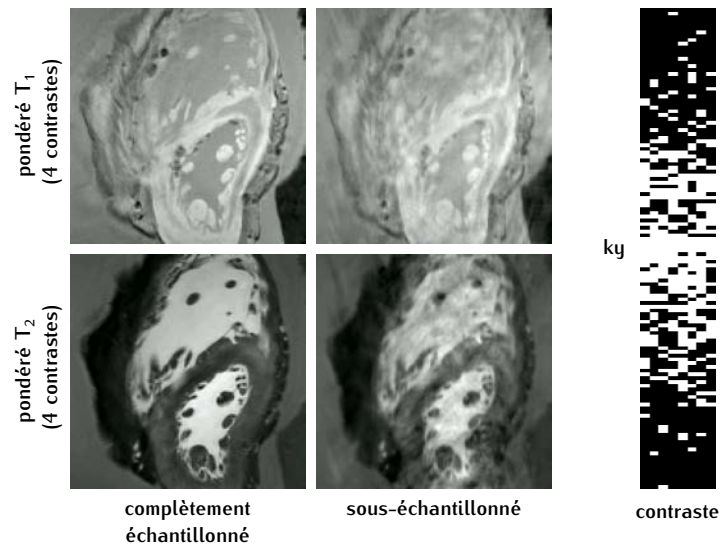


FIGURE 3.12: Jeu de données utilisé pour la reconstruction multi-contraste (gauche) et schéma de sous-échantillonnage aléatoire dans l'espace-k (droite). Le facteur de sous-échantillonnage représenté ici est $R = 3$.

3.2.2.3 Décomposition SVD d'images multi-contraste sous-échantillonnées ou bruitées

On a calculé la décomposition SVD du jeu de données complètement échantillonné et du jeu de données sous-échantillonné avec un facteur d'accélération de 3 (figure 3.13). On peut faire les observations suivantes :

- la majeure partie de l'information peut être décrite avec les premières valeurs singulières
- le jeu de données sous-échantillonné présente quasiment la même répartition de valeurs singulières
- les composantes U ont un SNR d'autant plus important que la valeur singulière est petite. On l'observe très bien sur le jeu de données complètement échantillonné.
- de la même manière, sur les composantes U du jeu de données sous-échantillonné, la quantité d'artéfacts de repliement est d'autant plus importante que la valeur singulière correspondante est petite. La composante U_1 semble d'ailleurs moins affectée par les artéfacts de repliement que les images originales.

3.2.2.4 Reconstruction avec contrainte de sparsité sur la SVD

Les observations précédentes semblent indiquer que plus la valeur singulière S_i est faible, plus la quantité relative d'information est petite par rapport à la quantité de bruit ou d'artéfact dans les composantes U_i . En supprimant les dernières composantes U_i correspondant aux plus basses valeurs singulières, la qualité d'image pourrait être améliorée si l'on supprime plus d'artéfacts que d'informations.

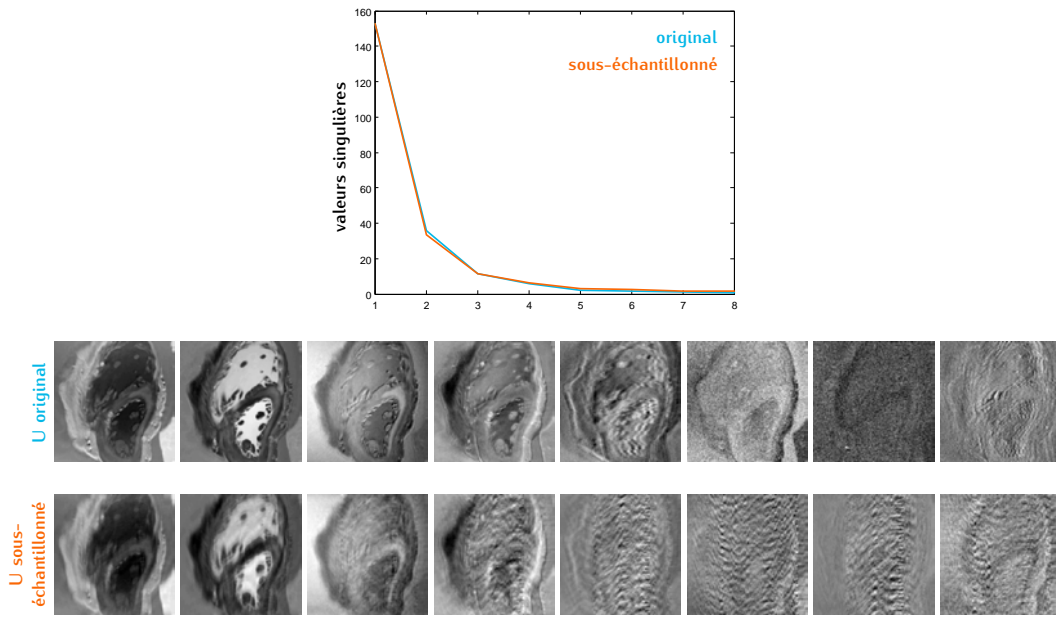


FIGURE 3.13: Décomposition SVD de données sous échantillonnées avec un facteur 3

Nous proposons donc l'algorithme de reconstruction multi-contraste 3.1. Il s'agit d'une méthode itérative consistant en l'exécution successive des deux étapes suivantes : 1 - approche d'une solution consistante avec les données acquises à l'aide d'une itération de la méthode de Landweber, 2 - seuillage des composantes U_i correspondant aux plus basses valeurs singulières. De cette façon, on obtient une solution cohérente par rapport aux données acquises et qui présente peu d'artéfacts.

Algorithme 3.1 Reconstruction multi-contraste avec seuillage itératif sur la SVD

Require: Les espaces-k acquis s , un opérateur d'encodage $E = \xi F \sigma$

Ensure: L'ensemble des images ρ multi-contraste

- 1: **Initialise** $\rho_0 \leftarrow E^H s$ ▷ Reconstruction au sens des moindres carrés
 - 2: **for** $n = 1$ **to** iterMax **do**
 - 3: $\rho_n \leftarrow \rho_{n-1} + E^H (s - E \rho_{n-1})$ ▷ Itération de Landweber
 - 4: $(U, S, V) \leftarrow SVD(\rho_n)$ ▷ Décomposition SVD
 - 5: **if** $S_i < \lambda S_{\max}$ **then**
 - 6: $S_i = 0$ ▷ Seuillage
 - 7: **end if**
 - 8: $\rho_n \leftarrow U S V^H$ ▷ Actualisation des images
 - 9: **end for**
-

Cette méthode a été testée sur le jeu de données présenté, et avec différents facteurs d'accélération et différents seuils correspondant à la suppression de différentes quantités de composantes. Les images ainsi reconstruites (figure 3.14) ont ensuite été comparées aux images de référence complètement échantillonnées via l'erreur moyenne quadratique (figure 3.15).

Cette méthode ne permet pas de converger vers les images complètement échantillonnées. On passe cependant d'une erreur relative de 23,4 % à 5,6 % pour un facteur d'accélération de 3. On observe également que pour chaque facteur d'accélération il

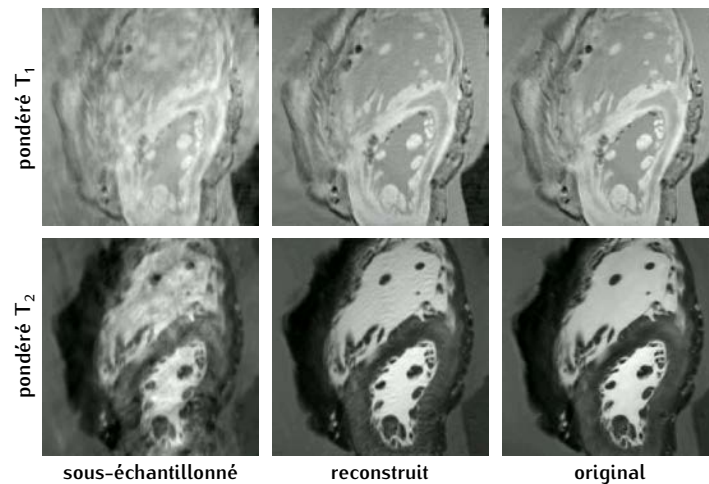


FIGURE 3.14: Résultats de la méthode de reconstruction multi-contraste basée sur la SVD avec un facteur d'accélération de 3

existe un paramètre optimal pour le seuillage. Cela signifie que les composantes supprimées lors du seuillage contiennent plus d'artéfacts que d'information. On notera que le temps d'exécution est inférieur à 3 s avec une simple implémentation *Matlab*.

Finalement, cette méthode exploite les informations redondantes partagées entre les différents contrastes afin de reconstruire efficacement des acquisitions multi-contraste sous-échantillonnées à l'aide d'un algorithme simple et rapide.

3.2.2.5 Reconstruction avec contrainte sur des gradients de la SVD

Dans la méthode de seuillage itératif de la SVD que nous venons de présenter, nous avons uniquement exploité l'idée qu'il existe des corrélations dans la variation des niveaux de gris d'une image à l'autre. Autrement dit, l'information peut être compressée, *i.e.* la majeure partie de l'information est contenue dans les composantes principales de la décomposition SVD et on gagne à perdre un peu d'information et surtout beaucoup de bruit en supprimant les composantes les moins importantes.

Nous n'avons donc pas exploité en tant que telle l'idée que l'anatomie visible dans les différents contrastes est la même. Nous rappelons que cette idée a déjà été exploitée dans la littérature, mais qu'elle s'accompagne toujours du réglage de plusieurs paramètres de régularisation – réglage qui constitue une étape fastidieuse de la reconstruction. Ici nous proposons de contraindre les gradients des images à être similaires, mais de façon adaptative et automatique, c'est-à-dire sans réglage de paramètre.

L'algorithme est le même que celui proposé précédemment pour le seuillage itératif de la SVD (algorithme 3.1) excepté que l'on remplace l'étape de seuillage des composantes principales S_i par une étape de lissage adaptatif des composantes U_i . Ce seuillage adaptatif se déroule en 3 étapes (figure 3.16) :

- Une carte similaire au *line process* est construite. La différence ici est que cette carte n'est pas construite à partir des différents contrastes ρ_i mais à partir des différentes composantes U_i . De plus, un poids plus important est accordé aux premières composantes. En effet on a vu que les premières composantes sont

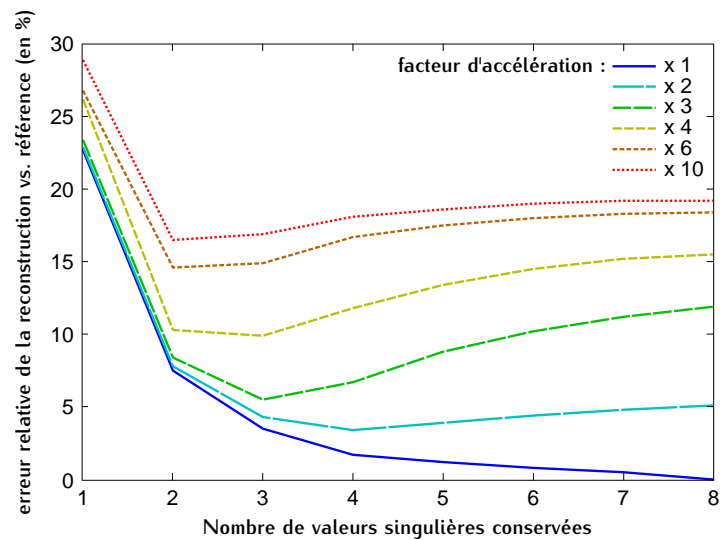


FIGURE 3.15: Analyse de l'impact du facteur d'accélération et du paramètre de seuillage sur les résultats de la méthode de reconstruction multi-contraste basée sur la SVD

relativement moins affectées par les artéfacts. Ces poids relatifs sont donnés par les $S_i / \sum_j S_j$ associés.

- On extrait de ces cartes une seconde carte indiquant la taille du noyau de lissage à utiliser localement. Pour cela, il faut détecter les maxima locaux puis, par une opération de dilatation, évaluer la distance de n'importe quel pixel avec le maximum local le plus proche. Cette distance correspond au rayon du noyau de lissage à utiliser. En effet, si l'on est très proche d'un gradient, il ne faut pas lisser sur une grande zone sinon on va combiner des informations ne correspondant pas à la même structure anatomique.
- On applique ensuite un lissage sur les composantes U_i avec une variation spatiale du noyau. Encore une fois les premières composantes sont moins fortement lissées que les dernières en utilisant leur poids relatif associé.

3.2.2.6 Comparaison avec l'état de l'art

Les deux méthodes proposées basées sur la SVD (seuillage et lissage adaptatif) ont été comparées à la méthode *line process* proposée dans la littérature. La figure 3.17 regroupe ces résultats.

Les principaux avantages et inconvénients de ces trois méthodes sont listés ci-dessous :

- **seuillage SVD** Le temps de reconstruction est extrêmement court. La méthode converge vers une solution relativement éloignée de la référence. La méthode n'est pas compatible avec la formulation standard du problème de reconstruction d'image
- **lissage SVD** Le temps d'exécution est relativement long. La méthode n'est pas compatible avec la formulation standard du problème de reconstruction

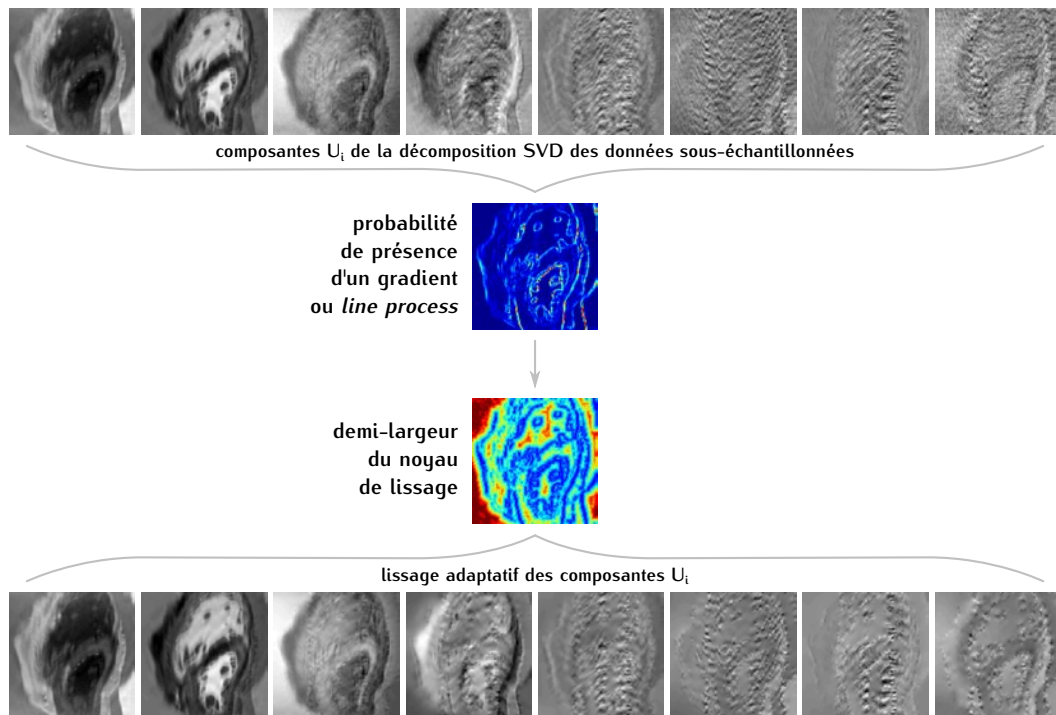


FIGURE 3.16: Lissage adaptatif des composantes de la SVD

d'image. L'utilisation dans un contexte 3D est plus difficile du fait de l'emploi de l'opérateur de dilatation

- **line process** Malgré une RMSE proche de celle obtenue avec la méthode de lissage SVD, le résultat visuel semble nettement moins bon. Les paramètres de la régularisation nécessitent d'être optimisés. La méthode est compatible avec la formulation standard de reconstruction d'image.

3.2.3 Debruitage d'images multi-contraste

Nous avons également appliqué les méthodes de reconstruction multi-contraste au problème de données complètement échantillonnées mais bruitées. Le même jeu de données a donc été utilisé excepté que le sous-échantillonnage rétrospectif a été remplacé par un ajout de bruit suivant une loi normale (sur la partie réelle et imaginaire).

Avec un bruit dont l'écart type est deux fois plus important que celui du bruit initial présent dans les images complètement échantillonnées, la reconstruction *line process* aboutit à une RMSE de 4,3 % contre 6,2 % avant reconstruction. Les méthodes proposées basées sur la SVD ne peuvent, par principe, pas fonctionner dans le cas de données complètement échantillonnées. Nous allons voir pourquoi.

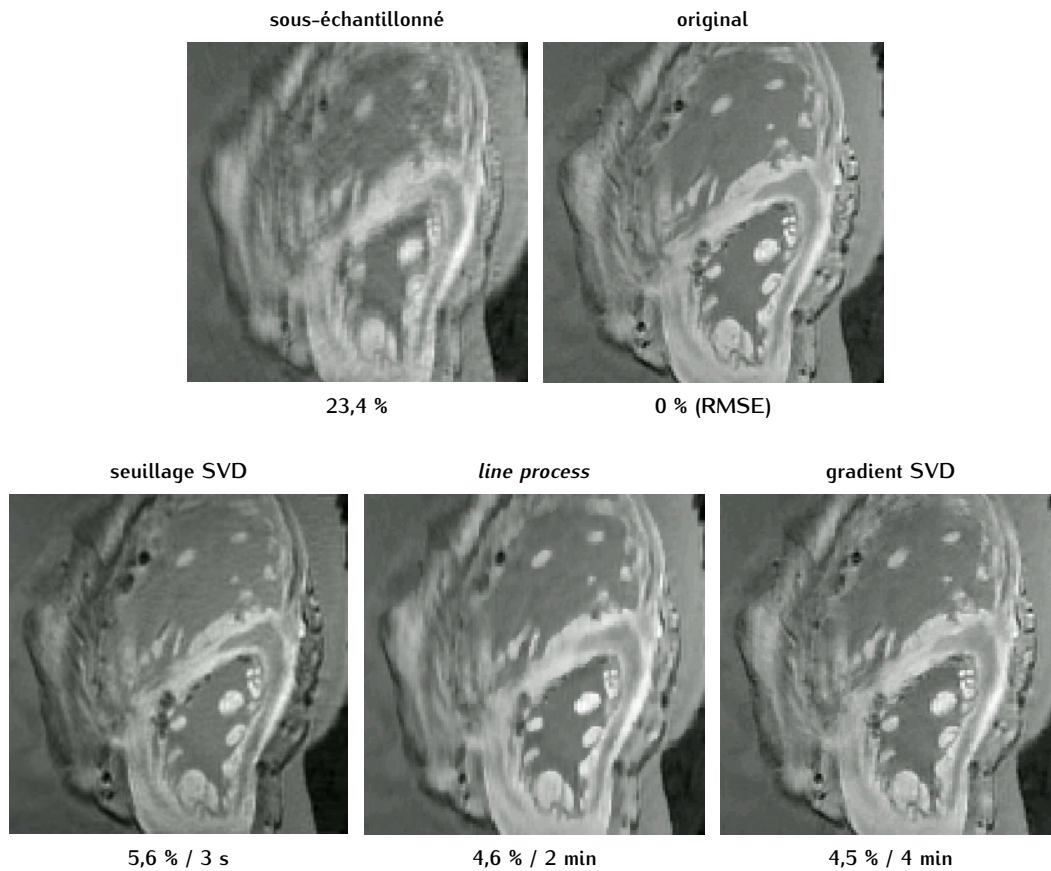


FIGURE 3.17: Comparaison des différentes techniques de reconstruction multi-contraste. Les erreurs relatives par rapport aux images de références ainsi que le temps de reconstruction sont indiqués pour les 3 méthodes de reconstruction.

3.2.3.1 Comprendre la différence entre données incomplètes et données corrompues

Dans le cas d'une acquisition sous-échantillonnée, le problème inverse posé par l'équation $s = E\rho = \xi F\sigma\rho$ est mal posé car il existe plusieurs solutions ρ concordant avec les données acquises s à travers l'opérateur d'encodage E . En effet, l'opération de sous-échantillonnage induite ici via l'opérateur ξ amène à un problème à m sorties et n inconnues avec $n > m$. Dans cette situation, la régularisation du type *line process* permet effectivement de contraindre la forme de la solution. Les méthodes de seuillage et de lissage itératives permettent elle aussi de progressivement transformer et contraindre la solution tout en restant consistant par rapport aux données acquises.

En revanche, dans le cas d'une acquisition complètement échantillonnée et qui présente des inconsistances de type bruit, le problème est là encore mal posé, mais cette fois c'est parce qu'il n'existe aucune solution. On ne peut donc que minimiser l'erreur de concordance avec les données acquises. Dans ce cas la régularisation va faire pencher la balance en faveur d'une solution qui est un compromis entre la minimisation de l'erreur de concordance et le respect de la contrainte de régularisation. En revanche avec les méthodes itératives qui ont été proposées, les deux étapes de

l'optimisation de chaque itération aboutissent à des solutions incompatibles. De ce fait, l'algorithme ne peut pas converger. Prenons le cas du seuillage de la SVD. Si l'on reprend le schéma proposé dans l'algorithme 3.1, après l'itération de Landweber (ou n'importe quelle méthode d'inversion du problème $s = E\rho$), la solution ρ_1 obtenue correspond, ou du moins s'approche, du minimum ρ_0 au sens des moindres carrés relativement aux données acquises. Ce minimum est en théorie unique car la fonction est convexe. Après la seconde étape de seuillage, cette solution est transformée en ρ_2 . Mais la solution va être systématiquement ramenée à la solution ρ_1 après la première étape dans l'itération suivante.

Ces comportements de la convergence dans les cas de non unicité et dans le cas de non convergence sont schématisés dans la figure 3.18 avec les deux types de méthodes : les méthodes du formalisme standard utilisant une régularisation et les méthodes itératives alternées.

Finalement, c'est surtout la formulation itérative alternée et non pas l'utilisation de la SVD qui limite la convergence de l'algorithme de débruitage.

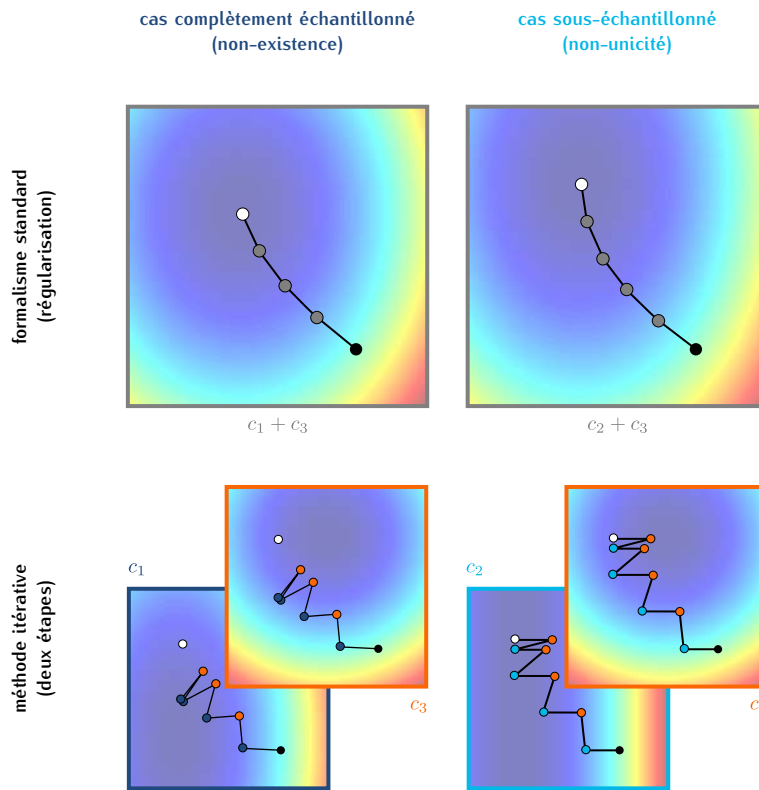
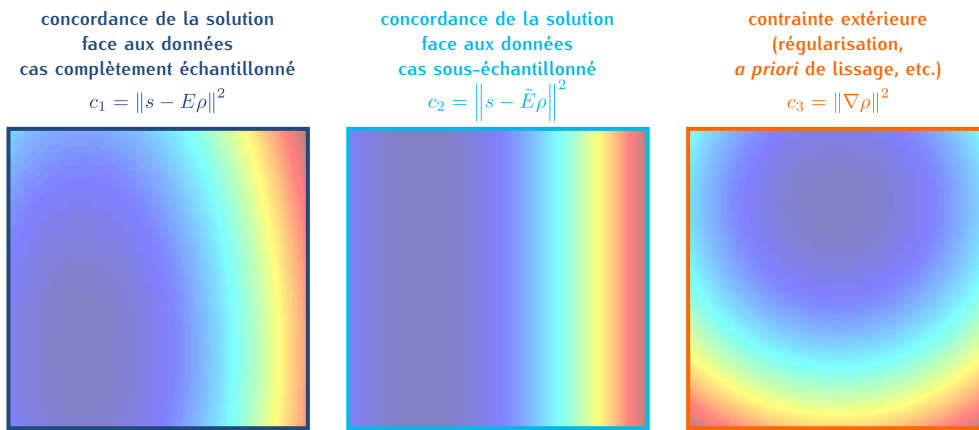
3.2.3.2 Parallèle avec la correction de mouvement

Les artéfacts de mouvement peuvent être assimilés à du bruit et sont très similaires aux artéfacts de repliement correspondant à un sous-échantillonnage. Si l'on considère la reconstruction d'images acquises en respiration libre en utilisant toutes les données comme dans GRICS, il est donc préférable d'utiliser une formulation standard comme celle du *line process*. En effet, on est alors dans un cas où les données sont complètement échantillonnées et présentent des inconsistances. Si l'on souhaite reconstruire différentes positions physiologiques on pourra choisir la méthode du lissage adaptatif. En effet, on est alors dans le cas où les données sont sous-échantillonnées avec un schéma pseudo aléatoire.

3.3 Discussion

Nous venons de présenter plusieurs méthodes (dont deux développées au cours de cette thèse) permettant de tirer parti des informations redondantes au travers de différents contrastes. Ces méthodes sont basées sur l'idée que le support réel de l'information contenue dans tous les contrastes est plus petit que la représentation classique utilisant plusieurs matrices images de taille $N \times N_c$. La transformation permettant de passer de la base classique à la base où le support est éparse peut être la décomposition en valeurs singulières SVD, la décomposition en ondelettes Φ , le gradient ∇ , la variation totale, *etc.*

Nous attirons l'attention du lecteur sur l'importance de l'échantillonnage aléatoire lors de l'acquisition. En effet, si l'échantillonnage n'est pas aléatoire, les inconsistances peuvent être cohérentes d'un contraste à l'autre et apparaître comme une information commune à garder voire à amplifier. Certaines publications ont même étudié le schéma de sous-échantillonnage aléatoire optimal pour ce type de reconstructions [26].



Légende :

- initialisation
- étape d'optimisation par rapport à c_x
- solution recherchée

FIGURE 3.18: Etude de la convergence des optimisations standard (haut) et alternées (bas), dans le cas d'un problème mal posé avec non existence de la solution (gauche) et non unicité de la solution (droite)

Correction de mouvement pour l'IRM multi-contraste

Dans la partie précédente nous avons envisagé le processus d'acquisition et de reconstruction comme un tout. Cependant cette représentation était simpliste ou représentative d'un cas idéal : il n'y avait aucun mouvement.

Or, on a vu que le processus d'acquisition en IRM est long à l'échelle d'une séquence et de l'examen entier. L'impact du mouvement ne peut donc pas être négligé.

C'est d'autant plus vrai lorsque l'on s'intéresse à l'analyse de l'information contenue dans le contraste. Ainsi, contraste et mouvement ne font pas bon ménage pour deux raisons principales :

- Lorsqu'un déplacement survient entre les acquisitions, en un point donné de la région d'intérêt, on n'observe plus nécessairement le même élément de tissu d'une image à l'autre. Cela n'a donc plus aucun sens d'analyser les différents contrastes transversalement. Un recalage est donc nécessaire au préalable.
- Dans le cas de la quantification, encore une fois les résultats seront vides de sens si ce n'est pas le même tissu que l'on observe d'un contraste à l'autre. Mais les artéfacts de mouvement sont eux aussi rédhibitoires puisque dans la quantification, le niveau de gris, à lui seul, est porteur de sens. Or ce dernier est perturbé par le mouvement. Il nous faut donc adapter la correction de mouvement GRICS à l'imagerie multi-contraste.

Dans ce chapitre, nous allons traiter la problématique de la correction de mouvement dans le cadre d'acquisitions multi-contrastes. Nous traiterons dans un premier temps le cas où l'on dispose d'un *a priori* sur l'évolution du contraste au sein du jeu de données. Nous traiterons ensuite le cas plus général d'un examen où n'importe quel contraste peut être utilisé, *i.e.* sans *a priori* sur le contraste. Dans les deux cas, nous supposons que le champ de vue reste le même tout au long de l'examen.

4.1 Correction de mouvement avec hypothèse sur le contraste

Nous nous intéressons ici à la correction de mouvement au sein d'un jeu de données qui a été acquis avec différents paramètres, induisant donc différents contrastes. De plus, on suppose que l'on connaît la façon dont ces paramètres ont été modifiés. Nous allons voir que la correction de mouvement dans ce cadre multi-contraste déterminé n'est qu'une généralisation du problème de reconstruction d'image que l'on a déjà étudié avec la reconstruction SENSE ou GRICS.

Complétion du modèle Revenons sur la notion de problème inverse rencontrée lors de la reconstruction d'image en IRM, *i.e.* la reconstruction de l'image à partir des données acquises dans l'espace de Fourier. On a vu que ce problème inverse devient mal posé lorsqu'un mouvement intervient car les données sont alors inconsistantes ; il n'y a pas existence de la solution. Une solution consiste donc à étendre la modélisation du système d'acquisition pour prendre en compte la survenue éventuelle de ce mouvement.

Le problème ainsi posé est là encore souvent mal posé ; cette fois c'est parce qu'il n'y a pas unicité de la solution (plusieurs mouvements pouvant aboutir à la même image finale par exemple).

A présent, si l'on cherche à reconstruire une image à partir de données multi-contraste, là encore le problème inverse devient mal posé. En effet, le changement de contraste constitue une inconsistance dans le jeu de données ; il n'y a donc pas existence de la solution. L'idée est donc analogue à celle proposée pour résoudre le mouvement. Il suffit d'ajouter dans la modélisation du système d'acquisition une étape qui décrit la variation du contraste. Lorsque l'on connaît la modification des paramètres d'acquisition et les principes physiques qui régissent l'obtention du signal, cette étape peut être complètement modélisée.

Partage de l'information Dans la correction de mouvement simple proposée dans la partie I, l'intérêt de la méthode GRICS était que l'optimisation du modèle de mouvement tirait parti de toutes les données acquises. En effet, les différentes positions physiologiques n'étaient pas reconstruites indépendamment. On ne reconstruisait qu'une image finale ainsi qu'un unique modèle de mouvement qui était paramétré par un signal physiologique externe. Les résultats étaient donc d'autant plus robustes que la quantité de données utilisées pour les obtenir étaient importantes.

Ici l'idée est la même. On ne souhaite pas reconstruire chaque image correspondant à chaque contraste indépendamment. On souhaite au contraire reconstruire une seule image que l'on qualifiera d'anatomique, et d'un modèle de contraste qui permettra de passer de l'image anatomique à chaque image pondérée réelle.

Les types de contrastes étudiés Nous étudierons cette correction du mouvement dans le cadre de 3 types de contrastes différents :

- imagerie pondérée T_2 . Cette méthode a été initialement proposée par Maélène Lohézic et a fait l'objet d'une collaboration avec cette dernière ainsi que de communications [LME⁺11].
- imagerie pondérée T_1 . Au cours de cette thèse, la méthode précédemment proposée pour l'imagerie pondérée T_2 a été adaptée à la pondération T_1 . Ces travaux ont fait l'objet d'une collaboration avec Hélène Clique ainsi que de communications [MCB⁺12a, CMC⁺12, MCB⁺12b].
- imagerie de perfusion. Cette méthode a été développée par Marina Filipovic *et al.* [72] et sera résumée ici.

4.1.1 T_2 GRICS

Il s'agit ici de corriger le mouvement qui survient au cours de l'acquisition de plusieurs séries présentant des contrastes différents mais tous du même type : pondéré T_2 . Il s'agit par exemple de plusieurs séquences FSE avec des temps d'échos effectifs TE_{eff} différents. La principale application clinique visée est l'évaluation robuste de l'œdème du myocarde en respiration libre.

4.1.1.1 Généralisation de l'opérateur d'encodage

Modèle de contraste C On rappelle que le signal obtenu suit l'équation du signal suivante (chapitre 3.1.1.1) :

$$\rho(x, y, t_i) = \rho_0(x, y) e^{-\frac{TE_i}{T_2(x, y)}} \quad (4.1)$$

Pour chaque instant t_i de l'acquisition, on connaît le temps d'écho TE_i réellement utilisé. On peut donc ajouter un opérateur de modélisation du contraste $C(TE_i)$ à la chaîne d'acquisition E pour décrire le processus d'acquisition réel complet. Ce modèle est donc unique et valable pour tout le jeu de données multi-contraste.

L'opérateur C est donc une matrice de taille $N \cdot N_c \times N$ avec N le nombre de pixels et N_c le nombre de contrastes. On notera que cet opérateur est linéaire par rapport à l'inconnue qu'est l'image pseudo-anatomique ρ_0 , mais n'est pas linéaire par rapport à la carte indiquant les temps de relaxation transversaux associés à chaque élément de tissu T_2 .

Opérateur d'échantillonnage de l'espace-k ξ Nous attirons l'attention du lecteur sur le fait que, avec différentes répétitions d'une séquence FSE avec différents temps d'échos effectifs TE_{eff} , on obtient à la fois une variation du contraste inter- et intra-acquisition. En effet, on a vu que la séquence FSE utilise un train d'échos permettant d'acquérir plusieurs lignes de l'espace-k à chaque TR, donc plus rapidement. Mais en contre-partie, ces échos correspondent à différents temps d'échos réels.

Il nous faudra donc adapter l'opérateur d'échantillonnage dans le domaine de Fourier ξ . A présent, il décrit pour chaque acquisition r , et pour chaque temps d'écho TE_i que l'on peut rencontrer, quelles lignes de l'espace-k ont été acquises ξ_{r, TE_i} .

Finalement, l'opérateur E est une matrice de taille $N \cdot N_c \cdot N_\sigma \cdot 1/R \times N$ et peut être décrit de la façon suivante (figure 4.1) :

$$s = E\rho_0 = \xi F \sigma W C \rho_0 \quad (4.2)$$

4.1.1.2 Optimisation à trois inconnues

Optimisation alternée itérative Le problème qui est posé ici est un problème à trois inconnues :

$$\text{Trouver } (\rho_0, T_2, \alpha) \text{ tel que } (\rho_0, T_2, \alpha) = \underset{\rho_0, T_2, \alpha}{\text{argmin}} \|s - E(T_2, \alpha) \rho_0\|^2 \quad (4.3)$$

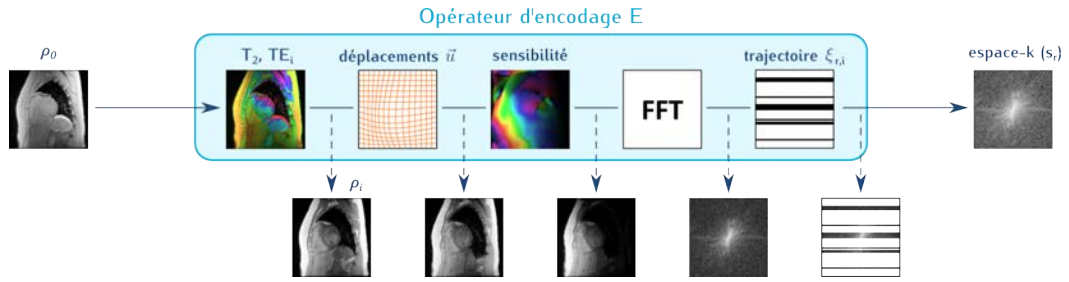


FIGURE 4.1: Opérateur d'encodage généralisé incluant la variation de contraste et le mouvement

De la même manière que le problème avait été découpé en deux sous-problèmes inverses couplés dans GRICS, ici, le problème va être découpé en trois sous-problèmes inverses couplés :

$$\begin{aligned}
 \text{GRICS} & \begin{cases} s = E(\alpha) \rho \\ s - E(\alpha) \rho = R(\rho, \alpha) \delta \alpha \end{cases} \\
 \Downarrow & \\
 T_2\text{-GRICS} & \begin{cases} \forall c, s_c = E(\alpha) \rho_c \\ \rho = C(T_2) \rho_0 \\ s - E(T_2, \alpha) \rho_0 = R(\rho_0, T_2, \alpha) \delta \alpha \end{cases} \quad (4.4)
 \end{aligned}$$

Il s'agit donc de résoudre de manière itérative et alternée les trois problèmes inverses posés :

- Le premier système permet de reconstruire les N_c images correspondant aux différents contrastes de manière indépendante avec la même formulation que celle du premier système couplé de GRICS.

$$\forall c \quad \rho_c = \underset{\rho_c}{\operatorname{argmin}} \|s_c - E(\alpha) \rho_c\|^2 + \lambda \|\rho_c\|^2 \quad (4.5)$$

Puisque chacune de ces reconstructions est basée sur le même modèle de mouvement, les images ainsi obtenues devraient donc être toutes reconstruites dans la même position physiologique de référence (correspondant aux signaux physiologiques nuls). On notera également que chacune de ces reconstructions indépendante constitue un problème très mal conditionné puisque pour chacune contraste, l'acquisition n'est pas répétée.

- Le second système couplé permet d'obtenir l'image pseudo-anatomique ρ_0 ainsi que la carte de T_2 quantifiée. Pour cela, on peut s'appuyer sur les images obtenues à l'étape précédente et effectuer une régression linéaire. Un terme de régularisation peut également être ajouté afin de contraindre la carte à être

lisse par exemple. Ainsi, au lieu d'effectuer une régression linéaire pixel par pixel indépendamment, on tire parti du signal des pixels voisins.

$$(\ln(\rho_0), 1/T_2) = x = \underset{x}{\operatorname{argmin}} \|b - Qx\|^2 + \lambda \|\nabla x\|^2$$

$$\text{avec } b = \begin{pmatrix} \ln(\rho_1) \\ \vdots \\ \ln(\rho_{N_c}) \end{pmatrix} \text{ et } Qx = -TE/T_2 + \ln(\rho_0) \quad (4.6)$$

- L'image pseudo-anatomique ρ_0 est donc obtenue à partir de plusieurs images ρ_c résultant de l'inversion de problèmes mal conditionnés. Aussi, l'étape de régression devrait permettre de compenser les défauts de chacune de ces images puisqu'il s'agit d'une minimisation au sens des moindres carrés s'appuyant sur l'ensemble des images. Cependant, maintenant que l'on dispose d'une estimation de la carte T_2 , on peut ajouter ici une étape de reconstruction reprenant la chaîne d'acquisition complète et s'appuyant sur l'ensemble des données acquises. Cela permet d'obtenir une estimation de l'image ρ_0 plus robuste.

$$\rho_0 = \underset{\rho_0}{\operatorname{argmin}} \|s - E(T_2, \alpha) \rho_0\|^2 + \lambda \|\rho_0\|^2$$

$$\text{avec } E(T_2, \alpha) = \xi F \sigma W(\alpha) C(T_2) \quad (4.7)$$

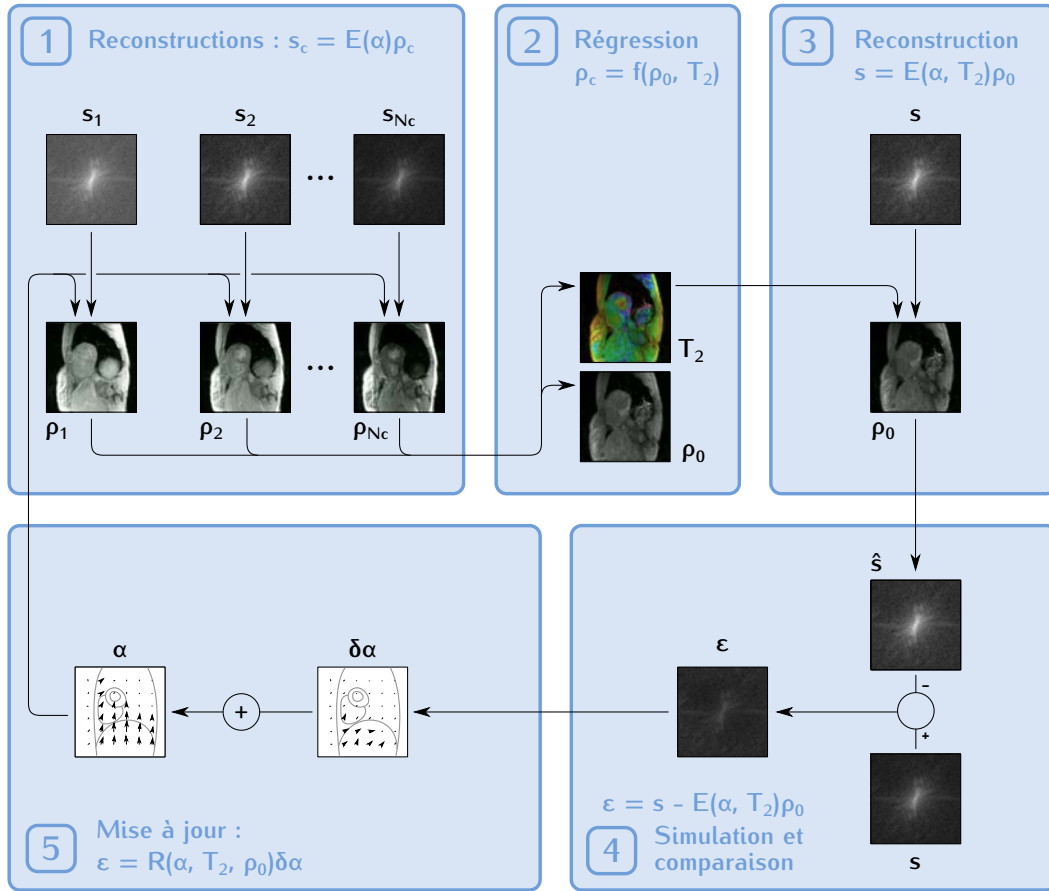
- Le dernier système permet d'obtenir l'erreur sur le modèle de mouvement $\delta\alpha$ en comparant les données réellement acquises s avec les données que l'on aurait pu obtenir avec l'image pseudo-anatomique ρ_0 , la carte T_2 et le modèle de mouvement α . On émet donc ici l'hypothèse que cette erreur est uniquement due à une erreur sur la modélisation du mouvement. Il s'agit donc d'une formulation similaire à celle du deuxième système couplé de la méthode GRICS classique. La seule différence est l'ajout du modèle de contraste dans la chaîne d'acquisition et donc dans R .

$$\delta\alpha = \underset{\delta\alpha}{\operatorname{argmin}} \|(s - E(T_2, \alpha) \rho_0) - R(\rho_0, T_2, \alpha) \delta\alpha\|^2 + \mu \|\nabla(\alpha + \delta\alpha)\|^2$$

$$\text{avec } R(\rho_0, T_2, \alpha) = \xi F \sigma(-\nabla) W(\alpha) C(\rho_0, T_2) \quad (4.8)$$

Algorithme final L'optimisation alternée itérative que l'on vient de décrire est résumée dans la figure 4.2. Cette boucle d'optimisation est à la méthode T_2 -GRICS ce que la boucle d'optimisation présentée dans la figure 2.25 est à la méthode classique GRICS. Tout comme pour l'algorithme GRICS classique, cette méthode d'optimisation alternée itérative constitue une étape de stratégie multi-résolution permettant la convergence du modèle de mouvement (l'équation du flux optique n'est valide que si l'on dispose d'une première estimation du mouvement suffisamment proche de la réalité).

Variante Nous proposons ici une méthode alternative pour l'optimisation simultanée de l'image pseudo-anatomique ρ_0 et de la carte T_2 . Cette étape pourrait ainsi

FIGURE 4.2: Optimisation alternée itérative de la méthode T_2 -GRICS

remplacer les trois premières étapes de la méthode proposée par Lohéziec et al. décrite ci-dessus, à savoir la reconstruction indépendante des images pondérées, la régression linéaire, et la reconstruction généralisée de l'image pseudo-anatomique. On notera que cette méthode n'a pas été testée et constitue une perspective de cette étude.

On a vu que la relation entre l'image pseudo-anatomique ρ_0 et les données acquises s est bien linéaire (au travers de l'opérateur E). En revanche, la relation n'est pas linéaire entre la carte T_2 et les données acquises s . L'idée consiste donc à écrire le développement limité de l'équation décrivant la chaîne d'acquisition. Cette idée a déjà été proposée dans l'annexe B.4 pour reformuler le problème de GRICS.

Ainsi, le développement limité de ρ s'écrit :

$$\delta\rho = \frac{\partial\rho}{\partial\rho_0}\delta\rho_0 + \frac{\partial\rho}{\partial T_2}\delta T_2 \quad \text{avec} \quad \begin{cases} \frac{\partial\rho}{\partial\rho_0} = e^{-\frac{TE}{T_2}} \\ \frac{\partial\rho}{\partial T_2} = \rho \frac{TE}{T_2^2} \end{cases} \quad (4.9)$$

Finalement, on peut écrire le problème de la reconstruction de (ρ_0, T_2) sous forme d'un problème inverse linéaire.

$$\begin{aligned}
\epsilon &= s - E(T_2, \alpha) \rho_0 \\
&= \xi F \sigma W(\alpha) \begin{pmatrix} \frac{\partial \rho}{\partial \rho_0} & 0 \\ 0 & \frac{\partial \rho}{\partial T_2} \end{pmatrix} \cdot \begin{pmatrix} \delta \rho_0 \\ \delta T_2 \end{pmatrix} \\
&= Q(\rho_0, T_2, \alpha) \begin{pmatrix} \delta \rho_0 \\ \delta T_2 \end{pmatrix}
\end{aligned} \tag{4.10}$$

On pourrait alors initialiser le couple (ρ_0, T_2) avec une régression linéaire puis effectuer l'optimisation alternée du système couplé suivant :

$$\begin{cases} \epsilon = Q(\rho_0, T_2, \alpha) \begin{pmatrix} \delta \rho_0 \\ \delta T_2 \end{pmatrix} \\ \epsilon = R(\rho_0, T_2, \alpha) \delta \alpha \end{cases} \tag{4.11}$$

4.1.1.3 Matériel & méthode

Cette méthode a été testée sur des volontaires sains sur les deux imageurs dont dispose le laboratoire IADI (1,5 T et 3 T). Une étude clinique nommée ARTEMIS (*Assessment of Relaxation Times using Motion-compensated Iterative Scheme*) est également en cours à 1,5 T sur des sujets ayant subis une greffe cardiaque. Le protocole qui a été employé reste le même. Nous résumons dans ce qui suit ce protocole ainsi que les résultats qui ont été obtenus sur la cohorte de volontaires sains à 1,5 T. Cependant, nous invitons le lecteur à se reporter aux communications de Lohéziec et al. [LME⁺11][90] pour de plus amples détails sur la validation de cette méthode de correction de mouvement pour la quantification T_2 .

Sujets La cohorte est composée de 11 volontaires sains (6 hommes, âge : 27.9 ± 9.5 ans, poids : 70.0 ± 9.0 kg, taille : 1.76 ± 0.08 m).

On rappelle que l'objectif de cette étude est l'obtention d'une carte de quantification T_2 en respiration libre. Ces cartes sont particulièrement indiquées dans le suivi des pathologies diffuses du myocarde comme l'œdème. La caractérisation de cet œdème diffus est par exemple un très bon indicateur de l'état éventuel de rejet du greffon cardiaque [91], et permet donc l'ajustement adapté du traitement anti-rejet. C'est pourquoi la cohorte ARTEMIS se compose, elle, de 9 greffés cardiaques.

Jeu de données Les données ont été acquises avec un IRM 1,5 T (Signa HDxt, General Electric).

Deux séries de 10 séquences FSE avec annulation du sang ont été acquises, la première en apnée, la seconde en respiration libre. Le train d'échos comportait ETL = 16 échos avec un espacement inter-écho ESP = 5 ms. Au sein de chaque série, le TE_{eff} variait entre 10 ms et 80 ms. Les séquences ont été synchronisées sur l'ECG en visant la diastole. Le TR couvrait 2 cycles RR afin de permettre une repousse suffisante du signal à chaque fin de répétition, et ainsi assurer une indépendance de la mesure face au T_1 . La coupe était positionnée de façon à présenter une orientation petit-axe

médian. La matrice choisie était de taille 256×256 en respiration libre et 128×128 en apnée, correspondant à des temps d'acquisition de 32 s et 16 s pour un rythme cardiaque de 60 bpm. Les signaux physiologiques provenant de deux ceintures respiratoires (positionnements thoracique et abdominal) ont été enregistrés de manière synchrone pour les acquisitions en respiration libre.

Reconstruction Une image pseudo-anatomique ρ_0 et une carte T_2 ont été reconstruites avec l'algorithme T_2 -GRICS à partir des données acquises en respiration libre. A partir de là, les images pondérées- T_2 ρ_i correspondant aux différents $TE_{eff,i}$ ont été reconstruites.

Post-traitement Les images pseudo-anatomiques ρ_0 et les cartes T_2 ont également été calculées avec une régression non linéaire (Levenberg-Marquardt) pixel par pixel à partir des données acquises en apnée et des données acquises en respiration libre (reconstruction naïve sans correction de mouvement). Au préalable, les acquisitions en apnées ont été recalées entre elles afin de corriger les décalages pouvant provenir des différentes positions adoptées dans les 10 apnées successives.

Des quantifications régionales ont également été réalisées sur les 6 segments décrits dans la circulaire de l'AHA [92] (figure 4.3) à partir des trois jeux de données finaux : respiration libre, corrigés en mouvement et apnée. Cette étape a nécessité au préalable le contourage manuel de l'endocarde et de l'épicarde par un opérateur expérimenté.

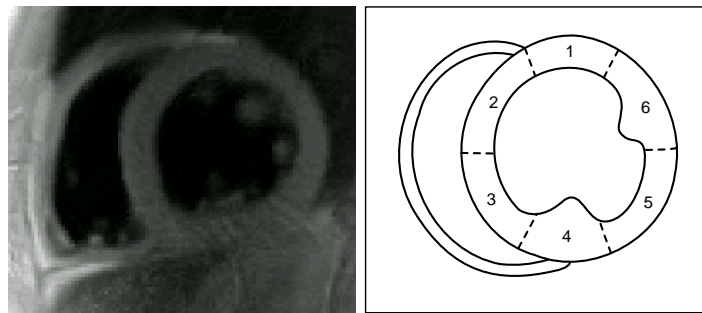


FIGURE 4.3: Définition des 6 segments du myocarde dans l'orientation petit axe selon l'AHA

Critères d'évaluation Les trois jeux de données ont été évalués au travers des critères suivants :

- Réduction des artéfacts de mouvement (T_2 -GRICS *vs.* respiration libre)
- La difficulté de recalage (apnée)
- La difficulté de segmentation (T_2 -GRICS *vs.* apnée)
- L'impact de la correction de mouvement sur la quantification T_2

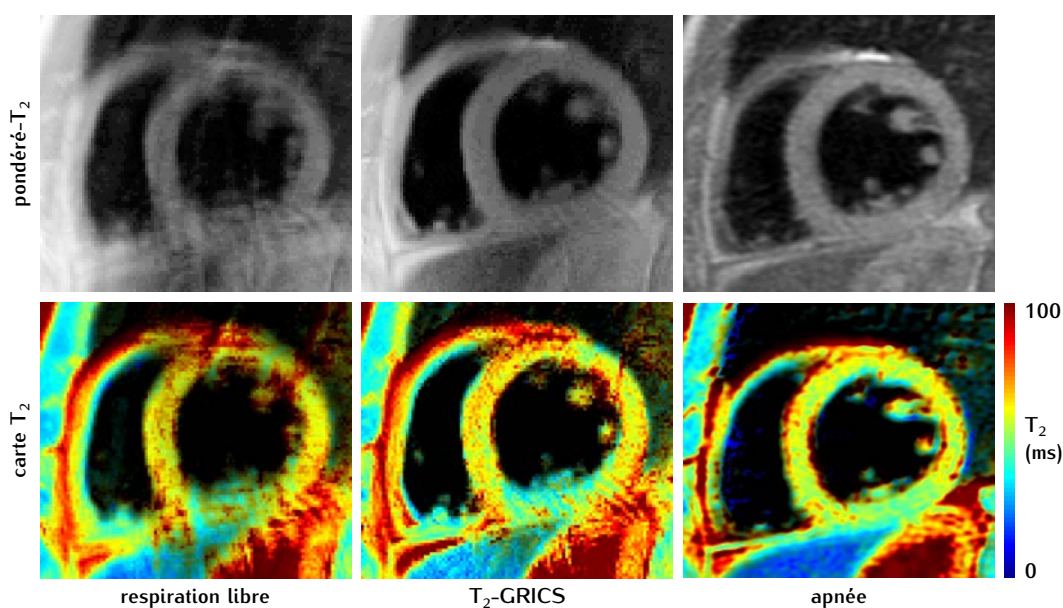


FIGURE 4.4: Comparaison respiration libre / T_2 -GRICS / apnée

4.1.1.4 Résultats

Réduction des artefacts de mouvement Les images reconstruites sans correction de mouvement montrent la présence d'artefacts de mouvement. Les segments 2, 4 et 5 sont les segments les plus touchés du fait de la physiologie du mouvement respiratoire et du schéma d'encodage dans l'espace-k.

Les résultats obtenus montrent une réduction nette des artefacts de mouvements après la reconstruction T_2 -GRICS incluant une correction de mouvement. On notera cependant la présence d'artefacts de mouvement résiduels.

D'autre part, les images reconstruites à partir des acquisitions en respiration libre sont plus nettes que les images acquises en apnée. En effet, en respiration libre, le temps d'acquisition n'est plus limité et des résolutions plus élevées deviennent ainsi accessibles.

Auto-recalage Les images pondérées- T_2 obtenues avec T_2 -GRICS sont, par construction, toutes parfaitement recalées entre elles. En revanche les images acquises en apnée nécessitent d'être recalées du fait de la non-reproductibilité des apnées successives. Si un recalage rigide est souvent suffisant, un recalage non rigide pourrait dans certains cas être bénéfique à la quantification.

Facilité de segmentation L'opérateur expérimenté a noté que le processus de contourage de l'endocarde et de l'épicarde est plus aisé sur les images reconstruites que sur les images en apnée. Notamment, les distinctions souvent ambiguës entre respectivement, le myocarde et les trabéculations, entre le ventricule gauche et le ventricule droit, ou encore entre le myocarde et l'épicarde sont améliorées.

Impact sur la quantification Les valeurs régionales de T_2 obtenues après correction de mouvement ne montrent pas de différence significative par rapport aux données

acquises en apnée. Comparée aux données avant correction de mouvement, la reconstruction T_2 -GRICS réduit l'écart-type des valeurs de T_2 mesurées ainsi qu'une répartition plus homogène sur l'ensemble du myocarde.

4.1.1.5 Discussion

Auto-recalage ? On a vu que les images pondérées obtenues avec la correction de mouvement sont intrinsèquement recalées puisqu'elles sont reconstruites à partir d'une seule image pseudo-anatomique. Mais n'est-ce pas une position résultant d'un moyennage de plusieurs positions ? Dans l'algorithme T_2 -GRICS, le modèle de mouvement est optimisé de manière commune pour les différents TE, ce qui devrait permettre de reconstruire les différentes images dans la même position physiologique à l'étape 1 (voir figure 4.2). Par la suite, l'image pseudo-anatomique ρ_0 qui est reconstruite aux étapes 2 et 3 devrait correspondre à cette même position anatomique. Cependant, nous attirons l'attention du lecteur sur le point suivant : un seul et même modèle de mouvement peut apparaître comme valide pour la reconstruction d'images dans des positions légèrement différentes de celle dans laquelle le modèle de mouvement est auto-calibré. Ainsi, à la fin de l'étape 1, les différentes images obtenues peuvent présenter des décalages résiduels entre elles. Ceci pourrait être évité s'il y avait une redondance d'information à l'étape 1, mais l'on ne dispose que d'un seul espace-k par contraste à reconstruire.

Atténuation des artéfacts de mouvement lors de la régression Si la quantification peut être perturbée par les artéfacts de mouvement, elle peut aussi avoir un effet de minimisation de ces derniers. En effet, si l'on considère les artéfacts de mouvement comme un processus aléatoire qui vient bruite le signal de la courbe du signal présentant la décroissance T_2 recherchée, et si l'on dispose de suffisamment d'échantillons, alors l'impact du mouvement sur la quantification devrait être minimisé. Cet effet peut être observé lorsque l'on compare sur les données acquises en respiration libre sans correction de mouvement une image pondérée et la carte T_2 . Cependant, cet effet reste léger. Il faut bien noter que l'on ne dispose que de 10 échantillons par courbe de régression et que le bruit n'est pas une perturbation aléatoire. Ceci est principalement le fruit d'une trajectoire d'échantillonnage régulière dans l'espace-k.

Impact de la trajectoire dans l'espace-k La seule contrainte de trajectoire pour une séquence FSE est de faire en sorte que les lignes centrales soient acquises avec le temps d'écho égal au TE_{eff} . En pratique, la séquence dont on dispose acquiert un peigne régulier de lignes dans l'espace-k à chaque train d'échos et décale progressivement ce peigne pour couvrir tout l'espace-k. Or au sein d'un train d'écho, la position physiologique varie peu. Cette trajectoire consiste donc finalement à sous-échantillonner régulièrement différentes positions, elles aléatoires, mais avec des schémas d'échantillonnage similaires. Ce qui signifie que les artéfacts de mouvement vont être similaires aux artéfacts de sous-échantillonnage, c'est-à-dire toujours au même endroit de l'image et avec des formes similaires. Ainsi on obtient des artéfacts constructifs au lieu d'artéfacts qui se seraient dispersés si l'échantillonnage avait été plus aléatoire.

De plus, avec ce type d'échantillonnage, si, dans les espaces-k correspondant à deux contrastes, une même ligne est acquise dans la même position physiologique,

alors cela signifie que toutes les autres lignes du train d'écho sont aussi les mêmes et correspondent à la même position physiologique. Ceci est mauvais pour le conditionnement du problème. Encore une fois, un échantillonnage aléatoire améliorerait statistiquement le conditionnement du problème.

Impact de la variabilité RR Afin d'éliminer le mieux possible l'impact du T_1 dans le contraste des images obtenues, le TR a été fixé à 2 RR. Cependant des études [83] ont montré que la variation RR pouvait induire une erreur de mesure résiduelle. Néanmoins, l'acquisition en respiration libre joue ici en notre faveur puisqu'elle induit moins de variations RR qu'une apnée. De plus, il a été montré que les sujets ayant subi une greffe cardiaque (population visée par cette méthode) présentent moins de variation RR que les sujets sains.

Il n'est cependant pas inutile de s'intéresser à cette compensation T_1 . En effet, si l'on disposait d'une telle méthode, on pourrait réduire le TR à un seul RR et ainsi accélérer les acquisitions par un facteur 2. Cette réflexion va donc encore une fois en faveur d'une conception multi-contraste de l'examen entier.

Instabilité de la méthode La principale limitation de cette méthode est son instabilité. Cette instabilité a trois causes principales :

- **Conditionnement** Le problème est mal conditionné. Notamment, la première étape de l'algorithme qui consiste à reconstruire une image par espace-k acquis est très mal conditionnée puisque le problème n'est pas sur-déterminé par la répétition de l'acquisition. Les étapes suivantes, elles, sont mieux conditionnées puisqu'elles utilisent l'ensemble des données et les traitent avec un modèle généralisé.
- **Validité du modèle de contraste** Le modèle de contraste est basé sur la connaissance *a priori* de la séquence qui est jouée et de ses paramètres. Si ce modèle est faux, la deuxième et la troisième étape de l'algorithme peuvent converger vers des solutions aberrantes du point de vue physique bien que ces étapes soient bien conditionnées comme on a pu le voir. Une source d'erreur par exemple, peut être la mauvaise estimation de l'angle de l'impulsion de refocalisation de la séquence FSE ou encore les inhomogénéités des champs B_0 et B_1 [93]. Une autre source d'erreur peut être la variabilité du TR utilisé, TR supposé très grand dans le modèle.
- **Amplification du bruit** L'optimisation alternée à trois inconnues tend à propager et amplifier le bruit. Prenons par exemple l'étape d'optimisation du modèle de mouvement. Cette étape est basée sur l'hypothèse que l'erreur qui persiste entre les données acquises et les données simulées avec les estimations courantes (ρ_0, T_2, α) est uniquement le fruit d'une erreur commise sur le modèle de mouvement α . Or on vient de voir que le mauvais conditionnement de la première étape peut aboutir à une mauvaise estimation des ρ_i , puis que la quantification T_2 qui en découle peut être en plus erronée par un mauvais modèle de contraste. Finalement, l'optimisation du modèle de mouvement va être affectée par les erreurs commises aux étapes précédentes. Ensuite cette erreur

sera répercutée sur l'estimation des images à l'itération suivante et ainsi de suite.

Néanmoins, la variante de formulation proposée précédemment devrait permettre de stabiliser la méthode.

4.1.2 T_1 GRICS

Il s'agit ici de corriger le mouvement qui survient au cours de l'acquisition de plusieurs séries présentant des contrastes différents mais tous du même type : pondéré T_1 . Il s'agit par exemple de plusieurs séquences FSPGR avec des angles de bascule θ différents. La principale application clinique visée est l'évaluation robuste de la fibrose du myocarde en respiration libre.

4.1.2.1 Adaptation à partir de T_2 GRICS

Cette nouvelle méthode, appelée T_1 -GRICS, est l'adaptation pure et simple de la méthode T_2 -GRICS que l'on vient de présenter.

On pourra noter les modifications suivantes :

- Le modèle de contraste doit être adapté. On rappelle (voir chapitre 3.1.1.6) que l'équation du signal peut être modélisée comme indiqué ci-dessous :

$$\rho = \rho_0 E_2 \sin \theta \frac{1 - E_1}{1 - E_1 \cos \theta} \quad \text{avec} \quad E_1 = e^{-\frac{TR}{T_1}}, E_2 = e^{-\frac{TE}{T_2}} \quad (4.12)$$

La formulation linéarisée à été utilisée pour l'étape de quantification T_1 .

- L'opérateur ξ traduisant la trajectoire échantillonnée dans l'espace-k est plus simple que dans T_2 -GRICS. En effet, à présent, avec la séquence FSPGR, un seul angle de bascule, *i.e.* un seul contraste, est utilisé à chaque séquence. Auparavant, avec la séquence FSE, plusieurs TE , *i.e.* plusieurs contrastes, étaient utilisés pour chaque séquence. Ici, on est donc sûr de disposer de l'échantillonnage de l'ensemble de l'espace-k pour chaque contraste.
- On a vu que l'un des intérêts de la méthode de variation des petits angles pour la quantification T_1 est qu'elle permet l'acquisition relativement rapide d'un volume. Nous avons donc utilisé la formulation 3D de GRICS et notamment la régularisation adaptative basée sur la résolution du mouvement uniquement sur les nœuds d'une grille irrégulière (voir chapitre 2.3.2). On notera que si l'acquisition est relativement rapide pour une acquisition volumique, elle reste difficile puisque dépassant la trentaine de secondes pour chaque angle de bascule. Une étude antérieure [50] utilisant la méthodes de variation des petits angles nécessitait par exemple l'utilisation d'une double synchronisation évoluée. On voit donc bien ici l'intérêt de corriger le mouvement.

4.1.2.2 Matériel & méthode

L'algorithme T_1 -GRICS a été testé et validé sur fantôme [MCB⁺12b] et sur volontaire sain.

Objet test Le fantôme était constitué de 8 tubes contenant une solution de gadolinium à différentes concentrations allant de 0 à $0,875 \text{ mmol.L}^{-1}$. Les tubes étaient fixés dans un récipient rempli d'eau. Le fantôme était ensuite fixé sur une plateforme mobile dont le mouvement pouvait être monitoré et enregistré. On notera que le volume était orienté de façon à ce que le mouvement du fantôme présente une composante parallèle et perpendiculaire aux plans de coupe (figure 4.5).

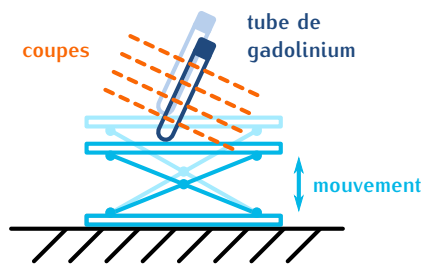


FIGURE 4.5: Animation de l'objet test pour la validation de T_1 -GRICS

Volontaires sains La méthode a également été testée sur 2 volontaires sains. Un capteur ECG a été utilisé afin de synchroniser l'acquisition sur la diastole et les signaux de ceintures respiratoires ont été enregistrés.

Jeu de données A 3 T, deux jeux de données ont été acquis, le premier sans mouvement (fantôme) ou en synchronisation respiratoire (volontaire sain), le second avec mouvement en utilisant la plateforme mobile pour le fantôme ou en respiration libre chez les volontaires. Chaque jeu de données comportait 3 séquences FSPGR avec trois angles de bascule $\theta = [2, 5, 11^\circ]$. De plus, chaque acquisition a été répétée 3 fois en respiration libre. Les paramètres de la séquence étaient les suivants : $TE = 3.3 \text{ ms}$, $TR = 6.7 \text{ ms}$, taille de la matrice = $256 \times 256 \times 16$ (fantôme), $128 \times 128 \times 20$ (volontaire).

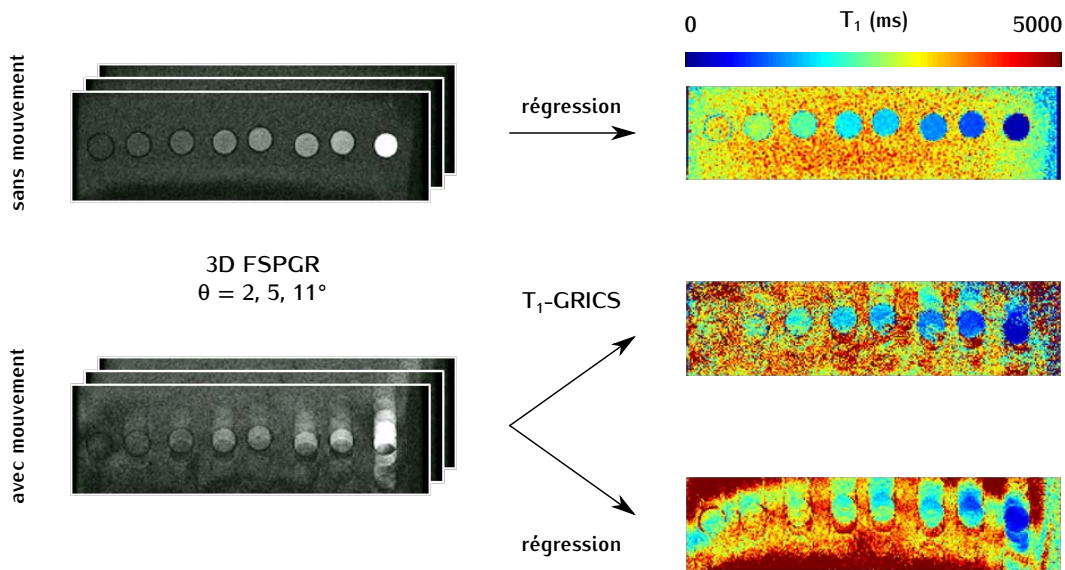
Deux séquences EPI ($\theta_1/\theta_2=60/120^\circ$ et $120/240^\circ$) étaient également acquises en apnée sur une des coupes dans le but de reconstruire une carte de B_1 avec la méthode des doubles angles [94].

Reconstruction Un volume pseudo-anatomique ρ_0 ainsi qu'une carte T_1 3D ont été reconstruits à partir des données en mouvement avec l'algorithme T_1 -GRICS.

Analyse Les cartes T_1 ont également été calculées en utilisant une régression linéaire voxel par voxel à partir des volumes acquis avec et sans mouvement (reconstruction naïve sans correction de mouvement). Une correction B_1 a ensuite été appliquée aux trois cartes T_1 en suivant la méthode proposée par Chen *et al.* [94]. Une analyse de la moyenne et de l'écart type obtenus par région d'intérêt a ensuite été effectuée (tubes ou segments AHA).

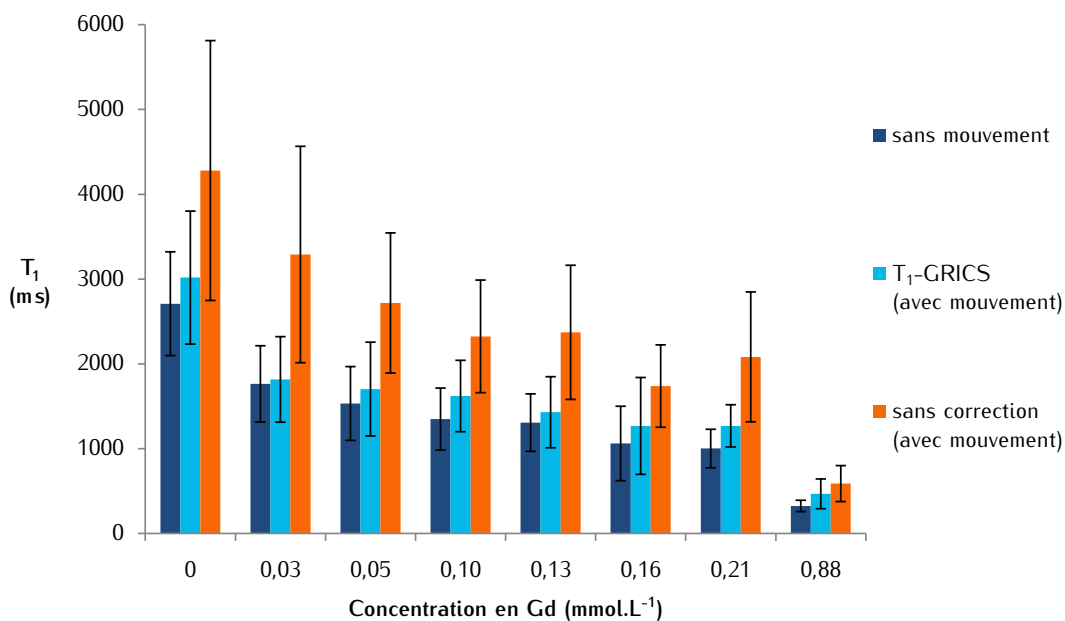
4.1.2.3 Résultats

Sur fantôme Les valeurs de T_1 obtenues sans correction de mouvement sont systématiquement surestimées par rapport à celles obtenues sans mouvement (référence)

FIGURE 4.6: Résultat de l'algorithme T_1 -GRICS sur fantôme

(figures 4.6 et 4.7). Ainsi, la quantification T_1 peut être corrompue par le T_1 du milieu environnant du fait des artefacts de mouvement (environnement proche via les artefacts de flou et environnement plus éloigné dans la direction de la phase via les artefacts de repliement dus au mouvement). En effet, l'eau qui entoure les tubes a un T_1 élevé.

Les valeurs de T_1 obtenues avec T_1 -GRICS sont significativement différentes ($p < 0,001$) de celles obtenues avant correction de mouvement et sont concordantes avec celles obtenues sans mouvement. La méthode T_1 -GRICS permet donc d'améliorer la précision de la quantification T_1 lorsqu'un mouvement survient pendant l'acquisition.

FIGURE 4.7: Résultat de l'algorithme T_1 -GRICS sur fantôme (analyse par région d'intérêt)

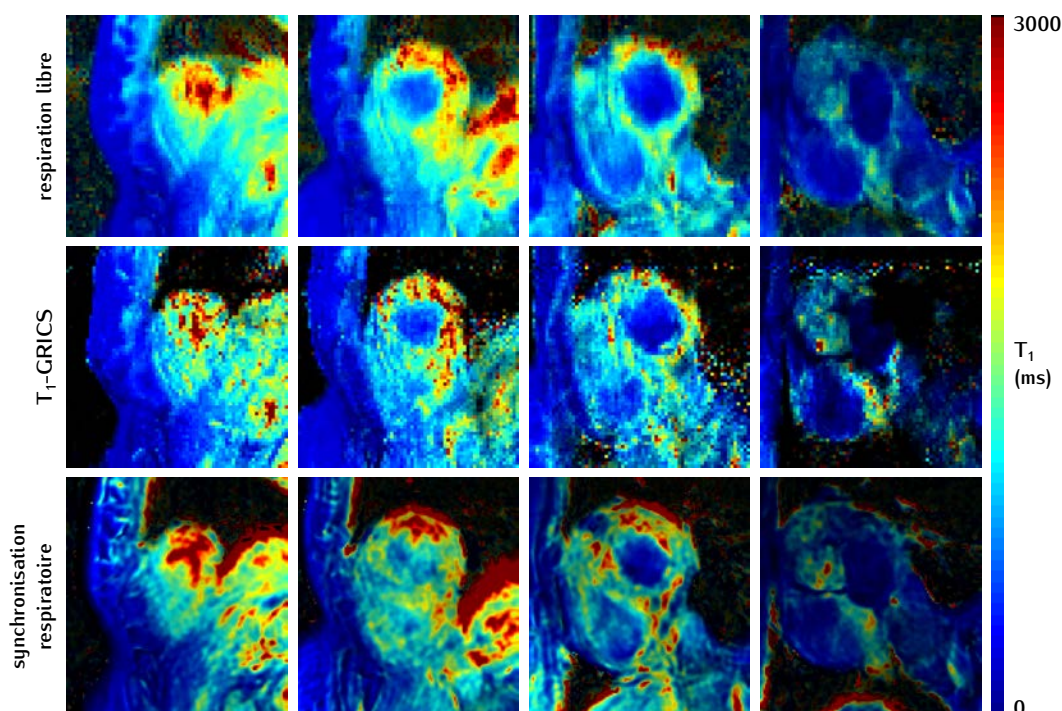


FIGURE 4.8: Résultat de l'algorithme T_1 -GRICS sur volontaire sain. Nous avons représenté ici 4 coupes avec une orientation petit axe, extraites des cartes 3D reconstruites.

Sur volontaire sain Les cartes obtenues sur le premier volontaire sont présentées dans la figure 4.8.

La qualité des images qui devraient nous servir de référence, c'est-à-dire les images obtenues en double synchronisation, est très médiocre. La quantification T_1 fait en effet apparaître la présence de déplacements résiduels (dôme du foie et segment n°1 du myocarde). De plus, la texture du myocarde montre des variations aberrantes de T_1 .

Les cartes obtenues en respiration libre avant correction de mouvement semblent d'une qualité légèrement supérieure. En effet, on commence à apercevoir le ventricule droit dans ces cartes. Cependant, il faut noter que ces cartes ont été obtenues avec trois répétitions pour chaque angle de bascule θ contre une seule pour les données en double synchronisation. Ceci explique d'ailleurs la présence d'un flou.

Si l'on compare les cartes avant et après correction de mouvement au niveau du myocarde, aucune amélioration nette de la qualité n'est visible. Les cartes apparaissent légèrement moins floues mais également plus bruitées. On notera cependant une amélioration nette au niveau du foie.

Enfin, toutes les cartes présentent un gradient de T_1 sur le myocarde avec des valeurs inférieures au niveau du septum et supérieures sur la paroi externe. Cette variation peut être causée par une inhomogénéité du champ B_1 . On peut d'ailleurs observer une légère amélioration après correction par la carte B_1 extraite des séquences EPI.

4.1.2.4 Discussion

Inhomogénéité de B_1 Nous avons vu que l'homogénéité du champ B_1 joue un rôle important dans la quantification du paramètre T_1 . La méthode des doubles angles que nous avons employée semble insuffisante dans notre cas. Il serait donc intéressant de tester d'autres méthodes de calibration B_1 . Par exemple, la séquence Bloch-Siebert [95] pourrait donc être envisagée.

D'autre part, même avec une calibration idéale de la carte de B_1 , la correction reste encore délicate. En effet, ici, nous avons calibré la carte de B_1 avec une séquence en apnée volontaire alors que la carte que l'on souhaitait corriger correspondait à une position physiologique moyenne, donc *a priori* différente de l'apnée expiratoire volontaire. Il est donc nécessaire de procéder à un recalage préliminaire de ces deux cartes T_1 et B_1 avant d'appliquer la correction ou bien de travailler par région d'intérêt. On voit ici encore l'intérêt de gérer la reconstruction des différents contrastes qui permettent la quantification T_1 et B_1 de manière commune. Pour cela, il faut gérer la correction de mouvement à l'échelle de l'examen sur des contrastes de nature différente.

Si l'on va plus loin dans cette réflexion, il faudrait prendre en compte le fait que chaque élément de tissu voit un B_1 variable lorsqu'il se déplace au cours de la respiration. La carte B_1 devrait donc être intégrée dans le modèle de la chaîne d'acquisition comme on l'a fait pour les cartes de sensibilité. Mais comme pour ces dernières, peut-on vraiment considérer que le champ B_1 reste constant dans le référentiel de l'IRM au cours du mouvement respiratoire ? L'impact de ces variations n'est-il pas négligeable ? Des études ont pu montrer l'impact de la variation du champ B_1 induite par la respiration pour des applications comme la spectroscopie du sein ou du cerveau. La question reste ouverte pour la quantification T_1 .

Interprétation des résultats Les résultats de la méthode T_1 -GRICS sur fantôme permettent de montrer la faisabilité théorique de la méthode. En revanche, l'absence d'une méthode de référence in vivo rend la validation très délicate. Il semble que la méthode T_1 -GRICS améliore la netteté des images, en revanche, on remarque des valeurs aberrantes qui semblent révéler une amplification du bruit excessive.

Instabilité Ainsi, comparé à la méthode T_2 -GRICS, T_1 -GRICS semble beaucoup plus instable. Pourtant, ici les problèmes inverses posés à la première étape de l'algorithme sont beaucoup mieux conditionnés que dans la validation de T_2 -GRICS puisque l'on disposait d'une surdétermination 3 fois plus importante. De plus, la valeur des angles de bascule θ avait été choisie en concordance avec l'étude [50] qui indique que si l'on ne devait choisir que 2 angles, alors 2° et 11° sont les angles optimaux à utiliser pour maximiser la précision de la mesure de T_1 et minimiser sa sensibilité au bruit de mesure. Mais ici seuls 3 points de la courbe du signal ont été échantillonnés contre 10 dans la validation de T_2 -GRICS. Finalement, ici le problème posé à l'étape 1 est mieux conditionné et celui de l'étape 2 l'est moins bien (figure 4.2).

Il semble donc que nous soyons face à un cas typique de propagation et d'amplification de l'erreur commise lors de cette étape de régression.

De façon générale, que ce soit pour la méthode T_1 -GRICS ou T_2 -GRICS, il faut trouver un moyen d'améliorer le conditionnement du problème et la robustesse de

la méthode pour assurer une convergence vers une solution satisfaisante, quelle que soit l'équation du signal ou la quantité de données dont on dispose.

4.1.3 DCE GRICS

Afin de compléter ce tour d'horizon des méthodes de correction de mouvement pour l'IRM multi-contraste utilisant un modèle de contraste, nous allons présenter rapidement la méthode DCE-GRICS proposée par Filipovic et al. [72].

Il s'agit de corriger en mouvement une série dynamique d'images acquises après l'injection d'un produit de contraste afin de quantifier la perfusion du myocarde par exemple (DCE : *Dynamic Contrast Enhancement*).

Le modèle de contraste proposé est basé sur la décomposition de la dynamique temporelle du signal sur une base. Cette base libre et génératrice est formée de B-splines présentant chacune un temps de pic différent et une largeur constante. La variation temporelle du signal de chaque élément de tissu peut donc être décomposée de manière unique sur cette base.

$$\rho(x, y, t) = \rho_0(x, y) + \sum_i \beta_i(x, y) B_i(t) = B(\rho_0, \beta_i) \quad (4.13)$$

Les inconnues du problème sont donc ici l'image pseudo-anatomique ρ_0 , les cartes de dynamique β_i et le modèle de mouvement. On notera que le modèle de contraste est linéaire par rapport aux inconnues ρ_0 et β_i .

En plus de ce modèle, une connaissance *a priori* est ajoutée afin de contraindre l'optimisation. On sait que le produit de contraste va affecter une zone réduite de l'image : uniquement les vaisseaux dans un premier temps puis les premiers tissus perfusés. Le support des cartes de dynamique β_i est donc *a priori* épars. Cette idée a d'ailleurs beaucoup été utilisée pour la reconstruction d'images angiographiques.

L'algorithme final consiste donc en l'optimisation alternée des deux systèmes suivants :

$$\begin{cases} \beta_i = \operatorname{argmin}_{\beta_i} \|\beta_i\|_1 & \text{tel que } s = \xi F \sigma W(\alpha) B(\rho_0, \beta_i) = E(\alpha)(\rho_0, \beta_i) \\ \epsilon = s - E(\alpha)(\rho_0, \beta_i) = R(\rho_0, \beta_i, \alpha) \delta \alpha \end{cases} \quad (4.14)$$

On peut retenir deux idées suivantes :

- On revient à une optimisation alternée avec uniquement 2 étapes au lieu de 3 dans les méthodes $T_{1,2}$ -GRICS. Mais on a vu que ces dernières méthodes pouvaient également être formulées avec une optimisation alternée en 2 étapes (chapitre 4.1.1.2).
- Une contrainte a été ajoutée sous la forme d'une régularisation afin de contraindre la forme de la solution et d'améliorer le conditionnement du problème. On a également proposé des régularisations pour l'optimisation de l'image ρ_0 et des cartes paramétriques mais ces régularisations n'ont pas été mises en œuvre.

4.1.4 Discussion

Nous avons montré que le mouvement détériore les quantifications extraites d'acquisitions multi-contraste. Les méthodes de correction de mouvement que nous venons de proposer se basent sur la modélisation du contraste. Elles peuvent dans certains cas permettre de restaurer ces valeurs. Voici les principales conditions qui doivent être remplies :

- L'évolution du contraste en fonction des paramètres d'acquisition doit pouvoir être modélisée. Cela signifie souvent que l'on se restreint à un type de contraste à la fois.
- Ce modèle doit être juste. Or il est souvent difficile de maîtriser tous les paramètres de l'examen comme le B_1 , l'impact du T_1 sur la mesure de T_2 , *etc.* Une approche multi-contraste avec cette fois différents types de contrastes serait donc bénéfique.
- On doit disposer de suffisamment de contrastes différents pour pouvoir auto-calibrer de manière robuste le modèle de contraste. La reconstruction indépendante de tous les paramètres décrivant l'acquisition avec ces méthodes nécessiterait donc l'acquisition de beaucoup de données ce qui n'est pas envisageable.

Au delà des conditions que l'on vient de citer, on a également relevé deux faiblesses dans les méthodes proposées :

- Le problème est mal conditionné, notamment celui posé à la première étape de la boucle itérative. On pourrait améliorer le conditionnement du problème en répétant les acquisitions mais la méthode deviendrait alors peu efficace et perdrait son intérêt.
- Le problème est très instable du fait que chaque itération est découpée en trois optimisations alternées qui tendent à propager et amplifier les erreurs.

Deux pistes d'améliorations ont été proposées :

- La reformulation du problème permettrait de se limiter à deux optimisations alternées qui ne passent plus par l'optimisation intermédiaire des images pondérées, ce qui devrait stabiliser la convergence.
- L'ajout de contraintes de régularisation pour la résolution du couple $(\rho_0, T_{1,2})$ permettrait d'améliorer le conditionnement du problème.

4.2 Correction de mouvement sans *a priori* sur le contraste

Dans ce chapitre, nous allons traiter le problème de la correction de mouvement dans le cas où l'on ne dispose pas d'un modèle de contraste permettant de décrire l'évolution du contraste de l'ensemble des acquisitions qui constituent l'examen. Dans

ce contexte, on peut imaginer que l'examen se constitue d'images dont les contrastes dépendent à la fois de T_1 , T_2 , B_1 , de la perfusion, etc.

Dans un premier temps nous présenterons une méthode appliquée à l'imagerie multi-contraste permettant de corriger les mouvements inter-séquence. Dans un second temps, nous présenterons une méthode permettant la correction de mouvements intra-acquisition applicable à un jeu de données multi-contraste (MC). Cette dernière méthode, appelée MC-GRICS, constitue l'un des apports majeurs de cette thèse. Elle a fait l'objet de plusieurs communications acceptées, en cours de soumission ou de révision au moment de l'écriture de ce manuscrit [MSS⁺13a, MSS⁺13b, MFB⁺14].

4.2.1 Recalage d'images multi-contraste

On se propose de recalage des images qui ont des contrastes différents.

La méthode de recalage que l'on a développée au cours de cette thèse est basée sur l'équation du flux optique (chapitre 2.2). On comprend que la variation du contraste va être problématique ici. En effet, même si les deux images sont parfaitement recalées entre elles, leur différence sera non nulle du fait de la variation du contraste. L'algorithme risque donc de diverger vers un champ de déplacements aberrant afin de tenter de minimiser cette différence.

Dans ce qui suit, nous proposons une méthode simple et rapide afin de permettre l'application de la méthode de recalage développée précédemment à des données multi-contraste.

4.2.1.1 Egalisation de l'histogramme

Supposons que l'on dispose de deux images ρ_f et ρ_t avec deux contrastes différents c_1 et c_2 dans des positions relativement proches. Pour chaque pixel du champ de vue, l'élément de tissu vu dans l'image ρ_f est très proche de l'élément de tissu vu dans l'image ρ_t , et donc très similaire. Donc on peut estimer que sur l'ensemble des pixels du champ de vue, la variation d'intensité que l'on observe en chaque pixel, d'une image à l'autre, nous renseigne sur la façon dont le changement de contraste fait varier chaque niveau de gris.

Mais *a priori*, cette transformation n'est pas bijective puisque les contrastes sont indépendants et complémentaires. En effet, deux tissus peuvent avoir le même niveau de gris dans un contraste et des niveaux de gris différents dans un autre contraste. On peut cependant considérer que si les contrastes sont assez similaires (même type de contraste par exemple), alors on n'induit pas une erreur trop importante en modélisant cette fonction de transfert par une fonction de transfert bijective.

L'histogramme conjoint ou histogramme 2D $h(\rho_f, \rho_t)$ est un outil qui décrit parfaitement cette fonction de transfert. En effet, l'histogramme 2D montre la probabilité qu'à un niveau de gris n_f dans la première image de correspondre à un autre niveau de gris n_t dans la seconde image : $h_{i,j} = p((\rho_f(x, y) = n_i) \cup (\rho_t(x, y) = n_t), \forall(x, y))$. Lorsque deux images sont parfaitement identiques, l'histogramme 2D est une diagonale parfaite : $h_{i,j} = \delta_{i,j}$. Lorsque la fonction de transfert entre deux contrastes est réellement bijective, l'histogramme 2D est une matrice de permutation : $h_{i,j} = \delta_{\sigma(i,j)}$. Enfin lorsque les contrastes sont très similaires, l'histogramme 2D est très proche de

la matrice diagonale. On peut donc estimer cette fonction de transfert $\tilde{T} : n_f \rightarrow n_t = \tilde{T}(n_f)$ en approximant l'histogramme 2D au sens des moindres carrés :

$$\tilde{T}(n_i) = \sqrt{\frac{\sum_j (h_{i,j} n_j)^2}{\sum_j (h_{i,j})^2}} \quad (4.15)$$

Une fois que l'on dispose de cette approximation de la fonction de transfert \tilde{T} , on peut modifier le contraste de l'image l'origine ρ_f pour le rendre similaire au contraste de l'image cible ρ_t (figure 4.9). Ensuite on peut procéder au recalage.

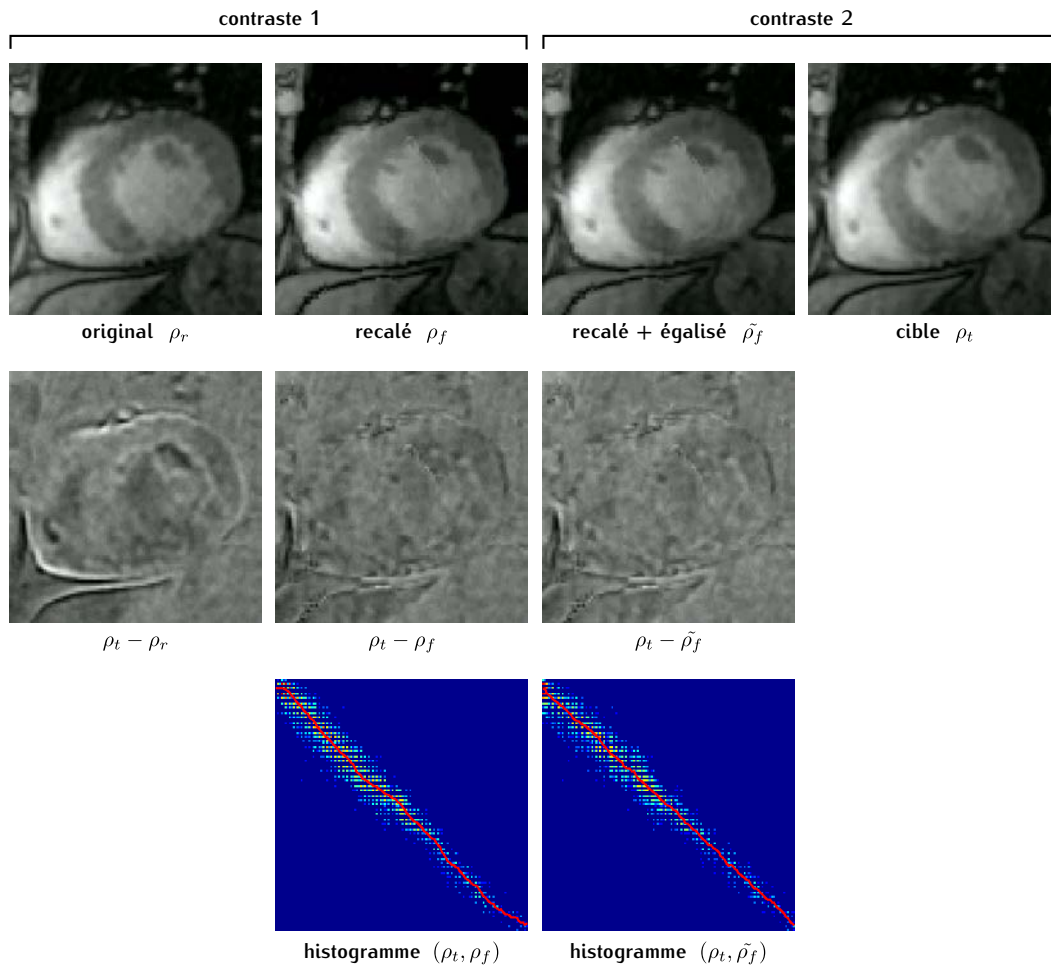


FIGURE 4.9: Egalisation de l'histogramme pour le recalage multi-contraste

4.2.1.2 Algorithme de recalage itératif

Plus les deux images ρ_f et ρ_t sont proches du point de vue du déplacement, plus l'estimation de la fonction de transfert sera correcte. On suggère donc d'actualiser la fonction de transfert et de corriger le contraste de l'image à recalage avant chaque pas d'optimisation du champ de déplacements dans l'algorithme itératif 2.1 proposé initialement.

4.2.1.3 Résultats

Cette méthode a été testée pour recalculer des images pondérées T_2 acquises avec des apnées successives (figure 4.10). La méthode réduit visiblement les décalages au niveau du myocarde. On notera au passage que les déplacements ne sont pas de simples translations. Le myocarde est déformé de manière non-rigide par la respiration.

L'impact du recalage est encore plus remarquable sur la carte de quantification T_2 . Les valeurs aberrantes de T_2 ont été supprimées et on voit même apparaître le ventricule droit sur la carte.

Le temps additionnel ajouté par l'étape d'actualisation de la fonction de transfert et de correction du contraste de l'image représente moins de 5 % du temps total de recalage.

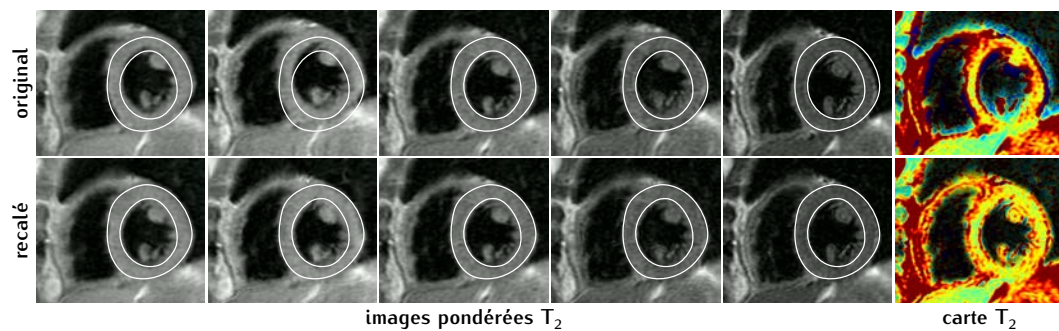


FIGURE 4.10: Recalage d'images pondérées T_2 et impact sur la quantification T_2

4.2.1.4 Discussion

Cette méthode de recalage multi-contraste semble très efficace pour le recalage d'images présentant des contrastes très similaires.

La méthode a également été testée sur une série d'images acquises avec une séquence CINE-IR et donc dans des phases cardiaques différentes et avec des contrastes différents (comme dans la figure 3.6). Les résultats sont également très bons pour les images correspondant à un temps d'inversion supérieur au temps correspondant à l'annulation du signal du myocarde. En revanche, le recalage n'a pas convergé vers une solution acceptable pour les temps d'inversion plus courts correspondant à un contraste bien différent des images à TI plus long.

D'autres critères de similarité pourraient être utilisés à la place du flux optique de façon à être moins sensible à la variation de contraste. On peut par exemple penser à l'information mutuelle. Mais l'estimation du gradient d'un tel critère amène une complexité calculatoire supérieure.

Finalement, nous avons proposé une méthode simple et rapide qui répond à une grande partie de nos besoins. Ce recalage pourrait en effet être utilisé à la fin de l'étape 1 des algorithmes $T_{1,2}$ -GRICS afin de corriger les éventuels décalages résiduels qui ont été discutés dans le chapitre précédent.

4.2.2 Adaptation de GRICS à l'imagerie multi-contraste : MC-GRICS

A présent, nous nous intéressons à la correction de mouvement intra-acquisition d'un jeu de données multi-contraste. Ici, nous n'émettons aucun *a priori* sur le type de contraste utilisé ou sur la façon dont le contraste évolue d'une acquisition à l'autre. Il s'agit donc de reconstruire de manière commune des acquisitions pouvant présenter des contrastes de types différents tels que pondéré T_1 , T_2 , avec ou sans présence de produit de contraste, *etc.*

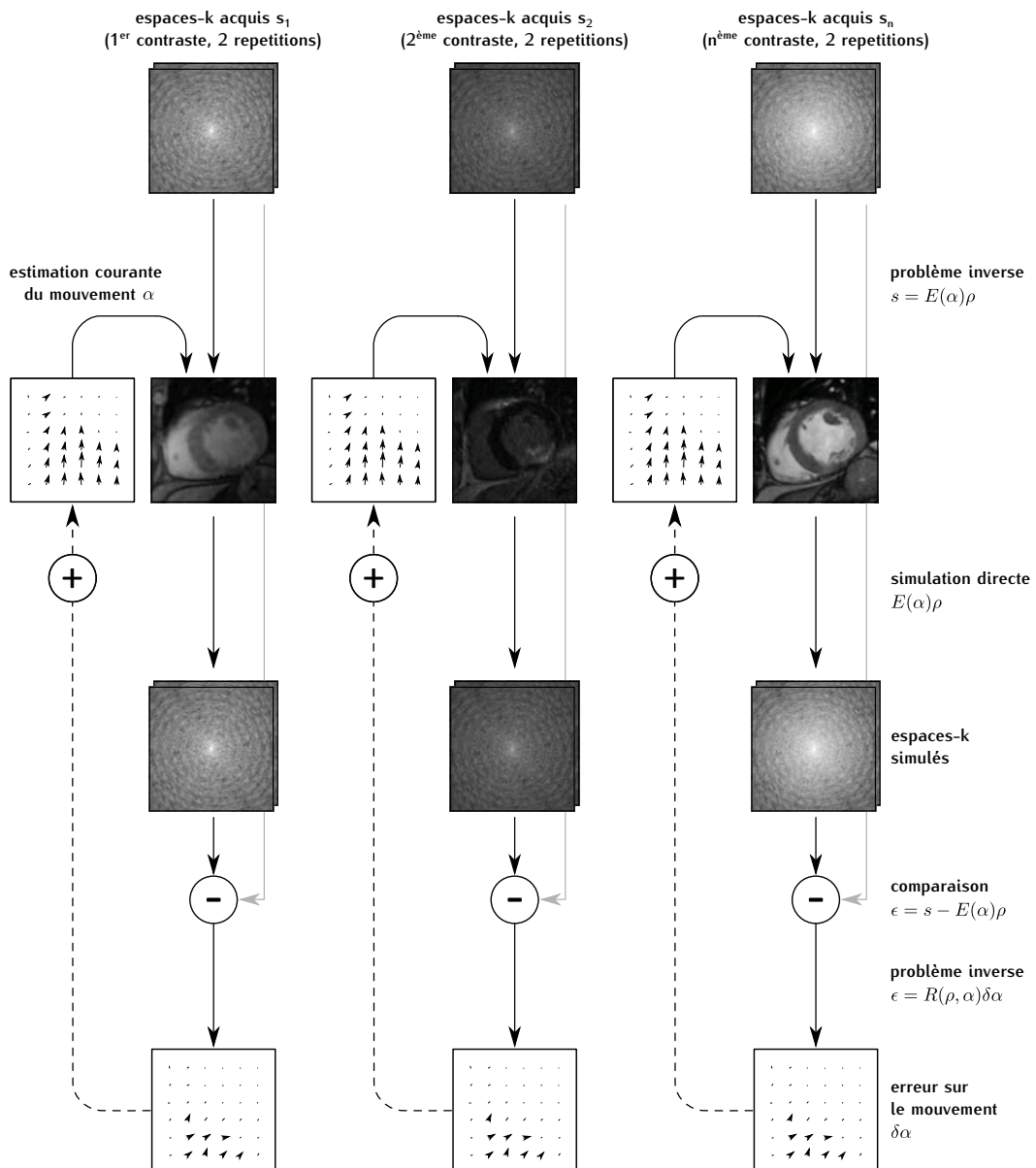


FIGURE 4.11: Inefficacité de la reconstruction d'images multi-contraste de manière indépendante avec GRICS

Les méthodes que nous venons de présenter dans le chapitre précédant ne peuvent donc plus être appliquées ici. On pourrait imaginer reconstruire indépendamment tous les N_c contrastes avec plusieurs reconstructions GRICS classiques en parallèle (figure 4.11), mais cela serait très peu efficace :

- Cela signifierait recalculer N_c fois le modèle de mouvement alors qu’il est théoriquement identique pour toutes les acquisitions
- Rien ne nous assure que les différentes reconstructions vont converger vers un même modèle de mouvement. Les images obtenues ne sont donc pas nécessairement recalées entre elles.
- Le problème est très mal conditionné puisqu’on dispose de très peu de données par reconstruction (*a priori* un espace-k par contraste).
- Mais surtout, on ne tire aucun profit des informations partagées entre les contrastes, que ce soit dans l’image ou dans le mouvement.

4.2.2.1 Optimisation commune du mouvement

On pourrait donc mettre en commun l’optimisation du modèle de mouvement comme on l’a fait pour les méthodes $T_{1,2}$ -GRICS. Cela consisterait d’ailleurs à ne conserver que les étapes 1, 4 et 5 de ces algorithmes (figure 4.12).

Mais cela n’est toujours pas suffisant pour deux raisons :

- La première étape de l’algorithme est toujours aussi mal conditionnée
- La convergence de l’algorithme vers une position physiologique commune n’est pas assurée. En effet, prenons par exemple le cas extrême suivant : imaginons que chaque contraste soit acquis dans une position différente avec aucun mouvement intra-contraste. Dans ce cas, l’optimisation peut converger vers un modèle de mouvement nul et les images décalées. De la même manière, si l’on ne dispose que d’une répétition par contraste (cette fois avec un mouvement intra-acquisition), l’algorithme peut converger vers les images conservant leurs artefacts de mouvement et un modèle de mouvement nul. En effet, cette solution minimise l’erreur avec les données acquises au travers de l’opérateur d’encodage E , *i.e.* en l’absence de sur-détermination du problème, aucune inconsistance n’apparaît du point de vue mathématique. On notera que dans les algorithmes $T_{1,2}$ -GRICS, c’était grâce à l’étape 3, que les artefacts de mouvement apparaissaient comme inconsistants et étaient donc éliminés.

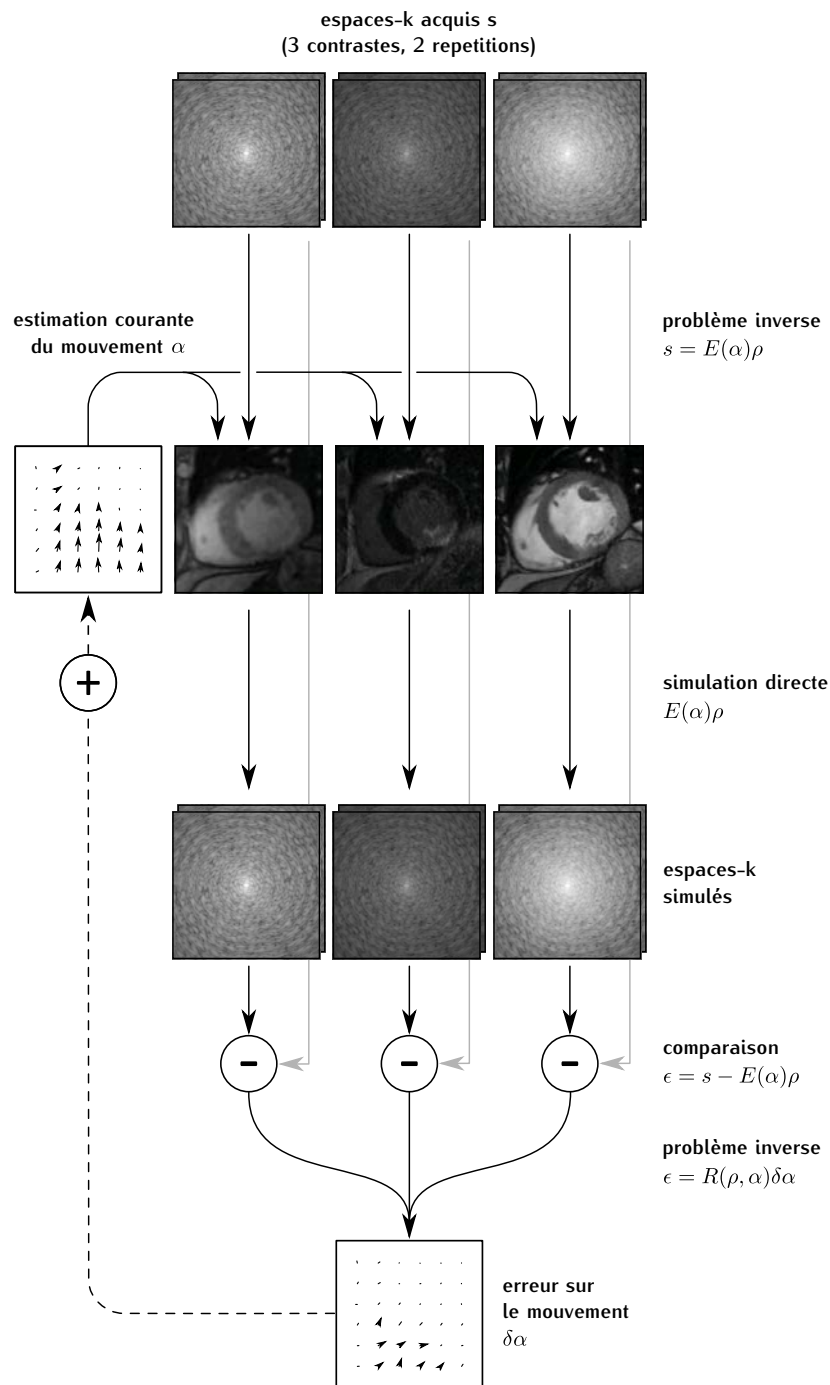


FIGURE 4.12: Optimisation commune du mouvement

4.2.2.2 Tirer parti des informations partagées entre les contrastes

La deuxième idée consiste donc à tirer parti des informations partagées entre les différents contrastes pour contraindre la reconstruction des images. Ici on ne dispose plus de modèle de contraste pour lier ces informations entre elles. On peut donc utiliser une des méthodes de reconstruction multi-contraste contrainte présentées dans le chapitre 3.2.

Nous avons choisi la méthode de régularisation proposée par Haldar *et al.* [86] car son formalisme simple la rend facilement intégrable dans notre processus itératif de reconstruction (chapitre 3.2.1.1). Nous rappelons simplement ici que cette méthode consiste à extraire la position des gradients les plus probables de l'ensemble des contrastes puis à contraindre les images à présenter le moins de gradients possible en dehors de ces gradients probables.

L'algorithme MC-GRICS final peut ainsi être résumé par la figure 4.13.

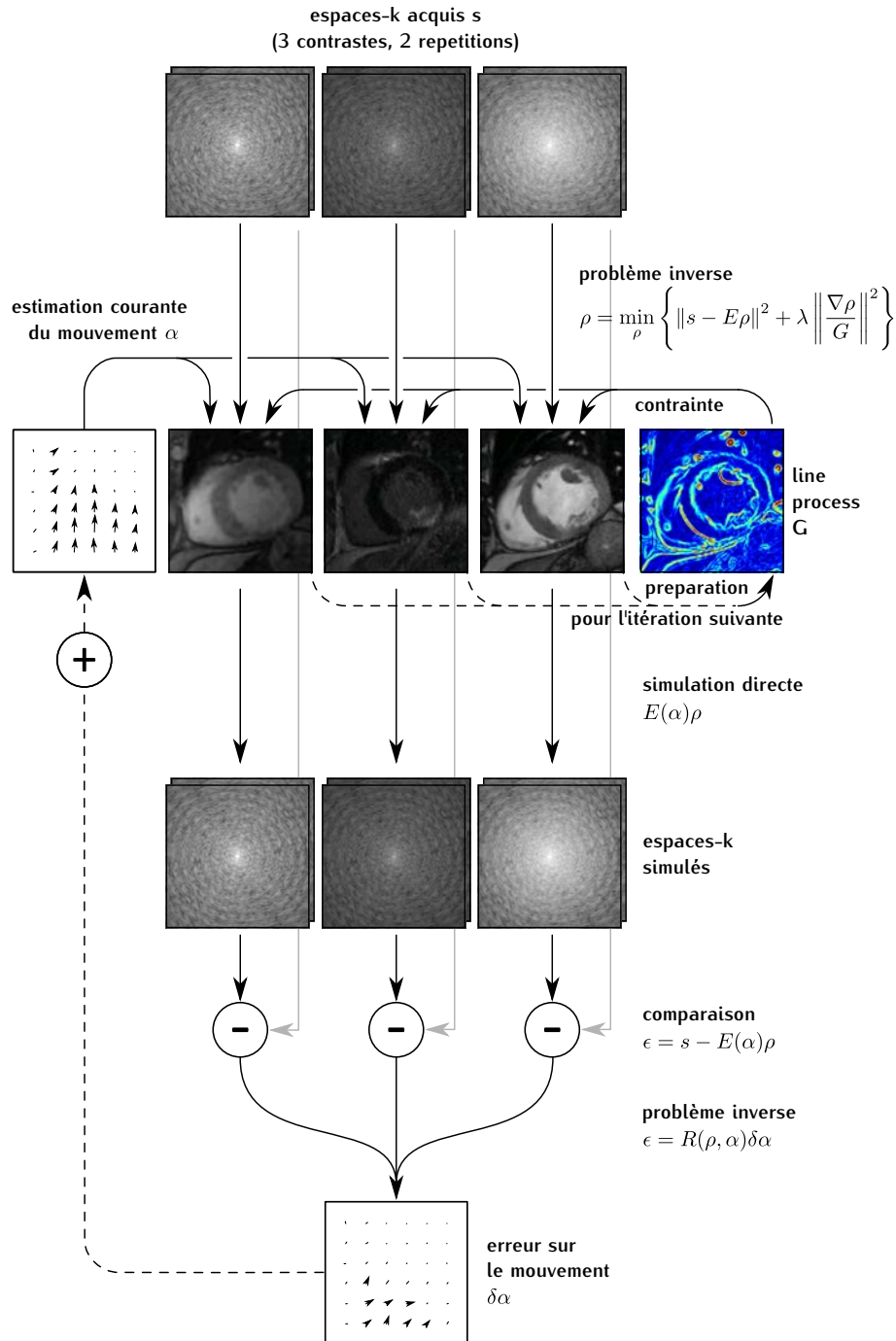


FIGURE 4.13: Algorithme MC-GRICS

Cette nouvelle méthode a été validée sur un fantôme, sur 4 volontaires sains et est en cours d'évaluation sur des sujets atteints de Dystrophynopathie de Duchenne. Ces résultats sont présentés dans ce qui suit.

4.2.2.3 Validation sur fantôme

Objectif L'intérêt de valider la méthode sur fantôme est double. D'une part il permet d'obtenir une référence qui ne soit pas affectée par le déplacement résiduel inhérent aux apnées ou aux synchronisations cardiaques. D'autre part, cette référence peut être complètement échantillonnée et n'est donc pas affectée par une quelconque méthode d'accélération souvent nécessaire pour limiter l'apnée à une vingtaine de seconde. En effet, l'un des principaux enjeux de l'acquisition en respiration libre est de s'affranchir des méthodes d'accélération qui peuvent diminuer la qualité des images.

Jeux de données Le fantôme est constitué de 12 tubes contenant différentes concentrations de gadolinium et d'agarose et baignant dans de l'eau. Seuls les 8 tubes présentant des valeurs de T_1 et T_2 proches des valeurs rencontrées chez l'homme ont été considérés pour l'étude.

Un mouvement respiratoire a été simulé à l'aide de la table mobile de l'imageur et un simulateur ECG a été utilisé.

Les données ont été acquises à 3 T (GE Signa HDx) avec une antenne cardiaque 8 canaux. Cinq jeux de données 2D ont été acquis : 4 avec mouvement et 1 sans mouvement. Pour chaque jeu de données, 5 images pondérées T_1 ont été obtenues avec la séquence SMARTMap [81] et 8 images pondérées T_2 ont été obtenues avec une séquence FSE multi-écho (ME-FSE) avec annulation du signal du sang. Ainsi, au total, 2 types de contrastes différents et 13 contrastes différents en été acquis.

La matrice était de taille 224×224 .

Pour la séquence SMARTMap, les temps d'inversion étaient les suivants : $TI = [100, 350, 600, 1600, 3600 \text{ ms}]$. Le nombre de vues par segments était de 28. Ainsi chaque SMARTMap durait environ 1 min.

Pour la séquence ME-FSE, les temps d'écho étaient les suivants : $TE = [10, 20, 30, 40, 50, 60, 70, 80 \text{ ms}]$. La longueur du train d'écho était $ETL = 8$. Ainsi chaque ME-FSE durait environ 3 min 45 s.

Reconstruction Afin de comprendre l'impact des différentes composantes de l'algorithme, le jeu de données acquis en mouvement a été reconstruit avec les 3 algorithmes suivants :

- MC-GRICS (figure 4.13)
- MC-GRICS sans la contrainte de parcimonie sur les gradients des images (figure 4.12). La comparaison avec la méthode précédente nous montrera l'apport de cette régularisation.
- plusieurs reconstructions GRICS indépendantes sur les différents contrastes (figure 4.11). Cette méthode qui constitue la référence de l'état de l'art actuel sera nommée GRICS classique. La comparaison avec la méthode précédente

nous montrera l'apport de la mise en commun de l'optimisation du modèle de mouvement.

De plus, afin d'analyser la stabilité des algorithmes, les images ont été reconstruites plusieurs fois en faisant varier le nombre de répétitions N_{rep} par contraste ($N_{rep} = [1, 2, 3, 4]$).

Analyse Pour chaque jeu d'images reconstruit, les cartes T_1 et T_2 ont été calculées pixel par pixel à l'aide d'une régression non-linéaire du type Levenberg-Marquardt. De plus, les régressions ont été effectuées sur les 8 ROIs correspondant aux 8 tubes d'intérêt. Les intervalles de confiance associés à ces régressions ont également été évalués.

Résultats Les cartes de quantification obtenues avec les différentes méthodes de reconstruction sont présentées dans la figure 4.14. Dans cette figure, les données sont reconstruites sans redondance de l'acquisition ($N_{rep} = 1$). On peut observer :

- Les cartes extraites des images non corrigées sont extrêmement affectées par les artéfacts de mouvement.
- Comme prévu, les reconstructions GRICS classique appliquées indépendamment sur les différents contrastes n'ont pas convergé faute de sur-détermination.
- La méthode intermédiaire qui met en commun l'optimisation du modèle de mouvement mais ne tire pas parti des informations communes pour reconstruire les images montre une nette réduction des artéfacts de mouvement. Cependant, les cartes sont très bruitées.
- Les cartes obtenues avec MC-GRICS montrent une très bonne concordance avec les cartes obtenues sans mouvement.

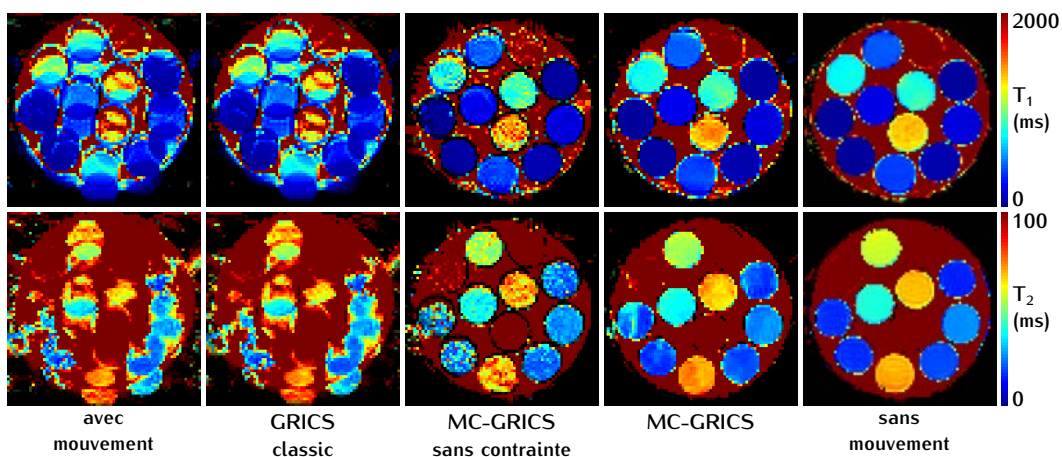


FIGURE 4.14: Comparaison des cartes de quantification T_1 et T_2 obtenues sur fantôme sans correction de mouvement, avec des reconstructions GRICS indépendantes, avec la méthode MC-GRICS sans contrainte de parcimonie sur les gradients, avec la méthode MC-GRICS complète et sans mouvement.

Les analyses quantifiées par ROI sont présentées dans les figures 4.15 et 4.16. Ces quantifications sont en accord avec les observations qualitatives précédentes. On notera que les valeurs non corrigées sont encore une fois systématiquement sur-estimées du fait des hautes valeurs de T_1 et de T_2 de l'eau présente dans le champ de vue.

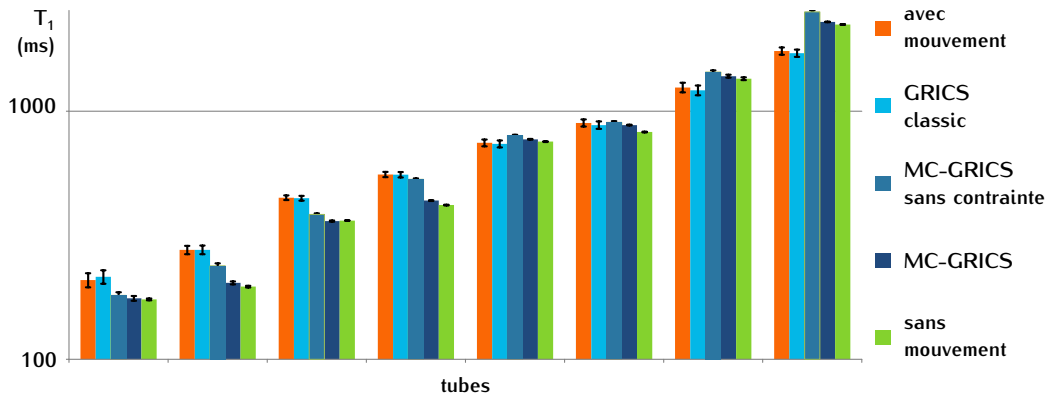


FIGURE 4.15: Comparaison des valeurs de quantification T_1 par ROI obtenues sur le fantôme avec les différentes méthodes

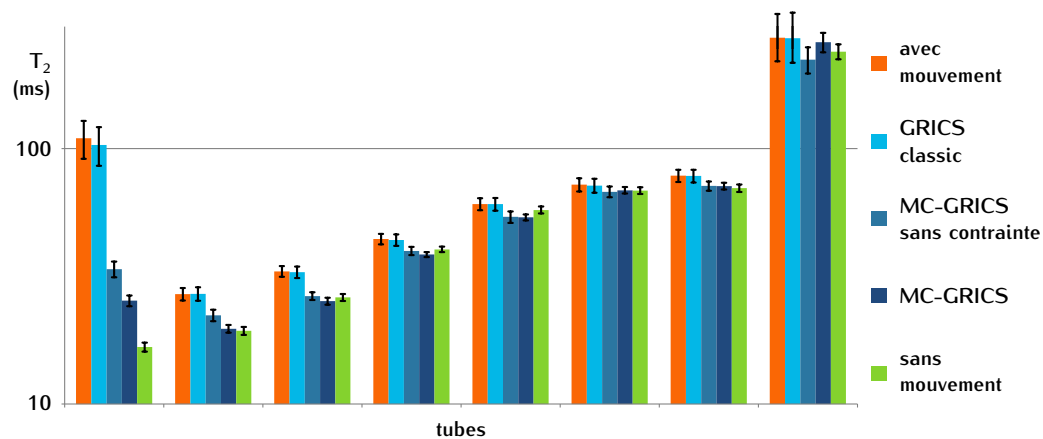


FIGURE 4.16: Comparaison des valeurs de quantification T_2 par ROI obtenues sur le fantôme avec les différentes méthodes

Nous avons représenté, sur un tube (tube n°2) et sur la quantification T_1 , l'impact du nombre de répétitions N_{rep} sur l'erreur commise par les différentes méthodes ainsi que sur les intervalles de confiance associés (figure 4.17).

On peut observer :

- De façon générale, l'erreur et l'intervalle de confiance sont diminués lorsque l'on utilise plus de données, ce qui était prévisible.
- Avec $N_{rep} = 1$, seule la méthode MC-GRICS est capable de restaurer une quantification avec une erreur inférieure à 5%.
- Les résultats de la méthode de référence (GRICS classique) s'améliorent rapidement lorsque N_{rep} augmente et deviennent similaires à ceux obtenus avec MC-GRICS pour $N_{rep} = 3$.

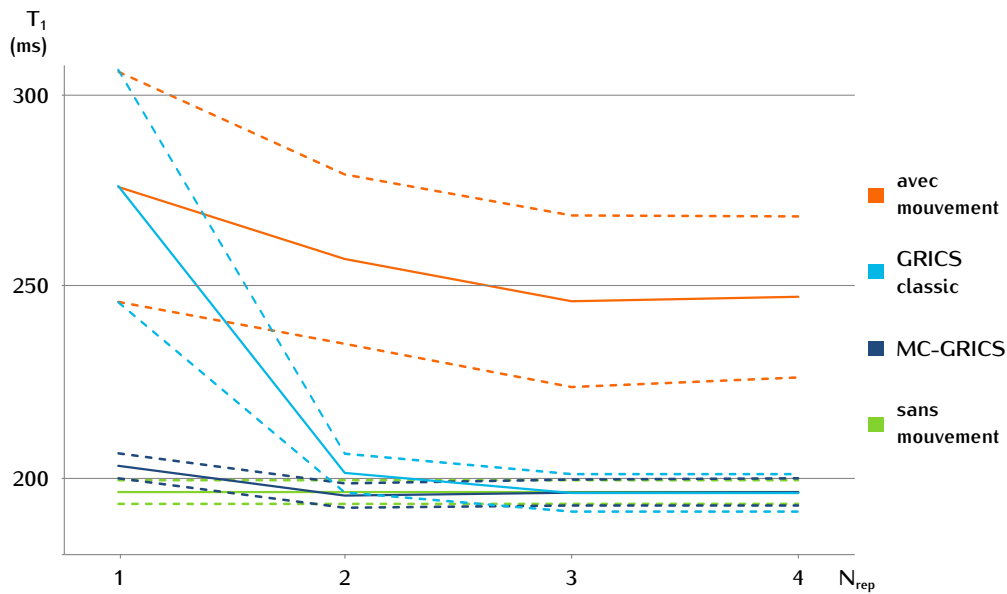


FIGURE 4.17: Comparaison des quantifications T_1 et des intervalles de confiance obtenus avec les différentes méthodes en fonction du nombre de répétition N_{rep} (obtenu sur le tube n°2). On notera que pour les données sans mouvement, une seule répétition a été utilisée.

- On notera que l'intervalle de confiance est toujours meilleur avec *MC-GRICS* comparé à *GRICS* classique, même avec $N_{rep} = 4$.

La figure 4.18 présente l'erreur relative moyenne obtenue sur les deux types de quantification et sur l'ensemble des tubes pour $N_{rep} = 1$. Ces résultats confirment les observations émises précédemment.

Enfin la figure 4.19 présente les résultats équivalents pour les différents N_{rep} .

Résumé des résultats Finalement, ces résultats montrent que les deux apports de cette thèse (la mise en commun de l'optimisation du modèle de mouvement et l'ajout d'une régularisation contraignant les images reconstruites à partager la même anatomie) permettent d'améliorer la correction de mouvement dans un cadre multi-contraste sans *a priori* sur le type de contraste. Sur ce fantôme, l'erreur relative moyenne obtenue avec *MC-GRICS* et une seule répétition est inférieure à 5 %. Ces résultats correspondent à un temps d'acquisition inférieur à 5 minutes et un temps de reconstruction lui aussi inférieur à 5 minutes.

4.2.2.4 Validation sur volontaire sain

Protocole Le protocole utilisé sur volontaire sain est très similaire à celui utilisé sur fantôme. Cette fois, les mouvements du patients ont été monitorés à l'aide de deux ceintures respiratoires et d'un oxymètre de pouls. La principale différence par rapport au protocole sur fantôme concerne les séquences sans mouvement. Pour être suffisamment courtes pour pouvoir être acquises en apnée, ces acquisitions ont dû être accélérées. Notamment :

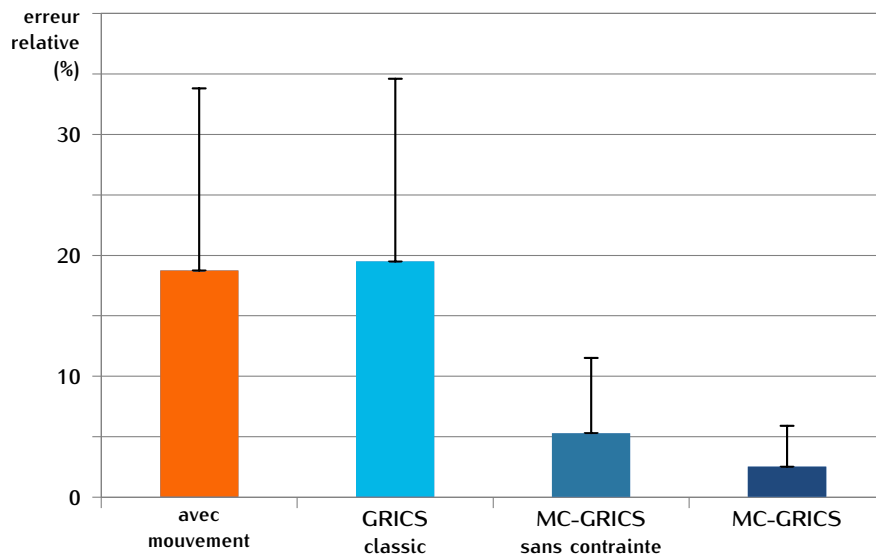


FIGURE 4.18: Comparaison des erreurs relatives moyennes et des intervalles de confiance relatifs moyens obtenus avec les différentes méthodes avec $N_{rep} = 1$

- la taille de la matrice et du champ de vue ont été réduites de 75 % dans la direction de phase
- une accélération SENSE avec un facteur 2 a été ajoutée
- la fenêtre d’acquisition a été allongée à 150 ms pour les séquences SMARTMap (38 vues pas segment)
- la longueur du train d’écho des séquences ME-FSE a été allongée à ETL = 16
- la synchronisation cardiaque a été effectuée tous les RR (au lieu de 2-RR) pour la séquence ME-FSE ce qui ajoute une légère pondération T_1 à ces acquisitions

Toutes ces modifications ne concernent que les séquences acquises en apnée à l’exception de la synchronisation 1-RR. Pour pouvoir comparer les quantifications en apnée et en respiration libre, une synchronisation tous les RR a également été utilisée en respiration libre. On considère que le contraste mixte T_1 - T_2 des séquences ME-FSE n’est pas gênant puisqu’une carte T_1 va également être reconstruite.

Résultats Les images reconstruites sur le volontaire n°4 sont présentées à titre d’exemple dans la figure 4.20.

On peut observer :

- Les images obtenues en apnée présentent un SNR relativement bas. Ceci peut être expliqué par l’utilisation d’accélération à l’acquisition. De plus, sur l’image pondérée T_2 en apnée, on peut voir un artefact de reconstruction SENSE possiblement dû à une variation de la position entre la calibration des cartes de sensibilité et la séquence ME-FSE.
- Les images obtenues en respiration libre sans correction de mouvement présentent un SNR relativement bas ainsi que des artefacts de mouvement.

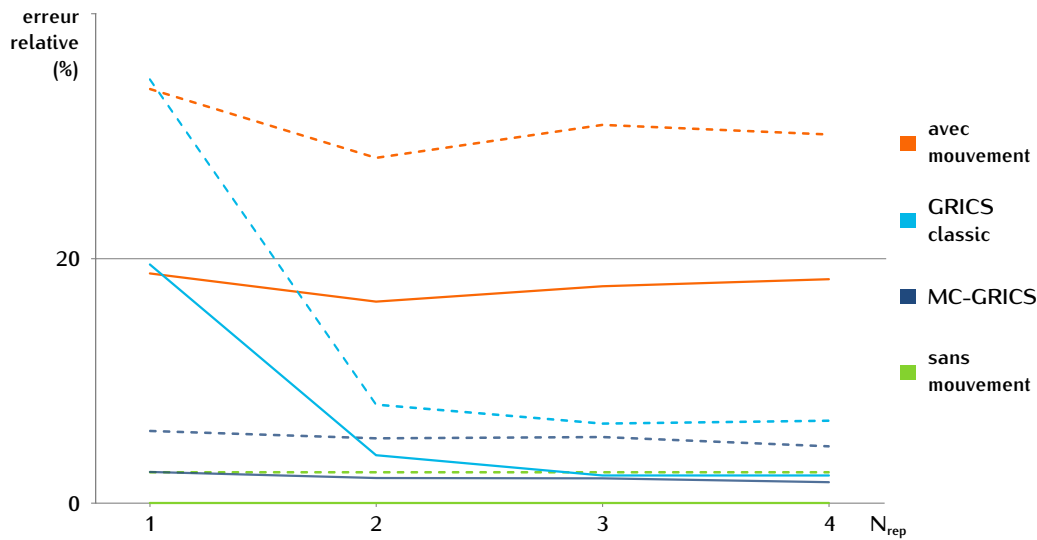


FIGURE 4.19: Comparaison des erreurs relatives moyennes et des intervalles de confiance relatifs moyens obtenus avec les différentes méthodes en fonction de N_{rep} . On notera que pour les données sans mouvement, une seule répétition a été utilisée.

- Les images obtenues après correction de mouvement par l’algorithme MC-GRICS à partir d’un jeu de données avec une seule répétition par contraste ne présentent plus d’artéfact de mouvement visible. La reconstruction a également permis de réduire le bruit sur les zones où le tissu est homogène tout en conservant des interfaces nettes entre les tissus de natures différentes. Ceci est le résultat de la contrainte de régularisation utilisée qui permet aux images reconstruites de partager les informations qu’elles ont en commun.

Les cartes de quantification T_1 et T_2 obtenues sur le volontaire n°1 sont présentées à titre d’exemple dans la figure 4.21

On peut observer :

- Les cartes présentent un gradient de valeur en allant du septum vers la paroi externe du myocarde. Ce gradient peut être expliqué par une inhomogénéité de B_1 dans le champ de vue.
- La carte T_1 obtenue en respiration libre montre des valeurs très différentes de celles obtenues en apnée, probablement du fait de décalage entre les images avant la régression.
- Les cartes provenant des images corrigées en mouvement montrent moins d’artéfacts de mouvement, mais présentent toujours quelques inhomogénéités.

Résumé et discussion des résultats Sur les 4 volontaires, la méthode MC-GRICS a permis d’améliorer visiblement les cartes de quantification obtenues en respiration libre par rapport à l’acquisition non corrigée. Dans un cas, la qualité des cartes reconstruites nous semble équivalente à la qualité des cartes obtenues en apnée et dans un cas, la qualité semble même supérieure.

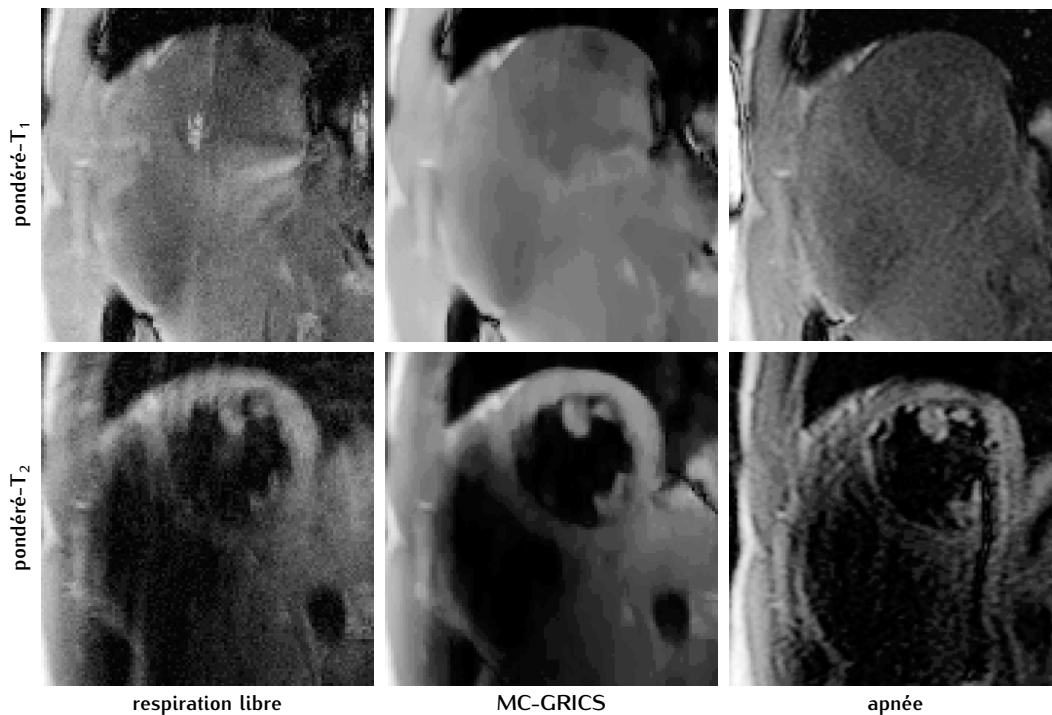


FIGURE 4.20: Images pondérées T_1 et T_2 obtenues en respiration libre, avec la reconstruction MC-GRICS et en apnée (volontaire sain n°4). Ces images correspondent à un jeu de données avec une seule répétition par contraste ($N_{rep} = 1$)

Ainsi, lorsque l'on observe les résultats obtenus sur les 4 volontaires, on observe une variabilité de la réduction des artéfacts de mouvement et de l'impact de la contrainte de régularisation multi-contraste. Cela révèle une légère instabilité de la méthode. On devrait pouvoir améliorer sa robustesse en étudiant les points suivants :

- Il faudrait étudier la stabilité des signaux physiologiques à l'échelle de l'examen. En effet si ces signaux ne sont pas consistants, l'optimisation du modèle de mouvement ne peut pas converger. L'utilisation de navigateurs pourrait permettre d'améliorer ces résultats.
- Le schéma d'échantillonnage de l'espace-k n'était pas randomisé. Cela induit des artéfacts de mouvement toujours aux mêmes endroits dans l'image. Ainsi, avec la contrainte de régularisation multi-contraste, lorsque l'on cherche les gradients communs entre les images, ces artéfacts peuvent être retenus comme une structure commune. Ceci peut donc déboucher sur la conservation voire l'amplification de ces artéfacts de mouvement dans la reconstruction des images.
- Les paramètres de la régularisation ont été optimisés sur un volontaire puis réutilisés pour les autres. Les reconstructions devraient bénéficier d'une optimisation adaptative de ces paramètres. Or leur optimisation manuelle est fastidieuse. Il faudrait leur donner une signification physique pour permettre leur optimisation automatique ou semi-automatique.

4.2.2.5 Evaluation sur patients

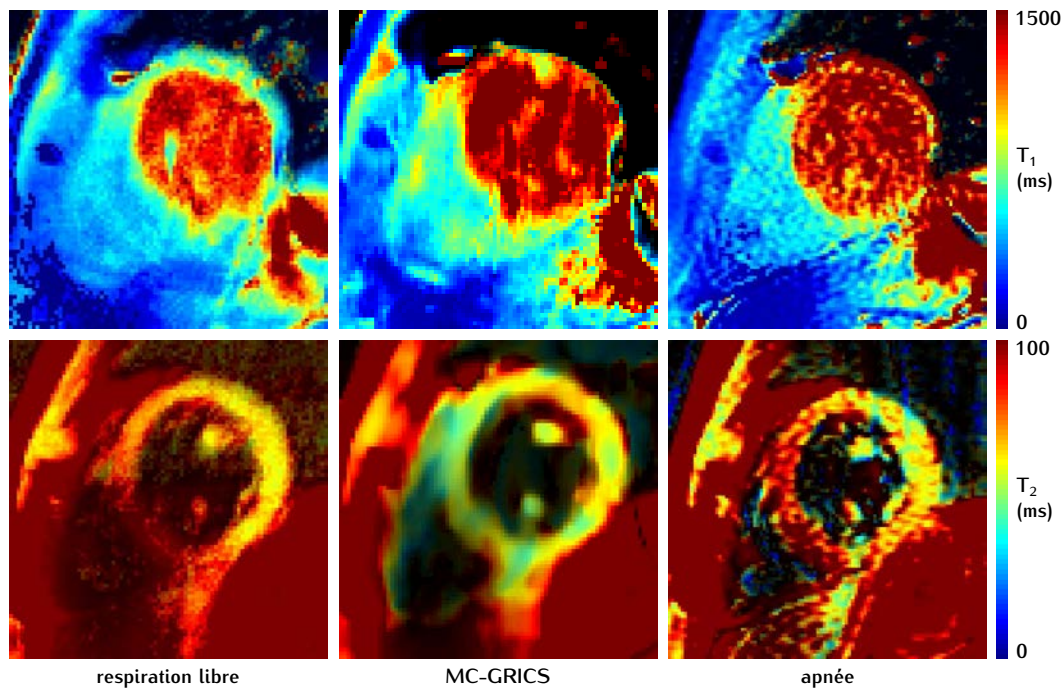


FIGURE 4.21: Impact de la reconstruction MC-GRICS sur les quantifications T_1 et T_2 chez le volontaire n°1 (reconstruction à partir d'un jeu de données avec une seule répétition par contraste)

Objectif La quantification de la fibrose du myocarde peut être un outil très utile pour caractériser l'atteinte du cœur par une Dystrophie Musculaire de Duchenne (DMD) [96]. Dans ce but, le volume extra-cellulaire (ECV) peut être calculé à partir de la quantification T_1 du myocarde et du sang avant et après injection d'un produit de contraste. Cependant, ces techniques nécessitent l'acquisition de nombreuses images avec des contrastes différents. De ce fait, la justesse et la précision de la quantification peuvent être affectées par des décalages entre les images et des artefacts de mouvement, d'autant plus que les patients atteints d'une DMD peuvent péniblement tenir une apnée.

On se propose donc ici d'appliquer notre méthode de reconstruction MC-GRICS à un examen cardiaque sous IRM d'un patient atteint d'une DMD.

Protocole A 1,5 T (GE, Signa HDxt), 8 séquences SMARTMap ont été acquises en diastole avec une orientation petit axe. Au cours de l'examen, un produit de contraste à base de gadolinium a été injecté. Les acquisitions peuvent être regroupées en 5 groupes en fonction de leur temps d'acquisition post-injection : $\{0 \text{ min}, 0 \text{ min}\}$, $\{2 \text{ min}\}$, $\{3 \text{ min}\}$, $\{11 \text{ min}, 12 \text{ min}\}$, $\{22 \text{ min}, 23 \text{ min}\}$. Chaque acquisition contient 4 images correspondant aux temps de saturation $TS \simeq [50, 750, 2100, 3500 \text{ ms}]$. Une séquence MDE additionnelle a été acquise sur la même coupe à 15 min post-injection.

Deux ROIs ont été contourées par un radiologue expérimenté, correspondant à la présence et à l'absence de rehaussement sur l'image MDE. Le T_1 a été quantifié sur ces deux ROIs pour chacun des 5 groupes d'acquisitions et nous avons comparé les différences de dynamique.

Résultats Les artéfacts de mouvement visibles sur les cartes T_1 ont été réduits par l'utilisation de la reconstruction MC-GRICS. D'autre part, à 1,5 T, aucun gradient lié à une inhomogénéité B_1 n'est visible sur les cartes.

On peut observer sur la figure 4.22 une différence notable dans la cinétique du T_1 entre les deux ROIs. Dans la ROI correspondant au rehaussement, le T_1 est supérieur avant injection et inférieur après injection comparé à la ROI avec un rehaussement moindre. Ceci est concordant avec un ECV plus important comme c'est le cas dans la fibrose. De plus la prise de contraste semble plus lente. Ceci est également concordant avec une prédominance de la diffusion sur la perfusion dans la zone fibrosée.

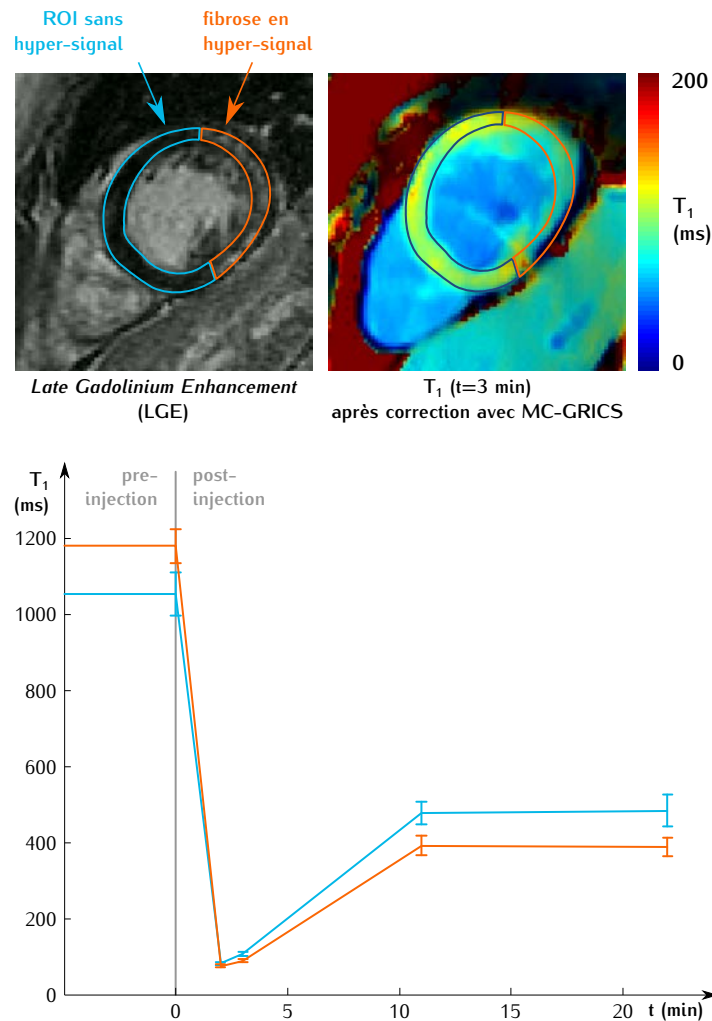


FIGURE 4.22: Suivi de la dynamique pre- et post-injection du T_1 sur deux ROI du myocarde, l'une avec et l'autre sans hyper-signal sur la séquence LGE.

Cette étude préliminaire est encourageante quant à la faisabilité du suivi de la cinétique du T_1 myocardique en respiration libre chez le patient atteint de DMD. A l'avenir, nous souhaiterions extraire des paramètres pseudo-quantitatifs de ces courbes et calculer l'ECV pour une meilleure discrimination et une meilleure caractérisation de la fibrose. Nous souhaiterions alors étudier l'impact du mouvement et de la correction de mouvement sur la sensibilité et la spécificité de ces mesures.

4.2.2.6 Discussion autour de la méthode MC-GRICS

MC-GRICS : condensé des travaux de cette thèse La méthode MC-GRICS que nous avons présentée est en quelque sorte une synthèse de tous les travaux développés au cours de cette thèse. Elle se base sur les méthodes $T_{1,2}$ -GRICS en reprenant la mise en commun de l'optimisation du modèle de mouvement (chapitre 4.1). Elle se base aussi sur les conclusions qui ont été tirées de ces méthodes pour proposer une méthode plus générale et plus robuste. Ainsi, à présent, aucun *a priori* n'est nécessaire sur le type de contraste, et la méthode a été rendue plus robuste en utilisant une contrainte de régularisation multi-contraste tirée des travaux présentés dans le chapitre 3. Enfin, le principe de la méthode de correction de mouvement reste le même que celui proposé dans l'algorithme GRICS initial, et tire parti des améliorations que nous avons proposées dans le chapitre 2, notamment la régularisation adaptative du modèle de mouvement.

Validité des résultats Avec cette nouvelle méthode de correction de mouvement applicable à l'imagerie multi-contraste, nous avons montré la faisabilité de la quantification T_1 et T_2 en respiration libre en moins de 5 minutes d'acquisition et moins de 5 minutes de reconstruction.

On notera que ces résultats ne peuvent pas toujours être utilisés tels quels. Par exemple, une correction B_1 de la carte T_1 ou une correction T_1 de la carte T_2 peuvent être nécessaires. Cependant ces considérations sont indépendantes de notre méthode de reconstruction et peuvent être prises en compte dans un second temps.

Finalement, la principale limite de principe de cet algorithme réside dans la validité des hypothèses qui ont été émises. Par exemple, on a supposé que la région anatomique visualisée était toujours la même tout au long de l'examen. Cette hypothèse est invalidée si un mouvement global survient. De la même manière, on a supposé que les signaux physiologiques restent toujours corrélés de la même manière au mouvement réel tout au long de l'examen alors qu'une dérive peut survenir. Enfin, la méthode repose sur l'hypothèse forte que notre opérateur d'encodage modélise correctement le système d'acquisition. Nous revenons ainsi sur certains points de la discussion de GRICS tel que la validité des cartes de sensibilité, *etc.*

Pistes d'amélioration Nous résumons ici les 3 principales pistes d'amélioration dont la méthode MC-GRICS pourrait bénéficier :

- L'utilisation de navigateurs, plus stables à l'échelle de l'examen, devrait permettre de s'affranchir de la dérive des signaux physiologiques. De plus, l'utilisation de navigateurs spécifiques, répartis régulièrement tout au long de l'examen, donnant une information absolue quand à la position du sujet, permettrait une recalibration ou un recalage éventuel des modèles de mouvement. Ceci serait très utile en cas de survenue d'un mouvement global du sujet.
- Enfin les trajectoires d'échantillonnage de l'espace-k doivent être randomisées pour améliorer le conditionnement du problème et éviter les artefacts de mouvement constructifs dans les images.

- Il faudrait trouver une méthode d'optimisation semi-automatique des paramètres de régularisation de la contrainte multi-contraste. L'idéal serait de pouvoir donner une signification physique à ces paramètres comme ce qui a été fait pour la régularisation adaptative du modèle de mouvement (chapitre 2.2.3). Néanmoins, dans un premier temps, on pourrait optimiser manuellement des couples de paramètres pour les protocoles qui nous intéressent (le couple optimal dépend principalement du nombre de contrastes différents, de la nature des images, de la résolution, du type de contraste, *etc*), puis une optimisation plus rapide pourrait être faite au cas par cas si la convergence n'est pas satisfaisante.

Comparaison avec T_2 -GRICS On peut légitimement se demander quelle méthode entre MC-GRICS et $T_{1,2}$ -GRICS devrait être utilisée dans un cas où cette dernière méthode est applicable, *i.e.* lorsque l'on dispose d'un modèle de contraste.

Nous avons utilisé l'algorithme MC-GRICS pour reconstruire le même jeu de données que l'un de ceux utilisés pour valider T_2 -GRICS (précédemment présenté dans la figure 4.4). La comparaison des résultats est présentée dans la figure 4.23.

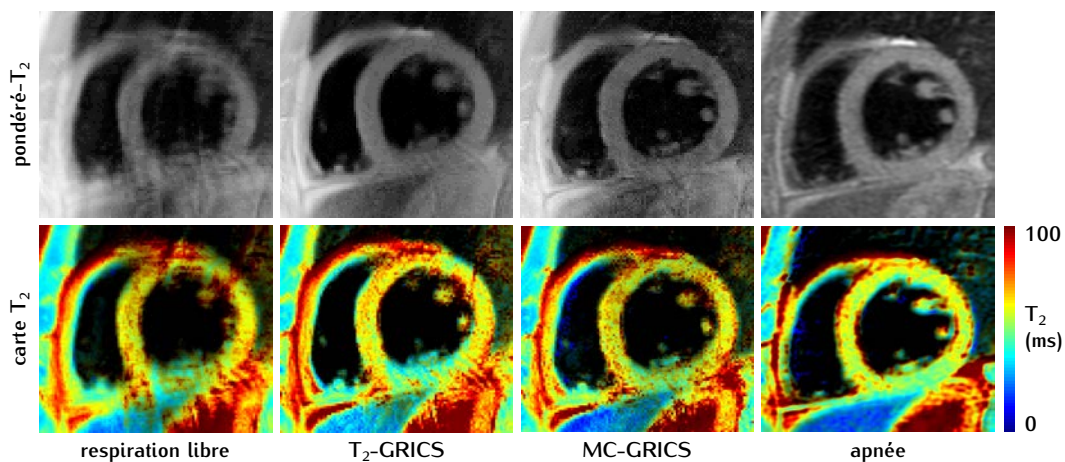


FIGURE 4.23: Comparaison des méthodes T_2 -GRICS et MC-GRICS

Les images pondérées T_2 obtenues avec MC-GRICS sont bien plus nettes que celles obtenues avec T_2 -GRICS. On a donc bien réussi à corriger l'un des problèmes de cette dernière méthode qui est que l'auto-recalage des différentes images n'est pas parfaitement assuré, ce qui était caché par la phase de régression du modèle de contraste. Avec la régularisation multi-contraste présente dans MC-GRICS, on assure cet auto-recalage puisqu'on contraint les images à être recalées entre elles, *i.e.* à présenter les mêmes gradients. On pourrait envisager d'ajouter cette contrainte à la première étape de l'algorithme $T_{1,2}$ -GRICS.

La carte T_2 obtenue avec MC-GRICS présente elle aussi une amélioration par rapport à T_2 -GRICS. On observe moins d'artéfacts de mouvement et les structures du myocarde sont légèrement plus nettes.

Finalement, selon ces remarques et notre expérience, telles qu'elles sont présentées actuellement, le choix de la méthode de reconstruction devrait être fait en fonction des critères suivants : lorsque l'on ne dispose pas d'un modèle de contraste robuste, ou

bien lorsque l'on ne dispose pas de suffisamment de points sur la courbe de signal pour auto-calibrer le modèle de contraste, la méthode MC-GRICS devrait être préférée. En revanche, si l'on est confiant en notre modèle de contraste et que l'on dispose de beaucoup de contrastes de ce type, la méthode spécifique est préférable car elle sera mieux conditionnée. En effet, il y aura beaucoup moins d'inconnues dans le couple $(\rho_0, \text{carte de paramètres du contraste})$ que dans l'ensemble des images à reconstruire. Mais ce cas de figure se rencontre rarement dans un examen en routine clinique.

Autres applications Au cours de cette thèse, la méthode MC-GRICS a été utilisée pour la reconstruction d'images pondérée T_2 , T_1 , avec et sans injection de produit de contraste. Mais on notera bien que la méthode n'est pas uniquement liée à ces types de contraste. On pourra par exemple envisager de reconstruire des acquisitions faites avec la séquence MDE, des séquences en contraste de phase, etc. Ces dernières sont particulièrement intéressantes puisque la reconstruction d'une carte de phase nécessite souvent la combinaison de deux acquisitions afin d'annuler les biais constants (seule la différence est conservée). Il serait donc dommage de reconstruire indépendamment ces deux acquisitions. Avec cette idée, nous avons donc ainsi pu reconstruire une carte de B_1 corrigée en mouvement à partir de la séquence Bloch-Siegert (annexe B.6).

4.3 Discussion autour de la correction de mouvement pour l'imagerie multi-contraste

Mis à part les méthodes $T_{1,2}$ -GRICS, DCE-GRICS et MC-GRICS, il n'existe pas à notre connaissance d'autres méthodes qui combinent une correction de mouvement intra-acquisition et une reconstruction d'image multi-contraste. On pourra éventuellement citer la méthode de *finger printing* [89]. Mais il faut bien préciser que cette méthode n'est pas réellement une méthode intégrant une correction de mouvement. Il s'agit plutôt d'une méthode de reconstruction multi-contraste peu sensible aux mouvements. Le mouvement y est traité comme une perturbation mais n'est pas corrigé. Dans ce cas le mouvement induit donc nécessairement une perte d'information. On a en effet vu que les valeurs de T_1 et de T_2 obtenues sans correction de mouvement véritable (uniquement avec un moyennage) sont biaisées ; le mouvement n'induit pas une perturbation gaussienne.

Conclusions et perspectives

Bilan

Problématique initiale Récapitulons le problème initialement posé : le principal avantage de l'IRM est sa capacité à manipuler le contraste. Son principal défaut est la lenteur du processus d'acquisition. Ces deux points font de l'IRM une modalité très sensible aux mouvements. Si l'on veut proposer une méthode de correction de mouvement utilisable en routine clinique, il faut que celle-ci puisse fonctionner dans un contexte multi-contraste.

Au cours de cette thèse, nous avons étudié indépendamment la problématique du mouvement et la problématique du contraste pour ensuite proposer une méthode de correction de mouvement applicable à la reconstruction d'images multi-contraste.

Correction de mouvement Pour l'étude de la correction de mouvement, nous sommes principalement repartis de l'algorithme GRICS proposé par Odille *et al.* [7]. Cet algorithme propose une méthode de reconstruction conjointe d'un modèle de mouvement non-rigide et de l'image corrigée en mouvement correspondante.

Au cours de cette thèse, nous avons adapté cet algorithme à l'imagerie 3D et surtout, nous avons proposé une nouvelle façon de modéliser le mouvement. L'idée consiste à ne résoudre le mouvement qu'en certains points clés d'une grille irrégulière, construite de manière automatique, parfaitement adaptée à la morphologie et aux mouvements de chaque sujet. De cette manière, le mouvement est entièrement caractérisé avec un nombre minimal de paramètres. A présent, le problème de la correction de mouvement est mieux posé au sens physique et au sens mathématique, la convergence est plus rapide et plus juste, et il n'est plus nécessaire d'optimiser le moindre paramètre de régularisation.

Nous avons pu montrer que cette nouvelle méthode de régularisation adaptative implicite bénéficie à la reconstruction compensée en mouvement, mais également au problème de recalage d'images 2D ou 3D en IRM.

Reconstruction multi-contraste L'IRM permet l'obtention de très nombreux types de contrastes qui apportent tous des informations complémentaires. Nous avons vu que c'est surtout la combinaison, la mise en parallèle de ces informations qui permet de tirer le meilleur parti des données acquises pour une meilleure détectabilité et une meilleure caractérisation des lésions.

Nous avons donc comparé différentes méthodes de reconstruction d'images multi-contraste qui tirent le meilleur parti des informations partagées entre les images. Par exemple nous avons proposé des méthodes basées sur la décomposition en valeurs singulières permettant de séparer l'information commune des perturbations. Une autre méthode, basée sur cette idée, et sur l'idée que l'anatomie, et donc les gradients des différents contrastes devraient être communs, a permis de reconstruire des images

sous-échantillonnées avec un facteur 3 avec une plus faible erreur que les méthodes proposées dans la littérature.

Synthèse Pour répondre à la problématique posée dans cette thèse (correction de mouvement dans un contexte multi-contraste), nous avons proposé deux méthodes qui se basent sur les développements effectués dans les deux parties précédentes.

La première méthode permet de corriger le mouvement lorsque l'on dispose d'un modèle décrivant la variation du contraste au sein du jeu de données.

La seconde méthode, MC-GRICS, permet de reconstruire un jeu de données contenant plusieurs contrastes de n'importe quel type avec une compensation en mouvement. Cette méthode a été validée sur fantôme, sur volontaire sain et est en cours d'étude chez des patients. Nous avons ainsi pu montrer la faisabilité de la quantification du T_1 et T_2 myocardique en respiration libre en moins de 5 minutes d'acquisition et 5 minutes de reconstruction.

Perspectives

Améliorations Plusieurs pistes d'amélioration ont été proposées afin d'améliorer la robustesse et l'efficacité de ces différentes méthodes :

- Une implémentation GPU permettrait d'améliorer les temps de reconstruction, notamment pour la modélisation des mouvements en 3D.
- On pourrait s'inspirer de la régularisation adaptative du mouvement pour améliorer la régularisation permettant de tirer parti des informations partagées entre les contrastes. Notamment, on pourrait chercher à optimiser de manière adaptative et automatiquement les paramètres de cette régularisation en leur donnant un sens physique.
- Les trajectoires d'échantillonnage de l'espace-k devraient être randomisées, voire construites de manière adaptative en fonction du mouvement au cours de l'examen, et ce afin d'améliorer le conditionnement des problèmes de reconstruction et éviter les artefacts de mouvement constructifs. De plus, ce module de randomisation permettrait de rendre MC-GRICS compatibles avec les méthodes de reconstruction *compressed sensing*.
- Enfin, puisqu'on s'intéresse à la gestion du mouvement à l'échelle de l'examen entier, la mesure des signaux physiologiques devrait être rendue elle aussi plus robuste. L'utilisation de navigateurs à la place de capteurs physiologiques est une piste de recherche. Cela permettrait aussi de simplifier la procédure d'installation du patient et d'acquisition des données.

Validation Il faut à présent poursuivre le travail de validation de ces méthodes qui a été déjà bien entamé. Notamment il nous faut construire une référence plus fiable que la qualité image pour la validation in-vivo. Il faudrait ainsi évaluer l'amélioration de critères quantitatifs tels que la sensibilité ou la spécificité sur plusieurs pathologies. Mais avant cela il nous faut tester notre méthode sur un examen cardiaque plus complet, en intégrant les séquences de la fonction cardiaque en CINE et les séquences de rétention tardives.

Généralisation Ce qui est certain, c'est que ces travaux ouvrent des pistes de recherche pour le développement de nouvelles méthodes. Notamment, nous sommes très intéressés par la combinaison de MC-GRICS avec d'autres méthodes comme le *compressed sensing* (abordé avec la régularisation de Haldar et al.), avec la super-résolution qui permettrait d'intégrer des orientations et des champs de vue différents, avec des méthodes d'accélération temporelles (abordées dans le chapitre 3.2), avec le *finger printing?*, etc. C'est donc la combinaison de ces briques proposées dans la littérature avec les nouvelles petites briques que nous proposons dans cette thèse, qui nous intéressent plus que leur comparaison.

Discussion

L'art du compromis Il y a une corrélation très forte entre la complexité des modèles utilisés, *i.e.* la complexité calculatoire, et la précision et la justesse des résultats obtenus. Mais il faut toujours mettre en correspondance l'effort consenti dans la complexification du modèle et l'amélioration du résultat correspondant. Cette question est très délicate car elle nécessite d'être capable de quantifier l'amélioration des résultats, ce qui n'est pas toujours évident. Pour cela, il nous faut par exemple évaluer l'impact diagnostique de notre méthode sur des grandes cohortes.

Enfin, plus une méthode est généraliste, plus elle répond à de nombreux problèmes et surtout plus elle peut intégrer d'informations acquises pendant l'examen pour la reconstruction et donc améliorer le conditionnement du problème. Mais plus une méthode est généraliste, moins elle est spécifique et donc moins elle tire parti des particularités du problème et donc moins bien elle est conditionnée. Nous pensons avoir atteint un bon compromis avec MC-GRICS en permettant de rendre la méthode applicable à un contexte clinique tout en restant robuste.

Troisième partie

Annexes

Fiches techniques

A.1 Dualité entre l'espace géométrique et l'espace de Fourier

En IRM, l'acquisition se fait dans le domaine de Fourier et l'analyse dans l'espace géométrique ou espace image. Il est donc nécessaire de maîtriser la relation de dualité qui existe entre ces deux espaces : quel est l'impact sur l'image d'une modification de l'espace-k et inversement ?

Nous nous proposons donc dans cette fiche technique de présenter les principales propriétés de base à connaître pour comprendre l'impact du mouvement dans l'image sur l'espace-k et pour comprendre l'impact d'une manipulation de l'espace-k sur l'image reconstruite.

S'il ne fallait retenir qu'une propriété, ce devrait être la suivante : l'espace géométrique et l'espace de Fourier sont duaux. Donc si l'on sait que la modification M dans l'espace E a l'impact I dans l'espace dual E^* , alors on sait également que la même modification M mais dans l'espace E^* a le même impact I mais dans l'espace dual E .

Linéarité

La transformée de Fourier est la décomposition de l'image en composantes fréquentielles spatiales. Ainsi, chaque pixel de l'image $\rho_{x,y}$ est une combinaison linéaire de ces composantes fréquentielles $(F\rho)_{k_x,k_y}$ et inversement chaque composante fréquentielle $(F\rho)_{k_x,k_y}$ est une combinaison linéaire des pixels $\rho_{x,y}$ de l'image (la transformée de Fourier est inversible). Pour un signal 1D on peut écrire la formulation discrète :

$$F(\rho) : k_x \mapsto \sum_{j=0}^{n-1} \rho_j e^{-i\frac{2\pi}{n}jk_x} \quad (\text{A.1})$$

Symétrie

La matrice F est donc une matrice carrée, symétrique, définie positive. Elle est donc inversible à symétrie hermitienne : $F^{-1} = {}^t\bar{F} = F^H$. Ainsi la transformée de Fourier d'une image réelle est une image complexe à symétrie hermitienne. Cette propriété peut donc permettre de compléter des informations manquantes par symétrie (attention l'image originale doit être réelle!).

Présentation de l'espace de Fourier

Par convention, on représente les basses fréquences au centre de l'espace-k et les hautes fréquences en périphérie (figure A.1).

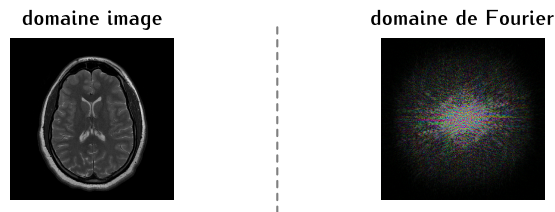


FIGURE A.1: Convention

Ainsi, si l'on ne conserve que les basses fréquences (centre de l'espace-k) on obtient une image avec des variations spatiales lentes, *i.e.* une image relativement lisse ou basse résolution (figure A.2). A l'extrême, si l'on n'avait conservé que le point central de l'espace-k, l'image aurait été unie, constante, égale à la moyenne de l'image originale. Au contraire, si l'on ne conserve que les hautes fréquences, on n'obtient que des variations abruptes, *i.e.* les contours de l'image. On notera que la quasi-totalité de l'information représentée dans l'image est contenue dans les basses fréquences.

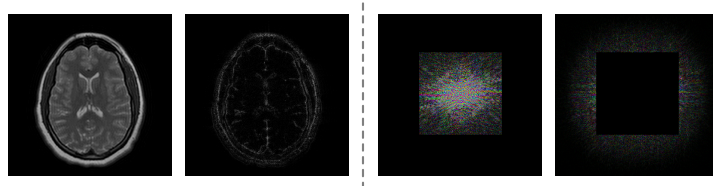


FIGURE A.2: Basses et hautes fréquences

FOV vs. résolution

Dans ce qui précédait, on a observé que réduire le champ de vue dans l'espace-k est équivalent à réduire la résolution dans l'image. La réciproque est vraie : réduire le champ de vue dans l'image équivaut à réduire la résolution dans l'espace-k (figure A.3).

On en déduit que si on effectue une accélération SENSE dans l'acquisition de l'espace-k, et que l'image occupe moins de la moitié du champ de vue dans la direction de phase (direction de l'accélération), alors on ne perd aucune donnée.



FIGURE A.3: FOV vs. résolution

Convolution vs. multiplication

$$F(\rho \cdot m) = F(\rho) \otimes F(m) \quad (\text{A.2})$$

On notera que l'opération de multiplication par un masque dans un espace équivalent dans l'espace dual à l'opération de convolution par la transformée du masque. Par exemple, la multiplication de l'espace-k par une fenêtre carrée équivaut à la convolution de l'image par un noyau, *i.e.* équivaut à un lissage. On notera que la transformée de Fourier d'un créneau est une fonction oscillante, ce qui explique pourquoi la troncature de l'espace-k génère des artéfacts de *ringing* dans l'image.

De la même manière, lorsque l'on doit faire une interpolation dans le domaine de Fourier (par exemple pour re-échantillonner une trajectoire radiale sur un espace-k cartésien), il faudra corriger l'image obtenue après transformée de Fourier en divisant cette dernière par la transformée de Fourier du noyau d'interpolation utilisé dans le domaine de Fourier.

Translation vs. déphasage

Une translation dans le domaine image est équivalente à un déphasage de toutes ses composantes fréquentielles. Plus précisément, elle est équivalente à une rampe de phase dans le domaine de Fourier. A l'extrême, une translation de la moitié du champ de vue est équivalente à une multiplication par ± 1 une ligne sur deux dans le domaine dual (repliement de la phase).

Si il est facile de corriger une translation directement dans le domaine de Fourier, il est en revanche beaucoup plus compliqué de modéliser l'impact d'une rotation ou d'une déformation non-rigide dans le domaine image.

Sous-échantillonnage vs. repliement

Que se passe-t-il lorsque l'on supprime une ligne sur deux dans l'espace-k. Ceci est équivalent à sommer l'espace-k original avec le même espace-k auquel on aurait appliqué la rampe de phase ± 1 une ligne sur deux puis à diviser la somme par 2. Ceci est donc équivalent dans le domaine image à dupliquer l'image et à translater une des deux copies de la moitié du champ de vue, puis à réduire l'amplitude de l'image totale par deux (figure A.4).

On peut également retenir ce phénomène de la façon suivante : sous-échantillonner une ligne sur deux dans le domaine de Fourier est relativement similaire à réduire la résolution de l'espace-k d'un facteur 2. Donc le champ de vue est également réduit d'un facteur 2. Si on cherche à reconstruire une image avec la dimension originale, la partie du champ de vue manquante sera complétée de façon à obtenir une image périodique.

Cette réflexion peut être généralisée à un sous-échantillonnage d'un facteur n . A l'extrême, lorsque l'on ne conserve que la ligne centrale, c'est comme si l'on répliquait à l'infini l'image, *i.e.* comme si on l'étalait dans la direction de la phase.

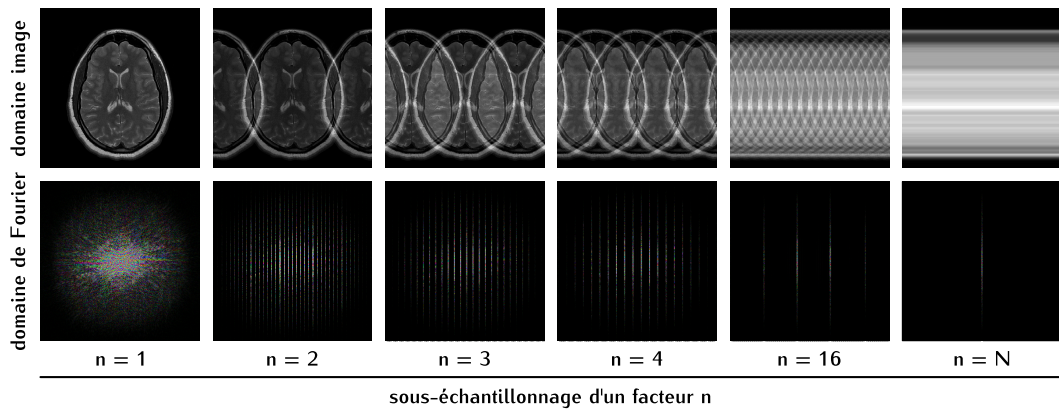


FIGURE A.4: Sous-échantillonnage *vs.* repliement

Théorème de la ligne centrale

On vient de voir que la transformée de Fourier d'une seule ligne d'un espace-k est égale à l'étalement de l'image dans cette direction. Autrement dit, la transformée de Fourier de la projection d'une image sur une ligne est égale à la même ligne de la transformée de Fourier de l'image complète (figure A.5).

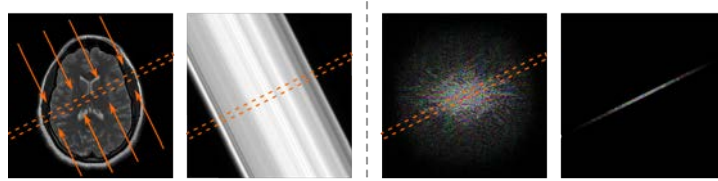


FIGURE A.5: Théorème de la ligne centrale

A.2 Réflexion autour de la mise en pratique de l'apnée en IRM

En me basant sur mon expérience personnelle en tant qu'expérimentateur à l'IRM, sur moi-même, sur volontaires sains et sur malades, mais également sur mon expérience théorique, pratique et pédagogique en tant que moniteur entraîneur d'apnée, et enfin sur l'expérience des manipulateurs radio du CHU de Brabois, voici quelques unes des réflexions auxquelles j'ai pu aboutir concernant l'utilisation de l'apnée en routine clinique pour l'IRM.

L'apnée est très souvent utilisée en routine clinique en IRM afin d'éviter les artefacts de mouvement. On demande systématiquement au patient une apnée en expiration. En effet, c'est *en théorie* la position physiologique la plus stable tant au cours de l'apnée elle-même, que d'un point de vue reproductibilité pour obtenir la même position d'une apnée à l'autre. Mais il y a un pas entre la théorie et la pratique.

Par exemple, le terme d'« apnée en expiration » n'est pas idéal. On pourrait essayer d'expliquer aux patients que l'apnée demandée n'est pas une expiration forcée mais simplement la position naturelle lorsque l'on *relâche* le thorax, lorsque l'on relâche l'air. Une expiration forcée est très inconfortable et induit rapidement des mouvements même lorsque l'apnée est maintenue (au sens de l'arrêt de la ventilation).

De plus, l'état stable de relâchement n'est pas atteint immédiatement après l'arrêt de la ventilation. En effet, il faut souvent attendre quelques secondes avant que le diaphragme n'atteigne sa position stabilisée.

La durée maximale communément admise comme acceptable est de 20 secondes. Si l'acquisition nécessite que cette durée soit supérieure, il est parfois préférable de demander une apnée poumon plein (facteur psychologique et physiologique). C'est d'autant plus vrai si le patient montre des difficultés à tenir ses apnées et si on ne cherche pas particulièrement à obtenir les différentes images de l'examen dans la même position (pas d'analyse transversale). Mais attention, lors d'une apnée poumon plein, l'amplitude et le temps de relaxation du diaphragme une fois la ventilation stoppée sont plus importants et doivent être pris en compte.

En réalité, l'objectif n'est pas tant d'obtenir une apnée parfaite, mais un état le plus stable possible. Ainsi, chez certains patients, on observe une meilleure qualité d'image lorsqu'on ne demande aucun contrôle de leur part et lorsqu'ils ont une respiration calme que lorsque l'on demande une apnée.

Pour la même raison, la question du monitoring de l'apnée à l'aide d'un écran visible par le patient est discutable. Cet outil nécessite un temps d'adaptation et (encore) du matériel supplémentaire. On obtient alors une respiration contrôlée et non naturelle. L'apnée ne sera donc pas relâchée. De plus la respiration demandée n'est pas toujours adaptée à la respiration de chaque individu. Il faudrait par exemple laisser le patient prendre les respirations préparatoires à son rythme avant une apnée.

Au delà de ces considérations, la question de la compréhension de l'exercice se pose : le patient est-il capable de comprendre ce qu'on lui demande, de sentir la bonne position de relâchement, de l'atteindre dans le cadre d'un examen stressant (enjeu du diagnostique, lourdeur du matériel, bruit, etc.) ?

Finalement, l'apnée est un outil puissant et ne devrait pas être négligé. La gestion de l'apnée a une influence fondamentale sur la qualité des images obtenues et mériterait qu'on lui accorde plus de temps. Cette prise en charge du patient avant l'examen nécessite cependant du temps humain, une formation adaptée et soulève donc une question socio-économique déjà récurrente en IRM. De la même manière que l'on utilise des moyens de recherche pour tenter de corriger le mouvement à l'aide de méthodes de reconstruction complexes, il serait à mon sens très instructif de mener une étude en collaboration avec les manipulateurs radio afin d'essayer d'améliorer le protocole de préparation du patient et de mise en œuvre des apnées dans le cadre de l'IRM. Peut-être la qualité des images pourrait-elle être améliorée de façon significative avec des moyens simples. Il n'existe à notre connaissance pas d'étude sur le sujet.

Approfondissements

B.1 Démonstration de l'impact du mouvement intra-TR

Mouvement entre les gradients

On se propose de formuler le déphasage $\Delta\phi$ subit par un spin du fait de son mouvement et de l'application de gradients G . On note $r(t)$ la trajectoire du spin avec $r(t) = (x(t), y(t), z(t))$.

$$\Delta\phi = \int_t \gamma G(r(t)) dt$$

Or la phase induite par le gradient G_x ne dépend que de la position du spin dans la direction x (reps. y, z), le gradient étant constant dans les autres directions :

$$\Delta\phi = \gamma \int_t (x(t)G_x(t) + y(t)G_y(t) + z(t)G_z(t)) dt$$

Pour un gradient G_x constant appliqué entre t_x^0 et $t_x^0 + \Delta t_x$ (resp. y, z), on obtient :

$$\Delta\phi = \gamma \left[G_x \int_{t_x^0}^{t_x^0 + \Delta t_x} x(t) dt + G_y \int_{t_y^0}^{t_y^0 + \Delta t_y} y(t) dt + G_z \int_{t_z^0}^{t_z^0 + \Delta t_z} z(t) dt \right]$$

Si aucun mouvement ne survient dans la direction x pendant l'application du gradient G_x , *i.e.* à l'instant t_x pendant la durée Δt_x (resp. y, z), on obtient:

$$\Delta\phi = \gamma [G_x \Delta t_x x_{t_x} + G_y \Delta t_y y_{t_y} + G_z \Delta t_z z_{t_z}]$$

Ce qui est équivalent au déphasage qu'aurait subit un spin sans mouvement dans la position $(x(t_x), y(t_y), z(t_z))$:

$$\Delta\phi = \Delta\phi(x_{t_x}, y_{t_y}, z_{t_z})$$

Mouvement pendant les gradients d'encodage

Vitesse A présent, supposons qu'un mouvement de vitesse constante v_x se produit dans la direction x pendant l'application du gradient G_x (créneau de hauteur constante).

$$\begin{aligned} \Delta\phi &= \Delta\phi(x_{t_x}, y_{t_y}, z_{t_z}) + \gamma G_x \int_{-\Delta t_x/2}^{\Delta t_x/2} v_x t dt \\ &= \Delta\phi(x_{t_x}, y_{t_y}, z_{t_z}) + \gamma G_x v_x \left[\frac{1}{2} t^2 \right]_{-\Delta t_x/2}^{\Delta t_x/2} \\ &= \Delta\phi(x_{t_x}, y_{t_y}, z_{t_z}) + 0 \end{aligned}$$

Dans ce cas, le spin mobile présente le même déphasage que s'il avait conservé la position moyenne qu'il avait au cours de l'application du gradient.

Accélération Considérons maintenant un mouvement avec une accélération constante :

$$\begin{aligned}\Delta\phi &= \Delta\phi(x_{t_x}, y_{t_y}, z_{t_z}) + \gamma G_x \int_{-\Delta t_x/2}^{\Delta t_x/2} a_x t^2 dt \\ &= \Delta\phi(x_{t_x}, y_{t_y}, z_{t_z}) + \gamma G_x a_x \left[\frac{1}{3} t^3 \right]_{-\Delta t_x/2}^{\Delta t_x/2} \\ &= \Delta\phi(x_{t_x}, y_{t_y}, z_{t_z}) + \frac{1}{12} \gamma G_x a_x \Delta t_x^3\end{aligned}$$

Dans ce cas, le spin présente un déphasage artificiel ; il présente le même déphasage que s'il était positionné à $\frac{1}{12} a_x \Delta t_x^2$ de sa position moyenne, *i.e.* avec un décalage de 1/12 de la distance parcourue pendant d'application du gradient. Si le mouvement est le même pour toutes les répétitions de l'acquisition, la reconstruction va interpréter ce déphasage par une position aberrante de la structure mobile sur l'image. On peut également interpréter l'impact de ce déphasage autrement : l'accélération implique l'ajout d'une rampe de phase au signal enregistré. Or une rampe de phase dans le domaine de Fourier est équivalent à une translation dans le domaine géométrique.

Mouvement pendant le gradient de sélection de coupe

Lorsque l'on effectue des acquisitions 2D en IRM, on applique un gradient de sélection de coupe dans la direction perpendiculaire à la coupe souhaitée. De cette façon, seule la coupe correspondant au centre du gradient voit le champ permanent B_0 initial. Ainsi, si ce gradient de sélection de coupe est appliqué en même temps que l'excitation RF, seuls les spins de la coupe souhaitée ont une fréquence de résonance correspondant à la fréquence de l'onde RF (on rappelle que la fréquence de résonance, fréquence de Larmor, dépend du champ magnétique ambiant). Donc seule la coupe souhaitée sera excitée.

Si un mouvement survient au cours de l'application de ce gradient de sélection de coupe, les spins mobiles vont présenter un déphasage artificiel additionnel pour les mêmes raisons que pour les gradients d'encodage. En revanche, ici, il ne s'agit plus d'une rampe de déphasage, mais bien d'un déphasage constant pour tous les spins mobiles de la coupe d'intérêt. Ceci va donc se traduire par un déphasage dans l'image reconstruite. En effet, la transformée de Fourier est bien un opérateur linéaire.

Gradient de moment nul

Dans le cas précédent d'un déplacement à vitesse constante, le mouvement n'avait pas d'impact sur la phase du spin. Mais c'est uniquement parce que la forme du gradient utilisé respectait une propriété particulière : son moment d'ordre 1 étant nul.

$$\begin{cases} \int_{-t}^t G(t) dt = \Delta G \Delta t \neq 0 \\ \int_{-t}^t G(t) t dt = 0 \end{cases}$$

B.2 Démonstration du lien entre la minimisation d'un système linéaire et l'utilisation de la transformée hermitienne

On cherche à résoudre le problème suivant :

$$\text{Trouver } \rho \text{ tel que } \rho = \operatorname{argmin}_{\rho} \|s - E\rho\|^2$$

$$\begin{aligned} E : \mathbb{C}^n &\longrightarrow \mathbb{C}^m \\ \text{avec } \rho &\longmapsto E\rho = \left(\sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right)_{j=1:m} \end{aligned} \quad (\text{B.1})$$

Si l'on suppose que la sortie s du problème est finie (ce qui est nécessairement le cas en sortie d'un appareil de mesure), comme l'opérateur E est linéaire, le minimum global de la fonction sera atteint pour une valeur finie de ρ . De plus comme E est dérivable, le minimum global correspond à une dérivée nulle dans toutes les directions du problème. Attention, cette assertion est une condition nécessaire mais pas suffisante car un minimum local vérifie également cette assertion.

$$\Rightarrow \quad \forall i \in [1, n], \quad \frac{\partial \|s - E\rho\|^2}{\partial \rho_i} = 0 \quad (\text{B.2})$$

On peut également considérer E comme étant une fonction de \mathbb{R}^{2n} dans \mathbb{C}^m en séparant les parties réelles et imaginaires de ρ .

$$\Leftrightarrow \quad \forall i \in [1, n], \quad \begin{cases} \frac{\partial \|s - E\rho\|^2}{\partial x_i} = 0 \\ \frac{\partial \|s - E\rho\|^2}{\partial y_i} = 0 \end{cases} \quad \text{avec } \rho_i = x_i + iy_i \quad (\text{B.3})$$

Or,

$$\begin{aligned} \frac{\partial \|s - E\rho\|^2}{\partial x_i} &= \frac{\partial}{\partial x_i} \sum_{j=1}^m \left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right) \overline{\left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right)} \\ &= \sum_{j=1}^m \frac{\partial}{\partial x_i} \left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right) \overline{\left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right)} \\ &\quad + \sum_{j=1}^m \left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right) \frac{\partial}{\partial x_i} \overline{\left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right)} \\ &= \sum_{j=1}^m (-E_{ji}) \overline{\left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right)} + \left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right) (-\overline{E_{ji}}) \end{aligned} \quad (\text{B.4})$$

Et de manière analogue,

$$\frac{\partial \|s - E\rho\|^2}{\partial y_i} = \sum_{j=1}^m (-E_{ji}) \overline{\left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right)} + \left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right) (\overline{E_{ji}}) \quad (\text{B.5})$$

Donc,

$$(B.3) \Leftrightarrow \forall i \in [1, n], \begin{cases} a_i + \bar{a}_i = 0 \\ a_i - \bar{a}_i = 0 \end{cases} \text{ avec } a_i = \sum_{j=1}^m \bar{E}_{ji} \left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right) \quad (B.6)$$

On rappelle que la transformée hermitienne E^H de E est définie par : $E^H = {}^t(\bar{E})$. Ainsi,

$$\begin{aligned} (B.3) \Leftrightarrow \forall i \in [1, n], \quad 0 &= a_i \\ &= \sum_{j=1}^m \bar{E}_{ji} \left(s_j - \sum_{k=1}^n E_{jk} \rho_k \right) \\ &= \sum_{j=1}^m \bar{E}_{ji} \left(s_j - (E\rho)_j \right) \\ &= \sum_{j=1}^m (E^H)_{ij} s_j - \sum_{j=1}^m (E^H)_{ij} (E\rho)_j \\ &= (E^H s)_i - (E^H E \rho)_i \\ &\Leftrightarrow E^H s = E^H E \rho \end{aligned} \quad (B.7)$$

Finalement, la solution de l'équation $\rho = \underset{\rho}{\operatorname{argmin}} \|s - E\rho\|^2$ vérifie nécessairement $E^H s = E^H E \rho$.

On notera qu'il était évident que $(s = E\rho) \Rightarrow (E^H s = E^H E \rho)$. Mais la démonstration ci-dessus a le mérite de donner un sens compréhensible à l'utilisation de la transformée hermitienne.

B.3 Démonstration de l'équation du flux optique

On souhaite recalculer l'image de référence ρ_r sur l'image cible ρ_t . Supposons que l'on dispose d'une première approximation de l'image recalculée avec l'image flottante ρ_f obtenue avec le champ de déplacements \vec{u} : $\rho_f = W(\vec{u}, \rho_r)$. On cherche l'erreur $\delta\vec{u}$ entre le champ de déplacements réel et notre première approximation : $\vec{u}_{reel} = \vec{u} + \delta\vec{u}$.

$$\rho_t - \rho_f = W(\vec{u} + \delta\vec{u}, \rho_r) - W(\vec{u}, \rho_r) \quad (\text{B.8})$$

On obtient donc en traduisant le développement limité de W :

$$\rho_t - \rho_f = \frac{\partial W(\vec{u}, \rho_r)}{\partial \vec{u}} \cdot \delta\vec{u} \quad \text{avec} \quad \frac{\partial W(\vec{u}, \rho_r)}{\partial \vec{u}} = \begin{pmatrix} \frac{\partial W(\vec{u}, \rho_r)}{\partial u_x} \\ \frac{\partial W(\vec{u}, \rho_r)}{\partial u_y} \end{pmatrix} \quad (\text{B.9})$$

Or la conservation de l'intensité dans l'image assure que :

$$W(\vec{u}, \rho_r)(x, y) = \rho_f(x, y) = \rho_r(x - u_x, y - u_y) \quad (\text{B.10})$$

Ainsi,

$$\begin{aligned} \frac{\partial W(\vec{u}, \rho_r)}{\partial u_x} &= \lim_{\delta u_x \rightarrow 0} \frac{\rho_r(x - (u_x + \delta u_x), y - u_y) - \rho_r(x - u_x, y - u_y)}{\delta u_x} \\ &= \lim_{\delta x \rightarrow 0} \frac{\rho_f(x + \delta x, y) - \rho_f(x, y)}{-\delta x} \\ &= -\frac{\partial \rho_f}{\partial x} \end{aligned} \quad (\text{B.11})$$

Finalement,

$$\rho_t - \rho_f = -\nabla \rho_f \cdot \delta\vec{u} \quad (\text{B.12})$$

B.4 Autre interprétation de l'optimisation du système couplé dans GRICS

En reprenant les notations habituelles, on rappelle l'expression de l'opérateur d'encodage qui décrit la chaîne d'acquisition des données par le scanner :

$$\begin{aligned} s &= \xi F \sigma W(\alpha) \rho \\ &= E(\alpha) \rho \\ &= f(\rho, \alpha) \end{aligned} \quad (\text{B.13})$$

On a également montré que :

$$\begin{cases} \frac{\partial f}{\partial \rho} = E(\alpha) \\ \frac{\partial f}{\partial \alpha} = R(\rho, \alpha) \end{cases} \quad \text{avec} \quad R(\rho, \alpha) = \xi F \sigma(-\nabla) W(\alpha) \rho S \quad (\text{B.14})$$

Le développement limité de la fonction f à deux variables donne :

$$\begin{aligned} f(\rho, \alpha) - f(\tilde{\rho}, \tilde{\alpha}) &= \frac{\partial f}{\partial \rho}(\tilde{\rho}, \tilde{\alpha}) \cdot (\rho - \tilde{\rho}) + \frac{\partial f}{\partial \alpha}(\tilde{\rho}, \tilde{\alpha}) \cdot (\alpha - \tilde{\alpha}) \\ s - \tilde{s} &= E(\tilde{\alpha}) \cdot (\rho - \tilde{\rho}) + R(\tilde{\rho}, \tilde{\alpha}) \cdot (\alpha - \tilde{\alpha}) \\ &= E(\tilde{\alpha}) \rho - \tilde{s} + R(\tilde{\rho}, \tilde{\alpha}) \delta \alpha \end{aligned} \quad (\text{B.15})$$

Donc si on fait l'approximation suivante : $E(\tilde{\alpha}) \rho = E(\tilde{\alpha}) \tilde{\rho}$, alors on retombe sur l'équation proposée dans GRICS pour l'optimisation du modèle de mouvement : $s - E(\tilde{\rho}) = R(\tilde{\rho}, \tilde{\alpha}) \delta \alpha$

En revanche, si on ne fait aucune approximation, on obtient le système général suivant :

$$s - E(\tilde{\alpha}) \tilde{\rho} = E(\tilde{\alpha}) \delta \rho + R(\tilde{\rho}, \tilde{\alpha}) \delta \alpha \quad (\text{B.16})$$

On a ainsi obtenu un système linéaire du type :

$$b = A_1 \delta \rho + A_2 \delta \alpha \quad (\text{B.17})$$

En théorie, comme ce système est linéaire, on devrait pouvoir l'optimiser de manière simultanée sans découper le problème en deux sous-systèmes. Si en revanche on décide d'optimiser ce système à l'aide d'une descente de gradient où l'on optimise les deux variables indépendamment, itérativement et alternativement, on retombe exactement sur le système couplé de GRICS :

$$\begin{cases} s - \tilde{s} = E(\tilde{\alpha}) \delta \rho \\ s - \tilde{s} = R(\tilde{\rho}, \tilde{\alpha}) \delta \alpha \end{cases} \Leftrightarrow \begin{cases} s = E(\tilde{\alpha}) \rho \\ s - E(\tilde{\alpha}) \rho = R(\tilde{\rho}, \tilde{\alpha}) \delta \alpha \end{cases} \quad (\text{B.18})$$

Il serait donc intéressant d'utiliser cette interprétation pour résoudre le problème posé dans GRICS avec d'autres méthodes d'optimisation qui ont été démontrées plus robustes qu'un gradient alternatif sur les deux variables.

D'autre part, cette formulation permet d'affirmer que l'on se situe dans un environnement $(\cdot, \tilde{\alpha})$ suffisamment proche de la solution (ρ, α) , alors la minimisation de $b - A_1 \delta \rho + A_2 \delta \alpha$ correspond à la recherche du minimum d'une fonction convexe. Et un résultat important de la littérature assure la convergence de la plupart des algorithmes classiques d'optimisation dans ce cas.

B.5 Correction de mouvement avec la méthode GRICS pour l'IRM 3D du sein

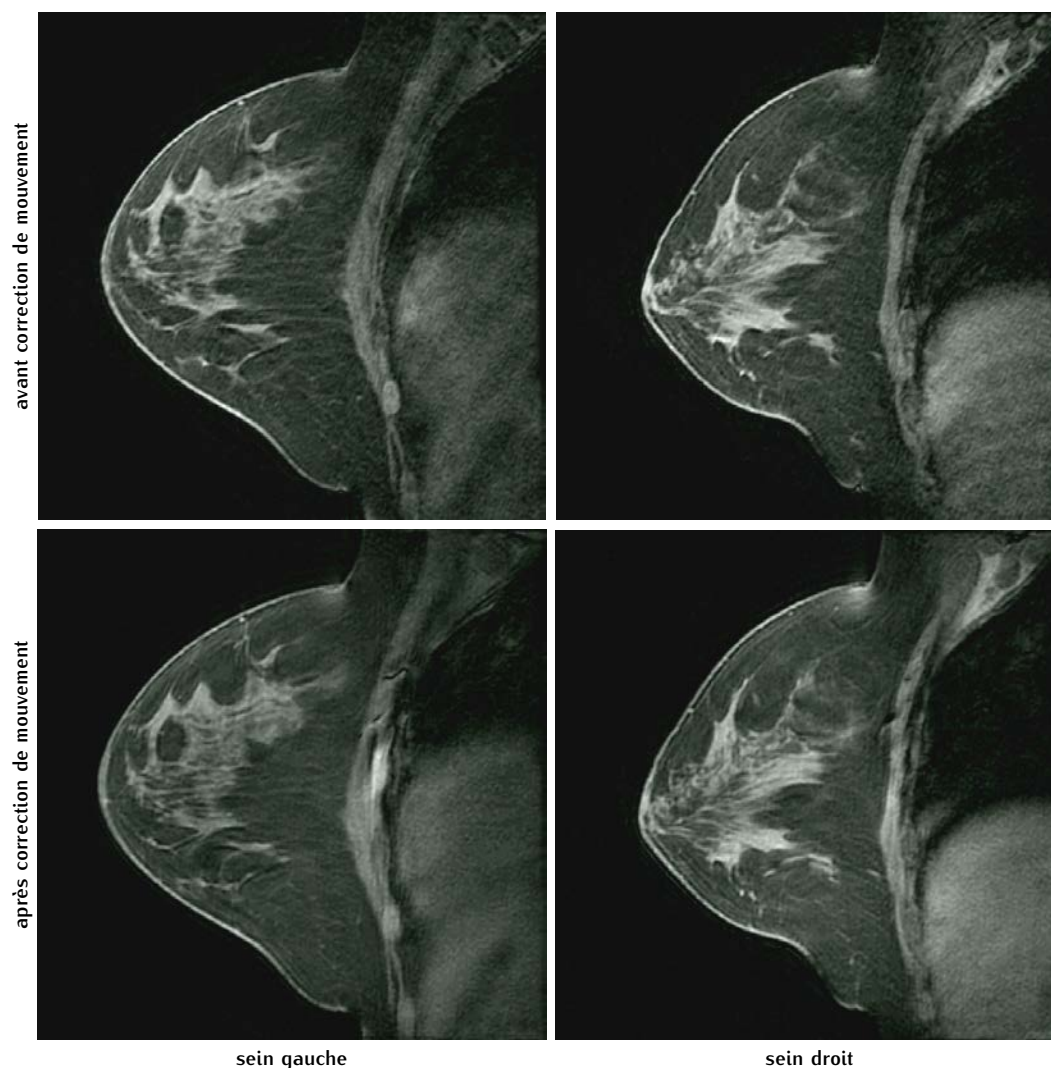


FIGURE B.1: Evaluation de GRICS sur le sein

L'imagerie du sein utilise une antenne dédiée en IRM qui permet de recevoir le sein en position allongée sur le ventre. Cette antenne présente deux avantages principaux.

Premièrement, le sein est positionné au centre de l'aimant (là où le champ est le plus homogène) alors que sur le dos, le sein aurait été relativement haut dans le tube. Or il est très important de pouvoir correctement saturer le signal de la graisse. Pour cela l'homogénéité du champ est primordiale.

D'autre part, comme l'avant du buste repose sur l'antenne, la partie la plus mobile est le dos. Les seins sont donc préservés de la majeure partie des mouvements respiratoires.

On notera que en orientation sagittale du volume, la direction de phase est judicieusement orientée dans la direction sup-inf de façon à ce que les artéfacts de

mouvement du foie ou du cœur présents dans le champ de vue ne se replient pas sur le sein.

Malgré tout, une partie du mouvement respiratoire peut être transmise au sein. Nous avons appliqué la méthode de correction de mouvement GRICS afin d'évaluer l'intérêt d'une telle méthode.

Nous avons acquis des données en respiration libre avec la séquence clinique dédiée à l'imagerie du sein sur notre imageur (GE HDx Signa) : la séquence VIBRANT. Il s'agit d'une séquence 3D avec saturation de la graisse et hautement accélérée (doublement du champ de vue dans la direction de la phase pour éviter les repliements, accélération SENSE dans les deux directions de phase, Fourier partiel dans la direction de phase principale et de fréquence).

Les résultats sont présentés dans la figure B.1.

La méthode semble corriger un artéfact de mouvement sur le sein gauche. Ces résultats montrent au passage la capacité de GRICS à être combiné avec les méthodes d'accélération les plus classiques.

La comparaison du bénéfice par rapport au temps de reconstruction (environ 20 h pour cette matrice $224 \times 224 \times 96$) nous semble discutable. On notera cependant que les longs temps de reconstruction sont des limitations toutes relatives lorsque l'on voit la vitesse avec laquelle les performances calculatoires de la plupart des machines augmentent.

Selon la littérature, l'impact du mouvement respiratoire pour l'imagerie du sein concerne plutôt la modification des champs B_0 et B_1 au cours de l'acquisition. Ceci peut dégrader la qualité des spectroscopies ou de la saturation de la graisse par exemple.

B.6 Correction de mouvement appliquée à la séquence Block-Siebert pour la cartographie B_1

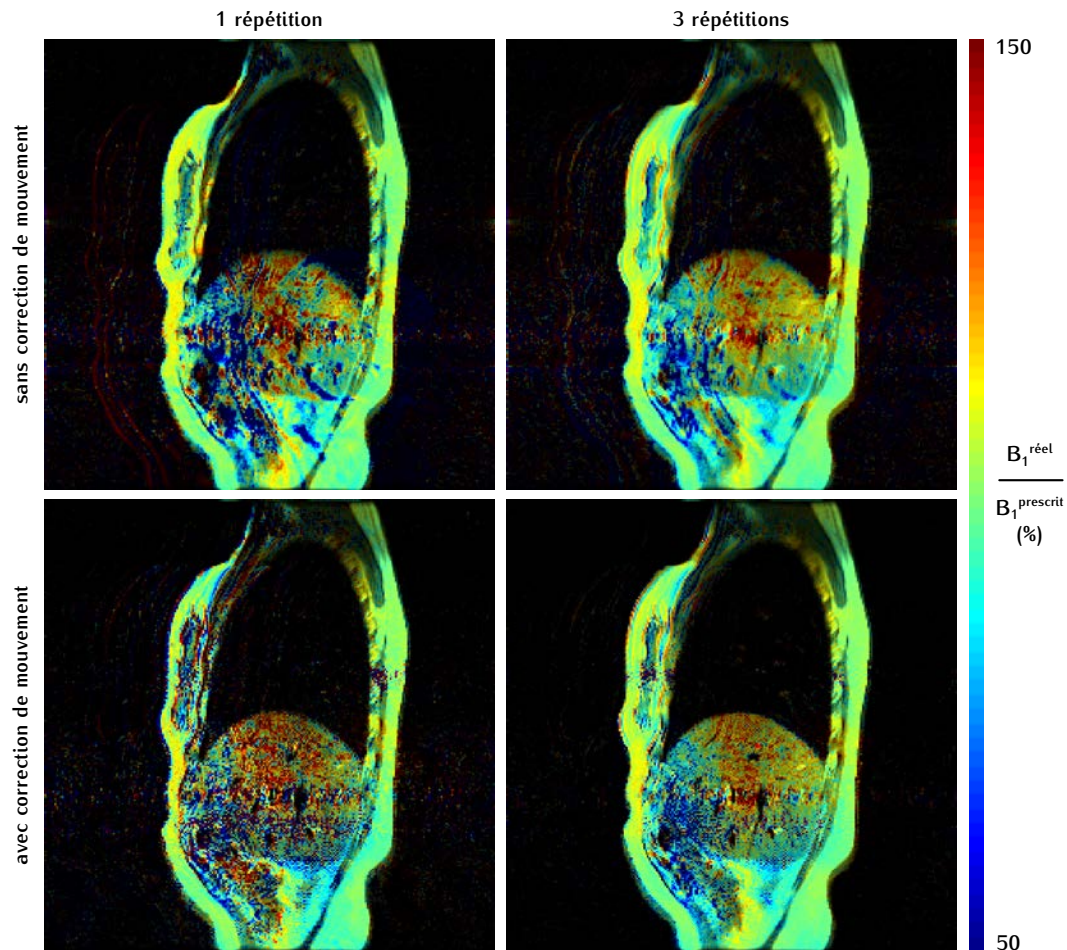


FIGURE B.2: Evaluation de GRICS sur la séquence Bloch-Siebert

La séquence Bloch-Siebert permet de reconstruire une carte de B_1 à partir de deux images où l'information utile est encodée dans la phase (deux phases opposées). Ces deux images doivent être combinées (différence de phase) afin de supprimer les biais constants.

L'acquisition de ces séquences est relativement longue (environ 2 minutes). Nous avons donc voulu évaluer l'intérêt d'une correction de mouvement sur ces images. Comme il s'agit de deux contrastes différents, nous avons utilisé la méthode MC-GRICS (sans la contrainte de régularisation multi-contraste car non-implémentée au moment de ce test).

Les résultats sont visibles dans la figure B.2

L'utilisation de la méthode montre une nette amélioration de la qualité des cartes reconstruites. Ces résultats montrent également la capacité de GRICS à travailler sur des séquences avec lesquelles l'information utile est stockée dans la phase.

On peut cependant questionner l'intérêt d'une telle reconstruction. En effet, on peut émettre l'hypothèse que la carte de B_1 présente une dynamique spatiale rela-

tivement lente. Des cartes basses résolution ou simplement une régression B-spline sur des données artéfactées devraient donc être suffisantes.

Publications

- [BMM⁺13] Laurent Bonnemains, Damien Mandry, Anne Menini, Bertrand Stos, Jacques Felblinger, Pierre-Yves Marie, and Pierre-André Vuissoz. Surface-length index: a novel index for rapid detection of right ventricles with abnormal ejection fraction using cardiac MRI. *European Radiology*, pages 1–9, 2013.
- [CMC⁺12] Hélène Clique, Anne Menini, Margaret Cheng, Hai-lai, Pierre-Yves Marie, Jacques Felblinger, and Marine Beaumont. Cartographie T1 du myocarde en respiration libre avec correction de mouvements. *Oral Presentation, Société Française de Résonance Magnétique en Biologie et Médecine*, March 2012.
- [DRME⁺10] Marion De Roquefeuil, Anne Menini, Jean-Marie Escanyé, Pierre-Yves Marie, and Jacques Felblinger. Effect of physiological variation of heart rate on quantitative cardiac T2 mapping. *In: Proceedings Scientific Meeting, International Society for Magnetic Resonance in Medicine*, May 2010.
- [FMS⁺13] Pauline Ferry, Anne Menini, S Slavin, Glenn, A Stainsby, Jeffrey, Damien Mandry, Laurent Bonnemains, Jacques Felblinger, and Marine Beaumont. True T1 measurement of the myocardium with two techniques: SMART1map and variable flip angle. *Oral Presentation, European Society of Magnetic Resonance in Medicine and Biology*, October 2013.
- [GSM⁺13a] Fabio Gibiino, Laura Sacolick, Anne Menini, Luigi Landini, and Florian Wiesinger. Free-breathing lung MRI using 3D radial zero-TE imaging. *Oral Presentation, European Society of Magnetic Resonance in Medicine and Biology*, October 2013.
- [GSM⁺13b] Fabio Gibiino, Laura Sacolick, Anne Menini, Luigi Landini, and Florian Wiesinger. Free-breathing, zero-TE MR lung imaging. (*submitted*) *Magnetic Resonance in Medicine*, 2013.
- [GSM⁺13c] Vladimir Golkov, Tim Spenger, Anne Menini, Marion Menzel, D Cremers, and Jonathan Sperl. Effects of low-rank constraints, line-process denoising and q-space compressed sensing on diffusion MR image reconstruction and kurtosis tensor estimation. *Oral Presentation, European Society of Magnetic Resonance in Medicine and Biology*, October 2013.
- [LME⁺11] Maelene Lohezic, Anne Menini, Jean-Marie Escanyé, Pierre-Yves Marie, Damien Mandry, Pierre-André Vuissoz, and Jacques Felblinger.

- Free-breathing myocardial T2 measurements at 1.5T. *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance*, 13(1):1–2, December 2011.
- [MCB⁺12a] Anne Menini, Hélène Clique, Marine Beaumont, Jacques Felblinger, and Freddy Odille. Correction de mouvement avec grics pour la cartographie T1 : validation sur fantôme. *Oral Presentation, Société Française de Résonance Magnétique en Biologie et Médecine*, March 2012.
- [MCB⁺12b] Anne Menini, Hélène Clique, Marine Beaumont, Jacques Felblinger, and Freddy Odille. Motion correction for 3D T1 mapping using GRICS: phantom validation. *In:Proceedings Scientific Meeting, International Society for Magnetic Resonance in Medicine*, May 2012.
- [MFB⁺14] Anne Menini, Pauline Ferry, Marine Beaumont, A Stainsby, Jeffrey, S Slavin, Glenn, Laurent Bonnemains, Jacques Felblinger, and Freddy Odille. Motion correction in post-injection dynamic cardiac t1 mapping: preliminary results. (*submitted*) *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance*, January 2014.
- [MGO⁺13] Anne Menini, Fabio Gibiino, Freddy Odille, Laura Sacolick, and Florian Wiesinger. Free-breathing, zero TE MRI for 3D respiratory motion quantification. *Oral Presentation, European Society of Magnetic Resonance in Medicine and Biology*, October 2013.
- [MSS⁺13a] Anne Menini, S Slavin, Glenn, A Stainsby, Jeffrey, Pauline Ferry, Jacques Felblinger, and Freddy Odille. Motion correction of multi-contrast images applied to T1 and T2 quantification in cardiac MRI. *e-Poster Presentation, European Society of Magnetic Resonance in Medicine and Biology*, October 2013.
- [MSS⁺13b] Anne Menini, S Slavin, Glenn, A Stainsby, Jeffrey, Pauline Ferry, Jacques Felblinger, and Freddy Odille. Motion correction of multi-contrast images applied to T1 and T2 quantification in cardiac MRI. (*under revision*) *Magnetic Resonance Materials in Physics, Biology and Medicine*, October 2013.
- [MVFO11] Anne Menini, Pierre-André Vuissoz, Jacques Felblinger, and Freddy Odille. Procédé de reconstruction d'un signal en imagerie médicale à partir de mesures expérimentales perturbées, et dispositif d'imagerie médicale mettent en œuvre ce procédé. *Patent, FR 2983999*, December 2011.
- [MVFO12] Anne Menini, Pierre-André Vuissoz, Jacques Felblinger, and Freddy Odille. Joint reconstruction of image and motion in MRI: implicit regularization using an adaptive 3D mesh. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention MICCAI 2012*, (7510):264–271, January 2012.
- [OMV⁺12] Freddy Odille, Anne Menini, Pierre-André Vuissoz, Laurent Bonnemains, Damien Mandry, and Jacques Felblinger. Combining nonrigid

motion correction and partial fourier for 3D high resolution cardiac imaging. *In: Proceedings Scientific Meeting, International Society for Magnetic Resonance in Medicine*, May 2012.

Bibliographie

- [1] F. Bloch. Nuclear induction. *Physical Review*, 70(7-8):460–474, October 1946.
- [2] N. Bloembergen, E. M. Purcell, and R. V. Pound. Relaxation effects in nuclear magnetic resonance absorption. *Physical Review*, 73(7):679–712, April 1948.
- [3] Paul C. Lauterbur. Image formation by induced local interactions: examples employing nuclear magnetic resonance. *Nature*, 242(5394):190–191, 1973.
- [4] P. Mansfield. Multi-planar image formation using NMR spin echoes. *Journal of Physics C: Solid State Physics*, 10(3):L55, February 1977.
- [5] Magnetic-resonance.org, 2010. http://www.magnetic-resonance.org/MagRes%20Chapters/21_01.htm.
- [6] Pubmed, July 2013. <http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pubmed>.
- [7] Freddy Odille, Pierre-André Vuissoz, Pierre-Yves Marie, and Jacques Felblinger. Generalized reconstruction by inversion of coupled systems (GRICS) applied to free-breathing MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, 60(1):146–157, 2008.
- [8] J. Staubesand. *Atlas der Anatomie des Menschen - Band 2, Brust, Bauch, Becken, untere Extremität*. Sobotta, 1988.
- [9] Eui-Young Choi, Boaz D. Rosen, Veronica R. S. Fernandes, Raymond T. Yan, Kihei Yoneyama, Sirisha Donekal, Anders Opdahl, Andre L. C. Almeida, Colin O. Wu, Antoinette S. Gomes, David A. Bluemke, and Joao A. C. Lima. Prognostic value of myocardial circumferential strain for incident heart failure and cardiovascular events in asymptomatic individuals: the multi-ethnic study of atherosclerosis. *European Heart Journal*, 34(30):2354–2361, July 2013. PMID: 23644181.
- [10] Anas Dogui, Nadjia Kachenoura, Frédérique Frouin, Muriel Lefort, Alain De Cesare, Elie Mousseaux, and Alain Herment. Consistency of aortic distensibility and pulse wave velocity estimates with respect to the bramwell-hill theoretical model: a cardiovascular magnetic resonance study. *J Cardiovasc Magn Reson*, 13(11), 2011.
- [11] M. Labrousse, G. Hossu, G. Calmon, A. Chays, J. Felblinger, and M. Braun. In vivo characterization of the vestibulo-cochlear nerve motion by MRI. *NeuroImage*, 59(2):943–949, January 2012.
- [12] Johannes M. Froehlich, Michael A. Patak, Constantin von Weymarn, Christoph F. Juli, Christoph L. Zollikofer, and Klaus-Ulrich Wentz. Small bowel motility assessment with magnetic resonance imaging. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 21(4):370–375, 2005.

- [13] E. Mark Haacke, Robert W. Brown, Michael R. Thompson, and Ramesh Venkatesan. *Magnetic Resonance Imaging: Physical Principles and Sequence Design*. Wiley, June 1999.
- [14] Matt A. Bernstein, Kevin F. King, and Xiaohong Joe Zhou. *Handbook of MRI Pulse Sequences*. Elsevier, September 2004.
- [15] N. G. Bellenger, M. I. Burgess, S. G. Ray, A. Lahiri, A. J. S. Coats, J. G. F. Cleland, and D. J. Pennell. Comparison of left ventricular ejection fraction and volumes in heart failure by echocardiography, radionuclide ventriculography and cardiovascular magnetic resonance. are they interchangeable? *European Heart Journal*, 21(16):1387–1396, January 2000. PMID: 10952828.
- [16] Alex Menys, David Atkinson, Freddy Odille, Asia Ahmed, Marco Novelli, Manuel Rodriguez-Justo, Ian Proctor, Shonit Punwani, Steve Halligan, and Stuart A. Taylor. Quantified terminal ileal motility during MR enterography as a potential biomarker of crohn’s disease activity: a preliminary study. *European Radiology*, 22(11):2494–2501, November 2012.
- [17] Vijay Parthasarathy, Jerry L. Prince, Maureen Stone, Emi Z. Murano, and Moriel NessAiver. Measuring tongue motion from tagged cine-MRI using harmonic phase (HARP) processing. *The Journal of the Acoustical Society of America*, 121(1):491–504, 2007.
- [18] Michael D. Abràmoff, Ad P. G. Van Gils, Gerard H. Jansen, and Maarten P. Mourits. MRI dynamic color mapping: A new quantitative technique for imaging soft tissue motion in the orbit. *Investigative Ophthalmology & Visual Science*, 41(11):3256–3260, January 2000. PMID: 11006211.
- [19] Tino Ebbers. Flow imaging: Cardiac applications of 3D cine phase-contrast MRI. *Current Cardiovascular Imaging Reports*, 4(2):127–133, April 2011.
- [20] Arthur P. Dempster, Nan M. Laird, and Donald B. Rubin. Maximum likelihood from incomplete data via the EM algorithm. *Journal of the Royal Statistical Society. Series B (Methodological)*, pages 1–38, 1977.
- [21] Stuart Geman and D. Geman. Stochastic relaxation, gibbs distributions, and the bayesian restoration of images. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, PAMI-6(6):721–741, 1984.
- [22] Louis L. Scharf. *Statistical signal processing*, volume 98. Addison-Wesley Reading, 1991.
- [23] A. N. Tikhonov. *Numerical Methods for the Solution of Ill-Posed Problems*. Springer, June 1995.
- [24] C.R. Vogel and M.E. Oman. Fast, robust total variation-based reconstruction of noisy, blurred images. *IEEE Transactions on Image Processing*, 7(6):813–824, 1998.
- [25] E.J. Candes and M.B. Wakin. An introduction to compressive sampling. *IEEE Signal Processing Magazine*, 25(2):21–30, 2008.

- [26] Michael Lustig, David Donoho, and John M. Pauly. Sparse MRI: the application of compressed sensing for rapid MR imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 58(6):1182–1195, 2007.
- [27] M. Bertero and P. Boccacci. *Introduction to Inverse Problems in Imaging*. CRC Press, December 2010.
- [28] E. Maeland. On the comparison of interpolation methods. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 7(3):213–217, 1988.
- [29] Claude E. Duchon. Lanczos filtering in one and two dimensions. *Journal of Applied Meteorology*, 18(8):1016–1022, August 1979.
- [30] Erwan Kerrien and Marie-Odile Berger. Outils d'imagerie multimodalité pour la neuroradiologie interventionnelle, 2000.
- [31] Simon Baker and Iain Matthews. Lucas-kanade 20 years on: A unifying framework. *International Journal of Computer Vision*, 56(3):221–255, February 2004.
- [32] G.P. Penney, J. Weese, J.A. Little, P. Desmedt, D. L G Hill, and D.J. Hawkes. A comparison of similarity measures for use in 2-d-3-d medical image registration. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 17(4):586–595, 1998.
- [33] Mordecai Avriel. *Nonlinear Programming: Analysis and Methods*. Courier Dover Publications, 2003.
- [34] Xavier Pennec, Pascal Cachier, and Nicholas Ayache. Understanding the "Demon's algorithm": 3D non-rigid registration by gradient descent. In Chris Taylor and Alain Colchester, editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention MICCAI 99*, number 1679 in Lecture Notes in Computer Science, pages 597–605. Springer Berlin Heidelberg, January 1999.
- [35] Per Christian Hansen and Dianne Prost O'Leary. The use of the l-curve in the regularization of discrete ill-posed problems. *SIAM Journal on Scientific Computing*, 14(6):1487–1503, November 1993.
- [36] D. Rueckert, L. I Sonoda, C. Hayes, D. L.G Hill, M. O Leach, and D. J Hawkes. Nonrigid registration using free-form deformations: application to breast MR images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 18(8):712–721, August 1999.
- [37] C. Bradford Barber, David P Dobkin, and Hannu Huhdanpaa. The quick-hull algorithm for convex hulls. *ACM Transaction on Mathematical Software*, 22(4):469–483, 1996.
- [38] Brice Fernandez, Julien Oster, Maelene Lohezic, Damien Mandry, Olivier Pietquin, Pierre-André Vuissoz, and Jacques Felblinger. Adaptive black blood fast spin echo for end-systolic rest cardiac imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 64(6):1760–1771, 2010.

- [39] Albert C. Van Rossum, Frans C. Visser, Michiel Sprenger, Machiel J. Van Ee-nige, Jaap Valk, and Jan P. Roos. Evaluation of magnetic resonance imaging for determination of left ventricular ejection fraction and comparison with angiography. *The American Journal of Cardiology*, 62(9):628–633, September 1988.
- [40] Nael F. Osman, Smita Sampath, Ergin Atalar, and Jerry L. Prince. Imaging longitudinal cardiac strain on short-axis images using strain-encoded MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, 46(2):324–334, 2001.
- [41] C. Tsoumpas, C. Buerger, A. P. King, P. Mollet, V. Keereman, S. Vandenberghe, V. Schulz, P. Schleyer, T. Schaeffter, and P. K. Marsden. Fast generation of 4D PET-MR data from real dynamic MR acquisitions. *Physics in Medicine and Biology*, 56(20):6597, October 2011.
- [42] David P. Madio and Irving J. Lowe. Ultra-fast imaging using low flip angles and fids. *Magnetic Resonance in Medicine*, 34(4):525–529, 1995.
- [43] T. Makela, P. Clarysse, O. Sipila, N. Pauna, Quoc Cuong Pham, T. Katila, and I.E. Magnin. A review of cardiac image registration methods. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 21(9):1011–1021, 2002.
- [44] Wenzhe Shi, Xiahai Zhuang, Luis Pizarro, Wenjia Bai, Haiyan Wang, Kai-Pin Tung, Philip Edwards, and Daniel Rueckert. Registration using sparse free-form deformations. In Nicholas Ayache, Hervé Delingette, Polina Golland, and Kensaku Mori, editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2012*, number 7511 in Lecture Notes in Computer Science, pages 659–666. Springer Berlin Heidelberg, January 2012.
- [45] Leon Axel. Tagged MRI-Based studies of cardiac function. In Isabelle E. Magnin, Johan Montagnat, Patrick Clarysse, Jukka Nenonen, and Toivo Katila, editors, *Functional Imaging and Modeling of the Heart*, number 2674 in Lecture Notes in Computer Science, pages 1–7. Springer Berlin Heidelberg, January 2003.
- [46] James G. Pipe. Motion correction with PROPELLER MRI: application to head motion and free-breathing cardiac imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 42(5):963–969, 1999.
- [47] Edward Brian Welch, Armando Manduca, Roger C. Grimm, Heidi A. Ward, and Clifford R. Jack Jr. Spherical navigator echoes for full 3D rigid body motion measurement in MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, 47(1):32–41, 2002.
- [48] Anja C. S. Brau and Jean H. Brittain. Generalized self-navigated motion detection technique: Preliminary investigation in abdominal imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 55(2):263–270, 2006.
- [49] Freddy Odille, Sergio Uribe, Philip G. Batchelor, Claudia Prieto, Tobias Schaeffter, and David Atkinson. Model-based reconstruction for cardiac cine MRI without ECG or breath holding. *Magnetic Resonance in Medicine*, 63(5):1247–1257, 2010.

- [50] Hélène Clique, Hai-Ling Margaret Cheng, Pierre-Yves Marie, Jacques Felblinger, and Marine Beaumont. 3D myocardial t1 mapping at 3T using variable flip angle method: Pilot study. *Magnetic Resonance in Medicine*, 2013.
- [51] J. Oster, O. Pietquin, M. Kraemer, and J. Felblinger. Bayesian framework for artifact reduction on ECG IN MRI. In *2010 IEEE International Conference on Acoustics Speech and Signal Processing (ICASSP)*, pages 489–492, 2010.
- [52] Klaas P Pruessmann, Markus Weiger, Markus B Scheidegger, and Peter Boesiger. SENSE: sensitivity encoding for fast MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, 42(5):952–962, November 1999.
- [53] Mark A. Griswold, Peter M. Jakob, Robin M. Heidemann, Mathias Nittka, Vladimir Jellus, Jianmin Wang, Berthold Kiefer, and Axel Haase. Generalized autocalibrating partially parallel acquisitions (GRAPPA). *Magnetic Resonance in Medicine*, 47(6):1202–1210, 2002.
- [54] D.C. Noll, D.G. Nishimura, and A. Macovski. Homodyne detection in magnetic resonance imaging. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 10(2):154–163, 1991.
- [55] Bruno Madore. UNFOLD-SENSE: a parallel MRI method with self-calibration and artifact suppression. *Magnetic Resonance in Medicine*, 52(2):310–320, 2004.
- [56] Jeffrey Tsao, Peter Boesiger, and Klaas P. Pruessmann. k-t BLAST and k-t SENSE: dynamic MRI with high frame rate exploiting spatiotemporal correlations. *Magnetic Resonance in Medicine*, 50(5):1031–1042, 2003.
- [57] David L. Donoho. For most large underdetermined systems of linear equations the minimal l1-norm solution is also the sparsest solution. *Communications on Pure and Applied Mathematics*, 59(6):797–829, 2006.
- [58] E.J. Candes, J. Romberg, and T. Tao. Robust uncertainty principles: exact signal reconstruction from highly incomplete frequency information. *IEEE Transactions on Information Theory*, 52(2):489–509, 2006.
- [59] Paul T. Gurney, Brian A. Hargreaves, and Dwight G. Nishimura. Design and analysis of a practical 3D cones trajectory. *Magnetic Resonance in Medicine*, 55(3):575–582, 2006.
- [60] Stefan Thesen, Oliver Heid, Edgar Mueller, and Lothar R. Schad. Prospective acquisition correction for head motion with image-based tracking for real-time fMRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, 44(3):457–465, 2000.
- [61] Peter Kellman, Christophe Ched'hotel, Christine H. Lorenz, Christine Mancini, Andrew E. Arai, and Elliot R. McVeigh. Fully automatic, retrospective enhancement of real-time acquired cardiac cine MR images using image-based navigators and respiratory motion-corrected averaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 59(4):771–778, 2008.

- [62] P. G. Batchelor, D. Atkinson, P. Irarrazaval, D. L. G. Hill, J. Hajnal, and D. Larkman. Matrix description of general motion correction applied to multi-shot images. *Magnetic Resonance in Medicine*, 54(5):1273–1280, 2005.
- [63] Tobias Schäffter, Volker Rasche, and Ingwer C. Carlsen. Motion compensated projection reconstruction. *Magnetic Resonance in Medicine*, 41(5):954–963, 1999.
- [64] Muhammad Usman, David Atkinson, Freddy Odille, Christoph Kolbitsch, Ghislain Vaillant, Tobias Schaeffter, Philip G. Batchelor, and Claudia Prieto. Motion corrected compressed sensing for free-breathing dynamic cardiac MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, 70(2):504–516, 2013.
- [65] Dirk Manke, Kay Nehrke, and Peter Börnert. 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, 2003.
- [66] J.R. McClelland, D.J. Hawkes, T. Schaeffter, and A.P. King. Respiratory motion models: A review. *Medical Image Analysis*, 17(1):19–42, January 2013.
- [67] Freddy Odille. *Imagerie Adaptative en IRM : Utilisation des Informations de Mouvements Physiologiques pour l'Optimisation des Processus d'Acquisition et de Reconstruction*. PhD thesis, Université Henri Poincaré, Ecole doctorale IAEM, 2007.
- [68] Pierre-André Vuissoz, Freddy Odille, Brice Fernandez, Maelene Lohezic, Adnane Benhadid, Damien Mandry, and Jacques Felblinger. Free-breathing imaging of the heart using 2D cine-GRICS (generalized reconstruction by inversion of coupled systems) with assessment of ventricular volumes and function. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 35(2):340–351, 2012.
- [69] Leonid I. Rudin, Stanley Osher, and Emad Fatemi. Nonlinear total variation based noise removal algorithms. *Physica D: Nonlinear Phenomena*, 60(1–4):259–268, November 1992.
- [70] S. R. Arridge, M. Schweiger, M. Hiraoka, D. T. Delpy, et al. A finite element approach for modeling photon transport in tissue. *Medical Physics-Lancaster PA*, 20:299–299, 1993.
- [71] A. Joshi, W. Bangerth, and E. Sevick-Muraca. Adaptive finite element based tomography for fluorescence optical imaging in tissue. *Optics Express*, 12(22):5402–5417, 2004.
- [72] M. Filipovic, P.-A. Vuissoz, A. Codreanu, M. Claudon, and J. Felblinger. Motion compensated generalized reconstruction for free-breathing dynamic contrast-enhanced MRI. *Magnetic Resonance in Medicine*, 65(3):812–822, 2011.
- [73] Christophe Meyer, Pierre-André Vuissoz, Damien Mandry, and Jacques Felblinger. First attempt to motion corrected flow encoding using free-breathing phase-contrast CINE MRI. *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance*, 14(Suppl 1):W53, February 2012. PMID: 22376549.

- [74] Andrei Codreanu, Freddy Odille, Etienne Aliot, Pierre-Yves Marie, Isabelle Magnin-Poull, Marius Andronache, Damien Mandry, Wassila Djaballah, Denis Régent, Jacques Felblinger, and Christian de Chillou. Electroanatomic characterization of post-infarct ScarsComparison with 3-dimensional myocardial scar reconstruction based on magnetic resonance imaging. *Journal of the American College of Cardiology*, 52(10):839–842, September 2008.
- [75] Nathan Mewton, Chia Ying Liu, Pierre Croisille, David Bluemke, and Joao A.C. Lima. Assessment of myocardial fibrosis with cardiovascular magnetic resonance. *Journal of the American College of Cardiology*, 57(8):891–903, February 2011.
- [76] Frank Kober, Isabelle Iltis, Marguerite Izquierdo, Martine Desrois, Danielle Ibarrola, Patrick J. Cozzone, and Monique Bernard. High-resolution myocardial perfusion mapping in small animals in vivo by spin-labeling gradient-echo imaging. *Magnetic Resonance in Medicine*, 51(1):62–67, 2004.
- [77] Jian-Ming Cai, Thomas S. Hatsukami, Marina S. Ferguson, Randy Small, Nayak L. Polissar, and Chun Yuan. Classification of human carotid atherosclerotic lesions with in vivo multicontrast magnetic resonance imaging. *Circulation*, 106(11):1368–1373, October 2002. PMID: 12221054.
- [78] Peter Kellman, Yiu-Cho Chung, Orlando P. Simonetti, Elliot R. McVeigh, and Andrew E. Arai. Multicontrast delayed enhancement provides improved contrast between myocardial infarction and blood pool. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 22(5):605–613, 2005.
- [79] Daniel R. Messroghli, Aleksandra Radjenovic, Sebastian Kozerke, David M. Higgins, Mohan U. Sivananthan, and John P. Ridgway. Modified look-locker inversion recovery (MOLLI) for high-resolution t1 mapping of the heart. *Magnetic Resonance in Medicine*, 52(1):141–146, 2004.
- [80] Ting Song, Jeffrey A. Stainsby, Vincent B. Ho, Maureen N. Hood, and Glenn S. Slavin. Flexible cardiac t1 mapping using a modified look-locker acquisition with saturation recovery. *Magnetic Resonance in Medicine*, 67(3):622–627, 2012.
- [81] Glenn S. Slavin and Jeff A. Stainsby. True t1 mapping with SMART1Map (saturation method using adaptive recovery times for cardiac t1 mapping): a comparison with MOLLI. *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance*, 15(Suppl 1):P3, January 2013.
- [82] Jeff A. Stainsby and Glenn S. Slavin. Myocardial t1 mapping using SMART1Map: initial in vivo experience. *Journal of Cardiovascular Magnetic Resonance*, 15(Suppl 1):P13, January 2013.
- [83] Marion de Roquefeuil, Pierre-André Vuissoz, Jean-Marie Escanyé, and Jacques Felblinger. Effect of physiological heart rate variability on quantitative t2 measurement with ECG-gated fast spin echo (FSE) sequence and its retrospective correction. *Magnetic Resonance Imaging*.

- [84] Freddy Odille, Nicolae Cîndea, Damien Mandry, Cédric Pasquier, Pierre-André Vuissoz, and Jacques Felblinger. Generalized MRI reconstruction including elastic physiological motion and coil sensitivity encoding. *Magnetic Resonance in Medicine*, 59(6):1401–1411, 2008.
- [85] Esben Plenge, Dirk H. J. Poot, Monique Bernsen, Gyula Kotek, Gavin Houston, Piotr Wielopolski, Louise van der Weerd, Wiro J. Niessen, and Erik Meijering. Super-resolution methods in MRI: can they improve the trade-off between resolution, signal-to-noise ratio, and acquisition time? *Magnetic Resonance in Medicine*, 68(6):1983–1993, 2012.
- [86] Justin P. Haldar, Van J. Wedeen, Marzieh Nezamzadeh, Guangping Dai, Michael W. Weiner, Norbert Schuff, and Zhi-Pei Liang. Improved diffusion imaging through SNR-enhancing joint reconstruction. *Magnetic Resonance in Medicine*, 69(1):277–289, 2013.
- [87] Junzhou Huang, Chen Chen, and Leon Axel. Fast multi-contrast MRI reconstruction. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention - MICCAI 2012*, Lecture Notes in Computer Science, pages 281–288. January 2012.
- [88] Berkin Bilgic, Vivek K Goyal, and Elfar Adalsteinsson. Multi-contrast reconstruction with bayesian compressed sensing. *Magnetic Resonance in Medicine*, 66(6):1601–1615, 2011.
- [89] Dan Ma, Vikas Gulani, Nicole Seiberlich, Kecheng Liu, Jeffrey L. Sunshine, Jeffrey L. Duerk, and Mark A. Griswold. Magnetic resonance fingerprinting. *Nature*, 495(7440):187–192, March 2013.
- [90] Maélène Lohézic. *Reconstructions Adaptatives pour l’Imagerie par Résonance Magnétique des Organes en Mouvement*. PhD thesis, Université Henri Poincaré, Ecole doctorale IAEM, 2011.
- [91] Pierre Y. Marie, Michael Angioi, Jean P. Carreaux, Jean M. Escanye, Sophie Mattei, Kiril Tzvetanov, Olivier Claudon, Nathalie Hassan, Nicolas Danchin, Gilles Karcher, Alain Bertrand, Paul M. Walker, and Jean P. Villemot. Detection and prediction of acute heart transplant rejection with the myocardial t2 determination provided by a black-blood magnetic resonance imaging sequence. *J Am Coll Cardiol*, 37(3):825–831, March 2001.
- [92] M. D. Cerqueira. Standardized myocardial segmentation and nomenclature for tomographic imaging of the heart: A statement for healthcare professionals from the cardiac imaging committee of the council on clinical cardiology of the american heart association. *Circulation*, 105(4):539–542, January 2002.
- [93] M.D HäErlmann and D.D Griffin. Spin dynamics of Carr-Purcell-Meiboom-Gill-like sequences in grossly inhomogeneous b0 and b1 fields and application to NMR well logging. *Journal of Magnetic Resonance*, 143(1):120–135, March 2000.

- [94] Hai-Ling Margaret Cheng and Graham A Wright. Rapid high-resolution t1 mapping by variable flip angles: Accurate and precise measurements in the presence of radiofrequency field inhomogeneity. *Magnetic Resonance in Medicine*, 55(3):566–574, 2006.
- [95] Laura I. Sacolick, Ling Sun, Mika W. Vogel, W. Thomas Dixon, and Ileana Hancu. Fast radiofrequency flip angle calibration by Bloch–Siegert shift. *Magnetic Resonance in Medicine*, 66(5):1333–1338, 2011.
- [96] Yanmin Huang, Sharmila Majumdar, Harry K. Genant, Wing P. Chan, Khema R. Sharma, Pearl Yu, Mark Mynhier, and Robert G. Miller. Quantitative MR relaxometry study of muscle composition and function in duchenne muscular dystrophy. *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, 4(1):59–64, 1994.

Titre : Mise en oeuvre d'un système de reconstruction adaptatif pour l'IRM 3D des organes en mouvement

Résumé : L'imagerie par Résonance Magnétique (IRM) présente deux caractéristiques principales. La première, sa capacité à manipuler le contraste, constitue son principal avantage par rapport aux autres modalités d'imagerie. Cela permet d'obtenir des informations complémentaires pour une meilleure détectabilité et une meilleure précision dans le diagnostic. Cela est particulièrement appréciable pour les pathologies du myocarde. La seconde caractéristique de l'IRM est également l'un de ces principaux inconvénients : le processus d'acquisition est relativement lent. De ce fait, les mouvements du patient constituent un obstacle important puisqu'ils perturbent ce processus d'acquisition, ce qui se traduit par des artefacts dans l'image reconstruite. L'imagerie cardiaque et abdominale sont donc particulièrement sensibles à cette problématique du mouvement. L'objectif de cette thèse est donc de proposer une méthode de correction de mouvement intégrable dans un contexte multi-contraste. Nous avons étudié dans un premier temps la question de la correction de mouvement seule. Pour cela, nous nous sommes plus particulièrement intéressés à la méthode GRICS déjà développée au laboratoire IADI. Cette méthode permet

la reconstruction conjointe d'une image sans artefact et d'un modèle de mouvement non rigide permettant de corriger les déplacements qui surviennent pendant l'acquisition. Le premier apport majeur de cette thèse a consisté à améliorer la méthode GRICS, notamment pour l'adapter à l'imagerie volumique 3D. Il s'agit d'une nouvelle méthode de régularisation adaptative particulièrement adaptée au problème inverse posé dans GRICS. Le second apport majeur de cette thèse a consisté à gérer la correction de mouvement GRICS de manière conjointe sur des acquisitions présentant des contrastes différents. Il s'agit de concevoir l'examen IRM comme un tout et d'exploiter au mieux les informations partagées entre les différents contrastes. Toutes ces méthodes ont été appliquées et validées par des simulations, des tests sur fantôme, sur volontaires sains et sur des patients dans le cadre d'études cliniques. L'application cardiaque a été particulièrement visée. Les méthodes développées ont permis d'améliorer le processus d'acquisition et de reconstruction dans le contexte clinique réel.

Mots clés : Imagerie par Résonance Magnétique, reconstruction d'image, problème inverse, correction de mouvement, déformation non-rigide, multi-contraste, imagerie cardiaque

Title: Implementation of an adaptive reconstruction system for 3D MRI of moving organs

Abstract: Magnetic Resonance Imaging (MRI) has two main features. The first one, its ability to manipulate contrast, is a major advantage compared to the other imaging modalities. It allows to access complementary information for a better detectability and a more accurate diagnosis. This is especially useful for myocardial pathologies. The second feature of MRI is also one of its main drawbacks: the acquisition process is slow. Therefore, patient motion is a significant obstacle because it disturbs the acquisition process, which leads to artifacts in the reconstructed image. Cardiac and thoracic imaging are particularly sensitive to this motion issue. The aim of this thesis is to develop a new motion correction method that can be integrated into a multi-contrast workflow. In a first step, we studied the motion correction problem separately. To do so, we focused more particularly on the GRICS method which was already developed in the IADI laboratory. This method allows the joint reconstruction of an artifact-free image and a non-rigid

motion model that describes the displacements occurring during the acquisition. The first major contribution of this thesis is an improvement of the GRICS method consisting mainly in adapting it to 3D imaging. This was achieved with a new adaptive regularization method that particularly suits the inverse problem posed in GRICS. The second major contribution of this thesis consists in the simultaneous motion correction of multiple acquisitions with different contrasts. To do so, the MRI examination is considered as a whole. Thus we make the most of information shared between the different contrasts. All these methods have been applied and validated by simulations, tests on phantom, on healthy volunteers and on patients as part of clinical studies. We focused more particularly on cardiac MR. Finally the developed methods improve the acquisition and reconstruction workflow in the framework of a real clinical setup.

Keywords: Magnetic Resonance Imaging, image reconstruction, inverse problem, motion correction, non-rigid distortion, multi-contrast, cardiac imaging