



HAL
open science

Réseaux de neurones Deep Learning pour la simulation rapide de signaux IRM pour l'IRM Fingerprinting vasculaire

Thomas Coudert, Aurelien Delphin, Jan M. Warnking, Emmanuel Luc Barbier, Thomas Christen

► To cite this version:

Thomas Coudert, Aurelien Delphin, Jan M. Warnking, Emmanuel Luc Barbier, Thomas Christen. Réseaux de neurones Deep Learning pour la simulation rapide de signaux IRM pour l'IRM Fingerprinting vasculaire. IABM 2023 - Colloque Français d'Intelligence Artificielle en Imagerie Biomédicale, Mar 2023, Paris Institut Curie, France. . hal-04278882

HAL Id: hal-04278882

<https://hal.science/hal-04278882>

Submitted on 13 Nov 2023

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.

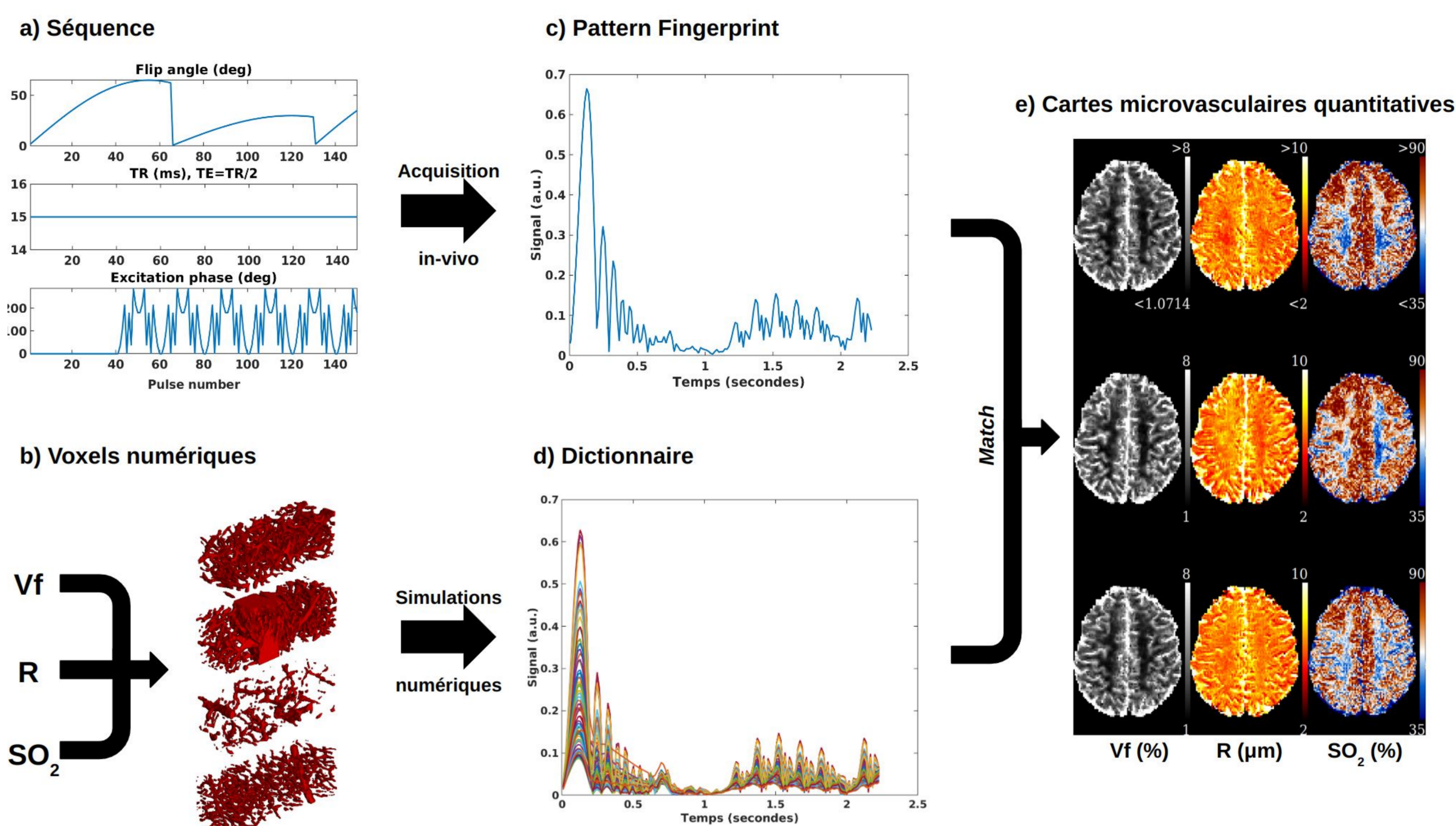
Réseaux de neurones profonds pour la simulation rapide de signaux IRM pour l'IRM Fingerprinting vasculaire

Thomas Coudert¹, Aurélien Delphin¹, Jan M. Warnking¹, Emmanuel L. Barbier¹, Thomas Christen¹
¹Univ. Grenoble Alpes, Inserm, U1216, Grenoble Institut Neurosciences, GIN, 38000, Grenoble, France

Introduction

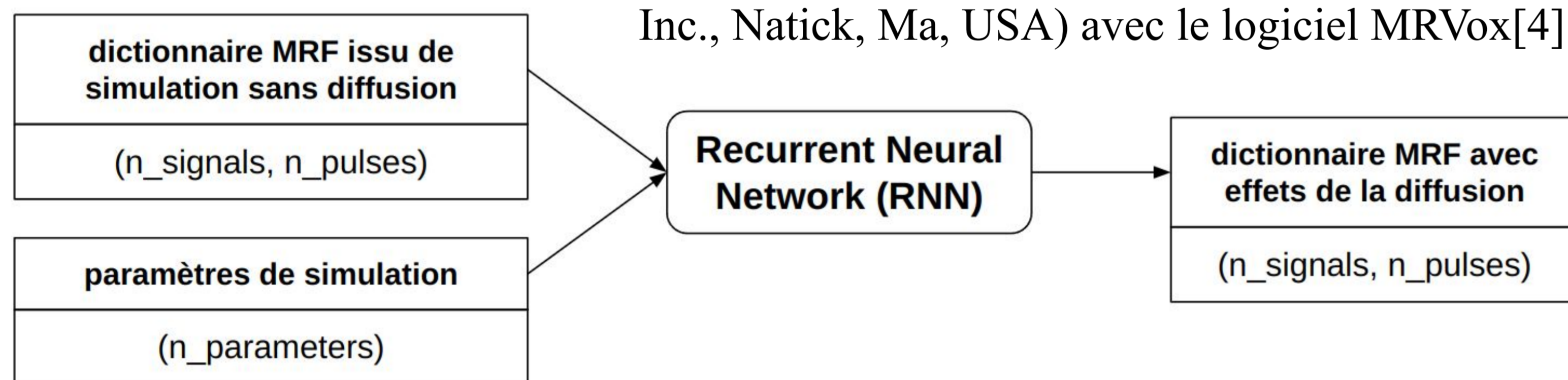
L'IRM Fingerprinting vasculaire (MRvF)[1] étend le concept de l'IRM Fingerprinting (MRF)[2] à l'estimation de paramètres vasculaires tels que la saturation en oxygène dans le sang, le volume sanguin cérébral ou le rayon des vaisseaux. Cette approche permet de reconstruire des images en comparant directement des acquisitions in vivo (fingerprint) et des millions de simulations numériques qui miment les tissus du cerveau (dictionnaire).

Le calcul des effets de diffusion nécessaire au réalisme de telles simulations rend l'élaboration de dictionnaires MRvF chronophage et fastidieuse (plusieurs dizaines d'heures pour un dictionnaire). Face à ce challenge, nous proposons la mise en place de réseaux de neurones en substitution aux simulations numériques afin d'accélérer le développement et la recherche de nouvelles séquences MRvF. Ce travail porte sur la construction de réseaux de neurones profonds pour la génération rapide et précise de dictionnaires MRvF pour une grille de paramètres souhaités et une séquence choisie.



Implémentation

L'architecture utilisée dans cette étude est un réseau de type RNN (Recurrent Neural Network) avec 3 couches de type GRU (Gated Recurrent Unit)[3]. L'entraînement du réseau se fait grâce à des données synthétiques simulées sur Matlab (The MathWorks Inc., Natick, Ma, USA) avec le logiciel MRVox[4]. Le logiciel permet la simulation de signaux MR avec et sans effet de diffusion.



Le réseau neuronal prend en entrée chaque signal du dictionnaire MRF avec les paramètres (vasculaires et tissulaires) associés à la simulation. L'objectif est de permettre la simulation rapide de signaux sans diffusion, auquel on applique ensuite les effets de la diffusion en quelques secondes par inférence du réseau.

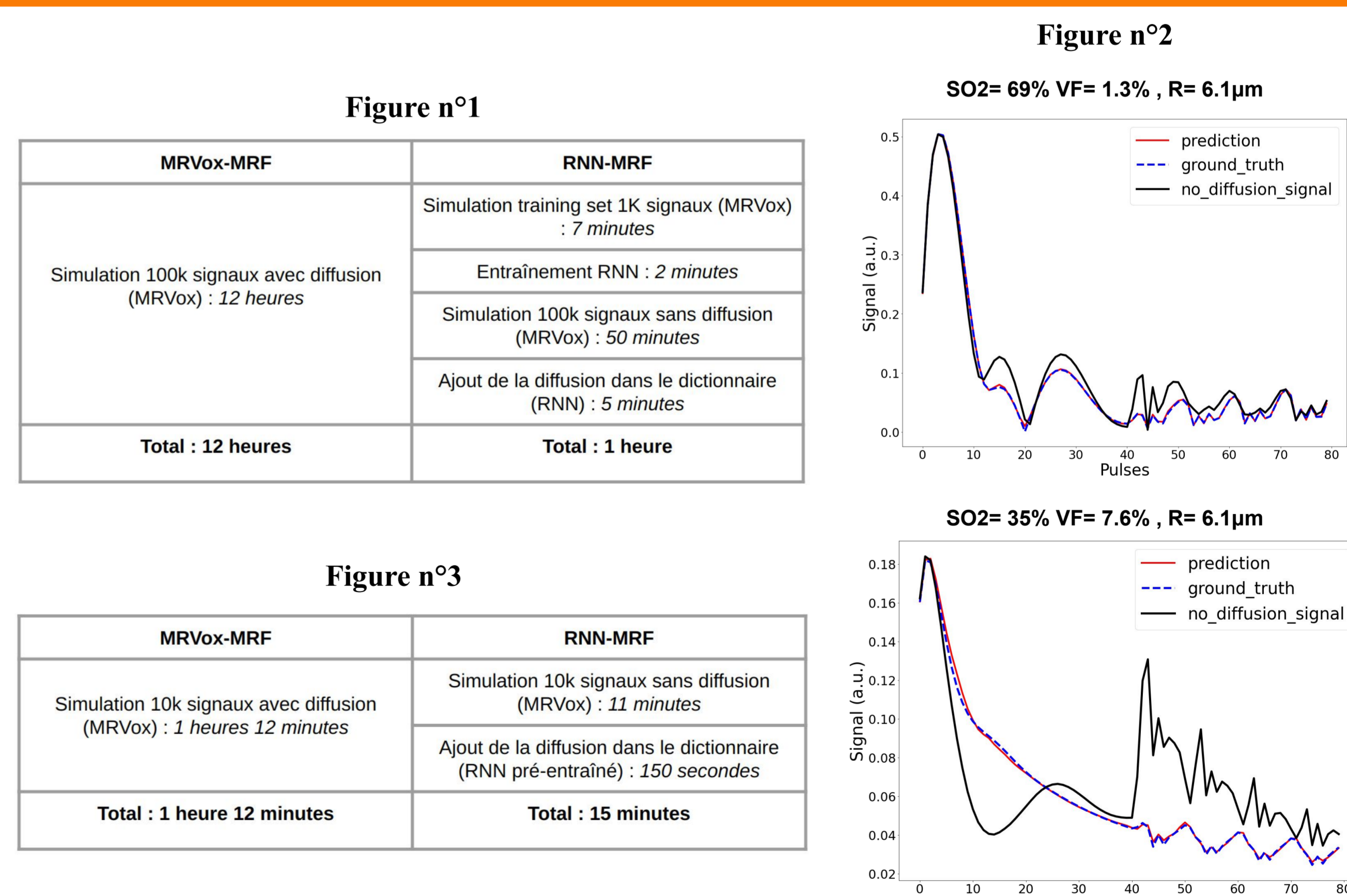
Approches

- Affiner un dictionnaire simulé pour une séquence MRF précise** : utiliser un petit dictionnaire pour entraîner un RNN sur une séquence MRF précise. Utiliser ensuite le RNN pour affiner la grille de paramètres et appliquer les effets de la diffusion sur un dictionnaire plus gros pour la séquence d'intérêt.
- Appliquer les effets de la diffusion pour différentes séquences MRF** : En entraînant un RNN sur un dataset de signaux issus de plusieurs séquences de paramètres (FA, TR, TE) différents, on génère ensuite les effets de la diffusion sur le dictionnaire MRF d'une séquence non vue durant l'entraînement.

Résultats

1. Avec l'approche proposée (cf. [Figure n°1](#)), la génération d'un dictionnaire avec diffusion est accélérée d'un facteur 12. La validation du modèle se fait par le calcul de l'erreur moyenne quadratique normalisée entre les deux dictionnaires *RNN-MRF* et *MRVox-MRF*. Sur plusieurs validations, cette erreur est de **1,17%**. La [Figure n°2](#) ci-contre montre des exemples de signaux générés avec *RNN-MRF* (prediction) versus *MRVox-MRF* (ground truth).

2. Les temps de calcul caractérisant la seconde approche sont présentés dans la [Figure n°3](#). Le gain de temps avec l'utilisation d'un tel réseau est d'un facteur 5. Le gain de temps observé est proportionnel aux nombres de signaux dans le dictionnaire final, et donc avec des dictionnaires de plusieurs dizaines de milliers de signaux, les résultats sont similaires à ceux de la première approche. L'erreur moyenne quadratique normalisée entre les deux dictionnaires RNN-MRF et MRVox-MRF est **1,12%**. Ces résultats sont similaires aux scores obtenus pour des réseaux simulateurs EPG/Bloch dans la littérature[3].



Conclusion

Dans ce travail, il est mis en évidence la pertinence de l'utilisation de réseaux de neurones profonds pour la simulation de signaux IRM. Préalablement utilisés pour la simulation de signaux à partir de paramètres tissulaires "classiques" (temps de relaxation) [3, 5], nous apportons ici des réseaux de neurones récurrents de type GRU pour la simulation de signaux à partir de paramètres vasculaires, en prenant en compte les effets de diffusion. Dans un contexte d'évaluation de la capacité d'encodage pour l'optimisation de séquence MRF, des dictionnaires générés synthétiquement rapidement permettent un grand nombre d'itérations, infaisables compte tenu des temps de calcul actuels. Le réalisme des prédictions du réseau doit être vérifié avec des acquisitions in-vivo pour valider l'applicabilité de cette approche pour la reconstruction.