

Reconstruction et analyse d'images médicales

TP3 - Fusion IRM de diffusion et fonctionnelle

Q1 IRM fonctionnelle

1) Étapes de reconstruction

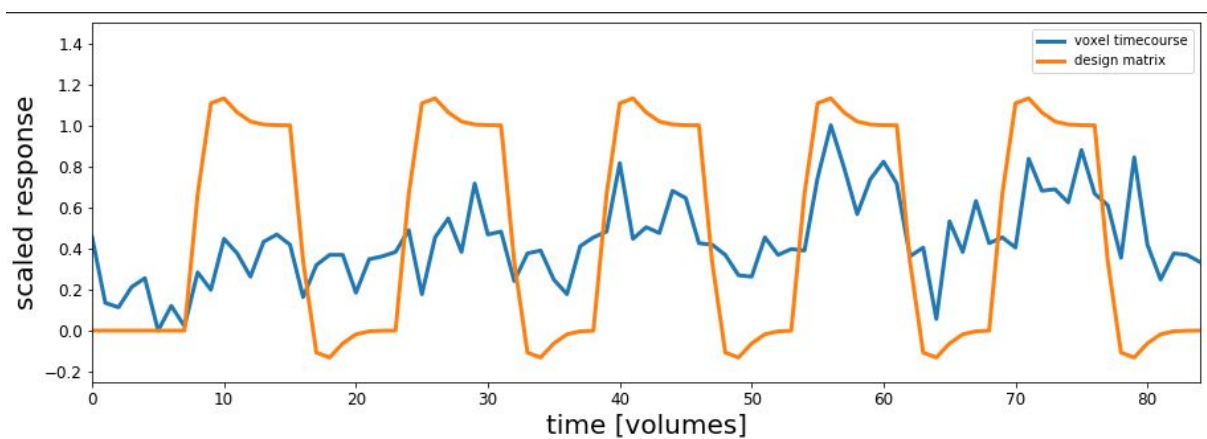
Pour réaliser l'IRM fonctionnelle plusieurs étapes sont nécessaires. pour commencer nous allons charger l'image nifti ainsi que le fichier ideal time course qui est en fait la fonction de réponse hémodynamique.

Afin de pouvoir supprimer les fréquences indésirables, on calcule les paramètres d'un filtre passe-bande. Nous utilisons un filtre butterworth qui va nous permettre d'appliquer par la suite un filtre passe-bande.

On applique donc ensuite, ce filtre passe-bande à chacun des 64*64*50 voxels de l'image qui font partie du cerveau. Un voxel qui fait partie du cerveau est un voxel dont l'intensité est supérieure à l'intensité médiane de l'image en 4 dimensions. Dans la même boucle, on calcule la corrélation entre l'activation du voxel et celle de la réponse hémodynamique. Pour calculer la corrélation entre ces deux signaux, on va utiliser la corrélation de Pearson

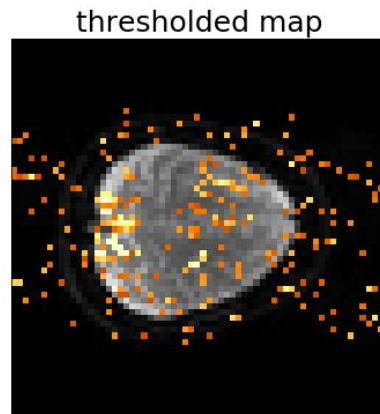
$$\rho_{X,Y} = \frac{\text{cov}(X, Y)}{\sigma_X \sigma_Y}$$

On est ainsi capable d'obtenir la courbe suivante.



Cette courbe est celle obtenue pour le voxel ayant la meilleure corrélation avec la courbe attendue.

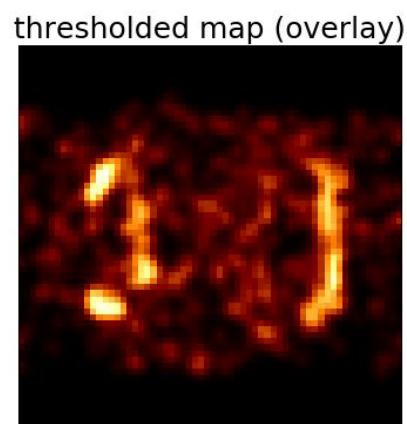
Pour la suite nous allons moyenner les images par rapport aux temps pour seulement utiliser les différentes images par rapport à l'axe z.



*Coupe transversale du cerveau moyennée dans le temps,
superposée aux coefficients de corrélation*

On crée ensuite un masque contenant les valeurs de tous les coefficients de corrélation supérieurs à un seuil, ici fixé à 0.35. Les valeurs inférieures ne nous intéressent pas et les rendre nulles permet de mieux distinguer les zones d'activation par la suite.

Certaines valeurs en dehors du cerveau n'ont pas pu être filtrées lors de la comparaison avec la médiane. Pour éliminer les activations "marginale", n'étant pas entourées d'autres voxels activés, on applique un filtre gaussien à notre masque puis on ne conserve que les voxels d'intensité (corrélation) supérieure à un nouveau seuil. On obtient ainsi des zones d'activation plus précises. Le filtre gaussien permet ainsi une meilleure visualisation de l'activation.



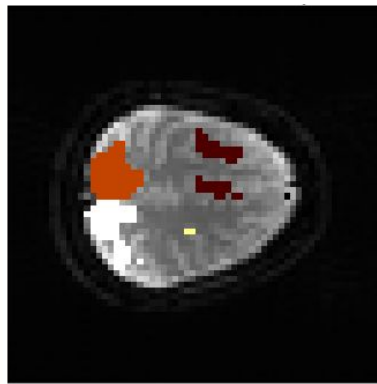
*Coupe transversale du cerveau moyennée dans le temps,
avec le filtre gaussien appliqué*

A cette étape, les zones possèdent des couleurs semblables et sont difficilement distinguables entre elles.

Par ailleurs on peut voir à la droite de l'image une forte activation. Néanmoins cela ne correspond pas au cerveau mais aux yeux et on retrouve cette activation sur chaque images.

2) Segmentation des régions

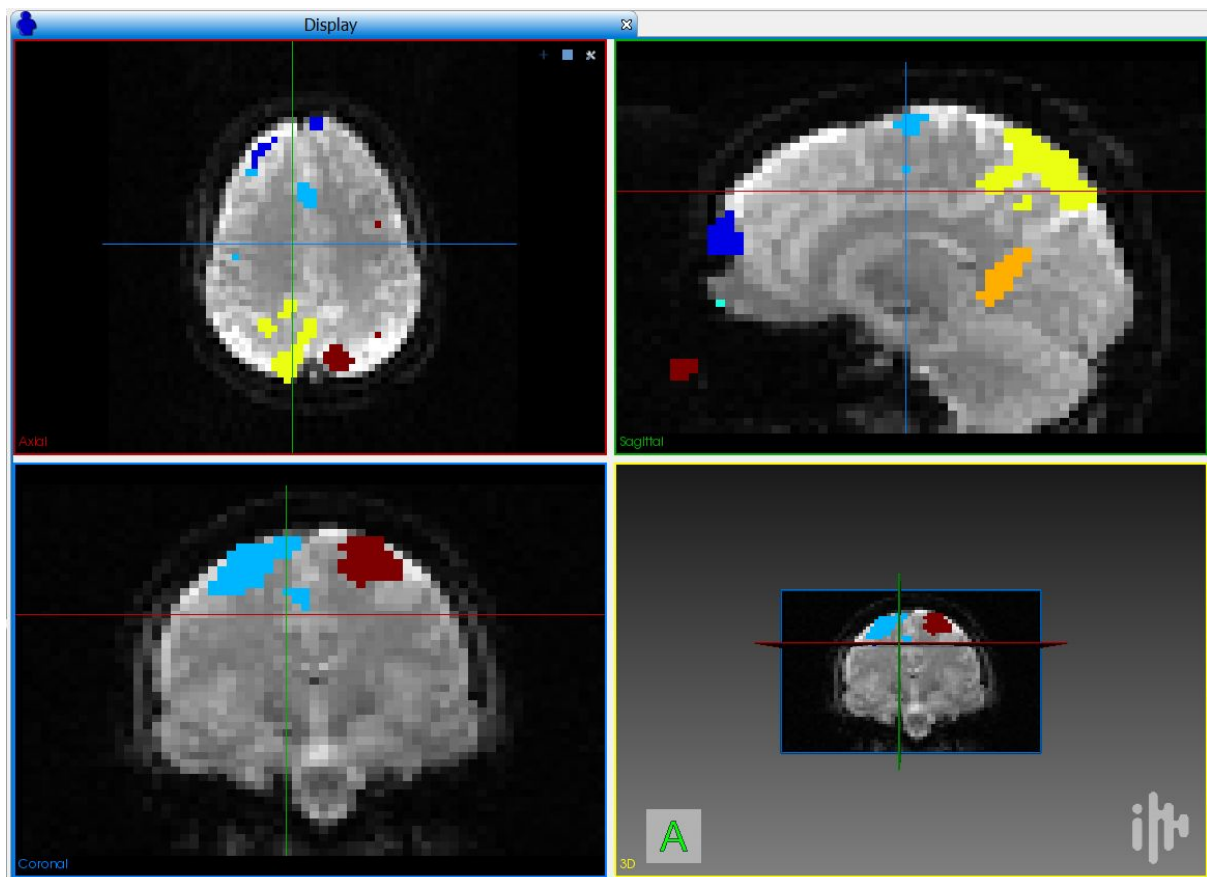
Une segmentation par le clustering k-moyennes nous permet de distinguer les différentes zones. Pour réaliser ce clustering il nous a été nécessaire de récupérer les indexes de tous les voxels du masque et de nous en servir comme coordonnées des points pour le clustering. Le clustering extrait 15 clusters, ce nombre a été déterminé en effectuant plusieurs essais.



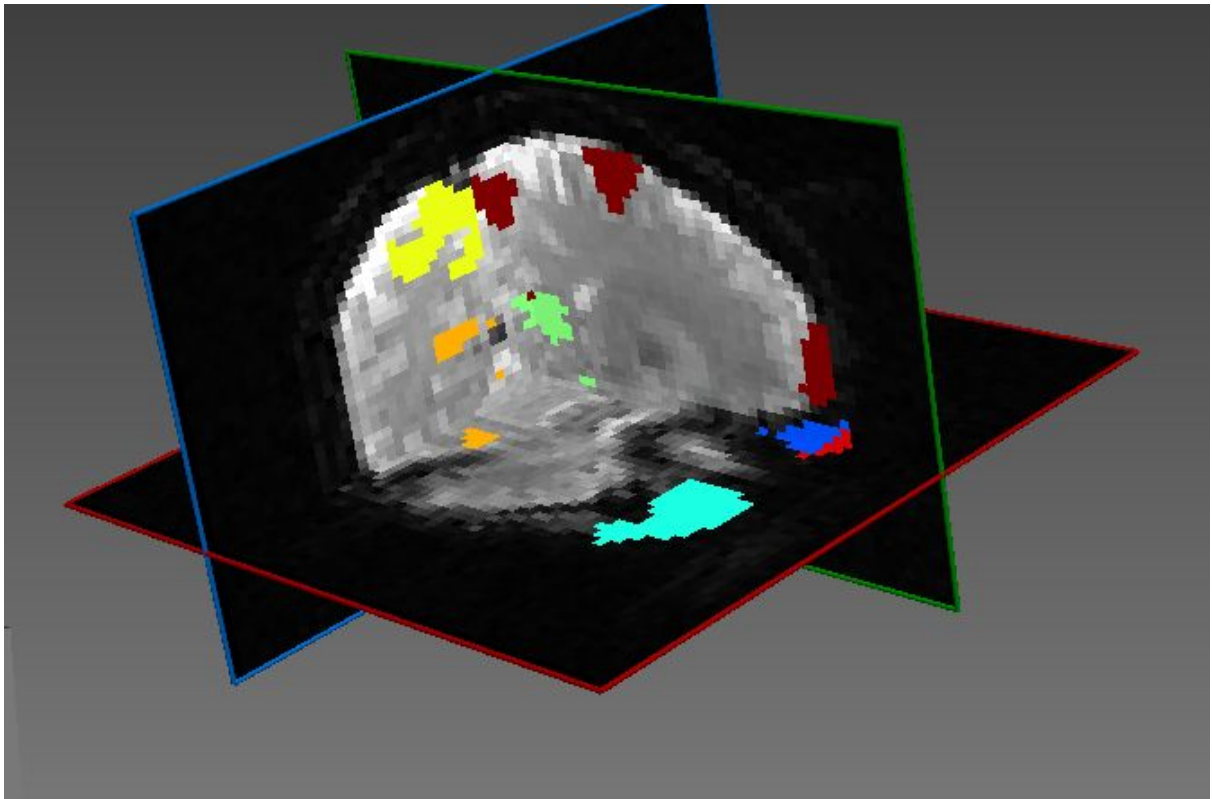
Coupe transversale du cerveau moyennée dans le temps, superposée aux clusters présents dans cette même coupe

3) Représentations

L'image 3D est enfin exportée au format nifti.

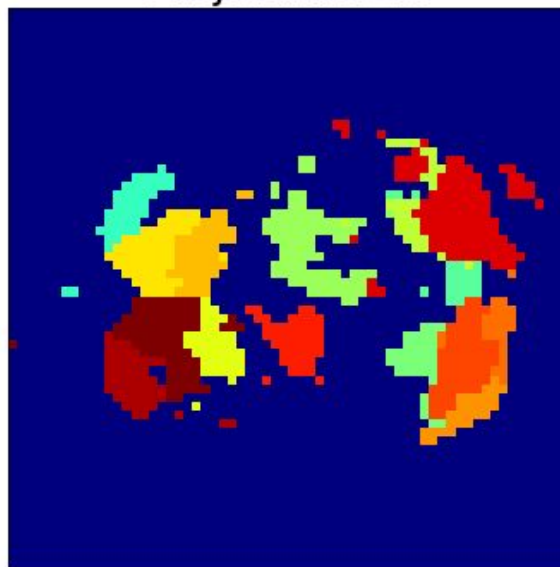


Aperçu avec le logiciel MI-Brain, en prenant comme couleurs de fmri_mask l'option "Jet transparent"



Vue 3D résumant les principales zones d'activation.

Projection 2D



Projection en 2D de nos clusters, sur une coupe transversale, les yeux étant situés à droite

Q2 IRM de diffusion

1) Estimation des tenseurs

On applique à chaque voxel de l'image la méthode des moindres carrés détaillée dans le cours, permettant de calculer le tenseur associé.

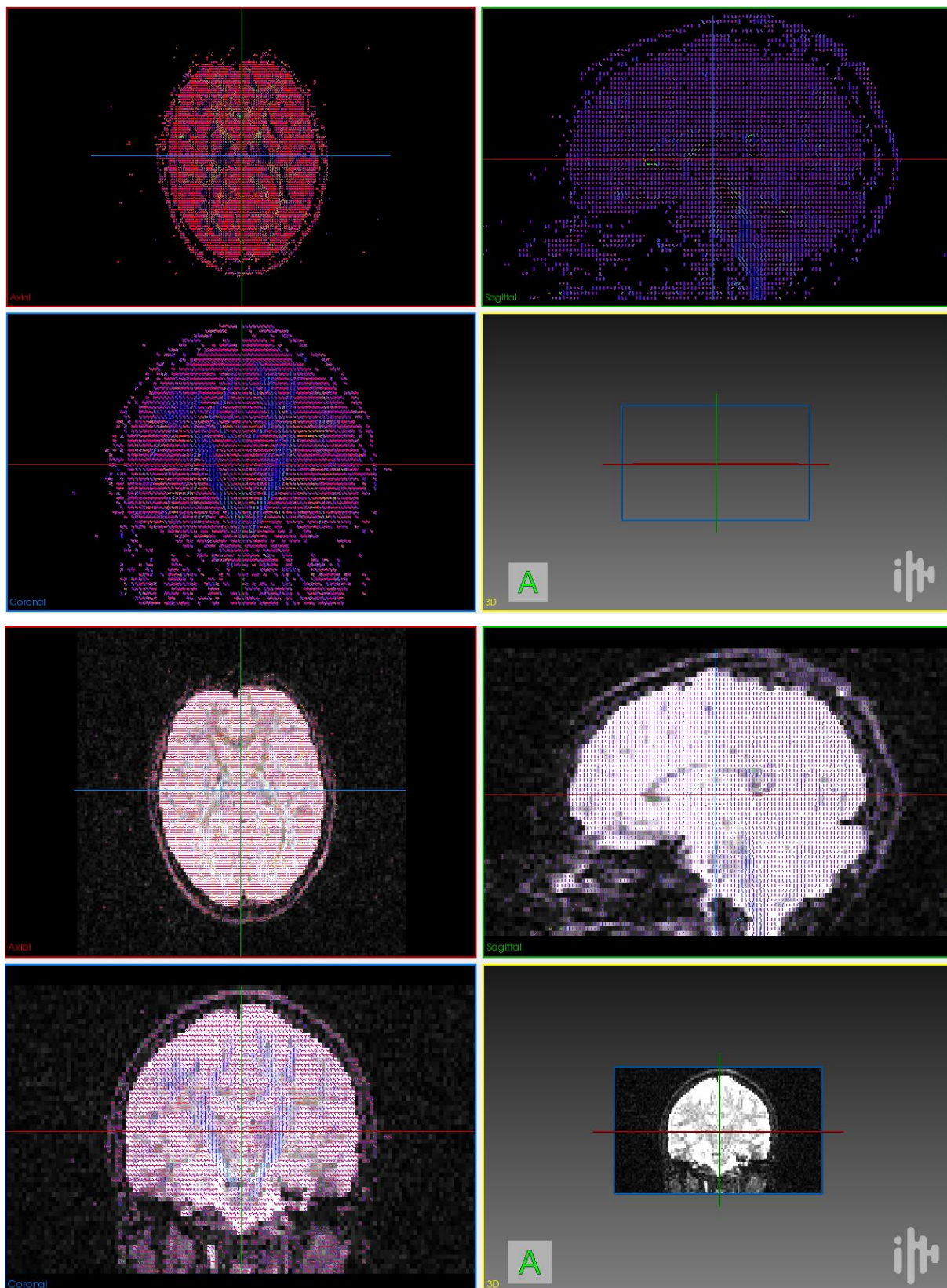
L'opération à réaliser est :

$$D = (B^T B)^{-1} B^T X$$

B est une matrice générale qui contient les vecteurs d'orientation de chaque image orientée S(1) à S(59). Ces valeurs se récupèrent dans le fichier gradient_directions_b-values.txt.

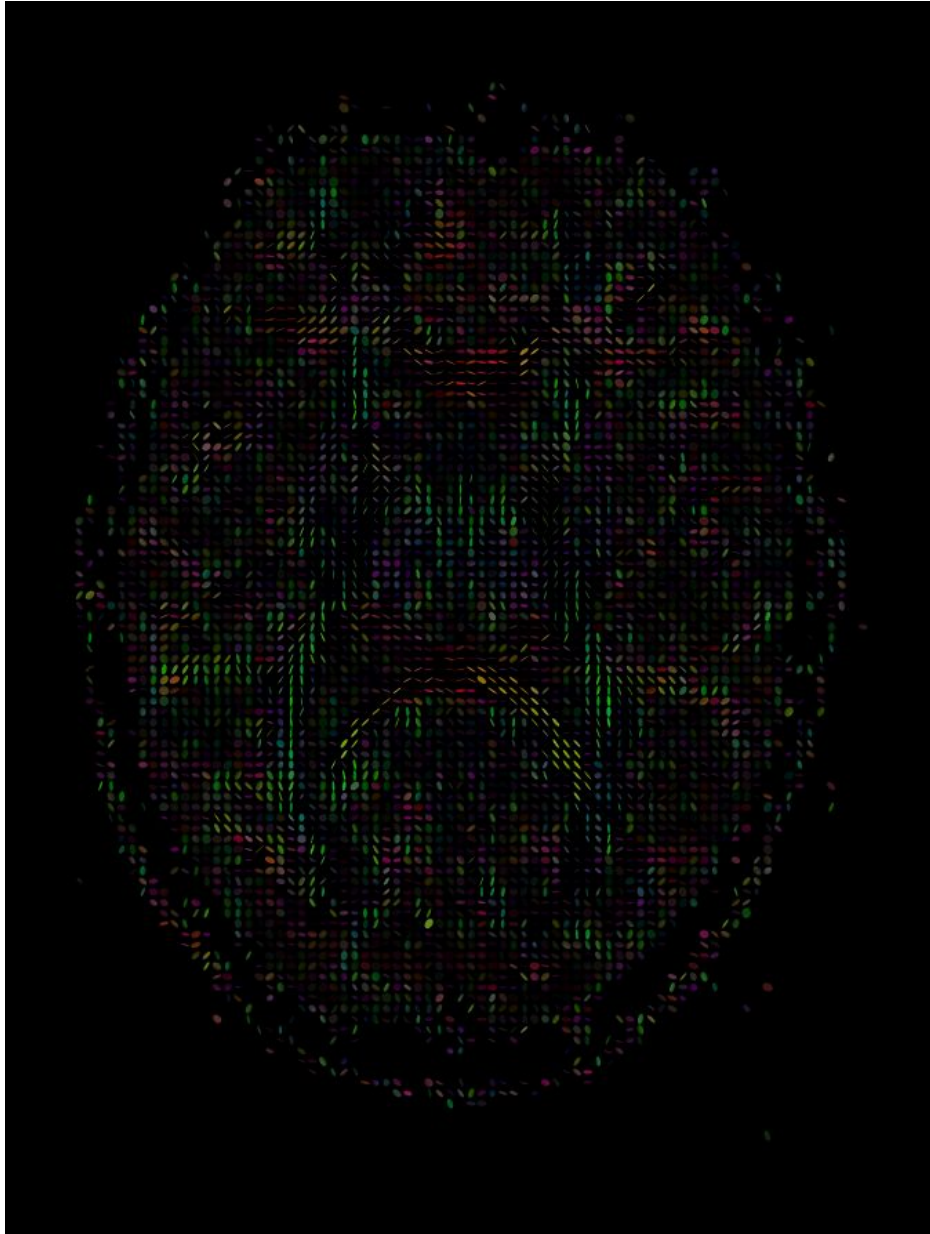
La matrice X est quant à elle spécifique à chaque voxel, et contient les différents pixels orientés.

Grâce à MI-Brain, nous visualisons les directions principales des tenseurs (en filtrant les tenseurs du fond noir) :



Nous avons également essayé d'afficher les tenseurs à l'aide de l'outil FiberNavigator, en utilisant comme "anatomy" le fichier dmri.nii et en y superposant les tenseurs, mais le programme crashe.

Nous avons donc décidé d'utiliser la librairie Dipy pour afficher les tenseurs (cela nécessitait le calcul préalable de FA et la résolution de la SVD). Nous avons obtenu l'image :



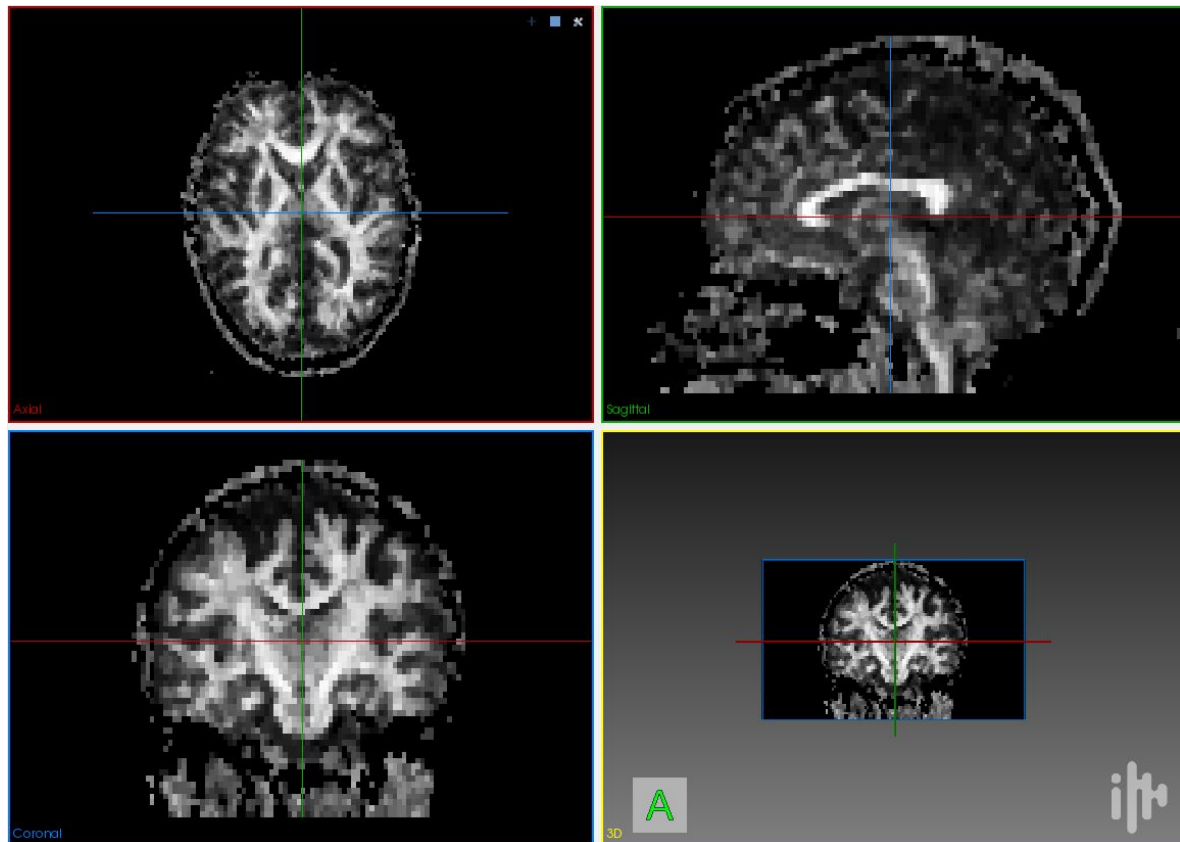
2) Estimation de cartes de FA et d'ADC

Ces deux cartes se calculent après avoir calculé une décomposition en valeurs singulières (SVD) pour chaque tenseur.

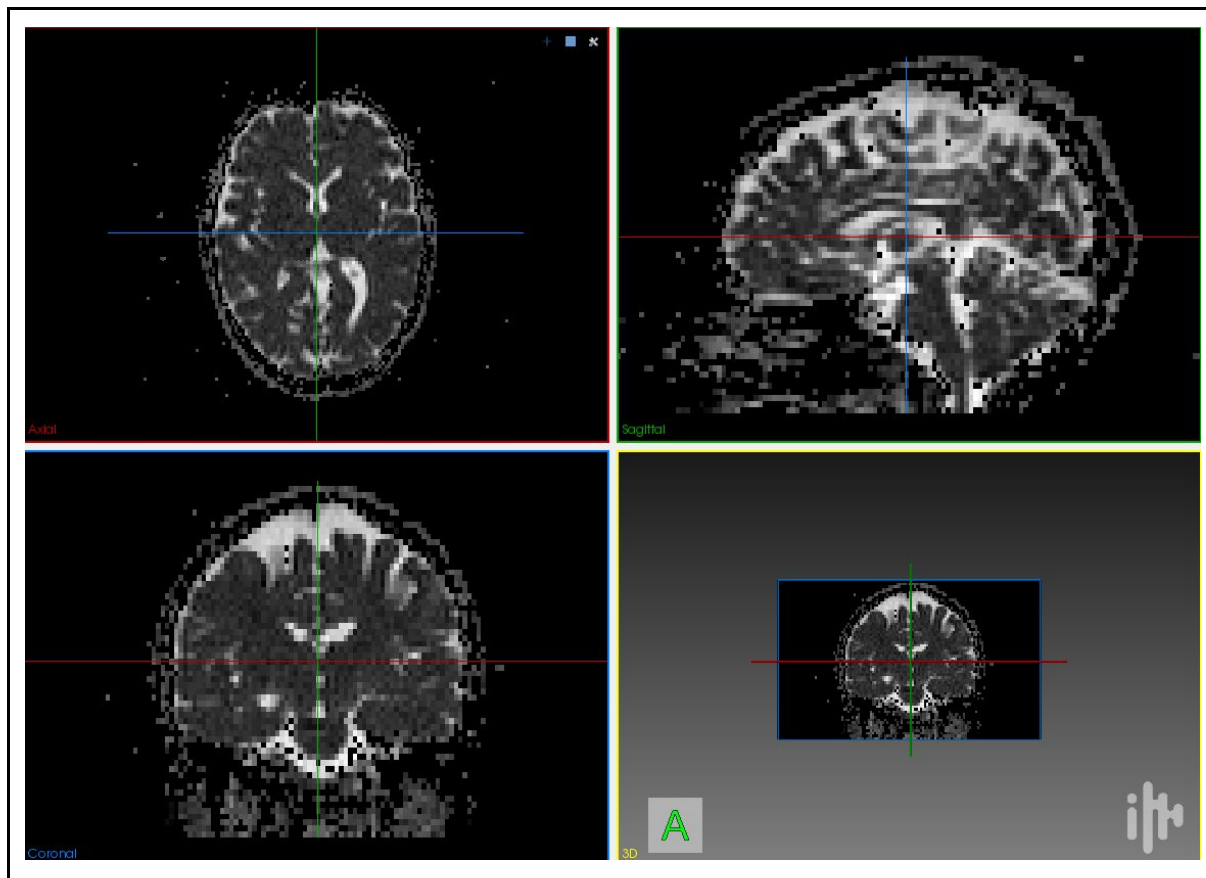
$$\text{Nous avons : } FA = \frac{\sqrt{(\lambda_1 - \lambda_2)^2 + (\lambda_2 - \lambda_3)^2 + (\lambda_3 - \lambda_1)^2}}{\sqrt{2(\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2)}} \text{ et } ADC = \frac{\lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3}{3}$$

Nous obtenons les quelques coupes suivantes :

FA



ADC



Les unités des cartes FA et ADC sont les mêmes que celles de l'image 3D d'origine, c'est à dire les dimensions des voxels : 2mmx2mmx2.6mm

3) Tractographie

Nous avons réalisé la tractographie sur 100,000 seeds générées aléatoirement au sein d'un mask de la carte FA, filtré à 0.8

Pour réaliser la tractographie nous avons appliqué la formule :

$$p_{n+1} = p_n + v(p_n)\Delta s$$

$v(p_n)$ correspond à la direction au point p_n la plus proche à la direction $v(p_{n-1})$ au point p_{n-1}

Pour calculer cette direction, nous avons d'abord réalisé une interpolation pour obtenir les 3 directions de p_n en réalisant une **interpolation des plus proches voisins** (on récupère les directions (c'est-à-dire les espaces propres récupérés lors de la SVD) des 8 plus proches voisins autour de p_n et on réalise une moyenne).

Une fois les 3 dimensions obtenues, on les compare à la direction $v(p_{n-1})$ grâce au **critère de similarité de cosinus**.

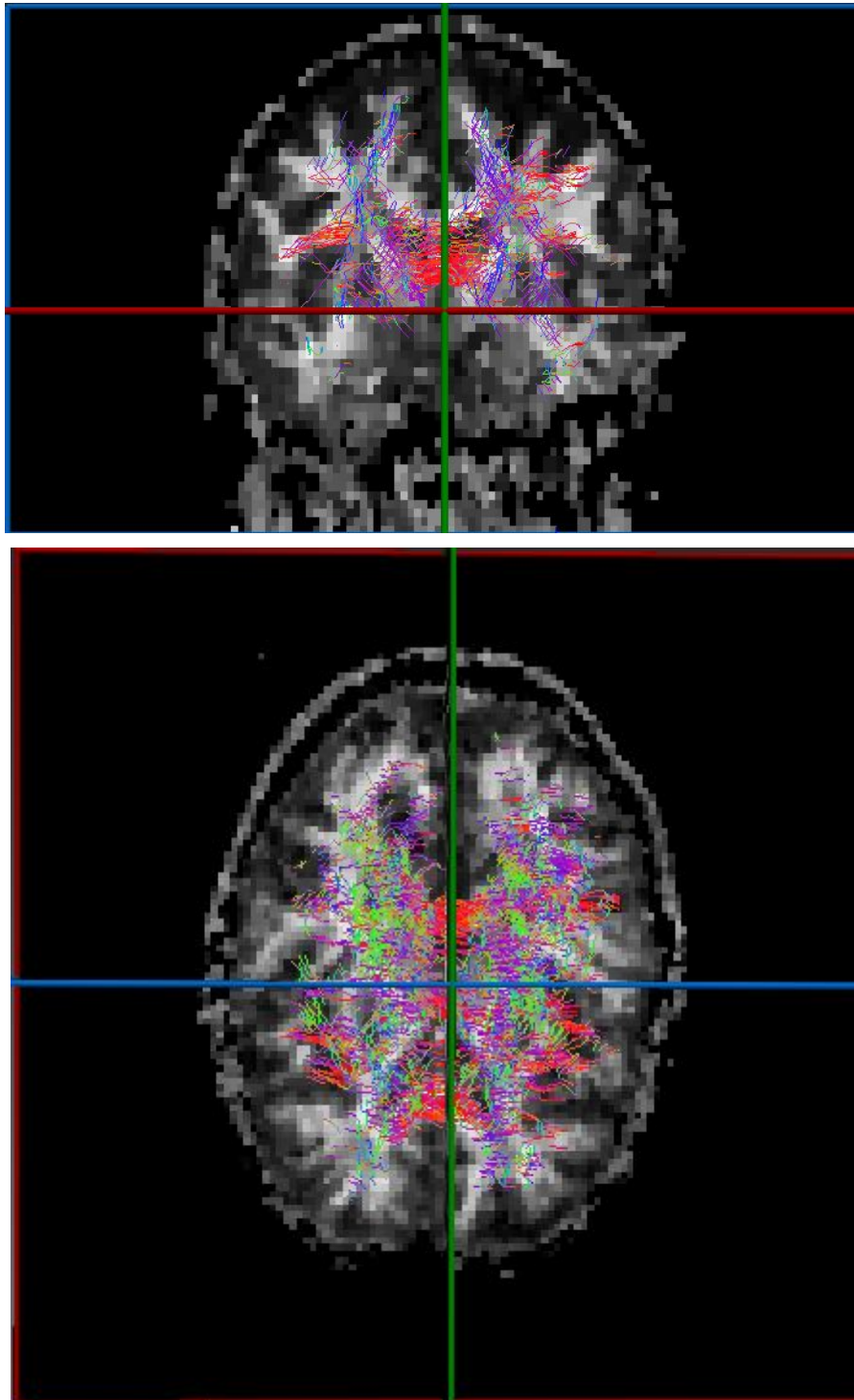
Δs correspond au pas, que nous avons fixé à 0.1 ce qui nous paraissait être un bon compromis entre précision et temps de calcul.

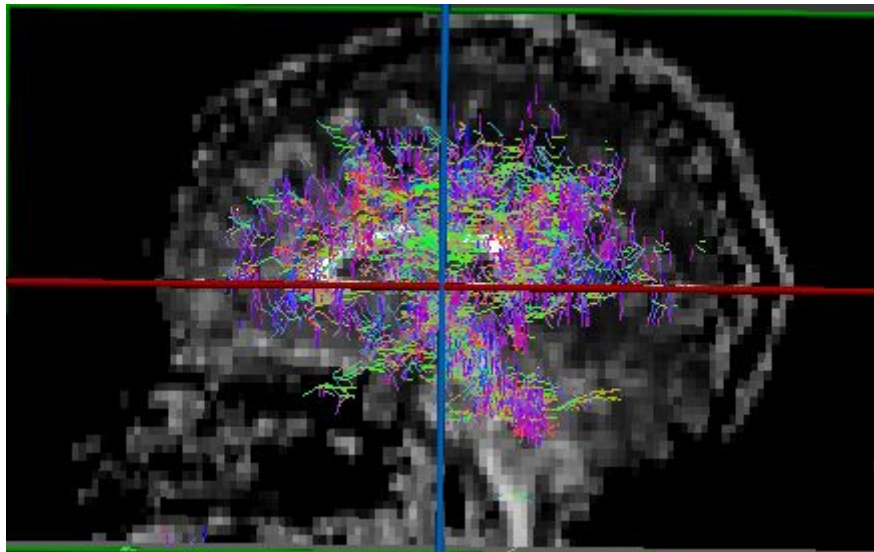
Lors de la génération d'un fibre à partir d'une seed, nous avons 3 paramètres d'arrêt :

- si la fibre sort des dimensions de l'image
- si la fibre sort du mask de la carte FA, filtré à 0.4
- si la fibre réalise un angle supérieure à 40°

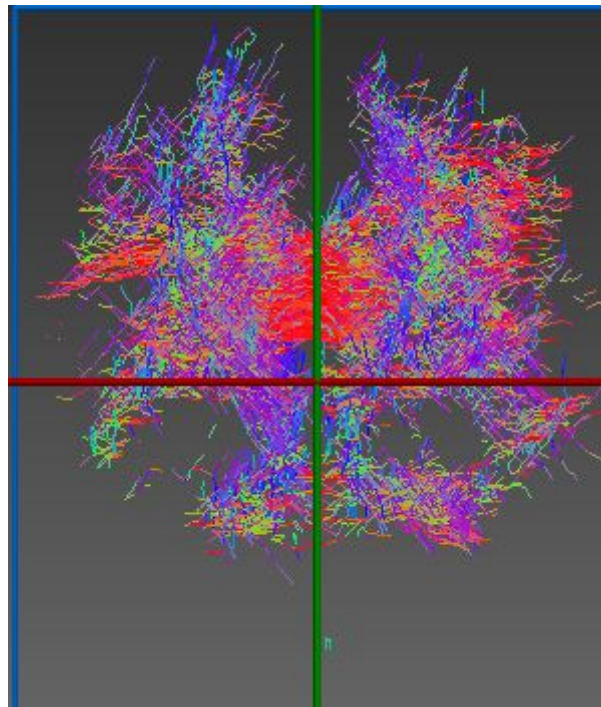
Nous obtenons les résultats suivants :

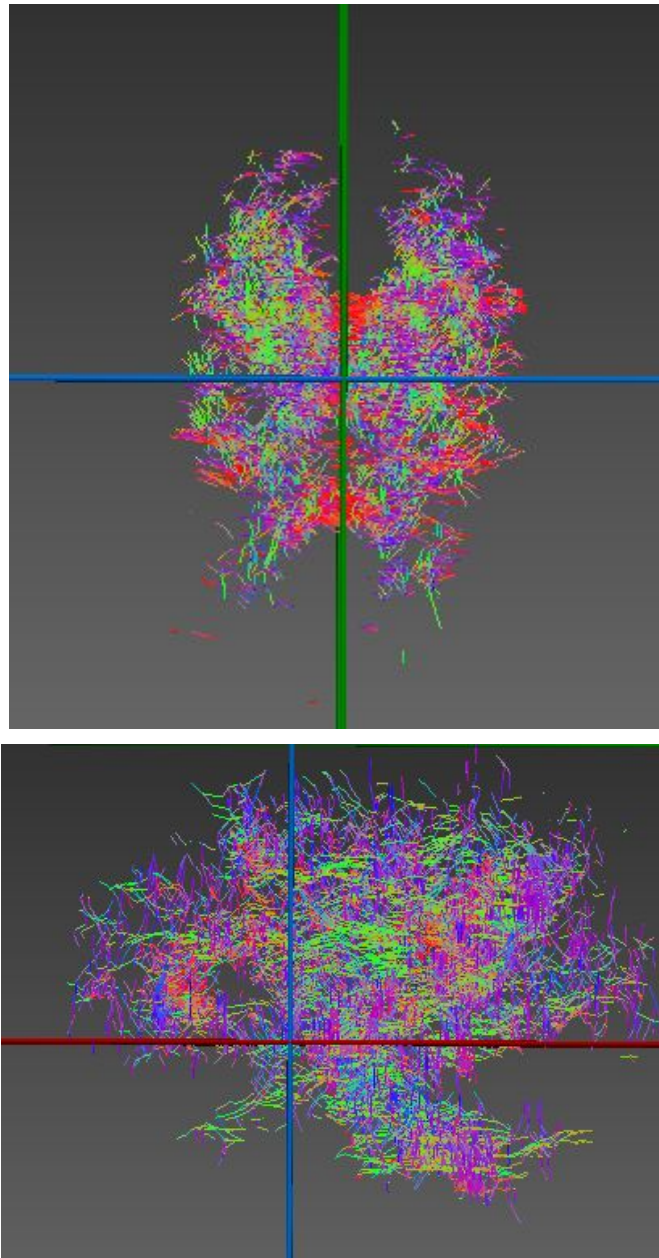
- en superposant notre tractographie à la carte FA :





- sans superposition :





Q3 Fusion

a) Recalage

Nous avons décidé de recalcer dans l'IMRf et IRMd sur l'espace anatomique IMRT1. L'intérêt de pouvoir fusion la tractographie et l'IRM fonctionnelle n'est présent que s'ils elles ont été réalisées sur la même personne (nous avons essayé de confirmer cela via le nom du patient dans le header, mais le nom n'est pas renseigné pour l'IRMf). Nous allons cependant faire l'hypothèse que les signaux proviennent du même patient. C'est alors plus intéressant de visualiser les résultats dans l'espace anatomique de la personne.

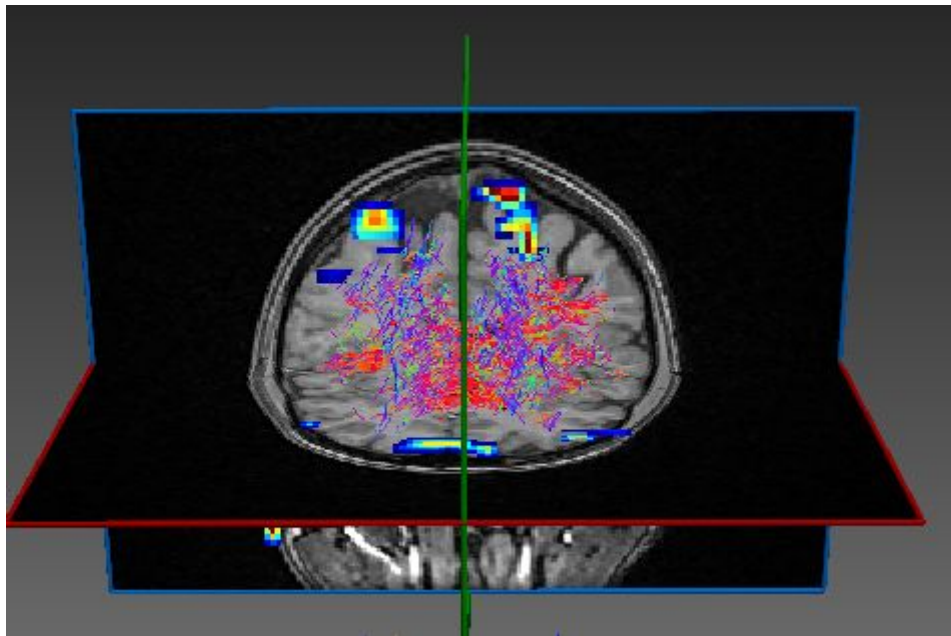
L'IRMd est déjà recalée sur l'image anatomique.. Comme la tractographie est générée à partir de l'IRMd, elle est déjà calée par rapport à l'image anatomique.

Nous avons donc réalisé le recalage (recalage rigide) de l'IRMf sur l'anatomie.

Pour ce faire, nous avons d'abord réalisé un recalage de la première image de l'IRMf et avons enregistré les opérations réalisées.

Nous avons ensuite appliqué ces transformations sur le fichier contenant les zones d'activation.

Voici l'image anatomique avec la tractographie et les zones d'activation :



2) Connexion des zones fonctionnelles

Nous avons utilisé MI-BRAIN pour filtrer les fibres de tractographie.

Pour ce faire nous avons créé une ROI (region of interest) à partir de la segmentation des zones d'activation. Nous avons ensuite filtré les fibres pour ne sélectionner que les fibres entrant en contact avec les zones d'activation.

Les fibres filtrées ne permettent pas de voir beaucoup de connections entre les zones d'activations, cela est peut être dû au fait que les fibres ne sont pas assez longues ce qui provient peut être d'une mauvaise interpolation.

Voici néanmoins une image où un lien ténu peut être observé :

