

Estimation de mouvement rétrospective pour l'IRM cérébrale fœtale

Chloe MERCIER¹ Sylvain FAISAN² Alexandre PRON³ Nadine GIRARD³ Guillaume AUZIAS³ Thierry CHONAVEL¹
François ROUSSEAU⁴

¹IMT Atlantique, Lab-STICC UMR 6285 CNRS, Brest

²ICube, UMR 7357, Université de Strasbourg, CNRS, Strasbourg

³Aix-Marseille Université, CNRS, Institut de Neurosciences de la Timone, Marseille

⁴IMT Atlantique, LaTIM U1101 INSERM, Brest

Résumé – L'imagerie par résonance magnétique (IRM) fœtale permet d'étudier le développement cérébral. Cependant, les mouvements de l'enfant et de la mère pendant l'acquisition entraînent des artefacts sur les images. Des séquences IRM ultra-rapides, permettent de réduire les artefacts mais du mouvement persiste entre les coupes. Nous proposons une méthode permettant de corriger le mouvement entre les coupes, basée sur l'intersection entre les coupes orthogonales, ainsi qu'une nouvelle méthode pour la détection des coupes mal recalées.

Abstract – Magnetic Resonance Imaging (MRI) is performed on fetus, to study cerebral development. However, child's and mother's motion create artefact on the image. Ultra-fast MRI sequences allow to reduce artefact in slices, but motion still occurs between them. We propose a method based on orthogonal slices intersection to correct motion as well as a new solution for outliers removal.

1 Introduction

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) a été utilisée pour étudier le cerveau en développement du fœtus dès les années 1980. Cependant, le mouvement (de la mère et du fœtus) a toujours été un véritable défi limitant le pouvoir exploratoire des images acquises. En imagerie anténatale, l'image 3D du cerveau obtenue est souvent interprétée comme un ensemble de coupes 2D. La résolution à l'intérieur de chaque coupe est élevée, tandis que l'espacement entre les coupes est important. De plus, le temps d'acquisition d'une coupe est généralement suffisamment faible (inférieur à 1 seconde) pour « geler » le mouvement. En conséquence, le mouvement du sujet induit principalement des artefacts de distorsions géométriques, i.e. la pile des coupes 2D ne reflète pas directement la géométrie 3D du cerveau. Il est alors nécessaire d'estimer le mouvement de façon rétrospective afin de reconstruire une image 3D du cerveau du fœtus [8]. Afin de garantir une estimation de mouvement précise, plusieurs images sont acquises, généralement trois, dans les trois orientations orthogonales (axiale, sagittale et coronale).

Les principales méthodes de reconstruction des données fœtales, appelées SVR pour "slice-to-volume registration", reposent sur deux étapes : estimation du mouvement relatif puis fusion des données [7, 4, 3]. Dans le cas de l'imagerie anténatale, le problème de recalage est de type 2D-3D, c'est-à-dire qu'il faut estimer le mouvement entre des coupes et un volume. Ce volume de référence est de plus l'image que l'on souhaite reconstruire et n'est donc pas connu. À partir d'une première estimation du volume de référence, l'alignement de chaque coupe est réestimé en minimisant un critère de recalage entre la coupe courante et le volume de référence. Ce dernier est ensuite recalculé à partir de l'ensemble des transformations estimées pour chaque coupe. La qualité du volume reconstruit dépend fortement de la qualité du recalage des coupes. Ce

processus est répété de manière itérative jusqu'à convergence de l'algorithme. Afin de rendre ces approches plus robustes aux mouvements du sujet, des méthodes par apprentissage profond ont été développées [10]. Cependant, le processus itératif de reconstruction demeure insuffisamment robuste pour l'analyse de grandes bases d'images acquises en routine clinique. Ainsi, il est nécessaire de détecter les coupes mal recalées afin de ne pas les inclure lors de l'étape de reconstruction [6, 1] ou de pondérer leur influence lors de la reconstruction [9].

Pour pallier ce problème, une solution consiste à séparer complètement les étapes de recalage des coupes et de reconstruction 3D en utilisant l'intersection des coupes orthogonales et en imposant leur correspondance aux intersections 3D [5]. Cette approche permet de résoudre de façon indépendante le problème de correction de mouvements des coupes et la reconstruction d'un volume 3D. Dans cet article, nous reprenons le principe de l'approche de [5] et nous l'enrichissons en introduisant une méthode basée apprentissage pour détecter les coupes mal recalées. L'évaluation menée sur données synthétiques et réelles montre l'intérêt de l'approche proposée par rapport aux méthodes SVR.

2 Méthode

2.1 Estimation du mouvement

On considère trois images I_1, I_2, I_3 (l'algorithme s'étend sans difficulté si plus d'images sont disponibles). Chaque image est composée d'un ensemble de coupes : chacune d'entre elles a un identifiant unique k et on note $f(k)$ le numéro de l'image d'où provient la coupe k . De plus, les structures d'intérêt ont été segmentées dans les images, si bien, que chaque coupe k est également associée à un masque m_k .

Pour chaque coupe k , l'objectif est d'estimer une transfor-

mation rigide (coordonnées homogènes) M_k , de manière à placer toutes les coupes dans un repère commun. Cette transformation est formellement définie comme :

$$M_k = T(c_k)M(\Theta_k, t_k)T(-c_k)R_{f(k)}R_{k,2v3d}, \quad (1)$$

Dans l'Eq. 1, $R_{k,2v3d}$ est une transformation rigide qui permet de transformer les coordonnées 2-D de la coupe k vers les coordonnées 3-D de l'image $I_{f(k)}$. Ensuite, $R_{f(k)}$ permet de passer des coordonnées (voxel) de l'image $I_{f(k)}$ vers le repère monde (millimétrique). La matrice que l'on estime effectivement est $M(\Theta_k, t_k)$. Les paramètres à estimer sont au nombre de 6 : 3 pour la rotation (Θ_k) et 3 pour la translation (t_k). De manière à tourner autour du point de coordonnées c_k , on commence par effectuer une translation de quantité $-c_k$ ($T(-c_k)$) afin de placer c_k au centre du repère, on applique alors $M(\Theta_k, t_k)$, et on effectue la translation inverse. A noter que $c_k = R_{f(k)}R_{k,2v3d}(x_k)$, où x_k représente les coordonnées 2-D du barycentre du masque associé à la coupe k .

Le critère utilisé pour recalibrer les images se base, comme dans [5] sur le fait que les profils de l'intensité de deux coupes bien recalibrées doivent être identiques le long de leur intersection (cf Fig. 1).

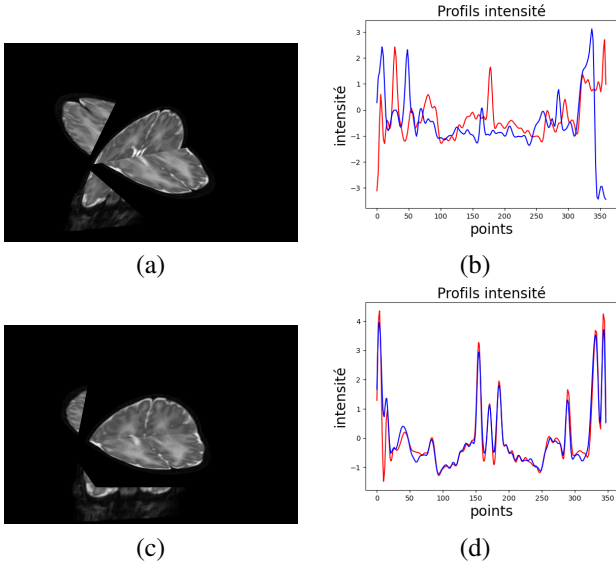


FIGURE 1 : Exemple d'intersection entre : deux coupes mal recalibrées (a), les profils le long de l'intersection sont différents (b) et deux coupes bien recalibrées (c), les profils le long de l'intersection sont identiques (d).

Le critère est calculé de la manière suivante. Considérons tout d'abord deux coupes k et k' . On calcule leur intersection (si elle existe) sous la forme de l'équation d'une droite dans le repère monde en utilisant les transformations M_k et $M_{k'}$. Puis, en utilisant les transformations inverses, on peut en déduire l'équation de la droite correspondante dans la coupe k ainsi que dans la coupe k' . On échantillonne régulièrement les deux droites (tous les millimètres) de manière à ce que chaque point échantillonné dans la coupe k ait son "point correspondant" dans la coupe k' et inversement. Par la suite, on suppose que le point v (de la coupe k) et le point v' (de la coupe k') se correspondent : $M_k(v) = M_{k'}(v')$. De plus, lors de l'échantillonnage des deux droites, nous faisons en sorte que les points v (resp. v') échantillonnent toutes les structures d'intérêt qui

sont sur le segment de la coupe k (resp. k') (cf masque m_k et $m_{k'}$). Par conséquent, si les coupes sont mal recalibrées, il est possible que v (resp. v') ne soit pas dans le support de la coupe k (resp. k'). Pour résoudre ce problème, on suppose que les coupes ont la valeur nulle au delà de leur support. Au final, pour un couple (k, k') , on calcule :

$$S^2(k, k') = \sum_v (I_k(v) - I_{k'}(v'))^2 \mathbb{1}_{m_k(v)=1 \text{ ou } m_{k'}(v')=1} \quad (2)$$

$$N(k, k') = \sum_v \mathbb{1}_{m_k(v)=1 \text{ ou } m_{k'}(v')=1}, \quad (3)$$

où $\mathbb{1}$ est la fonction indicatrice, $I_k(v)$ (resp. $I_{k'}(v')$) représente l'intensité de la coupe k (resp. k') au pixel v (resp. v') et où $m_k(v)$ (resp. $m_{k'}(v')$) représente la valeur du masque de la coupe k (resp. k') au pixel v (resp. v'). La valeur du masque vaut 1 pour les structures d'intérêt, 0 sinon. Finalement, le critère à optimiser est le suivant :

$$\frac{\sum_{k,k'; k>k'} S^2(k, k')}{\sum_{k,k'; k>k'} N(k, k')}. \quad (4)$$

L'optimisation du critère se fait en utilisant une méthode d'optimisation alternée par blocs : on met à jour les paramètres associés à la coupe k (Θ_k et t_k) alors que les paramètres associés aux autres coupes restent inchangés.

2.2 Rejet des coupes mal recalibrées

Une mauvaise estimation du mouvement des coupes peut entraîner des erreurs lors de la reconstruction du volume. Nous développons ici une nouvelle stratégie pour détecter les coupes mal recalibrées. Contrairement aux méthodes proposées dans la littérature ([1],[5]), qui utilisent toutes un seuil sur une caractéristique unique, on utilise un algorithme de classification (forêt aléatoire) qui se base sur 5 caractéristiques différentes.

En utilisant le critère de l'Eq. 4, on calcule tout d'abord un écart quadratique moyen (EQM) associé à chaque coupe k de la manière suivante : $(\sum_{k'} S^2(k, k')) / (\sum_{k'} N(k, k'))$.

La seconde caractéristique est un coefficient de corrélation moyen propre à la coupe k . On commence par déterminer les coupes k' qui intersectent la coupe k . Pour chacune d'entre elles, on calcule alors le coefficient de corrélation entre les profils d'intensité de la coupe k et de la coupe k' le long de leur intersection (sur l'union de leurs supports, cf Eq. 3). On moyenne alors les coefficients de corrélation (obtenus avec les différentes coupes k') de manière à obtenir un coefficient de corrélation moyen (CCM) propre à la coupe k .

On calcule également, pour chaque coupe k un indice de Dice permettant de mesurer si les masques sont bien alignés. L'indice de Dice est défini par $2i/s$. Le cardinal de l'intersection (dénote i) est $\sum_{k'} M(k, k')$ où $M(k, k')$ est défini comme $N(k, k')$ dans l'Eq. 3 sauf que l'opérateur "ou" est remplacé par l'opérateur "et" dans la fonction indicatrice. De plus, s s'écrit : $\sum_{k'} P(k, k') + Q(k, k')$ où $P(k, k')$ et $Q(k, k')$ sont définis comme $N(k, k')$ de l'Eq. 3 sauf qu'uniquement le terme $m_k(v) = 1$ (resp. $m_{k'}(v') = 1$) est utilisé dans la fonction indicatrice pour le calcul de $P(k, k')$ (resp. $Q(k, k')$).

Plus le volume du masque est important pour une coupe k , plus on peut s'attendre à ce que l'indice de Dice associé

soit grand. Nous avons utilisé deux stratégies différentes pour résoudre le problème. Tout d’abord, nous avons ajouté une variable de nuisance (volume du masque) dans les caractéristiques : plus précisément, le volume du masque de la coupe k est divisé par celui de la coupe k_2 où k_2 est la coupe associée au masque le plus grand (avec la contrainte $f(k) = f(k_2)$). Enfin, nous avons également ajouté une autre caractéristique qui joue le même rôle que l’indice de Dice mais qui n’est pas sensible à la superficie du masque. Cet indice, noté Diff, est calculé comme $(2i - s)/n_k$, (à la place de $2i/s$) où n_k représente le nombre de coupes qui intersectent la coupe k .

Nous avons également ajouté l’écart-type de l’intensité de la coupe comme caractéristique.

3 Resultats

3.1 Données

En raison de l’absence de vérité terrains en IRM foetale, notre algorithme a été évalué sur des données synthétiques générées à partir de la base de données DHCP [2]. À partir d’une image 3D, trois ensembles de coupes, d’épaisseur 3 mm et de résolution 0.5x0.5 mm, sont simulées dans des directions orthogonales (axiale, sagittale et coronale). Les données sont générées avec trois niveaux de mouvement différents, exprimés en degrés pour les rotations, et en millimètres pour les translations : faible ($\Theta_k \in [-1, 1]$, $t_k \in [-1, 1]$), moyen ($\Theta_k \in [-3, 3]$, $t_k \in [-3, 3]$) et large ($\Theta_k \in [-5, 5]$, $t_k \in [-5, 5]$). Comme décrit dans [4], la *point spread function* (PSF) est simulée par une fonction gaussienne, d’une largeur égale à l’épaisseur de la coupe. Au total, nous générons cinq données par niveau de mouvement.

L’algorithme proposé a également été testé sur données réelles. Les données de 22 fœtus normaux, âgés de 26 à 36 semaines, ont été inclus dans cette étude (8 M, 5 F, 9 Inconnu). L’utilisation rétrospective des données IRM acquises en routine clinique à l’hôpital la Timone a été approuvée par le comité d’éthique d’Aix-Marseille Université (ref 2022-04-14-003). Toutes les données ont été acquises en *ultra fast spin echo* (HASTE) sur deux scanner Siemens différents (Skyra (3T) n=10 et SymphonyTim (1.5T) n=12). Contrairement aux données simulées, jusqu’à 3 images ont été capturées pour chaque orientation. Au total, de 3 à 9 images ont été acquises pour chaque sujet. L’absence d’anomalies neurologiques a été évaluée pour tous les sujets par un expert neuroradiologue (N.G.).

3.2 Evaluation des résultats de recalage

La qualité du recalage est évaluée en utilisant la target registration error (TRE) [7]. On note M_k la transformation effectivement appliquée à la coupe k et \hat{M}_k son estimation. Étant donné deux coupes k et k' qui s’intersectent, on peut calculer, comme dans la section 2.1, des points 2-D v (de la coupe k) et v' (de la coupe k'), tels que $M_k(v) = M_{k'}(v')$. On considère uniquement des points v et v' qui appartiennent aux masques ($m_k(v) = m_{k'}(v') = 1$). TRE correspond à la distance en millimètre dans le repère monde entre $\hat{M}_k(v)$ et $\hat{M}_{k'}(v')$. Pour une coupe k , on calcule une distance moyenne dénotée TRE_k en faisant la moyenne sur k' et v de la quan-

tité $\|\hat{M}_k(v) - \hat{M}_{k'}(v')\|$. Lorsque la coupe est bien recalée, TRE_k est faible.

Les résultats obtenus sont évalués et comparés avec NiftyMIC [1]. Dans la suite du papier, on se référera à la méthode proposée dans l’article par ROSI pour *Registration based on Orthogonal Slices Intersection*. Dans un premier temps, la qualité et la précision du recalage sont évaluées sans rejeter les potentielles coupes mal recalées. La figure 2 montre le TRE moyen par coupe (TRE_k) avant et après recalage pour chacun des niveaux de mouvement simulés pour les deux méthodes. Les TRE_k obtenus avec ROSI sont bien plus faibles après recalage que ceux obtenus avec NiftyMIC. Les résultats montrent un TRE_k après recalage inférieur à 1.5 mm pour la majorité des coupes, quelque soit le niveau de mouvement initial. Cependant, on remarque que certaines coupes sont mal recalées (TRE_k supérieur à 1.5 mm).

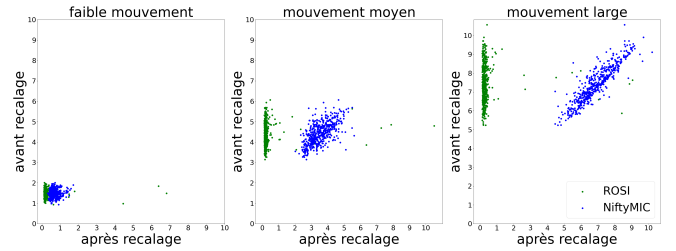


FIGURE 2 : TRE_k estimé avant (en ordonnées) et après (en abscisse) recalage, avec ROSI (en vert) et NiftyMIC (en bleu)

La qualité de la reconstruction peut également permettre de valider l’estimation du mouvement. Cette dernière est évaluée en calculant le *peak signal to noise ratio* (PSNR). A noter que l’on utilise la même méthode de reconstruction que NiftyMIC. Pour chaque niveau de mouvement, le PSNR est calculé sur les cinq images reconstruites, puis moyenné. La table 1 représente les PSNR obtenus pour les deux méthodes. Le PSNR obtenu avec la méthode proposée est plus élevé pour les trois plages de mouvement simulés. Lorsque le mouvement augmente, le PSNR diminue, mais très faiblement par rapport à ce qui est observé avec NiftyMIC. Une évaluation à l’aide de la *structural similarity* (SSIM) (non reportée ici par manque de place) permet d’aboutir à la même conclusion.

TABLE 1 : PSNR (dB) moyen obtenus sur les images simulées reconstruites. L’écart type est donné entre parenthèses.

Mouvement	NiftyMIC	ROSI
Faible	30.32 (0.79)	33.37 (0.78)
Moyen	25.08 (0.63)	32.25 (0.60)
Large	23.57 (0.29)	31.86 (0.69)

3.3 Rejet des coupes mal recalées

Afin d’obtenir un nombre de coupes mal recalées suffisamment important pour l’entraînement, nous avons augmenté l’amplitude des mouvements sur les données simulées. Les mouvements sont pris tels que : $\Theta_k \in [-8, 8]$, $T_k \in [-8, 8]$. L’algorithme de classification a été entraîné à partir de 20 résultats de recalage puis testé sur 10 autres. Les coupes avec

un TRE_k supérieur à 1.5 mm sont considérées comme mal recalées (environ 10 % des coupes).

Les résultats obtenus sont comparés avec les méthodes de l'état de l'art : la méthode SLIMMER [5] utilise la caractéristique EQM et fixe le seuil à 1.25 multiplié par l'EQM median. NiftyMIC utilise la caractéristique NCC et le seuil est fixé à 0.8 [1]. Nous avons également comparé les résultats obtenus sur les 5 caractéristiques (All) avec un classifieur qui utiliserait uniquement la caractéristique NCC ou l'EQM. La table 2 représente les taux de vrai négatif (VN), faux négatif (FN), vrai positif (VP) et faux positif (FP) obtenus avec les différentes méthodes.

TABLE 2 : Résultats obtenus pour les différentes méthodes testées. Pour chaque méthode, on calcule : VN (Vrai Négatif), FN (Faux Négatif), TP (Vrai Positif), FP (Faux Positif). Les données sont normalisées de manière à ce que $VN + FN = 1$ et $FP + VP = 1$

	All	NCC	EQM	NiftyMIC	SLIMMER
VN	0.99	0.93	0.97	0.68	0.92
FN	0.01	0.07	0.03	0.32	0.08
FP	0.05	0.2	0.33	0.09	0.4
VP	0.95	0.8	0.67	0.91	0.6

Les résultats montrent que le classifieur entraîné sur les 5 caractéristiques (All) permet, sans aucune contestation, d'obtenir les meilleurs résultats. Utiliser uniquement la caractéristique NCC ou EQM conduit à une mauvaise détection des coupes mal recalées (VP est fortement réduit).

Pour conclure, les tests sur données réelles ont montré que la méthode ROSI permet parfois de reconstruire des données pour lesquelles NiftyMIC échoue (cf Fig. 3).

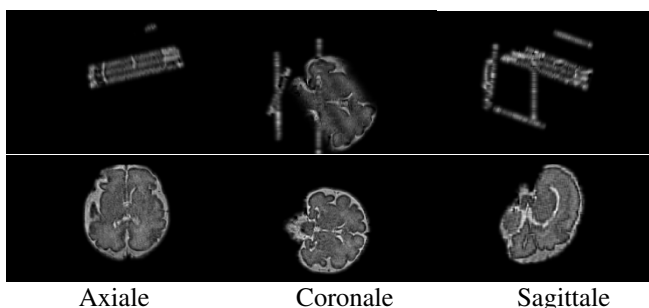


FIGURE 3 : Exemple de données réelles reconstruites. Sur la première ligne les données ont été reconstruites avec NiftyMIC. Sur la seconde, le mouvement entre les coupes a été corrigé avec ROSI puis l'image 3D a été reconstruite.

4 Conclusion

Nous avons proposé une nouvelle méthode de recalage adaptée à l'IRM fœtale, ainsi qu'une nouvelle méthode de rejet des coupes mal recalées. Les expériences menées sur données synthétiques et données réelles démontrent l'intérêt de l'approche proposée par rapport aux méthodes de l'état de l'art.

Remerciements Ce travail a bénéficié du soutien de l'Agence Nationale de la Recherche française (projets ANR-19-CHIA-0015, ANR-19-CE45-0014, ANR-21-NEU2-0005).

Références

- [1] Michael EBNER, Guotai WANG, Wenqi LI, Michael AERTSEN, Premal A PATEL, Rosalind AUGHWANE, Andrew MELBOURNE, Tom DOEL, Steven DYMARKOWSKI, Paolo DE COPPI *et al.* : An automated framework for localization, segmentation and super-resolution reconstruction of fetal brain mri. *NeuroImage*, 206: 116324, 2020.
- [2] A David EDWARDS, Daniel RUECKERT, Stephen M SMITH, Samy ABO SEADA, Amir ALANSARY, Jennifer ALMALBIS, Joanna ALLSOP, Jesper ANDERSSON, Tomoki ARICHI, Sophie ARULKUMARAN *et al.* : The developing human connectome project neonatal data release. *Frontiers in neuroscience*, 16:886772, 2022.
- [3] Ali GHOLIPOUR, Judy A ESTROFF et Simon K WARFIELD : Robust super-resolution volume reconstruction from slice acquisitions : application to fetal brain mri. *IEEE transactions on medical imaging*, 29(10):1739–1758, 2010.
- [4] Shuzhou JIANG, Hui XUE, Alan GLOVER, Mary RUTHERFORD, Daniel RUECKERT et Joseph V HAJNAL : Mri of moving subjects using multislice snapshot images with volume reconstruction (svr) : application to fetal, neonatal, and adult brain studies. *IEEE transactions on medical imaging*, 26(7):967–980, 2007.
- [5] Kio KIM, Piotr A HABAS, François ROUSSEAU, Orit A GLENN, Anthony J BARKOVICH et Colin STUDHOLME : Intersection based motion correction of multislice mri for 3-d in utero fetal brain image formation. *IEEE transactions on medical imaging*, 29(1):146–158, 2009.
- [6] Maria KUKLISOVA-MURGASOVA, Gerardine QUAGHEBEUR, Mary A RUTHERFORD, Joseph V HAJNAL et Julia A SCHNABEL : Reconstruction of fetal brain mri with intensity matching and complete outlier removal. *Medical image analysis*, 16(8):1550–1564, 2012.
- [7] François ROUSSEAU, Orit A GLENN, Bistra IORDANOVA, Claudia RODRIGUEZ-CARRANZA, Daniel B VIGNERON, James A BARKOVICH et Colin STUDHOLME : Registration-based approach for reconstruction of high-resolution in utero fetal mr brain images. *Academic radiology*, 13(9):1072–1081, 2006.
- [8] Colin STUDHOLME et François ROUSSEAU : Quantifying and modelling tissue maturation in the living human fetal brain. *International Journal of Developmental Neuroscience*, 32:3–10, 2014.
- [9] Sébastien TOURBIER, Xavier BRESSON, Patric HAGMANN, Jean-Philippe THIRAN, Reto MEULI et Meritxell Bach CUADRA : An efficient total variation algorithm for super-resolution in fetal brain mri with adaptive regularization. *NeuroImage*, 118:584–597, 2015.
- [10] Junshen XU, Daniel MOYER, Borjan GAGOSKI, Juan Eugenio IGLESIAS, P Ellen GRANT, Polina GOLLAND et Elfar ADALSTEINSSON : Nesvor : Implicit neural representation for slice-to-volume reconstruction in mri. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2023.