

# Détection de l'Activité Cérébrale par IRMf (EPI) utilisant un Algorithme de Croissance de Régions

Jean-François ROHMER<sup>1,2</sup>, Michel ZANCA<sup>1</sup>, Michel ROSSI<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Laboratoire de Biophysique et Médecine Nucléaire  
Service de Médecine Nucléaire, CHU Lapeyronie  
371, Av. du doyen Gaston Giraud, 34295 Montpellier Cedex 5, France

<sup>2</sup>PraXis Informatique / Novecom Méditerranée  
Zone Euro 2000  
2, Av. de la Vistrenque, 30132 Caissargues, France

JFRohmer@yahoo.com, m-zanca@chu-montpellier.fr  
m-rossi@chu-montpellier.fr

**Résumé** – L'Imagerie par Résonance Magnétique fonctionnelle (IRMf) fournit des séries d'images du cerveau. Le traitement de ces séries permet de mettre en évidence et de localiser l'activité cérébrale avec une précision de l'ordre du millimètre. Nous proposons ici un nouvel algorithme fondé sur une méthode de croissance de régions à partir de germes. Il présente l'avantage d'éliminer les activités non significatives (limitées à un seul voxel) et de classer les voxels en fonction de leur comportement temporel.

**Abstract** – Functional Magnetic Resonance Imaging (fMRI) provides image series of the brain. Processing of these series highlights and localizes the brain activity. The detection precision is about one millimeter wide. In this article, a new algorithm is described; it is based on the region growing method starting from seeds. Its major advantages are to discard non-significant activations (one voxel wide) and to cluster voxels according to their temporal behaviour.

## 1. Introduction

### 1.1 IRM

L'**Imagerie par Résonance Magnétique** (IRM) permet de générer des images tomographiques de nombreux matériaux avec une précision inférieure au mm<sup>3</sup>. Pour cela, on plonge le corps étudié dans un champ magnétique statique, noté B<sub>0</sub>, de l'ordre de quelques Teslas (souvent 1,5 T en imagerie clinique). Après excitation des noyaux d'hydrogène par **Résonance Magnétique Nucléaire** (RMN), le retour à leur état de repos induit une émission d'ondes radiofréquence. L'interprétation du signal issu de ces ondes permet de fabriquer des images en niveaux de gris. Le signal RMN dépend principalement de deux sortes de paramètres : les paramètres **intrinsèques** à la matière étudiée (densité de proton  $\rho$ , temps de relaxation T<sub>1</sub> et T<sub>2</sub>) et les paramètres **extrinsèques** (temps d'écho TE, temps de répétition TR, angle de bascule, ...). Les paramètres extrinsèques définissent la **séquence** d'acquisition des images. Pour l'étude d'un même champ volumique, les niveaux de gris en chaque point de l'image varient donc selon la séquence d'acquisition choisie et la composition du milieu étudié.

### 1.2 IRMf

L'**IRM fonctionnelle** (IRMf) vise principalement à cartographier les fonctions du cerveau. Elle s'appuie sur un ensemble de séquences bien spécifiques qui détectent et

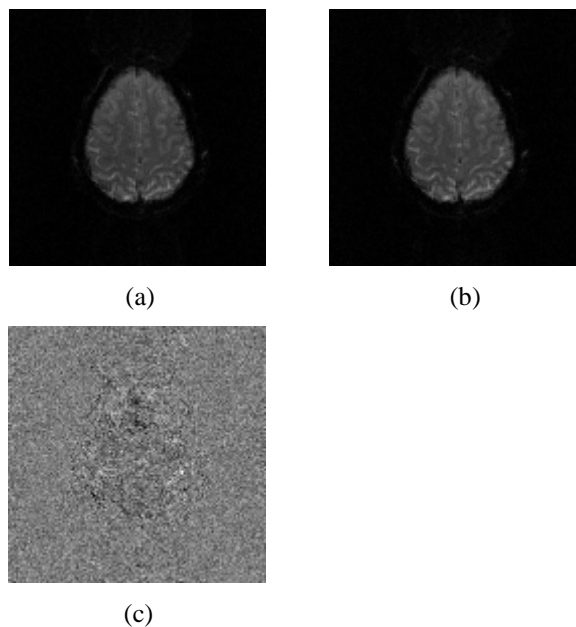


FIG. 1 : (a) Image au repos (b) Image en activité  
(c) Différence voxel à voxel entre l'image d'activité et l'image de repos

localisent l'activité cérébrale lors de la réalisation de tâches variées (motrices, sensibles, olfactives, ...) par un sujet sain ou malade. Ces séquences mettent en valeur l'effet **BOLD** (Blood Oxygenation Level Dependent) qui rend compte d'une

activité neuronale par la diminution locale de la concentration en désoxyhémoglobine dans le sang. On note ainsi une **augmentation** du signal RMN de l'ordre de 1 à 5 % lorsqu'il y a activité cérébrale. Mais cette augmentation de signal est partiellement noyée par le bruit dû à l'appareillage, à l'hétérogénéité du champ magnétique, etc ; elle est donc indécélable.

La figure 1 montre en effet qu'une simple soustraction entre une image au repos et une image en activité ne permet pas de localiser la moindre activation.

### 1.3 Série temporelle et paradigme

Comme les scanners IRM permettent d'acquérir rapidement un ensemble d'images (un volume cérébral en moins de 10 secondes), la solution à cette faible variation de signal consiste à augmenter la résolution temporelle de la séquence. On associe alors à chaque voxel, non pas seulement deux valeurs caractérisant l'état de repos et l'état d'activation, mais un **signal temporel**. Il s'agit donc de pouvoir caractériser l'évolution temporelle de chaque voxel pendant que le sujet effectue une tâche en suivant un **paradigme** bien précis. La figure 2 donne un exemple classique de paradigme lors de l'acquisition des images.

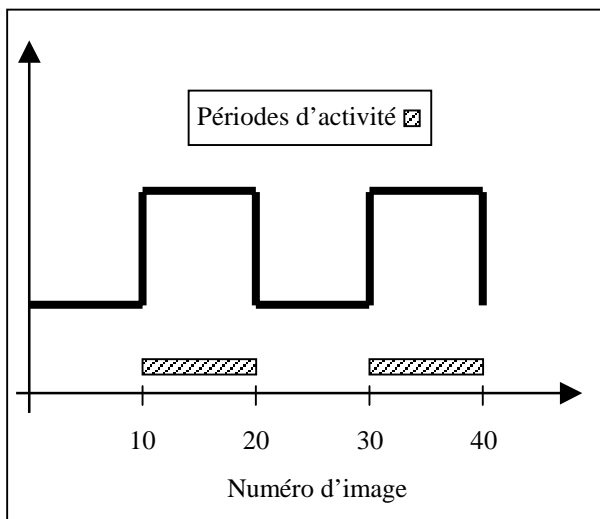
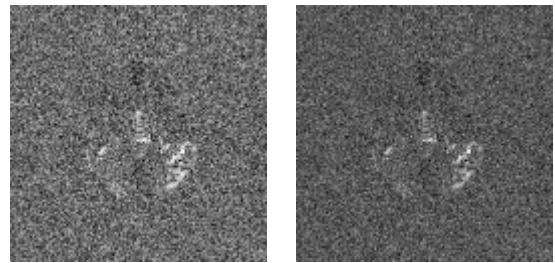


FIG. 2 : Paradigme temporel

### 1.4 Détection de l'activité corticale

La majeure partie du travail lié à l'IRMf consiste alors à analyser les séquences temporelles associées aux voxels pour déterminer l'état d'activité d'une région du cerveau. Les premières études ont été menées par Bandettini et son équipe. Il présente dans [1] une méthode qui considère que le signal temporel associé à un voxel doit être fortement corrélé au signal du paradigme pour représenter une zone d'activité. Pour obtenir une cartographie d'activation cérébrale on calcule donc le coefficient de corrélation linéaire entre paradigme et signal temporel pour chaque voxel. Plus le coefficient de corrélation est élevé plus la zone est active. La figure 3a donne les résultats d'un calcul de coefficients de corrélation représenté en niveaux de gris. Une autre approche consiste à décider si la population des valeurs au repos du

signal est significativement (statistiquement) différente de la population des valeurs en activité. Cette décision est prise par l'application d'un t-test de Student sur les deux populations. Un exemple de résultat est donné sur la figure 3b. Il s'agit ensuite de choisir un seuil statistique pour binariser ces images. Empiriquement, ce seuil est tel que l'erreur statistique est inférieure à 5 %.



a. Image de corrélation      b. Image de t-test

FIG. 3 : Résultats de calcul d'activation cérébrale

Le but de notre travail est de mettre au point un algorithme 3D détectant les zones activées du cerveau par agrégation de voxels. Il consiste à mettre en évidence et à regrouper les voxels dont les séries temporelles se ressemblent. En s'inspirant d'Algorithmes de Croissance de Régions (ACRs) classiques [2], notre technique génère donc des régions en 3D en fonction du comportement temporel de leur voxels. Elle appartient à la famille des algorithmes de segmentation par regroupement tels que le « Fuzzy C-means clustering » [3]. L'avantage de ce type d'algorithmes par rapport aux cartographies statistiques classiques (coefficient de corrélation, t-test de Student) est de détecter l'activité cérébrale en termes de régions et non pas simplement comme plusieurs voxels isolés.

## 2. Méthode

### 2.1 Acquisition des données

Les images ont été collectées sur un scanner Siemens Vision 1.5T. Les paramètres de la séquence EPI sont les suivants : TR = 0.8 ms, TE = 64 ms, FA = 90°, pas d'interpolation. Quarante volumes cérébraux ont été acquis (10 repos, 10 acti., 10 repos, 10 acti.). La taille de chaque volume est de 256 x 256 x 35 mm<sup>3</sup> pour une matrice de 128 x 128 x 7 voxels. Lors des périodes d'activité, le sujet devait de façon répétitive ouvrir la main puis amener le pouce sur sa paume.

### 2.2 Description de l'algorithme

Les ACRs standards manipulent des images en 2 ou 3 dimensions ; leur but est d'extraire des régions homogènes (considérant les niveaux de gris des voxels). Ils démarrent à partir de germes (voxels isolés), et agrègent de manière itérative des voxels à ces régions. Les germes sont placés manuellement par l'utilisateur ou automatiquement.

A chaque étape de l'algorithme, un voxel doit remplir deux critères pour être ajouté à une région : être un voisin de cette

région (au sens de la 4- ou 8-connexité en 2D) et avoir un niveau de gris  $I_x$  assez proche du niveau de gris moyen  $I_r$  de la région. En d'autres termes, l'équation suivante doit être vérifiée :

$$|I_x - I_r| < th_{rg} \quad (1)$$

Où  $th_{rg}$  est un seuil défini par l'utilisateur et  $x$  est voisin de la région  $r$ .

Ce type d'ACR progresse tant que les deux critères sont satisfaits. Comme l'IRMf fournit des données en 4D, nous avons adapté cet ACR aux séries temporelles.

Tout d'abord, nous avons décidé de générer l'ensemble des germes automatiquement. Ils sont prélevés parmi les voxels hautement corrélés avec le paradigme temporel. On les extrait d'une carte de corrélation fonctionnelle seuillée à  $p < 0.0001$ . Considérant chaque amas ainsi généré, la position du germe est déterminée par les coordonnées du voxel le plus corrélé au paradigme (figure 4a).

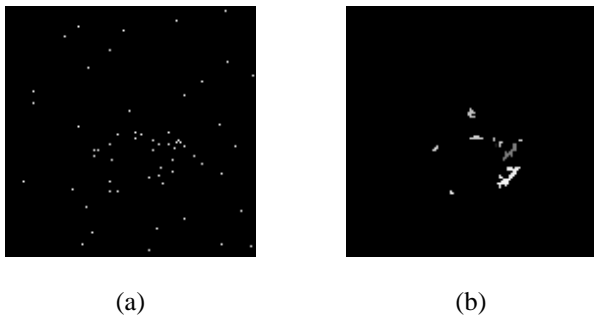


FIG. 4 : (a) Germes générés, (b) Régions résultant de l'ACR avec  $th_{rg} = 0.45$

Ensuite, nous avons modifié l'équation (1) afin de traiter des voxels représentés par des vecteurs de dimension 40. Ces vecteurs correspondent aux séries temporelles associées aux voxels. Notre raisonnement est le suivant : pour faire partie d'une région un voxel doit lui ressembler, c'est-à-dire que sa série temporelle doit être similaire à la série temporelle moyenne de cette région. Nous avons choisi le coefficient de corrélation CC comme critère de similarité. Soit  $I_x$  la série temporelle du voxel considéré et  $I_r$  celle de la région, le second critère de l'ACR devient alors :

$$CC(I_x, I_r) > th_{rg} \quad (2)$$

L'image résultant de l'ACR est composée de différents amas ou régions. Deux voxels appartenant à la même région le 'même' comportement temporel. Enfin, nous avons affiné l'ACR dans le sens où un voxel restant seul après le traitement n'est pas considéré comme activé. C'est une bonne manière d'éliminer les fausses activités détectées à cause du bruit IRM.

### 3. Résultats et discussion

L'ACR a été testé sur les images de cinq sujets sains. Le temps de calcul concernant les données décrites au paragraphe précédent est d'environ 30 secondes pour chaque sujet. Nous avons utilisé un ordinateur PC équipé d'un processeur Intel Pentium cadencé à 120 MHz et de 80 Mo de mémoire vive. Rappelons que même si les résultats sont affichés en 2D l'ACR traite des images en 3D. La figure 4b nous montre que l'ACR sépare l'espace de l'image en régions. Celles-ci sont identifiées de façon unique par leur niveau de gris. Sur la figure 5, les images (b) et (c) révèlent que l'ACR détecte globalement les mêmes voxels qu'un simple algorithme de corrélation. L'image (c) confirme que les régions composées d'un seul voxel sont éliminées. De plus la figure 6 prouve que l'ACR met en évidence des voxels dont les séries temporelles sont corrélées au paradigme temporel.

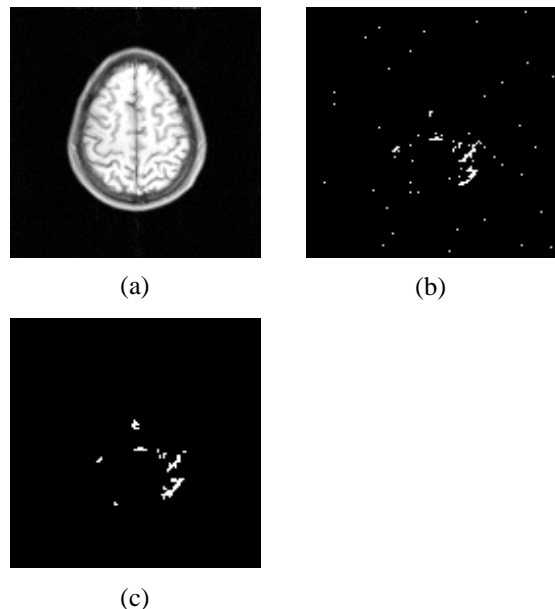


FIG. 5 : (a) Image anatomique  
(b) Cartographie de corrélation avec  $p < 0.0001$   
(c) Résultat de l'ACR avec  $th_{rg} = 0.45$

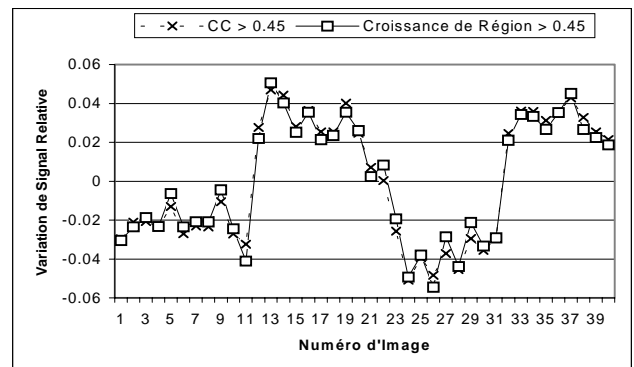


FIG. 6 : Série temporelle moyenne des voxels détectés sur l'ensemble de l'image

## 4. Conclusion

Nous avons donc démontré que l'ACR est capable de **détecter** et de **localiser** des régions activées du cerveau humain à partir de données d'IRMf.

## Références

- [1] BANDETTINI PA., JESMANOWICZ A., WONG EC., HYDE JS., Processing Strategies for Time-Course Data Sets in Functional MRI of the Human Brain, *Magn. Reson. Med.*, 1993, vol. 30, p.161-173.
- [2] COCQUEREZ, J.-P. et PHILIPP, S. *Analyse d'image : filtrage et segmentation*. Paris : Masson, 1995. 457 p.
- [3] SCARTH, G. et al. Detection of Novelty in Functional Images Using Fuzzy Clustering, *Proc. of 3<sup>rd</sup> SMR Meeting and Exhibition*, Nice, p. 238, 1995