

Contexte



La diffusion en IRM

La diffusion fait référence au **mouvement aléatoire** des molécules au sein de leur environnement.

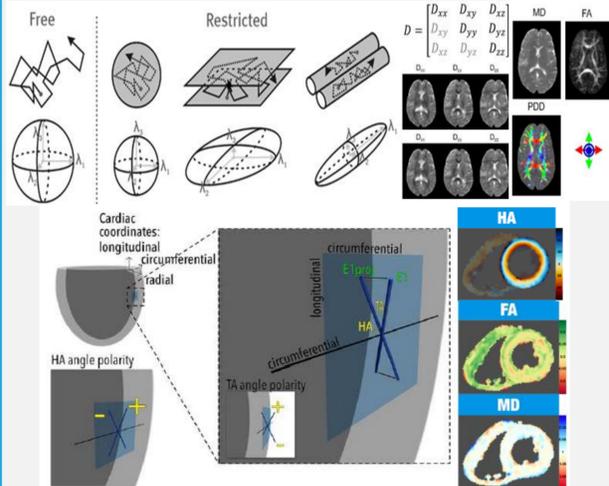
Au sein des tissus biologiques, la diffusion est restreinte par la présence de membranes cellulaires. Ce phénomène physique apporte une **information sur la microarchitecture des tissus**.

A l'aide d'une séquence pondérée en diffusion, il est possible de mesurer le **coefficient de diffusion selon une direction spatiale**.

Et si la diffusion n'est pas isotrope?

Il faut répéter l'expérience en changeant la direction de mesure pour **estimer la fonction de densité de probabilité de déplacement des molécules moyennée sur le voxel**.

L'estimation la plus simple est celle du **tenseur de diffusion**. [1][2]



Problématique

En présence de **mouvements macroscopiques** importants, la quantification du **mouvement microscopique dû à la diffusion** est plus délicate.

Des compromis difficiles...

Il faut choisir entre **résolution spatiale/temporelle, SNR, temps d'acquisition et contraste**.

L'objectif est de **développer de nouvelles stratégies d'acquisition** afin d'améliorer la qualité des images tout en restant compatible avec la pratique clinique.

Axes de recherche

- Synchronisation de la séquence avec le rythme cardiaque
- Mise en place de nouvelles stratégies d'acquisition à partir d'outils existants
- Programmation de nouvelles séquences IRM

Synchronisation cardiaque

Introduction

Dans le cas de l'imagerie cardiaque **l'acquisition ne peut être considérée comme instantanée** et donc l'organe figé.

Il faut prendre en compte le mouvement cardiaque lors de l'encodage de la diffusion. La séquence compense **les mouvements jusqu'à l'ordre 2** (accélération).

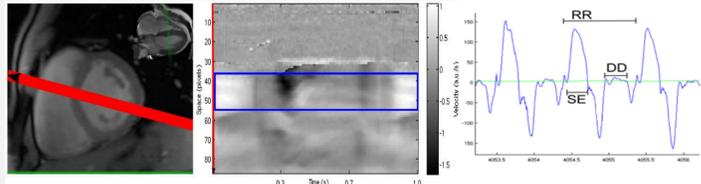
Cependant la qualité du signal obtenu par cette stratégie est **très impactée par le mouvement cardiaque qui est fonction de la phase dans le cycle cardiaque**.

Le but de l'étude est de modéliser le mouvement au cours du cycle cardiaque afin d'**optimiser le déclenchement de l'acquisition**, de manière automatique et spécifique à chaque patient.

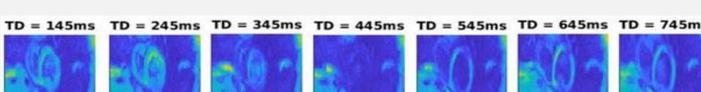
Matériel et méthode

L'identification et l'analyse des phases cardiaque est réalisé via une **séquence à contraste de phase temps réel (RTPC)**. [3]

La séquence a été développée sur un langage de programmation spécifique aux IRM de Siemens afin d'obtenir des courbes de vitesses myocardiques et sanguines.

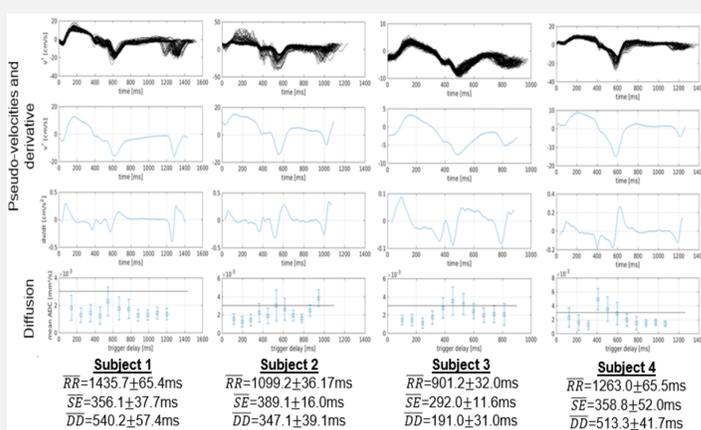


Afin de pouvoir étudier l'impact du choix de la phase cardiaque sur le signal de diffusion, **plusieurs images ont été acquises différents moments du cycle cardiaque**.



Résultats

Mise en relation des courbes de vitesses avec le coefficient de diffusion apparent (ADC) calculé. [4]



Discussion et conclusion

Le signal de diffusion acquis lors **des plateaux de la dérivée seconde des courbes de vitesses** semble être plus stable de part sa valeur et son écart-type.

Références:

- [1] M. Froeling, *educational Session, ISMRM (2018)*
 [2] P. Ferreira et al, *MRM (2017)* [3] C. Meyer et al., *JCMR (2014)*
 [4] A-L Le Bars et al., *ISMRM (2019)* [5] M. Delbany et al, *MRM (2019)*
 [6] F. Odille et al, *MRM (2017)*

Super-résolution

Introduction

Le phénomène de diffusion se traduit en IRM par une **atténuation du signal**. Cette technique est donc intrinsèquement **pauvre en SNR**. Pour cette raison, **la taille des voxels se doit d'être suffisamment élevée**. Afin de palier à ce problème des techniques de super-résolution (SR) ont été appliquées à la diffusion avec succès. [5]

L'objectif est d'adapter un algorithme de super-résolution dédié à l'imagerie cardiaque à notre problématique afin d'**améliorer la résolution dans le sens de la coupe**.

Matériel et méthode

Acquisition des données:

Le protocole consiste en l'acquisition de **3 piles de coupes quasi-orthogonales couvrants l'entièreté du ventricule gauche**.

Les images de diffusion ont été acquises coupe par coupe en apnée.

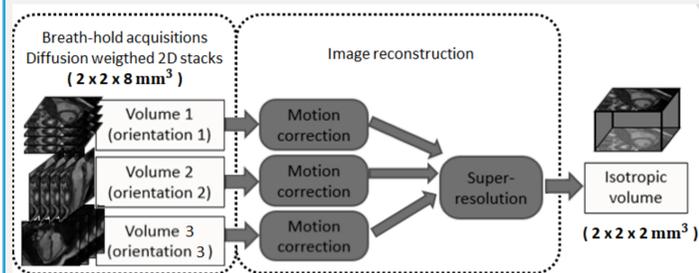
Une coupe consiste en 6 images pondérées en diffusion et une image de référence, répétées 2 fois.

Reconstruction:

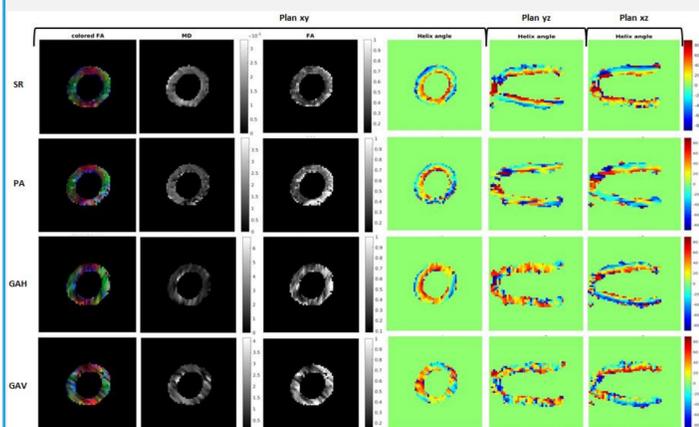
L'algorithme de super-résolution [6] consiste à optimiser le problème suivant:

$$\arg \min_{\rho_{iso}} \sum_{i=1}^N \|D_i B_i T_i \rho_{iso} - \rho_i\|^2 + \lambda Q(\rho_{iso})$$

- ρ_{iso} : image isotopique
- ρ_i : piles d'images basses résolutions
- $D_i B_i$: opérateur de sélection de coupe
- T_i : opérateur de rotation
- $Q(\rho_{iso})$: régularisation de Beltrami



Résultats



Nombres de valeurs propres négatives

SR	PA	GAH	GAV
1487	4895	3455	5138

Discussion et conclusion

La reconstruction super-résolution permet d'avoir une meilleure estimation du tenseur de diffusion.