

Stage de master – Estimation robuste de modèles en IRM de diffusion

Encadrant : Olivier Commowick, Unité/Projet Empenn, Inria (Olivier.Commowick@inria.fr)

Lieu du stage : Unité/Projet Empenn, IRISA, Campus de Beaulieu, 35042 Rennes Cedex, France
<https://team.inria.fr/empenn>

Rémunération : environ 550 euros net par mois

Durée : 6 mois, démarrage entre février-avril 2022

Contexte

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) de diffusion permet l'étude avancée de la microstructure du cerveau (cellules et tissus présents), et l'extraction de la structure des fibres nerveuses (la « connectique » du cerveau). A partir d'acquisitions pondérées en diffusion, l'extraction de ces informations de microstructure requiert l'estimation de modèles caractérisant les propriétés de diffusion de l'eau en chaque point de l'image (voxel). De nombreux modèles de diffusion ont été développés dans les dernières années et notamment les modèles dits multi-compartiments [1], permettant de modéliser précisément les croisements de faisceaux de fibres en un voxel donné de l'image (voir figure 1). De tels modèles apportent de grandes promesses pour la meilleure compréhension de pathologies et l'étude des connexions du cerveau.

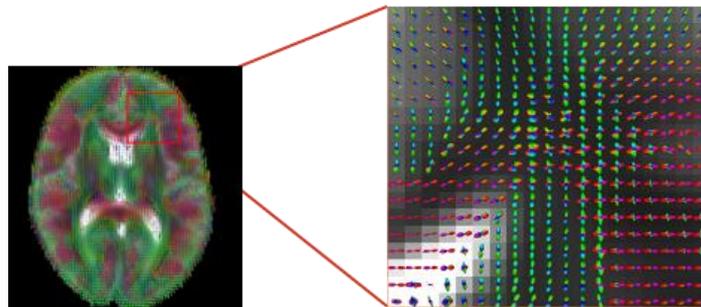


Figure 1. Exemple d'images de modèles de diffusion

L'estimation de tels modèles de diffusion est cependant une tâche très complexe [2]. Celle-ci demande de nombreux volumes de données avec des pondérations différentes en diffusion, rendant leur acquisition très longue. L'utilisation de ces modèles en conditions cliniques, où le temps d'acquisition doit rester très court, est très difficile si ce n'est impossible. Le problème devient alors sous-déterminé et les modèles estimés sont souvent corrompus, forçant les cliniciens à utiliser des modèles plus simplistes. Des grandes bases de données existent désormais comme le human connectome project (HCP) [3], contenant des données de diffusion très avancées qui pourraient être utilisées pour rendre plus robuste l'estimation de modèles avancés à partir d'acquisitions cliniques. Certaines méthodes ont été introduites dans ce but [4] mais restent limitées à un type de modèle et se basent sur un atlas moyen de l'anatomie, non adapté au patient, ceci pouvant biaiser l'estimation.

Objectifs du stage

Dans ce cadre, nous avons développé un prototype de méthode d'estimation de modèles en IRM de diffusion permettant l'introduction d'a priori dans l'estimation pour la rendre plus robuste. Nous souhaitons dans ce stage définir quels pourraient être ces a priori, comment ils pourraient être construits

et adaptés au sujet ou patient rencontré. A cette fin, le stagiaire recruté se basera sur de grandes bases de données de haute qualité (HCP) afin d'établir la distribution des modèles de diffusion dans le cas idéal. Il ou elle étudiera ensuite comment 1- réinjecter cette information dans notre méthode d'estimation et 2- adapter l'a priori au sujet rencontré, par exemple en adaptant des techniques développées pour la segmentation [5]. D'un point de vue méthodologique, ce stage se focalisera sur les domaines suivants :

- IRM de diffusion et modèles de diffusion
- Estimation de modèles à partir de signaux IRM
- Méthodes bayésiennes d'estimation
- Construction d'atlas pour la définition d'a priori
- Extraction d'information pertinente à partir d'un atlas

Localisation

Le stage se déroulera au sein de l'unité Empenn U1228 (<https://team.inria.fr/empenn>, Inria/IRISA, UMR CNRS 6074).

Pré-requis : C++ et/ou Python, très bonne connaissance des mathématiques appliquées : traitement d'images et du signal, recalage d'images. Rigueur, autonomie, maîtrise de l'anglais technique et scientifique.

Références

- [1] E. Panagiotaki, T. Schneider, B. Siow, M. G. Hall, M. F. Lythgoe and D. C. Alexander. Compartment models of the diffusion MR signal in brain white matter: a taxonomy and comparison. *NeuroImage*, vol. 59, no. 3, pp. 2241–54, 2012.
- [2] A. Stamm, O. Commowick, S. Warfield, S. Vantini. Comprehensive Maximum Likelihood Estimation of Diffusion Compartment Models Towards Reliable Mapping of Brain Microstructure. In *MICCAI*, pp.622 – 630, 2016.
- [3] D.C. Van Essen, S.M. Smith, D.M. Barch, T.E.J. Behrens et al. The WU-Minn human connectome project: an overview. *Neuroimage*, vol. 80, pp. 62-79, 2013.
- [4] M. Taquet, B. Scherrer et al. Improved fidelity of brain microstructure mapping from single-shell diffusion MRI. *Medical Image Analysis*, vol. 26, no. 1, pp. 268-286, 2015.
- [5] L. Ramus, O. Commowick, G. Malandain. Construction of patient specific atlases from locally most similar anatomical pieces. In *MICCAI*, pp. 155-162, 2010.