

IMN530 - Reconstruction et analyse d'image médicale

TP 3 - Fusion IRM de diffusion et fonctionnelle

1. [40 pts] **IRM fonctionnelle.** À partir des données brutes *fmri.nii*, reconstruisez les zones d'activations les plus importantes. Ce fichier correspond à une tâche visuo-spatiale appelée *Roland* acquise pendant 85 points dans le temps. Le fichier *ideal.txt* contient un vecteur 85x1 représentant le "*ideal time course*" pour cette tâche.
 - a. Décrivez et illustrez brièvement toutes les étapes de reconstruction utilisées.
(pas besoin de faire de corrections de mouvements)
 - b. Segmentez les régions d'activations les plus importantes, justifiez vos choix et donnez-leurs une étiquette. Décrivez votre choix de technique de segmentation.
(inspirez-vous de ce que vous connaissez ou de mes notes sur la segmentation sur la page web)
 - c. Faites deux figures résumant vos zones d'activation, une en 2D et l'autre en 3D. En 2D, une projection peut être utile. En 3D, utilisez le *FiberNavigator*.
2. [40 pts] **IRM de diffusion.** À partir des données brutes *dmri.nii*, reconstruisez les tenseurs de diffusion et faites la tractographie de la matière blanche.
(pas besoin de faire de corrections de mouvements)
 - a. Codez une estimation de tenseurs par méthode des moindres carrés. Sauvegardez vos tenseurs comme une image 4D, X,Y,Z,6, où la 4e dimension représente les 6 coefficients du tenseur dans l'ordre [dxx, dxy, dxz, dyy, dyz, dzz]. Visualisez vos tenseurs en utilisant le *FiberNavigator*.
(vous pouvez aussi utiliser Dipy, www.dipy.org, pour la visualisation mais à ce moment vous aurez besoin de faire la décomposition en valeurs/vecteurs propres)
 - b. Estimez les cartes de FA et d'ADC. Illustrez-les. Quelles sont les unités de la FA et de l'ADC?
 - c. Codez une tractographie déterministe. Reconstruisez le réseau de matière blanche à partir de 10,000 graines aléatoirement placées dans la matière blanche. **N'utilisez pas le tracking de Dipy.** Vous devez faire le vôtre. Par contre, vous pouvez vous en inspirer et utiliser la même structure de fibres. Comme ça, vous pourrez utiliser mon petit script d'écriture de fibres en format .trk (*save_fibers.py*). Illustrez le résultat avec le *FiberNavigator*.

3. [20 pts] **Fusion.** Fusionnez les images fonctionnelles, de diffusion et anatomique (*t1.nii*) ensemble.

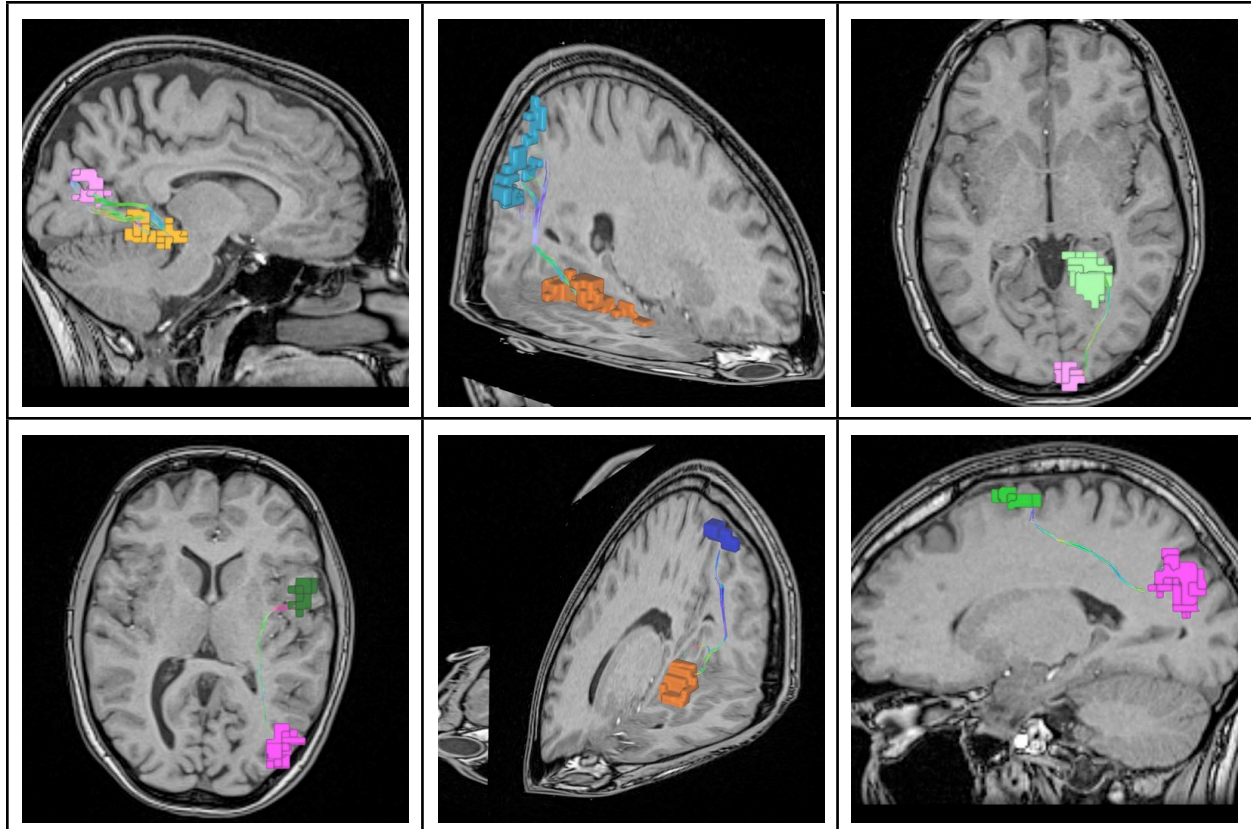
a. Justifiez l'outil et l'espace dans lequel vous recalez.

3 options: i) espace de l'IRMf, ii) espace de l'IRMd, iii) espace anatomique.

b. Quelles zones fonctionnelles sont-elles connectées par au moins une fibre de tractographie? Décrivez votre approche.

(Conseil: méfiez-vous de la solution 2d)

Exemples de fusion IRMd/IRMf/T1



4. Extra pour ceux dans mon labo.

- Quelles sont les valeurs (min, max) de FA et d'ADC? À quoi ressemblent les valeurs moyennes de FA et d'ADC dans le corps calleux? Dans une zone de croisements?
- Refaites la question 3b avec *Dipy*, c'est-à-dire, estimez un champ de fODFs et refaites votre tractographie déterministe avec i) *Dipy* EuDX et ii) *Scilpy* Gab's tracking