

ACQUISITIONS D'IRM DE DIFFUSION À HAUTE
RÉSOLUTION SPATIALE : NOUVELLES
PERSPECTIVES GRÂCE AU DÉBRUITAGE
SPATIALEMENT ADAPTATIF ET ANGULAIRE

par

Samuel St-Jean

Mémoire présenté au Département d'informatique
en vue de l'obtention du grade de maître ès sciences (M.Sc.)

FACULTÉ DES SCIENCES
UNIVERSITÉ DE SHERBROOKE

Sherbrooke, Québec, Canada, 16 juillet 2015

Le 16 juillet 2015

*Le jury a accepté le mémoire de Monsieur Samuel St-Jean
dans sa version finale.*

Membres du jury

Professeur Maxime Descoteaux
Directeur de recherche
Département d'informatique

Professeur Hugo Larochelle
Membre interne
Département d'informatique

Professeur Pierre-Marc Jodoin
Président-rapporteur
Département d'informatique

Sommaire

Le début des années 2000 a vu la cartographie du génome humain se réaliser après 13 ans de recherche. Le défi du prochain siècle réside dans la construction du connectome humain, qui consiste à cartographier les connexions du cerveau en utilisant l'imagerie par résonance magnétique (IRM) de diffusion. Cette technique permet en effet d'étudier la matière blanche du cerveau de façon complètement non invasive. Bien que le défi soit monumental, la résolution d'une image d'IRM se situe à l'échelle macroscopique et est environ 1000 fois inférieure à la taille des axones qu'il faut cartographier. Pour aider à pallier à ce problème, ce mémoire propose une nouvelle technique de débruitage spécialement conçue pour l'imagerie de diffusion. L'algorithme *Non Local Spatial and Angular Matching* (NLSAM) se base sur les principes du *block matching* et du *dictionary learning* pour exploiter la redondance des données d'IRM de diffusion. Un seuillage sur les voisins angulaire est aussi réalisé à l'aide du *sparse coding*, où l'erreur de reconstruction en norme ℓ_2 est bornée par la variance locale du bruit. L'algorithme est aussi conçu pour gérer le biais du bruit Ricien et Chi non centré puisque les images d'IRM contiennent du bruit non Gaussien. Ceci permet ainsi d'acquérir des données d'IRM de diffusion à une plus grande résolution spatiale que présentement disponible en milieu clinique. Ce travail ouvre donc la voie à un meilleur type d'acquisition, ce qui pourrait contribuer à révéler de nouveaux détails anatomiques non discernables à la résolution spatiale présentement utilisée par la communauté d'IRM de diffusion. Ceci pourrait aussi éventuellement contribuer à identifier de nouveaux biomarqueurs permettant de comprendre les maladies dégénératives telles que la sclérose en plaques, la maladie d'Alzheimer et la maladie de Parkinson.

Mots-clés: Imagerie par résonance magnétique; IRM de diffusion; Débruitage; *Block Matching*; *Dictionary Learning*; *Sparse Coding*; *Non Local methods*; *Non Local Spatial and Angular Matching*.

SOMMAIRE

Remerciements

Je tiens à remercier tous ceux que j'ai pu croiser pendant mon passage au SCIL. Merci pour toutes les idées et suggestions que vous m'avez apporté, entre autres Mic, Chamberland, Gab, Marc-Alexandre Côté Harnois, Emmanuelle, Etienne, Gauvin, François, Sam D., Jasmineen, JC, Elef et Alessandro, même si ces derniers ne sont plus étudiants. Je remercie additionnellement Michaël Paquette pour avoir servi de sujet régulier pour les acquisitions d'IRM et Guillaume Gilbert pour avoir créé les séquences desdites acquisitions. Il est certain que sans cette expertise, les possibilités d'acquisitions avec le scanner 3T auraient été beaucoup plus limitées. Merci aussi à Pierrick Coupé pour m'avoir permis de réaliser un stage de recherche à Bordeaux en France, où j'ai pu développer l'aspect spatialement adaptatif de l'algorithme NLSAM (et aussi rencontrer plein de nouveaux amis espagnols, suédois, argentins, mexicains, brésiliens et français en même temps). Merci aussi pour la première version du jeu de données à haute résolution, ce qui nous inspira ensuite à refaire une acquisition maison pour en repousser les limites spatiales. Un salut particulier aux stagiaires qui sont venus nous visiter pour apprendre l'IRM de diffusion/le français, en particulier Chantal Tax et Marco Pizzolato pour les discussions et idées liées à l'IRM de diffusion. Merci aussi à Catherine Simard, parce qu'elle me fait toujours rire;) Et finalement merci à mon directeur de maîtrise Maxime Descoteaux pour m'avoir accepté comme étudiant, même si mes notes étaient au strict minimum requis pour l'admission par la faculté. Dans l'espoir où nous aurons l'occasion de collaborer à nouveau avec une expertise nouvelle que j'aurai acquise entre temps.

Samuel

REMERCIEMENTS

Abréviations

Françaises

2D Deux dimensions

3D Trois dimensions

4D Quatre dimensions

AVC Accident Vasculaire Cérébral

DTI Imagerie par tenseur de diffusion

FA Anisotropie Fractionnaire

fODF ODF de fibres

HARDI Imagerie de diffusion à haute résolution angulaire

LCS Liquide cérébro-spinal

IRM Imagerie par résonance magnétique

i.i.d. indépendante et identiquement distribuée

ODF Fonction de distribution des orientations

TE Temps d'écho

TR Temps de répétition

Anglaises

ADC Apparent Diffusion Coefficient

AF Arcuate Fasciculus

AONLM Adaptive Optimized Non Local Means

AMICO Accelerated Microstructure Imaging via Convex Optimization

BET Brain Extraction Tool

CC Corpus Callosum

CSD Constrained Spherical Deconvolution

CSF Cerebrospinal Fluid

CST Corticospinal Tract

dODF Diffusion Orientation Distribution Function

DTI Diffusion Tensor Imaging

DW Diffusion-Weighted

DWI Diffusion-Weighted Imaging

EPI Echo-Planar Imaging

FA Fractional Anisotropy

FAST FMRIB's Automated Segmentation Tool

FLIRT FMRIB's Linear Image Registration Tool

FSL FMRIB Software Library

ABRÉVIATIONS

fODF Fiber Orientation Distribution Function

GM Gray Matter

GRAPPA Generalized Autocalibrating Partially Parallel Acquisition

HARDI High Angular Resolution Diffusion Imaging

HCP Human Connectome Project

IPMI Information Processing in Medical Imaging

ISMRM International Society for Magnetic Resonance in Medicine

LPCA Local Principal Component Analysis

MICCAI Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention

MRI Magnetic Resonance Imaging

msPOAS multi-shell Position-Orientation Adaptive Smoothing

nc- χ Non central Chi

NEX Number of Excitation

NIH National Institutes of Health

ODF Orientation Distribution Function

PCA Principal Component Analysis

PIESNO Probabilistic Identification and Estimation of Noise

RGB Red Green Blue

ROI Region Of Interest

SDT Sharpening Deconvolution Transform

SENSE Sensitivity Encoded

ABRÉVIATIONS

SH Spherical Harmonics

SNR Signal-to-Noise Ratio

TE Echo Time

TR Repetition Time

WM White Matter

Table des matières

Sommaire	iii
Remerciements	v
Abréviations	vii
Table des matières	xi
Liste des figures	xv
Liste des tableaux	xix
Liste des algorithmes	xxi
Introduction	3
	xi

1	Imagerie par résonance magnétique de diffusion	9
1.1	Signal mesuré en IRM de diffusion	9
1.2	Nature du bruit et défis cliniques en IRM	13
1.2.1	Biais du bruit	14
1.2.2	Accélération de l'acquisition	18
1.2.3	Mouvement du patient	20
1.3	Reconstruction avec le tenseur de diffusion	21
1.4	Modèles considérant les croisements de la matière blanche	24
1.5	Quelques applications en IRM de diffusion	26
1.6	Conclusion	27
2	Augmenter la résolution spatiale des acquisitions d'IRM	29
2.1	Algorithmes de débruitage	30
2.1.1	Algorithme <i>Non Local Means</i>	30
2.1.2	Algorithme <i>Block Matching</i>	32
2.1.3	Algorithme <i>Sparse Coding</i>	33
2.2	Algorithmes spécifiques à l'IRM	34
2.2.1	Combiner plusieurs acquisitions	35
2.2.2	Combiner l'information de plusieurs pondérations	38

TABLE DES MATIÈRES

2.2.3	Exploiter la similarité structurelle d'une image	39
2.3	Acquisition d'images IRM à haute résolution spatiale	40
2.4	Algorithmes de débruitage spécifiques à l'IRM	41
2.4.1	Algorithme <i>Adaptive Optimized Non Local Means</i>	43
2.4.2	Algorithme <i>Local Principal Component Analysis</i>	44
2.4.3	Algorithme <i>multi-shell Position-Orientation Adaptive Smoothing</i>	46
2.5	Algorithme <i>Non Local Spatial and Angular Matching</i>	47
2.5.1	Stabilisation locale de la variance	48
2.5.2	<i>Sparse coding</i> itératif pour l'IRM de diffusion	52
2.5.3	Algorithme <i>Non Local Spatial and Angular Matching</i>	53
2.6	Conclusion	56
3	Algorithme <i>Non Local Spatial and Angular Matching</i>	59
3.1	Introduction	63
3.2	Theory	64
3.3	Method	69
3.4	Results	73
3.5	Discussion and Conclusion	76
	Discussion	79

TABLE DES MATIÈRES

Conclusion	85
A Soumissions avec comité de lecture	89
A.1 Introduction	92
A.2 Method	92
A.3 Dataset	93
A.4 Results	94
A.5 Discussion	96
A.6 Introduction	99
A.7 Method	99
A.8 Dataset	100
A.9 Results	100
A.10 Discussion	102
B Soumissions sans comité de lecture	103
B.1 Introduction	106
B.2 Method description	106
B.3 List of used parameters	108
C Soumissions en tant qu’auteur tierce	109
D Code source des algorithmes	113
D.1 Implémentation de PIESNO	114
D.2 Implémentation de l’estimation de la variance adaptative	121
D.3 Implémentation de la stabilisation de la variance	124
Bibliographie	135

Liste des figures

1	Image en pondération T1	4
2	Image en pondération T2 d'un AVC	5
3	Schéma d'un neurone	6
1.1	Diffusion dans un milieu isotrope et anisotrope	10
1.2	Dépendance directionnelle du signal d'IRM de diffusion	11
1.3	Perte du signal selon la pondération en <i>b-value</i>	12
1.4	Diminution du signal selon la taille du voxel	13
1.5	Artefacts cliniques en IRM.	14
1.6	Acquisitions sous-échantillonnées SENSE et GRAPPA	15
1.7	Bruit Ricien, $nc-\chi$ et corrélé.	16
1.8	Images des différents canaux de l'antenne avant recombinaison.	17
1.9	Dépendance du bruit selon la distance de l'antenne réceptrice.	17
1.10	Artefacts introduits par l'accélération <i>multiband</i>	19

LISTE DES FIGURES

1.11 Reconstruction par acquisition comprimée	20
1.12 IRM de diffusion avant et après correction du mouvement.	21
1.13 Reconstruction d'un tenseur de diffusion	23
1.14 Carte d'ADC, FA et RGB	23
1.15 Exemple de déconvolution sphérique	25
1.16 Différence de résolution angulaire entre la dODF et la fODF	25
1.17 Effet d'une tumeur sur des données d'IRM T1 et de diffusion	26
1.18 Tractographie complète du cerveau	27
2.1 Similitude intrinsèque des images naturelles	32
2.2 Algorithme block matching	33
2.3 Dictionnaire appris sur des images naturelles	34
2.4 Acquisition selon différents angles dans l'espace de Fourier	36
2.5 Image T2 reconstruite combinant des acquisitions sous-échantillonnées	37
2.6 Régularisation locale à partir d'une banque d'image	39
2.7 Données brutes utilisée pour comparer les algorithmes de débruitage .	43
2.8 Données brutes débruitées avec AONLM	44
2.9 Données brutes débruitées avec LPCA	45
2.10 Données brutes débruitées avec MSPOAS	46

LISTE DES FIGURES

2.11	Composition d'un bloc pour l'algorithme NLSAM	47
2.12	Application de PIESNO pour l'IRM de diffusion de la moelle épinière	49
2.13	Carte de la variance du bruit	50
2.14	Algorithme de stabilisation de la variance	51
2.15	Données brutes débruitées avec NLSAM	55
3.1	Formation of a block from angular neighbors	65
3.2	Histogram of non Gaussian noise before and after stabilization	67
3.3	SSIM and RMSE FA metrics	74
3.4	Local FA error on the synthetic dataset	74
3.5	RGB map on the synthetic dataset	75
3.6	Results of the denoising on an <i>in-vivo</i> dataset	76
3.7	NLSAM permet de retrouver le nerf optique	83
A.1	CSA-ODFs reconstruite sur le jeu de données ISBI 2013	95
A.2	Carte RGB et orientations principales	101
B.1	Reconstruction CSD avec débruitage NLSAM	107

LISTE DES FIGURES

Liste des tableaux

2.1	Capacité de débruitage des algorithmes comparés.	42
A.1	Métriques de reconstruction du jeu de données ISBI 2013	94
A.2	Différence entre notre acquisition et celle du HCP	101

LISTE DES TABLEAUX

Liste des algorithmes

- 2.1 L'algorithme NLSAM. 55
- 3.1 The proposed NLSAM denoising algorithm. 72

LISTE DES ALGORITHMES

It is the greatest good to the
greatest number of people which is
the measure of right and wrong.

Jeremy Bentham

Introduction

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est la seule modalité d'imagerie non invasive présentement disponible. Elle est notamment utilisée en centre hospitalier pour imager le cerveau sans irradier le patient. L'IRM permet d'obtenir une signature différente selon la séquence utilisée, dont une des pondérations classiques est la pondération T1. La figure 1 montre la matière blanche apparaissant en blanc, la matière grise en gris et le liquide cérébro-spinal (LCS) en noir.

Une autre pondération largement utilisée est l'IRM de diffusion (LE BIHAN et al. 1986). La figure 2 montre que dans sa forme la plus simple, l'IRM de diffusion permet de voir où a lieu un accident vasculaire cérébral (AVC) en quelques minutes seulement, alors qu'une image en pondération T2 prendra entre 12 et 24 heures avant de montrer le même effet (BAIRD et WARACH 1998). Bien que L'IRM de diffusion apporte une information complémentaire aux autres pondérations, son traitement de façon adéquate requiert des connaissances mathématiques avancées pour l'utiliser adéquatement (DESCOTEAUX et POUPON 2014; TOURNIER et al. 2011; HAGMANN et al. 2006; JONES 2010).

L'IRM de diffusion se base sur le déplacement des molécules d'eau, qui est isotrope dans un milieu non restreint (par exemple le LCS) et anisotrope dans un milieu restreint (la matière blanche contenant des axones ayant une structure organisée). La figure 3 montre une coupe histologique d'un cerveau et la structure d'un axone. Il est possible d'inférer la structure sous-jacente de la matière blanche puisque les molécules d'eau suivent préférentiellement les réseaux de fibres du cerveau lorsque soumises à un

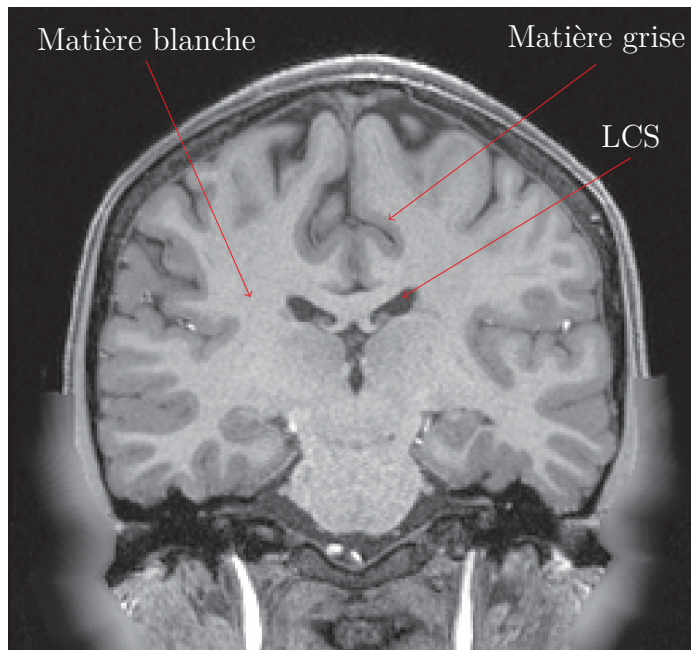


figure 1 – Image structurale de pondération T1. On voit en blanc la matière blanche, en gris la matière grise et en noir le liquide cérébro-spinal (LCS). Bien que la résolution spatiale soit meilleure que celle obtenue en IRM de diffusion, l'image T1 ne contient pas d'information sur l'organisation de la structure du cerveau, contrairement à l'IRM de diffusion.

champ magnétique. En variant l'orientation de ce champ magnétique, il est aisé d'obtenir une image dont le contraste est sensible à l'organisation de la matière blanche. En faisant varier l'orientation de ce gradient de diffusion, cela produit plusieurs volumes 3D du même cerveau, mais contenant différents contrastes selon l'orientation du gradient appliqué. En utilisant cette information angulaire, il est possible d'inférer la structure sous-jacente du cerveau. Afin de limiter le temps total d'acquisition et de garder un bon ratio signal sur bruit (SNR), il est nécessaire d'utiliser une taille de voxel étant supérieure à la taille des axones de la matière blanche. La résolution 3D couramment utilisée est de (1 mm x 1 mm x 1 mm) en pondération T1 alors que l'on opte généralement pour (2 mm x 2 mm x 2 mm) en IRM de diffusion. À titre comparatif, le diamètre d'un axone est d'environ 1 à 20 μm (DEBANNE et al. 2011), soit une différence d'un facteur 1 000. Il en résulte donc que l'information obtenue par voxel est une moyenne des faisceaux d'axones qu'il contient.

INTRODUCTION

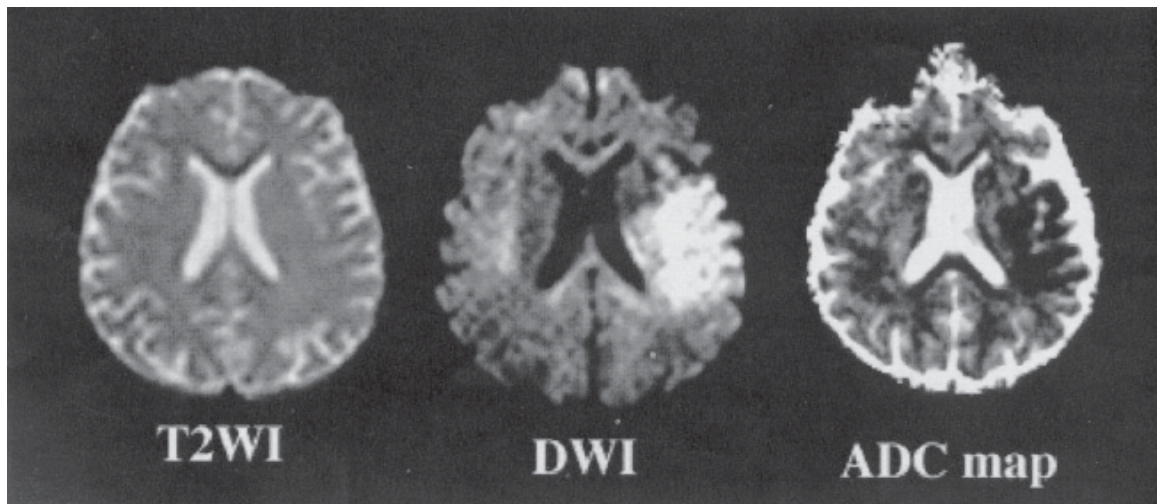


figure 2 – Image en pondération T2 et en pondération de diffusion d’un sujet avec un accident vasculaire cérébral (AVC). Deux heures après l’AVC, la pondération T2 ne montre pas de différence alors que l’IRM de diffusion et la carte du coefficient apparent de diffusion (ADC) indiquent le lieu et l’ampleur de l’infiltration du sang. Image tirée de (BAIRD et WARACH 1998).

Le projet du connectome humain (*Human Connectome Project*, HCP) est un projet financé par le *National Institutes of Health* (NIH) ayant pour but de cartographier et de mieux comprendre le cerveau (VAN ESSEN et al. 2013). D’une durée de 5 ans et financé à hauteur de 38 millions \$USD, le HCP rassemble les plus récentes technologies utilisées en IRM et les meilleurs appareils, qui ne sont pas encore disponibles au grand public. À titre comparatif, le HCP utilise une résolution spatiale de (1.25 mm x 1.25 mm x 1.25 mm) pour l’IRM de diffusion grâce au scanner qui a été spécialement construit pour le projet. Bien que l’utilisation de nouvelles méthodes d’acquisition en imagerie permette l’augmentation de la résolution spatiale, ces dernières sont loin d’être utilisables en milieu clinique et ne peuvent être pleinement exploitées que par le scanner IRM construit pour le HCP.

Ce mémoire présente donc divers moyens utilisés pour augmenter la résolution et la qualité des images obtenues en IRM de diffusion, tout en étant utilisables avec les technologies disponibles présentement. En premier lieu, un survol plus détaillé de l’imagerie de diffusion sera présenté au chapitre 1. Le chapitre 2 couvre pour sa part

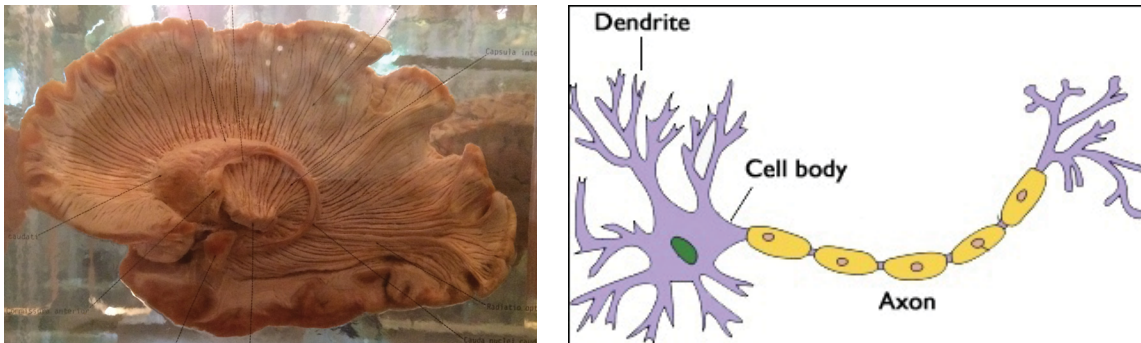


figure 3 – Gauche : Coupe histologique sagittale d’un cerveau. On voit l’organisation des fibres de la matière blanche, qu’il est possible d’imager de façon non invasive avec l’IRM de diffusion. Image courtoisie de Maxime Chamberland. Droite : Schéma d’un neurone. L’axone est recouvert d’une gaine de myéline, ce qui constitue la matière blanche du cerveau. Image adaptée de Wikipedia.

diverses techniques pour augmenter la résolution des images acquises ainsi que la solution que nous proposons. Enfin, le chapitre 3 présente l’algorithme de débruitage *Non Local Spatial and Angular Matching* (NLSAM). Cet algorithme utilise le fait que l’IRM de diffusion requiert plusieurs volumes provenant des mêmes données, mais avec des contrastes différents, et en exploite la redondance spatiale et angulaire pour débruiter efficacement les images. En utilisant cet aspect particulier, il est démontré qu’il est possible de s’affranchir de la limite de la résolution spatiale et d’acquérir des données de plus haute résolution en utilisant l’algorithme NLSAM pour contourner le problème du faible SNR efficacement. Une comparaison avec une acquisition clinique du même sujet est aussi présentée pour montrer les avantages d’acquérir directement des données à haute résolution spatiale. Il est d’ailleurs démontré que les faisceaux de fibres reconstruits sont plus fidèles à l’anatomie connue lorsque comparés à leur contrepartie reconstruite à partir d’une acquisition de type clinique. Ces derniers sont aussi plus anatomiquement plausibles lorsque débruités avec l’algorithme NLSAM que ceux obtenus par les trois autres méthodes de débruitage comparées dans l’article. Finalement, l’annexe A contient les versions acte de conférence de l’algorithme et une de ses applications publiées au symposium international *International Society for Magnetic Resonance in Medicine* (ISMRM) en 2014 et 2015 (ST-JEAN et al. 2014; ST-JEAN et al. 2015). Ce dernier texte montre qu’il est possible d’acquérir

INTRODUCTION

des données à une résolution spatiale supérieure à celle utilisée par le HCP, tout en utilisant un scanner clinique et en moins de temps que le protocole utilisé par le HCP. Ces récents développements indiquent donc que le HCP pourrait acquérir à une résolution spatiale supérieure à celle utilisée présentement grâce au débruitage, ce qui pourrait contribuer à révéler de nouveaux détails anatomiques.

In God we trust ; all others must
bring data.

William Edwards Deming

Chapitre 1

Principes de l'imagerie par résonance magnétique de diffusion

Ce chapitre se veut une introduction aux principes sous-jacents de l'imagerie de diffusion. On y présente d'abord les phénomènes physiques qui sont en jeu et le type de signal que l'on mesure. Viennent ensuite quelques modèles classiques en diffusion avec lesquels on peut reconstruire l'information 3D de la structure du cerveau. Finalement, certaines applications plus avancées comme la tractographie de la matière blanche sont présentées.

1.1 Signal mesuré en IRM de diffusion

La diffusion des molécules d'eau suit un mouvement brownien (aussi appelé processus de Wiener dans le domaine des processus stochastiques) lorsqu'elle a lieu dans un milieu non restreint. Lorsque la molécule d'eau est dans un milieu comportant de la structure, elle aura plutôt tendance à diffuser le long de cette dernière tel que montré à la figure 1.1. Le même phénomène a aussi lieu dans le cerveau, où le processus de

CHAPITRE 1. IMAGERIE PAR RÉSONANCE MAGNÉTIQUE DE DIFFUSION

diffusion suit l'agencement des axones de la matière blanche. Le processus aléatoire de diffusion est en effet contraint par la myéline de la matière blanche, puisque les molécules d'eau prennent plus de temps à traverser cette barrière (LE BIHAN et al. 1993). Elles suivent donc de façon préférentielle les grands réseaux d'axones du cerveau. La figure 1.2 illustre que la perte de signal mesurée en IRM de diffusion dépend de l'organisation de la matière blanche et de la direction de diffusion imposée par le gradient appliqué pour chaque volume 3D.

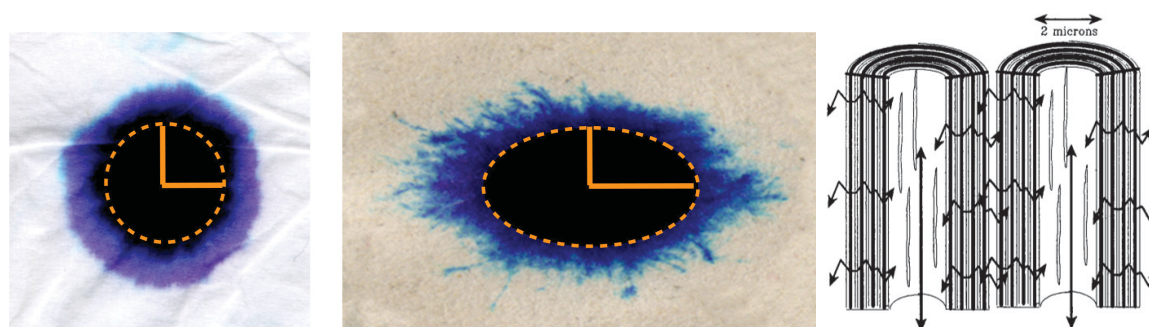


figure 1.1 – Diffusion dans un milieu isotrope et anisotrope. Gauche : La goutte d'encre diffuse de façon égale dans le papier mouchoir (diffusion isotrope) alors qu'elle suit l'orientation de la structure dans le papier journal, qui est beaucoup plus fibreuse (diffusion anisotrope). Image adaptée de [Torsten Möller](#). Droite : L'eau diffuse plus facilement en suivant la structure de l'axone qu'en essayant de passer au travers. Image adaptée de (DOUEK et al. 1991).

Selon (EINSTEIN 1905), le mouvement brownien des molécules d'eau peut être approximé par un coefficient de diffusion \mathbf{D} en présence d'un milieu isotrope. Dans le cas où le milieu est anisotrope, tout comme la matière blanche du cerveau, on parle plutôt de coefficient apparent de diffusion (ADC) (DOUEK et al. 1991). La formulation précédente est toujours valide, mais il suffit de noter que l'ADC sera moins élevé dans le sens de la structure, puisque les molécules d'eau seront restreintes par celle-ci. Pour facilement quantifier la pondération de diffusion utilisée dans une acquisition d'IRM, il est d'usage courant de l'indiquer en terme de *b-value*. Ce paramètre, mesuré en s/mm^2 , est un agrégat de différentes mesures et constantes physiques indiquant la force du gradient appliqué ainsi que sa durée. Selon (DESCOTEAUX 2008), l'équation 1.1 régissant la diffusion est donnée par

1.1. SIGNAL MESURÉ EN IRM DE DIFFUSION

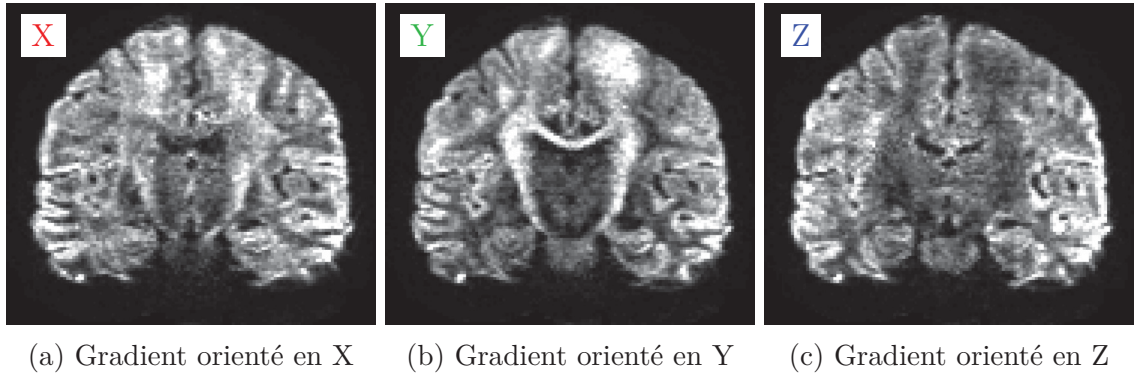


figure 1.2 – Le signal obtenu par l’IRM de diffusion dépend du gradient de diffusion appliqué. Pour un gradient orienté dans l’axe X, Y ou Z, la perte de signal est en fonction de l’orientation de la structure sous-jacente. Les ventricules, qui contiennent le LCS, apparaissent toujours en noir sur les images pondérées en diffusion, puisque c’est un milieu isotrope non restreint.

$$S(b, \mathbf{g}) = S_0 e^{-b\mathbf{g}^T \mathbf{D} \mathbf{g}}, \quad (1.1)$$

où $S(b, \mathbf{g})$ est le signal mesuré pour le gradient de direction \mathbf{g} , b est la *b-value*, S_0 est le signal obtenu sans appliquer de gradient de diffusion (et donc lorsque $b = 0 \text{ s/mm}^2$) et \mathbf{D} est le coefficient de diffusion (apparent). Bien que ce paramètre soit inconnu, il est au coeur de l’IRM de diffusion puisque son estimation donne lieu à une panoplie de modèles mathématiques pour se faire, lesquels seront présentés à la section 1.3 et 1.4. Il est à noter que le niveau de bruit reste le même pour toute *b-value*, seul le signal mesuré étant de plus en plus faible, contribuant ainsi à une baisse du SNR. La figure 1.3 illustre l’effet de l’augmentation de la *b-value* sur l’image obtenue. Il est aussi important de noter que laisser plus de temps aux molécules d’eau de diffuser permet de distinguer plus de structure et offre une meilleure résolution angulaire pour résoudre les croisements de fibres que les faibles *b-value* (TOURNIER et al. 2013).

Comme l’IRM de diffusion repose sur la perte contrôlée du signal mesuré, il apparaît évident qu’il est nécessaire de contrôler le niveau de bruit dans les images obtenues. L’équation 1.2 donne les divers paramètres régissant le ratio signal sur bruit (SNR) (DESCOTEAUX et POUPON 2014).

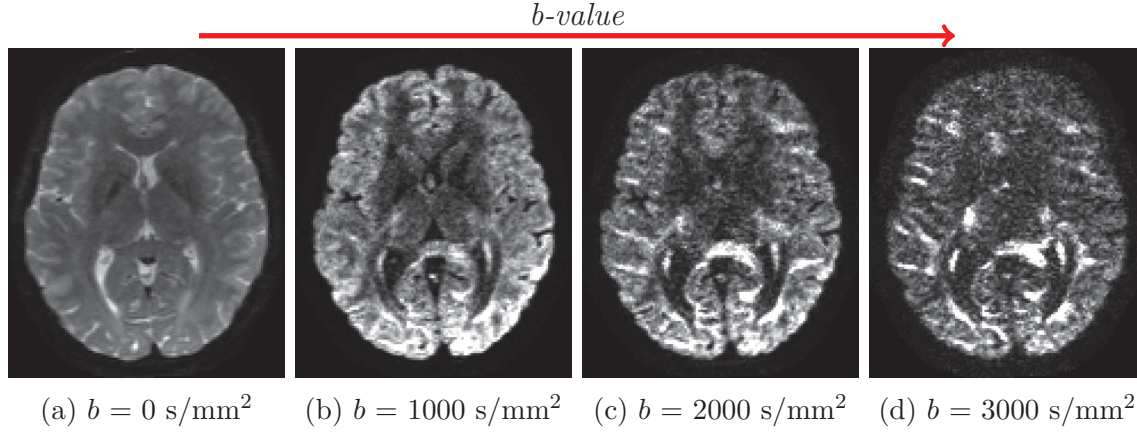


figure 1.3 – Données provenant du HCP à 1.25 mm isotrope. Plus la pondération de diffusion augmente, plus le signal mesuré est faible pour une même direction du gradient de diffusion.

$$SNR \propto \frac{B_0 e^{-TE/T_2} (\delta_x \delta_y \delta_z) \sqrt{N_x N_y} \sqrt{NEX}}{g \sqrt{RBW} \sqrt{a_{parallel}}}, \quad (1.2)$$

où B_0 est la force du champ magnétique du scanner IRM, TE le temps d'écho, T2 le temps de relaxation T2 du tissu, $(\delta_x, \delta_y, \delta_z)$ la résolution des voxels dans chaque dimension, (N_x, N_y) la taille de la matrice d'acquisition, *Number of Excitations* (NEX) le nombre d'acquisitions répétées à moyenner, g le facteur de géométrie de l'antenne réceptrice, RBW le *read bandwidth* et finalement $a_{parallel}$ le facteur d'accélération parallèle. Les seuls paramètres pouvant être facilement changés sont le NEX et la résolution des voxels, puisque les autres valeurs sont des contraintes physiques de l'IRM ou encore déjà optimalement choisis. Plus la taille des voxels est petite, plus le SNR diminue tel que montré à la figure 1.4. En contrepartie, acquérir de plus gros voxels signifie que l'information mesurée est une approximation plus grossière de la diffusion au niveau des axones. Concernant le NEX, cela revient à acquérir plusieurs fois *exactement* le même volume, ce qui augmente donc le temps d'acquisition et est à proscrire en milieu clinique. De plus, il est possible d'augmenter la qualité des données grâce au débruitage et sans augmenter pour autant le temps d'acquisition (DESCOTEAUX et al. 2008 ; ST-JEAN et al. 2015). C'est d'ailleurs sur ces points que porte le chapitre 2, où sont présentées diverses options pour obtenir une meilleure résolution spatiale.

1.2. NATURE DU BRUIT ET DÉFIS CLINIQUES EN IRM

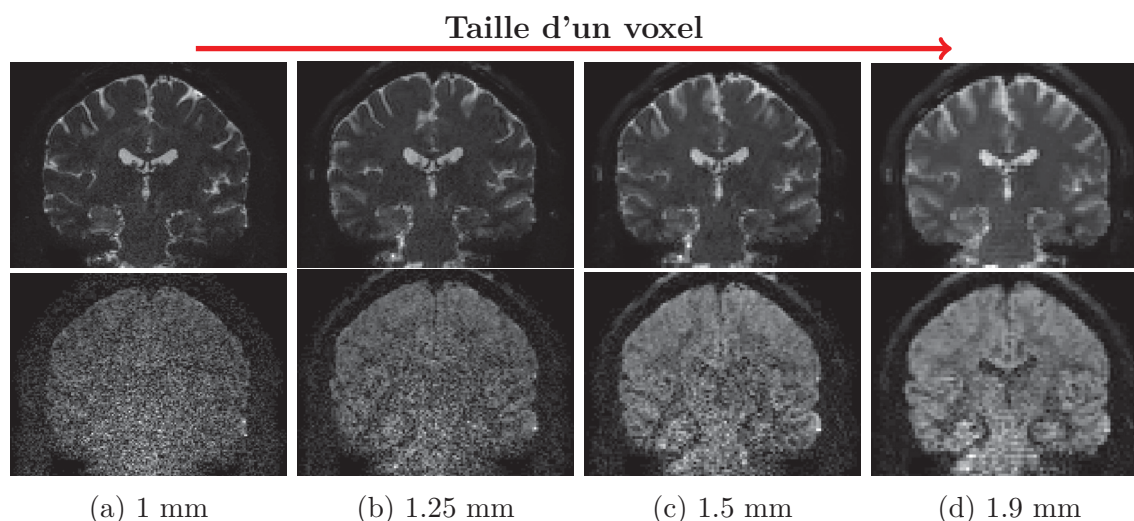


figure 1.4 – Données d'un même sujet à différentes résolutions. Haut : Image de diffusion à pondération $b = 0 \text{ s/mm}^2$. Bas : Image de diffusion à pondération $b = 1000 \text{ s/mm}^2$. Plus la taille d'un voxel est grande, moins le voxel contient de molécules d'eau en déplacement et le signal mesuré est donc plus faible, entraînant une baisse du SNR.

1.2 Nature du bruit et défis cliniques en IRM

Cette section présente les problèmes habituellement rencontrés avec l'acquisition de données réelles. Bien que la théorie en IRM de diffusion repose sur des assises solides, il faut néanmoins parfois user d'artifices pour contourner les problèmes de certaines acquisitions. La figure 1.5 illustre certains artefacts généralement rencontrés sur des données cliniques. Ces derniers doivent en effet être corrigés pour éviter de biaiser l'analyse quantitative des résultats et métriques estimées à partir de ces mêmes données. Un autre artefact limitant la taille des voxels en IRM est l'incertitude sur la mesure du signal, introduisant du bruit dans les images récoltées. Ce dernier est d'ailleurs non Gaussien pour les images de magnitudes (DIETRICH et al. 2008 ; AJA-FERNÁNDEZ et al. 2014b ; AJA-FERNÁNDEZ et al. 2014a), ce qui requiert des méthodes statistiques avancées pour en corriger le biais en intensité ainsi introduit. De plus, si de l'imagerie parallèle ou du sous-échantillonnage de l'espace de Fourier est utilisé, la distribution statistique suivie par le bruit en sera modifiée.

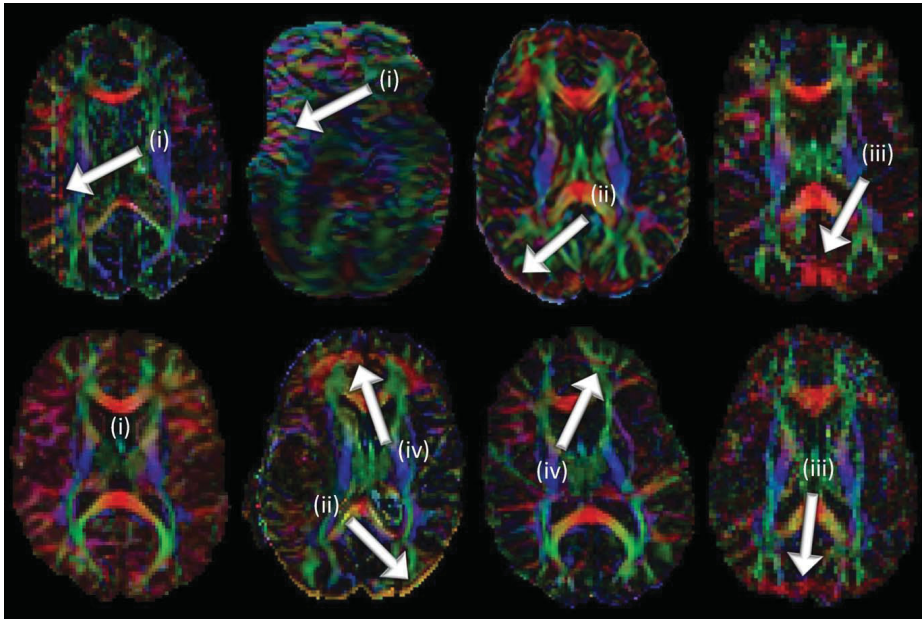


figure 1.5 – Artefacts rencontrés en IRM lors des acquisitions cliniques. (i) perte de signal ou de tranche entière. (ii) Distorsions géométriques causées par les courants de Foucault (iii) Vibration systématique du scanner (iv) Artefact de repliement, dû à une mauvaise suppression du signal venant des tissus adipeux. Image adaptée de (TOURNIER et al. 2011).

1.2.1 Biais du bruit

Comme présenté précédemment à la figure 1.4, le signal mesuré en IRM diminue lorsque la taille des voxels augmente. Bien que la plupart des algorithmes utilisés en vision par ordinateur ou en statistiques prennent pour acquis que le bruit suit une loi normale, cette hypothèse n'est plus valide pour l'IRM (DIETRICH et al. 2008). Les images de magnitude produites par les appareils utilisant l'algorithme d'accélération parallèle *sensitivity-encoded* (SENSE, utilisé entre autres par Philips) (PRUESSMANN et al. 1999) suivent une loi Ricienne alors que les appareils utilisant le *generalized autocalibrating partially parallel acquisition* (GRAPPA, utilisé par Siemens et General Electric) (GRISWOLD et al. 2002) suivent une loi Chi non centrée ($nc-\chi$) (DIETRICH et al. 2008). La figure 1.6 illustre le sous-échantillonnage de l'espace de Fourier employé par les algorithmes SENSE et GRAPPA.

1.2. NATURE DU BRUIT ET DÉFIS CLINIQUES EN IRM

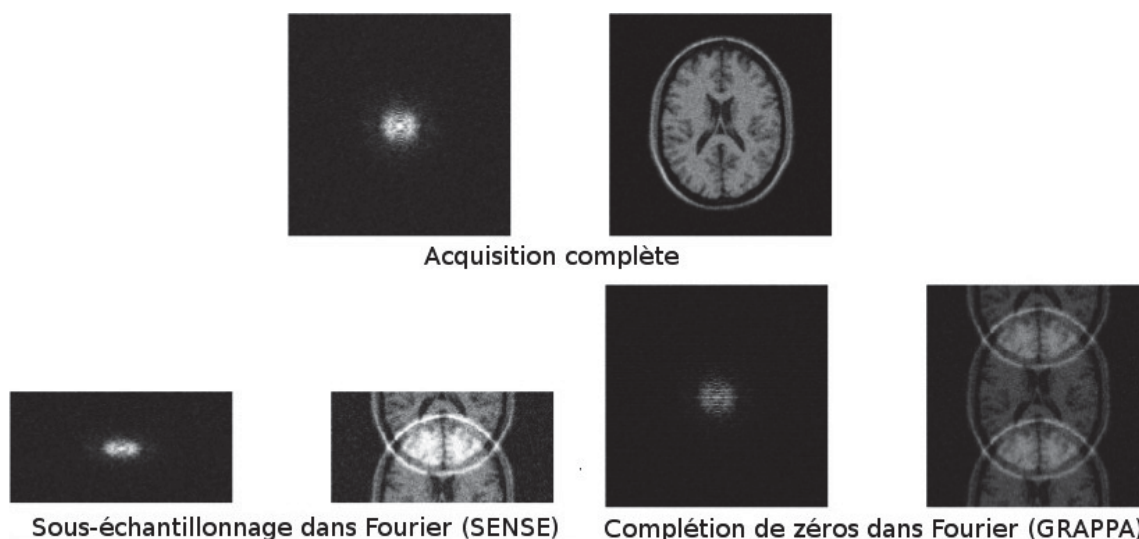


figure 1.6 – Sous-échantillonnage des fréquences pour la reconstruction avec SENSE et GRAPPA et l'image résultante après reconstruction. En haut, l'acquisition complète et l'image résultante en acquérant l'espace de Fourier au complet. À gauche, l'algorithme SENSE acquiert moins de lignes dans l'espace de Fourier et finalement l'algorithme GRAPPA remplit les lignes manquantes avec des zéros. Ces méthodes donnent d'ailleurs lieu à différents types de repliement dans le domaine image. Image adaptée de (AJA-FERNÁNDEZ et al. 2014a).

La figure 1.7 illustre un même jeu de données synthétiques soumis successivement au bruit de nature Ricienne, $nc-\chi$ et la corrélation spatiale introduite dans le bruit lorsque l'espace de Fourier est sous-échantillonné. Cette dernière se répercute par une dépendance spatiale du bruit sur les voxels voisins, variant selon la position de l'antenne sur chaque image combinée. Cet aspect est généralement négligé, puisque le corriger nécessite de connaître des informations non facilement accessibles sur la méthode de reconstruction propriétaire. Dans le cas de SENSE, l'utilisateur doit avoir accès à une carte de sensibilité des antennes réceptrices et pour GRAPPA connaître la matrice de pondération utilisée pour recombinaison des images, ce qui n'est pas disponible sur un scanner clinique. De plus, il faut aussi estimer le coefficient de corrélation entre chaque antenne, qui varie selon la position spatiale d'une antenne par rapport à une autre. Néanmoins, (AJA-FERNÁNDEZ et al. 2014a) montrent que négliger la corrélation entre les antennes réceptrices a un impact minimal sur l'estimation du bruit et suggèrent de simplement la négliger si son estimation est trop complexe.

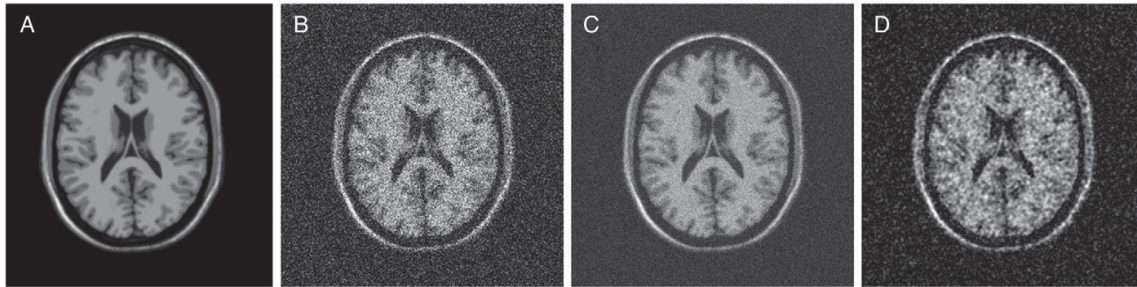


figure 1.7 – Jeu de données synthétique provenant de la banque brainweb. A) image synthétique originale B) image corrompue avec un bruit Ricien non corrélée C) image avec un bruit $nc\text{-}\chi$, où le contraste est moins élevé et D) image avec un bruit Ricien corrélé. Image adaptée de (AJA-FERNÁNDEZ et al. 2009).

Il est aussi important de noter que la reconstruction des images GRAPPA ou SENSE est implantée directement sur le scanner IRM par le constructeur dans des algorithmes propriétaires, ce qui rend difficile sa modification. Il est d'ailleurs fort probable que la plupart de ses usagers ne soient pas au courant des artefacts introduits par l'imagerie parallèle puisque la reconstruction est fournie comme une boîte noire. La figure 1.8 illustre d'ailleurs une image en pondération T1 réellement mesurée par une antenne à 8 canaux. Cette image est en fait recombinaison par le scanner (dépendamment du constructeur, il s'agit ici de l'algorithme SENSE ou GRAPPA) de façon complètement transparente à l'utilisateur pour produire un seul volume, à partir duquel il est possible de procéder à l'analyse des données par la suite. L'utilisation de techniques d'accélération parallèle conduit donc à un bruit hétéroscédastique, c'est-à-dire que sa variance n'est pas la même selon la position spatiale de l'image. La figure 1.9 montre un exemple de bruit Ricien hétéroscédastique provenant d'une acquisition réelle sur un appareil 3T implémentant l'algorithme de reconstruction SENSE. Il apparaît donc évident que de considérer une seule valeur pour la variance du bruit est sous-optimal, alors qu'utiliser une estimation pour chaque voxel (ou du moins pour chaque voisinage de voxel) permet de mieux caractériser le bruit dans les acquisitions.

1.2. NATURE DU BRUIT ET DÉFIS CLINIQUES EN IRM

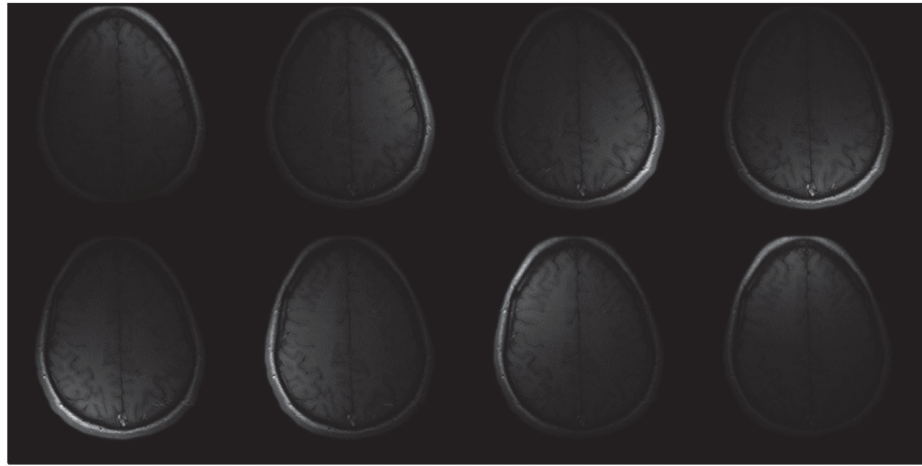


figure 1.8 – Images obtenues par chacun des 8 canaux de l’antenne réceptrice. Chaque image est combinée selon une pondération utilisant la distance à l’antenne pour former une seule image. Image adaptée de (AJA-FERNÁNDEZ et al. 2009).

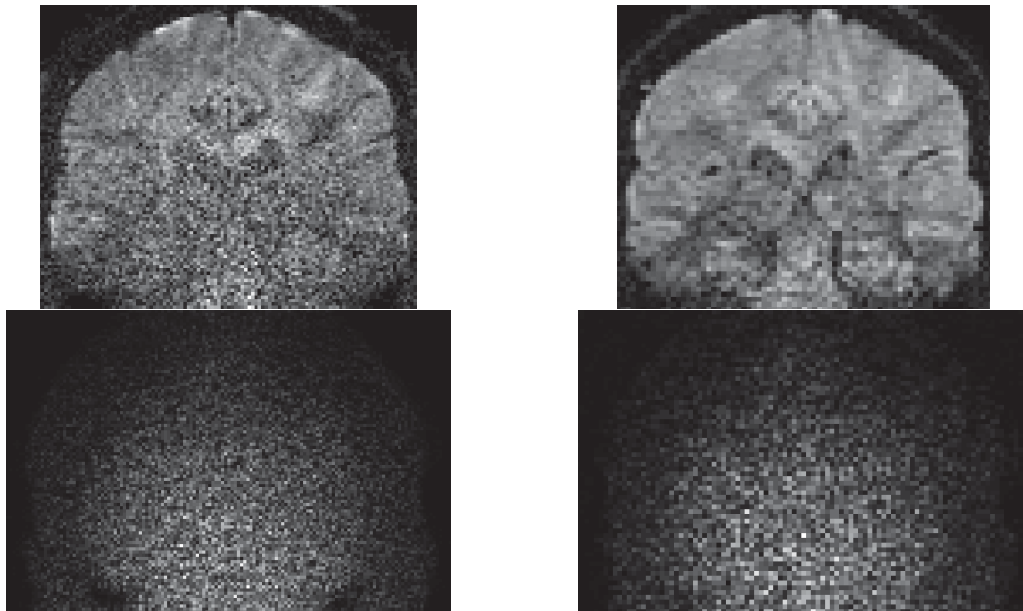


figure 1.9 – Le bruit dépend de la distance du voxel par rapport à l’antenne réceptrice. À gauche, une acquisition d’IRM de diffusion et une carte de bruit (reconstruction SENSE, bruit Ricien) à 1.2 mm et à droite, une acquisition du même sujet, mais à 1.9 mm. Le niveau de signal de l’image de gauche est beaucoup plus faible que celle de droite, montrant que l’hétéroscédasticité du bruit doit être prise en compte à faible SNR. De plus, la puissance du bruit elle-même n’est pas uniforme et augmente avec la distance à l’antenne réceptrice, contribuant aussi à la baisse du SNR.

1.2.2 Accélération de l’acquisition

Une autre source potentielle de problèmes est la corrélation spatiale entre le bruit qui est introduite lorsque l’espace de Fourier est sous-échantillonné (AJA-FERNÁNDEZ et al. 2013; AJA-FERNÁNDEZ et al. 2014a) aux extrémités. Lors de l’acquisition, il est en effet possible d’omettre l’acquisition des lignes à haute fréquence aux frontières de l’espace de Fourier et de les remplacer par des zéros, contrairement à GRAPPA qui omet l’acquisition de lignes à un intervalle régulier. Le temps d’acquisition s’en retrouve ainsi diminué puisqu’on acquiert moins de données, mais évidemment en échange d’une perte (habituellement légère) d’information et de ne plus respecter l’hypothèse de stationnarité du bruit.

Avec la venue du HCP, l’accélération *multiband* (UGURBIL et al. 2013) (voir la figure 1.10) est utilisée pour accélérer davantage le temps d’acquisition, puisque toutes les techniques mentionnées précédemment peuvent être utilisées en même temps (SENSE/GRAPPA, acquisition Fourier partielle et *multiband*). Bien que cette dernière commence à peine à apparaître dans les centres de recherche avant-gardistes, son utilisation est garantie de croître dans les prochaines années puisqu’elle permet de réduire le temps total d’acquisition par un facteur 2 ou 3 assez facilement, et ce pour tout type de pondération. Malheureusement, son influence sur la nature du bruit n’est pas encore étudiée puisque l’utilisation de la technique n’est pas encore chose courante.

Une autre technique de sous-échantillonnage de l’espace Fourier, qui a été combinée avec l’accélération *multiband* pour des acquisitions extrêmement rapides (SET-SOMPOP et al. 2012), consiste à acquérir l’espace fréquentiel de façon aléatoire et de reconstruire l’acquisition dans un domaine image différent. Par exemple, comme un point de l’espace de Fourier correspond à plusieurs points dans le domaine des ondelettes, les acquisitions comprimées (DONOHO 2006) peuvent ainsi reconstruire des images de très grande qualité à partir de très peu d’information fréquentielle. Cette technique a déjà été utilisée en IRM pour obtenir des acquisitions jusqu’à dix fois plus rapide, sans perte appréciable de qualité (LUSTIG et al. 2007; LUSTIG et al. 2008). La

1.2. NATURE DU BRUIT ET DÉFIS CLINIQUES EN IRM

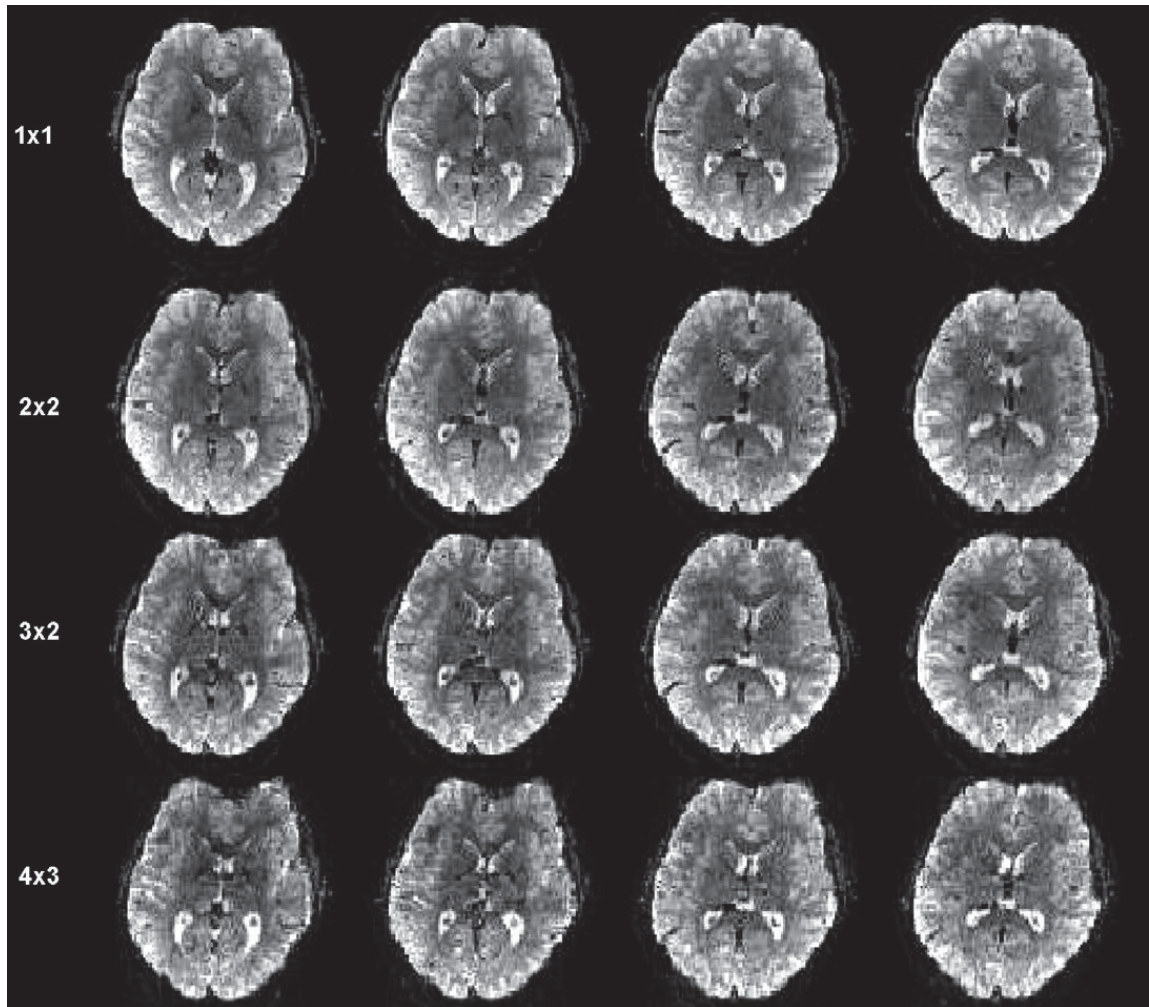


figure 1.10 – Artefacts introduits par l'accélération *multiband* sur quatre tranches successives. La figure illustre le nombre d'impulsions \times le nombre de tranches acquises simultanément. Plus le facteur d'accélération est élevé, plus l'acquisition est rapide, mais au prix d'artefacts et de distorsions accrus. Image adaptée de (FEINBERG et al. 2010).

reconstruction ainsi obtenue est supérieure comparée au fait de simplement remplacer les fréquences manquantes par des zéros. Le choix d'espace de reconstruction influence d'ailleurs la qualité finale de l'image obtenue, où la reconstruction en ondelettes offre le meilleur choix possible (PAQUETTE et al. 2014). La figure 1.11 illustre à ce sujet l'effet de diverses reconstructions d'acquisitions comprimées.

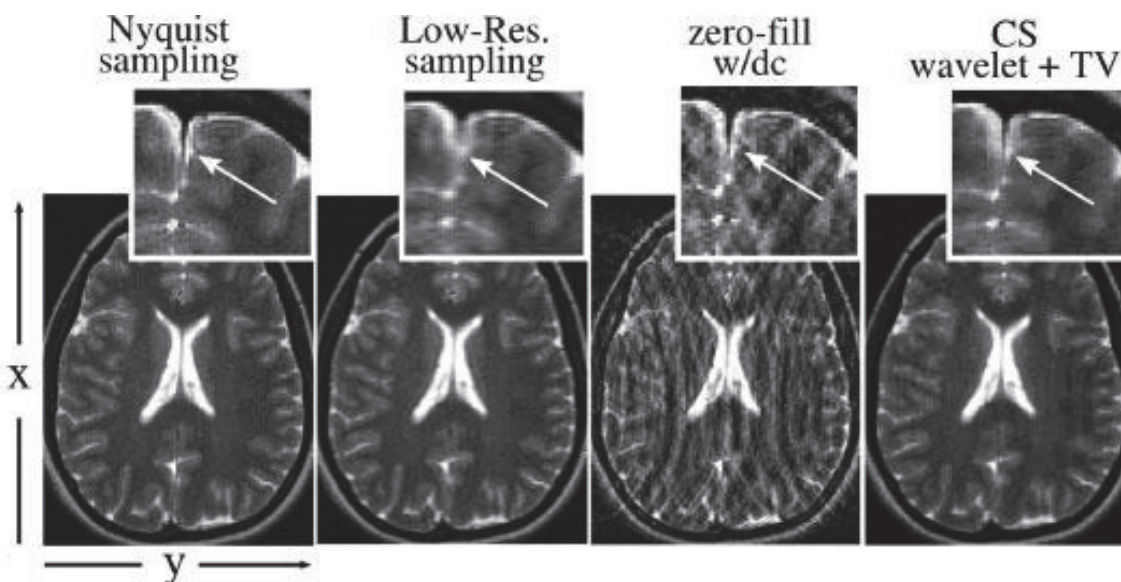


figure 1.11 – Reconstruction par acquisition comprimée sur une tranche du cerveau. À gauche, l’acquisition complète de Fourier respectant le théorème de Nyquist, qui demande plus de temps. Les trois prochaines images ont toutes le même temps d’acquisition, où l’acquisition à basse résolution possède moins d’information, la reconstruction linéaire présente des artefacts de troncature importants et finalement la reconstruction par acquisition comprimée utilisant les ondelettes présente de légers artefacts, mais est de meilleure qualité que les deux autres à temps d’acquisition égal, tout en étant plus rapide que l’échantillonnage complet de l’espace de Fourier. Image adaptée de (LUSTIG et al. 2007).

Ainsi, les techniques de débruitage pouvant facilement être modifiables et spatialement adaptatives (voir la section 2.4) pourront probablement bénéficier d’une pérennité quant à leur utilisation sur tout type de données, et ce peu importe le type de bruit ou d’artefacts rencontrés.

1.2.3 Mouvement du patient

Il est important de garder en tête que l’IRM de diffusion repose sur le profil 4D du signal. Ainsi, si le patient bouge entre le temps t_0 et le temps t_1 , le voxel sera contaminé par le signal de ses voisins, qui ne contiennent probablement pas le même

1.3. RECONSTRUCTION AVEC LE TENSEUR DE DIFFUSION

type de tissu. Un temps d'acquisition élevé est donc à proscrire pour réduire cet effet, ce qui est d'autant plus vrai dans le cas des patients souffrant de la maladie d'Alzheimer ou de Parkinson. Dans le cas où le mouvement du patient est évident (voir la figure 1.12), un recalage linéaire est nécessaire pour bien aligner les images. Il faut d'ailleurs aussi appliquer la même rotation sur les gradients de diffusion, puisque l'image associée à ceux-ci aura changé d'orientation, ce qui biaise l'information directionnelle apportée par l'IRM de diffusion (LEEMANS et JONES 2009; JONES et al. 2013). Une interpolation doit donc être effectuée, modifiant ainsi la distribution statistique du bruit.

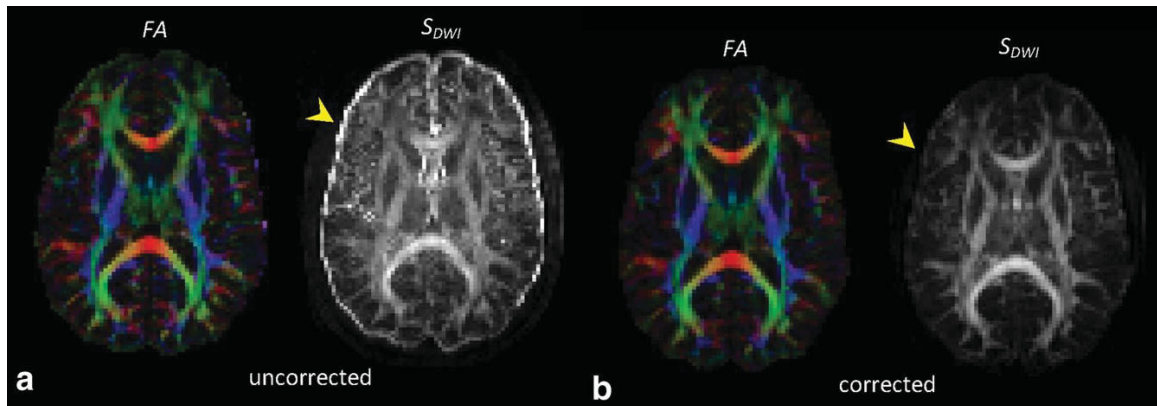


figure 1.12 – Images (a) sans correction et (b) avec correction du mouvement. Bien que difficile à voir sur la carte RGB, calculer l'écart-type du profil 4D sur chaque voxel illustre l'ampleur du mouvement du patient, qui se répercute par un gain d'intensité près des régions où le type de tissus change. Image adaptée de (TOURNIER et al. 2011).

1.3 Reconstruction avec le tenseur de diffusion

Le modèle le plus répandu en clinique est le tenseur de diffusion, de par sa simplicité d'acquisition et l'utilité anatomique des cartes scalaires que l'on peut en tirer (BASSER et al. 1994; BASSER et JONES 2002; PAJEVIC et PIERPAOLI 1999). Le tenseur de diffusion repose sur l'approximation de \mathbf{D} (voir l'équation 1.1) par une matrice symétrique définie positive telle que

$$\mathbf{D} = \begin{pmatrix} D_{xx} & - & - \\ D_{xy} & D_{yy} & - \\ D_{xz} & D_{yz} & D_{zz} \end{pmatrix} \quad (1.3)$$

Comme le processus de diffusion est supposé symétrique, il ne faut que 6 mesures de diffusion et une mesure à $b = 0$ s/mm² pour résoudre le système d'équations 1.1. Il est toutefois conseillé d'obtenir au moins 12 mesures (et idéalement plus) pour tenir compte de l'incertitude liée au bruit dans le signal mesuré (JONES et al. 2013 ; TOURNIER et al. 2011). Une fois le système d'équations résout, il est possible d'en extraire les trois valeurs propres ($\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$) et vecteurs propres (e_1, e_2, e_3) par diagonalisation. Ceux-ci permettent par exemple d'obtenir la direction principale de diffusion au sein d'un même voxel ou encore de calculer des métriques scalaires comme l'anisotropie fractionnaire, couramment appelée *Fractional Anisotropy* (FA) dans la littérature.

$$FA = \sqrt{\frac{1}{2} \frac{(\lambda_1 - \lambda_2)^2 + (\lambda_1 - \lambda_3)^2 + (\lambda_2 - \lambda_3)^2}{\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2}} \quad (1.4)$$

La carte de FA est une valeur entre 0 et 1 qui indique à quel point le tenseur est anisotrope (FA élevée) ou isotrope (FA faible) simplement en regardant ce ratio des valeurs propres. On trouve donc une faible valeur de FA dans les liquides ou les croisements de fibres, alors que les voxels contenant une seule population de fibres auront une FA élevée. Il est aussi possible d'associer le plus grand vecteur propre à une couleur pour indiquer la direction de diffusion selon un code rouge, vert et bleu (appelée carte *Red-Green-Blue* (RGB)), où le rouge indique une diffusion dans l'axe gauche-droit, vert pour la direction antérieur-postérieur et bleu pour l'axe inférieur-supérieur. La figure 1.13 illustre un exemple de reconstruction du tenseur et la figure 1.14 un exemple de carte d'ADC, FA et RGB. Toutefois, le tenseur ne permet que de représenter une seule direction d'anisotropie et n'est plus valide lorsque le voxel contient plus qu'une population de fibres (TOURNIER et al. 2004 ; TOURNIER et al. 2007 ; DESCOTEAUX et al. 2007 ; DESCOTEAUX et al. 2009). Puisque certains auteurs estiment qu'entre 1/3 et 2/3 du cerveau contient des croisements de fibres (DESCOTEAUX et POUPON 2014) ou encore jusqu'à 90% du cerveau (TOURNIER et al. 2011), la communauté d'IRM de diffusion a donc développé de nouveaux modèles mieux adaptés à ce problème.

1.3. RECONSTRUCTION AVEC LE TENSEUR DE DIFFUSION

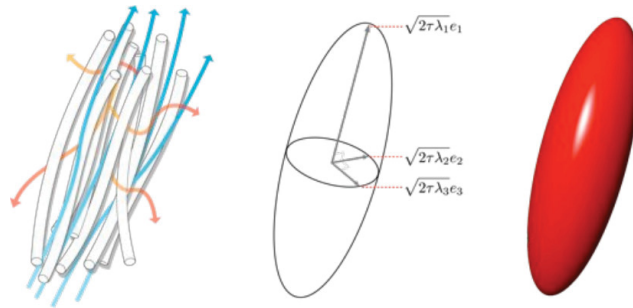


figure 1.13 – Reconstruction d'un tenseur de diffusion. Les vecteurs propres indiquent la diffusion dans chaque plan selon l'amplitude de leur valeur propre associée. Image tirée de (DESCOTEAUX et POUPON 2014).

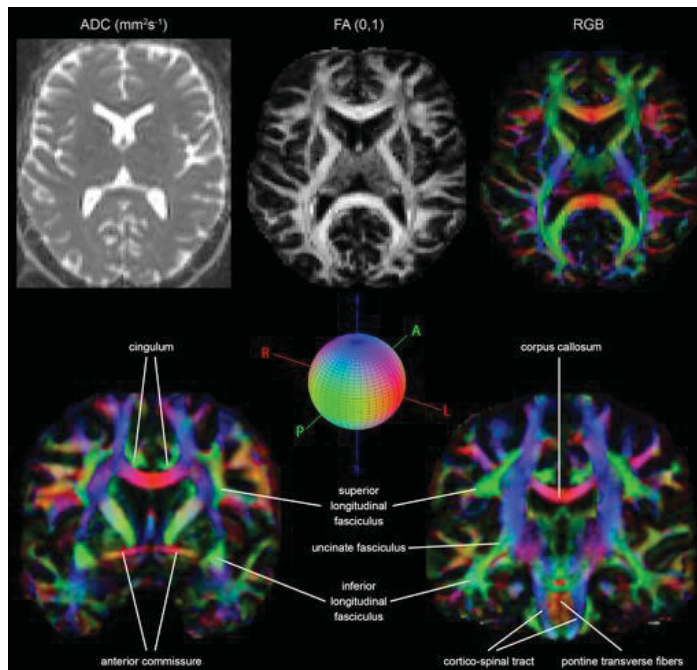


figure 1.14 – Carte d'ADC, FA et RGB. Bien que les métriques dérivées du tenseur ne représentent pas adéquatement les régions où des fibres se croisent, on peut néanmoins en tirer de l'information. La carte RGB permet par exemple d'identifier facilement plusieurs faisceaux de fibres connus en neuroanatomie, ce qui est impossible avec les images en pondération T1. Image tirée de (DESCOTEAUX et POUPON 2014).

1.4 Modèles considérant les croisements de la matière blanche

Afin de résoudre les problèmes liés au tenseur de diffusion, les méthodes à haute résolution angulaire (en anglais *High Angular Resolution Diffusion Imaging* (HARDI)) considèrent l’acquisition d’un grand nombre de volumes 3D, possiblement à plusieurs *b-value*. On y dénote entre autres les méthodes de type Q-ball (TUCH 2004; DESCOTEAUX et al. 2007; AGANJ et al. 2010), qui reposent sur une transformée de Funk-Radon pour retrouver les croisements à l’aide de la *diffusion Orientation Distribution Function* (dODF), sans dépendre d’un modèle de diffusion intrinsèque. Cette approche est basée sur une représentation en harmoniques sphériques (un analogue à la série de Fourier développé par Laplace, mais sur la sphère) du signal dont le nombre de variables dépend de l’ordre de la série tronquée. Puisque le signal en IRM de diffusion est réel et symétrique, il suffit donc de se restreindre aux ordres pairs de la série (DESCOTEAUX et al. 2007). Si n est l’ordre de la série d’harmoniques sphériques utilisé, alors le nombre de coefficients du système d’équations à résoudre est $(n + 1)(n + 2)/2$. Le nombre de volumes à acquérir est donc fonction de l’ordre de la série choisie, où plus l’ordre est élevé, plus l’information angulaire obtenue sera fiable.

Il est aussi possible d’utiliser des méthodes de déconvolution sur le signal (TOURNIER et al. 2004; TOURNIER et al. 2007) ou encore sur la dODF (DESCOTEAUX et al. 2009) pour obtenir une meilleure résolution angulaire avec la *fiber Orientation Distribution Function* (fODF). Il est conseillé d’utiliser un ordre $n = 4$ (15 volumes de diffusion) pour le Q-ball et jusqu’à un ordre $n = 8$ (45 volumes de diffusion) pour les méthodes de déconvolution puisqu’aucun gain angulaire appréciable n’est réalisé en augmentant l’ordre de la série (DESCOTEAUX et al. 2007; TOURNIER et al. 2013). Encore une fois, il est conseillé d’en acquérir plus pour tenir compte de l’incertitude du bruit, où le gain en SNR devient moins important après 60 volumes (DESCOTEAUX et POUPON 2014). La figure 1.15 illustre la formation de la fODF à partir de la dODF et la figure 1.16 montre le gain en résolution angulaire obtenu. Une fois la fODF obtenue, il suffit de trouver les maxima de la fonction pour obtenir l’orientation des faisceaux de fibres présents dans le voxel.

1.4. MODÈLES CONSIDÉRANT LES CROISEMENTS DE LA MATIÈRE BLANCHE

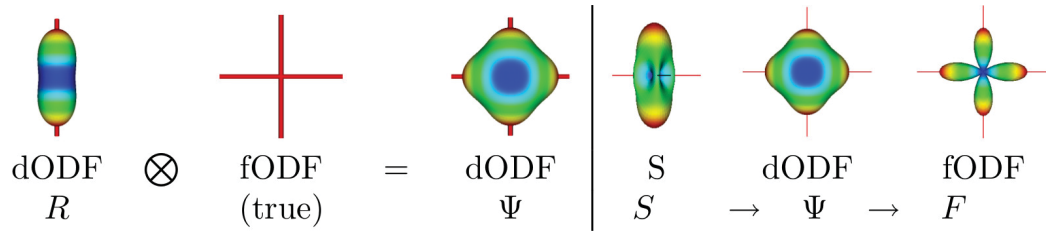


figure 1.15 – Processus de déconvolution sphérique et fODF résultante. À gauche, la dODF Ψ est formée de la convolution de la fODF théorique et du noyau R . À droite, le signal S et la dODF Ψ associée après la transformation de Funk-Radon. La déconvolution de Ψ par R permet de retrouver une fODF ayant un meilleur profil angulaire. Image adaptée de (DESCOTEAUX et al. 2009).

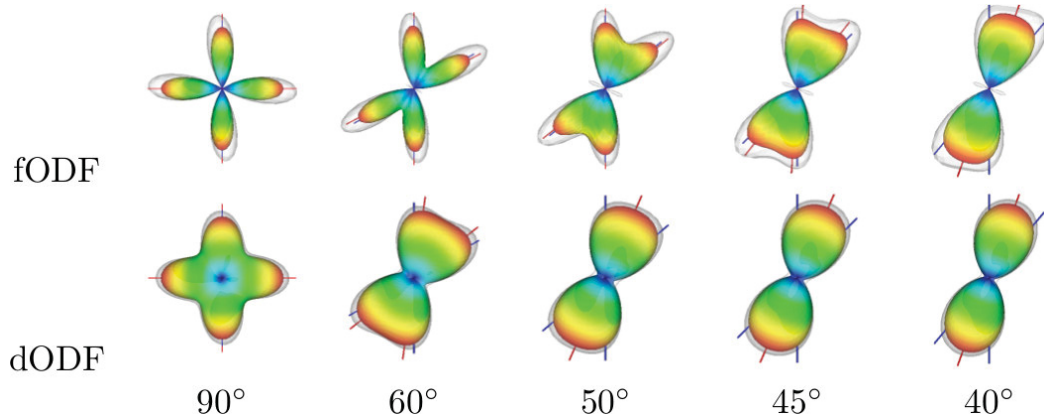


figure 1.16 – Différence de résolution angulaire entre une fODF et une dODF. La fODF permet d’obtenir des croisements de fibres à une meilleure résolution angulaire que la dODF. Image adaptée de (DESCOTEAUX et al. 2009).

Outre les approches de type Q-ball, il existe une multitude de techniques pour inférer la structure du cerveau telle que (WEDEEN et al. 2005 ; ÖZARSLAN et al. 2006 ; ÖZARSLAN et al. 2013 ; ÖZARSLAN et al. 2013 ; BEHRENS et al. 2003 ; SOTIROPOULOS et al. 2012 ; TOURNIER et al. 2012 ; TOURNIER et al. 2007 ; DESCOTEAUX et al. 2009). Certaines techniques utilisent aussi des acquisitions spécialisées pour inférer la microstructure du cerveau, par exemple la taille et le dispersement des axones, tout en imageant au niveau macroscopique (ASSAF et al. 2008 ; ASSAF et BASSER 2005 ; ZHANG et al. 2012a ; ALEXANDER et al. 2010). Le lecteur est référé à (DESCOTEAUX 2008) pour une compréhension plus approfondie des méthodes HARDI.

1.5 Quelques applications en IRM de diffusion

Comme vu précédemment à la figure 2, l'IRM de diffusion est sensible aux anomalies du cerveau. Une autre application importante est en neurochirurgie pour identifier les tumeurs et les changements qu'elles apportent à la structure du cerveau, tel que montré à la figure 1.17. Cette anomalie est en effet détectable par l'IRM de diffusion puisque la signature des fibres dans un tissu affecté est modifiée par rapport à leur équivalent dans un tissu sain.

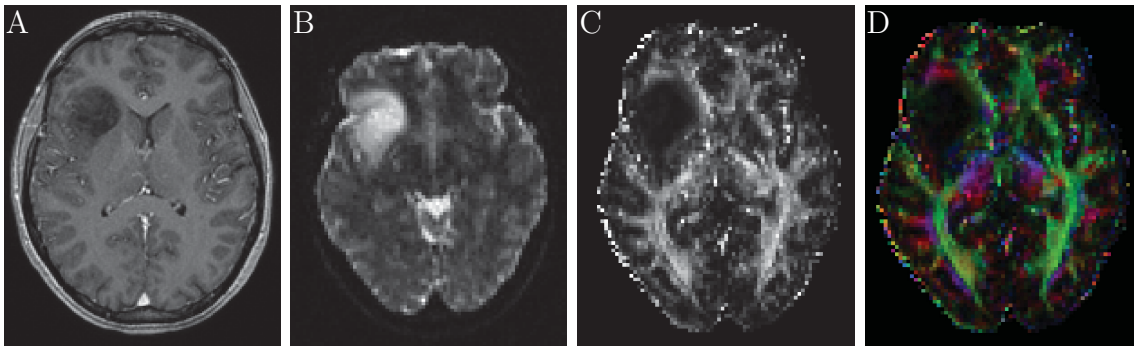


figure 1.17 – Cerveau avec une tumeur. Bien que A) l'image T1 montre la présence d'une tumeur, seul B) l'IRM de diffusion permet d'en montrer l'étendu, ce qui se répercute directement sur les cartes de C) FA et D) RGB. On remarque aussi dans D) le déplacement de la structure du cerveau, fait qui est à peu près indiscernable dans A) ou B).

Avec la tractographie (voir la figure 1.18), il est possible de reconstruire les principaux faisceaux de fibres. Dans sa forme la plus simple, la tractographie consiste à relier les directions principales extraites des fODF. De cette façon, l'information directionnelle des fibres de la matière blanche est disponible pour une interaction 3D en temps réel (CHAMBERLAND et al. 2014). Il existe aussi des techniques plus avancées permettant de prendre en compte l'information anatomique extraite des images en pondération T1 pour obtenir des fibres plus juste anatomiquement (GIRARD et al. 2014). Le lecteur est référé à (GIRARD et al. 2014; GIRARD et DESCOTEAUX 2012; DESCOTEAUX et al. 2009; CHAMBERLAND et al. 2014; MORI et VAN ZIJL 2002; DADUCCI et al. 2015b) pour une compréhension plus approfondie des différents algorithmes de tractographie.

1.6. CONCLUSION



figure 1.18 – Tractographie complète du cerveau. On retrouve les faisceaux classiques connus en neuroanatomie, avec lesquels il est possible d’interagir interactivement en 3D de façon complètement non invasive. Image courtoisie de Maxime Chamberland.

1.6 Conclusion

Ce premier chapitre présentait les principes régissant le phénomène physique de la diffusion de l’eau et divers moyens pour en tirer de l’information. Bien que celle-ci soit aléatoire dans un milieu non restreint, elle a tendance à suivre l’orientation de la structure dans un milieu anisotrope. En utilisant ce principe en IRM, il est possible d’acquérir plusieurs volumes 3D ayant un contraste sensible à la diffusion de l’eau dans le cerveau. Ceux-ci permettent de reconstruire diverses cartes donnant de l’information anatomique précieuse, tout en étant non invasif. Un des problèmes avec l’IRM de diffusion repose sur le fait que l’information est basée sur la perte de signal. De plus, la taille des voxels imagés est d’environ 1000 fois supérieure à la taille des axones eux-mêmes, ces derniers contribuant à fournir le signal mesuré en IRM de diffusion. Cela pose notamment problème dans les bordures de la matière blanche et de la matière grise puisque le signal à l’intérieur d’un même voxel est contaminé par différents tissus. Le même problème se présente lorsque des populations de fibres ne se croisant pas sont dans le même voxel, puisque le signal mesuré aura les mêmes caractéristiques que si les fibres se croisaient réellement (TOURNIER et al. 2011). Le chapitre 2 porte ainsi sur les différents moyens disponibles pour s’affranchir de la contrainte de la taille des voxels et contrebalancer la baisse subséquente du SNR.

An investment in knowledge always
pays the best interest.

Benjamin Franklin

Chapitre 2

Augmenter la résolution spatiale des acquisitions d'IRM : Acquisitions orthogonales, acquisitions multimodales et débruitage

Ce chapitre présente divers moyens pour augmenter la résolution spatiale des images obtenues à l'IRM, tout en contrôlant le SNR. La section 2.1 est dédiée au domaine 2D de la vision par ordinateur puisque la plupart des méthodes développées pour le 3D sont fortement inspirées de ces dernières. La section 2.2 présente quelques techniques propres à l'IRM pour augmenter la résolution spatiale des acquisitions. On y dénote par exemple les méthodes de super-résolution recombinaison plusieurs acquisitions effectuées dans différents plans. Ces techniques nécessitent plusieurs volumes 3D afin de combler l'information manquante dans chacun d'entre eux pour reconstruire un seul volume. Une autre classe d'algorithmes se base sur l'information anatomique d'une autre pondération pour reconstruire l'information manquante

d’une seconde pondération, ce qui requiert encore une fois plusieurs acquisitions du même sujet. Enfin, d’autres techniques utilisent plutôt la similarité et la redondance des images naturelles afin d’augmenter la résolution d’une même image sans utiliser d’aide externe. Cette catégorie inclut aussi bien les techniques d’interpolation que les techniques dites de super-résolution. Pour sa part, la section 2.3 présente une autre façon de voir le problème, qui consiste à acquérir directement des données d’IRM de diffusion à haute résolution spatiale ainsi que les difficultés liées au faible SNR et les solutions pour y remédier. Finalement, les sections 2.4 et 2.5 présentent donc certains algorithmes de débruitage conçus pour l’IRM et l’IRM de diffusion ainsi qu’un nouvel algorithme proposé par ce mémoire : l’algorithme de débruitage *Non Local Spatial and Angular Matching* (NLSAM).

2.1 Algorithmes de débruitage

Un moyen accessible ne requérant aucun artifice au moment de l’acquisition consiste à appliquer une technique de débruitage sur les données d’IRM obtenues. Cette section débute en présentant diverses méthodes issues du domaine de la vision par ordinateur afin de mieux introduire à la section 2.4 leur version équivalente adaptée pour l’IRM. Le lecteur est toutefois référé au chapitre 3 pour une revue des algorithmes de débruitage utilisés en IRM anatomique et de diffusion.

2.1.1 Algorithme *Non Local Means*

Tel que montré par (BUADES et al. 2005), les images naturelles offrent une redondance pouvant être exploitée par le débruitage. L’algorithme *Non Local Means* (NLMeans) repose sur l’exploitation de ce principe de similarité afin de trouver des patches similaires (au sens de la norme ℓ_2) dans l’image elle-même pour en calculer

2.1. ALGORITHMES DE DÉBRUITAGE

une moyenne pondérée selon l'équation 2.1. La figure 2.1 montre en effet que certaines portions de Lena sont relativement similaires, excepté pour le bruit qu'elles contiennent et qui est distribué aléatoirement.

$$NLM(x_i) = \sum_{x_j \in \Omega} w(x_i, x_j)u(x_j), \quad w(x_i, x_j) = \frac{1}{Z_i} e\left(-\frac{\|u(x_i) - u(x_j)\|_2^2}{\sigma^2}\right) \quad (2.1)$$

où $NLM(x_i)$ est la valeur débruitée d'un pixel x_i , Ω est l'ensemble des pixels du voisinage courant, $u(x_j)$ est l'intensité du pixel x_j , $\|\cdot\|_2$ est la norme vectorielle ℓ_2 , σ^2 est la variance du bruit et Z_i est une constante de normalisation telle que $\sum_j w(x_i, x_j) = 1$. Il est aussi possible de débruiter conjointement un groupe pixels au lieu d'un seul pixel à la fois, où x_j sera plutôt un patch 2D. Cette modification dégrade légèrement la qualité de l'image, mais est beaucoup plus rapide en temps d'exécution. L'algorithme est d'autant plus performant lorsque l'image possède de la redondance, puisque plus de pixels similaires pourront ainsi être trouvés à l'intérieur d'un même voisinage. Une version adaptée à l'IRM anatomique comprenant une correction pour le bruit Ricien a été suggérée par (DESCOTEAUX et al. 2008; COUPE et al. 2008). Une version plus avancée pouvant s'adapter localement selon la variance du bruit a aussi été proposée par (MANJÓN et al. 2010a).

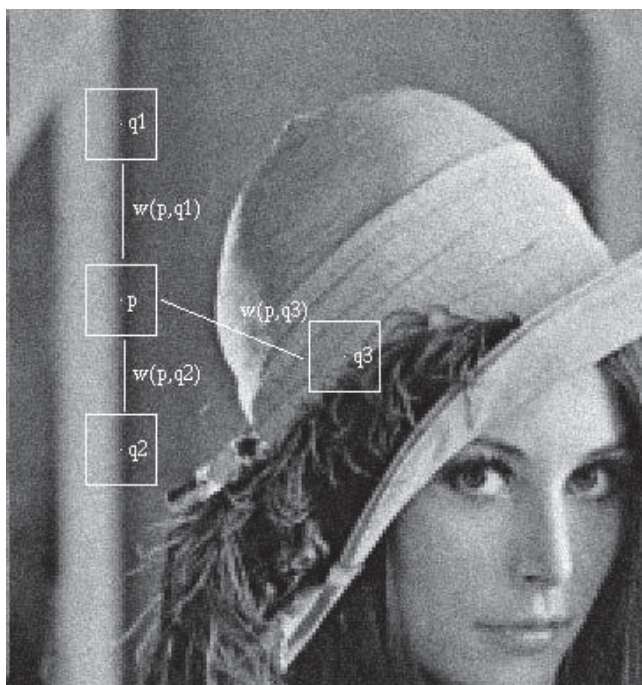


figure 2.1 – Les images naturelles présentent de la similitude intrinsèque, principe central de l’algorithme NLMMeans. Image tirée de (BUADES et al. 2005).

2.1.2 Algorithme *Block Matching*

Une extension de l’algorithme NLMMeans en version patch est le *Block Matching* (DA-BOV et al. 2007). Encore une fois, le principe de similarité des images naturelles est mis à profit, mais au lieu d’en calculer une moyenne pondérée, des blocs 3D sont formés par empilement à partir des patches 2D. Ce processus de formation est illustré à la figure 2.2. La décomposition en ondelette de ces blocs est ensuite seuillée pour réduire le niveau de bruit commun à toutes les patches similaires formant le bloc. Une fois débruité, chaque bloc est combiné selon une moyenne pondérée basée sur leur sparsité en utilisant $w(x_i) = \frac{1}{\sigma^2 N_{x_i}^{ht}}$, où $N_{x_i}^{ht}$ est le nombre de coefficients non nuls dans le patch x_i après l’application du seuillage. Cette technique a aussi été utilisée en IRM structurale par (MAGGIONI et al. 2013), mais ne possède pas de version spécifiquement adaptée à l’IRM de diffusion.

2.1. ALGORITHMES DE DÉBRUITAGE

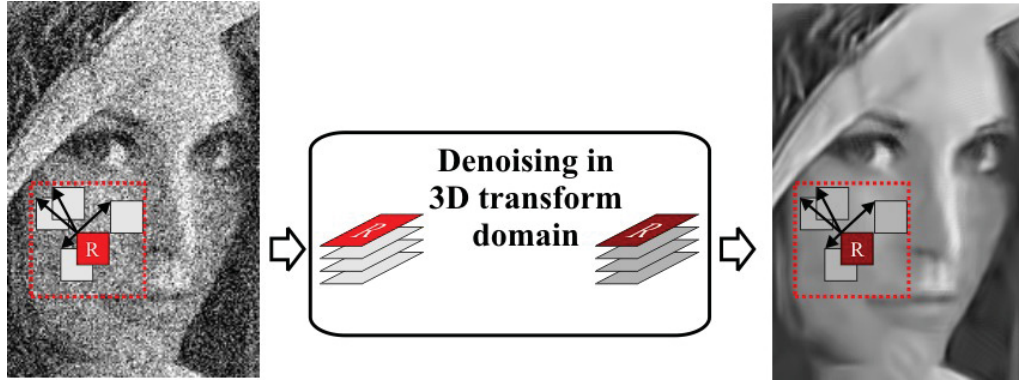


figure 2.2 – L’algorithme *Block Matching* utilise la redondance des images naturelles pour effectuer un seuillage sur toutes les patches similaires. Image tirée de [Alessandro Foi](#).

2.1.3 Algorithme *Sparse Coding*

(HUBEL et WIESEL 1979) ont montré que la région V1 du cortex visuel emploierait des cellules spécialisées selon certains stimuli pour représenter les images. (OLSHAUSEN et FIELD 1997) proposent à leur tour le principe du *Sparse Coding*, en utilisant une base surdéterminée et éparses (couramment appelée dictionnaire tel qu’illustré à la figure 2.3), pour modéliser la formation des images de la région V1. Ainsi, les images naturelles se prêtent de façon excellente à l’encodage dans une base surdéterminée et redondante, tout en utilisant un faible nombre de coefficients. Trouver une base redondante ainsi que les coefficients pour exprimer un signal est à la base de nombreux algorithmes en vision par ordinateur (YANG et al. 2010 ; FADILI et al. 2008 ; ZHANG et al. 2012b ; MU et al. 2011 ; ELAD et AHARON 2006 ; MAIRAL et al. 2009c).

La formulation moderne cherche à exprimer n vecteurs d’entrée de taille m tel que $X = [x_1, \dots, x_n] \in \mathbb{R}^{m \times n}$ selon un dictionnaire $\mathbf{D} \in \mathbb{R}^{m \times k}$ et ses coefficients $\alpha = [\alpha_1, \dots, \alpha_n] \in \mathbb{R}^{k \times n}$ tels que $x_i = \mathbf{D}\alpha_i, 1 \leq i \leq n$. Le problème global d’optimisation résultant est donné par l’équation 2.2.

$$\min_{\mathbf{D}, \alpha} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left(\frac{1}{2} \|x_i - \mathbf{D}\alpha_i\|_2^2 + \lambda \|\alpha_i\|_1 \right) \text{ s. à. } \|\mathbf{D}\|_F^2 = 1, \mathbf{D} \geq 0, \alpha \geq 0, \quad (2.2)$$

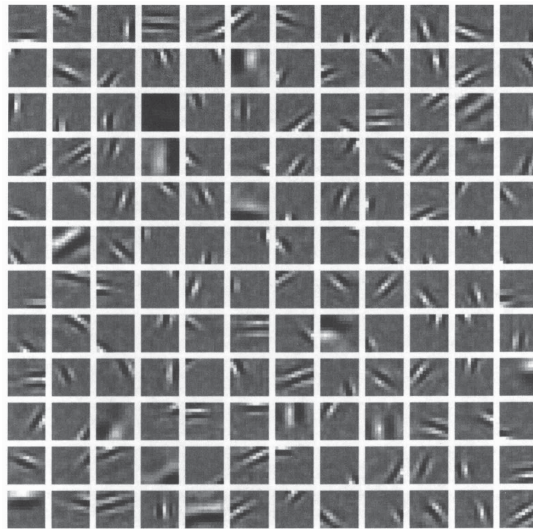


figure 2.3 – Un dictionnaire comportant 144 atomes appris sur des images naturelles. Les éléments répondent aux mêmes stimulus que les cellules spécialisées du cortex visuel. Image tirée de (OLSHAUSEN et FIELD 1997).

où \mathbf{D} est le dictionnaire construit, $\|\cdot\|_F$ la norme de Frobenius et λ est un paramètre de régularisation sur les coefficients α . Les colonnes de \mathbf{D} sont aussi contraintes à être de norme ℓ_2 unitaire pour éviter les solutions dégénérées (MAIRAL et al. 2009b; GRAMFORT et al. 2014). Ce principe a aussi bien été utilisé pour le débruitage (ELAD et AHARON 2006; MAIRAL et al. 2008) que pour la super-résolution (YANG et al. 2012; LU et CHEN 2011; FADILI et al. 2008). Les approches par dictionnaires ont aussi été utilisées en IRM pour augmenter la résolution des acquisitions (RUEDA et al. 2013) ou encore pour modéliser localement le signal de diffusion (MERLET et al. 2013). Ces approches ont aussi servi à faire des acquisitions comprimées (aussi connues sous le nom de *compressed sensing*) pour réduire le temps d'acquisition en IRM de diffusion (BILGIC et al. 2013; GRAMFORT et al. 2014).

2.2 Algorithmes spécifiques à l'IRM

Cette section présente divers algorithmes pour augmenter la résolution d'une acquisition créés spécifiquement pour l'IRM anatomique et de diffusion. La plupart

2.2. ALGORITHMES SPÉCIFIQUES À L'IRM

d'entre eux nécessitent plusieurs acquisitions, soit en combinant plusieurs acquisitions d'une même pondération ou encore d'une seconde pondération pour en tirer l'information anatomique nécessaire. Il existe aussi certaines méthodes exploitant la similarité des images naturelles au lieu de se fier sur de l'information externe, non-obstant ainsi les possibles problèmes liés au recalage.

2.2.1 Combiner plusieurs acquisitions

Bien que le SNR diminue proportionnellement avec la taille des voxels, une des premières idées était d'acquérir plusieurs volumes anisotropes et de les recombinaer en un seul volume isotrope. Le modèle de formation généralement utilisé considère donc que l'image (inconnue) haute résolution peut être obtenue à partir d'une combinaison linéaire de plusieurs images basse résolution tel que donné par l'équation 2.3 (SCHERRER et al. 2012).

$$\mathbf{y}_k = \mathbf{D}_k \mathbf{B}_k \mathbf{M}_k \mathbf{x} + \epsilon_k \quad (2.3)$$

où \mathbf{y}_k est le volume basse résolution k , \mathbf{x} est l'image haute résolution à reconstruire, \mathbf{D}_k est un opérateur de décimation pour amener \mathbf{x} à la résolution de \mathbf{y}_k , \mathbf{B}_k est la fonction d'étalement du point de l'IRM, \mathbf{M}_k est la transformation pour aligner \mathbf{x} sur \mathbf{y}_k et ϵ_k un vecteur de bruit pour l'acquisition k . (PELED et YESHURUN 2001) suggèrent donc d'acquérir 8 volumes légèrement décalés spatialement avec une taille de voxel inférieure dans un des axes et de les recombinaer ensemble. Cette technique fut toutefois remise en question par (SCHEFFLER 2002) puisque l'acquisition proposée ne servirait qu'à augmenter le SNR des volumes, sans augmenter l'information contenue dans les voxels puisqu'une translation dans le domaine image revient à mesurer le même contenu fréquentiel. Pour contourner le problème, (SHILLING et al. 2009) proposent l'acquisition de plusieurs volumes autour d'un axe central dans l'espace fréquentiel tel qu'illustré à la figure 2.4. Chaque volume est donc acquis selon une rotation de 45° et possède une information fréquentielle complémentaire à chacun des volumes. Ils sont ensuite recombinaés itérativement selon un modèle basé sur l'équation 2.3.

CHAPITRE 2. AUGMENTER LA RÉOLUTION SPATIALE DES ACQUISITIONS D'IRM

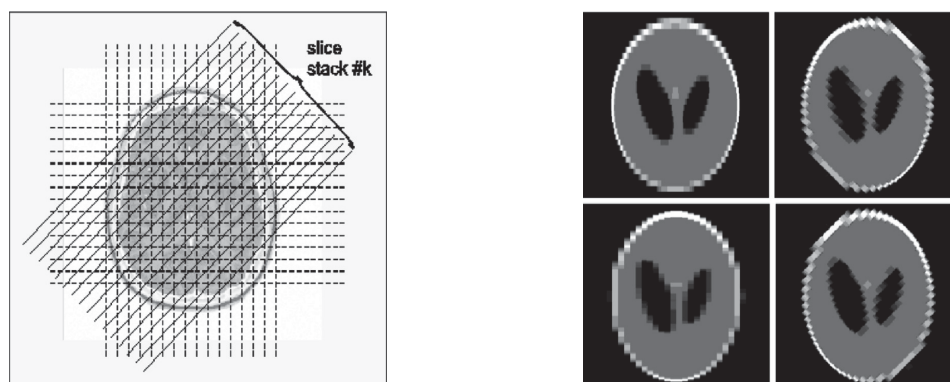


figure 2.4 – Acquisition selon différents angles dans l'espace de Fourier. Gauche : Chaque volume contient de l'information non disponible dans les autres volumes puisque la taille des voxels anisotropes dépend de l'orientation. Droite : La taille des voxels est différente pour chaque acquisition, ce qui se traduit par des effets de volumes partiels différents selon l'acquisition. Image adaptée de (SHILLING et al. 2009).

Une autre approche pour l'IRM anatomique, proposée par (AGANJ et al. 2012), consiste à acquérir seulement trois volumes, mais sous-échantillonnés de façon orthogonale dans chacun des trois axes X, Y et Z (soit une coupe axiale, coronale et sagittale). Beaucoup plus simple à appliquer en pratique, cette approche consiste à retirer la portion fréquentielle de chaque image dans l'axe sous-échantillonné. Les deux autres images sont combinées pour reconstruire un seul volume, où utiliser une décomposition en ondelettes donne les meilleurs résultats selon la figure 2.5.

2.2. ALGORITHMES SPÉCIFIQUES À L'IRM

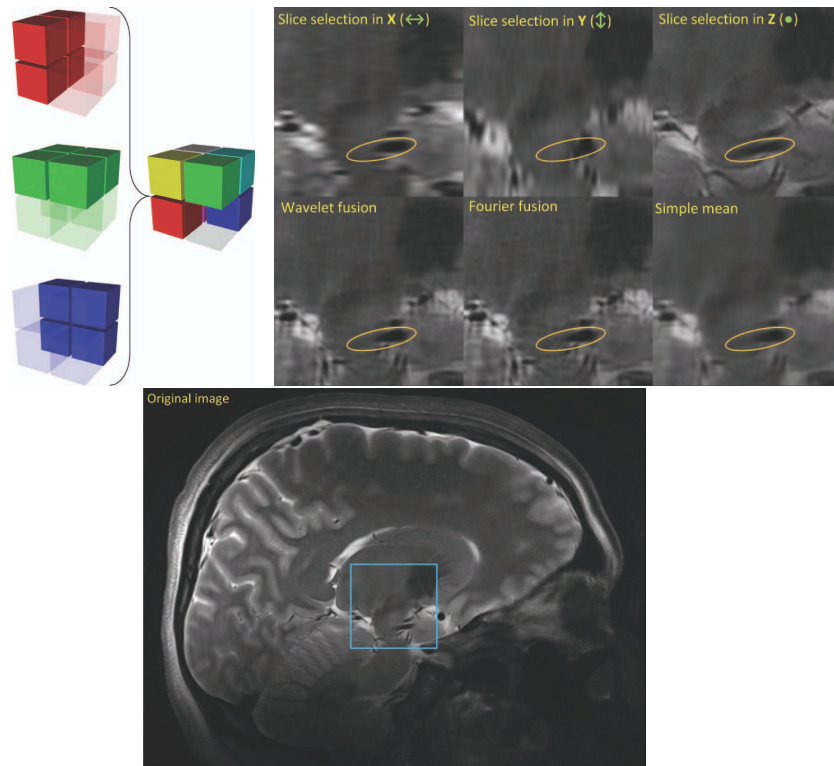


figure 2.5 – Image T2 reconstruite en combinant trois acquisitions sous-échantillonnées. Haut : L'information fréquentielle de chaque coupe présente des détails qui sont complémentaires les uns aux autres. Combiner judicieusement les trois images donne de meilleurs résultats, où la recombinaison en ondelette offre plus de détails. Bas : L'image T2 originale, adaptée de (AGANJ et al. 2012).

Finalement, (SCHERRER et al. 2012) suggèrent d'utiliser trois acquisitions orthogonales avec une méthodologie adaptée à l'imagerie de diffusion. Ainsi, pour chaque volume de diffusion acquis, les trois acquisitions orthogonales doivent être recalées sur un volume de référence de même que le gradient de diffusion associé. L'équation 2.3 est ensuite résolue itérativement pour trouver α . Un des problèmes avec ces méthodes est la nécessité d'acquérir plusieurs volumes devant être parfaitement réalignés par la suite. Comme les volumes sont anisotropes et doivent être interpolés, ceci peut ainsi introduire des artefacts de flous dans la reconstruction si le recalage ne fonctionne pas correctement. De plus, ces modèles considèrent le bruit comme étant une série de variables aléatoires indépendantes et identiquement distribuées (i.i.d.) pour chaque

voxel selon une loi normale $\mathcal{N}(0, \sigma^2)$. Cette hypothèse n’est habituellement pas respectée avec les acquisitions à accélération parallèle utilisée aujourd’hui, ni lorsque les images de magnitudes sont utilisées (DIETRICH et al. 2008 ; AJA-FERNÁNDEZ et al. 2014a). Considérer la nature du bruit dans ce type d’acquisition est toujours un problème ouvert, puisque l’acquisition de voxels anisotropes est déconseillée (JONES et al. 2013).

2.2.2 Combiner l’information de plusieurs pondérations

Une autre classe de méthodes requiert plutôt l’acquisition de deux pondérations différentes. En effet, les pondérations T1 et T2 donnent toutes deux des images anatomiques, mais avec des contrastes différents. Toutefois, l’information structurelle contenue dans les images, par exemple les bordures des tissus, est la même. Le principe de la redondance non locale, qui est à la base de l’algorithme de débruitage *Non Local Means* (NLMeans) (BUADES et al. 2005) et présenté à la section 2.1.1 a été utilisé par (ROUSSEAU 2008 ; MANJÓN et al. 2010b) pour régulariser le modèle d’acquisition 2.3. L’équation à résoudre devient donc

$$\hat{\mathbf{x}} = \arg \min_{\mathbf{x}} \|\mathbf{y} - \mathbf{DBM}\mathbf{x}\|_2^2 + \lambda \mathcal{R}(\mathbf{x}) \quad (2.4)$$

où $\mathcal{R}(\mathbf{x})$ est l’opérateur NLMeans défini par l’équation 2.1 et λ un paramètre contrôlant la régularisation. Cette régularisation permet donc de contraindre la reconstruction d’une modalité dont on possède une acquisition à basse résolution par une seconde pondération du même sujet. L’algorithme a aussi été étendu à l’utilisation d’une même pondération, mais utilisant une banque d’images provenant de divers sujets par (ROUSSEAU et al. 2010). La figure 2.6 illustre l’utilisation de l’opérateur non local pour trouver de la redondance dans les images provenant de divers sujets. Bien que cette approche fonctionne bien pour l’IRM anatomique, il n’existe pas (encore) de version adaptée à l’imagerie de diffusion.

2.2. ALGORITHMES SPÉCIFIQUES À L'IRM

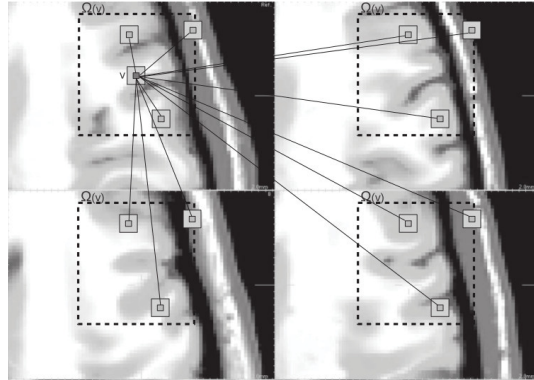


figure 2.6 – Sélection de patches parmi une banque d’images pour la régularisation non locale. Plus il y a d’images disponibles, plus la qualité de la reconstruction augmente, ainsi que le temps de calcul nécessaire. Image tirée de (ROUSSEAU et al. 2010).

2.2.3 Exploiter la similarité structurale d’une image

Toujours en utilisant le principe de redondance des images naturelles, (MANJÓN et al. 2010c) suggèrent d’utiliser une seule et même image anatomique pour régulariser l’équation 2.4. Bien que la qualité de reconstruction soit moins bonne, cela présente l’avantage de pouvoir être utilisé sur n’importe quel jeu de données déjà disponibles. Une technique hybride pour l’imagerie de diffusion est présentée dans (COUPÉ et al. 2013), où l’image b_0 (qui possède le SNR le plus élevé parmi les données de diffusion) est d’abord amenée à une résolution supérieure, puis utilisée pour contraindre l’interpolation des différentes images de diffusion. (RUEDA et al. 2013) utilisent plutôt une approche par dictionnaire tel que présenté à la section 2.1.3 et dans (YANG et al. 2010). Deux dictionnaires sont ainsi construits, un à basse résolution \mathbf{D}_l et son équivalent à haute résolution \mathbf{D}_h . Les coefficients α sont trouvés avec l’équation 2.2 pour \mathbf{D}_l et ensuite utilisés pour reconstruire l’image avec le dictionnaire \mathbf{D}_h . Cette approche est employée sur des images en pondération T1 et ne possède pas d’équivalent pour l’imagerie de diffusion.

Une autre approche développée spécifiquement pour l’IRM de diffusion par (YAP et al. 2014) utilise plutôt l’information angulaire des ODFs. Cette approche fonctionne en deux temps, avec une estimation d’un modèle local pour trouver l’orientation des

fibres et une interpolation considérant cette information angulaire. Cette méthode accorde donc une pondération plus grande à la direction tangentielle aux fibres pour interpoler les données brutes de diffusion, tirant ainsi parti du profil 4D apporté par l’information angulaire. Les ODFs doivent par la suite être reconstruites à nouveau à la nouvelle résolution obtenue puisque la méthode travaille sur les données brutes d’IRM de diffusion.

2.3 Acquisition d’images IRM à haute résolution spatiale

Cette section présente les défis reliés à l’acquisition de volumes à haute résolution spatiale et les solutions disponibles pour les résoudre. Bien qu’il soit possible de moyennner plusieurs acquisitions pour augmenter le SNR, cette solution requiert évidemment de multiples acquisitions, contribuant ainsi à augmenter le temps d’acquisition total. De plus, les moyennes doivent être parfaitement alignées et réalisées dans le domaine complexe pour éviter les problèmes liés à la phase, ce qui est difficile lorsque le patient doit rester longtemps dans l’IRM sans bouger. De surcroît, l’alignement de la phase n’est habituellement pas disponible sur les scanners cliniques, ce qui rend ce type de débruitage difficile à utiliser en milieu hospitalier (JONES et al. 2013).

Un autre problème avec l’acquisition de données à haute résolution spatiale est l’augmentation du temps d’acquisition. La première raison vient du fait que plus la résolution est élevée, plus le nombre de voxels à acquérir pour couvrir la tête entière est élevé. Il s’ensuit donc directement que l’acquisition est plus longue vu l’augmentation du nombre de tranches acquises. Pour garder un temps d’acquisition équivalent, il faut donc choisir entre la résolution spatiale et la résolution angulaire. Ceci revient donc à choisir entre acquérir un nombre moyen de volumes 3D à haute résolution spatiale contre un nombre plus élevé de volumes, mais ayant une résolution spatiale inférieure (CALABRESE et al. 2014). Un autre facteur important est l’augmentation

2.4. ALGORITHMES DE DÉBRUITAGE SPÉCIFIQUES À L'IRM

du temps de répétition (TR) minimal de chaque volume, c'est à dire le temps laissé aux tissus pour se démagnétiser entre deux volumes 3D. À titre d'exemple (voir l'annexe A.6), le TR requis pour une acquisition à 1.2 mm est de 18.9 s, alors que le TR pour la même acquisition à 1.9 mm est de 11.1 s, en utilisant la même antenne réceptrice possédant 32 canaux et des gradients de 45 mT/m. Le temps d'écho (TE) se retrouve aussi légèrement augmenté, étant de 63 ms à 1.9 mm et de 104 ms à 1.2 mm. En plus de comporter plus de données, le temps entre l'acquisition de deux volumes 3D est donc plus élevé, ce qui signifie dans cet exemple qu'en 12 minutes il est possible d'acquérir 40 volumes 3D à 1.2 mm ou 64 volumes 3D à 1.9 mm.

La section 1.2 présentait les inconvénients liés aux longues acquisitions d'IRM. Dans le cas où le mouvement du patient est évident durant de longues acquisitions et le SNR trop faible, il pourrait être difficile de bien recalibrer les images d'IRM de diffusion entre elles. Il faut aussi mentionner la diminution du signal à mesure que les voxels deviennent plus fins, ce qui contribue aussi à l'augmentation du biais du bruit. C'est d'ailleurs ce dernier point qui est discuté dans les deux prochaines sections, où on présente diverses techniques de débruitage pour réduire ce biais, en plus du résultat principal apporté par ce mémoire. L'annexe A.6 montre d'ailleurs qu'il est possible d'obtenir des acquisitions ayant une résolution spatiale qualitativement similaire au HCP en moins de temps sur un scanner IRM disponible commercialement. Même si la résolution angulaire est moindre, il est néanmoins possible d'obtenir l'information nécessaire grâce au débruitage, ce qui indique qu'il serait possible d'obtenir des images à haute résolution spatiale de façon clinique sans devoir utiliser de nouvelles séquences ou un scanner plus puissant.

2.4 Algorithmes de débruitage spécifiques à l'IRM

Cette section présente désormais les trois algorithmes de débruitage auxquels est comparé le nouvel apport de ce mémoire. On y retrouve ainsi un algorithme basé sur

CHAPITRE 2. AUGMENTER LA RÉOLUTION SPATIALE DES ACQUISITIONS D’IRM

le NLMMeans, soit le *Adaptive Optimized Non Local Means* (MANJÓN et al. 2010a) (AONLM), le *Local Principal Component Analysis* (MANJÓN et al. 2013) (LPCA), qui est basé sur une décomposition en composantes principales locale et le *multi-shell Position-Orientation Adaptive Smoothing* (BECKER et al. 2014) (msPOAS), qui est conçu pour tirer parti des données contenant plusieurs *b-value*. Finalement, la section 2.5 est entièrement dédiée au nouvel algorithme présenté dans ce mémoire, l’algorithme *Non Local Spatial and Angular Matching* (NLSAM)¹. L’algorithme NLSAM se base sur les principes du *block matching* et du *dictionary learning* pour exploiter la redondance angulaire des données d’IRM de diffusion. L’algorithme gère aussi bien le biais du bruit Ricien et $nc-\chi$ à l’aide de la stabilisation de (KOAY et al. 2009a).

Chaque algorithme est validé sur un jeu de données synthétiques et une acquisition à haute résolution spatiale pour en démontrer les points forts et les faiblesses au chapitre 3. La table 2.1 illustre une comparaison des divers cas couverts par les différents algorithmes. La figure 2.7 montre les données réelles qui seront mises au test par chacun des algorithmes. Cette acquisition est composée d’une image $b = 0$ s/mm² et de 40 volumes de diffusion à $b = 1000$ s/mm² à une résolution spatiale de $1.2 \times 1.2 \times 1.2$ mm³, TR / TE = 18.9 s / 104 ms, gradient de 45 mT / m sur un scanner 3T Philips Ingenia. Une reconstruction (facteur d’accélération R = 2) avec l’algorithme SENSE a été utilisée, générant ainsi une distribution de bruit spatialement variable de type Ricienne pour un temps total d’acquisition de 13 minutes.

Type de bruit		AONLM	LPCA	msPOAS	NLSAM
Stationnaire	Ricien	✓	✓	✓	✓
	$nc-\chi$	X	X	✓	✓
Spatialement variable	Ricien	✓	✓	X	✓
	$nc-\chi$	X	X	X	✓
Conçu pour le 4D		X	✓	✓	✓

tableau 2.1 – Capacité de débruitage des algorithmes comparés. Seul l’algorithme NLSAM couvre à la fois le cas du bruit spatialement variable et le biais $nc-\chi$.

1. Merci à Maxime Chamberland pour avoir suggéré l’acronyme de l’algorithme, bien que la signification soit de moi-même.

2.4. ALGORITHMES DE DÉBRUITAGE SPÉCIFIQUES À L'IRM

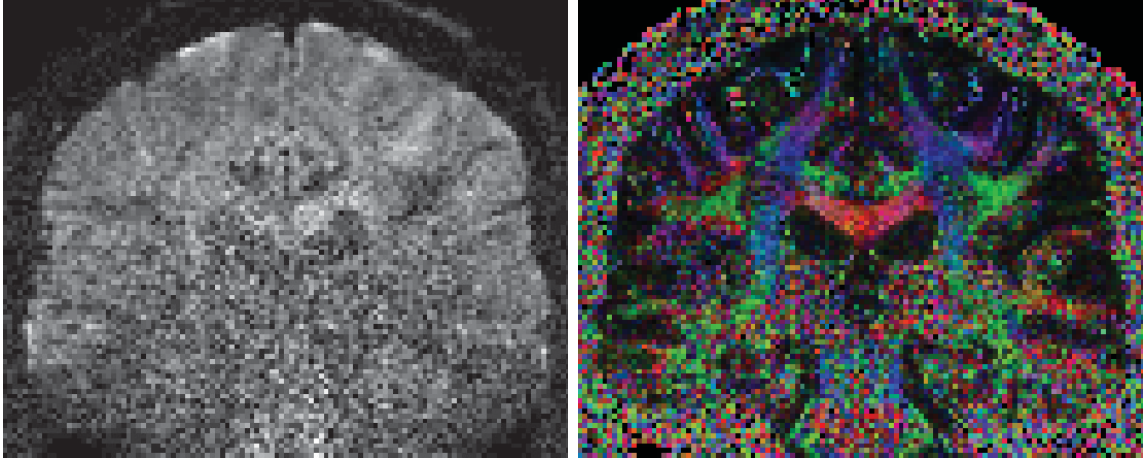


figure 2.7 – Données brutes pondérée en diffusion et carte RGB pour ces dernières, telles que produites par le scanner IRM. Ce jeu de données a par la suite été traité avec les algorithmes de débruitage présentés au fil de cette section pour relever leur habileté à travailler sur une acquisition réelle présentant un haut niveau de bruit.

2.4.1 Algorithme *Adaptive Optimized Non Local Means*

L'algorithme AONLM (MANJÓN et al. 2010a) est une extension pour l'IRM de la version originale présentée par (BUADES et al. 2005). Cette version possède un facteur de correction pour le bruit Ricien basé sur (KOAY et BASSER 2006) et s'adapte localement selon la variance du bruit σ^2 en utilisant l'équation 2.5.

$$\sigma^2 = \min ||u(N_i) - u(N_j)||_2^2, \quad \forall i \neq j, \quad (2.5)$$

où $u(N_i)$ est un patch bruitée venant d'une carte du bruit, obtenue en soustrayant l'image originale à elle-même après avoir appliqué un filtre passe-bas. Le bruit ainsi obtenu est ensuite régularisé avec un filtre passe-bas à nouveau et le facteur de correction Ricien de (KOAY et BASSER 2006) est appliqué pour obtenir l'estimation finale $\sigma_G^2 = \sigma^2 / \xi(\eta/\sigma, 1)$. L'algorithme étant conçu à la base pour l'IRM structurale, son extension naturelle pour l'IRM de diffusion consiste à appliquer l'algorithme sur chacun des volumes 3D de façon séparée. Le seul paramètre à fournir par l'utilisateur est ainsi la taille 3D des patches et la taille du voisinage de recherche, où il est suggéré d'utiliser une taille de patch de $3 \times 3 \times 3$ avec un voisinage de taille $11 \times 11 \times 11$. L'annexe C

présente trois soumissions pour le *ISBI HARDI challenge 2012*², où AONLM a été utilisé avec succès pour remporter la 1^{re} place pour la catégorie DTI et HARDI ainsi que la 2^e place pour la catégorie *Heavyweight* du concours. La figure 2.8 présente le résultat du débruitage avec AONLM sur l’acquisition réelle présentée précédemment.

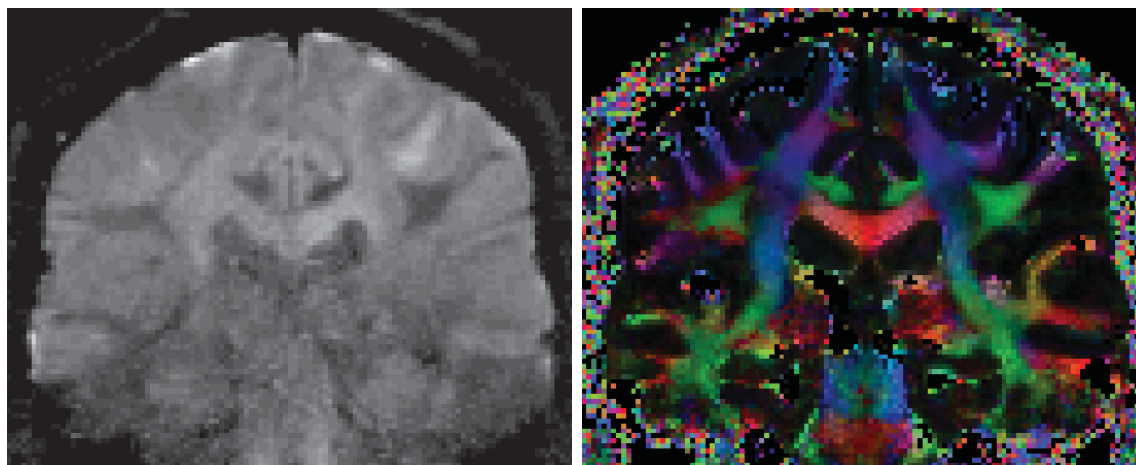


figure 2.8 – Données brutes et carte RGB débruitées avec AONLM. Bien que AONLM ne soit pas conçu explicitement pour l’IRM de diffusion, la méthode s’adapte bien au cas présent de bruit spatialement variable Ricien. Néanmoins, le facteur de correction employé par AONLM tronque les données sous un certain seuil, ce qui se traduit par des trous dans la carte RGB près du centre de l’image, là où le bruit est le plus fort. Néanmoins, l’algorithme récupère la plupart des détails dans les régions peu bruitées, mais présente encore des résidus sur l’image brute résultante.

2.4.2 Algorithme *Local Principal Component Analysis*

L’algorithme LPCA (MANJÓN et al. 2013) repose sur un seuillage des valeurs propres provenant des composantes principales locales. Pour chaque bloc 3D se chevauchant dans le volume 4D, une analyse en composante principale est effectuée sur le profil 4D du bloc et les valeurs propres sous le seuil de $2.3\sigma^2$ sont tronquées à zéro. La détection de la variance se base sur une carte de bruit obtenue en reconstruisant l’image à partir de la plus faible valeur propre, celle-ci étant considérée comme contenant uniquement du bruit. Le facteur de correction Ricien de (KOAY et BASSER 2006)

2. http://hardi.epfl.ch/static/events/2013_ISBI/testing_data.html

2.4. ALGORITHMES DE DÉBRUITAGE SPÉCIFIQUES À L'IRM

est encore une fois utilisé pour retrouver la valeur non biaisée de la variance. Une fois débruité, chaque bloc est recombinaé en utilisant une moyenne pondérée telle que

$$\hat{x}_i = \frac{\sum_{j=1}^V \theta_j \hat{x}_i(j)}{\sum_{j=1}^V \theta_j}, \quad \theta_j = \frac{1}{1 + \|\hat{D}_j\|_0},$$

où \hat{x}_i est la valeur finale d'un voxel ayant plusieurs représentations se chevauchant $\hat{x}_i(j)$ dans un voisinage V et $\|\hat{D}_j\|_0$ dénote la norme ℓ_0 (c'est à dire le nombre d'éléments non nuls) du bloc. Chaque bloc est donc recombinaé selon sa sparsité, où un nombre plus élevé de coefficients signifie que le bloc courant est plus bruité et aura une contribution plus faible dans l'estimation finale de \hat{x}_i . La figure 2.9 montre le résultat du débruitage avec LPCA sur les données réelles présentées précédemment.

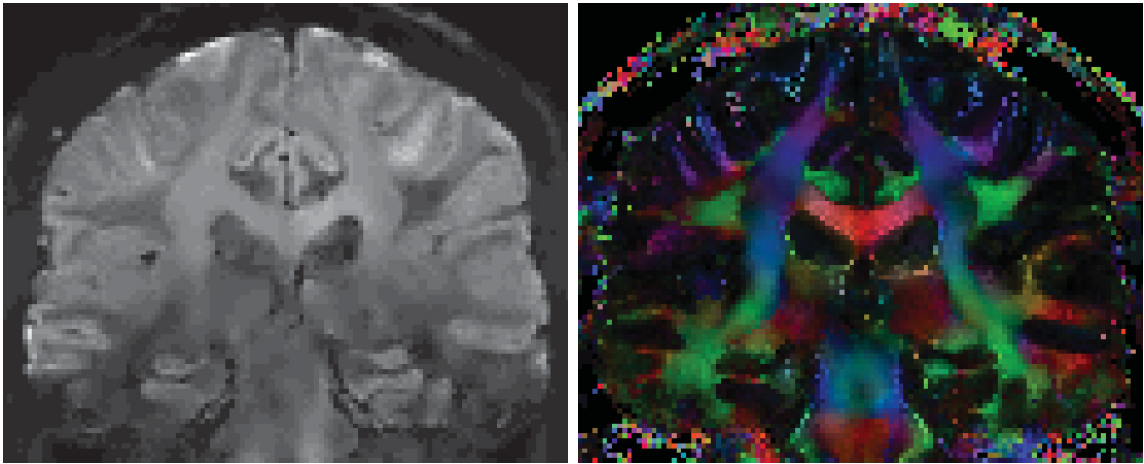


figure 2.9 – Données de diffusion et carte RGB pour l'acquisition réelle haute résolution débruitée avec LPCA. L'image brute ne présente presque plus de bruit, mais la région vers le bas de l'image semble un peu floue. Ceci se traduit d'ailleurs sur la carte RGB par un flou excessif dans la région du pont de Varole, ce qui laisse à croire que LPCA pourrait être trop agressif dans le seuillage local effectué.

2.4.3 Algorithme *multi-shell Position-Orientation Adaptive Smoothing*

L’algorithme msPOAS (BECKER et al. 2014) gère à la fois le bruit Ricien et $nc-\chi$, mais ne corrige pas le biais introduit par ceux-ci pour autant. La méthode utilise une estimation basée sur l’histogramme de l’image pour estimer la variance du bruit de façon globale selon l’arrière plan. Toutefois, c’est aussi la seule méthode conçue pour tirer avantage explicitement des données d’IRM de diffusion qui possèdent plusieurs *b-value*. Par contre, ce genre de données n’est pas encore répandu dans les acquisitions cliniques et appartient encore au monde de la recherche. La méthode se base sur une moyenne pondérée en utilisant l’intensité des voxels sur un niveau 4D selon la divergence de Kullback-Leibler. La figure 2.10 présente le résultat du débruitage avec msPOAS sur le même jeu de données que montré précédemment.

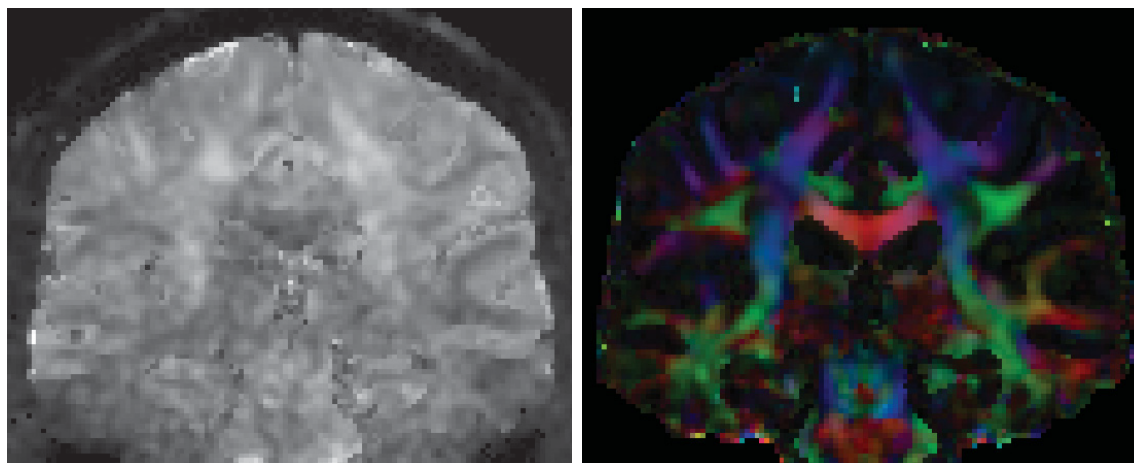


figure 2.10 – Donnée à haute résolution spatiale débruitée avec msPOAS et la carte RGB correspondante. Bien que les données brutes elles-mêmes semblent un peu floues, la carte RGB reconstruite ne présente presque aucun artefact. Même si msPOAS n’est pas spécifiquement adaptatif comme les algorithmes précédents, l’algorithme parvient néanmoins à retirer la majeure partie du bruit et à récupérer de bons contrastes bien définis vers le centre de l’image ou entre le corps calleux et les ventricules.

2.5 *Algorithm Non Local Spatial and Angular Matching*

Cette section présente maintenant la solution apportée par ce mémoire, soit l’algorithme de débruitage *Non Local Spatial and Angular Matching* (NLSAM). Couplé à une acquisition à haute résolution spatiale, l’algorithme de débruitage présenté permet de retrouver le signal d’origine, qui est déjà à haute résolution spatiale, en tirant profit de la similitude en terme de profil 3D et 4D des données acquises. L’algorithme NLSAM se base sur le principe du *block matching* tel que présenté à la section 2.1.2 et utilise le *sparse coding* (voir section 2.1.3) pour seuiller les blocs. Puisque les données d’IRM de diffusion possèdent une similarité en terme de voisins angulaires (voir figure 2.11), les blocs sont formés à partir de l’image b_0 , d’un patch et de ses voisins angulaires sur la sphère. De plus, la nature spatialement variable du bruit est prise en compte grâce à l’algorithme de stabilisation de la variance de (KOAY et al. 2009a), en plus de considérer le biais introduit par le cas général du bruit $nc-\chi$. Ces propriétés en font (à ce jour) le seul algorithme de débruitage spécialement conçu pour l’IRM de diffusion pouvant gérer toutes les possibilités statistiques rencontrées en terme de bruit. Le chapitre 3 porte d’ailleurs sur la version article de conférence de l’algorithme NLSAM ainsi que ses applications.

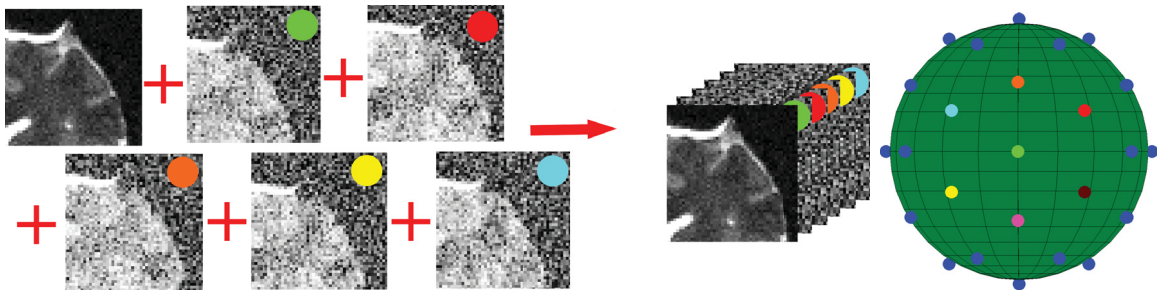


figure 2.11 – Gauche : Un bloc est composé de l’image b_0 , d’un volume de diffusion et de ses voisins angulaires. Droite : Disposition de voisins angulaires équidistants sur la sphère.

2.5.1 Stabilisation locale de la variance

Afin d’utiliser les méthodes basées sur les moindres carrés comme l’équation 2.2, le bruit doit être homoscédastique (c’est à dire que les variables aléatoires ont la même variance) et suivre une loi normale $\mathcal{N}(\mu, \sigma^2)$. Puisque la loi nc- χ est obtenue à partir d’une somme de lois normales au carré (voir l’équation 2.6), où N est le nombre d’antennes du récepteur et $N = 1$ si l’algorithme de reconstruction SENSE est utilisé. Il est important de noter que la loi nc- χ est donc une version plus générale de la loi Ricienne.

$$\sqrt{\sum_{i=0}^N \sum_{j=0}^N \epsilon_i^2 + \epsilon_j^2}, \quad \text{où } \epsilon_i, \epsilon_j \sim \mathcal{N}(0, \sigma_G^2) \quad (2.6)$$

Puisque les variables aléatoires de l’équation 2.6 sont supposées indépendantes, mais ayant la même variance σ_G^2 , il est possible de trouver la valeur de σ_G^2 si on connaît N . Pour ce faire, (KOAY et al. 2009b) suggèrent l’algorithme *Probabilistic Identification and Estimation of Noise* (PIESNO) pour trouver automatiquement à la fois les voxels étant composés uniquement de bruit et σ_G^2 . Comme ceux-ci ont un profil 4D relativement similaire, PIESNO utilise l’information des quantiles pour trouver les voxels ayant une intensité similaire sur leur profil 4D. Si ces voxels sont uniquement composés de bruit, leur intensité est donc complètement indépendante du gradient de diffusion appliqué. Comme la méthode fonctionne sur des plans 2D tout en utilisant le profil 4D, il est possible d’obtenir une valeur de σ_G^2 pour chaque tranche du volume 3D. Une implémentation en python est disponible à l’annexe D.1. Il en résulte donc une estimation qui varie spatialement et est adaptée spécifiquement à chaque image. Une hypothèse importante de PIESNO est toutefois que l’image possède un bruit stationnaire au niveau d’une tranche. Cette hypothèse n’est entre autres pas respectée si le scanner masque artificiellement le fond de l’image puisque dans ce cas les seuls voxels non nuls contiennent des tissus, et non du bruit. La figure 2.12 illustre les voxels identifiés de façon complètement automatique par PIESNO sur une image de diffusion de moelle épinière.

Dans les cas où PIESNO ne peut être utilisé, une approche similaire à l’équation 2.5 est utilisée pour NLSAM afin de trouver σ_G^2 . Basée sur la variance locale du

2.5. ALGORITHME *Non Local Spatial and Angular Matching*

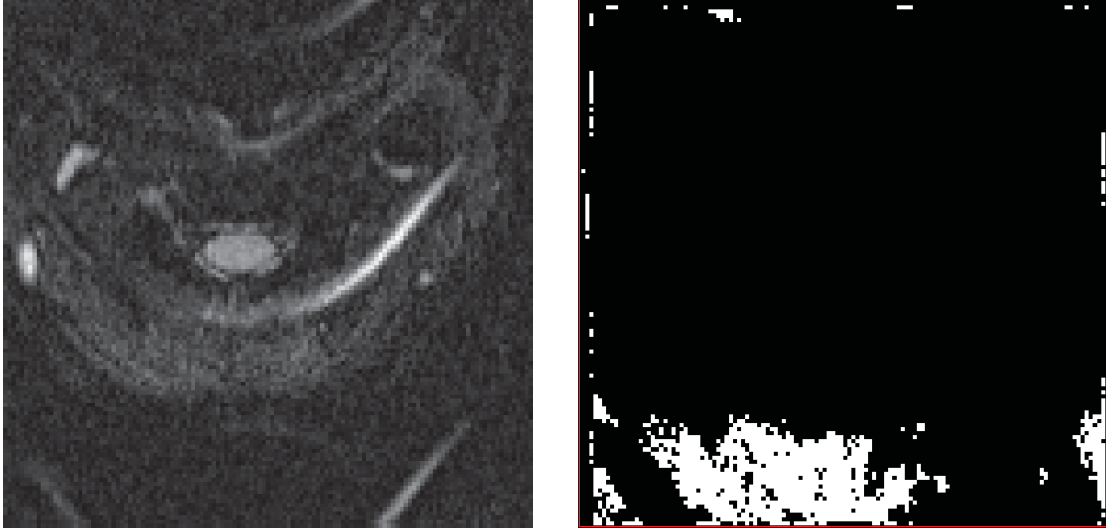


figure 2.12 – IRM de diffusion de la moelle épinière. Gauche : Une image pondérée en diffusion pour une direction donnée. Bien que l’abdomen accapare la majorité de l’image, certains voxels sont composés uniquement de bruit. Droite : Voxels identifiés par PIESNO comme étant uniquement du bruit, dû au fait qu’aucun tissu ne leur fournit un signal caractéristique.

bruit et du facteur de correction de (KOAY et BASSER 2006) pour le cas plus général du bruit $nc\text{-}\chi$, l’équation 2.7 calcule l’écart-type local du bruit.

$$\sigma_\chi = std(u(N_i) - u(N_j)), \forall i \neq j, \quad (2.7)$$

Cette valeur de σ_χ est toutefois biaisée et plus faible que la valeur σ_G^2 désirée. (KOAY et BASSER 2006) propose donc un facteur de correction pouvant être appliqué à chaque voxel tel que $\sigma_G^2 = \sigma_\chi^2 / \xi(\eta/\sigma_\chi, N)$ où

$$\xi(\eta|\sigma_\chi, N) = 2N + \frac{\eta^2}{\sigma_\chi^2} - \left[\beta_N {}_1F_1(-0.5, N, -\eta^2/(2\sigma_\chi^2)) \right]^2,$$

$$\beta_N = \sqrt{\pi/2} \left(\frac{(2N-1)!!}{2^{N-1}(N-1)!} \right)$$

et η est la valeur du voxel courant, ${}_1F_1$ est la fonction de Kummer.

Puisque le bruit est supposé i.i.d. parmi les volumes 3D de diffusion, un filtre

médian est appliqué pour obtenir une seule valeur par voxel. Finalement, le facteur de correction de (KOAY et BASSER 2006) est appliqué tel que

La figure 2.13 montre des données réelles bruitées selon une loi Ricienne, la carte de la variance obtenue avec l’équation 2.7 et la version après stabilisation de ces dernières. Le calcul de la variance locale est implémenté en python, où le code est présenté à l’annexe D.2.

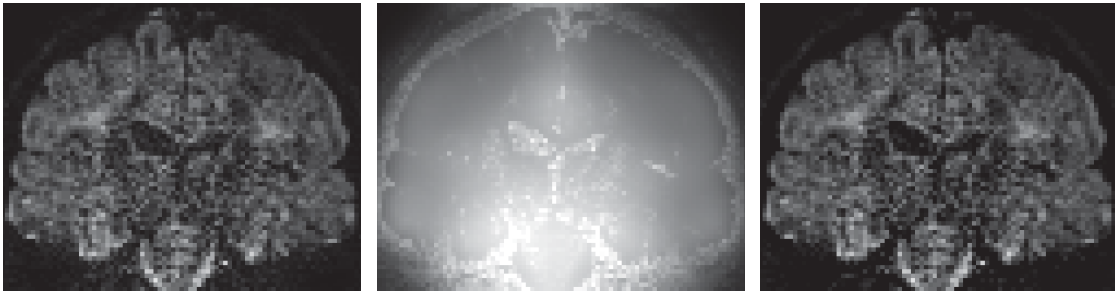


figure 2.13 – IRM de diffusion et sa version stabilisée. Gauche : Une image pondérée en diffusion pour une direction donnée. Milieu : Carte de la variance du bruit calculée avec l’équation 2.7. Droite : Même image qu’à gauche, mais après la stabilisation de (KOAY et al. 2009a) avec $N = 1$. Plus le voxel est éloigné de l’antenne réceptrice, plus le niveau de bruit est élevé, comme démontré par la valeur de variance qui est plus élevée vers le bas de l’image. Il est aussi important de noter que l’algorithme de stabilisation donne en sortie des données distribuées selon une loi normale qui sont toujours bruitées, mais celles-ci respectent désormais les hypothèses statistiques de Gaussianité.

Une fois σ_G^2 connu, il est possible d’utiliser des approches de stabilisation de la variance pour transformer le bruit Ricien (FOI 2011) ou nc- χ (KOAY et al. 2009a) en bruit suivant une loi normale. C’est d’ailleurs cette dernière approche plus générale qui sera favorisée pour l’algorithme NLSAM. La figure 2.14 illustre l’effet de la stabilisation sur les voxels identifiés comme étant du bruit de la figure 2.12. Le principe de stabilisation de la variance repose sur l’hypothèse de variance égale pour toutes les antennes de réception telle que formulée à l’équation 2.6. Étant donnée l’intensité i d’un voxel, le nombre d’antennes N et la variance locale du bruit σ_G^2 , il est possible de trouver le paramètre de non-centralité η et la probabilité α associée à l’observation de la valeur i provenant de la loi nc- $\chi_N(\eta, \sigma^2)$. En supposant que la distribution

2.5. ALGORITHME *Non Local Spatial and Angular Matching*

ayant généré i est une loi normale, il suffit de regarder ensuite la valeur \hat{i} donnée par la fonction de répartition associée à la probabilité α de la loi normale $\mathcal{N}(\eta, \sigma^2)$. La valeur ainsi observée \hat{i} est la nouvelle valeur bruitée de l'image pour ce voxel. Ce processus est ainsi répété pour chaque voxel de l'image. Le résultat sera une image bruitée, mais suivant plutôt une loi normale au lieu d'une loi nc- χ .

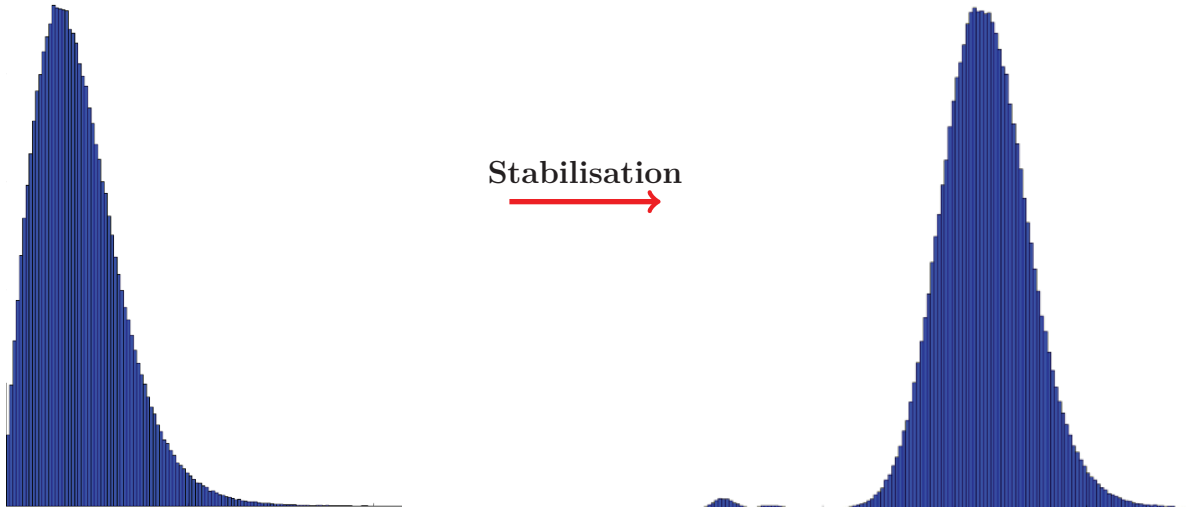


figure 2.14 – Stabilisation de données suivant une loi Ricienne en loi Normale. Gauche : La distribution des voxels identifiés à la figure 2.12 suit une loi Ricienne comme le montre leur histogramme. Droite : Une fois stabilisée, la distribution résultante suit désormais une loi Normale, ce qui respecte l'hypothèse des résidus pour les principes théoriques statistiques bien connus.

D'un point de vue plus mathématique, la densité de probabilité d'une variable nc- χ est donnée par

$$p_{\chi}(m|\eta, \sigma_g, N) = \frac{m^N}{\sigma_g^2 \eta^{N-1}} \exp\left(\frac{-(m^2 + \eta^2)}{2\sigma_g^2}\right) I_{N-1}\left(\frac{m\eta}{\sigma_g^2}\right) \quad (2.8)$$

et la fonction de répartition est donnée par

$$P_{\chi}(\alpha|\eta, \sigma_g, N) = \int_0^{\alpha} p_{\chi}(m|\eta, \sigma_g, N) dm, \quad (2.9)$$

où m est le signal bruité suivant une loi nc- χ , η la valeur (inconnue) du signal non

bruité, σ_g l’écart-type du bruit suivant une loi normale et I_k la fonction de Bessel modifiée d’ordre k .

Étant donné un estimé de σ_G et η , il est donc possible de trouver l’équivalent d’un signal bruité nc- χ dans sa version bruitée suivant une loi normale. η peut être trouvé pour chaque voxel à l’aide de la formule du point fixe présentée à l’équation 2.10 (KOAY et al. 2009b).

$$\eta = \sqrt{\langle m \rangle^2 + [\xi(\eta|\sigma_g, N) - 2N]\sigma_g^2}, \quad (2.10)$$

où $\langle m \rangle$ est le premier moment d’une loi nc- χ .

Une fois σ_G et η trouvés pour chaque voxel, le signal original bruité m suivant une loi nc- χ peut être associé à un signal bruité g suivant une loi normale. Pour ce faire, la composition de la fonction inverse de répartition d’une loi normale avec la fonction de répartition d’une loi nc- χ (voir l’équation 2.9) donne la valeur finale tel que $g = P_G^{-1}(P_\chi(m|\eta, \sigma_g, N)|\eta, \sigma_g)$, où $P_G^{-1}(y|\eta, \sigma_g) = \eta + \sigma_g\sqrt{2}\text{erf}^{-1}(2y - 1)$ est la fonction inverse de répartition d’une loi normale et erf^{-1} l’inverse de la fonction d’erreur de Gauss.

L’annexe D.3 illustre une implémentation en cython de l’algorithme de stabilisation (KOAY et al. 2009a). De plus, une version libre des algorithmes en annexe est incluse avec l’algorithme NLSAM et sera incluse dans la librairie dipy (www.dipy.org) éventuellement. Pour l’instant, une version est disponible sur github (<https://github.com/samuelstjean/nlsam>).

2.5.2 *Sparse coding* itératif pour l’IRM de diffusion

Bien que l’équation 2.2 permette de trouver \mathbf{D} et α en même temps, il est possible de contraindre la fonction objectif pour respecter les propriétés physiques du signal d’IRM de diffusion. Puisque le signal mesuré est toujours positif, il est judicieux d’imposer la positivité de \mathbf{D} et des coefficients $\alpha = [\alpha_1, \dots, \alpha_n]$ (GRAMFORT et al.

2.5. ALGORITHME *Non Local Spatial and Angular Matching*

2014). De plus, une fois \mathbf{D} connu, il existe des algorithmes itératifs spécialisés avec contraintes de type ℓ_1 pour trouver les coefficients α (DAUBECHIES et al. 2010; ZOU 2006; CANDÈS et al. 2008). Une formulation alternative pour trouver les coefficients des vecteurs α_i selon la reconstruction $x_i = \mathbf{D}\alpha_i$ est

$$\min_{\alpha} \|w_j \alpha\|_1 \text{ s. à. } \frac{1}{2} \|x_i - \mathbf{D}\alpha_i\|_2^2 \leq \lambda_i, \quad \alpha \geq 0 \quad (2.11)$$

où $\lambda_i = \sigma_G^2$ la variance locale du bruit pour x_i et $w_j = \|x_j - x_{j-1}\|_1$ est une pondération pénalisant les coefficients α_i basée sur la différence de la reconstruction x_i entre l'itération j et $j - 1$. L'intérêt principal d'utiliser une formulation alternative à l'équation 2.2 vient du fait l'optimisation itérative permet de trouver une solution avec une norme ℓ_0 plus petite tout en adaptant le problème localement pour chaque x_i selon la variance locale σ_G . Ainsi, avec l'hypothèse que le signal d'intérêt $x_i = \mathbf{D}\alpha_i$ est *sparse* dans le dictionnaire \mathbf{D} , un faible nombre de coefficients α_i est nécessaire pour le reconstruire, le reste de ceux-ci servant à modéliser le bruit. Bien que similaire à l'équation 2.2, l'équation 2.11 permet de trouver chaque vecteur α_i tout en bornant l'erreur de reconstruction ℓ_2 localement pour chaque bloc x_i . Pour ce faire, il suffit de poser $\lambda_i = \sigma_G^2$ puisque la minimisation en norme ℓ_2 fait l'hypothèse que les résidus suivent une loi normale $\mathcal{N}(0, \sigma^2)$. Les détails algorithmiques sont présentés en profondeur à la section 3.3.

2.5.3 *Algorithme Non Local Spatial and Angular Matching*

En rassemblant les éléments des sections précédentes, il est désormais possible de construire l'algorithme NLSAM en trois grandes étapes.

1. Corriger le biais du bruit.
2. Trouver les voisins angulaires pour chaque volume 3D de diffusion.
3. Appliquer un débruitage itératif et local sur chaque sous-ensemble de voisins.

CHAPITRE 2. AUGMENTER LA RÉOLUTION SPATIALE DES ACQUISITIONS D’IRM

Étape 1. Le biais du bruit est d’abord corrigé en utilisant PIESNO (KOAY et al. 2009b) et la stabilisation de la variance de (KOAY et al. 2009a).

Étape 2. Pour chaque volume de diffusion, identifier les voisins angulaires. L’information locale 4D est donc encodée dans un même bloc tel qu’illustré à la figure 2.11.

Étape 3. Calculer \mathbf{D} avec l’équation 2.2 et trouver α_i pour chaque bloc x_i avec l’équation 2.11. Chaque bloc sera débruité en reconstruisant seulement la structure commune à celui-ci en bornant l’erreur ℓ_2 selon $\|x_i - \mathbf{D}\alpha_i\|_2^2 < \sigma_G^2$. Ceci a pour effet de réduire le niveau de bruit optimalement pour chaque bloc, puisque celui-ci est distribué aléatoirement et ne respecte donc aucun critère de similitude par construction.

Cette troisième étape est répétée pour chaque volume 3D de diffusion. Comme les volumes seront débruités plusieurs fois (ceux-ci seront les voisins angulaires de différents volumes tout au long de l’algorithme), le résultat final est la moyenne de chacun des blocs débruités. La figure 2.15 illustre le résultat de l’algorithme NLSAM sur les données à haute résolution spatiale présentées précédemment avec les autres algorithmes de débruitage. Le pseudo-code de NLSAM est présenté à l’algorithme 2.1 une implémentation Python est aussi disponible en version complète sur github (<https://github.com/samuelstjean/nlsam>) et dans un avenir rapproché à l’intérieur de dipy (www.dipy.org).

2.5. ALGORITHME *Non Local Spatial and Angular Matching*

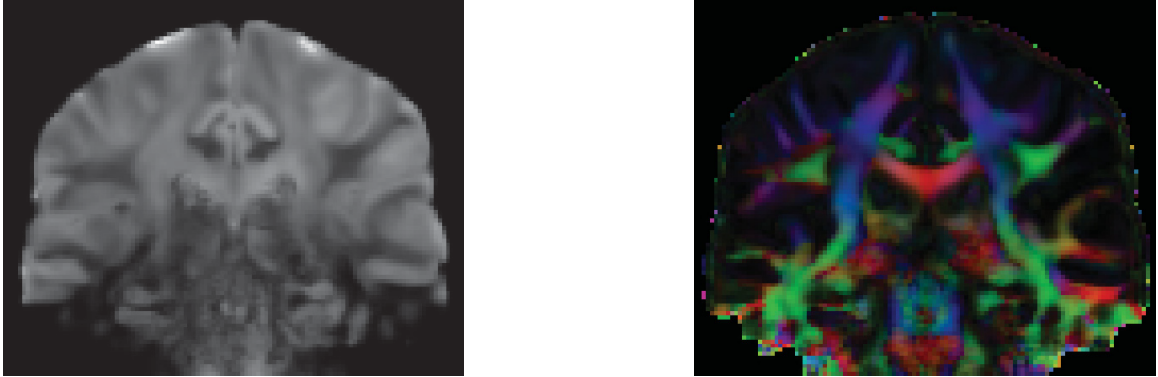


figure 2.15 – Données et carte RGB débruitées cette fois-ci avec l’algorithme NLSAM. Comme l’algorithme est spatialement adaptatif et corrige le biais du bruit, cela permet d’enlever majoritairement le bruit de l’image. Entre autres, la région du pont de Varole présente des détails anatomiques qui sont absents sur les autres données comparées. L’algorithme récupère aussi les détails au centre de l’image, pratiquement absents sur l’acquisition originale ou flou sur les autres données débruitées.

Algorithme 2.1: L’algorithme NLSAM.

Données: Données d’IRM de diffusion 4D, n = nombre de voisins angulaires,
 m = taille d’un patch spatial, N = Nombre d’antennes réceptrices

Résultat: Données débruitées avec NLSAM

Étape 1;

Trouver σ avec PIESNO ou l’équation (2.7);

Appliquer la stabilisation de la variance avec σ et N ;

pour chaque *Volume 3D dans Données de diffusion* **faire**

Étape 2;

 Trouver les n plus proches voisins angulaires;

 Créer bloc 4D avec la b_0 , Volume 3D et les n voisins;

 Extraire toutes les patches se chevauchant de taille (m, m, m) ;

Étape 3;

 Appliquer l’équation (2.2) pour trouver \mathbf{D} ;

 Itérer l’équation (2.11) pour trouver α_i localement;

 Retour à la taille normale;

fin

pour chaque *Volume 3D dans Données de diffusion débruitées* **faire**

 Moyenner Volume 3D identiques;

fin

2.6 Conclusion

Différentes approches pour augmenter la résolution spatiale des acquisitions d'IRM ont été présentées dans ce chapitre. Bien que l'attrait des techniques de super-résolution soit présent, la plupart d'entre elles demandent des acquisitions spéciales ou des modifications aux protocoles utilisés cliniquement. De plus, ces techniques nécessitent un recalage adéquat pour pouvoir en tirer le maximum, ce qui revient à dire que les méthodes dépendent aussi de la qualité du recalage. Comme il est usuel d'acquérir une image de pondération T1, une technique multimodale pourrait être intéressante, excepté qu'aucun algorithme adapté spécifiquement à l'imagerie de diffusion ne semble exister présentement. Les techniques de débruitage proposent une alternative intéressante puisqu'elles peuvent être utilisées sur toutes les données déjà existantes. De plus, il est relativement aisé de modifier les séquences existantes pour acquérir des voxels plus fins. Et rien n'empêche *a priori* de jumeler une acquisition haute résolution débruitée à une technique de super-résolution utilisant une seule image pour augmenter davantage la résolution spatiale des données de diffusion par la suite.

The saddest aspect of life right now
is that science gathers knowledge
faster than society gathers wisdom.

Isaac Asimov

Chapitre 3

Non Local Spatial and Angular Matching : Un nouvel algorithme de débruitage pour l'IRM de diffusion

Résumé

L'article intitulé *Non Local Spatial and Angular Matching : a new denoising technique for diffusion MRI* présente un nouvel algorithme que j'ai développé pour le débruitage des données d'IRM de diffusion. Le biais du bruit Ricien et $nc\text{-}\chi$ aussi bien que le bruit stationnaire et variant spatialement sont considérés par une approche statistique (KOAY et al. 2009a). De plus, l'algorithme est développé spécifiquement pour utiliser l'aspect 4D des données d'IRM de diffusion afin de débruiter conjointement les voisins ayant une similarité spatiale et angulaire. En combinant le principe du *block matching* (DABOV et al. 2007) et du *sparse coding* (MAIRAL et al. 2009c),

il est possible de trouver une représentation moins bruitée du signal d'origine en utilisant l'information locale disponible. La méthode est validée sur un jeu de données synthétique et une acquisition *in-vivo* à haute résolution spatiale. Des données provenant du HCP sont aussi montrées comme référence anatomique. L'algorithme présenté est supérieur aux autres méthodes comparées et permet d'obtenir plus de détails anatomiques avec le débruitage, tout en gardant le même temps d'acquisition qu'un jeu de données clinique. Cet article montre qu'il est désormais possible d'acquérir des données à une haute résolution spatiale, malgré le niveau de bruit élevé lorsqu'aucun post-traitement n'est effectué. Ceci pourrait en effet contribuer à révéler de nouvelles informations anatomiques qui ne sont pas disponibles à la résolution spatiale présentement utilisée par la communauté d'IRM de diffusion.

Contributions

- i) Développement d'un nouvel algorithme de débruitage adapté spécifiquement à l'IRM de diffusion prenant en compte le bruit non stationnaire Ricien et Chi non centré.
- ii) Comparaison quantitative de deux autres méthodes de débruitage sur des métriques perceptuelles et d'IRM de diffusion.
- iii) Analyse de l'impact du débruitage sur l'orientation locale à l'aide d'une acquisition *in-vivo* à haute résolution spatiale.

Commentaires

L'article a été soumis à la prestigieuse conférence *Information Processing in Medical Imaging 2015 (IPMI'15)*, ayant lieu tous les deux ans et avec un taux d'acceptation d'environ 10%.

Non Local Spatial and Angular Matching : a new denoising technique for diffusion MRI

Samuel St-Jean

Computer Science Department,
Université de Sherbrooke,
Sherbrooke, Québec, Canada J1K 2R1

Maxime Descoteaux

Computer Science Department,
Université de Sherbrooke,
Sherbrooke, Québec, Canada J1K 2R1

Keywords: Diffusion MRI, Denoising, Block matching, Dictionary learning.

Abstract

Diffusion weighted images datasets suffer from low Signal-to-Noise Ratio (SNR), especially at high b-values. High noise levels introduce a bias in the measurements due to the non Gaussian nature of the noise, which in turn can lead to a false and biased estimation of the diffusion parameters. Additionally, the usage of in-plane acceleration techniques during the acquisition leads to a spatially varying variance of the noise distribution. This paper proposes a novel diffusion MRI denoising technique based on dictionary learning and sparse coding. We first apply a statistical framework to convert non central Chi distributed noise to Gaussian distributed noise, effectively removing the bias. We then introduce the Non Local Spatial and Angular Matching (NLSAM) denoising technique, which constructs a dictionary of atoms amongst similar diffusion weighted images in a data-driven manner which adapts to spatially varying noise. Each volume is first decomposed in

CHAPITRE 3. ALGORITHME *Non Local Spatial and Angular Matching*

small 4D overlapping patches, thus capturing the spatial and angular structure of the data, and a dictionary of atoms is learned on those patches. A local sparse decomposition is then found with a penalization on the local noise variance. This effectively reconstructs the data by locally adapting to the noise level by minimizing the number of atoms used. We compare against other state-of-the-art denoising methods and show quantitative results on a synthetic phantom and qualitative results on an *in-vivo* acquisition. Overall, our method restores perceptual information, removes the noise bias in common diffusion metrics and restores crossing fibers regions.

3.1 Introduction

Diffusion magnetic resonance imaging (diffusion MRI) is an imaging technique that allows probing microstructural features of the white matter architecture of the brain. Due to the imaging sequence used, the acquired images have an inherently low signal-to-noise ratio (SNR), especially at high b-values. Acquiring data at high b-values contains relevant information and is now of great interest for connectomics studies. High noise levels bias the measurements because of the non Gaussian nature of the noise, which in turn can lead to a false and biased estimation of the diffusion parameters. Furthermore, the usage of in-plane acceleration techniques, such as sensitivity-encoded MRI (SENSE) or the generalized autocalibrating partially parallel acquisition (GRAPPA), produces a spatially varying noise distribution (Dietrich et al. 2008) (see Fig. 3.2). This impacts on the scalar metrics level (e.g. fractional anisotropy (FA), apparent diffusivity coefficient), in the fitting of various diffusion models (e.g. diffusion tensor imaging (DTI) and high angular resolution diffusion imaging (HARDI) models) up to the tractography and connectivity analysis. Therefore, high SNR diffusion weighted images (DWIs) are crucial in order to draw meaningful conclusions in subsequent data or group analyses.

This paper focuses on denoising techniques since they can be used on all existing data, without adding to the scanning time. This also enables one to acquire DWIs at a higher spatial resolution than normally available by reducing the noise level. They also can be readily applied to any already acquired dataset just as motion correction and eddy current distortion that are commonly applied to correct for artifacts. Denoising should be an important part of any diffusion MRI processing pipeline, as any other correction method that is commonly applied to correct for artifacts (Sotiropoulos et al. 2013).

Some methods (Brion et al. 2013; Manjón et al. 2013; Becker et al. 2014; Gramfort et al. 2014) have been specifically designed to take advantage of the properties of diffusion MRI datasets. Since the data acquired in diffusion MRI depicts the same structural information, but under different sensitizing gradients and noise realization,

these ideas take advantage of the redundant information contained in the multiple acquired DWIs. The machine learning community has also successfully developed denoising algorithms based on image self-similarity and using a sparsity prior as regularization (Elad and Aharon 2006). These techniques are based on the assumption that natural images exhibit redundancy and can be represented as a sparse combination of coefficients in a basis. We thus propose to use the redundancy of DWIs as a sparse representation to reduce the noise level and achieve a higher SNR using dictionary learning and sparse coding. Our method can be thought of a Non Local Spatial and Angular Matching (NLSAM) with dictionary learning at the same time. The contributions of this work are :

- i) Developing a novel denoising technique specifically tailored for diffusion MRI, which takes into account spatially varying Rician and non central Chi noise.
- ii) Quantitatively comparing all methods on perceptual and diffusion MRI metrics.
- iii) Analyzing the impact of denoising on tractography on a synthetic phantom and a high spatial resolution *in-vivo* dataset.

3.2 Theory

We now define two important terms used throughout the present work. Firstly, a patch is defined as a 3D region of neighboring spatial voxels, i.e. a small local region of a single 3D DWI. Secondly, a block is defined as being made of a collection of patches taken at the *same* spatial position, but in different DWIs, i.e. a block is a 4D stack of patches which are similar in the angular domain (see Fig. 3.1).

Non Local Means Based Approaches The idea of the non local means filter consists in using the self-similarity present in an image. The original 2D approach (see Eq. 3.1) works by first selecting a small patch x_i in an image. The patch is

3.2. THEORY

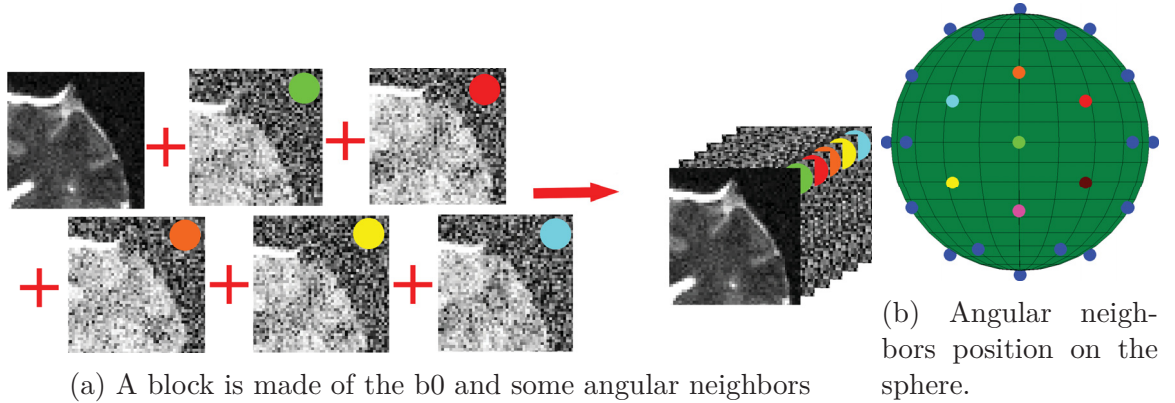


Figure 3.1: **a)** A block is made by stacking along the 4th dimension the b0, a DWI and its angular neighbors, which share similar structures, but under a slightly different noise realization. **b)** Disposition of equidistant angular neighbors on the sphere.

then compared in a small neighborhood Ω to find similar patches, assigning a weight w based on a similarity criterion for each compared patch. A weighted average is then computed to denoise the selected patch based on the similarity of its neighbors. The algorithm is most successful when the image exhibits redundancy, since similar patches are more likely to be found.

$$NLM(x_i) = \sum_{x_j \in \Omega} w(x_i, x_j) u(x_j), \quad w(x_i, x_j) = \frac{1}{Z_i} e\left(-\frac{\|u(x_i) - u(x_j)\|_F^2}{\sigma^2}\right) \quad (3.1)$$

where $NLM(x_i)$ is the denoised value of voxel x_i , Ω is the set of all voxels inside the current patch, $u(x_j)$ is the intensity of voxel x_j , $\|\cdot\|_F$ is the Frobenius norm, σ^2 is the variance of the noise and Z_i is a normalization constant such that $\sum_j w(x_i, x_j) = 1$. The authors of (Manjón et al. 2010a) introduced a 3D adaptive version designed for MRI images which also takes into account spatially varying noise level.

The Block Matching Algorithm Reusing the key ideas from the non local means, the block matching algorithm (Dabov et al. 2007) further extends the combination of the patches. Instead of simply applying a weighted average, the similar 2D patches are stacked into a 3D transform domain and jointly filtered via wavelet hard-thresholding and Wiener filtering. Finally, they are combined using a weighted

average $w(x_i) = \frac{1}{\sigma^2 N_{x_i}^{ht}}$ based on their sparsity, where $N_{x_i}^{ht}$ is the number of nonzero coefficients in patch x_i after applying the hard thresholding operator. The idea has been extended to 3D MRI image denoising by forming 4D blocks of patches in (Maggioni et al. 2013).

The Dictionary Learning Algorithm Dictionary learning has been used in the machine learning community to find sparse representations which are data driven (Aharon et al. 2006; Mairal et al. 2009b). Typically, a set of atoms (called the dictionary) is learned over the data, providing a representation tailored to the signal at hand. Given a set of input data \mathbf{x}_i organized as column vectors, the process is expressed as

$$\min_{\mathbf{D}, \boldsymbol{\alpha}} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left(\frac{1}{2} \|\mathbf{x}_i - \mathbf{D}\boldsymbol{\alpha}_i\|_F^2 + \lambda_i \|\boldsymbol{\alpha}_i\|_1 \right) \text{ s.t. } \|\mathbf{D}\|_F^2 = 1 \quad (3.2)$$

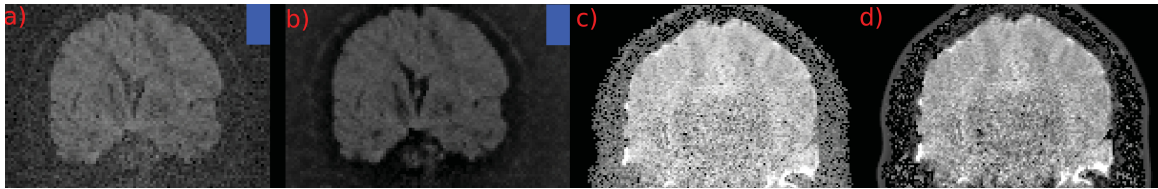
where \mathbf{D} is the learned dictionary, λ is a trade-off parameter between the data fitting term and the penalization on the coefficients of $\boldsymbol{\alpha}$. The columns of \mathbf{D} are also constrained to be of unit ℓ_2 norm in order to avoid degenerated solutions (Mairal et al. 2009b; Gramfort et al. 2014).

This dictionary is not necessarily a basis in the sense that it can also be over-complete, i.e. \mathbf{D} can have more columns than rows. One can solve the equation for \mathbf{D} and $\boldsymbol{\alpha}$ alternatively to express the data at the same time, which provides greater flexibility than using a fixed basis (Mairal et al. 2009b). The key is to devise a sparse representation to reconstruct structural information and discard noise, since the latter does not typically allow a sparse representation in any basis. This idea has led to successful denoising applications from the machine learning community (Elad and Aharon 2006). Using a penalization with the ℓ_1 norm of the coefficients promotes sparsity. Devising an adequate dictionary will penalize the coefficients that are used to reconstruct the noise, hence providing denoising through the regularized reconstruction.

Adjusting for Various Noise Types Although the original formulations of Eq. (3.2) assumes additive white Gaussian noise, this is not true in diffusion MRI data, espe-

3.2. THEORY

cially at high b-values and low SNR. The noise is usually modeled as following a Rician distribution for a SENSE reconstruction or a noncentral Chi ($nc-\chi$) distribution with $2N$ degrees of freedom for a GRAPPA reconstruction, with N the number of receiver coils when used with parallel imaging (Dietrich et al. 2008; Aja-Fernández et al. 2014a). This introduces a spatially varying bias which depends on the intensity of the measured signal that must be taken into account to recover the expected value of the original signal (see Fig. 3.2). We deal with both the Rician and $nc-\chi$ noise model through the noise stabilization technique of (Koay et al. 2009a). The interest of using a variance stabilization approach resides in the fact that it applies a transformation algorithm to effectively treat the noise as additive white Gaussian noise. This indeed allows any already designed technique for Gaussian noise to be used without any modification as done in (Maggioni et al. 2013).



a) A noisy acquisition with slowly varying $nc-\chi$ noise in the background. **b)** The stabilized, Gaussian distributed noisy DWI. **c)** A noisy acquisition with fast varying Rician noise where the background was masked by the scanner. **d)** The stabilized, Gaussian distributed noisy DWI.

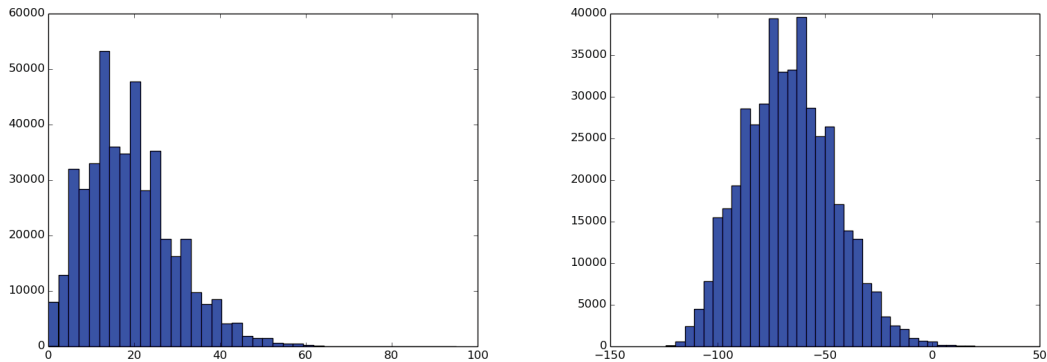


Figure 3.2: Histogram of the noise distribution in the background of **a)** before stabilization and **b)** after stabilization. Note the non-Gaussianity of the noise in **a)** versus **b)**.

The probability density function (pdf) of a nc- χ variable is given by

$$p_\chi(m|\eta, \sigma_g, N) = \frac{m^N}{\sigma_g^2 \eta^{N-1}} \exp\left(\frac{-(m^2 + \eta^2)}{2\sigma_g^2}\right) I_{N-1}\left(\frac{m\eta}{\sigma_g^2}\right) \quad (3.3)$$

and the cumulative distribution function (cdf) is given by

$$P_\chi(\alpha|\eta, \sigma_g, N) = \int_0^\alpha p_\chi(m|\eta, \sigma_g, N) dm, \quad (3.4)$$

with m the observed nc- χ noisy signal, η the true value of the signal, σ_g the standard deviation of the Gaussian noise and I_k the k-th order modified Bessel function.

One thus needs an estimate of both σ_G and η in order to map the noisy nc- χ distributed values to an equivalent noisy Gaussian distributed value. η can be obtained on a voxelwise basis through the fixed point formula Eq. (3.5),

$$\eta = \sqrt{\langle m \rangle^2 + [\xi(\eta|\sigma_g, N) - 2N]\sigma_g^2}, \quad (3.5)$$

$$\xi(\eta|\sigma_g, N) = 2N + \frac{\eta^2}{\sigma_g^2} - \left[\beta_{N1} F_1(-0.5, N, -\eta^2/(2\sigma_g^2)) \right]^2,$$

$$\beta_N = \sqrt{\pi/2} \left(\frac{(2N-1)!!}{2^{N-1}(N-1)!} \right)$$

where $\langle m \rangle$ is the first moment of the nc- χ distribution and ${}_1F_1$ is the confluent hypergeometric function.

As for σ_G , one can use the Probabilistic Identification and Estimation of Noise (PIESNO) (Koay et al. 2009b) if a stationary noisy background is present in the image. In the presence of a spatially variable noise distribution, an estimation technique is presented in (Manjón et al. 2010a), where it is estimated as

$$\sigma^2 = \min ||u(N_i) - u(N_j)||_F^2, \forall i \neq j. \quad (3.6)$$

$u(N_i)$ is a noisy patch computed by subtracting a patch to a low-pass filtered version of itself, obtained by computing the mean of each 3x3x3 local region in the image. This

3.3. METHOD

noise field is then regularized with a 5x5x5 low-pass filter and the local Rician correction factor of (Koay and Basser 2006) is finally applied so that $\sigma_G^2 = \sigma^2/\xi(\eta/\sigma, 1)$. In the absence of background, we use a similar idea by computing the local standard deviation of the noise field as

$$\sigma = std(u(N_i) - u(N_j)), \forall i \neq j . \quad (3.7)$$

Since the noise is assumed as independent and identically distributed across DWIs, we apply a median filter on the 4D dataset to get a 3D noise field. Finally, a Gaussian filter with a full-width at half maximum of 10mm is applied to regularize the noise field, which is then corrected for the more general nc- χ bias such that $\sigma_G^2 = \sigma^2/\xi(\eta/\sigma, N)$.

Once both estimates of σ_G and η have been found on a voxelwise basis, the original nc- χ distributed noisy signal m can be mapped to a noisy Gaussian distributed signal g . This is done through the composition of the inverse cdf of a Gaussian distribution with the cdf of a nc- χ distribution (see Eq. 3.4), i.e. $g = P_G^{-1}(P_\chi(m|\eta, \sigma_g, N)|\eta, \sigma_g)$, where $P_G^{-1}(y|\eta, \sigma_g) = \eta + \sigma_g \sqrt{2} \text{erf}^{-1}(2y - 1)$ is the inverse cdf of a Gaussian distribution and erf^{-1} the inverse of the error function.

3.3 Method

Locally Adapting the Dictionary Learning In order to adapt locally to spatially varying noise, we add some more constraints to the classical formulation of Eq. (3.2). *Firstly*, since the measured signal in diffusion MRI is always positive, we use this assumption to constrain the positivity of \mathbf{D} and $\boldsymbol{\alpha}$, i.e. $\mathbf{D} \geq 0, \boldsymbol{\alpha} \geq 0$ as done in (Gramfort et al. 2014). *Secondly*, we add a vector of weighted penalties $w_i = \beta \sigma_G^2$ to λ based on the local variance of the noise, i.e. $\lambda_i = w_i \lambda$. This vector of penalization λ_i replaces the constant λ during the sparse coding step of Eq. (3.2), adding a stronger penalization to noisy reconstructed blocks through the adaptive lasso (Zou 2006). We set $\beta = 0.5$ and fixed the regularization parameter λ in the same fashion as (Mairal et al. 2009b), that is $\lambda = 1.2/\sqrt{m^3 \times n}$, with m the patch size and n the

number of angular neighbors. As suggested in (Fadili et al. 2008), the initial value of λ is also toned down successively through the iterations of the denoising process to account for the varying noise level.

The Proposed Algorithm Our new NLSAM algorithm combines ideas from block matching and sparse coding. We will use the same kind of framework, but instead replacing the thresholding part in the block matching algorithm with a step of dictionary denoising instead, allowing the penalization on the sparsity of the signal to regularize the noisy blocks. We also take explicit advantage of the fact that diffusion MRI data is composed of multiples volumes of the *same* structure, albeit with different noise realizations and contrasts along q-space. Our method is thus composed of three steps :

1. Correct the noise bias using (Koay et al. 2009a).
2. Find angular neighbors on the sphere for each DWI.
3. Apply dictionary denoising on each subset of neighbors.

Step 1. We first correct for the noise bias by finding the Gaussian noise standard deviation with PIESNO (Koay et al. 2009b). If the background is masked, we instead use the idea of (Manjón et al. 2010a) with Eq. (3.7). We then transform the DWIs into Gaussian distributed, noisy signals using the correction scheme of (Koay et al. 2009a).

Step 2. We find the angular neighbors for each of the DWIs. In this step, the local angular information is encoded in a 4D block of similar angular data. As seen in Fig. 3.1, a block is composed of the b0 image, a DWI and its n closest angular neighbors. This ensures that the local 3D structure is well represented, with similar intensities amongst a single block. The variations in the signal intensity of DWIs images will be encoded along the 4th dimension, which preserves smooth regions as

3.3. METHOD

well as meaningful structure and edges, since they will be present through all DWIs in the 4th dimension.

Step 3. The blocks are then denoised by using Eq. (3.2). This step can be thought of finding a linear combination with the least possible atoms to represent a block. Local, redundant structure in the data will be reconstructed first, while spurious noise is more likely to be discarded in the process. In order to adapt to spatially varying noise, each block is penalized differently based on the local variance of the noise. This enables the regularization to adapt to the amount of noise in the block, which is usually stronger near the center of the DWIs.

This third step is then repeated for all the DWIs. Since each DWI will likely be processed more than once with a different set of neighbors each time, we obtain multiple denoised volumes of *exactly* the same data, but denoised in a different angular context. Once all DWIs have been processed, we average the multiple denoised versions obtained previously in order to further reduce any residual noise. The proposed NLSAM algorithm is outlined in Algo. 3.1. The result will be a denoised version of the input, through both dictionary learning and spatial and angular matching.

Datasets and Experiments The synthetic data simulations are based on the ISBI 2013 HARDI challenge phantom¹. We used the given 64 gradients sets from the challenge with a b-value of 1000 s/mm² and one b = 0 s/mm² image. We then generated noise (see Eq. (3.8)) to get signal-to-noise ratio (SNR) values of 10 and 15 with stationary Rician and nc- χ noise by varying the number of simulated coils $N = (1, 12)$. The noise was generated according to

$$\hat{\mathbf{I}} = \sqrt{\sum_{i=0, j=0}^N \left(\frac{I}{\sqrt{N}} + \beta \epsilon_i \right)^2} + \beta \epsilon_j^2, \text{ where } \epsilon_i, \epsilon_j \sim \mathcal{N}(0, \sigma_G^2) \quad (3.8)$$

$\hat{\mathbf{I}}$ is the resulting noisy volume, $\mathcal{N}(0, \sigma_G^2)$ is a Gaussian distribution of mean 0 and variance σ_G^2 with $\sigma_G = \text{mean}(b0) / \text{SNR}$. β is a mask set to 1 to create the stationary

1. http://hardi.epfl.ch/static/events/2013_ISBI/

Algorithm 3.1: The proposed NLSAM denoising algorithm.

Data: 4D diffusion MRI data, n = number of angular neighbors, m = spatial patch size, N = Number of coils

Result: Denoised data with NLSAM

Step 1;

Find σ_G with PIESNO or Eq. (3.7);

Apply noise stabilization with σ_G and N coils;

foreach DWI in $dMRI$ data **do**

Step 2;

 Find the closest n angular neighbors;

 Create 4D block with b_0 , DWI and its n neighbors;

 Extract all overlapping patches of size m ;

Step 3;

 Apply Eq. (3.2);

end

foreach $Denoised$ volume i of DWI **do**

 Average all of i denoised versions;

end

noise distribution (SNR 10 case) and a sphere with values varying linearly from 1 at the borders to 3 at the center for the spatially varying noise case (SNR 15 case).

In order to compare our NLSAM method on a real dataset, we acquired a full brain *in-vivo* dataset consisting of 40 DWIs at $b = 1000 \text{ mm}^2/\text{s}^2$ and one $b = 0 \text{ mm}^2/\text{s}^2$. The acquisition spatial resolution was $1.2 \times 1.2 \times 1.2 \text{ mm}^3$, $\text{TR}/\text{TE} = 18.9 \text{ s} / 104 \text{ ms}$ on a 3T Philips Ingenia scanner with the SENSE reconstruction algorithm. This gives a fast spatially varying Rician noise distribution ($N = 1$) in the reconstructed image (see Fig. 3.2). No correction was applied to the dataset, as we wanted to show the effectiveness of denoising without risking introducing blurring caused by interpolation in other methods such as eddy current or motion correction. We also show a dataset from the human connectome project (HCP) (Sotiropoulos et al. 2013) in order to qualitatively compare the denoised dataset to a high resolution, high quality similar acquisition. We used the 90 DWIs at $b = 1000 \text{ mm}^2/\text{s}^2$ and the $b = 0 \text{ mm}^2/\text{s}^2$ DWIs at a spatial resolution of $1.25 \times 1.25 \times 1.25 \text{ mm}^3$, $\text{TR}/\text{TE} = 5.5 \text{ s} / 89 \text{ ms}$ from a pre-processed HCP dataset (motion, eddy current and distortions corrections).

3.4. RESULTS

Compared Denoising Algorithms The Local PCA (LPCA) method (Manjón et al. 2013) is made to take into account the Rician noise bias and is spatially adaptive, but also uses the information from all the DWIs in the denoising process. We used the automatic threshold set by the method with the Rician noise correction for all experiments. The multi-shell Position-Orientation Adaptive Smoothing (msPOAS) algorithm (Becker et al. 2014) was designed to work on both Rician and non-central Chi noise, while also taking into account the angular structure of the data for adaptive smoothing. As per the authors suggestion, we set $k^* = 12$ and $\lambda = 18$. We also supplied the correct value for the number of coils N and used the implemented automatic detection of the noise standard deviation from msPOAS. For the NLSAM algorithm, we used a patch size of $2 \times 2 \times 2$ voxels with 5 angular neighbors, which corresponds to the number of angular neighbors at the same distance on the sphere for each selected DWI. The number of coils N was given to the algorithm and the noise standard deviation was computed with PIESNO (Koay et al. 2009b) for the stationary noise case and Eq. (3.7) for the spatially varying noise case. We used 1000 iterations of Eq. (3.2) to learn a dictionary with 96 atoms, which corresponds to 2 times the size of a block.

Local Models Reconstruction We reconstructed the diffusion tensors and computed the Fractional Anisotropy (FA) and color coded FA using the Diffusion in Python (Dipy) library (Garyfallidis et al. 2014). We used the Constrained Spherical Deconvolution (CSD) (Tournier et al. 2007) reconstruction method for the fiber orientation distribution function (fODF) with a maximum SH order of 8. The fiber response function (frf) used for CSD was computed inside a white matter mask for all datasets where FA was > 0.7 .

3.4 Results

In order to quantitatively assess the performance of each method, we compared them against the noiseless data using the structural similarity index (SSIM) on the

raw data intensities and the root mean squared error (RMSE) on the FA maps. The metrics were both computed inside a white matter mask on the slice shown on Fig. 3.5.

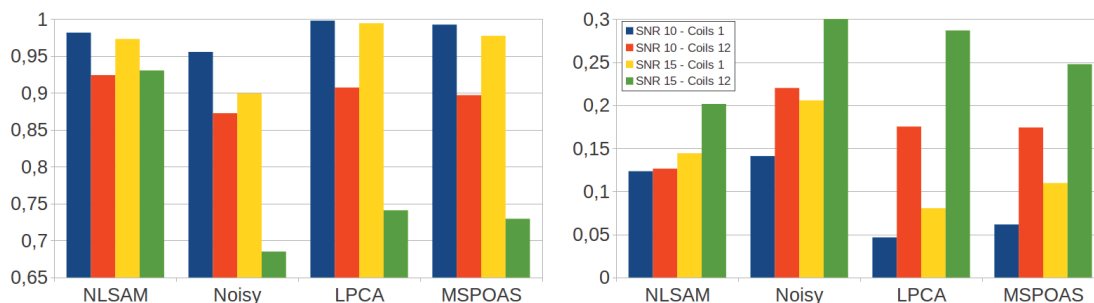


Figure 3.3: **Left** : The SSIM metric (higher is better) for all denoising method. NLSAM is comparable to both other denoising methods, with a clear advantage for the spatially varying $nc\text{-}\chi$ noise. **Right** : The RMSE FA metric (lower is better) for all denoising method. Once again, NLSAM performs best for the $nc\text{-}\chi$ noise case.

Figure 3.4 shows the difference in estimated FA for the SNR 15, 12 coils simulated dataset. While most values are slightly overestimated by NLSAM, the largest error comes from the borders near the background, while the crossings regions are preserved. Both LPCA and msPOAS slightly underestimate the FA values in the phantom.

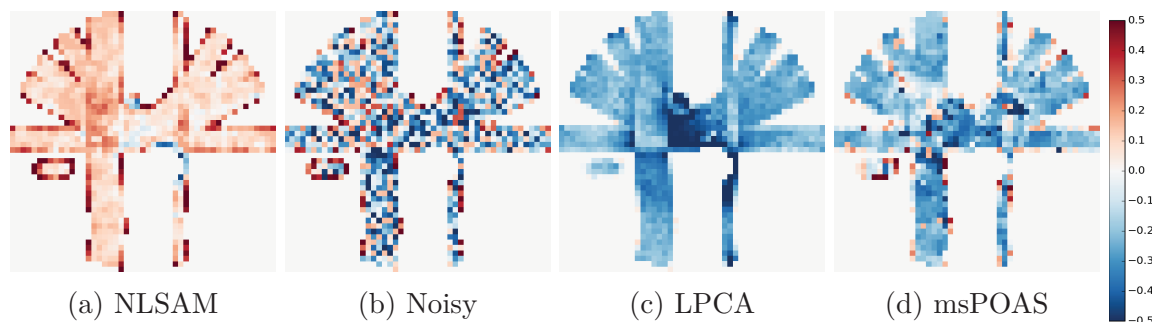


Figure 3.4: Difference in FA between the compared denoising techniques and the ground truth. Red denotes when the FA is overestimated compared to the ground truth value and blue when it is underestimated.

Figure 3.5 shows qualitative results on the simulated dataset on a colored FA slice and on a crossing region. Note how LPCA restores the crossings, but still suffer from the $nc\text{-}\chi$ noise intensity bias. As for msPOAS, the spatially varying noise leads to a biased estimation near the center of the phantom.

3.4. RESULTS

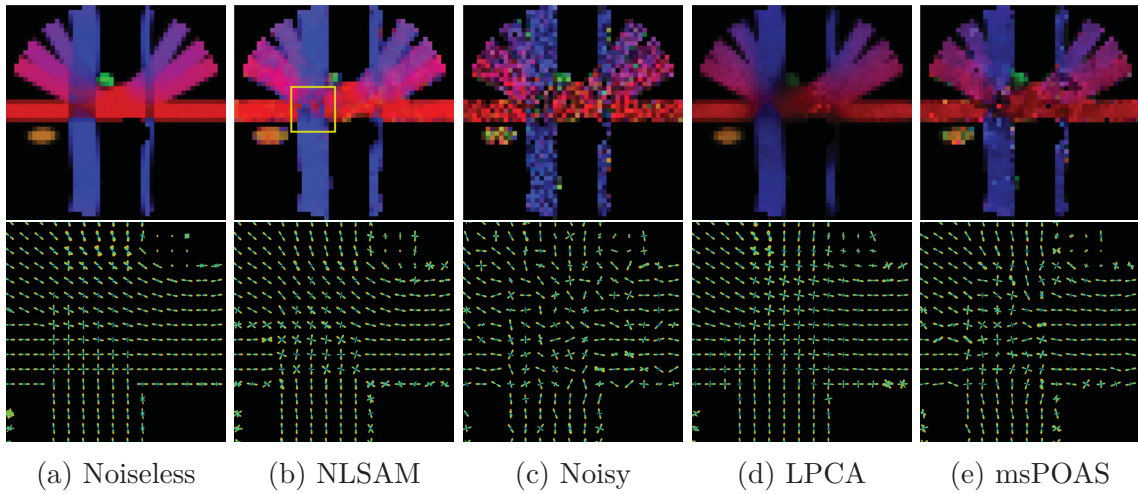


Figure 3.5: **Top row** : Colored FA map for the SNR 15 with $N = 12$ coils for the synthetic dataset. The NLSAM algorithm adapts well to the $nc\text{-}\chi$ spatially variable noise as shown by the lower bias in intensity. **Bottom row** : Zoom on fODFs from a crossing region (shown in yellow in the top row) for all methods. Our algorithm restores the crossings in the fODF which were heavily corrupted by the noise.

Figure 3.6 shows qualitative results on a high resolution *in-vivo* acquisition which would normally not be usable in a clinical setting due to the high level of noise. We also show a slice from the HCP dataset, which is a high quality, high resolution acquisition to show that using denoising can compare favorably to the HCP acquisition scheme, while still being feasible on a clinical scanner.

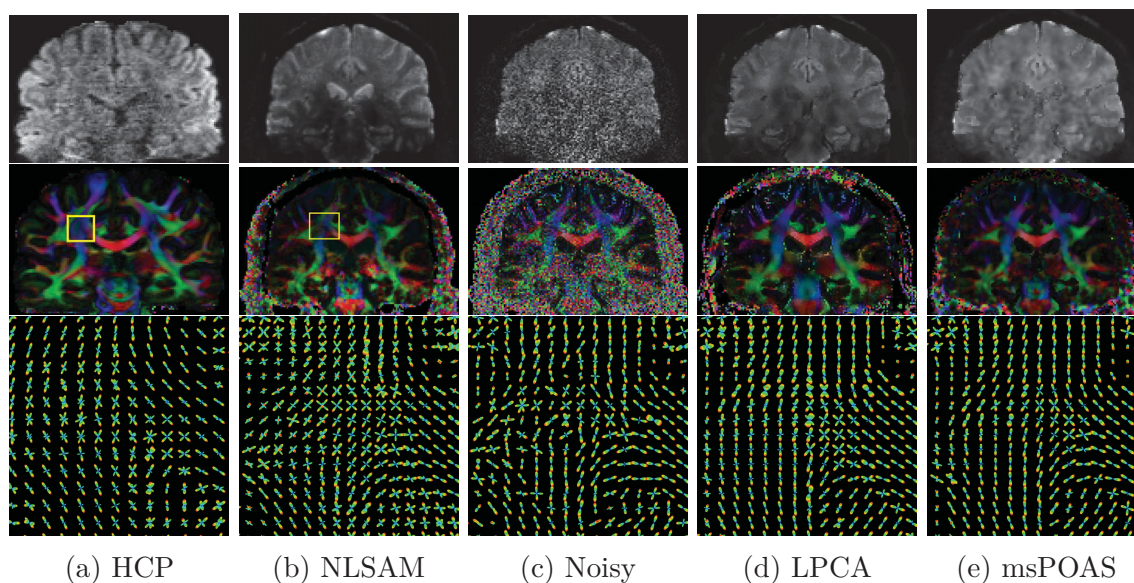


Figure 3.6: **Top row** : DWI from the HCP and our *in-vivo* acquisition corrupted with fast spatially varying Rician noise. Even though the original input image is noisy, our NLSAM algorithm can find the underlying structure. **Middle row** : Colored FA map, where we see that the NLSAM algorithm adapts well to spatially variable noise, especially near the bottom of the DWI. **Bottom row** : fODF from a crossing region (shown in yellow in the top row) for all methods. Our algorithm is able to recover more crossings from the 3 way junction of the superior longitudinal fasciculus (SLF), the corticospinal tract (CST) and the corpus callosum (CC), which are anatomically in agreement with the HCP dataset.

3.5 Discussion and Conclusion

Figure 3.4 shows that NLSAM has a tendency to overestimate FA, the largest error coming from the borders with the background while the crossing region is preserved. This could be due to an error in the initial estimation of η in Eq. (3.5), as we used a local mean of $3 \times 3 \times 3$ patches to estimate $\langle m \rangle$. While this idea is simple to apply, it relies on the assumption that the local structure are homogeneous, which is not true near borders with the background, and will yield higher local estimates for $\langle m \rangle$ than desired. The authors of (Koay et al. 2009a) mention that one could also fit a model to the data to estimate a smoothed value for $\langle m \rangle$. Since LPCA is not made for the nc- χ noise, it tends to underestimate the FA values because of the noise bias.

3.5. DISCUSSION AND CONCLUSION

Regardless, it can also restore the hidden structure, but still suffers from a skew in the restored intensity. As for msPOAS, although the method is designed to handle the nc- χ noise case, it can not explicitly handle the spatially varying noise case, leading to biased estimations. While the LPCA algorithm seems to outperform our algorithm for the Rician noise case on the synthetic dataset, one can see that the LPCA finds less crossing on the *in-vivo* fODF cropped region, which is also corrupted by Rician noise. Figure 3.6 also shows that the NLSAM denoised dataset is qualitatively quite usable and favorably compare to the HCP dataset, especially in the zoomed crossings region and in the pons region. The cropped fODF zoom-in offers more richer crossings which are anatomically plausible and also restores the data at the center of the DWI, where the Rician noise corruption is the strongest, while the two other methods tend to blur this region.

In this paper, we introduced a new denoising method, the Non Local Spatial and Angular Matching (NLSAM), which is specifically designed to take advantage of diffusion MRI data. Our method is based on **1)** Correcting the spatially varying Rician and nc- χ noise bias **2)** Finding similar DWIs through angular neighbors to promote sparsity **3)** Jointly denoising the DWIs with dictionary learning. We compared quantitatively our new method against two other state-of-the-art denoising methods on a synthetic phantom and qualitatively on an *in-vivo* high resolution dataset. We also showed that denoising favorably compares to a high resolution acquisition from the HCP and how taking into account both the effect of spatially varying noise and non Gaussian distributed noise is crucial in order to denoise effectively the DWIs. Our NLSAM algorithm restores perceptual information, removes the noise bias in common diffusion metrics such as the FA and restores fODF in crossings region.

Since our method can be used on any already acquired dataset and does not add any acquisition time, we believe that denoising the data should be a pre-processing part of every pipeline, just like any other correction that is applied for artifacts. This also means that high resolution diffusion MRI acquisition would be feasible on clinical scanners without requiring the use of costly new hardware or complicated acquisition schemes. This could in turn reveal new anatomical details, which are not achievable at the spatial resolution currently used in diffusion MRI.

Research is what I'm doing when I
don't know what I'm doing.

Wernher von Braun

Discussion

Le chapitre 3 étant dédié aux performances de l'algorithme NLSAM et à la comparaison avec d'autres méthodes de débruitage récentes, ce présent chapitre est donc un retour en profondeur sur ce dernier et suggère des améliorations possibles ainsi que des perspectives futures intéressantes pour NLSAM.

Comparaison du débruitage sur plusieurs *b-value* Un des premiers points à soulever est que msPOAS la seule méthode comparée qui est conçue pour tirer partie des données ayant plusieurs *b-value* et ainsi tirer partie de cette information angulaire accrue. Par contre, acquérir ce type de données n'est pas répandu en clinique (et prend plus de temps plus la *b-value* est élevée) et doit être utilisé avec des techniques de modélisation locale plus avancées, puisque les méthodes classiques ont aussi été développées pour les acquisitions à une seule *b-value*. Par exemple, le modèle du *Diffusion Kurtosis Imaging* (DKI) (JENSEN et HELPERN 2010) permet d'obtenir de l'information sur le déplacement de l'eau de façon non Gaussienne, mais requiert au moins trois *b-value* distinctes (en plus d'au moins une image $b = 0$ s/mm²) et de 15 directions de diffusion uniques, alors que le tenseur classique de diffusion requiert six directions uniques et une image $b = 0$ s/mm². De plus, l'acquisition à haute résolution que nous avons utilisée ne présentait plus aucun détail perceptible à $b = 1500$ s/mm². Comme le but était de montrer l'applicabilité de l'algorithme NLSAM en milieu clinique, nous avons décidé de nous concentrer sur une acquisition se rapprochant donc de la clinique. Néanmoins, avec les récents développements pour améliorer la vitesse des acquisitions comme le *multiband* ou les acquisitions comprimées et ainsi

amener les acquisitions plus avancées en milieu hospitalier, il serait intéressant de voir si l'algorithme NLSAM est suffisamment flexible pour bien débruiter les données à plusieurs *b-value*.

Biais du bruit $nc-\chi$ et déconvolution Un autre aspect important du biais introduit par le bruit est une baisse de la FA puisqu'un niveau minimal de bruit plus important se traduit par une baisse apparente de diffusivité. Ainsi, il a été nécessaire pour AONLM et LPCA de baisser le seuil de FA pour trouver au moins 300 voxels répondant au critère $FA > 0.7$ suggéré par (TOURNIER et al. 2004; DESCOTEAUX et al. 2009) pour identifier les voxels composés d'une seule fibre. Ce fait est d'ailleurs encore plus problématique dans le cas du bruit spatialement variable à SNR 10 (résultats non montrés), où l'estimation de la frf se retrouvait biaisée par l'ajout de voxels trop bruités où possédant plus qu'une seule fibre. Pour contourner ce problème, la technique de (TAX et al. 2014), qui se base sur un seuil de l'ODF pour détecter les orientations principales des fibres au lieu du tenseur de diffusion, pourrait être utilisée pour calculer une frf plus précise.

Valeur effective du nombre d'antennes réceptrices N Une autre information nécessaire pour les techniques gérant le bruit $nc-\chi$ comme NLSAM et msPOAS consiste à connaître le nombre d'antennes présentes sur le récepteur. Bien que cette information devrait être connue, le constructeur peut implémenter différentes façons pour le scanner d'opérer, ce qui modifie en fait la valeur de N à utiliser par rapport à la valeur attendue. Par exemple, le scanner 1.5T à Sherbrooke utilise l'algorithme GRAPPA et une antenne à 12 canaux, mais il faut sélectionner $N = 4$ puisque le mode d'opération choisi pour les acquisitions cliniques agit comme un récepteur à 4 canaux. De plus, certaines méthodes de reconstruction comme le *adaptive combine* (WALSH et al. 2000) n'utilisent pas tous les canaux de réception à la fois, mais se concentrent seulement sur les éléments à proximité de la partie du corps imagée lors de l'utilisation avec le *multiband*. Ceci signifie donc que selon la tranche imagée, ce ne sont pas toutes les antennes qui contribuent à fournir le signal puisque certaines apportent plus de bruit que d'information pertinente et sont donc désactivées. Ces

DISCUSSION

effets sur la nature du bruit sont à ce jour peu étudiés et difficiles à modéliser à cause des implémentations propriétaires. Pour éviter ce problème, (AJA-FERNÁNDEZ et al. 2014a) suggèrent un algorithme se basant sur la distribution du bruit de fond pour calculer N selon la distribution du bruit et pouvant utiliser les cartes requises pour la reconstruction SENSE et GRAPPA. Comme ces dernières font partie d'un algorithme propriétaire, elles ne sont généralement pas mises à la disposition de l'utilisateur.

Améliorations potentielles pour l'algorithme NLSAM Bien que l'algorithme NLSAM offre des performances spectaculaires, divers moyens pourraient être utilisés pour l'améliorer davantage. Il suffit par exemple de penser à l'imposition de la sparsité au niveau des chevauchements d'un même bloc ou encore de rechercher des blocs similaires pour leur imposer une décomposition utilisant exactement les mêmes éléments du dictionnaire (MAIRAL et al. 2009a). Après tout, l'algorithme du *block matching* cherche des blocs similaires pour effectuer un seuillage, alors que l'algorithme NLSAM suppose que les voisins angulaires sont similaires. Il serait donc possible d'effectuer une recherche exhaustive sur tous les volumes 3D au lieu de se limiter aux voisins angulaires immédiats pour augmenter le pouvoir discriminatif de l'algorithme. De la même façon, utiliser des formes adaptatives (DABOV et al. 2009; BAO et al. 2013) pour les blocs pourrait contribuer à réduire les problèmes de volumes partiels, où par exemple le bord des ventricules contiendra des blocs formés de voxels avec du LCS et de la matière blanche à la fois, réduisant ainsi l'hypothèse de similitude au sein d'un même bloc.

Applications futures de NLSAM Bien que l'algorithme NLSAM permette de débruiter efficacement les données de diffusion, son intérêt réside dans son application conjointe avec d'autres techniques par la suite. Par exemple, la figure 3.7 montre qu'il est possible d'identifier le nerf optique sur une carte RGB après correction pour les courants de Foucault et débruitage, alors que ce n'est pas le cas sur l'image non traitée. Il serait aussi aisé d'étendre l'algorithme au débruitage 4D temporel de l'IRM fonctionnelle, où les données sont acquises de façon temporelle. Il suffirait par exemple de remplacer les voisins angulaires par des voisins temporels avant et après le volume

3D courant pour bénéficier d’une similarité structurelle. Le débruitage NLMeans appliqué à chacun des volumes 3D a déjà été utilisé par (BERNIER et al. 2014) et donne de meilleurs résultats que ce qui est habituellement utilisé en IRM fonctionnelle.

Il serait aussi possible de penser à améliorer l’estimation des paramètres de l’imagerie microstructurale, qui consiste à imager des phénomènes microscopiques à l’aide de l’IRM de diffusion. (DADUCCI et al. 2015a) ont récemment proposé le cadre théorique *Accelerated Microstructure Imaging via Convex Optimization* (AMICO) pour linéariser les modèles NODDI (ZHANG et al. 2012a) et ActiveAx (ALEXANDER et al. 2010) basé lui aussi sur une approche par dictionnaire, mais définissant les éléments du dictionnaire selon les inconnus de ces deux modèles. De la même façon, il est possible de voir NLSAM comme un cas particulier de AMICO fonctionnant sur l’image elle-même, où il serait donc possible de procéder à l’estimation de la microstructure du cerveau de façon rapide et plus fiable grâce au débruitage, et ce en une seule étape.

NLSAM a aussi récemment été utilisé pour traiter les données du ISMRM 2015 *Tractography challenge*, dont les résultats seront connus à la fin du mois de mai 2015. Le but consistait à réaliser une tractographie complète du cerveau sur 27 faisceaux générés synthétiquement tout en étant le plus anatomiquement fiable possible. Ainsi, la plupart des soumissions réalisées par l’équipe de Sherbrooke pourront bénéficier du débruitage avancé de NLSAM pour leur donner une meilleure compétitivité. Autre fait intéressant, l’algorithme NLSAM a été aussi utilisé avec la technique de super-résolution de (COUPÉ et al. 2013) pour produire des données à haute résolution et débruitée à la fois, dont il sera possible d’apprécier les performances possiblement accrues dans un avenir rapproché.

Une autre application importante pour l’équipe de Sherbrooke est l’aide en milieu chirurgical et en salle d’opération, où le débruitage NLMeans est utilisé et sera probablement remplacé par NLSAM après quelques essais à l’interne. En effet, la diffusion de l’eau dans une tumeur est grandement modifiée et plutôt aléatoire, et l’algorithme n’a pas été encore explicitement testé sur un tel cas. Néanmoins, l’algorithme NLSAM devrait être appelé à remplacer NLMeans et pourra ainsi aider le neurochirurgien dans la résection de tumeurs.

DISCUSSION

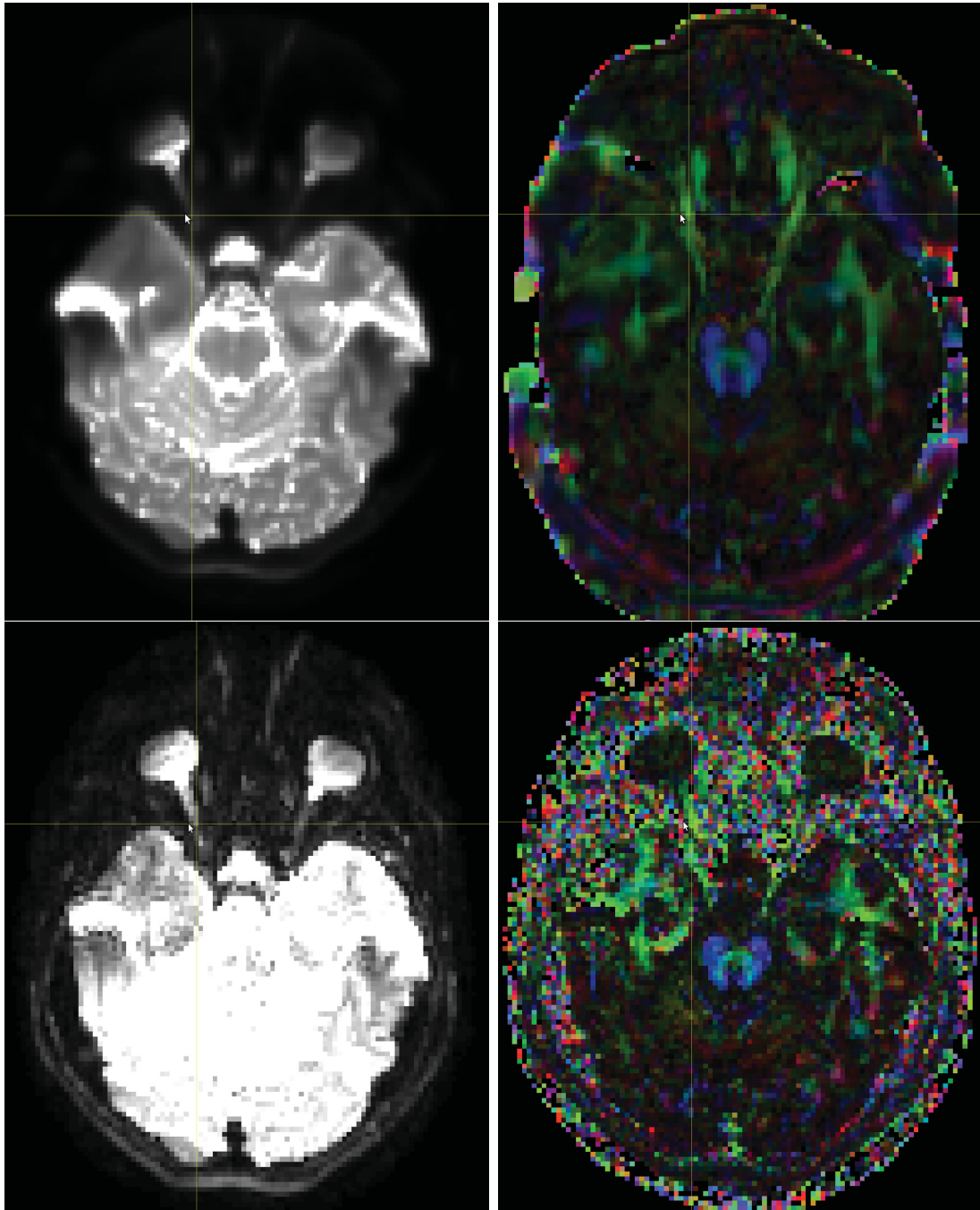


figure 3.7 – Données corrigées pour les courants de Foucault et débruitées avec NL-SAM (en haut) et données brutes (en bas). Bien que le nerf optique apparaisse sur l'image $b = 0 \text{ s/mm}^2$ pour les deux cas, seule la version débruitée permet de récupérer ce dernier sur la carte RGB.

If the facts don't fit the theory,
change the facts.

Albert Einstein

Conclusion

L'essentiel de ce mémoire se concentrait sur les problèmes limitant la résolution spatiale des acquisitions d'IRM de diffusion ainsi que les solutions apportées par la communauté pour les contourner. Le moyen préconisé dans cet ouvrage est tout simplement l'acquisition de données ayant une haute résolution spatiale à la base, puis l'utilisation d'une technique de débruitage pour régler le problème du faible SNR des images obtenues. Puisque l'IRM de diffusion possède des caractéristiques de redondance angulaire, une nouvelle méthode de débruitage tirant avantage de ce fait fut présentée. L'algorithme NLSAM repose sur une combinaison du *block matching* et du *sparse coding* pour exploiter la redondance spatiale et angulaire de l'IRM de diffusion ainsi qu'une stabilisation de la variance pour régler le biais non Gaussien du bruit. En utilisant une approche locale de stabilisation de la variance, cela permet à l'algorithme de considérer les types de bruit Ricien et nc- χ habituellement rencontrés avec les images de magnitudes. De plus, cette caractéristique étant traitée à part de l'algorithme principal, cela le rend facilement modifiable pour considérer tout nouveau type de bruit sans devoir en repenser le fonctionnement de fond en comble. La reconstruction itérative est aussi bornée en norme ℓ_2 par la valeur locale de la variance, ce qui assure une reconstruction spatialement adaptée tout en enlevant au maximum le bruit présent dans l'image. Ces caractéristiques en font à ce jour la seule méthode de débruitage spatialement adaptative prenant en compte le biais du bruit Ricien et nc- χ . L'algorithme NLSAM fut comparé à trois autres méthodes de débruitage couvrant diverses distributions de bruit rencontrées avec les images d'IRM sur des données synthétiques et une acquisition *in-vivo* à haute résolution spatiale. Cette dernière expérience a d'ailleurs démontré que les faisceaux de fibres reconstruits sur

les données débruitées avec NLSAM ont une plus grande fiabilité quant à l'anatomie attendue, en plus de montrer des détails non présents sur une acquisition du même sujet réalisée avec un protocole clinique traditionnel.

Comme mentionné par (SOTIROPOULOS et al. 2013), la tractographie tire avantage d'une résolution spatiale élevée par rapport à une acquisition à plus basse résolution spatiale, mais avec une meilleure résolution angulaire. Des conclusions semblables ont été apportées par (CALABRESE et al. 2014), où un compromis entre une bonne résolution spatiale et angulaire est suggéré. (DYRBY et al. 2014) indiquent aussi que les techniques d'interpolations révèlent plus de détails anatomiques, mais que les résolutions cliniques ne sont pas assez élevées pour en tirer pleinement profit. Une approche hybride entre acquisition haute résolution, débruitage et super-résolution pourrait donc probablement aider à révéler de nouveaux détails anatomiques non encore observés en IRM de diffusion, mais néanmoins connus en neuroanatomie. Il serait aussi possible d'entrevoir un cadre combinant en même temps toutes les étapes de prétraitement habituellement effectuées en IRM de diffusion. Par exemple, il serait envisageable d'effectuer la correction du mouvement ou encore la correction pour les courants de Foucault basée sur une correction du signal par dictionnaire comme pour l'algorithme NLSAM. De plus, il serait relativement aisé de combiner l'algorithme NLSAM à une technique de super-résolution utilisant des dictionnaires telle que (RUEDA et al. 2013; YANG et al. 2010) puisque le cadre théorique mis en place dans le présent ouvrage est très similaire. De plus, l'algorithme itératif de débruitage pourrait être facilement adapté pour produire un algorithme de super-résolution itératif. Ceci en ferait peut-être la première méthode de super-résolution combinée avec du débruitage basée sur un dictionnaire spécialement conçue pour l'imagerie de diffusion. Un autre avantage d'utiliser une méthode de débruitage est que le résultat peut être utilisé tel quel par une technique subséquente comme (MANJÓN et al. 2010c; COUPÉ et al. 2013), permettant ainsi d'acquérir des données à haute résolution à l'IRM et en plus d'en augmenter successivement la résolution par la suite avec une méthode spécialement conçue pour cela.

Il va sans dire que le *Human Connectome Project* pourrait bénéficier d'une résolution spatiale accrue avec les méthodes présentées dans ce mémoire. Bien qu'il bénéf-

CONCLUSION

ficie des plus récentes techniques, de matériel de pointe et d'un budget opérationnel énorme, il est surprenant de constater que les méthodes de débruitage ne fassent pas partie intégrante du traitement des données qu'il suggère. Ceci permettrait à coup sûr d'obtenir des images de meilleure qualité, puisque le SNR est habituellement un facteur limitant dans les acquisitions d'IRM. De la même façon, bien que la résolution spatiale employée par le HCP soit plus élevée que ce qui est utilisé habituellement, la résolution des images T1 est aussi plus élevée que celle utilisée en clinique. Il serait donc possible de penser à utiliser les images anatomiques T1 comme *a priori* anatomique pour compléter les techniques de super résolution comme il se fait pour améliorer la précision des algorithmes de tractographie (GIRARD et al. 2014). Néanmoins, les idées avancées dans ce mémoire peuvent être utilisées sur toutes les acquisitions déjà existantes, permettant ainsi d'en bénéficier sans devoir réacquérir les données brutes.

Même si l'IRM de diffusion date d'une trentaine d'années, son utilisation en milieu clinique est en retard d'environ quinze ans sur le monde de la recherche. De plus, celle-ci se limite souvent à l'analyse de biomarqueurs simples comme l'ADC et la FA de par leur simplicité d'acquisition et de reconstruction. Il est donc permis de penser que les méthodes ne compliquant pas les protocoles d'acquisition et s'utilisant facilement sur les données récoltées gagneront en popularité. Ces dernières verront probablement un usage de masse si elles sont assorties d'applications ayant un impact direct sur ce qui intéresse les cliniciens, tel que mis de l'avant par ce mémoire. C'est donc avec des images de meilleure qualité que les chercheurs pourront découvrir de nouveaux biomarqueurs pour mieux comprendre des maladies neurodégénératives comme la maladie d'Alzheimer, la sclérose en plaques ou encore la maladie de Parkinson. Et c'est ainsi que je dépose ma plume avec espoirs que les idées développées aujourd'hui contribueront demain à une compréhension accrue du fonctionnement du cerveau.

CONCLUSION

Annexe A

Soumissions avec comité de lecture

Cette annexe présente maintenant les actes de conférences publiés avec comité de lecture. Bien que les articles soumis soient moins longs que ceux d’une conférence avec soumission par article, cela demeure néanmoins un excellent moyen de présenter ses idées à la communauté. L’exercice de présenter ses résultats sur une courte soumission donne l’occasion d’effectuer un travail de synthèse sur les travaux effectués au cours de l’année. Ainsi, il est aisé d’échanger des idées relativement avancées, tout en étant sujet à un peaufinage subséquent pour la version soumise à un prestigieux journal.

Résumé

Cette section présente la version acte de conférence donnant les bases de l’article principal de ce mémoire. Intitulée *Non Local Spatial and Angular Matching : a new denoising technique for diffusion MRI*, cette première version est similaire en terme de solution proposée au problème de débruitage, mais présente néanmoins certaines différences fondamentales à l’algorithme présenté dans sa version finale. Par exemple, seul le bruit Ricien stationnaire est géré avec la méthode de (FOI 2011) au lieu de (KOAY et al. 2009a), qui

ANNEXE A. SOUMISSIONS AVEC COMITÉ DE LECTURE

se veut plus générale, mais requiert aussi plus d'information sur la façon dont les données d'IRM ont été acquises. Au lieu d'utiliser une approche réursive locale pour l'étape de *sparse coding*, cette version utilise plutôt une analyse en composante principale parcimonieuse (Sparse PCA) (ZOU et al. 2006) pour débruiter globalement l'image en considérant l'apport de toutes les données angulaires à la fois. Outre ces différences, le coeur de l'algorithme repose aussi sur l'exploitation de la similarité spatiale et angulaire qu'offre les données d'IRM de diffusion.

Contributions

- i) Développement d'un nouvel algorithme de débruitage adapté spécifiquement à l'IRM de diffusion prenant en compte le bruit Ricien.
- ii) Comparaison quantitative de plusieurs méthodes sur des métriques perceptuelles et d'IRM de diffusion sur un jeu de données synthétiques.

Commentaires

L'article a été accepté avec une présentation de type *power poster* à la conférence *International Society for Magnetic Resonance in Medicine* 2014 (ISMRM'14) (ST-JEAN et al. 2014) qui se déroulait à Milan, Italie en mai 2014. Ce nouveau type de présentation combinait une courte présentation orale et un poster électronique sur écran géant afin de donner une visibilité accrue aux travaux jugés exceptionnels. Le nombre de présentations de type *power poster* était de 160, soit environ 1.5% des soumissions acceptées. Le taux d'acceptation à la conférence elle-même est d'environ 50%.

Non Local Spatial and Angular Matching : a new denoising technique for diffusion MRI

Samuel St-Jean

Computer Science Department,
Université de Sherbrooke,
Sherbrooke, Québec, Canada J1K 2R1

Pierrick Coupé

Unité Mixte de Recherche CNRS (UMR 5800),
Laboratoire Bordelais de Recherche en Informatique,
Bordeaux, France

Maxime Descoteaux

Computer Science Department,
Université de Sherbrooke,
Sherbrooke, Québec, Canada J1K 2R1

Keywords: Diffusion MRI, Denoising, Block matching, Dictionary learning.

A.1 Introduction

Diffusion Weighted Images (DWIs) datasets suffer from low Signal-to-Noise Ratio (SNR), especially at high b-values. Acquiring data at high b-values contains relevant information and is now of great interest for connectomics studies (Van Essen et al. 2013). High noise levels bias the measurements because of the non-Gaussian nature of the noise, which in turn can lead to a false and biased estimation of the diffusion parameters. Therefore, high SNR DWIs is important in order to draw meaningful conclusions in subsequent data or group analyses (Jones et al. 2013). The acquired DWIs differ between themselves, but still share the same underlying structure. It is also known that natural images are redundant and can be sparsified (Olshausen and Field 1997). We thus propose to use the redundancy of DWIs as a sparse representation to reduce the noise level and achieve a higher SNR using dictionary learning and sparse coding, without the need for additional acquisition time. We show quantitative results on the ISBI 2013 HARDI challenge phantom ¹.

A.2 Method

Denoising methods are often applied on each DWIs separately (Manjón et al. 2010a), without taking into account the structure they share. As in (Manjón et al. 2010a; Manjón et al. 2013), we will use the common structure amongst DWIs to further improve the denoising. In contrast to (Manjón et al. 2013), our method also uses the full information of all DWIs in the same fashion as (Manjón et al. 2013) during the first step of the process in addition to the information of angular neighboring DWIs in the second step. We improve upon (Manjón et al. 2013) by not enforcing orthogonality in the first step and exploiting sparsity of the DWIs in the second step. We first apply (Foi 2011) to account for Rician noise and then perform brain extraction on the DWIs. We next normalize each DWIs independently

1. http://hardi.epfl.ch/static/events/2013_ISBI/

A.3. DATASET

(referred as \mathbf{X}_i). The first step is a sparse principal component analysis (SPCA) decomposition (Zou et al. 2006). This initial denoising is performed across all the DWIs at once. We only keep the most meaningful principal components (PC) as in (Dabov et al. 2009) and use this first denoised version as the input for the second step. This second step consists in doing a local 3D neighborhood denoising based on dictionary learning and sparse coding (Mairal et al. 2009b; Elad and Aharon 2006). In this part of the algorithm, we find the angular neighbors of each DWIs (excluding B0s). For all \mathbf{X}_i , we create a 4D stack made of the B0, \mathbf{X}_i and the p closest angular neighbors to \mathbf{X}_i . With this formulation, each \mathbf{X}_i can be selected as a valid neighbor multiple times, and as such will be denoised multiple times (referred as j times). This results in a 4D stack of size (n, n, n, P) , where n is the size of \mathbf{X}_i (in 3D) and $P = (2+p)$. We then extract all 4D patches of size (m, m, m, P) from our current stack, which contains spatial information as well as angular neighboring information. Each 4D patches is then stored as a column vector. We constrain each column to have a unit ℓ_2 norm as required by Eq. A.1 (Mairal et al. 2009b). The goal is to find a dictionary \mathbf{D} in which \mathbf{X}_i will be well represented by its coefficients $\boldsymbol{\alpha}$.

$$\min_{\mathbf{D}, \boldsymbol{\alpha}} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left(\frac{1}{2} \|\mathbf{X}_i - \mathbf{D}\boldsymbol{\alpha}_i\|_2^2 + \lambda \|\boldsymbol{\alpha}_i\|_1 \right) \quad (\text{A.1})$$

This minimization aims to find a sparse representation of each neighborhood, while discarding noise. Learning \mathbf{D} from the noisy patches also ensures the reconstruction will be tailored to the neighborhood currently being denoised (Elad and Aharon 2006). The second step is repeated for each \mathbf{X}_i . The final denoised volume is made by computing the mean of those j representations of \mathbf{X}_i , i.e. $\mathbf{X}_i \text{ denoised} = \text{mean}(\mathbf{X}_{ij})$. We finally apply the inverse transformation of (Foi 2011).

A.3 Dataset

We used for our synthetic experiments the ISBI 2013 HARDI testing dataset of SNR 10, corrupted with Rician noise. The phantom is made of 64 $b=3000$ s/mm² images with a constant $b=0$ image.

A.4 Results

Figure A.1 shows constant solid angle (CSA) q-ball ODFs of order 4 (Aganj et al. 2010) reconstructed from the ISBI phantom overlaid onto the colored fractional anisotropy (CFA). We denoised the SNR 10 data with AONLM (Manjón et al. 2010a), LPCA (Manjón et al. 2013) and our method. We used AONLM as a comparison since it was the denoising algorithm used in the winning method (Garyfallidis et al. 2013). For our method, we used a 3D block size of (3, 3, 3) and 2 angular neighbors with $\lambda = 0.01$. All other methods were ran with their default parameters. Our method reconstructs ODFs that are closer to the ground truth than the AONLM denoising, Table A.1 shows two perceptual similarity metrics, the mean PSNR in dB and mean SSIM computed on the 4D volume. We also report three diffusion metrics : the root mean squared fractional anisotropy (RMSE FA), root mean squared general fractional anisotropy (RMSE GFA) and the mean angular error (mean AE) with the noiseless data for the SNR 10, SNR 30, AONLM denoising (Manjón et al. 2010a), LPCA denoising (Manjón et al. 2013) (not shown on Figure A.1) and our method. In most cases, we achieve a higher similarity than the other methods, even higher than the SNR 30 dataset.

	SNR 10	SNR 30	AONLM	LPCA	Proposed
PSNR	19.597	29.320	23.869	28.370	30.708
SSIM	0.876	0.987	0.950	0.982	0.990
RMSE FA	0.179	0.040	0.132	0.128	0.132
RMSE GFA	0.152	0.047	0.105	0.103	0.108
Mean AE	14.047	13.578	13.111	12.905	11.587

Table A.1: Reconstruction metrics for the tested methods. Our method performs best for the perceptual similarity (PSNR in dB and SSIM) metrics and the mean angular error. A clear gain is achieved from the noisy input SNR 10 data and our method even achieves better reconstruction than the non-denoised SNR 30 data in most cases. The best result in each category is shown in bold.

A.4. RESULTS

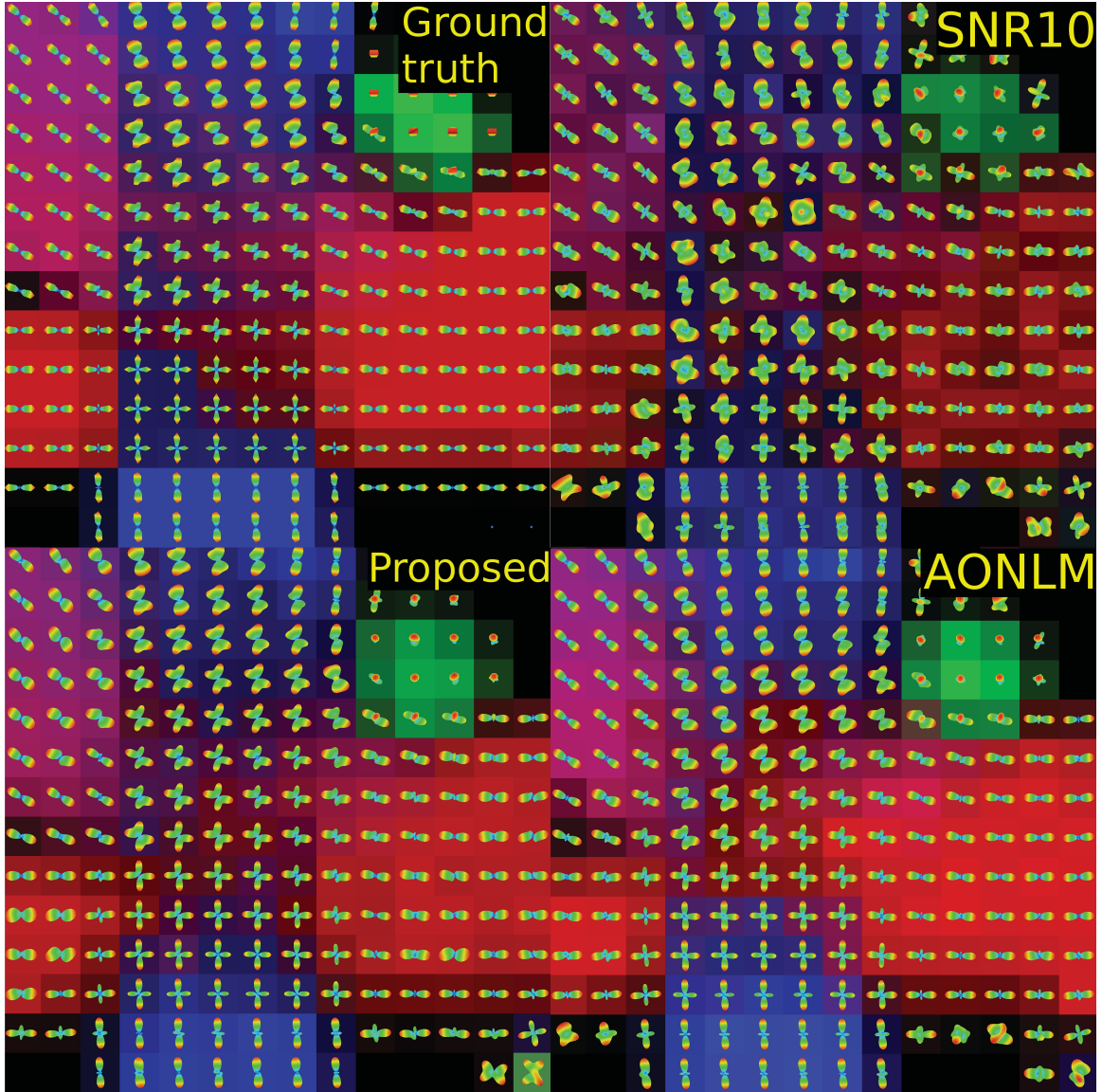


Figure A.1: ISBI Challenge CSA-ODFs reconstructed from the ISBI HARDI 2013 dataset, overlaid on the CFA map. Top left is the ground truth, top right the SNR 10 data, bottom left our method and bottom right the AONLM method. The ODFs in our method more closely resemble the ground truth while having a more accurate CFA map, as confirmed by results in Table A.1.

A.5 Discussion

The benefits of denoising the data prior to the reconstruction are shown on Figure A.1 and Table A.1. Our method reconstructs sharper, more uniform ODFs than the SNR 10 data provides without denoising. The produced ODF and the underlying CFA map are also closer to the ground truth with our method than AONLM and are better than the non-denoised SNR 10 data. Using post-processing methods does not add to the clinical acquisition burden, while reaching a higher SNR. Having cleaner data also means that reconstruction algorithms will estimate less biased diffusion parameters. This in turn leads to more accurate and robust data analyses. We believe that denoising the data should be a pre-processing step part of every pipeline, just like motion and eddy current corrections that are commonly applied to correct for artifacts.

A.5. DISCUSSION

Résumé

Cet acte de conférence est une application de l'algorithme présenté au chapitre 3. On y montre entre autres qu'il est possible d'acquérir des données d'IRM de diffusion à haute résolution spatiale, et ce malgré le niveau de bruit élevé qu'elles présentent. Pour démontrer l'intérêt d'une telle acquisition, une comparaison à un jeu de données provenant du HCP est présentée ainsi que 10 acquisitions moyennées du même sujet. Bien que le HCP possède des moyens matériels beaucoup plus élevés que ceux à notre disposition, il est démontré qu'un scanner clinique peut néanmoins acquérir des données de qualité comparable simplement en effectuant un débruitage sur les données acquises. Il est aussi important de préciser que les données acquises n'utilisent pas les techniques d'accélération dernier cri comme en bénéficie le HCP, tout en s'effectuant plus rapidement, ce qui en fait une alternative intéressante pour l'application en clinique. De plus, aucune modification n'est nécessaire aux appareils ou aux protocoles déjà utilisés.

Contributions

- i) Application de l'algorithme présenté dans (ST-JEAN et al. 2014) pour débruiter des données d'IRM de diffusion à haute résolution spatiale.
- ii) Comparaison qualitative avec les données brutes, une acquisition du HCP et 10 acquisitions moyennées du même sujet.
- iii) Analyse qualitative sur les croisements extraits des quatre acquisitions comparées.

Commentaires

L'article a été accepté avec une présentation de type affiche à la conférence *International Society for Magnetic Resonance in Medicine 2015* (ISMRM'15) (ST-JEAN et al. 2015) qui se déroule à Toronto en mai 2015. Le taux d'acceptation à la conférence est d'environ 50%.

Connectome-like quality diffusion MRI in 13 minutes - Improving diffusion MRI spatial resolution with denoising

Samuel St-Jean

Computer Science Department,
Université de Sherbrooke,
Sherbrooke, Québec, Canada J1K 2R1
Samuel.St-Jean@USherbrooke.ca

Guillaume Gilbert

MR Clinical Science,
Philips Healthcare,
Markham, Ontario, Canada
Guillaume.Gilbert@philips.com

Maxime Descoteaux

Computer Science Department,
Université de Sherbrooke,
Sherbrooke, Québec, Canada J1K 2R1
Maxime.Descoteaux@USherbrooke.ca

Keywords: Diffusion MRI, Denoising, Block matching, Dictionary learning.

A.6 Introduction

Diffusion Weighted Images (DWIs) datasets are usually acquired at a lower spatial resolution than their structural counterpart due to a decrease in the Signal-to-Noise Ratio (SNR) and increased acquisition time as the voxel size is reduced. Achieving high spatial resolution improves the specificity of reconstructed tracts and diffusion features, which might not be present at a lower spatial resolution (Sotiropoulos et al. 2013). Noisy DWIs also suffer of biased measurements due to the non-Gaussian nature of the noise (Jones et al. 2013), which prohibits high resolution acquisition if no further processing is done. The Human Connectome Project (HCP) (Van Essen et al. 2013) aims to provide high quality DWIs using state-of-the-art MRI sequences and image correction. While the sequences are available, their applicability on a clinical scanner is restricted due to the difference in hardware quality used by the HCP. We show that high resolution DWIs are achievable thanks to proper denoising and favorably compare to the HCP dataset, while still being feasible in 13 mins on a standard 3T clinical scanner. We qualitatively compare a high spatial resolution gold standard dataset made of 10 averaged acquisitions with 60 DWIs acquired using non-collinear diffusion gradient orientations, a full brain acquisition of the same subject, but with only 40 denoised DWIs, and one acquisition from the HCP.

A.7 Method

We acquired two datasets at $1.2 \times 1.2 \times 1.2 \text{ mm}^3$ from the same subject in a single scanning session. The first dataset is a full brain acquisition consisting of 40 DWIs at $b=1000 \text{ mm}^2/\text{s}^2$ and one $b=0 \text{ mm}^2/\text{s}^2$ image, $\text{TR}/\text{TE} = 18.9 \text{ s} / 104 \text{ ms}$, gradient strength of $45 \text{ mT}/\text{m}$ for an acquisition time of 13 minutes on a 3T Philips Ingenia scanner with a 32 channels head coil. An in-plane parallel imaging factor of $R=2$ was used without multiband acceleration. The second dataset is a partial brain dataset made of 9 slices, 60 DWIs at $b=1000 \text{ mm}^2/\text{s}^2$ and one $b=0 \text{ mm}^2/\text{s}^2$ image, $\text{TR}/\text{TE} = 3 \text{ s} / 104 \text{ ms}$, using the same spatial resolution as the first dataset. We

acquired during the same scanner session (total time of 30 minutes) and averaged 10 such datasets in order to provide a gold standard comparison against denoising the full brain acquisition. Using the full brain dataset, we first corrected the Rician noise bias by using (Koay et al. 2009a). We then applied the Non Local Spatial and Angular Matching (NLSAM) (St-Jean et al. 2014) with a local neighborhood of $3 \times 3 \times 3$ voxels and 4 angular neighbors to denoise the full brain acquisition. No further processing (such as eddy current or motion correction) was applied as we wanted to compare the effects of denoising on the raw acquisition without risking introducing blurring artifacts or noise distortion due to interpolation.

A.8 Dataset

We used the 90 DWIs at $b=1000 \text{ mm}^2/\text{s}^2$ and the 18 $b=0 \text{ mm}^2/\text{s}^2$ DWIs from a pre-processed dataset (motion, eddy current and distortions corrections) from the HCP. The data was acquired at a spatial resolution of $1.25 \times 1.25 \times 1.25 \text{ mm}^3$ with $\text{TR}/\text{TE} = 5.5 \text{ s} / 89 \text{ ms}$, gradient strength of 100 mT/m, in-plane parallel imaging with $R=2$ and multiband acceleration of 3. The total acquisition time was 55 minutes for all three shells on a 3T Siemens Skyra scanner with a 32 channels head coil. Since we only use the $b=1000 \text{ mm}^2/\text{s}^2$ shell, the acquisition time would be roughly 20 mins on the HCP scanner.

A.9 Results

Figure A.2 shows the raw data for the gradient direction closest to $(0, 1, 0)$, color fractional anisotropy (FA) and peaks extracted from fiber orientation distribution function (fODF) computed using constrained spherical deconvolution (CSD) of order 8 (Tournier et al. 2007). Even though the raw data (Fig. 1A) suffers from noisy peaks, proper denoising (Fig. 1B) restores coherence in the junction of the corpus callosum

A.9. RESULTS

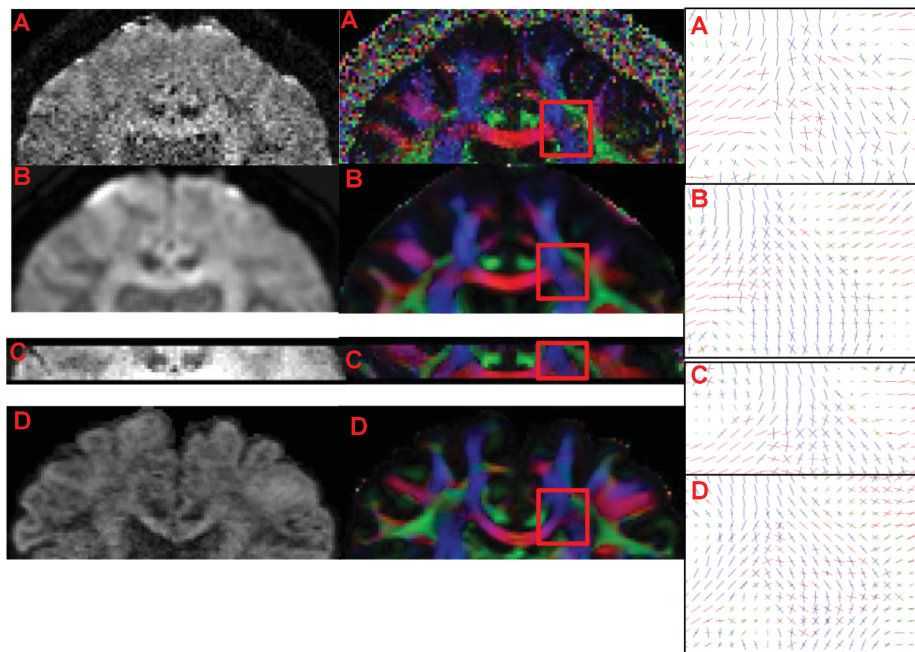


Figure A.2: Colored FA and peaks for **A)** the raw data **B)** NLSAM denoised data **C)** gold standard 10 averages dataset **D)** the HCP dataset. With proper denoising, the peaks are closer to the HCP dataset than 10 averaged acquisitions, while still being feasible on a standard clinical scanner

	Our dataset	HCP dataset
DWIs	40 DWIs + 1 B0	2x 90 DWIs + 18 B0s
Resolution	1.2 x 1.2 x 1.2 mm ³	1.25 x 1.25 x 1.25 mm ³
TR / TE	18.9 s / 104 ms	5.5 s / 89 ms
Acq. Time	13 mins	18 mins
Gradient	45 mT/m	100 mT/m
Multiband	No	3x

Table A.2: Difference between the HCP and our full brain acquisition.

(CC), corticospinal tract (CST) and superior longitudinal fasciculus (SLF). The denoised data (Fig. 1B) is comparable to the gold standard average of 10 acquisitions (Fig. 1C) and to the high quality acquisition from the HCP (Fig. 1D).

A.10 Discussion

Even though the HCP project uses 2.5x stronger gradients, 2.25x more DWIs than our in-house acquisition and 3x fast multiband imaging (see Table A.2), we are able to achieve a qualitatively comparable data quality. Using proper denoising, even a 3T clinical scanner can achieve in 13 minutes a diffusion MRI acquisition at a high spatial resolution, which would normally take 3-4 hours (Sotiropoulos et al. 2013) for multishell data or ~1h15 for a comparable acquisition at $b=1000$ mm/s². This means that the diffusion MRI community could aim for higher spatial resolution DWIs, without requiring the use of costly new hardware or complicated acquisition schemes. This also means that projects such as the HCP can now acquire data at a much higher spatial resolution and include denoising in their pre-processing pipelines, enabling higher quality acquisition. This could in turn reveal new anatomical details, which are not achievable at the spatial resolution currently used in diffusion MRI.

Annexe B

Soumissions sans comité de lecture

Cette section regroupe les soumissions effectuées dans divers ateliers sans comité de lecture. Le principal intérêt de ces communications réside dans la présentation de nouvelles méthodes en développement dans le cadre de concours afin de comparer les nouvelles techniques de pointe. Ainsi, chaque participant était encouragé à soumettre le résultat traité d'un jeu de données synthétiques afin d'évaluer la performance des algorithmes de traitement utilisés, même si ceux-ci n'étaient pas encore publiés, afin d'en relever les avantages et inconvénients. Cela permet ainsi de voir qu'elles seront les méthodes prometteuses mises de l'avant par la communauté dans les prochaines années.

Résumé

Cet article présente la combinaison de l'algorithme NLSAM (ST-JEAN et al. 2014) à l'algorithme *Constrained Spherical Deconvolution* (CSD) et *Sharpening Deconvolution Transform* (SDT) sur un jeu de données synthétique, mais provenant d'une acquisition réelle. Le but était de prédire la valeur du signal pour certaines *b-values* tout en prédisant le nombre et l'angle de certains croisements. Il en ressort que les méthodes de déconvolution sont aptes

ANNEXE B. SOUMISSIONS SANS COMITÉ DE LECTURE

à prédire ces deux derniers critères, mais de par leur construction mathématique ne peuvent pas bien prédire le signal à de hautes *b-values*. Néanmoins, les méthodes pouvant bien prédire le signal ont de la difficulté à prédire l'angle et le nombre de croisements, ce qui démontre que selon l'application désirée, il faut choisir la méthode adéquate avant de faire l'acquisition des données à l'IRM.

Contributions

- i) Présentation de l'algorithme NLSAM appliqué avec des algorithmes de déconvolution sphérique.
- ii) Application à la prédiction de signal, détection de l'angle et du nombre de croisements avec des acquisitions à faible résolution spatiale ou angulaire.

Commentaires

L'article a été présenté dans le cadre de la compétition *Sparse Reconstruction Challenge for Diffusion MRI* (SPARC dMRI) ayant lieu lors de l'atelier *MICCAI 2014 Workshop on Computational Diffusion MRI* (CDMRI'14). Cet atelier satellite était organisé dans le cadre de la conférence internationale *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention 2014* (MICCAI'14) ayant lieu à Boston, aux États-Unis.

Spherical Deconvolution on single shell and multishell combined with denoising

Samuel St-Jean

Computer Science Department,
Université de Sherbrooke,
Sherbrooke, Québec, Canada J1K 2R1

Michael Paquette

Computer Science Department,
Université de Sherbrooke,
Sherbrooke, Québec, Canada J1K 2R1

Eleftherios Garyfallidis

Computer Science Department,
Université de Sherbrooke,
Sherbrooke, Québec, Canada J1K 2R1

Maxime Descoteaux

Computer Science Department,
Université de Sherbrooke,
Sherbrooke, Québec, Canada J1K 2R1

Keywords: Diffusion MRI, Denoising, Block matching, Dictionary learning.

B.1 Introduction

We tested some classical deconvolution methods for the Sparse Reconstruction Challenge for Diffusion MRI (SPARC dMRI) of the MICCAI 2014 Workshop on Computational Diffusion MRI. We used the Constrained Spherical Deconvolution (CSD) (Tournier et al. 2007) and the Sharpening Deconvolution Transform (SDT) (Descoteaux et al. 2009) with two denoising algorithms : the Non Local Means (NLM) (Descoteaux et al. 2008) and the Non Local Spatial and Angular Matching (NLSAM) (St-Jean et al. 2014) techniques. The aim was to test regular methods combined with denoising algorithms that do not take explicit advantage of sparse regularization.

Both the CSD and SDT were used on the multishell data and the 20, 30 and 60 gradients datasets with a b-value of 2000. The methods were run on the unprocessed datasets as well as on the NLM and NLSAM processed datasets, for a total of 36 submissions.

B.2 Method description

The CSD is a constrained deconvolution method working directly on the signal while the SDT deconvolves a diffusion orientation distribution function (ODF). Both methods assume that the sharper fiber ODF is formed by the convolution of a single fiber response function R and the signal or the diffusion ODF. Using the SDT and recovering the fiber ODF ψ_{SDT} enables sharper and tighter crossings than the diffusion ODF ψ_{QBI} would initially permit.

The NLM denoising method works in the image space by finding similar neighbors for each voxels. Those similar neighbors are then used to reweight each voxel according to a spatial similarity metric in order to reduce the noise.

The NLSAM denoising algorithm works in both the image domain and the angular domain. Its aim is to first find a common basis through dictionary learning to jointly

B.2. METHOD DESCRIPTION

denoise all of the diffusion weighted images together, which share the same underlying physical structure.

Angular neighboring gradients directions on the sphere are then jointly denoised to further enhance the angular structure and refine the denoising. Gradients directions that are close on the sphere share structure as well as angular information, which can be used to estimate the real signal value. Eq. B.1 finds the dictionary \mathbf{D} and the coefficients $\boldsymbol{\alpha}$ used to denoise the raw data \mathbf{x}_i . Local patches are reorganized as i columns for the optimization and λ is a regularization parameter to control the sparsity of $\boldsymbol{\alpha}$.

$$\min_{\mathbf{D}, \boldsymbol{\alpha}} \frac{1}{n} \sum_{i=1}^n \left(\frac{1}{2} \|\mathbf{x}_i - \mathbf{D}\boldsymbol{\alpha}_i\|_2^2 + \lambda \|\boldsymbol{\alpha}_i\|_1 \right) \quad (\text{B.1})$$

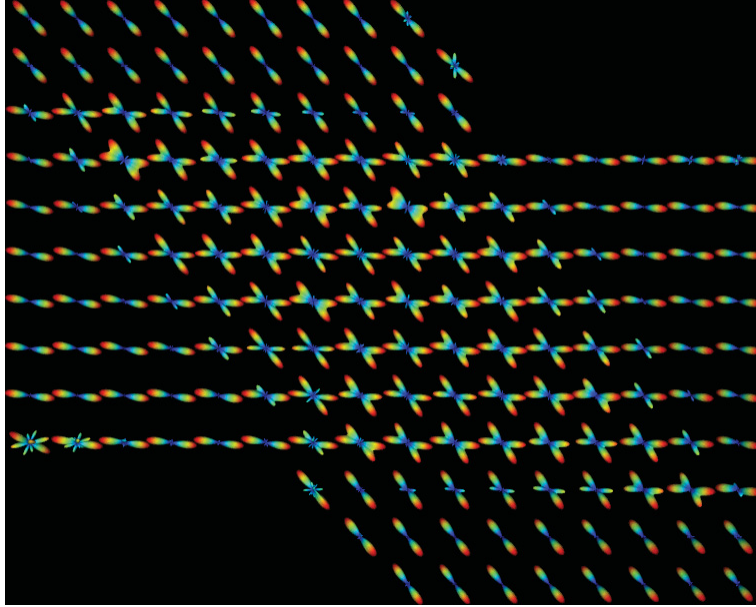


Figure B.1: CSD with NLSAM denoising on the multishell data. The 60 gradients directions dataset was used for the reconstruction.

B.3 List of used parameters

We used spherical harmonics of order 4 for the 20 gradients directions, order 6 for the 30 gradients directions and order 8 on the multishell and 60 gradients directions datasets for both the SDT and the CSD. The response function R were set to $(\lambda_1 = 30, \lambda_2 = 2) \times 10^{-4}$ for the CSD and a ratio of λ_1/λ_2 was used for the SDT. For the NLM and NLSAM method, we estimated the standard deviation of the noise from the data itself and used a patch size of 3x3x3. Other values were in the same range as in (Descoteaux et al. 2009; St-Jean et al. 2014)

To estimate the signal values at the required points, we simulated a multitensor model using the response function from the voxels identified as containing only one fiber. For the isotropic compartment, the mean signal on each shell was computed, then a mono-exponential decay model was fitted to extrapolate the signal for higher b-values.

Annexe C

Soumissions en tant qu'auteur tierce

La première annexe présente les diverses publications auxquelles j'ai collaborées durant ma maîtrise, sans toutefois en être le premier auteur. On y dénote notamment trois soumissions pour le *International Symposium on Biomedical Imaging 2013 HARDI Reconstruction challenge*¹, qui a entre autres fourni la première version du jeu de données synthétiques présenté à la section A. Ce concours évaluait la performance des algorithmes de traitement d'IRM de diffusion en évaluant la connectivité finale sur la tractographie. Les participants avaient accès à différentes acquisitions, soit 32 directions (catégorie DTI), 64 directions (catégorie HARDI) et plus (catégorie Heavyweight) aux niveaux de SNR 10, 20 et 30. Le but était donc de reconstruire les tractes les plus fidèles au modèle sans bruit, tout en limitant le nombre de connexions invalides. La publication (GARYFALLIDIS et al. 2013) s'est méritée la 1^{re} place pour la catégorie DTI et HARDI ainsi que la 2^e place pour la catégorie Heavyweight. Les résumés de conférence présentant les méthodes utilisées sont inclus tels quels pour préserver leur aspect original.

1. http://hardi.epfl.ch/static/events/2013_ISBI/

Constrained spherical deconvolution on signal and ODF values

Eleftherios Garyfallidis*, Samuel St-Jean*, Michael Paquette*, Pierrick Coupé†, Maxime Descoteaux*

* Sherbrooke Connectivity Imaging Lab (SCIL), Computer Science department, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Canada

† CNRS, Laboratoire Bordelais de Recherche en Informatique, Bordeaux, France

For the purpose of the ISBI HARDI reconstruction challenge 2013 and for the categories DTI and HARDI acquisitions, we reconstructed the diffusion datasets using two well established methods: a) Spherical Deconvolution Transform (SDT) [1], [2] and b) Constrained Spherical Deconvolution (CSD) [3].

The SDT is a sharpening operation which transforms the smooth diffusion ODF into a sharper fiber ODF. The method is inspired by CSD [3] with, the main difference that the CSD is applied directly to the initial signal and the SDT directly to the ODF.

The idea here is that an ODF, for example the analytical Q-ball ODF ψ_{QBI} , can be formed by the convolution between the single fiber diffusion ODF kernel R and the true fiber ODF ψ_{SDT} .

$$\psi_{QBI}(\mathbf{u}) = \int_{|\mathbf{w}|=1} R(\mathbf{u} \cdot \mathbf{w}) \psi_{SDT}(\mathbf{w}) d\mathbf{w} \quad (1)$$

Therefore, the deconvolution of ψ_{QBI} can recover a sharper ψ_{SDT} . We can derive the formula for the ψ_{SDT} using symmetrized spherical harmonics.

$$\psi_{SDT}(\mathbf{u}) = \sum_{j=1}^R 2\pi P_{l_j}(0) \frac{c_j}{f_j} Y_j(\mathbf{u}) \quad (2)$$

For the derivation and explanation of the formula see [1].

The deconvolution that we used here is a fast converging iterative process. Usually, taking 5 to 10 iterations for convergence. The main choice to be considered both for SDT and CSD is the estimation of the single fiber response function R . We assume that R is derived from a prolate tensor. The eigenvalues of this tensor are estimated from the voxels with FA > 0.7. In Tab. 1 we show for the trainings sets that the estimated eigenvalues can change considerably (values scaled by 1000).

R estimation	DTI	HARDI
SNR 10	$\lambda_1 = 17.7, \lambda_2 = 4.1$	$\lambda_1 = 13.6, \lambda_2 = 3.8$
SNR 30	$\lambda_1 = 18.3, \lambda_2 = 3.7$	$\lambda_1 = 16.6, \lambda_2 = 3.8$

TABLE I

In order to deal with the high levels of noise, the diffusion weighted (DW) datasets for SNR 10 and 20 were denoised with the adaptive nonlocal means [4] using a rician noise model. As proposed in [5], each DW images were processed independently. The DW dataset with SNR 30 was left intact and no further denoising was performed.

In order to find the best parameters for the methods described here we created a connectivity matrix after generating deterministic streamlines from the ODFs of the training set. We finally selected the parameters which minimized the number of missing and false bundles in the training set and used those with the test data. In Fig.1 we see results from an ROI from slice Y=22 of the testing dataset reconstructed with CSD in A and C and with SDT in B and D. The

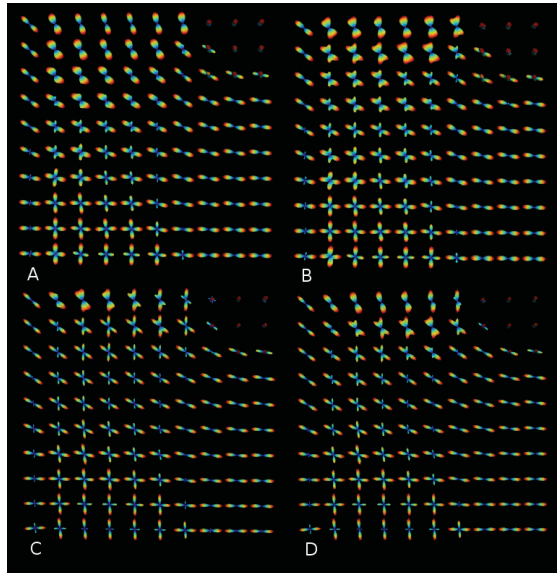


Fig. 1. ROI [14:24, 22, 23:33] of the denoised test dataset (SNR 10) provided by the organizers of the HARDI reconstruction challenge 2013. A) CSD DTI, B) SDT DTI, C) CSD HARDI, D) SDT HARDI.

spherical harmonic order used for the DTI datasets was 6 and for HARDI 8 both for CSD and SDT. In Fig. 1 we observe that SDT performed better in the DTI category but CSD performed slightly better the HARDI category as it managed to resolve more crossing fibers. For the challenge we submitted all results with ODFs saved as spherical harmonic coefficients of order 8. The source code for the methods described in this paper is available at dipy.org.

REFERENCES

- [1] M. Descoteaux, R. Deriche, T. R. Knösche, and A. Anwander, "Deterministic and probabilistic tractography based on complex fibre orientation distributions," *IEEE Transactions in Medical Imaging*, vol. 28, pp. 269–286, February 2009.
- [2] M. Descoteaux, *High Angular Resolution Diffusion MRI: from Local Estimation to Segmentation and Tractography*. PhD thesis, University of Nice-Sophia Antipolis, 2008.
- [3] J.-D. Tournier, F. Calamante, and A. Connelly, "Robust determination of the fibre orientation distribution in diffusion mri: Non-negativity constrained super-resolved spherical deconvolution," *NeuroImage*, vol. 35, no. 4, pp. 1459–1472, 2007.
- [4] J. V. Manjón, P. Coupé, L. Martí-Bonmatí, D. L. Collins, and M. Robles, "Adaptive non-local means denoising of mr images with spatially varying noise levels," *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, vol. 31, no. 1, pp. 192–203, 2010.
- [5] M. Descoteaux, N. Wiest-Daesslé, S. Prima, C. Barillot, and R. Deriche, "Impact of rician adapted non-local means filtering on hardi," in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, vol. 5242, pp. 122–130, 2008.

Particle Swarm Optimization in Multi-Tensor Imaging

Michael Paquette*, Eleftherios Garyfallidis*, Samuel St-Jean*, Pierrick Coupé†, Maxime Descoteaux*

* Sherbrooke Connectivity Imaging Lab (SCIL), Computer Science Department, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Canada

† CNRS Laboratoire Bordelais de Recherche en Informatique (LaBRI), Bordeaux, France

For the ISBI HARDI reconstruction challenge 2013, we developed a local estimation method based on Multi-Tensor (MT) fitting with the Particle Swarm Optimization technique (PSO) [1]. We apply this reconstruction to the DTI and HARDI data categories.

To fit a MT to the diffusion signal $S = \{S_k\}_{k=0}^M$ with gradient scheme $\{b_k, g_k\}_{k=0}^M$ is to find some parameters so that $y = \{y_k\}_{k=0}^M$, $y_k = \sum_{i=0}^N f_i e^{-b_k g_k^T D_i g_k}$ resembles the measured signal S , where g_k is the k^{th} normalized gradient wavevector and b_k the corresponding b-value, D_i is a rank 2 symmetric tensor with volume fraction f_i and N is the number of compartments in the fit.

To perform the MT fitting, we minimize the fitting error for some cost function, here the squared error between the measured signal and the MT approximation, $\|S - y\|_2^2$. This minimization is carried on by the particle swarm optimization. The PSO is a stochastic optimization algorithm using population interaction to find the minimum of a function $f : \mathbf{R}^n \rightarrow \mathbf{R}$. It starts by randomly initiating Np particles: points $\Omega_j^0 \in \mathbf{R}^n$, and Np velocities: points $v_j^1 \in \mathbf{R}^n$. These points then evolve into the search space according to $\Omega_j^{t+1} = \Omega_j^t + v_j^{t+1}$ and $v_j^{t+1} = wv_j^t + \phi_p r_p (p_j^t - \Omega_j^t) + \phi_g r_g (g^t - \Omega_j^t)$, where w , ϕ_p and ϕ_g are user tuned parameters, p_j^t is the j^{th} particle's best known position at iteration t , g^t is the swarm's best known position at iteration t and $r_p, r_g \sim \mathcal{U}[0, 1]$. The process is repeated for Ni iterations or until some convergence criterion is met. The velocity update formula means that the particles are drawn to the swarm's best known position while being deflected by their own best location and conserving some of their past momentum. Particles near g will fully explore that area of the space and find the true local minimum while others will converge there from all over the space, allowing to potentially find new attractor points or finding a better value near their own best known location. Finally, the conservation of their previous velocity and its random weighting with p and g allow for the particles to escape non-optimal local minima, potentially attracting to them other particles that are trapped.

For the contest, we compared using the raw DW, the DW denoised with adaptive nonlocal means [2] using a rician noise model. As proposed in [3], each DW images were processed independently.

We constrained the MT model to use only prolate tensors and also tested adding an isotropic compartment and fixing the volume fraction to be equal between the non-isotropic compartments.

Since the number of compartments is a meta parameter, we chose as a strategy to overfit at every voxel by always estimating three fiber compartments and to re-estimate with less compartments certain voxels based on two criterion. We first enforce that no voxel has peaks closer to each other than θ° . This angular based pruning provides a good cleaning because the peaks tend to converge together when the voxel has been overmodeled. The only drawback is that we put a hard lower bound on the method's angular resolution. Secondly, we look at the model complexity of neighboring voxels after the angular

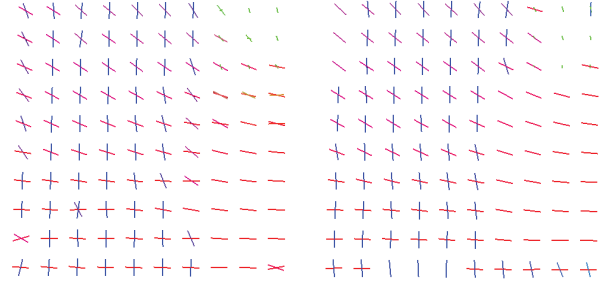


Fig. 1. Peaks in the testing dataset (ROI = [14:24, 22, 23:33]). Left is DTI, right is HARDI, both result on snr = 10 with denoising from [2].

pruning to detect outliers. A voxel that has more compartments than $\Psi\%$ of it's neighborhood is re-estimated with less compartments.

In order to validate which denoising and MT constraints were optimal on the training data, we computed tractography for all the different combinations. Considering that the given ground truth was a binary connectivity matrices with given ROI, we generated connectivity matrix from track count and used them to qualitatively evaluate each method. For a specific threshold, we can binarize our matrix and obtain a connectivity error, $\#$ false connections + $\#$ missing connections. A false connection is two regions considered connected for that threshold that are not in the ground truth and a missing connection is two regions not considered connected for that threshold that are in the ground truth. Looking at that error for different thresholds gives an overview of the validity of the tractogram produced from that method. Indeed, a good tractogram should allow for a large range of threshold value that gives low connectivity error.

For the final result, for both the DTI dataset (32 directions at $b = 1200$ s/mm²) and the HARDI dataset (64 directions at $b = 3000$ s/mm²), we used the denoising from [2] for SNR 10 and 20 and no denoising for SNR 30. The MT model fitted had three prolate tensors and one isotropic tensor with fixed equal volume fractions. The pruning parameters were $\theta = 30^\circ$, $\Psi = 50\%$ for DTI and $\theta = 20^\circ$, $\Psi = 50\%$ for HARDI. We submitted the resulting peaks to the contest's organizers.

REFERENCES

- [1] J. Kennedy and R. C. Eberhart, "Particle swarm optimization," in *IEEE International Conference on Neural Networks*, vol. 4, pp. 1942 – 1948, 1995.
- [2] J. V. Manjón, P. Coupé, L. Martí-Bonmatí, D. L. Collins, and M. Robles, "Adaptive non-local means denoising of mr images with spatially varying noise levels," *Journal of Magnetic Resonance Imaging*, vol. 31, no. 1, pp. 192–203, 2010.
- [3] M. Descoteaux, N. Wiest-Daesslé, S. Prima, C. Barillot, and R. Deriche, "Impact of rician adapted non-local means filtering on hardi," in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, vol. LNCS 5242, pp. 122–130, 2008.

Deconvolution enhanced Generalized Q-Sampling 2 and DSI deconvolution

Eleftherios Garyfallidis*, Michael Paquette*, Samuel St-Jean*, Pierrick Coupé†, Maxime Descoteaux*

* Sherbrooke Connectivity Imaging Lab (SCIL), Computer Science department, Université de Sherbrooke, Sherbrooke, Canada

† CNRS, Laboratoire Bordelais de Recherche en Informatique, Bordeaux, France

For the purpose of the ISBI HARDI reconstruction challenge 2013 and for the heavyweight category, we reconstructed the diffusion datasets using two methods: a) Generalized Q-sampling Imaging 2 [1], [2] with spherical deconvolution [3],[4] (GQID), and b) Diffusion Spectrum Imaging with Deconvolution [5] (DSID).

GQI2 provides a direct analytical formula to calculate the solid angle ODF (ψ_{GQI2}) of DSI without the need to first estimate the diffusion propagator:

$$\psi_{GQI2}(\mathbf{u}) = \lambda^3 \int S(\mathbf{q})H(2\pi\lambda\mathbf{q} \cdot \mathbf{u})d\mathbf{q} \quad (1)$$

where \mathbf{u} is the unit direction in the sphere, \mathbf{q} is the q-space wave vector, S is the DW signal, λ is a smoothing parameter called the sampling length and

$$H(x) = \begin{cases} 2 \cos(x)/x^2 + (x^2 - 2) \sin(x)/x^3, & x \neq 0 \\ 1/3, & x = 0 \end{cases}$$

In [1], it was shown that ψ_{GQI2} creates ODFs with higher angular accuracy than standard DSI ODFs. In this work, we further extended ψ_{GQI2} with the spherical deconvolution transform (SDT).

The SDT is a sharpening operation which transforms the smooth diffusion ODF into a sharper fiber ODF [6]. The idea here is that an ODF for example the GQI2 ODF ψ_{GQI2} can be formed by convolution between the single fiber diffusion ODF kernel, R and the true fiber ODF ψ_{GQID}

$$\psi_{GQI2}(\mathbf{u}) = \int_{|w|=1} R(\mathbf{u} \cdot \mathbf{w})\psi_{GQID}(\mathbf{w})d\mathbf{w} \quad (2)$$

The deconvolution is a fast converging iterative process.

In order to deal with the high levels of noise, the diffusion weighted (DW) datasets for SNR 10 and 20 were denoised with adapted non-local means filtering [7] using a rician noise model. As proposed in [7], each DW images were processed independently. The DW dataset with SNR 30 was left intact and no further denoising was performed.

In GQI2, we usually use $2 \leq \lambda \leq 3$ as higher values can give noisier ODFs as we see at Fig.1Left. However, higher values of λ have the advantage that we are sampling from a higher radius in q-space (higher b-values) where most of the angular information lives. Using the GQID, we show at Fig.1Right that we can eliminate those noisy peaks and obtain sharper ODFs.

Apart from the GQID, for comparisons we also performed reconstructions using DSI with deconvolution [5]. This deconvolution is not a spherical one, but it is performed in the 3D grid of the DSI propagator using Lucy-Richardson deconvolution. DSID is known to create very sharp ODFs from last year's ISBI challenge.

In order to find the best parameters for the methods described here, we created a connectivity matrix after generating deterministic streamlines from the ODFs of the training set using the method provided by [8]. We finally selected the parameters which minimized the number of missing and false bundles in the training set and used

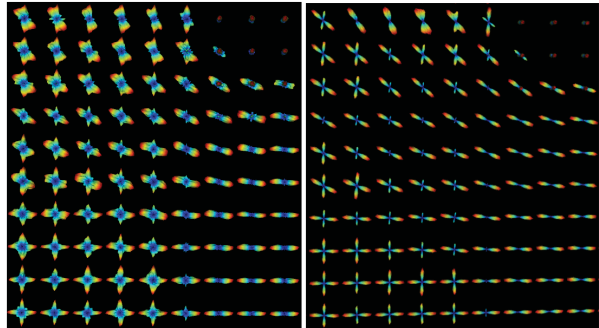


Fig. 1. A detail of slice Y=22 from the test data of the HARDI reconstruction challenge 2013 with GQI2 on the left and GQID ODFs on the right.

those with the test datasets. For DSID we used a propagator grid of $35 \times 35 \times 35$. For GQID we used sampling length of $\lambda = 3.5$, SDT ratio of 0.22 and spherical harmonic order of 8. For the challenge we submitted all results with ODFs saved as spherical harmonic coefficients of order 8. The source code for the methods described in this paper is available at dipy.org.

REFERENCES

- [1] E. Garyfallidis, *Towards an accurate brain tractography*. PhD thesis, University of Cambridge, 2012.
- [2] F. Yeh, V. Wedeen, and W. Tseng, "Generalized Q-sampling imaging," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 29, no. 9, pp. 1626–1635, 2010.
- [3] M. Descoteaux, R. Deriche, T. R. Knösche, and A. Anwender, "Deterministic and probabilistic tractography based on complex fibre orientation distributions," *IEEE Transactions in Medical Imaging*, vol. 28, pp. 269–286, February 2009.
- [4] M. Descoteaux, *High Angular Resolution Diffusion MRI: from Local Estimation to Segmentation and Tractography*. PhD thesis, University of Nice-Sophia Antipolis, 2008.
- [5] E. J. Canales-Rodríguez, Y. Iturria-Medina, Y. Aleman-Gomez, and L. Melie-Garcia, "Deconvolution in diffusion spectrum imaging," *NeuroImage*, vol. 50, no. 1, pp. 136–149, 2010.
- [6] J.-D. Tournier, F. Calamante, and A. Connelly, "Robust determination of the fibre orientation distribution in diffusion mri: Non-negativity constrained super-resolved spherical deconvolution," *NeuroImage*, vol. 35, no. 4, pp. 1459–1472, 2007.
- [7] M. Descoteaux, N. Wiest-Daesslé, S. Prima, C. Barillot, and R. Deriche, "Impact of rician adapted non-local means filtering on hardi," in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, vol. 5242, pp. 122–130, 2008.
- [8] G. Girard and M. Descoteaux, "Anatomical tissue probability priors for tractography," in *International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI'12) - Computational Diffusion MRI Workshop*, pp. 174–185, 2012.

Annexe D

Code source des algorithmes

Cette annexe illustre (en partie) le code source des principaux algorithmes de ce mémoire, à savoir

- i) l’algorithme PIESNO de (KOAY et al. 2009b),
- ii) l’algorithme pour calculer la variance locale du bruit présenté à la section 2.5.1,
- iii) l’algorithme de stabilisation de la variance de (KOAY et al. 2009a)

Bien que l’essentiel de l’implémentation est détaillée ici, cet annexe vise à seulement en présenter les concepts clés permettant une ré-implémentation si désirée, sans nécessairement montrer les détails complexes de l’implémentation. Une version plus complète des fonctions sera éventuellement incluse dans `dipy` (www.dipy.org), où PIESNO est déjà disponible. Des scripts pour faire le traitement complet des données et pour assurer le lien entre chaque fonction sont disponibles sur <https://github.com/samuelstjean/nlsam>.

D.1 Implémentation de PIESNO

Cette version de PIESNO accepte en entrée un volume de diffusion 3D ou 4D et retourne une estimation de la variance pour chaque tranche. L'utilisateur peut boucler lui-même sur la tranche désirée (version 3D) ou encore utiliser la version 4D, qui boucle alors selon l'axe Z. Le seul paramètre à fournir est le nombre de canaux de l'antenne N et les données à traiter. La sortie est ainsi une carte 2D de la variance et un masque 3D identifiant les voxels qui sont détectés comme étant purement du bruit. La fonction `piesno` s'utilise donc de la façon suivante :

```
sigma, mask_noise = piesno(data, 4, return_mask=True)
```

```
from __future__ import division, print_function

import numpy as np

from scipy.special import gammainccinv
from scipy.ndimage.filters import convolve

def _inv_nchi_cdf(N, K, alpha):
    """Inverse CDF for the noncentral chi distribution
    See [1]_ p.3 section 2.3"""
    return gammainccinv(N * K, 1 - alpha) / K

def piesno(data, N, alpha=0.01, l=100, itermax=100, eps=1e-5,
    ↪ return_mask=False):
    """
    Probabilistic Identification and Estimation of Noise (PIESNO).

    Parameters
    -----
    data : ndarray
```

D.1. IMPLÉMENTATION DE PIESNO

The magnitude signals to analyse. The last dimension must
→ *contain the*
same realisation of the volume, such as dMRI or fMRI data.

N : int

The number of phase array coils of the MRI scanner.

If your scanner does a SENSE reconstruction, ALWAYS use N=1,
as the noise profile is always Rician.

→ *number*
of phase array coils.

alpha : float

Probabilistic estimation threshold for the gamma function.

l : int

number of initial estimates for sigma to try.

itermax : int

Maximum number of iterations to execute if convergence
is not reached.

eps : float

Tolerance for the convergence criterion. Convergence is
reached if two subsequent estimates are smaller than eps.

return_mask : bool

If True, return a mask identifying all the pure noise voxel
that were found.

Returns

sigma : float

The estimated standard deviation of the gaussian noise.

mask : ndarray (optional)

A boolean mask indicating the voxels identified as pure noise.

Note

ANNEXE D. CODE SOURCE DES ALGORITHMES

```
-----  
This function assumes two things : 1. The data has a noisy,  
↪ non-masked  
background and 2. The data is a repetition of the same measurements  
along the last axis, i.e. dMRI or fMRI data, not structural  
data like T1/T2.  
  
This function processes the data slice by slice, as originally  
↪ designed in  
the paper. Use it to get a slice by slice estimation of the noise,  
↪ as in  
spinal cord imaging for example.  
  
References  
-----  
  
.. [1] Koay CG, Ozarslan E and Pierpaoli C.  
"Probabilistic Identification and Estimation of Noise (PIESNO):  
A self-consistent approach and its applications in MRI."  
Journal of Magnetic Resonance 2009; 199: 94-103.  
  
.. [2] Koay CG, Ozarslan E and Basser PJ.  
"A signal transformational framework for breaking the noise floor  
and its applications in MRI."  
Journal of Magnetic Resonance 2009; 197: 108-119.  
""  
  
# This method works on a 2D array with repetitions as the third  
↪ dimension,  
# so process the dataset slice by slice.  
if data.ndim < 3:  
    e_s = "This function only works on datasets of at least 3  
        ↪ dimensions."  
    raise ValueError(e_s)  
  
if data.ndim == 4:  
  
    sigma = np.zeros(data.shape[-2], dtype=np.float32)  
    mask_noise = np.zeros(data.shape[:-1], dtype=np.bool)
```

D.1. IMPLÉMENTATION DE PIESNO

```
    for idx in range(data.shape[-2]):
        sigma[idx], mask_noise[..., idx] = \
            _piesno_3D(data[..., idx, :], N,
                       alpha=alpha,
                       l=l,
                       itermax=itermax,
                       eps=eps,
                       return_mask=True)

    else:
        sigma, mask_noise = _piesno_3D(data, N,
                                       alpha=alpha,
                                       l=l,
                                       itermax=itermax,
                                       eps=eps,
                                       return_mask=True)

    if return_mask:
        return sigma, mask_noise

    return sigma

def _piesno_3D(data, N, alpha=0.01, l=100, itermax=100, eps=1e-5,
               return_mask=False):
    """
    Probabilistic Identification and Estimation of Noise (PIESNO).
    This is the slice by slice version for working on a 4D array.

    Parameters
    -----
    data : ndarray
        The magnitude signals to analyse. The last dimension must
    ↪ contain the
        same realisation of the volume, such as dMRI or fMRI data.

    N : int
        The number of phase array coils of the MRI scanner.
```

ANNEXE D. CODE SOURCE DES ALGORITHMES

alpha : float (optional)

*Probabilistic estimation threshold for the gamma function.
Default: 0.01.*

l : int (optional)

number of initial estimates for sigma to try. Default: 100.

itermax : int (optional)

*Maximum number of iterations to execute if convergence
is not reached. Default: 100.*

eps : float (optional)

*Tolerance for the convergence criterion. Convergence is
reached if two subsequent estimates are smaller than eps.
Default: 1e-5.*

return_mask : bool (optional)

*If True, return a mask identifying all the pure noise voxel
that were found. Default: False.*

Returns

sigma : float

The estimated standard deviation of the gaussian noise.

mask : ndarray

A boolean mask indicating the voxels identified as pure noise.

Notes

*This function assumes two things : 1. The data has a noisy,
↪ non-masked
background and 2. The data is a repetition of the same measurements
along the last axis, i.e. dMRI or fMRI data, not structural data
↪ like T1/T2.*

References

D.1. IMPLÉMENTATION DE PIESNO

```
.. [1] Koay CG, Ozarslan E and Pierpaoli C.
"Probabilistic Identification and Estimation of Noise (PIESNO):
A self-consistent approach and its applications in MRI."
Journal of Magnetic Resonance 2009; 199: 94-103.

.. [2] Koay CG, Ozarslan E and Basser PJ.
"A signal transformational framework for breaking the noise floor
and its applications in MRI."
Journal of Magnetic Resonance 2009; 197: 108-119.
"""

# Get optimal quantile for N if available, else use the median.
opt_quantile = {1: 0.79681213002002,
                2: 0.7306303027491917,
                4: 0.6721952960782169,
                8: 0.6254030432343569,
                16: 0.5900487123737876,
                32: 0.5641772300866416,
                64: 0.5455611840489607,
                128: 0.5322811923303339}

if N in opt_quantile:
    q = opt_quantile[N]

else:
    q = 0.5

# Initial estimation of sigma
denom = np.sqrt(2 * _inv_nchi_cdf(N, 1, q))
m = np.percentile(data, q * 100) / denom

phi = np.arange(1, l + 1) * m / l
K = data.shape[-1]
sum_m2 = np.sum(data**2, axis=-1, dtype=np.float32)

sigma = np.zeros(phi.shape, dtype=phi.dtype)
mask = np.zeros(phi.shape + data.shape[:-1])

lambda_minus = _inv_nchi_cdf(N, K, alpha/2)
```

ANNEXE D. CODE SOURCE DES ALGORITHMES

```
lambda_plus = _inv_nchi_cdf(N, K, 1 - alpha/2)

pos = 0
max_length_omega = 0

for num, sig in enumerate(phi):

    sig_prev = 0
    omega_size = 1
    idx = np.zeros(sum_m2.shape, dtype=np.bool)

    for n in range(itermax):

        if np.abs(sig - sig_prev) < eps:
            break

        s = sum_m2 / (2 * K * sig**2)
        idx = np.logical_and(lambda_minus <= s, s <= lambda_plus)
        omega = data[idx, :]

        # If no point meets the criterion, exit
        if omega.size == 0:
            omega_size = 0
            break

        sig_prev = sig

        # Numpy percentile must range in 0 to 100, hence q*100
        sig = np.percentile(omega, q * 100) / denom
        omega_size = omega.size / K

    # Remember the biggest omega array as giving the optimal
    # sigma amongst all initial estimates from phi
    if omega_size > max_length_omega:
        pos, max_length_omega = num, omega_size

sigma[num] = sig
mask[num] = idx
```

D.2. IMPLÉMENTATION DE L'ESTIMATION DE LA VARIANCE ADAPTATIVE

```
if return_mask:
    return sigma[pos], mask[pos]

return sigma[pos]
```

D.2 Implémentation de l'estimation de la variance adaptative

Pour les cas où PIESNO ne s'applique pas (par exemple, lorsque le fond de l'image est masqué par le scanner), cette fonction présente une alternative basée sur l'estimation locale de la variance. Étant donné une carte de bruit mesurée par le scanner, la fonction `local_noise_map_std` prend comme seule entrée cette carte et retourne une estimation locale de la variance. Sinon, l'utilisateur peut donner un volume 4D à la fonction `local_standard_deviation`, qui s'occupe de simuler une carte de bruit pour en calculer la variance. Par la suite, il suffit d'appliquer le facteur de correction de (KOAY et BASSER 2006) pour obtenir la valeur finale. Le code pour cette étape n'est toutefois pas fourni dans cette annexe.

```
from __future__ import division

import numpy as np

from multiprocessing import Pool, cpu_count
from scipy.ndimage.filters import convolve, gaussian_filter

def _local_standard_deviation(arr):
    """Standard deviation estimation from local patches

    This is the multiprocessed function.

    Parameters
```


ANNEXE D. CODE SOURCE DES ALGORITHMES

```
-----  
arr : 3D or 4D ndarray  
    The array to be estimated  
  
Returns  
-----  
sigma : ndarray  
    Map of standard deviation of the noise.  
"""  
  
size = (3, 3, 3)  
k = np.ones(size) / np.sum(np.ones(size))  
  
low_pass_arr = np.empty_like(arr, dtype=np.float32)  
mean_squared_noise = np.empty_like(arr, dtype=np.float32)  
mean_noise = np.empty_like(arr, dtype=np.float32)  
  
convolve(arr, k, mode='reflect', output=low_pass_arr)  
noise = arr - low_pass_arr  
  
convolve(noise**2, k, mode='reflect', output=mean_squared_noise)  
convolve(noise, k, mode='reflect', output=mean_noise)  
  
# Variance = mean(x**2) - mean(x)**2  
return np.sqrt(mean_squared_noise - mean_noise**2)  
  
def local_standard_deviation(arr, n_cores=None):  
    """Standard deviation estimation from local patches.  
  
    Parameters  
    -----  
    arr : 3D or 4D ndarray  
        The array to be estimated  
  
    n_cores : int  
        Number of cores to use for multiprocessing, default : all of  
→ them
```

D.2. IMPLÉMENTATION DE L'ESTIMATION DE LA VARIANCE ADAPTATIVE

```
Returns
-----
sigma : ndarray
    Map of standard deviation of the noise.
"""

# No multiprocessing for 3D array since we smooth on each separate
  ↪ volume
if arr.ndim == 3:
    arr = arr[..., None]
    n_cores = 1

if n_cores == 1:
    result = _local_standard_deviation(arr)

else:

    list_arr = []
    for i in range(arr.shape[-1]):
        list_arr += [arr[..., i]]

    if n_cores is None:
        n_cores = cpu_count()

    pool = Pool(n_cores)
    result = pool.map(_local_standard_deviation, list_arr)
    pool.close()
    pool.join()

    # Reshape the multiprocessed list as an array
    result = np.rollaxis(np.asarray(result), 0, arr.ndim)

fwhm = 10
blur = fwhm / np.sqrt(8 * np.log(2))
sigma = np.median(result, axis=-1)

return gaussian_filter(sigma, blur, mode='reflect')
```

ANNEXE D. CODE SOURCE DES ALGORITHMES

```
def local_noise_map_std(noise_map):

    size = (3, 3, 3)
    k = np.ones(size) / np.sum(np.ones(size))

    mean_squared_noise = np.empty_like(noise_map, dtype=np.float32)
    mean_noise = np.empty_like(noise_map, dtype=np.float32)

    convolve(noise_map**2, k, mode='reflect', output=mean_squared_noise)
    convolve(noise_map, k, mode='reflect', output=mean_noise)

    # Variance = mean(x**2) - mean(x)**2
    local_std = np.sqrt(mean_squared_noise - mean_noise**2)

    fwhm = 10
    blur = fwhm / np.sqrt(8 * np.log(2))

    return gaussian_filter(local_std, blur, mode='reflect')
```

D.3 Implémentation de la stabilisation de la variance

Une fois σ^2 trouvé, il est désormais possible de transformer les images bruitées selon une distribution Ricienne ou une distribution nc- χ en images bruitées suivant une loi normale (voir la section 2.5.1). La fonction requiert les données bruitées d'origine, une initialisation \hat{m} de la valeur possible pour η , un masque identifiant les voxels à transformer, la valeur de l'écart-type local σ et finalement le nombre d'antennes du récepteur N . La version présentée ici fonctionne sur un voxel à la fois, mais il est aisé de boucler sur l'ensemble des volumes 3D avec le code suivant.

```
def multivoxel_stabilisation(data, m_hat, mask, sigma, N):

    out = np.zeros(data.shape, dtype=np.float32)
```

D.3. IMPLÉMENTATION DE LA STABILISATION DE LA VARIANCE

```
for idx in ndindex(data.shape):

    if sigma[idx] > 0 and mask[idx]:
        eta = fixed_point_finder(m_hat[idx], sigma[idx], N)
        out[idx] = chi_to_gauss(data[idx], eta, sigma[idx], N)

return out

from __future__ import division

cimport cython
from libc.math cimport sqrt, exp, fabs, M_PI

from scipy.special import erfinv

from dipy.utils.optpkg import optional_package
cython_gsl, have_cython_gsl, _ = optional_package("cython_gsl")

if not have_cython_gsl:
    raise ValueError('cannot find gsl package (required for hyp1f1), \
        try pip install cythongsl and sudo apt-get install libgsl0-dev
    ↪ libgsl0ldbl')

from cython_gsl cimport gsl_sf_hyperg_1F1

@cython.cdivision(True)
cdef double hyp1f1(double a, int b, double x) nogil:
    """Wrapper for 1F1 hypergeometric series function
    http://en.wikipedia.org/wiki/Confluent\_hypergeometric\_function"""
    return gsl_sf_hyperg_1F1(a, b, x)

@cython.cdivision(True)
cdef double _inv_cdf_gauss(double y, double eta, double sigma):
    """Helper function for _chi_to_gauss. Returns the gaussian
    ↪ distributed value
```

ANNEXE D. CODE SOURCE DES ALGORITHMES

associated to a given probability. See p. 4 of [1] eq. 13.

```
y : float
    Probability of observing the desired value in the normal
↪ distribution N(eta, sigma**2)
eta :
    Mean of the normal distribution N(eta, sigma**2)
sigma : float
    Standard deviation of the normal distribution N(eta, sigma**2)

return :
    Value associated to probability y given a normal distribution
↪ N(eta, sigma**2)
"""
return eta + sigma * sqrt(2) * erfinv(2*y - 1)
```

```
def chi_to_gauss(m, eta, sigma, N, alpha=1e-7):
    """Maps the noisy signal intensity from a Rician/Non central chi
    ↪ distribution
    to its gaussian counterpart. See p. 4 of [1] eq. 12.

    m : float
        The noisy, Rician/Non central chi distributed value
    eta : float
        The underlying signal intensity estimated value
    sigma : float
        The gaussian noise estimated standard deviation
    N : int
        Number of coils of the acquisition (N=1 for Rician noise)
    alpha : float
        Confidence interval for the cumulative distribution function.
        Clips the cdf to alpha/2 <= cdf <= 1-alpha/2

    return
        float : The noisy gaussian distributed signal intensity
```

Reference:

[1]. Koay CG, Ozarslan E and Basser PJ.

D.3. IMPLÉMENTATION DE LA STABILISATION DE LA VARIANCE

A signal transformational framework for breaking the noise floor and its applications in MRI.

Journal of Magnetic Resonance 2009; 197: 108-119.

"""

return _chi_to_gauss(m, eta, sigma, N, alpha=1e-7)

```
cdef double _chi_to_gauss(double m, double eta, double sigma, int N,
↳ double alpha=1e-7) nogil:
    """Maps the noisy signal intensity from a Rician/Non central chi
    ↳ distribution
    to its gaussian counterpart. See p. 4 of [1] eq. 12.

    m : float
        The noisy, Rician/Non central chi distributed value
    eta : float
        The underlying signal intensity estimated value
    sigma : float
        The gaussian noise estimated standard deviation
    N : int
        Number of coils of the acquisition (N=1 for Rician noise)
    alpha : float
        Confidence interval for the cumulative distribution function.
        Clips the cdf to alpha/2 <= cdf <= 1-alpha/2

    return
        float : The noisy gaussian distributed signal intensity

Reference:
[1]. Koay CG, Ozarslan E and Basser PJ.
A signal transformational framework for breaking the noise floor
and its applications in MRI.
Journal of Magnetic Resonance 2009; 197: 108-119.
    """

cdef double cdf

with nogil:
```

ANNEXE D. CODE SOURCE DES ALGORITHMES

```
cdf = 1. - _marcumq_cython(eta/sigma, m/sigma, N)

# clip cdf between alpha/2 and 1-alpha/2
if cdf < alpha/2:
    cdf = alpha/2
elif cdf > 1 - alpha/2:
    cdf = 1 - alpha/2

with gil:
    return _inv_cdf_gauss(cdf, eta, sigma)

cdef double multifactorial(int N, int k=1) nogil:
    """Returns the multifactorial of order k of N.
    https://en.wikipedia.org/wiki/Factorial#Multifactorials

    N : int
        Number to compute the factorial of
    k : int
        Order of the factorial, default k=1

    return : double
        Return type is double, because multifactorial(21) > 2**64
        Same as scipy.special.factorialk
    """

    if N == 0:
        return 1.

    elif N < (k + 1):
        return N

    return N * multifactorial(N - k, k)

@cython.cdivision(True)
cdef double _marcumq_cython(double a, double b, int M, double eps=1e-8,
    ↪ int max_iter=10000) nogil:
    """Computes the generalized Marcum Q function of order M.
```

D.3. IMPLÉMENTATION DE LA STABILISATION DE LA VARIANCE

http://en.wikipedia.org/wiki/Marcum_Q-function

```
a : float, eta/sigma
b : float, m/sigma
M : int, order of the function (Number of coils, N=1 for Rician
→ noise)

return : float
    Value of the function, always between 0 and 1 since it's a pdf.
    """
cdef:
    double a2 = 0.5 * a**2
    double b2 = 0.5 * b**2
    double d = exp(-a2)
    double h = exp(-a2)
    double f = (b2**M) * exp(-b2) / multifactorial(M)
    double f_err = exp(-b2)
    double errbnd = 1. - f_err
    double S = f * h
    double temp = 0.
    int k = 1
    int j = errbnd > 4*eps

    if fabs(a) < eps:

        for k in range(M):
            temp += b**(2*k) / (2**k * multifactorial(k))

        return exp(-b**2/2) * temp

    elif fabs(b) < eps:
        return 1.

    while j or k <= M:

        d *= a2 / k
        h += d
        f *= b2 / (k + M)
        S += f * h
```


ANNEXE D. CODE SOURCE DES ALGORITHMES

```
f_err *= b2 / k
errbnd -= f_err

j = errbnd > 4*eps
k += 1

if k > max_iter:
    break

return 1. - S

def fixed_point_finder(m_hat, sigma, N, max_iter=100, eps=1e-4):
    """Fixed point formula for finding eta. Table 1 p. 11 of [1].
    This simply wraps the cython function _fixed_point_finder

    m_hat : float
        Initial value for the estimation of eta.
    sigma : float
        Gaussian standard deviation of the noise.
    N : int
        Number of coils of the acquisition (N=1 for Rician noise).
    max_iter : int, default=100
        Maximum number of iterations before breaking from the loop.
    eps : float, default = 1e-4
        Criterion for reaching convergence between two subsequent
    ↪ estimates of eta.

    return
    t1 : float
        Estimation of the underlying signal value

    Reference:
    [1]. Koay CG, Ozarslan E and Basser PJ.
    A signal transformational framework for breaking the noise floor
    and its applications in MRI.
    Journal of Magnetic Resonance 2009; 197: 108-119.
    """
```

D.3. IMPLÉMENTATION DE LA STABILISATION DE LA VARIANCE

```
return _fixed_point_finder(m_hat, sigma, N, max_iter, eps)

@cython.cdivision(True)
cdef double _fixed_point_finder(double m_hat, double sigma, int N, int
→ max_iter=100, double eps=1e-4) nogil:
    """Fixed point formula for finding eta. Table 1 p. 11 of [1]

    m_hat : float
        Initial value for the estimation of eta
    sigma : float
        Gaussian standard deviation of the noise
    N : int
        Number of coils of the acquisition (N=1 for Rician noise)
    max_iter : int, default=100
        Maximum number of iterations before breaking from the loop
    eps : float, default = 1e-4
        Criterion for reaching convergence between two subsequent
→ estimates

    return
    t1 : float
        Estimation of the underlying signal value
    """

    cdef:
        double delta, m, t0, t1
        int cond = True
        int n_iter = 0

    delta = _beta(N) * sigma - m_hat

    if fabs(delta) < 1e-15:
        return 0
    elif delta > 0:
        m = _beta(N) * sigma + delta
    else:
        m = m_hat
```

ANNEXE D. CODE SOURCE DES ALGORITHMES

```

t0 = m
t1 = _fixed_point_k(t0, m, sigma, N)

while cond:

    t0 = t1
    t1 = _fixed_point_k(t0, m, sigma, N)
    n_iter += 1
    cond = fabs(t1 - t0) > eps

    if n_iter > max_iter:
        break

if delta > 0:
    return -t1

return t1

@cython.cdivision(True)
cdef double _beta(int N) nogil:
    """Helper function for _xi, see p. 3 [1] just after eq. 8."""

    cdef:
        double factorialN_1 = multifactorial(N - 1)
        double factorial2N_1 = multifactorial(2*N - 1, 2)

    return sqrt(0.5 * M_PI) * (factorial2N_1 / (2**(N-1) *
        ↪ factorialN_1))

@cython.cdivision(True)
cdef double _fixed_point_g(double eta, double m, double sigma, int N)
    ↪ nogil:
    """Helper function for _fixed_point_k, see p. 3 [1] eq. 11."""
    return sqrt(m**2 + (_xi(eta, sigma, N) - 2*N) * sigma**2)

@cython.cdivision(True)

```

D.3. IMPLÉMENTATION DE LA STABILISATION DE LA VARIANCE

```
cdef double _fixed_point_k(double eta, double m, double sigma, int N)
    ↪ nogil:
    """Helper function for _fixed_point_finder, see p. 11 [1] eq. D2."""

    cdef:
        double fpg, num, denom
        double eta2sigma = -eta**2/(2*sigma**2)

    fpg = _fixed_point_g(eta, m, sigma, N)
    num = fpg * (fpg - eta)

    denom = eta * (1 - ((_beta(N)**2)/(2*N)) *
                    hyp1f1(-0.5, N, eta2sigma) *
                    hyp1f1(0.5, N+1, eta2sigma)) - fpg

    return eta - num / denom

@cython.cdivision(True)
cdef double _xi(double eta, double sigma, int N) nogil:
    """Standard deviation scaling factor formula, see p. 3 of [1], eq.
    ↪ 10.

    eta : float
        Signal intensity
    sigma : float
        Noise magnitude standard deviation
    N : int
        Number of coils of the acquisition (N=1 for Rician noise)

    return :
        The correction factor xi, where sigma_gaussian = sigma / xi
    """

    return 2*N + eta**2/sigma**2 - (_beta(N) * hyp1f1(-0.5, N,
    ↪ -eta**2/(2*sigma**2))**2
```

ANNEXE D. CODE SOURCE DES ALGORITHMES

Bibliographie

- [1] I. AGANJ, C. LENGLET, E. YACOUB, G. SAPIRO et N. HAREL. « A 3D wavelet fusion approach for the reconstruction of isotropic-resolution MR images from orthogonal anisotropic-resolution scans. » Dans : *Magnetic resonance in medicine* 67.4 (2012), p. 1167–72 (cf. p. 36, 37).
- [2] I. AGANJ, C. LENGLET, G. SAPIRO, E. YACOUB, K. UGURBIL et N. HAREL. « Reconstruction of the orientation distribution function in single- and multiple-shell q-ball imaging within constant solid angle. » Dans : *Magnetic resonance in medicine* 64.2 (2010), p. 554–66 (cf. p. 24, 94).
- [3] M. AHARON, M. ELAD et A. BRUCKSTEIN. « K-SVD : An Algorithm for Designing Overcomplete Dictionaries for Sparse Representation ». Dans : *IEEE Transactions on Signal Processing* 54.11 (2006), p. 4311–4322 (cf. p. 66).
- [4] S. AJA-FERNÁNDEZ, V. BRION et A. TRISTÁN-VEGA. « Effective noise estimation and filtering from correlated multiple-coil MR data. » Dans : *Magnetic resonance imaging* 31.2 (2013), p. 272–85 (cf. p. 18).
- [5] S. AJA-FERNÁNDEZ, G. VEGAS-SÁNCHEZ-FERRERO et A. TRISTÁN-VEGA. « Noise estimation in parallel MRI : GRAPPA and SENSE. » Dans : *Magnetic resonance imaging* 32.3 (2014), p. 281–90 (cf. p. 13, 15, 18, 38, 67, 81).
- [6] S. AJA-FERNÁNDEZ, A. TRISTÁN-VEGA et C. ALBEROLA-LÓPEZ. « Noise estimation in single- and multiple-coil magnetic resonance data based on statistical models. » Dans : *Magnetic resonance imaging* 27.10 (2009), p. 1397–409 (cf. p. 16, 17).

BIBLIOGRAPHIE

- [7] S. AJA-FERNÁNDEZ, T. PIE CIAK et G. VEGAS-SÁNCHEZ-FERRERO. « Spatially variant noise estimation in MRI : A homomorphic approach. » Dans : *Medical image analysis* (2014) (cf. p. 13).
- [8] D. C. ALEXANDER, P. L. HUBBARD, M. G. HALL, E. a. MOORE, M. PTITO, G. J. M. PARKER et T. B. DYRBY. « Orientationally invariant indices of axon diameter and density from diffusion MRI ». Dans : *NeuroImage* 52.4 (2010), p. 1374–1389 (cf. p. 25, 82).
- [9] Y. ASSAF et P. J. BASSER. « Composite hindered and restricted model of diffusion (CHARMED) MR imaging of the human brain. » Dans : *NeuroImage* 27.1 (2005), p. 48–58 (cf. p. 25).
- [10] Y. ASSAF, T. BLUMENFELD-KATZIR, Y. YOVEL et P. J. BASSER. « AxCaliber : a method for measuring axon diameter distribution from diffusion MRI. » Dans : *Magnetic resonance in medicine* 59.6 (2008), p. 1347–54 (cf. p. 25).
- [11] A. BAIRD et S. WARACH. « Magnetic resonance imaging of acute stroke. » Dans : *Journal of cerebral blood flow and metabolism* 18.6 (1998), p. 583–609 (cf. p. 3, 5).
- [12] L. BAO, M. ROBINI, W. LIU et Y. ZHU. « Structure-adaptive sparse denoising for diffusion-tensor MRI. » Dans : *Medical image analysis* 17.4 (2013), p. 442–57 (cf. p. 81).
- [13] P. J. BASSER, J. MATTIELLO et D. LEBIHAN. « MR diffusion tensor spectroscopy and imaging. » Dans : *Biophysical journal* 66.1 (jan. 1994), p. 259–67 (cf. p. 21).
- [14] P. J. BASSER et D. K. JONES. « Diffusion-tensor MRI : theory, experimental design and data analysis - a technical review. » Dans : *NMR in biomedicine* 15.7-8 (2002), p. 456–67 (cf. p. 21).
- [15] S. M. A. BECKER, K. TABELOW, S. MOHAMMADI, N. WEISKOPF et J. POLZEHL. « Adaptive smoothing of multi-shell diffusion weighted magnetic resonance data by msPOAS ». Dans : *NeuroImage* 95 (2014), p. 90–105 (cf. p. 42, 46, 63, 73).

BIBLIOGRAPHIE

- [16] T. E. J. BEHRENS, M. W. WOOLRICH, M. JENKINSON, H. JOHANSEN-BERG, R. G. NUNES, S. CLARE, P. M. MATTHEWS, J. M. BRADY et S. M. SMITH. « Characterization and Propagation of Uncertainty in Diffusion-Weighted MR Imaging ». Dans : *Magnetic Resonance in Medicine* 50.5 (2003), p. 1077–1088 (cf. p. 25).
- [17] M. A. BERNIER, M. CHAMBERLAND, J.-C. HOUDE, M. DESCOTEAUX et K. WHITTINGSTALL. « Using fMRI non-local means denoising to uncover activation in sub-cortical structures at 1.5 T for guided HARDI tractography ». English. Dans : *Frontiers in Human Neuroscience* 8 (2014) (cf. p. 82).
- [18] B. BILGIC, I. CHATNUNTAWECH, K. SETSOMPOP, S. CAULEY, A. YENDIKI, L. WALD et E. ADALSTEINSSON. « Fast Dictionary-Based Reconstruction for Diffusion Spectrum Imaging. » Dans : *IEEE transactions on medical imaging* (2013) (cf. p. 34).
- [19] V. BRION, C. POUPON, O. RIFF, S. AJA-FERNÁNDEZ, A. TRISTÁN-VEGA, J.-F. MANGIN, D. LE BIHAN et F. POUPON. « Noise correction for HARDI and HYDI data obtained with multi-channel coils and sum of squares reconstruction : an anisotropic extension of the LMMSE. » Dans : *Magnetic resonance imaging* 31.8 (2013), p. 1360–71 (cf. p. 63).
- [20] A BUADES, B COLL et J. M. MOREL. « A Review of Image Denoising Algorithms, with a New One ». Dans : *Multiscale Modeling & Simulation* 4.2 (2005), p. 490–530 (cf. p. 30, 32, 38, 43).
- [21] E. CALABRESE, A. BADEA, C. L. COE, G. R. LUBACH, M. A. STYNER et G. A. JOHNSON. « Investigating the tradeoffs between spatial resolution and diffusion sampling for brain mapping with diffusion tractography : Time well spent ? » Dans : *Human Brain Mapping* (2014), n/a–n/a (cf. p. 40, 86).
- [22] E. J. CANDÈS, M. B. WAKIN et S. P. BOYD. « Enhancing sparsity by reweighted l1 minimization ». Dans : *Journal of Fourier Analysis and Applications* 14.5-6 (2008), p. 877–905 (cf. p. 53).

BIBLIOGRAPHIE

- [23] M. CHAMBERLAND, K. WHITTINGSTALL, D. FORTIN, D. MATHIEU et M. DESCOTEAUX. « Real-time multi-peak tractography for instantaneous connectivity display. » English. Dans : *Frontiers in neuroinformatics* 8.May (2014), p. 59 (cf. p. 26).
- [24] P COUPE, P YGER, S PRIMA, P HELLIER, C KERVRANN et C BARILLOT. « An optimized blockwise nonlocal means denoising filter for 3-D magnetic resonance images. » Dans : *IEEE transactions on medical imaging* 27.4 (2008), p. 425–41 (cf. p. 31).
- [25] P. COUPÉ, J. V. MANJÓN, M. CHAMBERLAND, M. DESCOTEAUX et B. HIBA. « Collaborative Patch-Based Super-Resolution for Diffusion-Weighted Images. » Dans : *NeuroImage* (2013) (cf. p. 39, 82, 86).
- [26] K. DABOV, A. FOI, V. KATKOVNIK et K. EGIAZARIAN. « BM3D image denoising with shape-adaptive principal component analysis ». Dans : *SPARS'09 Signal* (2009) (cf. p. 81, 93).
- [27] K. DABOV, A. FOI, V. KATKOVNIK et K. EGIAZARIAN. « Image denoising by sparse 3-D transform-domain collaborative filtering. » Dans : *IEEE transactions on image processing* 16.8 (2007), p. 2080–95 (cf. p. 32, 59, 65).
- [28] A. DADUCCI, E. J. CANALES-RODRÍGUEZ, H. ZHANG, T. B. DYRBY, D. C. ALEXANDER et J.-P. THIRAN. « Accelerated Microstructure Imaging via Convex Optimization (AMICO) from diffusion MRI data ». Dans : *NeuroImage* 105 (jan. 2015), p. 32–44 (cf. p. 82).
- [29] A. DADUCCI, A. DAL PALU, A. LEMKADDEM et J.-P. THIRAN. « COMMIT : Convex Optimization Modeling for Microstructure Informed Tractography. » Dans : *IEEE transactions on medical imaging* 34.1 (2015), p. 246–57 (cf. p. 26).
- [30] I. DAUBECHIES, R. DEVORE, M. FORNASIER et C. S. GÜNTÜRK. « Iteratively reweighted least squares minimization for sparse recovery ». Dans : *Communications on Pure and Applied Mathematics* 63 (2010), p. 1–38 (cf. p. 53).
- [31] D. DEBANNE, E. CAMPANAC, A. BIALOWAS, E. CARLIER et G. ALCARAZ. « Axon physiology. » Dans : *Physiological reviews* 91.2 (2011), p. 555–602 (cf. p. 4).

BIBLIOGRAPHIE

- [32] M. DESCOTEAUX. « High Angular Resolution Diffusion MRI : from Local Estimation to Segmentation and Tractography ». Thèse de doct. 2008 (cf. p. 10, 25).
- [33] M. DESCOTEAUX et C. POUPON. « Diffusion-Weighted MRI ». Dans : 2014 (cf. p. 3, 11, 22–24).
- [34] M. DESCOTEAUX, R. DERICHE, T. R. KNÖSCHE et A. ANWANDER. « Deterministic and probabilistic tractography based on complex fibre orientation distributions. » Dans : *IEEE transactions on medical imaging* 28.2 (2009), p. 269–86 (cf. p. 22, 24–26, 80, 106, 108).
- [35] M. DESCOTEAUX, N. WIEST-DAESSLÉ, S. PRIMA, C. BARILLOT et R. DERICHE. « Impact of Rician adapted Non-Local Means filtering on HARDI. » Dans : *Medical image computing and computer-assisted intervention : MICCAI* 11.Pt 2 (2008), p. 122–30 (cf. p. 12, 31, 106).
- [36] M. DESCOTEAUX, E. ANGELINO, S. FITZGIBBONS et R. DERICHE. « Regularized, fast, and robust analytical Q-ball imaging. » Dans : *Magnetic resonance in medicine* 58.3 (2007), p. 497–510 (cf. p. 22, 24).
- [37] O. DIETRICH, J. G. RAYA, S. B. REEDER, M. INGRISCH, M. F. REISER et S. O. SCHOENBERG. « Influence of multichannel combination, parallel imaging and other reconstruction techniques on MRI noise characteristics. » Dans : *Magnetic resonance imaging* 26.6 (2008), p. 754–62 (cf. p. 13, 14, 38, 63, 67).
- [38] D. L. DONOHO. « Compressed sensing ». Dans : *IEEE Transactions on Information Theory* 52.4 (2006), p. 1289–1306 (cf. p. 18).
- [39] P DOUEK, R TURNER, J PEKAR, N PATRONAS et D LE BIHAN. « MR color mapping of myelin fiber orientation. » Dans : *Journal of computer assisted tomography* 15.6 (1991), p. 923–929 (cf. p. 10).
- [40] T. B. DYRBY, H. LUNDELL, M. W. BURKE, N. L. REISLEV, O. B. PAULSON, M. PTITO et H. R. SIEBNER. « Interpolation of diffusion weighted imaging datasets ». Dans : *NeuroImage* 103 (2014), p. 202–213 (cf. p. 86).

BIBLIOGRAPHIE

- [41] A. EINSTEIN. « On the Motion of Small Particles Suspended in a Stationary Liquid, as Required by the Molecular Kinetic Theory of Heat ». Dans : *Annalen der Physik* 322.8 (1905), p. 549–560 (cf. p. 10).
- [42] M. ELAD et M. AHARON. « Image denoising via sparse and redundant representations over learned dictionaries. » Dans : *IEEE transactions on image processing* 15.12 (2006), p. 3736–45 (cf. p. 33, 34, 64, 66, 93).
- [43] M. FADILI, J.-L. STARCK et F. MURTAGH. « Inpainting and Zooming Using Sparse Representations ». Dans : *The Computer Journal* 52.1 (2008), p. 64–79 (cf. p. 33, 34, 70).
- [44] D. a. FEINBERG, S. MOELLER, S. M. SMITH, E. AUERBACH, S. RAMANNA, M. F. GLASSER, K. L. MILLER, K. UGURBIL et E. YACOB. « Multiplexed echo planar imaging for sub-second whole brain fmri and fast diffusion imaging ». Dans : *PLoS ONE* 5.12 (2010) (cf. p. 19).
- [45] A. FOI. « Noise estimation and removal in MR imaging : The variance stabilization approach ». Dans : *2011 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging : From Nano to Macro 2* (2011), p. 1809–1814 (cf. p. 50, 89, 92, 93).
- [46] E. GARYFALLIDIS, S. ST-JEAN, M. PAQUETTE, P. COUPÉ et M. DESCOTEAUX. « Constrained spherical deconvolution on signal and ODF values ». Dans : *HARDI Reconstruction Challenge, International Symposium on Biomedical Imaging*. San Fransisco, 2013, p. 22 (cf. p. 94, 109).
- [47] E. GARYFALLIDIS, M. BRETT, B. AMIRBEKIAN, A. ROKEM, S. VAN DER WALT, M. DESCOTEAUX et I. NIMMO-SMITH. « Dipy, a library for the analysis of diffusion MRI data ». English. Dans : *Frontiers in Neuroinformatics* 8 (2014) (cf. p. 73).
- [48] G. GIRARD et M. DESCOTEAUX. « Anatomical tissue probability priors for tractography ». Dans : *International Conference on Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI'12) - Computational Diffusion MRI Workshop*. 2012 (cf. p. 26).

BIBLIOGRAPHIE

- [49] G. GIRARD, K. WHITTINGSTALL, R. DERICHE et M. DESCOTEAUX. « Towards quantitative connectivity analysis : reducing tractography biases. » Dans : *NeuroImage* 98 (2014), p. 266–78 (cf. p. [26](#), [87](#)).
- [50] A. GRAMFORT, C. POUPON et M. DESCOTEAUX. « Denoising and fast diffusion imaging with physically constrained sparse dictionary learning. » Dans : *Medical image analysis* 18.1 (2014), p. 36–49 (cf. p. [34](#), [52](#), [63](#), [66](#), [69](#)).
- [51] M. a. GRISWOLD, P. M. JAKOB, R. M. HEIDEMANN, M. NITTKA, V. JELLUS, J. WANG, B. KIEFER et A. HAASE. « Generalized Autocalibrating Partially Parallel Acquisitions (GRAPPA) ». Dans : *Magnetic Resonance in Medicine* 47.6 (2002), p. 1202–1210 (cf. p. [14](#)).
- [52] P. HAGMANN, L. JONASSON, P. MAEDER, J.-p. THIRAN, V. J. WEDEEN et R. MEULI. « Understanding diffusion MR imaging techniques : from scalar diffusion-weighted imaging to diffusion tensor imaging and beyond. » Dans : *Radiographics : a review publication of the Radiological Society of North America, Inc* 26 Suppl 1 (2006), S205–23 (cf. p. [3](#)).
- [53] D. H. HUBEL et T. N. WIESEL. « Brain Mechanisms of Vision ». Dans : *Scientific American* 241.3 (1979), p. 150–162 (cf. p. [33](#)).
- [54] J. H. JENSEN et J. A. HELPERN. *MRI quantification of non-Gaussian water diffusion by kurtosis analysis*. 2010 (cf. p. [79](#)).
- [55] D. JONES. *Diffusion MRI : Theory, Methods, and Applications*. Oxford University Press, USA, 2010 (cf. p. [3](#)).
- [56] D. K. JONES, T. R. KNÖSCHE et R. TURNER. « White Matter Integrity, Fiber Count, and Other Fallacies : The Do’s and Don’ts of Diffusion MRI ». Dans : *NeuroImage* 73 (2013), p. 239–254 (cf. p. [21](#), [22](#), [38](#), [40](#), [92](#), [99](#)).
- [57] C. G. KOAY et P. J. BASSER. « Analytically exact correction scheme for signal extraction from noisy magnitude MR signals. » Dans : *Journal of magnetic resonance (San Diego, Calif. : 1997)* 179.2 (2006), p. 317–22 (cf. p. [43](#), [44](#), [49](#), [50](#), [69](#), [121](#)).

BIBLIOGRAPHIE

- [58] C. G. KOAY, E. OZARSLAN et P. J. BASSER. « A signal transformational framework for breaking the noise floor and its applications in MRI. » Dans : *Journal of magnetic resonance* 197.2 (2009), p. 108–19 (cf. p. [42](#), [47](#), [50](#), [52](#), [54](#), [59](#), [67](#), [70](#), [76](#), [89](#), [100](#), [113](#)).
- [59] C. G. KOAY, E. OZARSLAN et C. PIERPAOLI. « Probabilistic Identification and Estimation of Noise (PIESNO) : a self-consistent approach and its applications in MRI. » Dans : *Journal of magnetic resonance (San Diego, Calif. : 1997)* 199.1 (2009), p. 94–103 (cf. p. [48](#), [52](#), [54](#), [68](#), [70](#), [73](#), [113](#)).
- [60] D LE BIHAN, R. TURNER et P. DOUEK. *Is water diffusion restricted in human brain white matter ? An echo-planar NMR imaging study.* 1993 (cf. p. [10](#)).
- [61] D LE BIHAN, E BRETON, D LALLEMAND, P GRENIER, E CABANIS et M LAVAL-JEANTET. « MR imaging of intravoxel incoherent motions : application to diffusion and perfusion in neurologic disorders. » Dans : *Radiology* 161.2 (1986), p. 401–407 (cf. p. [3](#)).
- [62] A. LEEMANS et D. K. JONES. « The B-matrix must be rotated when correcting for subject motion in DTI data ». Dans : *Magnetic Resonance in Medicine* 61.6 (2009), p. 1336–1349 (cf. p. [21](#)).
- [63] Y. LU et H. CHEN. « Iterative shrinkage thresholding algorithm with redundant dictionary for image denoising ». Dans : *2011 4th International Conference on Biomedical Engineering and Informatics (BMEI)*. IEEE, 2011, p. 347–350 (cf. p. [34](#)).
- [64] M. LUSTIG, D. L. DONOHO, J. M. SANTOS et J. M. PAULY. « Compressed sensing MRI : A look at how CS can improve on current imaging techniques ». Dans : *IEEE Signal Processing Magazine* 25.2 (2008), p. 72–82 (cf. p. [18](#)).
- [65] M. LUSTIG, D. DONOHO et J. M. PAULY. « Sparse MRI : The application of compressed sensing for rapid MR imaging. » Dans : *Magnetic resonance in medicine* 58.6 (déc. 2007), p. 1182–95 (cf. p. [18](#), [20](#)).

BIBLIOGRAPHIE

- [66] M. MAGGIONI, V. KATKOVNIK, K. EGIAZARIAN et A. FOI. « Nonlocal transform domain filter for volumetric data denoising and reconstruction. » Dans : *IEEE transactions on image processing* 22.1 (2013), p. 119–33 (cf. p. 32, 66, 67).
- [67] J. MAIRAL, F. BACH, J. PONCE, G. SAPIRO et A. ZISSERMAN. « Non-local sparse models for image restoration ». Dans : *2009 IEEE 12th International Conference on Computer Vision*. T. 2. Iccv. IEEE, 2009, p. 2272–2279 (cf. p. 81).
- [68] J. MAIRAL, F. BACH, J. PONCE et G. SAPIRO. « Online Learning for Matrix Factorization and Sparse Coding ». Dans : *The Journal of Machine Learning* ... 11 (2009), p. 19–60 (cf. p. 34, 66, 69, 93).
- [69] J. MAIRAL, F. BACH, J. PONCE et G. SAPIRO. « Online dictionary learning for sparse coding ». Dans : *Proceedings of the 26th Annual International Conference on Machine Learning - ICML '09*. T. 11. New York, New York, USA : ACM Press, 2009, p. 1–8 (cf. p. 33, 59).
- [70] J. MAIRAL, M. ELAD et G. SAPIRO. « Sparse representation for color image restoration. » Dans : *IEEE transactions on image processing* 17.1 (2008), p. 53–69 (cf. p. 34).
- [71] J. V. MANJÓN, P. COUPÉ, L. MARTÍ-BONMATÍ, D. L. COLLINS et M. ROBLES. « Adaptive non-local means denoising of MR images with spatially varying noise levels. » Dans : *Journal of magnetic resonance imaging : JMRI* 31.1 (2010), p. 192–203 (cf. p. 31, 42, 43, 65, 68, 70, 92, 94).
- [72] J. V. MANJÓN, P. COUPÉ, L. CONCHA, A. BUADES, D. L. COLLINS et M. ROBLES. « Diffusion Weighted Image Denoising Using Overcomplete Local PCA. » Dans : *PloS one* 8.9 (2013), e73021 (cf. p. 42, 44, 63, 73, 92, 94).
- [73] J. V. MANJÓN, P. COUPÉ, A. BUADES, D. L. COLLINS et M. ROBLES. « MRI superresolution using self-similarity and image priors. » Dans : *International journal of biomedical imaging* 2010 (2010), p. 425891 (cf. p. 38).

BIBLIOGRAPHIE

- [74] J. V. MANJÓN, P. COUPÉ, A. BUADES, V. FONOV, D LOUIS COLLINS et M. ROBLES. « Non-local MRI upsampling. » Dans : *Medical image analysis* 14.6 (2010), p. 784–92 (cf. p. 39, 86).
- [75] S. MERLET, E. CARUYER, A. GHOSH et R. DERICHE. « A computational diffusion MRI and parametric dictionary learning framework for modeling the diffusion signal and its features ». Dans : *Medical Image Analysis* 17.7 (2013), p. 843–830 (cf. p. 34).
- [76] S. MORI et P. C. M. VAN ZIJL. « Fiber tracking : Principles and strategies - A technical review ». Dans : *NMR in Biomedicine* 15.7-8 (2002), p. 468–480 (cf. p. 26).
- [77] G. MU, X. GAO, K. ZHANG, X. LI et D. TAO. « Single image super resolution with high resolution dictionary ». Dans : *2011 18th IEEE International Conference on Image Processing* (2011), p. 1141–1144 (cf. p. 33).
- [78] B. a. OLSHAUSEN et D. J. FIELD. « Sparse coding with an overcomplete basis set : A strategy employed by V1 ? » Dans : *Vision Research* 37.23 (1997), p. 3311–3325 (cf. p. 33, 34, 92).
- [79] E. ÖZARSLAN, C. G. KOAY, T. M. SHEPHERD, M. E. KOMLOSH, M. O. IRFANOGLU, C. PIERPAOLI et P. J. BASSER. « Mean apparent propagator (MAP) MRI : A novel diffusion imaging method for mapping tissue microstructure ». Dans : *NeuroImage* 78 (2013), p. 16–32 (cf. p. 25).
- [80] E. ÖZARSLAN, T. M. SHEPHERD, B. C. VEMURI, S. J. BLACKBAND et T. H. MARECI. « Resolution of complex tissue microarchitecture using the diffusion orientation transform (DOT) ». Dans : *NeuroImage* 31.3 (2006), p. 1086–1103 (cf. p. 25).
- [81] E. OZARSLAN, C. G. KOAY et P. J. BASSER. « Simple harmonic oscillator based reconstruction and estimation for one-dimensional q -space magnetic resonance (1D-SHORE) ». Dans : *Applied and Numerical Harmonic Analysis* (2013), p. 373–399 (cf. p. 25).

BIBLIOGRAPHIE

- [82] S. PAJEVIC et C. PIERPAOLI. « Color schemes to represent the orientation of anisotropic tissues from diffusion tensor data : Application to white matter fiber tract mapping in the human brain ». Dans : *Magnetic Resonance in Medicine* 42.3 (1999), p. 526–540 (cf. p. 21).
- [83] M. PAQUETTE, S. MERLET, G. GILBERT, R. DERICHE et M. DESCOTEAUX. « Comparison of sampling strategies and sparsifying transforms to improve compressed sensing diffusion spectrum imaging. » Dans : *Magnetic resonance in medicine* (jan. 2014) (cf. p. 19).
- [84] S PELED et Y YESHURUN. « Superresolution in MRI : application to human white matter fiber tract visualization by diffusion tensor imaging. » Dans : *Magnetic resonance in medicine* 45.1 (2001), p. 29–35 (cf. p. 35).
- [85] K. P. PRUESSMANN, M. WEIGER, M. B. SCHEIDEGGER et P. BOESIGER. « SENSE : Sensitivity encoding for fast MRI ». Dans : *Magnetic Resonance in Medicine* 42.5 (1999), p. 952–962 (cf. p. 14).
- [86] F. ROUSSEAU, K. KIM et C. STUDHOLME. « A groupwise super-resolution approach : Application to brain MRI ». Dans : *2010 IEEE International Symposium on Biomedical Imaging : From Nano to Macro*. Ieee, 2010, p. 860–863 (cf. p. 38, 39).
- [87] F. ROUSSEAU. « Brain hallucination ». Dans : *Lecture Notes in Computer Science*. T. 5302 LNCS. PART 1. 2008, p. 497–508 (cf. p. 38).
- [88] A. RUEDA, N. MALPICA et E. ROMERO. « Single-image super-resolution of brain MR images using overcomplete dictionaries. » Dans : *Medical image analysis* 17.1 (2013), p. 113–32 (cf. p. 34, 39, 86).
- [89] K. SCHEFFLER. « Superresolution in MRI? » Dans : *Magnetic resonance in medicine* 48.2 (2002), 408; author reply 409 (cf. p. 35).
- [90] B. SCHERRER, A. GHOLIPOUR et S. K. WARFIELD. « Super-resolution reconstruction to increase the spatial resolution of diffusion weighted images from orthogonal anisotropic acquisitions. » Dans : *Medical image analysis* (2012) (cf. p. 35, 37).

BIBLIOGRAPHIE

- [91] K. SETSOMPOP, B. BILGIC, J. COHEN-ADAD, D. TISDALL, B. KEIL, T. WITZEL, Y. RATHI, W. J. WEDEEN, E. ADALSTEINSSON et L. WALD. « Whole-Brain DSI in 4 Minutes : Sparse Sampling in q-space with Simultaneous Multi-Slice Acquisitions ». Dans : *International Symposium on Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM'12)*. 2012 (cf. p. 18).
- [92] R. Z. SHILLING, T. Q. ROBBIE, T. BAILLOEUL, K. MEWES, R. M. MERSE-REAU et M. E. BRUMMER. « A super-resolution framework for 3-D high resolution and high-contrast imaging using 2-D multislice MRI. » Dans : *IEEE transactions on medical imaging* 28.5 (2009), p. 633–44 (cf. p. 35, 36).
- [93] S. N. SOTIROPOULOS, S. JBABDI, J. XU, J. L. ANDERSSON, S. MOELLER, E. J. AUERBACH, M. F. GLASSER, M. HERNANDEZ, G. SAPIRO, M. JENKINSON, D. A. FEINBERG, E. YACoub, C. LENGLET, D. C. VAN ESSEN, K. UGURBIL et T. E. J. BEHRENS. « Advances in diffusion MRI acquisition and processing in the Human Connectome Project ». Dans : *NeuroImage* 80 (oct. 2013), p. 125–143 (cf. p. 63, 72, 86, 99, 102).
- [94] S. N. SOTIROPOULOS, T. E. J. BEHRENS et S. JBABDI. « Ball and rackets : Inferring fiber fanning from diffusion-weighted MRI. » Dans : *NeuroImage* 60.2 (avr. 2012), p. 1412–25 (cf. p. 25).
- [95] S. ST-JEAN, G. GILBERT et M. DESCOTEAUX. « Connectome-like quality diffusion MRI in 13 minutes - Improving diffusion MRI spatial resolution with denoising ». Dans : *International Symposium on Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM'15)*. T. 13. 4. 2015, p. 2249 (cf. p. 6, 12, 97).
- [96] S. ST-JEAN, P. COUPÉ et M. DESCOTEAUX. « Non Local Spatial and Angular Matching : a new denoising technique for diffusion MRI ». Dans : *International Symposium on Magnetic Resonance in Medicine (ISMRM'14)*. 2014 (cf. p. 6, 90, 97, 100, 103, 106, 108).
- [97] C. M. TAX, B. JEURISSEN, S. B. VOS, M. A. VIERGEVER et A. LEEMANS. « Recursive calibration of the fiber response function for spherical deconvolution of diffusion MRI data ». Dans : *NeuroImage* 86 (2014), p. 67–80 (cf. p. 80).

BIBLIOGRAPHIE

- [98] J.-D. TOURNIER, F. CALAMANTE et A. CONNELLY. « Determination of the appropriate b value and number of gradient directions for high angular resolution diffusion-weighted imaging. » Dans : *NMR in biomedicine* (2013) (cf. p. 11, 24).
- [99] J. D. TOURNIER, F. CALAMANTE, D. G. GADIAN et A. CONNELLY. « Direct estimation of the fiber orientation density function from diffusion-weighted MRI data using spherical deconvolution ». Dans : *NeuroImage* 23.3 (2004), p. 1176–1185 (cf. p. 22, 24, 80).
- [100] J.-D. TOURNIER, F. CALAMANTE et A. CONNELLY. « MRtrix : Diffusion tractography in crossing fiber regions ». Dans : *International Journal of Imaging Systems and Technology* 22.1 (2012), p. 53–66 (cf. p. 25).
- [101] J.-D. TOURNIER, F. CALAMANTE et A. CONNELLY. « Robust determination of the fibre orientation distribution in diffusion MRI : non-negativity constrained super-resolved spherical deconvolution. » Dans : *NeuroImage* 35.4 (2007), p. 1459–72 (cf. p. 22, 24, 25, 73, 100, 106).
- [102] J.-D. TOURNIER, S. MORI et A. LEEMANS. « Diffusion tensor imaging and beyond. » Dans : *Magnetic resonance in medicine* 65 (2011), p. 1532–1556 (cf. p. 3, 14, 21, 22, 27).
- [103] D. S. TUCH. « Q-ball imaging. » Dans : *Magnetic resonance in medicine* 52.6 (déc. 2004), p. 1358–72 (cf. p. 24).
- [104] K. UGURBIL, J. XU, E. J. AUERBACH, S. MOELLER, A. T. VU, J. M. DUARTE CARVAJALINO, C. LENGLET, X. WU, S. SCHMITTER, P. F. VAN DE MOORTELE, J. STRUPP, G. SAPIRO, F. DE MARTINO, D. WANG, N. HAREL, M. GARWOOD, L. CHEN, D. A. FEINBERG, S. M. SMITH, K. L. MILLER, S. N. SOTIROPOULOS, S. JBABDI, J. L. R. ANDERSSON, T. E. J. BEHRENS, M. F. GLASSER, D. C. VAN ESSEN et E. YACOUB. « Pushing spatial and temporal resolution for functional and diffusion MRI in the Human Connectome Project ». Dans : *NeuroImage* 80.21 (2013), p. 80–104 (cf. p. 18).

BIBLIOGRAPHIE

- [105] D. C. VAN ESSEN, S. M. SMITH, D. M. BARCH, T. E. J. BEHRENS, E. YACOUB et K. UGURBIL. « The WU-Minn Human Connectome Project : An Overview. » Dans : *NeuroImage* 80 (2013) (cf. p. [5](#), [92](#), [99](#)).
- [106] D. O. WALSH, A. F. GMTRO et M. W. MARCELLIN. « Adaptive reconstruction of phased array MR imagery ». Dans : *Magnetic Resonance in Medicine* 43.5 (2000), p. 682–690 (cf. p. [80](#)).
- [107] V. J. WEDEEN, P. HAGMANN, W. Y. I. TSENG, T. G. REESE et R. M. WEISSKOFF. « Mapping complex tissue architecture with diffusion spectrum magnetic resonance imaging ». Dans : *Magnetic Resonance in Medicine* 54.6 (2005), p. 1377–1386 (cf. p. [25](#)).
- [108] J YANG, Z WANG, Z LIN et S COHEN. « Couple Dictionary Training for Image Super-resolution. » Dans : *IEEE transactions on image processing* 21.8 (2012), p. 3467–3478 (cf. p. [34](#)).
- [109] J. YANG, J. WRIGHT, T. HUANG et Y. MA. « Image Super-Resolution via Sparse Representation. » Dans : *IEEE transactions on image processing* (2010), p. 1–12 (cf. p. [33](#), [39](#), [86](#)).
- [110] P. T. YAP, H. AN, Y. CHEN et D. SHEN. « Fiber-driven resolution enhancement of diffusion-weighted images ». Dans : *NeuroImage* 84 (sept. 2014), p. 939–950 (cf. p. [39](#)).
- [111] H. ZHANG, T. SCHNEIDER, C. A. WHEELER-KINGSHOTT et D. C. ALEXANDER. « NODDI : Practical in vivo neurite orientation dispersion and density imaging of the human brain. » Dans : *NeuroImage* (2012) (cf. p. [25](#), [82](#)).
- [112] J. ZHANG, C. ZHAO, R. XIONG, S. MA et D. ZHAO. « Image super-resolution via dual-dictionary learning and sparse representation ». Dans : *2012 IEEE International Symposium on Circuits and Systems* (2012), p. 1688–1691 (cf. p. [33](#)).
- [113] H. ZOU. « The Adaptive Lasso and Its Oracle Properties ». Dans : *Journal of the American Statistical Association* 101.476 (2006), p. 1418–1429 (cf. p. [53](#), [69](#)).

BIBLIOGRAPHIE

- [114] H. ZOU, T. HASTIE et R. TIBSHIRANI. « Sparse Principal Component Analysis ». Dans : *Journal of Computational and Graphical Statistics* 15.2 (2006), p. 265–286 (cf. p. [90](#), [93](#)).