

# ProcessMRI : manuel d'utilisation

Florent Grélard

9 octobre 2019

# 1 Présentation

Le logiciel ProcessMRI regroupe des méthodes de traitement d'images IRM. Ce logiciel est particulièrement adapté pour le traitement d'images issues d'acquisitions multi-échos.

Plusieurs méthodes sont implémentées :

1. des méthodes de suppression de bruit Ricien : méthode non-locale et méthode par correction temporelle de phase
2. ajustement de fonctions multi-exponentielles pour le calcul de l'image en densité et en  $T_2$  (ou  $T_2^*$ ).

Développé en Python, il repose sur plusieurs bibliothèques :

- tkinter, pour l'interface graphique
- bruker2nifti, pour la conversion d'images au format Bruker (fichiers **ser** et répertoires **pdata**)
- nibabel, pour la lecture et la sauvegarde d'images au format NIFTI.
- scikit, pour l'ajustement de fonctions exponentielles et le débruitage par méthodes non-locales
- numpy, pour la gestion des images et tableaux de données

## 1.1 Aperçu

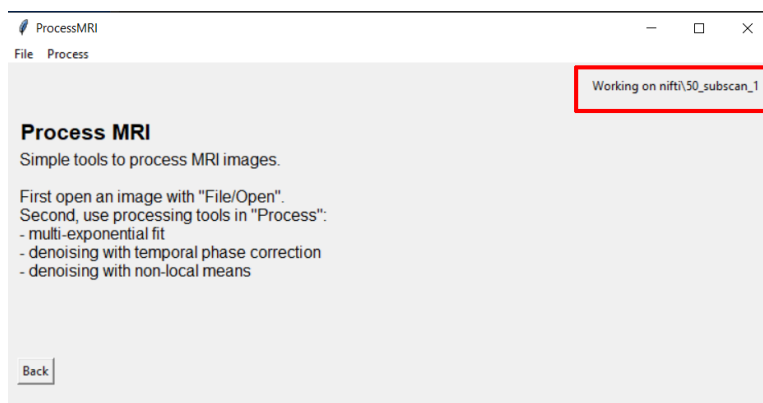


FIGURE 1 – Fenêtre principale et nom de l'image ouverte (encadré en rouge).

La fenêtre principale de ProcessMRI est présentée Figure 1. Les différentes fonctionnalités sont regroupées dans la barre de menu :

- Le menu “File” permet d'ouvrir des images au format Bruker et NIFTI, et de sauvegarder au format NIFTI.
- Le menu “Process” regroupe les méthodes de traitement des images IRM.

Un message dans le coin supérieur droit indique l'**image de travail** et sur laquelle les traitements vont être effectués (cf. Fig. 1, encadré en rouge). Ce logiciel n'est pas destiné à la visualisation d'images. On pourra, par exemple, utiliser ImageJ à cette fin.

## 1.2 Lecture et sauvegarde d'images

L'option “File/Open/Bruker directory” permet de convertir les images IRM au format Bruker vers le format image NIFTI. Le dossier à ouvrir doit impérativement contenir un dossier fils nommé “pdata” (cf. Fig. 2).

Après la conversion des images, une fenêtre de dialogue s'ouvre dans un dossier nouvellement créé, contenant les images NIFTI converties. Le dossier est créé à la racine du dossier Bruker ouvert à la

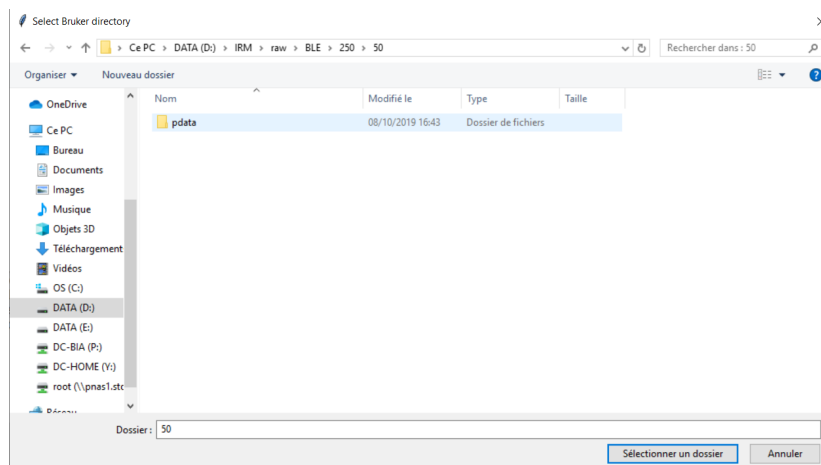


FIGURE 2 – Dossier Bruker pris en charge par le logiciel ProcessMRI : celui-ci contient un dossier fils nommé “pdata”.

première étape. Le nom des images contient le numéro d’étude, ainsi que le numéro de l’acquisition (cf. Fig. 3). Il suffit alors de sélectionner l’image NIFTI voulue (extension “.nii.gz”).

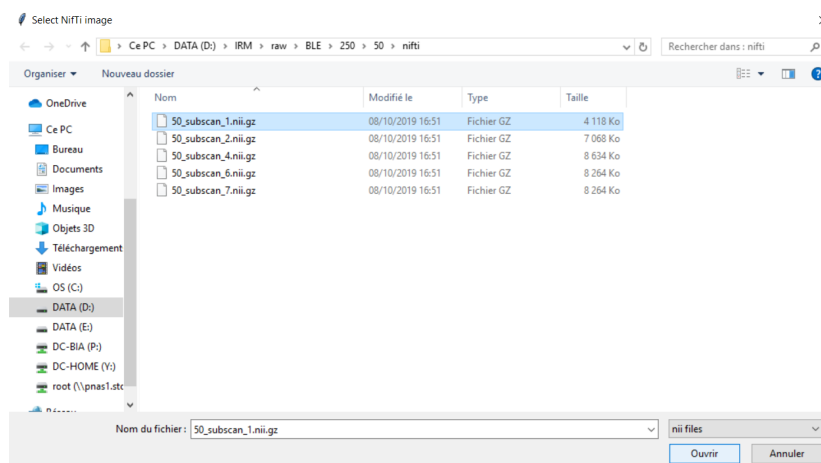


FIGURE 3 – Fenêtre de sélection des images NIFTI converties à partir d’un dossier Bruker. Dans ce cas, le numéro d’étude est “50”, et les numéros d’acquisition “1”, “2”, “4”, “6”, “7”. Il s’agit des sous-répertoires présents dans le dossier “pdata” de Bruker.

Le nom de l’image sélectionnée doit alors apparaître dans l’encart en haut à droite de la fenêtre principale (cf. Fig. 1).

## 2 Traitement

Les différentes fenêtres de traitement partagent des similitudes. Les traitements ont divers paramètres : des informations sur ceux-ci peuvent être obtenues en survolant la boîte “?” située à leur droite.

Lors du traitement, une barre de progression apparaît. Un message d’information signale la fin du

traitement et indique, le cas échéant, la nouvelle image de travail.

## 2.1 Ajustement de fonctions exponentielles

La fenêtre pour l’ajustement de fonctions multi-exponentielles est présentée dans la Figure 4. Cette fonctionnalité permet d’ajuster une fonction multi-exponentielle sur une image IRM multi-échos afin d’estimer une image en densité (à  $t = 0$ ) et en mobilité ( $T_2$  ou  $T_2^*$ ).

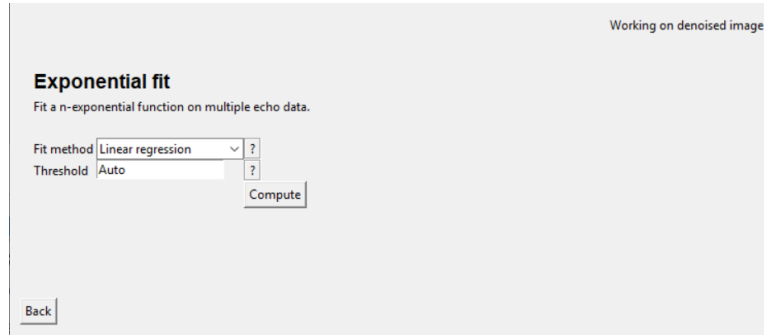


FIGURE 4 – Fenêtre d’ajustement de fonctions exponentielles

Le paramètre **fit method** permet de choisir la méthode d’ajustement. **Linear regression** estime les paramètres d’une fonction mono-exponentielle par régression linéaire sur le logarithme des intensités observées. **Mono-, Bi-, Tri- Exponential** estiment les paramètres d’une fonction multi-exponentielle par moindres carrés non-linéaires (NNLS).

Le paramètre **Threshold** permet de fixer un seuil sur les intensités des pixels en-deça duquel l’ajustement n’est pas effectué. Cela permet d’éviter des aberrations d’ajustement pour les pixels de l’arrière-plan. Par défaut, ce paramètre est fixé sur **Auto** : le seuil est estimé automatiquement à partir d’un mélange de gaussiennes sur l’histogramme de l’image. Si l’on ne souhaite pas mettre de seuil, on peut fixer ce paramètre à 0.

Lorsque les paramètres sont choisis, on peut lancer le traitement en cliquant sur le bouton “Compute”. A son issue, une image “density” et “t2\_star” sont enregistrées dans le dossier où se situe l’image de travail. L’image de travail devient alors l’image de densité.