

TP3 - IMN530

FOUQUET, Jérémie et MÉTHOT, Vincent

28 avril 2014

Question 1 IRM fonctionnelle

Plusieurs outils d'analyse existent pour traiter des données d'IRMf. Nous avons choisis de les utiliser directement plutôt que de les implémenter en python. Deux suites logicielles ont retenu notre intérêt (puisque nous les connaissons déjà), soit FSL [<http://fsl.fmrib.ox.ac.uk/fsl/fslwiki/>] et AFNI [<http://afni.nimh.nih.gov/>], qu'il faudra avoir installé pour faire fonctionner le script associé à ce numéro (Q1_IRMf.sh).

a Étapes de reconstruction

Il faut garder à l'esprit qu'à chaque étape de reconstruction, il est fortement conseillé d'inspecter visuellement les données. Dès leur réception, on a visuellement inspecté plusieurs tranches de *fmri.nii* à plusieurs temps pour s'assurer que les artefacts n'étaient pas trop importants et que la correction de mouvement n'était pas nécessaire (voir Fig. 1, comme mentionné dans la question. De plus, nous avons effectué une transformée de Fourier des séries temporelles.

b Segmentation

c Zones d'activation

Question 2 IRM de diffusion

a Estimation des tenseurs

La fonction `Q2_IRMd.tenseur` utilise la méthode de la pseudo-inverse pour effectuer le calcul des tenseurs. Elle peut prendre en entrée un masque qui indique pour quels voxels calculer les tenseurs. Sont également mis à 0 tous les éléments de tenseurs qui :

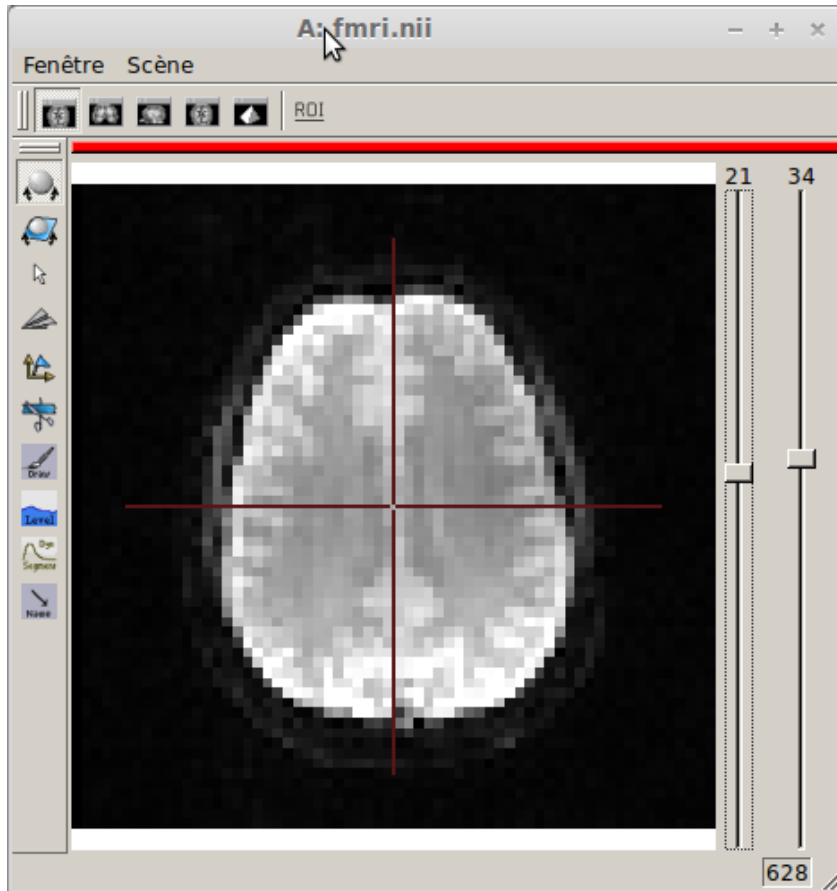
1. Correspondent à un signal à $b = 0$ nul.
2. Prennent une valeur NaN ou Inf.

La fig. 2 illustre les tenseurs que nous avons ainsi obtenus sur une carte de FA (calculée grâce à l'algorithme présenté dans la section suivante).

b FA et ADC

La fonction `Q2_IRMd.compAdcAndFa` calcule l'ADC et la FA à partir d'un champ de tenseur tel que calculé par la fonction `Q2_IRMd.tenseur`. La fig. 3 illustre pour certaines tranches l'ADC et la

FIGURE 1 – Inspection visuelle de fmri.nii dans anatomist. On peut inspecter plusieurs tranches pour tous les points temporels à l’aide des deux curseurs à droite, comme dans un film.



FA, respectivement. Les unités de l’ADC sont les mêmes que celles du coefficients de diffusion, soit $[longueur]^2/[temps]$, alors que la FA est sans unité.

c Tractographie

La fonction `Q2_IRMd.tracking` effectue une tractographie déterministe sur un champ de tenseurs.

À quelle étape interpoler ? Lors de l’implémentation de la fonction, nous avons dû prendre une décision concernant la question suivante : *quel champ doit être interpolé à chaque pas de la tractographie ?* Nous avons considéré les options présentées dans le tab. 1. Ces options ont toutes des avantages et des inconvénients : plus le nombres d’éléments à interpoler et le nombre de calculs à faire avant d’arriver à une direction de propagation sont grands, plus le temps de calcul total de l’algorithme sera grand. Cependant, comme on le voit dans le tab. 1, la précision possible du résultat final diminue lorsque la vitesse de calcul augmente. Il en est ainsi car en général, ce qui permet d’interpoler moins d’éléments génère une perte d’information précédant l’interpolation (les transformées effectuées ne sont en effet pas réversibles). Les interpolations faites par la suite risquent donc d’être moins précises. Nous avons choisi une méthode qui semblait être un compromis entre temps de calcul et précision possible, soit **l’interpolation des tenseurs**. Nous n’avons cependant pas eu le temps de tester l’impact réel sur les temps de calcul et la précision des résultats.

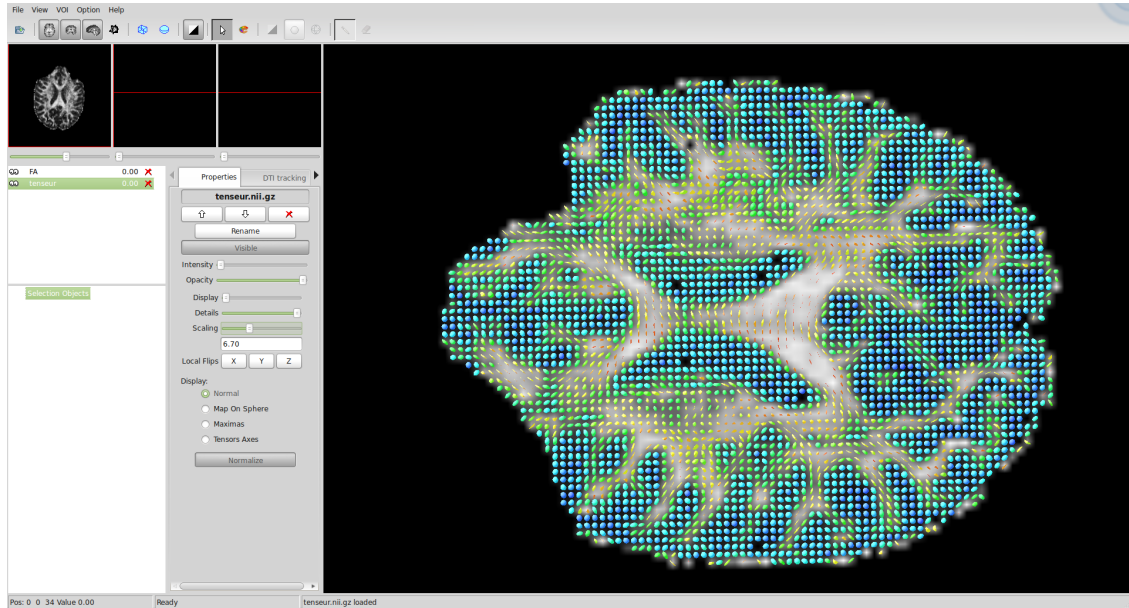


FIGURE 2 – Illustration dans le Fibernavigator des tenseurs que nous avons obtenus grâce à la fonction `Q2_IRMd.tenseur`. Les tenseurs sont superposés à la FA. À noter que seule une région identifiée comme étant le cerveau grâce à l’algorithme BET de FSL est présentée.

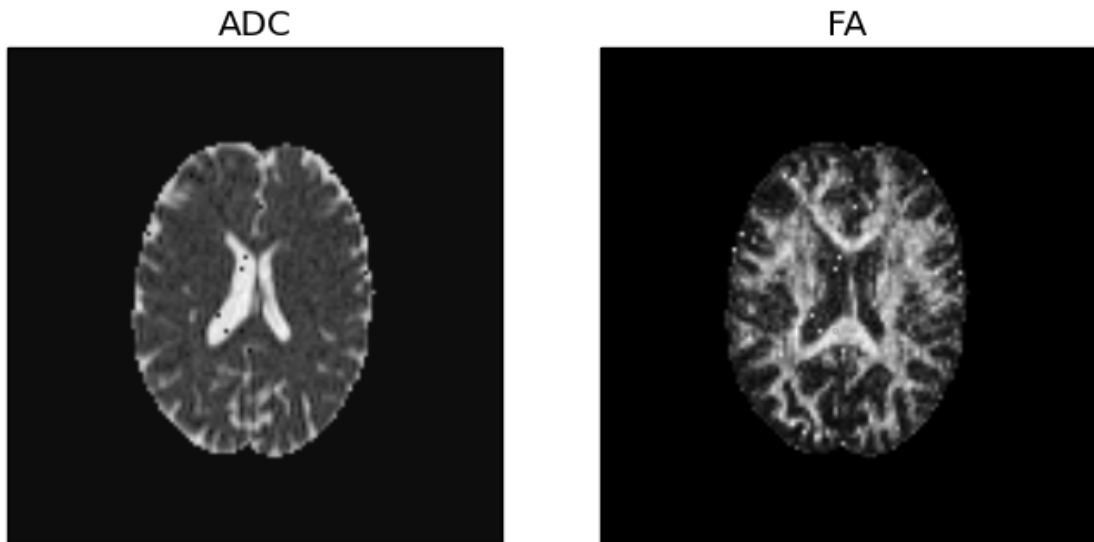


FIGURE 3 – ADC et FA pour une tranche axiale du volume d’IRMd.

Champ interpolé	Nb d'interp.	Nb de calculs	Vitesse de calcul	Précision possible
Mesures d'IRMd	64	3	Basse	Haute
Tenseurs avant (après) décomposition	6	2 (1)	Moyenne	Moyenne
Direction du vecteur principal	2	0	Haute	Basse

TAB. 1 – Champs pouvant être interpolés lors d'un pas de tractographie, avec le nombre d'éléments devant être interpolés pour chacun d'entre eux (colonne 2) ainsi que le nombre de calculs manquants avant d'arriver à une direction de propagation (colonne 3). Plus ces nombres sont grands, plus le temps de calcul est grand. Cependant, en descendant dans les rangées du tableau, de l'information est également perdue avant l'interpolation. Ceci pourrait rendre l'interpolation moins précise.

Méthode d'interpolation La méthode d'interpolation a un impact crucial sur la vitesse de notre algorithme. Nous avons essayé les méthodes : plus proche voisin, linéaire et spline de degré n , avec n allant de 2 à 5. Avec une méthode plus complexe que la méthode linéaire, l'interpolation devenait très visiblement le goulot d'étranglement de la vitesse de notre algorithme. Cependant, cela n'a pas causé d'amélioration apparente de la qualité de notre tractographie. Les autres résultats présentés dans ce rapport ont donc été obtenus avec la méthode d'interpolation linéaire.

Résultats La figure 4 illustrent des fibres obtenues pour différents pas et différents seuil sur la FA, avec 10000 graines placées aléatoirement.

Question 3 Fusion

- a Justification
- b Connectivité des zones fonctionnelles

Question 4 Bonus

- a FA et ADC
- b Tractographie avec Dipy

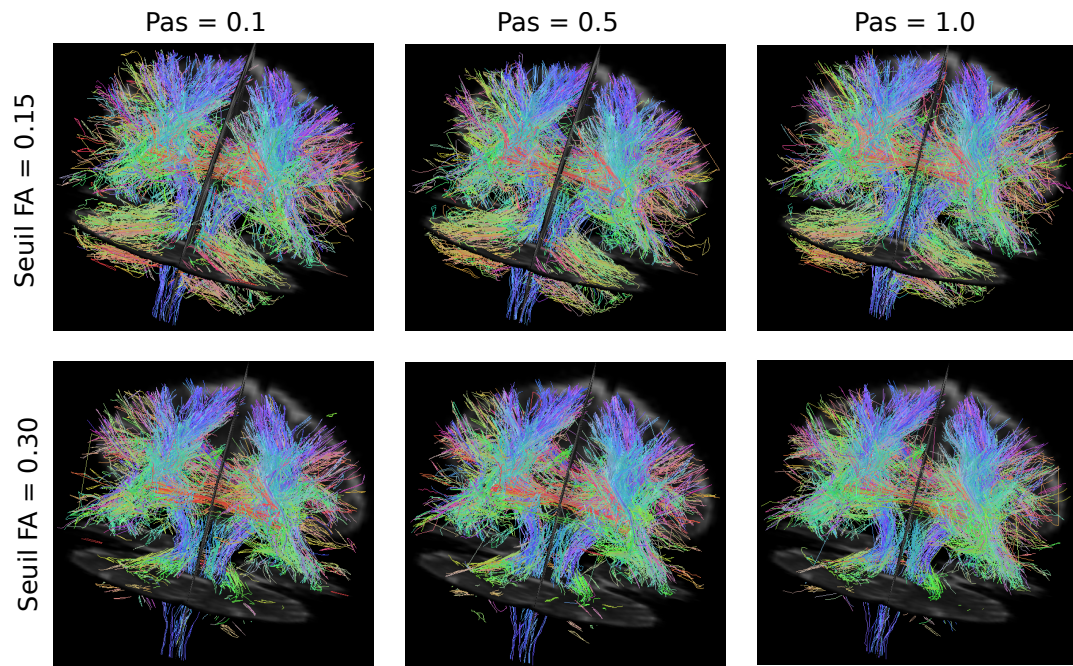


FIGURE 4 – Fibres obtenues avec 10000 graines placées aléatoirement pour différentes valeurs de pas et de seuil sur la FA visualisées dans le Fibernavigator et superposées à l'image à $b = 0$. On voit bien une augmentation du nombre et de la longueur des fibres lorsque le seuil diminue. Cela est particulièrement visible dans le cervelet. Le pas ne semble pour sa part pas avoir une influence majeure sur l'apparence des fibres.