

# THÈSE

présentée à

## L'UNIVERSITÉ BORDEAUX I

ÉCOLE DOCTORALE DE MATHÉMATIQUES ET INFORMATIQUE

par **Cédric AGUERRE**

pour obtenir le grade de

**DOCTEUR**

**SPÉCIALITÉ : INFORMATIQUE**

---

### Méthodes et outils pour l'analyse de l'activation cérébrale en IRMf

---

**Soutenu le : 21 décembre 2006**

**Après avis des rapporteurs :**

M. Marc Braun ..... Professeur  
M. Serge Miguet ..... Professeur

**Devant la commission d'examen composée de :**

Mme	Jenny Benois-Pineau	Professeure	.....	Présidente
M.	Marc Braun	Professeur	.....	Rapporteur
M.	Serge Miguet	Professeur	.....	Rapporteur
M.	Achille Braquelaire	Professeur	.....	Examineur
M.	Gwenaél Hérigault	Ingénieur Clinique	....	Examineur
M.	Chrit Moonen	Directeur de Recherche		Examineur
M.	Pascal Desbarats	Maître de Conférences		Examineur et Rapporteur de soutenance



# Remerciements

Cette thèse a constitué pour moi une expérience extrêmement enrichissante, aussi bien humainement qu'intellectuellement. Je pourrais tenter de vous la décrire en la comparant avec celle d'un chef cuisinier établissant le menu de son nouveau restaurant. Il commence par analyser les menus proposés dans d'autres établissements, et il essaye ensuite de se démarquer et d'innover.

Arrivé aux fourneaux, le chef doit par la pratique acquérir un certain savoir-faire. Une bonne cuisine requiert également de bons ingrédients et du matériel adapté. Il s'agit alors de trouver le bon mode opératoire, la bonne cuisson, les différents mélanges qui donneront toute la saveur au plat final. Ajouter un soupçon de rigueur et une pincée de créativité, et laisser mijoter.

Si la flamme est trop forte, quelques accrochages peuvent survenir sur le fond. Dans le pire des cas cela peut même brûler ; il faut alors se remobiliser et recommencer. Au moment tant attendu de dresser la table, le chef met les petits plats dans les grands. Il revêt sa plus belle toque, et invite ses proches. Et quand vient l'heure de briguer sa première étoile, quelques critiques gastronomiques sont présents.

Tout au long d'un tel travail, j'ai rencontré des gens qui m'ont aidé, soutenu, conseillé, critiqué et finalement, qui m'ont fait progresser. J'aimerais ainsi les remercier de m'avoir permis de mener à bien ce projet.

Merci aux membres du jury :

- Mme Jenny Benois-Pineau, Professeure au LaBRI, pour sa présidence ;
- M. Marc Braun, Neuroradiologue et Professeur à Nancy, et M. Serge Miguet, Professeur à Lyon, pour leur expertise sur ce travail ;
- M. Achille Braquelaire, Professeur au LaBRI, et M. Pascal Desbarats, Maître de Conférences au LaBRI, pour avoir veillé au bon déroulement de cette thèse ;
- M. Gwenaël Hérigault, Ingénieur Clinique chez Philips Systèmes Médicaux, pour m'avoir fait bénéficier de son expérience en IRM ;
- M. Chrit Moonen, Directeur de Recherche, Directeur du laboratoire Imagerie Moléculaire et Fonctionnelle (IMF), pour son accueil.

De chaleureux remerciements à M. Bixente Dilharreguy, Ingénieur d'Études au laboratoire IMF, pour son implication continue et durable dans ce projet. Merci également à Mme Michèle Allard, Neuroradiologue et Professeur à Bordeaux, pour ses encouragements.

Merci à Philips Systèmes Médicaux et au LaBRI, pour le support financier apporté à mes travaux et à leur valorisation à l'échelle internationale.

J'adresse toute mon amitié aux membres du laboratoire IMF, qui ont contribué à une ambiance de travail plus qu'agréable.

Merci enfin à mes proches, parents et amis, pour leur présence et leur soutien.

À toutes et à tous, bienvenue à ma table!

## Resumé

L'Imagerie par Résonance Magnétique fonctionnelle (IRMf) est une technique qui permet d'étudier l'activité neuronale. Une cartographie de l'activation cérébrale est obtenue par analyse statistique des données d'IRMf.

Différents bruits et perturbations faussent le signal mesuré en IRMf. D'une part, le bruit thermique provient à la fois de l'appareillage électronique et du sujet. D'autre part, une perturbation sur les cartes d'activation est due à la présence des grandes veines cérébrales.

L'objectif de cette étude est le développement de méthodes et outils constituant une chaîne de traitements pour l'analyse de l'activation cérébrale en IRMf.

Un premier outil caractérise et réduit le bruit thermique en proposant une méthodologie de filtrage basée sur la description théorique du bruit. Ensuite, la correction de la perturbation des grandes veines sur les cartes d'activation est obtenue par des outils de segmentation, de recalage et d'analyse d'image. Enfin, un nouvel outil de visualisation de l'activation cérébrale est présenté.

**Mots-clés :** IRMf, bruit thermique, grandes veines, traitement d'image.

## Abstract

Functional Magnetic Resonance Imaging (fMRI) is a technique used to study neuronal activity. A map of cerebral activation is obtained through statistical analysis of the fMRI data.

Different noises and interference disturb the measured signal in fMRI : on one hand, the thermal noise is caused by both system electronics and the subject ; on the other hand, a bias on activation maps is observed as a result of the presence of large cerebral veins.

The purpose of this study is the development of methods and tools building up a processing chain for the analysis of cerebral activation in fMRI.

A first tool characterizes and reduces the thermal noise using our filtering methodology based on the theoretical description of noise. Secondly, the correction of the large veins interference on activation maps is achieved by the employment of segmentation, registration and image analysis tools. Finally, a new tool is designed for the visualization of cerebral activation.

**Keywords :** fMRI, thermal noise, large veins, image processing.



# Table des matières

<b>Introduction</b>	<b>1</b>
<b>I Cadre général de l'étude</b>	<b>5</b>
<b>1 Neuroimagerie</b>	<b>7</b>
1.1 Imagerie par Résonance Magnétique Nucléaire . . . . .	7
1.2 Imagerie par Résonance Magnétique fonctionnelle . . . . .	8
1.3 Position du problème . . . . .	9
<b>2 Choix des méthodes et des outils</b>	<b>11</b>
<b>II Caractérisation du bruit thermique en IRM</b>	<b>21</b>
<b>Introduction</b>	<b>23</b>
<b>3 Méthode d'analyse du bruit thermique</b>	<b>25</b>
3.1 Caractéristiques du bruit thermique . . . . .	25
3.1.1 Images de module . . . . .	25
3.1.2 Images de phase . . . . .	26
3.2 Approches proposées . . . . .	27
3.2.1 Filtre Gaussien . . . . .	27
3.2.2 Réduction du bruit et gain en SNR . . . . .	27
3.2.3 Filtrage des images et des spectres . . . . .	28
3.2.4 Imagerie avec antenne de réception multi-éléments . . . . .	28
3.3 Critères d'analyse des images . . . . .	30
3.3.1 Contraste sur bruit . . . . .	30
3.3.2 Contraste global . . . . .	31
3.3.3 Résolution spatiale . . . . .	31
<b>4 Résultats</b>	<b>33</b>
4.1 Données simulées . . . . .	33
4.1.1 Images de module et de phase . . . . .	33
4.1.2 Distribution de phase . . . . .	34
4.1.3 Séparabilité des régions de l'image . . . . .	38
4.2 Fantôme de calibration . . . . .	40
4.2.1 Contraste sur bruit . . . . .	40

4.2.2	Perte en résolution spatiale . . . . .	41
4.2.3	Imagerie avec antenne de réception multi-éléments . . . . .	41
<b>5</b>	<b>Discussion</b>	<b>45</b>
<b>III Analyse de l'influence des veines sur la mesure de l'activation cérébrale en IRMf</b>		<b>51</b>
<b>Introduction</b>		<b>53</b>
<b>6</b>	<b>Données</b>	<b>55</b>
6.1	Sujets . . . . .	55
6.2	IRMf . . . . .	55
6.3	Veinographie par IRM . . . . .	55
6.4	IRM morphologique . . . . .	58
6.5	Création des masques de signal . . . . .	58
<b>7</b>	<b>Extraction de la structure veineuse</b>	<b>63</b>
7.1	Introduction . . . . .	63
7.2	Première approche par seuillage . . . . .	65
7.2.1	Algorithme . . . . .	65
7.2.2	Résultats . . . . .	67
7.2.3	Limitations . . . . .	67
7.3	Approche fondée sur les tenseurs d'inertie . . . . .	72
7.3.1	Algorithme . . . . .	72
7.3.2	Résultats . . . . .	76
<b>8</b>	<b>Recalage d'images</b>	<b>81</b>
8.1	Introduction . . . . .	81
8.1.1	Recalage basé sur l'intensité des images . . . . .	83
8.2	Mise en commun des veines et de l'activation . . . . .	86
8.2.1	Algorithme . . . . .	86
8.2.2	Résultats . . . . .	90
<b>9</b>	<b>Correction des cartographies de l'activation cérébrale</b>	<b>95</b>
9.1	Introduction . . . . .	95
9.2	Analyse de l'influence des veines . . . . .	95
9.2.1	Algorithme . . . . .	95
9.2.2	Résultats . . . . .	97
<b>10</b>	<b>Discussion</b>	<b>105</b>
<b>IV Visualisation de la morphologie, des veines, et de l'activation cérébrales</b>		<b>117</b>
<b>Introduction</b>		<b>119</b>

---

<b>11 Le logiciel Rhéa</b>	<b>123</b>
11.1 Architecture . . . . .	123
11.2 Principales fonctionnalités . . . . .	123
11.2.1 Tracé interactif de plans de coupes . . . . .	126
<b>12 Discussion</b>	<b>133</b>
<b>Conclusion générale et perspectives</b>	<b>137</b>
<b>Annexes</b>	<b>141</b>
A Distributions de bruit . . . . .	141
B Probabilité de saut de phase . . . . .	141
C Caractérisation de la perte en résolution spatiale . . . . .	142
D Origine du nom du logiciel Rhéa . . . . .	145
E Publications . . . . .	146



# Table des figures

1.1	Coupes axiales extraites d'un jeu de données IRM. . . . .	8
1.2	Schéma d'un paradigme IRMf par blocs de stimulation. . . . .	9
1.3	Données d'IRMf et carte de l'activation cérébrale. . . . .	9
2.1	Chaîne de traitements représentant les outils mis en place dans le projet. . . . .	11
3.1	Évolution de la distribution de Rice en fonction du signal théorique, pour une variance du bruit donnée. . . . .	26
3.2	Images obtenues par les 6 éléments d'une antenne, pour une coupe du volume acquis. . . . .	29
3.3	Image complète reconstruite à partir des images des 6 éléments de l'antenne. . . . .	29
3.4	Cartes de sensibilité des 6 éléments de l'antenne, pour une coupe du volume acquis. . . . .	30
4.1	Images de module et de phase simulées pour l'étude du bruit thermique. . . . .	34
4.2	Filtrage des images de module. . . . .	35
4.3	Filtrage des images de phase. . . . .	36
4.4	Influence du filtrage sur la distribution de phase; cas avec sauts de phase. . . . .	37
4.5	Influence du filtrage sur la distribution de phase; cas d'une phase constante ( $9\pi/10$ ). . . . .	37
4.6	Influence du filtrage sur la distribution de phase; cas d'une phase constante ( $\pi/4$ ). . . . .	38
4.7	Contraste sur bruit et coefficient de séparabilité. . . . .	39
4.8	Fantôme de calibration utilisé pour l'évaluation du CNR. . . . .	40
4.9	Fantôme de calibration utilisé pour l'évaluation de la résolution spatiale. . . . .	42
5.1	Algorithme pour l'analyse conjointe des veines et de l'activation cérébrale. . . . .	54
6.1	Une coupe extraite des données de veinographie par IRM. . . . .	56
6.2	Étapes du traitement des données de veinographie. . . . .	57
6.3	Application du masque de phase et mIP. . . . .	58
6.4	Création d'un masque de signal pour les données de veinographie. . . . .	60
6.5	Création d'un masque de signal pour les données d'IRMf. . . . .	60
6.6	Création d'un masque de signal pour les données d'IRM morphologique. . . . .	61

7.1	Données de veinographie, traitées et inversées en intensité. . . . .	65
7.2	Images du MIP avant et après seuillage global. . . . .	66
7.3	Seuillage local à un instant $t_1$ . . . . .	68
7.4	Seuillage local à un instant $t_2$ . . . . .	69
7.5	Seuillage local à un instant $t_3$ . . . . .	70
7.6	Seuillage local à un instant $t_4$ . . . . .	71
7.7	Étapes de l'algorithme de segmentation. . . . .	72
7.8	Représentation géométrique d'un tenseur d'inertie. . . . .	74
7.9	Coupes de données de veinographie acquises avec différents TR/TE. . . . .	75
7.10	Exemple illustrant le rôle du MIP et du Z-buffer. . . . .	76
7.11	Images d'un MIP et du Z-buffer correspondant. . . . .	77
7.12	Carte d'anisotropie calculée. . . . .	78
7.13	Application d'un MIP sur le résultat de l'extraction des veines. . . . .	79
8.1	Transformation spatiale rigide entre deux images. . . . .	83
8.2	Exemple d'histogrammes conjoints. . . . .	88
8.3	Différence d'images sur des données simulées avant et après recalage. . . . .	91
8.4	Données de veinographie avant et après recalage. . . . .	93
8.5	Données d'IRMf avant et après recalage. . . . .	94
9.1	Sous-échantillonnage des veines à la résolution de l'activation. . . . .	96
9.2	Correction des cartes d'activation cérébrale. . . . .	98
9.3	Distribution du contraste par rapport au taux de vascularisation. . . . .	99
9.4	Évolution du nombre de voxels d'activation en fonction du seuil sur le taux de vascularisation . . . . .	101
9.5	Moyenne du contraste en fonction du seuil de vascularisation. . . . .	101
9.6	Visualisation 3D des veines et de l'activation. . . . .	103
11.1	Visualisation 3D des données. . . . .	124
11.2	Volume 3D anatomique avec deux plans de coupes. . . . .	124
11.3	Animation de l'activation cérébrale. . . . .	125
11.4	Volumes de vue associés à des projections parallèles et perspectives. . . . .	126
11.5	Définition du plan de coupe. . . . .	127
11.6	Découpage d'une facette par un plan. Cas 1. . . . .	128
11.7	Découpage d'une facette par un plan. Cas 2. . . . .	129
11.8	Calcul de $\theta_x$ . . . . .	129
11.9	Calcul de $\theta_y$ . . . . .	130
11.10	Calcul de $\theta_z$ . . . . .	130
11.11	Intersection d'un plan et d'une droite. . . . .	131
12.1	Saturne et Rhéa, sa seconde lune par la taille. . . . .	145

# Liste des tableaux

4.1	CNR des images initiales, filtrées et de référence. . . . .	41
4.2	FWHM mesurée (en voxels) sur les données avant et après filtrage, comparée à la valeur attendue issue de la théorie, pour 4 acquisitions répétées. . . . .	42
4.3	Contraste global des images acquises avec une antenne multi-éléments : application du filtrage à différentes étapes de la reconstruction des données. . . . .	43
7.1	Temps de calcul pour l'algorithme de segmentation. . . . .	79
8.1	Estimation des paramètres de recalage, pour diverses combinaisons de transformations. . . . .	91
8.2	Évaluation de différentes méthodes d'interpolation. . . . .	92
9.1	Analyse locale du $Z_{max}$ de divers sujets et ROI, en termes de contraste et t-test, déplacement spatial et nombre de voxels d'activation, selon les seuils de vascularisation appliqués. . . . .	102



# Liste des acronymes

BOLD	Blood Oxygen Level Dependent
CIFRE	Convention Industrielle de Formation par la REcherche
CNR	Contrast-to-Noise Ratio
CSG	Constructive Solid Geometry
EEG	ÉlectroEncéphaloGraphie
FOV	Field Of View
FWHM	Full-Width Half-Maximum
IRM	Imagerie par Résonance Magnétique
IRMf	Imagerie par Résonance Magnétique fonctionnelle
LCR	Liquide CéphaloRachidien
MEG	MagnétoEncéphaloGraphie
mIP	minimum Intensity Projection
MIP	Maximum Intensity Projection
PDF	Probability Distribution Function
PRESTO	PRinciples of Echo-Shifting with a Train of Observations
PSF	Point Spread Function
RMN	Résonance Magnétique Nucléaire
ROI	Region Of Interest
SD	Standard Deviation
SENSE	SENSitivity Encoding
SNR	Signal-to-Noise Ratio
SWI	Susceptibility Weighted Imaging
TEP	Tomographie par Émission de Positons
TOF	Time-Of-Flight



# Introduction



Les techniques modernes de neuroimagerie sont impliquées dans l'étude de l'organisation fonctionnelle du cerveau, que ce soit en neurosciences fondamentales ou cliniques. Sur le plan fondamental, elles permettent d'accéder à une information macroscopique renseignant sur les structures cérébrales impliquées dans un processus mental donné, ainsi que sur la dynamique entre les structures. D'un point de vue clinique, elles offrent une solution de repérage anatomique dans l'analyse pré-chirurgicale, et sont impliquées dans la compréhension des pathologies neurodégénératives.

Différentes techniques d'imagerie rendent accessible l'étude fonctionnelle du cerveau. La Tomographie par Émission de Positons (TEP) mesure les variations de débit sanguin grâce à l'injection d'un agent de contraste radioactif. L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) fonctionnelle (IRMf) [30] se base principalement sur l'observation des variations de l'oxygénation sanguine (réponse hémodynamique) qui joue ainsi le rôle d'agent de contraste endogène. L'ÉlectroEncéphaloGraphie (EEG) [32] et la MagnétoEncéphaloGraphie (MEG) permettent de mesurer respectivement les activités électriques et magnétiques directement induites par l'activation cérébrale. Certaines de ces techniques sont parfois combinées [8, 20], comme l'IRMf et l'EEG, afin de tirer profit des avantages de chacune [27, 1, 9].

Parmi ces techniques, l'IRMf s'est imposée comme la modalité d'imagerie la plus utilisée, grâce à sa bonne résolution spatiale (de 1 à 4 mm) et sa sensibilité. Certaines études [2, 29, 33] ont suggéré que l'IRMf permettrait également de déterminer la séquence temporelle d'activation au sein d'un réseau impliqué dans la réalisation d'une tâche. Cependant, l'information temporelle en IRMf est limitée par une caractérisation encore insuffisamment précise de la réponse hémodynamique.

Différents bruits et perturbations peuvent fausser le signal mesuré en IRMf. On peut distinguer le bruit physiologique, le bruit thermique, le bruit du système, chacun ayant des origines et des caractéristiques qui lui sont propres [84]. Par ailleurs, une perturbation à la fois spatiale et temporelle est induite par les grandes veines cérébrales sur la mesure de l'activation en IRMf [5]. Ces effets ont été décrits et des méthodes de correction ont été proposées [18, 17, 19, 85, 84]. Cependant, l'enchaînement de ces corrections nécessite une caractérisation successive de leurs effets respectifs.

Dans le cadre d'une collaboration avec Philips Systèmes Médicaux, cette thèse CIFRE s'intéresse au développement de méthodes et outils constituant une chaîne de traitements pour l'analyse de l'activation cérébrale en IRMf, considérant plus précisément la correction du bruit thermique et de l'influence des grandes veines.

La première partie de ce manuscrit met en place le cadre général de cette étude. Elle aborde les principes de l'IRM et de l'IRMf, pose la problématique, et présente les méthodes et les outils constituant la chaîne de traitements mise en place.

La seconde partie s'intéresse à l'étude quantitative du bruit thermique. Un outil de

caractérisation et de réduction de ce bruit est présenté en proposant une méthodologie de filtrage – et non un nouveau filtre – basée sur les descriptions théoriques du bruit.

La troisième partie décrit la procédure mise en place pour évaluer et corriger la perturbation induite par les grandes veines sur l'activation cérébrale mesurée. Pour cela, on étudie les combinaisons entre une cartographie de l'activation cérébrale et une cartographie des veines. Les différentes étapes de segmentation, de recalage et d'analyse nécessaires sont exposées.

La quatrième partie décrit le développement d'un outil de visualisation 4D de l'activation cérébrale. Les motivations et détails d'implémentation de l'outil sont présentés.

Première partie  
Cadre général de l'étude



# Chapitre 1

## Neuroimagerie

### 1.1 Imagerie par Résonance Magnétique Nucléaire

L'IRM est basée sur la détection des propriétés magnétiques des protons contenus dans les molécules d'eau du sujet étudié. En effet, la concentration en eau des tissus varie d'un organe à l'autre, ou bien avec son état physiologique. Dans le but d'estimer la quantité de protons dans les tissus, le sujet est placé dans un champ magnétique  $\vec{B}_0$  de forte intensité. Soumis à ce champ magnétique, les protons s'alignent suivant la direction de  $\vec{B}_0$ . Cet alignement est alors perturbé par une brève impulsion de radiofréquence, qui est un champ magnétique  $\vec{B}_1$  perpendiculaire à  $\vec{B}_0$  et oscillant à une fréquence donnée, appelée fréquence de Larmor (42.56 MHz/T pour le proton). Quand  $\vec{B}_1$  est supprimé, les protons retournent à leur état précédent dans un mouvement oscillant. Le mouvement de ces dipôles induit un faible champ magnétique qui est enregistré par l'antenne de réception IRM. Ce signal de Résonance Magnétique Nucléaire (RMN) est la somme  $S$  de toutes les contributions de chaque proton.

Si  $\vec{B}_0$  est homogène, tous les protons oscillent à la même fréquence et il est alors impossible de discriminer les protons dans un espace 3D. Dans le but d'obtenir cette information, il est nécessaire de superposer un gradient de champ magnétique  $\vec{G}(x, y, z)$  à  $\vec{B}_0$  suivant les trois coordonnées de l'espace. Ainsi, chaque proton se trouvant à une position donnée  $(x, y, z)$  oscille à une fréquence différente une fois que  $\vec{B}_1$  a été supprimé.

En présence de  $\vec{G}$ , le signal  $S$  récupéré par l'antenne IRM peut être décrit par la formule suivante :

$$\int_{-\infty}^{+\infty} \overrightarrow{M(x, y, z)} e^{i\gamma(G_x \vec{x} + G_y \vec{y} + G_z \vec{z})} dx dy dz \quad (1.1)$$

où  $G_x, G_y, G_z$  sont les valeurs de  $\vec{G}$  au point  $(x, y, z)$ ,  $\gamma$  est le rapport gyromagnétique caractéristique du proton et  $\overrightarrow{M(x, y, z)}$  est la densité magnétique au même point. Cette expression étant une transformée de Fourier spatiale, on peut obtenir directement  $\overrightarrow{M(x, y, z)}$  en appliquant une transformée de Fourier inverse [11].  $\overrightarrow{M(x, y, z)}$  est représenté par le nombre complexe  $Me^{i\phi}$  où  $M$  est le module et  $\phi$  la phase. Les niveaux de gris des images IRM sont proportionnels à  $M$  et  $\phi$ . La figure 1.1

donne un exemple d'images de module et de phase obtenues. Un volume de données acquis en IRM est représenté par une pile de coupes 2D. Le choix de l'orientation des coupes acquises est libre mais correspond souvent à un des 3 plans perpendiculaires dénommés plan axial (tête-pieds), plan coronal (front-nuque), et plan sagittal (profil).

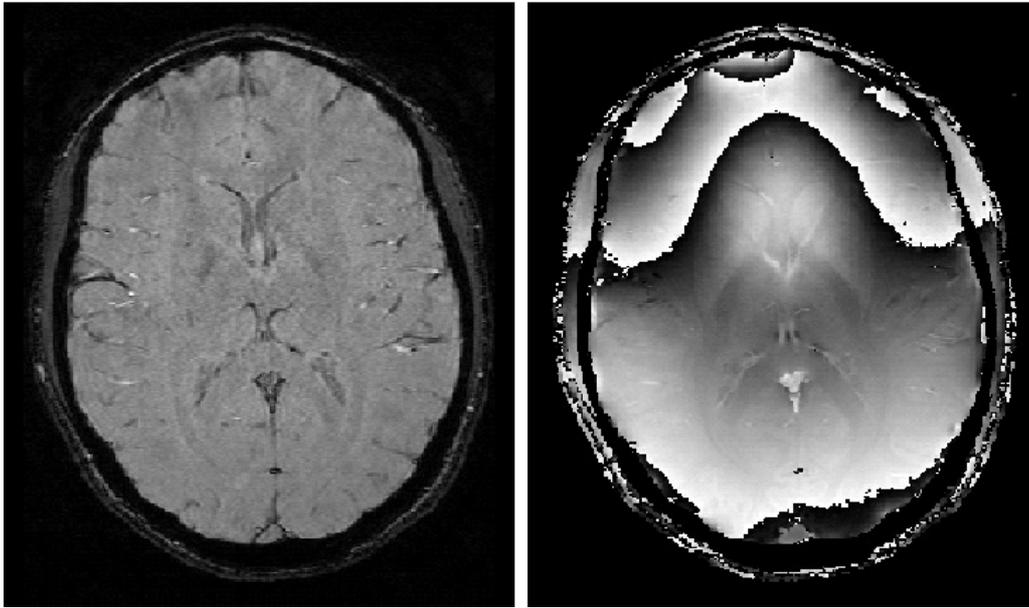


FIG. 1.1 – Exemple de coupes axiales extraites d'un jeu de données IRM : une image de module (gauche) et une image de phase (droite).

## 1.2 Imagerie par Résonance Magnétique fonctionnelle

L'IRMf [30] est une technique principalement basée sur l'effet BOLD (cf. paragraphe 1.3). Le schéma classique d'un protocole IRMf consiste à réaliser l'acquisition d'images pendant la réalisation d'une tâche impliquant la fonction cérébrale à étudier (paradigme d'activation cérébrale). Classiquement, il s'agit de contraster le signal mesuré pendant les périodes de stimulation avec celui mesuré pendant des périodes de repos. La figure 1.2 illustre un paradigme bloc avec 3 périodes de stimulation intercalées avec 4 périodes de repos ; chaque période dure 30 secondes pendant lesquelles 10 acquisitions du même volume cérébral sont réalisées à intervalles de temps réguliers. Chaque acquisition correspond à une dynamique dont la numérotation suit l'échelle du temps. Différents types de stimuli peuvent être réalisés ; dans ce travail nous nous intéressons à des stimuli sensoriels et langagiers (cf. partie III).

Une analyse statistique des données est nécessaire pour obtenir une cartographie de l'activation cérébrale. Dans ce travail, cette analyse est effectuée avec la suite logicielle SPM2 [16] en utilisant le modèle linéaire généralisé [15]. De manière simple, pour chaque sujet, le déroulement temporel de chaque voxel du cerveau obtenu pendant la réalisation du protocole est mis en correspondance avec un modèle prédéfini. Un

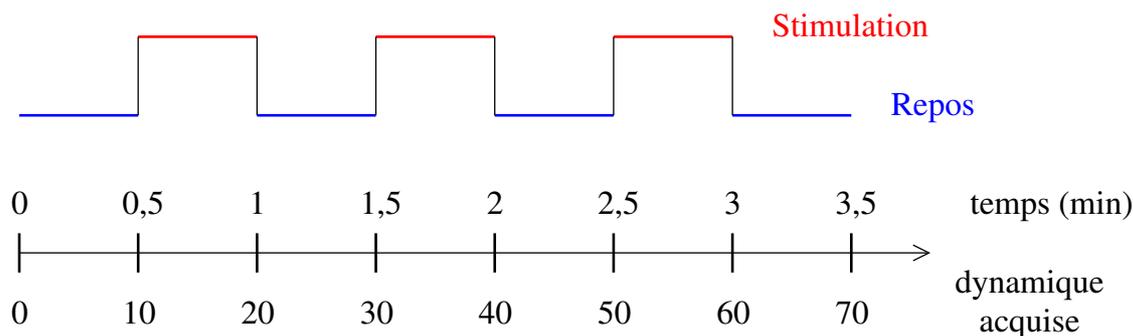


FIG. 1.2 – Schéma d'un paradigme IRMf par blocs de stimulation.

test statistique (Student t-test), représentant l'adéquation entre le modèle et le déroulement temporel mesuré, est calculé. La carte d'activation est alors créée en identifiant les régions dont l'intensité des voxels est supérieure à un seuil défini sur la carte du t-test. Un exemple de carte d'activation, correspondant à un stimulus mettant en jeu les aires visuelles et du langage, est illustré par la figure 1.3.

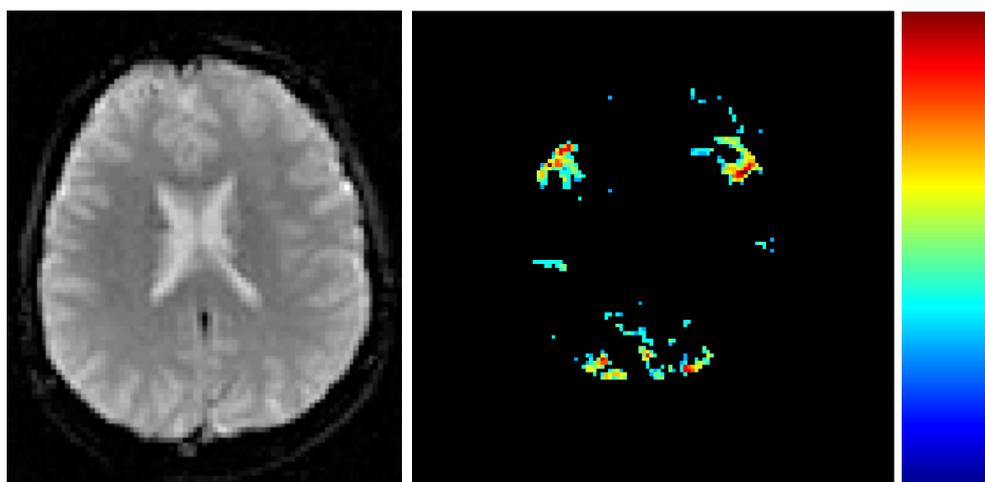


FIG. 1.3 – Exemple d'une coupe de données IRMf (gauche) et de la carte d'activation correspondante (droite).

### 1.3 Position du problème

L'IRMf par effet BOLD (Blood Oxygen Level Dependent) est une méthode basée sur la détection des modifications de concentration veineuse locale en désoxyhémoglobine (hémoglobine non oxygénée), molécule qui opère comme un agent de contraste paramagnétique endogène affectant localement le signal IRM [31]. En effet, une augmentation de l'activité neuronale conduit à un besoin accru en oxygène et glucose. L'oxygène étant transporté par l'hémoglobine, il s'en suit une augmentation du débit et du volume sanguin local. Or il existe un découplage entre apport et consommation d'oxygène [12, 6], entraînant une augmentation du taux d'oxygénation dans les structures veineuses en aval, ce qui provoque une diminution de la

concentration en désoxyhémoglobine et ainsi une augmentation du signal IRM dans et autour des vaisseaux veineux sanguins. Cette augmentation est faible (de l'ordre de 2 à 3% selon la littérature à 1,5 T) mais elle est pondérée par deux phénomènes principaux : (i) l'influence du diamètre des vaisseaux sanguins et (ii) l'amplitude du bruit accumulé au cours du temps.

L'effet BOLD se manifeste dans le système microcirculatoire proche de l'activité neuronale qui est structuré comme un continuum de taille croissante composé de capillaires (entre  $6\mu\text{m}$  et  $8\mu\text{m}$ ), veinules (entre  $25\mu\text{m}$  et  $50\mu\text{m}$ ) et veines ( $> 100\mu\text{m}$ ) [30]. Un signal de haute intensité peut correspondre à une veine drainant toute la région activée, et donc la plus éloignée du foyer d'activation [24, 22, 13, 62, 5]. De plus, il peut exister des différences de réponse hémodynamique entre capillaires, veinules et veines, limitant l'information temporelle accessible en IRMf [21].

Plusieurs bruits affectent le signal mesuré en IRMf. Trois contributions sont identifiées [84] :

- le bruit thermique issu du mouvement Brownien des électrons à l'intérieur d'un conducteur électrique [73] ; nous considérerons ici l'influence de la chaîne d'acquisition mais également de l'échantillon imagé, c'est-à-dire le corps humain ;
- d'autres bruits propres au système, par exemple les imperfections de radiofréquence ;
- le bruit dit physiologique [85, 84] englobant les mouvements du sujet, les fluctuations du cycle cardiaque et respiratoire, mais également des fluctuations spontanées de la réponse hémodynamique [18].

À 1,5 T, le bruit thermique est la contribution dominante [76, 85, 84]. Le rapport signal sur bruit (Signal to Noise Ratio, SNR) des images dépend essentiellement de l'échantillon (du sujet) [73].

La minimisation de l'influence des grandes veines et du bruit thermique est donc fondamentale pour bien caractériser le contraste BOLD. Plusieurs études se sont intéressées à la caractérisation et à la réduction du bruit thermique [91, 79, 69, 103] et du signal des grandes veines [40, 65, 47, 45, 52, 55]. Toutefois, l'analyse des effets des outils de correction est essentielle lorsque plusieurs corrections interviennent consécutivement comme différents maillons d'une chaîne de traitements.

Dans cet objectif, notre approche consiste à construire une suite de méthodes et outils pour le traitement de l'activation cérébrale en IRMf. Cette chaîne est caractérisée par la mise en place de méthodes d'analyse associées aux outils de correction. Ainsi, tout au long de la chaîne, les données traitées bénéficient de critères de qualité. La finalité est de fournir à l'utilisateur un contrôle sur le traitement effectué.

# Chapitre 2

## Choix des méthodes et des outils

Les différents outils (et les méthodes associées) mis en oeuvre pour l'analyse de l'activation cérébrale sont représentés par une chaîne de traitements (figure 2.1).

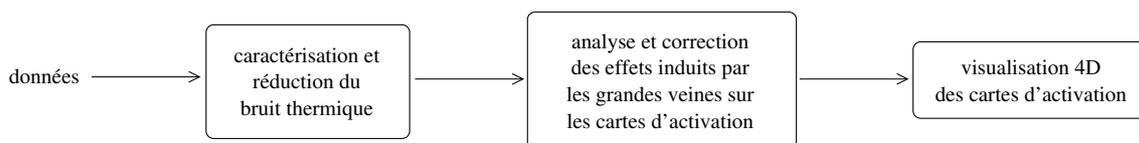


FIG. 2.1 – Chaîne de traitements représentant les outils mis en place dans le projet.

### Caractérisation et réduction du bruit thermique

Le premier maillon de la chaîne s'intéresse à la réduction du bruit thermique mais également à la caractérisation à la fois de ce bruit et de l'influence de sa réduction sur les données. Par exemple, il est au moins aussi important de savoir à quel point les détails de l'image initiale ont été modifiés que d'avoir l'image traitée elle-même. Pour cela, nous avons choisi un filtre usuel Gaussien en caractérisant ses effets par la description des relations mathématiques entre les paramètres du filtre et des critères d'analyse d'image tels que la réduction du bruit, l'augmentation de SNR, la préservation du contraste, la perte en résolution spatiale, et la précision de l'information de phase.

Les descriptions mathématiques de ce filtre sont connues et maîtrisées. De plus, la modification du filtre ne dépend que du réglage d'un seul paramètre : son écart-type. Ainsi, on s'intéresse à la manière d'appliquer le filtre et à ses répercussions sur les données, plutôt qu'au développement d'un nouveau filtre.

## Analyse et correction des effets induits par les grandes veines sur les cartes d'activation

Le second maillon de la chaîne est consacré au problème de l'influence des grandes veines sur la résolution spatiale et même temporelle des cartes d'activation cérébrale. Une première approche pour minimiser la perturbation induite par les grandes veines est d'employer des séquences d'acquisition IRM spécifiques, telles que l'écho de spin ou PRESTO (PRinciples of Echo-Shifting with a Train of Observations), différentes des séquences en écho de gradient usuelles [36, 40]. Les séquences en écho de spin sont connues pour être seulement sensibles aux petites veines mais, même à fort champ magnétique, le contraste BOLD est plus faible qu'avec les séquences usuelles [3, 26]. PRESTO [28] est une séquence 3D en écho de gradient combinée avec un principe de décalage d'échos, dont l'avantage est de supprimer le signal issu des grandes veines. L'impact de cette méthode est encore toutefois débattu [35, 10].

Une seconde approche est l'emploi de techniques de post-traitement s'appuyant sur les caractéristiques du signal BOLD provenant des grandes veines, telles qu'une intensité élevée ou une réponse hémodynamique spécifique [4, 25]. Ces critères restent toutefois subjectifs à cause de la difficulté à déterminer un seuil séparant les grandes veines du reste de l'arbre veineux.

Une troisième approche est de visualiser directement les vaisseaux veineux sanguins en utilisant l'IRM. Les méthodes les plus courantes soit s'appuient sur les propriétés du flux sanguin, comme les techniques d'angiographie [56] par contraste de phase [39, 38] ou temps de vol [41, 51, 48] (Time-Of-Flight, TOF), soit requièrent l'injection d'un agent d'un contraste comme l'angiographie par augmentation de contraste.

Récemment une nouvelle technique, appelée veinographie par IRM (ou Susceptibility Weighted Imaging, SWI) [60, 43, 44, 58, 63], a été développée pour permettre la détection des veines avec une forte résolution spatiale, et avec des avantages qu'aucune des méthodes précédentes ne réunit : (i) aucune injection de produit de contraste n'est nécessaire, (ii) la détection est indépendante du flux, ce qui permet de détecter efficacement de petits vaisseaux, (iii) la détection est quasiment indépendante de l'orientation des veines, contrairement à la technique TOF, (iv) seuls les vaisseaux veineux sont détectés, fournissant des images non contaminées par la présence des artères.

Cette technique se révèle particulièrement intéressante si l'information des veines peut être combinée et analysée conjointement avec des images anatomiques et fonctionnelles. Ainsi, nous avons développé des outils de segmentation, de recalage, et d'analyse (cf. partie III).

## Visualisation 4D des cartes d'activation

Enfin, on s'intéresse à la visualisation 3D combinée de différentes informations (morphologie, veines et activation cérébrale) et à la visualisation 4D de la composante temporelle de l'activation cérébrale. Le support matériel de visualisation est

ici un écran d'ordinateur, qui est un support uniquement bidimensionnel. Ainsi, la détermination de méthodes et outils pertinents dédiés à la visualisation d'objets 3D et 4D est un choix critique afin de ne pas perdre les bénéfices des traitements et analyses des données précédant la visualisation. L'information essentielle doit être représentée, et des méthodes de visualisation adaptées sont nécessaires.



# Bibliographie

## Imagerie par Résonance Magnétique fonctionnelle

- [1] S.P. Ahlfors, G.V. Simpson, A.M. Dale, J.W. Belliveau, A.K. Liu, A. Korvenoja, J. Virtanen, M. Huotilainen, R.B. Tootell, H.J. Aronen, and R.J. Ilmoniemi. Spatiotemporal activity of a cortical network for processing visual motion revealed by MEG and fMRI. *J Neurophysiol*, 82(5) :2545–55, Novembre 1999.
- [2] P.A. Bandettini. *Functional MRI*, chapter The temporal resolution of MRI, pages 205–20. Springer-Verlag, Mauer, Germany, 1999.
- [3] P.A. Bandettini, E.C. Wong, A. Jesmanowicz, R.S. Hinks, and J.S. Hyde. Spin-echo and gradient-echo EPI of human brain activation using BOLD contrast : a comparative study at 1.5 T. *NMR Biomed*, 7(1-2) :12–20, 1994.
- [4] H. Benali, J.L. Anton, M. Di Paola, F. Frouin, O. Jolivet, R. Carlier, J. Bitoun, Y. Burnod, and R. Di Paola. *Information Processing in Medical Imaging*, chapter Conditioned statistical model for functional MRI studies of the human brain, pages 311–22. Dordrecht : Kluwer Academic Publishers, 1995.
- [5] J.L. Boxerman, P.A. Bandettini, K.K. Kwong, J.R. Baker, T.L. Davis, B.R. Rosen, and R.M. Weisskoff. The intravascular contribution to fMRI signal change : Monte carlo modeling and diffusion-weighted studies in vivo. *Magn Reson Med*, 34(1) :4–10, 1995.
- [6] R.B. Buxton and L.R. Frank. A model for the coupling between cerebral blood flow and oxygen metabolism during neural stimulation. *J Cereb Blood Flow Metab*, 17(1) :64–72, 1997.
- [7] M.S. Cohen. Parametric analysis of fMRI data using linear systems methods. *Neuroimage*, 6 :93–103, 1997.
- [8] A.M. Dale and E. Halgren. Spatiotemporal mapping of brain activity by integration of multiple imaging modalities. *Curr Opin Neurobiol*, 11(2) :202–8, Avril 2001.
- [9] A.M. Dale, A.K. Liu, B.R. Fischl, R.L. Buckner, J.W. Belliveau, J.D. Lewine, and E. Halgren. Dynamic statistical parametric mapping : combining fMRI and MEG for high-resolution imaging of cortical activity. *Neuron*, 26(1) :55–67, Avril 2000.
- [10] V. Denolin, P. Van Ham, and T. Metens. 3D techniques in BOLD fMRI : comparison of PRESTO and standard EPI. In *Intl Soc Mag Reson Med*, volume 8, page 939, 2000.

- [11] W.A. Edelstein, J.M.S. Hutchison, G. Johnson, and T. Redpath. Spin warp nmr imaging and applications to human whole-body imaging. *Phys Med Biol*, 25(4) :751–6, 1980.
- [12] P.T. Fox and M.E. Raichle. Focal physiological uncoupling of cerebral blood flow and oxidative metabolism during somatosensory stimulation in human subjects. In *Natl Acad Sci USA*, volume 83, pages 1140–44, 1986.
- [13] J. Frahm, K.D. Merboldt, W. Hanicke, A. Kleinschmidt, and H. Boecker. Brain or vein–oxygenation or flow ? on signal physiology in functional mri of human brain activation. *NMR Biomed*, 7 :45–53, 1994.
- [14] K.J. Friston, P. Fletcher, O. Josephs, A. Holmes, M.D. Rugg, and R. Turner. Event-related fMRI : Characterizing differential responses. *Neuroimage*, 7 :30–40, 1998.
- [15] K.J. Friston, A.P. Holmes, K.J. Worsley, J.-B. Poline, C.D. Frith, and R.S.J. Frackowiak. Statistical parametric maps in functional imaging - a general linear approach. *Human Brain Mapping*, 2 :189–210, 1995.
- [16] UK. Functional Imaging Laboratory (FIL). The Wellcome Department of Imaging Neurosciences, Institute of Neurology. University College London (UCL). London. Statistical Parametric Mapping. [En ligne]. Disponible sur : <<http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [17] G.H. Glover. 3D z-shim method for reduction of susceptibility effects in BOLD fMRI. *Magn Reson Med*, 42(2) :290–9, Août 1999.
- [18] G.H. Glover and A.T. Lee. Motion artifacts in fMRI : comparison of 2DFT with PR and spiral scan methods. *Magn Reson Med*, 33(5) :624–35, Mai 1995.
- [19] G.H. Glover, T.Q. Li, and D. Ress. Image-based method for retrospective correction of physiological motion effects in fMRI : RETROICOR. *Magn Reson Med*, 44(1) :162–7, Juillet 2000.
- [20] B. Horwitz and D. Poeppel. How can EEG/MEG and fMRI/PET data be combined ? *Hum Brain Mapp*, 17(1) :1–3, Septembre 2002.
- [21] P. Jezzard, P.M. Matthews, and S.M. Smith. *Functional Magnetic Resonance Imaging : An Introduction to Methods*. Oxford University Press, USA, Décembre 2001.
- [22] S.G. Kim, K. Hendrich, X. Hu, H. Merkle, and K. Ugurbil. Potential pitfalls of functional mri using conventional gradient-recalled echo techniques. *NMR Biomed*, 7 :69–74, 1994.
- [23] F. Kruggel, D. von Cramon, and X. Descobes. Comparison of filtering methods of fMRI datasets. *Neuroimage*, 10 :530–43, 1999.
- [24] S. Lai, A.L. Hopkins, E.M. Haacke, D. Li, B.A. Wasserman, P. Buckley, L. Friedman, H. Meltzer, P. Hedera, and R. Friedland. Identification of vascular structures as a major source of signal contrast in high resolution 2d and 3d functional activation imaging of the motor cortex at 1.5t : preliminary results. *Magn Reson Med*, 30(3) :387–92, 1993.
- [25] A.T. Lee, G.H. Glover, and C.H. Meyer. Discrimination of large venous vessels in time-course spiral blood-oxygen-level-dependent magnetic resonance functional neuroimaging. *Magn Reson Med*, 33(6) :745–54, Juin 1995.

- [26] S.-P. Lee, A.C. Silva, K. Ugurbil, and S.-G. Kim. Diffusion-weighted spin-echo fMRI at 9.4 T : Microvascular/tissue contribution to BOLD signal changes. *Magn Reson Med*, 42(5) :919–28, 1999.
- [27] A.K. Liu, J.W. Belliveau, and A.M. Dale. Spatiotemporal imaging of human brain activity using functional MRI constrained magnetoencephalography data : Monte Carlo simulations. *Proc Natl Acad Sci USA*, 95(15) :8945–50, Juillet 1998.
- [28] G. Liu, G. Sobering, J. Duyn, and C.T.W. Moonen. A functional mri technique combining principles of echo-shifting with a train of observations (PRESTO). *Magn Reson Med*, 30(6) :764–8, Décembre 1993.
- [29] R.S. Menon and S.G. Kim. Spatial and temporal limits in cognitive neuroimaging with fMRI. *Trends Cogn Sci*, 3(6) :207–16, Juin 1999.
- [30] C.T.W. Moonen and P.A. Bandettini. *Functional MRI*. Springer, Berlin, 1999.
- [31] S. Ogawa, T.-M. Lee, A.R. Kay, and D.W. Tank. Brain magnetic resonance imaging with contrast dependent on blood oxygenation. In *Natl Acad Sci USA*, volume 87, pages 9868–72, 1990.
- [32] D. Regan. *Human Brain Electrophysiology : Evoked Potentials and Evoked Magnetic fields in Science and Medicine*. Elsevier, New York, 1989.
- [33] W. Richter. High temporal resolution functional magnetic resonance imaging at very-high-field. *Top Magn Reson Imaging*, 10(1) :51–62, Février 1999.
- [34] Neurobehavioral Systems. Presentation. [En ligne]. Disponible sur : <<http://www.neurobs.com>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [35] P. van Gelderen, N.F. Ramsey, G. Liu, J.H. Duyn, J.A. Frank, D.R. Weinberger, and C.T.W. Moonen. Three-dimensional functional magnetic resonance imaging of human brain on a clinical 1.5-T scanner. *Proc Natl Acad Sci USA*, 92(15) :6906–10, Juillet 1995.

## Imagerie des veines

- [36] V. Belle, C. Delon-Martin, R. Massarelli, J. Decety, J.F. Le Bas, A.L. Benabid, and C. Segebarth. Intracranial gradient-echo and spin-echo functional mr angiography in humans. *Radiology*, 195(3) :739–46, Juin 1995.
- [37] S. Casciaro, D. Zacà, R. Bianco, E. Casciaro, D. Caramella, T. Scarabino, and A. Distanto. Experimental correlation between venous blood fraction and fMRI signal intensities at 3 T. In *Human Brain Mapping*, 2006.
- [38] C.L. Dumoulin. Phase contrast magnetic resonance angiography. *Neuroimaging Clinics of North America*, 2 :21–41, 1992.
- [39] C.L. Dumoulin and H.R. Hart. Magnetic resonance angiography. *Radiology*, 161 :717–20, 1986.
- [40] C.B. Grandin, D.P. Madio, van Gelderen P., and C.T.W. Moonen. Reduction of undesirable signal of large veins in functional MRI with PRESTO. In *ESMRMB'97*, volume 54, Bruxelles, Belgique, 1997.

- [41] G.T. Gullberg, F.W. Wehrli, A. Shimakawa, and M.A. Simons. MR vascular imaging with a fast gradient refocusing pulse sequence and reformatted images from transaxial sections. *Radiology*, 165 :241–6, 1987.
- [42] E.M. Haacke, G. Herigault, D. Kido, K. Tong, A. Obenaus, Y. Yu, and J.R. Reichenbach. Observing tumor vascularity noninvasively using magnetic resonance imaging. *Image Anal Stereol*, 21 :107–13, 2002.
- [43] E.M. Haacke, Y. Xu, Y.-C. N. Cheng, and J.R. Reichenbach. Susceptibility Weighted Imaging (SWI). *Magn Reson Med*, 52(3) :612–8, 2004.
- [44] D. Haddar, E.M. Haacke, V. Sehgal, Z. Delproposito, G. Salamon, O. Seror, and N. Sellier. L'imagerie de susceptibilité magnétique : théorie et applications. *J Radiol*, 85 :1901–8, 2004.
- [45] D. Hall, M.S. Goncalves, S. Smith, P. Jezard, M.P. Haggard, and J. Kornak. A method for determining venous contribution to BOLD contrast sensory activation. *Magn Reson Imag*, 20 :695–706, 2002.
- [46] F.G.C. Hoogenraad, M.B.M. Hofman, P.J.W. Pouwels, J.R. Reichenbach, S.A.R.B. Rombouts, and E.M. Haacke. Sub-millimeter fMRI at 1.5 Tesla : Correlation of high resolution with low resolution measurements. *J Magn Reson Imaging*, 9 :475–82, 1999.
- [47] F.G.C. Hoogenraad, P.J.W. Pouwels, M.B.M. Hofman, J.R. Reichenbach, M. Sprenger, and E.M. Haacke. Quantitative differentiation between BOLD models in fMRI. *Magn Reson Med*, 45 :233–46, 2001.
- [48] P.J. Keller, B.P. Drayer, E.K. Fram, K.D. Williams, C.L. Dumoulin, and S.P. Souza. MR angiography with two-dimensional acquisition and three-dimensional display. Work in progress. *Radiology*, 173(2) :527–32, Novembre 1989.
- [49] D. Kozinska, C.M. Holland, K. Krissian, C.F. Westin, and C.R. Guttmann. A method for the analysis of the geometrical relationship between white matter pathology and the vascular architecture of the brain. *Neuroimage*, 22(4) :1671–8, Août 2004.
- [50] G. Laub. Displays for mr angiography. *Magn Reson Med*, 14(2) :222–9, Mai 1990.
- [51] G.A. Laub and Kaiser W.A. MR angiography with gradient motion refocusing. *J Comput Assist Tomogr*, 12(3) :377–82, Mai-Juin 1988.
- [52] R.S. Menon. Postacquisition suppression of large-vessel BOLD signals in high-resolution MRI. *Magn Reson Med*, 47 :1–9, 2002.
- [53] R.S. Menon, S. Ogawa, D.W. Tank, and K. Ugurbil. Tesla gradient recalled echo characteristics of photic stimulation-induced signal changes in the human primary visual cortex. *Magn Reson Med*, 30(3) :380–6, Septembre 1993.
- [54] T. Miyazawa, H. Nose, A. Suda, S. Kosuda, and K. Shima. The usefulness of the combination of 3D-SAS cortical venography, tractography, functional-MRI and intra-operative ultra-sonography/SSEPs for surgical removal of brain tumors. In *Human Brain Mapping*, 2006.

- [55] C.A. Olman, S. Inati, and D.J. Heeger. The effect of large veins on spatial localization with GE BOLD at 3T : displacement, not blurring. *Neuroimage*, 2006.
- [56] E.J. Potchen, E.M. Haacke, J.E. Siebert, and A. Gottschalk. *Magnetic Resonance Angiography : Concepts and Applications*, volume 24. Mosby-Year Book, St Louis, Mo, 1992.
- [57] A. Rauscher, M. Barth, J. R. Reichenbach, R. Stollberger, and E. Moser. Automated unwrapping of MR phase images applied to BOLD MR-venography at 3 Tesla. *J Magn Reson Imaging*, 18 :175–80, 2003.
- [58] A. Rauscher, J. Sedlacik, M. Barth, H.-J. Mentzel, and J. R. Reichenbach. Magnetic susceptibility-weighted MR phase imaging of the human brain. *AJNR Am J Neuroradiol*, 26 :736–42, 2005.
- [59] J.R. Reichenbach and E.M. Haacke. High-resolution BOLD venographic imaging : a window into brain function. *NMR Biomed*, 14 :453–67, 2001.
- [60] J.R. Reichenbach, R. Venkatesan, D.J. Schillinger, D.K. Kido, and E.M. Haacke. Small vessels in the human brain : MR venography with deoxyhemoglobin as an intrinsic contrast agent. *Radiology*, 204(1) :272–77, 1997.
- [61] S. Rossnick, G. Laub, G. Braeckle, R. Bachus, D. Kennedy, A. Nelson, S. Dzik, and P. Starewicz. Three dimensional display of blood vessels in MRI. In *IEEE Symposium on Computers in Cardiology*, pages 193–6, Boston, 1986.
- [62] C. Segebarth, V. Belle, C. Delon, R. Masarelli, J. Decety, J.F. Le Bas, M. Décorps, and A.L. Benabid. Functional MRI of the human brain : predominance of signals from extracerebral veins. *Neuroreport*, 5 :813–6, 1994.
- [63] V. Sehgal, V. Delproposto, E.M. Haacke, K.A. Tong, N. Wycliffe, D.K. Kido, Y. Xu, J. Neelavalli, D. Haddar, and J.R. Reichenbach. Clinical applications of neuroimaging with susceptibility-weighted imaging. *J Magn Reson Imaging*, 22 :439–50, 2005.
- [64] A.W. Song, H. Fichtenholtz, and M. Woldorff. BOLD signal compartmentalization based on the apparent diffusion coefficient. *Magn Reson Imag*, 20 :521–5, 2002.
- [65] C.G. Thomas and R.S. Menon. Separation of microvascular and macrovascular BOLD signals using latency shifts. In *Proceedings of the International Society of Magnetic Resonance Imaging*, volume 7, page 1726, Philadelphia, Pennsylvania, U.S.A., 1999.
- [66] T. Tjandra, J.C.W. Brooks, P. Figueiredo, R. Wise, P.M. Matthews, and I. Tracey. Quantitative assessment of the reproducibility of functional activation measured with BOLD and MR perfusion imaging : Implications for clinical trial design. *Neuroimage*, 27 :393–401, 2005.



Deuxième partie

Caractérisation du bruit  
thermique en IRM



# Introduction

Le bruit thermique est présent sur chacune des composantes réelle et imaginaire du signal complexe acquis dans un espace de Fourier par l'imagerie IRM. Les propriétés de ce bruit sont connues : le bruit est additif, non corrélé, stationnaire, blanc et il est décrit par une loi de probabilité (Probability Distribution Function, PDF) normale Gaussienne [82]. Une telle distribution se caractérise par sa moyenne et son écart-type (Standard Deviation, SD) [90] ; dans le cas présent, la moyenne de la distribution est nulle. Le signal acquis subit une transformée de Fourier inverse [87] qui n'altère pas la distribution de bruit grâce à l'orthogonalité et à la linéarité de la transformée de Fourier [98]. Cependant, le calcul des images de module et de phase est une opération non linéaire ; la distribution de bruit associée n'est plus Gaussienne et devient dépendante de l'amplitude du signal [79].

La présence de bruit peut rendre problématique l'extraction du signal d'intérêt, et un processus d'estimation et de réduction du bruit est nécessaire à l'optimisation des résultats. Les différentes méthodes s'intéressant à ce problème convergent vers un objectif commun : l'augmentation du SNR des images.

Des approches basées sur des acquisitions multiples des mêmes données peuvent être considérées [72, 92, 103, 101] mais elles se révèlent souvent peu appropriées. Le filtrage est préféré pour la réduction de l'influence du bruit mais cela introduit une perte en résolution spatiale sur les images filtrées.

L'analyse des images est fondamentale afin de maîtriser les effets d'un filtre, en particulier quand le bruit tend à être égal au signal d'intérêt. Des critères d'analyse résultent généralement de l'étude du contraste sur les images de module, auxquelles plusieurs méthodes de filtrage sont appliquées directement [78, 77, 105, 95, 88]. De telles approches ne sont pas adéquates puisqu'elles supposent que la distribution de bruit est Gaussienne sur les images de module. Cette hypothèse n'est valide que pour des SNR élevés [79, 80, 69] et, dans ce cas, la réduction du bruit est d'un intérêt limité.

La distribution réelle du bruit doit être prise en compte pour une efficacité optimale du filtrage [89, 91, 93, 102]. La dépendance au SNR peut être contournée en filtrant le signal complexe à partir duquel les images de module et de phase sont formées [71, 104, 68, 107, 99].

Certaines applications (par exemple l'imagerie de flux par contraste de phase [56] ou le monitoring de température basé sur la fréquence de résonance des protons [83]) requièrent simultanément les informations de module et de phase. La distribution de bruit sur la phase dépend de l'amplitude du signal, et un processus de filtrage est

difficile à appliquer sans altérer l'information de phase.

Quelques études concernant la distribution de bruit sur la phase ont été menées [79, 86, 75]. Une analyse systématique de l'influence du filtrage des images de phase devient primordiale, en particulier avec l'attention grandissante portée aux études dynamiques à haute vitesse d'acquisition et faible SNR.

Le SNR est un estimateur acceptable de l'impact visuel d'une image. Mais aucune information n'est donnée quant à la capacité de distinguer deux régions de signal par rapport au bruit de fond. La notion de contraste sur bruit (Contrast to Noise Ratio, CNR) est ainsi complémentaire du SNR.

Avant de filtrer, il est important d'avoir une idée de l'étalement de l'information des pixels provoqué par le lissage, autrement dit de la taille minimum d'une région détectable sur l'image filtrée. Cette information peut être obtenue en considérant la description mathématique de la fonction d'étalement (Point Spread Function, PSF) du filtre.

Afin d'assurer la validité du traitement, le protocole de filtrage doit se prémunir de la détérioration de l'information initiale, en autorisant l'estimation des effets du débruitage par les relations mathématiques entre les paramètres du filtre et les critères d'analyse d'images précédemment décrits.

L'objectif de cette partie n'est pas de définir un nouveau filtre mais de décrire un protocole de filtrage permettant d'établir quantitativement et d'analyser la relation entre réduction de bruit, augmentation de SNR, perte en résolution spatiale et précision de la phase. Nous considérons le traitement du bruit thermique, dans le cas d'images à faible SNR.

Pour des raisons de commodités mathématiques, un simple filtre Gaussien isotrope est utilisé pour valider la méthodologie. La pertinence d'un filtrage du signal complexe par rapport au filtrage des images de module et de phase est démontrée. Les effets du filtrage sont analysés en utilisant des critères d'analyse tels que le SNR, le CNR, et la largeur à mi-hauteur (Full-Width Half-Maximum, FWHM) de la PSF.

# Chapitre 3

## Méthode d'analyse du bruit thermique

### 3.1 Caractéristiques du bruit thermique

#### 3.1.1 Images de module

Les images de module sont construites par une combinaison non linéaire des données IRM à valeur complexe issues d'un espace de Fourier. La fonction de distribution du bruit suit une loi Ricienne [97, 94], et a une moyenne non nulle. Si  $M$  est l'intensité d'un voxel, alors la distribution de bruit  $p_M$  en ce voxel s'exprime [86, 97] :

$$p_M(M|A, \sigma_g) = \exp\left(-\frac{M^2 + A^2}{2\sigma_g^2}\right) I_0\left(\frac{AM}{\sigma_g^2}\right) \quad (3.1)$$

où  $A$  est l'intensité du voxel en l'absence de bruit,  $\sigma_g$  est l'écart-type du bruit Gaussien affectant chaque composante du signal complexe, et  $I_0$  est la fonction de Bessel modifiée de première espèce d'ordre 0. La figure 3.1 montre la distribution de Rice correspondant à quelques valeurs de  $A$ , pour  $\sigma_g = 1$ .

Cette expression s'approxime par une Gaussienne [79] si le SNR est élevé ( $A \gg \sigma_g$ ). Dans les régions de l'image où le signal théorique est nul ( $A = 0$ ), le bruit sur l'image de module suit une distribution de Rayleigh [80]. L'expression de la distribution de Rayleigh est donnée en Annexe A.1. Les paramètres de cette distribution s'expriment par rapport à  $\sigma_g$  [79, 94] :

$$\text{Moyenne} : \mu_r = \sigma_g \sqrt{\pi/2} \quad (3.2a)$$

$$\text{Variance} : \sigma_r^2 = (2 - \pi/2)\sigma_g^2 \quad (3.2b)$$

À partir du moment d'ordre 2 de la distribution Ricienne (équation 3.1), il a été montré que la moyenne du carré de l'image de module est perturbée de deux fois la variance du bruit Gaussien [80, 91] :

$$E(M^2) = A^2 + 2\sigma_g^2 \quad (3.3)$$

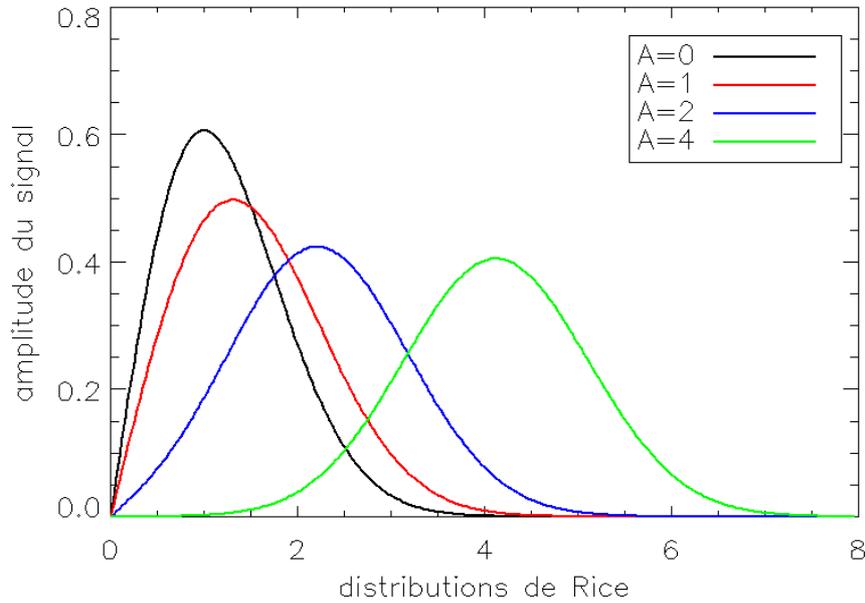


FIG. 3.1 – Évolution de la distribution de Rice en fonction du signal théorique  $A$ , pour une variance du bruit  $\sigma_g = 1$ .

Si l'image de module est filtrée directement (par convolution), la variance globale du bruit est réduite mais la moyenne du signal (et donc le biais) reste inchangée. Le biais sur la moyenne du signal est restreint en réduisant le bruit avant toute élévation au carré, i.e. en filtrant les données complexes à partir desquelles les images de module et de phase sont reconstruites. Dans ce cas, l'image de module résultante tend vers le signal théorique.

### 3.1.2 Images de phase

Le calcul de l'image de phase est également une combinaison non linéaire des données complexes. La distribution du bruit sur les images de phase est donnée en Annexe A.2. Des études sur la distribution de bruit sur la phase ont démontré que l'écart-type de l'angle de phase  $\sigma_\varphi$  est inversement proportionnel au SNR de l'image de module correspondante [75]. Les limites de  $\sigma_\varphi$ , quand  $A \gg \sigma_g$  et  $A = 0$ , sont respectivement  $\sigma_g/A$  et  $\pi/\sqrt{3}$ .

Bien qu'un filtrage par convolution directe permette d'augmenter le SNR sur l'image de module, il n'engendre pas de réduction similaire de l'écart-type de la distribution de phase, puisque le filtrage se résume à un moyennage pondéré de valeurs positives et négatives. Ainsi, la convolution directe altère la distribution de phase, conduisant en particulier à un lissage des sauts de phase, qui sont des valeurs de phase exprimées modulo  $2\pi$  passant brutalement de  $-\pi$  à  $+\pi$  ou inversement. L'altération de la distribution de phase a des répercussions sur les traitements qui suivent le filtrage, notamment le déroulement de phase qui consiste à détecter les sauts de phase afin de construire une image de phase lissée en rajoutant  $2k\pi$  à chaque voxel.

Si la réduction de bruit est effectuée sur les données complexes avant l'opération d'arctangente, le filtrage n'a pas d'influence perturbatrice sur la distribution de phase réelle. Par ailleurs, si la distribution de phase suit une loi normale, il est possible de déterminer la probabilité d'avoir un saut de phase. Le calcul est donné en Annexe B.

## 3.2 Approches proposées

### 3.2.1 Filtre Gaussien

À partir d'un couple (module, phase) d'images bruitées, deux approches de filtrage sont possibles : un filtrage direct par convolution des images de module et de phase (domaine image  $\mathcal{I}$ ), ou un filtrage des données complexes à partir desquelles sont obtenues les images de module et de phase. Pour comparer ces approches de réduction du bruit, on utilise une fonction Gaussienne dont on maîtrise la description mathématique et la transformée de Fourier. L'effet de lissage introduit ne dépend plus ici que de la variance du filtre.

Dans le domaine  $\mathcal{I}$ , la réponse impulsionnelle  $h_{\mathcal{I}}$  du filtre Gaussien est :

$$h_{\mathcal{I}}(x, y) = \frac{1}{2\pi\sigma_{h_{\mathcal{I}}}^2} \exp\left(-\frac{x^2 + y^2}{2\sigma_{h_{\mathcal{I}}}^2}\right) \quad (3.4)$$

où  $\sigma_{h_{\mathcal{I}}}^2$  est la variance du filtre dans  $\mathcal{I}$ . Dans le but de préserver la dynamique de l'image,  $h_{\mathcal{I}}$  est normalisée.

La variance du bruit après filtrage  $\tilde{\sigma}_g^2$  s'exprime en fonction de la variance du bruit avant filtrage  $\sigma_g^2$  et de la variance du filtre [74] :

$$\tilde{\sigma}_g^2 = \frac{\sigma_g^2}{4\pi\sigma_{h_{\mathcal{I}}}^2} \quad (3.5)$$

### 3.2.2 Réduction du bruit et gain en SNR

La variance du bruit avant filtrage est évaluée à partir d'une région d'intérêt (Region Of Interest, ROI) dans une zone de l'image de module où le signal théorique est nul. Les moments statistiques d'ordre 1 et 2 sur les intensités des voxels dans la ROI renseignent respectivement sur les moyenne et écart-type de la distribution de Rayleigh du bruit. En utilisant l'équation 3.2b, on obtient la variance du bruit Gaussien  $\sigma_g^2$ . Le SNR est défini comme le rapport entre le signal théorique  $A$  et l'écart-type du bruit  $\sigma_g$  :

$$SNR = \frac{A}{\sigma_g} \quad (3.6)$$

Calculé de cette manière, on parlera de faible SNR pour des valeurs inférieures à 5, de SNR moyen entre 5 et 10, et de fort SNR au-delà de 10.

Par l'application du filtre, l'écart-type du bruit  $\sigma_g$  est réduit à une valeur  $\tilde{\sigma}_g$  tandis que le signal  $A$  reste constant. Le filtrage implique un gain en SNR  $G$  qui se définit

par le rapport entre le SNR après filtrage sur le SNR avant filtrage. En utilisant l'équation 3.6 et la constance de  $A$ ,  $G$  s'exprime :

$$G = \frac{\sigma_g}{\tilde{\sigma}_g} \quad (3.7)$$

### 3.2.3 Filtrage des images et des spectres

#### Domaine des images $\mathcal{I}$

Le filtrage dans  $\mathcal{I}$  est la convolution des images de module et de phase par un masque représentant un noyau Gaussien. La taille du masque est adaptée de telle manière que moins de 10% de la fonction Gaussienne continue soient tronqués. L'écart-type du filtre Gaussien est défini en substituant l'équation 3.7 dans l'équation 3.5 :

$$\sigma_{h_{\mathcal{I}}} = \frac{G}{2\sqrt{\pi}} \quad (3.8)$$

#### Domaine de Fourier $\mathcal{F}$

Le filtrage des données complexes peut intervenir avant ou après la transformée de Fourier car la convolution de deux images est équivalente au produit de leurs transformées de Fourier. Toutefois, l'échantillonnage discret de la fonction de filtrage est plus fin pour une application dans l'espace de Fourier. La relation entre  $\sigma_{h_{\mathcal{I}}}$  et son équivalent  $\sigma_{h_{\mathcal{F}}}$  dans l'espace de Fourier s'exprime :

$$\sigma_{h_{\mathcal{F}}}^2 = \frac{N_x N_y}{4\pi^2 \sigma_{h_{\mathcal{I}}}^2} \quad (3.9)$$

où  $N_x$  et  $N_y$  sont les dimensions des images de module et de phase.

### 3.2.4 Imagerie avec antenne de réception multi-éléments

#### Acquisition des données

La méthode SENSE [96] (SENSitivity Encoding) permet l'acquisition rapide de données en utilisant une antenne de réception constituée de plusieurs éléments disposés en réseau phasé qui acquièrent simultanément les données de l'espace de Fourier. L'image obtenue par chaque antenne, après transformée de Fourier inverse, est analogue à ce qu'on pourrait visualiser en faisant se déplacer une lumière autour d'un objet trop gros pour être éclairé dans son intégralité. Un exemple, pour une coupe d'un volume de données, des 6 images correspondant aux 6 éléments d'une antenne de réception est illustré par la figure 3.2. Les images issues de chaque antenne sont ensuite combinées afin de reconstruire l'image finale (figure 3.3).

#### Reconstruction des données

Deux approches sont possibles pour la reconstruction des données à partir des images de chaque élément de l'antenne.

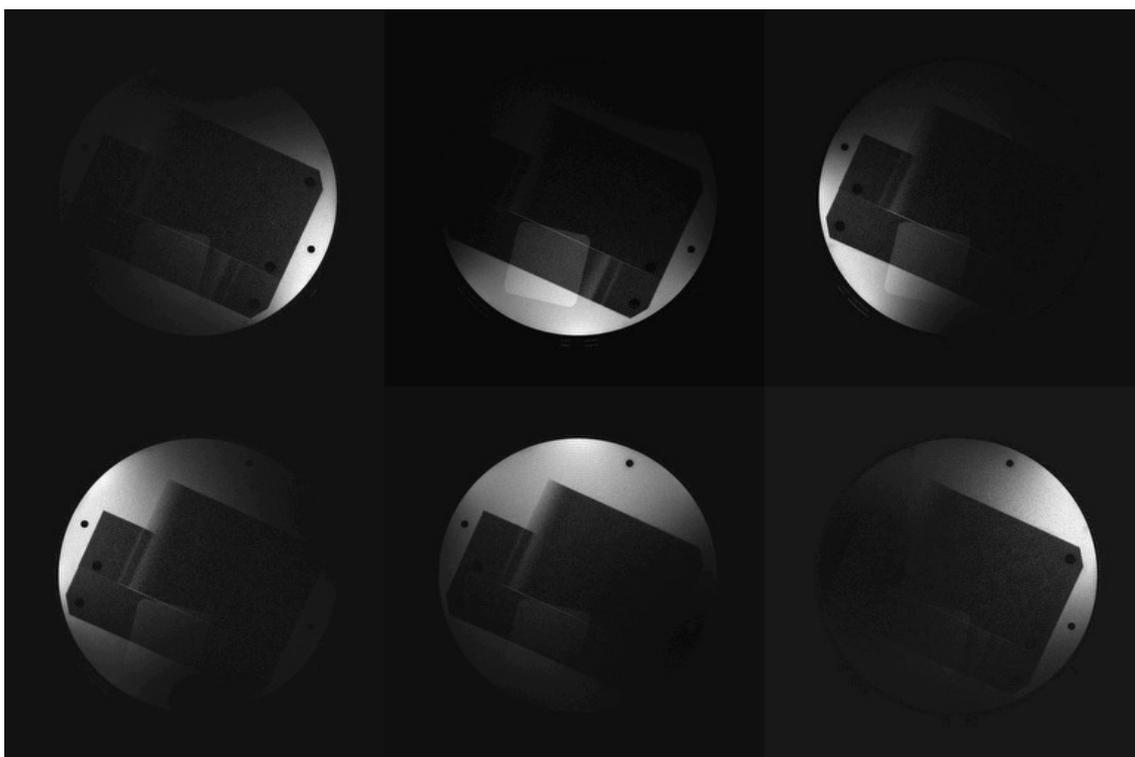


FIG. 3.2 – Images obtenues par les 6 éléments d’une antenne, pour une coupe du volume acquis.

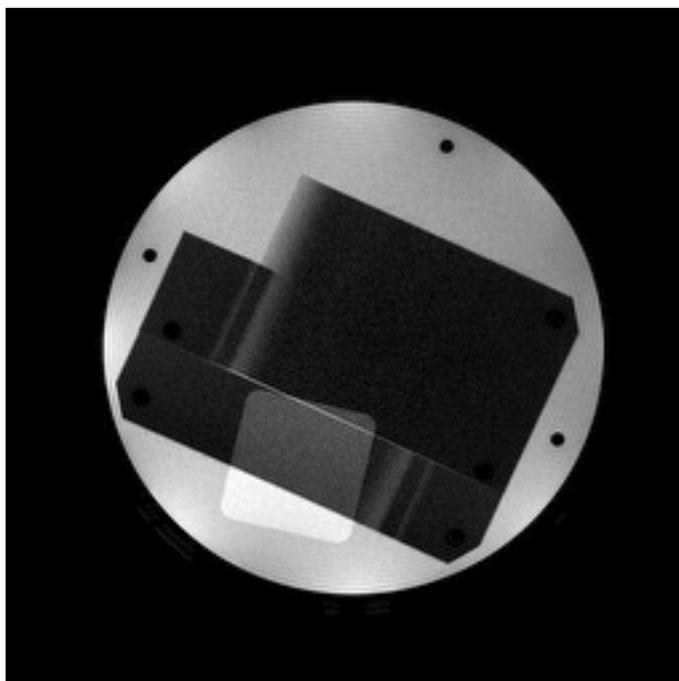


FIG. 3.3 – Image complète reconstruite à partir des images des 6 éléments de l’antenne.

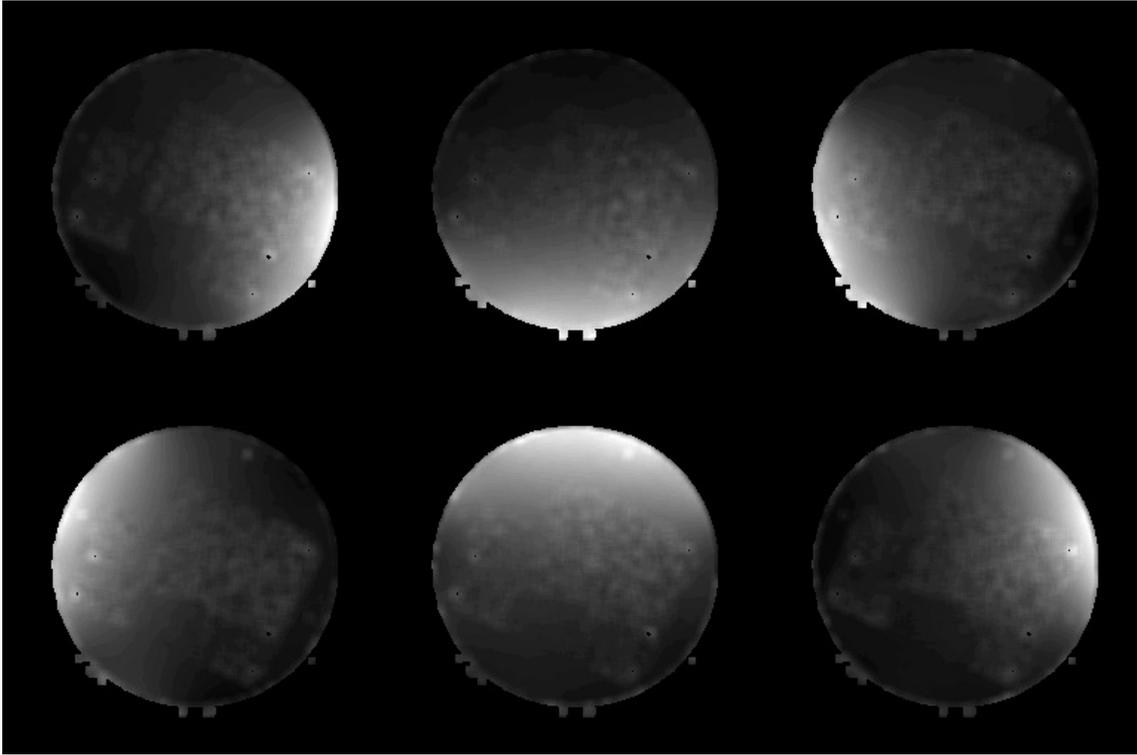


FIG. 3.4 – Cartes de sensibilité des 6 éléments de l’antenne, pour une coupe du volume acquis.

La méthode SENSE utilise des cartes de sensibilité des éléments de l’antenne (figure 3.4). Les images à valeurs complexes issues de chaque antenne sont additionnées coupe par coupe, puis les images de module et de phase sont calculées. Notons que la linéarité de la convolution implique l’équivalence entre un filtrage de chaque antenne et un filtrage de leur somme à valeurs complexes.

Si des cartes de sensibilité ne sont pas disponibles, on emploie usuellement une méthode de reconstruction par somme d’images élevées au carré (Sum-of-Squares). On calcule une image de module pour chaque élément de l’antenne et on additionne les carrés des modules des antennes, pour chaque coupe. L’image de module finale est la racine carrée de cette somme. Comme décrit précédemment, un biais est introduit dès le premier calcul d’image de module, c’est-à-dire pour chaque élément de l’antenne. Notons également que cette méthode ne permet pas d’obtenir d’image de phase.

### 3.3 Critères d’analyse des images

#### 3.3.1 Contraste sur bruit

Le contraste sur bruit (CNR) définit la capacité à distinguer des régions d’intensités différentes par rapport au bruit de fond. Cette information est mesurée à partir de trois ROI définies sur l’image de module : deux régions de signal  $R_1$  et  $R_2$  d’intensités moyennes  $\mu_1$  et  $\mu_2$ , et une région sans signal théorique  $R_3$  permettant d’estimer

l'écart-type  $\sigma_r$  de la distribution de Rayleigh, puis  $\sigma_g$  à partir de l'équation 3.2b.

$$CNR = \frac{|\mu_1 - \mu_2|}{\sigma_g} \quad (3.10)$$

### 3.3.2 Contraste global

Le contraste global  $C$  de l'image est défini en fonction des intensités minimum et maximum de l'image  $I$  :

$$C = \frac{\max(I) - \min(I)}{\max(I) + \min(I)} \quad (3.11)$$

### 3.3.3 Résolution spatiale

La perte de résolution spatiale inhérente au filtrage est caractérisée par la largeur à mi-hauteur (FWHM) d'un contour de l'image. Supposons qu'un contour soit modélisable par une fonction Gaussienne. La FWHM du contour après filtrage  $\tilde{\delta}$  s'exprime en fonction de la FWHM du contour avant filtrage  $\delta$  et du gain en SNR  $G$  :

$$\tilde{\delta} = \sqrt{\frac{2G^2 \ln(2)}{\pi} + \delta^2} \quad (3.12)$$

Les détails du calcul sont donnés en Annexe C. Par conséquent, il est possible d'établir une relation entre l'augmentation de SNR, la perte en résolution spatiale et la réduction de bruit. Une analyse quantitative est possible puisque pour un gain en SNR donné, on connaît la perte en résolution spatiale. Inversement, si la perte en résolution spatiale est limitée, le gain en SNR maximum autorisé peut être déduit. En outre, comme l'incertitude de phase est inversement proportionnelle au SNR, l'objectif d'une précision de phase à atteindre permet de connaître le SNR correspondant, et ainsi déterminer le filtre à utiliser. Et la perte en résolution spatiale est déduite.



# Chapitre 4

## Résultats

### 4.1 Données simulées

On simule des données de module et de phase de référence par des images  $256 \times 256$  constituées d'un carré de signal centré sur un fond d'intensité nulle. Sur le carré, on simule des sauts de phase à partir d'une Gaussienne d'amplitude  $27\pi$  dont on prend le modulo  $2\pi$ . Le signal de module  $A$  est constant sur le carré. À partir de ces données de référence, on construit des images à valeurs complexes.

Un bruit blanc Gaussien obéissant à une loi normale  $\mathcal{N}(0, \sigma_g^2)$  est ajouté aux composantes réelle et imaginaire du signal complexe. On obtient les images bruitées en calculant le module et la phase du signal complexe bruité.

La figure 4.1 illustre le cas extrême où  $SNR = 1$  obtenu avec  $A = 2$  et  $\sigma_g = 2$ . On notera que l'ajout de bruit avant le calcul du module augmente les moyennes des intensités, à l'intérieur mais surtout en dehors du carré de signal.

Ces images sont filtrées en fixant le gain en SNR à  $G = 6$ , dans  $\mathcal{I}$  (images) et dans  $\mathcal{F}$  (spectres).

#### 4.1.1 Images de module et de phase

La figure 4.2 donne les résultats sur le module en coupes et profils. Le filtrage dans  $\mathcal{F}$  permet d'approcher la valeur théorique du signal  $A$ . Par ailleurs, la moyenne du bruit est réduite, ce qui permet une meilleure distinction du carré de signal. Confirmant la théorie, la moyenne du bruit (et donc le biais sur le module) n'est pas corrigée en filtrant dans  $\mathcal{I}$ , même si les variances du bruit après chacun des filtrages dans  $\mathcal{I}$  et  $\mathcal{F}$  sont similaires.

De la même manière, la figure 4.3 montre les résultats sur la phase. Le flou introduit par le filtrage dans  $\mathcal{I}$  n'est pas admissible. Le filtrage dans  $\mathcal{F}$  permet de préserver les sauts de phase à l'intérieur du carré de signal. Une erreur importante est seulement commise sur les bords du carré.

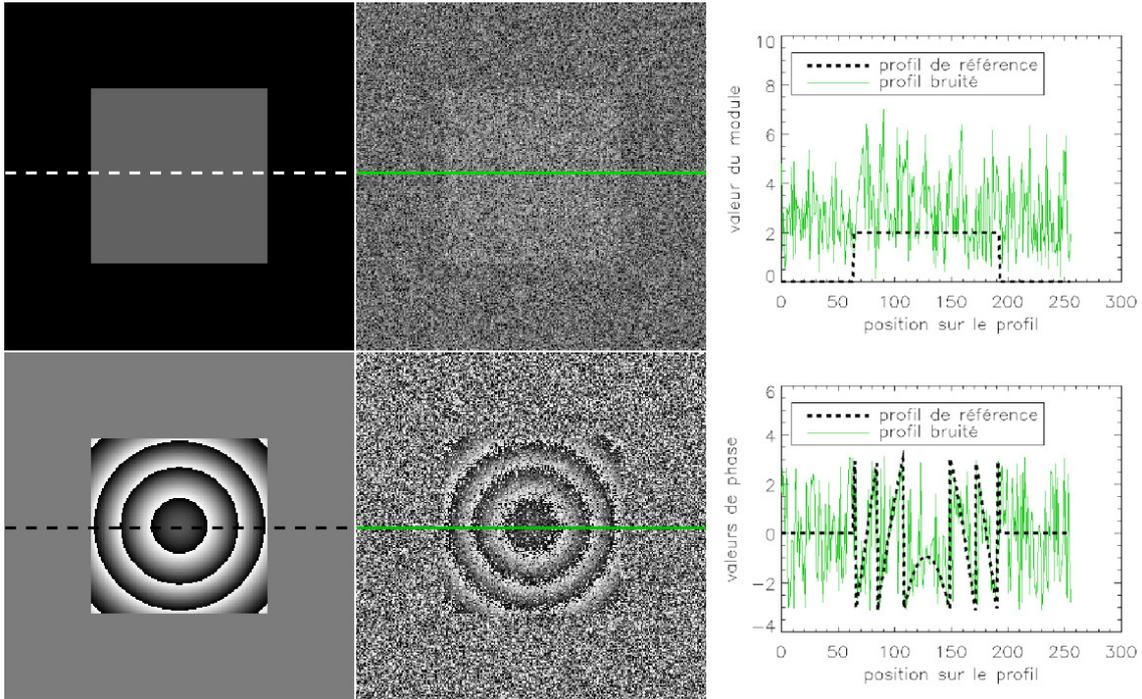


FIG. 4.1 – Images simulées de module (haut) et de phase (bas), de référence (gauche) et bruitées (centre). Des profils horizontaux de module et phase sont affichés (droite). Le SNR de l'image de module bruitée vaut 1.

### 4.1.2 Distribution de phase

L'effet destructeur du filtrage dans  $\mathcal{I}$  est également révélé par la distribution des valeurs de phase à l'intérieur du carré de signal (figure 4.4). Alors que les distributions correspondant aux phases de référence et filtrées dans  $\mathcal{F}$  s'accordent sur une constante, la distribution de phase diffère après filtrage dans  $\mathcal{I}$ .

Ce phénomène est amplifié par la présence de nombreux sauts de phase, qui augmentent le nombre de moyennages entre valeurs positives et négatives effectués lors du filtrage par convolution dans  $\mathcal{I}$ . En modifiant la phase de référence dans le carré de signal de telle manière qu'elle soit d'une valeur constante, l'erreur observée diminue quand la valeur de phase tend vers 0. Les figures 4.5 et 4.6 donnent deux exemples pour une valeur de phase de référence fixée à  $9\pi/10$  et  $\pi/4$ . On notera la réduction de l'écart-type de la distribution de phase par filtrage dans  $\mathcal{F}$ .

La mesure de la réduction d'écart-type par filtrage dans  $\mathcal{F}$  est répétée, avec un SNR avant filtrage de 5, une phase constante et un gain en SNR fixé à  $G = 6$ . L'écart-type sur les données bruitées est évalué à  $0,2009 \pm 0,0055$ . Après filtrage dans  $\mathcal{F}$ , il devient  $0,0344 \pm 0,0007$ . En divisant ces deux valeurs, on estime le gain à  $5,84 \pm 0,28$  à comparer avec la valeur réelle  $G = 6$ . L'expérience est ensuite effectuée en faisant varier le SNR initial dans l'intervalle  $[1; 5]$  et le gain  $G$  dans l'intervalle  $[1; 10]$ . Dans toutes les configurations, la distribution de phase s'approche parfaitement par une Gaussienne, avec une moyenne et un écart-type en adéquation avec  $G$  et la distribution avant filtrage.

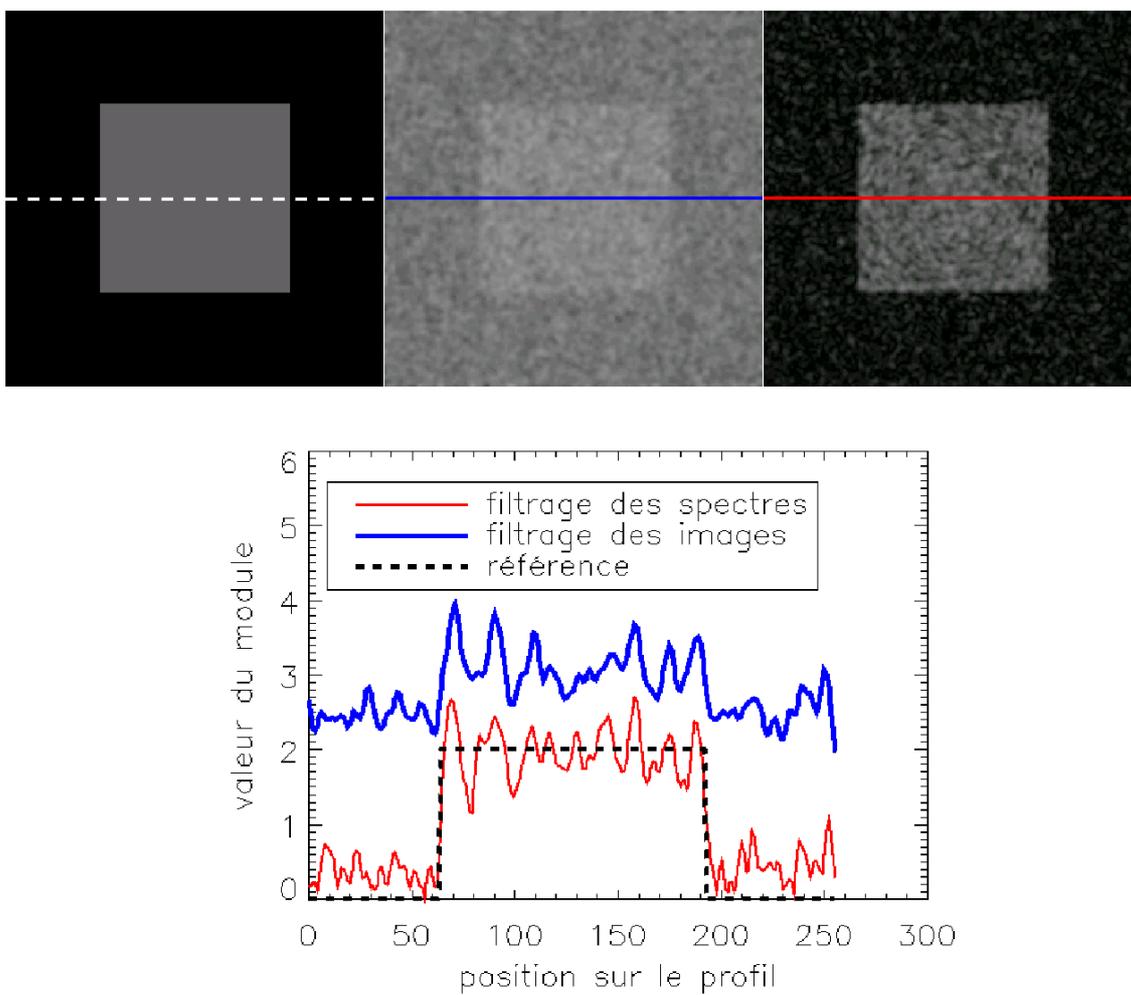


FIG. 4.2 – Images (haut) et profils (bas) illustrant l'effet du filtrage sur le module. Sur les images, de gauche à droite : référence, filtrage direct de l'image, filtrage du spectre.

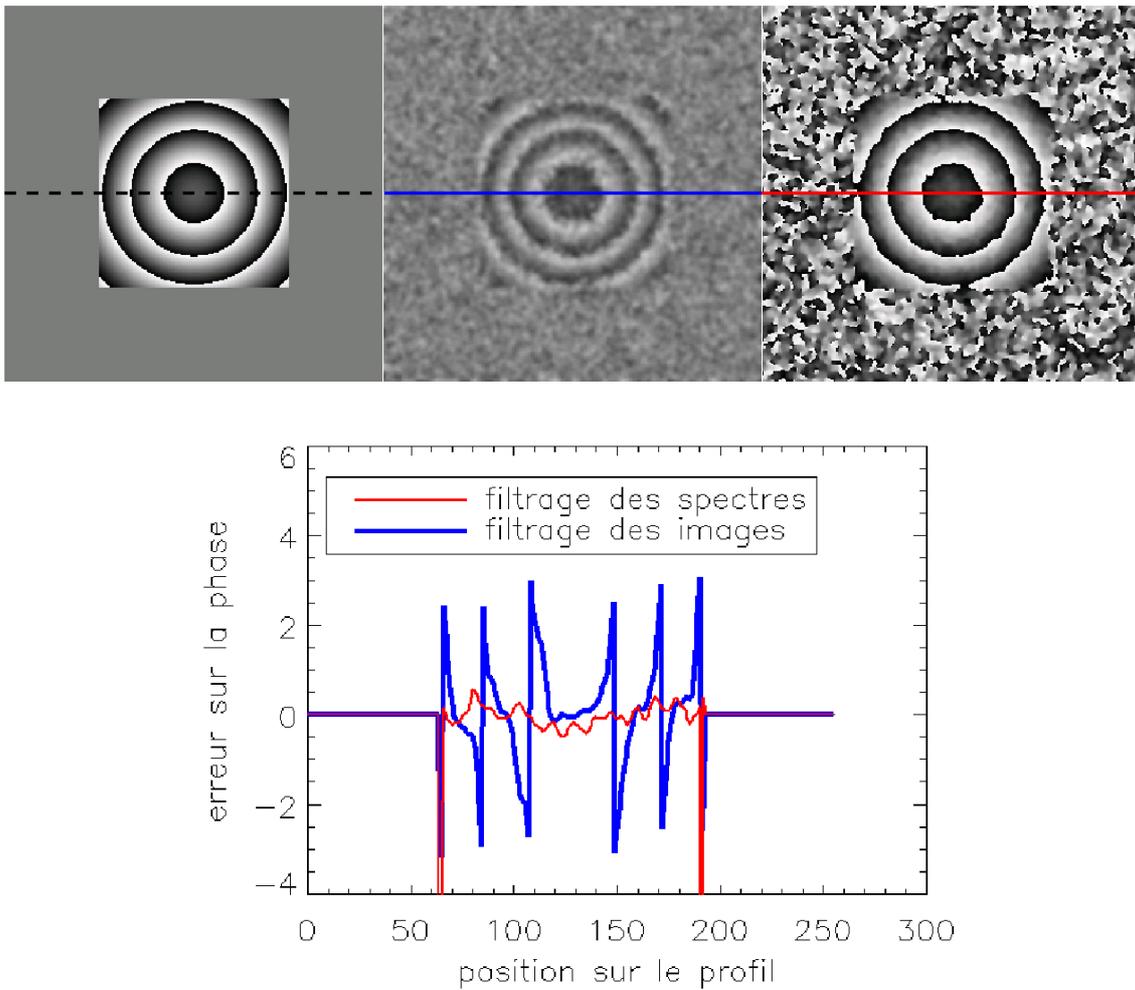


FIG. 4.3 – Images (haut) et profils (bas) illustrant l'effet du filtrage sur la phase. Sur les images, de gauche à droite : référence, filtrage direct de l'image, filtrage du spectre. Sur les profils : différence entre chaque image filtrée et l'image de phase de référence.

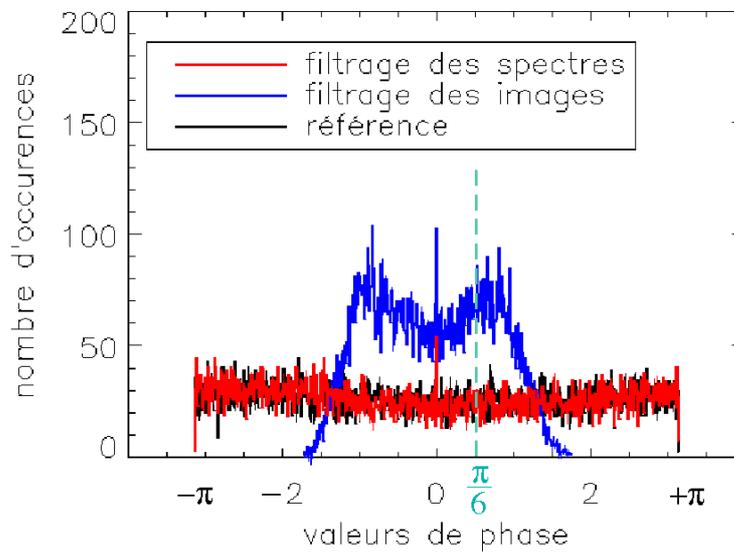


FIG. 4.4 – Influence du filtrage sur la distribution de phase ; cas avec sauts de phase. La valeur moyenne de phase est  $\pi/6$ .

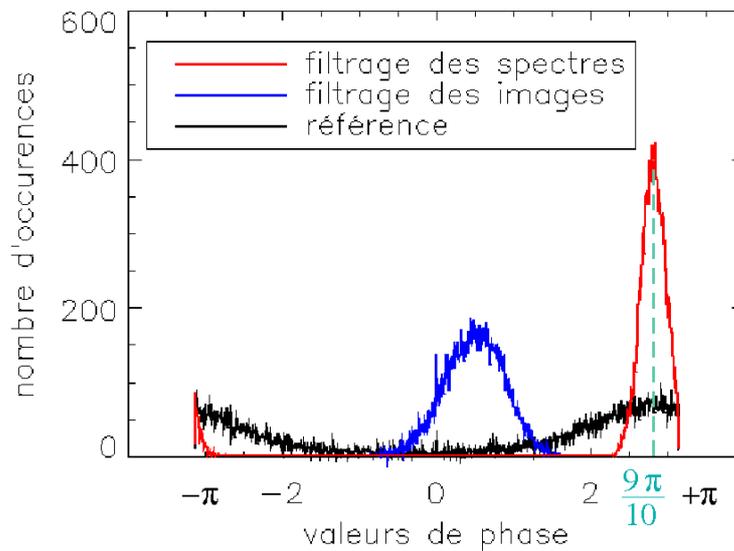


FIG. 4.5 – Influence du filtrage sur la distribution de phase ; cas d'une phase constante ( $9\pi/10$ ).

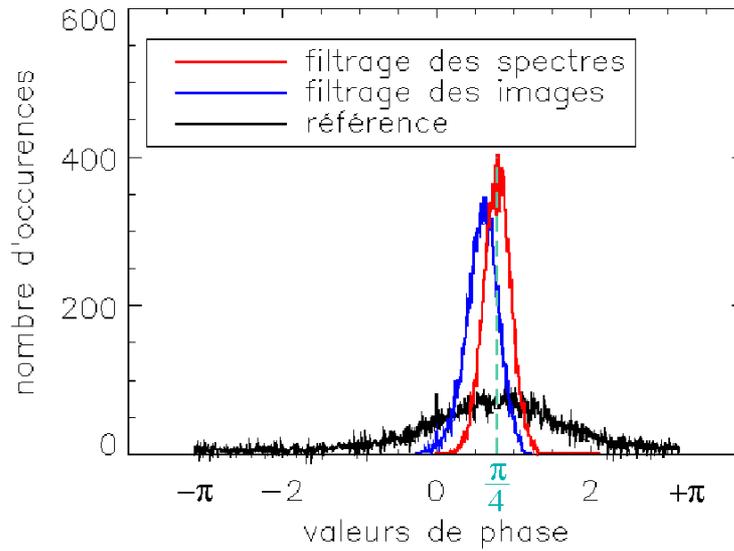


FIG. 4.6 – Influence du filtrage sur la distribution de phase; cas d’une phase constante ( $\pi/4$ ).

### 4.1.3 Séparabilité des régions de l’image

Sur le module, la capacité à séparer après filtrage deux régions de signal par rapport au bruit de fond se caractérise par l’évolution du CNR en fonction de la perte en résolution spatiale. On utilise comme données simulées de référence des images  $128 \times 128$  contenant deux régions adjacentes de même phase non nulle mais de modules  $A$  et  $A/2$ , sur un fond d’intensité nulle. Les deux régions sont de même largeur  $n$ , variant entre 1 et 10 voxels. Les images sont bruitées comme décrit précédemment, et filtrées dans  $\mathcal{F}$ . Pour différents gains en SNR fixés, le CNR et un coefficient de séparabilité des régions sont mesurés en fonction de  $n$ . Le coefficient de séparabilité est défini comme  $\Delta = (\mu_1 - \sigma_1) - (\mu_2 + \sigma_2)$ , où  $\mu_i$  et  $\sigma_i$  sont respectivement les moyenne et écart-type des intensités de la région  $R_i$ . Les régions sont dites séparables si  $\Delta > 0$ .

La figure 4.7 donne les CNR et  $\Delta$  pour un CNR initial (de référence) de 2. L’expérience a été répétée pour des CNR de référence variant de 1 à 5; les courbes présentent un aspect similaire. La valeur du CNR est augmentée par le filtrage, sauf pour  $n = 1$ . Cette mesure est confirmée par le fait qu’un filtre avec un gain en SNR fixé à  $G = 2$  implique une perte en résolution spatiale supérieure à 66% de la taille du voxel (cf. équation 3.12). L’évaluation du coefficient de séparabilité est donc faussée pour  $n = 1$ . Pour  $n > 2$ , la capacité à distinguer les deux régions est logiquement d’autant plus faible que le filtrage est fort et  $n$  petit. Par ailleurs, chaque  $\Delta$  devient positif quand  $G$  devient inférieur à environ  $n \sqrt{\pi/(2 \ln(2))}$ , ce qui correspond à la condition  $\tilde{\delta} < \sqrt{2} \delta$  (cf. équation 3.12).

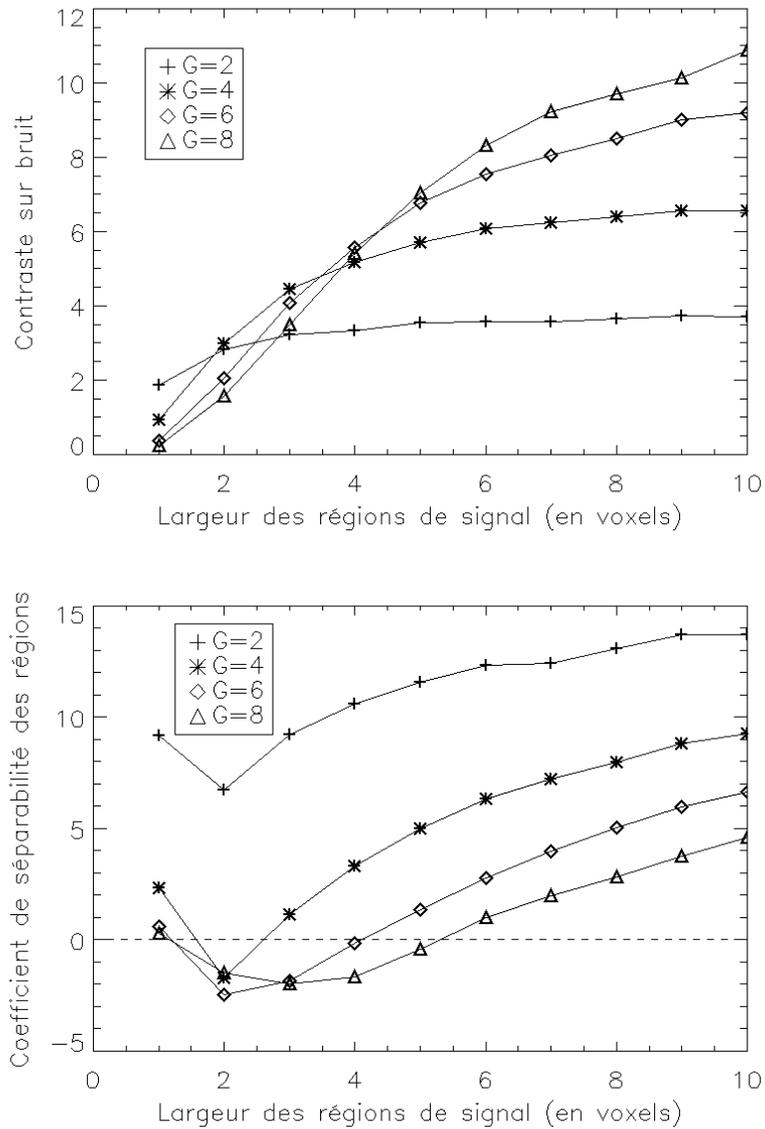


FIG. 4.7 – Contraste sur bruit (haut) et coefficient de séparabilité des régions (bas) en fonction de la largeur des régions, pour diverses valeurs de gain en SNR.

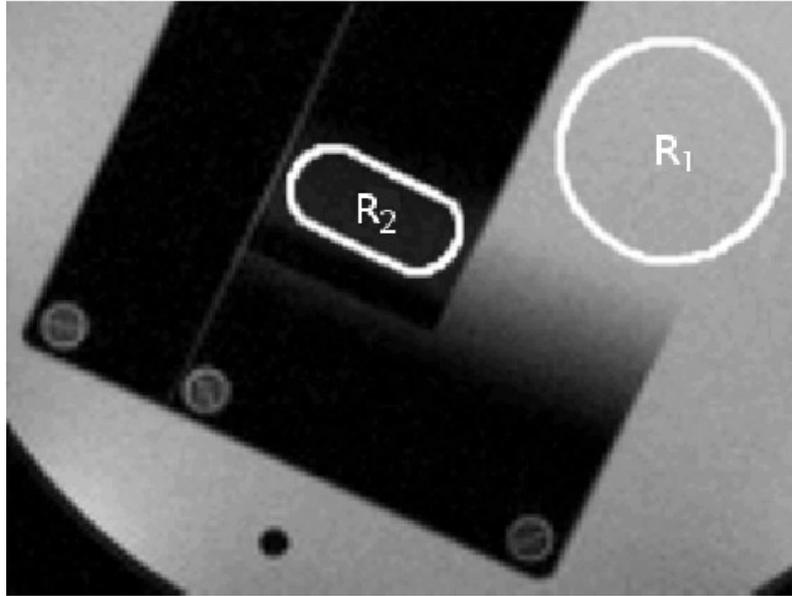


FIG. 4.8 – Fantôme de calibration utilisé pour l'évaluation du CNR.

## 4.2 Fantôme de calibration

### 4.2.1 Contraste sur bruit

Le CNR après filtrage est étudié sur un fantôme de calibration fourni par le fabricant de l'appareillage IRM, permettant d'observer des régions de signal d'intensités et dimensions variables. On acquiert trois jeux de données : les deux premiers ont des SNR d'environ 3 et 7, le troisième sert d'image de référence (SNR très élevé). L'acquisition des données se fait par l'utilisation de séquences en écho de spin : temps de répétition/temps d'écho TR/TE=200/8 ms, facteur d'accélération (turbo) 16, angles de bascule=5°, 15° et 90°.

La figure 4.8 montre une partie de l'image de référence. On y définit deux ROI de signal  $R_1$  et  $R_2$ , et une ROI pour la mesure du bruit de fond (non affichée). La moyenne de signal dans  $R_2$  est très proche de la moyenne du bruit. Ces trois ROI sont utilisées pour calculer le CNR des images avant et après filtrage dans  $\mathcal{I}$  et  $\mathcal{F}$ .

La table 4.1 compare ces CNR au CNR de l'image de référence, pour deux SNR avant filtrage de 2,83 et 7,30. Pour permettre la comparaison des CNR entre les images, le CNR des images non-référence est ajusté de la manière suivante :

$$CNR \text{ ajusté} = \frac{(CNR \text{ image étudiée}) * (SNR \text{ image référence})}{SNR \text{ image étudiée}} \quad (4.1)$$

Il en résulte que le filtrage dans  $\mathcal{F}$  restitue un meilleur CNR, approchant le CNR de référence, pour des SNR faibles et moyens.

Image	SNR maxi	CNR	CNR ajusté
Avant filtre	<b>2,83</b>	1,50	<b>16,19</b>
Filtre image	10,64	5,63	<b>16,13</b>
Filtre spectre	10,50	8,12	<b>23,58</b>
Référence	30,48	<b>24,86</b>	
Avant filtre	<b>7,30</b>	5,51	<b>33,20</b>
Filtre image	26,48	19,99	<b>33,23</b>
Filtre spectre	28,78	23,15	<b>35,41</b>
Référence	44,02	<b>35,29</b>	

TAB. 4.1 – CNR des images initiales, filtrées et de référence.

### 4.2.2 Perte en résolution spatiale

La perte en résolution spatiale inhérente au filtrage est étudiée. Dans un premier temps, l'équation 3.12 est validée à partir de contours Gaussiens simulés. On mesure la largeur à mi-hauteur du profil Gaussien de chaque contour avant et après filtrage. La FWHM mesurée pour les filtrages dans  $\mathcal{I}$  et  $\mathcal{F}$  est en accord avec la valeur théorique, avec une précision de l'ordre du dixième de voxels.

Dans un second temps, on s'intéresse à l'évaluation de la perte en résolution spatiale sur des données expérimentales issues d'un fantôme de calibration constitué de minces tubes de gel (figure 4.9). Une séquence en écho de spin (TR/TE=200/8 ms, facteur d'accélération (turbo) 16, angle de bascule=90°) permet d'obtenir des images avec un SNR élevé. On considère un profil passant par les sources circulaires de signal ; chaque profil est approximé par une Gaussienne dont la FWHM est calculée.

La table 4.2 reporte les FWHM mesurées avant et après filtrage, pour un gain en SNR fixé à 4, pour 4 acquisitions répétées des données. La "FWHM attendue" est la FWHM théorique obtenue en utilisant l'équation 3.12 à partir de la FWHM mesurée sur les images non filtrées. On observe que le biais sur le module n'affecte pas de manière significative les mesures de FWHM sur les images filtrées. On s'aperçoit que la FWHM attendue est sous-estimée, à cause de l'incertitude sur la FWHM calculée sur les données non filtrées. L'erreur est d'environ 5%.

### 4.2.3 Imagerie avec antenne de réception multi-éléments

On considère le filtrage des images obtenues avec une antenne multi-éléments, à différentes étapes de leur reconstruction (cf. paragraphe 3.2.4). On filtre ainsi les données à valeurs complexes de chaque élément, les images de module de chaque élément, et les images issues de la reconstruction complète par la méthode Sum-of-Squares.

Les contrastes globaux de chacune de ces images sont comparés dans le tableau 4.3 au contraste global des données non filtrées. Le test est effectué sur des

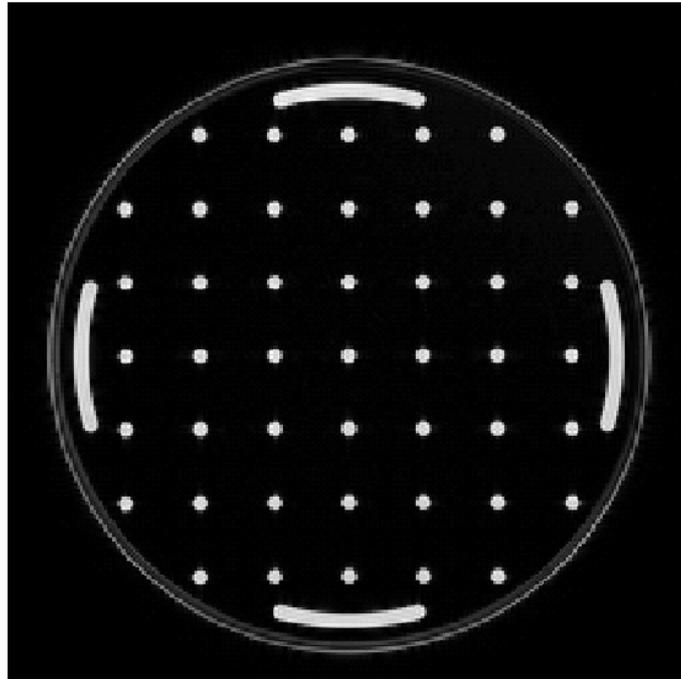


FIG. 4.9 – Fantôme de calibration utilisé pour l'évaluation de la résolution spatiale.

Acquisition	Avant filtre	Filtre		FWHM attendue
		image	spectre	
#1	3,1	4,3	4,3	4,1
#2	3,1	4,2	4,1	4,1
#3	3,4	4,3	4,3	4,3
#4	2,8	4,1	4,2	3,9

TAB. 4.2 – FWHM mesurée (en voxels) sur les données avant et après filtrage, comparée à la valeur attendue issue de la théorie, pour 4 acquisitions répétées.

images à faible, moyen et haut SNR, acquises avec des séquences en écho de spin et en écho de gradient utilisant les paramètres suivants : TR/TE=200/10 ms, facteur d'accélération (turbo) 16, angles de bascule=5°,15°,90° pour l'écho de spin, et TR/TE=20/3,7 ms, angles de bascule=1°,2°,20° pour l'écho de gradient.

Le filtrage de chaque élément est effectué dans  $\mathcal{F}$  et permet d'obtenir un meilleur contraste que les deux autres filtrages effectués dans  $\mathcal{I}$ . Par ailleurs le filtrage des images de module (de chaque antenne ou de la reconstruction Sum-of-Squares) implique une baisse significative du contraste global de l'image. Ce phénomène s'explique par l'élévation au carré des images qui accroît l'influence du bruit et le biais sur le module.

	écho de spin avec SNR			écho de gradient avec SNR		
	faible	moyen	élevé	faible	moyen	élevé
Pas de filtre	0,885	0,926	0,986	0,849	0,931	0,978
Filtrage des éléments	<b>0,962</b>	<b>0,980</b>	<b>0,996</b>	<b>0,932</b>	<b>0,976</b>	<b>0,995</b>
Filtrage du module des éléments	0,666	0,815	0,968	0,587	0,810	0,950
Filtrage de la reconstruction Sum-of-Squares	0,636	0,800	0,964	0,569	0,794	0,946

TAB. 4.3 – Contraste global des images acquises avec une antenne multi-éléments : application du filtrage à différentes étapes de la reconstruction des données.



# Chapitre 5

## Discussion

Pour de faibles et moyens SNR, le filtrage dans  $\mathcal{F}$  est clairement plus performant que dans  $\mathcal{I}$ , principalement en termes de réduction du biais sur le module et de préservation des sauts de phase. Pour des SNR élevés, les deux approches de filtrage ont des effets comparables sur les images de module, puisque le bruit devient négligeable par rapport au signal d'intérêt.

Toutefois, même pour de forts SNR, un filtrage dans  $\mathcal{I}$  altère toujours l'information de phase. Ainsi, ce filtrage ne devrait être utilisé que si les données de l'espace de Fourier ne sont pas accessibles sans avoir à opérer une transformée de Fourier, et si on s'intéresse seulement à la visualisation de données de module à fort SNR.

Si les données peuvent être directement lues dans l'espace de Fourier, alors le filtrage dans  $\mathcal{F}$  est le plus approprié. Dans le domaine de Fourier, la fonction de filtrage est définie par davantage d'échantillons, n'est pas tronquée par les bords d'un masque de convolution, et n'implique pas d'approximations dues à une discrétisation dans le masque de convolution. De plus, la multiplication de spectres dans  $\mathcal{F}$  est plus rapide qu'une convolution d'images dans  $\mathcal{I}$ . Enfin, une seule opération de filtrage est nécessaire pour réduire l'influence du bruit à la fois sur les images de module et de phase. Des convolutions séparées dans  $\mathcal{I}$  peuvent fausser la relation entre le module et la phase qui s'exprime à travers le lien entre SNR et incertitude de phase.

La méthodologie proposée permet soit de filtrer l'image dans son intégralité de manière uniforme, soit de la filtrer par morceaux en faisant varier les paramètres du filtre d'une partie à l'autre de l'image suivant des critères prédéfinis.

Dans le cas d'imagerie utilisant des antennes multi-éléments disposés en réseau phasé comme la méthode SENSE [96], ces critères peuvent exploiter les cartes de sensibilité des antennes. Ces cartes de sensibilité calculées pour reconstruire les images pourraient donner un indice pour l'estimation locale des variations du bruit. En effet, l'écart-type du bruit étant élevé dans les régions où les antennes sont le moins sensibles, le gain en SNR (et donc la largeur du filtre) pourrait être adapté localement pour (i) accroître la réduction de bruit dans les régions de faible sensibilité, et (ii) préserver les détails de l'image dans les régions à forte sensibilité.

L'adaptabilité du filtre et de la méthodologie pourrait également s'insérer dans un processus de segmentation d'image. Un filtrage adaptatif directionnel, défini par rapport à un paramètre représentant la géométrie locale de l'image, permettrait de

renforcer la détection locale de contours par exemple.

Un filtrage des données par morceaux ne remettrait pas en cause l'analyse des images telle que décrite dans cette méthodologie.

La méthodologie décrite se base sur un filtrage Gaussien usuel. Bien entendu son choix est critiquable, dans le sens où il existe dans la littérature des filtres, notamment adaptatifs, produisant des images avec une meilleure préservation des contours [78, 100, 105, 106, 81, 67, 102, 70, 99]. Mais l'objectif n'est pas ici de développer un nouveau filtre ; il s'agit de mettre en place une chaîne complète d'analyse et de traitement du bruit thermique par filtrage, en mettant à jour la possibilité d'avoir une description mathématique des effets du filtre sur le SNR, la perte en résolution spatiale, le contraste ou encore la précision de phase.

Le filtre Gaussien est utilisé par convenance mathématique pour démontrer la faisabilité de la méthode, puisque c'est un filtre dont on connaît les caractéristiques et la transformée de Fourier. Le but de cette étude est de démontrer l'intérêt qu'il est nécessaire de porter aux effets d'un filtrage. A partir de cette méthodologie, il est possible de se consacrer au développement de nouveaux filtres robustes, en considérant leur formulation mathématique.

Pour un signal donné, il est possible de prédire la perte en résolution spatiale, la dégradation de contraste et le gain en SNR en utilisant les relations mathématiques liant ces critères. Ces relations fournissent également une évaluation des effets du filtrage sur l'incertitude de phase, même si seules des considérations sur l'image de module sont faites pour déterminer les paramètres du filtre.

Un critère de fiabilité peut ainsi être offert aux traitements et analyses qui suivent le filtrage, tels qu'un recalage ou une segmentation. Lors d'une segmentation par exemple, un critère intéressant est la mesure d'une incertitude sur la localisation des contours détectés. Cela permet de donner un ordre de grandeur des dimensions de chaque région de l'image, qui sera directement lié à la forme de la fonction de filtrage. La caractérisation des effets du filtrage peut également fournir un critère de validation des mesures, qui est fondamental dans des applications basées sur l'imagerie de phase, telles que la thermométrie [83] ou l'angiographie [56].

Par ailleurs, un filtrage adaptatif peut être combiné à une segmentation basée sur un suivi de formes décrites par leurs caractéristiques géométriques. Dans le cas de la segmentation des veines (cf. chapitre 7), une telle combinaison permettrait une restitution robuste des petits vaisseaux tout en préservant leur continuité.

Enfin, la méthodologie décrite considère uniquement la présence de bruit thermique. Les perturbations provenant d'autres sources peuvent être étudiées de la même manière, en étendant la méthode à des bruits additifs, multiplicatifs ou convolutifs, mais aussi à des fluctuations spatiales et temporelles du bruit.

# Bibliographie

## Bruit en IRM et filtrage

- [67] C.B Ahn, Y.C. Song, and D.J. Park. Adaptive template filtering for signal-to-noise ratio enhancement in magnetic resonance imaging. *IEEE Trans Med Imag*, 18(6) :549–59, Juin 1999.
- [68] M.E. Alexander, R. Baumgartner, A.R. Summers, C. Windischberger, M. Klarhoefer, E. Moser, and R.L. Somorjai. A wavelet-base method for improving signal-to-noise ratio and contrast in MR images. *Magn Reson Imaging*, 18 :169–80, 2000.
- [69] A.H. Andersen and J.E. Kirsch. Analysis of noise in phase contrast MR imaging. *Med Phys*, 23(6) :857–69, 1996.
- [70] P. Bao and L. Zhang. Noise reduction for magnetic resonance images via adaptive multiscale products thresholding. *IEEE Trans Med Imag*, 22(9) :1089–99, 2003.
- [71] M.A. Bernstein, D.M. Thomasson, and W.H. Perman. Improved detectability in low signal-to-noise ratio magnetic resonance images by means of phase-corrected real construction. *Med Phys*, 16(5) :813–7, 1989.
- [72] N. Bonnet. On the use of correlation functions for improving the image signal-to-noise ratio. *Optik*, 50(3) :103–6, 1988.
- [73] C.-N. Chen and D.I. Hoult. *Biomedical Magnetic Resonance Technology*, chapter 4, pages 127–32. Medical Science Series. Adam Hilger, Bristol & New York, 1989.
- [74] J.-P. Cocquerez and S. Philipp. *Analyse d'images : filtrage et segmentation*. Masson, 1995.
- [75] T.E. Conturo and G.D. Smith. Signal-to-noise in phase angle reconstruction : Dynamic range extension using phase reference offsets. *Magn Reson Med*, 15(3) :420–37, 1990.
- [76] W.A. Edelstein, G.H. Glover, C.J. Hardy, and R.W. Redington. The intrinsic signal-to-noise ratio in NMR imaging. *Magn Reson Med*, 3 :604–18, 1986.
- [77] S.J. Garnier and G.L. Bilbro. Magnetic resonance image restoration. *J Math Imag Vision*, 5 :7–19, 1995.
- [78] G. Gerig, O. Kübler, R. Kikinis, and F.A. Jolesz. Nonlinear anisotropic filtering of MRI data. *IEEE Trans Med Imaging*, 11(2) :221–32, 1992.

- [79] H. Gudbjartsson and S. Patz. The rician distribution of noisy MRI data. *Magn Reson Med*, 34 :910–4, 1995.
- [80] R.M. Henkelman. Measurement of signal intensities in the presence of noise in MR images. *Med Phys*, 12(2) :232–3, 1985. Erratum in 13 :544, 1986.
- [81] I. Holländer and I. Bajla. Adaptive smoothing of MR brain images by 3D geometry-driven diffusion. *Comput Methods Programs Biomed*, 55 :157–76, 1998.
- [82] D.I. Hoult and P.C. Lauterbur. The sensitivity of the zeugmatographic experiment involving human samples. *J Magn Reson Imaging*, 34 :425–33, 1979.
- [83] Y. Ishihara, A. Calderon, H. Watanabe, K. Okamoto, Y. Suzuki, K. Kuroda, and Y. Suzuki. A precise and fast temperature mapping using water proton chemical shift. *Magn Reson Med*, 34(6) :814–23, Décembre 1995.
- [84] G. Krüger and G.H. Glover. Physiological noise in oxygenation-sensitive magnetic resonance imaging. *Magn Reson Med*, 46 :631–7, 2001.
- [85] G. Krüger, A. Kastrup, and G.H. Glover. Neuroimaging at 1.5 T and 3.0 T : Comparison of oxygenation-sensitive magnetic resonance imaging. *Magn Reson Imaging*, 45 :595–604, 2001.
- [86] B.P. Lathi. *Modern Digital and Analog Communication Systems*. Hault-Saunders International Edition, Japan, 1983.
- [87] P. Lauterbur. Image formation by induced local interactions : Examples employing nuclear magnetic resonance. *Nature*, 242 :190–1, 1973.
- [88] M. Lysaker, A. Lundervold, and X.-C. Tai. Noise removal using fourth-order partial differential equation with applications to medical magnetic resonance images in space and time. *IEEE Trans Med Imaging*, 12 :1579–90, Décembre 2003.
- [89] G. McGibney and M.R. Smith. An unbiased signal-to-noise ratio measure, for magnetic resonance images. *Med Phys*, 20(4) :1077–8, 1993.
- [90] E.R. McVeigh, R.M. Henkelman, and M.J. Bronskill. Noise and filtration in magnetic resonance imaging. *Med Phys*, 12(5) :586–91, 1985.
- [91] A.J. Miller and P.M. Joseph. The use of power images to perform quantitative analysis on low SNR MR images. *Magn Reson Imaging*, 11 :1051–6, 1993.
- [92] B.W. Murphy, P.-L. Carson, J.H. Ellis, Y.T. Zhang, R.J. Hyde, and T.L. Chenevert. Signal-to-noise measures for magnetic resonance imagers. *Magn Reson Imaging*, 11 :425–8, 1993.
- [93] R. Nowak. Wavelet-based rician noise removal for magnetic resonance imaging. *IEEE Trans Imag Proc*, 8(10) :1408–19, 1998.
- [94] A. Papoulis. *Probability, Random Variables and Stochastic Processes*. McGraw-Hill, 2nd edition, Tokyo, Japan, 1984.
- [95] A. Pizurica, W. Philips, I. Lemahieu, and M. Acheroy. A versatile wavelet domain noise filtration technique for medical imaging. *IEEE Trans Med Imaging*, 22(3) :322–31, Mars 2003.
- [96] K.P. Pruessmann, M. Weiger, M.B. Scheidegger, and P. Boesiger. SENSE : Sensitivity encoding for fast MRI. *Magn Reson Med*, 42(5) :952–62, 1999.

- 
- [97] S.O. Rice. Mathematical analysis of random noise. *Bell Systems Technological Journal*, 23 :282–332, 1944.
- [98] S. Ross. *A first course in probability*. Collier Macmillan Publishers, New York, 1976.
- [99] A.A. Samsonov and C.R. Johnson. Noise-adaptive nonlinear diffusion filtering of MR images with spatially varying noise levels. *Magn Reson Med*, 52(4) :798–806, 2004.
- [100] M.A. Schulze and J.A. Pearce. A morphology-based filter structure for edge-enhancing smoothing. In *ICIP'94 : IEEE International Conference on Image Processing*, pages 530–4, Austin, Texas, USA, 1994.
- [101] J. Sijbers, A.J. den Dekker, J. Van Audekerke, M. Verhoye, and D. Van Dyck. Estimation of the noise in magnitude MR images. *Magn Reson Imaging*, 16(1) :87–90, 1998.
- [102] J. Sijbers, A.J. den Dekker, A. Van der Linden, M. Verhoye, and D. Van Dyck. Adaptive anisotropic noise filtering for magnitude MR data. *Magn Reson Imag*, 17(10) :1533–9, 1999.
- [103] J. Sijbers, P. Scheunders, N. Bonnet, D. Van Dyck, and E. Raman. Quantification and improvement of the signal-to-noise ratio in a magnetic resonance image acquisition procedure. *Magn Reson Imaging*, 14(10) :1157–63, 1996.
- [104] J.C. Wood and M.K. Johnson. Wavelet packet denoising of magnetic resonance images : importance of rician noise at low SNR. *Magn Reson Med*, 41(3) :631–5, 1999.
- [105] G.Z. Yang, P. Burger, D.N. Firmin, and S.R. Underwood. Structure adaptive anisotropic filtering for magnetic resonance image enhancement. In *Proceedings of CAIP : Computer Analysis of Images and Patterns*, pages 384–91, 1995.
- [106] K. Ying, B.D. Clymer, and P. Schmalbrock. Adaptive filtering for high resolution magnetic resonance images. *J Magn Reson Imaging*, 6(2) :367–77, 1996.
- [107] S. Zaroubi and G. Goelman. Complex denoising of MR data via wavelet analysis : Application for functional MRI. *Magn Reson Imaging*, 18 :59–68, 2000.

‘

## Troisième partie

# Analyse de l'influence des veines sur la mesure de l'activation cérébrale en IRMf



# Introduction

Dans cette partie, nous nous intéressons à l'étude de l'influence des veines sur la mesure de l'activation cérébrale. Il s'agit de quantifier la proportion de veines dans chaque voxel des cartes d'activation, ce qui permet d'identifier les voxels à corriger. Cette approche se traduit par la mise en place d'un protocole d'analyse conjointe de l'activation et des veines. L'organisation des différents outils nécessaires est décrite par la figure 5.1.

Trois jeux de données sont utilisés (chapitre 6) : l'IRMf, l'IRM morphologique et la veinographie. De plus, un masque binaire représentant le signal d'intérêt est construit pour chaque jeu de données. Dans un souci de clarté, cette étape n'est pas reportée sur la figure 5.1, mais elle est détaillée dans le paragraphe 6.5.

L'algorithme se décompose en trois étapes : la segmentation des données de veinographie (chapitre 7), le recalage des veines extraites et de l'activation dans un même référentiel anatomique (chapitre 8), et l'analyse de leur correspondance (chapitre 9).

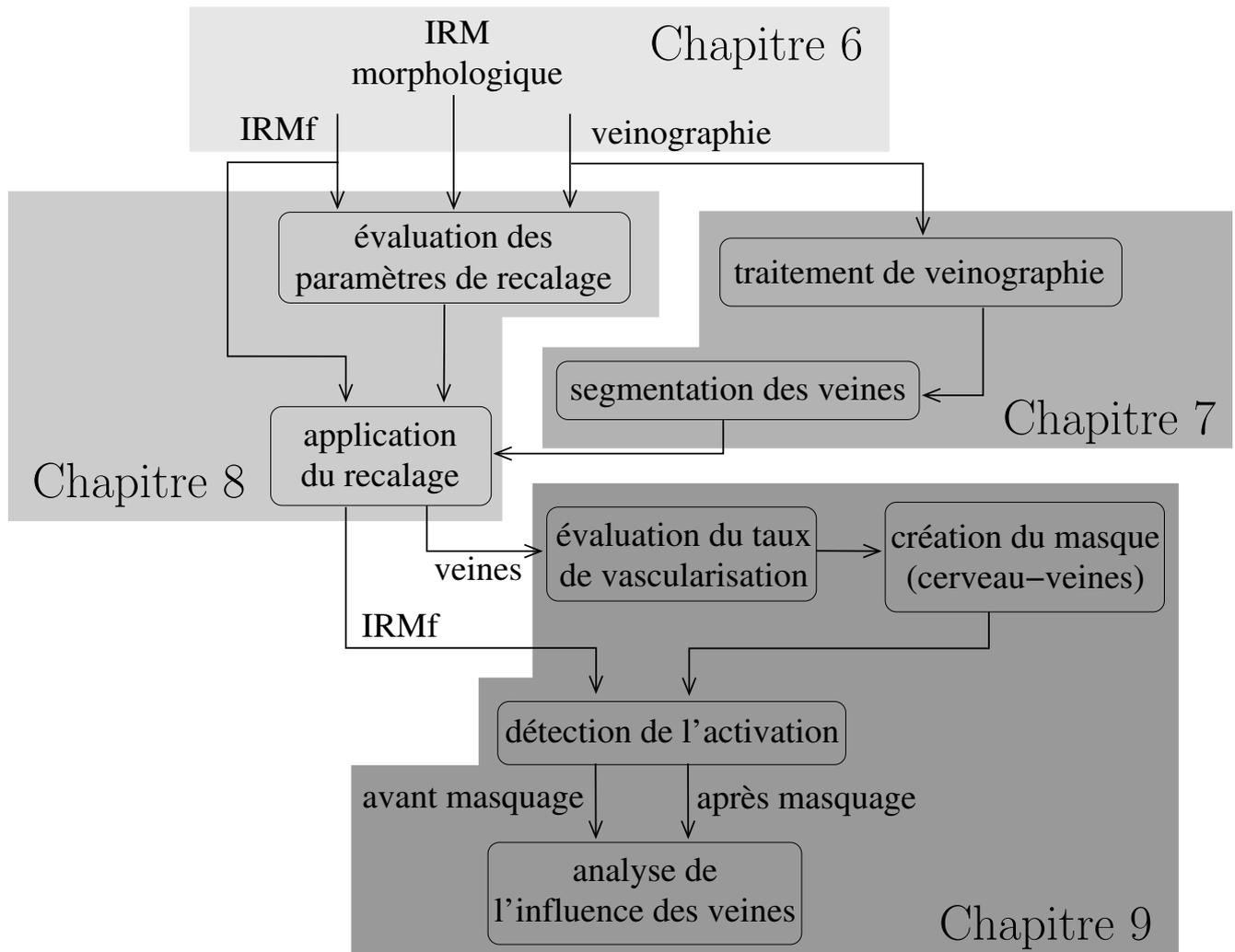


FIG. 5.1 – Algorithme pour l'analyse conjointe des veines et de l'activation cérébrale.

# Chapitre 6

## Données

### 6.1 Sujets

Les données présentées dans cette étude sont issues de 6 sujets (22-25 ans, 5 hommes, 1 femme). Un consentement écrit est obtenu de chaque sujet avant examen, et ce protocole a reçu l'aval du Comité de Protection des Personnes. Nous avons mis en place le protocole complet sur site, de l'acquisition au traitement des données.

### 6.2 IRMf

La séquence d'acquisition IRMf consiste en une acquisition multi-coupes Echo Planar Imaging (EPI), avec les paramètres suivants : champ de vue (Field Of View, FOV)  $256 \times 256$  mm, matrice  $96 \times 96 \times 27$ , TR/TE=3000/58 ms, angle de bascule=90°, épaisseur de coupe 4 mm ; 70 dynamiques sont acquises, chacune avec une durée de 3 s, pour un temps total d'acquisition de 3 min 39 s. Deux paradigmes de type visuomoteur et du langage sont utilisés. Chaque paradigme consiste en 3 périodes de stimulation intercalées avec 4 périodes de repos. Le stimulus visuomoteur consiste à afficher en plein écran un damier pendant 50 ms toutes les 750 ms, en demandant au sujet d'appuyer sur un bouton à chaque apparition du damier à l'écran. Le stimulus de langage consiste à afficher à l'écran une lettre sélectionnée aléatoirement, toutes les 3 s et pendant 3 s, en demandant au sujet de penser à des noms communs commençant par la lettre qui est affichée.

Les paradigmes ont été programmés avec le logiciel Presentation [34], utilisé notamment pour la synchronisation entre les affichages et l'acquisition des données par l'IRM, et la récupération des réponses du sujet.

### 6.3 Veinographie par IRM

La séquence de veinographie [60, 43] est une séquence 3D en écho de gradient, appliquée avec les paramètres suivants :  $256 \times 154$  mm, matrice  $512 \times 261 \times 72$ , TR/TE=67/45 ms, angle de bascule=18°, épaisseur de coupe 1,5 mm, pour un temps total d'acquisition de 12 min 30 s.

Le temps d'écho relativement long permet d'obtenir des effets de déphasage maximal entre le parenchyme et le sang veineux, grâce aux propriétés de susceptibilité magnétique du sang provenant de la nature paramagnétique de la désoxyhémoglobine. Par ce phénomène, et par le fait que le signal IRM est à valeurs complexes et donc sensible aux variations de phase, les veines vont apparaître sur les images de phase comme des structures d'intensité plus claire ou plus sombre que celle des tissus, selon leur orientation par rapport au champ magnétique principal.

Par ailleurs, une résolution spatiale adaptée permet de bénéficier pleinement d'effets de volume partiel entre les veines et le parenchyme, ce qui conduit à des annulations de signal sur les images de module.

La figure 6.1 présente une coupes des images de module et de phase des données de veinographie par IRM.

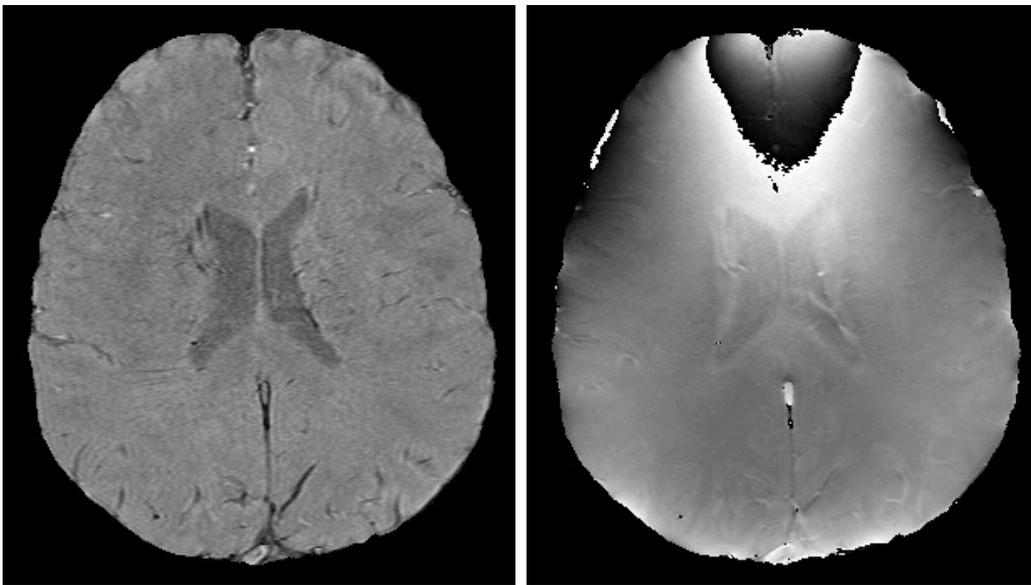


FIG. 6.1 – Une coupe extraite des données de veinographie par IRM ; images de module (gauche) et de phase (droite).

Ainsi, à la fois les données de module et de phase sont utilisées dans une étape de post-traitement (figure 6.2) pour rehausser le contraste entre veines et parenchyme. Les effets de volume partiel entre les veines et les tissus environnants implique l'apparition, sur les images de module, de veines d'un diamètre de l'ordre de  $100 \mu\text{m}$  sous forme de structures d'intensité faible. L'information de phase (notamment les hautes fréquences) est alors utilisée, d'abord pour augmenter le contraste de ces structures, et ensuite pour diminuer l'intensité des très gros vaisseaux où aucun effet de volume partiel n'a lieu. Cette procédure augmente la visibilité des vaisseaux de petite et moyenne taille.

Dans un premier temps, les variations abruptes (sauts) de phase présentes dans les régions reflétant de forts gradients de susceptibilité (cf. partie supérieure de l'image de phase, figure 6.2) sont réduites. Ces sauts de phase sont des hautes fréquences parasites pour la procédure de rehaussement du contraste veines/tissus. Ils peuvent être amoindris en diminuant le temps d'écho de la séquence de veinographie, mais avec la conséquence de réduire également les effets de déphasage entre veines et

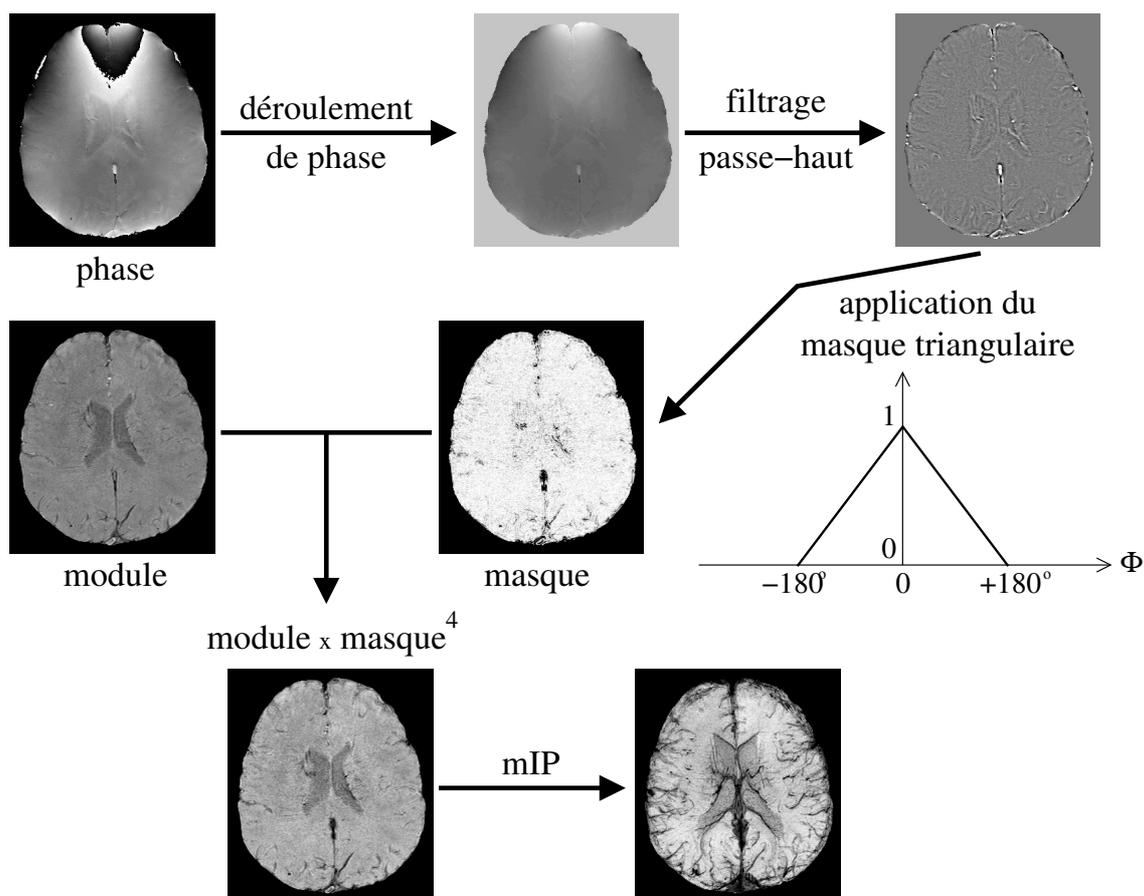


FIG. 6.2 – Étapes du traitement des données de veinographie.

parenchyme. Nous préférons ainsi effectuer un déroulement spatial des images de phase [57].

Dans un second temps, les données de phase déroulées sont soumises à un filtre passe-haut, utilisant un noyau de Hann, afin de supprimer les effets d'inhomogénéité du champ global variant lentement.

Les variations de phase causées par les structures veineuses peuvent être positives ou négatives, selon leur orientation par rapport au champ magnétique principal. Ainsi les images de phase sont transformées en un masque de phase, en employant la transformation triangulaire suivante : les valeurs de phase entre  $-\pi$  et 0 sont respectivement normalisées entre 0 et 1 ; les valeurs de phase entre 0 et  $+\pi$  sont respectivement normalisées entre 1 et 0.

Comme suggéré dans la littérature, le masque de phase ainsi obtenu multiplie 4 fois les images de module pour renforcer la visibilité des veines [60, 59].

Enfin, on applique généralement une projection d'intensité minimum (minimum Intensity Projection, mIP) [61, 50], qui permet d'augmenter la visibilité des structures veineuses sur chaque coupe. La figure 6.3 montre l'effet de l'application du masque de phase sur les images de module, avec et sans mIP. Le processus de traitement décrit suit les images  $a$  (données acquises),  $b$  (application du masque de phase),  $e$  (application du masque de phase puis du mIP). L'image  $d$  correspond à l'application directe du mIP sur les données acquises. En comparant les images  $d$  et  $e$ , on peut

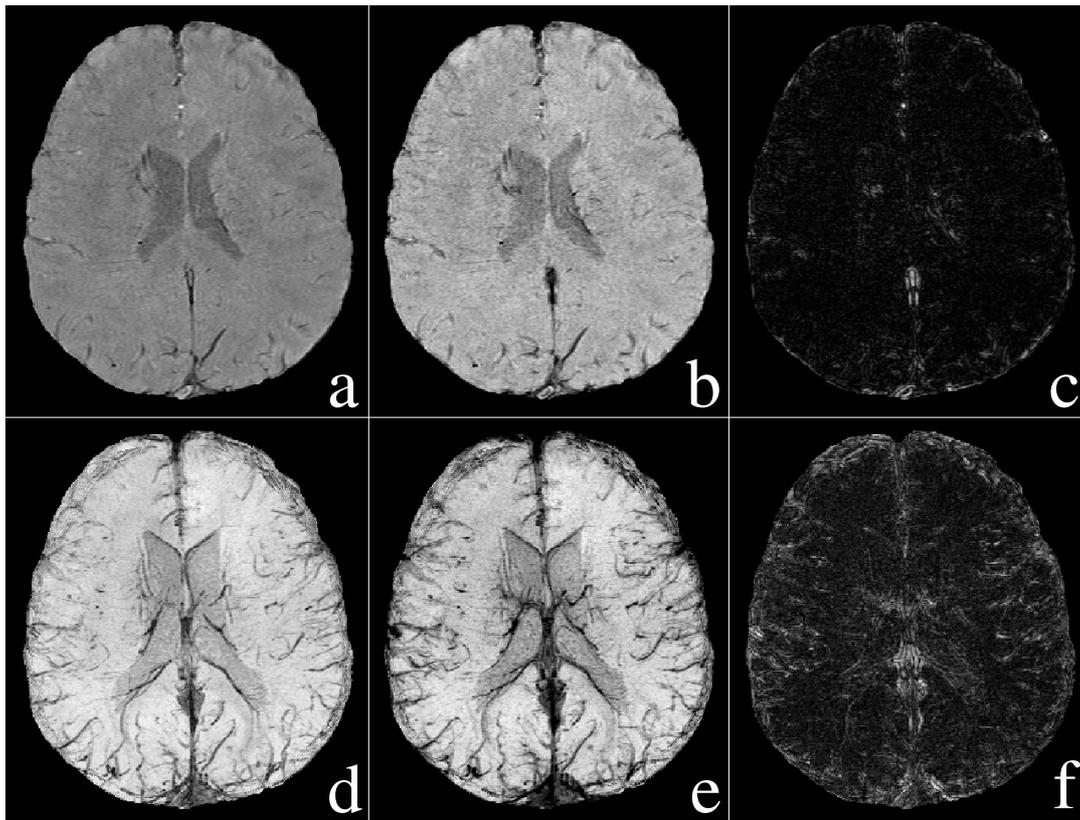


FIG. 6.3 – Application du masque de phase et mIP. a : données initiales ; b : après application du masque de phase ; c : b-a ; d : mIP de a ; e : mIP de b ; f : e-d

donc observer l'effet de l'application du masque de phase ; la différence de ces deux images est présentée sur l'image *f*. De la même manière, on notera l'impact du mIP en comparant les images *b* et *e*.

## 6.4 IRM morphologique

Le référentiel anatomique consiste en une IRM morphologique haute résolution obtenue avec une séquence 3D rapide en écho de gradient pondérée en  $T1$ , avec les paramètres suivants : FOV  $256 \times 256$  mm, matrice  $256 \times 204 \times 72$ , épaisseur de coupe 2 mm, TR/TE=7,3/3,6 ms, angle de bascule= $8^\circ$ , pour un temps total d'acquisition de 4 min 35 s.

## 6.5 Création des masques de signal

Pour chacun des trois jeux de données que sont l'IRMf, la veinographie et l'IRM morphologique, un masque binaire identifiant les voxels du cortex cérébral (i.e. excluant le bruit de fond et le crâne) est calculé. Ces masques interviennent notamment lors des étapes de recalage et de segmentation des images, ou encore dans la correc-

tion des cartographies de l'activation cérébrale.

L'utilisation de ces masques a plusieurs avantages : (1) les temps de calculs sont réduits en ne considérant que des voxels significatifs, (2) le recalage des images est rendu plus robuste, notamment lors de l'estimation des facteurs d'échelle (cf. paragraphe 8.2.1), (3) le masque sur les données d'IRMf est impliqué dans le calcul des cartes d'activation, tout particulièrement afin d'exclure des voxels contenant des veines (cf. paragraphe 9.2.1).

Dans les détails suivants, des opérateurs 3D de morphologie mathématique sont employés. Nous avons utilisé un logiciel de traitement d'image incluant des opérateurs 2D de morphologie mathématique <sup>1</sup> fondés sur une implémentation rapide d'opérations de rastérisation. Nous avons étendu ces outils en 3D pour accéder à des traitements 3D rapides. La taille des différents éléments structurants utilisés par la suite a été expérimentalement adaptée aux données des 6 sujets de l'étude.

Le reconstruteur d'images IRM crée un masque identifiant avec une valeur spécifique les voxels ne contenant pas d'information suffisamment représentative pour être assimilable à du signal utile. Le reconstruteur applique ce masque aux données de veinographie avant de fournir ces dernières à l'utilisateur. Un seuillage appliqué aux données de veinographie permet donc de récupérer un premier masque.

Ensuite, un opérateur 3D d'érosion est appliqué sur le masque ainsi créé en utilisant un élément structurant cylindrique de dimensions  $7 \times 7 \times 5$  mm. Un algorithme de croissance de régions est appliqué après érosion afin d'éliminer les voxels correspondant au crâne. Un seul germe est considéré, au centre du volume de données. Enfin, un opérateur 3D de dilatation est appliqué au masque binaire de la zone inondée, avec le même élément structurant cylindrique que pour l'érosion.

La figure 6.4 résume la création du masque de signal pour les données de veinographie.

Le masque de signal IRMf est construit en deux temps. Tout d'abord un seuil délimitant les voxels se situant à l'intérieur et à l'extérieur du cerveau (cortex et crâne) est défini empiriquement à partir de l'histogramme des données IRMf. Le masque binaire ainsi obtenu est soumis à un opérateur 3D d'ouverture morphologique utilisant un élément cylindrique de dimensions  $5 \times 5 \times 1$  mm.

La figure 6.5 résume la création du masque de signal pour les données IRMf.

Une segmentation robuste des données d'IRM morphologique est obtenue en utilisant une extension de la suite logicielle SPM2 qui permet de délimiter matière grise, matière blanche et liquide céphalo-rachidien (LCR) pour des sujets individuels [171]. La somme de ces trois informations donne le masque binaire du cortex recherché. Un opérateur 3D de fermeture est appliqué avec un élément structurant sphérique de diamètre 5 mm.

La figure 6.6 résume la création du masque de signal pour les données morphologiques.

---

<sup>1</sup><http://www.leptonica.com>

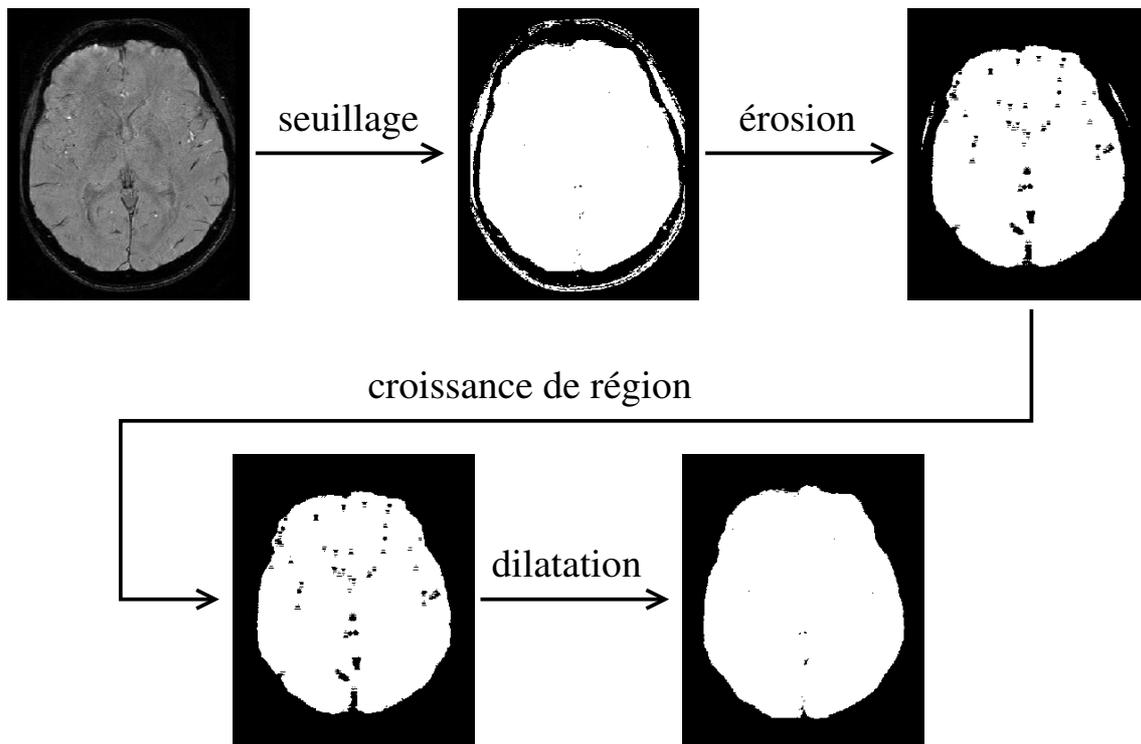


FIG. 6.4 – Création d'un masque de signal pour les données de veinographie.

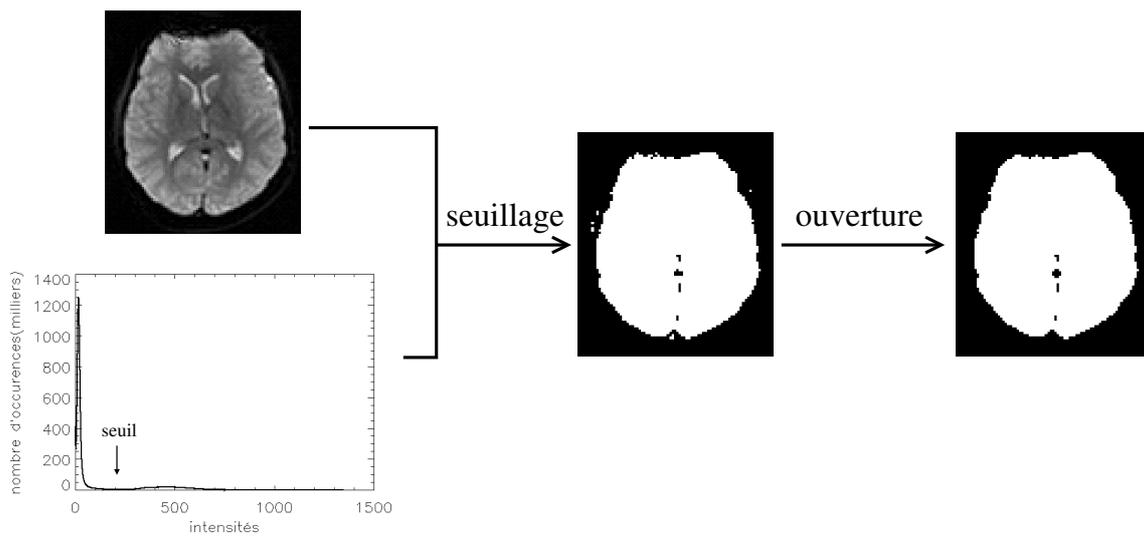


FIG. 6.5 – Création d'un masque de signal pour les données d'IRMf.

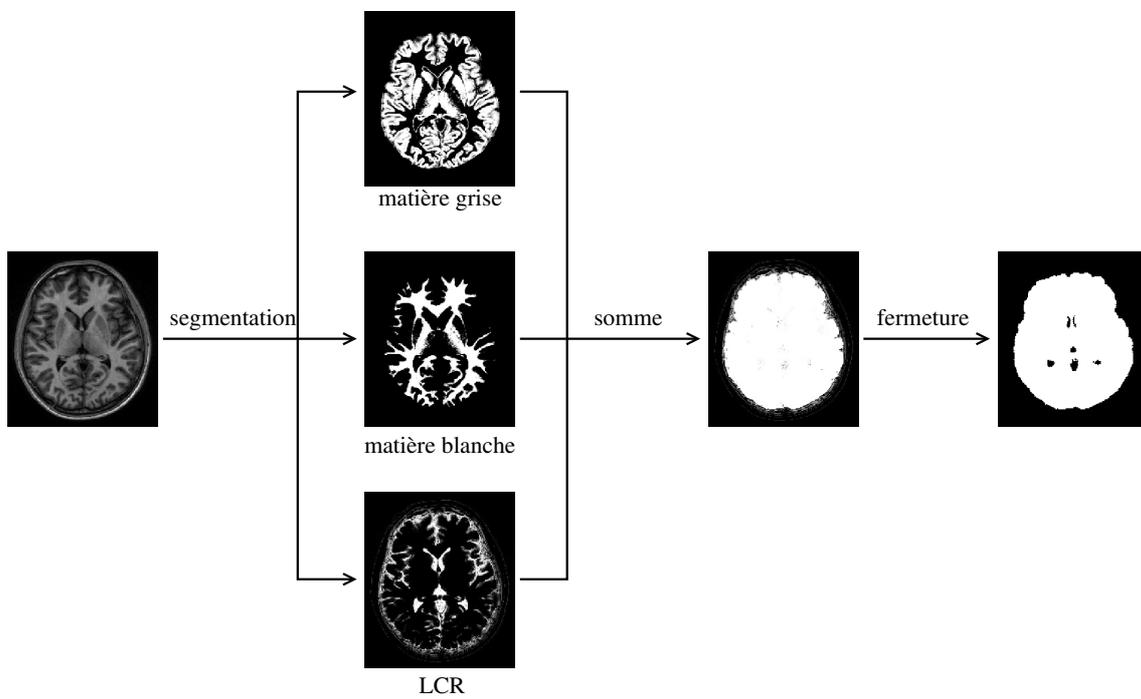


FIG. 6.6 – Création d'un masque de signal pour les données d'IRM morphologique.



# Chapitre 7

## Extraction de la structure veineuse

### 7.1 Introduction

On s'intéresse ici à la description et à la mise en place de méthodes permettant l'extraction du réseau veineux cérébral à partir de données de veinographie par IRM. Dans le cas de la segmentation d'images vasculaires, un grand nombre de méthodes présentées dans la littérature se basent sur des données d'angiographie où, grâce au produit de contraste injecté, les vaisseaux à extraire apparaissent très blancs sur un fond d'intensité sombre et relativement homogène. Les approches proposées sont très variées [164], impliquant des analyses multi-échelles [142], des modèles stochastiques [160], des ensembles de niveaux [167], des contours actifs [187], ou encore des connaissances a priori de l'information à extraire [178]. Afin de mettre en place un début de classification de ces méthodes, les différents algorithmes de segmentation de la littérature peuvent être séparés en deux catégories, selon qu'ils s'appuient sur les intensités ou la géométrie de l'image.

#### Approches basées sur l'intensité des images

Les approches prenant en compte l'intensité des images des images s'appuient essentiellement sur des caractéristiques telles que la luminance ou la texture. Deux sous-ensembles peuvent être décrits : la segmentation par seuillage ou par croissance de régions.

La première solution envisagée est la détermination d'un seuil global à l'image, qui peut par exemple être déterminé par expérimentations successives [161]. Toujours à partir d'expérimentations, on peut faire la remarque que les images à segmenter suivent toujours la même distribution d'intensités ; plus précisément, les histogrammes ont une même forme pour une modalité d'acquisition et une zone cérébrale donnée [185, 146]. Enfin, un seuillage multiple (par hystérésis) peut être mis en oeuvre [159].

Les algorithmes de croissance de régions fonctionnent généralement en trois étapes : l'initialisation (définition de germes), la définition d'un prédicat d'homogénéité, et la croissance des régions à partir des germes tant que le prédicat est respecté [163, 191, 170, 173, 189]. Le prédicat d'homogénéité peut être défini comme un pourcentage de variation des intensités dans une région, ou encore basé sur les dérivées secondes

de l'image [168, 169]. Pour gérer l'aspect 3D de la croissance de régions, dans le cas de données acquises coupe par coupe, une solution proposée est de procéder à une croissance en 2D puis de propager le résultat de la croissance d'une coupe comme germe aux coupes voisines [145, 148, 149].

## Approches basées sur la géométrie des images

Les approches basées sur la géométrie s'efforcent de reconnaître les formes, axes et contours des images. Le processus de segmentation est souvent combiné avec une réduction de bruit effectuée simultanément. Cette réduction de bruit est généralement un filtre qui tendra à préserver les contours de l'image tout en réduisant le bruit. Parmi ces opérateurs de rehaussement, on peut citer les filtres directionnels mono-échelle [144, 176, 152] ou les filtres dérivatifs multi-échelles [165, 182, 155]. Ici encore, on peut définir plusieurs sous-ensembles de ces méthodes de segmentation, par exemple suivant qu'elles se concentrent principalement sur l'extraction des contours [183, 186, 184] ou des axes [153, 157, 158, 174, 173, 154, 181, 141, 147, 151, 180]. Une combinaison des deux informations peut également être considérée [166, 156, 190, 188].

## Segmentation des données de veinographie

L'extraction de la structure veineuse à partir des données de veinographie est contrariée par la variabilité locale des intensités, formes, diamètres, longueurs et entrelacements des vaisseaux, des intensités des tissus alentours et éventuellement d'une sensibilité non négligeable au bruit sur les images introduit à l'acquisition. Deux approches de segmentation sont proposées dans ce chapitre.

La première approche se base exclusivement sur les intensités des images de veinographie. Il s'agit d'effectuer un premier seuillage global, puis d'affiner le résultat par un seuillage local des images basé sur l'analyse des distributions d'intensité. L'analyse locale des intensités de l'image permet d'établir une séparation entre les veines et les tissus alentours. Cette méthode opère en 2D coupe par coupe.

La seconde approche considère les caractéristiques géométriques 3D des veines (continuité, orientation, etc.). On s'intéresse plus précisément à la mesure locale sur les images d'un coefficient d'anisotropie 3D directement lié à la reconnaissance et l'extraction des structures veineuses. Des attributs tels que l'anisotropie sont généralement représentés par des structures mathématiques tensorielles.

La représentation tensorielle permet d'explicitier les caractéristiques locales de l'image. Les tenseurs sont construits à partir du résultat d'opérateurs de second ordre appliqués à l'image. Les opérateurs utilisés pour estimer les caractéristiques des images peuvent être distingués suivant deux catégories. Les opérateurs dérivatifs, typiquement utilisés dans les espaces multi-échelles, ont une représentation sous forme de matrice Hessienne [150]. Les opérateurs intégratifs, comme les moments d'image qui ont un calcul basé sur l'intégration de produits de coordonnées, peuvent être représentés par un tenseur d'inertie. L'approche intégrative, présumée moins sensible au bruit, est la solution retenue.

Les deux algorithmes de segmentation décrits dans les paragraphes suivants prennent en entrée deux informations : un masque binaire délimitant les voxels intérieurs et extérieurs au cerveau, et les données de veinographie après renforcement du contraste entre veines et tissus (cf. paragraphe 6.3). Pour des raisons à la fois algorithmiques et de visualisation, les intensités de ces données de veinographie sont inversées par rapport à leur maximum, et les voxels hors cerveau sont gardés à intensité nulle. Les veines apparaissent avec des intensités claires (figure 7.1).

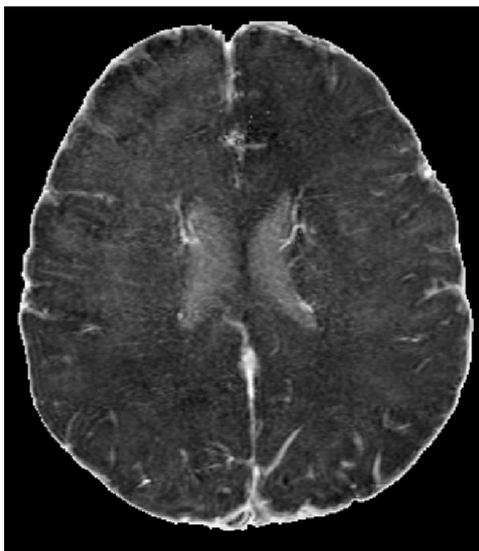


FIG. 7.1 – Données de veinographie, traitées et inversées en intensité.

## 7.2 Première approche par seuillage

Dans une première approche, on s'intéresse à une segmentation 2D par seuillage. On considère un bloc de coupes contiguës sur les données de veinographie traitées et inversées en intensité ; on crée alors une image 2D en considérant l'intensité maximale voxel à voxel dans le bloc. Cette opération est l'équivalent du mIP décrit au paragraphe 6.3, mais en utilisant une projection d'intensité maximum (MIP) plutôt que minimum (mIP). Les images du MIP ainsi obtenues sont donc considérées une à une dans l'algorithme de segmentation suivant.

### 7.2.1 Algorithme

Un premier seuillage global est appliqué à l'image considérée. Ce seuil a pour objectif de supprimer la majorité des intensités correspondant aux tissus. Le seuil, peu restrictif afin de ne pas détruire l'information des veines, est évalué empiriquement, par exemple à 90% de la valeur moyenne des voxels du masque de signal. Les voxels dont l'intensité est inférieure à ce seuil sont considérés d'intensité nulle sur l'image du MIP (figure 7.2), et sont retirés du masque de signal.

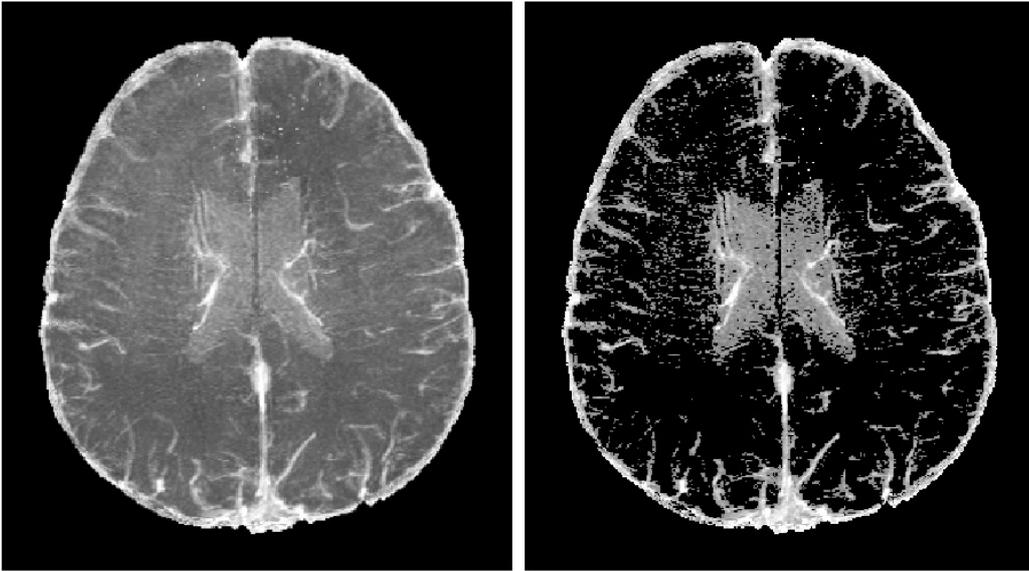


FIG. 7.2 – Images du MIP avant (gauche) et après (droite) seuillage global.

On applique alors un seuillage local sur cette image pré-seuillée  $I$ . Il s'agit ainsi de raffiner la séparation entre veines et tissus, notamment sur la partie centrale de l'image où le signal à supprimer est présent sur une large zone relativement homogène. Soit  $F$  une fenêtre glissante de côté  $L$ . Cette fenêtre se déplace sur l'image sans trous ni chevauchements entre deux positions horizontales successives de la fenêtre et avec un chevauchement de  $L/2$  entre deux positions verticales successives de la fenêtre. Soit  $H$  l'histogramme de la portion de  $I$  délimitée par  $F$ . Un exemple de fenêtre d'analyse et de l'histogramme correspondant est donné par la figure 7.3. Sur cet histogramme on définit deux bornes  $a$  et  $b$  sur les intensités, de manière à ne pas considérer les intensités inférieures à  $a$  (i.e. les voxels déjà supprimés) ou supérieures à  $b$  (i.e. les veines). Sur l'exemple, les valeurs de  $a$  et  $b$  sont respectivement 90 et 188. Le nombre maximum d'occurrences pour les intensités comprises entre les bornes  $a$  et  $b$  est identifié. Ce maximum  $m$  est un critère qui permet de décider si un seuillage local doit être appliqué à l'intérieur de la fenêtre  $F$ . Il s'agit notamment de comparer  $m$  avec le nombre de voxels couverts par la fenêtre. En particulier on fixe que les cas à traiter sont définis par la condition  $m > 0.05 L^2$ .

On crée le processus itératif suivant. On tente d'approximer  $H$  (non limité aux bornes  $a$  et  $b$ ) par une fonction Gaussienne. Si l'approximation est satisfaisante, on augmente les dimensions de  $F$  par faibles incréments (de l'ordre de 4 voxels) et on réitère si le nombre de voxels respectant la condition  $m > 0.05 L^2$  augmente également. Lorsque l'itération se termine, le seuil local est défini sur  $F$  comme la somme de 3 composantes : la borne  $a$ , la moyenne de la Gaussienne, et de deux fois l'écart-type de la Gaussienne. Les intensités inférieures à ce seuil sont annulées. On recommence le processus pour une nouvelle fenêtre sur l'image  $I$  initiale et non sur  $I$  déjà partiellement seuillée localement.

## 7.2.2 Résultats

Les figures 7.3, 7.4, 7.5 et 7.6 présentent l'évolution de l'algorithme de seuillage local pour diverses positions de la fenêtre  $F$ . Sur la figure 7.3, la fenêtre couvre une veine déjà débarrassée des tissus alentours par le seuillage global. L'histogramme correspondant ne s'approche pas par une Gaussienne; aucun seuillage local n'est appliqué.

Les figures 7.4, 7.5 et 7.6 illustrent l'amélioration apportée par l'utilisation du seuil local. Les histogrammes sont correctement approximés par une Gaussienne, et le seuil qui en est déduit permet de supprimer les tissus résiduels afin de ne laisser apparaître que le signal des veines (cf. grossissements de la fenêtre avant et après seuillage). On pourra également noter la variation des dimensions de la fenêtre glissante, notamment entre les figures 7.4 et 7.6.

## 7.2.3 Limitations

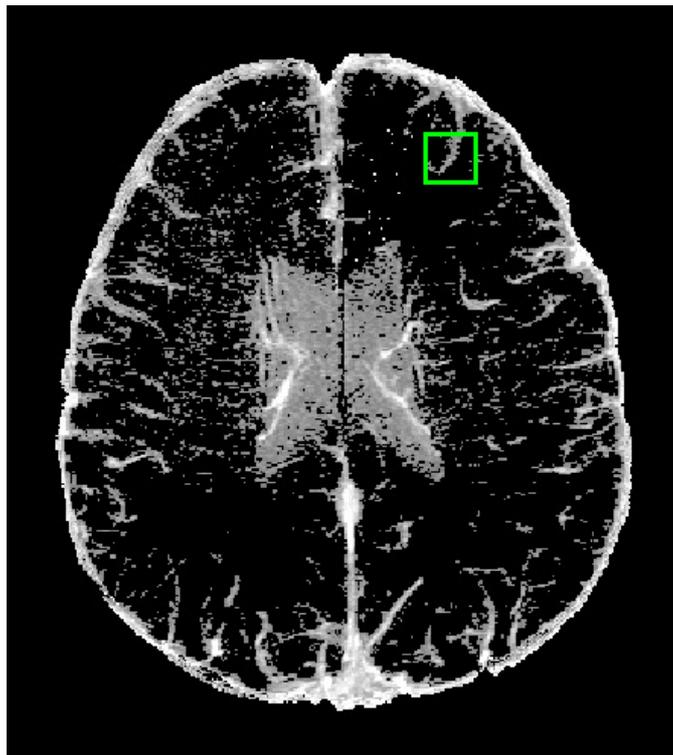
L'algorithme de segmentation basé seuillage permet de "nettoyer" l'image des veines des tissus résiduels, principalement dans la zone centrale de l'image. La méthode fonctionne, et ne requiert que quelques secondes pour traiter toutes les coupes. Les résultats obtenus sont globalement satisfaisants : l'information des veines semble préservée et les tissus supprimés. D'un point de vue plus qualitatif, plusieurs critiques peuvent être faites à cette méthode.

Le processus itératif a été mis en place pour un traitement en 2D. Une adaptation à la 3D est cependant tout à fait accessible. Le traitement d'une image  $512 \times 512$  requiert environ 7 secondes sur un Athlon 1800+ avec 1Go de RAM. Un traitement coupe par coupe de tout un volume conduirait à un temps de segmentation d'environ 8 minutes. L'utilisation d'une fenêtre coulissante de taille adaptative permet de prendre en compte davantage d'information simultanément. Toutefois le sens de parcours reste fixe, et un voxel précédemment seuillé pourra être à nouveau pris en compte dans une autre fenêtre.

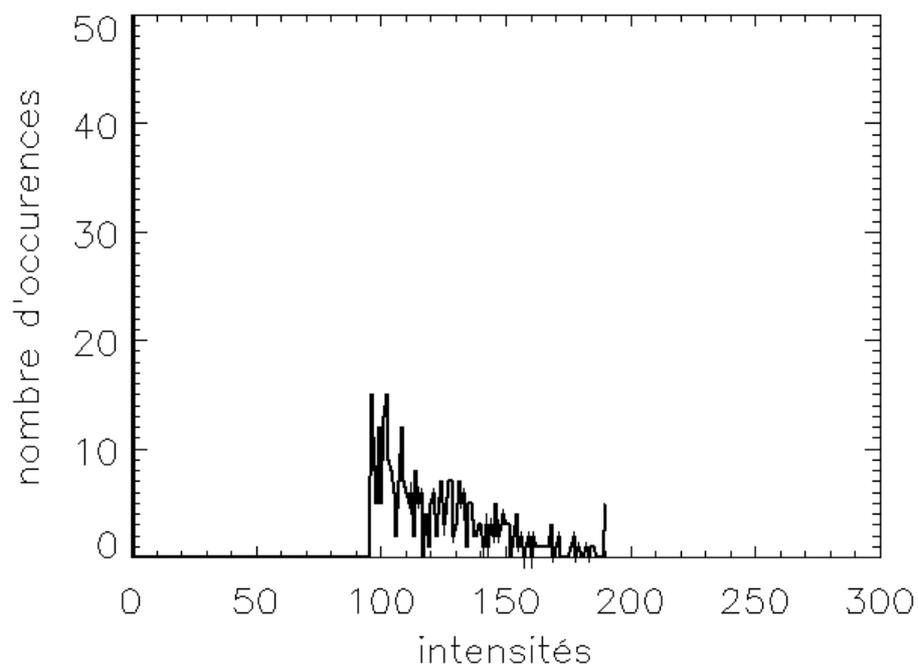
De plus, il existe une discontinuité entre les seuils calculés pour deux fenêtres contiguës. Pour pallier à ce phénomène, il est possible de construire une carte des seuils puis d'interpoler ces seuils sur l'image.

La méthode présentée requiert l'utilisation d'un pré-seuillage global. La détermination du seuil global a donc une incidence directe sur le fonctionnement de la méthode. Le seuil doit enlever la majorité des tissus, mais ne doit pas être trop élevé afin de ne pas détruire l'information des veines. Ce réglage du seuil est effectué empiriquement, à partir d'observations faites sur plusieurs expériences. La méthode est donc semi-automatique puisqu'elle nécessite un contrôle de la part de l'utilisateur.

Le principal reproche à faire à l'algorithme est la non prise en compte de la géométrie et de la structure de l'image; c'est également une contrainte imposée par l'utilisation d'une fenêtre coulissante de forme fixe. En particulier, il paraît important d'être sensible à la continuité des veines. Il s'agit en effet d'une information non seulement dont la prise en compte est fondamentale pour valider anatomiquement

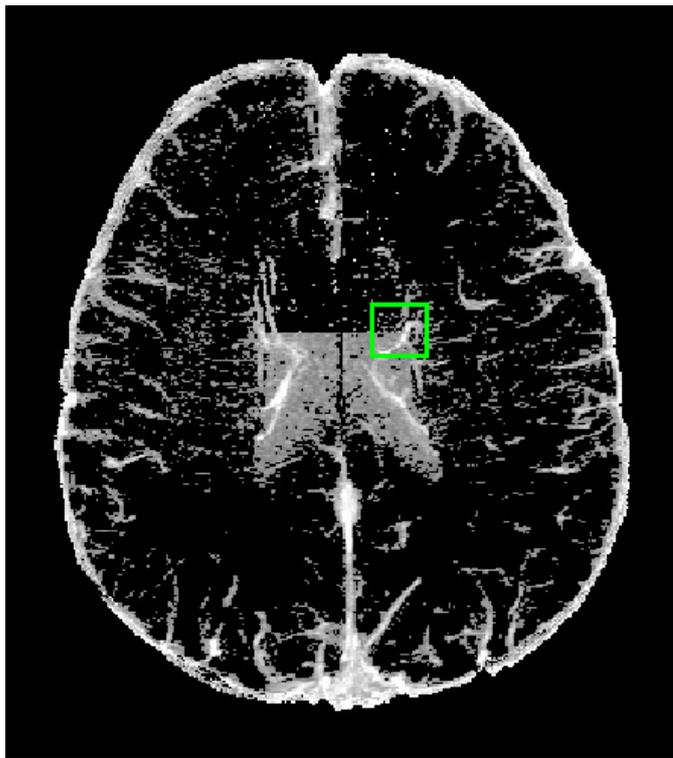


(a) Image traitée sur la fenêtre glissante verte.

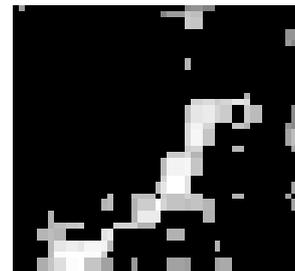
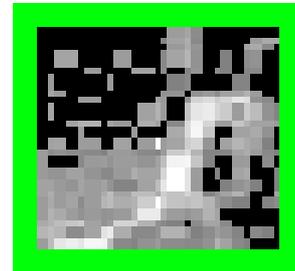


(b) Histogramme des intensités dans la fenêtre glissante.

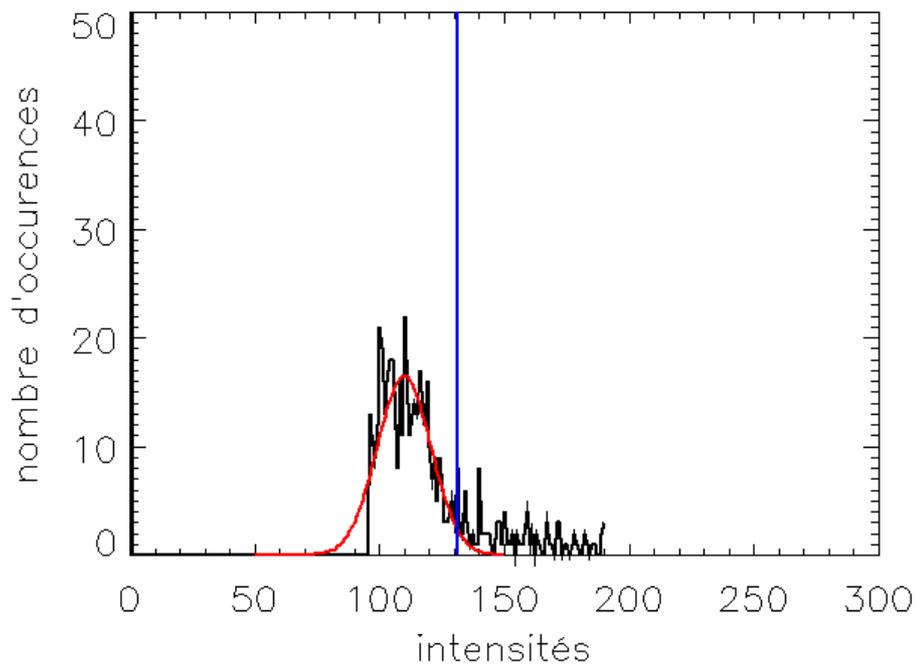
FIG. 7.3 – Seuillage local à un instant  $t_1$ .



(a) Image traitée sur la fenêtre glissante verte.

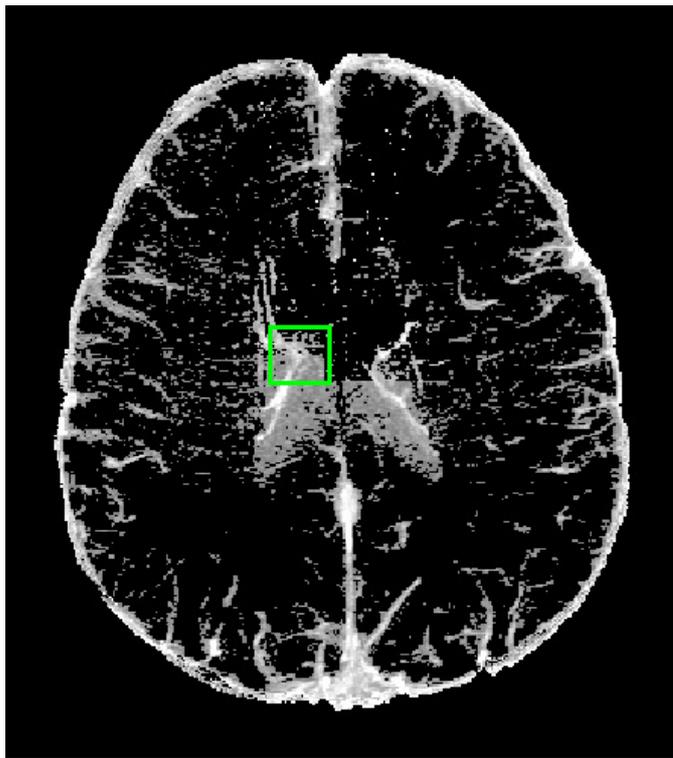


(b) Grossissement de la fenêtre avant (haut) et après (bas) seuillage local.

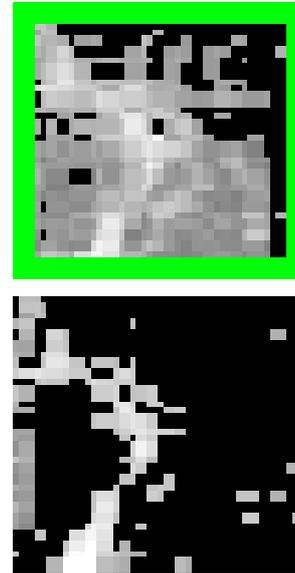


(c) Histogramme des intensités dans la fenêtre glissante, approximation Gaussienne (courbe rouge) et seuil déterminé (ligne verticale bleue).

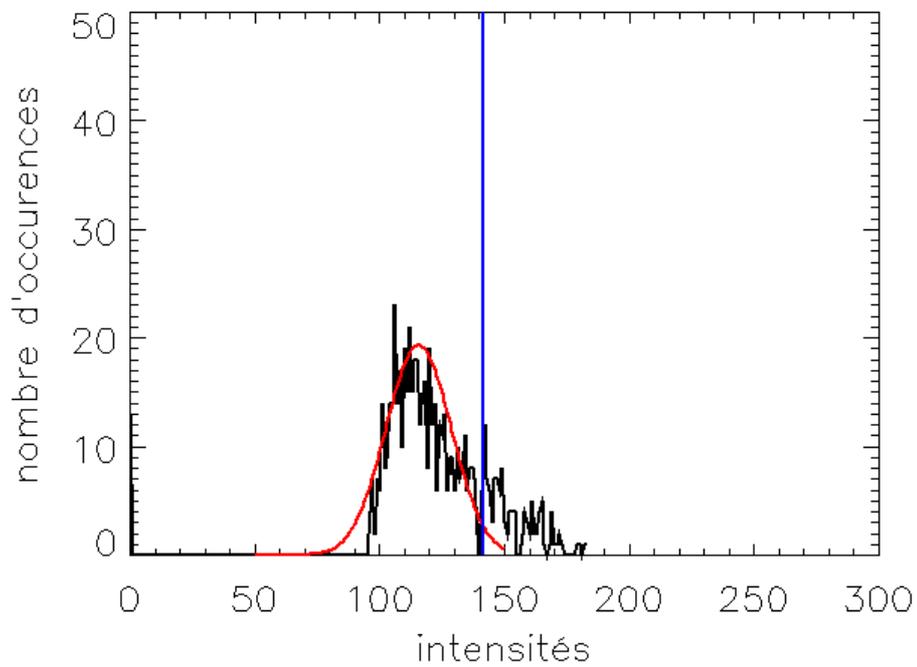
FIG. 7.4 – Seuillage local à un instant  $t_2$ .



(a) Image traitée sur la fenêtre glissante verte.

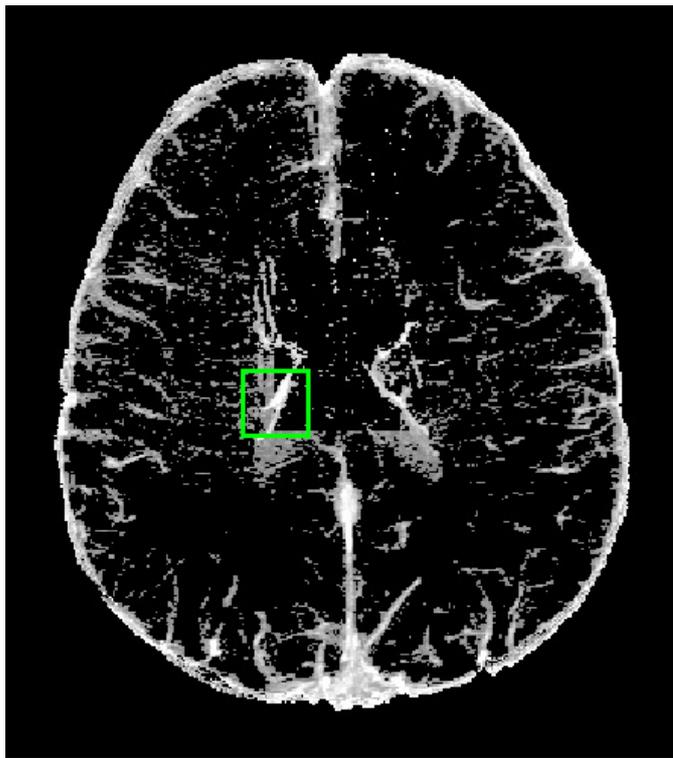


(b) Grossissement de la fenêtre avant (haut) et après (bas) seuillage local.

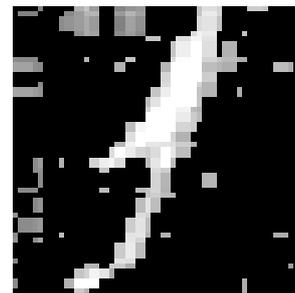
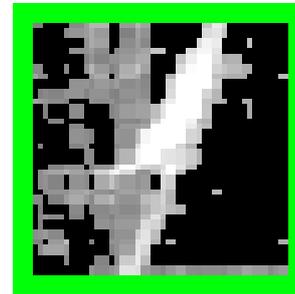


(c) Histogramme des intensités dans la fenêtre glissante, approximation Gaussienne (courbe rouge) et seuil déterminé (ligne verticale bleue).

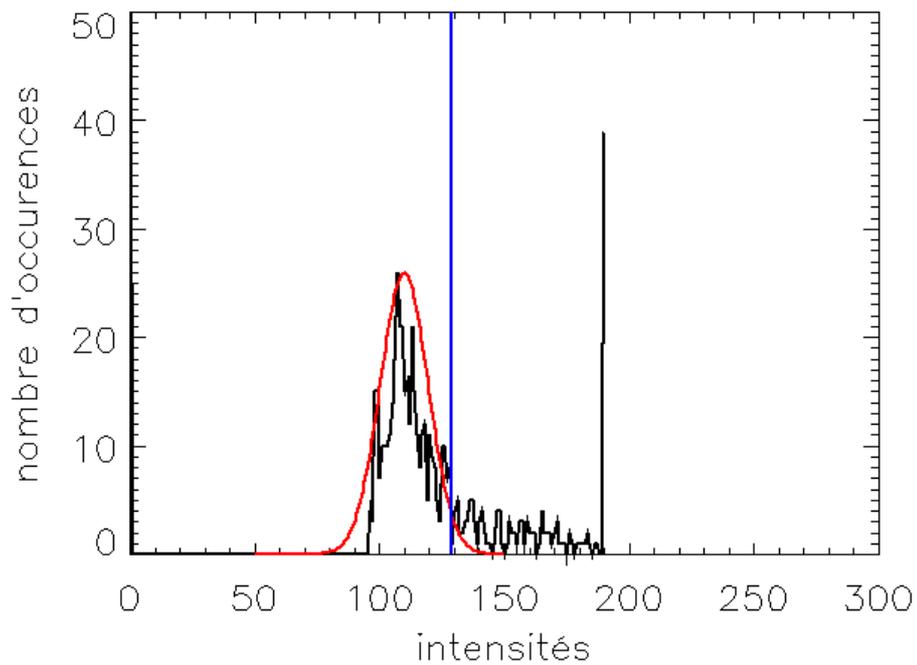
FIG. 7.5 – Seuillage local à un instant  $t_3$ .



(a) Image traitée sur la fenêtre glissante verte.



(b) Grossissement de la fenêtre avant (haut) et après (bas) seuillage local.



(c) Histogramme des intensités dans la fenêtre glissante, approximation Gaussienne (courbe rouge) et seuil déterminé (ligne verticale bleue).

FIG. 7.6 – Seuillage local à un instant  $t_4$ .

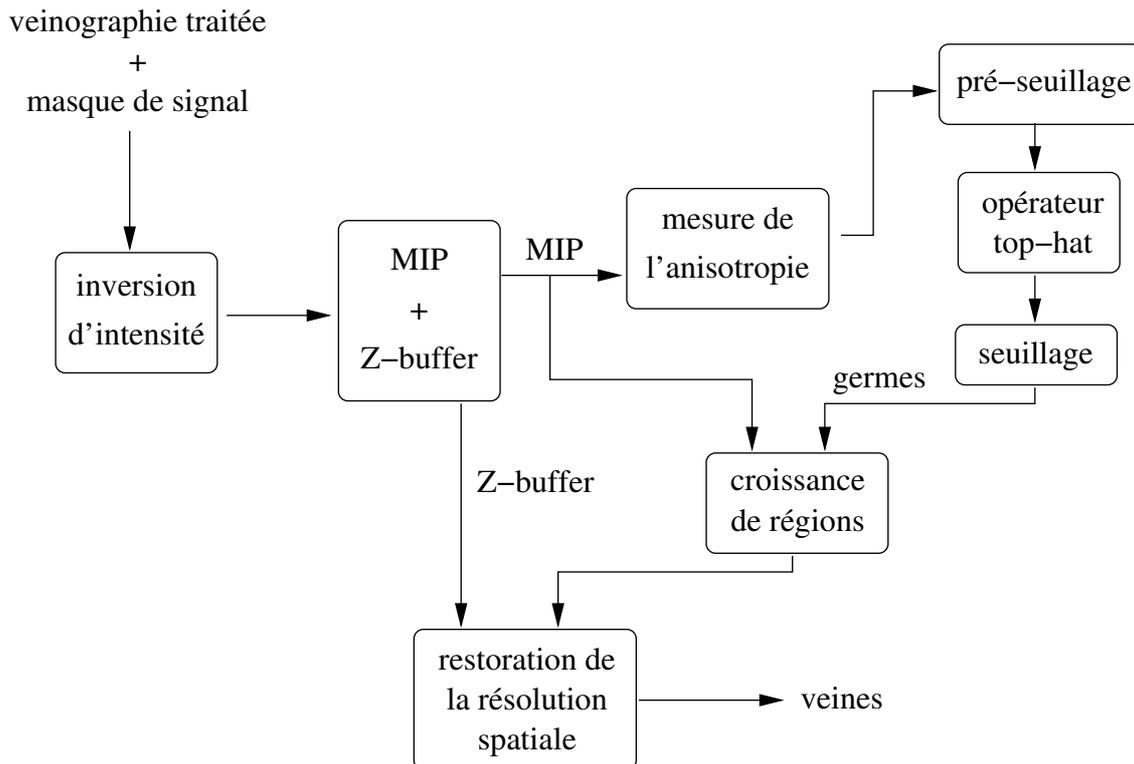


FIG. 7.7 – Étapes de l'algorithme de segmentation.

l'extraction des veines, mais de surcroît dont l'utilisation dans l'image peut guider l'algorithme de segmentation.

Enfin, la résolution spatiale des images est dégradée par l'application du MIP. Par le MIP, on accroît la visibilité des structures veineuses en dupliquant leur information. Le but du MIP est d'aider l'algorithme de segmentation à localiser les veines. Une fois que les veines sont extraites, les données résultantes sont anatomiquement fausses.

Une solution pourrait être de construire un masque binaire à partir du résultat de la segmentation, puis de le multiplier avec les données initiales (avant le MIP). C'est une manoeuvre qui permettrait de se repositionner à la résolution spatiale initiale, mais réintroduirait du tissu sur les images. Un raffinement supplémentaire serait donc nécessaire pour éliminer ce surplus de tissu.

## 7.3 Approche fondée sur les tenseurs d'inertie

### 7.3.1 Algorithme

Un algorithme de segmentation plus robuste est décrit par la figure 7.7. Le coeur de la méthode réside dans l'étape de détermination d'une cartographie de l'anisotropie locale des données (cf. paragraphe 7.3.1). Cette cartographie a pour objectif de délimiter localement les veines (zones anisotropes) des tissus avoisinants (zones isotropes).

L'utilisation des caractéristiques locales de l'image est une méthode plus robuste qu'un simple seuillage, même appliqué localement, dans la mesure où les intensités des voxels dépendent de la taille des veines. Ainsi, plus les veines sont petites, plus leur représentation en intensité est proche de celle des tissus, et plus la détermination d'un seuil est difficile, tâche également compliquée par la présence de bruit sur les images. Les voxels des tissus deviennent sur la carte d'anisotropie aussi sombres que la valeur d'anisotropie locale est faible.

L'utilisation de l'anisotropie a cet avantage de s'intéresser à la préservation de la continuité des veines pendant leur extraction des données de veinographie. Cette préservation de la continuité est un point d'intérêt non négligeable, dans la perspective d'analyses ou même de visualisations ultérieures des données segmentées. C'est pour cette raison qu'un algorithme de croissance de régions est également utilisé.

Les germes de cet algorithme sont les points de plus forte anisotropie, calculés à l'aide d'un opérateur morphologique top-hat [172]. Un pré-seuillage binaire est appliqué à la carte d'anisotropie afin d'éliminer la grande majorité des voxels des tissus. Les hauts pics d'intensités dans la carte d'anisotropie sont alors identifiés par l'emploi d'un opérateur morphologique top-hat de dimension  $5 \times 5 \times 3$ . Cet opérateur consiste à appliquer d'abord un opérateur morphologique d'ouverture sur l'image, puis à soustraire le résultat de l'image de départ.

L'image fournie par l'opérateur top-hat est ensuite seuillée et considérée comme un masque binaire des veines, qui détermine les germes pour l'étape de croissance de région [179]. Les germes sont ordonnés et traités suivant leurs intensités, de la plus claire à la plus foncée.

À partir de chaque germe, l'algorithme de croissance reconnecte les voxels contigus ayant une intensité similaire (on autorisera par exemple un maximum de 10% de variation d'intensité entre deux voxels contigus). Un ensemble de régions connexes est construit, et pour chaque région est compté le nombre de voxels connectés. Les régions contenant un nombre minimal de points (par exemple contenant moins de 10 points connectés) peuvent être assimilés à du bruit de fond sur l'image, et sont par conséquent supprimées. Les régions restantes correspondent ainsi aux voxels qui contiennent une veine.

Toujours dans cet objectif de préservation de la continuité des veines, une combinaison de deux outils est incorporée à l'algorithme de segmentation : un MIP et une information de profondeur (Z-buffer). Le MIP permet de propager l'information des veines d'une coupe sur ses voisines, tandis que le Z-buffer est une sorte de mémoire de ces propagations effectuées (cf. paragraphe 7.3.1).

### Estimation de l'anisotropie locale

La détermination d'un coefficient local d'anisotropie de l'image s'appuie sur le calcul des moments d'image de second ordre [162]. Cette estimation est effectuée sur des voisinages cubiques de dimension  $5 \times 5 \times 5$  balayant le volume de données du MIP.

En analogie directe avec la théorie de physique des particules ou de mécanique [175], les moments d'ordre zéro, un et deux d'une région  $R$  sur une image  $I$  représentent

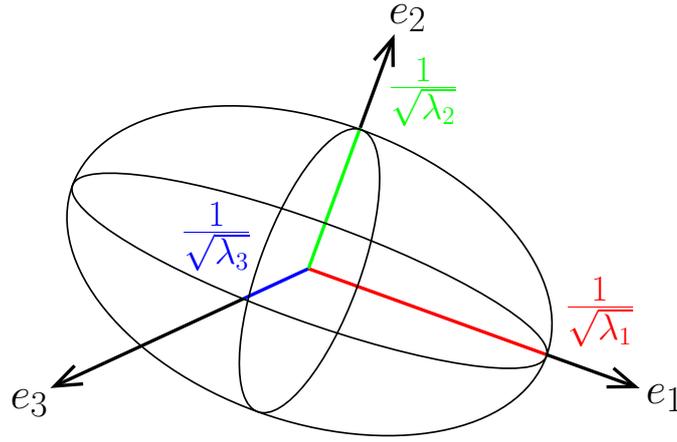


FIG. 7.8 – Représentation géométrique d'un tenseur d'inertie, sous forme d'un ellipsoïde décrit par les valeurs et vecteurs propres issus de la diagonalisation du tenseur.

respectivement le volume, le barycentre et l'orientation de  $R$  dans  $I$ . Le moment d'ordre  $n = p + q + r$  s'exprime :

$$m_{pqr} = \iiint_R x^p y^q z^r I(x, y, z) dx dy dz \quad (7.1)$$

Les moments sont généralement calculés dans un référentiel centré sur le barycentre de la région. On les appelle alors moments centrés  $\mu_{pqr}$  :

$$\mu_{pqr} = \iiint_R (x - \bar{x})^p (y - \bar{y})^q (z - \bar{z})^r I(x, y, z) dx dy dz \quad (7.2)$$

où  $\bar{x}$ ,  $\bar{y}$  et  $\bar{z}$  sont les coordonnées barycentriques de  $R$ , i.e. des moments d'ordre 1 :

$$\bar{x} = \frac{m_{100}}{m_{000}}, \quad \bar{y} = \frac{m_{010}}{m_{000}}, \quad \bar{z} = \frac{m_{001}}{m_{000}} \quad (7.3)$$

La structure locale des régions peut être décrite par les moments de second ordre, aussi appelés moments d'inertie, en utilisant une représentation tensorielle. Un tel tenseur d'inertie  $3 \times 3$  s'interprète géométriquement comme une ellipsoïde de second ordre (figure 7.8) dont la forme détermine les caractéristiques locales des régions telles que l'orientation ou l'isotropie. Le tenseur d'inertie  $M_I$  d'une région est une matrice réelle  $3 \times 3$  symétrique, contenant les moments d'inertie  $\mu_{200}$ ,  $\mu_{020}$ ,  $\mu_{002}$  et les produits d'inertie  $\mu_{110}$ ,  $\mu_{101}$ ,  $\mu_{011}$  :

$$M_I = \begin{bmatrix} \mu_{200} & -\mu_{110} & -\mu_{101} \\ -\mu_{110} & \mu_{020} & -\mu_{011} \\ -\mu_{101} & -\mu_{011} & \mu_{002} \end{bmatrix} \quad (7.4)$$

En diagonalisant  $M_I$ , on estime ses valeurs propres réelles  $\lambda_1$ ,  $\lambda_2$ ,  $\lambda_3$  et vecteurs propres orthogonaux  $e_1$ ,  $e_2$ ,  $e_3$ . Chaque valeur propre reflète la contribution moyenne des moments dans la direction du vecteur propre correspondant. L'orientation locale

de la région est donnée par le vecteur propre qui correspond à la valeur propre la plus élevée (cf figure 7.8).

Une région est dite isotrope si elle ne possède pas de direction principale, c'est-à-dire  $\lambda_1 \approx \lambda_2 \approx \lambda_3$ . En ordonnant les valeurs propres de telle manière que  $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \lambda_3$ , on définit un coefficient  $\nu$  de l'anisotropie locale de la région :

$$\nu = \frac{\lambda_2 - \lambda_3}{\lambda_1} \quad (7.5)$$

Plusieurs expressions de  $\nu$  en fonction des valeurs propres ont été testées pour définir une mesure d'anisotropie adaptée au processus de segmentation. La solution ici retenue permet de mettre en évidence les petites veines, mais d'autres régions peuvent apparaître anisotropes, comme par exemple le crâne ou la frontière entre parenchyme et ventricules. En ce qui concerne le crâne, celui-ci peut être éliminé de la carte d'anisotropie par un simple opérateur d'érosion morphologique. Quant aux ventricules, occupant une partie importante des images au centre du volume de données, ils pourraient certainement être supprimés par un moyen informatique, mais il est davantage pertinent d'essayer de considérer et de résoudre le problème au plus près de sa source. Ainsi un réglage adéquat de la séquence d'acquisition de veinographie par IRM permet de s'affranchir de la présence intempestive de cette structure anatomique. Des expérimentations, ultérieures à l'acquisition des données présentées ici, ont permis de déterminer des paramètres adéquats (TR/TE=67/45 ms, angle de bascule=18°, comme décrits dans le paragraphe 6.3) en lieu et place des réglages initiaux (TR/TE=48/40 ms, angle de bascule=20°). En contrepartie, le temps d'acquisition des données de veinographie passe de 9 min à 12 min 30 s. La figure 7.9 illustre l'effet de ce changement de paramètres. L'intensité des ventricules est moins proche de celle des veines (i.e. moins sombre) mais plus homogène avec celle des autres tissus.

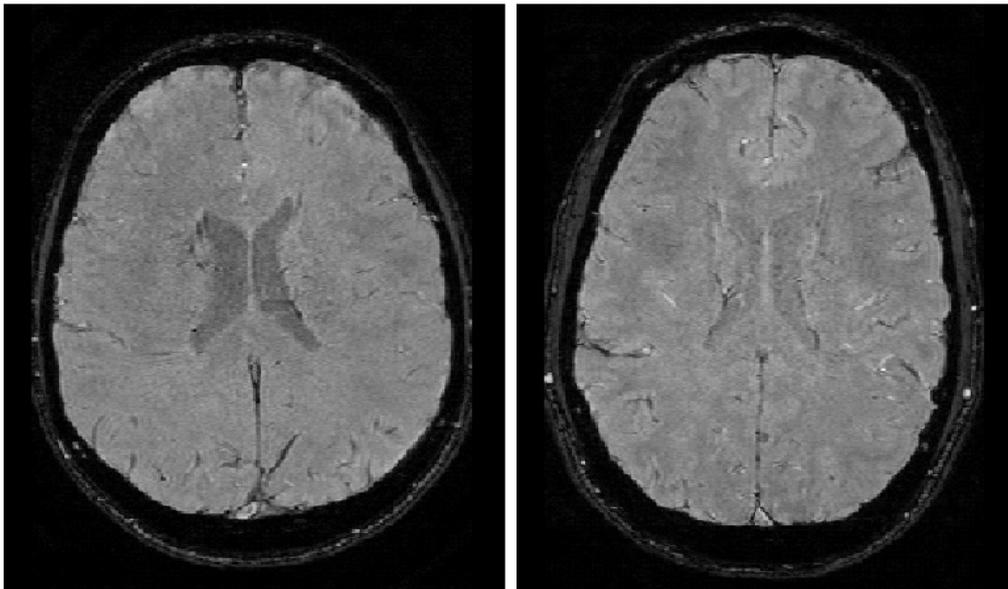


FIG. 7.9 – Coupes de données de veinographie acquises avec un TR/TE=48/40 ms (gauche) et un TR/TE=67/45 ms (droite).

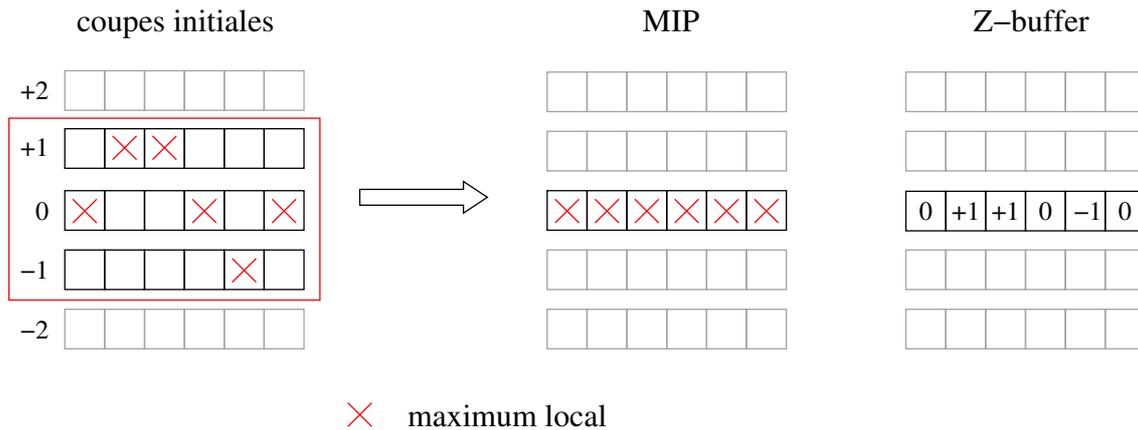


FIG. 7.10 – Exemple illustrant le rôle du MIP et du Z-buffer.

### MIP et Z-buffer

Le MIP et le Z-buffer [177, 143] vont être impliqués dans la recherche de préservation de la continuité des structures veineuses. La figure 7.10 illustre sur un exemple le rôle exact du MIP et du Z-buffer dans l'algorithme de segmentation. À partir d'une pile de coupes représentant les données de veinographie, le MIP consiste, pour chaque voxel, à projeter sur une coupe d'intérêt les maxima locaux appartenant à une fenêtre coulissante d'épaisseur  $n = 2k + 1$  (dans l'exemple  $n = 3$ ) centrée sur la coupe d'intérêt. Pour chaque projection, les valeurs maximales sont stockées dans le MIP, alors que l'index de coupe de chaque maximum est stocké simultanément dans le Z-buffer. Les indices sont exprimés par rapport à la coupe d'intérêt, considérée d'index nul.

Pour une coupe donnée, la visibilité de la continuité des veines est augmentée par l'utilisation du MIP, mais la projection implique une dégradation de la résolution spatiale des images suivant l'axe de projection. Pour contrecarrer ce problème, l'indice de coupe de chaque maximum stocké dans le Z-buffer permet à tout moment de faire une sorte de projection inverse, permettant de revenir à la résolution spatiale initiale.

De cette manière, la mesure d'anisotropie s'appuie sur le MIP, tandis que le Z-buffer intervient après l'étape de croissance de région pour restaurer la résolution spatiale initiale.

### 7.3.2 Résultats

La figure 7.11 montre, pour une coupe, les informations de MIP et de Z-buffer obtenues à partir des images de veinographie traitées et inversées en intensité telles qu'illustrées figure 7.1.

Sur l'image du MIP, les détails des veines sont clairement augmentés, provenant de l'accumulation des détails d'un ensemble de coupes. Cette opération ne supprime toutefois pas la large structure anatomique visible au centre de l'image. Par ailleurs, il est possible que le MIP renforce localement le bruit plutôt que de très fins (et donc peu contrastés) vaisseaux.

Sur le Z-buffer, les zones d'intensités continues (hormis la structure anatomique

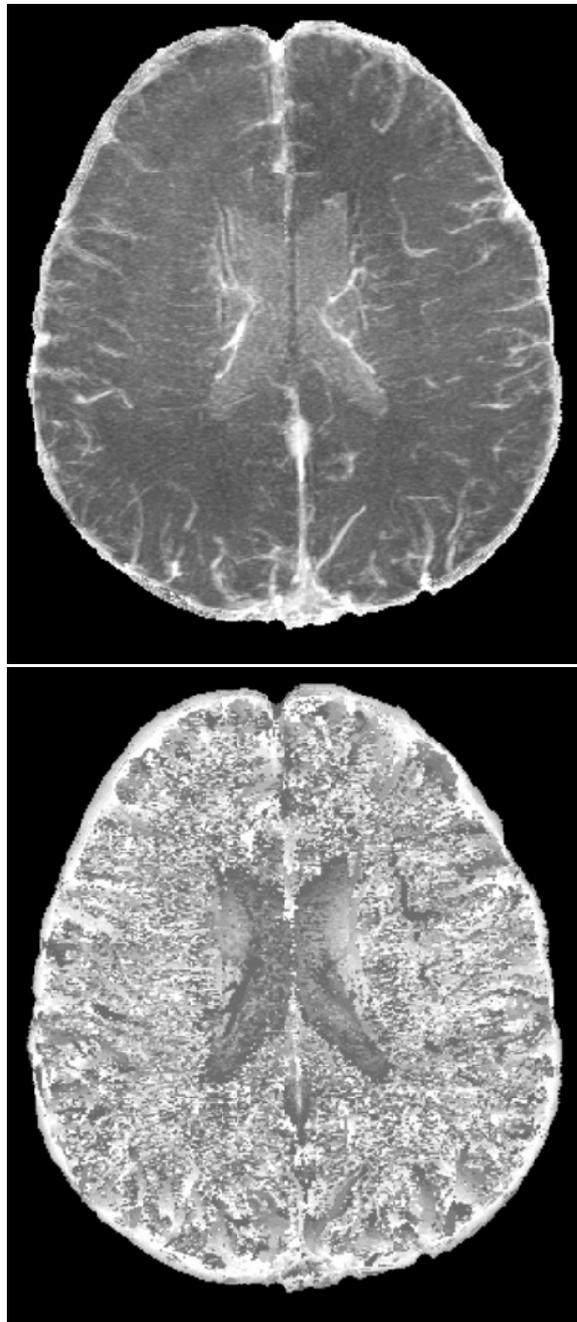


FIG. 7.11 – Images d'un MIP (haut) et du Z-buffer (bas) correspondant.

centrale) reflètent la présence de veines en 3D. Les voxels sombres (resp. clairs) indiquent que la valeur d'intensité maximale a été trouvée sur une coupe se situant en dessous (resp. au dessus) de la coupe centrale dans la fenêtre glissante.

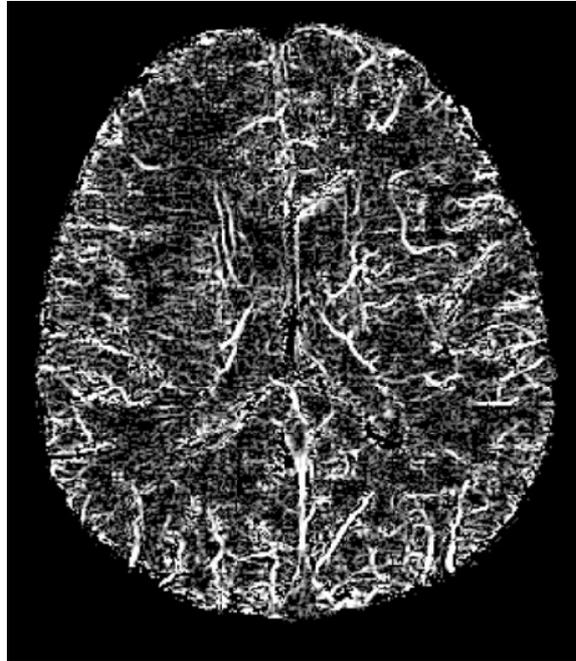


FIG. 7.12 – Carte d'anisotropie calculée.

La figure 7.12 est une coupe de la carte d'anisotropie calculée sur un voisinage  $5 \times 5 \times 5$  de l'image de MIP. De très petites veines, invisibles sur le MIP, apparaissent sur la carte d'anisotropie (regarder plus particulièrement dans la partie supérieure gauche de l'image). Cet effet est lié à l'approche tridimensionnelle employée pour l'analyse des moments d'image. Le cortex du cerveau est détecté comme hautement anisotropique à cause de la proximité de valeurs nulles hors du masque de signal. Sur l'image d'anisotropie présentée, le cortex a été supprimé en excluant les voxels traités dont le voisinage s'étale hors du masque de signal (en considérant que le masque de signal ne contient pas de trous).

Les veines identifiées sont affichées sur la figure 7.13, à la résolution de l'image de MIP pour davantage de clarté. L'étape suivante et finale de l'algorithme est la projection inverse, utilisant le Z-buffer, vers la résolution native des données. L'intensité d'un voxel représente la contribution des veines au voxel, c'est-à-dire la portion de veines (sa taille) et sa zone d'influence perturbatrice sur le parenchyme. Une intensité claire indique que les veines remplissent la majeure partie du voxel. Une intensité sombre peut signifier soit que les veines sont très petites, soit qu'une veine plus grande qu'un voxel passe par un voxel voisin.

Les temps de calcul pour chaque étape de l'algorithme de segmentation sont présentés dans la table 7.1. La plate-forme de test est un processeur Pentium-M cadencé à 1,5 GHz, avec 1 Go de mémoire vive.



FIG. 7.13 – Application d'un MIP sur le résultat de l'extraction des veines.

Étape de l'algorithme	Temps de calcul (en secondes)
MIP + Z-Buffer	5
Carte d'anisotropie	45
Top-hat + region growing	97

TAB. 7.1 – Temps de calcul pour l'algorithme de segmentation.



# Chapitre 8

## Recalage d'images

### 8.1 Introduction

Le développement des modalités et techniques d'imagerie a accru la spécificité et la complémentarité des images médicales, à tel point que leur étude conjointe est devenue un réel atout fondamentaliste et diagnostique, pour l'analyse quantitative et qualitative de leurs correspondances. Ainsi on trouve nombre d'algorithmes de recalage et différentes classifications de ces algorithmes ont déjà été proposées [113, 110, 123, 135, 117, 122, 121, 108, 118, 139]. La plupart de ces classifications s'exprime selon les critères suivants :

- les attributs des données : dimensions, résolutions, orientations, nature des informations à mettre en commun ;
- la transformation modélisant le recalage (domaine local ou global ; type rigide, affine, projective, courbe, ...) ;
- un critère de similarité entre les images à recaler ;
- une fonction d'optimisation de ce critère de similarité.

On entend par nature des informations à mettre en commun, le type d'information sur lequel les techniques de recalage s'appuient. On peut tout d'abord faire la séparation entre méthodes extrinsèques et intrinsèques.

Par extrinsèque on inclut par exemple les techniques comme l'ajout de marqueurs externes sur le sujet étudié (typiquement vissés sur le crâne). Ce processus est trop contraignant pour la plupart des sujets. On s'intéressera plutôt à des méthodes intrinsèques.

Parmi celles-ci, on pourra distinguer les méthodes basées sur la géométrie du cerveau et celles basées sur l'intensité des images. Une information géométrique peut être obtenue par segmentation des images ou par des marqueurs fixes mais non solidaires du crâne. Le recalage s'appuie ainsi sur des critères ayant une forte signification anatomique, mais ne considère que l'information de certaines structures de l'image.

Par ailleurs, les données de cette étude sont très diverses par leurs résolutions spatiales, dimensions et intensités. L'extraction et la mise en correspondance de leurs caractéristiques géométriques principales sont compliquées par cette diversité.

Les méthodes de recalage basées sur les distributions des intensités des images uti-

lisent toute l'information disponible. On s'intéressera dans ce chapitre aux méthodes de recalage basées intensité.

Qu'elles proviennent de deux modalités différentes (par exemple IRM et scanner) ou de deux acquisitions différentes pour une même modalité (par exemple IRMf et veinographie en IRM), les images à recaler ont différentes résolutions, positions et orientations. De plus, les variations d'intensité d'une image à l'autre peuvent ne pas être linéaires. À cela s'ajoute enfin une variabilité sur un critère de qualité des images qui s'exprime généralement en terme de SNR. À partir de ces hypothèses de départ, l'objectif du recalage est d'exprimer les données dans un même référentiel. Dans le cas d'organes mobiles et déformables comme le coeur [126], les transformations de recalage doivent être locales pour s'adapter parfaitement aux déformations. Une transformation est dite locale lorsque le changement d'un paramètre de la transformation n'influe que sur une partie de l'image. A contrario, elle est dite globale si le changement d'un paramètre influence l'image dans son intégralité. Nous nous intéressons ici au cas du recalage d'images IRM cérébrales mono-modalité et multi-acquisitions.

Le cerveau n'est pas un organe déformable, sauf traumatisme, et suit le mouvement du crâne qui est un mouvement rigide puisque composé uniquement de translations et de rotations. Un algorithme de recalage global est donc suffisant du point de vue de l'anatomie humaine. D'un point de vue mesure du signal IRM, il faut toutefois garder à l'esprit que certaines acquisitions spécifiques de données peuvent introduire des déformations locales sur les images (c'est le cas notamment de certaines données IRMf).

Le recalage à effectuer ici étant multi-acquisitions, il est possible que les attributs des données (dimensions, résolutions, orientations, contrastes) changent d'une acquisition à l'autre. Un recalage rigide n'est alors pas suffisant et on choisira d'étendre l'espace des paramètres de la transformation aux facteurs d'échelle et aux cisaillements ; le choix se porte ainsi sur une transformation affine à 12 paramètres.

L'introduction de ces nouveaux paramètres permet par ailleurs d'approximer et compenser plus facilement les distorsions introduites par le protocole d'acquisition des données.

Le choix d'une mesure de similarité et d'un critère d'optimisation est davantage soumis à débat. De nombreuses comparaisons de mesures de similarité [127, 140, 109, 125, 124, 128] et stratégies d'optimisation [127, 133, 120] ont été effectuées. Le fait est qu'il n'y a sans doute pas de solution universelle ; une solution optimale peut exister pour un problème spécifique, qui va dépendre en grande partie de la nature des images, mais aussi des objectifs du recalage (précision ou rapidité du calcul, pré-calcul d'un recalage local non rigide plus fin, etc.).

Les principales mesures de similarité et stratégies d'optimisation sont analysées dans le paragraphe suivant.

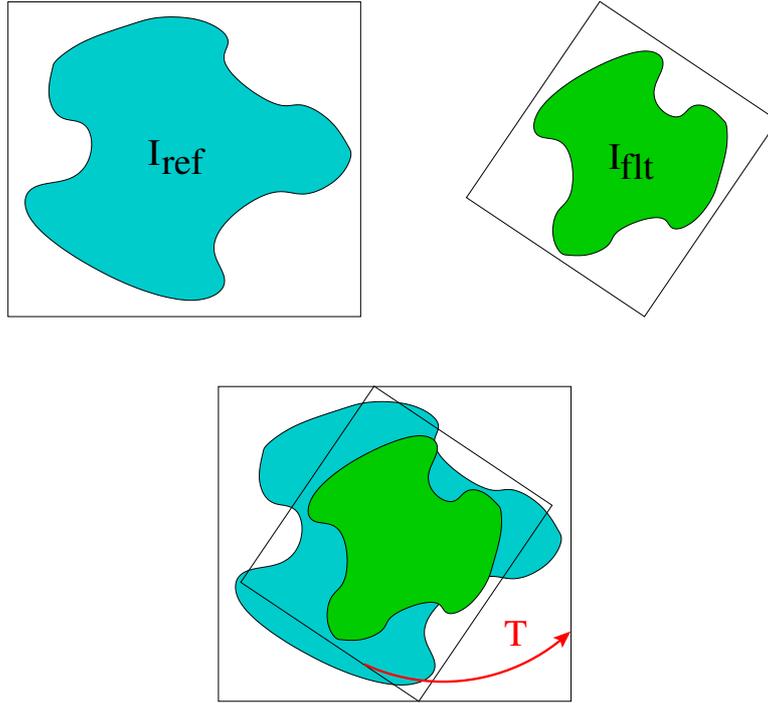


FIG. 8.1 – Transformation spatiale rigide entre deux images.

### 8.1.1 Recalage basé sur l'intensité des images

L'objectif est d'estimer les paramètres de la transformation  $T$  qui fait correspondre une image  $I_{flt}$  – dite flottante – à recaler sur une image de référence  $I_{ref}$  (figure 8.1). L'approche considérée ici est fondée sur l'utilisation de l'intensité des images.

La résolution du recalage rigide se formule de la manière suivante :

$$\hat{T} = \arg \max_T S(I_{ref}, T \circ I_{flt}) \quad (8.1)$$

où  $\hat{T}$  est la transformation optimale recherchée et  $S$  une mesure de la similarité entre l'image de référence  $I_{ref}$  et l'image flottante recalée  $T \circ I_{flt}$  par la transformation  $T$ . La transformation optimale découle de l'optimisation (maximisation), pour l'ensemble des transformations  $T$ , du critère de similarité  $S$ .

Trois quantités sont donc à définir : la transformation, la mesure de similarité, et la stratégie de recherche de la solution optimale. Par ailleurs, l'image qui subit la transformation doit ensuite être échantillonnée dans la grille discrète associée à l'image de référence.

#### Transformation

La transformation globale peut se décomposer en la combinaison de plusieurs transformations élémentaires telles que rotations, translations, échelles, cisaillements (appelés aussi glissements), ou projections. Le nombre de paramètres nécessaires à la modélisation de la transformation définit la dimension de l'espace de recherche, et dépend à la fois de la dimension des images à recaler (2D, 3D, ...) et de la finesse

de la modélisation.

En 3D, une transformation rigide simple sera modélisée par 6 paramètres (3 translations et 3 rotations), alors qu'une transformation affine agrandira l'espace de recherche à 12 paramètres (3 translations, 3 rotations, 3 facteurs d'échelle, 3 cisaillements). Ci dessous sont présentées les matrices élémentaires, exprimées en coordonnées homogènes, de translation  $\mathcal{T}$ , rotations  $\mathcal{R}_x$   $\mathcal{R}_y$   $\mathcal{R}_z$ , échelle  $\mathcal{S}$ , et glissement  $\mathcal{G}$ .

$$\mathcal{T} = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ t_x & t_y & t_z & 1 \end{pmatrix} \quad (8.2)$$

$$\mathcal{R}_x = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \cos(\theta_x) & \sin(\theta_x) & 0 \\ 0 & -\sin(\theta_x) & \cos(\theta_x) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad (8.3)$$

$$\mathcal{R}_y = \begin{pmatrix} \cos(\theta_y) & 0 & -\sin(\theta_y) & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 0 \\ \sin(\theta_y) & 0 & \cos(\theta_y) & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad (8.4)$$

$$\mathcal{R}_z = \begin{pmatrix} \cos(\theta_z) & \sin(\theta_z) & 0 & 0 \\ -\sin(\theta_z) & \cos(\theta_z) & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad (8.5)$$

$$\mathcal{S} = \begin{pmatrix} s_x & 0 & 0 & 0 \\ 0 & s_y & 0 & 0 \\ 0 & 0 & s_z & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad (8.6)$$

$$\mathcal{G} = \begin{pmatrix} 1 & g_{yx} & g_{zx} & 0 \\ g_{xy} & 1 & g_{zy} & 0 \\ g_{xz} & g_{yz} & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 1 \end{pmatrix} \quad (8.7)$$

Notons que la matrice de glissement (à 6 paramètres) peut se réduire à une matrice d'obliquité (skewness) à 3 paramètres en posant :

$$g_{xy} = -g_{yx} ; g_{xz} = -g_{zx} ; g_{yz} = -g_{zy} \quad (8.8)$$

### Mesure de similarité

Basant le recalage sur l'observation des intensité des images, la mesure de similarité peut se définir comme étant l'estimateur, pour une transformation donnée, de la dépendance entre les (distributions des) intensités des images à recalcer. Les estimateurs existants peuvent se classer en quatre catégories [129], suivant le type de relation supposée entre les deux images à recalcer.

**Relation d'identité** La correspondance point à point des images est évaluée, avec des estimateurs tels que la différence au sens des moindres carrés, la cross-corrélation ou l'entropie de la différence des images [111].

**Relation affine** De type  $I \approx \alpha J + \beta$ , la relation entre les images est évaluée avec des outils comme le coefficient de corrélation [110], qui se révèle pertinent essentiellement dans le cas de recalage monomodal.

**Relation fonctionnelle** Les images sont fonctions l'une de l'autre,  $I \approx f(J)$ , ce qui permet complexifier le modèle et ainsi d'être plus adapté au recalage multimodal. Roche et al. [130] définissent un ratio de corrélation entre les variances de l'erreur de recalage (différence entre  $I$  et l'estimation de  $f(J)$ ) et de l'image de référence.

**Relation statistique** Cette relation est similaire à la précédente mais offre une plus grande adaptabilité aux perturbations spatiales (bruit) des images. L'estimateur le plus employé est certainement l'information mutuelle [119, 136, 132] qui, en utilisant la théorie de l'information, quantifie à quel point une image explique l'autre.

### Stratégie d'optimisation

Il s'agit de déterminer une stratégie de recherche permettant d'atteindre le maximum global de la fonction de similarité définie dans un espace  $nD$  ( $n$  est le nombre de paramètres de la transformation géométrique).

Le processus de recherche est généralement itératif : on part d'une première estimation des paramètres et on les fait varier itérativement jusqu'à satisfaire un critère d'arrêt. À chaque itération, on fait varier les paramètres en estimant la direction dans l'espace de recherche  $nD$  qui va maximiser le critère de similarité.

Plusieurs algorithmes sont accessibles pour estimer cette direction, classables notamment selon qu'ils requièrent ou non une information de gradient ; sans gradient : Downhill Simplex, Powell (directions conjuguées) ; avec gradient : descente de gradient, gradient conjugué, Newton / Quasi-Newton, Levenberg-Marquardt (moindres carrés). Tous ces algorithmes sont décrits dans [127].

Maes et al. ont effectué une comparaison de ces stratégies d'optimisation dans le cas de recalage multimodal utilisant l'information mutuelle [120], selon des critères de convergence (nombre d'itérations, temps de calcul). Aussi bien dans chaque catégorie (pleine résolution, multi-résolutions, nombre d'itérations, temps de calcul) qu'en performances cumulées, l'algorithme du simplexe devance les algorithmes de Powell, Levenberg-Marquardt et du gradient conjugué. Les méthodes de descente de gradient et de quasi-Newton semblent être les moins appropriées. Notons que d'autres types d'algorithmes existent, par exemple des algorithmes génétiques, ou encore le recuit simulé [116].

### Échantillonnage des données

L'image flottante recalée doit être échantillonnée dans la grille discrète associée à l'image de référence. La précision de cet échantillonnage a une influence directe sur

l'évaluation de la mesure de similarité, et donc au final sur la précision du recalage. Plusieurs méthodes d'interpolation des données sont accessibles, avec un compromis systématique entre rapidité et précision des calculs.

Les méthodes d'interpolation évaluées par la suite comptent parmi les plus usuelles : méthode du plus proche voisin, interpolation trilinéaire, interpolation tricubique. Bien entendu d'autres approches existent, notamment le rééchantillonnage idéal par un sinus cardinal, des méthodes basées sur des splines ou des convolutions.

Dans la méthode du plus proche voisin, chaque point de l'image d'arrivée (l'image recalée exprimée dans la grille discrète de référence) est affecté de la valeur du voxel le plus proche de son antécédent dans l'image de départ (image flottante non recalée). Ce processus est le plus rapide mais produit des images à forts effets de crénelage. L'interpolation trilinéaire calcule la valeur de chaque voxel de l'image d'arrivée par une triple combinaison linéaire des valeurs des 8 voisins du voxel antécédent dans l'image de départ. Le rendu est plus lisse ; la fonction d'interpolation est continue non dérivable (de classe  $C^0$ ) en chaque voxel.

L'interpolation tricubique calcule la valeur de chaque voxel de l'image d'arrivée par une combinaison cubique des valeurs des 64 voisins du voxel antécédent dans l'image de départ.

## 8.2 Mise en commun des veines et de l'activation cérébrale

### 8.2.1 Algorithme

Les deux informations à mettre en commun sont des cartographies 3D du réseau veineux et de l'activation cérébrale, issues respectivement de données de veinographie et d'IRMf. Le référentiel commun choisi est un jeu de données d'IRM morphologique illustrant l'anatomie détaillée, pour des raisons de visualisation. Il s'agit donc de faire un double recalage, entre les veines et le référentiel, et entre l'activation cérébrale et le référentiel.

Ces deux recalages vont être effectués indirectement. La structure veineuse (resp. l'activation cérébrale) est exprimée dans le même repère que les données de veinographie (resp. d'IRMf) puisque issue de ces images par segmentation (resp. analyse statistique). On peut donc estimer les paramètres du recalage des données de veinographie (resp. d'IRMf) dans le référentiel, puis appliquer ces paramètres à la structure des veines (resp. l'activation cérébrale).

Par ailleurs, il est préférable de recaler les données de faible résolution spatiale sur celles de plus forte résolution, afin de ne pas dégrader l'information. Dans notre schéma de double recalage, on recalc ainsi les données d'IRMf sur l'IRM morphologique, et l'IRM morphologique sur les données de veinographie. Pour ce dernier recalage, on calcule ensuite les paramètres de la transformation inverse, et on les applique à la cartographie des veines pour la superposer à l'IRM morphologique.

Compte tenu du processus de calcul statistique des cartes d'activation et des traitements sous-jacents (notamment de filtrage), la méthode de recalage décrite doit être encore légèrement adaptée. Toujours dans un but de maintenir la meilleure précision possible sur les données après recalage, on s'aperçoit qu'il est préférable de recalculer une fois pour toutes les données d'IRMf, et ensuite de calculer les cartes d'activation sur ces données recalées.

Ainsi, les paramètres du recalage de l'IRM morphologique sur la première dynamique des données d'IRMf sont calculés; les paramètres de la transformation inverse en sont déduits, puis appliqués à l'ensemble des dynamiques pour obtenir le recalage de l'ensemble des données d'IRMf.

Le processus de recalage est retranscrit sur la figure 5.1 page 54.

### Transformation affine

On choisit de recalculer les données à l'aide d'une transformation affine [114] à 12 paramètres (3 translations, 3 rotations, 3 cisaillements, 3 échelles). Le cerveau est un organe fixe, le recalage d'images cérébrales peut donc se contenter d'une transformation globale, étant principalement soumis à des mouvements minimes du sujet. Cependant, il est possible que surviennent localement sur les images (en particulier d'IRMf) des distorsions géométriques [115] et annulations d'intensité, induites par l'utilisation de séquences d'acquisition ultrarapides et des dérives du champ magnétique principal.

La correction des distorsions peut s'apparenter à un problème de recalage, mais plutôt local. L'importance de ces distorsions peut être atténuée par des réglages appropriés des séquences d'acquisition. Si malgré tout la perturbation reste trop grande, on s'affranchira, pour l'étape de recalage, des coupes présentant d'importantes distorsions afin de ne pas fausser l'estimation du recalage global. Ces coupes sont identifiées comme étant dans la moitié inférieure du cerveau.

Les pertes d'intensité peuvent quant à elles être par exemple corrigées par des techniques mesurant le champ magnétique principal [137].

### Information mutuelle

L'information mutuelle [112, 138, 134] mesure la dépendance statistique voxel à voxel entre les intensités des deux images.

$$IM(I, J) = \sum_{i,j} p_{ij} \log_2 \left( \frac{p_{ij}}{p_i p_j} \right) \quad (8.9)$$

La probabilité  $p_i$  (resp.  $p_j$ ) représente la fréquence de l'intensité  $i$  (resp.  $j$ ) dans l'histogramme normalisé de  $I$  (resp.  $J$ ). La probabilité  $p_{ij}$  est estimée à partir de l'histogramme conjoint des images, qui correspond à la distribution 2D de paires d'intensités. À l'indice  $(i, j)$ , la valeur dans l'histogramme conjoint représente le nombre de points qui ont à la fois la valeur  $i$  dans l'image  $I$  et la valeur  $j$  dans l'image  $J$ . Cela signifie que si les deux images sont identiques, alors la distribution 2D calculée est une droite (figure 8.2).

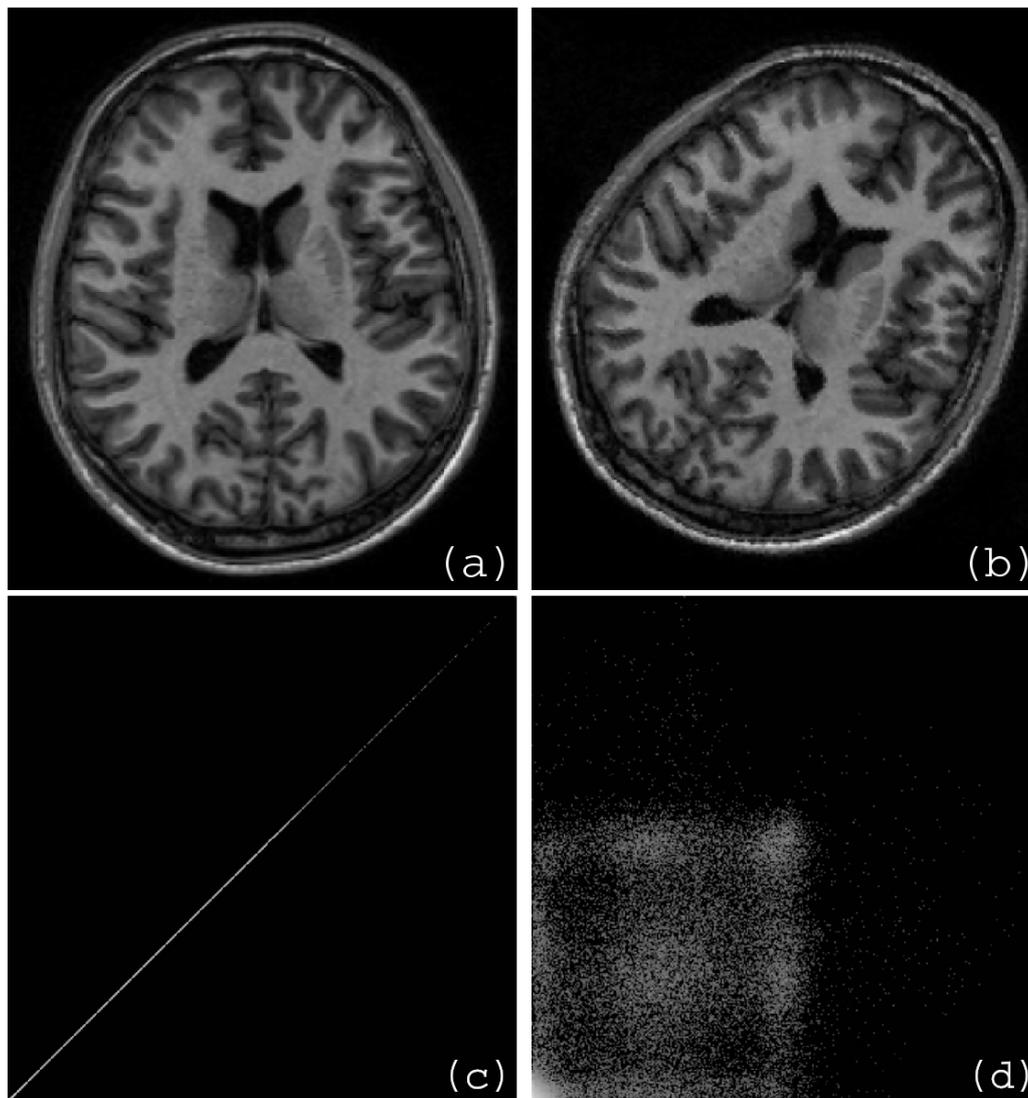


FIG. 8.2 – (a) Une coupe anatomique du cerveau; (b) la même coupe après une rotation de 37 degrés; (c) histogramme conjoint de l'image (a) avec elle-même; (d) histogramme conjoint de (a) et (b).

## Gradient conjugué

D'après l'expertise de Maes et al. [120], l'algorithme du simplexe se montre comme une stratégie d'optimisation efficace pour un recalage utilisant l'information mutuelle. Toutefois, on peut émettre deux réserves quant à l'utilisation du simplexe. D'une part, il est impossible en dimension  $n > 1$  de spécifier un intervalle de recherche assurant l'atteinte d'un minimum dans cet intervalle. D'autre part, le choix du critère d'arrêt de l'algorithme est délicat : sans intervalle de recherche, et avec plusieurs variables indépendantes, il n'est pas possible de spécifier une tolérance sur une des variables.

À la vue de ces éléments, un algorithme de gradient conjugué a été préféré, et se révèle lui aussi efficace dans l'étude menée par Maes et al. Cette stratégie peut être intégrée dans un schéma de multi-résolutions [134] afin d'accroître sa vitesse de convergence. De plus, le domaine des solutions peut être restreint, en réduisant le nombre de paramètres à estimer et en encadrant les paramètres estimés (par exemple translations  $< 10$  mm, rotations  $< 0,1$  radians).

## Optimisation

**Initialisation des paramètres** Plusieurs paramètres de la transformation affine peuvent être pré-évalués avant de soumettre les données à l'algorithme de recalage décrit au paragraphe 8.2.1.

Le protocole d'acquisition des données IRM donne une information sur le champ de vue mesuré, dans lequel chacune des coupes est positionnée. Les paramètres de translation peuvent donc être pré-estimés à partir de cette information.

Le crâne apparaît avec un contraste différent sur chacun des jeux de données impliqués dans le processus de recalage. Il est par exemple très visible sur les données morphologiques, et quasi inexistant sur les données IRMf. Par conséquent, l'algorithme de recalage peut essayer d'étirer le cortex sur les images IRMf pour le faire correspondre au crâne sur les images morphologiques, introduisant ainsi une erreur dans les paramètres d'échelle. Il est donc primordial d'annuler l'influence perturbatrice des voxels du crâne.

Dans un premier temps, un seuillage robuste à partir des histogrammes des images [131] permet d'identifier les voxels de bruit de fond, et de construire un masque binaire des voxels du cerveau (crâne et cortex). Dans un deuxième temps, les voxels du crâne sont supprimés en utilisant un opérateur 3D d'ouverture de morphologie mathématique, avec un élément structurant sphérique de diamètre 7 mm correspondant à la distance moyenne entre le cortex et le crâne.

Une estimation des facteurs d'échelle peut être déduite de ces images binaires, en comparant les images suivant le nombre moyen de voxels par dimension.

**Traitement des pertes d'intensité locales** Plusieurs coupes IRMf peuvent souffrir de pertes locales d'intensité. Ces images sont alors exclues du recalage, ne contenant pas assez d'information et pouvant par conséquent fausser les résultats.

Ces images correspondent classiquement à la moitié inférieure du cerveau incluant les yeux.

**Approche multi-résolutions** Les données à haute résolution spatiale peuvent être sous-échantillonnées dans un schéma multi-résolutions pour réduire le temps de calcul. La stratégie d'optimisation est appliquée à faible résolution jusqu'à convergence. On travaille ensuite à résolution supérieure pour affiner les paramètres de recalage calculés.

## 8.2.2 Résultats

Les résultats présentés ici ont été obtenus sur une machine équipée d'un processeur AMD Athlon 1800+ avec 1Go de RAM.

### Transformations simulées

L'algorithme de recalage a été testé sur des données réelles en introduisant manuellement une déformation globale affine. L'image initiale, comportant  $128 \times 128 \times 21$  voxels de résolution  $2 \times 2 \times 4$  mm, a été sous-échantillonnée à une résolution de  $4 \times 4 \times 4$  mm pour obtenir des données de dimensions  $64 \times 64 \times 19$  voxels. Deux coupes ont été supprimées pour simuler des champs de vue de dimensions différentes. Une suite de transformations, impliquant successivement translations (T), rotations (R), glissements (G) et échelles (S), a été appliquée à ces données pour simuler les données à recaler.

Le pas de recherche du gradient conjugué a été fixé pour chaque transformation : 0,2 mm par translation, 2 degrés par rotation, 0,1 par glissement, 0,01 par facteur d'échelle. De même la précision à atteindre sur l'estimation des paramètres est fixée : 0,1 mm par translation, 0,25 degrés par rotation, 0,005 par glissement et facteur d'échelle.

Le tableau 8.1 montre les paramètres estimés, les erreurs de mesures avant et après recalage (erreur quadratique par voxel) et les temps de calcul de chaque recalage. On observe, pour chacune des 4 configurations, une bonne estimation des paramètres, et une erreur par voxel réduite à une constante pour des erreurs avant correction croissantes suivant les combinaisons de transformations.

Un exemple de correction est donné par la figure 8.3, illustrant une différence d'images sur une coupe, avant et après recalage.

Les méthodes d'interpolation du plus proche voisin, trilineaire et tricubique ont été évaluées à partir de la quatrième configuration présentée dans le tableau 8.1, en conservant les pas et précisions de recalage précédemment mentionnés. Le tableau 8.2 présente, pour chacune des trois méthodes d'interpolation, les paramètres de recalage évalués, l'erreur quadratique par voxel, et le temps de calcul.

La méthode d'interpolation trilineaire consomme 50% de temps en plus par rapport à l'interpolation au plus proche voisin, mais produit un recalage avec 3 fois moins d'erreurs. La méthode d'interpolation tricubique est quant à elle 3 fois plus lente que la méthode trilineaire pour une baisse de l'erreur peu significative.

Transformations appliquées	Paramètres estimés				Erreur par voxel		Temps de calcul (s)
					avant	après	
T(2,73 ; 0,39 ; 0)	T	2,8	0,5	0,1	8818	2648	13,7
	R	0	0	0			
	G	0	0	0			
	S	0,99	0,995	1,005			
T(2,73 ; 0,39 ; 0) R(0 ; 0 ; 5°)	T	2,7	0,4	0,1	10252	2516	14,4
	R	0	0	5			
	G	0	0	0,00625			
	S	0,99	0,99	1,005			
T(2,73 ; 0,39 ; 0) R(0 ; 0 ; 5°) G(0,11 ; 0 ; 0)	T	2,8	0,3	-0,2	11497	2716	11,0
	R	0	0	5,5			
	G	0,10625	0	0			
	S	0,99	0,99	1			
T(2,73 ; 0,39 ; 0) R(0 ; 0 ; 5°) G(0,11 ; 0 ; 0) S(0,9 ; 1,1 ; 1)	T	2,8	0,4	0,1	13807	2536	22,1
	R	0	0	4,75			
	G	0,1125	0	0			
	S	0,89	1,09	1,005			

TAB. 8.1 – Estimation des paramètres de recalage, pour diverses combinaisons de transformations.

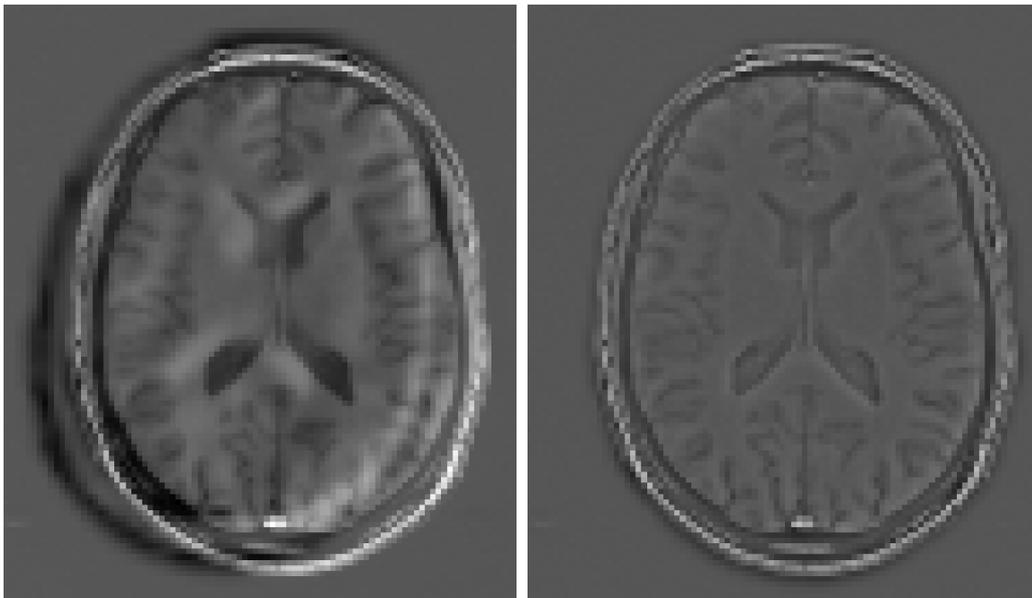


FIG. 8.3 – Différence d'images sur des données simulées avant (gauche) et après (droite) recalage.

Méthode d'interpolation	Paramètres estimés				Erreur par voxel		Temps de calcul (s)
					avant	après	
Plus proche voisin	T	2,7	0,3	0,1	14122	7412	15,0
	R	0	0	5,75			
	G	0,1	0	-0,00625			
	S	0,9	1,085	1			
Trilinéaire	T	2,8	0,4	0,1	13807	2536	22,4
	R	0	0	4,75			
	G	0,1125	0	0			
	S	0,89	1,09	1,005			
Tricubique	T	2,7	0,4	0	14080	2196	65,7
	R	0	0	4,75			
	G	0,1125	-0,0125	0			
	S	0,89	1,09	1,02			

TAB. 8.2 – Évaluation de différentes méthodes d'interpolation.

La méthode d'interpolation trilinéaire est donc, comme attendu, le meilleur compromis entre rapidité et précision du recalage.

### Données in vivo

Le recalage est ensuite testé sur des données in vivo de veinographie ( $512 \times 512 \times 72$  voxels de résolution  $0,5 \times 0,5 \times 1,5$  mm), d'IRMf ( $128 \times 128 \times 27$  voxels de résolution  $2 \times 2 \times 4$  mm) et d'IRM morphologique ( $256 \times 256 \times 72$  voxels de résolution  $1 \times 1 \times 2$  mm). Les résultats des recalages des données de veinographie et d'IRMf sont respectivement illustrés par les figures 8.4 et 8.5. Pour illustrer le recalage, on utilise un affichage de portions carrées prises alternativement sur chacune des deux images, ce qui permet de juger de la continuité des détails de l'image. Les ellipses blanches mettent en évidence certaines erreurs visibles avant recalage.

La validité du recalage s'exprime le plus nettement sur les images en damier par la continuité de la surface corticale et des ventricules. Les données d'IRMf initiales souffrent d'une légère distorsion locale, mais la validité de leur recalage n'est pas remis en cause.

### Performances

L'initialisation des paramètres est effectuée en un temps négligeable : les paramètres de translation sont obtenus pendant l'acquisition des données, et l'opérateur d'ouverture morphologique est appliqué en moins de 2 s pour des données de  $256 \times 256 \times 72$  voxels.

Le temps de calcul de l'étape de recalage est proportionnel aux dimensions des données, et dépend également de la précision requise sur les paramètres estimés. Pour des données de  $256 \times 256 \times 72$  voxels, et avec une précision de 0,5 mm pour les translations,  $0,5^\circ$  pour les rotations, 0,005 pour les facteurs d'échelle et 0,05 pour

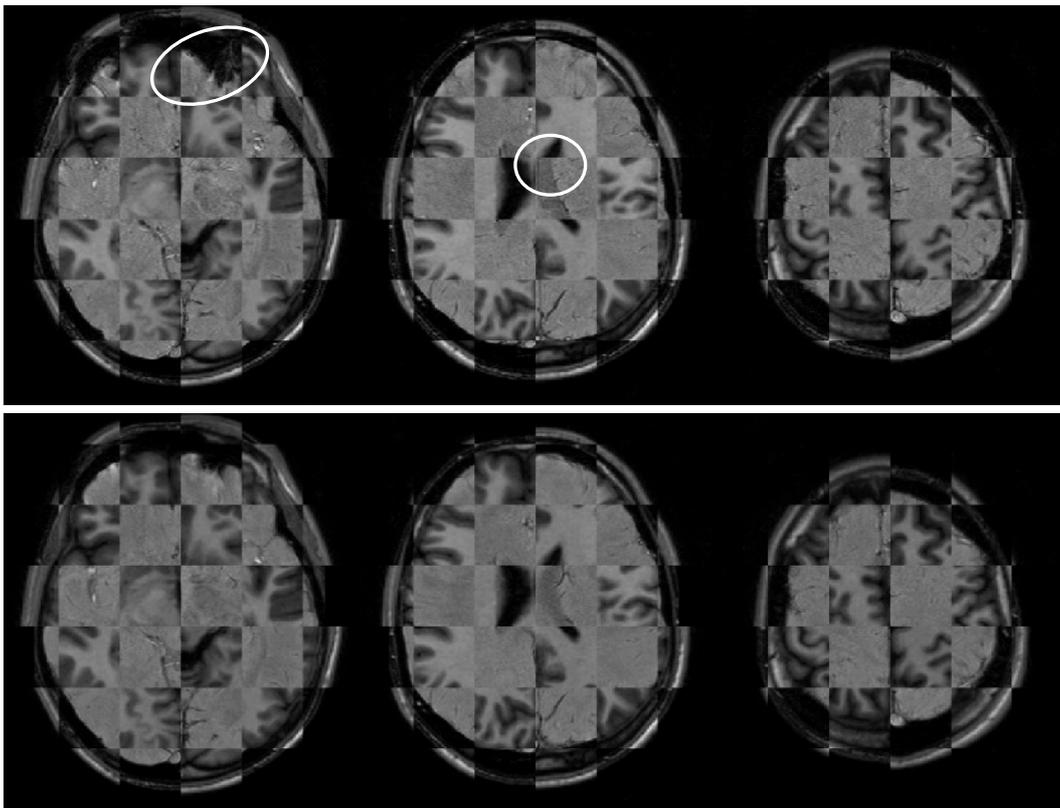


FIG. 8.4 – Données de veinographie avant (haut) et après (bas) recalage sur l'IRM morphologique.

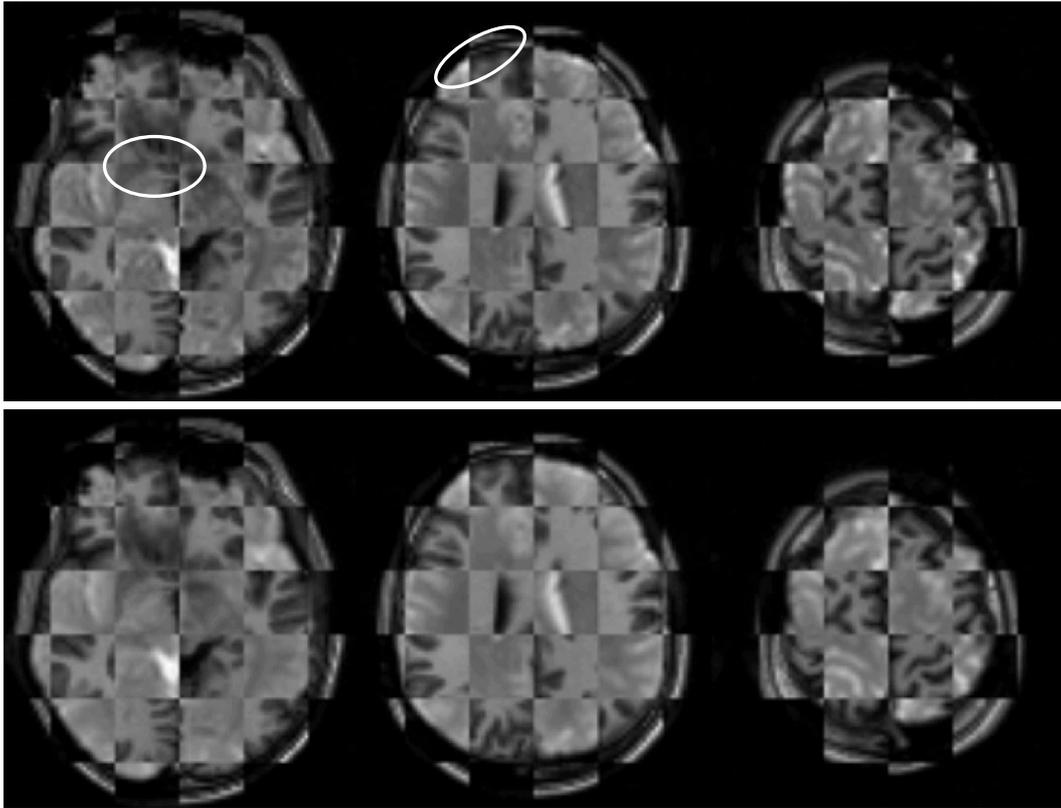


FIG. 8.5 – Données d'IRMf avant (haut) et après (bas) recalage sur l'IRM morphologique.

les glissements, le recalage des données de veinographie sur les données d'IRM morphologique est accompli en 12 minutes. Pour des données de  $128 \times 128 \times 72$  voxels, et en introduisant l'hypothèse que les rotations en  $x$  et  $y$  sont négligeables, le même recalage peut être correctement approximé en moins de 2 minutes.

Les temps de calcul pour une autre configuration de recalage, effectué sur des transformations simulées simples, sont donnés dans les tableaux 8.2 et 8.1.

# Chapitre 9

## Correction des cartographies de l'activation cérébrale

### 9.1 Introduction

L'analyse de l'influence des veines contribue à améliorer les résolutions spatiale et temporelle des images fonctionnelles. Plusieurs auteurs analysent l'influence des grandes veines en IRMf BOLD [66, 37, 55, 54]. De telles études mènent de l'analyse vers la correction du phénomène.

Dans ce chapitre, une méthode de correction des cartes d'activation est proposée, en se basant sur le schéma classique de construction des cartes d'activation par analyse statistique des données d'IRMf. Il s'agit d'identifier par un masque binaire les zones à la fois activées et très vascularisées. Le masque ainsi obtenu est incorporé à l'analyse statistique dans le but de construire une carte de l'activation corrigée. Les zones très vascularisées sont identifiées à partir d'une cartographie de la vascularisation obtenue par le calcul pour chaque voxel d'un indice reflétant le taux de vascularisation local. L'extraction des zones très vascularisées est effectuée en déterminant un seuil de vascularisation. On cherche une méthode automatique ou semi-automatique pour déterminer ce seuil. Des analyses globale et locale permettent d'évaluer la pertinence du choix du seuil.

### 9.2 Analyse de l'influence des veines

#### 9.2.1 Algorithme

##### Estimation du taux de vascularisation

Un indice du taux de vascularisation est défini à partir des veines segmentées et recalées. Par le jeu des résolutions d'image, à un voxel de la carte d'activation correspond un groupe de voxels dans l'image des veines. Dans chacun de ces groupes, le nombre de voxels contenant une veine définit le taux de vascularisation du voxel d'activation correspondant (figure 9.1).

Ce calcul se résume à sous-échantillonner l'image des veines segmentées à la réso-

lution de la carte d'activation. Un seuil sur ce taux de vascularisation est ajusté manuellement pour construire un masque binaire. Ce masque détermine les voxels qui doivent être éliminés du calcul de la carte d'activation.

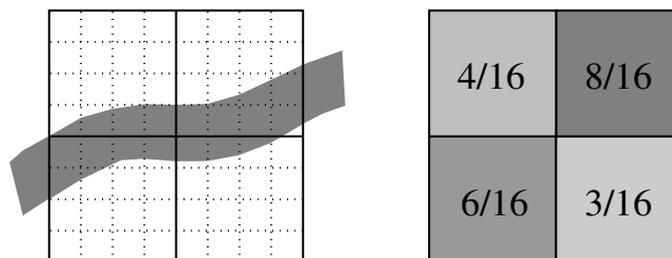


FIG. 9.1 – Sous-échantillonnage des veines à la résolution de l'activation par dénombrement de voxels veineux.

### Calcul de la carte d'activation corrigée

La carte d'activation est calculée par analyse statistique des données d'IRMf comme décrit au paragraphe 1.2. La carte d'activation est un ensemble de clusters 3D, qui sont des groupes de voxels connexes. Les clusters sont identifiés à partir du seuillage du test statistique en utilisant un algorithme de croissance de régions. La détection de l'activation peut être effectuée soit sur l'ensemble du cortex cérébral, soit sur une partie du cortex seulement. Dans cette dernière éventualité, un masque binaire comme calculé au paragraphe 9.2.1 est nécessaire pour indiquer les voxels à considérer dans le calcul. La carte d'activation calculée avec un masque peut être comparée à la carte d'activation calculée sans éliminer de voxels. Cette comparaison peut être globale si effectuée sur l'ensemble des clusters d'activation, ou locale si effectuée sur un seul cluster.

### Analyse globale

Pour chaque sujet, ou pour l'activation de tous les sujets cumulés, les distributions unidimensionnelles du contraste et du taux de vascularisation sont analysées en considérant les histogrammes des données. Ensuite, un schéma 2D de couples (contraste, taux de vascularisation) est obtenu pour chaque voxel d'activation. Ce schéma représente la distribution 2D du contraste des voxels en fonction de leur taux de vascularisation. L'information la plus pertinente est contenue dans les valeurs de contraste élevées, révélant la détection de forts pics d'activation. Le taux de vascularisation de ces voxels donne une information sur la perturbation des veines à la source d'activation, et une séparation entre contrastes réels et pollués est obtenue par un seuillage appliqué au taux de vascularisation. Pour chaque sujet, l'impact sur l'activation de l'application d'un tel seuil peut être mesuré en termes de nombre de voxels d'activation restants après masquage, et de variations des moyennes et écart-type de la distribution du contraste.

### Analyse locale

L'analyse de l'élimination de l'influence des veines, basée sur un seuillage du taux de vascularisation, peut être menée pour des clusters d'activation spécifiques, par exemple dans des aires cérébrales où la réponse à un stimulus est attendu. À partir du tracé d'une région d'intérêt (ROI) 2D, fait par un spécialiste de neuro-anatomie sur une visualisation coupe par coupe de l'activation, le cluster 3D correspondant est retrouvé. Non seulement les voxels de la ROI mais aussi l'ensemble du cluster 3D sont ainsi considérés. Le spécialiste peut tracer un ensemble de ROI afin d'effectuer une analyse locale sur chacun des clusters 3D d'activation correspondants.

Dans chaque cluster d'intérêt, le maximum local de l'activation est déterminé en se basant sur les valeurs du test statistique (Student t-test), avant et après masquage. La variation de ce maximum local est mesurée selon son déplacement spatial (à l'intérieur du cluster), et ses variations du taux de vascularisation, valeurs de contraste et t-test. Le nombre de voxels dans chaque cluster détermine la taille de l'activation détectée.

### 9.2.2 Résultats

Nous présentons ici les résultats pour le paradigme de langage.

#### Calcul de la carte d'activation corrigée

La figure 9.2 illustre l'utilisation de la carte de vascularisation pour corriger la carte d'activation. La ligne supérieure affiche une coupe de la carte de vascularisation (gauche) et le masque binaire correspondant (droite) sur lequel les voxels blancs représentent les voxels du cortex ayant un taux de vascularisation supérieur à 10%. Sur la ligne centrale, l'image de gauche correspond à la même coupe dans la carte d'activation. On considère trois ROI correspondant à des aires d'activation cérébrale spécifiques :  $R_1$  dans l'insula (aire du langage),  $R_2$  dans une zone d'activation qui ne correspond pas au stimulus mais plutôt à une grande veine (comparer avec la carte de vascularisation), et  $R_3$  dans le cortex visuel. La figure de droite est la même activation mesurée, sur laquelle ont été manuellement affectés en intensité grise les voxels d'activation qui ont un taux de vascularisation supérieur à 10%. Enfin, la figure du bas représente les voxels de la carte d'activation mesurée en utilisant le masque binaire affiché sur la ligne supérieure.

On note clairement que la carte d'activation corrigée correspond à la carte d'activation non corrigée de laquelle on a soustrait les voxels ayant un taux de vascularisation supérieur à 10%. En particulier, on observe que les clusters composés uniquement de veines ont disparu, confirmant l'action du masquage. En conclusion, l'utilisation de la carte de vascularisation pour corriger la carte d'activation montre que les voxels restants ne souffrent d'aucune influence des veines importantes, et bénéficient ainsi d'un plus haut degré de confiance dans l'analyse de l'activation.

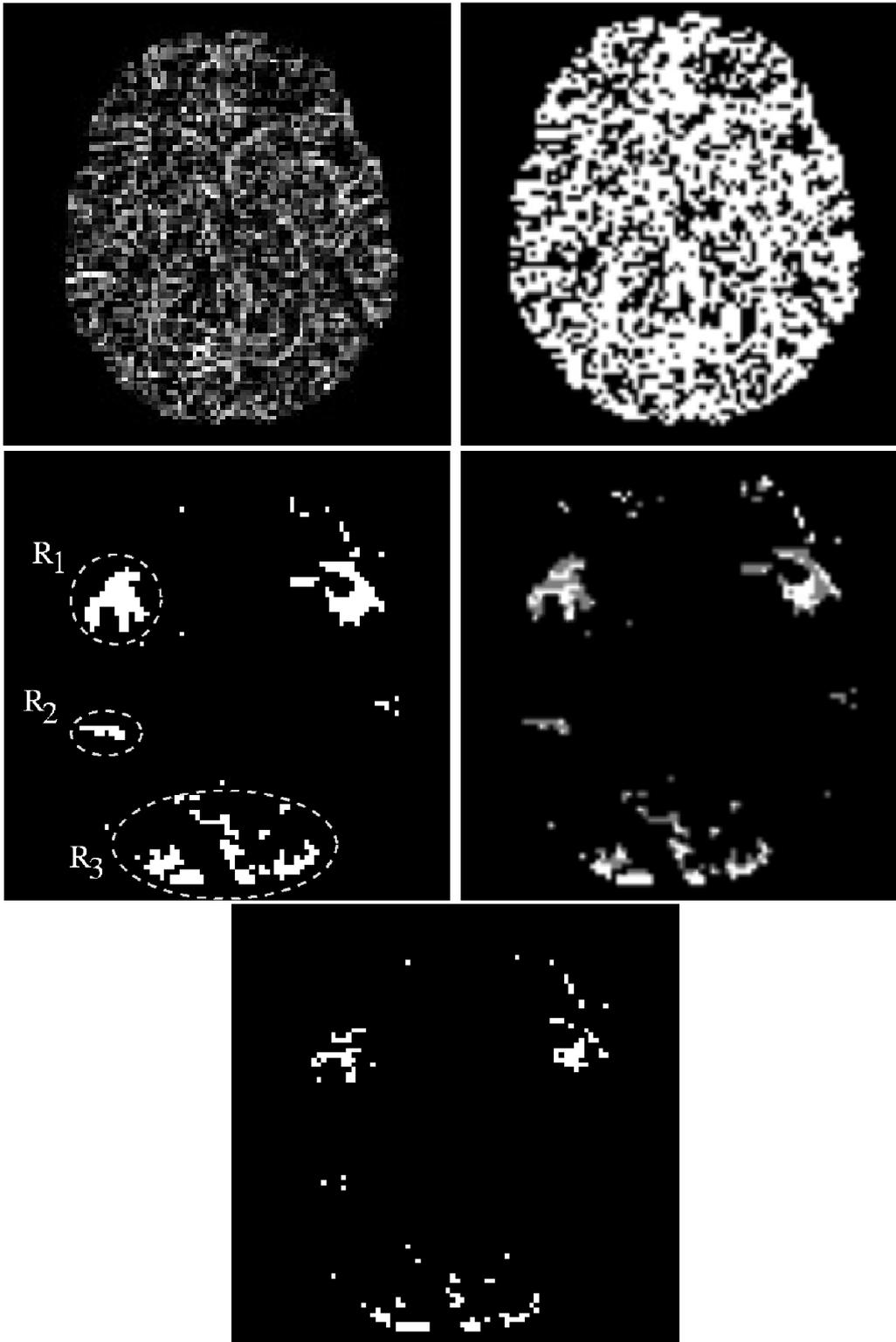


FIG. 9.2 – Ligne supérieure : coupe d'une carte de vascularisation (gauche) et masque binaire des voxels de la coupe ayant un taux de vascularisation supérieur à 10% (droite). Ligne centrale : Voxels activés sans masquage (gauche) et avec, affectés manuellement d'une intensité grise, ceux dont le taux de vascularisation est supérieur à 10% (droite). En bas : voxels de la carte d'activation recalculée en utilisant le masque binaire spécifié sur la ligne supérieure.

### Analyse globale

On cherche à savoir s'il est possible de déterminer le seuil de vascularisation en analysant l'ensemble des clusters d'activation. Pour cela, on cumule les informations des 6 sujets. Chaque voxel est désormais défini par un taux de vascularisation et un contraste d'activation. On observe sur la figure 9.3 les histogrammes de la vascularisation (haut) et du contraste (droite) ainsi que la distribution 2D des couples (vascularisation, contraste). Les pointillés représentent la moyenne de chacun des deux histogrammes; les deux moyennes sont reportées sur la distribution 2D (centre). Notons que la distribution 2D de chaque sujet est similaire à la distribution 2D des 6 sujets cumulés.

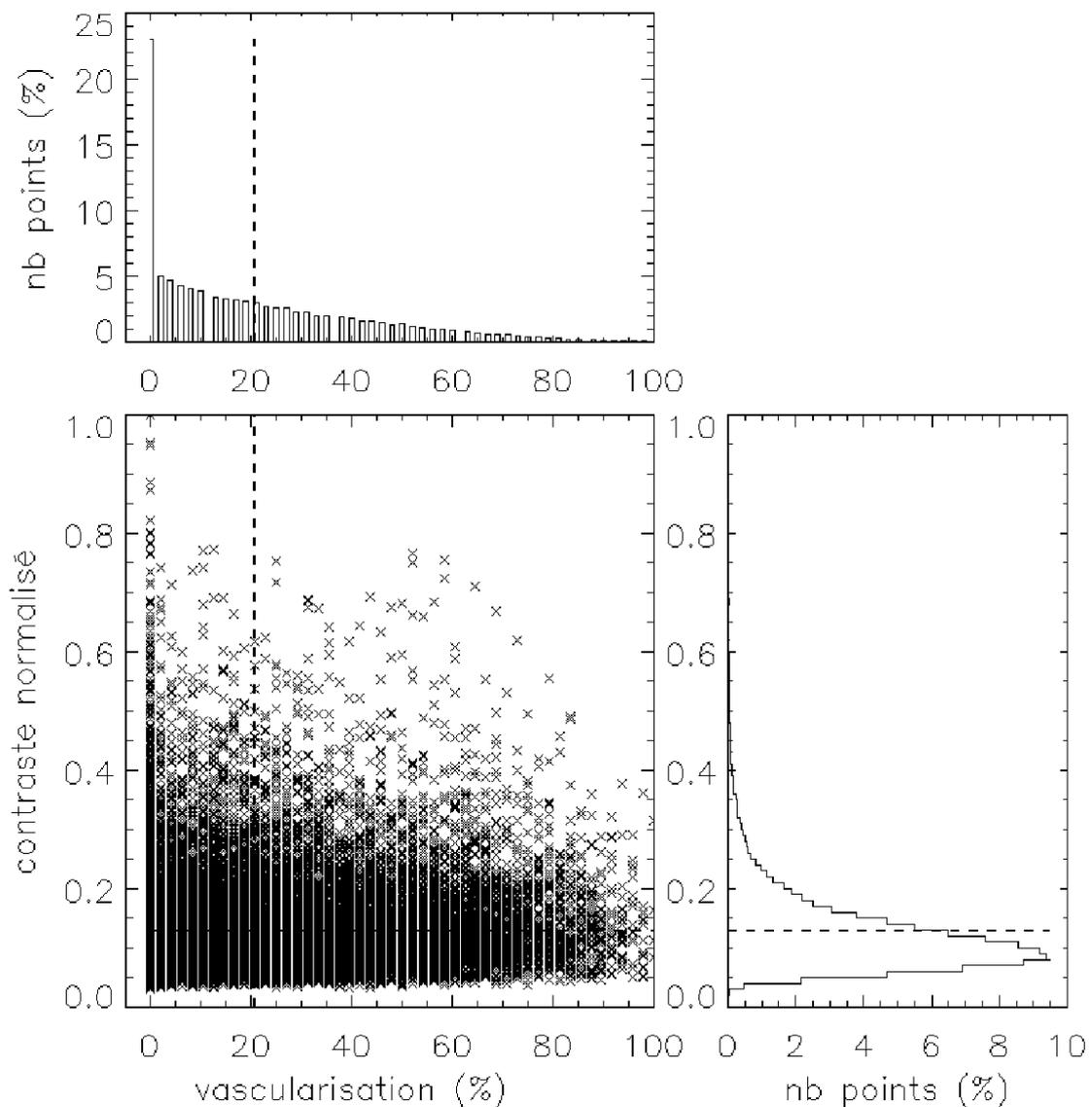


FIG. 9.3 – Distribution du contraste par rapport au taux de vascularisation, et histogrammes du contraste (haut) et de la vascularisation (droite). Les pointillés représentent les moyennes des distributions.

On s'intéresse ici aux voxels ayant un contraste élevé, révélant la présence d'activation. Certains de ces voxels de fort contraste ont également un taux de vascularisation élevé (partie supérieure droite de la distribution 2D). Cela confirme que les cartes d'activation contiennent des perturbations dues à la présence de grandes veines, en accord direct avec la littérature [53, 46, 45, 52, 64]. La question est maintenant de déterminer s'il est possible de séparer les voxels de fort contraste représentant une vraie activation de ceux qui proviennent du phénomène de drainage des grandes veines.

On évalue la pertinence d'un simple seuillage binaire effectuant cette séparation. Différents seuils sur le pourcentage de vascularisation sont considérés (1, 3, 5, 10, 15, 20, 30, 45, 60%). Suivant ces seuils, on compte pour chaque sujet le ratio (en pourcentage) du nombre de voxels restants dans la carte d'activation après seuillage, sur le nombre de voxels d'activation avant seuillage (figure 9.4).

Aucune discontinuité franche n'apparaît, ce qui indique que l'analyse du seuillage ne peut pas être effectuée par une approche globale. Il n'existe pas de critère suffisamment pertinent pour déterminer quelle valeur de seuil doit être choisie. Une illustration est donnée par la carte de vascularisation : la manière dont elle est construite ne permet pas de faire la distinction entre une grande veine et un amas de petites veines.

Les mêmes observations peuvent être faites par l'analyse de la moyenne du contraste par rapport au seuil de vascularisation, pour chaque sujet (figure 9.5). La moyenne du contraste est quasiment indépendante du seuil de vascularisation (la valeur de référence est la moyenne du contraste sans utilisation du masque, i.e. un seuil égal à 100%). Quel que soit le seuil choisi, la moyenne du contraste reste équivalente à celle mesurée sans masquage. L'écart-type du contraste est lui aussi constant (non affiché sur la figure).

### Analyse locale

L'analyse globale ne permettant pas de déterminer un seuil de vascularisation, on s'intéresse à une analyse locale. Nous considérons les trois ROI 2D présentées sur la figure 9.2. À partir de ces ROI, les clusters 3D correspondants sont identifiés et considérés. La ROI  $R_2$ , placée sur une grande veine, sert de zone de contrôle pour la suppression des veines. Le maximum local  $Z_{max}$  de chaque cluster est repéré sur la carte d'activation, avant et après correction. La variation de  $Z_{max}$ , induite par la correction des cartes d'activation, est évaluée en terme de déplacement spatial, changements de t-test et de contraste, pour des seuils de vascularisation de 1, 3, 5, 10, 15, 20, 30, 45, 60%. Les voxels d'activation dans chaque cluster sont également dénombrés avant et après correction.

Pour 4 des 6 sujets, la valeur du  $Z_{max}$  diminue avec le contraste d'activation ou bien le  $Z_{max}$  est peu ou pas vascularisé, ce qui rend l'analyse caduque. Il est ainsi difficile de tirer des conclusions à partir de ces seules observations. Les résultats les plus significatifs pour les deux autres sujets sont reportés dans le tableau 9.1.

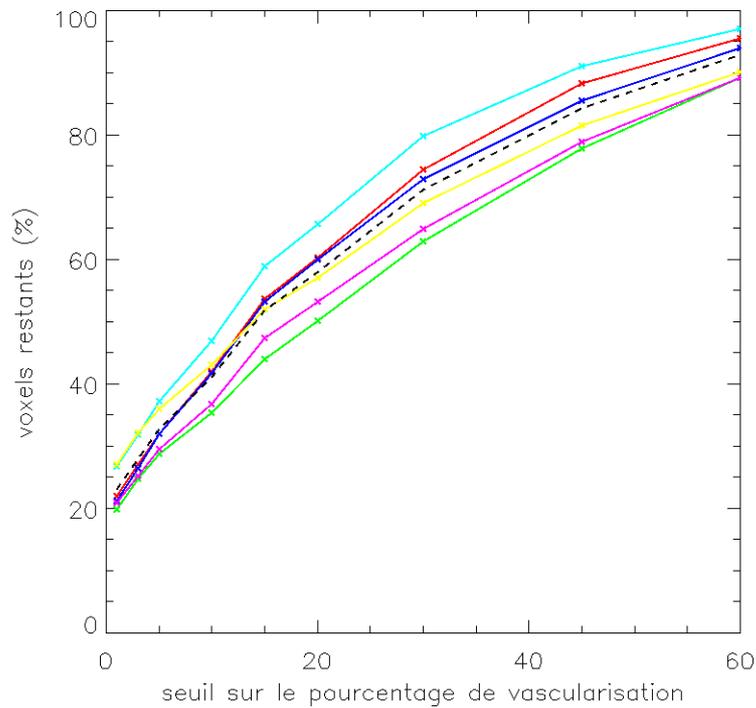


FIG. 9.4 – Évolution du nombre de voxels d'activation en fonction du seuil sur le taux de vascularisation après correction des cartes d'activation, pour chaque sujet. En pointillés : la moyenne des 6 sujets.

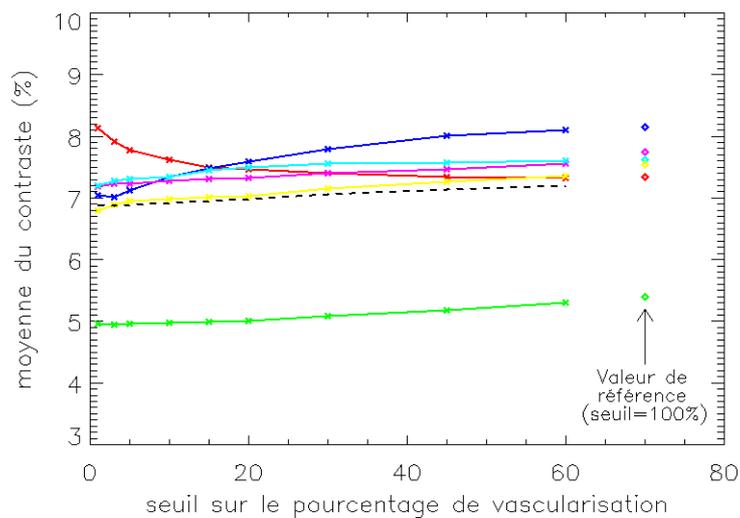


FIG. 9.5 – Moyenne du contraste en fonction du seuil de vascularisation. En pointillés : la moyenne des 6 sujets.

Sujet 2, ROI langage (229 vxl)					
	Seuil vasc.(%)	30	20		
	Déplacement(mm)	2,0	2,8		
	$\Delta$ contraste (%)	<b>-12,2</b>	<b>+11,7</b>		
	$\Delta$ t-test(%)	-2,8	-9,7		
	$\Delta$ nb vxl activ.(%)	-37,6	-51,5		
Sujet 4, ROI langage (139 vxl)					
	Seuil vasc.(%)	3	1		
	Déplacement(mm)	0,0	21,0		
	$\Delta$ contraste (%)	<b>0,0</b>	<b>+22,3</b>		
	$\Delta$ t-test(%)	0,0	-9,1		
	$\Delta$ nb vxl activ.(%)	-81,3	-84,9		
Sujet 4, ROI visuel (645 vxl)					
	Seuil vasc.(%)	15	10	5	3
	Déplacement(mm)	<b>2,0</b>	<b>7,2</b>	<b>4,0</b>	<b>37,4</b>
	$\Delta$ contraste (%)	-3,7	-43,0	-49,6	-59,6
	$\Delta$ t-test(%)	-9,5	-29,2	-39,9	-42,4
	$\Delta$ nb vxl activ.(%)	-48,2	-60,6	-70,1	-75,7

TAB. 9.1 – Analyse locale du  $Z_{max}$  de divers sujets et ROI, en termes de contraste et t-test, déplacement spatial et nombre de voxels d'activation, selon les seuils de vascularisation appliqués.

Pour le sujet 2, et la ROI de langage, on note une augmentation du contraste entre les périodes de repos et de stimulation. Le  $Z_{max}$  à 1% reste le même jusqu'à 20%, ce qui signifie que le  $Z_{max}$  atteint a un taux de vascularisation nul. Toutefois, la valeur du t-test décroît, ce qui peut être révélateur d'une mauvaise approximation du stimulus par le modèle SPM (cf. paragraphe 1.2). Le nouveau  $Z_{max}$  reste proche de celui trouvé sur la carte d'activation non corrigée.

Pour le sujet 4, et la ROI de langage, on observe à nouveau le même phénomène d'augmentation de contraste et décroissance de t-test simultanées. Une variation de  $Z_{max}$  n'est observée qu'avec un seuil à 1% éliminant 85% des voxels d'activation initiaux. Toutefois, plus aucune influence résiduelle des veines n'est présente. Le  $Z_{max}$  se déplace jusqu'à 21 mm de sa position initiale, ce qui tend à démontrer que le  $Z_{max}$  initial reflétait la détection d'une activation due à l'influence des veines.

Pour le sujet 4, et la ROI du cortex visuel, on observe que le contraste et le t-test décroissent avec le seuil de vascularisation. En utilisant un seuil à 1% ou 3%, on observe un fort déplacement du  $Z_{max}$  alors que le contraste d'activation est réduit de près de 60%. L'observation d'un seul  $Z_{max}$  par cluster est sans doute insuffisante pour analyser cette configuration.

### Visualisation 3D

La figure 9.6 illustre en 3D le résultat de la correction de la carte d'activation pour le sujet 2. On peut noter la disparition d'une majorité de l'activation. Toutefois, l'information restante après correction se situe dans les aires visuelles (en bas de l'image) et du langage (en haut à gauche).

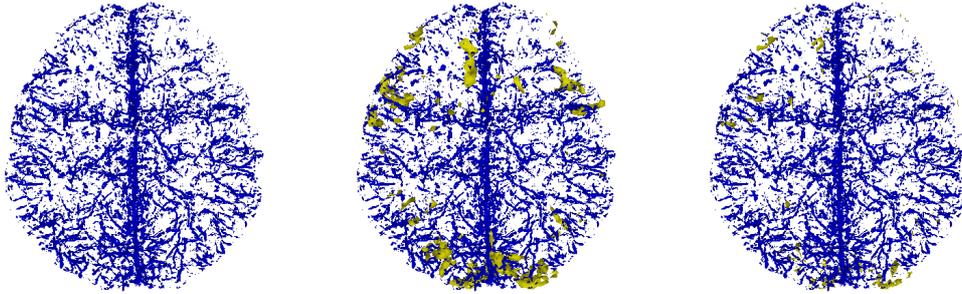


FIG. 9.6 – Visualisation 3D des veines et de l'activation. Gauche : veines seules. Centre : veines et activation non corrigée. Droite : veines et activation corrigée.



# Chapitre 10

## Discussion

### Création des masques de signal

Des opérateurs 3D de morphologie mathématique sont impliqués dans la création des masques de signal. La taille des éléments structurants est déterminée expérimentalement ; un seul réglage est utilisé pour traiter les données des 6 sujets de l'étude. Or la morphologie cérébrale varie d'un sujet à l'autre. Un réglage automatique de ces paramètres doit donc être envisagé pour permettre de traiter un plus grand nombre de sujets, adultes ou enfants, et présentant d'éventuelles pathologies. La mesure locale du diamètre du crâne peut constituer une piste pour l'automatisation de cette procédure.

### Segmentation des veines

La préservation de la continuité des veines pendant leur segmentation est un objectif majeur qui peut être compliqué par (i) la faible dimension des veines par rapport à la résolution du voxel, (ii) leur représentation par des intensités proches de celles des tissus voisins, et (iii) un manque de robustesse de la méthode de segmentation.

C'est le cas notamment d'une approche par seuillage, même local. Dans l'approche seuillage présentée, le premier seuillage global est un point critique dont l'ajustement requiert la validation de l'utilisateur. En effet, il s'agit de déterminer un seuil permettant de supprimer la majorité des tissus sans toutefois détruire l'information des veines, ce qui est d'autant plus difficile que les veines sont petites.

Par ailleurs, même si l'utilisation d'un outil tel que le MIP permet d'accroître la visibilité des plus gros vaisseaux, cette assumption est plus incertaine pour les veines de faible diamètre dont la visibilité est contrainte par la présence de bruit sur les images. De plus, le MIP implique une dégradation de la résolution spatiale des images dans la direction de l'épaisseur des coupes.

Pour contrecarrer cette perte en résolution spatiale, le MIP peut être associé à une information de profondeur comme calculée par le Z-buffer, qui permet de rétablir la résolution initiale après segmentation en stockant l'indice de coupe de chaque maximum lors de la projection opérée par le MIP.

L'application d'un MIP sur une fenêtre coulissante présente l'avantage de renforcer la visibilité des grandes veines sur les coupes 2D. Toutefois, si le nombre de coupes par fenêtre coulissante est trop faible, la continuité des vaisseaux peut apparaître insuffisante, et la visibilité locale des veines par rapport aux tissus devient délicate, en particulier pour les veines parallèles au champ magnétique principal. À l'opposé, si le nombre de coupes par fenêtre coulissante est trop élevé, la probabilité d'avoir plusieurs maxima locaux qui se projettent sur le même voxel augmente. Le Z-buffer ne suffit alors plus à restituer l'intégralité de la résolution initiale, ce qui implique une perte d'information. Le choix du nombre de ces coupes est empirique, tendant à trouver un bon compromis entre une faible sensibilité au bruit et une continuité des veines élevée.

Pour augmenter la sensibilité à la continuité des vaisseaux et favoriser leur préservation, les paramètres géométriques de l'image peuvent être pris en compte. La seconde approche décrite pour l'extraction des veines calcule, sur des voisinages, un coefficient reflétant l'anisotropie locale de l'image qui est directement liée à la présence de veines. L'anisotropie est calculée à partir des valeurs propres de tenseurs d'inertie constitués des moments d'images de second ordre. La robustesse de cette méthode peut être accrue en fusionnant les étapes de calcul d'anisotropie et de croissance des régions de l'algorithme. L'orientation, la forme et les dimensions des voisinages locaux peuvent en outre être adaptées selon les directions principales et l'anisotropie des voxels voisins.

Un outil de filtrage adaptatif peut également être intégré au calcul de l'anisotropie, en utilisant les mêmes voisinages de forme, orientations et dimensions variables. La détection des structures veineuses pourrait alors être affinée, en particulier aux extrémités ou contours des vaisseaux, endroits où l'anisotropie et la valeur du MIP sont faibles. Le filtrage pourrait également intervenir à différentes étapes des processus de veinographie et de segmentation : filtrer par exemple les données acquises, les données au cours du traitement de veinographie (figure 6.2), ou les données segmentées. La combinaison du filtrage et de la segmentation doit alors être validée sur des images de référence simulées.

Enfin, l'approche intégrative proposée peut être comparée à une approche dérivative [150]. Les deux approches sont complémentaires, et leur combinaison pourrait encore renforcer la discrimination des veines. On pourra alors songer à une représentation topologique de la structure veineuse, par exemple à l'aide de graphes, ce qui permettrait de faire des calculs de flux et de volumes.

Les temps de calcul sont dépendants des dimensions des données et du nombre de coupes par fenêtre coulissante. Une augmentation du nombre de coupes pour le calcul du MIP augmentera son temps de calcul, mais cela ne représente pas un goulot d'étranglement pour l'algorithme. Toutefois, une augmentation de la taille des voisinages utilisés dans le calcul des cartes d'anisotropie aura des répercussions sur le temps de calcul des moments d'images, mais la matrice à diagonaliser sera toujours de dimensions  $3 \times 3$ .

Enfin, un travail sur le protocole d'acquisition de veinographie peut être mené,

dans le but d'obtenir des données moins bruitées et avec un meilleur contraste. Les veines apparaîtraient ainsi plus nettement sur les images du MIP et leur extraction serait facilitée. Une réflexion sur l'utilisation de séquences permettant d'acquérir des voxels cubiques et non parallélépipédiques peut déboucher sur une meilleure sensibilité à la présence des veines.

## Recalage des veines et de l'activation

Le recalage mis en oeuvre dans cette partie implique des données ayant différentes intensités, dimensions, résolutions spatiales et orientations. Une approche basée sur les distributions des intensités permet de recaler des données issues de modalités d'acquisition différentes, et dont les caractéristiques géométriques peuvent être difficiles à extraire. Les méthodes basées image permettent en outre de travailler avec des données à différentes résolutions. La pertinence de l'utilisation de l'information mutuelle combinée à celle du gradient conjugué a déjà été démontrée dans la littérature [120].

Le cerveau est un organe qui ne subit pas, sauf cas pathologiques, de distorsions fortes comme c'est le cas pour d'autres organes comme les poumons ou le coeur. Les mouvements du cerveau sont liés aux mouvements de la tête, et peuvent être décomposables en mouvements simples : translations, rotations, cisaillements et facteurs d'échelle. Une transformation affine à 12 paramètres permet de couvrir l'ensemble des solutions modélisant un tel recalage.

Toutefois, les images IRM peuvent souffrir de distorsions géométriques locales fortes, dues aux séquences IRM utilisées pour l'acquisition des données, en particulier les séquences EPI utilisées en IRMf [115]. Dans ce cas de figure, les distorsions peuvent complètement altérer le processus de recalage global. La complexification du modèle de transformation ou l'application d'un recalage local sont des solutions possibles. Toutefois, cela entraîne une augmentation et une variation de la dimension de l'espace des solutions. Le modèle idéal est alors d'autant plus complexe que les distorsions sont fortes ; sa construction est donc délicate et son application n'exclut pas l'introduction d'erreurs de recalage sur les coupes ne souffrant pas de distorsions. On privilégiera ainsi la correction du problème à sa source, par l'analyse du phénomène physique à l'origine des distorsions. À défaut, on préférera exclure les coupes biaisées du processus de recalage, comme présenté dans ce manuscrit, en prenant garde de conserver suffisamment d'information afin d'assurer la validité du recalage.

Dans la chaîne de traitements présentée sur la figure 5.1 page 54, toutes les dynamiques IRMf sont recalées avant le calcul des cartes d'activation, alors que parallèlement les paramètres de recalage sont directement appliqués au résultat de la segmentation des veines. Cette variation se justifie par la perspective d'un temps de calcul minimisé. En effet, dans la méthode décrite, au moins deux cartes d'activation doivent être calculées : une sans application d'un masque binaire des veines, et une autre avec l'utilisation d'un tel masque pour chaque seuil choisi sur l'indice du taux de vascularisation. Toutes les opérations effectuées après le calcul des cartes d'activation (notamment le recalage) seraient donc effectuées de manière redondante.

Notons toutefois que dans le cas où le calcul des cartes d'activation s'effectuerait avant le recalage, seule l'application des paramètres de recalage calculés serait dupliquée. La coûteuse estimation de ces paramètres demeurerait effectuée une seule et unique fois. Le choix de l'une ou l'autre de ces alternatives peut être critiqué en évaluant leur impact sur la précision des cartes d'activation obtenues.

## Correction des cartes d'activation

L'objectif des différents outils développés dans cette partie est l'élimination de la contribution des grandes veines au signal d'activation. La méthode d'analyse globale confirme la présence de voxels issus de l'influence des grandes veines dans la détection de l'activation cérébrale en IRMf. Ces voxels correspondent à de fortes valeurs à la fois du contraste et de l'indice de vascularisation. Toutefois, il est difficile de déterminer un seuil global approprié sur l'indice de vascularisation sans requérir l'expertise visuelle d'un spécialiste en neuro-anatomie.

L'analyse locale permet une analyse plus fine en donnant un indice de significativité sur chaque cluster d'activation. Une séparation entre régions très vascularisées (comme le cortex visuel) et régions peu vascularisées est ainsi possible, ce qui facilite la détermination d'un seuil. En outre, une région d'intérêt positionnée sur une grande veine permet de valider le seuil choisi, tout en s'assurant par ailleurs que des voxels d'activation subsistent dans les aires cérébrales activées. Enfin, la suppression des voxels d'activation contenant des veines peut donner davantage d'importance à un maximum local d'activation qui n'aurait pas été détecté sans cette suppression. Pour l'exemple, supposons que 3 maxima locaux ( $Z_{max}$ ) soient trouvés dans un cluster donné. L'analyse et la suppression des voxels d'activation contenant des veines peut alors conduire à la suppression ou au déplacement d'un de ces 3  $Z_{max}$ , ce qui facilitera l'interprétation des résultats.

Toutefois, il apparaît certaines limites à cette méthode. En effet, un voxel ayant un fort taux de vascularisation peut également contenir du parenchyme. Cette partie tissulaire peut contenir une activation significative qu'il faut alors préserver. Si un  $Z_{max}$  identifié pendant l'analyse locale se trouve dans une telle portion du parenchyme, il sera supprimé au profit d'un autre maximum. Ce cas de figure est une explication possible aux déplacements importants de  $Z_{max}$  observés au paragraphe 9.2.2. Par conséquent, une correction plus fine des cartes d'activation est nécessaire, en construisant des masques non binaires pour la correction de l'activation. L'utilisation dans ce masque de coefficients de pondération permettrait d'adapter la correction en fonction du taux de vascularisation local.

Une extension de la méthode consiste en l'étude de la relation entre l'indice de vascularisation et le délai temporel induit par les grandes veines sur la réponse hémodynamique.

# Bibliographie

## Recalage d'images

- [108] C. Barillot. *Fusion de données en imagerie 3D en médecine*. Habilitation à diriger des recherches, Université de Rennes1, IRISA, Septembre 1999.
- [109] M. Bro-Nielsen. *Medical image registration and surgery simulation*. PhD thesis, Technical University of Denmark, 1996.
- [110] L.G. Brown. A survey of image registration techniques. *ACM Computing Surveys*, 24(4) :325–76, 1992.
- [111] T.M. Buzug and J. Weese. Voxel-based similarity measures for medical image registration in radiological diagnosis and image guided surgery. *J Comput Info Tech*, 6(2) :165–79, 1998.
- [112] A. Collignon, F. Maes, D. Delaere, D. Vandermeulen, P. Suetens, and G. Marchal. Automated multi-modality image registration based on information theory. In *Info Proc Med Imag*, pages 263–74, 1995.
- [113] P. Gerlot and Y. Bizais. Image registration : A review and a strategy for medical applications. In C.N. de Graaf and M.A. Viergever, editors, *Proc. of the 10th Intl. Conf. on Information Processing in Medical Imaging*, pages 81–9, 1987.
- [114] M. Jenkinson and S. Smith. A global optimisation method for robust affine registration of brain images. *Med Image Anal*, 5(2) :143–56, Juin 2001.
- [115] P. Jezzard and R.S. Balaban. Correction for geometric distortion in echo planar images from B0 field variations. *Magn Res Med*, 34(1) :65–73, 1995.
- [116] S. Kirkpatrick, C.D. Gelatt, and M.P. Vecchi. Optimization by simulated annealing. *Science*, 4598(220) :671–80, Mai 1983.
- [117] S. Lavalée. *Registration for computer integrated surgery : methodology, state of the art*, chapter 5, pages 77–97. Computer Integrated Surgery, R. Taylor, S. Lavalée, G. Burdea, and R. Moesges edition, 1995.
- [118] H. Lester and S.R. Arridge. A survey of hierarchical non-linear medical image registration. *Pattern Recognition*, 32 :129–49, 1999.
- [119] F. Maes, A. Collignon, D. Vandermeulen, G. Marchal, and P. Suetens. Multimodality image registration by maximization of mutual information. *IEEE Trans Med Imaging*, 16(2) :187–98, Avril 1997.
- [120] F. Maes, D. Vandermeulen, and P. Suetens. Comparative evaluation of multiresolution optimization strategies for multimodality image registration by

- maximization of mutual information. *Med Image Anal*, 3(4) :373–86, Décembre 1999.
- [121] J. Maintz and M. Viergever. A survey of medical image registration. *Med Imag Anal*, 1998.
- [122] J.-F. Mangin. *Mise en correspondance d'images médicales 3D multi-modalités multi-individus pour la corrélation anatomo-fonctionnelle cérébrale*. PhD thesis, Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications, Mars 1995.
- [123] C.R. Maurer and J.M. Fitzpatrick. *A review of medical image registration*, pages 17–44. American Association of Neurological Surgeons, Park Ridge, IL, R.J. Maciunas edition, 1993.
- [124] C. Nikou, F. Heitz, J.-P. Armspach, I.-J. Namer, and D. Grucker. Registration of mr/mr and mr/spect brain images by fast stochastic optimization of robust voxel similarity measures. *Neuroimage*, 8(1) :30–43, Juillet 1998.
- [125] G.P. Penney, J. Weese, Little J.A., P. Desmedt, D.L.O. Hill, and D.J. Hawkes. A comparison of similarity measures for use in 2-d-3-d medical image registration. *IEEE Trans Med Imaging*, 17(4) :586–95, 1998.
- [126] C. Petitjean. *Recalage non rigide d'images par approches variationnelles statistiques. Application à l'analyse et à la modélisation de la fonction myocardique en IRM*. PhD thesis, Université Paris V, 2003.
- [127] W. Press, S. Teukolsky, W. Vetterling, and B. Flannery. *Numerical Recipes in C*. Cambridge University Press, 1992.
- [128] A. Roche, G. Malandain, and N. Ayache. Unifying maximum likelihood approaches in medical image registration. *Int J Imaging Sys Tech*, 11(1) :71–80, 2000.
- [129] A. Roche, G. Malandain, N. Ayache, and S. Prima. Towards a better comprehension of similarity measures used in medical image registration. In *MICCAI'99*, volume 1679, pages 555–66, Cambridge (UK), Octobre 1999.
- [130] A. Roche, G. Malandain, X. Pennec, and N. Ayache. The correlation ratio as a new similarity measure for multimodal image registration. In *MICCAI'98*, volume 1496, pages 1115–24, Cambridge Massachusetts (USA), Octobre 1998.
- [131] S.M. Smith. Fast robust automated brain extraction. *Human Brain Mapping*, 17(3) :143–55, Novembre 2002.
- [132] C. Studholme, D.J. Hawkes, and D.L.G. Hill. A normalised entropy measure for multi-modality image alignment. In *SPIE Medical Imaging*, volume 3338, pages 132–42, 1998.
- [133] P. Thevenaz, U. Ruttiman, and M. Unser. A pyramid approach to sub-pixel registration based on intensity. *IEEE Trans Image Proc*, 7(1) :27–41, Janvier 1998.
- [134] P. Thevenaz and M. Unser. Optimization of mutual information for multiresolution image registration. *IEEE Trans Image Proc*, 9(12) :2083–99, Décembre 2000.
- [135] P.A. van den Elsen, E.J.D. Pol, and M.A. Viergever. Medical image matching : a review with classification. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, 12(4) :36–39, Mars 1993.

- [136] P. Viola and W.M. 3rd Wells. Alignment by maximization of mutual information. *Int J Comput Vis*, 24(2) :137–54, 1997.
- [137] E.A. Vokurka, N.A. Thacker, and A. Jackson. A fast model independent method for automatic correction of intensity nonuniformity in MRI data. *J Magn Reson Imaging*, 10(4) :550–62, 1999.
- [138] W.M. 3rd Wells, P. Viola, H. Atsumi, S. Nakajima, and R. Kikinis. Multi-modal volume registration by maximization of mutual information. *Med Image Anal*, 1(1) :35–51, Mars 1996.
- [139] J. West, J.M. Fitzpatrick, M.Y. Wang, B.M. Dawant, C.R. Jr Maurer, R.M. Kessler, and R.J. Maciunas. Retrospective intermodality registration techniques for images of the head : surface-based versus volume-based. *IEEE Trans Med Imaging*, 18(2) :144–50, 1999.
- [140] J. West, J.M. Fitzpatrick, M.Y. Wang, B.M. Dawant, C.R. Jr Maurer, R.M. Kessler, R.J. Maciunas, C. Barillot, D. Lemoine, A. Collignon, F. Maes, P. Suetens, D. Vandermeulen, P. van den Elsen, S. Napel, T. Sumanaweera, B. Harkness, P.F. Hemler, D. Hill, D. Hawkes, C. Studholme, J.B.A. Maintz, M. Viergever, G. Malandain, X. Pennec, M. Noz, G. Maguire, M. Pollack, C. Pelizzari, C. Robb, D. Hanson, and R. Woods. Comparison and evaluation of retrospective intermodality brain image registration techniques. *J Comput Assist Tomogr*, 21 :544–66, 1997.

## Segmentation

- [141] F. Angella, O. Laviaille, and P. Baylou. A deformable and expansible tree for structure recovery. In *ICIP'98 : IEEE International Conference on Image Processing*, pages 241–5, Chicago, Illinois, USA, Octobre 1998.
- [142] B.E. Chapman and D.L. Parker. 3D multi-scale vessel enhancement filtering based on curvature measurements : application to time-of-flight MRA. *Med Image Anal*, 9(3) :191–208, Juin 2005.
- [143] B.E. Chapman, J.O. Stapelton, and D.L. Parker. Intracranial vessel segmentation from time-of-flight MRA using pre-processing of the MIP Z-buffer : accuracy of the ZBS algorithm. *Med Image Anal*, 8(2) :113–26, Juin 2004.
- [144] H. Chen and J. Hale. An algorithm for mr angiography image enhancement. *Magn Reson Med*, 33(4) :534–40, Avril 1995.
- [145] R. Chiplunkar, J.M. Reinhardt, and E.A. Hoffman. Segmentation and quantitation of the primary human airway tree. In E.A. Hoffman, editor, *Proc. SPIE Vol. 3033, p. 403-414, Medical Imaging 1997 : Physiology and Function from Multidimensional Images*, pages 403–14, Mai 1997.
- [146] A.C.S. Chung and J.A. Noble. Statistical 3D vessel segmentation using a rician distribution. In *Medical Image Understanding and Analysis 1999*, 1999.
- [147] L. Cohen and R. Kimmel. Global minimum for active contour models : A minimal path approach. *International Journal of Computer Vision*, 24(1) :57–78, Août 1997.

- [148] G. De Dietrich. A modular algorithm for automatic slice positioning in tubular organs. In *MIAR'01 : Medical Imaging and Augmented Reality : First International Workshop*, pages 163–76, Hong Kong, China, Juin 2001. IEEE Computer Society.
- [149] G. De Dietrich. *Segmentation d'organes tubulaires par suivi de squelette*. PhD thesis, Université Bordeaux 1, 2003.
- [150] A. Deistung, M. Kocinski, P. Szczypinski, A. Materka, and J.R. Reichenbach. Segmentation of venous vessels using multi-scale vessel enhancement filtering in susceptibility weighted imaging. In *Intl Soc Mag Reson Med*, volume 14, page 1948, Seattle (USA), Mai 2006.
- [151] T. Deschamps and L.D. Cohen. Fast extraction of minimal paths in 3d images and applications to virtual endoscopy. *Med Imag Anal*, 5(4) :281–99, Décembre 2001.
- [152] Y.P. Du, D.L. Parker, and W.L. Davis. Vessel enhancement filtering in three-dimensional mr angiography. *J Magn Reson Imaging*, 5(3) :353–9, Mai-Juin 1995.
- [153] E. Ferley, M.-P. Cani, and D. Attali. Skeletal reconstruction of branching shapes. In John C. Hart and Kees van Overveld, editors, *Implicit Surfaces*, pages 127–42, Eindhoven, The Netherlands, Octobre 1996.
- [154] N. Flasque, M. Desvignes, J.M. Constans, and M. Revenu. Accurate detection of 3D tubular tree structures. In *ICIP'2000 : IEEE International Conference on Image Processing*, pages 436–9, Vancouver, Canada, Septembre 2000.
- [155] A. Frangi, W. Niessen, K.L. Vincken, and M.A. Viergever. Multiscale vessel enhancement filtering. In *MICCAI '98 : Proceedings of the First International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 130–7, Cambridge, MA, USA, Octobre 1998. Springer-Verlag.
- [156] A.F. Frangi, W.J. Niessen, R.M. Hoogeveen, T. van Walsum, and M.A. Viergever. Model-based quantitation of 3-D magnetic resonance angiographic images. *IEEE Trans Med Imaging*, 18(10) :946–56, Octobre 1999.
- [157] N. Gagvani and D. Silver. Parameter controlled skeletonization of three dimensional objects. In *Visualization '97 Hot Topics*, Octobre 1997.
- [158] N. Gagvani and D. Silver. Parameter controlled volume thinning. In *CVGIP : Graphical Models and Image Processing*, volume 61, pages 149–64, Orlando, FL, USA, Mai 1999. Academic Press, Inc.
- [159] G. Gerig, T. Koller, G. Szekely, C. Brechbuhler, and O. Kubler. Symbolic description of 3-d structures applied to cerebral vessel tree obtained from mr angiography volume data. In H. H. Barrett & A. F. Gmitro, editor, *IPMI '93 : Proceedings of the 13th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Lecture Notes in Computer Science*, volume 687, pages 94–111, Flagstaff, AZ, Juin 1993.
- [160] M.S. Hassouna, A.A. Farag, S. Hushek, and T. Moriarty. Cerebrovascular segmentation from TOF using stochastic models. *Med Image Anal*, 10(1) :2–18, Février 2006.

- [161] R.M. Hoogeveen, C.J. Bakker, and M.A. Viergever. Limits to the accuracy of vessel diameter measurement in MR angiography. *J Magn Reson Imaging*, 8(6) :1228–35, Novembre-Décembre 1998.
- [162] M.K. Hu. Visual pattern recognition by moment invariants. *IRE Trans Info Theory*, 8(2) :179–87, 1962.
- [163] X. Hu, N. Alperin, D.N. Levin, K.K. Tan, and M. Mengeot. Visualization of mr angiographic data with segmentation and volume-rendering techniques. *J Magn Reson Imaging*, 1991.
- [164] C. Kirbas and F. Quek. A review of vessel extraction techniques and algorithms. *ACM Computing Surveys (CSUR)*, 36(2) :81–121, Juin 2004.
- [165] T. Koller, G. Gerig, G. Szekely, and D. Dettwiler. Multiscale detection of curvilinear structures in 2d and 3d image data. In *ICCV'95 : Proceedings of the Fifth International Conference on Computer Vision*, pages 864–9, 1995.
- [166] K. Krissian. *Traitement multi-échelles : applications à l'imagerie médicale et à la détection tridimensionnelle de vaisseaux*. PhD thesis, Université de Nice - Sophia Antipolis, 2000.
- [167] R. Manniesing, B.K. Velthuis, M.S. van Leeuwen, I.C. van der Schaaf, P.J. van Laar, and W.J. Niessen. Level set based cerebral vasculature segmentation and diameter quantification in CT angiography. *Med Image Anal*, 10(2) :200–14, Avril 0.
- [168] M.E. Martinez-Perez, A.D. Hughes, A.V. Stanton, S.A. Thom, A.A. Bharath, and K.H. Parker. Retinal blood vessel segmentation by means of scale-space analysis and region growing. In *MICCAI '99 : Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 90–7, Cambridge, UK, Septembre 1999. Springer-Verlag.
- [169] M.E. Martinez-Perez, A.D. Hughes, A.V. Stanton, S.A. Thom, A.A. Bharath, and K.H. Parker. Segmentation of retinal blood vessels based on the second directional derivative and region growing. In *ICIP'99 : IEEE International Conference on Image Processing*, Kobe, Japan, Octobre 1999.
- [170] Y. Masutani, T. Schiemann, and K.H. Höhne. Vascular shape segmentation and structure extraction using a shape-based region-growing model. In *MICCAI '98 : Proceedings of the First International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 1242–9, Cambridge, MA, USA, Octobre 1998. Springer-Verlag.
- [171] L. Melie Garcia and Cuban Neuroscience Center. Cuba. Aleman-Gomez, Y. Neuroimaging Department. Individual Brain Atlases using Statistical Parametric Mapping software (IBASPM). [En ligne], 2004. Disponible sur : <<http://www.thomaskoenig.ch/Lester/ibaspm.htm>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [172] F. Meyer. Contrast feature extraction. In *Quantitative Analysis of Microstructures in Material Sciences, Biology and Medicine*. Riederer-Verlag, J. L. Chermant edition, 1977.

- [173] K. Mori, J. Hasegawa, Y. Suenaga, and J. Toriwaki. Automated anatomical labeling of the bronchial branch and its application to the virtual bronchoscopy system. *IEEE Trans Med Imaging*, 19(2) :103–14, Février 2000.
- [174] K. Mori, J.-I. Hasegawa, Y. Suenaga, J.-I. Toriwaki, H. Anno, and K. Katada. Automated labeling of bronchial branches in virtual bronchoscopy system. In *MICCAI '98 : Proceedings of the First International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, volume 1496, pages 870–8, Cambridge, MA, USA, Octobre 1998. Springer-Verlag.
- [175] R. Mukundan and K.R. Ramakrishnan. *Moment functions in image analysis : Theory and applications*. World Scientific, Novembre 1998.
- [176] M.M. Orkisz, C. Bresson, I.E. Magnin, O. Champin, and P.C. Douek. Improved vessel visualization in MR angiography by nonlinear anisotropic filtering. *Magn Reson Med*, 37(6) :914–9, Juin 1997.
- [177] D.L. Parker, B.E. Chapman, J.A. Roberts, A. Alexander, and J.A. Tsuruda. Enhanced image detail using continuity in the MIP Z-Buffer : applications to Magnetic Resonance Imaging Angiography. *J Magn Reson Imaging*, 11(4) :378–88, Avril 2000.
- [178] N. Passat, C. Ronse, J. Baruthio, J.-P. Armspach, and C. Maillot. Magnetic resonance angiography : From anatomical knowledge modeling to vessel segmentation. *Med Image Anal*, 10(2) :259–74, Avril 2006.
- [179] N. Passat, C. Ronse, J. Baruthio, J.-P. Armspach, C. Maillot, and C. Jahn. Region-growing segmentation of brain vessels : an atlas-based automatic approach. *J Magn Reson Imaging*, 21(6) :715–25, Juin 2005.
- [180] L. Pothuaud, P. Porion, E. Lespessailles, C.L. Benhamou, and P. Levitz. A new method for three-dimensional skeleton graph analysis of porous media : application to trabecular bone microarchitecture. *J Microsc*, 199 :149–61, Août 2000.
- [181] V. Prinet, O. Monga, and S. Ma. Extraction of vascular network in 3d images. In *ICIP'96 : IEEE International Conference on Image Processing*, volume 3, pages 307–10, Lausanne, Switzerland, Septembre 1996.
- [182] Y. Sato, S. Nakajima, N. Shiraga, H. Atsumi, S. Yoshida, T. Koller, G. Gerig, and R. Kikinis. Three dimensional multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images. *Med Imag Anal*, 2(2) :143–68, Juin 1998.
- [183] R.D. Swift, K. Ramaswamy, and W.E. Higgins. Adaptive axes-generation algorithm for 3D tubular structures. In *ICIP'97 : IEEE International Conference on Image Processing*, volume 2, pages 136–9, Santa Barbara, CA, USA, Octobre 1997.
- [184] B. Verdonck, I. Bloch, H. Maitre, D. Vandermeulen, P. Suetens, and G. Marchal. Accurate segmentation of blood vessels from 3d medical images. In *ICIP'96 : IEEE International Conference on Image Processing*, volume 3, pages 311–4, Lausanne, Switzerland, Septembre 1996.

- [185] D.L. Wilson and J.A. Noble. Segmentation of cerebral vessels and aneurysms from mr angiography data. In *IPMI '97 : Proceedings of the 15th International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, pages 423–8, London, UK, 1997. Springer-Verlag.
- [186] O. Wink, W.J. Niessen, and M.A. Viergever. Fast delineation and visualization of vessels in 3-d angiographic images. *IEEE Trans Med Imaging*, 19(4) :337–46, Avril 2000.
- [187] P. Yan and A.A. Kassim. Segmentation of volumetric MRA images using capillary active contour. *Med Image Anal*, 10(3) :317–29, Juin 2006.
- [188] P.J. Yim, J.J. Cebal, R. Mullick, H.B. Marcos, and P.L. Choyke. Vessel surface reconstruction with a tubular deformable model. *IEEE Trans Med Imaging*, 20(12) :1411–21, Décembre 2001.
- [189] P.J. Yim, P.L. Choyke, and R.M. Summers. Gray-scale skeletonization of small vessels in magnetic resonance angiography. *IEEE Trans Med Imaging*, 19(6) :568–76, Juin 2000.
- [190] S. Young, V. Pekar, and J. Weese. Vessel segmentation for visualization of mra with blood pool contrast agent. In *MICCAI '2001 : Proceedings of the Fourth International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, volume 2208, pages 491–8, Utrecht, The Netherlands, Octobre 2001. Springer-Verlag.
- [191] C. Zahlten, H. Jurgens, and H.O. Peitgen. Reconstruction of branching blood vessels from ct-data. In *Visualization in Scientific Computing*, pages 41–52, Wien, 1995. Springer-Verlag.



## Quatrième partie

### Visualisation de la morphologie, des veines, et de l'activation cérébrales



# Introduction

## Contexte en imagerie médicale

Bien plus qu'un simple domaine d'application, la visualisation de données médicales est un sujet de recherche à part entière en informatique. Bien entendu, c'est tout d'abord la réponse à un besoin spécifique, qui passe par la mise en oeuvre de méthodes ayant déjà fait leurs preuves au sein de la communauté informatique. Mais c'est aussi une voie nouvelle qui laisse la place au développement de méthodes applicables aux données de dimension supérieure à trois.

En imagerie médicale, la visualisation de volumes dite classique se fait en 2D, image par image ou par planches d'images. Avec l'apparition puis la généralisation de techniques d'imagerie et de visualisation 3D [212], la communauté s'est rapidement rendu compte qu'il ne fallait pas bouleverser la visualisation 2D existante en essayant de la remplacer par la visualisation 3D, mais au contraire de proposer de nouveaux outils qui viendraient enrichir et aider les processus de visualisation de données.

Les développements grandissants en imagerie multimodale ont par ailleurs établi la problématique d'une visualisation simultanée de jeux de données acquis séparément [215, 203]. Sans la définition d'un support commun, ces visualisations nécessiteraient un travail mental important d'analyse des correspondances entre les différents jeux de données, en particulier dans le cas 2D qui nécessite déjà de se représenter mentalement chaque volume étudié.

Enfin, considérant différentes études dynamiques telles que les battements cardiaques ou le fonctionnement cérébral, une dimension temporelle peut s'ajouter aux trois dimensions spatiales des données. Un nouveau challenge intervient donc dans la visualisation 4D des données [206, 209, 195].

Le besoin d'un outil de visualisation pour notre projet s'exprime précisément dans ce contexte : la visualisation 4D multimodale. En effet, il s'agit d'une part d'être en mesure d'observer précisément l'activation cérébrale. Cela implique donc un rendu 3D de l'activation avec une localisation spatiale précise, avec également l'animation du décours temporel associé, et le tout exprimé par rapport à la surface corticale pour une meilleure localisation. D'autre part, il est nécessaire de pouvoir combiner des visualisations de l'anatomie, de l'activation, et des veines.

## Processus informatique de visualisation de données

Le processus informatique de visualisation de données peut se caractériser par deux étapes fondamentales : la modélisation et le rendu [197].

La modélisation consiste à établir une structuration informatique des données, par exemple par nuages de points, échantillons discrets, fonctions mathématiques, maillages polygonaux, arbres, Constructive Solid Geometry (CSG), etc. Le rendu définit une stratégie de représentation, par exemple sur un écran, de la structure des données obtenue par modélisation.

Le rendu peut être surfacique ou volumique, selon qu'il s'attache à restituer la surface des objets uniquement ou à effectuer un affichage de chaque échantillon des données.

On parle de rendu indirect lorsque l'étape de modélisation est effectuée antérieurement au rendu lui-même. C'est le cas par exemple de l'algorithme des *Marching Cubes* [208, 198] qui procède d'abord à une reconstruction d'iso-surfaces en utilisant une représentation par maillage polygonal ; puis ce maillage est transféré pour rendu aux unités matérielles de calcul graphique [194].

Par opposition, le rendu direct considère l'ensemble des données initiales et génère directement les caractéristiques d'affichage (lumière, couleur, opacité, etc.) pour chaque point, en utilisant des techniques classiques de synthèse d'image : lancer de rayons, radiosit , projections, textures, etc.

Chacune de ces techniques pr sente ses propres avantages et inconv nients face   l'objectif de la visualisation multimodale 4D. Dans le cas du rendu surfacique [207], le placage de l'information temporelle IRMf sur la surface du cortex conduit   des impr cisions anatomiques importantes en ne restituant pas l'effet de profondeur intra-corticale de l'activation. Le rendu volumique [214, 201, 204, 200] implique d'utiliser de la transparence sur le cortex afin de visualiser l'activation int rieure. Cela implique  galement que des d tails anatomiques du cortex doivent  tre sacrifi s. La visualisation peut alors  tre enrichie par l'utilisation des concepts de r alit  augment e [205, 202].

Ces fondements sont mis en oeuvre dans de nombreux logiciels de visualisation de donn es m dicales (c r brales), qu'ils soient commerciaux ou libres d'utilisation. La liste suivante n'est bien entendu pas exhaustive, mais on peut notamment citer *BrainVoyager* [196], *MEDx* [211] ou *3D-DOCTOR* [192] pour les logiciels commerciaux, mais aussi *AFNI* [199], *FreeSurfer* [210], *MRICro* [213], *Mri3dX* [193] pour les logiciels libres. Ces diff rents outils sont   des stades d' volution diff rents, mais la plupart g n ralisent d sormais le concept de rendu volumique multimodal.

## Motivation

Lorsque le besoin d'un outil de visualisation 4D est apparu dans notre projet, le rendu 3D n' tait pas encore g n ralis  au sein des divers logiciels existants et l'aspect dynamique de la visualisation 4D n' tait pas pris en compte. Un nouvel outil adapt    nos besoins de visualisation multimodale 4D a donc  t  d velopp , en

établissant un cahier des charges précis (cf. besoins fonctionnels et non fonctionnels ci-après). Le développement d'un outil demande un investissement important, mais présente l'avantage de pouvoir en maîtriser totalement le développement, l'utilisation, et l'évolution.

Le logiciel proposé se distingue par sa conception et son architecture basée sur un système de plugins, concept qui est aujourd'hui devenu très répandu par les travaux de nombreux groupes de la recherche publique et industrielle.

## Besoins fonctionnels

On identifie les besoins fonctionnels du logiciel en établissant 5 catégories ; les 4 premières correspondent à des visualisations 1D à 4D, la cinquième regroupe divers réglages et outils.

**Visualisation 1D** L'information temporelle associée à chaque voxel de la carte d'activation est affichée par une courbe 1D.

**Visualisation 2D** Il s'agit ici de fournir les vues classiques en imagerie médicale, à savoir coupe par coupe ou par planche de coupes, en vue axiale, coronale et sagittale. De plus, on peut visualiser aussi bien les images de module que de phase.

**Visualisation 3D** On s'intéresse à un rendu à la fois surfacique et volumique. L'algorithme des Marching Cubes permet de construire des maillages polygonaux représentant les iso-surfaces des volumes de données. Un outil de simplification de maillage est intégré afin de ne conserver que la surface extérieure. L'activation cérébrale est restituée par un rendu basé voxel. Un tracé interactif de plans de coupes permet en outre de découper le ou les volumes ; chaque plan de coupe est texturé par l'information extraite des données initiales (morphologiques ou fonctionnelles).

**Visualisation 4D** L'évolution temporelle de l'activation est visualisée en 3D en introduisant une échelle de couleur représentant l'amplitude du décours temporel. L'animation des couleurs permet de restituer l'information temporelle.

**Autres outils** Des outils classiques sont également incorporés : gestion de transformations géométriques (grossissements, translations, rotations), de la transparence et des couleurs, du contraste et de la luminosité. Il est possible de tracer en 2D et d'analyser des ROI. La lecture et la sauvegarde de données dans des formats standards est nécessaire. Les traitements d'images peuvent être automatisés et regroupés par la création de scripts. Enfin, la gestion d'un historique des opérations est envisagé.

## Besoins non fonctionnels

La richesse des fonctionnalités de l'outil entraîne le besoin d'une architecture qui soit modulaire et qui facilite l'évolution des fonctionnalités. Un système à base de

plug-ins satisfait cette contrainte. Les détails d'implémentation doivent être indépendants du reste du code ; la structure globale reste générique et homogène. On peut envisager un fonctionnement sur diverses plates-formes. Par ailleurs, étendre et embarquer un langage de script (Python) permet des traitements automatisés, ce qui implique la distinction entre deux modes de fonctionnement : en ligne de commande et par le biais d'interfaces graphiques. La gestion d'un graphe de scène représentant l'ordonnancement des différents traitements permet une programmation à la souris. Enfin, pour un confort de l'utilisateur, l'affichage doit être fluide, en particulier pour le découpage des objets 3D par plans de coupes et l'animation de l'activation cérébrale.

# Chapitre 11

## Le logiciel Rhéa

### 11.1 Architecture

Le logiciel est conçu sur une base de type noyau/plugins en C++, système devenu aujourd'hui relativement courant. Cette structure permet d'ajouter et supprimer des fonctionnalités sans avoir à modifier ou recompiler l'ensemble de l'outil. Cinq sortes de plugins ont été identifiées pour cette architecture :

- des plugins TYPE qui gèrent les différents types de données manipulables (images nD, maillages, ...);
- des plugins ENTREE/SORTIE qui gèrent la lecture et la sauvegarde des données (données IRM, image PGM, ...) dans des fichiers sur disque;
- des plugins ACTION qui contiennent les traitements pouvant modifier les données originales ou en créer de nouvelles (exemple : filtrage, segmentation, recalage, ...);
- des plugins VISUALISATION qui préparent les données traitées en vue soit de leur affichage soit de leur sauvegarde sur disque (exemple : extraction d'une coupe à partir d'un volume, génération de code OpenGL, ...);
- des plugins INTERFACE qui gèrent l'affichage des données et de diverses boîtes de dialogues ; ils sont les seuls à être dépendants du système de fenêtrage (Qt, GTK+, ...).

Les plugins communiquent directement entre eux, de manière descendante et ascendante par passage de paramètres, ce qui permet de ne pas saturer le noyau.

### 11.2 Principales fonctionnalités

Outre les classiques visualisations bidimensionnelles coupe par coupe ou par planche, l'outil propose des visualisations 3D du cortex et de l'activation, à différentes résolutions et en incluant une gestion de la transparence (figure 11.1).

Le modèle 3D peut être découpé interactivement à la souris par tracé d'un segment 2D représentant l'intersection avec la fenêtre d'affichage d'un plan de coupe qui lui est perpendiculaire. Un algorithme de découpage robuste et rapide a été développé (cf. paragraphe 11.2.1). Le plan de coupe est ensuite texturé avec les données

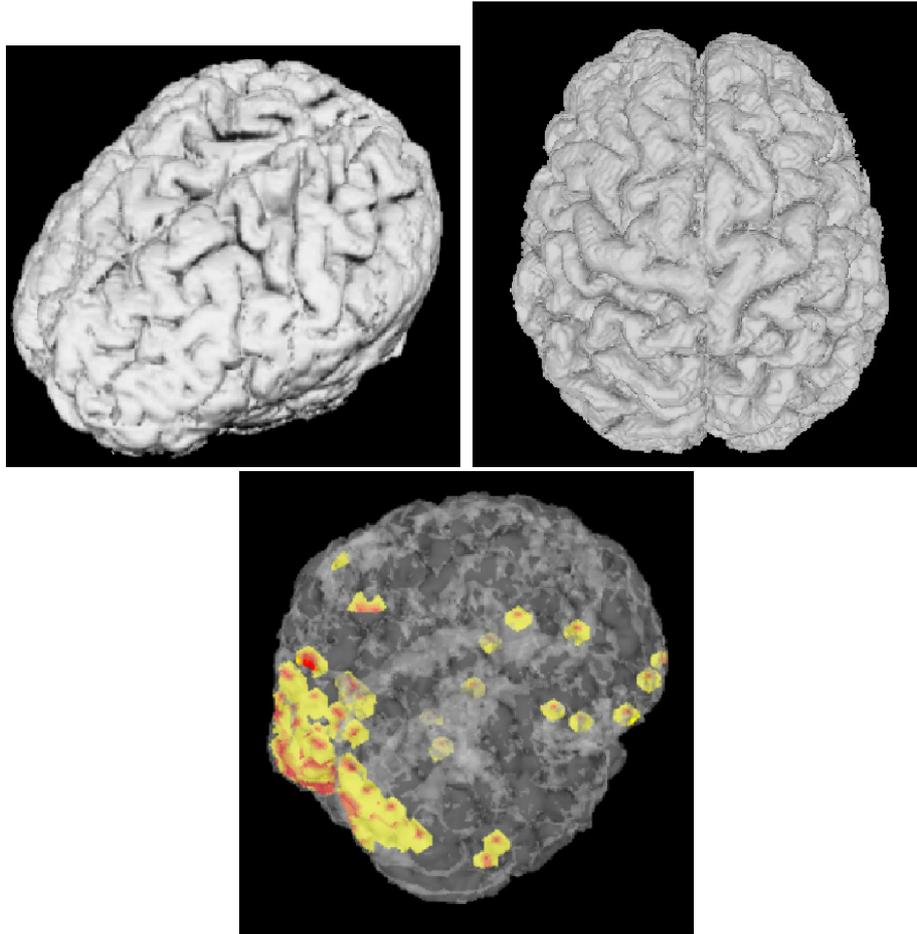


FIG. 11.1 – Visualisation 3D des données. Haut : surface du cortex à différentes résolution d'images. Bas : utilisation de la transparence sur le cortex pour laisser apparaître l'activation en fausses couleurs.

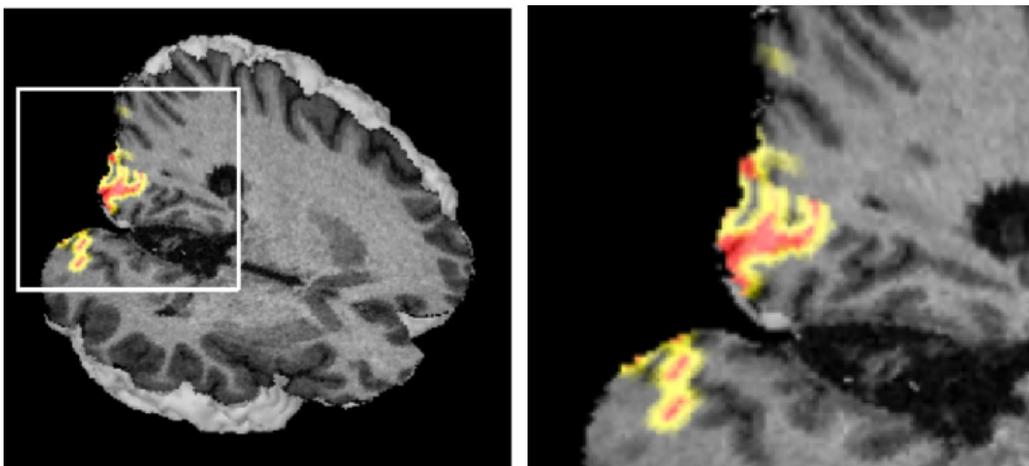


FIG. 11.2 – Volume 3D anatomique avec deux plans de coupes, avec textures de l'anatomie (en gris) et de l'activation cérébrale (en fausses couleurs). Gauche : volume entier. Droite : portion délimitée par le cadre blanc sur la figure de gauche.

IRM morphologiques et/ou de l'activation cérébrale. Il est possible d'utiliser plusieurs plans de coupe simultanément, en les combinant par des opérations d'union et d'intersection (figure 11.2).

L'information temporelle en IRMf est donnée par le décours temporel de la réponse hémodynamique correspondant à une stimulation. Le décours temporel est obtenu en approximant la courbe des données expérimentales des régions du cerveau activées par des modèles mathématiques tels que les fonctions Gamma [7], fonctions Gaussiennes [23] ou d'autres plus complexes [14]. Les valeurs de la fonction résultante sont modélisées par une échelle de couleurs jaune-orange-rouge. Le modèle est suréchantillonné et le délai temporel entre deux points consécutifs est étiré pour être perceptible. La figure 11.3 illustre le résultat de la visualisation 4D de l'activation cérébrale sur un support anatomique 3D.

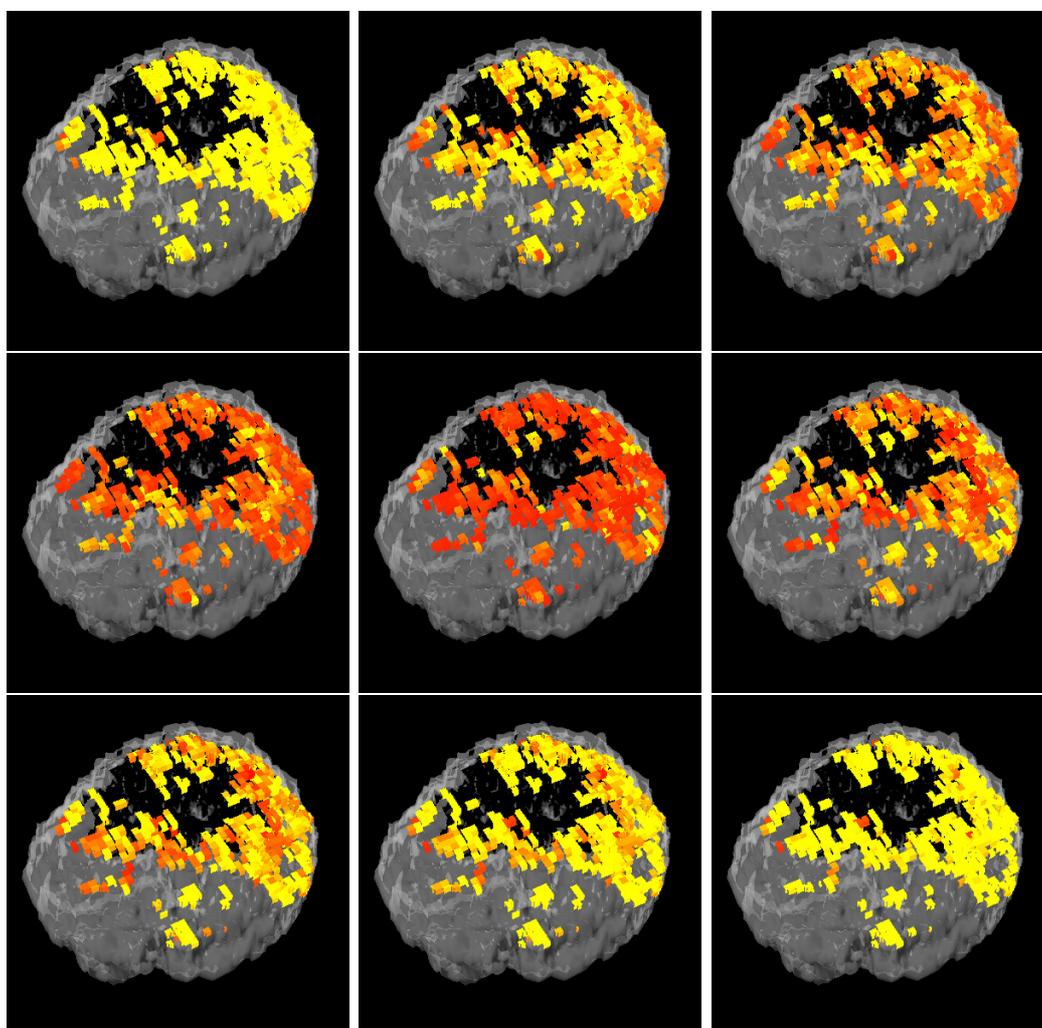


FIG. 11.3 – Animation de l'activation cérébrale : visualisations 3D successives sur une période de 10 secondes après la stimulation. Sens de parcours : de gauche à droite et de haut en bas.

### 11.2.1 Tracé interactif de plans de coupes

#### Affichage d'un modèle à l'écran

Le processus d'affichage d'un modèle 3D à l'écran (2D) peut se résumer en 5 étapes :

- définition de l'objet (modèle numérique) dans un repère  $R_{obj}$  qui lui est propre ;
- expression des coordonnées de l'objet dans un repère universel  $R_{uni}$  ;
- expression des coordonnées de l'objet dans le repère  $R_{cam}$  associé à la caméra (représentation virtuelle de l'observateur) ;
- projection de l'objet sur un plan et expression des coordonnées de l'objet dans le repère  $R_{prj}$  associé à ce plan de projection ;
- transformation des coordonnées de l'objet projeté en coordonnées écran (repère  $R_{ecr}$ ).

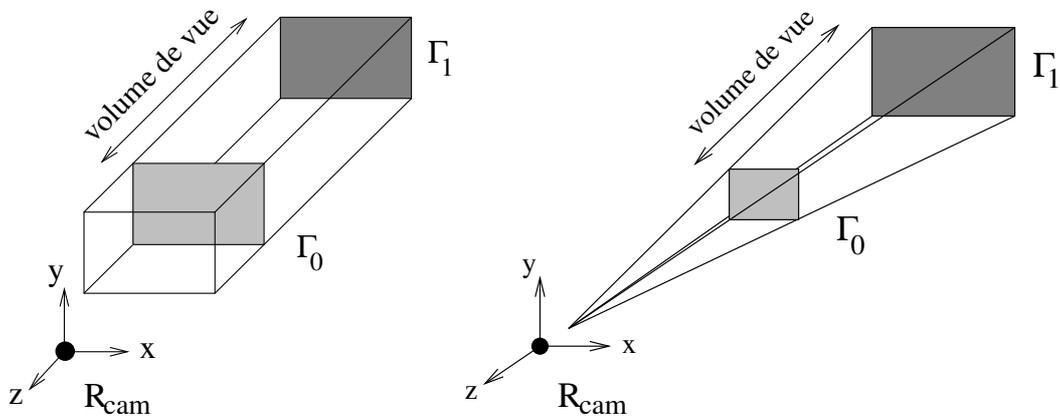


FIG. 11.4 – Volumes de vue associés à des projections parallèles (gauche) et perspectives (droite).

À chacune de ces étapes est associée une matrice de transformation  $4 \times 4$  basée sur l'utilisation de coordonnées homogènes. La transformation globale peut ainsi être calculée par multiplication des 5 matrices de transformation. Ces matrices et la transformation globale sont connues à chaque instant, et réévaluées à chaque modification (notamment de positionnement) de l'objet, de la caméra, etc. On appellera  $M_{oc}$  la matrice de passage de  $R_{obj}$  à  $R_{cam}$ , et  $M_{cp}$  la matrice de passage de  $R_{cam}$  à  $R_{prj}$ .

On définit également un volume de vue, qui représente la partie de l'espace 3D visible par la caméra. La forme du volume de vue est liée au type de projection utilisée : un parallélépipède pour les projections parallèles, une pyramide tronquée pour les projections perspectives (figure 11.4). On notera la présence de deux plans perpendiculaires à l'axe de vue de la caméra, appelés plans de coupe avant et arrière, notés respectivement  $\Gamma_0$  et  $\Gamma_1$ .

Enfin, on identifie une zone d'affichage rectangulaire à l'écran (qui peut être l'écran entier ou une fenêtre du système graphique). Cette zone est définie par sa largeur  $L$  et sa hauteur  $H$  ainsi que par les coordonnées  $(a, b)$  du coin supérieur gauche de la zone exprimées dans  $R_{ecr}$ . Dans cette zone est ensuite choisi (à l'aide de la souris) un couple de points 2D qui va permettre de déterminer un plan de coupe.

### Calcul de l'équation du plan de coupe

Les deux points sélectionnés à l'écran vont être replongés dans le volume de vue 3D. On utilise pour cela la formule de projection inverse suivante :

$$\begin{pmatrix} x_o \\ y_o \\ z_o \\ 1 \end{pmatrix} = (M_{cp}M_{oc})^{-1} \begin{pmatrix} \frac{2(x_e-a)}{L} - 1 \\ \frac{2(y_e-b)}{H} - 1 \\ 2z_e - 1 \\ 1 \end{pmatrix} \quad (11.1)$$

où  $(x_o, y_o, z_o)$  sont les coordonnées recherchées du point dans le volume de vue, et  $(x_e, y_e, z_e)$  les coordonnées du point de départ sélectionné dans la zone d'affichage.  $x_e$  et  $y_e$  correspondent directement à la position du curseur de la souris.  $z_e$  permet de donner une profondeur au point cliqué. Par exemple, si  $z_e$  vaut 0, le point est supposé appartenir à  $\Gamma_0$  ; si  $z_e$  vaut 1, le point est supposé appartenir à  $\Gamma_1$ . Les deux points cliqués sont chacun projetés comme s'ils appartenaient à  $\Gamma_0$  puis à  $\Gamma_1$ , ce qui donne au final 4 points coplanaires  $P_1, P_2, P_3, P_4$  (figure 11.5).

À partir de trois (quelconques) de ces points, on peut calculer l'équation du plan qui les contient. Pour rappel, l'équation d'un plan est  $Ax + By + Cz + D = 0$ , où  $(A, B, C)$  sont les coordonnées de sa normale  $\vec{N}$ . On trouve  $\vec{N}$  par le produit vectoriel des vecteurs normalisés  $\overrightarrow{P_1P_2}$  et  $\overrightarrow{P_1P_3}$ . Notons que  $\overrightarrow{P_1P_2}$  et  $\overrightarrow{P_1P_3}$  ne sont pas nécessairement perpendiculaires. La valeur de  $D$  est ensuite obtenue par injection des valeurs de  $A, B$  et  $C$  dans l'équation du plan.

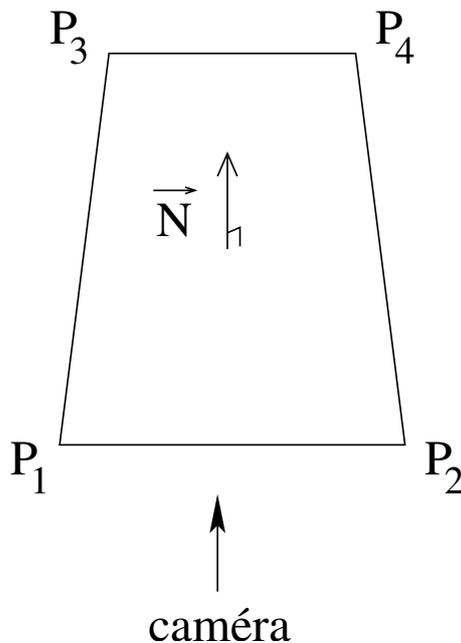


FIG. 11.5 – Définition du plan de coupe.

### Découpage d'un maillage par un plan

Un plan de coupe définit deux sous-espaces 3D : un demi-espace  $\Delta_1$  où l'information sera préservée et un demi-espace  $\Delta_2$  où l'information sera supprimée. Découper un maillage par un plan revient à identifier dans quel(s) demi-espace(s) se situe chaque facette triangulaire composant le maillage puis à découper les facettes qui appartiennent aux deux demi-espaces. On commence par identifier la position de chaque facette par rapport au plan de coupe. Pour cela, on évalue l'équation du plan en chacun des trois sommets composant la facette. La valeur résultante  $d$  est nulle si le sommet appartient au plan. On pose que  $\Delta_1$  est l'ensemble des points où  $d$  est positive, et que  $\Delta_2$  est l'ensemble des points où  $d$  est négative. Pour chaque facette, on a donc trois valeurs modélisant sa position par rapport au plan :  $c_1$ ,  $c_2$  et  $c_3$ . Si les  $c_i$  sont de même signe et positifs, la facette est entièrement conservée. Si les  $c_i$  sont de même signe et négatifs, la facette est entièrement supprimée. Si les  $c_i$  sont de signes différents, il faut découper la facette.

Le découpage d'une facette se distingue selon deux configurations dépendantes du nombre de sommets tronqués par le plan. D'une part, si deux sommets sont tronqués, la facette reste triangulaire et les deux points d'intersection du plan et de la facette remplacent les sommets tronqués (figure 11.6). D'autre part, si un seul sommet est tronqué, la facette résultante contient quatre sommets (les deux sommets non tronqués et les deux intersections de la facette et du plan). Il faudra subdiviser la facette en deux facettes triangulaires (figure 11.7).

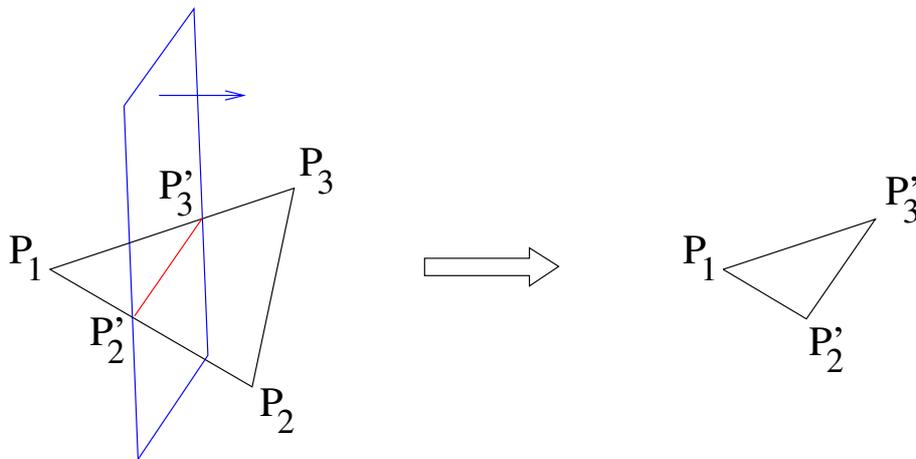


FIG. 11.6 – Découpage d'une facette par un plan. Cas 1 : deux sommets sont tronqués ; la facette reste triangulaire.

### Changement de repère : du repère plan au repère universel

On construit tout d'abord un repère orthonormé associé au plan. Il suffit de reprendre le calcul de  $\vec{N}$  effectué précédemment. Soit  $\vec{U}$  le vecteur  $\overrightarrow{P_1P_2}$  normalisé. Le troisième vecteur  $\vec{V}$  du repère orthonormé est obtenu par produit vectoriel de  $\vec{N}$  et  $\vec{U}$ .

On ramène par translation l'origine de ce repère associé au plan sur l'origine  $O$  du

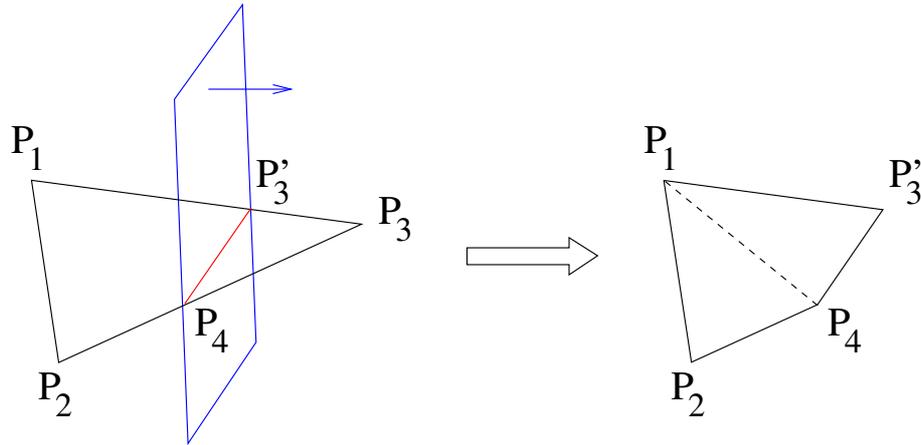


FIG. 11.7 – Découpage d’une facette par un plan. Cas 2 : un seul sommet est tronqué ; il faut subdiviser la facette après découpage.

repère universel  $(\vec{x}, \vec{y}, \vec{z})$ . On cherche alors par trigonométrie les 3 angles d’Euler  $\theta_x, \theta_y, \theta_z$  permettant d’orienter le repère du plan dans les mêmes directions que le repère universel.

**Estimation de  $\theta_x$**  Soit  $\vec{z}_1$  la projection perpendiculaire de  $\vec{N}$  dans le plan  $(Oyz)$  (figure 11.8). On obtient  $\theta_x$  par sa tangente si  $N_z \gg 0$  ou par sa cotangente si  $N_z$  est petit :

$$\tan(\theta_x) = \frac{N_y}{N_z} \quad (11.2a)$$

$$\cot(\theta_x) = \frac{N_z}{N_y} \quad (11.2b)$$

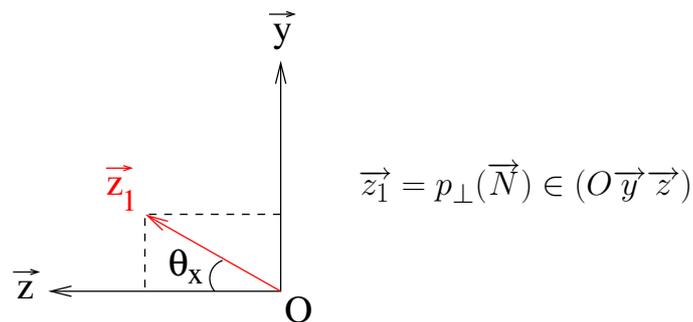


FIG. 11.8 – Calcul de  $\theta_x$ .

**Estimation de  $\theta_y$**  Soit  $\vec{z}_2$  le résultat de l’application au vecteur  $\vec{N}$  d’une rotation d’angle  $\theta_x$  (figure 11.9). Par cette opération, la coordonnée sur  $\vec{x}$  de  $\vec{z}_2$  reste égale à celle de  $\vec{N}$  ; la coordonnée sur  $\vec{y}$  de  $\vec{z}_2$  s’annule ; la coordonnée sur  $\vec{z}$  de  $\vec{z}_2$  se déduit

des précédentes et du fait que  $\vec{z}_2$  est normalisé. On obtient  $\theta_y$  par sa tangente :

$$\tan(\theta_y) = \frac{N_x}{\sqrt{1 - N_x^2}} \quad (11.3)$$

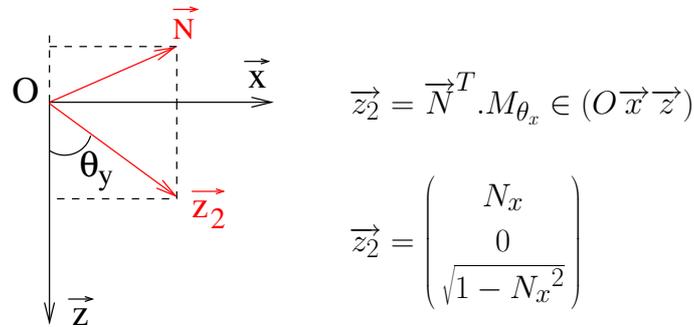


FIG. 11.9 – Calcul de  $\theta_y$ .

**Estimation de  $\theta_z$**  Soit  $\vec{x}_2$  le résultat de l'application au vecteur  $\vec{U}$  des rotations d'angles  $\theta_x$  et  $\theta_y$  (figure 11.10). Les coordonnées de  $\vec{x}_2$  s'expriment alors :

$$\begin{pmatrix} x_{2x} \\ x_{2y} \\ x_{2z} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} c_y U_x + s_x s_y U_y + c_x s_y U_z \\ c_x U_y + s_x U_z \\ -s_y U_x + s_x c_y U_y + c_x c_y U_z \end{pmatrix} \quad (11.4)$$

où  $c_x, s_x, c_y, s_y$  représentent respectivement les cosinus et sinus des angles  $\theta_x$  et  $\theta_y$ . On obtient  $\theta_z$  par sa tangente :

$$\tan(\theta_z) = \frac{c_x U_y + s_x U_z}{c_y U_x + s_x s_y U_y + c_x s_y U_z} \quad (11.5)$$

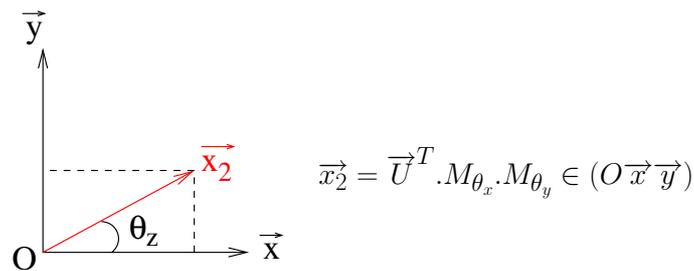


FIG. 11.10 – Calcul de  $\theta_z$ .

### Intersection du plan et d'un volume englobant

Un volume englobant est associé au modèle 3D des données. Ce volume est ici un cube de côté 2 centré sur  $O$  et dont les côtés contiennent les axes du repère universel. On cherche les points d'intersection du plan de coupe avec ce cube englobant, dans le repère universel. Pour cela, on détermine les intersections du plan avec chaque arête du cube (figure 11.11).

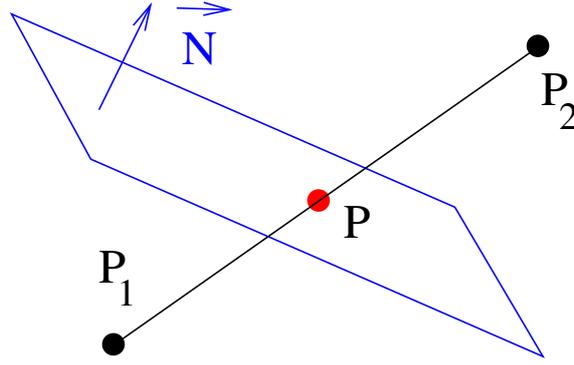


FIG. 11.11 – Intersection d'un plan et d'une droite.

**Intersection d'un ligne et d'un plan** Soient  $P_1(x_1, y_1, z_1)$  et  $P_2(x_2, y_2, z_2)$  les points délimitant l'arête du cube considérée. L'équation de la droite passant par ces deux points est décrite par l'ensemble des points  $P$  qui lui appartiennent :  $P = P_1 + u \cdot (\overrightarrow{P_1P_2})$  où  $u$  est un indicateur scalaire de la position du point  $P$  sur la droite par rapport aux positions de  $P_1$  et  $P_2$  :

- $u < 0 \iff P \notin [P_1P_2]$  et  $\|P_1P\| < \|P_2P\|$  ;
- $u \in [0, 1] \iff P \in [P_1P_2]$  ;
- $u > 1 \iff P \notin [P_1P_2]$  et  $\|P_1P\| > \|P_2P\|$ .

Les points d'intersection recherchés ici correspondent donc aux valeurs de  $u$  comprises dans l'intervalle  $[0, 1]$ . La substitution de l'équation de la droite dans l'équation du plan conduit à :

$$A(x_1 + u(x_2 - x_1)) + B(y_1 + u(y_2 - y_1)) + C(z_1 + u(z_2 - z_1)) + D = 0 \quad (11.6)$$

ce qui donne après résolution la valeur de  $u$  correspondant au(x) point(s) d'intersection :

$$u = \frac{Ax_1 + By_1 + Cz_1 + D}{A(x_1 - x_2) + B(y_1 - y_2) + C(z_1 - z_2) + D} \quad (11.7)$$

Si le dénominateur est nul, alors la normale au plan est perpendiculaire à la droite ; cela signifie que soit la ligne est parallèle au plan et il n'y a pas de point d'intersection, soit la ligne appartient au plan auquel cas il y a une infinité de solutions.

### Matrices de passage : repère plan/repère universel

À partir du barycentre  $(B_x, B_y, B_z)$  des points d'intersection et des 3 angles de rotation précédemment calculés, on peut déterminer la matrice de passage du repère plan au repère universel  $M_{pu}$  ainsi que son inverse  $M_{up}$ . Soit  $T$  la matrice de transformation représentant une translation 3D de valeurs  $B_x, B_y, B_z$  suivant chacun des axes du repère universel respectivement. Soit  $R_x, R_y, R_z$  les matrices de rotation d'angles  $\theta_x, \theta_y, \theta_z$  suivant chacun des axes du repère universel respectivement.

On a alors :

$$M_{pu} = T^{-1} \cdot R_x \cdot R_y \cdot R_z \quad (11.8)$$

$$M_{up} = M_{pu}^{-1} = R_z^{-1} \cdot R_y^{-1} \cdot R_x^{-1} \cdot T \quad (11.9)$$

### Placage de texture sur un plan de coupe

Un plan de coupe est texturé avec les données IRM de manière à enrichir la visualisation.

Les points d'intersection du plan de coupe et du volume englobant, calculés dans le repère universel, sont tout d'abord exprimés dans le repère du plan en utilisant la matrice  $M_{up}$ , ce qui conduit à l'annulation de la troisième coordonnée des points. Les minima et maxima des deux premières coordonnées de ces points sont calculés, délimitant la surface à texturer. En utilisant la matrice  $M_{pu}$ , on peut établir la correspondance entre chaque point du plan et un point des données IRM, et ainsi construire la texture qui sera apposé sur le plan de coupe.

Afin de ne pas obstruer de l'information utile par la génération de zones noires sur la texture, les voxels dont l'intensité est inférieure à un seuil donné proche de 0 sont rendus transparents. Cela permet de simuler une texture dont la forme épouse les contours irréguliers des données IRM (figure 11.2).

# Chapitre 12

## Discussion

Nous avons présenté dans cette partie un nouvel outil de visualisation de l'information d'activation cérébrale sur un support 3D construit à partir de données d'IRM morphologique. L'architecture complète du logiciel a été mise en place avec succès, en portant un intérêt particulier au développement informatique basé sur les concepts de la programmation objet, notamment en combinant le concept d'héritage avec celui de plugins. La plupart des éléments prévus ont été intégrés ; il manque encore la gestion de scripts, de graphe de scène et d'historique.

Le logiciel permet de visualiser l'activation cérébrale, la surface corticale, mais également la structure veineuse en utilisant les mêmes principes de visualisation. L'outil de découpage des objets 3D par tracé interactif de plans de coupe permet d'enrichir localement la visualisation de l'information. La méthode de découpage décrite utilise des concepts simples de géométrie ; son implémentation sur le processeur graphique peut être envisagée afin de fluidifier davantage le processus de visualisation.

Le système de plugins permet d'ajouter des fonctionnalités sans avoir à modifier et/ou recompiler le code déjà en place. L'intégration par ce moyen d'une boîte à outils complète pour l'analyse de l'activation cérébrale est envisagée. Le logiciel deviendrait alors un réel outil de valorisation de la recherche, et un dénominateur commun potentiel entre plusieurs groupes ou laboratoires.

Enfin, on peut imaginer l'extension de la visualisation aux dimensions supérieures à 4, par exemple dans le cadre d'une combinaison de techniques d'IRMf et d'EEG, où chacune fournit une information spatio-temporelle.

En augmentant le volume des données, on augmente également le délai d'affichage et la difficulté à identifier l'information pertinente. Les temps de rendu peuvent être raccourcis par la programmation directe du matériel graphique. La solution au choix de l'information pertinente est sans doute tributaire de l'utilisateur et implique peut-être l'ajout de diverses options d'affichage dans l'outil.



# Bibliographie

## Visualisation de données

- [192] Able Software Corp. 3D-DOCTOR. [En ligne]. Disponible sur : <http://www.ablesw.com/3d-doctor/3dhome.html> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [193] Aston University. Mri3dX. [En ligne]. Disponible sur : <http://imaging.aston.ac.uk/mri3dX/> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [194] J.A. Baerentzen and N.J. Christensen. Hardware accelerated point rendering of isosurfaces. In *Journal of WSCG'03*, volume 11, pages 41–48, Plzen, République Tchèque, Février 2003.
- [195] R. Baumgartner and R. Somorjai. Graphical display of fMRI data : visualizing multidimensional space. *Magn Reson Imag*, 19 :283–6, 2001.
- [196] Brain Innovation B. V. BrainVoyager. [En ligne]. Disponible sur : <http://www.brainvoyager.com/> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [197] K. Bühler, P. Felkel, and A. La Cruz. Geometric methods for vessel visualization and quantification - a survey. Technical Report TR\_VRVis\_2002\_035, VRVis Research Center, Vienna, Austria, 2002.
- [198] E.V. Chernyaev. Marching Cubes 33 : Construction of topologically correct isosurfaces. Technical Report CN/95-17, CERN, Geneva, Switzerland, 1995. Disponible sur : <http://wwwinfo.cern.ch/asdoc/psdir/mc.ps.gz> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [199] R. W. Cox. AFNI. [En ligne]. Disponible sur : <http://afni.nimh.nih.gov/afni/> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [200] B. Csébfalvi, A. König, and E. Gröller. Fast surface rendering of volumetric data. In *Journal of WSCG'00*, Plzen, République Tchèque, Février 2000.
- [201] R.A. Drebin, L. Carpenter, and P. Hanrahan. Volume rendering. In *SIGGRAPH'88 : Computer Graphics*, volume 22, pages 65–74, 1988.
- [202] P. Felkel, A. Fuhrmann, A. Kanitsar, and R. Wegenkittl. Surface reconstruction of the branching vessels for augmented reality aided surgery. In *BIOSIGNAL'02*, volume 16, pages 252–4, Juin 2002.
- [203] D.T. Gering, A. Nabavi, R. Kikinis, N. Hata, L.J. O'Donnell, W.E.L. Grimson, F.A. Jolesz, P.M. Black, and W.M. WellsIII. An integrated visualization system for surgical planning and guidance using image fusion and an open MR. *J Magn Reson Imaging*, 13 :967–75, 2001.

- [204] A. Kaufman. Volume visualization. In *IEEE Computer Society Press*, Los Alamitos, CA, 1991.
- [205] A. König, H. Doleisch, and E. Gröller. Multiple views and magic mirrors - fMRI visualization of the human brain. Technical report, Inst. of Computer Graphics and Algorithms, Vienna Univ. of Technology, Février 1999. Disponible sur : <<http://www.cg.tuwien.ac.at/research/vis/vismed/MM/>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [206] A. Krieke and H.J. Wagner. A method for spatio-temporal (4-d) data representation in confocal microscopy : application to neuroanatomical plasticity. *J Microsc*, 169 :27–31, 1993.
- [207] M. Levoy. Display of surfaces from volume data. *IEEE Computer Graphics & Applications*, 8 :29–37, 1988.
- [208] W.E. Lorensen and H.E. Cline. Marching cubes : a high resolution 3D surface construction algorithm. *Computer Graphics*, 21(4) :163–9, Juillet 1987.
- [209] L. Lucas, F. Trunde, and N. Bonnet. Time-dependent 3D data sets rendering : an extension of morphing technique. *J. of Visualization and Computer Animation*, 7(4) :193–209, 1996.
- [210] Martinos Center for Biomedical Imaging. FreeSurfer. [En ligne]. Disponible sur : <<http://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [211] Medical Numerics Inc. MEDx. [En ligne]. Disponible sur : <<http://medx.sensor.com/>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [212] R.A. Robb and C. Barillot. Interactive display and analysis of 3-D medical images. *IEEE Trans Med Imag*, 8 :217–26, 1989.
- [213] The University of Nottingham. MRIcro. [En ligne]. Disponible sur : <<http://www.sph.sc.edu/comd/rorden/mricro.html>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [214] C. Upson and M. Keeler. V-buffer : Visible volume rendering. In *SIGGRAPH'88 : Computer Graphics*, volume 22, pages 59–64, 1988.
- [215] K. Zuiderveld. *Visualization of Multimodality Medical Volume Data using Object-Oriented Methods*. PhD thesis, Universiteit Utrecht, Netherlands, 1995.

# Conclusion générale et perspectives



Dans cette thèse, nous avons développé des méthodes et des outils pour le traitement de l'activation cérébrale en IRMf afin de réduire l'influence du bruit thermique et des grandes veines. L'objectif était de proposer des outils de correction associés à des méthodes d'analyse pour permettre une intégration dans une chaîne de traitements.

Ainsi, une méthodologie d'analyse du bruit thermique permet de quantifier avant traitement les effets d'un filtre Gaussien selon des critères tels que le signal sur bruit, le contraste, la perte en résolution spatiale, et la précision de l'information de phase. Une correction de l'influence des grandes veines a été développée grâce à l'utilisation d'outils de segmentation, de recalage, et d'analyse du taux de vascularisation. Enfin, la création d'un outil de visualisation adapté constitue un support pour l'analyse des corrections effectuées.

La fusion des outils de filtrage, de segmentation, de recalage, d'analyse et de visualisation constitue une boîte à outils qui peut être mise à la disposition de chercheurs et de cliniciens utilisant l'IRMf. D'un point de vue fondamental, elle permet de caractériser les variations sur les cartes d'activation corrigées en fonction du choix du seuil sur l'indice de vascularisation. On peut notamment suivre le déplacement des maxima d'activation pour chaque zone activée. D'un point de vue clinique, ces outils permettent de donner un indice de confiance sur la localisation des aires d'activation, par exemple autour de tumeurs cérébrales, en indiquant les aires liées à un foyer neuronal ou à une grande veine.

La méthode et l'outil de filtrage peuvent être combinés à une segmentation d'images, qui bénéficiera alors de critères de validation supplémentaires, comme par exemple un indice sur la précision de la localisation des contours identifiés. De plus, des filtres adaptatifs plus robustes peuvent s'intégrer à la méthodologie de filtrage en reformulant les descriptions mathématiques.

La segmentation prend en compte les caractéristiques géométriques locales des images afin de respecter la continuité des vaisseaux. Leur détection peut être renforcée en intégrant un filtrage adaptatif directionnel, qui permettrait de réduire la sensibilité au bruit, de mieux détecter les plus petits vaisseaux, et de résoudre des ambiguïtés géométriques, notamment au niveau de l'entrelacement des vaisseaux.

Le recalage s'appuie sur les intensités des images et des théories probabilistes afin de mettre en commun des données ayant des caractéristiques très différentes. Le recalage opère globalement sur les images en utilisant une transformation affine. Ce modèle n'est cependant pas adapté à certains cas particuliers en IRMf, où les données peuvent souffrir localement d'importantes distorsions géométriques et pertes en intensité. Il est toutefois préférable de s'intéresser à la correction de ce problème à sa source en étudiant le phénomène physique sous-jacent, plutôt que de construire un modèle complexe de déformation locale dont l'application peut avoir des conséquences non maîtrisées sur la partie des données non déformée.

Enfin, l'analyse des données des veines et de l'activation mises en commun permet d'amorcer la correction des cartes d'activation. Un indice du taux de vascularisation de chaque voxel d'une carte d'activation est calculé. À partir de cet indice et d'un seuil de tolérance prédéfini, les voxels identifiés comme issus de l'influence des

grandes veines sont exclus du calcul des cartes d'activation. La suppression de voxels est une première approche de correction, qui doit être affinée. En effet, un voxel ayant un fort indice de vascularisation est supprimé intégralement alors qu'il contient également du tissu susceptible de correspondre à la proximité d'un foyer d'activation. Une mesure du signal utile dans chacun de ces voxels est nécessaire pour améliorer la localisation spatiale de l'activation et accéder à la résolution temporelle en IRMf.

Parmi les applications futures, une utilisation possible est la caractérisation de la résolution temporelle en IRMf. On peut imaginer calculer avec cet outil le délai de la réponse hémodynamique par rapport à l'indice de vascularisation, dans le but de faire la distinction entre les long délais associés aux grandes veines et les délais associés à l'activité corticale. Cette étude peut être d'un grand intérêt, notamment lorsque l'information temporelle est un point critique, comme par exemple dans l'utilisation de méthodes basées sur la connectivité fonctionnelle en IRMf.

À plus long terme, cet ensemble de méthodes et outils s'inscrit en effet dans l'étude multimodale de la connectivité fonctionnelle. La caractérisation plus fine de l'information temporelle en IRMf permettrait d'améliorer la combinaison de l'IRMf et de l'EEG. Ainsi, les cartes d'activation auraient des résolutions spatiale et temporelle élevées, de l'ordre du millimètre et de la milliseconde, permettant une étude fine de la dynamique des réseaux neuronaux.

Cette perspective nécessitera préalablement de s'intéresser au bruit physiologique, provenant notamment des battements cardiaques et de la respiration qui influencent les volume et débit sanguins.

En dehors de l'aspect IRMf, cette chaîne de méthodes et d'outils peut être impliquée dans l'utilisation de la veinographie en clinique, pour caractériser les tumeurs très vascularisées [42], les malformations artérioveineuses [49], les angiomes veineux ou encore les anévrismes.

# Annexes

## A Distributions de bruit

### A.1 Distribution de Rayleigh

En substituant  $A = 0$  dans l'équation 3.1, on obtient la distribution de Rayleigh :

$$p_M(M|\sigma_g) = \frac{M}{\sigma_g^2} \exp\left(-\frac{M^2}{2\sigma_g^2}\right) \quad (12.1)$$

### A.2 Distribution du bruit sur les images de phase

La distribution du bruit d'un voxel ayant une valeur de phase  $\varphi$  est donnée par [86] :

$$p_\varphi(\varphi|A, \sigma_g) = \frac{1}{2\pi} \exp\left(-\frac{A^2}{2\sigma_g^2}\right) \left[ 1 + \Phi \exp\left(\frac{\Phi^2}{2}\right) \cdot \int_{-\infty}^{\Phi} \exp\left(-\frac{x^2}{2}\right) dx \right] \quad (12.2)$$

avec  $\Phi = A \cos(\varphi)/\sigma_g$ . Quand  $A \gg \sigma_g$ , la distribution du bruit sur la phase tend vers une fonction Gaussienne, de manière similaire à celle sur le module. Dans le cas où  $A = 0$ ,  $p_\varphi(\varphi|A, \sigma_g)$  est constante et vaut  $1/(2\pi)$  dans l'intervalle  $[-\pi; +\pi]$ .

## B Probabilité de saut de phase

Soit  $X$  une variable aléatoire, suivant une loi normale  $\mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$  de moyenne  $\mu$  et de variance  $\sigma^2$ , qui décrit la distribution de phase. La probabilité d'avoir un saut de phase est la probabilité que la valeur absolue de  $X$  soit supérieure à  $\pi$  :

$$p(|X| > \pi) = 1 - p(|X| \leq \pi) \quad (12.3)$$

On substitue à  $X$  une variable aléatoire  $Y$  obéissant à une loi normale réduite et centrée  $\mathcal{N}(0, 1)$ , et on utilise le fait que :

$$p(|Y| \leq t) = \int_{-t}^t \frac{1}{\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{x^2}{2}} dx \quad (12.4)$$

Posons

$$Y = \frac{|X| - |\mu|}{\sigma} \quad (12.5)$$

et ainsi

$$t = \frac{\pi - |\mu|}{\sigma} \quad (12.6)$$

Pour  $t \geq 0$ , l'équation (12.4) s'exprime :

$$p(|Y| \leq t) = \frac{1}{2} + \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_0^t e^{-\frac{x^2}{2}} dx \quad (12.7)$$

Un changement de variable est effectué à l'intérieur de l'intégrale :  $y = x/\sqrt{2}$ ; alors  $dx = \sqrt{2}dy$  et les bornes de l'intégrale deviennent 0 et  $t/\sqrt{2}$ .

La probabilité résultante devient :

$$\begin{aligned} p(|Y| \leq t) &= \frac{1}{2} + \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_0^t e^{-\frac{x^2}{2}} dx \\ &= \frac{1}{2} + \frac{1}{\sqrt{2\pi}} \int_0^{t/\sqrt{2}} e^{-y^2} \sqrt{2} dy \\ &= \frac{1}{2} + \frac{1}{2} \operatorname{erf}\left(\frac{t}{\sqrt{2}}\right) \end{aligned} \quad (12.8)$$

où l'erreur-fonction  $\operatorname{erf}(z)$  est définie par :

$$\operatorname{erf}(z) = \frac{2}{\sqrt{\pi}} \int_0^z e^{-t^2} dt \quad (12.9)$$

En utilisant les équations 12.3, 12.6 et 12.8, la probabilité d'avoir un saut de phase est :

$$p(|X| > \pi) = \frac{1}{2} + \frac{1}{2} \operatorname{erf}\left(\frac{\pi - |\mu|}{\sigma\sqrt{2}}\right) \quad (12.10)$$

## C Caractérisation de la perte en résolution spatiale

### C.1 Multiplication de deux fonctions Gaussiennes

La multiplication de deux fonctions Gaussiennes  $\mathcal{N}_1(\mu_1, \sigma_1^2)$  et  $\mathcal{N}_2(\mu_2, \sigma_2^2)$  est une fonction Gaussienne  $\mathcal{N}_3(\mu_3, \sigma_3^2)$ , non normalisée, où

$$\sigma_3^2 = \frac{\sigma_1^2 \sigma_2^2}{\sigma_1^2 + \sigma_2^2} \quad (12.11)$$

## C.2 FWHM d'un pic de Dirac filtré par une Gaussienne

La perte en résolution spatiale engendrée par le lissage peut être évaluée en filtrant un pic de Dirac. La PSF du filtre est la fonction de filtrage elle-même, caractérisée par sa variance. La perte en résolution est obtenue en mesurant la FWHM de la PSF, qui est directement liée à l'écart-type du filtre :

$$\tilde{\delta} = 2\sqrt{2 \ln(2)} \sigma_{h_{\mathcal{I}}} \quad (12.12)$$

## C.3 FWHM d'un pic Gaussien filtré par une Gaussienne

En pratique, il est impossible d'obtenir des pics de Dirac. Considérons alors que le contour initial possède une silhouette Gaussienne.

Soit  $h$  la réponse impulsionnelle du filtre Gaussien et  $\Gamma$  le pic Gaussien avant filtrage, tous deux dans le domaine image  $\mathcal{I}$ , avec des variances respectives  $\sigma_{h_{\mathcal{I}}}^2 = G^2/(4\pi)$  (cf. équation 3.8) et  $\sigma_{\Gamma_{\mathcal{I}}}^2$ . En accord avec l'équation 3.9, ces variances deviennent dans le domaine de Fourier  $\mathcal{F}$  :

$$\sigma_{h_{\mathcal{F}}}^2 = \frac{N_x N_y}{4\pi^2 \sigma_{h_{\mathcal{I}}}^2} = \frac{N_x N_y}{4\pi^2} \frac{4\pi}{G^2} = \frac{N_x N_y}{\pi G^2} \quad (12.13a)$$

$$\sigma_{\Gamma_{\mathcal{F}}}^2 = \frac{N_x N_y}{4\pi^2 \sigma_{\Gamma_{\mathcal{I}}}^2} \quad (12.13b)$$

La multiplication dans  $\mathcal{F}$  des fonctions Gaussiennes correspondantes donne, d'après l'équation 12.11, une fonction Gaussienne de variance  $\sigma_{\mathcal{F}}^2$  :

$$\begin{aligned} \sigma_{\mathcal{F}}^2 &= \frac{\sigma_{\Gamma_{\mathcal{F}}}^2 \sigma_{h_{\mathcal{F}}}^2}{\sigma_{\Gamma_{\mathcal{F}}}^2 + \sigma_{h_{\mathcal{F}}}^2} = \frac{\sigma_{h_{\mathcal{F}}}^2}{1 + \frac{\sigma_{h_{\mathcal{F}}}^2}{\sigma_{\Gamma_{\mathcal{F}}}^2}} \\ &= \frac{\frac{N_x N_y}{\pi G^2}}{1 + \frac{N_x N_y}{\pi G^2} \frac{4\pi^2 \sigma_{\Gamma_{\mathcal{I}}}^2}{N_x N_y}} = \frac{N_x N_y}{\pi G^2 (1 + \frac{4\pi \sigma_{\Gamma_{\mathcal{I}}}^2}{G^2})} \\ &= \frac{N_x N_y}{\pi G^2 + 4\pi^2 \sigma_{\Gamma_{\mathcal{I}}}^2} \end{aligned} \quad (12.14)$$

En repassant dans  $\mathcal{I}$ , le contour filtré est ainsi une fonction Gaussienne de variance  $\sigma_{\mathcal{I}}^2$  :

$$\begin{aligned} \sigma_{\mathcal{I}}^2 &= \frac{N_x N_y}{4\pi^2 \sigma_{\mathcal{F}}^2} = \frac{N_x N_y}{4\pi^2} \frac{\pi G^2 + 4\pi^2 \sigma_{\Gamma_{\mathcal{I}}}^2}{N_x N_y} \\ &= \frac{G^2 + 4\pi \sigma_{\Gamma_{\mathcal{I}}}^2}{4\pi} = \sigma_{h_{\mathcal{I}}}^2 + \sigma_{\Gamma_{\mathcal{I}}}^2 \end{aligned} \quad (12.15)$$

En utilisant l'équation 12.12, la FWHM de ce contour est :

$$\begin{aligned}
 \tilde{\delta} &= 2\sqrt{2 \ln(2)}\sigma_{\mathcal{I}} = 2\sqrt{2 \ln(2)}\sqrt{\sigma_{h_{\mathcal{I}}}^2 + \sigma_{\Gamma_{\mathcal{I}}}^2} \\
 &= \sqrt{8 \ln(2)(\sigma_{h_{\mathcal{I}}}^2 + \sigma_{\Gamma_{\mathcal{I}}}^2)} \\
 &= \sqrt{8 \ln(2) \frac{G^2}{4\pi} + 8 \ln(2)\sigma_{\Gamma_{\mathcal{I}}}^2} \\
 &= \sqrt{\frac{2 \ln(2)G^2}{\pi} + \delta_{\Gamma}^2} \tag{12.16}
 \end{aligned}$$

Notons que la FWHM d'un pic de Dirac est nulle; en substituant  $\delta_{\Gamma} = 0$  dans l'équation 12.16, on retrouve l'équation 12.12.

## D Origine du nom du logiciel Rhéa

Le nom de Rhéa est celui qui a été donné à la seconde lune de Saturne par la taille (figure 12.1). Pourquoi ce choix pour un logiciel ? Saturne est une planète possédant de nombreux satellites naturels. La transposition avec un système de noyau/plugins est facile, presque naturelle. D'aucuns la qualifieront d'inquiétante, et diront que le soleil brillait sans doute trop intensément. Pourquoi alors choisir Rhéa plutôt que Saturne ? Dans la mythologie grecque, Rhéa était la femme de Cronos (i.e. Saturne chez les romains). Elle sauva littéralement son fils Zeus de l'appétit de Cronos. Pour les romains, elle est l'aïeule des dieux, Cybèle, déesse phrygienne dont le seul bonnet est porteur de tant d'Histoire dans le Monde tel qu'on le connaît mieux.

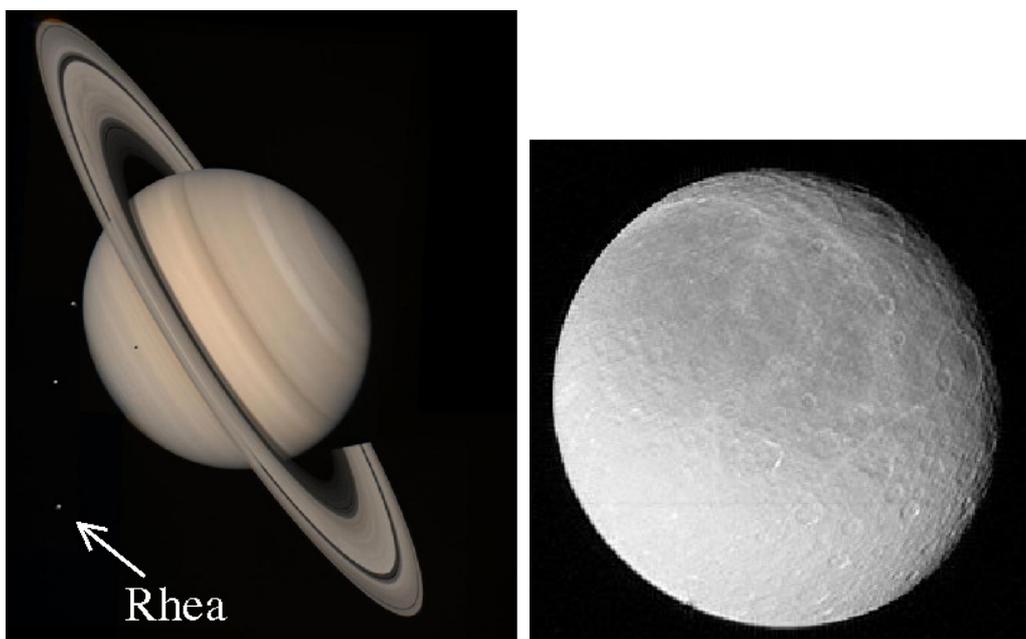


FIG. 12.1 – Saturne (gauche) et Rhéa (droite), sa seconde lune par la taille.

## E Publications

### E.1 Conférences internationales avec comité de lecture

C. Aguerre, P. Desbarats, B. Dilharreguy, C.T.W. Moonen, 3D animation of cerebral activity using both spatial and temporal fMRI information, IEEE Proceedings of the Fourth International Conference on 3-D Digital Imaging and Modeling, 6-10 octobre, 2003, Banff, Alberta, Canada, pp. 103-109.

C. Aguerre, P. Desbarats, B. Denis de Senneville, G. Herigault, B. Dilharreguy, C.T.W. Moonen, A method for large vessels/brain activity colocalization, IEEE International Conference on Image Processing ICIP'06, 8-11 octobre, 2006, Atlanta, GA, USA.

C. Aguerre, P. Desbarats, C.T.W. Moonen, MR venography segmentation using inertia tensors, The Sixth IASTED International Conference on Visualization, Imaging, and Image Processing VIIP'06, 28-30 août, 2006, Palma de Mallorca, Spain.

### E.2 Articles soumis à des revues internationales avec comité de lecture

C. Aguerre, B. Quesson, P. Desbarats, C.T.W. Moonen, Complex filtering for quantitative analysis of low SNR data, Soumis à IEEE Transactions on Medical Imaging.

C. Aguerre, B. Dilharreguy, G. Herigault, P. Desbarats, M. Allard, An analysis method for the elimination of large veins influence on BOLD fMRI brain activation maps using MR venography, Soumis à Medical Image Analysis.

### E.3 Rapports d'activité

C. Aguerre, Visualisation 4D de l'activation cérébrale, Philips Medical Systems.

C. Aguerre, Etude du bruit thermique en IRM, Philips Medical Systems.

# Rappel de Bibliographie

## Imagerie par Résonance Magnétique fonctionnelle

- [1] S.P. Ahlfors, G.V. Simpson, A.M. Dale, J.W. Belliveau, A.K. Liu, A. Korvenoja, J. Virtanen, M. Huotilainen, R.B. Tootell, H.J. Aronen, and R.J. Ilmoniemi. Spatiotemporal activity of a cortical network for processing visual motion revealed by MEG and fMRI. *J Neurophysiol*, 82(5) :2545–55, Novembre 1999.
- [2] P.A. Bandettini. *Functional MRI*, chapter The temporal resolution of MRI, pages 205–20. Springer-Verlag, Mauer, Germany, 1999.
- [3] P.A. Bandettini, E.C. Wong, A. Jesmanowicz, R.S. Hinks, and J.S. Hyde. Spin-echo and gradient-echo EPI of human brain activation using BOLD contrast : a comparative study at 1.5 T. *NMR Biomed*, 7(1-2) :12–20, 1994.
- [4] H. Benali, J.L. Anton, M. Di Paola, F. Frouin, O. Jolivet, R. Carlier, J. Bitoun, Y. Burnod, and R. Di Paola. *Information Processing in Medical Imaging*, chapter Conditioned statistical model for functional MRI studies of the human brain, pages 311–22. Dordrecht : Kluwer Academic Publishers, 1995.
- [5] J.L. Boxerman, P.A. Bandettini, K.K. Kwong, J.R. Baker, T.L. Davis, B.R. Rosen, and R.M. Weisskoff. The intravascular contribution to fMRI signal change : Monte carlo modeling and diffusion-weighted studies in vivo. *Magn Reson Med*, 34(1) :4–10, 1995.
- [6] R.B. Buxton and L.R. Frank. A model for the coupling between cerebral blood flow and oxygen metabolism during neural stimulation. *J Cereb Blood Flow Metab*, 17(1) :64–72, 1997.
- [7] M.S. Cohen. Parametric analysis of fMRI data using linear systems methods. *Neuroimage*, 6 :93–103, 1997.
- [8] A.M. Dale and E. Halgren. Spatiotemporal mapping of brain activity by integration of multiple imaging modalities. *Curr Opin Neurobiol*, 11(2) :202–8, Avril 2001.
- [9] A.M. Dale, A.K. Liu, B.R. Fischl, R.L. Buckner, J.W. Belliveau, J.D. Lewine, and E. Halgren. Dynamic statistical parametric mapping : combining fMRI and MEG for high-resolution imaging of cortical activity. *Neuron*, 26(1) :55–67, Avril 2000.
- [10] V. Denolin, P. Van Ham, and T. Metens. 3D techniques in BOLD fMRI : comparison of PRESTO and standard EPI. In *Intl Soc Mag Reson Med*, volume 8, page 939, 2000.

- [11] W.A. Edelstein, J.M.S. Hutchison, G. Johnson, and T. Redpath. Spin warp nmr imaging and applications to human whole-body imaging. *Phys Med Biol*, 25(4) :751–6, 1980.
- [12] P.T. Fox and M.E. Raichle. Focal physiological uncoupling of cerebral blood flow and oxidative metabolism during somatosensory stimulation in human subjects. In *Natl Acad Sci USA*, volume 83, pages 1140–44, 1986.
- [13] J. Frahm, K.D. Merboldt, W. Hanicke, A. Kleinschmidt, and H. Boecker. Brain or vein–oxygenation or flow ? on signal physiology in functional mri of human brain activation. *NMR Biomed*, 7 :45–53, 1994.
- [14] K.J. Friston, P. Fletcher, O. Josephs, A. Holmes, M.D. Rugg, and R. Turner. Event-related fMRI : Characterizing differential responses. *Neuroimage*, 7 :30–40, 1998.
- [15] K.J. Friston, A.P. Holmes, K.J. Worsley, J.-B. Poline, C.D. Frith, and R.S.J. Frackowiak. Statistical parametric maps in functional imaging - a general linear approach. *Human Brain Mapping*, 2 :189–210, 1995.
- [16] UK. Functional Imaging Laboratory (FIL). The Wellcome Department of Imaging Neurosciences, Institute of Neurology. University College London (UCL). London. Statistical Parametric Mapping. [En ligne]. Disponible sur : <<http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [17] G.H. Glover. 3D z-shim method for reduction of susceptibility effects in BOLD fMRI. *Magn Reson Med*, 42(2) :290–9, Août 1999.
- [18] G.H. Glover and A.T. Lee. Motion artifacts in fMRI : comparison of 2DFT with PR and spiral scan methods. *Magn Reson Med*, 33(5) :624–35, Mai 1995.
- [19] G.H. Glover, T.Q. Li, and D. Ress. Image-based method for retrospective correction of physiological motion effects in fMRI : RETROICOR. *Magn Reson Med*, 44(1) :162–7, Juillet 2000.
- [20] B. Horwitz and D. Poeppel. How can EEG/MEG and fMRI/PET data be combined ? *Hum Brain Mapp*, 17(1) :1–3, Septembre 2002.
- [21] P. Jezzard, P.M. Matthews, and S.M. Smith. *Functional Magnetic Resonance Imaging : An Introduction to Methods*. Oxford University Press, USA, Décembre 2001.
- [22] S.G. Kim, K. Hendrich, X. Hu, H. Merkle, and K. Ugurbil. Potential pitfalls of functional mri using conventional gradient-recalled echo techniques. *NMR Biomed*, 7 :69–74, 1994.
- [23] F. Kruggel, D. von Cramon, and X. Descobes. Comparison of filtering methods of fMRI datasets. *Neuroimage*, 10 :530–43, 1999.
- [24] S. Lai, A.L. Hopkins, E.M. Haacke, D. Li, B.A. Wasserman, P. Buckley, L. Friedman, H. Meltzer, P. Hedera, and R. Friedland. Identification of vascular structures as a major source of signal contrast in high resolution 2d and 3d functional activation imaging of the motor cortex at 1.5t : preliminary results. *Magn Reson Med*, 30(3) :387–92, 1993.
- [25] A.T. Lee, G.H. Glover, and C.H. Meyer. Discrimination of large venous vessels in time-course spiral blood-oxygen-level-dependent magnetic resonance functional neuroimaging. *Magn Reson Med*, 33(6) :745–54, Juin 1995.

- [26] S.-P. Lee, A.C. Silva, K. Ugurbil, and S.-G. Kim. Diffusion-weighted spin-echo fMRI at 9.4 T : Microvascular/tissue contribution to BOLD signal changes. *Magn Reson Med*, 42(5) :919–28, 1999.
- [27] A.K. Liu, J.W. Belliveau, and A.M. Dale. Spatiotemporal imaging of human brain activity using functional MRI constrained magnetoencephalography data : Monte Carlo simulations. *Proc Natl Acad Sci USA*, 95(15) :8945–50, Juillet 1998.
- [28] G. Liu, G. Sobering, J. Duyn, and C.T.W. Moonen. A functional mri technique combining principles of echo-shifting with a train of observations (PRESTO). *Magn Reson Med*, 30(6) :764–8, Décembre 1993.
- [29] R.S. Menon and S.G. Kim. Spatial and temporal limits in cognitive neuroimaging with fMRI. *Trends Cogn Sci*, 3(6) :207–16, Juin 1999.
- [30] C.T.W. Moonen and P.A. Bandettini. *Functional MRI*. Springer, Berlin, 1999.
- [31] S. Ogawa, T.-M. Lee, A.R. Kay, and D.W. Tank. Brain magnetic resonance imaging with contrast dependent on blood oxygenation. In *Natl Acad Sci USA*, volume 87, pages 9868–72, 1990.
- [32] D. Regan. *Human Brain Electrophysiology : Evoked Potentials and Evoked Magnetic fields in Science and Medicine*. Elsevier, New York, 1989.
- [33] W. Richter. High temporal resolution functional magnetic resonance imaging at very-high-field. *Top Magn Reson Imaging*, 10(1) :51–62, Février 1999.
- [34] Neurobehavioral Systems. Presentation. [En ligne]. Disponible sur : <<http://www.neurobs.com>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [35] P. van Gelderen, N.F. Ramsey, G. Liu, J.H. Duyn, J.A. Frank, D.R. Weinberger, and C.T.W. Moonen. Three-dimensional functional magnetic resonance imaging of human brain on a clinical 1.5-T scanner. *Proc Natl Acad Sci USA*, 92(15) :6906–10, Juillet 1995.

## Imagerie des veines

- [36] V. Belle, C. Delon-Martin, R. Massarelli, J. Decety, J.F. Le Bas, A.L. Benabid, and C. Segebarth. Intracranial gradient-echo and spin-echo functional mr angiography in humans. *Radiology*, 195(3) :739–46, Juin 1995.
- [37] S. Casciaro, D. Zacà, R. Bianco, E. Casciaro, D. Caramella, T. Scarabino, and A. Distante. Experimental correlation between venous blood fraction and fMRI signal intensities at 3 T. In *Human Brain Mapping*, 2006.
- [38] C.L. Dumoulin. Phase contrast magnetic resonance angiography. *Neuroimaging Clinics of North America*, 2 :21–41, 1992.
- [39] C.L. Dumoulin and H.R. Hart. Magnetic resonance angiography. *Radiology*, 161 :717–20, 1986.
- [40] C.B. Grandin, D.P. Madio, van Gelderen P., and C.T.W. Moonen. Reduction of undesirable signal of large veins in functional MRI with PRESTO. In *ESMRMB'97*, volume 54, Bruxelles, Belgique, 1997.

- [41] G.T. Gullberg, F.W. Wehrli, A. Shimakawa, and M.A. Simons. MR vascular imaging with a fast gradient refocusing pulse sequence and reformatted images from transaxial sections. *Radiology*, 165 :241–6, 1987.
- [42] E.M. Haacke, G. Herigault, D. Kido, K. Tong, A. Obenaus, Y. Yu, and J.R. Reichenbach. Observing tumor vascularity noninvasively using magnetic resonance imaging. *Image Anal Stereol*, 21 :107–13, 2002.
- [43] E.M. Haacke, Y. Xu, Y.-C. N. Cheng, and J.R. Reichenbach. Susceptibility Weighted Imaging (SWI). *Magn Reson Med*, 52(3) :612–8, 2004.
- [44] D. Haddar, E.M. Haacke, V. Sehgal, Z. Delproposito, G. Salamon, O. Seror, and N. Sellier. L'imagerie de susceptibilité magnétique : théorie et applications. *J Radiol*, 85 :1901–8, 2004.
- [45] D. Hall, M.S. Goncalves, S. Smith, P. Jezard, M.P. Haggard, and J. Kornak. A method for determining venous contribution to BOLD contrast sensory activation. *Magn Reson Imag*, 20 :695–706, 2002.
- [46] F.G.C. Hoogenraad, M.B.M. Hofman, P.J.W. Pouwels, J.R. Reichenbach, S.A.R.B. Rombouts, and E.M. Haacke. Sub-millimeter fMRI at 1.5 Tesla : Correlation of high resolution with low resolution measurements. *J Magn Reson Imaging*, 9 :475–82, 1999.
- [47] F.G.C. Hoogenraad, P.J.W. Pouwels, M.B.M. Hofman, J.R. Reichenbach, M. Sprenger, and E.M. Haacke. Quantitative differentiation between BOLD models in fMRI. *Magn Reson Med*, 45 :233–46, 2001.
- [48] P.J. Keller, B.P. Drayer, E.K. Fram, K.D. Williams, C.L. Dumoulin, and S.P. Souza. MR angiography with two-dimensional acquisition and three-dimensional display. Work in progress. *Radiology*, 173(2) :527–32, Novembre 1989.
- [49] D. Kozinska, C.M. Holland, K. Krissian, C.F. Westin, and C.R. Guttmann. A method for the analysis of the geometrical relationship between white matter pathology and the vascular architecture of the brain. *Neuroimage*, 22(4) :1671–8, Août 2004.
- [50] G. Laub. Displays for mr angiography. *Magn Reson Med*, 14(2) :222–9, Mai 1990.
- [51] G.A. Laub and Kaiser W.A. MR angiography with gradient motion refocusing. *J Comput Assist Tomogr*, 12(3) :377–82, Mai-Juin 1988.
- [52] R.S. Menon. Postacquisition suppression of large-vessel BOLD signals in high-resolution MRI. *Magn Reson Med*, 47 :1–9, 2002.
- [53] R.S. Menon, S. Ogawa, D.W. Tank, and K. Ugurbil. Tesla gradient recalled echo characteristics of photic stimulation-induced signal changes in the human primary visual cortex. *Magn Reson Med*, 30(3) :380–6, Septembre 1993.
- [54] T. Miyazawa, H. Nose, A. Suda, S. Kosuda, and K. Shima. The usefulness of the combination of 3D-SAS cortical venography, tractography, functional-MRI and intra-operative ultra-sonography/SSEPs for surgical removal of brain tumors. In *Human Brain Mapping*, 2006.

- [55] C.A. Olman, S. Inati, and D.J. Heeger. The effect of large veins on spatial localization with GE BOLD at 3T : displacement, not blurring. *Neuroimage*, 2006.
- [56] E.J. Potchen, E.M. Haacke, J.E. Siebert, and A. Gottschalk. *Magnetic Resonance Angiography : Concepts and Applications*, volume 24. Mosby-Year Book, St Louis, Mo, 1992.
- [57] A. Rauscher, M. Barth, J. R. Reichenbach, R. Stollberger, and E. Moser. Automated unwrapping of MR phase images applied to BOLD MR-venography at 3 Tesla. *J Magn Reson Imaging*, 18 :175–80, 2003.
- [58] A. Rauscher, J. Sedlacik, M. Barth, H.-J. Mentzel, and J. R. Reichenbach. Magnetic susceptibility-weighted MR phase imaging of the human brain. *AJNR Am J Neuroradiol*, 26 :736–42, 2005.
- [59] J.R. Reichenbach and E.M. Haacke. High-resolution BOLD venographic imaging : a window into brain function. *NMR Biomed*, 14 :453–67, 2001.
- [60] J.R. Reichenbach, R. Venkatesan, D.J. Schillinger, D.K. Kido, and E.M. Haacke. Small vessels in the human brain : MR venography with deoxyhemoglobin as an intrinsic contrast agent. *Radiology*, 204(1) :272–77, 1997.
- [61] S. Rosnick, G. Laub, G. Braeckle, R. Bachus, D. Kennedy, A. Nelson, S. Dzik, and P. Starewicz. Three dimensional display of blood vessels in MRI. In *IEEE Symposium on Computers in Cardiology*, pages 193–6, Boston, 1986.
- [62] C. Segebarth, V. Belle, C. Delon, R. Masarelli, J. Decety, J.F. Le Bas, M. Décorps, and A.L. Benabid. Functional MRI of the human brain : predominance of signals from extracerebral veins. *Neuroreport*, 5 :813–6, 1994.
- [63] V. Sehgal, V. Delproposto, E.M. Haacke, K.A. Tong, N. Wycliffe, D.K. Kido, Y. Xu, J. Neelavalli, D. Haddar, and J.R. Reichenbach. Clinical applications of neuroimaging with susceptibility-weighted imaging. *J Magn Reson Imaging*, 22 :439–50, 2005.
- [64] A.W. Song, H. Fichtenholtz, and M. Woldorff. BOLD signal compartmentalization based on the apparent diffusion coefficient. *Magn Reson Imag*, 20 :521–5, 2002.
- [65] C.G. Thomas and R.S. Menon. Separation of microvascular and macrovascular BOLD signals using latency shifts. In *Proceedings of the International Society of Magnetic Resonance Imaging*, volume 7, page 1726, Philadelphia, Pennsylvania, U.S.A., 1999.
- [66] T. Tjandra, J.C.W. Brooks, P. Figueiredo, R. Wise, P.M. Matthews, and I. Tracey. Quantitative assessment of the reproducibility of functional activation measured with BOLD and MR perfusion imaging : Implications for clinical trial design. *Neuroimage*, 27 :393–401, 2005.

## Bruit en IRM et filtrage

- [67] C.B Ahn, Y.C. Song, and D.J. Park. Adaptive template filtering for signal-to-noise ratio enhancement in magnetic resonance imaging. *IEEE Trans Med Imag*, 18(6) :549–59, Juin 1999.

- [68] M.E. Alexander, R. Baumgartner, A.R. Summers, C. Windischberger, M. Klarhoefer, E. Moser, and R.L. Somorjai. A wavelet-base method for improving signal-to-noise ratio and contrast in MR images. *Magn Reson Imaging*, 18 :169–80, 2000.
- [69] A.H. Andersen and J.E. Kirsch. Analysis of noise in phase contrast MR imaging. *Med Phys*, 23(6) :857–69, 1996.
- [70] P. Bao and L. Zhang. Noise reduction for magnetic resonance images via adaptive multiscale products thresholding. *IEEE Trans Med Imag*, 22(9) :1089–99, 2003.
- [71] M.A. Bernstein, D.M. Thomasson, and W.H. Perman. Improved detectability in low signal-to-noise ratio magnetic resonance images by means of phase-corrected real construction. *Med Phys*, 16(5) :813–7, 1989.
- [72] N. Bonnet. On the use of correlation functions for improving the image signal-to-noise ratio. *Optik*, 50(3) :103–6, 1988.
- [73] C.-N. Chen and D.I. Hoult. *Biomedical Magnetic Resonance Technology*, chapter 4, pages 127–32. Medical Science Series. Adam Hilger, Bristol & New York, 1989.
- [74] J.-P. Cocquerez and S. Philipp. *Analyse d'images : filtrage et segmentation*. Masson, 1995.
- [75] T.E. Conturo and G.D. Smith. Signal-to-noise in phase angle reconstruction : Dynamic range extension using phase reference offsets. *Magn Reson Med*, 15(3) :420–37, 1990.
- [76] W.A. Edelstein, G.H. Glover, C.J. Hardy, and R.W. Redington. The intrinsic signal-to-noise ratio in NMR imaging. *Magn Reson Med*, 3 :604–18, 1986.
- [77] S.J. Garnier and G.L. Bilbro. Magnetic resonance image restoration. *J Math Imag Vision*, 5 :7–19, 1995.
- [78] G. Gerig, O. Kübler, R. Kikinis, and F.A. Jolesz. Nonlinear anisotropic filtering of MRI data. *IEEE Trans Med Imaging*, 11(2) :221–32, 1992.
- [79] H. Gudbjartsson and S. Patz. The rician distribution of noisy MRI data. *Magn Reson Med*, 34 :910–4, 1995.
- [80] R.M. Henkelman. Measurement of signal intensities in the presence of noise in MR images. *Med Phys*, 12(2) :232–3, 1985. Erratum in 13 :544, 1986.
- [81] I. Holländer and I. Bajla. Adaptive smoothing of MR brain images by 3D geometry-driven diffusion. *Comput Methods Programs Biomed*, 55 :157–76, 1998.
- [82] D.I. Hoult and P.C. Lauterbur. The sensitivity of the zeugmatographic experiment involving human samples. *J Magn Reson Imaging*, 34 :425–33, 1979.
- [83] Y. Ishihara, A. Calderon, H. Watanabe, K. Okamoto, Y. Suzuki, K. Kuroda, and Y. Suzuki. A precise and fast temperature mapping using water proton chemical shift. *Magn Reson Med*, 34(6) :814–23, Décembre 1995.
- [84] G. Krüger and G.H. Glover. Physiological noise in oxygenation-sensitive magnetic resonance imaging. *Magn Reson Med*, 46 :631–7, 2001.

- [85] G. Krüger, A. Kastrup, and G.H. Glover. Neuroimaging at 1.5 T and 3.0 T : Comparison of oxygenation-sensitive magnetic resonance imaging. *Magn Reson Imaging*, 45 :595–604, 2001.
- [86] B.P. Lathi. *Modern Digital and Analog Communication Systems*. Hault-Saunders International Edition, Japan, 1983.
- [87] P. Lauterbur. Image formation by induced local interactions : Examples employing nuclear magnetic resonance. *Nature*, 242 :190–1, 1973.
- [88] M. Lysaker, A. Lundervold, and X.-C. Tai. Noise removal using fourth-order partial differential equation with applications to medical magnetic resonance images in space and time. *IEEE Trans Med Imaging*, 12 :1579–90, Décembre 2003.
- [89] G. McGibney and M.R. Smith. An unbiased signal-to-noise ratio measure, for magnetic resonance images. *Med Phys*, 20(4) :1077–8, 1993.
- [90] E.R. McVeigh, R.M. Henkelman, and M.J. Bronskill. Noise and filtration in magnetic resonance imaging. *Med Phys*, 12(5) :586–91, 1985.
- [91] A.J. Miller and P.M. Joseph. The use of power images to perform quantitative analysis on low SNR MR images. *Magn Reson Imaging*, 11 :1051–6, 1993.
- [92] B.W. Murphy, P.-L. Carson, J.H. Ellis, Y.T. Zhang, R.J. Hyde, and T.L. Chenevert. Signal-to-noise measures for magnetic resonance imagers. *Magn Reson Imaging*, 11 :425–8, 1993.
- [93] R. Nowak. Wavelet-based rician noise removal for magnetic resonance imaging. *IEEE Trans Imag Proc*, 8(10) :1408–19, 1998.
- [94] A. Papoulis. *Probability, Random Variables and Stochastic Processes*. McGraw-Hill, 2nd edition, Tokyo, Japan, 1984.
- [95] A. Pizurica, W. Philips, I. Lemahieu, and M. Acheroy. A versatile wavelet domain noise filtration technique for medical imaging. *IEEE Trans Med Imaging*, 22(3) :322–31, Mars 2003.
- [96] K.P. Pruessmann, M. Weiger, M.B. Scheidegger, and P. Boesiger. SENSE : Sensitivity encoding for fast MRI. *Magn Reson Med*, 42(5) :952–62, 1999.
- [97] S.O. Rice. Mathematical analysis of random noise. *Bell Systems Technological Journal*, 23 :282–332, 1944.
- [98] S. Ross. *A first course in probability*. Collier Macmillan Publishers, New York, 1976.
- [99] A.A. Samsonov and C.R. Johnson. Noise-adaptive nonlinear diffusion filtering of MR images with spatially varying noise levels. *Magn Reson Med*, 52(4) :798–806, 2004.
- [100] M.A. Schulze and J.A. Pearce. A morphology-based filter structure for edge-enhancing smoothing. In *ICIP'94 : IEEE International Conference on Image Processing*, pages 530–4, Austin, Texas, USA, 1994.
- [101] J. Sijbers, A.J. den Dekker, J. Van Audekerke, M. Verhoye, and D. Van Dyck. Estimation of the noise in magnitude MR images. *Magn Reson Imaging*, 16(1) :87–90, 1998.

- [102] J. Sijbers, A.J. den Dekker, A. Van der Linden, M. Verhoye, and D. Van Dyck. Adaptive anisotropic noise filtering for magnitude MR data. *Magn Reson Imag*, 17(10) :1533–9, 1999.
- [103] J. Sijbers, P. Scheunders, N. Bonnet, D. Van Dyck, and E. Raman. Quantification and improvement of the signal-to-noise ratio in a magnetic resonance image acquisition procedure. *Magn Reson Imaging*, 14(10) :1157–63, 1996.
- [104] J.C. Wood and M.K. Johnson. Wavelet packet denoising of magnetic resonance images : importance of rician noise at low SNR. *Magn Reson Med*, 41(3) :631–5, 1999.
- [105] G.Z. Yang, P. Burger, D.N. Firmin, and S.R. Underwood. Structure adaptive anisotropic filtering for magnetic resonance image enhancement. In *Proceedings of CAIP : Computer Analysis of Images and Patterns*, pages 384–91, 1995.
- [106] K. Ying, B.D. Clymer, and P. Schmalbrock. Adaptive filtering for high resolution magnetic resonance images. *J Magn Reson Imaging*, 6(2) :367–77, 1996.
- [107] S. Zaroubi and G. Goelman. Complex denoising of MR data via wavelet analysis : Application for functional MRI. *Magn Reson Imaging*, 18 :59–68, 2000.

## Recalage d'images

- [108] C. Barillot. *Fusion de données en imagerie 3D en medecine*. Habilitation à diriger des recherches, Université de Rennes1, IRISA, Septembre 1999.
- [109] M. Bro-Nielsen. *Medical image registration and surgery simulation*. PhD thesis, Technical University of Denmark, 1996.
- [110] L.G. Brown. A survey of image registration techniques. *ACM Computing Surveys*, 24(4) :325–76, 1992.
- [111] T.M. Buzug and J. Weese. Voxel-based similarity measures for medical image registration in radiological diagnosis and image guided surgery. *J Comput Info Tech*, 6(2) :165–79, 1998.
- [112] A. Collignon, F. Maes, D. Delaere, D. Vandermeulen, P. Suetens, and G. Marchal. Automated multi-modality image registration based on information theory. In *Info Proc Med Imag*, pages 263–74, 1995.
- [113] P. Gerlot and Y. Bizais. Image registration : A review and a strategy for medical applications. In C.N. de Graaf and M.A. Viergever, editors, *Proc. of the 10th Intl. Conf. on Information Processing in Medical Imaging*, pages 81–9, 1987.
- [114] M. Jenkinson and S. Smith. A global optimisation method for robust affine registration of brain images. *Med Image Anal*, 5(2) :143–56, Juin 2001.
- [115] P. Jezzard and R.S. Balaban. Correction for geometric distortion in echo planar images from B0 field variations. *Magn Res Med*, 34(1) :65–73, 1995.
- [116] S. Kirkpatrick, C.D. Gelatt, and M.P. Vecchi. Optimization by simulated annealing. *Science*, 4598(220) :671–80, Mai 1983.

- [117] S. Lavalée. *Registration for computer integrated surgery : methodology, state of the art*, chapter 5, pages 77–97. Computer Integrated Surgery, R. Taylor, S. Lavalée, G. Burdea, and R. Moesges edition, 1995.
- [118] H. Lester and S.R. Arridge. A survey of hierarchical non-linear medical image registration. *Pattern Recognition*, 32 :129–49, 1999.
- [119] F. Maes, A. Collignon, D. Vandermeulen, G. Marchal, and P. Suetens. Multimodality image registration by maximization of mutual information. *IEEE Trans Med Imaging*, 16(2) :187–98, Avril 1997.
- [120] F. Maes, D. Vandermeulen, and P. Suetens. Comparative evaluation of multiresolution optimization strategies for multimodality image registration by maximization of mutual information. *Med Image Anal*, 3(4) :373–86, Décembre 1999.
- [121] J. Maintz and M. Viergever. A survey of medical image registration. *Med Imag Anal*, 1998.
- [122] J.-F. Mangin. *Mise en correspondance d’images médicales 3D multi-modalités multi-individus pour la corrélation anatomo-fonctionnelle cérébrale*. PhD thesis, Ecole Nationale Supérieure des Télécommunications, Mars 1995.
- [123] C.R. Maurer and J.M. Fitzpatrick. *A review of medical image registration*, pages 17–44. American Association of Neurological Surgeons, Park Ridge, IL, R.J. Maciunas edition, 1993.
- [124] C. Nikou, F. Heitz, J.-P. Armspach, I.-J. Namer, and D. Grucker. Registration of mr/mr and mr/spect brain images by fast stochastic optimization of robust voxel similarity measures. *Neuroimage*, 8(1) :30–43, Juillet 1998.
- [125] G.P. Penney, J. Weese, Little J.A., P. Desmedt, D.L.O. Hill, and D.J. Hawkes. A comparison of similarity measures for use in 2-d-3-d medical image registration. *IEEE Trans Med Imaging*, 17(4) :586–95, 1998.
- [126] C. Petitjean. *Recalage non rigide d’images par approches variationnelles statistiques. Application à l’analyse et à la modélisation de la fonction myocardique en IRM*. PhD thesis, Université Paris V, 2003.
- [127] W. Press, S. Teukolsky, W. Vetterling, and B. Flannery. *Numerical Recipes in C*. Cambridge University Press, 1992.
- [128] A. Roche, G. Malandain, and N. Ayache. Unifying maximum likelihood approaches in medical image registration. *Int J Imaging Sys Tech*, 11(1) :71–80, 2000.
- [129] A. Roche, G. Malandain, N. Ayache, and S. Prima. Towards a better comprehension of similarity measures used in medical image registration. In *MICCAI’99*, volume 1679, pages 555–66, Cambridge (UK), Octobre 1999.
- [130] A. Roche, G. Malandain, X. Pennec, and N. Ayache. The correlation ratio as a new similarity measure for multimodal image registration. In *MICCAI’98*, volume 1496, pages 1115–24, Cambridge Massachusetts (USA), Octobre 1998.
- [131] S.M. Smith. Fast robust automated brain extraction. *Human Brain Mapping*, 17(3) :143–55, Novembre 2002.

- [132] C. Studholme, D.J. Hawkes, and D.L.G. Hill. A normalised entropy measure for multi-modality image alignment. In *SPIE Medical Imaging*, volume 3338, pages 132–42, 1998.
- [133] P. Thevenaz, U. Ruttiman, and M. Unser. A pyramid approach to sub-pixel registration based on intensity. *IEEE Trans Image Proc*, 7(1) :27–41, Janvier 1998.
- [134] P. Thevenaz and M. Unser. Optimization of mutual information for multiresolution image registration. *IEEE Trans Image Proc*, 9(12) :2083–99, Décembre 2000.
- [135] P.A. van den Elsen, E.J.D. Pol, and M.A. Viergever. Medical image matching : a review with classification. *IEEE Engineering in Medicine and Biology*, 12(4) :36–39, Mars 1993.
- [136] P. Viola and W.M. 3rd Wells. Alignment by maximization of mutual information. *Int J Comput Vis*, 24(2) :137–54, 1997.
- [137] E.A. Vokurka, N.A. Thacker, and A. Jackson. A fast model independent method for automatic correction of intensity nonuniformity in MRI data. *J Magn Reson Imaging*, 10(4) :550–62, 1999.
- [138] W.M. 3rd Wells, P. Viola, H. Atsumi, S. Nakajima, and R. Kikinis. Multimodal volume registration by maximization of mutual information. *Med Image Anal*, 1(1) :35–51, Mars 1996.
- [139] J. West, J.M. Fitzpatrick, M.Y. Wang, B.M. Dawant, C.R. Jr Maurer, R.M. Kessler, and R.J. Maciunas. Retrospective intermodality registration techniques for images of the head : surface-based versus volume-based. *IEEE Trans Med Imaging*, 18(2) :144–50, 1999.
- [140] J. West, J.M. Fitzpatrick, M.Y. Wang, B.M. Dawant, C.R. Jr Maurer, R.M. Kessler, R.J. Maciunas, C. Barillot, D. Lemoine, A. Collignon, F. Maes, P. Suetens, D. Vandermeulen, P. van den Elsen, S. Napel, T. Sumanaweera, B. Harkness, P.F. Hemler, D. Hill, D. Hawkes, C. Studholme, J.B.A. Maintz, M. Viergever, G. Malandain, X. Pennec, M. Noz, G. Maguire, M. Pollack, C. Pelizzari, C. Robb, D. Hanson, and R. Woods. Comparison and evaluation of retrospective intermodality brain image registration techniques. *J Comput Assist Tomogr*, 21 :544–66, 1997.

## Segmentation

- [141] F. Angella, O. Laviolle, and P. Baylou. A deformable and expansible tree for structure recovery. In *ICIP'98 : IEEE International Conference on Image Processing*, pages 241–5, Chicago, Illinois, USA, Octobre 1998.
- [142] B.E. Chapman and D.L. Parker. 3D multi-scale vessel enhancement filtering based on curvature measurements : application to time-of-flight MRA. *Med Image Anal*, 9(3) :191–208, Juin 2005.
- [143] B.E. Chapman, J.O. Stapelton, and D.L. Parker. Intracranial vessel segmentation from time-of-flight MRA using pre-processing of the MIP Z-buffer : accuracy of the ZBS algorithm. *Med Image Anal*, 8(2) :113–26, Juin 2004.

- [144] H. Chen and J. Hale. An algorithm for mr angiography image enhancement. *Magn Reson Med*, 33(4) :534–40, Avril 1995.
- [145] R. Chiplunkar, J.M. Reinhardt, and E.A. Hoffman. Segmentation and quantitation of the primary human airway tree. In E.A. Hoffman, editor, *Proc. SPIE Vol. 3033, p. 403-414, Medical Imaging 1997 : Physiology and Function from Multidimensional Images*, pages 403–14, Mai 1997.
- [146] A.C.S. Chung and J.A. Noble. Statistical 3D vessel segmentation using a rician distribution. In *Medical Image Understanding and Analysis 1999*, 1999.
- [147] L. Cohen and R. Kimmel. Global minimum for active contour models : A minimal path approach. *International Journal of Computer Vision*, 24(1) :57–78, Août 1997.
- [148] G. De Dietrich. A modular algorithm for automatic slice positioning in tubular organs. In *MIAR'01 : Medical Imaging and Augmented Reality : First International Workshop*, pages 163–76, Hong Kong, China, Juin 2001. IEEE Computer Society.
- [149] G. De Dietrich. *Segmentation d'organes tubulaires par suivi de squelette*. PhD thesis, Université Bordeaux 1, 2003.
- [150] A. Deistung, M. Kocinski, P. Szczypinski, A. Materka, and J.R. Reichenbach. Segmentation of venous vessels using multi-scale vessel enhancement filtering in susceptibility weighted imaging. In *Intl Soc Mag Reson Med*, volume 14, page 1948, Seattle (USA), Mai 2006.
- [151] T. Deschamps and L.D. Cohen. Fast extraction of minimal paths in 3d images and applications to virtual endoscopy. *Med Imag Anal*, 5(4) :281–99, Décembre 2001.
- [152] Y.P. Du, D.L. Parker, and W.L. Davis. Vessel enhancement filtering in three-dimensional mr angiography. *J Magn Reson Imaging*, 5(3) :353–9, Mai-Juin 1995.
- [153] E. Ferley, M.-P. Cani, and D. Attali. Skeletal reconstruction of branching shapes. In John C. Hart and Kees van Overveld, editors, *Implicit Surfaces*, pages 127–42, Eindhoven, The Netherlands, Octobre 1996.
- [154] N. Flasque, M. Desvignes, J.M. Constans, and M. Revenu. Accurate detection of 3D tubular tree structures. In *ICIP'2000 : IEEE International Conference on Image Processing*, pages 436–9, Vancouver, Canada, Septembre 2000.
- [155] A. Frangi, W. Niessen, K.L. Vincken, and M.A. Viergever. Multiscale vessel enhancement filtering. In *MICCAI '98 : Proceedings of the First International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 130–7, Cambridge, MA, USA, Octobre 1998. Springer-Verlag.
- [156] A.F. Frangi, W.J. Niessen, R.M. Hoogeveen, T. van Walsum, and M.A. Viergever. Model-based quantitation of 3-D magnetic resonance angiographic images. *IEEE Trans Med Imaging*, 18(10) :946–56, Octobre 1999.
- [157] N. Gagvani and D. Silver. Parameter controlled skeletonization of three dimensional objects. In *Visualization '97 Hot Topics*, Octobre 1997.

- [158] N. Gagvani and D. Silver. Parameter controlled volume thinning. In *CVGIP : Graphical Models and Image Processing*, volume 61, pages 149–64, Orlando, FL, USA, Mai 1999. Academic Press, Inc.
- [159] G. Gerig, T. Koller, G. Szekely, C. Brechbuhler, and O. Kubler. Symbolic description of 3-d structures applied to cerebral vessel tree obtained from mr angiography volume data. In H. H. Barrett & A. F. Gmitro, editor, *IPMI '93 : Proceedings of the 13th International Conference on Information Processing in Medical Imaging, Lecture Notes in Computer Science*, volume 687, pages 94–111, Flagstaff, AZ, Juin 1993.
- [160] M.S. Hassouna, A.A. Farag, S. Hushek, and T. Moriarty. Cerebrovascular segmentation from TOF using stochastic models. *Med Image Anal*, 10(1) :2–18, Février 2006.
- [161] R.M. Hoogeveen, C.J. Bakker, and M.A. Viergever. Limits to the accuracy of vessel diameter measurement in MR angiography. *J Magn Reson Imaging*, 8(6) :1228–35, Novembre-Décembre 1998.
- [162] M.K. Hu. Visual pattern recognition by moment invariants. *IRE Trans Info Theory*, 8(2) :179–87, 1962.
- [163] X. Hu, N. Alperin, D.N. Levin, K.K. Tan, and M. Mengeot. Visualization of mr angiographic data with segmentation and volume-rendering techniques. *J Magn Reson Imaging*, 1991.
- [164] C. Kirbas and F. Quek. A review of vessel extraction techniques and algorithms. *ACM Computing Surveys (CSUR)*, 36(2) :81–121, Juin 2004.
- [165] T. Koller, G. Gerig, G. Szekely, and D. Dettwiler. Multiscale detection of curvilinear structures in 2d and 3d image data. In *ICCV'95 : Proceedings of the Fifth International Conference on Computer Vision*, pages 864–9, 1995.
- [166] K. Krissian. *Traitement multi-échelles : applications à l'imagerie médicale et à la détection tridimensionnelle de vaisseaux*. PhD thesis, Université de Nice - Sophia Antipolis, 2000.
- [167] R. Manniesing, B.K. Velthuis, M.S. van Leeuwen, I.C. van der Schaaf, P.J. van Laar, and W.J. Niessen. Level set based cerebral vasculature segmentation and diameter quantification in CT angiography. *Med Image Anal*, 10(2) :200–14, Avril 0.
- [168] M.E. Martinez-Perez, A.D. Hughes, A.V. Stanton, S.A. Thom, A.A. Bharath, and K.H. Parker. Retinal blood vessel segmentation by means of scale-space analysis and region growing. In *MICCAI '99 : Proceedings of the Second International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 90–7, Cambridge, UK, Septembre 1999. Springer-Verlag.
- [169] M.E. Martinez-Perez, A.D. Hughes, A.V. Stanton, S.A. Thom, A.A. Bharath, and K.H. Parker. Segmentation of retinal blood vessels based on the second directional derivative and region growing. In *ICIP'99 : IEEE International Conference on Image Processing*, Kobe, Japan, Octobre 1999.
- [170] Y. Masutani, T. Schiemann, and K.H. Höhne. Vascular shape segmentation and structure extraction using a shape-based region-growing model. In *MICCAI '98 : Proceedings of the First International Conference on Medical Image*

- Computing and Computer-Assisted Intervention*, pages 1242–9, Cambridge, MA, USA, Octobre 1998. Springer-Verlag.
- [171] L. Melie Garcia and Cuban Neuroscience Center. Cuba. Aleman-Gomez, Y. Neuroimaging Department. Individual Brain Atlases using Statistical Parametric Mapping software (IBASPM). [En ligne], 2004. Disponible sur : <<http://www.thomaskoenig.ch/Lester/ibaspm.htm>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [172] F. Meyer. Contrast feature extraction. In *Quantitative Analysis of Microstructures in Material Sciences, Biology and Medicine*. Riederer-Verlag, J. L. Chermant edition, 1977.
- [173] K. Mori, J. Hasegawa, Y. Suenaga, and J. Toriwaki. Automated anatomical labeling of the bronchial branch and its application to the virtual bronchoscopy system. *IEEE Trans Med Imaging*, 19(2) :103–14, Février 2000.
- [174] K. Mori, J.-I. Hasegawa, Y. Suenaga, J.-I. Toriwaki, H. Anno, and K. Katada. Automated labeling of bronchial branches in virtual bronchoscopy system. In *MICCAI '98 : Proceedings of the First International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, volume 1496, pages 870–8, Cambridge, MA, USA, Octobre 1998. Springer-Verlag.
- [175] R. Mukundan and K.R. Ramakrishnan. *Moment functions in image analysis : Theory and applications*. World Scientific, Novembre 1998.
- [176] M.M. Orkisz, C. Bresson, I.E. Magnin, O. Champin, and P.C. Douek. Improved vessel visualization in MR angiography by nonlinear anisotropic filtering. *Magn Reson Med*, 37(6) :914–9, Juin 1997.
- [177] D.L. Parker, B.E. Chapman, J.A. Roberts, A. Alexander, and J.A. Tsurada. Enhanced image detail using continuity in the MIP Z-Buffer : applications to Magnetic Resonance Imaging Angiography. *J Magn Reson Imaging*, 11(4) :378–88, Avril 2000.
- [178] N. Passat, C. Ronse, J. Baruthio, J.-P. Armspach, and C. Maillot. Magnetic resonance angiography : From anatomical knowledge modeling to vessel segmentation. *Med Image Anal*, 10(2) :259–74, Avril 2006.
- [179] N. Passat, C. Ronse, J. Baruthio, J.-P. Armspach, C. Maillot, and C. Jahn. Region-growing segmentation of brain vessels : an atlas-based automatic approach. *J Magn Reson Imaging*, 21(6) :715–25, Juin 2005.
- [180] L. Pothuaud, P. Porion, E. Lespessailles, C.L. Benhamou, and P. Levitz. A new method for three-dimensional skeleton graph analysis of porous media : application to trabecular bone microarchitecture. *J Microsc*, 199 :149–61, Août 2000.
- [181] V. Prinet, O. Monga, and S. Ma. Extraction of vascular network in 3d images. In *ICIP'96 : IEEE International Conference on Image Processing*, volume 3, pages 307–10, Lausanne, Switzerland, Septembre 1996.
- [182] Y. Sato, S. Nakajima, N. Shiraga, H. Atsumi, S. Yoshida, T. Koller, G. Gerig, and R. Kikinis. Three dimensional multi-scale line filter for segmentation and visualization of curvilinear structures in medical images. *Med Imag Anal*, 2(2) :143–68, Juin 1998.

- [183] R.D. Swift, K. Ramaswamy, and W.E. Higgins. Adaptive axes-generation algorithm for 3D tubular structures. In *ICIP'97 : IEEE International Conference on Image Processing*, volume 2, pages 136–9, Santa Barbara, CA, USA, Octobre 1997.
- [184] B. Verdonck, I. Bloch, H. Maitre, D. Vandermeulen, P. Suetens, and G. Marchal. Accurate segmentation of blood vessels from 3d medical images. In *ICIP'96 : IEEE International Conference on Image Processing*, volume 3, pages 311–4, Lausanne, Switzerland, Septembre 1996.
- [185] D.L. Wilson and J.A. Noble. Segmentation of cerebral vessels and aneurysms from mr angiography data. In *IPMI '97 : Proceedings of the 15th International Conference on Information Processing in Medical Imaging*, pages 423–8, London, UK, 1997. Springer-Verlag.
- [186] O. Wink, W.J. Niessen, and M.A. Viergever. Fast delineation and visualization of vessels in 3-d angiographic images. *IEEE Trans Med Imaging*, 19(4) :337–46, Avril 2000.
- [187] P. Yan and A.A. Kassim. Segmentation of volumetric MRA images using capillary active contour. *Med Image Anal*, 10(3) :317–29, Juin 2006.
- [188] P.J. Yim, J.J. Cebral, R. Mullick, H.B. Marcos, and P.L. Choyke. Vessel surface reconstruction with a tubular deformable model. *IEEE Trans Med Imaging*, 20(12) :1411–21, Décembre 2001.
- [189] P.J. Yim, P.L. Choyke, and R.M. Summers. Gray-scale skeletonization of small vessels in magnetic resonance angiography. *IEEE Trans Med Imaging*, 19(6) :568–76, Juin 2000.
- [190] S. Young, V. Pekar, and J. Weese. Vessel segmentation for visualization of mra with blood pool contrast agent. In *MICCAI '2001 : Proceedings of the Fourth International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention*, volume 2208, pages 491–8, Utrecht, The Netherlands, Octobre 2001. Springer-Verlag.
- [191] C. Zahlten, H. Jurgens, and H.O. Peitgen. Reconstruction of branching blood vessels from ct-data. In *Visualization in Scientific Computing*, pages 41–52, Wien, 1995. Springer-Verlag.

## Visualisation de données

- [192] Able Software Corp. 3D-DOCTOR. [En ligne]. Disponible sur : <http://www.ablesw.com/3d-doctor/3dhome.html> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [193] Aston University. Mri3dX. [En ligne]. Disponible sur : <http://imaging.aston.ac.uk/mri3dX/> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [194] J.A. Baerentzen and N.J. Christensen. Hardware accelerated point rendering of isosurfaces. In *Journal of WSCG'03*, volume 11, pages 41–48, Plzen, République Thèque, Février 2003.

- [195] R. Baumgartner and R. Somorjai. Graphical display of fMRI data : visualizing multidimensional space. *Magn Reson Imag*, 19 :283–6, 2001.
- [196] Brain Innovation B. V. BrainVoyager. [En ligne]. Disponible sur : <<http://www.brainvoyager.com/>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [197] K. Bühler, P. Felkel, and A. La Cruz. Geometric methods for vessel visualization and quantification - a survey. Technical Report TR\_VRVis\_2002\_035, VRVis Research Center, Vienna, Austria, 2002.
- [198] E.V. Chernyaev. Marching Cubes 33 : Construction of topologically correct isosurfaces. Technical Report CN/95-17, CERN, Geneva, Switzerland, 1995. Disponible sur : <<http://wwwinfo.cern.ch/asdoc/psdir/mc.ps.gz>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [199] R. W. Cox. AFNI. [En ligne]. Disponible sur : <<http://afni.nimh.nih.gov/afni/>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [200] B. Csébfalvi, A. König, and E. Gröller. Fast surface rendering of volumetric data. In *Journal of WSCG'00*, Plzen, République Thèque, Février 2000.
- [201] R.A. Drebin, L. Carpenter, and P. Hanrahan. Volume rendering. In *SIGGRAPH'88 : Computer Graphics*, volume 22, pages 65–74, 1988.
- [202] P. Felkel, A. Fuhrmann, A. Kanitsar, and R. Wegenkittl. Surface reconstruction of the branching vessels for augmented reality aided surgery. In *BIOSIGNAL'02*, volume 16, pages 252–4, Juin 2002.
- [203] D.T. Gering, A. Nabavi, R. Kikinis, N. Hata, L.J. O'Donnell, W.E.L. Grimson, F.A. Jolesz, P.M. Black, and W.M. WellsIII. An integrated visualization system for surgical planning and guidance using image fusion and an open MR. *J Magn Reson Imaging*, 13 :967–75, 2001.
- [204] A. Kaufman. Volume visualization. In *IEEE Computer Society Press*, Los Alamitos, CA, 1991.
- [205] A. König, H. Doleisch, and E. Gröller. Multiple views and magic mirrors - fMRI visualization of the human brain. Technical report, Inst. of Computer Graphics and Algorithms, Vienna Univ. of Technology, Février 1999. Disponible sur : <<http://www.cg.tuwien.ac.at/research/vis/vismed/MM/>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [206] A. Krieke and H.J. Wagner. A method for spatio-temporal (4-d) data representation in confocal microscopy : application to neuroanatomical plasticity. *J Microsc*, 169 :27–31, 1993.
- [207] M. Levoy. Display of surfaces from volume data. *IEEE Computer Graphics & Applications*, 8 :29–37, 1988.
- [208] W.E. Lorensen and H.E. Cline. Marching cubes : a high resolution 3D surface construction algorithm. *Computer Graphics*, 21(4) :163–9, Juillet 1987.
- [209] L. Lucas, F. Trunde, and N. Bonnet. Time-dependent 3D data sets rendering : an extension of morphing technique. *J. of Visualization and Computer Animation*, 7(4) :193–209, 1996.
- [210] Martinos Center for Biomedical Imaging. FreeSurfer. [En ligne]. Disponible sur : <<http://surfer.nmr.mgh.harvard.edu/>> (Consulté le 21 décembre 2006).

- 
- [211] Medical Numerics Inc. MEDx. [En ligne]. Disponible sur : <<http://medx.sensor.com/>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [212] R.A. Robb and C. Barillot. Interactive display and analysis of 3-D medical images. *IEEE Trans Med Imag*, 8 :217–26, 1989.
- [213] The University of Nottingham. MRicro. [En ligne]. Disponible sur : <<http://www.sph.sc.edu/comd/rorden/mricro.html>> (Consulté le 21 décembre 2006).
- [214] C. Upson and M. Keeler. V-buffer : Visible volume rendering. In *SIGGRAPH'88 : Computer Graphics*, volume 22, pages 59–64, 1988.
- [215] K. Zuiderveld. *Visualization of Multimodality Medical Volume Data using Object-Oriented Methods*. PhD thesis, Universiteit Utrecht, Netherlands, 1995.

