

UNIVERSITÉ DE LIÈGE
Faculté des Sciences Appliquées



CARACTÉRISATION DE L'EFFET DE VOLUME PARTIEL EN
IMAGERIE PAR ÉMISSION DE POSITONS CHEZ LES PETITS
ANIMAUX

Promoteur
Prof. C. Phillips

Mémoire de fin d'études réalisé en vue de l'obtention du grade de
MASTER INGÉNIEUR CIVIL BIOMÉDICAL

par Olivier HERBIET

Année académique 2012-2013

Résumé

Université de Liège
Faculté des Sciences Appliquées
Année Académique 2012-2013

Titre : Caractérisation de l'effet de volume partiel en imagerie par émission de positons chez les petits animaux

Nom : Herbiet Prénom : Olivier
Section : 2^{ème} année du grade de master en ingénieur civil biomédical, à finalité approfondie

La tomographie par émission de positons (TEP) sur les petits animaux nous permet de mieux comprendre certains fonctionnements physiopathologiques de maladies. Les données de la TEP nous donnent les relations existantes entre le développement de la maladie et les modifications biochimiques de manière quantitative. Dès lors, nous avons besoin d'une quantification la plus précise possible de nos données TEP, à savoir l'activité trouvée dans les différentes régions d'intérêt.

Malheureusement, l'effet de volume partiel introduit des biais dans les résultats quantitatifs du TEP. Cet effet de volume partiel est considéré comme la perte d'une partie du signal mesuré dans les petites structures anatomiques. Nous avons généralement une sous-estimation de la valeur de l'activité que l'on mesure et un étalement vers les structures avoisinantes.

Dans ce travail, après avoir passé en revue différentes techniques de correction de cet effet de volume partiel, nous implémenterons une de ces méthodes, à savoir la méthode de Rousset. Nous l'appliquerons, tout d'abord, sur des images synthétiques afin de vérifier sa fiabilité avant de l'appliquer sur des images réelles dynamiques du cerveau d'une souris. Par après, nous implémenterons une deuxième technique, la méthode de Müller-Gärtner, afin de vérifier les résultats obtenus par notre première méthode de correction et de manière à comparer les différents résultats obtenus.

Remerciements

Ce mémoire n'aurait sans doute pas pu être mené à bien sans l'aide de plusieurs personnes. Je tiens donc à adresser mes sincères remerciements à toutes les personnes m'ayant permis de mener ce travail à son terme.

En premier lieu, je tiens à remercier mon promoteur, le Professeur Philips, pour m'avoir proposé un sujet très intéressant. Je tiens également à le remercier pour toute l'aide qu'il a su m'apporter lors de la réalisation de ce travail de fin d'études.

Je tiens également à remercier tout particulièrement Mohamed Ali Bahri, qui m'a aidé et conseillé tout au long de la réalisation de ce mémoire, pour sa très grande disponibilité dont il a fait preuve lorsque je devais résoudre les nombreux problèmes que j'ai rencontrés lors de ce projet.

Je souhaite ensuite remercier Dounia Taleb pour son aide et les différents conseils qu'elle m'a donnés.

Je remercie également le professeur Rousset de l'Université Johns-Hopkins pour les différents conseils et nombreux mails échangés sur sa propre méthode, qui m'ont permis de la comprendre au mieux.

Je souhaite ensuite remercier mes amis et ma famille qui m'ont supporté et m'ont permis de relâcher la pression lorsque le besoin s'en faisait sentir durant cette année, ainsi que les professeurs qui m'ont enseigné les bases nécessaires à la compréhension et à l'aboutissement de ce travail.

Je tiens finalement à remercier mes parents pour m'avoir soutenu et encouragé durant toutes ces années d'études et pour le temps qu'ils ont consacré à la relecture de ce mémoire.

Table des matières

Résumé	iii
Remerciements	iv
1 Introduction	1
2 Etat de l’art	3
2.1 Imagerie par Résonance Magnétique	3
2.2 CT scan	5
2.3 Tomographie par émission de positons (TEP)	7
2.4 Effet de volume partiel	15
2.5 Correction de l’effet de volume partiel	19
2.5.1 Méthode de Hoffman	19
2.5.2 Méthode de Videen	19
2.5.3 Méthode de Müller-Gärtner	20
2.5.4 Méthode de Rousset	22
2.6 Calcul de la fonction de régulation (PSF)	27
2.7 Convolution d’une image par la PSF	33
3 Application : données synthétiques	37
3.1 Image constituée de formes simples	37
3.2 Image constituée des régions du cerveau de souris	43
3.3 Ajout de bruit dans l’image “synthétique”	47
4 Application : données réelles	48
4.1 Méthode de Rousset	48
4.1.1 Cas sur une image seule	48
4.1.2 Cas sur une image dynamique	52
4.2 Méthode de Müller-Gärtner	58
5 Conclusion et perspectives	63
6 Références	65

Table des figures

2.1	IRM	3
2.2	Micro CT	5
2.3	Micro PET	7
2.4	Tube photomultiplicateur	8
2.5	Coïncidence vraie et LOR	9
2.6	Informations dont on dispose pour la reconstruction de l'image	9
2.7	Point source d'activité (gauche) et annihilation (droite) . . .	10
2.8	Sinogramme après six événements (gauche); après mille événements (droite)	11
2.9	Rétroprojection après six événements	12
2.10	Image (gauche), sinogramme (milieu) et image obtenue par la somme de toutes les rétroprojections de l'image de départ (droite)	12
2.11	Géométrie pour la reconstruction d'image sous forme d'équations	13
2.12	Coïncidence diffusée (gauche) et accidentelle (droite)	16
2.13	Trajet du positon avant annihilation et variation de l'angle .	16
2.14	Spill-out	17
2.15	Fantôme vu par le PET et par le CT	18
2.16	PSF et FWHM	18
2.17	Différentes PSF pour une même activité	18
2.18	Produit de convolution de la PSF et de la WM	21
2.19	Division de l'image TEP par la carte d'occupation de la GM	22
2.20	Sous-échantillonnage de l'image de l'atlas	23
2.21	Schéma des différentes étapes à réaliser	24
2.22	Spill-out et spill-in	25
2.23	Représentation du fantôme. Les deux flèches montrent les deux capillaires cylindriques contenant l'activité	27
2.24	Image du fantôme vu sous le logiciel <i>Amide</i>	28
2.25	Activité mesurée pour différentes valeurs de FWHM	28
2.26	Génération de la <i>Line Profile</i>	29
2.27	Profil de la PSF au centre du champ de vue dans la direction x	29
2.28	Extraction du premier pic et FWHM	30

2.29	Courbe gaussienne via <i>Amide</i> en bleu et celle reconstruite en rouge	32
2.30	Valeurs de FWHM suivant les trois directions	33
2.31	Représentation de l'image convoluée (gauche) et de l'image de départ (droite)	34
2.32	Image convoluée par la PSF	35
2.33	Représentation de l'image convoluée (gauche) et de l'image de départ (droite)	36
3.1	Représentation de notre image "synthétique"	38
3.2	Mask du premier volume, à savoir, la sphère	38
3.3	Représentation de l'image "synthétique" (gauche) et de la convolution de cette dernière par la PSF (droite)	39
3.4	Chevauchement du mask_convolué de la région 4 avec le mask de la région 2	41
3.5	Chevauchement du mask_convolué de la région 3 avec le mask de la région 2	42
3.6	Représentation de l'image constituée des régions du cerveau de souris	43
3.7	"Mask" du cervelet	44
3.8	Représentation de W	44
3.9	Représentation des régions 4 (blanc) et 2 (rouge) du cerveau de la souris	45
4.1	Image PET du cerveau de souris	49
4.2	"Template" PET FDG du cerveau de souris	49
4.3	Position des différents VOIs du cerveau de souris	50
4.4	TAC du striatum et du thalamus avant et après correction par la méthode de Rousset	53
4.5	TAC du cervelet et du cortex avant et après correction par la méthode de Rousset	54
4.6	Pourcentage du volume de chaque région du cerveau	55
4.7	Amélioration moyenne de l'activité pour chaque région	56
4.8	Amélioration moyenne de l'activité en fonction du volume	57
4.9	"Mask" du cerveau de la souris	58
4.10	Convolution du "mask" par la PSF	59
4.11	Image "M-G" du cerveau de souris	59
4.12	TAC du striatum et du thalamus avant et après correction par la méthode de Müller-Gärtner	60
4.13	TAC du cervelet et du cortex avant et après correction par la méthode de Müller-Gärtner	61
4.14	TAC du cervelet et du cortex avant et après correction par la méthode de Rousset et celle de Müller-Gärtner	61

Chapitre 1

Introduction

De nos jours, il est nécessaire d'étudier et de comprendre au mieux les différents mécanismes physiopathologiques des maladies humaines. Toutes ces études sont à la base de l'établissement des techniques d'imagerie in vivo et différents modèles animaux vont ainsi voir le jour. La tomographie par émission de positons (TEP) sur les petits animaux, comme les rats et les souris, apporte un nombre élevé de nouvelles informations sur différents types de maladies (neurodégénératives, psychiatriques, cancers, etc.).

Les données de la TEP sont utiles pour expliquer de manière quantitative les relations de causalité entre les modifications biochimiques et les différentes étapes de l'évolution de la maladie. Pour cela, nous avons besoin d'une quantification la plus correcte et la plus précise des données TEP pour que les mesures des concentrations du radiotraceur soient les plus représentatives possibles du métabolisme du tissu en question.

Malheureusement, des phénomènes physiques tel que l'effet de volume partiel introduisent des biais dans les résultats quantitatifs du TEP. Cet effet de volume partiel est considéré comme la perte d'une partie du signal mesuré dans les petites structures anatomiques. Cette perte est due à la résolution spatiale limitée du scanner. Nous avons généralement une sous-estimation de la valeur de l'activité que l'on mesure et un étalement vers les structures avoisinantes.

L'objectif de ce travail de fin d'études est de caractériser cet effet de volume partiel en imagerie par émission de positons et d'implémenter une méthode de correction. Nous travaillerons sur le micro PET et le micro CT du Centre de Recherches du Cyclotron de l'Université de Liège.

Dans un premier temps, nous expliquerons les grands principes de fonctionnement des différents appareils d'imagerie médicale, à savoir l'IRM (Imagerie par Résonance Magnétique), le CT scan (Computed Tomography) et le TEP (Tomographie par Emission de Positons).

Ensuite, nous définirons l'effet de volume partiel avant de passer en revue les différentes méthodes de correction existantes. Parmi ces différentes techniques, nous choisirons la méthode la plus adaptée suivant les données disponibles, ici, au Centre de Recherches du Cyclotron.

Par la suite, nous implémenterons cette technique choisie après avoir obtenu et calculé les différentes données nécessaires à son bon fonctionnement. Tout d'abord, nous l'appliquerons sur une image "test" afin de vérifier sa fiabilité avant de l'appliquer sur des images de cerveau de souris. Nous implémenterons également une autre technique de correction afin de comparer les deux méthodes choisies.

Chapitre 2

Etat de l'art

Cette section a principalement été écrite à l'aide du cours “Medical Imaging” du professeur Phillips ainsi que du livre “Medical Imaging : Signals and Systems” servant de référence à ce cours [1] et [2].

2.1 Imagerie par Résonance Magnétique

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) repose sur le principe de la résonance magnétique nucléaire. Elle permet d'obtenir des vues 2D et 3D d'une partie du corps. Elle est principalement utilisée pour représenter les tissus mous, comme notamment le cerveau. C'est une technique non invasive et non irradiante. Nous pouvons voir sur la figure 2.1 ce type de scanner.



FIGURE 2.1 – IRM

Avant de pouvoir comprendre son fonctionnement, il faut se rappeler quelques concepts de physique nucléaire.

Les noyaux des atomes sont caractérisés par un spin nucléaire lequel dépend du nombre de protons et de neutrons. Lorsque ce spin est différent de 0, on dit que l'atome possède un moment magnétique. L'atome joue donc le rôle d'un petit aimant. Nous avons pour l'hydrogène, à savoir l'atome le plus répandu dans le corps humain, un spin de 0.5. Il y a donc deux niveaux d'énergie possibles, les niveaux "up" et "down".

Le scanner possède un champ magnétique constant et permanent (B_0) produit par un puissant aimant. Ce champ B_0 oriente les noyaux des différents atomes dans sa direction de manière parallèle (niveau "up") ou anti-parallèle (niveau "down"). La différence d'énergie dans les deux états est donnée par :

$$\Delta E = \gamma \hbar B_0$$

Où γ est le rapport gyromagnétique et \hbar est la constante de Planck réduite.

A l'état d'équilibre dans B_0 , il y a légèrement plus d'atomes "up" que "down" ce qui entraîne une petite magnétisation M_z dans la direction de B_0 .

Le scanner peut également générer un champ magnétique tournant à l'aide d'antennes. Le champ oscillant produit est une onde électromagnétique radio-fréquence (onde RF) car la fréquence est de l'ordre du MHz. Ces pulses apportent une certaine quantité d'énergie aux atomes "up", d'énergie inférieure aux atomes "down". Lorsque cette énergie est égale à ΔE , deux effets séparés se produisent :

- La magnétisation longitudinale M_z se réduit et peut même devenir anti-parallèle par le saut d'énergie d'atomes qui vont donc passer d'un niveau "up" à un niveau "down".
- Une magnétisation transverse M_{xy} apparaît grâce à la synchronisation des spins.

Nous avons donc une bascule de l'aimantation longitudinale vers une aimantation transversale. Lorsque nous n'appliquons plus ce pulse, le système retourne vers son état initial d'équilibre, à savoir l'état "up" en libérant une certaine quantité d'énergie ; M_{xy} diminue jusqu'à retourner à 0 et M_z augmente jusqu'à retrouver sa valeur initiale.

Ces phénomènes de relaxation (retour à l'équilibre) longitudinale et transversale sont caractérisés par deux paramètres appelés T_1 et T_2 . Ce sont des constantes de temps qui représentent, respectivement, le temps qu'il faut pour que M_z retrouve 63% de son aimantation initiale et que M_{xy} perde 63% de son aimantation. T_1 et T_2 dépendent de l'intensité magnétique du

champ statique appliqué et du type de tissus rencontrés, ce qui permettra par la suite le contraste de l'image finale. Le scanner possède une antenne qui enregistre ce vecteur magnétique, ce qui permet la reconstruction de l'image voulue.

Le contraste de l'image sera donc pondéré par T_1 , T_2 et la densité de protons, raison pour laquelle l'IRM représente principalement les tissus mous vu leur très bonne densité protonique. Ces différents paramètres sont indépendants de l'utilisateur. Il existe deux autres paramètres dépendants de l'utilisateur qui permettent de jouer sur le contraste de l'image. Il s'agit du temps de répétition (TR) et du temps d'écho (TE). En jouant sur ces deux derniers paramètres, nous permettons à certains atomes de revenir, ou pas, à leur position d'équilibre. Cela nous permet d'obtenir des images pondérées en fonction de ce que nous voulons observer dans l'image en créant des nuances de gris par la différence d'intensité du signal capté par l'antenne RF de réception.

Un scanner IRM inclut également des bobines dites "de gradient", orientées selon les trois axes. Leur rôle est de modifier localement (et linéairement) l'intensité du champ principal (mais pas sa direction). Cela permet de déterminer la localisation spatiale précise de l'endroit que l'on veut examiner.

2.2 CT scan

Le CT scan (Computed Tomography) est un appareil d'imagerie médicale permettant d'obtenir des images structurales d'une partie du corps. La principale technique de ce scanner consiste à mesurer l'absorption des rayons X par les tissus. C'est une technique dite irradiante. Celui que nous utiliserons dans le cadre de ce travail est un micro CT dont voici une représentation sur la figure 2.2.

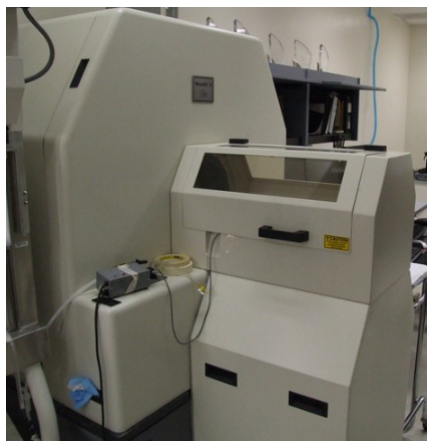


FIGURE 2.2 – Micro CT

Les rayons X sont créés à partir d'un tube à rayons X. Ces derniers sont principalement créés par l'effet Bremsstrahlung dont voici un petit descriptif :

Lorsqu'un électron est bombardé vers un atome, il est freiné et dévié par le champ électrique du noyau de l'atome cible. Cette variation de vitesse entraîne la production d'un photon.

Nous avons donc la production d'un faisceau de rayon X dont la durée et l'intensité peuvent être ajustées manuellement. En effet, l'énergie de ces rayons X dépend de la différence de potentiel appliquée entre la cathode et l'anode du tube à rayon X. Le faisceau est polyénergétique et, quand il traverse un corps, une partie de ses photons sont absorbés ou déviés par les tissus. Les photons subissent principalement l'effet photoélectrique ou la diffusion de Compton pour lesquels voici quelques explications succinctes :

- Effet photoélectrique : le photon incident cède toute son énergie à un électron. Ceci provoque l'éjection de l'électron du cortège électronique ; le photon, quant à lui, est absorbé.
- Diffusion de Compton : le photon entre en collision avec un électron et lui transfère une partie de son énergie. Cette interaction a pour conséquence une modification de l'énergie initiale du photon et un changement dans sa direction.

Cette absorption et cette déviation varient en fonction du type de tissus rencontrés (par exemple, les os absorbent plus que les tissus mous) et de l'énergie des photons.

La mesure utile est le rapport entre l'intensité du faisceau à l'émission (avant de pénétrer dans le corps) et la réception (après avoir traversé le corps). Cette mesure consiste donc en l'intégrale du coefficient d'absorption des tissus traversés par un faisceau de rayons X. Ce dernier est supposé très fin et se déplaçant en ligne droite.

La source et le détecteur tournent autour du sujet, ceci permet l'accumulation des données sur une tranche. Nous pouvons ensuite reconstruire sous forme d'image la distribution spatiale du coefficient d'absorption sur cette tranche. Cette technique porte le nom de tomodensitométrie.

Pour information, les photons arrivant aux détecteurs traversent une région de phosphore où ils sont transformés par ce dernier en photons de lumière. Ces photons sont ensuite transformés en électrons par une photocathode. La mesure du courant généré détermine l'intensité des rayons X.

A la sortie du corps, le faisceau de rayon X est fortement atténué par rapport à l'intensité du faisceau émis par le tube à rayon X. Cette intensité des rayons X reçus est donc estimée par le courant généré.

2.3 Tomographie par émission de positons (TEP)

Il s'agit d'une méthode utilisée en médecine nucléaire pour mesurer l'activité métabolique d'un organe *in vivo*. Cette technique est basée sur la mesure d'émission de photons ionisants émis à partir de l'intérieur du corps. C'est une méthode invasive et irradiante. Dans le cadre de ce travail, il s'agit d'un micro PET dont voici une représentation sur la figure 2.3.

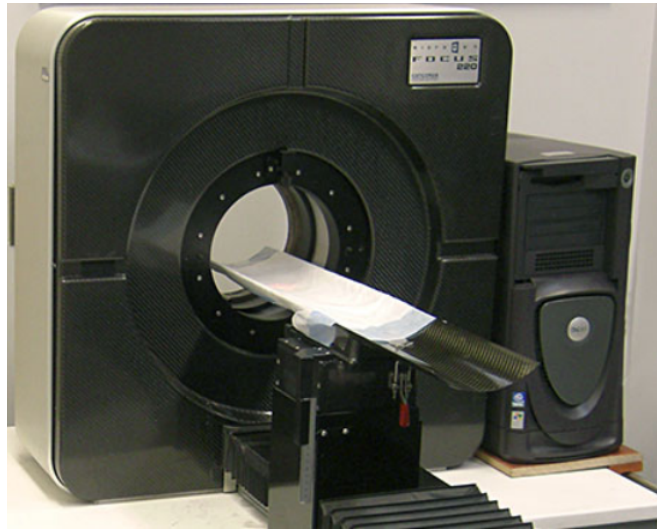
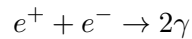


FIGURE 2.3 – Micro PET

Nous allons tout d'abord expliquer comment sont émis les rayons gamma. Un radiotraceur est injecté dans le corps du patient. Il s'agit d'une molécule spécifique sur laquelle a été fixée un atome radioactif instable. Ce dernier se décompose et, lors de sa décroissance radioactive, il émet un positon (e^+). Le radiotraceur s'accumule à un endroit précis qui dépend de la nature du radiotraceur utilisé. Celui qui est utilisé dans le cadre de ce projet est le ^{18}F -fluorodésoxyglucose (^{18}F -FDG). Il s'agit d'une molécule de glucose dans laquelle a été insérée le marqueur fluor 18 correspondant à l'atome instable. Il se fixe au niveau des tissus qui consomment des grandes quantités de ce sucre comme le cerveau, ce qui nous intéresse dans ce cas-ci. Il est à noter qu'il existe plusieurs autres radiotraceurs qui permettent d'imager d'autres processus physiologiques en fonction de la molécule synthétisée et de son interaction avec le corps. La demi-vie du radiotraceur est une caractéristique importante dans le choix du radiotraceur à utiliser. En effet, une trop longue demi-vie provoquerait une irradiation trop importante chez les patients. Inversement, une demi-vie trop courte ne serait pas compatible avec la durée de la préparation et l'intervalle entre la préparation et l'injection. Pour information, la demi-vie du ^{18}F est approximativement de

deux heures. Les atomes radioactifs se décomposent donc en émettant des positons et ces derniers subissent ensuite des désintégrations. En effet, le positon émis parcourt une certaine distance jusqu'à ce qu'il rencontre un électron. Ceci engendre une annihilation des deux particules qui correspond à la désintégration comme montré ci-dessous :



Les deux particules s'annulent en libérant deux photons d'énergie égale à 511 keV qui sont émis dans des directions opposées. Des capteurs se trouvent tout autour du sujet (ou, dans notre cas, de la souris) et détectent en coïncidence la paire de photons émis. Ces capteurs suivent le même principe que ceux utilisés dans le CT scan.

Ces capteurs sont composés de cristaux scintillateurs. Lorsque les photons arrivent sur ces derniers, ils émettent par fluorescence des photons lumineux dont leur intensité dépend de l'énergie du photon incident. Le cristal le plus couramment utilisé est le BGO (Bismuth Germanate Oxide). Il est à noter qu'il existe de nombreux autres cristaux comme le NaI, Lu_2SiO_5 ou encore le YAlO_3 . Le BGO est relativement épais et possède le plus grand pouvoir d'arrêt des photons afin de les transformer. Ensuite, ces photons lumineux arrivent dans un tube photomultiplicateur qui les transforme en signal électrique [4]. Un cristal est généralement équipé de plusieurs tubes photomultiplicateurs ce qui permet d'estimer de manière plus précise la position de l'arrivée du photon sur le capteur. Ce dernier est constitué d'une photocathode, de dynodes et d'une anode collectrice comme représenté sur la figure 2.4.

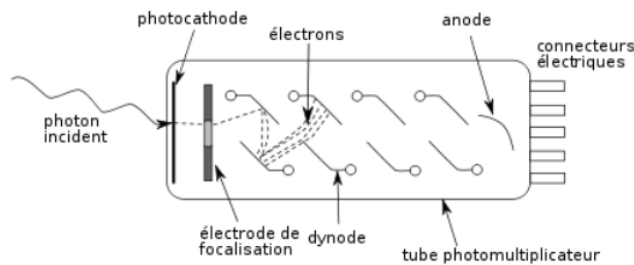


FIGURE 2.4 – Tube photomultiplicateur

- La photocathode transforme les photons lumineux en électrons, principalement par effet photoélectrique.
- Les dynodes multiplient le nombre d'électrons.
- L'anode collectrice capte les électrons et les transforme en un courant électrique qui est donc proportionnel à l'énergie du rayonnement.

Pour reconstruire l'image, nous ne disposons que d'une seule information. En effet, la détection en coïncidence permet d'identifier la ligne sur laquelle se situe l'émission des deux photons, appelée "Line Of Response" (LOR) comme représenté sur la figure 2.5.

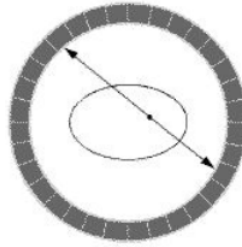


FIGURE 2.5 – Coïncidence vraie et LOR

La méthode utilisée pour reconstruire l'image est la rétroprojection. C'est une méthode classique de reconstruction par inversion analytique de la transformée de Radon. Il faut savoir que cette technique n'est pas tout à fait correcte. Nous expliquerons après la méthode utilisée actuellement pour le micro PET du CRC, à savoir la rétroprojection filtrée.

Les seules informations que l'on possède sont l'angle θ et la longueur l comme montré sur la figure 2.6. Nous voyons sur cette figure la LOR qui percute deux capteurs. Les deux informations dont on dispose sont donc l qui représente la distance du centre à l'intersection de la LOR et de la perpendiculaire à cette dernière passant par le centre, et θ qui est l'angle formé par cette dernière droite et l'axe des x .

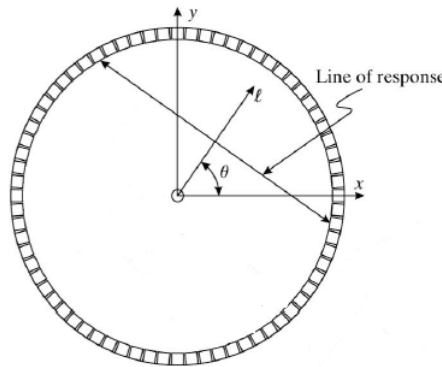


FIGURE 2.6 – Informations dont on dispose pour la reconstruction de l'image

Pour chaque paire (θ^*, l^*) , nous calculons le nombre de LOR détectés après un "certain temps", de manière à accumuler suffisamment de mesures de coïncidence. Ainsi, pour chaque paire (θ^*, l^*) , nous pouvons attribuer N

événements. Ensuite, nous pouvons les représenter sur un graphique appelé sinogramme. Nous sommes ensuite capables de reconstruire l'image de départ à partir du sinogramme comme expliqué ci-après.

Il est à préciser que l'endroit exact de l'annihilation n'est pas connu, nous savons juste qu'il se trouve sur la LOR reliant les deux détecteurs touchés en coïncidence.

Il faut également savoir que seul un certain nombre de rayons gamma sont utilisés pour reconstruire l'image. En effet, lorsqu'il y a annihilation, nous avons l'éjection de deux rayons gamma dans des directions opposées. Les rayons peuvent subir des effets différents, à savoir, subir l'effet Compton, être absorbés dans le corps, manquer les détecteurs ou enfin percuter ces derniers. Bien évidemment, seuls les rayons gamma arrivant aux détecteurs servent à la reconstruction de l'image.

Nous allons maintenant expliquer plus en détail comment est reconstruite l'image à partir des données mesurées. L'article de "*Reader*" a été d'une grande utilité pour mieux comprendre cette partie [3].

Nous avons, par exemple, un point source d'activité comme montré sur la figure 2.7.

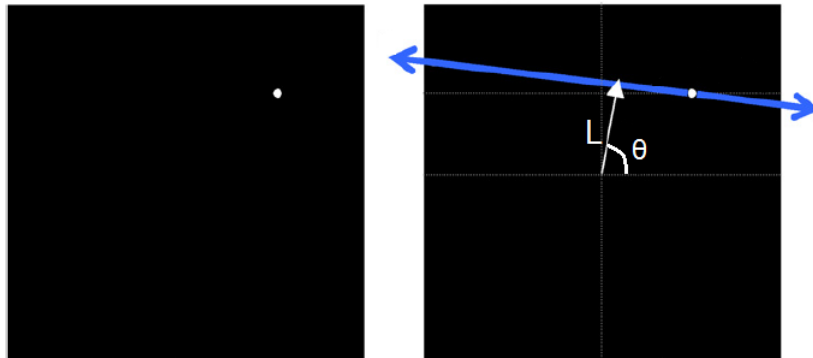


FIGURE 2.7 – Point source d'activité (gauche) et annihilation (droite)

Nous pouvons donc voir sur la partie gauche de cette figure le point source d'activité. Nous voyons également que, sur la partie droite, il y a eu annihilation d'un électron et d'un positon avec, donc, la production de deux photons de 511 keV émis dans des directions opposées. Parmi les multiples détecteurs encerclant le champ de vue, deux vont être percutés par ces photons. La LOR est tout simplement la droite joignant ces deux capteurs. Nous

avons donc pour cette LOR les coordonnées θ et l qui sont déterminées. Un nombre très important d'annihilations vont avoir lieu.

Nous pouvons voir sur le tableau ci-dessous, les coordonnées des six premiers événements détectés par les capteurs qui proviennent de la même source.

L (en mm)	θ (en degré)
-40.6	106.9
-46.1	134.8
-35.6	173.2
-33.1	91.2
-45.6	138.1
20.8	18.7

Nous pouvons maintenant représenter les points sur un sinogramme comme expliqué précédemment. Voici directement montré sur la figure 2.8 le sinogramme après les six premiers événements (gauche) ainsi que le sinogramme après 1000 événements (droite). Nous pouvons enfin voir l'allure que prend la courbe représentant l'unique point source. Cette courbe correspondra toujours à une sinusoïde, d'où son nom, sinogramme.

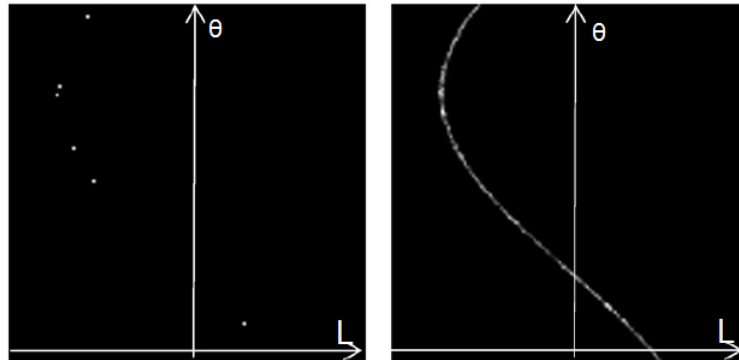


FIGURE 2.8 – Sinogramme après six événements (gauche) ; après mille événements (droite)

Il faut savoir que le nombre de détections assignées à une LOR joignant une paire de capteurs est proportionnel à l'intégrale ligne de l'activité le long de cette LOR. Dès lors, la technique consiste pour chaque point du sinogramme à tracer une droite suivant les coordonnées du point en question sur une nouvelle image. Nous placerons la même intensité en chaque point

de la droite tracée qui porte le nom de rétroprojection. Pour plus de clarté, voici représenté sur la figure 2.9, la rétroprojection pour les six premiers événements détectés. Nous voyons déjà apparaître sur l'image le point source exactement au même endroit que sur la figure départ.

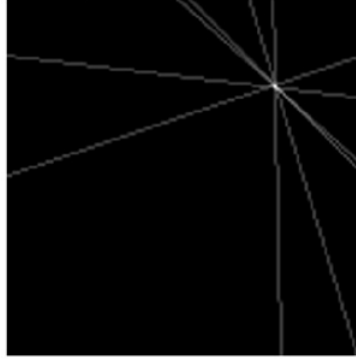


FIGURE 2.9 – Rétroprojection après six événements

Nous pouvons voir sur la figure 2.10 le sinogramme (milieu) ainsi que l'image obtenue par la somme de toutes les rétroprojections (droite) ; d'une image constituée d'une sphère, d'une droite, de deux points sources ainsi que d'un cube (gauche).

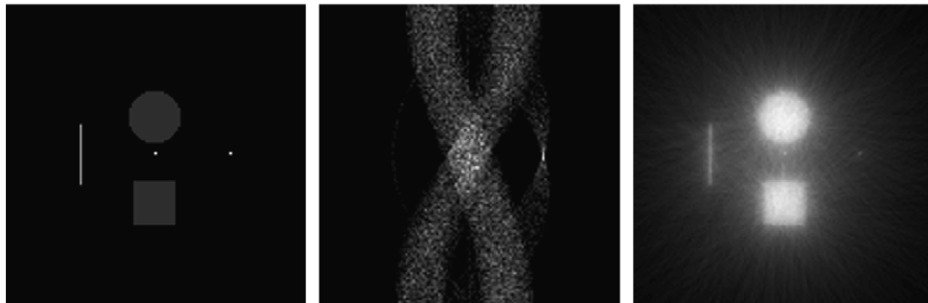


FIGURE 2.10 – Image (gauche), sinogramme (milieu) et image obtenue par la somme de toutes les rétroprojections de l'image de départ (droite)

Il faut savoir que deux objets peuvent fournir une projection identique mais il existera toujours au moins une projection différente. Nous voyons dès lors directement l'intérêt d'essayer d'avoir le plus grand nombre de projections de manière à reconstruire l'objet le plus fidèlement possible.

Les régions contenant une haute activité généreront un plus grand nombre de LOR que les régions contenant une plus faible quantité d'activité.

Le nombre total de coïncidences comptées le long d'une LOR donnée représente une intégration de l'activité totale le long de cette ligne. Il faut bien se rappeler que l'on ne sait pas où se trouve la position exacte de l'annihilation, nous ne connaissons que la ligne (LOR) où elle s'est produite. Le PET mesure une intégrale ligne d'activité.

Expliquons maintenant la méthode de la rétroprojection filtrée. L'objectif de cette technique est de reconstruire $A(x, y)$ qui représente la distribution spatiale du radiotraceur. Pour rappel, nous avons deux rayons gamma originaires de la position s_0 qui voyagent dans des directions opposées sur la ligne $L(l, \theta)$, comme montré sur la figure 2.11.

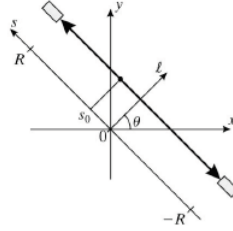


FIGURE 2.11 – Géométrie pour la reconstruction d'image sous forme d'équations

Nous avons donc un photon qui voyage dans la direction $+s$ et un autre dans la direction $-s$. S'ils ne subissent aucune absorption et aucune déviation, ils percuteront les détecteurs du PET et seront comptés comme un événement en coïncidence. Il est à noter qu'un photon peut subir une plus grande atténuation le long de son chemin jusqu'au détecteur que l'autre photon émis.

Supposons qu'il y ait N_0 annihilation de positons en s_0 avec les photons qui voyagent le long de la droite $L(l, \theta)$. Nous avons donc N_0 photons qui voyagent dans la directions $+s$ et également N_0 rayons gamma qui voyagent dans la direction $-s$. Nous pouvons prédire combien de photons arriveront réellement à chaque détecteur si nous connaissons l'atténuation $\mu(x, y; E)$ dans le plan. Cette atténuation dépend du type de tissu rencontré et de l'énergie des photons. En effet, plus l'énergie est grande, moins les photons sont atténués. Inversement, plus l'énergie est faible, plus les photons sont atténués par les différents tissus. Nous avons N^+ pour ceux arrivant dans le sens $+s$ et N^- pour ceux arrivant dans la direction $-s$ comme montré par les deux équations suivantes :

$$N^+ = N_0 \exp \left\{ - \int_{s_0}^R \mu(x(s'), y(s'); E) ds' \right\}$$

$$N^- = N_0 \exp \left\{ - \int_{-R}^{s_0} \mu(x(s'), y(s'); E) ds' \right\}$$

Où nous avons :

$$x(s) = l \cos \theta - s \sin \theta$$

$$y(s) = l \sin \theta + s \cos \theta$$

Seulement, ces deux nombres N^+ et N^- ne sont pas les nombres que nous recherchons. En effet, ces nombres nous informent du nombre de photons individuels qui arrivent sur les détecteurs respectifs mais pas en coïncidence, deux à deux comme nous le voudrions. Il faut donc qu'aucun des deux photons ne soient absorbés par le corps. Par conséquent, ce qui importe ici, c'est le produit de leur facteur d'atténuation. Le nombre de photons en coïncidence $N_c(s_0)$ détecté par les capteurs est donné par :

$$N_c(s_0) = N_0 \exp \left\{ - \int_{s_0}^R \mu(x(s'), y(s'); E) ds' \right\} \exp \left\{ - \int_{-R}^{s_0} \mu(x(s'), y(s'); E) ds' \right\}$$

Nous pouvons bien entendu combiner les termes exponentiels en sommant leurs exposants, ce qui nous donne une intégrale sur toute la ligne comme montré ci-dessous :

$$N_c(s_0) = N_0 \exp \left\{ - \int_{-R}^R \mu(x(s'), y(s'); E) ds' \right\}$$

Nous voyons sur cette équation que le nombre de coïncidences détectées ne dépend pas de la position de l'annihilation du positon mais plutôt de l'atténuation $\mu(x, y; E)$.

Cette dernière équation caractérise les événements en coïncidence découlant de l'annihilation des positons seulement à la position s_0 sur la ligne $L(l, \theta)$ et non pour tous les autres sites d'annihilation se trouvant sur cette même ligne et éjectant leurs photons sur cette même direction. Pour capturer tous les événements sur cette ligne, nous devons intégrer l'activité sur la ligne. Nous avons donc ϕ représentant le taux de fluence photonique en coïncidence qui est donné par :

$$\phi(l, \theta) = \kappa \int_{-R}^R A(x(s), y(s)) \exp \left\{ - \int_{-R}^R \mu(x(s'), y(s'); E) ds' \right\} ds$$

Où κ est un simple terme qui inclut plusieurs autres constantes telles que la surface du détecteur, l'efficacité, etc. qui influencent ϕ et $A(x, y)$

qui représente l'activité. Nous avons également le facteur exponentiel qui ne dépend pas de s ce qui entraîne un réarrangement pour nous donner l'équation finale suivante :

$$\phi(l, \theta) = \kappa \int_{-R}^R A(x(s), y(s)) \, ds \exp \left\{ - \int_{-R}^R \mu(x(s'), y(s'); E) \, ds' \right\}$$

Il est à noter que lorsque l'on néglige le facteur d'atténuation, l'équation devient :

$$\phi(l, \theta) = \kappa \int_{-R}^R A(x(s), y(s)) \, ds$$

Ce qui signifie que le PET scan mesure la transformée de Radon de la radioactivité. Dès lors, il nous suffit d'effectuer la transformée inverse de Radon afin de trouver l'activité ($A(x, y)$).

Si l'atténuation est connue, nous pouvons poser :

$$\phi_c(l, \theta) = \frac{\phi(l, \theta)}{\kappa \exp \left\{ - \int_{-R}^R \mu(x(s), y(s); E) \, ds \right\}}$$

Où E est égal à 511 keV. Dans ce cas-ci, nous avons donc $\phi(l, \theta)$ qui est d'abord corrigé pour l'atténuation avant de subir la transformation inverse de Radon.

2.4 Effet de volume partiel

Le mémoire de Virginie Kinnard a été d'une aide précieuse pour la rédaction et la compréhension de cette section [5] ainsi que l'article du professeur Buvat [8].

Lors de la reconstruction d'une image PET, nous rencontrons plusieurs problèmes qui affectent l'image comme nous pouvons le voir ci-dessous :

- Coïncidence diffusée. Cet effet est dû à l'effet Compton sur les photons, ce qui entraîne une déviation du photon et, par conséquent, une mauvaise LOR comme représenté sur la figure 2.12 [6]. Il est à noter qu'il existe une fenêtre d'énergie pour la détection. Les photons en subissant cet effet voient leur énergie diminuée ce qui nous permet de ne pas prendre en compte un certain nombre de ces photons perturbateurs.

- Coïncidence accidentelle. Cela se produit lorsque deux photons issus d'annihilations différentes sont pris en compte comme montré sur la figure 2.12 [6]. Une fois de plus, cela entraîne la prise en considération d'une mauvaise LOR.

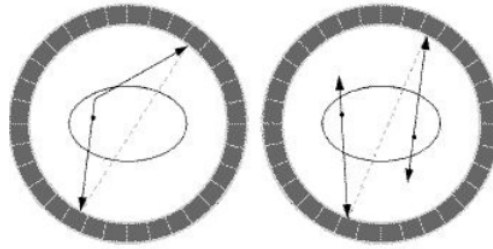


FIGURE 2.12 – Coïncidence diffusée (gauche) et accidentelle (droite)

- Coïncidence multiple. Cela arrive lorsque plusieurs photons arrivent en même temps sur les détecteurs. Il est à noter que, pour essayer d'éviter au maximum ce problème, il existe une fenêtre temporelle de quelques nanosecondes au niveau de la détection.
- Effet photoélectrique. Les photons sont absorbés et disparaissent avant la détection. Il est à noter que cet effet est assez bien compensé.
- L'émission des photons n'est pas exactement égale à 180 degré mais est différente de quelques dixièmes de degré, comme le montre l'angle α sur la figure 2.13 [7]. Nous voyons également sur cette figure 2.13 que la position de l'annihilation est différente de celle de l'émission du positon. Il est à noter qu'il n'existe aucune solution à apporter à ce problème.

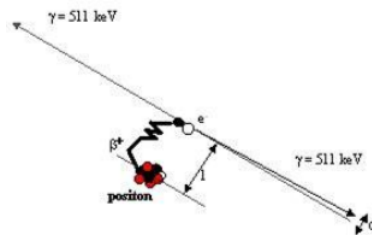


FIGURE 2.13 – Trajet du positon avant annihilation et variation de l'angle

Tous ces différents effets affectent la qualité de l'image et la résolution de la machine. Nous pouvons déjà parler d'effet de volume partiel. Cet effet de volume partiel entraîne une sous-estimation de l'activité dans

les différentes structures de petites tailles. Nous avons dès lors l'activité d'un voxel qui n'est pas représentative de l'activité réelle de la matière à laquelle il appartient. Cela est principalement dû aux deux phénomènes qui se produisent :

1. Spill-in : apport d'une partie de l'activité d'un voxel voisin.
2. Spill-out : perte d'activité par sa contribution à un voxel voisin.

Nous pouvons voir, sur la figure 2.14, le phénomène de spill-out. L'activité mesurée est plus faible qu'en réalité de par sa contribution aux voxels voisins (représentés en pointillé en dehors du cylindre).

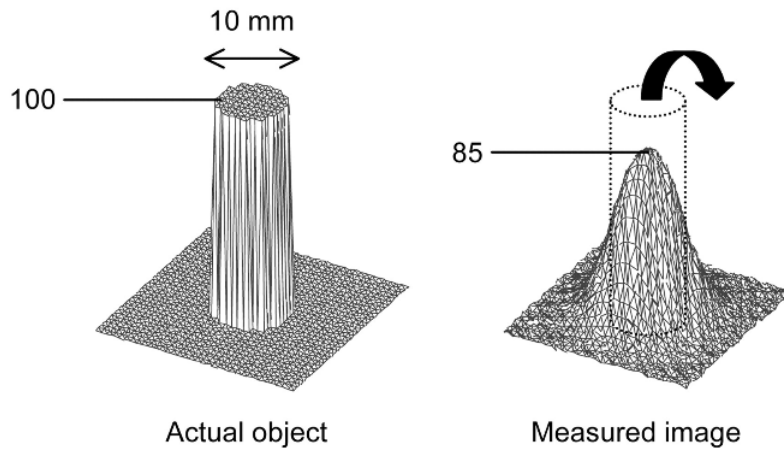


FIGURE 2.14 – Spill-out

Ce sont surtout les petites structures qui sont affectées par ce problème. Nous pouvons voir sur la figure 2.15, un fantôme constitué de petites sphères toutes remplies de la même activité. La figure de droite provient d'un CT alors que celle de gauche provient d'un PET. Nous remarquons que plus les sphères sont petites, moins nous arrivons à discerner l'activité présente.

Comme nous venons de le voir, l'effet de volume partiel dépend fortement de la résolution de la machine qui est déterminée par la *point-spread function*, plus souvent appelée PSF. Cette dernière associe à tout point une tâche dans l'image, un certain étalement de l'information. La PSF est généralement décrite par une gaussienne comme montrée sur la figure 2.16. Deux structures identiques placées à proximité sont distinguables si elles sont au moins à deux fois la largeur à mi-hauteur des gaussiennes l'une de l'autre (critère de Rayleigh). Cette distance est appelée *full width at half maximum*, à savoir le FWHM.

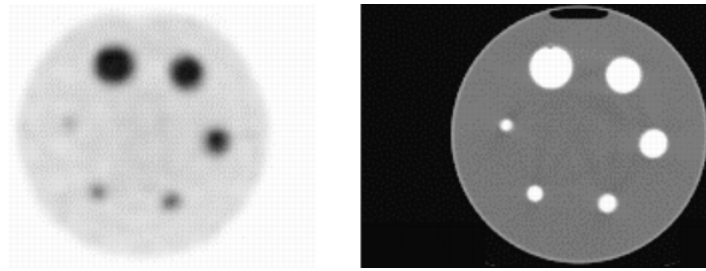


FIGURE 2.15 – Fantôme vu par le PET et par le CT

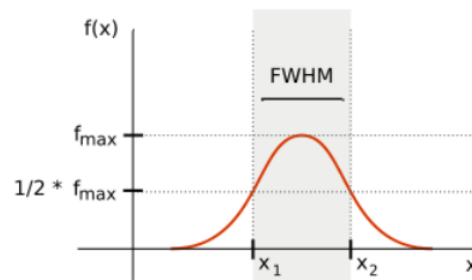


FIGURE 2.16 – PSF et FWHM

Nous pouvons voir, sur la figure 2.17 [9], la vraie activité en bleu et l'activité mesurée en rouge, vert et mauve avec trois PSF différentes. Nous observons bien le phénomène de spill-out sur cette image. Plus le FWHM est grand, plus le phénomène de spill-out est important. La meilleure résolution est obtenue avec la courbe rouge qui possède le plus petit FWHM.

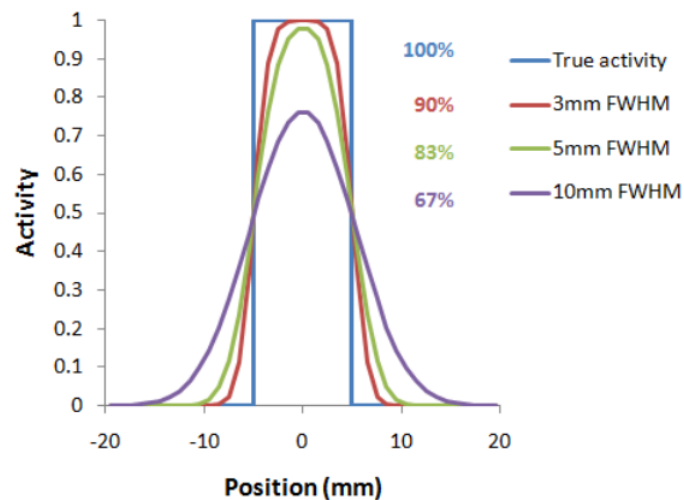


FIGURE 2.17 – Différentes PSF pour une même activité

2.5 Correction de l'effet de volume partiel

L'article de Erlandsson [10] nous a permis d'avoir un aperçu des différentes méthodes existantes de correction.

Il existe plusieurs méthodes pour corriger cet effet de volume partiel au mieux. Je vais décrire dans cette partie les méthodes les plus utilisées actuellement et je finirai par celle que nous utiliserons pour la réalisation de ce travail.

Les premières méthodes qui ont été implémentées ne sont pas du tout optimales car la PSF, facteur indispensable dans la correction de l'effet de volume partiel, n'est pas prise en compte. Je ne les décrirai donc pas ici.

Il est à noter qu'il existe également des techniques de correction basées sur des méthodes de modélisation [11]. Pour ces différentes techniques, les différents volumes d'intérêt représentent des compartiments distincts. Les différents transferts entre ces compartiments sont modélisés par des équations différentielles qui sont paramétrées par des constantes cinétiques. En jouant avec ces dernières, nous pouvons par la suite corriger l'effet de volume partiel. Nous n'en parlerons pas non plus dans ce travail.

2.5.1 Méthode de Hoffman

La méthode de Hoffman [12] ne s'applique qu'à un endroit précis et non pour l'ensemble de l'image. Cette technique est surtout utilisée en cancérologie pour l'étude des tumeurs. Cette dernière sera donc la région d'intérêt, plus généralement appelé "ROI" ("region of interest"). La méthode est assez simple. La valeur de consommation mesurée dans le ROI est tout simplement multipliée par un facteur de correction, RC ("recovery coefficient"). Ce dernier est calculé à partir d'un fantôme. Il doit, bien entendu, avoir la même forme et la même taille que la structure étudiée. Ensuite, nous passons ce fantôme avec une certaine activité dans le PET scan afin de trouver le facteur de correction.

Finalement, nous pouvons multiplier ce facteur de correction par la valeur de l'activité mesurée par le PET scan dans la région d'intérêt.

2.5.2 Méthode de Videen

Avant de présenter cette méthode tirée des articles de Erlandsson [10] et de Videen [13], nous allons commencer par expliquer quelques notions. Pour cette technique, nous devons procéder avec la carte d'occupation dont voici un petit descriptif. Si l'on travaille sur le cerveau, cette dernière représente les régions où doivent se trouver les tissus (matière grise, matière

blanche et liquide céphalo-rachidien) dans l'image TEP. Pour arriver à cette carte, nous démarrons de l'image IRM. Cette dernière est segmentée selon l'appartenance du voxel étudié à un tissu ou l'autre. Nous obtenons donc une nouvelle information en données binaires. Par exemple, si nous travaillons sur la matière blanche, nous aurons $X_{WM} = 1$ si le voxel appartient à la matière blanche, 0 dans le cas contraire.

Ensuite, l'image obtenue précédemment est convoluée par la PSF. Nous obtenons alors une carte représentant la localisation de l'activité de cette matière (dans notre exemple la matière blanche) comme si nous ne pouvions faire une TEP que de cette matière.

Finalement, nous divisons l'image originale de la TEP par la carte obtenue afin de générer l'image TEP finale et corrigée de l'effet de volume partiel. Müller et Gärtner ont apporté des améliorations à cette technique laquelle sera expliquée avec un détail mathématique dans la section suivante.

2.5.3 Méthode de Müller-Gärtner

Cette section est inspirée de l'article de Müller-Gärtner [14].

Cette technique est expliquée sur des images du cerveau. Pour cette méthode, il faut démarrer avec une image IRM que l'on segmente en trois régions, à savoir la matière blanche (WM), la matière grise (GM) et le liquide céphalo-rachidien (CSF). Il s'agit en fait du même principe que la méthode de Videen sauf qu'ici, les trois matières sont prises en compte. Il faut, bien sûr, toujours connaître la carte d'occupation.

Nous avons donc :

$$I_{obs} = I_{real} \otimes h$$

où

- I_{obs} représente l'activité mesurée.
- I_{real} représente la distribution de radioactivité réelle pour les trois matières.
- h représente la PSF.
- \otimes représente le produit de convolution.

Nous avons également bien entendu :

$$I_{real} = I_{GM} + I_{WM} + I_{CSF}$$

Ce qui nous donne donc directement :

$$I_{obs} = I_{GM} \otimes h + I_{WM} \otimes h + I_{CSF} \otimes h$$

La localisation spatiale est connue grâce à l'image IRM. Nous avons X_{WM} , X_{GM} et X_{CSF} qui valent 1 lorsque l'on se trouve respectivement dans la matière blanche, la matière grise ou le liquide céphalo-rachidien. L'équation ci-dessus devient donc :

$$I_{obs} = I_{GM}X_{GM} \otimes h + I_{WM}X_{WM} \otimes h + I_{CSF}X_{CSF} \otimes h$$

La propriété d'associativité du produit de convolution nous permet d'écrire ceci :

$$(I_{GM}X_{GM}) \otimes h = I_{GM}(X_{GM} \otimes h)$$

Si nous désirons connaître l'activité réelle présente dans la matière grise en utilisant cette dernière équation, nous avons directement :

$$I_{GM} = \frac{I_{obs} - I_{WM}X_{WM} \otimes h - I_{CSF}X_{CSF} \otimes h}{X_{GM} \otimes h}$$

Il nous reste à déterminer les valeurs I_{WM} et I_{CSF} avant de pouvoir trouver la valeur qui nous intéresse, à savoir I_{GM} . De façon générale, on prend la valeur moyenne de I_{WM} et I_{CSF} dans une grande zone de cette matière d'intérêt et on la replace pour chaque pixel. On peut, dès lors, trouver la valeur de I_{GM} .

Voici représenté sur la figure 2.18 [5], le produit de convolution de la PSF avec l'image anatomique représentant la matière blanche qui, pour rappel, a été obtenue à partir de la segmentation de l'image IRM.



FIGURE 2.18 – Produit de convolution de la PSF et de la WM

Nous avons représenté sur la figure 2.19 [5], la division de l'image TEP par la carte d'occupation de la matière grise pour arriver à l'image finale.

Cette méthode a des résultats très convaincants. Elle est particulièrement bien adaptée pour l'homme. Nous n'utiliserons pas cette méthode car elle nécessite l'utilisation d'images IRM. En effet, dans le cadre de ce travail qui se concentre sur les petits animaux, nous n'utilisons que le micro PET et le micro CT.

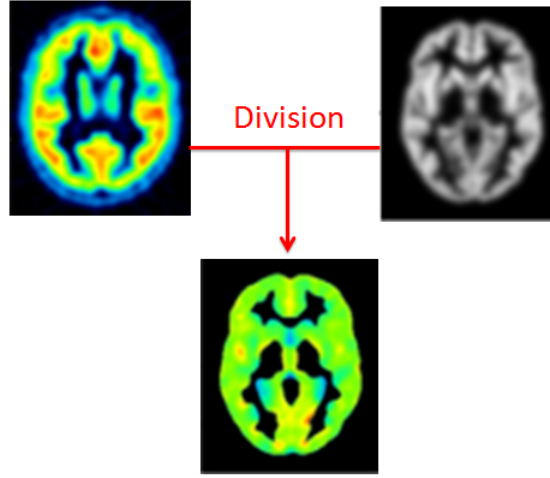


FIGURE 2.19 – Division de l'image TEP par la carte d'occupation de la GM

2.5.4 Méthode de Rousset

Cette section a été écrite à partir de l'article de *Rousset* [15] et de l'article de *Lehnert* [16].

Cette technique est plus connue sous le nom de méthode GTM (Geometric Transfer Matrix) ou encore la méthode de la matrice de transfert géométrique.

Pour la réalisation de ce projet, nous utiliserons cette technique mise au point par le professeur Rousset car elle est parfaitement adaptée à notre cas. De plus, elle est réalisable à partir des différents appareils et des différentes données disponibles ici au Centre de Recherches du Cyclotron. En effet, les données anatomiques dont nous avons besoin sont fournies à partir d'un micro CT et d'un atlas stéréotaxique et non à partir d'une IRM.

Avant d'entrer plus en détail, la méthode consiste à déterminer la matrice de transfert géométrique W_{ij} . Avec cette matrice, nous pouvons corriger l'effet de volume partiel en utilisant tout simplement la formule montrée ci-dessous :

$$\begin{pmatrix} A_1 \\ \vdots \\ A_N \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} W_{11} & \cdots & W_{N1} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ W_{1N} & \cdots & W_{NN} \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} a_1 \\ \vdots \\ a_N \end{pmatrix}$$

où nous avons :

- N le nombre de volumes d'intérêts (VOI).
- a_i l'activité mesurée dans le VOI_i .
- A_i la vraie activité présente dans le VOI_i .
- W_{ij} le facteur lié au phénomène de spill-out et spill-in.

Pour montrer l'efficacité et la fiabilité de cette méthode, nous la vérifions en effectuant un test sur un fantôme. Nous pourrions donc comparer les résultats obtenus avec ceux attendus et, ainsi, voir si la différence est importante ou négligeable.

Nous pouvons maintenant expliquer les différentes étapes de cette méthode de correction de l'effet de volume partiel.

Tout d'abord, nous allons utiliser les données de l'atlas comme montré sur la figure 2.20. Les différentes couleurs correspondent aux différentes régions d'intérêt. Par exemple, la région verte représente le cervelet. Ensuite, l'image de l'atlas est sous-échantillonnée afin que la taille des pixels de l'image de l'atlas et ceux du micro PET soient de la même dimension.

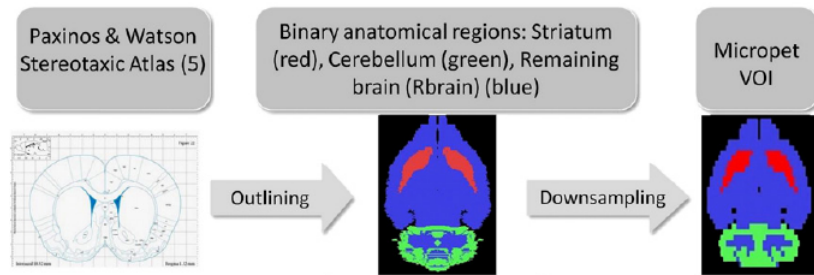


FIGURE 2.20 – Sous-échantillonnage de l'image de l'atlas

Par après, cette dernière image est coregistrée avec celle du micro PET et celle du micro CT pour que les images correspondent bien ensemble. Le but de la coregistration ou du recalage d'images est de pouvoir par la suite comparer ou combiner les différentes informations respectives de ces images. Nous avons donc une image de référence et une image source qui subissent des transformations affines pour que les deux images correspondent bien ensemble. L'image source peut être modifiée selon 12 paramètres :

- 3 pour la translation (suivant les trois dimensions) ;
- 3 pour la rotation (suivant les trois angles de rotation) ;
- 3 pour la mise à échelle (suivant les trois dimensions) ;
- 3 pour le cisaillement (suivant les trois dimensions).

L'image du CT est également segmentée de manière à faire ressortir les os crâniens afin d'obtenir un fantôme d'atténuation anatomique. L'image PET est aussi segmentée en différentes régions d'activités afin d'obtenir un fantôme fonctionnel.

Finalement, ces trois images sont combinées afin d'obtenir l'image finale à partir de laquelle nous pouvons déterminer les différents coefficients de la matrice W_{ij} .

Pour plus de clarté, voici représenté sur la figure 2.21, un schéma reprenant ces différentes étapes.

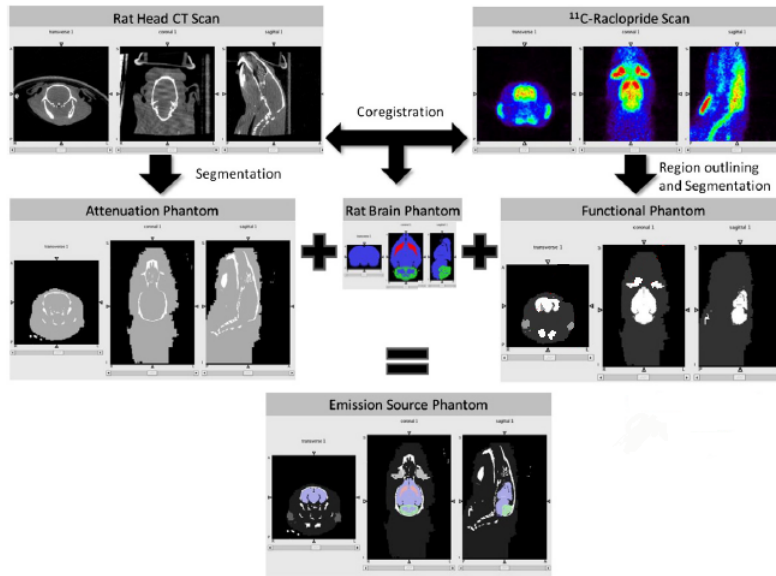


FIGURE 2.21 – Schéma des différentes étapes à réaliser

Lorsque l'on convolue chaque région d'intérêt (ROI) par la PSF, nous obtenons un certain étalement de cette région. Sur la figure 2.22, nous pouvons voir trois ROI, à savoir le cervelet en vert, le striatum en rouge et le reste du cerveau en bleu. Chacune de ces régions, se trouvant à gauche sur ce schéma, a été convoluée par la PSF. Le résultat de cette convolution est montré sur la droite de la figure où on y voit l'étalement de la région. Sur cette figure, nous voyons également l'équation de la matrice de transfert géométrique avec les mêmes légendes que celle rappelée ici plus haut.

Cet étalement a pour conséquence les phénomènes de spill-in et spill-out que nous apercevons sur ce schéma, représenté par les flèches en pointillé.

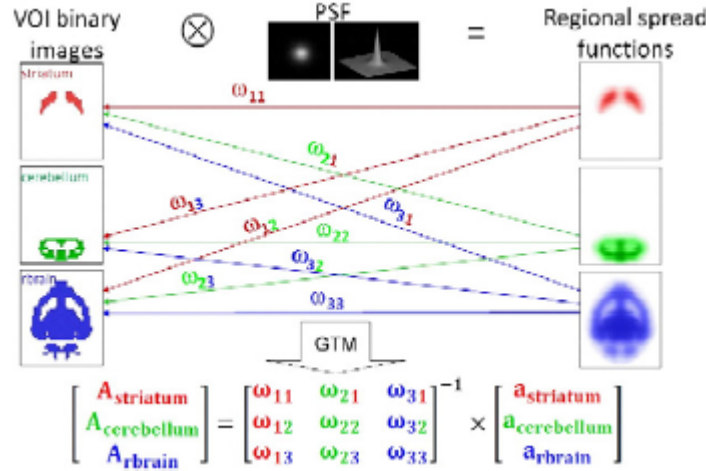


FIGURE 2.22 – Spill-out et spill-in

Nous avons la contribution du striatum pour le cervelet et le reste du cerveau qui est montré à l'aide des deux flèches en pointillé se dirigeant vers ces deux régions d'intérêt. Cette contribution représente le phénomène de spill-over. Nous avons, par exemple, w_{13} qui représente l'apport d'activité du striatum au cervelet, w_{21} la contribution du cervelet au striatum, et ainsi de suite pour les autres valeurs de w_{ij} . Les trois flèches en trait plein w_{ii} représentent les coefficients de récupération ("recovery coefficient").

Nous allons maintenant expliquer comment nous pouvons déterminer cette matrice w_{ij} .

Nous avons l'image PET $g(r)$ qui représente l'intégration pondérée de la distribution d'activité $f(r)$ présente dans le champ de vue (FOV - Field Of View) multipliée par la fonction de régulation (PSF) du PET, à savoir $h(r, r')$ comme montrée ci-dessous :

$$g(r) = \int_{FOV} f(r') h(r, r') dr'$$

Où r et r' sont les vecteurs à trois dimensions de l'espace de référence. L'activité $f(r)$ est distribuée sur N compartiments distincts ayant une concentration d'activité vraie T_i , supposée uniforme. Chacun de ces compartiments est défini sur un domaine spatial D_i . Nous pouvons dès lors écrire l'équation précédente sous la forme suivante :

$$g(r) = \sum_{i=1}^N \int_{D_i} T_i(r') h(r, r') dr'$$

Nous avons $T_i(r)$ qui est considéré comme constant dans D_i . En effet, nous avons une distribution constante de l'activité dans chaque région. L'équation précédente devient donc :

$$g(r) = \sum_{i=1}^N T_i \int_{D_i} h(r, r') dr'$$

Nous avons, dans cette dernière équation, l'intégration de la fonction $h(r)$ (i.e., la PSF) sur D_i qui représente la RSF (regional spread function) de la région D_i . Il est supposé une distribution d'activité unitaire dont voici l'équation :

$$RSF_i(r) = \int_{D_i} h(r, r') dr'$$

Nous avons donc bien restreint le domaine de calcul de la convolution de la PSF à des espaces limités lesquels constituent des régions d'intérêt (ROI). La valeur moyenne observée dans ROI_j est donc donnée par :

$$t_j = \frac{1}{n_{pix}} \sum_{i=1}^N T_i \int_{ROI_j} RSF_i(r) dr$$

Où n_{pix} est le nombre de voxels dans ROI_j .

Nous pouvons donc exprimer cette dernière équation de cette manière :

$$t_j = \sum_{i=1}^N w_{ij} T_i$$

$$w_{ij} = \frac{1}{n_{pix}} \int_{ROI_j} RSF_i(r) dr$$

Les facteurs w_{ij} représentent la contribution de chaque domaine D_i dans un ROI_j de l'image et peuvent être calculés pour chaque région d'activité non nulle afin de générer la matrice w_{ij} . Nous pouvons finalement écrire :

$$\begin{bmatrix} t_1 \\ t_2 \\ \vdots \\ t_N \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} w_{11} & w_{21} & \cdots & w_{N1} \\ w_{12} & w_{22} & & \vdots \\ \vdots & & \ddots & \\ w_{1N} & w_{2N} & \vdots & w_{NN} \end{bmatrix} \times \begin{bmatrix} T_1 \\ T_2 \\ \vdots \\ T_N \end{bmatrix}$$

Ainsi, grâce aux valeurs régionales réellement observées avec le PET, à savoir t_j et à la matrice de transfert géométrique (GTM), à savoir w_{ij} , nous pouvons déterminer la vraie valeur de l'activité présente dans chaque ROI, dans le cas présent T_i .

Nous avons ainsi les éléments de la diagonale de la matrice w_{ij} qui représentent le “self-recovery”, “recovery coefficient” ou encore “spill-over”. Nous avons les termes non diagonaux de w_{ij} (i.e., lorsque $i \neq j$) qui représentent la fraction d’activité vraie (T_i) qui quitte le domaine D_i pour intégrer la région d’intérêt j (ROI_j).

2.6 Calcul de la fonction de régulation (PSF)

Comme nous l’avons vu précédemment, l’effet de volume partiel est intimement lié à la résolution de la machine et donc, par conséquent, à la PSF. Pour rappel, cette dernière représente la fonction de réponse du scanner et est la principale source de l’effet de volume partiel. Il nous faut donc la caractériser le plus parfaitement possible afin de pouvoir corriger au mieux cet effet.

La méthode de correction de l’effet de volume partiel que nous implémenterons sera utilisée sur des sources non ponctuelles comme le cerveau. Nous devons donc évaluer dans quelle mesure la résolution de l’appareil est homogène en fonction des coordonnées de la région étudiée dans le champ de vue du scanner. Cela se fera par rapport à l’origine qui correspond au centre de la machine, à savoir le CFOV (Central Field Of View).

Nous avons calculé cette PSF sur base d’un fantôme constitué d’un cylindre, lui-même composé de deux petits cylindres. Ces deux petits cylindres sont appelés capillaires et ils ont chacun un diamètre de 0.3 mm comme nous pouvons le voir sur la figure 2.23.



FIGURE 2.23 – Représentation du fantôme. Les deux flèches montrent les deux capillaires cylindriques contenant l’activité

Nous avons introduit au centre de la machine ce fantôme dont les deux petits cylindres ont été remplis de radioactivité, à savoir du ^{18}F présentant une activité de 7.28 MBq. Le reste du grand cylindre a été rempli d’eau. Nous pouvons voir une représentation de l’image obtenue à l’aide du logiciel *Amide* sur la figure 2.24.

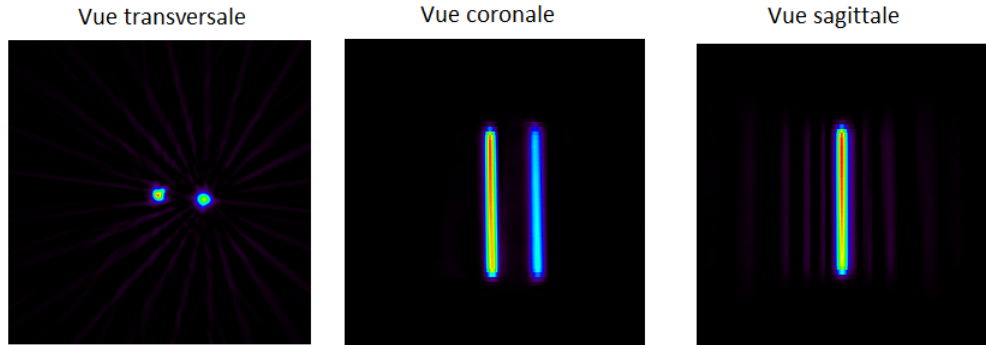


FIGURE 2.24 – Image du fantôme vu sous le logiciel *Amide*

Le premier cylindre rempli d'activité se trouve au centre du champ de vue de la machine alors que le deuxième se trouve décalé de 8 mm radialement par rapport au centre. Il est à préciser que chacun des cylindres contient bien une activité égale de 7.28 MBq. Le logiciel *Amide* nous permet de déterminer le profil d'activité le long d'une droite choisie par nos soins dans un plan quelconque.

Nous allons montrer la procédure utilisée pour déterminer le FWHM au centre du PET scan selon l'axe des abscisses (x). Pour rappel, nous voyons bien sur la figure 2.25 l'influence de la PSF et par conséquent, du FWHM sur l'activité mesurée. Plus le FWHM sera petit, meilleure sera la résolution de l'appareil et inversement, plus le FWHM sera grand, moins bonne sera la résolution du scanner.

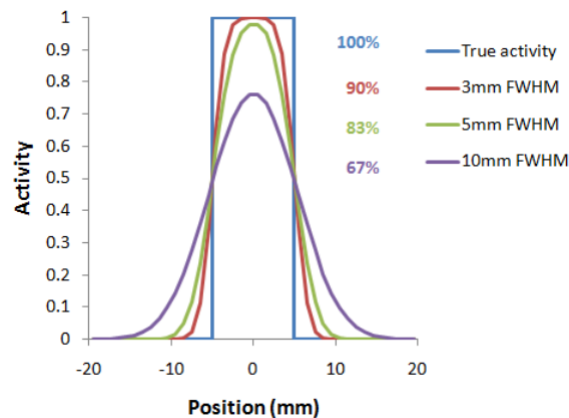


FIGURE 2.25 – Activité mesurée pour différentes valeurs de FWHM

Nous allons générer sur *Amide* le profil d'activité de la ligne montrée sur la figure 2.26.

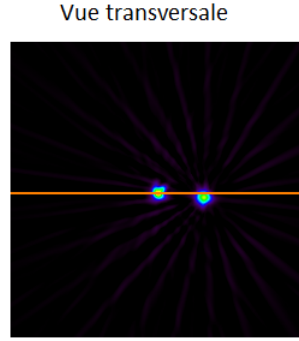


FIGURE 2.26 – Génération de la *Line Profile*

Nous obtenons un tableau de deux colonnes dont la première correspond à la position et la deuxième à l'activité présente à cette position. Nous pouvons enfin tracer le profil obtenu qui est montré sur la figure 2.27.

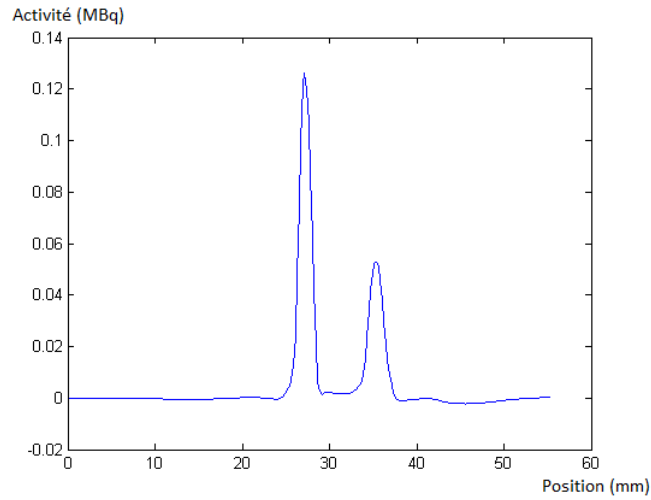


FIGURE 2.27 – Profil de la PSF au centre du champ de vue dans la direction x

Il est à noter que le deuxième pic qui apparaît sur cette figure correspond à l'activité présente dans le cylindre se situant à 8 mm du centre. Nous ne nous en soucions donc pas pour le moment. Pour le calcul de FWHM au centre selon l'axe des x , nous extrayons uniquement de cette image la partie contenant le premier pic. Nous obtenons donc une courbe semblable à une fonction gaussienne. Ensuite, nous pouvons calculer la distance à mi-hauteur

de cette gaussienne qui correspond au FWHM. Nous obtenons pour cette courbe une distance de 1.6061 mm. Voici représenté sur la figure 2.28 le FWHM après l'extraction du premier pic.

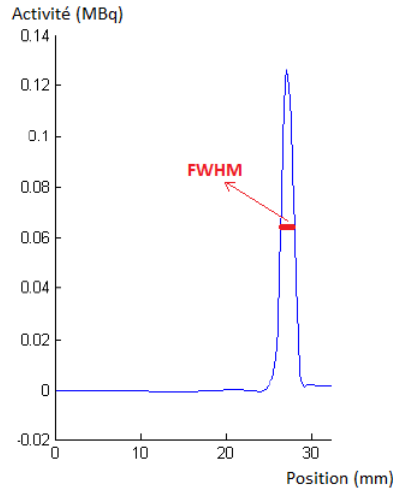


FIGURE 2.28 – Extraction du premier pic et FWHM

Nous allons faire de même dans la direction des ordonnées, à savoir selon l'axe des y afin d'obtenir une autre valeur de FWHM.

Nous devrions également le faire dans la troisième direction, selon l'axe axial (l'axe des z), mais vu que nous avons utilisé des capillaires cylindriques, il n'est pas possible de le faire le long de cette direction. Il aurait fallu utiliser un point source de radioactivité plutôt qu'un cylindre afin de pouvoir calculer le FWHM dans la direction axiale.

Nous utiliserons enfin cette méthode sur le cylindre décalé de 8 mm du centre du champ de vue de la machine pour les deux directions (x et y) afin d'obtenir les deux autres valeurs de FWHM.

Voici directement les différentes valeurs déterminées de FWHM en mesurant simplement la distance à mi-hauteur de la courbe. L'idéal aurait été d'ajuster une gaussienne sur la courbe observée et de mesurer le FWHM sur la gaussienne mais les résultats étant très proches, nous optons finalement pour la première solution.

Au centre du champ de vue du PET scan :

- Selon l'axe des x : 1.6061 mm
- Selon l'axe des y : 1.6657 mm

A 8 mm décalé radialement du centre du champ de vue du PET scan (nous avons bien centré la *Line Profile* sur le centre de la deuxième source) :

- Selon l'axe des x : 2.0028 mm
- Selon l'axe des y : 1.7900 mm

Nous pouvons voir que les valeurs de FWHM dans les deux directions (x et y) sont plus ou moins égales et par conséquent, leurs gaussiennes doivent être plus ou moins équivalentes. En première approximation et par souci de simplicité, nous utiliserons par la suite la même valeur de FWHM selon x et y .

Avec les valeurs obtenues pour les deux capillaires, nous voyons également que la résolution diminue au fur et à mesure que l'on s'éloigne du centre du PET scan comme nous pouvions nous y attendre. En effet, plus un photon est émis loin du centre de la machine plus sa détection sera difficile à réaliser. L'explication est simplement due à l'inclinaison de la LOR par rapport au détecteur touché.

Il est à noter qu'il est recommandé, pour toute acquisition lors d'études de sujets ponctuels, de ne pas se placer exactement au centre du PET scan. Cela uniquement afin d'éviter une reconstruction difficile causée par l'équidistance de tous les détecteurs.

Maintenant que nous avons déterminé la résolution du PET scan et la fonction PSF de la machine, nous allons pouvoir enfin commencer à utiliser la méthode de Rousset afin de corriger cet effet de volume partiel.

Comme nous l'avons vu précédemment, nous allons devoir convoluer cette fonction gaussienne aux différentes régions d'intérêt (ROI). Par souci de simplicité, nous avons choisi d'utiliser la même fonction gaussienne suivant les différentes positions des ROIs. Nous devons donc la reproduire la plus parfaitement et la plus précisément possible.

La fonction gaussienne est caractérisée par la formule suivante :

$$f(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{(x-\mu)^2}{2\sigma^2}}$$

Où μ représente l'espérance mathématique et σ l'écart type.

Le FWHM est donné directement à partir de la valeur de σ par la formule suivante :

$$FWHM = 2\sqrt{2\ln 2} \sigma \simeq 2.3548 \sigma$$

Nous avons donc créé nous-même une fonction gaussienne correspondant aux valeurs de FWHM que nous avons déterminées. Pour cela, nous traçons simplement la fonction gaussienne avec la bonne valeur de σ . Nous avons choisi de prendre pour cette dernière la valeur moyenne de σ au centre de l'appareil. Nous obtenons une courbe qui fitte assez bien celle obtenue via le logiciel *Amide* comme nous pouvons assez bien l'observer sur la figure 2.29. La courbe en bleu est celle obtenue à partir de *Amide* et celle en rouge est celle que nous avons créée nous-même. Les valeurs de FWHM sont semblables au centième près. En effet, nous obtenons 1.6061 mm pour la courbe bleue et 1.6015 mm pour la courbe reconstruite en rouge.

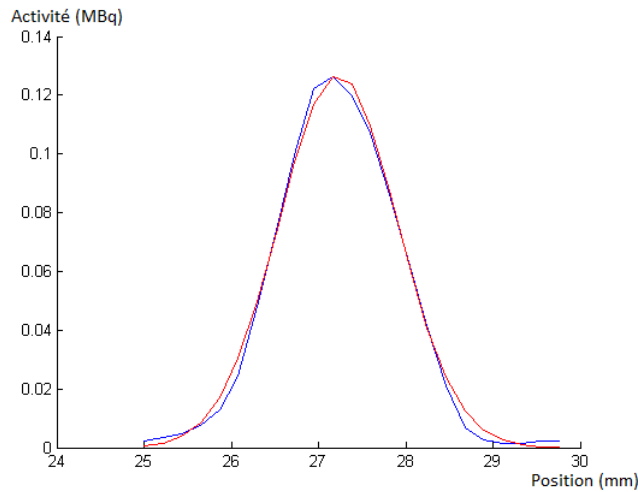


FIGURE 2.29 – Courbe gaussienne via *Amide* en bleu et celle reconstruite en rouge

Pour la suite de la réalisation de ce projet, nous avons choisi d'utiliser un σ isotrope, c'est-à-dire que ce dernier aura les mêmes valeurs dans les trois directions. Pour rappel, nous n'avons pas su mesurer FWHM le long de l'axe axial. Nous pouvons voir les valeurs de FWHM déterminées par le professeur *Lehnert* [16] suivant les trois directions, montrées sur la figure 2.30.

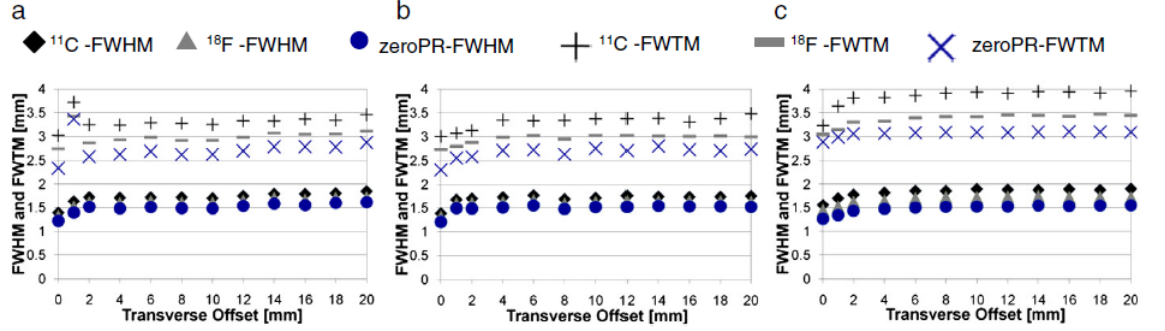


FIGURE 2.30 – Valeurs de FWHM suivant les trois directions

Le cas qui nous intéresse sur cette figure 2.30 est le ^{18}F qui est représenté par les triangles gris. Nous pouvons voir que, suivant les trois directions, les valeurs de FWHM sont assez semblables et même presque identiques. Nous voyons également que ces valeurs sont de l'ordre de 1.6 mm comme nos valeurs déterminées. Pour cette raison, nous avons choisi d'utiliser une valeur de σ isotrope et égale à 0.673. Nous avons donc :

$$\sigma = [0.673, 0.673, 0.673]$$

2.7 Convolution d'une image par la PSF

Maintenant que nous avons caractérisé la PSF du PET scan, nous devons effectuer un produit de convolution d'une image par la PSF afin de corriger l'effet de volume partiel. Il existe plusieurs méthodes pour effectuer ce produit de convolution. Mathématiquement, nous devons résoudre cette équation :

$$g(\bullet) = f(\bullet) \otimes h(\bullet)$$

Où $f(\bullet)$ est l'image à convoluer par la fonction PSF $h(\bullet)$.

La fonction $h(\bullet)$ étant connue, il est assez simple d'effectuer le produit de convolution grâce au logiciel *MatLab*. Nous avons donc créé une image tridimensionnelle. Il s'agit d'une sphère d'activité homogène égale à 12 Bq ce qui signifie que l'activité en chacun des voxels à l'intérieur de la sphère est égale à 12 Bq.

Lorsque nous convoluons cet objet tridimensionnel par la PSF avec la fonction *conv2* de *MatLab*, nous obtenons une nouvelle image "étalée".

Voici représentées sur la figure 2.31 les deux images précédentes, à savoir l'image convoluée (gauche) et l'image de départ (droite). Nous pouvons également voir en rouge sur l'image convoluée la représentation de la sphère non convoluée, c'est-à-dire celle de départ, afin de mieux remarquer l'effet d'étalement.

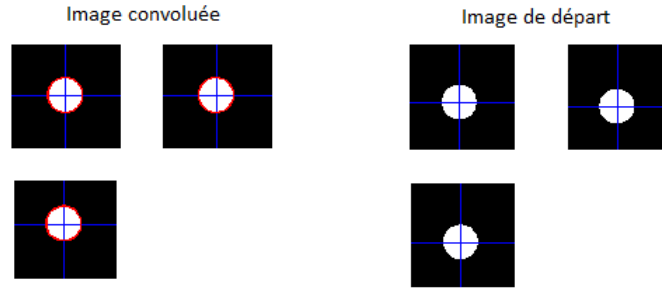


FIGURE 2.31 – Représentation de l'image convoluée (gauche) et de l'image de départ (droite)

Nous ne pouvons pas voir à l'oeil nu sur ces deux représentations l'étalement de l'image de départ. Nous avons, dès lors, implémenté une fonction qui calcule le nombre de voxels utilisés dans la sphère de l'image de départ et dans la sphère de l'image convoluée. Nous avons bien entendu un nombre de voxels plus important dans l'image convoluée que dans celle de départ ce qui montre bien l'étalement de l'image de départ.

Malheureusement, lorsque nous calculions l'activité totale présente dans la sphère convoluée (i.e., en sommant la valeur de tous les voxels se trouvant à l'intérieur de cette sphère), nous trouvions une valeur étant jusqu'à trois fois plus petite que celle obtenue en calculant l'activité totale présente dans la sphère de départ. Or, bien entendu, nous devons retrouver le même nombre car l'image convoluée doit tout simplement être un étalement de l'image de départ. Nous devons donc trouver une autre solution pour remédier à ce problème.

Nous avons donc décidé d'utiliser une autre fonction dans *MatLab* que celle utilisée précédemment, à savoir la fonction *gauss3filter*.

Cette fonction effectue un étalement gaussien à trois dimensions. Nous devons lui fournir en entrée l'image à convoluer, la taille des voxels de cette image et les valeurs de σ dans les trois dimensions. Ceci nous permettra d'être plus précis et de nous rapprocher encore plus de la réalité. L'équation de la gaussienne est donnée par la formule ci-dessous :

$$f(x, y, z) = \frac{(2\pi)^{-3/2}}{\sigma_1\sigma_2\sigma_3} \exp\left(-\left(\frac{(x * ps_1)^2}{\frac{\sigma_1^2}{2}}\right) - \left(\frac{(y * ps_2)^2}{\frac{\sigma_2^2}{2}}\right) - \left(\frac{(z * ps_3)^2}{\frac{\sigma_3^2}{2}}\right)\right)$$

Où ps_i correspond à la taille des voxels suivant sa direction (x , y et z) et σ_i à la valeur de σ suivant sa direction également. L'entrée correspondant à la taille des voxels est donc un vecteur de trois éléments tout comme pour l'entrée correspondant aux valeurs de σ .

Nous pouvons donc maintenant reprendre notre image de départ et la convoluer par la PSF avec cette nouvelle fonction. Nous avons donc mis à l'entrée de cette fonction le vecteur des σ , la taille des voxels qui, dans ce cas-ci, est égale à 0.2 mm pour les trois directions et, bien entendu, l'image à convoluer, à savoir, la sphère d'activité homogène égale à 12 Bq. Nous pouvons voir sur la figure 2.32, l'image obtenue.

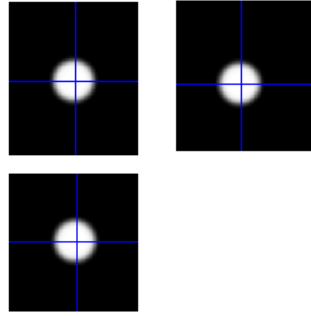


FIGURE 2.32 – Image convoluée par la PSF

Nous voyons déjà beaucoup mieux l'effet d'étalement sur cette figure que sur celle de la figure 2.31. Nous pouvons d'ailleurs bien le voir sur la figure 2.33 où nous avons représenté la sphère convoluée avec en rouge la représentation de la sphère non convoluée. Cela nous permet de mieux voir l'étalement qui s'effectue sur l'image de départ.

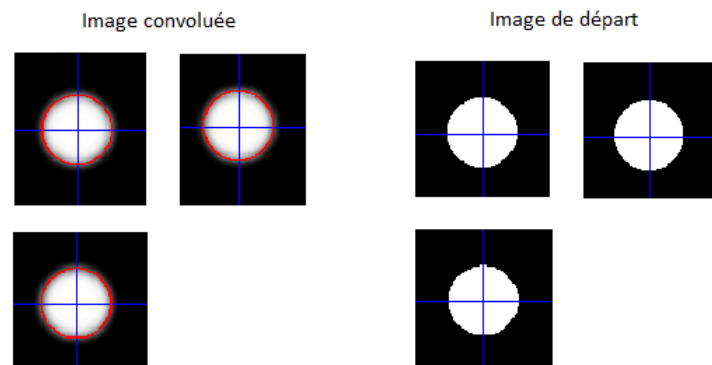


FIGURE 2.33 – Représentation de l'image convoluée (gauche) et de l'image de départ (droite)

Il est à noter qu'il n'y a également plus de souci avec l'activité totale dans cette nouvelle sphère convoluée. Nous avons bien l'activité totale des deux sphères (convoluée et non convoluée) qui sont égales.

Chapitre 3

Application : données synthétiques

3.1 Image constituée de formes simples

Avant de pouvoir utiliser la méthode sur de vraies images du cerveau, nous allons la tester sur une image “synthétique”. Nous pourrons ainsi déterminer l’efficacité de cette technique et vérifier sa fiabilité. En effet, il nous suffira tout simplement de regarder si les résultats obtenus correspondent bien avec ceux attendus. Etant donné que nous créons nous-même l’image “synthétique”, nous savons dès lors quel résultat nous devons obtenir.

Dans un premier temps, nous allons créer notre image ; il s’agit d’une image tridimensionnelle. Pour cela, nous utilisons le logiciel *PMOD* (de la société suisse PMOD Technologies Ltd). Nous avons choisi de créer quatre volumes d’intérêt, lesquels constitueront notre image “synthétique”. Nous pouvons voir une représentation de notre image sur la figure 3.1. Elle est constituée d’une sphère dont le diamètre est égal à 5 mm et les trois autres volumes sont des parallélépipèdes rectangles dont les dimensions sont égales à :

Volume numéro 1 : $9 \times 7 \times 3$ mm ;

Volume numéro 2 : $13 \times 16 \times 7$ mm ;

Volume numéro 4 : $6 \times 8 \times 6$ mm.

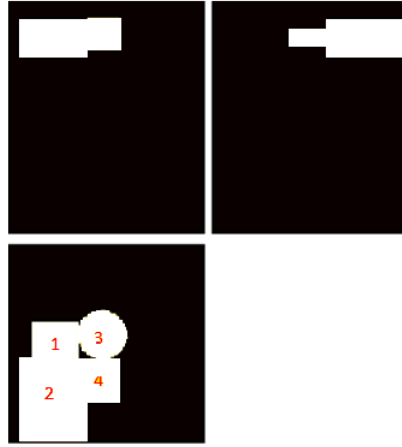


FIGURE 3.1 – Représentation de notre image “synthétique”

Il s’agit à ce moment-ci d’une image binaire, c’est-à-dire que l’intensité de chaque voxel se trouvant à l’intérieur d’un des quatre volumes est égale à 1 et celle à l’extérieur est égale à 0.

Nous allons ensuite masquer trois volumes et n’en laisser qu’un seul visible de manière à obtenir une nouvelle image ne contenant alors plus qu’un seul des quatre volumes d’intérêt. Nous répétons cette manipulation sur les quatre autres images. Voici représentée sur la figure 3.2, l’image binaire contenant le premier volume d’intérêt, à savoir, la sphère. Cette figure est montrée via *SPM*. Ces quatre images sont appelées les images “mask”.

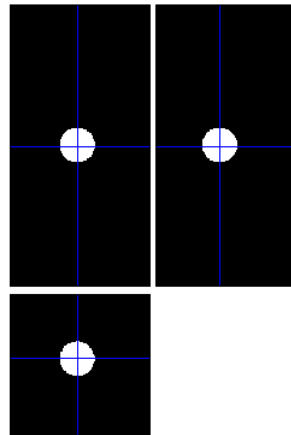


FIGURE 3.2 – Mask du premier volume, à savoir, la sphère

Ensuite, nous allons choisir une valeur d’activité homogène pour chacun de ces volumes. Nous mettons le premier volume à 12 Bq, le deuxième à 10

Bq, le troisième à 14 Bq et le quatrième à 8 Bq. Ces différentes manipulations se font sur les quatre masks. Il s'agit d'une concentration homogène, c'est-à-dire que l'intensité de chaque voxel se trouvant à l'intérieur d'un volume aura la même valeur. Nous avons donc, par exemple, tous les voxels de la sphère qui seront égaux à 12 Bq. A partir de ces quatre images, nous pouvons recréer notre image de départ contenant des valeurs d'activité homogène dans chacune des régions d'intérêt. Nous l'appellerons l'image "art_PET". Voici sa représentation sur la figure 3.3 à gauche.

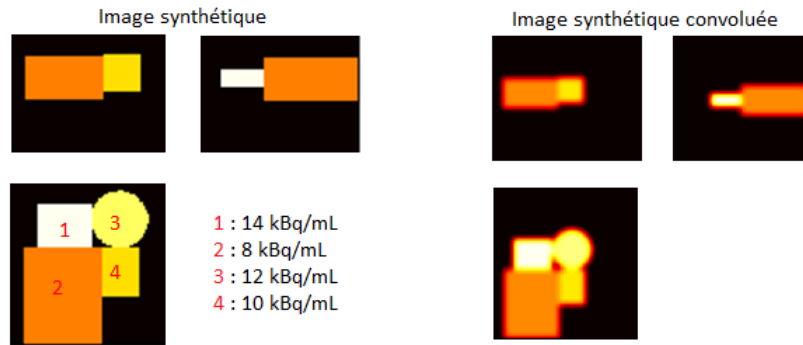


FIGURE 3.3 – Représentation de l'image "synthétique" (gauche) et de la convolution de cette dernière par la PSF (droite)

Etant donné que nous avons créé nous-même cette image, nous allons devoir la convoluer avec la PSF que nous avons déterminée précédemment de manière à obtenir une image de type PET. La convolution est montrée sur la figure 3.3 à droite et s'appelle ("art_PET_convoluée"). Nous pouvons dès à présent calculer l'activité moyenne de chaque volume d'intérêt.

Comme nous l'avons vu, la convolution entraîne un certain étalement du volume. Pour trouver l'activité moyenne, il nous suffit tout simplement de calculer la somme des intensités de tous les voxels dans l'image "art_PET_convoluée" qui ont les mêmes coordonnées que les voxels possédant une intensité de 1 dans leur mask correspondant. Ensuite, il suffit de diviser ce nombre obtenu par le nombre de voxels égaux à 1 dans l'image mask, de manière à obtenir une moyenne. Il faut réaliser cette étape pour les quatre volumes afin d'obtenir les différentes valeurs des activités moyennes de chaque région. Nous obtenons les valeurs suivantes pour les quatre régions :

$$\begin{bmatrix} 9.9654 \\ 7.7626 \\ 10.0063 \\ 6.8504 \end{bmatrix}$$

Nous devons ensuite calculer les éléments de la matrice de transfert géométrique, à savoir la matrice W . Il s'agit d'une matrice carrée $N \times N$ dont N représente le nombre de régions présentes dans l'image. Pour notre cas, nous avons bien évidemment $N = 4$.

Pour rappel, les éléments diagonaux représentent les facteurs de récupération de chaque région alors que les éléments non diagonaux représentent le phénomène de spill-out.

Les éléments W_{ii} avec i allant de 1 à 4 sont déterminés de la manière suivante. Nous calculons les coordonnées (les indices) des voxels de l'image "mask" qui possèdent une intensité égale à 1. Ensuite, nous calculons la somme de toutes les intensités des voxels possédant les mêmes indices dans l'image "mask_convoluée". Finalement, nous divisons ce nombre par la somme de toutes les intensités des voxels possédant les mêmes indices dans l'image "mask". Nous trouvons dès lors l'élément de la matrice W_{ii} . Ce nombre sera toujours compris entre 0 et 1.

Nous obtenons les résultats suivants pour les différents volumes d'intérêt :

- $W_{11} = 0.8304$;
- $W_{22} = 0.7763$;
- $W_{33} = 0.7147$;
- $W_{44} = 0.8563$.

Nous devons ensuite calculer les éléments liés au phénomène de spill-out, à savoir les éléments non diagonaux. Pour cela, nous devons une fois de plus calculer les indices des voxels possédant une intensité égale à 1 dans l'image "mask". Ensuite, nous calculons la somme des intensités des voxels possédant ces indices-là dans l'image "mask_convoluée" d'une autre image. Finalement, nous divisons ce nombre obtenu par le nombre de voxels égaux à 1 dans la première image "mask". Ce résultat correspond à un élément ne se trouvant pas sur la diagonale de la matrice W . Il est à noter que ces éléments seront toujours compris entre 0 et 1. Il reste donc à savoir à quelle position ce nombre se situe dans cette matrice. Pour cela, nous repartons tout simplement de la formule principale, à savoir :

$$W_{ij} = \frac{1}{n_{pix}} \int_{ROI_j} RSF_i(r) \, dr$$

Nous voyons bien sur cette formule les différents indices correspondant aux ROI , RSF ou à W_{ij} . L'élément W_{ij} est donc obtenu lorsque nous utilisons l'image "mask_j" et l'image "mask_convoluée_i". n_{pix} correspond ici au

nombre de voxels dont l'intensité est égale à 1 dans l'image “mask_j”.

Nous allons montrer maintenant les résultats obtenus pour les éléments W_{42} et W_{32} avant de montrer la matrice W_{ij} obtenue. Nous rentrerons plus en détail pour l'élément W_{42} et nous ne montrerons uniquement les résultats de l'élément W_{32} .

La formule s'écrit pour l'élément W_{42} de cette manière :

$$W_{42} = \frac{1}{n_{pix,ROI_2}} \int_{ROI_2} RSF_4(r) dr$$

Nous calculons dans un premier temps toutes les coordonnées (indices) dans l'image “mask”, correspondant au ROI_2 , dont l'intensité des voxels est égale à 1. Nous trouvons 36900 voxels.

Ensuite, nous calculons la somme des intensités de ces voxels, présents également dans l'image “mask_convoluée” de la région 4, laquelle correspond à RSF_4 . Nous trouvons 1483,2.

Finalement, nous divisons cette valeur obtenue par le nombre de voxels trouvé précédemment, ce qui nous donne directement l'élément W_{42} :

$$W_{42} = \frac{1483,2}{36900} = 0.0402$$

Nous pouvons voir sur la figure 3.4, l'image “mask” de la région 2 à gauche et à droite l'image “mask_convoluée” de la région 4. En rouge a été tracé le contour du “mask_convoluée” sur la représentation de l'image “mask” afin de voir le chevauchement des deux régions.

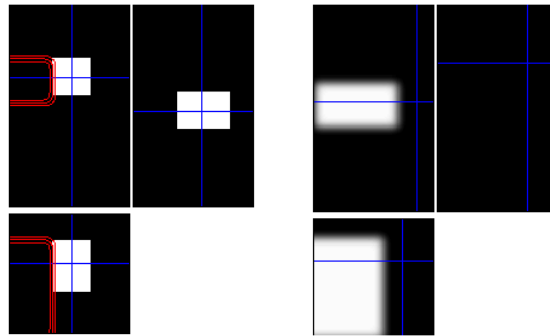


FIGURE 3.4 – Chevauchement du mask_convolué de la région 4 avec le mask de la région 2

Nous trouvons pour l'élément W_{32} une valeur égale à 0,0000. Cela signifie qu'il n'y a aucun phénomène de spill-out de la région 3 vers la région 2. Nous pouvons voir en effet qu'il n'y a aucun chevauchement entre la région 1 et la région 3 comme le montre bien la figure 3.5.

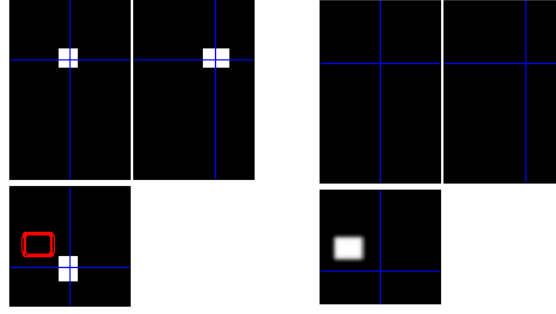


FIGURE 3.5 – Chevauchement du mask_convolué de la région 3 avec le mask de la région 2

Voici maintenant la matrice W trouvée :

$$\begin{bmatrix} 0.8304 & 0.0128 & 0.0121 & 0.0001 \\ 0.0085 & 0.7763 & 0.0000 & 0.0083 \\ 0.0052 & 0.0000 & 0.7147 & 0.0050 \\ 0.0002 & 0.0402 & 0.0381 & 0.8563 \end{bmatrix}$$

Nous pouvons dès à présent corriger l'effet de volume partiel. Pour cela, nous utilisons tout simplement la formule de Rousset qui est rappelée ci-dessous :

$$\begin{pmatrix} A_1 \\ \vdots \\ A_N \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} W_{11} & \cdots & W_{N1} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ W_{1N} & \cdots & W_{NN} \end{pmatrix}^{-1} \begin{pmatrix} a_1 \\ \vdots \\ a_N \end{pmatrix}$$

Nous pouvons voir sur cette formule que la matrice W est en fait la matrice transposée de celle que nous avons déterminée précédemment vu les indices de ces éléments.

Nous calculons donc tout d'abord la matrice transposée de W . Ensuite, nous déterminons la matrice inverse de cette dernière matrice obtenue. Nous multiplions finalement ce résultat avec la matrice des activités moyennes afin d'obtenir la correction des activités présentes dans chacune des différentes régions. Voici le résultat obtenu :

$$\begin{bmatrix} 11.8179 \\ 9.4002 \\ 13.3824 \\ 7.8304 \end{bmatrix}$$

Reprenons les différents résultats obtenus afin de mieux voir la correction qui est effectuée. Nous avons le premier vecteur représentant l'activité réelle présente dans chacune des régions, le deuxième vecteur représentant l'activité mesurée par le PET et le troisième vecteur représentant l'activité corrigée par la méthode de Rousset :

$$\begin{bmatrix} 12 \\ 10 \\ 14 \\ 8 \end{bmatrix} \quad \begin{bmatrix} 9.9654 \\ 7.7626 \\ 10.0063 \\ 6.8504 \end{bmatrix} \quad \begin{bmatrix} 11.8179 \\ 9.4002 \\ 13.3824 \\ 7.8304 \end{bmatrix}$$

Nous voyons bien la nette amélioration apportée par la méthode de Rousset sur l'activité présente dans chacune des régions.

3.2 Image constituée des régions du cerveau de souris

Nous allons effectuer un deuxième test sur une nouvelle image. Cette image sera constituée des différentes régions constituant le cerveau d'une souris. Chaque région représente un volume d'intérêt (VOI). Nous avons créé cette image via *PMOD* en utilisant un atlas stéréotaxique. Nous procédons exactement de la même manière que pour le cas précédent. Voici une représentation sur la figure 3.6 de l'image où chaque VOI possède une valeur d'activité homogène.



FIGURE 3.6 – Représentation de l'image constituée des régions du cerveau de souris

Comme précédemment, nous devons obtenir les différentes images “masks”. Nous avons 14 VOIs pour cette image ce qui signifie que nous aurons 14 images “masks”. Voici, par exemple, sur la figure 3.7 le “mask” représentant le cervelet.

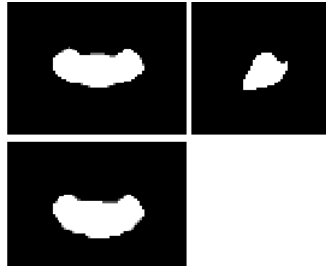


FIGURE 3.7 – “Mask” du cervelet

Ensuite, nous pouvons appliquer le même algorithme que pour l’image précédente.

La figure 3.8 montre une représentation de la matrice W obtenue. Il s’agit d’une matrice carrée de dimension 14×14 .

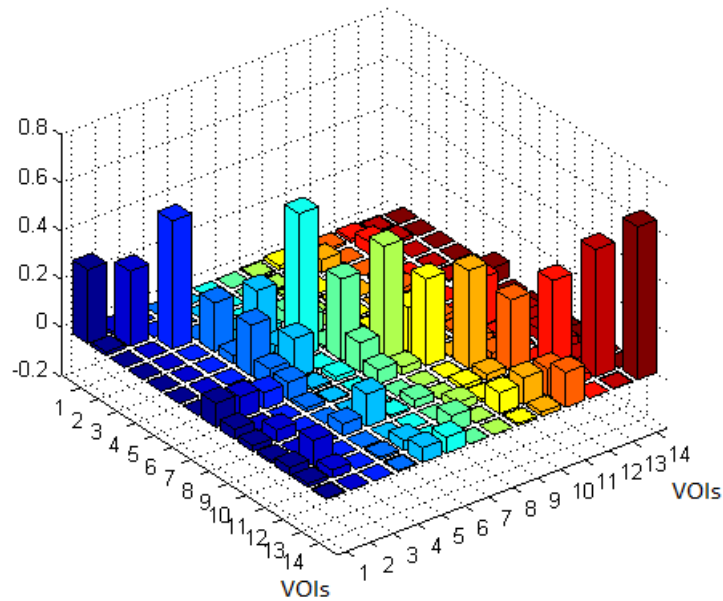


FIGURE 3.8 – Représentation de W

Nous remarquons directement sur cette figure 3.8 les coefficients de récupération constituant la diagonale de la matrice W , à savoir, les éléments

W_{ii} . En effet, ce sont les bâtonnets les plus grands vu qu'ils représentent les coefficients de récupération de chaque région.

Les éléments ne se trouvant pas sur la diagonale correspondent aux éléments de spill-out. Ce sont les bâtonnets les plus petits sur cette représentation. Nous avons, par exemple, l'élément W_{42} qui vaut 0 ce qui signifie qu'il n'y a aucun phénomène de spill-out et spill-in entre les deux régions. Comme nous pouvons le voir sur la figure 3.9, les deux régions n'ont absolument aucune frontière commune ce qui explique la valeur nulle du spill-out entre ces deux régions.

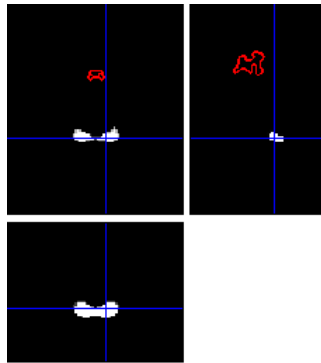


FIGURE 3.9 – Représentation des régions 4 (blanc) et 2 (rouge) du cerveau de la souris

Voici directement les résultats obtenus avec notre algorithme sur cette image :

700	291	700
50	137	50
450	258	450
500	233	500
900	441	900
100	105	100
30	209	30
300	184	300
150	188	150
180	170	180
1000	451	1000
600	317	600
400	307	400
250	199	250

Nous avons le premier vecteur qui représente l'activité réelle présente dans chacune des régions, le deuxième vecteur l'activité mesurée par le PET et le troisième vecteur l'activité corrigée par la méthode de Rousset. Il est à noter que les résultats du troisième vecteur ont été arrondis au centième près.

Nous pouvons directement comparer les résultats obtenus avec les deux images. Nous voyons que dans le cas de l'image aux formes simples, nous obtenons des valeurs d'activité corrigées qui ne sont pas exactement égales aux valeurs d'origine alors que, pour la deuxième image, nous retombons exactement sur les mêmes valeurs.

Il existe des erreurs numériques dans les deux cas mais elles sont très faibles. En effet, lorsque nous arrondissons les valeurs trouvées au centième près, ces erreurs disparaissent.

Lorsque nous utilisons l'image constituée de formes simples, il y a moins de frontière entre les différents VOIs ce qui signifie moins de spill-out et spill-in entre les différentes régions. En effet, dans l'image constituée des régions du cerveau de souris, chaque région est entourée par d'autres régions. Par conséquent, toute l'activité quittant une région entre dans une autre région. Rien n'est donc perdu contrairement à l'image constituée de formes simples. En effet, dans ce cas-ci, il existe une petite quantité d'activité quittant les régions pour se retrouver en dehors d'un volume considéré.

3.3 Ajout de bruit dans l'image “synthétique”

Les données mesurées dans un PET sont, comme pour toute mesure réelle, entachées d'un bruit. En effet, l'émission de positons est un processus aléatoire et l'acquisition se fait en un temps limité, ce qui entraîne cet ajout de bruit. Nous pouvons modéliser la nature de ce bruit par une loi de Poisson [17].

Nous avons ajouté un certain bruit sur l'image constituée des différentes régions du cerveau de souris de manière à voir l'influence qu'a le bruit sur les résultats obtenus. Comme précédemment, le premier vecteur représente l'activité réelle présente dans chacune des régions, le deuxième vecteur nous donne l'activité simulée de façon plus réaliste (c'est-à-dire avec l'effet de volume partiel et du bruit) et le troisième vecteur représente l'activité corrigée par la méthode de Rousset :

700	291	701
50	137	48
450	258	451
500	233	498
900	441	901
100	105	102
30	209	31
300	184	301
150	188	149
180	170	181
1000	451	998
600	317	602
400	307	399
250	199	248

Nous voyons directement que, dans ce cas-ci, nous ne retrouvons pas exactement les valeurs originelles de référence. Les valeurs d'activité dans chaque région diffèrent de la valeur réelle mais la variation est assez faible. Il est à noter que si nous augmentons le niveau de bruit sur notre image, nous aurons des valeurs données après correction par la méthode de Rousset qui divergeront encore plus. Pour l'ajout de bruit exposé ci-dessus, nous avons essayé de nous mettre dans le cas le plus réaliste possible. Nous pouvons conclure que la méthode est assez robuste face au bruit. En d'autres mots, cette technique est peu sensible au niveau de bruit considéré ce qui lui confère un net avantage par rapport à d'autres méthodes de correction de l'effet de volume partiel.

Chapitre 4

Application : données réelles

4.1 Méthode de Rousset

Dans cette section, nous appliquons la méthode de Rousset que nous venons d’implémenter sur une image PET dynamique du cerveau d’une souris.

Lorsque nous lançons une acquisition PET, nous récoltons en fait une série d’images. Chaque image est reconstruite après un certain laps de temps. Il est à noter que les premières images reconstruites sont de très mauvaises qualités car il n’y a pas encore eu assez d’annihilation et donc de données acquises. Nous parlons d’image dynamique pour décrire cette suite d’images. Cela nous permet de voir l’évolution de l’activité au cours du temps.

Nous allons d’abord travailler sur une image seule (statique) avant de travailler sur le cas d’une image dynamique.

4.1.1 Cas sur une image seule

Nous pouvons voir sur la figure 4.1 l’image PET du cerveau d’une souris sur laquelle nous allons travailler.

Nous devons maintenant savoir où se situent les différentes régions du cerveau. Ces dernières correspondent aux différents VOIs de l’image. Pour cela, nous partons d’une image PET de référence dont nous connaissons la position exacte des différents VOIs du cerveau. Il nous suffira ensuite de coregistrer les deux images afin qu’elles soient définies dans le même espace de manière à pouvoir les superposer sans problème.

L’image de référence est un “template” PET FDG du cerveau de souris. Un “template” est une image moyenne représentative, obtenue en combinant et en moyennant des images coregistrées de plusieurs individus. Nous avons, dans notre cas, l’image “template” qui correspond à une moyenne

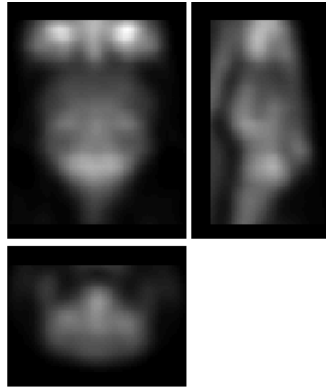


FIGURE 4.1 – Image PET du cerveau de souris

de plusieurs images PET de cerveau de souris différentes. Nous avons également une autre image sur laquelle nous est donnée la position des différentes régions (VOIs) du cerveau sur l'image “template” de référence. Si nous superposons ces deux images, nous obtenons donc la position des VOIs sur l'image “template”. Voici représenté sur la figure 4.2 le “template” PET du cerveau de la souris.

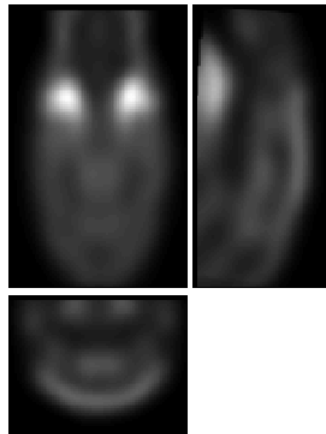


FIGURE 4.2 – “Template” PET FDG du cerveau de souris

Nous voyons également sur la figure 4.3 les différentes régions du cerveau.

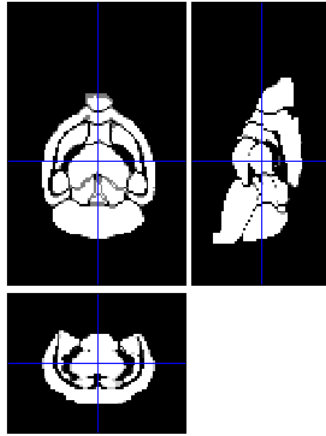


FIGURE 4.3 – Position des différents VOIs du cerveau de souris

Nous pouvons enfin coregistrer l’image “template” FDG et notre image TEP FDG. Pour cela, nous utilisons *SPM8* [18]. Notre image TEP va donc subir une transformation affine afin de pouvoir se superposer avec notre image “template”.

Nous obtenons les paramètres suivants de coregistration :

- translation (mm) : -0.1797 ; -0.6678 ; -1.505 ;
- rotation (radian) : 0.05934 ; 0.002918 ; 0.001243 ;
- mise à échelle : 1.002 ; 0.8636 ; 0.6916 ;
- cisaillement : -0.002452 ; -0.001274 ; -0.008191 .

Les deux images étant coregistrées, elles sont donc définies sur le même espace. Nous pouvons par conséquent connaître la position exacte des VOIs sur l’image PET du cerveau de notre souris.

Il est à noter que la coregistration s’effectue de manière approximative car les cerveaux n’ont pas exactement la même distribution des VOIs.

Il est à noter que les différentes régions sont celles que nous avons utilisées pour créer notre deuxième image test. Pour rappel, il y a 14 régions dont voici leur nom : “amygdale, bulbe olfactif, capsule interne, centrale grise, cervelet, corps striés, cortex, hippocampe, hypothalamus, mésencéphale, prosencéphale basal, striatum, thalamus et tronc cérébral”.

Nous avons toujours, dans ce cas-ci, 14 “masks” dont chacun représente une des 14 régions citées ci-dessus.

Nous pouvons enfin appliquer la méthode de Rousset sur notre image

PET coregistrée. Nous appliquons notre programme exactement de la même manière que pour les images tests.

Tout d'abord, nous calculons les activités moyennes dans chacune des VOIs. Pour cela, nous déterminons tout simplement l'intensité moyenne des voxels formant la région du cerveau de chacune des VOIs dans l'image PET coregistrée. Nous obtenons 14 valeurs d'activité correspondant chacune à un VOI. Voici les valeurs obtenues ainsi que la déviation standard pour chaque VOI :

VOI	activité moyenne (kBq/mL)	déviation standard
Amygdale	305.7652	75.2394
Prosencéphale basal	399.3857	51.8820
Bulbe olfactif	287.9897	19.4574
Capsule interne	458.7038	41.6786
Centrale grise	505.3683	47.1544
Cervelet	525.0753	127.3729
Corps striés	421.0101	16.6065
Cortex	295.8207	56.3235
Hippocampe	354.6428	28.3428
Hypothalamus	514.6460	61.3690
Mésencéphale	501.7865	46.5787
Striatum	404.8617	33.8692
Thalamus	476.5643	45.3760
Tronc cérébral	419.3755	115.9540

Ensuite, la matrice W est déterminée. Il s'agira, bien entendu, d'une matrice de taille 14×14 . Pour rappel, les éléments diagonaux correspondent aux termes de récupération alors que les éléments non diagonaux correspondent aux termes de spill-in et spill-out.

Nous pouvons maintenant utiliser la formule de correction afin de déterminer l'activité corrigée dans chacune des régions. Nous pouvons voir dans le tableau ci-dessous l'activité mesurée avant et après correction pour chaque VOI :

VOI	activité avant correction (kBq/mL)	activité après correction (kBq/mL)
Amygdale	305.7652	557.0661
Prosencéphale basal	399.3857	705.3715
Bulbe olfactif	287.9897	482.0847
Capsule interne	458.7038	741.5454
Centrale grise	505.3683	579.5930
Cervelet	525.0753	768.3119
Corps striés	421.0101	546.0450
Cortex	295.8207	484.3089
Hippocampe	354.6428	442.3157
Hypothalamus	514.6460	901.6464
Mésencéphale	501.7865	753.9013
Striatum	404.8617	624.3673
Thalamus	476.5643	599.9126
Tronc cérébral	419.3755	539.4594

Nous voyons, dans ce tableau, que l'activité de certaines régions n'est pratiquement pas augmentée ou très peu (centrale grise) alors que pour certaines régions, l'activité est presque doublée après correction (hypothalamus).

Il est à préciser que, cette fois-ci, nous ne connaissons plus l'activité réelle dans chacune des régions. Nous ne pouvons qu'espérer s'en approcher un maximum avec les valeurs corrigées par la méthode de Rousset.

4.1.2 Cas sur une image dynamique

Nous allons maintenant appliquer notre algorithme sur une image PET dynamique. La durée de l'acquisition de l'image est de 7200 secondes et 45 images ont été construites.

Nous avons, tout d'abord, calculé une image moyenne de ces 45 images. Ensuite, nous avons coregistré cette dernière image avec le "template" de manière à déterminer les différents paramètres de coregistration. Il s'agit toujours d'une transformation affine, nous obtenons donc 12 paramètres comme dans le cas expliqué précédemment. Finalement, nous appliquons ces paramètres de coregistration sur les 45 images constituant l'image dynamique. Toutes les images sont dès lors définies dans le même espace que le "template". Nous pouvons donc commencer la méthode de correction.

La méthode est exactement la même que dans le cas d'une image seule. La différence est que nous appliquons notre algorithme sur les 45 images. Nous obtenons donc pour chaque image l'activité de toutes les régions avant

correction et après correction.

Les résultats sont montrés sous forme de courbes d'activité en fonction du temps (TAC - Time-Activity Curve) pour plusieurs régions, à savoir le thalamus, le striatum, le cervelet et le cortex. Comme son nom l'indique, ces TAC nous montrent l'évolution de l'activité en fonction du temps pour une région donnée. En effet, chaque image est reconstruite après un certain laps de temps que nous connaissons. Dès lors, une image nous donne la valeur de l'activité de chaque région à un moment précis. Cela nous permet donc de tracer ces TAC à partir des 45 images. Voici directement les courbes obtenues pour le striatum, le thalamus, le cervelet et le cortex sur les figures 4.4 et 4.5.

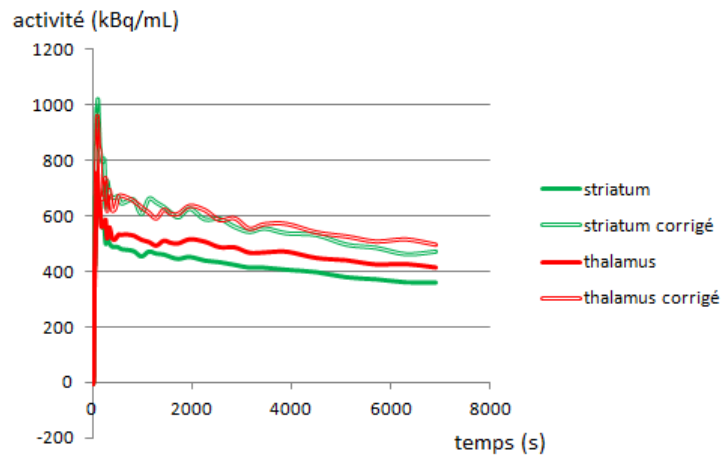


FIGURE 4.4 – TAC du striatum et du thalamus avant et après correction par la méthode de Rousset

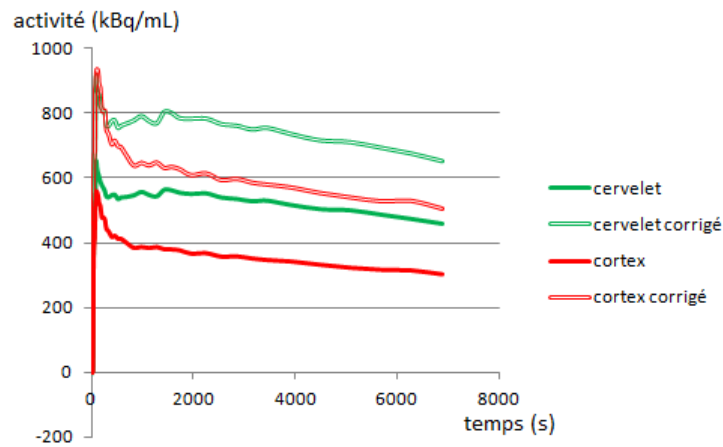


FIGURE 4.5 – TAC du cervelet et du cortex avant et après correction par la méthode de Rousset

Nous voyons sur ces deux figures les courbes obtenues avant et après correction par la méthode de Rousset. Nous pouvons voir que les courbes d'activité corrigée pour le thalamus et le striatum ne sont que légèrement augmentées alors que les courbes d'activité corrigée pour le cervelet et le cortex sont augmentées de manière plus significatives. En effet, en fin d'acquisition, nous passons d'une valeur proche de 300 kBq/mL pour le cortex à une valeur corrigée proche de 500 kBq/mL. Il est à noter que les TAC sont toujours décroissantes ; nous avons, en effet, l'activité qui diminue au cours du temps suivant la valeur de temps de demi-vie de son atome radioactif.

Il est important de garder à l'esprit que nous ne connaissons pas les valeurs d'activité qu'il y a réellement dans chacune des régions. Nous ne pouvons qu'espérer s'en approcher un maximum avec nos valeurs d'activité corrigée.

Nous avons ensuite calculé le volume des 14 régions du cerveau dont les résultats sont donnés dans le tableau ci-dessous :

VOI	Volume (mm^3)
Amygdale	11.056
Prosencéphale basal	12.344
Bulbe olfactif	23.016
Capsule interne	5.12
Centrale grise	3.952
Cervelet	57.192
Corps striés	8.336
Cortex	149.16
Hippocampe	24.992
Hypothalamus	11.568
Mésencéphale	11.768
Striatum	25.76
Thalamus	28.2
Tronc cérébral	59.736

Nous avons également représenté le pourcentage de volume qu'occupe chacune des régions par rapport au volume total du cerveau. Le résultat est montré sur la figure 4.6.

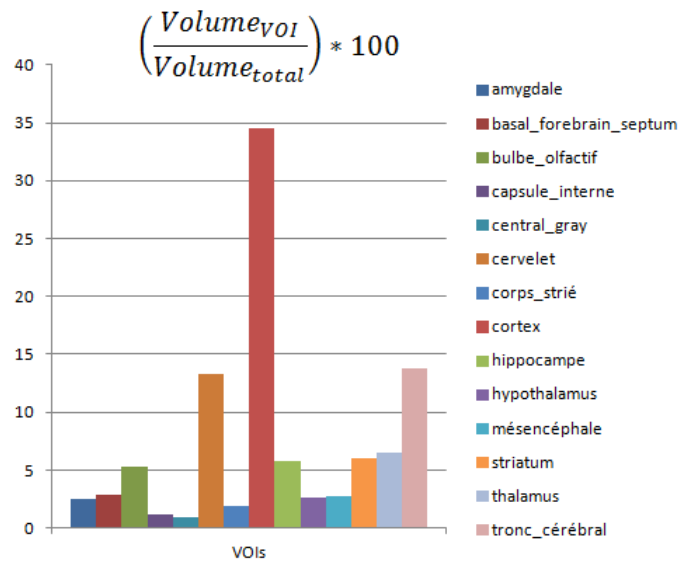


FIGURE 4.6 – Pourcentage du volume de chaque région du cerveau

Nous avons ensuite calculé l'augmentation moyenne de l'activité de chaque région entre les valeurs obtenues avant et après correction. Les résultats obtenus sont montrés sur la figure 4.7.

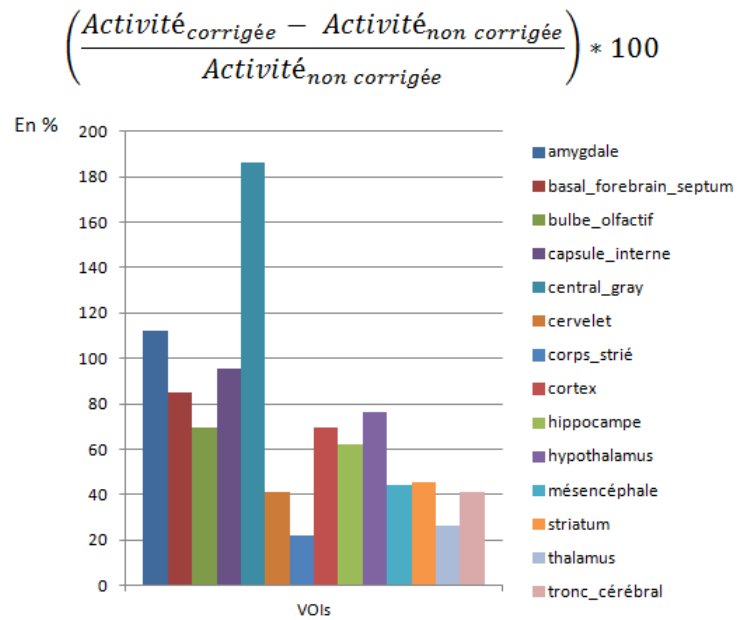


FIGURE 4.7 – Amélioration moyenne de l'activité pour chaque région

Les figures 4.6 et 4.7 ont été obtenues dans le but de montrer l'influence de la taille et du volume des régions sur l'effet de volume partiel. En effet, comme attendu, nous pouvons voir que les régions les plus petites subissent plus cet effet de volume partiel et par conséquent elles sont plus corrigées. De manière générale, nous avons une augmentation entre les valeurs avant et après correction qui est plus importante pour les régions de faible volume. Nous avons tracé sur la figure 4.8 l'augmentation moyenne de l'activité pour toutes les régions en fonction de leur volume. De manière générale, nous voyons bien sur cette figure, la tendance décroissante que prend la courbe de l'amélioration de l'activité en fonction de l'accroissement du volume des régions.

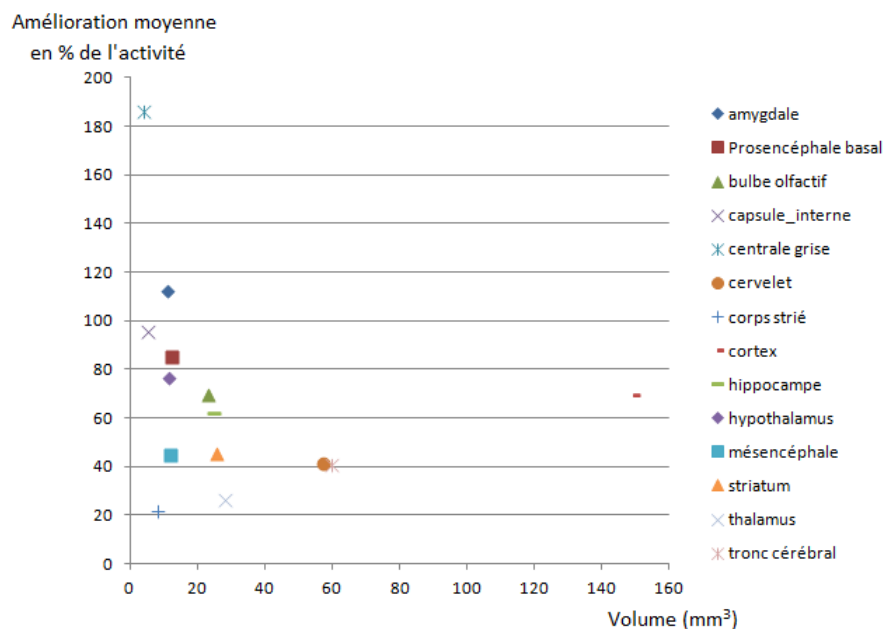


FIGURE 4.8 – Amélioration moyenne de l'activité en fonction du volume

4.2 Méthode de Müller-Gärtner

Comme nous l'avons rappelé à plusieurs reprises, nous ne connaissons pas les valeurs réelles d'activité dans les différentes régions. Par conséquent, nous sommes obligés de faire confiance aux valeurs d'activité données par notre algorithme implémentant la méthode de correction de Rousset. Pour avoir plus d'assurance envers nos résultats, nous avons décidé d'implémenter une autre technique de correction afin de comparer les résultats. Pour cela, nous avons choisi de mettre en oeuvre la méthode de Müller-Gärtner.

La méthode est assez simple comme expliqué dans la section "5.3". Nous devons tout d'abord créer une image "mask". Pour cela, nous créons une image constituée de toutes les régions du cerveau de la souris. Il s'agit d'une image binaire, c'est-à-dire qu'un voxel appartenant à une région (VOI) a une intensité de 1 alors qu'un voxel n'appartenant à aucune région a une intensité de 0. Voici représenté sur la figure 4.9 notre "mask".

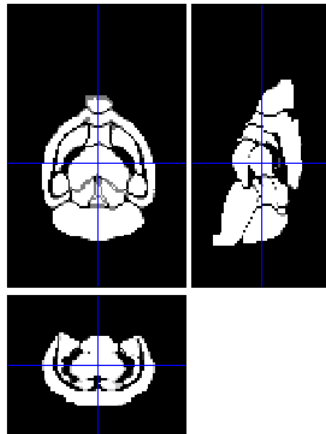


FIGURE 4.9 – "Mask" du cerveau de la souris

Ensuite, nous convoluons ce "mask" par la PSF que nous avons déterminé précédemment. Nous obtenons donc le "mask_conv" montré sur la figure 4.10.

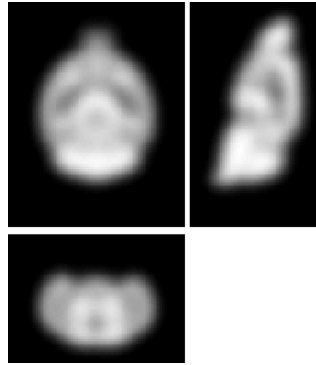


FIGURE 4.10 – Convolution du “mask” par la PSF

Par après, nous divisons tout simplement notre image PET par cette image “mask_conv” afin d’obtenir une nouvelle image, l’image “M-G” (pour “Müller-Gärtner”).

Il est à noter que notre image “mask_conv” contient un grand nombre de voxels dont leur intensité est égale à 0. Dès lors, lorsque nous effectuons cette division, nous sommes amenés à diviser certains voxels par 0. Pour palier à ce problème, nous faisons comme si tous les voxels égaux à 0 dans l’image “mask_conv” étaient manquants. Par conséquent, l’image “M-G” aura également une intensité nulle pour ces voxels-là.

Nous pouvons voir un exemple d’une image “M-G” obtenue sur la figure 4.11.

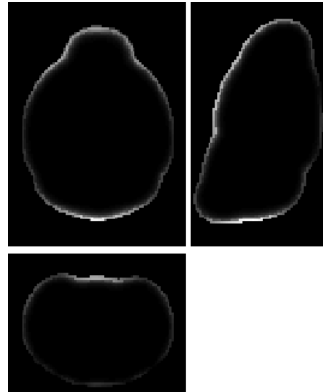


FIGURE 4.11 – Image “M-G” du cerveau de souris

Ensuite, nous pouvons calculer l'activité corrigée pour chaque région à partir de cette image "M-G". Pour cela, nous trouvons tout d'abord les coordonnées des voxels d'une des 14 régions dans l'image "mask". Ensuite, nous calculons la somme des voxels de l'image "M-G" ayant les mêmes coordonnées que celles trouvées précédemment. Enfin, nous divisons tout simplement cette dernière valeur obtenue par le nombre de voxels de manière à obtenir la valeur moyenne de l'activité présente dans cette région.

Maintenant, nous allons faire tourner notre programme sur notre image dynamique de manière à comparer les résultats obtenus avec les deux méthodes de correction.

Nous allons donc faire tourner notre code sur les 45 images et tracer les TAC pour les mêmes régions, à savoir le striatum, le thalamus, le cervelet et le cortex de manière à voir l'évolution de l'activité au cours du temps pour chacune de ces régions. Les courbes obtenues sont montrées sur les figures 4.12 et 4.13.

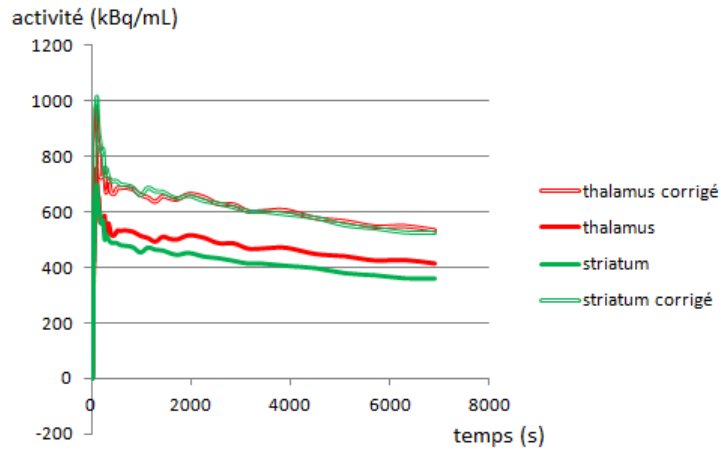


FIGURE 4.12 – TAC du striatum et du thalamus avant et après correction par la méthode de Müller-Gärtner

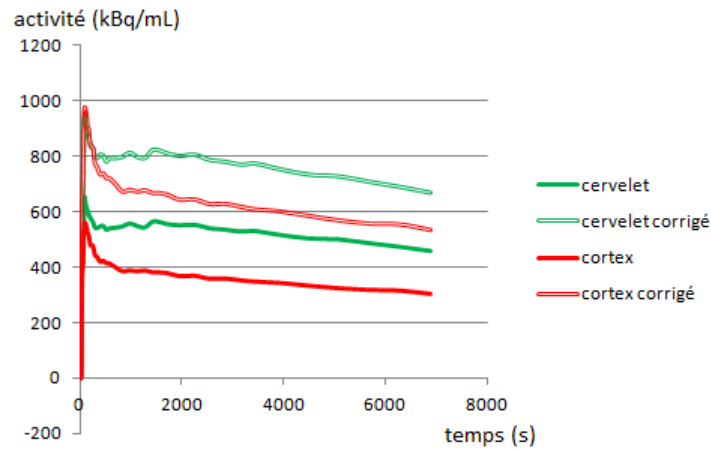


FIGURE 4.13 – TAC du cervelet et du cortex avant et après correction par la méthode de Müller-Gärtner

Les résultats affichés sur ces deux figures sont très proches de ceux trouvés par la méthode de Rousset. Afin de mieux s'en apercevoir, nous avons tracé les courbes d'activité du cervelet et du cortex en fonction du temps (TAC) avant et après correction (par les deux méthodes) sur le même graphique. Ce graphique est montré sur la figure 4.14.

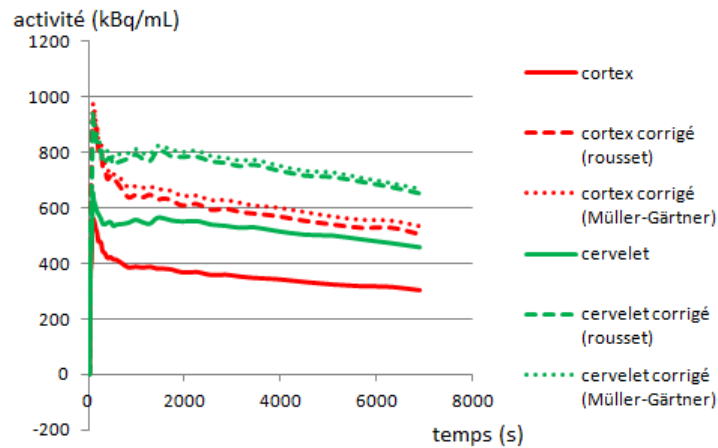


FIGURE 4.14 – TAC du cervelet et du cortex avant et après correction par la méthode de Rousset et celle de Müller-Gärtner

Il est à noter que dans les deux cas (cortex et cervelet), nous trouvons des valeurs d'activité corrigées par la méthode de Müller-Gärtner légèrement supérieures aux valeurs d'activité corrigées par la méthode de Rousset. En effet, pour la méthode de Rousset, les valeurs corrigées tendent à s'approcher au plus près des valeurs réelles. La différence entre ces deux valeurs

d'activité est due à l'activité perdue vers des régions qui ne sont pas prises en compte dans les différents VOIs, comme par exemple le liquide céphalo-rachidien. Cette méthode ne permet donc pas de récupérer cette activité perdue dans ces autres régions. En d'autres mots, l'activité que nous retrouvons est l'activité réelle diminuée de ces pertes vers les autres régions.

Dans la méthode de Müller-Gärtner, lorsque nous obtenons l'image "M-G" par division, nous avons une certaine sur-estimation de l'activité au niveau des bords. En effet, les derniers voxels contenant une intensité non nulle sur le "mask" convolué ont des valeurs de l'ordre du micro. Dès lors, après la division de notre image par ce "mask" convolué, nous avons des intensités sur-estimées pour ces voxels appartenant à la frontière entre les régions. Ces intensités trop élevées ont tendance à augmenter un peu la valeur de l'activité moyenne pour la région considérée ce qui peut entraîner une valeur corrigée supérieure à la valeur réelle présente dans la région.

Chapitre 5

Conclusion et perspectives

La tomographie par émission de positons est une technique d'imagerie médicale utilisée en médecine nucléaire servant à mesurer l'activité métabolique d'un organe *in vivo*. Elle s'est directement rendue célèbre par le fait qu'elle donne des images fonctionnelles du sujet.

Malheureusement, ce scanner possède une résolution assez faible ce qui entraîne une certaine incertitude sur les données. Nous trouvons, en effet, une certaine déviation des valeurs d'activité sur l'image PET. Cette déviation est due à l'effet de volume partiel.

Le but de ce projet était donc d'implémenter une technique de correction de l'effet de volume partiel de manière à aboutir à une meilleure interprétation des images fournies.

Nous avons donc commencé ce travail en décrivant les différents appareils d'imagerie médicale en nous concentrant plus particulièrement sur le PET scan.

Nous avons ensuite décrit les différents problèmes qui affectent l'image PET avant de définir l'effet de volume partiel.

Nous avons par la suite passé en revue les différentes techniques de correction de l'effet de volume partiel avant de choisir la technique créée par le professeur Rousset (méthode de la matrice des transferts géométriques) que nous implémenterons lors de ce travail.

Nous avons tout d'abord dû déterminer la fonction de réponse de notre scanner (PSF) avant de pouvoir implémenter cette méthode. Nous l'avons ensuite testée sur deux images créées par nos soins afin de vérifier sa fiabilité.

Finalement, nous l'avons appliquée sur une image PET FDG dynamique du cerveau d'une souris afin de voir l'évolution de l'activité par région au cours du temps. Pour nous assurer de la fiabilité des résultats obtenus, nous avons décidé d'implémenter une autre technique de correction, à savoir celle de Müller-Gärtner, de manière à confirmer nos résultats obtenus.

Nous pouvons voir, d'après les résultats obtenus, qu'il est indispensable d'effectuer la correction de l'effet de volume partiel vu la grande différence entre les résultats obtenus avant et après correction. En effet, nous avons certaines régions qui ont une activité presque doublée après correction. Il est, par conséquent, impensable de ne pas utiliser une méthode de correction de l'effet de volume partiel.

Nous pouvons également conclure que, de manière générale, plus le VOI sera petit, plus l'augmentation de l'activité après correction sera importante. Inversement, plus le VOI sera grand, plus petite sera l'augmentation après correction de son activité.

Suite aux résultats obtenus avec les deux méthodes, nous préférons privilégier la technique du professeur Rousset à celle de Müller-Gärtner. Nous préférons obtenir des résultats s'approchant au plus près des valeurs réelles que d'obtenir des résultats qui ont tendance à être supérieurs à l'activité réelle.

Pour améliorer la correction de l'effet de volume partiel, nous devrions disposer d'une image IRM structurelle. Dès lors, nous pourrions avoir une meilleure coregistration entre le "template" et l'individu étudié ce qui nous donnerait une meilleure correction de l'effet de volume partiel.

Nous pourrions envisager d'étendre notre technique de correction de l'effet de volume partiel sur d'autres petits animaux, comme par exemple les rats. Pour cela, il nous faudrait connaître la position exacte des différentes régions constituant le cerveau du rat. Ensuite, nous pourrions tout simplement utiliser notre algorithme afin de corriger cet effet de volume partiel.

Il est également important de souligner que cette technique est applicable dans le cas d'une image réalisée à partir du radiotracer ^{18}F . Nous pourrions également étendre notre technique de correction à d'autres radiopharmaceutiques, comme par exemple le ^{11}C , ^{13}N ou encore le ^{15}O . Pour cela, il nous faudrait tout simplement une autre image "template" correspondant au nouveau radiotracer utilisé. Ensuite, nous pourrions tout simplement utiliser notre algorithme afin de corriger cet effet de volume partiel.

Un dernier point sur lequel il serait important de se consacrer est le mouvement de la tête. En effet, plus le mouvement de rotation de la tête et du cerveau sera important, plus l'erreur sur l'image sera importante. Il faudrait donc envisager la réalisation d'une étude basée sur la dégradation des images PET en fonction du degré de rotation des mouvements de la tête de manière à faire intervenir cette étude dans les méthodes de correction de l'effet de volume partiel.

Chapitre 6

Références

- [1] Cours du professeur Phillips, *Medical Imaging*, ULg
- [2] J. Prince, J. Links, *Medical Imaging - Signals and Systems*, Pearson Prentice Hall Bioengineering, 2006
- [3] A. Reader, H. Zaidi, *Advances in PET image reconstruction*, PET Clin2, 173-190, 2007
- [4] Thèse de B. Guérin, *Nouvelle méthode spatio-spectrale de correction de la diffusion en tomographie à émission de positons*, Université Paris VI - Pierre et Marie Curie, 2008
- [5] Mémoire de V. Kinnard, *Correction de l'effet de volume partiel en tomographie par émission de positons pour des fantômes anthropomorphiques*, ULB, 2003
- [6] http://depts.washington.edu/nucmed/IRL/pet_intro/intro_src/section2.html
- [7] O. de Dreuille, J-F Gaillard et al., *Principe et technique de la tomographie par émission de positons (TEP)*, EMC-Radiologie, Volume 1, Issue 1, 2004
- [8] M. Soret, I. Buvat et al., *Partial-volume effect in PET tumor imaging*, J Nucl Med 2007, Volume 47, 932-945
- [9] <http://www.pmod.com/files/download/v34/doc/pbas/5017.html>
- [10] K. Erlandsson et al., *A review of partial volume correction techniques for emission tomography and their applications in neurology, cardiology and oncology*, Phys Med Biol, 57 R119-159, 2012

- [11] Y-H Dean Fang et al., *Spillover and partial-volume correction for image-derived input functions for small-animal ^{18}F -FDG PET studies*, J Nucl Med, 49 : 606-614, 2008
- [12] E. Hoffman, *Quantitation in positron emission computed tomography : effect of object size*, J. Comput. Assist. Tomography, 3 :299-308, 1979
- [13] O. Videen et al., *Regional correction of positron emission tomography data for the effects of cerebral atrophy*, J. Cereb. Blood Flow Metab., 8 :662-670, 1988
- [14] H. Müller-Gärtner, *Measurement of radiotracer concentration in brain gray matter using positron emission tomography : MRI-based correction for partial volume effects*, J. Cereb. Blood Flow Metab., 12 :571-583, 1992
- [15] O. Rousset et al., *Correction for partial volume effects in PET : principle and validation*, J Nucl Med, 39 :904-911, 1998
- [16] W. Lehnert et al., *Characterisation of partial volume effect and region-based correction in small animal positron emission tomography (PET) of the rat brain*, NeuroImage 60, 2144-2157, 2012
- [17] Thèse de S. Stute, *Modélisation avancée en simulations Monte Carlo de tomographie par émission de positons pour l'amélioration de la reconstruction et de la quantification*, Université Paris-Sud 11, 2010.
- [18] [http ://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/](http://www.fil.ion.ucl.ac.uk/spm/)