

Sous-échantillonnages temporels entrelacés pour l’acquisition rapide en imagerie spectroscopique par RMN

Jabrane KARKOURI^{1,2}, Hélène RATINEY¹, Magalie VIALON¹, Rémy PROST¹, Fabien MILLIOZ¹

¹Université de Lyon, CREATIS, CNRS UMR 5220, INSERM U1044, Université Claude Bernard Lyon 1, INSA-Lyon
7 Avenue Jean Capelle, 69621 Villeurbanne Cedex, France

²Siemens Healthineers, 40 avenue des fruitiers, 93210 Saint-Denis, France
prénom.nom@creatis.insa-lyon.fr

Résumé – Ce papier présente une méthode pour accélérer l’acquisition d’une image spectroscopique par RMN, ayant deux dimensions de fréquences spatiales, et une dimension temporelle. L’espace des fréquences spatiales est divisé en partitions afin de permettre l’acquisition de l’ensemble du signal malgré les contraintes techniques propres à la RMN. Nous proposons d’utiliser une méthode de sous-échantillonnage temporel exploitant la connaissance *a priori* du support spectral de la dimension temporelle des signaux. L’échantillonnage irrégulier permet l’entrelacement temporel des acquisitions des différentes partitions et, accélère ainsi l’acquisition du signal. Cette méthode est appliquée sur des signaux simulés réalistes d’imagerie spectroscopique par RMN et réduit le temps d’acquisition d’un facteur trois.

Abstract – This paper presents a method to speed-up the acquisition of NMR spectroscopic images, which depends of a 2D spatial frequencies space, and a time dimension. The spatial frequencies domain is divided into partitions such that the signal over a partition can be sampled given the NMR constraints. We propose to use an irregular time subsampling method given the known spectral support in the time domain of the signals. The method interleaves the acquisitions of the different partitions, leading to a speed-up of the full signal acquisition. This method is applied on realistic simulated MRSI data leading to a reduction of the acquisition time by a factor three.

1 Introduction

La Résonance Magnétique Nucléaire (RMN) est un phénomène physique qui permet de polariser les noyaux dont le spin est non nul lorsqu’ils sont plongés dans un champ magnétique statique intense, avec lequel ils sont en interaction. L’aimantation macroscopique résultante de cette interaction peut être manipulée à l’aide d’impulsions radiofréquences. Écartée de sa position d’équilibre via ces impulsions, elle retourne à son état initial selon un phénomène de relaxation et induit dans une bobine réceptrice une force électromotrice à l’origine du signal de RMN.

En imagerie par résonance magnétique, le signal est acquis dans l’espace de Fourier 2D de l’environnement excité, à un instant donné t_0 . Il est alors complexe sous la forme $y(k_x, k_y, t_0)$. Une transformée de Fourier inverse 2D est alors appliquée pour obtenir l’image anatomique. En spectroscopie RMN, on s’intéresse au spectre des signaux dans l’espace spatial 2D, le signal est échantillonné en temps afin de pouvoir en faire la transformée de Fourier et obtenir l’information spectrale d’intérêt.

Toutefois, par les contraintes techniques d’acquisition, il est impossible d’obtenir l’ensemble des points (k_x, k_y) , noté par la suite espace K , à un instant. Il est nécessaire de réexciter le milieu afin de faire d’autres acquisitions pour compléter la totalité de l’espace K . En routine clinique, une acquisition est faite pour chaque point (k_x, k_y) [1], ce qui donne typiquement

un ordre de grandeur de 16×16 excitations, proportionnel à la durée totale d’imagerie. Pour accélérer l’acquisition, il est possible de grouper ces pixels en sous-ensembles de l’espace K , par exemple sous forme de spirales [2]. Ces sous-ensembles sont nommés des partitions de l’espace K . On acquiert ainsi plusieurs points (k_x, k_y) à chaque instant, diminuant le nombre d’excitations requis, et accélérant d’autant l’imagerie.

Une méthode récente de réduction du temps d’acquisition est l’acquisition compressée (*Compressed Sensing*, CS). Elle a déjà été utilisée pour sous-échantillonner l’espace K [1], plus rarement la dimension temporelle [3].

Dans ce papier, on s’appuie sur la particularité de la RMN, qui fait que les supports spectraux des signaux sont connus *a priori* grâce aux propriétés biochimiques connues des tissus imagés. La reconstruction du spectre se calcule alors en résolvant un système d’équations surdéterminé par les moindres carrés, après sélection des points à échantillonner via une sélection séquentielle arrière (*Sequential Backward Selection*, SBS) [4, 5].

Nous proposons un algorithme s’appuyant sur SBS afin d’obtenir différents sous-échantillonnages de la dimension temporelle pour chaque partition de l’espace K , afin d’entrelacer temporellement l’acquisition des partitions. L’entrelacement réduit le nombre d’excitations nécessaire et donc le temps d’acquisition.

Dans une première partie, nous proposons un modèle de partitionnement du signal de l’espace K , puis le principe de sous-

échantillonnage par SBS. Nous proposons un algorithme d'entrelacement temporel des acquisitions de chaque partition permettant la réduction du temps d'acquisition. Dans une seconde partie, une application en simulation réaliste est présentée, afin de déterminer le gain en temps d'acquisition.

2 Acquisition

2.1 Modèle de signal et sous-échantillonnage SBS

Le signal d'imagerie spectroscopique discret de N points temporel est modélisé par l'union de N_u partitions :

$$y(U, n) = \cup_{u=0}^{N_u-1} y_u(n) \quad (1)$$

Où U est l'ensemble des points de l'espace K selon une discrétisation cartésienne ou non, n l'indice temporel de l'échantillon, et $y_u(n)$ le signal spectroscopique restreint à une partition u de U , autrement dit un sous-ensemble des points discrétisés de l'espace K . À chaque instant n , les contraintes de la RMN ne permettent l'acquisition que d'une seule partition $y_u(n)$ à la fois. Par conséquent, un total de N_u excitations est nécessaire afin d'obtenir la totalité du signal $y(U, n)$.

Afin d'accélérer cette acquisition, un sous-échantillonnage des signaux $y_u(n)$ est nécessaire. Les propriétés magnétiques des noyaux atomiques *in vivo* sont connues, ce qui permet de connaître *a priori* le support spectral commun de tous les $y_u(n)$, noté S , de M points. Sous forme matricielle, la transformée de Fourier discrète de $y_u(n)$ s'écrit :

$$\mathbf{y}_u = \mathbf{F}^{-1} \mathbf{Y}_u \quad (2)$$

\mathbf{y}_u et \mathbf{Y}_u sont deux vecteurs colonnes de N points contenant respectivement $y_u(n)$ et sa transformée de Fourier discrète, et \mathbf{F} la matrice de Fourier. En restreignant la matrice inverse de Fourier aux M colonnes du support spectral de \mathbf{Y}_u , l'équation (2) devient un système d'équations surdéterminé : il est alors possible de sous-échantillonner \mathbf{y}_u et de sélectionner P lignes, $P \geq M$, parmi les N disponibles de \mathbf{F}^{-1} . L'équation (2) s'écrit alors :

$$\mathbf{y}_{up} = \mathbf{A} \mathbf{Y}_{us} \quad (3)$$

Où \mathbf{y}_{up} et \mathbf{Y}_{us} sont respectivement deux vecteurs colonnes contenant les P points temporels acquis, et les M points du support spectral. \mathbf{A} est une matrice de taille $P \times M$ issue des P lignes et M colonnes retenues de \mathbf{F}^{-1} . Il est alors possible d'estimer \mathbf{Y}_{us} par les moindres carrés. Toutefois, dans le cas d'acquisition bruitée par un bruit blanc gaussien de variance σ^2 , le bruit est alors amplifié d'un facteur $\text{trace}(\mathbf{A}^* \mathbf{A})^{-1}$ [6].

Il est alors nécessaire de choisir les P points à acquérir de manière à minimiser cette amplification, ce qui est le rôle de l'algorithme de sélection séquentielle arrière (*Sequential Backward Selection*, SBS) [6]. En partant de $\mathbf{A} = \mathbf{F}^{-1}$ restreint aux M colonnes du support spectral, SBS teste séquentiellement la suppression de chaque ligne de \mathbf{A} , pour sélectionner celle qui minimise $\text{trace}(\mathbf{A}^* \mathbf{A})^{-1}$. La matrice \mathbf{A} est alors mise à jour en supprimant la ligne optimale et SBS réitère jusqu'à ne garder que P lignes. En notant $\{p\}$ l'ensemble des valeurs de n à acquérir, on a alors $\text{Card}(\{p\}) = P$. Cet ensemble est indépendant de la partition considérée.

2.2 Entrelacement temporel des partitions sous-échantillonnées

Les signaux $y_u(n)$ sont ainsi acquis sur P points seulement, mais le nombre d'excitations reste identique : en effet, à chaque indice sélectionné, toutes les partitions sont à acquérir. Il est toutefois possible de démontrer qu'un décalage circulaire des points à acquérir ne change pas la valeur de $\text{trace}(\mathbf{A}^* \mathbf{A})^{-1}$. On peut alors déterminer différents ensembles $\{p\}_u$ pour les N_u partitions. La méthode d'acquisition proposée dans cet article va alors chercher les meilleurs décalages des points d'acquisition pour entrelacer temporellement les acquisitions des différentes partitions, et ainsi réduire le nombre d'excitations total requis.

En notant $I_u(n)$ la fonction indicatrice des points à acquérir sur la partition u , $I_u(n) = 1$ si $n \in \{p\}_u$, 0 sinon, le nombre total d'excitations requis est le nombre maximal de partitions à acquérir pour un instant n donné. Autrement dit, le nombre d'excitations est $\max_n \left(\sum_{u=1}^{N_u} I_u(n) \right)$.

Cependant, l'acquisition d'une partition n'est pas instantanée. Si elle dure plus longtemps qu'un pas d'échantillonnage temporel, l'acquisition du point n est encore en cours à l'instant $n+1$, ce qui rend l'acquisition du point $n+1$ impossible. Il est alors nécessaire de refaire une excitation pour acquérir la partition de l'instant $n+1$. De manière plus générale, si la durée d'acquisition d'une partition est de N_p pas d'échantillonnage, il est nécessaire de faire N_p excitations pour acquérir tous les points temporels de la partition.

Ainsi, le nombre d'excitations total requis est $N_u \times N_p$. Pour couvrir tout l'espace U , deux possibilités existent : on peut soit choisir de nombreuses partitions courtes, comme en routine clinique où l'acquisition se fait point par point dans l'espace de Fourier, ce qui conduit à un N_u égal au nombre de pixels de l'image; on peut également choisir des partitions moins nombreuses mais plus longues, faisant diminuer N_u mais augmentant N_p . Un compromis doit ainsi être fait.

Dans le cas d'un sous-échantillonnage, un point à acquérir à l'instant n va empêcher l'acquisition des $N_p - 1$ points suivants. Chaque point à acquérir pendant ces $N_p - 1$ points suivants nécessitera alors une nouvelle excitation. Soit $I_u^+(n) = \sum_{d=0}^{N_p-1} I_u(n-d)$, le nombre de fois que l'instant n va être bloqué par une acquisition. Le nombre d'excitations nécessaire pour acquérir la partition u seule sera alors $\max_n (I_u^+(n))$. En prenant en compte l'ensemble des partitions, le nombre total d'excitations requises pour acquérir l'ensemble du signal de spectroscopie sera $\max_n \left(\sum_{u=1}^{N_u} I_u^+(n) \right)$.

L'algorithme proposé va minimiser le nombre d'excitations itérativement : pour chaque partition u , il va chercher un décalage circulaire d des points à acquérir $\{p\}_u$, de telle sorte que $\max_n \left(\sum_{u=1}^u I_u^+(n) \right)$ soit minimal. La première partition n'a aucune contrainte, on fixe alors d à zéro, et $\{p\}_1 = \{p\}$. En notant $I_1^+(n-d \bmod N)$ le décalage circulaire de d points de $I_1^+(n)$, l'algorithme est alors :

- Lancer SBS et déterminer les points $\{p\}$ à acquérir
- Fixer $\{p\}_1 = \{p\}$, en déduire $I_1^+(n)$

	N_u				N_p				M			Type de support		
	2	4	8	16	1	2	4	8	64	128	256	aléatoire	blocs	compact
N_{exc}^{tot}	7,5	15	30	60	7,5	15	30	60	28,1	28,1	28,1	28,1	28,1	28,1
$N_{exc}^{tot}M/N$	1,4	2,3	4,4	8,8	1,4	2,3	4,4	8,8	2	3,6	7,1	4,2	4,2	4,2
N_{exc}	2,4	3,8	6,5	12	2,9	4,0	6,5	11,3	3,2	5,5	9,8	7,7	6,6	4,3
Gain = N_{exc}^{tot}/N_{exc}	3,1	4	4,6	5	2,6	3,8	4,6	5,3	8,6	5,1	2,9	3,6	4,3	6,7

Table 1: Le plus grand nombre d'excitations N_{exc}^{tot} , le plus petit possible $N_{exc}^{tot}M/N$ (arrondi au supérieur) et celui calculé par l'algorithme proposé N_{exc} sont donnés, moyennés par rapport aux autres paramètres sur 100 réalisations du support choisi, avec $P = M$. Le gain de temps d'acquisition est donné dans la dernière ligne. Il augmente avec le nombre de partitions et leur durée, diminue avec la taille du support spectral, et un support spectral compact permet la meilleure accélération comparé aux autres.

Pour $u = 2$ à N_u :

- Déterminer d tel que $\min_d(\max_n(\sum_{u'=1}^u I_{u'}^+(n)))$
- Fixer $\{p\}_u = \{p, \text{décalés circulairement de } d\}$
- En déduire $I_u^+(n)$

Finpour

- $N_{exc} = \max_n(\sum_{u=1}^{N_u} I_u^+(n))$

On obtient au final le nombre total d'excitations N_{exc} par le maximum de $\sum_{u=1}^{N_u} I_u^+(n)$, ainsi que l'ensemble des points à acquérir à chaque partitions, les $\{p\}_u$. Le gain en temps d'acquisition est alors $N_u N_p / N_{exc} \geq 1$.

2.3 Évaluation de l'algorithme proposé

Afin d'étudier le gain en temps d'acquisition que permet cet algorithme, il a été appliqué sur différents types de supports spectraux. Un signal de taille $N = 1024$ est utilisé. Le support spectral est de taille $M \in \{64, 128, 256\}$, et de trois types différents : *compact*, les M valeurs non nulles sont consécutives; *blocs*, 8 supports compacts de taille $M/8$, placés aléatoirement; *aléatoire*, les M valeurs sont placées aléatoirement. Le nombre de partitions est $N_u \in \{2, 4, 8, 16\}$, tandis que leur durée en périodes d'échantillonnage est $N_p \in \{1, 2, 4, 8\}$.

L'algorithme SBS est lancé de telle manière à avoir autant de points en temps qu'en fréquence, c'est-à-dire $P = M$. Pour chaque combinaison de M , N_u , N_p et type de support, l'algorithme proposé a été lancé sur 100 réalisations du support spectral. À chaque réalisation, le nombre d'excitations pour acquérir le signal sans sous-échantillonnage, noté $N_{exc}^{tot} = N_u N_p$, le nombre d'excitations minimal possible, $N_{exc}^{min} = N_{exc}^{tot}M/N$ (arrondi au supérieur), le nombre d'excitation donné par l'algorithme, N_{exc} , ont été calculés. Les résultats ont été moyennés séparément selon les différents paramètres, et sont donnés dans le tableau 1.

On peut constater que les paramètres N_u et N_p ont un rôle similaire : en augmentant, ils augmentent le nombre d'acquisition requis pour un échantillonnage complet, et permettent un meilleur gain de temps. Le paramètre le plus influent est la taille du support spectral : plus le support est petit, mieux on peut sous-échantillonner et diminuer le nombre d'excitations. Le type de support spectral est également important : plus le support est « compact », plus le gain est important. À noter, quand le support est compact, l'algorithme parvient toujours à obtenir le plus petit nombre d'excitations possible.

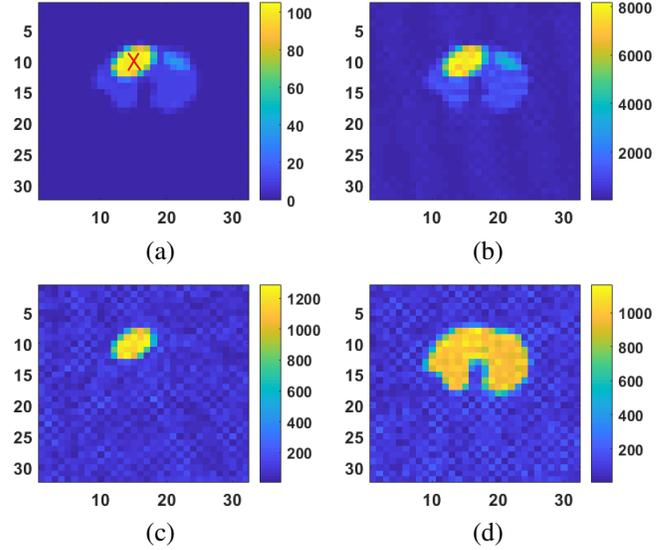


Figure 1: a) Fantôme de référence (basé sur des données *in vivo* de phosphore). Images spectrales pour b) la phosphocréatine (PCr, fréquence = 0 Hz), c) le phosphate inorganique (Pi, $f = 258$ Hz), d) l'adénosine triphosphate (ATP, $f = -129$ Hz). La croix rouge indique le pixel utilisé pour la figure 2.

3 Application sur données simulées

Une comparaison de la méthode proposée avec une acquisition basée sur des partitions en spirales complètement échantillonnées est faite sur des données d'imagerie spectroscopique RMN du phosphore 31 . Un fantôme numérique réaliste est construit selon la figure 1a), avec trois compartiments contenant différents métabolites à différentes concentrations. L'acquisition est simulée avec un champ de vue de 25cm, une taille d'image de 32×32 . L'espace (k_x, k_y) est partitionné en $N_u = 4$ spirales, de longueur $N_p = 10$ points. Le signal à acquérir dure $N = 1024$ points, échantillonnés toutes les 0,25ms, avec une répétition des excitations toutes les 2s. Le support spectral est choisi pour contenir deux blocs, de taille totale $M = 220$ points. Le sous-échantillonnage est fixé par un choix de $P = 256$ points.

L'acquisition avec des partitions en spirales totalement échantillonnées nécessite 80s. En appliquant la méthode proposée,

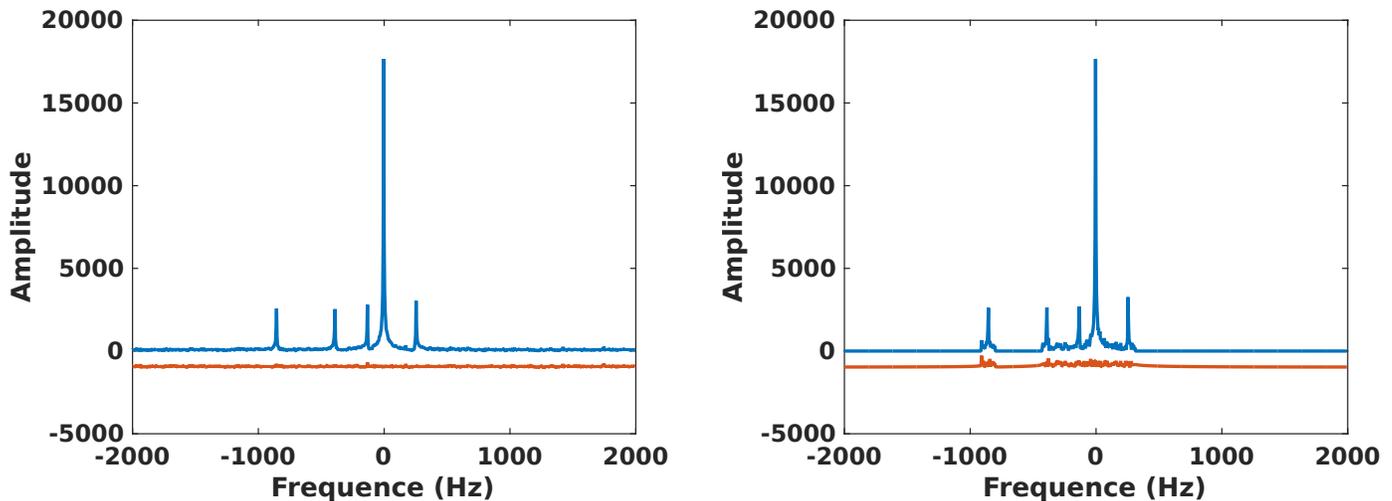


Figure 2: Reconstruction du signal bruité du pixel indiqué par la croix rouge sur la figure 1. À gauche, pour l’acquisition complète en spirales; à droite, pour l’acquisition selon la méthode proposée. Les erreurs de reconstructions décalées de -500 sont données en-dessous.

l’acquisition ne nécessite plus que 26s, permettant un gain de temps d’un facteur 3,07.

Ces deux méthodes sont également comparées en termes de Rapport Signal à Erreur de Reconstruction (RSER) :

$$RSER = 20 \log \frac{\|Y\|_2}{\|Y - \hat{Y}\|_2} \quad (4)$$

Où Y est le spectre d’origine et \hat{Y} le spectre reconstruit, tous deux restreints au support spectral.

Les résultats sur un fantôme numérique réaliste sont présentés sur les figures 1, qui montrent la reconstruction du fantôme pour chaque molécule, et 2, qui montrent le spectre d’origine et le reconstruit. Dans une acquisition sans bruit, le RSER est de 31,6dB par la reconstruction en spirales totalement acquises, et de 29,7dB par notre méthode. Dans le cas bruité par un bruit blanc gaussien d’écart-type de 10% de l’amplitude du plus haut pic spectral, le RSER est respectivement de 24,6dB et de 19,3dB.

4 Conclusion et perspective

Une nouvelle méthode accélérant l’acquisition d’images spectroscopiques par RMN a été proposée. Avec l’*a priori* biochimique permettant de connaître le support spectral des signaux, un sous-échantillonnage minimisant l’amplification de l’erreur de reconstruction via les moindres carrés est utilisé. En considérant des partitions de l’image à acquérir dans le domaine fréquentiel, l’algorithme proposé recherche des décalages circulaires des points temporels à acquérir de chacune des partitions, permettant alors d’entrelacer temporellement l’acquisition des partitions. Le nombre d’excitations requis pour acquérir l’intégralité du signal est réduit significativement.

La méthode proposée est évaluée sur une simulation réaliste d’image spectroscopique par RMN, menant à un facteur d’accélération de trois.

La suite des travaux consiste à implémenter cette méthode d’acquisition sur un imageur clinique pour permettre l’acquisition des variations métaboliques au cours d’un effort.

References

- [1] Stefan Posse, Ricardo Otazo, Stephen R. Dager, et Jeffrey Alger, “MR spectroscopic imaging: principles and recent advances,” *Journal of magnetic resonance imaging*, vol. 37, no. 6, pp. 1301–1325, June 2013.
- [2] Elfar Adalsteinsson, Pablo Irarrazabal, Simon Topp, Craig Meyer, Albert Macovski, et Daniel M. Spielman, “Volumetric spectroscopic imaging with spiral-based k-space trajectories,” *Magnetic resonance in medicine*, vol. 39, no. 6, pp. 889–898, 1998.
- [3] Simon Hu, Michael Lustig, Albert P. Chen, Jason Crane, Adam Kerr, Douglas AC. Kelley, Ralph Hurd, John Kurhanewicz, Sarah J. Nelson, et John M. Pauly, “Compressed sensing for resolution enhancement of hyperpolarized ^{13}C flyback 3D-MRSI,” *Journal of magnetic resonance*, vol. 192, no. 2, pp. 258–264, 2008.
- [4] Yun Gao et Stanley J. Reeves, “Optimal k-space sampling in MRSI for images with a limited region of support,” *IEEE transactions on medical imaging*, vol. 19, no. 12, pp. 1168–1178, 2000.
- [5] Dany Merhej, Hélène Ratiney, Chaouki Diab, Mohamad Khalil, Michaël Sdika, et Rémy Prost, “Fast multidimensional NMR spectroscopy for sparse spectra,” *NMR in Biomedicine*, vol. 27, no. 6, pp. 640–655, 2014.
- [6] Stanley J. Reeves et Larry P. Heck, “Selection of observations in signal reconstruction,” *IEEE Transactions on Signal Processing*, vol. 43, no. 3, pp. 788–791, 1995.