



HAL
open science

Reconstruction super-résolue du flux sanguin en IRM de flux 4D par pénalisation des équations de Navier-Stokes sans pré-segmentation

Sébastien Levilly, Saïd Moussaoui, Jean-Michel Serfaty

► To cite this version:

Sébastien Levilly, Saïd Moussaoui, Jean-Michel Serfaty. Reconstruction super-résolue du flux sanguin en IRM de flux 4D par pénalisation des équations de Navier-Stokes sans pré-segmentation. Colloque du GRETSI (Groupe de Recherche et d'Etudes de Traitement du Signal et des Images), Sep 2022, Nancy, France. hal-03774866

HAL Id: hal-03774866

<https://hal.science/hal-03774866>

Submitted on 12 Sep 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Reconstruction super-résolue du flux sanguin en IRM de flux 4D par pénalisation des équations de Navier-Stokes sans pré-segmentation

Sébastien LEVILLY^{1,2}, Saïd MOUSSAOUI², Jean-Michel SERFATY¹

¹Nantes Université, CHU Nantes, CNRS, INSERM, Institut du Thorax, 44000 Nantes, France

²Nantes Université, École Centrale Nantes, CNRS, LS2N UMR 6004, 44321 Nantes Cedex 3, France

sebastien.levilly@ls2n.fr, said.moussaoui@ls2n.fr, JeanMichel.SERFATY@chu-nantes.fr

Résumé – Ces dernières années, l'intérêt pour l'IRM de flux 4D s'est accru pour sa capacité à imager l'anatomie du coeur et la vitesse 3D du flux sanguin au cours du cycle cardiaque. Toutefois, les contraintes de l'application clinique nécessitent une acquisition avec une résolution limitée qui engendrent des difficultés pour la quantification de biomarqueurs hémodynamiques d'intérêt. Dans ce travail, nous proposons une solution originale pour améliorer la résolution de la carte de vitesse qui s'affranchie de la connaissance *a priori* du domaine fluide. Ainsi, notre approche s'appuie sur la résolution d'un problème inverse par minimisation d'un critère composé de trois termes : un terme de fidélité aux données, un terme s'appuyant sur la mécanique des fluides et un terme de lissage spatial. Dans cette étude, nous présentons les résultats de validation obtenus sur un jeu de données synthétiques et une application clinique.

Abstract – In the last decades, 4D Flow MRI became interesting for its ability to image the anatomy and 3D-velocity within a volume and along the cardiac cycle. However, clinical routine constraints imply low resolution acquisitions which might induce difficulties for biomarkers' of interest quantification. In this work, an original solution is proposed to compute the super-resolved velocity field without *a priori* knowledge on the fluid domain. Thus, the proposed approach relies on inverse problems solving by the minimisation of a criterion composed by three terms: a data fidelity term, a fluid mechanic term, and spatial smoothing term. In this study, results are presented on a synthetic dataset for the method validation and a clinical dataset to illustrate its applicability.

1 Introduction

En imagerie cardio-vasculaire, la majorité des examens cliniques est effectuée sur des sections 2D au cours du cycle cardiaque par IRM de flux 2D. Or, l'IRM de flux 4D a fait émerger la possibilité d'imager l'anatomie et le champ de vitesse au sein du volume d'intérêt au cours du cycle cardiaque [1]. Toutefois, la résolution de ces images est dégradée [1, 2] à cause de la nécessité d'un compromis entre plusieurs facteurs : le temps d'acquisition, le rapport signal sur bruit et la résolution spatio-temporelle. Ainsi, une résolution dégradée peut engendrer des difficultés notamment pour la quantification de certains biomarqueurs hémodynamiques comme le cisaillement à la paroi [3, 4]. En effet, ce dernier dépend du gradient de la vitesse qui est significativement impacté par la faible résolution de l'image et le fort niveau de bruit de mesure.

De nos jours, la simulation numérique de l'écoulement sanguin est considérée comme la méthode de référence pour la quantification de tels biomarqueurs, notamment en raison de leurs respects des équations physiques de la mécanique des fluides [5]. Plus précisément, ces simulations s'appuient sur une segmentation du domaine fluide, des données d'entrée dans cette zone et les équations non-linéaires de Navier-Stokes. Ainsi, la vitesse et la pression estimées sur un maillage spatial fin per-

mettent de calculer les biomarqueurs. Toutefois, ces simulations sont complexes à mettre en œuvre dans la routine clinique et la correspondance entre simulation et mesures est d'autant plus difficile en dehors d'applications expérimentales [6]. Les séquences d'IRM de flux 4D ont permis le développement de nouvelles approches pour améliorer la résolution des images. Celles-ci s'inscrivent dans trois familles de solutions : l'apprentissage statistique sur des simulations d'écoulements [7, 8], l'application des lois de mécanique des fluides par des techniques de vision par ordinateur [9, 10] et enfin la résolution de problèmes inverses [11, 12]. Cette dernière s'appuie en majorité sur les équations de Navier-Stokes appliquées sous forme de contraintes [12, 13]. Par ailleurs, l'ensemble de ces solutions exploitent une segmentation du domaine fluide préalablement établie pour contraindre les lois de la mécanique des fluides. La résolution stricte des équations de Navier-Stokes et l'apport nécessaire d'une segmentation rendent la super-résolution difficile à appliquer dans la routine clinique.

Dans une première étude [14], nous avons proposé une solution de super-résolution efficace s'appuyant sur la théorie des problèmes inverses [15]. En particulier, une pénalisation quadratique par des équations de Navier-Stokes a été préférée à une contrainte stricte car elle permet d'accélérer la résolution et de rechercher le meilleur compromis entre mesures et simulations. L'application de cette approche sans connaissance

a priori du domaine fluide a montré des résultats intéressants mais limités, en particulier, à proximité des bords du domaine fluide. La solution proposée est une extension de ce travail permettant une application libre de toute connaissance du domaine fluide. Ainsi, le critère d'optimisation, détaillé dans la section 2, se décompose en trois parties : un terme de fidélité aux données pondéré spatialement, un terme s'appuyant sur les équations de Navier-Stokes et un terme de lissage spatial pondéré de manière à atténuer les variations en dehors des potentielles zones d'écoulement sanguin. La section 3 présente la démarche de validation et les résultats obtenues sur un cas synthétique 2D. Enfin, la solution proposée est appliquée à des mesures réelles d'IRM 4D flux au cours du cycle cardiaque.

2 Méthode proposée

La reconstruction super-résolue est représentée par le vecteur $\mathcal{X} = (\mathbf{u}^t, \mathbf{v}^t, \mathbf{w}^t, \mathbf{p}^t)^t$ dans lequel les composantes de vitesses \mathbf{u} , \mathbf{v} , \mathbf{w} et le champ de pression \mathbf{p} sont organisées suivant un ordre lexicographique. La solution proposée repose sur la résolution du problème d'optimisation non-linéaire suivant :

$$\hat{\mathcal{X}} = \arg \min_{\mathcal{X} \in \mathbb{R}^N} \mathcal{F}(\mathcal{X}, \mathcal{Y}) + \alpha \mathcal{NS}(\mathcal{X}) + \beta \mathcal{R}(\mathcal{X}) \quad (1)$$

où N est la taille de \mathcal{X} , \mathcal{F} est le terme de fidélité aux données, \mathcal{NS} est un terme de régularisation basé sur les équations de Navier-Stokes, \mathcal{R} est un terme de lissage spatial, α et β sont les paramètres d'ajustement du poids des différents critères.

Le terme de fidélité aux données est quadratique et pondéré tel que :

$$\mathcal{F}(\mathcal{X}, \mathcal{Y}) = \|\mathcal{Y} - \mathbf{H}\mathcal{X}\|_{\mathbf{W}}^2 \quad (2)$$

avec le vecteur $\mathcal{Y} = (\mathbf{u}_d^t, \mathbf{v}_d^t, \mathbf{w}_d^t)^t$ contenant chaque composante de vitesse mesurée agencée suivant un ordre lexicographique, la matrice diagonale \mathbf{W} des variances *a priori* de la vitesse [2] et l'opérateur \mathbf{H} de décimation et d'étalement spatial [11, 12, 8]. Par souci de simplicité, la fonction d'étalement de l'IRM de flux 4D est modélisée par un filtre moyennant [6]. Par ailleurs, l'erreur de mesure, issue de la phase du signal, n'est pas identiquement distribuée avec un écart-type variant spatialement [2] :

$$\sigma_{v,i} = \frac{\sqrt{2}}{\pi} \frac{V_{\text{enc}}}{\text{SNR}_i} \quad (3)$$

avec la vitesse d'encodage V_{enc} et le rapport signal sur bruit de l'anatomie pour le $i^{\text{ème}}$ voxel. Par conséquent, la matrice de pondération, $\mathbf{W} = \text{diag} \{1/2\sigma_{v,i}^2\}_{i=1 \dots N_d}$ avec N_d la taille des données, réduit l'influence des données en dehors de la potentielle région fluide.

Le sang est souvent considéré comme un fluide incompressible et newtonien [5, 6] et ainsi d'avoir une masse volumique ρ et une viscosité dynamique μ constante. Pour ces écoulements, la vitesse du fluide $\vec{v} = (u, v, w)^t$ est gouvernée par les équations de conservation de la masse et de la quantité de mouvement, nommées par les équations de Navier-Stokes :

$$\text{div}(\vec{v}) = 0 \quad (4)$$

$$\rho \overline{\text{grad}(\vec{v})} \cdot \vec{v} - \mu \Delta \vec{v} + \overline{\text{grad}} p = \vec{0} \quad (5)$$

où p désigne la pression. La force de gravité et le terme instationnaire ont été négligés. Les équations de Navier-Stokes sont appliquées à l'ensemble de la zone de mesure et des conditions de Dirichlet ont été imposées aux bords. La méthode des volumes finis est souvent employée pour simuler les écoulements [6, 11, 16], et particulièrement pour discrétiser le problème et obtenir une approximation de premier ordre. Nous avons utilisé une résolution couplée des différentes composantes de la vitesse et de la pression [12, 16]. Ainsi, les équations (4) et (5) peuvent être linéarisées autour de tout point \mathcal{X}_k pour obtenir une approximation locale du terme de régularisation $\mathcal{NS}(\mathcal{X})$ sous la forme quadratique suivante :

$$\mathcal{NS}_k(\mathcal{X}) = \|\mathbf{S}_{\mathcal{X}_k} \mathcal{X} - \mathbf{b}\|_2^2 \quad (6)$$

avec $\mathbf{S}_{\mathcal{X}_k}$, la matrice de convection-diffusion calculée pour un \mathcal{X}_k donné et \mathbf{b} le vecteur contenant les conditions de bord.

L'étude [14] a montré l'importance de la segmentation dans l'application des équations de Navier-Stokes. En particulier, la vitesse estimée dans le domaine fluide est significativement impactée à proximité de la paroi en raison du manque de régularité des vitesses en dehors du domaine fluide. Ainsi, le terme de régularisation \mathcal{R} permet un lissage spatial pondéré de chaque composante de la vitesse tel que :

$$\mathcal{R}(\mathcal{X}) = \|\mathbf{G}_x \mathcal{X}\|_{\overline{\mathbf{W}}}^2 + \|\mathbf{G}_y \mathcal{X}\|_{\overline{\mathbf{W}}}^2 + \|\mathbf{G}_z \mathcal{X}\|_{\overline{\mathbf{W}}}^2 = \mathcal{X}^t \mathbf{M} \mathcal{X} \quad (7)$$

avec $\mathbf{M} = \mathbf{G}_x^t \overline{\mathbf{W}} \mathbf{G}_x + \mathbf{G}_y^t \overline{\mathbf{W}} \mathbf{G}_y + \mathbf{G}_z^t \overline{\mathbf{W}} \mathbf{G}_z$ où \mathbf{G}_x , \mathbf{G}_y et \mathbf{G}_z sont des matrices de différence finie spatiales et $\overline{\mathbf{W}}$ est une matrice diagonale des variances *a priori*. L'écart-type de la vitesse (3) dépend du SNR du signal anatomique à la résolution reconstruite; ce dernier étant issu de l'interpolation linéaire des données anatomiques. En conséquence, les vitesses en dehors de zones fluide sont lissées spatialement tandis que les autres seront majoritairement régularisées par les équations de Navier-Stokes.

La résolution du problème non-linéaire (1) repose sur un schéma itératif dans lequel un sous-problème de moindres carrés linéaires et pondérés est défini pour un \mathcal{X}_k donné :

$$\min_{\mathcal{X} \in \mathbb{R}^N} \|\mathcal{Y} - \mathbf{H}\mathcal{X}\|_{\mathbf{W}}^2 + \alpha \|\mathbf{S}_{\mathcal{X}_k} \mathcal{X} - \mathbf{b}\|_2^2 + \beta \mathcal{X}^t \mathbf{M} \mathcal{X} \quad (8)$$

La solution $\hat{\mathcal{X}}$ à ce problème s'obtient par résolution du système linéaire suivant :

$$(\mathbf{H}^t \mathbf{W} \mathbf{H} + \alpha \mathbf{S}_{\mathcal{X}_k}^t \mathbf{S}_{\mathcal{X}_k} + \beta \mathbf{M}) \mathcal{X} = (\mathbf{H}^t \mathbf{W} \mathcal{Y} + \alpha \mathbf{S}_{\mathcal{X}_k}^t \mathbf{b}) \quad (9)$$

avec un algorithme d'optimisation par descente de gradient conjugué préconditionné. L'efficacité de l'algorithme de résolution tient aussi à la construction d'opérateurs spécifiques, évitant ainsi d'écrire de matrices parcimonieuses pour \mathbf{H} , $\mathbf{S}_{\mathcal{X}_k}$, \mathbf{M} et \mathbf{W} . L'algorithme a convergé lorsque la norme quadratique de la variation relative de la solution entre deux itérations atteint une tolérance de 10^{-6} .

3 Validation sur des données simulées

La solution proposée, nommée par SFSR pour *Segmentation-free Super-Resolution*, a été validée sur un jeu de données synthétiques 2D de taille $15 \times 8,63 \text{ cm}^2$. Ce dernier est divisé en

deux régions : une zone de signal anatomique faible où aucun fluide ne circule en contraste avec la seconde zone où le fluide s'écoule. L'écoulement s'effectue le long d'un tube cylindrique orienté avec un rayon de 1,5 cm induisant un champ de vitesse parabolique, nommé écoulement de Poiseuille, ayant une vitesse maximale de 0,75 m/s. Le modèle fluide emploie une viscosité dynamique μ de 0,0032 Pa.s et une masse volumique ρ de 1060 Kg/m³. Le jeu de données synthétiques est obtenu par simulation de l'écoulement de Poiseuille sur une grille fine avec une résolution spatiale isotrope (ISO) de 1 mm. Cette simulation est ensuite filtrée et décimée à une résolution de 2 mm ISO avec un filtre moyennant introduisant un effet de volume partiel. Enfin, un bruit gaussien spatialement variant est ajouté au champ de vitesse filtré suivant l'équation (3). L'écart-type est fixé à 5 % de la V_{enc} au sein du domaine fluide et seuilé par la V_{enc} qui est défini à 120 % de la vitesse maximale théorique. La Figure 1 représente les données synthétiques à gauche et la solution SFSR à droite avec un facteur de super-résolution de 2×2 .

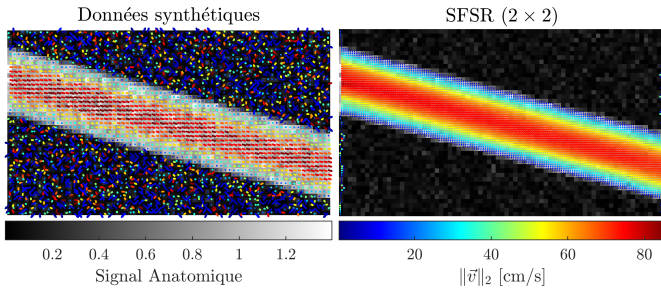


FIGURE 1 – Représentation du signal anatomique (nuance de gris) et des vecteurs de vitesse d'un cas d'étude synthétique.

La validation de la solution proposée SFSR s'appuie sur le calcul de la racine carrée de l'erreur quadratique moyenne (RMSE) entre l'estimation super-résolue et la référence au sein du domaine fluide. Ce RMSE est défini sous forme d'un pourcentage de l'erreur initiale dans les données tel que :

$$\text{RMSE}(\mathbf{r}) = 1/\text{RMSE}_d \times \sqrt{\sum_{i=1}^N (\mathbf{r}_i - \bar{\mathbf{r}}_i)^2 / N} \quad (10)$$

où $\bar{\mathbf{r}}$ contient les vitesses super-résolue de référence, RMSE_d est égal à $\sqrt{\frac{1}{N_d} \sum_{i=1}^{N_d} (\mathcal{Y}_i - \bar{\mathcal{Y}}_i)^2}$ pour lequel $\bar{\mathcal{Y}}$ désigne le vecteur des vitesses de référence à la résolution des données.

Le tableau 1 présente les performances observées pour 20 réalisations de bruit, pour notre approche SFSR, notre précédente étude PSR [14] et une solution s'appuyant sur une formulation contrainte nommée SbSR (pour *SIMPLER-based Super-Resolution*).

	SFSR	PSR	SbSR
RMSE (%)	69,9 (27, 2)	42,6 (10, 9)	91,2 (61, 9)

TABLE 1 – Moyenne du RMSE calculé sur 20 réalisations de bruit avec l'écart-type entre parenthèse.

Le RMSE moyen et l'écart-type associé de PSR exploitant une pre-segmentation [14] sont meilleurs que ceux de SFSR.

Par contre, SFSR réduit significativement le RMSE en comparaison avec une méthode contrainte par les équations de Navier-Stokes et bénéficiant de la connaissance du domaine fluide [11]. L'écart-type du RMSE sur les 20 réalisations de bruit est aussi favorable à SFSR par rapport à SbSR. Compte-tenu de la non-prise en compte de la segmentation, les résultats de SFSR sont satisfaisants et rendent accessible la super-résolution à l'application clinique.

4 Application à des données cliniques

La solution proposée a été appliquée à un jeu de données cliniques d'un sujet ne présentant pas de pathologie particulière. Les images ont été acquises sur un IRM 1,5T (Aera 1,5T, Siemens) avec une paramétrisation similaire à celle utilisée en routine clinique. La résolution d'acquisition est fixée à $2,2 \times 2,2 \times 2 \text{ mm}^3$ pour une vitesse d'encodage de 200 cm/s. Les données acquises représentent un volume de [144, 130, 40, 30] mesures spatiotemporelles qui a été réduit à [71, 91, 40, 30] pour circonscrire la zone de circulation cardiovasculaire.

La Figure 2 présente une section 2D de ces données de résolution $2,2 \times 2,2 \times 2 \text{ mm}^2$ ainsi que le résultat de la solution SFSR pour une super-résolution d'un facteur $2 \times 2 \times 2$. Les résultats sont présentés pour 4 temps du cycle cardiaque proche du systole et en début de diastole. On observe aussi sur les agrandissements rouge et bleu, la reconstruction des écoulements complexes au niveau de l'aorte ascendante et de la crosse aortique. Par ailleurs, les vitesses super-résolues sont très peu impactées par la méconnaissance *a priori* des bords, ce qui présente un aspect prometteur pour la quantification de biomarqueurs à proximité de ces bords. Enfin, le temps de calcul par phase cardiaque est environ de 10 minutes (implémentation sur Matlab et GPU Nvidia RTX A4000), ce qui permettrait de rendre plus accessible la super-résolution dans la routine clinique.

5 Conclusion

Cette étude présente un nouvel algorithme de super-résolution appliqué à l'IRM de flux 4D pour lequel la segmentation des images n'est pas un pré-requis. L'amélioration de la résolution, d'un facteur 2 par dimension, permet de reconstruire des écoulements complexes tout en diminuant l'erreur résiduelle. Les vitesses en proche paroi sont peu impactées par le manque de segmentation du domaine fluide, ce qui est prometteur pour la quantification de biomarqueurs dépendant de ces vitesses. De futur travaux seront menés pour caractériser les performances sur des écoulements pulsés et déterminer le potentiel gain sur la quantification de certains biomarqueurs.

Références

- [1] M. Markl, A. Frydrychowicz, S. Kozerke, M. Hope, and O. Wieben, "4D Flow MRI," *J. Magn. Reson. Imaging*, vol. 36, no. 5, pp. 1015–1036, 2012.

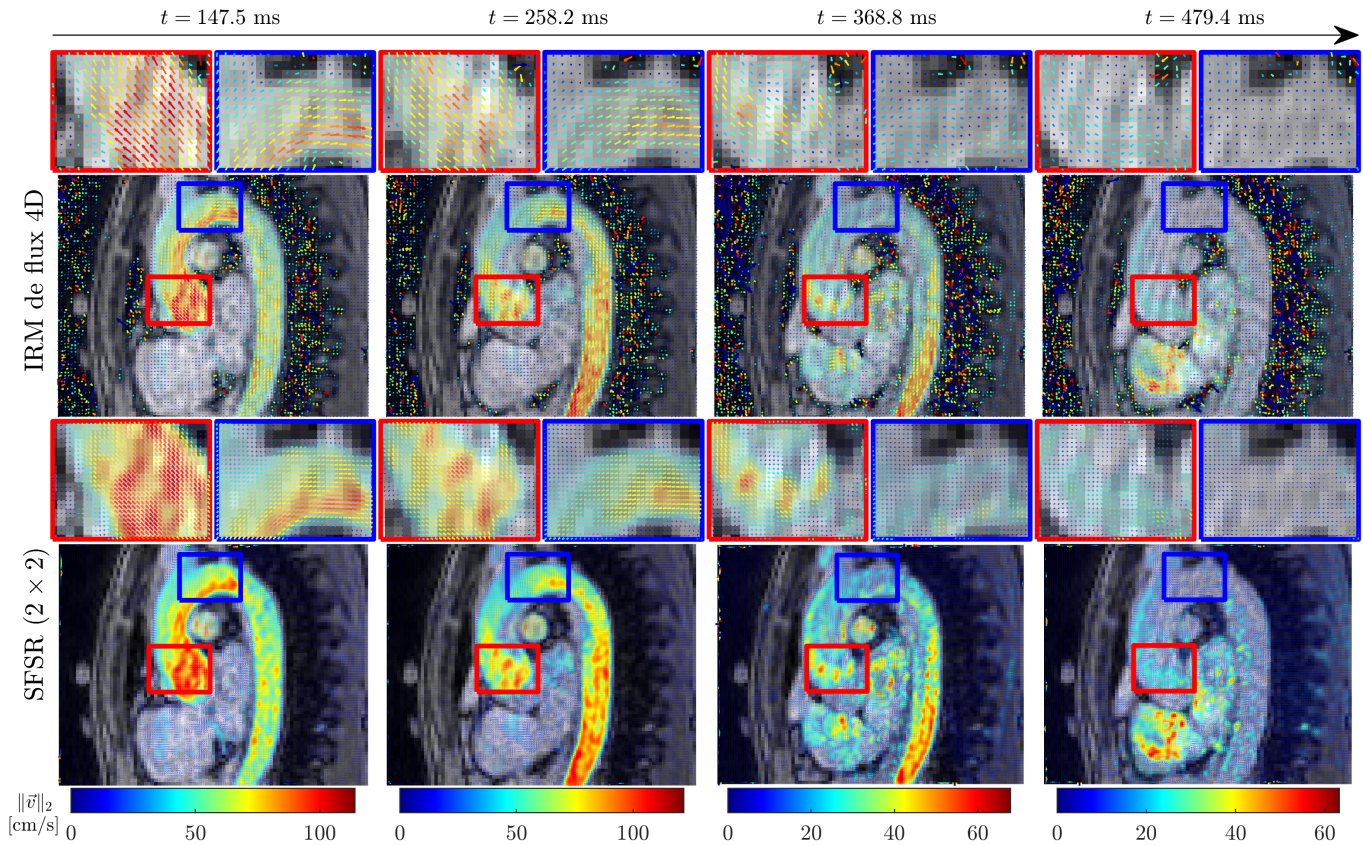


FIGURE 2 – Application aux données cliniques aux cours du cycle cardiaque [0,1070] ms.

- [2] N. J. Pelc, M. A. Bernstein, A. Shimakawa, and G. H. Glover, “Encoding strategies for three-direction phase-contrast MR imaging of flow,” *J. Magn. Reson. Imaging*, vol. 1, no. 4, pp. 405–413, 1991.
- [3] A. F. Stalder, M. F. Russe, A. Frydrychowicz, J. Bock, J. Hennig, and M. Markl, “Quantitative 2D and 3D phase contrast MRI : Optimized analysis of blood flow and vessel wall parameters,” *Mag. Reson. Med.*, vol. 60, no. 5, pp. 1218–1231, 2008.
- [4] S. Levilly, M. Castagna, J. Idier, F. Bonnefoy, D. Le Touzé, S. Moussaoui, P. Paul-Gilloteaux, and J.-M. Serfaty, “Towards quantitative evaluation of wall shear stress from 4D flow imaging,” *Magn. Reson. Imaging*, vol. 74, pp. 232–243, 2020.
- [5] L. Boussel, V. L. Rayz, A. Martin, G. Acevedo-Bolton, M. T. Lawton, R. Higashida, W. S. Smith, W. L. Young, and D. Saloner, “Phase-contrast magnetic resonance imaging measurements in intracranial aneurysms in vivo of flow patterns, velocity fields, and wall shear stress : comparison with computational fluid dynamics,” *Mag. Reson. Med.*, vol. 61, pp. 409–417, 02 2009.
- [6] T. Puisieux, A. Sewonu, O. Meyrignac, H. Rousseau, F. Nicoud, S. Mendez, and R. Moreno, “Reconciling PC-MRI and CFD : An in-vitro study,” *NMR Biomed*, vol. 32, no. 5, pp. e4063, 2019.
- [7] I. Perez-Raya, M. F. Fathi, A. Baghaie, R. H. Sacho, K. M. Koch, and R. M. D’Souza, “Towards multi-modal data fusion for super-resolution and denoising of 4D-flow MRI,” *Int. J. Numer. Meth. Bio.*, vol. 36, no. 9, 2020.
- [8] M. F. Fathi, I. Perez-Raya, A. Baghaie, P. Berg, G. Janiga, A. Arzani, and R. M. D’Souza, “Super-resolution and denoising of 4D-flow MRI using physics-informed deep neural nets,” *Comput. Meth. Prog. Bio.*, p. 105729, 2020.
- [9] N. de Hoon, R. van Pelt, A. Jalba, and A. Vilanova, “4D MRI flow coupled to physics-based fluid simulation for blood-flow visualization,” *Comput. Graph. Forum*, vol. 33, no. 3, pp. 121–130, 2014.
- [10] F. M. Callaghan and S. M. Grieve, “Spatial resolution and velocity field improvement of 4D-flow MRI,” *Mag. Reson. Med.*, vol. 78, no. 5, pp. 1959–1968, 2017.
- [11] V. C. Rispoli, J. F. Nielsen, K. S. Nayak, and J. LA Carvalho, “Computational fluid dynamics simulations of blood flow regularized by 3D phase contrast MRI,” *Biomed. Eng. Online*, vol. 14, no. 1, pp. 110, 2015.
- [12] M. D’Elia, M. Peregó, and A. Veneziani, “A variational data assimilation procedure for the incompressible Navier-Stokes equations in hemodynamics,” *J. Sci. Comput.*, vol. 52, no. 2, pp. 340–359, 2012.
- [13] S. W. Funke, M. Nordaas, Ø. Evju, M. S. Alnæs, and K. A. Mardal, “Variational data assimilation for transient blood flow simulations : Cerebral aneurysms as an illustrative example,” *Int. J. Numer. Meth. Bio.*, vol. 35, no. 1, 2019.
- [14] S. Levilly, S. Moussaoui, and J.-M. Serfaty, “Navier-stokes-based regularization for 4D flow MRI super-resolution,” in *Proc. IEEE 19th I. S. Biomed. Imaging (ISBI)*, 2022.
- [15] J. Idier, *Bayesian Approach to Inverse Problems*, ISTE Ltd and John Wiley & Sons Inc, Apr. 2008.
- [16] Z. Mazhar, *Fully Implicit, Coupled Procedures in Computational Fluid Dynamics*, vol. 115, Springer, Cham, 2016.