Numéro d'ordre: 2011-ISAL-0007 Année 2011

THÈSE

présentée devant

L'Institut National des Sciences Appliquées de Lyon

pour obtenir

LE GRADE DE DOCTEUR

ÉCOLE DOCTORALE: ÉLECTRONIQUE, ÉLECTROTECHNIQUE, AUTOMATIQUE
FORMATION DOCTORALE : SCIENCES DE L'INFORMATION, DES DISPOSITIFS ET DES SYSTÈMES

par

YANG Feng

Interpolation des données en imagerie cardiaque par résonance magnétique du tenseur de diffusion

Soutenue le 21 Janvier 2011

Jury :

Yue-Min ZHU	Directeur de recherche CNRS	Directeur de thèse
Nicole VINCENT	Professeur	Rapporteur
Michèle ROMBAUT	Professeur	Rapporteur
Rachid DERICHE	Directeur de recherche INRIA	Examinateur
Isabelle E. MAGNIN	Directeur de recherche INSERM	Examinateur
Pierre CROISILLE	Maître de Conférence-PH	Examinateur
Cyril POUPON	Chercheur CEA	Examinateur

SIGLE	ECOLE DOCTORALE	NOM ET COORDONNEES DU RESPONSABLE
CHIMIE	**CHIMIE DE LYON** **http://sakura.cpe.fr/ED206** M. Jean Marc LANCELIN Insa : R. GOURDON	M. Jean Marc LANCELIN Université Claude Bernard Lyon 1 Bât CPE 43 bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE Cedex Tél : 04.72.43 13 95 Fax : lancelin@hikari.cpe.fr
E.E.A.	**ELECTRONIQUE, ELECTROTECHNIQUE, AUTOMATIQUE** **http://www.insa-lyon.fr/eea** M. Alain NICOLAS Insa : C. PLOSSU ede2a@insa-lyon.fr Secrétariat : M. LABOUNE AM. 64.43 – Fax : 64.54	M. Alain NICOLAS Ecole Centrale de Lyon Bâtiment H9 36 avenue Guy de Collongue 69134 ECULLY Tél : 04.72.18 60 97 Fax : 04 78 43 37 17 eea@ec-lyon.fr Secrétariat : M.C. HAVGOUDOUKIAN
E2M2	**EVOLUTION, ECOSYSTEME, MICROBIOLOGIE, MODELISATION** **http://biomserv.univ-lyon1.fr/E2M2** M. Jean-Pierre FLANDROIS Insa : H. CHARLES	M. Jean-Pierre FLANDROIS CNRS UMR 5558 Université Claude Bernard Lyon 1 Bât G. Mendel 43 bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE Cédex Tél : 04.26 23 59 50 Fax 04 26 23 59 49 06 07 53 89 13 e2m2@biomserv.univ-lyon1.fr
EDISS	**INTERDISCIPLINAIRE SCIENCES-SANTE** Sec : Safia Boudjema M. Didier REVEL Insa : M. LAGARDE	M. Didier REVEL Hôpital Cardiologique de Lyon Bâtiment Central 28 Avenue Doyen Lépine 69500 BRON Tél : 04.72.68 49 09 Fax :04 72 35 49 16 Didier.revel@creatis.uni-lyon1.fr
INFOMATHS	**INFORMATIQUE ET MATHEMATIQUES** http://infomaths.univ-lyon1.fr M. Alain MILLE	M. Alain MILLE Université Claude Bernard Lyon 1 LIRIS - INFOMATHS Bâtiment Nautibus 43 bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE Cedex Tél : 04.72. 44 82 94 Fax 04 72 43 13 10 infomaths@bat710.univ-lyon1.fr - alain.mille@liris.cnrs.fr
Matériaux	**MATERIAUX DE LYON** M. Jean Marc PELLETIER Secrétariat : C. BERNAVON 83.85	M. Jean Marc PELLETIER INSA de Lyon MATEIS Bâtiment Blaise Pascal 7 avenue Jean Capelle 69621 VILLEURBANNE Cédex Tél : 04.72.43 83 18 Fax 04 72 43 85 28 Jean-marc.Pelletier@insa-lyon.fr
MEGA	**MECANIQUE, ENERGETIQUE, GENIE CIVIL, ACOUSTIQUE** M. Jean Louis GUYADER Secrétariat : M. LABOUNE PM : 71.70 –Fax : 87.12	M. Jean Louis GUYADER INSA de Lyon Laboratoire de Vibrations et Acoustique Bâtiment Antoine de Saint Exupéry 25 bis avenue Jean Capelle 69621 VILLEURBANNE Cedex Tél :04.72.18.71.70 Fax : 04 72 43 72 37 mega@lva.insa-lyon.fr
ScSo	**ScSo*** M. OBADIA Lionel Insa : J.Y. TOUSSAINT	M. OBADIA Lionel Université Lyon 2 86 rue Pasteur 69365 LYON Cedex 07 Tél : 04.78.77.23.88 Fax : 04.37.28.04.48 Lionel.Obadia@univ-lyon2.fr

Interpolation des données en imagerie cardiaque par résonance magnétique du tenseur de diffusion

Résumé

L'un des problèmes fondamentaux de l'imagerie cardiaque par résonance magnétique du tenseur de diffusion (IRM-TD) est sa faible résolution spatiale, à cause des limitations matérielles des scanners IRM actuels. L'objectif principal de ce travail de thèse est de développer de nouvelles approches pour améliorer la résolution des données d'IRM-TD afin de mieux représenter l'architecture myocardique du cœur humain et de la comparer avec des résultats issus d'autres techniques d'investigation telles que l'imagerie par lumière polarisée.

Dans ce cadre, le travail porte sur trois parties principales. La première concerne le développement d'une nouvelle approche pour l'interpolation des champs de vecteurs propres principaux issus de l'IRM-TD cardiaque humaine. Cette approche consiste d'abord à supprimer les vecteurs corrompus par le bruit au lieu de débruiter de manière uniforme le champ entier de vecteurs et ensuite, à interpoler le champ de vecteurs en utilisant le modèle Thin-Plate-Spline (TPS) afin d'exploiter la corrélation entre les composantes du vecteur. La deuxième partie concerne une nouvelle famille de méthodes d'interpolation pour les champs de tenseurs basée soit sur les angles d'Euler, soit sur le quaternion. Ces méthodes exploitent les caractéristiques du tenseur et préservent les paramètres de tenseurs, tels que le déterminant du tenseur, l'anisotropie fractionnelle (FA) et la diffusivité moyenne (MD). En outre, cette partie compare les principales approches d'interpolation au niveau des images pondérées en diffusion et des champs de tenseurs, et les résultats montrent qu'il serait préférable d'effectuer l'interpolation des données d'IRM-TD au niveau des champs de tenseurs. La troisième partie étudie le changement des paramètres MD et FA après un infarctus du myocarde chez les cochons et l'influence des méthodes d'interpolation sur ces paramètres dans la zone infarctus et la zone distante. Les résultats montrent que la zone infarctus présente une diminution significative de FA et une augmentation significative de MD, comparée avec la zone distante, et que les méthodes d'interpolations du tenseur ont plus d'influence sur FA que sur MD, ce qui suggère que l'interprétation de ces paramètres cliniques après l'interpolation doit être prise avec précaution.

Interpolation of data in cardiac DT-MRI

Abstract

One of fundamental problems in human cardiac diffusion tensor magnetic resonance imaging (DT-MRI) is its poor spatial resolution, due to the hardware limitations of MRI scanners. The main purpose of this PhD work is to develop new approaches to improving the resolution of cardiac DT-MRI data in order to better understand the myocardial architecture of the heart and compare it with results issues from other investigation techniques such as polarized light imaging.

Within this framework, the present work is composed of three main parts. The first part concerns a new approach to interpolating primary eigenvector fields from human cardiac DT-MRI using Thin Plate Spline (TPS) model. This approach removes the noise-corrupted vectors rather than denoising the whole vector field in a uniform manner, and uses TPS model in order to exploit the correlation between vector components during interpolation. The second part is dealt with a new category of feature-based methods for diffusion tensor field interpolation using either Euler angles or quaternion. These feature-based methods well preserve tensor parameters, such as tensor determinant, fractional anisotropy (FA) and mean diffusivity (MD) values. In this part are also compared the main interpolation approaches at the level of diffusion weighted images and tensor fields. The results show that the

interpolation of DT-MRI data should be performed at the level of tensor fields. The last part investigates changes in MD and FA after myocardial infarction in porcine hearts, and the influence of diffusion tensor interpolation methods on FA and MD in both infarction and remote region. It is found that the infarction region showed significantly decreased FA and increased MD than the remote region, and that diffusion tensor interpolations have more significant influence on FA than on MD, which suggests that precaution should be taken when performing the clinical analysis based on the parameters after diffusion tensor interpolations.

Table des matières

INTRODUCTION GENERALE 1

Partie I Contextes médical et méthodologique 5

Chapitre 1 ANATOMIE ET FONCTIONS DU CŒUR 7
1.1. Anatomie du cœur 7
1.2. Structure des muscles cardiaques 9
1.3. Architecture des fibres cardiaques 10
1.4. Changements pathologiques dans la structure de fibre 13
1.5. Fonctions cardiaques 13

Chapitre 2 IMAGERIES CARDIAQUES 17
2.1. Imagerie cardiaque par IRM-TD 19
2.1.1. Imagerie par résonance magnétique 19
2.1.2. Imagerie du tenseur de diffusion 23
2.2. Imagerie du cœur humain en lumière polarisée 30
2.2.1. Propriétés de la lumière polarisée 30
2.2.2. Imagerie en lumière polarisée 32
2.2.3. Précision et limitation de l'imagerie en lumière polarisée 35

Chapitre 3 ETAT DE L'ART DE L'INTERPOLATION DES DONNEES IRM-TD 37
3.1. Interpolation au niveau des images pondérées en diffusion 37
3.1.1. Les méthodes classiques d'interpolation scalaire 37
3.1.2. Interpolation basée sur les EDP (Equation aux Dérivées Partielles) ... 39
3.1.3. Interpolation anisotrope pour les images IRM-TD 40
3.2. Interpolation sur les champs de vecteurs 41
3.2.1. Méthodes basées sur les EDP 41
3.2.2. Interpolation du champ de vecteurs en IRM-TD 42
3.3. Interpolation sur les champs de tenseurs en IRM-TD 44
3.3.1. Interpolation dans l'espace Euclidien 44
3.3.2. Interpolation par la décomposition de Cholesky 45
3.3.3. Interpolation dans l'espace Riemannien 45
3.3.4. Interpolation Log-Euclidienne 47
3.3.5. Interpolation de Geodesie-loxodromie 47

Partie II Contributions méthodologiques 49

Chapitre 4 INTERPOLATION OF VECTOR FILEDS FROM HUMAN CARDIAC DT-MRI 51
4.1. Introduction 52
4.2. The scheme of noise-reduced interpolation in 2D 53
4.2.1. Localization of noise-corrupted vectors 54
4.2.2. Restoration of noise-corrupted vectors 55
4.2.3. Global TPS interpolation of primary vector fields 55

4.3. The scheme of noised-reduced interpolation in 3D 56
4.4. Experiments and results 57
4.4.1. Data acquisition 57
4.4.2. Performance evaluation 58
4.4.3. Results and discussions of the 2D noise-reduced interpolation 59
4.4.4. Results and discussions of the 3D noise-reduced interpolation 67
4.5. Interpolation of human cardiac DT-MRI using polar coordinate 69
4.5.1. Location of the LV centre 70
4.5.2. Localization of noisy vectors in polar coordinate system 70
4.5.3. Interpolation of primary eigenvector fields using TPS 72
4.6. Experiments and results 72
4.6.1. Data acquisition 72
4.6.2. Evaluation criteria 72
4.6.3. Results and discussion 72
4.7. Conclusions 74

Chapitre 5 INTERPOLATION OF TENSOR FILEDS IN HUMAN CARDIAC DT-MRI 77
5.1. Introduction 78
5.2. Feature-based interpolation for diffusion tensor using Euler angles 81
5.2.1. 3D rotation angles 81
5.2.2. Scheme of feature-based interpolation using Euler angles 84
5.2.3. Properties of the feature-based interpolation 85
5.3. Feature-based interpolation for diffusion tensor using quaternion 87
5.3.1. Quaternion theory 88
5.3.2. From rotation matrix to unit quaternion and back 89
5.3.3. Feature-based tensor interpolation using quaternion 91
5.4. Experiments design 92
5.4.1. Synthetic tensor data 92
5.4.2. Real cardiac DT-MRI data 93
5.4.3. Performance evaluation 93
5.5. Results 94
5.5.1. Results for feature-based interpolation using Euler angles 94
5.5.2. Results for feature-based interpolation using quaternion 105
5.6. Discussion 115
5.6.1. FA collapse introduced by interpolation methods 115
5.6.2. Necessity of monotonic determinant interpolation 127
5.6.3. MD decreasing introduced by interpolation methods 128
5.6.4. Comparison of Riemannian rotational and feature-based interpolations. 128
5.7. Comparison of DW image interpolation and tensor field interpolation
Comparison of interpolations at the levels of DW images and tensor fields 128
5.7.1. Interpolation methods 129
5.7.2. Experiments setup 130
5.7.3. Results 131
5.7.4. Discussion 139
5.8. Conclusion 140

Chapitre 6 INFLUENCE OF TENSOR INTERPOLATION ON FA AND MD VALUES OF MYOCARDIAL INFARCTION IN PORCINE MODEL 141

6.1. Introduction 141
6.2. Material and methods 142
6.2.1. Material 142
6.2.2. Ischemic injury induction 142
6.2.3. Excised heart preparation 142
6.2.4. Ex vivo CMR study 143
6.2.5. Histological study 143
6.2.6. Diffusion tensor interpolations 143
6.3. Results and analysis 144
6.3.1. FA and MD differences between infarction and remote regions 144
6.3.2. Influence of interpolation methods on FA and MD values in different regions 146
6.4. Discussion and conclusions 149

Partie III Conclusion 151

Chapitre 7 Conclusion et perspectives 153
7.1. Contributions 153
7.2. Perspectives 155
7.3. Publications de l'auteur 155

Bibliographies 157

Table des tableaux

Tab. 2.1 Choix des paramètres de séquence d'impulsion TR et TE pour l'imagerie des contrastes différents de tissus.....22
Tab. 2.2 Propriétés de différents tissus en IRM.....22
Tab. 3.1 Comparaisons des coefficients de similarité, la longueur moyenne et l'efficacité pour le suivi des fibres, entre les quatre méthodes d'interpolation classiques et l'interpolation anisotrope avec des spirales synthétiques sans bruits. 41
Tab. 4.1 Quantitative analysis of angle maps obtained using bilinear interpolation and our noise-reduce interpolation for a same slice of a human heart. 61
Tab. 4.2 Quantitative analysis of angle maps of the 67^{th} slice reconstructed by different interpolation methods.....69
Tab. 5.1 Parameters from fiber tracking of the whole human heart corresponding to the first column in Fig. 5.20.....115
Tab. 5.2 Parameters of fibers within the same slice corresponding to the third column in Fig. 5.20 115
Tab. 5.3 Parameters from fiber tracking of the whole human heart corresponding to the first column in Fig. 11.....139
Tab. 6.1 Quantitative comparison of damaged and healthy slices illustrated in Fig. 6.1. 145

Table des figures

Fig. 0.1 Les maladies cardiovasculaires sont la cause principale de décès dans le monde en 2005 (de «Rapport sur la santé du monde 2006-Travailler ensemble pour la santé" de l'Organisation Mondiale de la Santé).....1
Fig. 1.1 Dessin du cœur faisant apparaître les quatre cavités, les quatre valves et l'épaisseur des parois 7
Fig. 1.2 Tunique cardiaque dans une coupe transversale à travers les ventricules--le ventricule gauche est à droite de l'image (from http://fr.wikipedia.org/wiki/coeur).....9
Fig. 1.3 Les cellules musculaires cardiaques (from http://en.wikipedia.org/wiki/Heart_muscle).....9
Fig. 1.4 L'architecture des fibres cardiaques -- Une structure hélicoïdale approximative du cœur de l'homme décrit dans [*Torrent-Guasp 1975, 2001*]. 10
Fig. 1.5 Illustration de la conjecture de l'architecture du cœur de Streeter: «Fibres du myocarde courent comme géodésiques sur un ensemble imbriqué de corps torique de la révolution». 11
Fig. 1.6 A. Un bloc transmurale coupé de la paroi ventriculaire montre l'arrangement macroscopique des couches musculaires. Notez la variation transmurale d'orientation de myofibre. B. Les fibres musculaires forment une couche de trois à quatre cellules d'épaisseur. Le collagène d'endomysium connecte des cellules adjacentes dans une feuille et le collagène de périmysium connecte des feuilles adjacentes (LeGrice 1995). 11
Fig. 1.7 La description schématique du modèle bretzel sur l'architecture en fibre de toute la masse ventriculaire (à partir de Jouk 2007). 12
Fig. 1.8 (a). Représentation schématique de l'orientation myofibres dans la paroi ventriculaire gauche. (b) Variation d'angle d'hélice des fibres dans le myocarde. 13
Fig. 1.9 Les événements électromécaniques dans le cycle cardiaque. La pression aortique est représentée avec une courbe verte. La courbe de pression auriculaire bleu a des ondes a, c, et v. ECG indique électrocardiogramme, et LVET indique le temps d'éjection de ventriculaire gauche. 14
Fig. 1.10 Electromécanique du cœur. 14
Fig. 2.1 Spin du proton et de son interaction. (a) Spin du proton. (b) Interaction de spin d'un proton avec un champ externe magnétique.....20
Fig. 2.2 Aimantation d'équilibre des spins de protons. 20
Fig. 2.3 Détection de l'aimantation nette. (a) Une aimantation nette est déviée par une impulsion RF. (b) Une aimantation nette est détectée par une bobine à proximité. 21
Fig. 2.4 Séquence d'impulsions de l'IRM et l'évolution du moment magnétique M au cours de la TE. (À partir de http://www.easymeasure.co.uk/). 21
Fig. 2.5 La diffusion de l'eau transporte de l'information si l'environnement est aléatoire (diffusion isotrope) ou structuré (diffusion anisotrope). (a) Diffusion isotrope. (b) Diffusion anisotrope.....24

Fig. 2.6 (a) Une séquence d'impulsion d'imagerie Stejskal-Tanner (b) Illustration de l'échantillonnage directionnel d'impulsion de gradient de diffusion dans la direction of $\hat{g}_i$. 25
Fig. 2.7 Interprétation graphique d'un tenseur symétrique en termes d'un ellipsoïde..27
Fig. 2.8 Représentation de la direction principale de diffusion par carte de couleurs: (a) définition de référentiel anatomique pour des images de cerveau, (b) sphère associée à la représentation par couleurs, (c) définition des angles qui sont nécessaires pour déterminer l'orientation des vecteurs propres principaux (l'orientation des fibres), qui nécessite d'abord la détermination du plan tangent. À un point sur la surface épicardique, ce plan est tout simplement la surface du plan tangent. Pour tous les points le long d'une normale vers l'intérieur, le plan tangent est défini comme le plan parallèle au plan tangent épicardique. 29
Fig. 2.9 Propagation de la lumière polarisée linéairement. La lumière est dite polarisée linéairement lorsque le champ électrique transverse est en phase avec le champ magnétique. 31
Fig. 2.10 Propagation de la lumière polarisée circulairement. La lumière polarisée circulairement se compose de deux ondes planes électromagnétiques perpendiculaires de même amplitude et 90° de différence en phase. La lumière est illustrée polarisée circulairement droit. 31
Fig. 2.11 Propagation de la lumière polarisée elliptiquement. La lumière polarisée elliptiquement se compose de deux vagues d'amplitude inégale perpendiculaire qui diffèrent en phase de 90 °. L'illustration montre la lumière polarisée elliptiquement droit. 31
Fig. 2.12 System d'imagerie en lumière polarisée.....33
Fig. 2.13 Principe de la mesure de l'orientation des fibres au moyen de la lumière polarisée. De gauche à droite en suivant le chemin optique: *S* source de la lumière non polarisée, les doubles flèches indiquent la direction des vibrations des ondes électromagnétiques; *P* filtre de polarisation avec un axe de polarisation verticale; *O* scène de l'objet, où la coupe de tissu est placée; *A* filtre d'analyse, les axes de polarisation sont orthogonaux à celui de *P*; *I* plan de l'image, où la lumière résultant transmises est recueillie par une caméra vidéo. Supérieur: le sens de la fibre dans *O* est parallèle aux axes de polarisation *P*, les axes de vibrations ne sont pas modifiés par la structure cristalline des fibres du myocarde; toute la lumière est arrêtée par *A*, donnant lieu à une image presque noire en *I*. Basse: le sens de la fibre est de 45 ° par rapport à l'axe de vibration induit une rotation maximale de l'axe de vibration qui en résulte. Une quantité donnée de la lumière est autorisée à traverser le filtre d'analyse *A*, donnant lieu à une image lumineuse en *I*. 33
Fig. 3.1 Schéma du critère de sélection des vecteurs pour la SEI méthode sur le plan 2D.....43
Fig. 4.1 Flowchart of the proposed 2D noise-reduced interpolation of the primary vector fields. The input is a noise-corrupted vector field, and the output is a denoised and interpolated vector field. The dotted rectangle indicates the block of noise-corrupted vector denoising and restoration. 54
Fig. 4.2 Flowchart of the proposed 3D noise-reduced interpolation of the primary vector fields.....56
Fig. 4.3 Azimuth angle α and elevation angle ε of a fiber. 58
Fig. 4.4 Azimuth angle maps (left column) and elevation angle maps (right column). (a) and (b): original angle maps before downsampling and without added

noise. (c) and (d): angle maps after downsampling and addition of Gaussian noise (the percentage of noisy vectors is 13.73%). (e) and (f): angle maps calculated from the primary vector fields obtained by bilinear interpolation. (g) and (h): Bilinear interpolation of the noisy angle maps calculated from the primary vector fields. (i) and (j): angle maps calculated from the primary vector fields obtained by using our noise-reduced interpoilation. 60
Fig. 4.5 Results of noise-reduced interpolation of a primary eigenvector field corresponding to the 10th slice of a human heart dataset. (a) Original primary vector field. (b) Bilinear interpolation of the primary vector field. (c) TPS interpolation of the primary vector field. (d) Noise-reduced TPS interpolation of the primary vector field. (e), (f), (g) and (h): the corresponding sparse regions marked with red rectangles. 63
Fig. 4.6 DC curves of primary vector fields before and after noise-reduced interpolation. (a) Comparison of DC values before and after interpolation for different slices in the same human heart. (b) Comparison of DC values before and after interpolation for the same slice in different human hearts with different gradient directions and sequences. “seq1” indicates “ep2d-diff”, while “squ2” denotes “ep2d-stejskal” sequence. “squ1” and “squ2” are 2D EPI diffusion weighted sequences with a twice-refocused diffusion preparation. 63
Fig. 4.7 Fiber tracking from the primary vector fields in human cardiac DT-MRI. Red rectangles marked with LV and RV indicate the normal and sparse regions, respectively. (a) and (b): Fiber tracking from original vector fields. (c) and (d): Fiber tracking from bilinear vector interpolation. (e) and (f): Fiber tracking from TPS interpolation. (g) and (h): Fiber tracking from noise-reduced and interpolated vector fields. 66
Fig. 4.8 Results of fiber tracking using vector field interpolation and tensor field interpolation. (a) and (b): fiber tracking from DW images without interpolation. (c) and (d): fiber tracking using tensor field interpolation in Log-Euclidean space. (e) and (f): fiber tracking using the proposed noise-reduced vector field interpolation. 67
Fig. 4.9 Angle maps of the 67^{th} slice and myocardial fiber tractography. The first column represents azimuth angle maps, and the second column elevation angle maps. (a) and (b): original angle maps before down-sampling and before noising. (c) and (d): angle maps after down-sampling and addition of Gaussian noise (NVP is 13.73%). (e) and (f): angles maps after trilinear interpolation. (g) and (h): angle maps after interpolation and denoising by our proposed algorithm. (i) and (j): fiber tracking results of zone 1 without and with our noise-reduced interpolation respectively. 68
Fig. 4.10 Illustration of the LV center location 70
Fig. 4.11 Vector field of the 67^{th} slice of a human cardiac DT-MRI volume in polar coordinate system.....71
Fig. 4.12 Interpolated vector fields and corresponding azimuth and elevation angle maps using the interpolation method in different coordinates. (a), (b) and (c): angle maps and vector field of the reference. (d) and (e): angle maps from interpolated vector fields using the method in Cartesian coordinate (in section 4.2). (f) and (g): angle maps from the interpolated vector fields using the proposed interpolation based on denoising in polar coordinate. (h) and (i): the interpolated vector fields using the method in Cartesian coordinate and in polar coordinate respectively. (j) and (k): Fiber tracking results in region 1

using respectively the method in Cartesian coordinate and the proposed method in polar coordinate. 74
Fig. 5.1 Original synthetic tensor field and corresponding parameter maps. (a) Original synthetic tensor field with the same shape, same size and different orientation. (b) FA, MD, elevation angle and azimuth angle maps from the original synthetic tensor field. (c) FA, MD, elevation angle and azimuth angle curves in the same line of the original corresponding maps. 93
Fig. 5.2 Different interpolations between two tensors with the same shape and different orientations. The first original tensor is defined by the eigenvalues (8, 1.2, 0.3) and the orientation ($\pi/4$, 0, 0), and the second one by (16, 2.4, 0.6) and (-$\pi/4$, 0, 0). (a): Euclidean interpolation. (b): Cholesky interpolation. (c): Log-Euclidean interpolation. (d): Different results using Riemannian rotational interpolation because of the indefinite eigenvector matrix. (e): Our feature-based interpolation using Euler anlges. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top).....95
Fig. 5.3 Parameter curves of the tensors illustrated in Fig. 5.2. The plots from (a) to (e) correspond to the Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean interpolation, Riemannian rotational interpolation and the proposed Euler angle based interpolation methods, respectively. Note that for Riemannian rotational interpolation, the four situation in Fig. 5.2 (d) result in only two different plots. In each plot, the eight curves represent FA (blue dotted line), MD (red dotted line), determinant (black dotted) line, the primary eigenvalues (green continued line), the second eigenvalues (magenta continued line), the third eigenvalues (cyan continued line), the ratio of the primary to second eigenvalues (yellow dotted line), and the ratio of the primary to third eigenvalues (cyan dotted line), respectively. Note that FA, determinant, and the three eigenvalues have been scaled in order to more visibly show all the curves in the same plot.....97
Fig. 5.4 Tensor field interpolations of human cardiac DT-MRI data. (a): Original DT-MRI slice of 128×128, zone marked by red rectangle is zoomed. (b): Euclidean interpolation (with K+1=8) of the red rectangle area in (a). (c): Cholesky interpolation (with K+1=8) of the red rectangle area in (a). (d): Log-Euclidean interpolation (with K+1=8) of the red rectangle area in (a). (e): Riemannian rotational interpolation. (f): our feature-based interpolation using Euler angles(with K+1=8) of the red rectangle area in (a). The red outlined zone 1 in (b)-(e) indicates the interpolation of the 8 tensors in the upper left corner of the red box in (a). As in the preceding figures, the color codes the direction of the principal eigenvector (red: left/right, blue: anterior/posterior, green: bottom/top).....100
Fig. 5.5 FA maps calculated from the tensor fields shown in Fig. 5.4. (a): FA map of the original DT-MRI slice. (b): FA map after Euclidean interpolation. (c): FA map after Cholesky interpolation. (d): FA map after Log-Euclidean interpolation. (e): FA map after Riemannian rotational interpolation. (f): FA map after our feature-based interpolation using Euler angles. 101
Fig. 5.6 FA profiles corresponding to the red lines indicated in Fig. 4. The bottom plot corresponds to the zoomed version of the boxed part in the top plot to better visualize FA collapse effects caused by interpolation. The four curves in the plots correspond to Euclidean (cyan line), Cholesky (black line), Log-Euclidean (blue line), Riemannian rotational (green line) and the proposed

(red line) interpolation methods, respectively. The arrows indicate where there are FA collapse effects with the first three methods, while Riemannian rotational interpolation and the proposed method using Euler angles does not exhibit this unwanted phenomenon. 102
Fig. 5.7 MD profiles corresponding to the same position as indicated by the red lines in Fig. 5.5. The zoomed version of the boxed part in the top plot is given in the bottom plot, in which the circled part is again zoomed to better visualize the MD decreasing effects introduced by Cholesky (black line) and Log-Euclidean (blue line) interpolations, while Euclidean interpolation(cyan line), Riemannian rotational interpolation (green line) and the proposed (red line) interpolation using Euler angles do not induce such unwanted effect. 102
Fig. 5.8 Illustration of FA collapse effects on real human cardiac DT-MRI data acquired with very long time accumulation. Top: FA map of the original DT-MRI slice, considered as reference. Middle: Reference FA profile and FA profiles obtained with the four interpolation methods. Bottom: Zoomed FA profiles, in which is very visible the FA collapse effect expressing the fact that the FA values of the interpolated tensors are significantly smaller than those of the original tensors between which the interpolation is performed (three tensors have been interpolated between two original tensors). 104
Fig. 5.9 MD profiles for the same DT-MRI slice as in Fig. 5.8. Note that Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean methods and the proposed interpolation using Euler angles give very close MD values, and that the four MD curves can be regarded as smoothed mean curve of the reference curve. 104
Fig. 5.10 Mean and MSE of FA and MD for a whole DT-MRI slice. The height of the color bar represents the mean FA or MD (multiplied by $3x10^4$ for visualization) and the length of the black line segment indicates two times of the MSE between the reference and interpolated FA or MD. The five color bars designate the reference (Ref), Euclidean (Eucli), Cholesky (Chol), Log-Euclidean (Log) interpolations and our feature-based (Our) interpolation using Euler angles, respectively. Note that the MSE values for FA and MD were multiplied respectively by 50 and 500, for visualization purpose. 105
Fig. 5.11 Different interpolations of the original synthetic tensor field in Fig. 1 (a). (a) Euclidean interpolation. (b) Cholesky interpolation. (c) Log-Euclidean interpolation. (d) Our proposed interpolation using quaternion. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top). 106
Fig. 5.12 FA variations of the tensors illustrated in Fig. 2. Top: FA curves with different methods in the same line. In each of the four plots, the four curves represent Euclidean (blue line), Cholesky (green line), Log-Euclidean (red line) and our proposed method using quaternion (black line) respectively. Bottom: FA maps with different interpolation methods. 107
Fig. 5.13 MD variations of the tensors illustrated in Fig. 2. Top: MD curves with different methods in the same line. Bottom: MD maps with different interpolation methods.....107
Fig. 5.14 Elevation angle variations of the tensors illustrated in Fig. 5.11. Top: Elevation angle curves with different methods in the same line. Bottom: Elevation angle maps with different interpolation methods. 108

Fig. 5.15 Azimuth angle variations of the tensors illustrated in Fig. 5.11. Top: Azimuth angle curves with different methods in the same line. Bottom: Azimuth angle maps with different interpolation methods.....108
Fig. 5.16 FA maps in dB calculated from original tensor fields and the interpolated tensor fields with different methods. (a): FA map of the original DT-MRI slice. (b): FA map after Euclidean interpolation. (c): FA map after Cholesky interpolation. (d): FA map after Log-Euclidean interpolation. (e): FA map after our proposed interpolation using quaternion. 109
Fig. 5.17 FA profiles corresponding to the same line in Fig. 5.16. The bottom plot corresponds to the zoomed version of the boxed part in the top plot to better visualize FA collapse effects caused by interpolation. The four curves in the plots correspond to Euclidean (red line), Cholesky (green line), Log-Euclidean (black line), and the proposed (blue line) interpolation using quaternion, respectively. The arrows indicate where there are FA collapse effects with the three existing methods, while the proposed method using quaternion does not exhibit this unwanted phenomenon. 110
Fig. 5.18 MD profiles corresponding to the same line of the MD maps. The boxed parts are zoomed to better visualize the MD decreasing effects introduced by Cholesky (green line) and Log-Euclidean (black line) interpolations, while Euclidean (red line) and the proposed quaternion based (green line) interpolations do not induce such unwanted effect. 111
Fig. 5.19 Fiber angle cartographies. The left column exhibits azimuth angle maps and the right column elevation angle maps. (a) and (b): Original angle maps. (c) and (d): angle maps with Euclidean interpolation. (e) and (f): angle maps with Cholesky interpolation. (g) and (h): angle maps with Log-Euclidean interpolation. (i) and (j): angle maps with our proposed interpolation using quaternion. 112
Fig. 5.20 Fiber tracking from the tensor fields before interpolation and after interpolation in human cardiac DT-MRI. The first and second columns respectively indicate lateral views and top view of myocardial fiber architecture and the third column designates the fibers within the region delimited by the dark red mark. (a): fiber tracking from the original tensor fields. (b): Euclidean interpolation. (c): Cholesky interpolation. (d): Log-Euclidean interpolation. (e): our proposed interpolation using quaternion. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top). 114
Fig. 5.21 Different interpolations between two tensors with the same shape and different orientations. The first original tensor is defined by the eigenvalues (8, 1.2, 0.3) and the orientation ($\pi/3$, 0, 0), and the second one by (16, 2.4, 0.6) and ($2\pi/3$, 0, 0). (a): Euclidean interpolation. (b): Cholesky interpolation. (c): Log-Euclidean interpolation. (d): Our feature-based interpolation. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top). 117
Fig. 5.22 Parameter curves of the tensors illustrated in Fig. 5.21. From top to bottom, the four plots correspond to the Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean interpolation, Riemannian rotational interpolation and the proposed interpolation methods, respectively. In each of the four plots, the eight curves represent FA (blue dotted line), MD (red dotted line), determinant (black dotted) line, the primary eigenvalues (green continued line), the second eigenvalues (magenta continued line), the third eigenvalues (cyan

continued line), the ratio of the primary to second eigenvalues (yellow dotted line), and the ratio of the primary to third eigenvalues (cyan dotted line), respectively. Note that FA, determinant, and the three eigenvalues have been scaled in order to more visibly show all the curves in the same plot. 118
Fig. 5.23 The FA collapse introduced by Log-Euclidean interpolation varies with the orientation difference between original tensors. The FA values of the original tensors are the same. 119
Fig. 5.24 Different interpolations between two tensors with different shapes and the same orientations. The first original tensor is defined by the eigenvalues (8, 1.2, 0.3) and the orientation ($\pi/4$, 0, 0), and the second one by (6, 5.2, 0.1) and ($\pi/4$, 0, 0). (a): Euclidean interpolation. (b): Cholesky interpolation. (c): Log-Euclidean interpolation. (d): Our feature-based interpolation. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top). 120
Fig. 5.25 Parameter curves of the tensors illustrated in Fig. 5.24. From top to bottom, the four plots correspond to the Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean interpolation, Riemannian rotational interpolation and the proposed interpolation methods, respectively. In each of the four plots, the eight curves represent FA (blue dotted line), MD (red dotted line), determinant (black dotted) line, the primary eigenvalues (green continued line), the second eigenvalues (magenta continued line), the third eigenvalues (cyan continued line), the ratio of the primary to second eigenvalues (yellow dotted line), and the ratio of the primary to third eigenvalues (cyan dotted line), respectively. Note that FA, determinant, and the three eigenvalues have been scaled in order to more visibly show all the curves in the same plot. 121
Fig. 5.26 The FA collapse introduced by Log-Euclidean interpolation varies with the difference in tenso shape between original tensors. The orientation difference of the original tensors is kept as 90°. 122
Fig. 5.27 Different interpolations between two tensors with different shapes and different orientations. The first original tensor is defined by the eigenvalues (8, 1.2, 0.3) and the orientation ($\pi/4$, 0, 0), and the second one by (14, 3, 1.2) and ($3\pi/4$, 0, 0). (a): Euclidean interpolation. (b): Cholesky interpolation. (c): Log-Euclidean interpolation. (d): Our feature-based interpolation. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top). 122
Fig. 5.28 Parameter curves of the tensors illustrated in Fig. 5.16. From top to bottom, the four plots correspond to the Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean interpolation, Riemannian rotational interpolation and the proposed interpolation methods, respectively. In each of the four plots, the eight curves represent FA (blue dotted line), MD (red dotted line), determinant (black dotted) line, the primary eigenvalues (green continued line), the second eigenvalues (magenta continued line), the third eigenvalues (cyan continued line), the ratio of the primary to second eigenvalues (yellow dotted line), and the ratio of the primary to third eigenvalues (cyan dotted line), respectively. Note that FA, determinant, and the three eigenvalues have been scaled in order to more visibly show all the curves in the same plot. 124

Fig. 5.29 Tensor fields and fiber tracking results when interpolating between four tensors with different orientations but with the same shape and the same size. (a) and (c): Interpolated tensor fileds with Log-Euclidean method and corresponding fibers through the first slice. (b) and (d): Interpolated tensor fields with our proposed feature-based interpolation using Euler angles and corresponding fibers passed through the first slice. 125
Fig. 5.30 Tensor fields and fiber tracking results when interpolating between four tensors with different orientations but with the same shape and the same size. (a) and (c): Interpolated tensor fileds with Log-Euclidean method and corresponding fibers through the first slice. (b) and (d): Interpolated tensor fields with our proposed feature-based interpolation using Euler angles and corresponding fibers passed through the first slice. 126
Fig. 5.31 Tensor fields and fiber tracking results when interpolating between four tensors with different orientations but with the same shape and the same size. (a) and (c): Interpolated tensor fileds with Log-Euclidean method and corresponding fibers through the first slice. (b) and (d): Interpolated tensor fields with our proposed feature-based interpolation using Euler angles and corresponding fibers passed through the first slice. 127
Fig. 5.32 A synthetic tensor field, the corresponding DW image and parameter maps. (a) Synthetic tensor field. (b) DW image corresponding to the encoding gradient $g = (1, 0, 0.5)^T$. (c) FA map. (d) MD map. (e) Determinant map. 130
Fig. 5.33 Tensor fields from interpolation methods at the level of DW image and tensor fields. (a) Tensor field calculated from the interpolated DW images. (b) Interpolated tensor field with LOG-Euclidean method. (c) Interpolated tensor field with our proposed method. 132
Fig. 5.34 FA maps from interpolation at the levels of DW image and tensor filed... 133
Fig. 5.35 MD maps from interpolation at the levels of DW image and tensor filed . 133
Fig. 5.36 Determinant maps from interpolation at the levels of DW image and tensor filed 134
Fig. 5.37 T0 image and DW images of the 10^{th} slice of a human cardiac DT-MRI dataset. Top left: original T0 image of the 10^{th} slice. Top left: the DW image in the same slice with encoding gradient $g = (1, 0.1753, -0.1061)^T$. Bottom left: bilinear interpolation of the DW image on top right. Bottom right: Anisotropic interpolation of the same DW image. 134
Fig. 5.38 FA maps calculated from the original tensor fields as well as the interpolated tensor fields with different methods. (a): FA map of the original DT-MRI slice. (b): FA map after anisotropic interpolation at DW level. (c): FA map from Log-Euclidean interpolation in tensor fields. (d). FA map from our proposed method in tensor fields. 135
Fig. 5.39 FA profiles corresponding to the dark red line in Fig. 5.38. The bottom plot corresponds to the zoomed version of the boxed part in the top plot to better visualize FA collapse effects caused by interpolation. The three curves in the plots correspond to the anisotropic interpolation at the DW image level (blue line), Log-Euclidean interpolation (red line) and our proposed method (dark line) in tensor fields, respectively. The pink arrows indicate where there are FA collapse effects with both anisotropic interpolation and Log-Euclidean interpolation, while the black arrows designate where there are FA collapse effects with DW interpolation but not with Log-Euclidean interpolation in tensor fields. Note that our proposed interpolation does not introduce any FA collapse. 136

Fig. 5.40 MD profiles corresponding to the dark red line in Fig. 5.38. The zoomed version of the boxed part in the top plot is given in the bottom plot. The region where the pink arrow points is again zoomed to better visualize the MD decreasing effects introduced by anisotropic interpolation at the DW image level (blue line) and Log-Euclidean interpolation (blue line) in tensor fields, while the black arrow indicates where there exist decreasing effects of MD by anisotropic interpolation at the DW image level (blue line) but not by Log-Euclidean interpolation or our proposed method in tensor fields. 137
Fig. 5.41 Fiber tracking from the tensor fields obtained using different interpolations in human cardiac DT-MRI. The first and second columns respectively indicate lateral views and top view of left myocardial fiber architecture. Top: interpolation at the DW image level. Bottom: interpolation at the level of tensor fields. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top). 139
Fig. 6.1 Variation of different parameters in the case of the damaged slice and healthy slice of a same ex-vivo pig heart. (a) and (b): T_1 images. (c) and (d): T2* images. (e) and (f): FA maps. (g) and (h): MD maps. The first column shows the parameter maps of the damaged slice, while the second column indicates these of the healthy slice. Red-marked regions correspond to the infarction region, and the black-marked regions are remote regions. 145
Fig. 6.2 Average FA values in infarction and remote regions in different porcine hearts. 146
Fig. 6.3 Average MD values in infarction and remote regions in different porcine hearts. 146
Fig. 6.4 Influence of diffusion tensor interpolations on FA values. The height of the bar stands for the mean FA, and the error line segments along with each bar indicate the lower and upper errors respectively. Colors from dark blue to red represent respectively original, Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean and our proposed interpolations. Each method has two bars which designate interpolation with factor 2 (the first of the two bars having the same color) and factor 8, respectively. 147
Fig. 6.5 Influence of diffusion tensor interpolation methods on MD values. The height of the bar stands for the mean MD, and the error line segments along with each bar indicate the lower and upper errors respectively. . Colors from dark blue to red represent respectively original, Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean and our proposed interpolations. Each method has two bars which designate interpolation with factor 2 (the first of the two bars having the same color) and factor 8, respectively. 148
Fig. 6.6 FA variations in different regions using different interpolation methods with factor 8. Curves in blue, black, yellow, green and cyan in the upper curves set represent the remote region FA values of the original tensor fields and tensor fields interpolated by Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean and the proposed methods, respectively. Curves in red, black, yellow, green and cyan in the lower curves set indicate infarction region FA values of the original tensor fields and tensor fields interpolated by Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean and the proposed methods, respectively.....148

INTRODUCTION GENERALE

Les maladies cardiovasculaires (MCV), qui sont la cause principale de décès dans le monde, sont causées par des désordonnéments du cœur et des vaisseaux sanguins, et comprennent les maladies coronariennes cardiaques (crise cardiaque), les maladies cérébrovasculaires (AVC), l'hypertension artérielle (hypertension), la maladie artérielle périphérique, les cardiopathies rhumatismales, les maladies cardiaques congénitales et d'insuffisance cardiaque. Sur environ 58 millions de décès dans le monde, estimation globale de toutes causes en 2005, les maladies cardiovasculaires ont représenté 30% soit 17,4 millions de personnes (voir Fig. 1). Cette proportion est égale à celle due aux maladies infectieuses, déficiences de la nutrition, et conditions maternelles et périnatales combinées [OMS 2006]. L'Organisation Mondiale de la Santé estime que les maladies cardiovasculaires demeureront la cause principale de décès en 2015, avec environ 20 millions de personnes qui mourront principalement d'une maladie cardiaque et d'AVC. Dans les pays développés comme l'Europe, la mortalité due aux maladies cardiovasculaires est encore plus élevée représentant près de 49% de tous les décès par an en Europe et près de 42% des décès dans l'Union européenne (UE). Les maladies cardiovasculaires ne sont pas seulement une cause de mortalité, mais sont aussi une cause de morbidité et d'invalidité, plus difficile à évaluer.

L'incidence élevée des maladies cardio-vasculaires est un fardeau financier très lourd, en particulier pour les pays développés. Selon l'étude économique en question [Leal 06], le coût des maladies cardiovasculaires dans l'Union européenne était d'environ 181 milliards d'euros en 2005, représentant 12% des dépenses totales de santé dans l'UE.

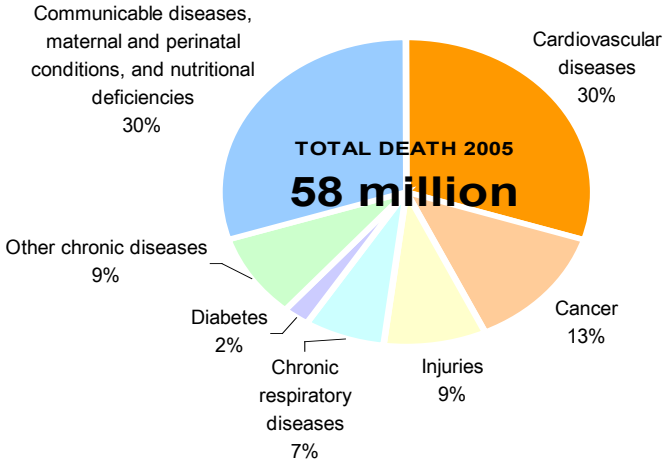


Fig. 0.1 Les maladies cardiovasculaires sont la cause principale de décès dans le monde en 2005 (de «Rapport sur la santé du monde 2006-Travailler ensemble pour la santé" de l'Organisation Mondiale de la Santé)

Ce fait grave observable motive le besoin de meilleurs outils pour étudier et comprendre les maladies du cœur. L'analyse de la structure des fibres du myocarde est considérée comme un facteur important pour mieux comprendre des pathologies sous-jacentes et/ou des arythmies associées. Cela est dû au fait que la disposition des fibres structurelles est altérée au cours du temps par des cardiomyopathies diverses [Wu 2006]. Dans le cœur sain, il est généralement admis que des fibres du muscle cardiaque ou myofibres sont disposées en hélices («counter-wound helices») entourant les cavités ventriculaires et que l'orientation des fibres est fonction de leur emplacement transmural [Hsu 1998, LeGrice 1995, Streeter 1969]. En outre, des myofibres sont principalement organisées dans le sens base-sommet à la surface épicardique et endocardique et tournent suivant une direction circonférentielle au milieu de la paroi. Cette

structure hélicoïdale est considérée comme responsable du mouvement de torsion du ventricule gauche et est responsable des trois principales fonctions mécaniques: (1) l'égalisation de la souche myofibrille et la charge de travail, (2) l'optimisation du débit de sang qui est éjecté au cours de la systole ou du débit systolique, et (3) le stockage de l'énergie de torsion dans les matrices extracellulaires et intracellulaires lorsque le mouvement de torsion est relâché, il entraine l'augmentation du remplissage ventriculaire au cours de la diastole [Ingels 1997, Rijcken 1997, Sallin 1969, Tomioka 2006, Tseng 2000, Toorn 2002]. Par conséquent, des informations détaillées sur des structures 3D de fibres du myocarde peuvent fournir des indices importants pour la compréhension des propriétés physiologiques et fonctionnelles du cœur et pour le diagnostic de maladies cardiaques.

La recherche en bioingénierie fournit de nouvelles perspectives dans la fonction mécanique du cœur qui est sous-tendue par l'architecture des fibres du myocarde [Costa 2001]. Un grand nombre de techniques ont été introduites au cours de ces dernières années pour l'architecture des fibres cardiaques. La première était la dissection, qui a été présentée dans les œuvres de [Krehl 1891, Mall 1911, Robb 1942, Rushmer 1953, Lev 1956, Grant 1965, Torrent-Guasp 1975, Fernandez-Teran 1982, Greenbaum 1981, et Sanchez-Quintana 1990]. Une autre technique utilisée est la classique technique histologique, qui a été présentée dans la littérature par [Hort 1971, Fox et Hutchins 1972, Streeter 1979] avec un grand effort vers la quantification. Récemment, de nouvelles techniques d'imagerie en lumière polarisée (imagerie ILP) [Usson 1990, Jouk 1995, Jouk 2007] et l'imagerie du tenseur de diffusion par résonance magnétique [Moseley 1990, Bihan 1991, Basser 2000, Schmid 2005] ont été introduites. Parmi ces techniques, les techniques de dissection permettent d'observer (à l'œil nu) l'architecture globale cardiaque, mais de manière destructrice et non reproductible. Les études histologiques sont de laborieuses méthodes et sont, par définition, limitées à une projection en deux dimensions (2D) de l'architecture des fibres, ce qui entraine des erreurs dans une reconstruction à trois dimensions (3D). L'imagerie en lumière polarisée ne mesure que la composante hors-plan des orientations et exige également une reconstruction en 3D. Au contraire d'autres méthodes, l'imagerie du tenseur de diffusion par résonance magnétique (IRM-TD) est le moyen unique non destructif et non invasif pour observer l'architecture des fibres cardiaques in vivo [Moseley 1990, Bihan 1991, Basser 2000] et fournit en outre des orientations directement en 3D. Cette approche est en train de devenir la principale technique d'imagerie des maladies cardiaques.

Toutefois, les données d'IRM-TD sont discrètes, bruitées et moyennées. Le premier problème de l'imagerie IRM-TD est qu'elle est sensible au bruit. Ceci est dû à deux raisons. Premièrement, puisque plusieurs images pondérées en diffusion sont nécessaires, chaque image doit être acquise assez rapidement, réduisant ainsi le rapport signal/bruit (SNR). Deuxièmement, l'IRM-TD mesure des propriétés physiques (diffusion de l'eau) qui nécessitent un traitement prudent du bruit. Les techniques de traitement d'images pour éliminer le bruit, sur les images pondérées en diffusion, sur les champs de vecteurs estimés ou sur les champs de tenseurs, sont d'un intérêt croissant pour rendre les données d'IRM-TD plus adaptées aux post-traitements, comme le suivi de la fibre.

Un autre problème important des données de l'IRM-TD est la faible résolution spatiale. En raison des limitations matérielles actuelles dans les scanners IRM, la résolution spatiale minimale dans les données d'IRM-TD est limitée à un domaine de l'ordre du millimètre. C'est beaucoup plus élevé que les dimensions des myocytes cardiaques, qui font en moyenne 10-20 μm de diamètre et 50-100 μm de longueur. Par conséquent, les données de l'IRM-TD sont composées d'échantillons bruités, tirés d'un champ sous-jacent macroscopique, supposés continus et lisses à une échelle anatomique grossière. La tractographie de l'IRM-TD est donc un modèle macroscopique d'une structure microscopique et est sujette à des estimations erronées lorsque des tracts de deux ou plusieurs orientations distinctes sont présents dans le même voxel. La précision des cartes anatomiques du myocarde obtenues par l'IRM-TD est plus obscure, en raison de l'incapacité générale du modèle du tenseur de diffusion à décrire plusieurs maxima orientés dans un voxel unique. Dans de nombreuses applications, comme la tractographie, le recalage ou l'estimation statistique des paramètres IRM histologiques et physiologiques (par exemple, les diffusivités principales), il serait souhaitable de proposer des

méthodes pour les données avec une haute résolution. D'autres techniques de post-traitement pour des données d'IRM-TD cardiaques comprennent la segmentation, le recalage et le suivi de la fibre.

L'objectif principal de cette thèse est d'interpoler des données d'IRM-TD afin que nous puissions obtenir une meilleure architecture des fibres et mieux comprendre le fonctionnement du cœur. L'interpolation de données d'IRM-TD peut être effectuée à partir des images pondérées en diffusion, des champs de vecteurs, des cartes de direction et des champs de tenseurs. L'interpolation sera achevée à un niveau qui devra être décidé en fonction des situations particulières.

Depuis que l'IRM-TD a été proposée, elle est étudiée sous différents aspects tels que la segmentation, le suivi des fibres (tractographie), le recalage et la visualisation. Mais très peu de recherches ont été réalisées afin de valider les résultats de l'IRM-TD, et encore moins sur l'IRM-TD cardiaque. Il est intéressant et important de valider l'IRM-TD par d'autres techniques. Un bon choix serait sans doute l'imagerie par lumière polarisée, car celle-ci permet d'obtenir des données de l'ordre de dix ou de centaines de micromètres ex-vivo. Etant donné qu'en utilisant l'imagerie par lumière polarisée, les seules informations que nous pouvons obtenir sont les cartes d'angles d'élévation et d'azimut (ce qui équivaut aux champs de vecteurs propres principaux à partir desquels l'architecture des fibres cardiaques peut être atteinte), la méthode la plus directe pour valider l'IRM-TD par l'imagerie par lumière polarisée consisterait à interpoler les champs de vecteurs propres principaux de l'IRM-TD de manière à obtenir la même résolution que celle des données de l'imagerie par lumière polarisée.

Pour les applications cliniques, telles que l'analyse des paramètres d'anisotropie fractionnelle (FA) et de diffusivité moyenne (MD), il est souhaitable de réaliser l'interpolation dans le domaine des tenseurs qui comprennent le plus d'informations et dont les caractéristiques à chaque voxel peuvent être calculées et prédites au cours du processus d'interpolation.

Cette thèse présente des nouvelles méthodes d'interpolation pour les champs de vecteurs et pour les champs de tenseurs en tenant compte des caractéristiques de l'IRM-TD cardiaque au cours du processus d'interpolation. Elle est organisée ci-dessous avec les contributions principales mises en caractères gras.

La première partie de cette thèse est consacrée à la présentation des fondements médicaux de l'imagerie cardiaque et à la méthodologie de notre travail:

Le chapitre 1 décrit les notions d'anatomie et de physiologie cardiaques et l'organisation architecturale du cœur humain.

Le chapitre 2 introduit brièvement les méthodes existantes d'imagerie cardiaque, et présente en détail les principes de l'imagerie par résonance magnétique du tenseur de diffusion (IRM-TD) et de l'imagerie par lumière polarisée.

Le chapitre 3 résume un état de l'art sur les méthodes existantes d'interpolation, aussi bien sur les champs de vecteurs que sur les champs de tenseurs. Nous nous efforçons de lier ces nombreuses méthodes entre elles en les comparant et en illustrant leur comportement local pour le problème particulier de la restauration d'images couleurs ou d'images multi-valeurs.

La seconde partie est dédiée aux contributions méthodologiques:

Dans le chapitre 4, **nous proposons une nouvelle approche pour l'interpolation des champs de vecteurs propres principaux issus de l'IRM-TD du cœur humain**. Au lieu d'interpoler chaque composante du vecteur de manière indépendante comme dans les méthodes classiques, la nouvelle approche que nous proposons prend en compte à la fois la relation inhérente entre les composantes du vecteur et la structure du myocarde humain, et réalise, en même temps, l'interpolation et la réduction du bruit. Elle consiste à localiser les vecteurs corrompus par le bruit en utilisant les propriétés statistiques locales des champs de vecteurs, à supprimer ces vecteurs corrompus, puis à les reconstruire en utilisant le modèle de «Thin Plate Spline » (TPS) et, finalement à appliquer une interpolation de TPS global ou local pour obtenir une résolution plus élevée dans le domaine spatial. La comparaison des méthodes conventionnelles avec notre méthode d'interpolation avec réduction du bruit, qui est appliquée

aussi bien en coordonnées cartésiennes qu'en coordonnées polaires, a été parachevée dans ce chapitre. Les expériences réalisées avec 17 cœurs humains montrent que la nouvelle approche proposée permet d'obtenir une résolution plus élevée, tout en réduisant le bruit, en préservant les détails et en améliorant la cohérence directionnelle (DC) des champs de vecteurs et de la tractographie. En outre, elle reconstitue parfaitement les cartes d'angle d'azimut et d'élévation.

Dans le chapitre 5, **nous proposons une nouvelle famille de méthodes d'interpolation basée sur les caractéristiques des tenseurs de diffusion pour l'IRM-TD du cœur humain, en prenant en compte les relations intrinsèques entre les composantes de ces tenseurs**. Cette famille de méthodes consiste à représenter un tenseur de diffusion en fonction de deux caractéristiques, les valeurs propres et l'orientation, à interpoler ces deux caractéristiques et à reconstruire le tenseur à partir de ces données interpolées (les valeurs propres et l'orientation). Les valeurs propres du tenseur sont transformées en logarithmes au cours de l'interpolation pour éviter l'effet de gonflement, alors que l'orientation du tenseur est représentée par les angles d'Euler ou le quaternion unité au cours de l'interpolation. Les résultats obtenus, à l'aide aussi bien des données synthétiques que des données de l'IRM-TD réelles cardiaques, démontrent que la famille de méthodes proposée non seulement maintient les avantages des méthodes Log-Euclidienne et Riemannienne quant à la préservation de la propriété symétrique positive définie du tenseur et de la variation monotone de son déterminant, mais encore réduit en même temps, l'effet indésirable de diminution de la MD et / ou de la FA, qui est observé dans les méthodes Euclidienne, Cholesky et Log-Euclidienne.

En outre, nous avons **comparé les méthodes d'interpolation au niveau des images pondérées en diffusion et au niveau des champs de tenseurs**. Les résultats ont montré que l'interpolation sur les champs de tenseurs a la possibilité potentielle de préserver les propriétés du tenseur de diffusion au cours de l'interpolation, et qu'il est beaucoup plus facile de prédire et donc de contrôler les caractéristiques du tenseur (FA, MD, orientation, etc.) avec l'interpolation au niveau des champs de tenseurs qu'avec celle au niveau des images pondérées en diffusion.

Le chapitre 6 **se focalise sur l'étude de l'influence de l'infarctus du myocarde et des méthodes d'interpolation sur FA et MD.** Les résultats constatés à partir des données de 15 cœurs porcins montrent que la zone d'infarctus présente une diminution significative de FA et une augmentation significative de MD en comparaison avec la zone distante, et que les interpolations du tenseur de diffusion ont eu une influence plus importante sur FA que sur MD. Les résultats montrent également que les méthodes d'interpolation existantes peuvent introduire l'effondrement de l'FA et prendre des résultats très proches de la MD. Ce travail suggère qu'il faut prendre des précautions avec des interpolations du tenseur de diffusion lors de l'utilisation des indices comme la valeur de FA comme critères absolus pour distinguer les infarctus et les régions.

La troisième partie résume les conclusions et les perspectives.

PARTIE I

CONTEXTES MEDICAL ET METHODOLOGIQUE

Chapitre 1 ANATOMIE ET FONCTIONS DU CŒUR

Sommaire

1.1. Anatomie du cœur....7
1.2. Structure des muscles cardiaques....9
1.3. Architecture des fibres cardiaques....10
1.4. Changements pathologiques dans la structure de fibre....13
1.5. Fonctions cardiaques....13

Dans le cadre de l'étude du cœur humain en IRM du tenseur de diffusion, il est bien évident qu'un minimum de connaissances sur le sujet d'étude est requis. Afin de bien comprendre le contexte de cette thèse, nous allons décrire brièvement dans ce chapitre la structure du cœur aux différents niveaux (aux niveaux morphologique, cellulaire, etc.).

1.1. Anatomie du cœur

Le cœur est un organe musculaire en forme de cône avec la taille d'un poing serré de la même personne. Il est situé dans le haut du corps (la poitrine) entre les poumons. L'anatomie fondamentale du cœur (Fig. 1.1) peut être décrite comme suit:

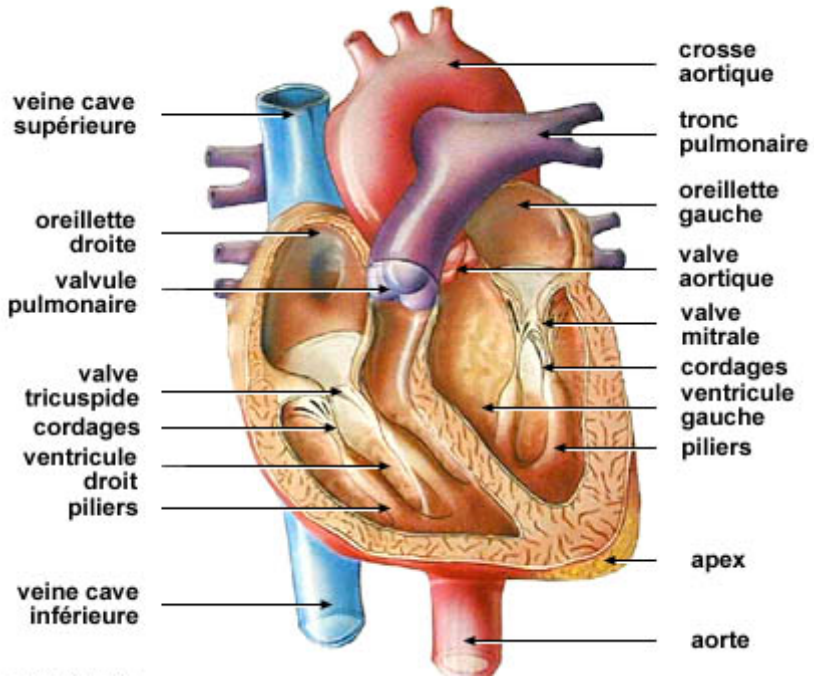


Fig. 1.1 Dessin du cœur faisant apparaître les quatre cavités, les quatre valves et l'épaisseur des parois

Les Cavités Cardiaques Le cœur est divisé en sections gauche et droite séparées par le septum interventriculaire. La section gauche pompe du sang oxygéné et la section droite du sang désoxygéné. Chacune des sections gauche et droite est divisée en cavités supérieures et inférieures, désignées respectivement oreillettes et ventricules. Les quatre cavités principales du cœur sont:

- *L'oreillette gauche* (OG), pompe du sang dans le ventricule droit ;
- *Le ventricule gauche* (VG), pompe du sang dans l'artère pulmonaire ;
- *L'oreillette droite* (OD), pompe du sang dans le ventricule gauche ;
- *Le ventricule droit* (VD), pompe du sang dans l'aorte.

L'OG et le VG constituent la partie gauche du cœur qui recueille le sang oxygéné sortant des poumons par les veines pulmonaires pour le propulser dans l'aorte et ses divisions. La partie gauche et notamment le ventricule assure donc la distribution du sang (environ 25 litres par minute) dans l'ensemble du corps humain à travers un réseau vasculaire d'environ 100 km! On comprend donc l'intérêt que suscite l'étude de cette cavité.

L'OD et le VD constituent la partie droite du cœur qui assure la circulation du sang chargé en dioxyde de carbone recueilli par les veines caves. Le sang carboné aboutit dans l'oreillette droite puis est transmis au ventricule droit. Il est ensuite éjecté dans l'artère pulmonaire vers les poumons.

Les Valves Cardiaques Afin d'assurer le sang à circuler toujours dans le même sens, le cœur comprend une série de vannes (Fig. 1.1).

- *La valve tricuspide*, sépare l'oreillette droite du ventricule droit. Elle est constituée de trois valvules en pointe ou cuspides, qui s'insèrent sur l'anneau tricuspidien, un tissu conjonctif dense les reliant au septum interventriculaire. Elles sont sous-tendues par des cordages fibreux accrochés sur les piliers musculaires à la base du ventricule, ce qui les empêche de se retourner.
- *La valve mitrale*, sépare l'oreillette gauche du ventricule gauche. Elle est composée de deux valvules insérées sur l'anneau mitral et reliées à la base du ventricule gauche par des cordages fibreux puissants rattachés aux muscles papillaires.
- *La valve pulmonaire*, sépare le ventricule droit de l'artère pulmonaire, qui amène le sang au poumon (où le sang largue le dioxyde de carbone et se charge en oxygène). Elle comporte trois valvules semi-lunaires.
- *La valve aortique*, sépare le ventricule gauche de l'artère aorte. Elle se compose de trois valvules au-dessus desquelles naissent les artères coronaires, qui vont apporter le sang au muscle cardiaque.

La Paroi Cardiaque La paroi cardiaque consiste en trois couches distinctes: l'endocarde, le myocarde et l'épicarde.

- *L'endocarde* est la couche interne du tissu de la paroi cardiaque. L'endocarde tapisse les cavités cardiaques, les valves et les cordages. Il comporte un endothélium (épithélium pavimenteux simple) en continuité avec celui des gros vaisseaux caves, pulmonaires et aortiques; il est associé par l'intermédiaire de sa lame basale à une couche sous-endothéliale de tissu fibro-élastique auquel se mêlent des cellules musculaires lisses. Au niveau des cordages et des valves, il est au contact d'un tissu conjonctif dense, tandis qu'au niveau des cavités il est séparé du myocarde par une couche sous-endocardique de tissu conjonctif lâche, bien vascularisé, renfermant des fibres nerveuses, des vaisseaux sanguins de petit calibre et dans les ventricules les ramifications du tissu cardionecteur du réseau de Purkinje.
- *Le myocarde* est la couche moyenne de la paroi cardiaque, qui est composée du muscle cardiaque. Le myocarde constitue le substratum fondamental de la paroi cardiaque. Il est plus épais là où les pressions s'exercent le plus (ventricules plus qu'oreillettes (atriums) et ventricule gauche davantage que ventricule droit). Le myocarde est organisé sous forme de travées myocardiques; entre ces travées, l'environnement conjonctif est riche en capillaires sanguins et en fibres nerveuses sensitives.
- *L'épicarde* est la couche externe de la paroi cardiaque, qui est composée des tissus conjonctifs. L'épicarde tapisse l'extérieur du cœur et est en fait le feuillet viscéral de la séreuse péricardique qui se réfléchit ensuite au niveau des gros troncs artériels pour se continuer par le feuillet pariétal (médiastinal) du péricarde. Il est donc constitué d'un mésothélium (épithélium pavimenteux simple) reposant par l'intermédiaire de sa lame basale sur une couche sous-mésothéliale conjonctive comportant en particulier

des fibres élastiques. L'épicarde reste séparé du myocarde par une couche sous-épicardique où l'on observe une épaisse couche de tissu adipeux, des nerfs et les vaisseaux coronaires (artères et veines coronaires et leurs branches). Le système de séreuse (cavité péricardique avec ses deux feuillets pariétal et viscéral) permet le glissement du cœur et autorise ses variations volumétriques sans entrave ni compression environnante.

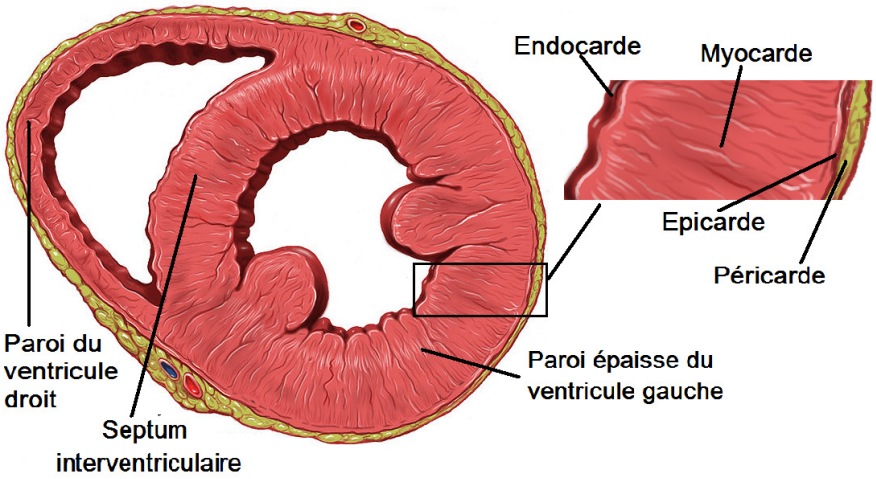


Fig. 1.2 Tunique cardiaque dans une coupe transversale à travers les ventricules--le ventricule gauche est à droite de l'image (from http://fr.wikipedia.org/wiki/coeur).

1.2. Structure des muscles cardiaques

Les cardiomyocytes, (ou myocytes cardiaques) sont les composants principaux du muscle cardiaque, représentant environ 70% de son volume. Les cardiomyocytes sont striés, binuclés, à noyau central, bifurqués, unis par des disques interscalaires au niveau de structures particulières, d'environ 10-20 µm de large et 80-100 µm de long, bien visibles en microscopie optique: les stries scalariformes (Fig. 1.3).

Les cardiomyocytes se répartissent en trois catégories :

Les cardiomyocytes contractiles Ce sont des fibres musculaires striées et ils ont une forme de cylindre dont les extrémités présentent des bifurcations, grâce auxquelles elles entrent en connexion avec les cellules myocardiques adjacentes pour former un réseau tridimensionnel complexe. Ils sont riches en myofibrilles.

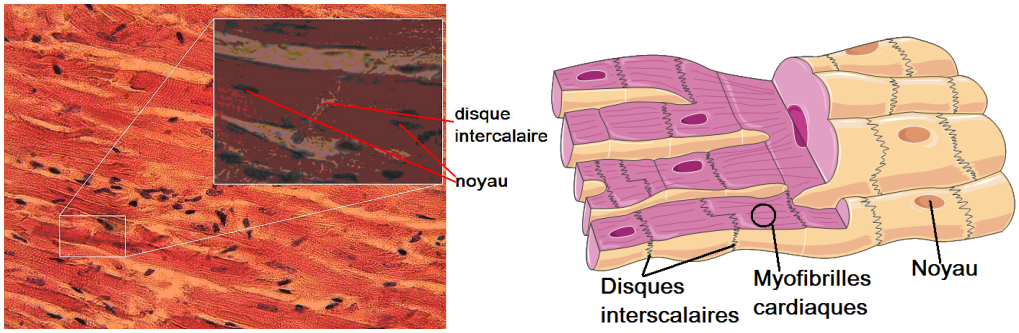


Fig. 1.3 Les cellules musculaires cardiaques (from http://en.wikipedia.org/wiki/Heart_muscle)

Les cellules myoendocrines Elles ont pratiquement perdu leur contractilité et ont pour rôle la sécrétion de facteurs natriurétiques régulant la volémie. Elles sont notamment présentes au niveau auriculaire. Elles ont peu de myofibrilles.

Les cellules cardionectrices Elles produisent et conduisent un influx électrique assurant le rythme autonome du cœur. Ces cellules cardionectrices se repartissent en 4 grandes structures,

le nœud sinusal, le nœud atrio-ventriculaire, le faisceau de His et le réseau de Purkinje. Elles ont également peu de myofibrilles.

Entre les cardiomyocytes, l'espace est occupé par un tissu conjonctif lâche, correspondant à un endomysium, riche en vaisseaux et en nerfs.

Dans un cardiomyocyte, les myofibrilles divergent autour du noyau et laissent, comme dans la cellule musculaire lisse, une région axiale fusiforme dépourvue de matériel contractile et contenant divers organites cytoplasmiques. Les myofibrilles ont des largeurs bien différentes, se situant entre 0.2~0.3 μm.

Les cardiomyocytes créent une fonction cardiaque par propagation des stimuli et des contractiles électriques.

1.3. Architecture des fibres cardiaques

L'architecture des fibres cardiaques joue un rôle crucial dans de nombreux aspects fonctionnels du cœur, comme la propagation électrique [Robert 1979, Taccardi 1994] ou la production de force [LeGrice 1995]. De nombreux modèles ont été proposés dans des recherches antérieures pour le cœur des mammifères, bien que peu aient porté sur le cœur humain.

A l'échelle macroscopique, Torrent-Guasp [Torrent-Guasp 1975, 2001] considère les parois ventriculaires comme une bande orientée dans l'espace suivant une hélice formée par des boucles basale et apicale, qui se replie pour former les cavités ventriculaires (voir Fig. 1.4).

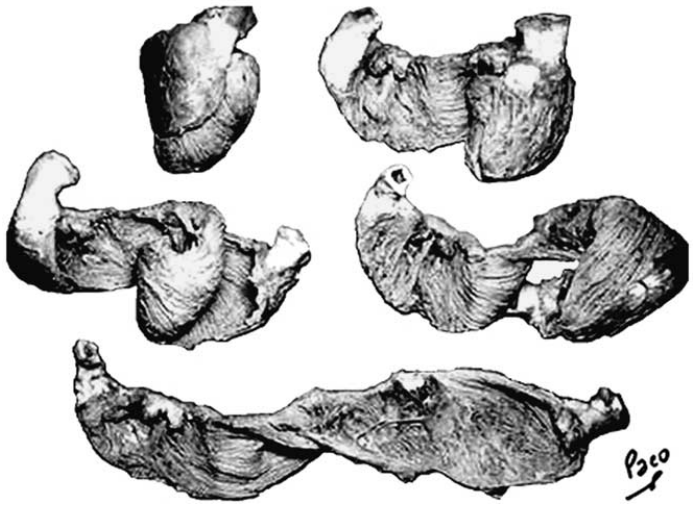


Fig. 1.4 L'architecture des fibres cardiaques -- Une structure hélicoïdale approximative du cœur de l'homme décrit dans [*Torrent-Guasp 1975, 2001*].

D'autre part, avec le support des techniques de microscopie, Streeter [Streeter 1969] et Lev [Lev 1956] décrivent le myocarde ventriculaire comme un continuum dans lequel l'orientation des myocytes varie doucement à travers la paroi ventriculaire de l'épicarde à l'endocaridium comme présenté Fig. 1.5. Streeter construit un tore en quatre étapes à partir d'une feuille de papier: (A) On prend une feuille de papier et on trace trois lignes parallèles. Ces lignes sont les géodésiques de la surface plane; (B) Ensuite, on enroule la feuille, afin que la frontière supérieure soit placée contre le bord inférieur. On obtient un cylindre ouvert, les lignes tracées restent les géodésiques du cylindre; (C) Dans la troisième étape, on plie le cylindre jusqu'à ce que son extrémité gauche atteigne l'extrémité droite. De cette façon, on obtient un tore sur lequel les lignes sont toujours des géodésiques, qui ressemble à une bouée de natation. (D) Dans la conjecture de Streeter, les tores sont allongés et imbriqués comme des poupées russes. Sur la section des parois ventriculaires gauche, les lignes de la section du tore extérieur sont représentées, et le tore le plus intérieur émerge de la section.

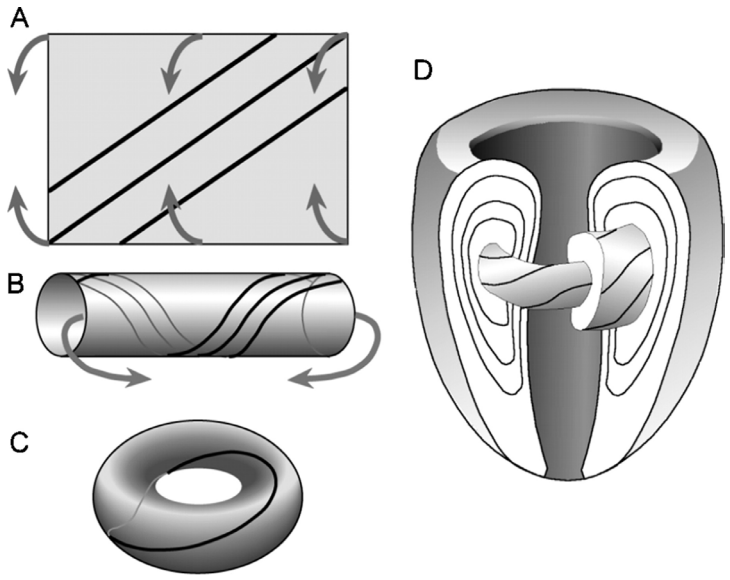


Fig. 1.5 Illustration de la conjecture de l'architecture du cœur de Streeter: «Fibres du myocarde courent comme géodésiques sur un ensemble imbriqué de corps torique de la révolution».

LeGrice [LeGrice 1995] indique que la paroi du myocarde est constituée d'une structure laminaire séparée par des plans de clivage vastes, qui sont disposés radialement de l'endocarde à l'épicarde, et que l'architecture de fibres peut être déterminée par des orientations de fibres et de feuilles laminaires (voir Fig. 1.6). Les couches sont environ 4 ± 2 myocytes partout et 48.4 ± 20.4 µm d'épaisseur (chez le chien). Les composantes de la matrice conjonctive du tissu connectent les lame adjacentes.

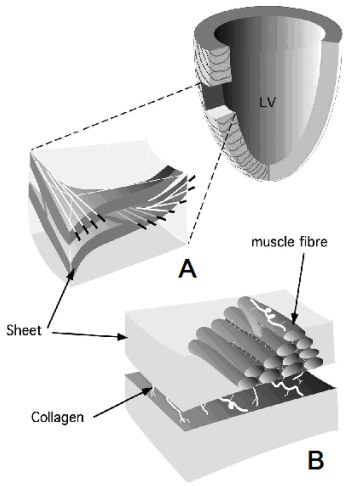


Fig. 1.6 A. Un bloc transmurale coupé de la paroi ventriculaire montre l'arrangement macroscopique des couches musculaires. Notez la variation transmurale d'orientation de myofibre. B. Les fibres musculaires forment une couche de trois à quatre cellules d'épaisseur. Le collagène d'endomysium connecte des cellules adjacentes dans une feuille et le collagène de périmysium connecte des feuilles adjacentes (LeGrice 1995).

Jouk (Jouk 2000), en quantifiant la direction des fibres sous forme de cartes d'angle d'azimut et d'élévation, propose le modèle des géodésiques imbriqués de bretzel pour l'architecture des fibres du cœur, et considère les fibres du myocarde comme des géodésiques sur un ensemble imbriqué de « bretzels » déformé. Ce modèle est une extension à toute la masse ventriculaire du modèle Streeter, qui était limité au ventricule gauche. Pour comprendre ce modèle, voir A dans Fig. 1.7 où deux tores forment un « bretzel » avec un treillis sur la surface et il faut saisir d'autres déformations (en bleu les méridiens, et en rouge

les parallèles ; *lla*: ouverture inférieure gauche; *lra*: ouverture inférieure droite; *ula*: ouverture supérieure gauche; *ura*: ouverture supérieure droite). Le tore à gauche est plié de telle façon que l'ouverture inférieure est en place près de l'ouverture supérieure. Cette conformation imite un peu près de la forme du ventricule droit (voir B dans Fig. 1.7). L'ouverture inférieure du tore droit contracte à un point où aucune lumière n'est laissée. Cette conformation imite un peu la forme du ventricule gauche comme expliquées dans C. La partie C montre comment ces bretzels topologiques peuvent se nicher dans la masse ventriculaire comme on le voit, en vue frontale. Les géodésiques sur les bretzels imbriqués sont représentées en vert. Il faut noter que le modèle topologique du ventricule gauche, coïncide avec la conjecture de Streeter, tandis que celui du ventricule droit est sa contribution originale, qui contribue à décrire l'organisation des fibres dans toute la masse ventriculaire. Considérant le modèle bretzel, l'ouverture supérieure gauche correspond à l'orifice tricuspide et l'ouverture inférieure gauche à l'orifice pulmonaire. Entre ces deux ouvertures est de la crête supraventriculaire, qui est donnée dans cette représentation par la partie étroite du tore plié imbriqué alors que la partie large du tori plié correspond aux parois septale et latérale du ventricule droit. Sur la crête supraventriculaire, les parois du tore les plus externes ont été découpées, afin de montrer schématiquement trois tores emboîtés. La partie la plus profonde montre la continuité des parois du tore à l'intérieur de la crête supraventriculaire. En plus, Jouk a comparé son modèle avec le modèle de Torrent-Guasp et a rapporté les conclusions que, pendant la période fœtale, il est clair qu'il n'y a pas de compatibilité entre eux.

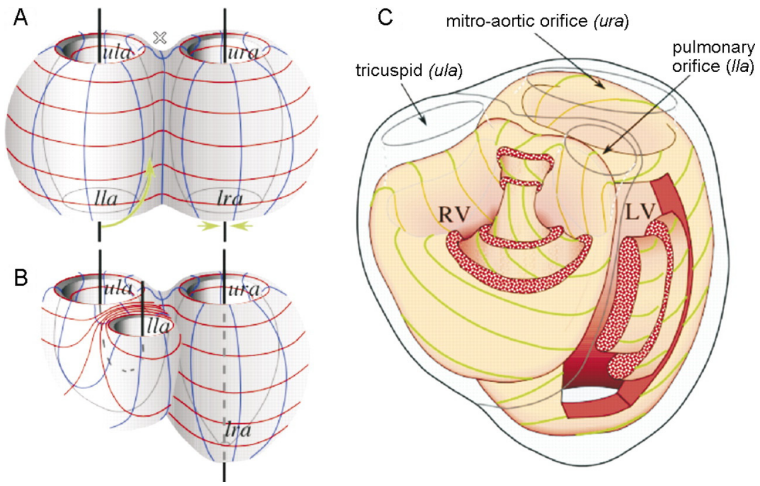
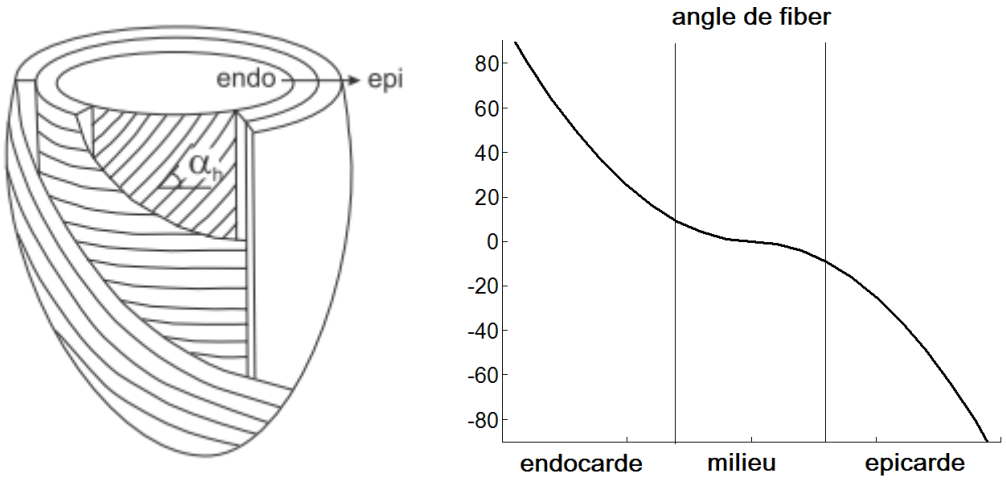


Fig. 1.7 La description schématique du modèle bretzel sur l'architecture en fibre de toute la masse ventriculaire (à partir de Jouk 2007).

Comme mentionné dans la section 1.2, les cardiomyocytes créent la fonction cardiaque en propageant les stimulations électriques et les contractions. A une grande échelle, cette fonction est également réalisée par l'arrangement spatial des cardiomyocytes. Tout d'abord, ils sont disposés en couches distinctes, connues sous le nom des feuilles laminaires [LeGrice 1995], d'environ quatre cellules d'épaisseur séparées par un réseau de collagène extracellulaire. Les cardiomyocytes sont étroitement couplés au sein de la même feuille laminaire, mais faiblement couplés entre deux feuilles laminaires adjacentes. Cette structure rend le muscle cardiaque d'un tissu orthotrope. La propagation électrique et la contraction mécanique s'effectuent principalement le long de l'axe des fibres, alors qu'elles sont limitées dans le sens normal des feuilles laminaires. Deuxièmement, en raison de cette anisotropie, la variation spatiale d'orientation de fibres et de feuilles laminaires dans le myocarde a un rôle important dans la réalisation de la fonction cardiaque [Rijcken 1999, Costa 2001, Arts 2001, Crochets 2007]. L'orientation de fibres a été démontrée et conçue pour réaliser l'homogénéité maximale de la déformation le long des fibres lors de l'éjection [Rijcken 1999]. Les feuilles laminaires ont permis d'expliquer l'épaississement de la paroi systolique avec le glissement relatif des feuilles laminaires [LeGrice 1995] coïncidant avec des plans de cisaillement

maximal systolique [Arts 2001]. Il a été également démontré que les propriétés électriques sont influencées par les feuilles laminaires [Crochets 2007] et aussi par la présence de collagènes dans les plans de clivage entre les feuilles laminaires.



(a) (b)

Fig. 1.8 (a). Représentation schématique de l'orientation myofibres dans la paroi ventriculaire gauche. (b) Variation d'angle d'hélice des fibres dans le myocarde.

Toutes les études ont confirmé une variation transmurale progressive d'angle d'hélice de l'épicarde à l'endocarde avec des valeurs extrémales opposées et une orientation de fibre circonférentielle au milieu de la paroi. L'angle d'hélice varie de l'angle positif (<+90 °) au sous-endocarde à angle négatif (> -90 °) au sous-épicarde (voir Fig. 1.8 (a) et (b)). La variation transmurale de l'angle d'intersection a été montrée pour être plus complexe avec la présence de deux populations différentes de feuilles laminaires qui coïncident avec les plans de cisaillements maximaux systoliques [Arts 2001].

1.4. Changements pathologiques dans la structure de fibre

Il a été récemment rapporté que grâce à l'aide de l'IRM-TD cardiaque, en liaison avec l'imagerie à taux de déformation (SRI) et contraste de phase, Tseng [Tseng 2000, 2006] a pu déterminer que l'état de désordre des fibres existe dans la cardiomyopathie hypertrophique, et il aboutit à un schéma désordonné de raccourcissement principal du myocarde. Dans la même étude, il a été observé qu'une corrélation positive existe entre le désordre des fibres et l'hypokinésie du myocarde [Tseng 2000]. En outre, plusieurs études ont tenté de quantifier le remodelage architectural des fibres cardiaques après l'infarctus du myocarde [Chen 2003, Wu 2006]. Dans ces rapports, le désordre des fibres et l'augmentation de la diffusivité étaient évidents dans la zone d'infarctus, ce qui a été considéré comme compatible avec le mouvement des parois anormales et/ou la mort cellulaire.

1.5. Fonctions cardiaques

Le cœur est une pompe double à quatre chambres. Toutes les 24 heures, le cœur éjecte plus de 10^4 l de sang, et se contracte plus de 10^5 fois. La quantité totale des travaux exécutés durant toute la vie d'une personne est énorme. Le cycle cardiaque décrit le volume, la pression, et les phénomènes électriques dans le ventricule gauche en fonction du temps. Un exemple de rythme cardiaque est indiqué Fig. 1.5. La courbe rouge en forme d'horloge est *la pression intra-ventriculaire*.

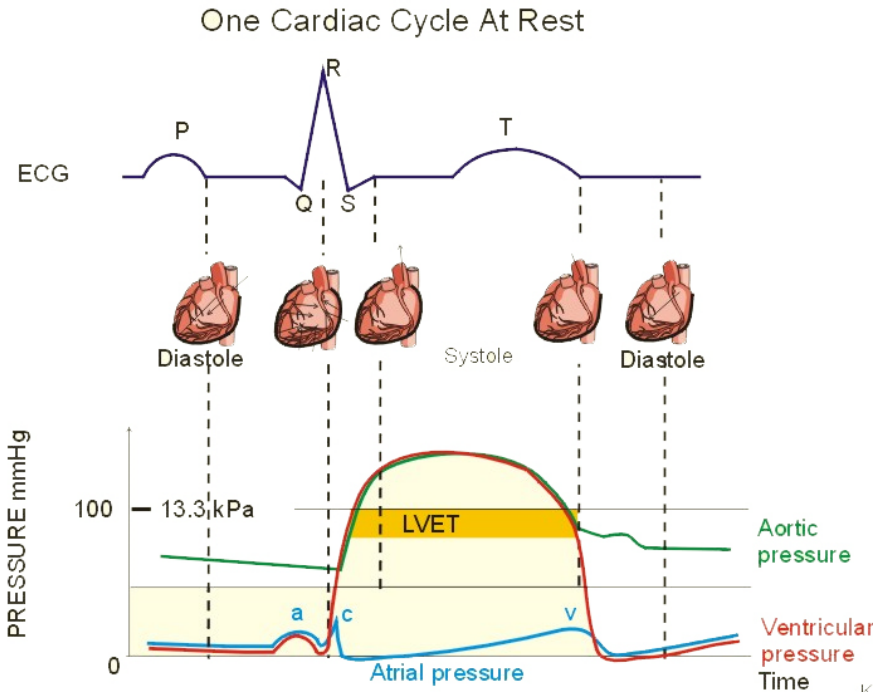


Fig. 1.9 Les événements électromécaniques dans le cycle cardiaque. La pression aortique est représentée avec une courbe verte. La courbe de pression auriculaire bleu a des ondes a, c, et v. ECG indique électrocardiogramme, et LVET indique le temps d'éjection de ventriculaire gauche.

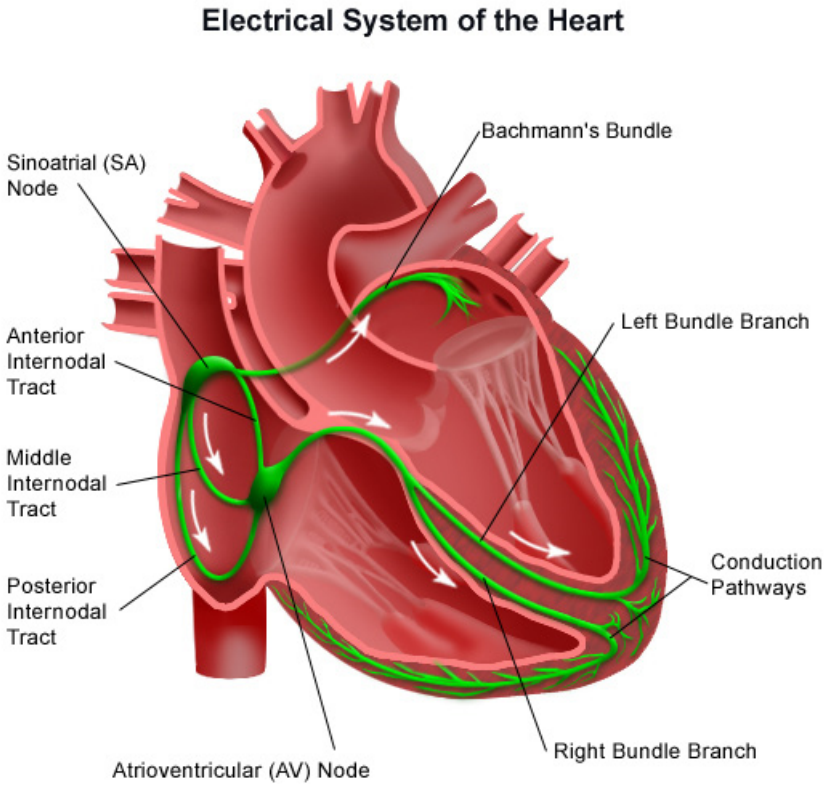


Fig. 1.10 Electromécanique du cœur.

Le pompage du cœur commence par la contraction simultanée des deux oreillettes. Cette contraction sert à donner une poussée supplémentaire pour envoyer le sang dans les ventricules à la fin de la partie lente de remplissage du cycle de pompage, appelée «diastole». Peu après ce cycle, les ventricules se contractent, marquant le début de «systole». Les valves

aortiques et pulmonaires s’ouvrent et du sang est éjecté à partir des ventricules, tandis que les valvules mitrales et tricuspides se ferment pour empêcher le retour. En même temps, les oreillettes commencent à se remplir de sang. Après un certain temps, les ventricules se détendent, les valves aortiques et pulmonaires se ferment, et les valvules mitrales et tricuspides s’ouvrent et les ventricules se remplissent de sang neuf, marquant la fin de la systole et le début de la diastole. Il faut noter que même si des volumes égaux sont éjectés de la partie droite et de la partie gauche du cœur, le ventricule gauche génère une pression beaucoup plus élevée que le ventricule droit. Ainsi le ventricule gauche est la chambre la plus importante dans le cœur, puisqu'elle est responsable de fournir du sang oxygéné à n'importe quelle partie du corps.

Cette action globale de pompage se présente comme le résultat des mécanismes électrophysiologiques qui se déroulent au niveau microscopique. Les cellules du myocarde (myocytes) subissent un changement de tension à travers leur membrane (dépolarisation), ce qui conduit à une action potentielle. Bien que la contraction puisse se produire spontanément, elle est normalement une réponse à une impulsion électrique. Cette impulsion commence dans le nœud sino-auriculaire (SA), ensemble de cellules « pacemaker » situé à la jonction de l'oreillette droite et de la veine cave supérieure. Ces cellules spécialisées se dépolarisent spontanément, et provoquent une onde de contraction qui traverse les oreillettes. À la suite de la contraction auriculaire, l'impulsion est retardée au nœud auriculo-ventriculaire (AV), situé dans la paroi septale de l'oreillette droite. De là, les fibres His-Purkinje permettent une conduction rapide de l'impulsion électrique par les branches droite et gauche, ce qui provoque une dépolarisation presque simultanée des deux ventricules. Environ 0.2 secondes après, l'impulsion initiale atteint le nœud sino-auriculaire. La dépolarisation de la membrane cellulaire du myocarde entraîne une augmentation importante de la concentration de calcium dans la cellule, ce qui entraîne à son tour une contraction temporaire de liaison entre deux protéines, l’actine et la myosine. L’action potentielle cardiaque est beaucoup plus longue que celle du muscle squelettique et pendant ce temps la cellule myocardique ne répond pas à une excitation supplémentaire.

Chapitre 2 IMAGERIES CARDIAQUES

Sommaire

2.1. Imagerie cardiaque par IRM-TD 19
2.1.1. Imagerie par résonance magnétique.....19
2.1.2. Imagerie du tenseur de diffusion.....23
2.2. Imagerie du cœur humain en lumière polarisée.....30
2.2.1. Propriétés de la lumière polarisée.....30
2.2.2. Imagerie en lumière polarisée.....32
2.2.3. Précision et limitation de l'imagerie en lumière polarisée.....35

Les techniques d'imagerie permettent de visualiser les structures anatomiques et les anomalies morphologiques du cœur. En raison de la nature inhérente de la fonction cardiaque, la visualisation temporelle de l'anatomie cardiaque permet une meilleure évaluation du mouvement cardiaque et de la fonction mécanique. Au-delà de l'anatomie cardiaque et du mouvement, la fonction métabolique du cœur peut aussi être observée par les techniques d'imagerie moléculaire. Nous présentons brièvement ici les techniques d'imagerie les plus communes qui permettent d'observer la structure cardiaque, l'anatomie et la fonction métabolique, par des principes physiques différents.

• ***L'echographie***, ou imagerie ultrasonore, permet la mesure du gradient d'impédance acoustique à l'interface des tissus via l'intensité de la réflexion des ondes acoustiques. Elle a l'avantage d'être non invasive, de pouvoir fonctionner en temps réel et a été récemment étendue aux acquisitions de séries temporelles d'images 2D et aux volumes 3D. L'échocardiographie (également notée l'US cardiaque) [Erbel 1989] est utilisée pour l'évaluation de la forme, de l'épaisseur et du mouvement des parois et des valves cardiaques. La gamme des fréquences ultrasoniques audibles s'etend de 8000 à 20000 Hz (cycles par seconde). Les fréquences ultrasoniques de 2 à 7 MHz, ou parfois aussi élevées que 45 MHz, sont utilisées en imagerie cardiaque. En mesurant les décalages de fréquence entre les signaux sonores émis et réfléchis, l'imagerie écho-Doppler [Berensztein 2000] peut également fournir une information supplémentaire de mouvement, qui s'affiche comme une superposition de couleurs sur les séquences échographiques standards. En règle générale, les signaux avec un décalage positif Doppler, qui correspond à un écoulement vers le capteur sont affichés à l'extrémité rouge du spectre. Ceux avec un décalage négatif se propagent en s'éloignant de la sonde et sont affichés en bleu. L'imagerie echo Doppler est surtout utilisée pour étudier l'écoulement du sang, qui est caractérisé par des vitesses élevées avec une faible amplitude. Elle est également utilisée pour mesurer le mouvement des parois du myocarde, caractérisé par des vitesses faibles avec une amplitude élevée. Dans ce cas, on parle plus spécifiquement d'imagerie Doppler tissulaire (TDI). Combiné avec un agent de contraste (microbulles de gaz par exemple) possédant des propriétés acoustiques différentes de celles des tissus, l'échographie peut améliorer les signaux Doppler et faciliter la mesure des flux. Elle peut également être utilisée comme une méthode d'imagerie moléculaire en ciblant des molécules spécifiques avec des microbulles étiquetées.

• ***La tomodensitométrie*** (CT) est une technique d'imagerie basée sur l'absorption des rayons X. Le processus implique un anneau de détecteurs et une source coaxiale concentrique de rayons X en rotation, avec l'objet coulissant longitudinalement dans l'axe de ce système [Prokop 2003, Ohnesorge 2003]. Un examen tomodensitométrique est généralement constitué de plusieurs images ou coupes qui sont prises pendant le déplacement de l'objet. Mises ensemble, toutes les coupes forment une représentation en 3D de la structure interne de l'objet. L'amélioration de la technologie a permis l'acquisition de séries chronologiques des volumes

en 3D (CT dynamique 4D). L'agent de contraste peut être utilisé pour améliorer le contraste entre le sang et les tissus cardiaques. La scanographie cardiaque est particulièrement utile pour évaluer le myocarde, les artères coronaires, les veines pulmonaires, l'aorte thoracique, le péricarde et les masses cardiaques, telles que les thrombus de l'auricule gauche.

• ***L'angiographie*** utilise une injection d'un colorant liquide pour rendre les artères facilement visibles. La procédure invasive de l'angiographie est utile pour établir un diagnostic pour plusieurs maladies cardiaques. En plus de la visualisation de contraste sélectif des cavités cardiaques et des artères coronaires, le cathétérisme cardiaque permet de mesurer directement la pression, la saturation en oxygène et la détection des shunts intracardiaques. L'angiographie permet de mieux définir la longueur de l'aorte et de ses branches, telle l'artère carotide. L'angiographie de soustraction digitale (DSA) et les techniques d'imagerie numérique améliorées électroniquement, sont utilisées pour améliorer la qualité de l'examen. L'angiographie par cathéter continue d'être la méthode de référence (ou la vérité terrain) pour l'imagerie vasculaire, bien que le nombre d'angiographies conventionnelles a diminué ces dernières années en raison des progrès des procédures modernes non invasives comme l'angiographie par MR et l'angiographie CT. On peut s'attendre à ce que le nombre d'angiographies par cathéter purement diagnostiques en imagerie vasculaire continue de diminuer à l'avenir. Néanmoins, l'angiographie continuera à jouer un rôle important dans la planification et la conduite des procédures interventionnelles. Il faut s'attendre à ce que l'angiographie thérapeutique, contrairement à l'angiographie diagnostique, joue un rôle de plus en plus important en raison de la détection plus fréquente des anomalies résultant de l'utilisation croissante des techniques non invasives [Cerqueira 2002].

• ***L'imagerie nucléaire*** (TEMP ou TEP, en anglais, SPECT ou PET) utilise de faibles doses de radio-isotopes (le marqueur) liées à des composés (le traceur) généralement impliqués dans un processus métabolique. L'imagerie nucléaire est limitée à l'information fonctionnelle résultant de la perfusion et ne peut pas être utilisée pour l'évaluation de la morphologie de l'artère coronaire ou cardiaque. La tomographie par émission monophotonique (TEMP, en anglais SPECT) utilise des traceurs qui émettent des rayons gamma d'énergie comprise entre 50 et 500 keV. Les photons individuels sont détectés à l'aide d'une gamma-caméra tournante ou des dispositifs de multi-détecteurs spécifiques [Nichols 1995]. Tous les détecteurs utilisés pour l'imagerie monophotonique requièrent une certaine forme de collimation des rayons gamma et, par conséquent, souffrent des limitations basiques de résolution spatiale et, plus particulièrement, de sensibilité. La SPECT est utilisée pour détecter les zones du myocarde ayant une perfusion normale ou réduite. La tomographie par émission de positons (TEP, en anglais, PET) utilise des traceurs radioactifs marqués par des radio-isotopes qui émettent des positons au cours de leur désintégration radioactive [Altehoefer 1992]. L'annihilation subséquente de positons au millimètre près du point d'émission conduit à la production de deux rayons gamma de 511 *ke*V de direction opposée, détectés avec une caméra à positons entourant le patient. La PET peut être utilisée pour mesurer la perfusion du myocarde ou pour identifier les zones ayant un métabolisme normal ou réduit afin de séparer les zones du myocarde viable et nécrotique, par exemple après une crise cardiaque.

• ***L'imagerie par résonance magnétique*** (IRM, en anglais, MRI) mesure les propriétés des matériaux magnétiques des tissus (principalement de l'eau et de la graisse) en raison de la différence des temps de relaxation et de la densité de spins des protons ^{1}H après l'excitation magnétique. L'IRM standard a des applications dans le diagnostic de la morphologie cardiaque, et aussi dans l'évaluation de la fonction cardiaque, la perfusion myocardique et la viabilité du myocarde par l'imagerie dynamique et fonctionnelle. La ciné-imagerie par résonance magnétique (Ciné-IRM, en anglais, Ciné-MRI) acquiert des séries chronologiques de coupes en 2D au cours d'un cycle cardiaque [Bistoquet 2007, 2008]. La tagged-imagerie par résonance magnétique (Tagged-IRM) est une extension de ciné-IRM, qui consiste à tatouer le myocarde avec des lignes ou des grilles utilisant des impulsions de pré saturation spatiales sélectives (modulation spatiale de l'aimantation, en anglais, SPAMM) [Chandrashekara 2004]. L'analyse des images tatouées fait appel à des techniques comme HARP (Phase Harmonique-IRM) qui extraient rapidement et automatiquement les

déformations consécutives au mouvement cardiaque [Osman, 1999]. La ciné vélocité-codée en imagerie par résonance magnétique (IRM-VEC, en anglais, VEC-MRI), est une autre extension de ciné-IRM fondée sur le principe que le déplacement des protons change de phase en fonction de leur vitesse, qui permet ainsi de mesurer les vitesses et les flux du sang à travers le plan. L'imagerie pondérée en diffusion par résonance magnétique (en anglais, DWI) mesure la diffusion des molécules d'eau dans les tissus par l'atténuation du signal magnétique après le déphasage et le rephasage successifs dans des directions différentes (directions du gradient). Elle est principalement utilisée dans le diagnostic des accidents vasculaires cérébraux (AVC) pour détecter l'œdème ischémique cytotoxique, pour dater l'épisode d'AVC et pour distinguer les caractères d'urgence. Cette technique d'imagerie de diffusion a également été utilisée pour mesurer la diffusion directionnelle de molécules d'eau liées à la structure des tissus, comme l'imagerie par résonance magnétique du tenseur de diffusion (IRM-TD, en anglais, DT-MRI). La spectroscopie par résonance magnétique (SRM, en anglais, MRS), mesure la relaxation des autres noyaux que ^{1}H. Par exemple, la spectroscopie ^{31}P-RM permet l'étude de métabolites de phosphate, comme l'ATP (adénosine-triphosphate) et la phosphocréatine. La phosphocréatine/ATP est considérée comme un indice de l'état énergétique du cœur.

L'imagerie en lumière polarisée (PLI) produit des images dont le contraste est basé sur la dispersion de la lumière par l'ultrastructure d'un tissu, à savoir, des noyaux, des mitochondries, des membranes (un réticulum endoplasmique, d'autres organites) et des fibres comme des collagènes ou des actine-myosines. L'imagerie en lumière polarisée est mise en œuvre sous une forme complète en utilisant 16 images impliquant quatre types de lumière polarisée pour l'illumination et la détection, qui sont résumés dans la matrice Mueller de 16-élément caractérisant chaque pixel d'une image. L'imagerie cardiaque en lumière polarisée fournit les moyens d'obtenir, à partir d'une section histologique, les informations concernant des muscles cardiaques.

Parmi ces nombreuses techniques d'imagerie, nous allons nous concentrer plus particulièrement sur l'imagerie par résonance magnétique du tenseur de diffusion et sur l'imagerie en lumière polarisée (IMP, en anglais, PLI) pour mieux comprendre nos travaux de recherche, présentés dans cette thèse.

2.1. Imagerie cardiaque par IRM-TD

Des données à valeurs matricielles sont acquises dans de nombreuses applications, allant de la dynamique des fluides, l'imagerie médicale et la modélisation des trous noirs en astrophysique [Westin 2002]. Dans la deuxième partie de cette thèse, nous étudierons les méthodes d'interpolation pour des images à valeurs matricielles ou des images liées à leurs caractéristiques, en particulier à partir des images médicales du cœur humain obtenues par imagerie IRM-TD. Dans cette section, nous donnons une introduction aux concepts importants de l'imagerie du tenseur de diffusion.

Cette technique datant du début des années 1980, a largement contribuée à l'établissement d'une cartographie fonctionnelle cérébrale avant d'être appliquée à l'étude du cœur en 1995. Au cours des 15 dernières années, l'IRM-TD est devenue une modalité courante en RM, utilisée en clinique et en recherche. L'avantage principal de l'IRM-TD par rapport à d'autres modalités d'imagerie est sa capacité à mesurer la direction spécifique (anisotropie) de diffusion des molécules d'eau dans les tissus vivants, par exemple, dans un cerveau ou dans un cœur humain. Avant d'entrer dans les détails de l'IRM-TD, nous donnons un aperçu bref des principes fondamentaux de l'imagerie par résonance magnétique.

2.1.1. Imagerie par résonance magnétique

La Résonance Magnétique Nucléaire (RMN, en anglais, NMR) a été découverte de façon indépendante en 1946 par Edmund Purcell et Felix Block [Block1946, Purcell en 1946]. Ils ont reçu le Prix Nobel en 1952 pour leurs travaux. En 1973, la première image par résonance magnétique (IRM) a été acquise par Paul Lauterbur [Lauterbur 1973], qui a été récompensé du Prix Nobel en 2003 en collaboration avec Peter Mansfield.

2.1.1.1. Les fondements physiques

L'imagerie d'un proton ^1H par RM est la technique la plus commune pour l'imagerie des systèmes biologiques en raison de la forte concentration d'eau dans le corps humain et de sa haute sensibilité. Du point de vue classique un proton est une petite charge positive tournant sur elle-même (spin). La rotation angulaire élevée d'un proton provoque une boucle circulaire de courant I, qui à son tour engendre un moment magnétique μ (voir Fig. 2.1 (a)). Comme le montre la Fig. 2.1 (b), un proton tournant immergé dans un champ magnétique externe B_0 aura un mouvement de précession autour de la direction du champ, si μ n'est pas aligné avec B_0. La fréquence de cette précession est appelée la fréquence de Larmor et est obtenue par la relation

$$\omega_0 = \gamma B_0, \qquad (2.1)$$

où la constante γ est appelée le rapport gyromagnétique.

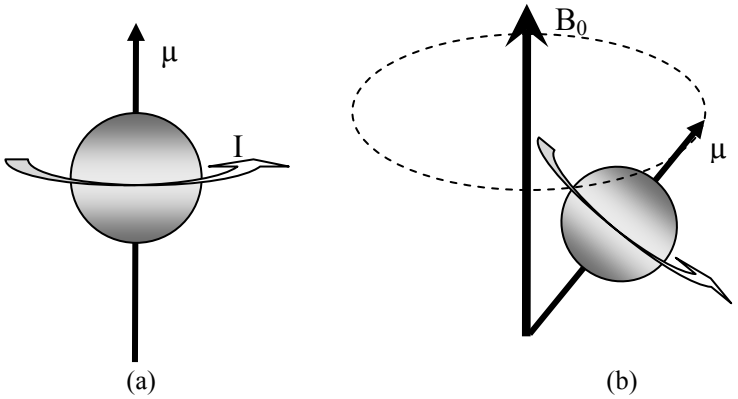


Fig. 2.1 Spin du proton et de son interaction. (a) Spin du proton. (b) Interaction de spin d'un proton avec un champ externe magnétique.

Considérons un objet qui contient de nombreux protons et plaçons-le dans un grand champ magnétique statique. Finalement, les protons après traitement seront alignés sur le champ externe magnétique, mais les alignements pour un groupe de protons peuvent être parallèles ou antiparallèles à cause de l'agitation thermique à la température absolue *T*. Cependant, l'excédent des alignements parallèles entraînera une aimantation nette d'équilibre M_0 qui est proportionnelle à la densité de spin ρ_0 partout (voir Fig. 2.2).

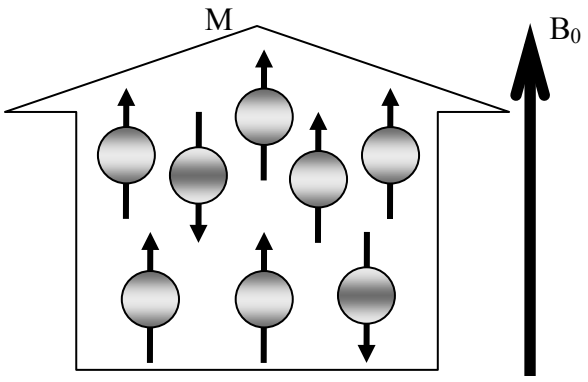


Fig. 2.2 Aimantation d'équilibre des spins de protons.

Même dans un volume important, l'aimantation nette non nulle n'est pas suffisamment importante pour être détectée quand elle est alignée sur le champ magnétique appliqué.

Toutefois, comme le montre la Fig. 1.3, le vecteur d'aimantation peut être basculé par des impulsions magnétiques engendrées par une radiofréquence (RF) située à proximité. Le vecteur résultant est situé autour du champ magnétique statique et sa fréquence est donnée par l'équation (2.1). Il est maintenant possible de détecter l'aimantation ainsi induite en utilisant une bobine placée à proximité. Dans cette bobine, un signal électronique est induit et mesuré. Il y a trois propriétés des tissus qui ont un impact important sur l'intensité du signal. L'un d'eux est la densité de spin, les deux autres sont le temps de relaxation longitudinale T_1 et le temps de relaxation transversale T_2. T_1 et T_2 sont des constantes de temps spécifiques du tissu et mesurent le taux de variation d'aimantation nette. La constante de temps T_1 correspond au temps d'aimantation longitudinale nécessaire pour revenir à 63% de sa valeur finale, alors que la constante de temps T_2 correspond au temps d'aimantation transversale correspondant à une réduction de 63% de sa valeur initiale. T_2, qui n'est pas lié à l'intensité du champ magnétique, est toujours plus court que T_1, qui est plus long quand le champ magnétique à une intensité élevée.

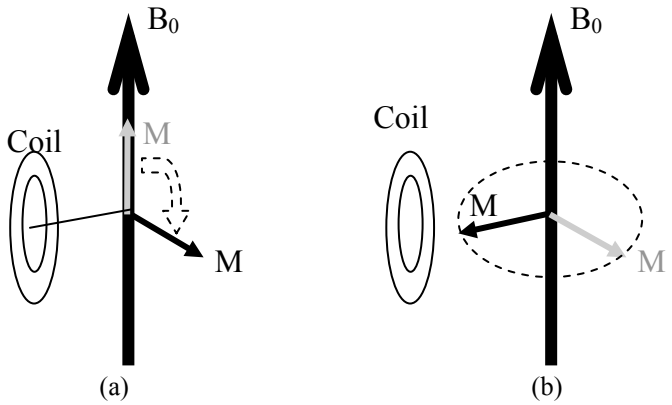


Fig. 2.3 Détection de l'aimantation nette. (a) Une aimantation nette est déviée par une impulsion RF. (b) Une aimantation nette est détectée par une bobine à proximité.

2.1.1.2. Principes de l'IRM

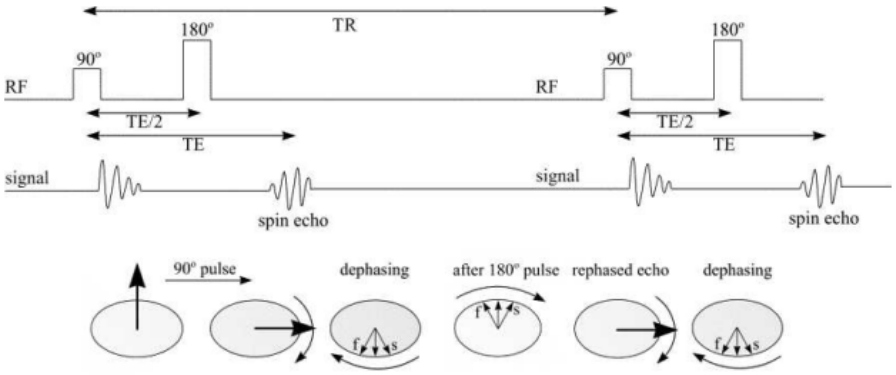


Fig. 2.4 Séquence d'impulsions de l'IRM et l'évolution du moment magnétique M au cours de la TE. (À partir de http://www.easymeasure.co.uk/).

Avec l'acquisition du signal électromagnétique émis lors de la relaxation, les scanners de l'IRM permettent de mesurer des propriétés magnétiques des tissus et des propriétés dépendant de la densité du proton et du temps de relaxation T_1 et T_2. Pour l'acquisition d'IRM, il existe beaucoup de séquences d'impulsions, mais nous limitons ici à la description de séquence d'écho de spin (SE), qui est la séquence d'impulsions la plus courante. Le signal

électromagnétique est mesuré au temps d'écho (TE) après l'excitation par deux impulsions successives (voir Fig. 2.4). Une première impulsion RF de 90° à l'instant 0 provoque une rotation d'aimantation longitudinale dans le plan transversal et le déphasage de l'aimantation transversale commence. Une seconde impulsion RF de 180° à TE/2 provoque un rephasage des spins récupérant l'aimantation transversale et produit un écho de spin à TE. Ensuite, la séquence d'impulsions est répétée au temps de répétition TR.

Le signal mesuré par des scanners d'IRM est l'intensité de l'aimantation transversale M_t. Dans une séquence d'impulsion d'écho de spin, elle satisfait l'équation suivante:

$$M_t = M_0(\rho)(1-e^{-TR/T_1})e^{-TE/T_2}. \qquad \textbf{(2.2)}$$

En modifiant la longueur des paramètres des séquences d'impulsion TR et TE, on peut sélectionner la propriété du tissu la plus influente (la densité de protons ρ, le temps de relaxation T_1 ou T_2) sur l'intensité mesurée d'aimantation magnétique M_t. Les choix du temps d'écho (TE) et du temps de répétition (TR) pour obtenir la densité de protons pondérée, des images pondérées en T_1 et T_2, sont présentés dans Tab. 2.1.

Tab. 2.1 Choix des paramètres de séquence d'impulsion TR et TE pour l'imagerie des contrastes différents de tissus

Image	TR	TE	Signal mesuré
Image pondérée en T_1	court	court	$M_t \approx M_0(\rho)(1-e^{-TR/T_1})$
Image pondérée en T_2	Long	Long	$M_t = M_0(\rho)e^{-TE/T_2}$

Le codage spatial repose sur l'application successive de gradients de champ magnétique ($\mathbf{G}_x$, $\mathbf{G}_y$ et $\mathbf{G}_z$) à chaque direction spatiale (respectivement x, y et z). D'abord, un gradient de sélection de coupe (GSC) $\mathbf{G}_z$, perpendiculaire au plan de la coupe désirée, est ajouté au champ magnétique externe tel que $\mathbf{B}_0 = \mathbf{B}_0 + z\,\mathbf{G}_z$ au cours de l'excitation des impulsions RF. Ainsi, la fréquence de Larmor dépend de la position de coupe le long de $\mathbf{G}_z$. Quand une impulsion RF est appliquée à la fréquence de résonance d'une coupe d'intérêt, seulement les protons dans cette coupe sont excités. La deuxième étape du codage spatial est appelée codage de phase (CP, en anglais, PE). Un gradient de champ magnétique $\mathbf{G}_y$ est appliqué brièvement après la première impulsion RF dans une direction perpendiculaire à $\mathbf{G}_z$. Le changement de fréquence est très bref, le basculement du gradient provoque un changement de phase. Ce changement est proportionnel à l'amplitude du champ magnétique et donc à la position dans la direction y. La dernière étape du codage spatial est le codage par la fréquence (CF, en anglais, FE). Il consiste à appliquer, pendant l'acquisition des données, un gradient de champ magnétique $\mathbf{G}_x$ dans le sens perpendiculaire à $\mathbf{G}_z$ et $\mathbf{G}_y$. Par conséquent, la fréquence Larmor des spins nucléaires varie dans le sens du gradient de codage par la fréquence. Le signal d'IRM est un mélange de signaux, avec toutes ces fréquences (codage dans le sens du codage par la fréquence) et les décalages de phase (codage dans le sens du codage de phase) qui donnent accès à la coupe de l'image dans le domaine fréquentiel. La coupe d'image est reconstruite dans le domaine spatial en utilisant une transformée de Fourier inverse en 2D.

Tab. 2.2 Propriétés de différents tissus en IRM

Image	Cerveau		Cœur	
	Substance blanche	Substance grise	Myocarde	Ventricule
Image pondérée en T_1	brillant	gris	brillant	gris
Image pondérée en T_2	brillant	interm.	foncé	brillant

En pratique, une coupe particulière dans un volume 3D est sélectionnée en utilisant un champ magnétique qui change son amplitude le long d'une certaine direction. Différents types

d'images de contraste peuvent être obtenus à partir de la densité de spin efficace. Le Tab. 2.2 présente les propriétés d'imagerie des différents tissus normaux et anormaux dans le cerveau et le cœur de l'homme. L'abréviation interm. se réfère à une valeur de brillance intermédiaire entre foncé et brillant.

2.1.2. Imagerie du tenseur de diffusion

L'imagerie par Résonance Magnétique de diffusion (IRMD) s'intéresse aux micromouvements (aléatoires, de type Brownien) des molécules d'eau à l'intérieur des voxels. Dans l'organisme ces mouvements rencontrent différents obstacles (membranes cellulaires, protéines, macromolécules, fibres), qui varient en fonction des tissus et de certaines modifications pathologiques (œdème intracellulaire, abcès, tumeurs). De façon approximative, on peut considérer que c'est principalement l'eau extracellulaire qui est explorée en IRMD. L'information de diffusion apporte une information indirecte sur la structure environnant ces molécules d'eau.

2.1.2.1. La physique de la diffusion

La diffusion est un phénomène microscopique résultant de l'agitation thermique des molécules qui migrent de façon aléatoire. Un mouvement de diffusion moléculaire est aussi appelé un mouvement brownien. La relation d'Einstein développe une relation entre distance et temps pour une particule subissant un mouvement brownien dans un espace libre [Tuch 2002],

$$D = \frac{1}{6\tau} r^2 \quad , \tag{2.3}$$

où D est un scalaire appelé coefficient de diffusion, τ est la période de temps pendant laquelle une particule subit un mouvement brownien et r est le déplacement net. Le coefficient de diffusion D met en relation le temps avec le carré du déplacement et n'est donc pas une vitesse de diffusion [Berg 1983].

Dans le cas d'un environnement limité de manière restrictive, les particules subissant un mouvement brownien sont déplacées avec des amplitudes plus grandes dans les directions parallèles aux frontières, que les amplitudes dans des directions opposées aux frontières [Tuch 2002]. Par conséquent, le mouvement brownien, qui est directionnellement dépendant, reflète la structure sous-jacente d'un environnement limité [Tuch 2002]. La diffusion est dite anisotrope lorsque le déplacement engendré par le mouvement brownien est directionnellement dépendant. En cas de diffusion anisotrope, la relation d'Einstein doit être généralisée pour permettre d'introduire la dépendance directionnelle [Tuch 2002],

$$\mathbf{D} = \frac{1}{6\tau} \left\langle \mathbf{r}\mathbf{r}^{\mathrm{T}} \right\rangle \quad , \tag{2.4}$$

D est un tenseur de second ordre et **r** est un vecteur de déplacement indiquant, en même temps, la grandeur et la direction du mouvement brownien. Le tenseur **D** sous la forme généralisée de la relation d'Einstein est connu sous le terme de tenseur de diffusion.

En général, le tenseur de diffusion **D** dépend de la masse des particules, de la structure du milieu et de la température [Berg 1983]. En IRM-TD, la masse des molécules d'eau et la température à laquelle les mesures sont effectuées, sont supposées constantes et connues. Cette hypothèse permet d'interpréter la fluctuation spatiale du tenseur de diffusion en IRM-TD uniquement en termes de structure anatomique locale.

Macroscopiquement, le processus de diffusion est décrit par la première loi de Fick, obtenue par Adolf Fick en 1855 [Berg 1983]. Elle indique que le flux J de diffusion est proportionnel au gradient de la concentration. La constante de proportionnalité D est le coefficient de diffusion.

$$J = -D\nabla C(\mathbf{r}), \tag{2.5}$$

Pour un matériau anisotrope, en général le champ de vecteurs de flux ne suit pas le gradient de concentration directement, parce que les propriétés du matériau influencent aussi la diffusion. En conséquence, le tenseur de diffusion **D** est introduit pour modéliser la matière.

$$\mathbf{J} = -\mathbf{D}\nabla C(\mathbf{r}), \tag{2.6}$$

où **J** est un vecteur représentant la grandeur et la direction du flux de particules et $C(\mathbf{r})$ décrit la concentration de particules à une position donnée **r**. Comme indiqué par la première loi de Fick, l'équation (2.6) prédit un équilibre de flux zéro de particules pour les systèmes ayant une distribution spatiale paire de particules, parce que dans ces systèmes $C(\mathbf{r})$ est constante. La constante négative de la partie droite de l'équation (2.6) est la base pour comprendre la diffusion, car la tendance des particules dans un système est de se déplacer à partir des zones de concentration plus grandes vers celles de concentration moins grandes.

Cette diffusion anisotrope est d'un grand intérêt car elle porte beaucoup d'informations sur l'architecture sous-jacente anatomique des tissus vivants (voir Fig. 4.3). Chaque fois qu'il y a des structures ordonnées, telles que les faisceaux axonaux dans des tissus nerveux ou des filaments de protéines de muscle, l'eau tend à se diffuser le long de telles structures. Si nous pouvons déterminer la façon dont l'eau se diffuse, nous pourrons obtenir de précieuses informations sur l'objet. C'est exactement ce que nous essayons de réaliser en utilisant l'imagerie du tenseur de diffusion (ITD, en anglais, aussi appelé DTI). Le tenseur de diffusion **D** peut être facilement visualisé comme un ellipsoïde Fig. 2.5, où les axes de chaque ellipsoïde correspondent aux directions (ou orientations) des vecteurs propres du tenseur de diffusion et leurs longueurs dépendent des valeurs propres.

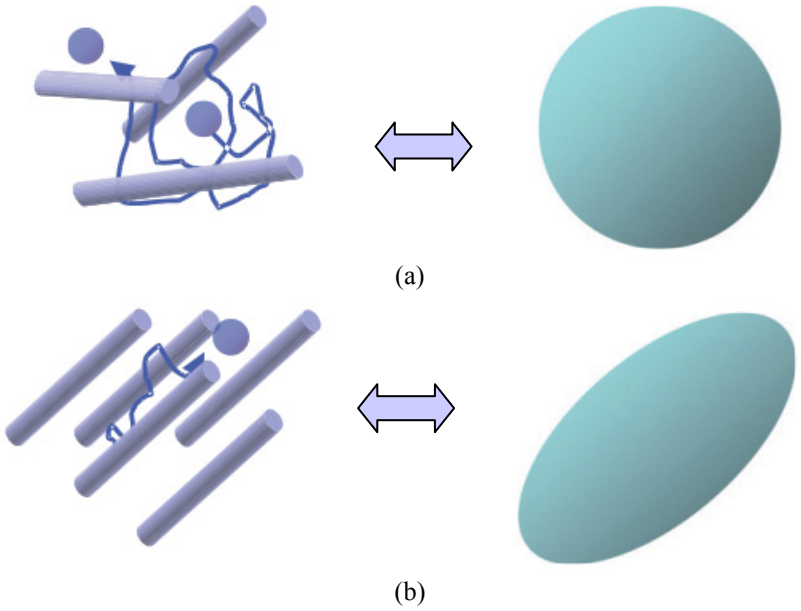


Fig. 2.5 La diffusion de l'eau transporte de l'information si l'environnement est aléatoire (diffusion isotrope) ou structuré (diffusion anisotrope). (a) Diffusion isotrope. (b) Diffusion anisotrope.

2.1.2.2. Imagerie Pondérée en diffusion

Les images pondérées en diffusion utilisent des impulsions de gradient de diffusion pour estimer une quantité relative de diffusion de l'eau dans une direction de mesure $\hat{g}$ (Fig. 2.6). Les images pondérées en diffusion sont la source des données brutes utilisées pour calculer le

tenseur de diffusion. Les images pondérées en diffusion sont mesurées en utilisant la séquence d'imagerie Stejskal-Tanner. Une telle séquence peut être mise en œuvre par l'ajout des impulsions de gradient de diffusion à des séquences d'impulsions standards anatomiques d'IRM. Dans l'exemple le plus simple, une séquence d'impulsions Stejskal-Tanner peut être réalisée en utilisant une séquence d'écho de spin d'IRM avec l'ajout de deux gradients d'encodage et de diffusion [Westin 2002]. La figure 2.6 (a) est une illustration d'une séquence d'impulsions Stejskal-Tanner d'écho de spin.

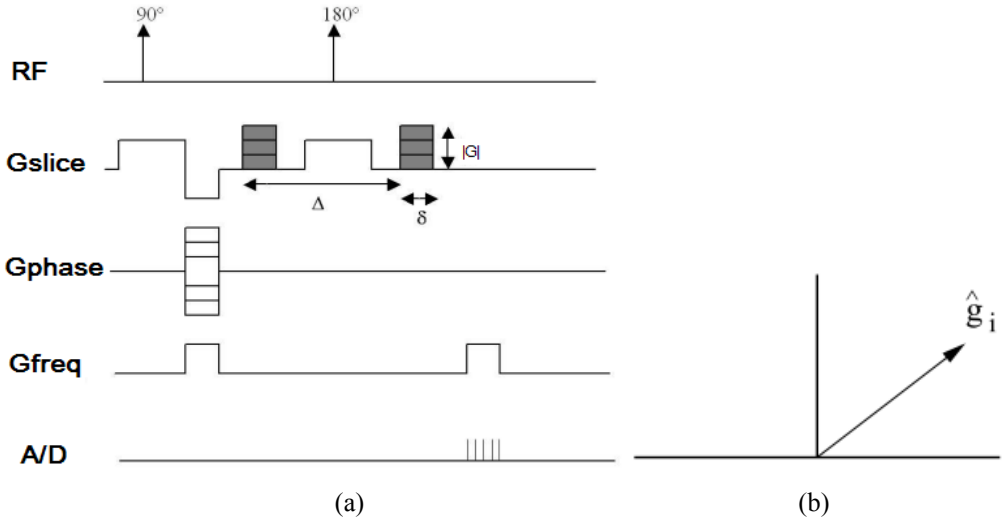


Fig. 2.6 (a) Une séquence d'impulsion d'imagerie Stejskal-Tanner (b) Illustration de l'échantillonnage directionnel d'impulsion de gradient de diffusion dans la direction of $\hat{g}_i$.

L'ajout de deux impulsions de gradient G symétriquement sur l'impulsion RF de 180° permet de mesurer le déphasage de spin dans une direction donnée $\hat{g}$. Les spins qui ne subissent pas de mouvement dans la direction $\hat{g}$ sont recentrés complètement par l'application de l'impulsion à 180° de recentrage, suivie par une répétition de l'impulsion de gradient G. Les spins, qui subissent un mouvement brownien pendant le temps τ_d entre les impulsions de gradient ne sont pas complètement recentrés suivant la seconde impulsion de gradient. Donc cela entraîne une perte de signal.

Dans la pratique, les images pondérées en diffusion sont souvent acquises en utilisant les plus rapides séquences écho-planar (en anglais, EPI) pour réduire le temps d'acquisition [Mangin 2003]. Les séquences écho-planar sont parmi les types de séquences IRM les plus rapides [Webb 2003]. Elles permettent d'obtenir l'ensemble complet de mesures planaires dans l'espace k, et de construire une image pondérée en diffusion en utilisant une seule excitation RF. Contrairement, plusieurs répétitions de sélection RF/phase sont nécessaires pour traverser l'espace K en utilisant une séquence d'écho de spin. Bien que les séquences écho-planar offrent des améliorations du temps d'acquisition et réduisent des artefacts de mouvement, elles sont soumises à des distorsions à cause des courants de Foucault. Ces derniers sont introduits par les grands gradients de diffusion utilisés dans les mesures d'images pondérée en diffusion. Des recherches ont été effectuées sur la correction de distorsion causée par les courants de Foucault dans les images pondérées en diffusion. A titre d'exemple, le travail de [Mangin 2003] a proposé une méthode de recalage utilisant des informations mutuelles afin de corriger les distorsions de courant de Foucault par un recalage de chaque image pondérée en diffusion avec une image pondérée en T_2. Dans ce travail, on suppose que certaines modalités de correction à courants de Foucault ont été mises en œuvre sur les mesures des images pondérées en diffusion avant le calcul du tenseur de diffusion.

La relation entre la perte de cohérence de phase dans le signal RF de spin transversal et l'impulsion de gradient est donnée par l'équation Stejskal-Tanner [Westin 2002],

$$S_i = S_0 e^{-b\hat{g}_i^{\mathrm{T}}\mathbf{D}\hat{g}_i}, \tag{2.7}$$

où b est le facteur de pondération de diffusion [Westin 2002] donné par

$$b = \gamma^2 G^2 \delta^2 \left(\Delta - \frac{\delta}{3}\right), \tag{2.8}$$

Dans l'équation. (2.8), γ est la constante Larmor, δ est la largeur d'impulsion de gradient, Δ est le temps entre deux impulsions de gradient, $|G|$ est la grandeur des impulsions de gradient de diffusion, S_0 est le signal RF reçu sans impulsions de gradient de diffusion et S_i le signal reçu avec des impulsions de gradient de diffusion.

2.1.2.3. Imagerie du tenseur de diffusion par résonance magnétique

En utilisant le modèle Gaussien Stejskal-Tanner en 3D, les six éléments uniques du tenseur de diffusion **D** peuvent être obtenus par l'acquisition d'au moins six mesures pondérées en diffusion dans des directions non-colinéaires $\hat{g}_i$ avec une mesure non-pondérée en diffusion S_0. En prenant plus de six mesures pondérées en diffusion, on crée un système plus limité d'équations qui peut être résolu au moyen d'une méthode des moindres carrés ou de M-estimateurs [Mangin 2003, Masutani 2003]. L'avantage de contraindre plus fortement la solution de **D** permet une réduction du bruit, qui se propage à partir des mesures pondérées en diffusion S_i et perturbe le calcul du tenseur de diffusion. Le système linéaire de n≥6 mesures pondérées en diffusion qui contraint le tenseur de diffusion **D** peut être représenté sous forme matricielle [Masutani 2003, Kingsley, 2006].

$$\begin{bmatrix} g_{x1}^2 & g_{y1}^2 & g_{z1}^2 & 2g_{x1}g_{y1} & 2g_{y1}g_{z1} & 2g_{x1}g_{y1} \\ g_{x2}^2 & g_{y2}^2 & g_{z2}^2 & 2g_{x2}g_{y2} & 2g_{y2}g_{z2} & 2g_{x2}g_{y2} \\ \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots & \vdots \\ g_{xn}^2 & g_{yn}^2 & g_{zn}^2 & 2g_{xn}g_{yn} & 2g_{yn}g_{zn} & 2g_{xn}g_{yn} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} D_{xx} \\ D_{yy} \\ D_{zz} \\ D_{xy} \\ D_{yz} \\ D_{xz} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} -\frac{1}{b}\ln(S_1/S_0) \\ -\frac{1}{b}\ln(S_2/S_0) \\ \vdots \\ -\frac{1}{b}\ln(S_n/S_0) \end{bmatrix}, \tag{2.9}$$

où, (x_i,y_i,z_i) indique la $i^{\text{ème}}$ direction de mesure $\hat{g}_i$.

Dans le système linéaire d'équations **Hd=Y** de l'équation 2.9, **H** est la matrice d'encodage contenant n≥ 6 directions unité -normalisées de gradient de mesure, **d** est un vecteur spécifiant les 6 éléments uniques du tenseur de diffusion **D** et **Y** est un vecteur contenant la perte logarithmique naturelle de signal RF résultant du mouvement brownien de spins.

Une méthode de moindres carrés peut être utilisée pour résoudre l'équation 2.9 pour **D**. Les problèmes de moindres carrés peuvent être résolus en utilisant la pseudo-inverse $\mathbf{H}^{\varphi}$ via une décomposition en valeurs singulières (en anglais, SVD) de **H** [Lawson 1974, Kingsley, 2006].

$$\mathbf{H}^{\varphi} = \mathbf{U}\mathbf{W}\mathbf{V}^{\mathrm{T}}, \tag{2.10}$$

U et **V** sont des matrices orthogonales et **W** est une matrice diagonalisée contenant les valeurs singulières de **H**. L'estimateur de moindres carrés pour le tenseur de diffusion **D** est donné par

$$\mathbf{d} \cong \mathbf{H}^{\varphi}\mathbf{Y}, \tag{2.11}$$

Un tenseur d'ordre n est un modèle mathématique dont les spécifications dans tout système de coordonnées en 3D exigent 3^n valeurs, appelées les composantes du tenseur [Borisenko 1979]. Par conséquent, une quantité scalaire est un tenseur d'ordre zéro et un vecteur est un tenseur d'ordre un. Le terme de tenseur est utilisé pour décrire plus spécifiquement un tenseur de second ordre.

Le tenseur de diffusion **D** est un tenseur réel, symétrique, de second ordre, représenté sous forme matricielle comme une matrice 3 × 3 symétrique réelle.

$$\mathbf{D} = \begin{bmatrix} D_{11} & D_{12} & D_{13} \\ D_{12} & D_{22} & D_{23} \\ D_{13} & D_{23} & D_{33} \end{bmatrix}, \tag{2.12}$$

Les résultats de la diagonalisation du tenseur de diffusion dans un ensemble de trois vecteurs $\mathbf{v}_1$, $\mathbf{v}_2$, $\mathbf{v}_3$ avec les valeurs propres associées λ_1, λ_2, λ_3 sont listées en ordre décroissant. Le système de valeurs propres du tenseur de diffusion peut être interprété graphiquement comme la surface d'un ellipsoïde avec le demi-grand axe orienté dans la direction $\mathbf{v}_1$ et les demi-petit axes orientés dans les directions $\mathbf{v}_2$ et $\mathbf{v}_3$. Les longueurs des axes de cette interprétation ellipsoïdales sont données par les valeurs propres correspondantes, avec une longueur de demi-grand axe λ_1 et des demi-petits axes de longueurs λ_2 et λ_3. Les vecteurs et les valeurs propres possèdent une signification structurale forte:

$$\mathbf{D} = \lambda_1 \mathbf{v}_1 \mathbf{v}_1^{\mathrm{T}} + \lambda_2 \mathbf{v}_2 \mathbf{v}_2^{\mathrm{T}} + \lambda_3 \mathbf{v}_3 \mathbf{v}_3^{\mathrm{T}}, \tag{2.13}$$

Pour satisfaire l'analogie entre le tenseur symétrique réel et l'ellipsoïde qui peut être physiquement réalisable, les valeurs propres de **D** doivent être non-négatives. L'analogie entre un tenseur de diffusion et une surface ellipsoïdale est plus intuitive lorsqu'elle est vue graphiquement, comme Fig. 2.7. Les longueurs des axes de l'ellipsoïde de diffusion, définies par les valeurs propres du tenseur de diffusion, représentent les grandeurs de la diffusion à une position globale $\mathbf{r} = (x, y, z)$ dans le système de coordonnées local $\mathbf{v}_1$, $\mathbf{v}_2$, $\mathbf{v}_3$. Parce que les vecteurs propres du tenseur de diffusion sont situés suivant les axes globaux **x**, **y**, **z**, le système propre du tenseur de diffusion, représenté par l'ellipsoïde de diffusion, fournit des estimations invariantes d'orientation de diffusion dans le système orthonormé global de coordonnées [Canny 1999]. En cas de diffusion purement isotrope, l'ellipsoïde de diffusion prend une forme sphérique, avec $\lambda_1=\lambda_2=\lambda_3$. Il y a deux cas extrêmes de diffusion anisotrope physiquement réalisables, dans lesquels la description ellipsoïdale de la Fig. 2.7 dégénère. Dans un premier cas, la diffusion anisotrope est purement linéaire, $\lambda_1=c$ et $\lambda_2=\lambda_3=0$, l'ellipsoïde de diffusion dégénère en une ligne pointant dans la direction $\mathbf{v}_1$. Dans le deuxième cas, la diffusion anisotrope est purement planaire, l'ellipsoïde de diffusion devient aplati, ce qui signifie que $\lambda_1=\lambda_2$, $\lambda_3 = 0$.

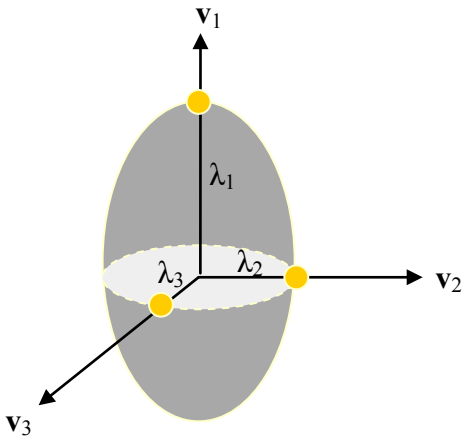


Fig. 2.7 Interprétation graphique d'un tenseur symétrique en termes d'un ellipsoïde

2.1.2.4. Mesures scalaires de diffusion

Un post-traitement des informations extraites via l'IRM-TD permet au clinicien d'obtenir des cartes paramétriques plus rapides à analyser. En effet, différentes propriétés du tenseur de diffusion sont invariantes par rotation (elles ne changent pas quand les orientations des gradients de diffusion subissent une rotation). Par conséquent, ces propriétés peuvent être calculées pour n'importe quelle orientation du tenseur et sont donc utiles pour tirer des informations quantitatives du tenseur de diffusion. Dans cette section, nous allons décrire les mesures scalaires utilisées communément, qui peuvent être divisées en deux catégories: les mesures se référant à la forme et à la taille du tenseur de diffusion, et les mesures relatives à l'orientation du tenseur de diffusion. On va utiliser $\lambda_1 \geq \lambda_2 \geq \lambda_3 \geq 0$ pour se référer à la forme et à la taille du tenseur symétrique, défini-positif de diffusion **D**.

2.1.2.4.1. Mesures de la forme et de la taille du tenseur de diffusion

Anisotropie fractionnelle La plus commune des mesures invariantes par rotation permettant de quantifier l'anisotropie de diffusion est l'anisotropie fractionnelle (FA). Elle estime la déviation de la directionalité par rapport au cas d'une diffusion purement isotrope et reflète le degré de l'alignement des structures cellulaires dans les faisceaux de fibres :

$$FA = \sqrt{\frac{(\lambda_1 - \lambda_2)^2 + (\lambda_2 - \lambda_3)^2 + (\lambda_1 - \lambda_3)^2}{2(\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2)}}, \quad \textbf{(2.14)}$$

où FA = 0 dans le cas d'une diffusion purement isotrope (eau libre), et FA = 1 dans le cas hypothétique d'une diffusion purement unidirectionnelle.

Trace ou diffusivité moyenne La trace ou la diffusivité moyenne (MD) qui mesure l'importance de la diffusion des molécules d'eau localement (pixel ou voxel) est invariante par rotation. Parmi les différentes combinaisons des éléments du tenseur, la trace est un invariant de type :

$$Tr = D_{xx} + D_{yy} + D_{zz} = \lambda_1 + \lambda_2 + \lambda_3, \quad \textbf{(2.15)}$$

La diffusivité moyenne est définie par $MD = Tr/3$.

L'anisotropie fractionnelle et la trace sont cliniquement utiles dans la détection au début des accidents vasculaires cérébraux parce qu'elles sont sensibles au premier gonflement cellulaire (œdème cytotoxique), qui limite la diffusion [Schlaug 1997]. La trace est élevée dans le liquide céphalo-rachidien, environ 9.6×10^{-3}mm^2/s, et relativement constante dans le parenchyme cérébral normal (blanc et matière grise), entre 1.95×10^{-3}mm^2/s and 2.2×10^{-3}mm^2/s [Pierpaoli 1996]. Pour comparaison, le coefficient de l'auto-diffusion d'eau à la température corporelle de 37°C est 3×10^{-3}mm^2/s [Le Bihan 2003], ce qui donnerait une trace de 9×10^{-3}mm^2/s. Pour le cœur humain, la zone de l'infarctus montre une augmentation de la trace et une diminution de la FA par rapport à la zone normale [Wu 2006]. Pourtant, la zone de l'œdème et de l'hémorragie reste encore mal détectée pour le cœur humain.

Mesures de la forme linéaire, plane et sphérique Les mesures les plus intuitives sont C_L, C_P et C_S, qui représentent respectivement la mesure de forme linéaire, la mesure de la forme plane et la mesure de la forme sphérique [Westin 1997, Westin 2002]. Elles décrivent les forme de diffusion de type cigare (linéaire), crêpe (plane), ou sphère (sphérique).

$$C_L = \frac{\lambda_1 - \lambda_2}{\lambda_1}, \quad \textbf{(2.16)}$$

$$C_P = \frac{\lambda_2 - \lambda_3}{\lambda_1}, \quad \textbf{(2.17)}$$

$$C_S = \frac{\lambda_3}{\lambda_1}, \tag{2.18}$$

En voxels avec des mesures planes ou sphériques, le vecteur propre principal ne correspondra pas toujours à un sens sous-jacent de la trace de fibre. Mais si la plus grande valeur propre est beaucoup plus grande que les deux autres valeurs propres, la mesure linéaire sera grande, témoignant de la présence d'une trace de fibre unique. Notons que ces mesures peuvent être normalisées par λ_1 ou par $(\lambda_1^2 + \lambda_2^2 + \lambda_3^2)$.

2.1.2.4.2. Mesures de cohérence et de l'orientation du tenseur de diffusion

Mesure de cohérence Le but de cette mesure est d'évaluer le degré de similarité macroscopique de la diffusivité. Pour ce faire, il faut examiner la distribution des tenseurs ou des directions principales de diffusion.

Soit $\mathbf{v}_{1,p}$ la direction du vecteur propre principal au voxel *p*, c'est à dire le vecteur propre normalisé associé à la plus grande valeur propre du tenseur de diffusion au voxel *p*. Puisque $\mathbf{v}_{1,p}$ est associé à la direction principale de diffusion dans *p*, la cohérence locale des fibres peut être estimée en comparant le vecteur propre principal $\mathbf{v}_{1,p}$ aux vecteurs propres principaux du voisinage de *p*. L'indice de cohérence CI(*p*) se définit donc comme le produit scalaire de $\mathbf{v}_{1,p}$ avec les directions des vecteurs propres principaux des 26 plus proches voisins de *p*:

$$CI(p) = \frac{1}{26} \sum_{w \neq v, \delta(p,w) \leq \sqrt{3}} \mathbf{v}_{1,p} \cdot \mathbf{v}_{1,w}, \tag{2.19}$$

où $\delta(p,w)$ est la distance euclidienne entre le voxel *p* et le voxel *w*. Basser [Basser 96] a démontré l'invariance par rotation de cette mesure.

Carte d'orientation L'idée que la direction principale de diffusion peut être représentée par le vecteur propre associé à la plus grande valeur propre fournit un outil puissant pour visualiser l'organisation spatiale des faisceaux de fibres. Différentes méthodes ont été proposées pour représenter cette direction sur la base voxel par voxel.

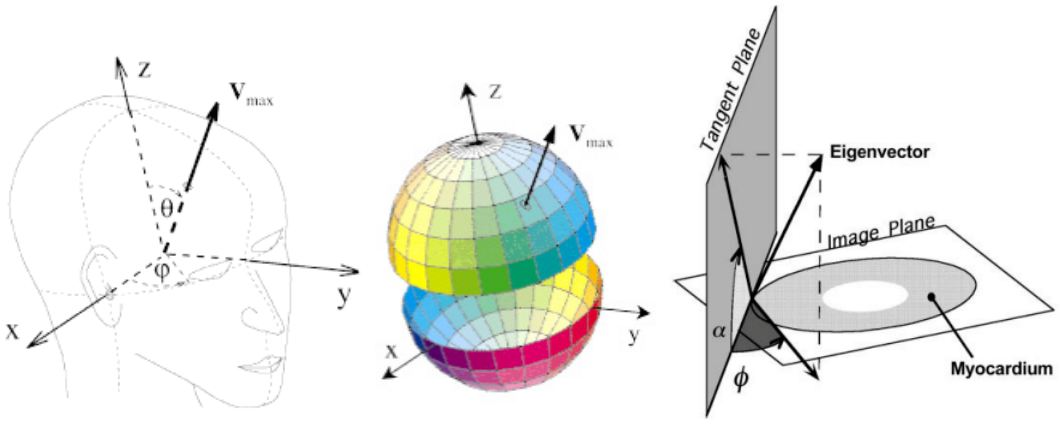


Fig. 2.8 Représentation de la direction principale de diffusion par carte de couleurs: (a) définition de référentiel anatomique pour des images de cerveau, (b) sphère associée à la représentation par couleurs, (c) définition des angles qui sont nécessaires pour déterminer l'orientation des vecteurs propres principaux (l'orientation des fibres), qui nécessite d'abord la détermination du plan tangent. À un point sur la surface épicardique, ce plan est tout simplement la surface du plan tangent. Pour tous les points le long d'une normale vers l'intérieur, le plan tangent est défini comme le plan parallèle au plan tangent épicardique.

La représentation par carte de couleurs (e.g. [Pajevic 1999]) est la plus communément utilisée: en effet, en associant une couleur à chacune des 3 directions de l'espace (rouge: gauche-droite; bleu: cranio-caudale; vert: antéro-postérieur comme illustré sur la Fig. 2.8 dans le cadre du cerveau humain), on peut créer une cartographie des faisceaux indiquant leurs positions, les directions et les anisotropies. L'autre carte de couleurs utilisée communément pour les images IRM-TD est la carte d'angle des fibres, par exemple, l'angle d'inclinaison et l'angle transversal [Scollan 2000]. L'angle d'inclinaison α est l'angle entre l'image (horizontal) et la projection du vecteur propre (ou fibres) sur le plan tangent. L'angle transversal φ est défini comme l'angle entre le plan tangent et la projection du vecteur propre sur le plan de l'image (voir Fig. 2.8(c)).

2.2. Imagerie du cœur humain en lumière polarisée

Il est nécessaire de valider l'utilisation d'IRM-TD comme une méthode de mesure de l'architecture des fibres du myocarde. Ce besoin est pressant pour deux raisons. La première est que l'IRM-TD est utilisée d'une manière indirecte et exige donc une validation comme toutes les méthodes avec des mesures analogues. La seconde est que, l'IRM-TD permet seulement de déduire des informations locales pour l'orientation de fibre, et que les informations sont donc moyennées dans l'espace pour obtenir la connectivité de fibre à une échelle grossière. Ce processus de moyennage ou d'intégration de données d'orientation locale est numériquement précaire, car, bien que des erreurs aléatoires puissent être tolérées, des inexactitudes systématiques sont susceptibles d'être amplifiées. Une nouvelle approche de la validation de l'IRM-TD serait possible si l'on utilisait l'imagerie en lumière polarisée (ILP), qui a été développée pour obtenir des informations directionnelles sur les faisceaux de fibres dans des cœurs fœtaux par l'équipe RFMQ du laboratoire TIMC (Jouk 1994, Jouk 1995, Jouk 2000, Jouk 2007). L'objectif principal de cette section est de rappeler brièvement les principes physiques de l'ILP. Certaines configurations d'équipement pour effectuer des ILPs sont décrites, ainsi que les avantages et les inconvénients de l'ILP.

2.2.1. Propriétés de la lumière polarisée

Le rayonnement électromagnétique se propage comme une onde. L'onde est de type transversal lorsque ses oscillations sont orthogonales à la direction de propagation. Un faisceau lumineux provenant d'une source comme un filament est dit non polarisé car la direction d'oscillation varie à chaque instant d'une manière imprévisible. En revanche, la direction d'oscillation d'un faisceau polarisé varie avec le temps d'une manière aléatoire. Il existe des états différents de polarisation. Un cas extrême est la polarisation plane (ou polarisation linéaire) où toutes les oscillations sont dans le même plan (voir Fig. 2.9); l'autre cas extrême est la polarisation circulaire où le sens d'oscillation tourne à vitesse constante autour de la direction de propagation (voir Fig. 2.10); l'intermédiaire entre ces deux cas est une polarisation elliptique (voir Fig. 2.11). Idéalement, le comportement des états différents de polarisation peut être analysé de manière uniforme en profitant du fait que tout faisceau polarisé est identique à la superposition d'une paire de faisceaux qui sont: (i) polarisés dans les plans perpendiculaires et qui contiennent la direction de propagation, et (ii) dont les amplitudes et la différence de phase entre eux sont choisies de manière appropriée.

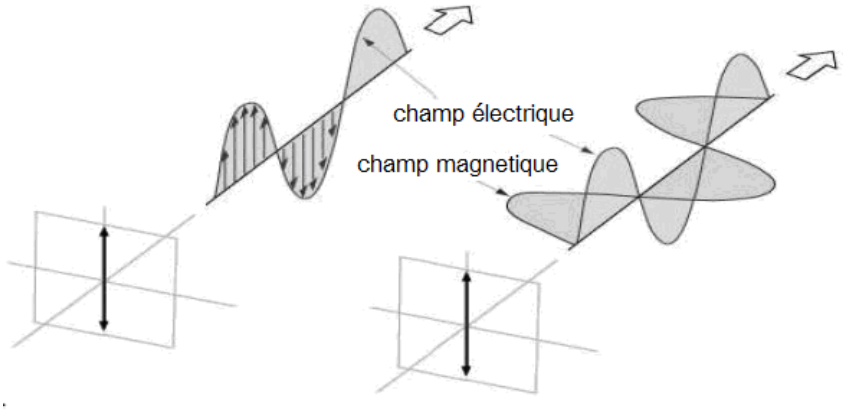


Fig. 2.9 Propagation de la lumière polarisée linéairement. La lumière est dite polarisée linéairement lorsque le champ électrique transverse est en phase avec le champ magnétique.

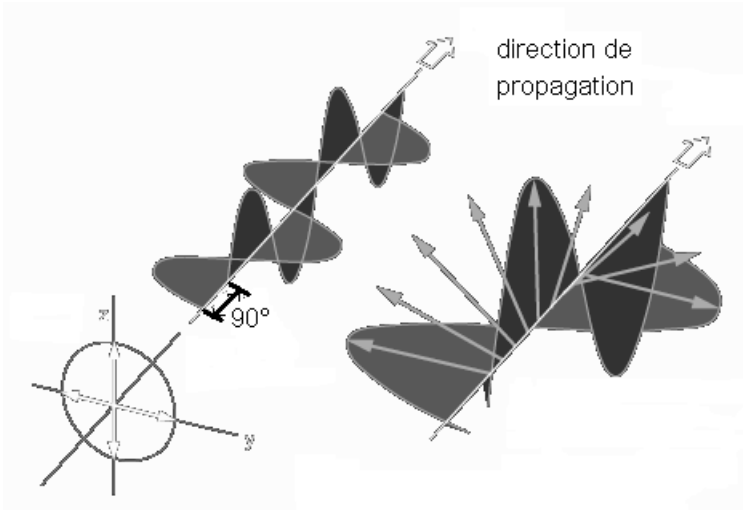


Fig. 2.10 Propagation de la lumière polarisée circulairement. La lumière polarisée circulairement se compose de deux ondes planes électromagnétiques perpendiculaires de même amplitude et 90° de différence en phase. La lumière est illustrée polarisée circulairement droit.

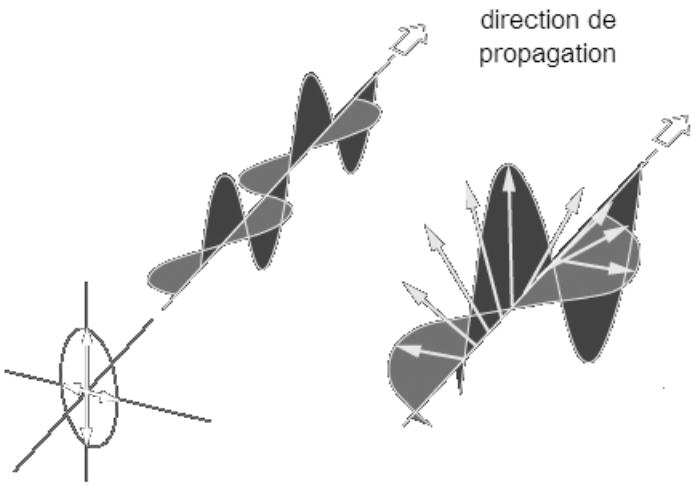


Fig. 2.11 Propagation de la lumière polarisée elliptiquement. La lumière polarisée elliptiquement se compose de deux vagues d'amplitude inégale perpendiculaire qui diffèrent en phase de 90 °. L'illustration montre la lumière polarisée elliptiquement droit.

Quand une onde lumineuse traverse un matériau, elle interagit avec les dipôles du matériau, et se propage alors plus lentement que dans le vide. Cet effet est quantifié par l'indice de réfraction (IR), qui dépend du matériau et qui est défini comme la vitesse dans le vide divisée par la vitesse dans le matériau. L'indice de réfraction est désigné par la lettre *n*. Les indices de réfraction typiques pour les tissus biologiques sont 1.38 pour le muscle [Haskell 1989], 1.40 pour le foie de poulet, 1.46 pour les neurones non fixés [de Campos Vidal 1980], 1.47 pour le tissu adipeux de porc [Lai 2005], 1.48 pour les lipides [Beuthan 1996], et 1.55 pour le collagène [Turner 2000].

Dans les matériaux isotropes la vitesse de propagation de la lumière est indépendante de la direction de celle-ci par rapport à l'objet. La valeur de l'indice de réfraction est unique. A l'inverse dans les matériaux anisotropes dits polarisant, tout se passe comme si la lumière se divisait en deux rayons vibrant à angle droit l'un par rapport à l'autre. Un des rayons, le rayon dit ordinaire, a une vitesse de propagation indépendante de l'angle qu'il fait avec l'objet, la valeur de l'indice de réfraction de l'objet pour ce rayon ordinaire est notée n_w. L'autre rayon, dit extraordinaire, a une vitesse de propagation qui varie selon sa direction par rapport à l'objet.

Cette vitesse de propagation du rayon extraordinaire peut être, selon les matériaux, plus grande ou plus petite que celle du rayon ordinaire, ceci correspondant respectivement à une valeur de l'indice de réfraction de l'objet pour le rayon extraordinaire plus petite ou plus grande. Conventionnellement, la valeur la plus éloignée n_w de l'indice de réfraction de l'objet pour le rayon extraordinaire est notée n_ε, elle correspond à une valeur déterminée de l'angle que fait l'objet avec le rayon lumineux incident. Pour des valeurs différentes de cet angle les valeurs de l'indice de réfraction de l'objet pour le rayon extraordinaire prennent des valeurs intermédiaires entre n_w et n_ε et sont notées $n_{\varepsilon'}$. La plus petite valeur prise par $n_{\varepsilon'}$ est n_w. La valeur absolue de la différence entre n_w et n_ε ou $n_{\varepsilon'}$ est appelée la biréfringence de l'objet. L'indice de biréfringence exprimé dans les tables de matériaux et de composés chimiques est la valeur maximale de $|n_\varepsilon - n_w|$ pour une longueur d'onde de la lumière de 589nm. Lorsque n_ε est supérieur à n_w la biréfringence est dite positive, inversement lorsque n_ε est inférieur à n_w la biréfringence est dite négative.

2.2.2. Imagerie en lumière polarisée

Jouk et son groupe [Jouk 1995] ont conçu un banc optique pour étudier l'orientation des fibres en lumière polarisée. Il est composé des éléments suivants: une source de lumière blanche (*S*), un premier filtre de polarisation linéaire qui est le polariseur (*P*), un statif pour tenir le spécimen (*O*), un autre filtre de polarisation linéaire (*A*) qui est l'analyseur de vibrations dont l'axe est perpendiculaire à celle du polariseur et enfin une caméra CCD (*I*) qui mesure la quantité de lumière transmise (voir Fig. 2.13). Dans ce cadre, la lumière polarisée n'est pas modifiée lorsqu'un spécimen isotrope, ou un échantillon biréfringent avec un axe principal parallèle à l'axe de vibration, est placé dans le chemin optique.

2.2 Imagerie du cœur humain en lumière polarisée

Fig. 2.12 System d'imagerie en lumière polarisée

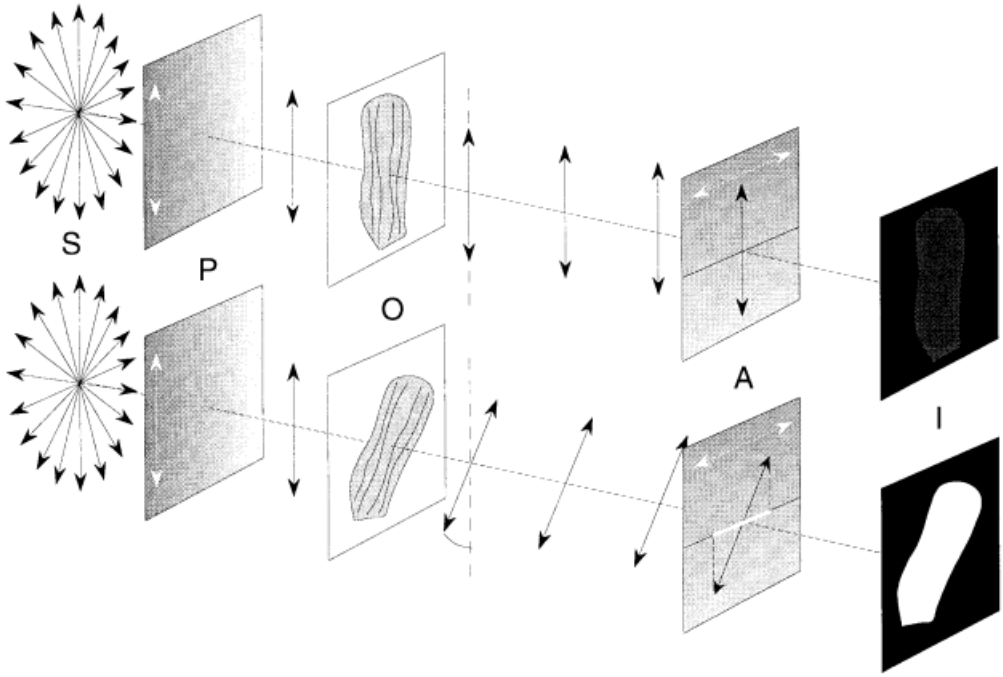


Fig. 2.13 Principe de la mesure de l'orientation des fibres au moyen de la lumière polarisée. De gauche à droite en suivant le chemin optique: *S* source de la lumière non polarisée, les doubles flèches indiquent la direction des vibrations des ondes électromagnétiques; *P* filtre de polarisation avec un axe de polarisation verticale; *O* scène de l'objet, où la coupe de tissu est placée; *A* filtre d'analyse, les axes de polarisation sont orthogonaux à celui de *P*; *I* plan de l'image, où la lumière résultant transmises est recueillie par une caméra vidéo. Supérieur: le sens de la fibre dans *O* est parallèle aux axes de polarisation *P*, les axes de vibrations ne sont pas modifiés par la structure cristalline des fibres du myocarde; toute la lumière est arrêtée par *A*, donnant lieu à une image presque noire en *I*. Basse: le sens de la fibre est de 45 ° par rapport à l'axe de vibration induit une rotation maximale de l'axe de vibration qui en résulte. Une quantité donnée de la lumière est autorisée à traverser le filtre d'analyse *A*, donnant lieu à une image lumineuse en *I*.

La fibre myocardique est biréfringente lorsqu'elle est incorporée dans une résine de méthacrylate de méthyle (MMA). Ainsi, la vitesse de la lumière est plus lente (rayons lents) lorsque la lumière se propage le long de l'axe longitudinal de la fibre que lorsque la propagation s'effectue le long de son axe court (rayons rapides). Lorsque la fibre est placée entre des nicols croisés (voir Fig. 2.12), la quantité de lumière transmise par une seule fibre de biréfringence maximale connue est une fonction de l'orientation en trois dimensions de cette fibre. La quantité de lumière monochromatique qui atteint l'analyseur polaire supérieur est donnée par l'équation de Fresnel simplifiée par Johanssen [Born, 1993].

$$\frac{I}{I_0} = \sin^2 \pi \frac{\Delta}{\lambda} \times \sin^2 2\tau \text{ ,} \qquad \textbf{(2.20)}$$

où Δ est le retard (la différence de temps de parcourt à travers la fibre des rayons rapides et lents, λ la longueur d'onde de la lumière monochromatique, τ l'angle entre la direction de la fibre et la direction la plus proche du polariseur ou de l'analyseur, et I_0 l'intensité de la lumière sans retard (Δ=0). En pratique, on ne considère pas une seule fibre, mais un tissu fait de nombreuses fibres avec des orientations différentes qui doivent être mesurées. Ces orientations peuvent être caractérisées par deux angles: l'angle d'élévation θ et l'angle d'azimut φ. L'angle d'élévation correspond à l'obliquité de la fibre par rapport au plan de la section. L'angle d'azimut est l'angle entre l'axe Est-Ouest de la scène et la projection de la direction des fibres sur le plan de la scène. Pour l'imagerie en lumière polarisée, la convention est celle de la trigonométrie. Ces angles peuvent être tirés de Δ et τ par le biais d'une acquisition multiparamétrique. Quatre images de l'objet statique sont acquises avec quatre réglages différents des croix-polaires. Le premier réglage (α_0) est obtenu en alignant l'axe de vibration du polariseur sur l'axe Est-ouest de la scène du microscope. Les trois autres paramètres ($\alpha_{22.5}$, α_{45} et $\alpha_{67.5}$) sont produits par l'ajout dans le sens des rotations supplémentaires de 22.5° par rapport à la paire des croix-polaires. Les angles φ et θ à chaque point de la section du myocarde ont été obtenus en combinant les mesures (L_{α_0} , $L_{\alpha_{22.5}}$, $L_{\alpha_{45}}$ et $L_{\alpha_{67.5}}$) de l'intensité de la lumière transmise à des pixels correspondants des 4 images en fonction des formules suivantes:

$$\begin{aligned} \phi &= 0.25 \operatorname{Arg}((L_{\alpha_0} - L_{\alpha_{45}}) + i(L_{\alpha_{67.5}} - L_{\alpha_{22.5}})) \\ \theta &= \arccos \sqrt[4]{\frac{L_{\alpha_{\max}}}{L_{\max}}} \end{aligned} \text{ ,} \qquad \textbf{(2.21)}$$

avec i^2=-1, Arg étant l'argument du nombre complexe, $L_{\alpha_{\max}}$ la plus grande des 4 valeurs L_α et $L_{\max}$ l'intensité maximale obtenue pour une fibre à φ=45° et θ=0. La portée de φ est toutefois limitée à 90°, alors que quatre images sont utilisées. Techniquement, il est possible d'étendre cette portée à 180 ° par l'ajout dans le chemin optique d'une lame pleine d'onde et l'enregistrement de quatre images supplémentaires. Cette lame auxiliaire permettra de discriminer le signe du retard dans chaque pixel. Les cartes d'orientation ainsi obtenues pourraient être validées au moyen de la microscopie confocale. L'équipe de Jouk a également vérifié que la petite quantité de collagène dans le ventricule du fœtus n'interfère pas avec la mesure de l'orientation des fibres du myocarde. Cela s'explique par la bonne adéquation des indices de réfraction du MMA et du collagène [Jouk 1994, Jouk 1995]. L'information sur les angles d'azimut et d'élévation était étudiée sur de très faibles volumes. Elle correspond à l'information angulaire moyenne rassemblée dans un volume en forme de briques dont la section est un carré de 0.13 mm et l'épaisseur de 0.5 mm. La résolution de la mesure de l'angle d'azimut est de 1° et la mesure de la portée est située entre 0° et 180°. La résolution de l'angle d'élévation est de 1° entre 20° et 70°, tandis que les angles situés entre 70° et 90° ou entre 0° et 20° ne sont pas résolus (ou obtenus seulement avec un biais systématique). La

portée de l'angle d'élévation est comprise entre 0° et 90°. La conjonction de ces deux angles décrit l'orientation des fibres dans un domaine de référence limité à un quart de la sphère.

2.2.3. Précision et limitation de l'imagerie en lumière polarisée

La méthode dépend fortement de la nature de la molécule dont l'orientation est bien définie, à savoir la molécule de myosine. La myosine est l'une des principales protéines contractiles, alignée sur les cellules et les fibres et intervient dans la conception et la robustesse de la méthode d'imagerie en lumière polarisée. Ensuite, la méthode d'imagerie en lumière polarisée intègre les informations d'orientation au sein de chaque pixel et donne une valeur moyenne de l'orientation de tous les filaments de myosine contenus dans l'épaisseur de la section pour chaque pixel. En outre, la résolution est élevée: dans la plupart des cas, on choisit la taille du voxel à 100µm×100 µm×500µm. La largeur du voxel peut évoluer avec le diamètre de la lentille d'objectif et atteindre des valeurs comprises entre 10 µm×10 µm et 500 µm×500 µm, lorsque l'épaisseur de section est 500 µm [Jouk 2007].

Voyons maintenant la liste des limitations de la méthode d'imagerie en lumière polarisée: la portée de l'angle d'élévation est limitée à 90°. Ainsi, l'angle d'élévation n'est pas totalement défini. La résolution de la mesure est de 1°, comme précédemment, mais seulement entre 20° et 70°. Entre 70° et 90°, la très faible quantité de lumière transmise ne permet pas de résoudre l'angle. Entre 0° et 20°, il existe un biais systématique de la mesure de l'angle d'élévation. Ceci est une conséquence de la dispersion habituelle de l'orientation des fibres autour de l'orientation moyenne et la portée incomplète de la définition de l'angle d'élévation. Lorsque l'élévation moyenne est proche de 0°, les valeurs négatives sont repliées dans le domaine positif et par conséquent l'angle d'élévation moyen reste plus grand que sa valeur réelle. Une autre limite de cette technique est qu'il ne faut pas tenir compte de la biréfringence structurale du collagène. Cela est possible au cours de la période fœtale et durant les 3 premiers mois de vie postnatale, mais pas à un stade ultérieur. C'est probablement une conséquence de l'augmentation du collagène et de la diversification de ses molécules. Trois mois après la naissance, la biréfringence du myocarde n'est plus uniaxiale mais biaxiale. Cette caractéristique ne devrait pas être considérée comme une impossibilité définitive pour l'extraction de l'information sur l'orientation, mais elle augmente la complexité de la tâche. Tenant en compte de ces limitations, l'utilisation en clinique de cette méthode nécessite encore des progrès de l'instrumentation. Cette technique ne peut pas être utilisée en cas de répartition inégale notable de collagène, par exemple quand il y a une fibrose sous-endocardique. De surcroît, il y a aussi des limitations en raison de la taille de l'échantillon du myocarde. L'épaisseur actuelle des sections que l'on peut analyser est de 500 µm qui se trouve être optimale pour l'analyse d'image. Jusqu'à présent, il est possible de réduire l'épaisseur de coupe de 300 µm, mais cela entraîne une augmentation des artefacts due à la variation d'épaisseurs le long de la section: un écart de 20 µm peut être observé entre le point ou l'épaisseur est la plus grande et le point ou l'épaisseur est la plus faible. En outre, la réduction de l'épaisseur de coupe diminue le ratio signal-bruit. Par conséquent, il est difficile d'étudier les ventricules de longueur inférieure à 1.5 cm, car dans un tel cas, la variation géométrique de la courbure de la paroi ventriculaire intérieure de la section n'est plus négligeable. D'autre part, pour les ventricules de taille maximale on est limité par les processus de l'inclusion et la coupe. En fait, la polymérisation de la résine acrylique est exothermique et la surchauffe induite pour les grands échantillons peut dénaturer les protéines. En pratique, il n'est pas possible d'intégrer un cœur de plus de 10 cm car il serait difficile d'obtenir des sections plus grandes avec une épaisseur constante. Chaque section étudiée demande environ 1 h de travail technique et le nombre moyen de sections étudiées pour un seul cœur varie entre 20 et 70. Enfin, cette technique peut être seulement appliquée sur des cœurs ex-vivo, et jusqu'à présent, on peut obtenir les fibres pour une section ou coupe du cœur, mais on n'a pas encore réussi à obtenir les structures de fibre du cœur entier.

Chapitre 3 ETAT DE L'ART DE L'INTERPOLATION DES DONNEES IRM-TD

Sommaire

3.1. Interpolation au niveau des images pondérées en diffusion 37
3.1.1. Les méthodes classiques d'interpolation scalaire 37
3.1.2. Interpolation basée sur les EDP (Equation aux Dérivées Partielles) ...39
3.1.3. Interpolation anisotrope pour les images IRM-TD 40
3.2. Interpolation sur les champs de vecteurs 41
3.2.1. Méthodes basées sur les EDP 41
3.2.2. Interpolation du champ de vecteurs en IRM-TD 42
3.3. Interpolation sur les champs de tenseurs en IRM-TD 44
3.3.1. Interpolation dans l'espace Euclidien 44
3.3.2. Interpolation par la décomposition de Cholesky 45
3.3.3. Interpolation dans l'espace Riemannien 45
3.3.4. Interpolation Log-Euclidienne 47
3.3.5. Interpolation de Geodesie-loxodromie 47

Comme il a été mentionné dans les chapitres précédents, l'IRM-TD a de nombreux avantages sur les autres techniques d'imagerie cardiaque, alors qu'elle souffre d'une faible résolution et d'un bas rapport signal sur bruit. Les traitements de l'IRM-TD utilisent fortement des interpolations pour l'enregistrement, la tractographie ou la validation par microscopie en lumière polarisée. Dans ce chapitre, on passe en revue les algorithmes d'interpolation des données IRM-TD qui sont proposés dans la littérature. Tout d'abord, on révise les méthodes classiques appliquées avec succès pour l'interpolation d'images scalaires, qui peuvent être appliquées aux images pondérées en diffusion. Puis, on étudie les méthodes sur les champs de vecteurs (champ des caractères de tenseur) et sur les champs de tenseurs.

3.1. Interpolation au niveau des images pondérées en diffusion

L'interpolation d'images scalaire est un problème classique de traitement d'image pour lequel une variété de méthodes existe [Lehmann 1999], comme l'interpolation par plus proche voisin, l'interpolation linéaire, l'interpolation quadratique, l'interpolation b-spline, l'interpolation cubique, etc. La composante essentielle de ces techniques d'interpolation est le noyau d'interpolation, qui distingue ces techniques d'interpolation et détermine leurs performances dans le domaine spatial et fréquenciel.

Le tenseur de diffusion est lié aux mesures pondérées en diffusion selon les équations de diffusion de Stejskal-Tanner [Stejskal 1965]: $S_i = S_0 \exp(-bg_i Dg_i^T)$, où g_i est la direction du gradient d'encodage de diffusion associé à S_i ($i = 1,\ldots,N$, N est le numéro du gradient et doit être plus grand que 6), S_0 est la mesure pondérée en diffusion sans sensibilisation de diffusion et la constante b est le facteur de pondération de diffusion.

Au niveau de l'interpolation pondérée en diffusion, les interpolations d'images scalaires sont appliquées à S_i dans chaque coupe (2D).

3.1.1. Les méthodes classiques d'interpolation scalaire

Lors du ré-échantillonnage d'image, l'étape d'interpolation doit permettre de reconstruire un signal 2D continu $s(t_1,t_2)$ à partir de ses échantillons discrets $S(k,l)$ avec $s,t_1,t_2 \in IR$ et

$k,l \in IN^0$. Ceci peut être décrit formellement comme la convolution de l'image échantillonnée discrète avec la réponse impulsionnelle 2D continue ${}_{2D}h(t_1,t_2)$ d'un filtre de reconstruction 2D :

$$s(t_1,t_2) = \sum_k \sum_l S(k,l) \square_{2D} h(t_1 - k, t_2 - l) . \quad \textbf{(3.1)}$$

Habituellement, des noyaux d'interpolation symétriques et séparables sont utilisés pour réduire la complexité de calcul

$${}_{2D}h(t_1,t_2) = h(t_1) \square h(t_2) . \quad \textbf{(3.2)}$$

Les performances de sept méthodes sont comparées dans [Lehmann 1999] en termes des analyses spatiales et de Fourier, de la complexité de calcul, ainsi que des déterminations erronées d'interpolation qualitatives et quantitatives. Ces méthodes incluent: les techniques d'interpolation par plus proche voisin, linéaires, quadratiques, cubiques b-splines, cubiques, Lagrangien et Gaussienne.

Pour l'interpolation par plus proche voisin, le noyau d'interpolation 1D utilisant seulement un échantillon est décrit comme :

$$h_1(t) = \begin{cases} 1, & 0 \le |t| \le 0.5 \\ 0, & elsewhere. \end{cases} . \quad \textbf{(3.3)}$$

Pour l'interpolation linéaire, le noyau d'interpolation 1D entre les deux échantillons distincts est

$$h_2(t) = \begin{cases} 1 - |t|, & 0 \le |t| < 1 \\ 0, & elsewhere. \end{cases} . \quad \textbf{(3.4)}$$

Le noyau symétrique quadratique entre 3 échantillons discrets est donné par

$${}_{quad}h_3(t) = \begin{cases} -2a|t|^2 + 1/2(a+1), & 0 \le |t| < 1/2 \\ a|t|^2 - (2a+1/2)|t| + 3/4(a+1), & 1/2 \le |t| < 2/3 \\ 0, elsewhere. \end{cases} . \quad \textbf{(3.5)}$$

Pour l'interpolation b-spline, le noyau d'interpolation b-spline 1D pour le (m-1)ème degré avec (n +1) points de contrôle peut être décrit comme suit:

$$\begin{aligned} h_{i,1}(t) &= \begin{cases} 1, & if\ t_i \le t \le t_{i+1} \\ 0, & otherwise \end{cases}, \qquad i = 1,\ldots,n-1 \\ h_{i,m}(t) &= h_{i,m-1}(t)\frac{t - t_i}{t_{i+m-1} - t_i} + h_{i+1,m-1}(t)\frac{t_{i+m} - t}{t_{i+m} - t_{i+1}}, \quad i = 1,\ldots,m+n-2 \end{aligned} . \quad \textbf{(3.6)}$$

Les fonctions $h_{i,m}(t)$ sont des polynômes de degré *m*-1. Le modèle b-spline cubique est une forme usuelle des modèles b-spline et les fonctions de base cubiques b-spline $h_{i,4}(t)$ peuvent être utilisées pour un troisième degré b-spline:

$$h_4(t)=\begin{cases}(1/2)|t|^3-|t|^2+2/3, & 0\le|t|<1\\(-1/6)|t|^3+|t|^2-2|t|+4/3, & 1\le/|t|\le 2\\0, \textit{elsewhere.}\end{cases}. \quad \textbf{(3.7)}$$

Le noyau d'interpolation cubique avec deux échantillons discrets est formulé comme,

$${}_{cubic}h_2(t)=\begin{cases}2|t|^3-3|t|^2+1, & 0\le|t|<1\\0, & \textit{elsewhere.}\end{cases}. \quad \textbf{(3.8)}$$

Dans une région N×N avec $n\in\{-N/2+1,-N/2+2,\ldots,N/2\}$, l'interpolation Lagrangien pour l'analyse numérique est définie par :

$${}_{Lagra}h_N(t)=\begin{cases}\prod_{j=0,\, j-\frac{N}{2}+1\neq n}^{N-1}\dfrac{n-i-t}{n-i}, & n-1\le t<n\\0, & \textit{elsewhere.}\end{cases}, \quad \textbf{(3.9)}$$

où $i=j-N/2+1$.

Le noyau du M[ème]-ordre d'interpolation Gaussien est donné par,

$${}_{Gauss}h_N^M(t)=\begin{cases}\sum_{m=0}^{M}\alpha_m\cdot G^m(t,\beta_m), & 0\le|t|<N/2\\0, & \textit{elsewhere.}\end{cases}. \quad \textbf{(3.10)}$$

En particulier, la somme de tous les échantillons devrait être égale à 1 pour tout déplacement $0\le d<1$:

$$\sum_{k=-\infty}^{\infty}h(d+k)\equiv 1. \quad \textbf{(3.11)}$$

Cela signifie que pour tout déplacement d, l'amplification directe en courant sera l'unité et que l'énergie de l'image ré-échantillonnée restera inchangée. En d'autres termes, la luminosité moyenne de l'image n'est pas affectée même si l'image est interpolée ou ré-échantillonnée.

L'élément essentiel de toute technique d'interpolation est le noyau d'interpolation, qui distingue les différentes techniques d'interpolation et détermine leurs performances dans le domaine spatial et fréquentiel. Lehmann [Lehmann 1999] a comparé tous les méthodes classiques susmentionnées suivant : 1) Les analyses spatiales et de Fourier ; 2) La complexité des calculs ; 3) Les déterminations d'erreur d'interpolation qualitatives et quantitatives. Il faut choisir la méthode optimale pour son application spécifique dans l'imagerie médicale.

3.1.2. Interpolation basée sur les EDP (Equation aux Dérivées Partielles)

3.1.2.1. Interpolation basée sur la variation total (TV-interpolation)

Guichard et Malgouyres [Guichard 1998, Malgouyres 2001] ont décrit le problème d'interpolation d'image par la condition de réversibilité :

$$s(t_1,t_2)*_{2D}h(t_1,t_2)=S(k,l)\textbf{, avec } s,t_1,t_2\in IR \textbf{ et } k,l\in IN^0. \quad \textbf{(3.12)}$$

Ils ont proposé de choisir la solution qui minimise la variation totale (TV), $E[s]=\iint_\Omega\|\nabla s\|dxdy$, sous la contrainte que $s\in U_{S,h}$. $U_{S,h}$ est l'ensemble des filtres de

reconstruction 2D défini par l'équation (3.1). Ce problème de minimisation est résolu dans [Guichard 1998] par l'application d'un flux de gradient contraint, qui est décrit par l'EDP suivante :

$$\frac{\partial s(t_1,t_2,t)}{\partial t} = P_{U_{0,h}}\{\mathrm{div}(\frac{\nabla s}{\|\nabla s\|})\}, \quad \textbf{(3.13)}$$

complétée par la condition initiale que s(t_1, t_2, 0) est l'interpolation de remplissage par zéro de S[k, l]. $P_{U_{0,h}}\{\square\}$ désigne l'opérateur de projection orthogonale sur le sous-espace $U_{0,h}$, ce qui correspond à la condition (3.12) avec S[*k, l*]= 0 pour tout (*k, l*). Cette projection assure que $s(t_1, t_2, t) \in U_{S,h}$, $\forall t > 0$, puisque s(t_1, t_2, 0)$\in U_{S,h}$.

Cette méthode conduit à des images reconstruites sans les effets de flous, car elle permet des discontinuités et préserve les structures d'image 1D. Cependant, la TV-minimisation est basée sur l'hypothèse que l'image est presque constante par morceaux et donc donne un résultat avec des régions homogènes trop lissées. En outre, la diffusion de (3.13) est contrôlée par le simple coefficient de $1/\|\nabla s\|$, donc il ne peut pas éliminer les effets de bloc, en particulier dans les régions avec des grandes variations d'image.

3.1.2.2. Belahmidi-Guichard (BG) Méthode

Belahmidi et Guichard [Belahmidi 2004] ont amélioré la TV-interpolation en développant une EDP non linéaire anisotrope, en tant que BG-interpolation. Afin de renforcer la préservation du bord, cette EDP effectue la diffusion d'intensité et d'orientation adaptées aux structures de l'image. La condition de réversibilité (3.12) est prise en compte (avec le choix du noyau moyen pour $h(t_1, t_2)$) en ajoutant à la EDP un terme approprié de fidélité, de sorte que le flux $s(t_1, t_2, t)$ reste proche du sous-espace $U_{S,h}$ (voir [Belahmidi 2004] pour plus de détails). Cette méthode met en balance l'agrandissement linéaire sur des régions homogènes et la diffusion anisotrope près des bords, en essayant de combiner les avantages de ces deux processus. Néanmoins, la diffusion n'est pas toujours bien adaptée aux structures de l'image réelle et le fait que le flux EDP n'est pas contraint à se situer à l'intérieur de $U_{S,h}$ peut diminuer la précision du résultat.

3.1.3. Interpolation anisotrope pour les images IRM-TD

Les méthodes présentées dans la section 3.1.1 sont isotropes et invariantes dans l'espace (les profils de noyaux sont invariables et indépendants de l'orientation et de la position) mais elles ont l'inconvénient de faire abstraction des caractéristiques de l'image locale, telles que les frontières structurelles. Pour éliminer les inconvénients de ces méthodes, la méthode d'interpolation anisotrope a été proposée pour les images du tenseur de diffusion dans [Mishra, 2006]. Cette méthode est variante dans l'espace et peut supprimer le bruit sans compromettre la netteté des limites structurelles.

Les fonctions sigmoïdes du noyau dans le cas 1D sont données à titre d'exemple:

$$h(t) = \begin{cases} (1+\exp(a\times(t-\eta)))^{-1}, & 0<t<1 \\ 0, \quad elsewhere. \end{cases}, \quad \textbf{(3.14)}$$

où, $a_i = a_{\min} + (a_{\max} - a_{\min}) \times \left|\nabla I_i / \nabla I_{\max}\right|$, et $\nabla I_{\max}$ est le gradient d'intensité maximale de l'image; $a_{\max}$ et $a_{\min}$ délimite le mapping linéaire entre a et $|\nabla I|$, de sorte que a sera situé dans un cadre approprié. η est fixé à 0.5 dans [Mishra 2006].

Ce profil de la fonction $h(t)$ dépend de la valeur de a et η. Le paramètre a règle l'acuité de la fonction (un a plus grand donne une fonction $h(t)$ plus fine) et le paramètre η contrôle la position de la variation maximale de la grandeur.

Dans [Mishra 2006], l'auteur a comparé les méthodes conventionnelles avec sa méthode anisotrope au niveau des images pondérées en diffusion et a conclu que l'interpolation anisotrope peut permettre d'obtenir de meilleures performances pour le suivi des fibres en termes d'efficacité, d'exactitude et de précision, que les méthodes conventionnelles (voir Tab. 3.1).

Tab. 3.1 Comparaisons des coefficients de similarité, la longueur moyenne et l'efficacité pour le suivi des fibres, entre les quatre méthodes d'interpolation classiques et l'interpolation anisotrope avec des spirales synthétiques sans bruits.

Interpolation method	Similarity coefficient	Mean length	Tracking efficiency
Linear	0.2924	0.8538	0.2496
Nearest neighbor	0.7548	0.2917	0.2201
Cubic polynomial	0.4092	0.7823	0.3201
Spline	0.4822	1.0000	0.4822
Anisotropic			
a_{max} = 5	0.4127	0.8181	0.3376
a_{max} = 10	0.7023	0.9105	**0.6394**
a_{max} = 15	0.7492	0.8341	**0.6249**
a_{max} = 20	0.4362	0.6988	0.3048

3.2. Interpolation sur les champs de vecteurs

3.2.1. Méthodes basées sur les EDP

3.2.1.1. Modèle EDP de Tschumperlé et Deriche (TD-EDP)

Tschumperlé et Deriche [Tschumperlé 2005] ont proposé une méthode EDP efficace pour la régularisation des images dont les valeurs sont des vecteurs. Cette méthode EDP, que nous appelons la TD-EDP, est principalement conçue pour des applications de restauration d'image, mais elle est présentée ici parce que la méthode suivante RM-EDP est conçue et basée sur cette méthode. Le modèle TD-EDP est un flux de diffusion anisotrope, qui utilise des tenseurs pour adapter la diffusion à la structure de l'image. Soit $\mathbf{s}(t_1, t_2, t)=[s_1,..,s_M]^T$ la sortie d'image vectorielle au temps t et M le nombre de composantes du vecteur. Le modèle TD-EDP peut être décrit par l'ensemble des EDP couplées suivant:

$$\frac{\partial s_m(t_1,t_2,t)}{\partial t} = \mathrm{trace}(T(J_\rho(\nabla s_\sigma))\cdot D^2_{s_m}),\ m=1,...,M\ , \tag{3.15}$$

avec la condition initiale que $\mathbf{s}(t_1, t_2, 0)$ est l'entrée d'image vectorielle. $D^2_{s_m}$ désigne la matrice Hessienne spatiale des components $u_m(t_1, t_2, t)$ et T est le tenseur de diffusion 2×2 :

$$T(J_\rho(\nabla s_\sigma)) = \left[1+(N\ /K)^2\right]^{-1/2}\cdot \mathbf{w}_-\mathbf{w}_-^T + \left[1+(N\ /K)^2\right]^{-1}\cdot \mathbf{w}_+\mathbf{w}_+^T\ , \tag{3.16}$$

où, $N\equiv\sqrt{\lambda_+ + \lambda_-}$ et K sont des constantes de seuil similaires à la diffusivité de [Perona 1990]. En outre, $\lambda_- \le \lambda_+$ et $\mathbf{w}_-, \mathbf{w}_+$ sont les valeurs propres et les vecteurs propres unitaires pour la structure de tenseur 2×2:

$$J_\rho(\nabla s_\sigma) = G_\rho * \sum_{m=1}^{M} \nabla(G_\sigma * s_m)(\nabla(G_\sigma * s_m))^T. \tag{3.17}$$

Les noyaux gaussiens isotropes 2D G_σ et G_ρ sont ceux respectivement des écart-types σ et ρ. Le tenseur de structure $J_\rho(\nabla s_\sigma)$ mesure la géométrie locale des structures de l'image (les circonvolutions de G_σ et G_ρ rendent cette mesure plus cohérente). Les vecteurs propres $\mathbf{w}_-$ et $\mathbf{w}_+$ décrivent l'orientation de variation vectorielle minimale et maximale de **s** et les valeurs propres λ_- et λ_+ décrivent les mesures de ces variations (le terme N est un prédicteur de résistance du bord qui généralise efficacement la norme $\|\nabla s\|$). Ainsi, la diffusion est forte et isotrope dans les régions homogènes (petit N), mais faible et principalement orientée par des structures de l'image vers les bords (grand N). Par conséquent, cette méthode offre un contrôle souple et efficace sur le processus de diffusion (voir [Tschumperlé 2005] pour plus de détails).

3.2.1.2. Modèle EDP de Roussos et Maragos (RM-EDP)

Roussos et Maragos [Roussos 2007] ont amélioré la méthode TD-EDP en utilisant une combinaison efficace de l'approche de la condition de réversibilité [Guichard 1998] et TD-EDP. L'interpolation RM-EDP peut être décrite par le système des EDP couplés suivant:

$$\frac{\partial s_m(t_1,t_2,t)}{\partial t} = P_{U_{0,h}}\{\text{trace}(T(J_\rho(\nabla s_\sigma))\square D^2_{s_m})\}, m = 1,...,M\ , \qquad \textbf{(3.18)}$$

où $P_{U_{0,h}}\{\square\}$ désigne l'opérateur de projection orthogonale sur le sous-espace $U_{0,h}$, $J_\rho(\nabla s_\sigma)$ et le tenseur $T(J_\rho(\nabla s_\sigma))$ sont à nouveau respectivement donnés par les équation (3.17) et (3.16) L'initialisation, qui est similaire à celle de la TV-interpolation proposée dans [Guichard 1998], présente des reconstitutions efficaces des bords de l'image afin d'éviter des flous ou des distorsions sur les bords comme dans les autres méthodes EDP. $P_{U_{0,h}}\{\square\}$ offre l'avantage qu'il n'y a pas besoin de spécifier le temps d'arrêt comme un paramètre supplémentaire. Cette méthode effectue un lissage anisotrope avec des propriétés très similaires à la méthode TD-EDP. Ce fait, en combinaison avec l'analyse de l'article 3.2.1.1, montre que cette méthode supprime les oscillations indésirables et préserve en même temps, lorsqu'elle est appliquée aux images de niveau de gris et de couleur, les structures d'image importantes.

3.2.2. Interpolation du champ de vecteurs en IRM-TD

L'interpolation sur les champs de vecteurs a également été abordée dans la littérature, et est souvent utilisée dans l'IRM-TD pour améliorer les résultats du suivi de la fibre.

3.2.2.1. Interpolation avec des vecteurs propres sélectifs (SEI)

Kim *et al* (2004) ont introduit une interpolation avec des vecteurs propres sélectifs, qui utilise un seuil de produit scalaire pour décider les pondérateurs à ajouter aux vecteurs propres correspondants.

Le principal concept de la méthode de SEI sur le plan 2D est représenté schématiquement dans Fig. 3.1. Le vecteur cible $\mathbf{V}_N$ est obtenu par interpolation linéaire des vecteurs propres principaux voisins, sauf pour un vecteur propre principal gauche supérieur, qui a grand écart angulaire avec ses voisins.

3.2 Interpolation sur les champs de vecteurs

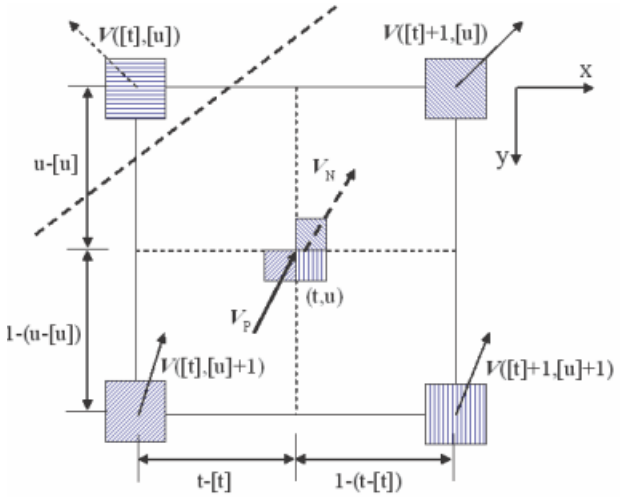


Fig. 3.1 Schéma du critère de sélection des vecteurs pour la SEI méthode sur le plan 2D.

Le modèle de l'interpolation avec des vecteurs propres sélectifs peut être décrit comme suit :

$$\begin{cases} \mathbf{V}_N(t_1,t_2,t_3) = \dfrac{\sum_{i=0}^{1}\sum_{j=0}^{1}\sum_{k=0}^{1} dw(dt_1,dt_2,dt_3,i,j,k)\mathbf{V}([t_1]+i,[t_2]+j,[t_3]+k)}{\sum_{i=0}^{1}\sum_{j=0}^{1}\sum_{k=0}^{1} dw(dt_1,dt_2,dt_3,i,j,k)} \\ dw(dt_1,dt_2,dt_3,i,j,k) = \begin{cases} \left[(1-dt_1)(-1)^i+i\right]\left[(1-dt_2)(-1)^j+j\right]\left[(1-dt_3)(-1)^k+k\right], \\ \qquad if \ \dfrac{\left|\mathbf{V}([t_1]+i,[t_2]+j,[t_3]+k)\cdot\mathbf{V}_p\right|}{\left|\mathbf{V}([t_1]+i,[t_2]+j,[t_3]+k)\right|\left|\mathbf{V}_p\right|} \ge Th \\ 0, \qquad otherwise \end{cases} \end{cases}, \quad \textbf{(3.19)}$$

où i, j et k sont des nombres entiers compris entre 0 à 1 (donc le nombre de voxels voisins est 8 dans l'espace 3D),) $dw(dt_1,dt_2,dt_3,i,j,k)$ est le facteur de pondération de la distance et Th qui est compris entre 0 et 1 est appelé le seuil de produit scalaire et devient le paramètre pour sélectionner le vecteur propre principal. Cette méthode exclue le vecteur principal qui s'écarte beaucoup de direction locale lors de l'interpolation vectorielle dans la reconstruction de fibres par le critère de sélection des vecteurs, ce qui réduit les effets de volume partiel. Si la valeur de seuil du produit scalaire est plus grande, moins de vecteurs principaux déviés sont interpolés.

3.2.2.2. Interpolation pondérée par des vecteurs corrélatifs (CVWI)

Zhao et al (2005) a proposé d'interpoler des composants d'un vecteur principal en utilisant la valeur d'anisotropie fractionnaire comme pondérateur. La méthode CVWI peut être décrite par (3.20) dans l'espace 3D:

$$\mathbf{V}_N(t_1,t_2,t_3) = \sum_i\sum_j\sum_k \frac{FA(i,j,k)\mathbf{V}(i,j,k)}{d^2(i,j,k)}, \quad \textbf{(3.20)}$$

où $\mathbf{V}(i, j, k)$ est le vecteur propre principal unitaire d'un voxel corrélatif, $\mathbf{V}_N$ est le vecteur à interpoler, $FA(i, j, k)$ est la valeur d'anisotropie fractionnaire d'un voxel corrélatif, et $d(i, j, k)$ est la distance entre le voxel corrélatif et le point actuel. Donc, $FA(i, j, k)/d^2(i, j, k)$ est le poids du vecteur propre principal unitaire.

Néanmoins, pour les deux méthodes SEI et CVWI, les composants des vecteurs propres principaux sont interpolés de façon indépendante, en ignorant la relation entre les composants, ce qui peut diminuer la précision du résultat.

3.3. Interpolation sur les champs de tenseurs en IRM-TD

3.3.1. Interpolation dans l'espace Euclidien

3.3.1.1. Interpolation linéaire Euclidienne

La méthode la plus simple pour interpoler des tenseurs de diffusion est la méthode Euclidienne qui consiste à interpoler chaque composante du tenseur de façon indépendante dans l'espace Euclidien en utilisant l'interpolation linéaire (3.4):

$$\mathbf{D}(t) = (1 - t)\mathbf{D}_0 + t\mathbf{D}_1, \qquad \textbf{(3.21)°}$$

où $\mathbf{D}_0$ et $\mathbf{D}_1$ sont des tenseurs originaux, $\mathbf{D}(t)$ est le tenseur à interpoler et $t \in [0,1]$ est le coefficient d'interpolation.

Cette interpolation linéaire sur les champs de tenseurs est souvent utilisée grâce à sa charge de calcul très faible et aux résultats relativement bien meilleurs que ceux que l'interpolation par plus proche voisin.

3.3.1.2. Interpolation anisotrope Euclidienne

Dans [Mishra 2006], l'interpolation anisotrope a été appliquée à chaque composante du tenseur de façon indépendante avec la fonction (3.14).

Une autre interpolation anisotrope des champs de tenseurs est proposée dans [Castaño-Moraga 2004] en utilisant la structure locale de tenseurs. L'idée de cette méthode est de pondérer plus les échantillons dans le sens de variation maximale (par exemple à travers un bord) et moins ceux dans la direction orthogonale (par exemple le long du bord) afin de réduire le flou à l'intérieur d'une région. Elle est réalisée en utilisant une métrique définie à partir d'une structure locale de tenseurs estimée selon une méthode existante proposée par [Rodriguez-Florido 2004].

Cette méthode d'interpolation suppose que le tenseur inconnu dans un point à interpoler peut être estimé comme une combinaison linéaire des tenseurs échantillonnés des positions environnantes:

$$\mathbf{D}(\mathbf{x}) = \frac{\sum_{i=1}^{n} w_i \mathbf{D}(\mathbf{x}_i)}{\sum_{i=1}^{n} w_i}, \qquad \textbf{(3.22)}$$

où $\mathbf{x}$ est le point à interpoler dans notre système de référence, $\mathbf{x}_i$ une position d'échantillons, n le nombre d'échantillons utilisés pour cette interpolation, $w_i = (\mathbf{x} - \mathbf{x}_i)^{\mathrm{T}} \mathbf{T}_x^{-1} (\mathbf{x} - \mathbf{x}_i)$, $\mathbf{T} = \sum_{k=1}^{n(n+1)/2} \left(\sum_{xyz\ldots n} \left\| q_{[k]xyz\ldots n} \right\|^2 \right)^{1/2} \mathbf{M}^k$, $q_{[k]}$ est la sortie d'un filtre de quadrature défini par [Castaño-Moraga 2004] et les indices $xyz\ldots n$ sont associés aux composants du champ de tenseur.

Les pondérateurs sont naturellement contraints d'être positifs, si les tenseurs dans le champ de tenseurs d'entrée sont semi-définis positifs (PSD).Les tenseurs interpolés seront donc aussi semi-définis positifs. Ainsi, cette méthode préserve la propriété de symétrie définie positive des tenseurs de diffusion.

3.3.1.3. Interpolation Euclidienne basée sur le modèle EDP

Une méthode EDP est proposée pour l'interpolation des images du tenseur de diffusion dans [Weichert 2006], qui préserve également la propriété définie positive du tenseur. Pour une image de tenseur $\mathbf{F} = f_{ij} : \Omega \to \mathbf{R}^{n \times n}$, son interpolation $\mathbf{D} = (d_{ij})$ est obtenue par (3.23)

$$c(x)(d_{ij} - f_{ij}) - (1 - c(x))d \nabla(g(\sum_{k,l} \nabla d_{kl,\sigma} \nabla d_{kl,\sigma}^T) \nabla d_{ij}) = 0, \quad \textbf{(3.23)}$$

où $c(x)$ est une fonction de confiance comprise dans l'intervalle $0 < c(x) < 1$, $d_{kl,\sigma}$ est une version lissée par le filtre Gaussien, d est une fonction décroissante de la diffusivité positive.

3.3.2. Interpolation par la décomposition de Cholesky

La méthode de Cholesky [Wang 2004] est d'abord proposée pour l'estimation et la régularisation de tenseur, en minimisant un terme de régularisation avec une norme L^p et en utilisant des facteurs de Cholesky pour accommoder la contrainte définie positive pour le tenseur de diffusion. Nous la présentons ici et l'appliquons au tenseur d'interpolation, car elle fournit un autre type de méthode pour traiter des tenseurs de diffusion, qui prend en compte des contraintes des images pondérées en diffusion et aussi celles des tenseurs de diffusion.

L'interpolation Cholesky des tenseurs comprend trois étapes :

Tout d'abord, on décompose les tenseurs originaux en matrices triangulaires : $\mathbf{D}_0 = \mathbf{L}_0 \mathbf{L}_0^T$, $\mathbf{D}_1 = \mathbf{L}_1 \mathbf{L}_1^T$;

Deuxièmement, on interpole les matrices triangulaires inférieures $\mathbf{L} = (1 - t)\mathbf{L}_0 + t\mathbf{L}_1$;

Enfin, on reconstruit les tenseurs à interpoler avec $\mathbf{D} = \mathbf{L}\mathbf{L}^T$.

Il faut noter que $\mathbf{D}_0$ et $\mathbf{D}_1$ sont des tenseurs originaux et $\mathbf{D}(t)$ est le tenseur à interpoler.

3.3.3. Interpolation dans l'espace Riemannien

Même si certaines méthodes d'interpolation de tenseur dans l'espace Euclidien ont conservé la propriété de symétrie définie positive du tenseur de diffusion, il est proposé par [Pennec 2006, Arsigny 2005 et 2006] que les tenseurs de diffusion ne forment pas un espace vectoriel, car les matrices symétriques définies positives se situent dans un espace restreint à un cône demi convexe. Le calcul de tenseurs dans l'espace Euclidien est en fait discuté pour trois raisons. Premièrement, il n'empêche pas l'apparition de valeurs propres nulles ou négatives lors des calculs. Ce problème apparaît dès que l'application des méthodes EDP, qui est le cas lors de la régularisation ou l'interpolation des champs de tenseurs. Deuxièmement, le calcul Euclidien peut introduire des effets de gonflement lors des calculs. Cela signifie que, lors de l'utilisation classique d'interpolation linéaire Euclidien, l'interpolation des déterminants de tenseur ne peut pas être satisfaisante: un maximum global est généralement atteint entre les deux tenseurs. Troisièmement, la moyenne Euclidienne des *N* tenseurs n'est pas satisfaisante en termes de symétrie (voir plus en détail dans [Arsigny 2005 et 2006]). Sur la base de l'analyse susmentionnée, les méthodes d'interpolation Riemanniennes et Log-Euclidiennes sont proposées.

3.3.3.1. Interpolation linéaire Riemannienne

Dans [Batchelor 2005, Pennec 2006], le calcul matriciel est suggéré être achevé dans l'espace Riemannien car l'espace de matrice du tenseur n'est pas un espace vectoriel, mais une variété. L'interpolation dans l'espace Riemannien est complété par:

$$\mathbf{D}(t) = \exp_{\mathbf{D}_0}(t \log_{\mathbf{D}_0}(\mathbf{D}_1)) = \exp_{\mathbf{D}_1}((1 - t) \log_{\mathbf{D}_1}(\mathbf{D}_0)), \quad \textbf{(3.24)}$$

où $\mathbf{D}_0$ et $\mathbf{D}_1$ sont des tenseurs originaux et $\mathbf{D}(t)$ est le tenseur à interpoler.

Dans [Pennec 2006], l'interpolation de tenseur qui utilise la moyenne pondérée est également introduite dans l'espace de Riemann en utilisant la moyenne de Karchen. Cet algorithme d'interpolation est décrit par :

$$\mathbf{D}(t) = \mathbf{D}_0(t)^{1/2} \exp\left(\sum_{i=1}^{N} w_i(t) \log(\mathbf{D}_0(t)^{-1/2} \mathbf{D}_i \mathbf{D}_0(t)^{-1/2})\right) \mathbf{D}_0(t)^{1/2}, \quad \textbf{(3.25)}$$

3.3.3.2. Interpolation de rotation dans l'espace de Riemann

Dans [Batchelor 2005], une méthode d'interpolation de rotation dans l'espace de Riemann est proposée en diagonalisant des tenseurs de diffusion par des rotations et en interpolant respectivement des matrices diagonales et des matrices de rotation dans l'espace de Riemann.

D'abord, un tenseur de diffusion est décomposé en sa matrice de valeurs propres et sa matrice de vecteurs propres en utilisant $\mathbf{D}_0 = \mathbf{R}_0 \quad _0 \quad _0^{\mathrm{T}}$, où $\mathbf{\Lambda}_0$ est la matrice diagonale avec les trois valeurs propres de tenseur de diffusion alignées dans sa diagonale et $\mathbf{R}_0$ est la matrice des vecteurs propres.

Ensuite, l'interpolation de rotation est réalisée en utilisant $\mathbf{D} = \mathbf{R}(\mathbf{R}_0^{t} \; _1^{1-t} \; (t)^{\mathrm{T}}$ où $\mathbf{R}(t) = \mathbf{R}_1(\mathbf{R}_1^{\mathrm{T}}\mathbf{R}_2)^t$.

Cette interpolation de rotation peut être souhaitable pour les applications qui mettent l'accent sur les orientations des vecteurs propres. Néanmoins, la matrice des vecteurs propres dans la décomposition du tenseur n'est pas unique puisque chaque colonne multipliée par -1 est encore une matrice des vecteurs propres de ce tenseur. Il s'agit d'un problème compliqué et ennuyeux lors de l'interpolation entre plus de deux tenseurs. Dans l'article de [Batchelor 2005], l'interpolation est appliquée uniquement à l'interpolation entre deux tenseurs.

3.3.3.3. Interpolation spline de tenseurs

Dans [Barmpoutis 2007], un algorithme d'approximation et d'interpolation sur les champs de tenseurs de diffusion est proposé par la formation d'un produit de tenseur d'ordre supérieur continu de b-splines en utilisant la métrique riemannienne dans l'espace des matrices symétriques définies positives. Cette méthode implique une procédure en deux étapes, dans laquelle la première étape utilise des distances Riemanniennes pour évaluer une spline de tenseur en calculant une moyenne pondérée intrinsèque de tenseurs, et la deuxième étape minimise la distance Riemannienne entre la spline des tenseurs évalués et les données fournies.

En utilisant un ensemble de $N+m-2$ tenseurs de diffusion ($\mathbf{P}_0$, $\mathbf{P}_1$, …, $\mathbf{P}_{N+m-2}$) sur des grilles 1D, une spline de tenseur $\mathbf{S}(t)$ (avec $t \in [t_i, t_{i+1}]$) du (m-1)ième degré, peut être calculée dans l'espace des tenseurs en calculant une moyenne pondérée intrinsèque, $\sum_{i=0}^{n} \{\square\}$, des tenseurs de contrôle :

$$\mathbf{S}(t) = \sum_{i=0}^{n} w_i \mathbf{P}_i, \quad \textbf{(3.26)}$$

où les pondérateurs sont des fonctions de base $w_i = h_{i,m}(t)$, qui ont été discutés dans la section 3.1.1.

La moyenne pondérée intrinsèque (3.26) des tenseurs est définie en utilisant la distance Riemannienne au lieu de la distance Euclidienne, et elle minimise la fonction d'énergie:

$$E = \frac{1}{2N} \sum_{i=0}^{N-1} \phi(dist(\mathbf{S}(t_i), \mathbf{D}_i)), \quad \textbf{(3.27)}$$

où $\phi(x) = \exp(-x^2/\sigma^2)$, $dist(.,.)$ est la distance géodésique Riemannienne et $\mathbf{D}_i$ est le tenseur aux points de contrôle.

Cette méthode fonctionne bien si le champ de tenseurs est bruité et a été appliquée à la segmentation des hippocampes de rat isolés.

Avec les méthodes d'interpolation Riemannienne, les défauts du calcul Euclidiens sont surmontés: les valeurs propres nulles et négatives sont évitées; les effets de gonflement disparaissent au cours de l'interpolation, la propriété de symétrie définie positive du tenseur de diffusion est préservée. Ces propriétés théoriques sont excellentes, mais la charge de calcul est bien élevée. Cela est essentiellement dû à la courbure de l'espace de Riemann: les calculs des géodésiques et des gradients d'énergie ont des corrections substantielles par rapport à leurs homologues habituels Euclidiens.

3.3.4. Interpolation Log-Euclidienne

L'interpolation Log-Euclidienne [Arsigny 2005 et 2006] est proposée pour réduire la complexité de calcul de Riemann, tout en préservant les principaux avantages de celle de Riemann.

Les notions de logarithme et d'exponentielle de matrice sont centrales dans le cadre théorique Log-Euclidien. Il est intéressant de noter que le logarithme d'un tenseur est une matrice symétrique et inversement, l'exponentielle d'une matrice symétrique redonne un tenseur. En fait, la transformation d'une matrice logarithmique **L** d'un tenseur **S** peut être calculée en trois étapes:

1. on effectue une diagonalisation de **S**, qui fournit une matrice de rotation **R** et une matrice diagonale **Λ** avec les valeurs propres de **S** dans la diagonale de **Λ**, avec l'égalité: $\mathbf{S} = \mathbf{R}^{\mathrm{T}} \bullet \mathbf{\Lambda} \bullet \mathbf{R}$;
2. on transforme chaque élément de la diagonale de **Λ** (qui est nécessairement positive, car elle est une valeur propre de **S**) dans son logarithme naturel afin d'obtenir une nouvelle matrice diagonale **Λ**;
3. on recompose **Λ** et **R** pour obtenir la matrice logarithmique avec la formule : $\mathbf{L} = \log(\mathbf{S}) = \mathbf{R}^{\mathrm{T}} \bullet \mathbf{\Lambda} \bullet \mathbf{R}$.

À l'inverse, la matrice exponentielle **S** est obtenue en remplaçant le logarithme naturel par l'exponentielle scalaire.

L'interpolation Log-Euclidienne linéaire peut être également réalisée en trois étapes:

Tout d'abord, on prend le logarithme des tenseurs originaux: $\mathbf{L}_0 = \log(\mathbf{D}_0),\ \mathbf{L}_1 = \log(\mathbf{D}_1)$.

Deuxièmement, on fait l'interpolation entre les matrices logarithmiques: $\mathbf{L}(t) = (1-t)\log(\mathbf{L}_0) + t\log(\mathbf{L}_1)$.

Enfin, on effectue la reconstruction des tenseurs à interpoler à l'aide de matrice exponentielle: $\mathbf{D}(t) = \exp(\mathbf{L}(t))$.

3.3.5. Interpolation de Geodesie-loxodromie

Une autre méthode d'interpolation du tenseur de diffusion est proposée par Kindlmann [2007a, 2007b et Kindlmann] par la conception d'un chemin d'interpolation appelé géodésie-loxodromie afin d'interpoler d'une manière monotone trois paramètres de forme du tenseur.

Cette méthode d'interpolation peut être complétée par:

Tout d'abord, il faut trouver les trois invariants orthogonaux du tenseur (dans cet article, deux ensembles sont répertoriés):

$$\begin{cases} K_1(\mathbf{D}) = tr(\mathbf{D}) \\ K_2(\mathbf{D}) = |\ \tilde{\mathbf{D}}\ | \\ K_3(\mathbf{D}) = 3\sqrt{6}\det(\tilde{\mathbf{D}}/|\ \tilde{\mathbf{D}}\ |) \end{cases} \textbf{ or } \begin{cases} R_1(\mathbf{D}) = |\ |\mathbf{D}| \\ R_2(\mathbf{D}) = |\ FA = \sqrt{(3\tilde{\mathbf{D}} : \tilde{\mathbf{D}})/(2\mathbf{D} : \mathbf{D})} \\ R_3(\mathbf{D}) = 3\sqrt{6}\det(\tilde{\mathbf{D}}/|\ \tilde{\mathbf{D}}\ |) \end{cases}, \qquad \textbf{(3.28)}$$

où, $\tilde{\mathbf{D}} = \mathbf{D} - \overline{\mathbf{D}}$, $\overline{\mathbf{D}} = tr(\mathbf{D})/3$. S'il faut analyser le paramètre de tenseurs autre que la trace et l'anisotropie fractionnelle, on doit trouver l'ensemble orthogonal pour ce paramètre. Mais

comme aucun invariant complémentaire n'est trouvé pour constituer l'ensemble d'invariant orthogonal du déterminant, on ne peut pas interpoler le déterminant du tenseur de façon monotone.

Deuxièmement, on doit trouver le chemin géodésique-loxodromique pour des tenseurs originaux;

Troisièmement, on interpole les invariants orthogonaux du tenseur le long du chemin géodésique-loxodromique;

Enfin, la reconstruction des tenseurs à interpoler à partir des invariants orthogonaux interpolés est le chemin géodésique-loxodromique.

Un point important est de concevoir l'ensemble des invariants orthogonaux qui devrait comprendre au moins un invariant cliniquement significatif. Cependant, c'est un travail compliqué, car il est parfois difficile de trouver les autres invariants orthogonaux pour un paramètre important, par exemple, les déterminants de tenseur. Il est indiqué dans le document que l'ensemble d'invariants orthogonaux, qui comprennent simultanément l'anisotropie fractionnelle et la trace, n'a pas été trouvé jusqu'à présent.

PARTIE II

CONTRIBUTIONS METHODOLOGIQUES

Chapitre 4 INTERPOLATION OF VECTOR FILEDS FROM HUMAN CARDIAC DT-MRI

Feng Yang, Yue-Min Zhu, Stanislas Rapacchi, Jian-Hua Luo, Marc Robini and Pierre Croisille

Summary

4.1. Introduction 52
4.2. The scheme of noise-reduced interpolation in 2D 53
4.2.1. Localization of noise-corrupted vectors 54
4.2.2. Restoration of noise-corrupted vectors 55
4.2.3. Global TPS interpolation of primary vector fields 55
4.3. The scheme of noised-reduced interpolation in 3D 56
4.4. Experiments and results 57
4.4.1. Data acquisition 57
4.4.2. Performance evaluation 58
4.4.3. Results and discussions of the 2D noise-reduced interpolation 59
4.4.4. Results and discussions of the 3D noise-reduced interpolation 67
4.5. Interpolation of human cardiac DT-MRI using polar coordinate 69
4.5.1. Location of the LV centre 70
4.5.2. Localization of noisy vectors in polar coordinate system 70
4.5.3. Interpolation of primary eigenvector fields using TPS 72
4.6. Experiments and results 72
4.6.1. Data acquisition 72
4.6.2. Evaluation criteria 72
4.6.3. Results and discussion 72
4.7. Conclusions 74

Abstract. There has recently been an increased interest in developing tensor data processing methods for the new medical imaging modality referred to as diffusion tensor magnetic resonance imaging (DT-MRI). The quality of vector fields in human cardiac DT-MRI is primordial for calculating parametric images such as azimuth angle maps and elevation angle maps, and for myocardial fiber tracking.

In this chapter, we propose a category of noise-reduced interpolation methods for the primary eigenvector fields from human cardiac DT-MRI. This category of methods remove the noise-corrupted vectors rather than denoising the whole vector field in a uniform manner, and use the thin plate spline (TPS) model in order to exploit the correlation between vector components for vector field interpolation with desirable properties.

First, a method for interpolating the primary vector fields slice by slice is proposed, with the particularity of achieving interpolation and denoising simultaneously. The method consists of localizing the noise-corrupted vectors using local statistical properties of vector fields, removing the noise-corrupted vectors and reconstructing them by using the Thin Plate Spline (TPS) model, and finally applying global TPS interpolation to increase the resolution in the spatial domain. Since this method interpolates primary eigenvector fields slice by slice, it is referred as 2D noise-reduced interpolation.

Then, this 2D noise-reduced interpolation is extended to 3D, which means denoising and interpolating eigenvector fields by local volume. It is worth noting that the primary eigenvector fields are always 3D regardless of the 2D or 3D method. The proposed 3D method first localizes the noise-corrupted vectors using local statistical properties of vector fields, and then removes the noise-corrupted vectors and at the same time interpolates and reconstructs simultaneously the vector fields using TPS model. Since the global TPS interpolation is replaced by local volume TPS model, computational time is saved.

Finally, the noise-reduced interpolation is converted onto polar coordinate to take into account of the influence of the heart shape on. The proposed method in polar coordinate consists of converting the ventricle onto a polar coordinate space, removing the noise-corrupted vectors and then achieving simultaneously interpolation and denoising.

The results with clinical human cardiac DT-MRI demonstrate that this category of noise-reduced interpolation methods improve the direction coherence of vector fields, the quality of the elevation and azimuth angle maps, and yields smoother and denser fiber tracking for the myocardium.

4.1. Introduction

Diffusion tensor magnetic resonance imaging (DT-MRI, or DTI) is a new technique allowing ex-vivo and in-vivo investigation of the structural properties of fibrous tissues by measuring the relative diffusion of water molecules in different directions [Basser 1994a]. In DT-MRI, to analyze the fiber architecture of brain white matter or of the myocardium, fiber tracking or tractography is often performed from the primary eigenvectors of diffusion tensors. However, due to technical limitations of MRI machines, DT-MRI is sensitive to the difficult compromise between spatial resolution and noise or artifacts [Basser 2000]. This is particularly true for cardiac DT-MRI. Consequently, the computed primary vector fields are often subject to noise or artifacts, which results in harmful impacts on the quality of fiber tracking. Hence, the denoising of vector fields in DT-MRI is an important mean for relaxation of acquisition constraints as well as for applications such as fiber tracking. Meanwhile, in the case of human cardiac DT-MRI, the acquired data is rather sparse in some part of the myocardium because of the low spatial resolution, and the myocardium appears discontinuous. In order to better describe the myocardium, it is necessary to perform data interpolation which can be performed at the level of diffusion-weighted (DW) images, or at the level of tensor fields or vector fields. However, in some situations, the only available information is a vector field. This is the case when we track fibers from vector fields using the most common streamline fiber tracking algorithm that is directly based on primary vector fields, or when we have no possibility to come back to tensor fields or DW images, or still when it is not necessary to come back to tensor fields or DW images. For example, when tracking fibers from polarized light microscopy data, the only information available is the elevation angle map and azimuth angle map [Jouk 2000, 2007], which allow calculating primary vector fields but are not sufficient to reconstruct tensor fields or DW images.

To denoise vector fields, the most popular vector filter is the vector median filter [Astola 1990], which is widely used to remove impulse noise. To improve its performance in the case of additive Gaussian noise, vector median filtering can be combined with linear filtering [Astola 1990] or extended to the weighted vector median filtering [Viero 1994]. Other general purpose vector filters include vector directional filters that eliminate atypical directions [Trahanias 1996], partial differential equations based (PDE-based) regularization methods [Tchumperlé 2003], and wavelet based denoising techniques [Xia 1996, Wetenberg and Ertl 2004, 2005]. In the case of vector fields computed from DT-MRI data, Yoruk [Yoruk 2005] has proposed a PDE-based method to regularize primary diffusion vector fields, which is based on a structure sensitive function derived from local orientation similarity. A variational approach to restoring primary eigenvector fields has been addressed by Coulon [Coulon 2004]; the task is to minimize a total-variation based energy defined for the direction map. Cathier [Cathier 2004] has proposed a vector field regularization method focused on the non-rigid registration by combining vector convolution filter and vectorial spline, which are

deduced from isotropic differential quadratic forms of two-dimensional (2D) deformation vector fields.

Meanwhile, the interpolation of vector fields to improve fiber tracking from DT-MRI data is also addressed in the literature. Zhao [Zhao 2005] has proposed to interpolate primary vector components weighted by fractional anisotropy (FA). Kim [Kim 2004] have introduced a selective eigenvector interpolation method which uses a thresholded inner product to determine the weights associated to the eigenvectors. These methods however present drawbacks, since the vector components in practical applications are generally correlated. This correlation is not accounted for, if vector components are processed independently. In fact, interpolating noisy vector fields can introduce erroneous vectors and does not facilitate fiber tracking at all. This led us to investigate a method that allows interpolating vector fields while denoising.

In this chapter, we propose a category of noise-reduced interpolation methods which remove the noise-corrupted vectors rather than denoising the whole vector field in a uniform manner, and use the thin plate spline (TPS) model [Duchon 1976, Bookstein 1989, Sprengel 1996, Davis 1997] in order to exploit the correlation between vector components for vector field interpolation with desirable properties. More precisely, the method first localizes and removes the noise-corrupted vectors using a vector-homogeneity criterion, and then restores the noisy vectors, as well as increase spatial resolution of the denoised vector field using TPS model.

In order to assess this category of noise-reduced interpolation methods, various criteria are used: the direction maps of vector fields, the elevation and azimuth angle maps of fibers and the quantitative analysis corresponding to the angle maps, as well as the fiber tracking results.

This chapter is organized as follows: the scheme of our noise-reduced interpolation method in 2D is described in section 4.2, while the noise-reduced interpolation method in 3D in section 4.3. Experiments and results of both 2D and 3D methods are given in section 4.4, as well as the discussions. In addition, in section 4.5, we have converted the ventricle onto a polar coordinate space, and achieve simultaneously interpolation and denoising based on the 2D scheme in section 4.2. The corresponding experiments, results and discussion are given in section 4.6. The conclusion of this category of noised-reduced interpolation is given in section 4.7.

4.2. The scheme of noise-reduced interpolation in 2D

This section a method for interpolating the primary vector fields from human cardiac DT-MRI, with the particularity of achieving interpolation and denoising simultaneously. The method consists of localizing the noise-corrupted vectors using local statistical properties of vector fields, removing the noise-corrupted vectors and reconstructing them by using the Thin Plate Spline (TPS) model, and finally applying global TPS interpolation to increase the resolution in the spatial domain. Experiments on 17 human hearts show that the proposed method allows us to obtain higher resolution while reducing noise, preserving details, and improving direction coherence (DC) of vector fields as well as fiber tracking. Moreover, the proposed method perfectly reconstructs azimuth and elevation angle maps. Since the proposed method interpolates the vector fields from DT-MRI slice by slice, we call it a 2D noise-reduced interpolation.

The proposed 2D noise-reduced interpolation is decomposed into three steps: localization of noise-corrupted vectors, local restoration of these erroneous vectors, and global interpolation of the whole vector field. The first step aims at determining the presence of noise-corrupted vectors in a chosen window according to the vector-homogeneity level. The second aims to restore the noise-corrupted vectors by local TPS interpolation and the third to interpolate the whole primary vector field to obtain higher spatial resolution. The flowchart of such noised-reduced interpolation for the primary vector fields using TPS interpolation is shown in Fig. 4.1.

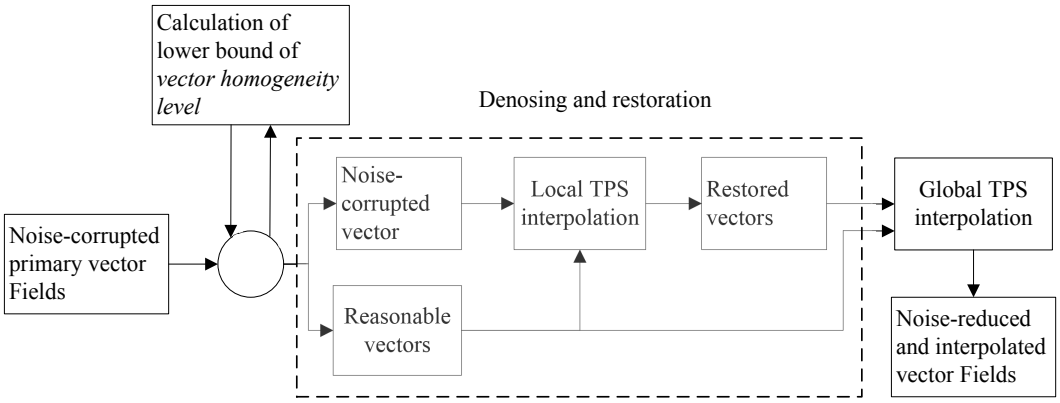


Fig. 4.1 Flowchart of the proposed 2D noise-reduced interpolation of the primary vector fields. The input is a noise-corrupted vector field, and the output is a denoised and interpolated vector field. The dotted rectangle indicates the block of noise-corrupted vector denoising and restoration.

4.2.1. Localization of noise-corrupted vectors

Since eigenvector fields in DT-MRI are not directly produced by MRI machines, but calculated from tensor fields that in turn are derived from raw DW images, the influence of noise on eigenvector fields is difficult to apprehend. Nevertheless, since vectors from any physical DT-MRI always present some spatial correlation, the direction of a vector should not deviate arbitrarily from the directions of its neighboring vectors [Holmes 2000]. This leads us to introduce the notion of vector-homogeneity level to measure the correlation between neighboring vectors. Given a vector field associated with a data slice, we slide a Q×Q window in a non-overlapping way, from left to right and from top to bottom. Inside a given window, all the vectors in the current window are involved in the calculation of the vector-homogeneity level, and each of them is considered in turn as the current vector, whose vector-homogeneity level is computed by comparing it with the other vectors inside the window. Let $\mathbf{v}(x_0, y_0, z_0)$ denote the current vector and let $\{\mathbf{v}(x_k, y_k, z_k)\}_{k=1}^{Q^2-1}$ be its neighboring vectors inside the current window. The vector-homogeneity level of $\mathbf{v}(x_0, y_0, z_0)$ is defined by

$$d(x_0, y_0, z_0) = \frac{1}{Q^2 - 1} \sum_{k=1}^{Q^2-1} (\mathbf{v}(x_0, y_0, z_0) \cdot \mathbf{v}(x_k, y_k, z_k)) \quad \textbf{(4.1)}$$

Note that, if the window size is too small, say 2×2, the neighborhood information is not sufficient to measure the correlation between neighboring vectors. On the contrary, if the window size is too large, say 8×8, too many neighboring vectors are involved and normal vectors may be erroneously confused as noise-corrupted vectors. We found from our experiments that a size of 4×4 gives the best results in terms of localization of noise-corrupted vectors.

When the eigenvectors are of unit length, the inner product $\mathbf{v}(x_0, y_0, z_0) \cdot \mathbf{v}(x_k, y_k, z_k)$ reflects the cosine angle value between $\mathbf{v}(x_0, y_0, z_0)$ and $\mathbf{v}(x_k, y_k, z_k)$, and the vector-homogeneity level $d(x_0, y_0, z_0)$ will be the mean of the cosines of angles between $\mathbf{v}(x_0, y_0, z_0)$ and its Q^2-1 neighbors and will have a value between -1 and 1, as the angle between two vectors is $[0, \pi]$.

We determine the noise-corrupted vectors by fixing a low bound of the vector-homogeneity level. If $d(x_0, y_0, z_0)$ is smaller than this bound, the vector $\mathbf{v}(x_0, y_0, z_0)$ is considered to be incoherent with respect to its neighboring vectors and is regarded as a noise-corrupted vector. The actual denoising step consists in removing the noise-corrupted vectors, which avoids introducing unnecessary smoothing of the vector filed to be interpolated.

4.2.2. Restoration of noise-corrupted vectors

Once the noise-corrupted vectors are localized, they are first discarded and then restored by interpolating their neighbors. To do this, we use the thin plate spline (TPS) interpolation for its ability of accounting for the correlation among vector components and for its smoothing property [Duchon 1976, Bookstein 1989].

The name "thin plate spline" refers to a physical analogy involving the bending of a thin sheet of metal. TPS was initially proposed for image registration to obtain the coordinates in the deformed image from a limited set of control points in the original image together with their positions in the deformed image [Duchon 1976, Bookstein 1989, Sprengel 1996, Davis 1997]. Our immediate purpose here is to restore the noise-corrupted vectors, but TPS interpolation will also be used to increase the spatial resolution of the vector fields specified by irregular points and corresponding vectors, as described in the next subsection.

Three dimensional (3-D) TPS interpolation can be described as follows:

$$\mathbf{f}(x,y,z) = \mathbf{a}_1 + \mathbf{a}_x x + \mathbf{a}_y y + \mathbf{a}_z z + \sum_{i=1}^{n} \mathbf{w}_i U(|P_i - (x,y,z)|) \quad \textbf{(4.2)}$$

,

where $\mathbf{f}(x,y,z)$ designates the vector at coordinate (x,y,z), P_i stands for the coordinates of control points, and $\mathbf{a}_1, \mathbf{a}_x, \mathbf{a}_y, \mathbf{a}_z \in \mathbf{R}^3$ in the first 4 terms are the global affine transform coefficients, while $\mathbf{w}_i \in \mathbf{R}^3$ in the remaining terms are the local non-linear transformation coefficients. The radial basis function: $U(r) = |r| = (x^2 + y^2 + z^2)^{1/2}$, is the fundamental solution of biharmonic equation; it guarantees that the TPS function minimizes the bending energies

$$I(f) = \iiint_{R^3} (f_{xx}^2 + f_{yy}^2 + f_{zz}^2 + 2f_{xy}^2 + 2f_{xz}^2 + 2f_{yz}^2) dxdydz \,, \quad \textbf{(4.3)}$$

where $I(f)$ denotes the energy corresponding to one component of function $\mathbf{f}(x,y,z)$, f_{xx}, f_{yy}, f_{zz} designate the second-order partial derivatives of f, and f_{xy}, f_{xz}, f_{yz} the second-order mixed derivatives of function f. Minimizing the bending energy ensures that the vector fields are optimally smooth [Bookstein 1989]. For this property, we adopt TPS interpolation to restore the noise-corrupted vectors.

In a Q×Q window, if a vector is identified as noise-corrupted, other vectors inside this window will be taken as the landmarks for TPS model to restore the noise-corrupted vector. To get better denoising results, the influence of noise-corrupted vectors in the neighborhood should be reduced as much as possible. To this end, when we choose the landmarks for restoration, we first determine whether the vector-homogeneity level of each neighboring vector is higher than some given low bound. If it is, this neighboring vector will be chosen as a landmark for TPS interpolation. Otherwise, it is discarded from the current restoration process. If the number of noisy vectors inside the current window is greater than one third of the total number of vectors in the window, the neighborhood is considered as a region without clear majority. In this case, we do not denoise any vector in the window.

4.2.3. Global TPS interpolation of primary vector fields

After obtaining the noise-reduced vector field, we perform global TPS interpolation to obtain higher spatial resolution as well as more information for fiber tracking. For this purpose, we only use the vectors inside the myocardium as landmarks for global TPS model so that the resulting interpolation of primary vector fields follow the whole TPS model conditioned by these landmarks. Vectors outside the myocardium are discarded by masks computed from the T2-images.

4.3. The scheme of noised-reduced interpolation in 3D

In this section, a 3D noise-reduced interpolation method is proposed for primary eigenvector fields. This method first localizes the noise-corrupted vectors using local statistical properties of vector fields, and then removes the noise-corrupted vectors and at the same time interpolates and reconstructs simultaneously the vector fields using Thin Plate Spline (TPS) model. Experiments and results show that the proposed method allows us to obtain higher resolution of vector fields while reducing noise, thus generating azimuth angle maps and elevation angle maps closer to reality, and making myocardial fibers denser, longer and more continuous. Since this method interpolate the vector fields by volume, it is refered as 3D noise-reduced interpolation.

The scheme of our noise-reduce interpolation in 3D is given in Fig. 4.2, which includes two main operations: (i) the location of the noise-corrupted vectors and (ii) the reconstruction of noise-corrupted vectors as well as the interpolation of vector field using TPS model.

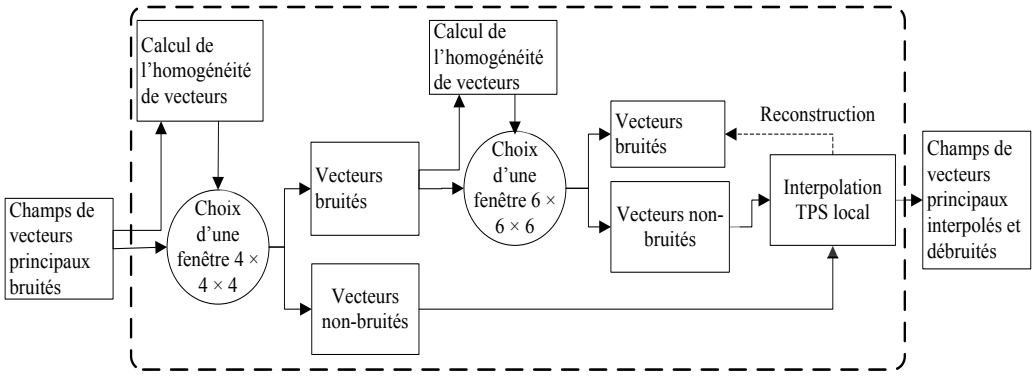


Fig. 4.2 Flowchart of the proposed 3D noise-reduced interpolation of the primary vector fields

As mentioned before, in a local region of myocardium, it is learned from the physiological investigations of [Holmes 2000] that the direction of a given principal eigenvector should not significantly divirate from that of its neighbors. To quantify the correlation between neighboring vectors, we use the homogeneity of vectors defined by the scalar product of vectors in a given 3D window. Considering a window size $M \times M \times M$, denoting the current vector by $\mathbf{v}(x_0, y_0, z_0,)$ and its neighbors by $\{\mathbf{v}(x_k, y_k, z_k)\}_{k=1}^{M^3-1}$, the homogeneity of the vectors in the window is defined by the sum of inner products of vectors:

$$d(x_0, y_0, z_0) = \frac{1}{M^3 - 1} \sum_{k=1}^{M^3-1} (x_0 x_k + y_0 y_k + z_0 z_k), \tag{4.4}$$

If the eigenvectors are of unit length, the dot product $x_0 x_k + y_0 y_k + z_0 z_k$ reflects the cosine of the angle between $\mathbf{v}(x_0, y_0, z_0,)$ and $\mathbf{v}(x_k, y_k, z_k,)$. The vector homogeneity then indicates the average of $M^3 - 1$ cosines of the angles between $\mathbf{v}(x_0, y_0, z_0,)$ and its neighbors, whose value is between -1 and 1.

Similar as in our 2D noise-corrupted interpolation scheme, the noise-corrupted vector is determined by setting a lower bound L_b. When $d(x_0, y_0, z_0,)$ is smaller than L_b, the vector is considered inconsistent with respect to its neighboring vectors, and therefore considered as noise-corrupted in the current window. To avoid mistaking the myocardium border as noise-corrupted vectors, a second larger window is used. If the homogeneity of a vector is smaller than the lower limits of the two windows, it is considered a noise-corrupted vector.

Once the noise-corrupted vector is localized, they are removed and then reconstructed by interpolation from their neighbors. If a vector is identified as noise-corrupted vector, it is eliminated and other vectors of the current window are selected and used as control points in the TPS interpolation for the reconstruction of the denoised vectors.

For a better interpolation while reducing noise, the influence of noisy vectors must be minimized. So when selecting a control point for the restoration and interpolation, we must first determine if the vector is really noise-corrupted or not. If yes, this vector is abandoned in the restoration process, otherwise it is taken as a control point of the model TPS. More precisely, for a given window, if the number of noise-corrupted vectors in this window is larger than a third of all vectors in this window, the area is considered as a region with no majority orientation. In this case, no vector in this window will be regarded as noise-corrupted vector. The area will then be treated as a region of no noise-corrupted vectors, and will be interpolated directly. Again, Vectors outside the myocardium volume are discarded by a 3D mask computed from the T2 image volume.

4.4. Experiments and results

4.4.1. Data acquisition

In our experiments, the primary vector fields were calculated from cardiac DT-MRI data corresponding to seventeen human hearts. Most datasets were acquired under clinical conditions. They concern the cardiac diffusion weighted (DW) images and T2 images, which were acquired from 16 ex-vivo human hearts on a Siemens 1.5-T Magnetom Sonata in the Neuro-Cardiology Hospital of Lyon with the following settings: TE = 98 ms, TR = 8600 ms, FOV = 256×256 mm^2, slice thickness =2 mm, slice spacing =2 mm, number of slices = 52, slice size = 128×128, diffusion sensitivity b = 1000 s/mm^2, gradient directions = 30 or 12 or 6, The sequence used was a 2-D EPI diffusion weighted sequence with a twice-refocused diffusion preparation. The acquisition time for a 3-D dataset with 30 directions and 1 average was about 5 minutes. Each heart was located in a plastic container and fixed by hydrophilic gel to maintain a diastolic shape. This setup has a low dielectric effect and also eliminates unwanted susceptibility artifacts near the boundaries of the heart. The primary vector fields to be interpolated were calculated from these DW images and T2 images.

One cardiac DT-MRI dataset serves as a reference. It was acquired using very long time repeated accumulation (more than 48 hours) to obtain a very high signal-to-noise ratio. This dataset, which was under the form of vector fields, was downloaded from the web site http://www.ccbm.jhu.edu/research/DTMRIDS.php. The corresponding acquisition parameters are the following: gradient directions=19, resolution=0.4297×0.4297×1.0 mm^3, size= 256×256×134. The primary eigenvector field of the dataset was undersampled by a factor of 4 (in each direction) and then corrupted by additive Gaussian noise. Since vector components are correlated with each other, it is not appropriate to add noise to each component independently. Instead, we added Gaussian noise to azimuth and elevation angles of the primary vector fields, which define the primary eigenvector's direction. The standard deviations of the added Gaussian noises range from 0.032 to 0.224. These standard deviation values seem to be small but they are in fact fairly high for vector field data as they are added to the normalized elevation azimuth angles. We define the noisy vector percentage (NVP) as the ratio of the standard deviation of the noise σ_N to that of the reference vector field σ_R :

$$\begin{cases} NVP = \dfrac{\sigma_N}{\sigma_R} \times 100\% \\ \sigma_N = \left(\dfrac{1}{M \times N}\sum_{i=1}^{M}\sum_{j=1}^{N}(nx_{ij} - \overline{nx})^2 + (ny_{ij} - \overline{ny})^2 + (nz_{ij} - \overline{nz})^2\right)^{\frac{1}{2}}, \\ \sigma_R = \left(\dfrac{1}{M \times N}\sum_{i=1}^{M}\sum_{j=1}^{N}(x_{ij} - \overline{x})^2 + (y_{ij} - \overline{y})^2 + (z_{ij} - \overline{z})^2\right)^{\frac{1}{2}} \end{cases} \quad \textbf{(4.5)}$$

where (x_{ij}, y_{ij}, z_{ij}) stands for the three vector components of a reference vector field, $(nx_{ij}, ny_{ij}, nz_{ij})$ designates the vector component subtraction of the corresponding reference

vector field from noisy vector field, $(\bar{x},\bar{y},\bar{z})$ and $(\overline{nx},\overline{ny},\overline{nz})$ respectively indicate the mean reference vector and the mean noise vector, and $M \times N$ is the size of the given slices. The NVP values corresponding to the Gaussian noise standard deviation values in [0.032, 0.224] on elevation and azimuth angles range from 13.73% to 80.42% in the primary vector fields. Note that a greater NVP value indicates a lower SNR or a noisier vector field.

4.4.2. Performance evaluation

The proposed noise-reduced interpolation method is assessed in terms of various criteria, in both qualitative and quantitative manners.

The downsampled and noisy reference vector fields are interpolated using the proposed method and bilinear interpolation, and the results are compared with the reference in terms of azimuth and elevation angle maps.

The elevation angle corresponds to the angle between the fiber and the section plane (shown as ε in Fig. 4.3), while the azimuth angle represents the angle between the projection of the fiber on the section plane and the east-west axis of the same plane (shown as α in Fig. 4.3). The knowledge of these two angles which should range from 0 to π for the azimuth angle and from– π/2 to π/2 for the elevation angle completely determines the direction of the fiber.

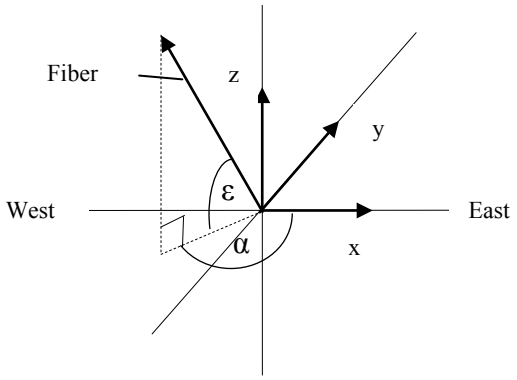


Fig. 4.3 Azimuth angle α and elevation angle ε of a fiber.

The quality of the elevation and azimuth angle maps is assessed using criteria that concern the mean absolute error $\mathrm{ME} = (1/M \times N)\sum_{i=1}^{M}\sum_{j=1}^{N}|X(i,j) - X_0(i,j)|$, the standard deviation $\mathrm{MSE} = \left((1/M \times N)\sum_{i=1}^{M}\sum_{j=1}^{N}(|X(i,j) - X_0(i,j)| - ME)^2\right)^{1/2}$, and the correlation coefficient $r = \sum_{i=1}^{M}\sum_{j=1}^{N}(X(i,j) - \bar{X})(X_0(i,j) - \bar{X}_0) / (\sum_{i=1}^{M}\sum_{j=1}^{N}(X(i,j) - \bar{X})^2(X_0(i,j) - \bar{X}_0)^2)^{\frac{1}{2}}$, where X and X_0 denote the interpolated and the reference images, and $\bar{X}$ and $\bar{X}_0$ stand for their respective means.

The performance of the proposed interpolation method is also assessed in terms of direction map, fiber tracking, and direction-coherence (DC). The DC index we introduce here aims to evaluate the robustness of the denoising and describe the local vector coherence

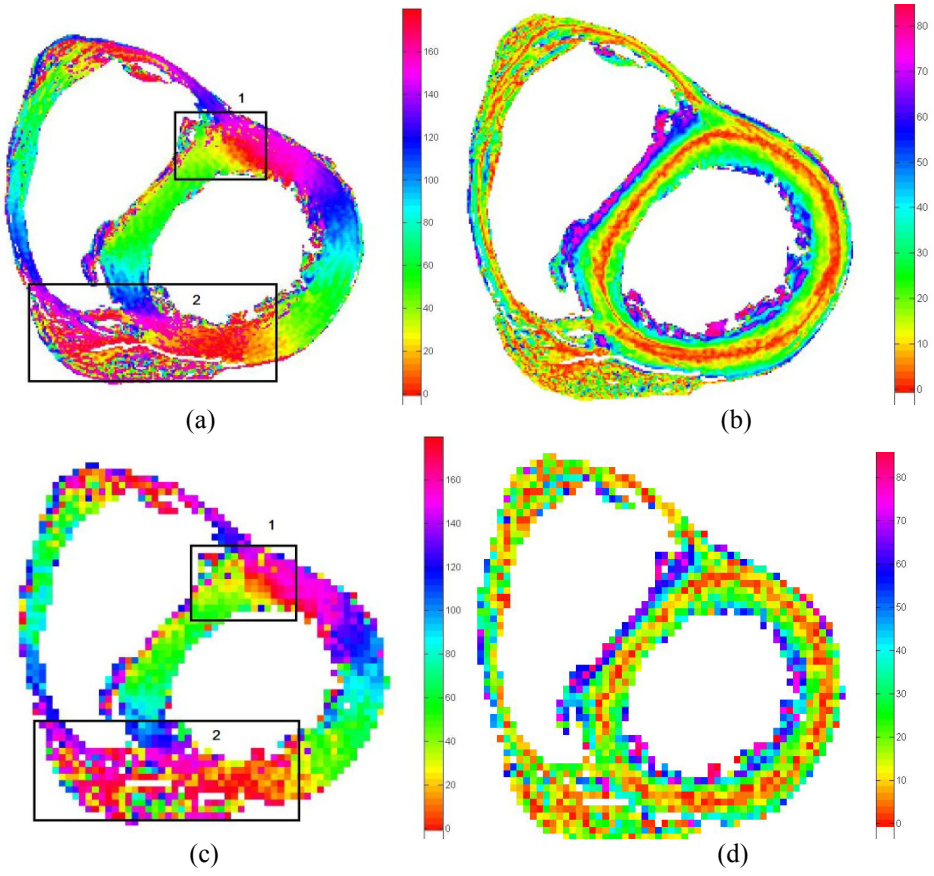
$$DC = 20\lg(C_c / C_i), \quad (4.6)$$

where C_c and C_i denote the number of normal vectors and that of noise-corrupted vectors respectively. A vector is considered as normal or noise-corrupted depending on its vector-homogeneity level defined by Eq. (1). A greater C_c or a smaller C_i indicates more neighboring vectors having close directions and hence a greater DC value means more regular vector fields.

Finally, the influence of vector field interpolation on fiber architecture is assessed by comparing the fiber tracking results obtained from the DW images without interpolation, from the interpolated vector fields and from the interpolated tensor fields. In addition, to compare fiber tracking results from vector field interpolation and tensor field interpolation in the same conditions, we have extended the TPS interpolation to tensor fields as follows. As demonstrated in (Arsigny *et al* 2005, Arsigny *et al* 2006), tensor interpolation in Euclidean space can introduce a swelling effect. To avoid this problem, we take the logarithm of a diffusion tensor $\mathbf{D} = \left[D_{xx}, D_{xy}, D_{xz}; D_{xy}, D_{yy}, D_{yz}; D_{xz}, D_{yz}, D_{zz} \right]$ using the method described in (Arsigny *et al* 2006), then represent the logarithmically tranformed tensor $\mathbf{D'}$ by its six free components $D'_{xx}, D'_{yy}, D'_{zz}, D'_{xy}, D'_{xz}, D'_{yz}$, and finally apply the TPS model to the 6-D vectors representing the logarithmically transformed diffusion tensors.

4.4.3. Results and discussions of the 2D noise-reduced interpolation

Figure 4.4 shows the azimuth and elevation angle maps calculated from the primary vector fields obtained by using bilinear interpolation and the proposed noise-reduced interpolation. Fig. 4.4(a) and 4(b) represent the original maps before undersampling and without adding noise. In Fig. 4.4(a), we can observe the continuous variation in a circular sense of azimuth angles inside the wall of the left ventricle, with the whole range of angles (colors) being visited twice. This variation in azimuth angles reflects the spiral-shaped muscle structure of the heart. A less clear succession of azimuth angles with the whole range of angles being visited only once is present in the right ventricular wall. In Fig. 4.4(b), we observe that elevation angle varies from 25° in the endocardium to 0° in the midwall, and back to 25° in the epicardium for both the left ventricle (LV) and the right ventricle (RV), which reflects the fiber rotation.



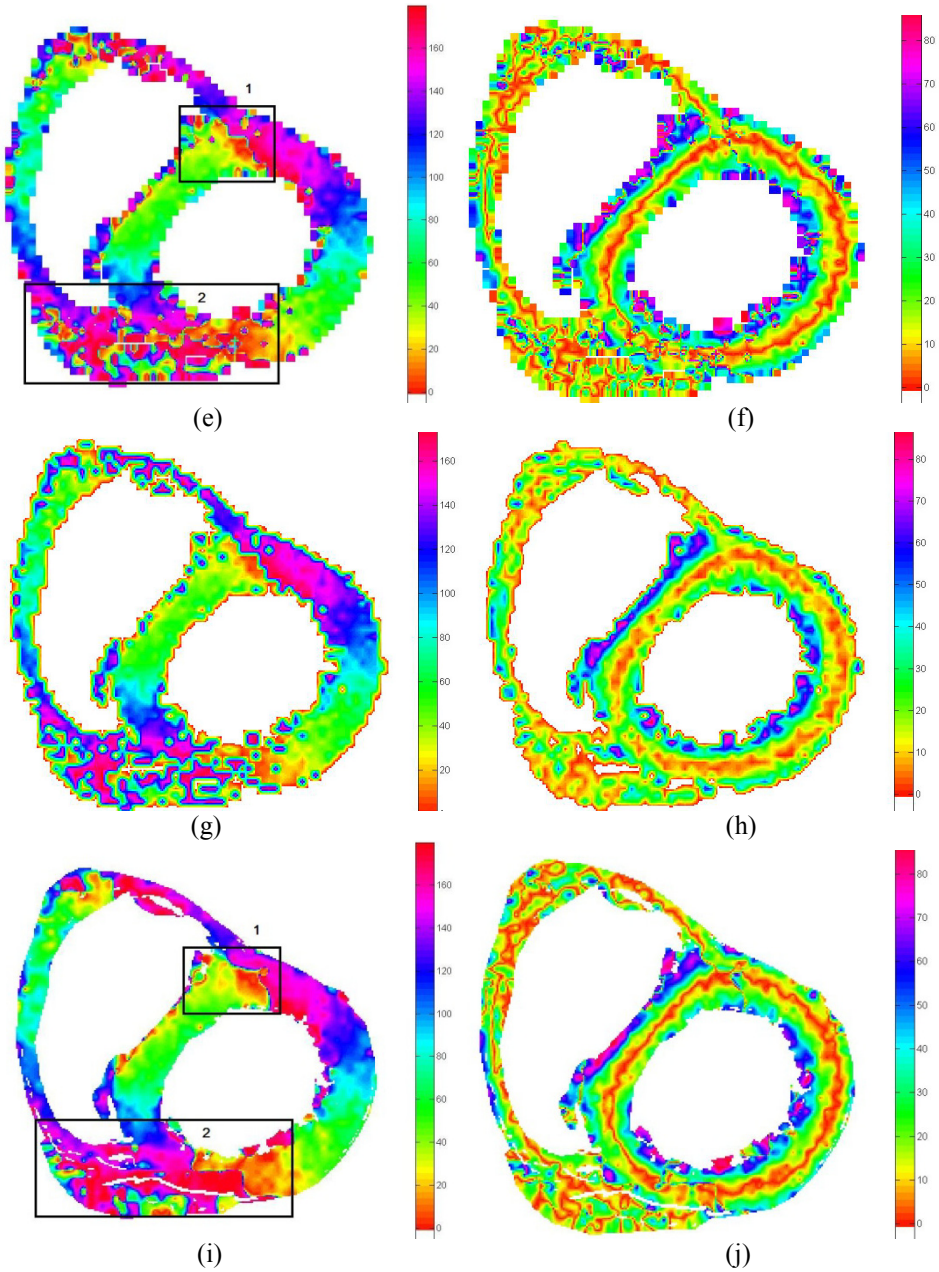


Fig. 4.4 Azimuth angle maps (left column) and elevation angle maps (right column). (a) and (b): original angle maps before downsampling and without added noise. (c) and (d): angle maps after downsampling and addition of Gaussian noise (the percentage of noisy vectors is 13.73%). (e) and (f): angle maps calculated from the primary vector fields obtained by bilinear interpolation. (g) and (h): Bilinear interpolation of the noisy angle maps calculated from the primary vector fields. (i) and (j): angle maps calculated from the primary vector fields obtained by using our noise-reduced interpoilation.

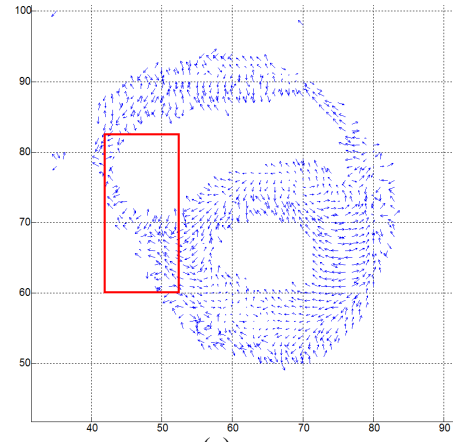
The regular variation pattern of azimuth and elevation angle is preserved after bilinear interpolations of vector field, direct bilinear interpolation of angle maps, and our proposed noise-reduced interpolation. However, bilinear interpolations of both vector field and angle maps introduce many serrate artifacts around the contour of the ventricles in the elevation angle map, while elevation angle map obtained with the proposed method is very close to the reference (Fig. 4.4(b)). Similar results are observed for the azimuth angle. Bilinear interpolation from both vector field and angle maps produce serrate artifacts near the contour of the left ventricle. In addition, (the rectangular) region 2 where the azimuth angle changes from 120° to 180° and then from 0° to 20°, becomes greatly confused after bilinear

interpolations, and it is difficult to recognize the spiral-shaped succession of different azimuth angles in this region. Similar artifacts introduced by bilinear interpolations are visible in the regions having the same azimuth angle range in the right ventricle wall. By contrast, the azimuth angle map obtained with the proposed method is very smooth and close to the reference (Fig. 4.4(a)). The discontinuities of the azimuth angle observed in regions 1 and 2 with our method are due to the fact that the involved vectors (before interpolation) having opposite directions (azimuth angle varies from 180° to 0°) are not noisy vectors and are interpolated directly.

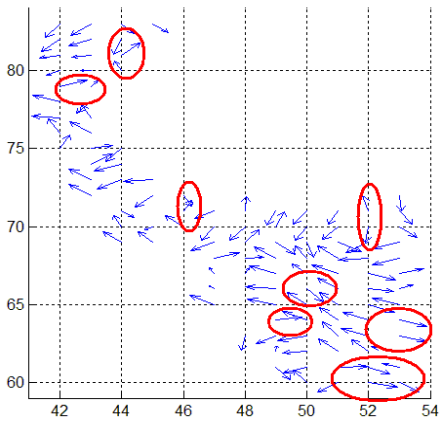
Quantitative comparison results concerning the azimuth and elevation angle maps for a same slice of a heart obtained using bilinear interpolations of vector field and angle maps, as well as our proposed interpolation of vector field are summarized in Tab. 4.1. Regardless of the NVP, our noise-reduced interpolation always yields significantly smaller mean absolute errors and standard deviations, and higher correlation coefficient than bilinear interpolations no matter from vector field or angle maps. In addition, the correlation coefficient with our method does not decrease significantly when the NVP increases. Especially for azimuth angles, the correlation coefficient even increases a little when the NVP increases from 13.73% to 40.99%, while the correlation coefficient with bilinear interpolation always decreases with the increase of NVP. This shows that our noise-reduced interpolation is more robust to noise. It is worth noticing that the azimuth angle map exhibits much higher standard deviations than the elevation angle map regardless of the used interpolation method. This is because in some areas of the azimuth angle map (regions 1 and 2 in Fig. 4.4(a)), the direction of projections on the east-west axis of the corresponding fibers varies rapidly and abruptly so that a boundary between these rapidly changing vectors appears after interpolation using bilinear interpolation or our method. Moreover, if the vector field is very noisy (e.g. the right myocardium in region 2), it is impossible to interpolate it correctly using either bilinear interpolation of vector field or angle map (we can see it from the chaotic appearance in region 2) or the proposed method (although in this case the azimuth angle map in the same region is very smooth, it is still different from the azimuth angle map calculated from the reference vector field). As a consequence, the local direction of the fibers would become very disordered. For this situation, both interpolation methods produce artifacts in regions 1 and 2 which contribute to high standard deviation values for the azimuth angle map.

Tab. 4.1 Quantitative analysis of angle maps obtained using bilinear interpolation and our noise-reduce interpolation for a same slice of a human heart.

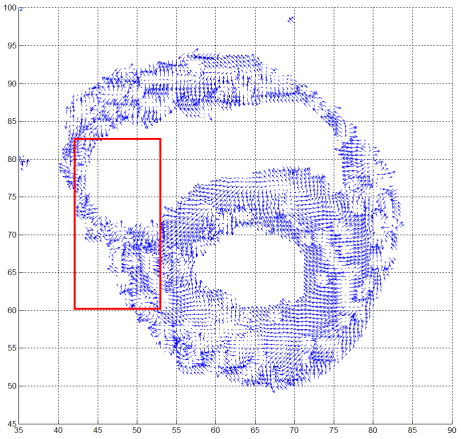
NVP%		Elevation angle			Azimuth angle		
		Mean absolute error	Standard deviation	Correlation efficient	Mean absolute error	Standard deviation	Correlation efficient
13.73%	Bilinear angle	3.695	8.653	0.8735	12.02	30.03	0.8224
	Bilinear vector	5.307	13.14	0.7589	15.13	38.82	0.7342
	TPS	2.845	7.566	0.9094	9.320	29.96	0.8406
40.99%	Bilinear angle	4.945	9.857	0.8364	12.84	28.78	0.8209
	Bilinear vector	6.565	14.26	0.7313	16.14	38.45	0.7330
	TPS	3.993	9.157	0.8697	10.06	29.11	0.8446
80.42%	Bilinear angle	7.800	14.53	0.7474	13.76	29.43	0.8183
	Bilinear vector	9.439	18.52	0.6557	17.44	38.00	0.7264
	TPS	6.204	13.40	0.7973	11.65	29.13	0.8363



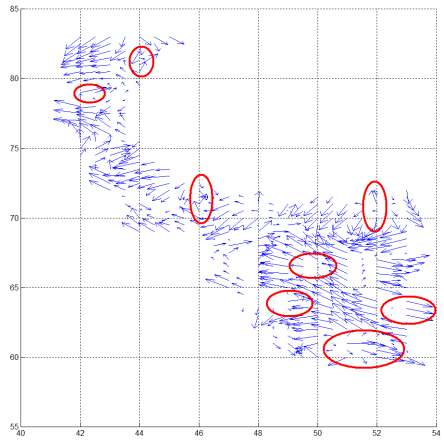
(a)



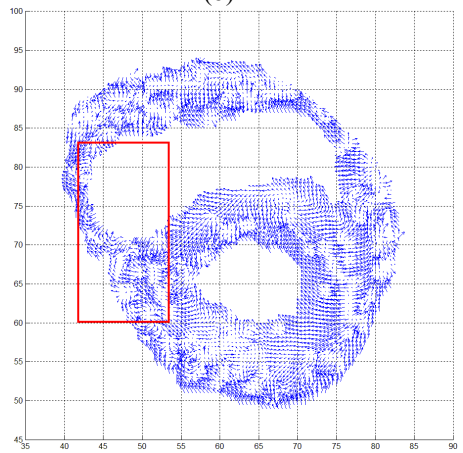
(e)



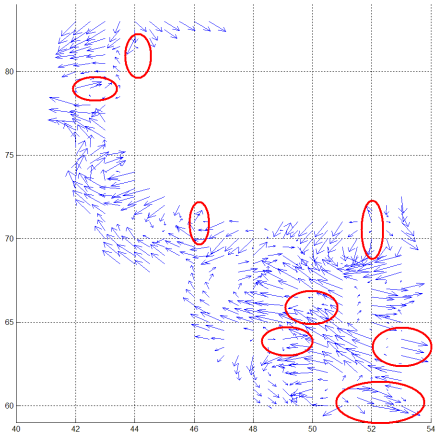
(b)



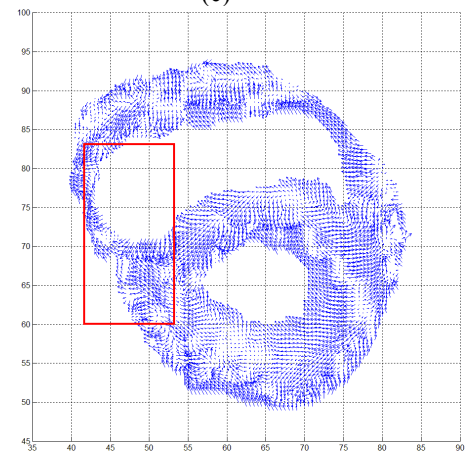
(f)

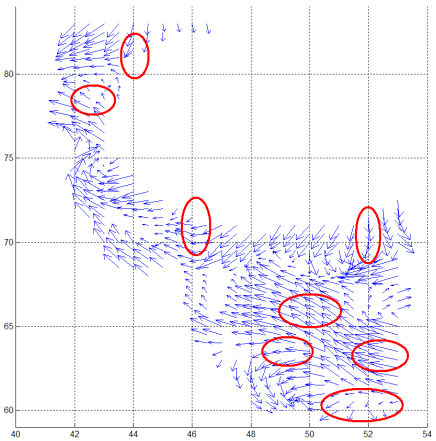


(c)



(g)

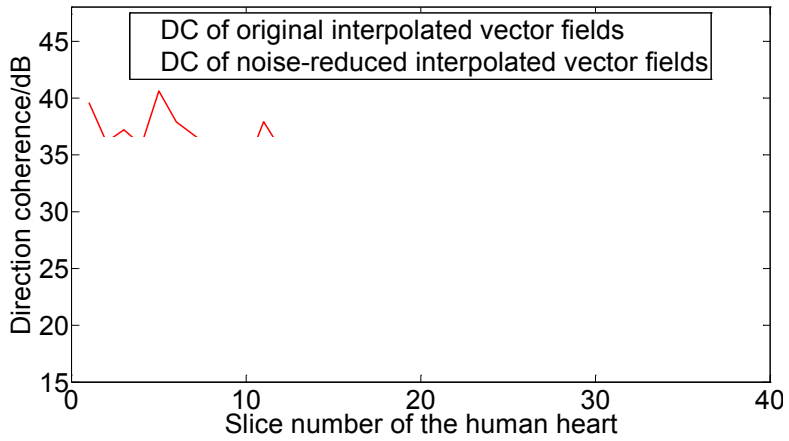




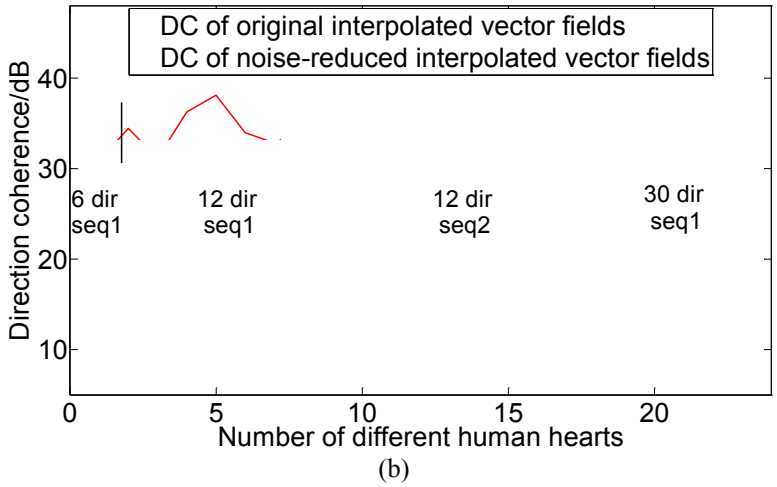
(d) (h)

Fig. 4.5 Results of noise-reduced interpolation of a primary eigenvector field corresponding to the 10th slice of a human heart dataset. (a) Original primary vector field. (b) Bilinear interpolation of the primary vector field. (c) TPS interpolation of the primary vector field. (d) Noise-reduced TPS interpolation of the primary vector field. (e), (f), (g) and (h): the corresponding sparse regions marked with red rectangles.

Figure 4.5 illustrates the results of noise-reduced interpolation for primary eigenvector fields corresponding to the 10th slice of a human heart dataset. The vector fields are obviously denser after interpolation. However, with the standard bilinear vector interpolation method, the number of noise-corrupted vectors increases. With the TPS interpolation without denoising, in the insight of the whole interpolated vector filed, it is a litter smoother than that from bilinear interpolation, but the noise-corrupted vectors stay unchanged. By contrast, with our noise-reduced interpolation, the primary eigenvector field is smoother, and structure details (such as myocardium shape and fiber orientations) are preserved. Since the primary eigenvector's direction corresponds to the fiber orientation at this position, the fiber tracking of the myocardium from the output of our method should be better and more robust than with standard bilinear interpolation.



(a)

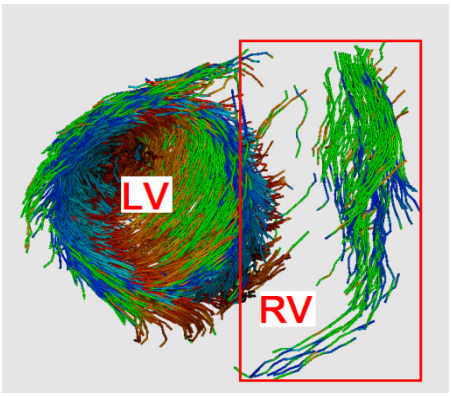


(b)

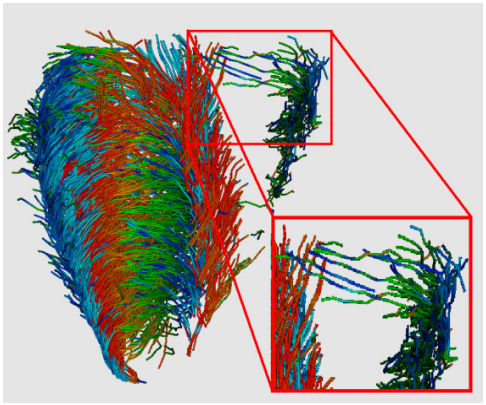
Fig. 4.6 DC curves of primary vector fields before and after noise-reduced interpolation. (a) Comparison of DC values before and after interpolation for different slices in the same human heart. (b) Comparison of DC values before and after interpolation for the same slice in different human hearts with different gradient directions and sequences. "seq1" indicates "ep2d-diff", while "squ2" denotes "ep2d-stejskal" sequence. "squ1" and "squ2" are 2D EPI diffusion weighted sequences with a twice-refocused diffusion preparation.

Figure 4.6 shows the comparison of the DC values of vector fields before and after noise-reduced interpolation for two different slices in the same human heart and for the same slice but in different human hearts. The results show that the proposed method improves the DC of primary vector fields by increasing its values by about 15 dB in average, compared to the results obtained by direct interpolation of the original vector fields. In other words, vectors are more coherent after our noise-reduced interpolation. Notice that the DC curve varies irregularly; this is caused by the fact that the shape of the myocardium, especially in the right ventricle, is rather irregular and varies greatly from the slice near the base to the slice near the apex. Figure 4.6(a) shows that DC values from slice 10 to slice 20 are rather close (blue line). This is due to the fact that the myocardium shapes of the corresponding slices are similar. After the noise-reduced interpolation, the slices do not have the same DC increasing. For example, the DC of the 13th slice is close to that of its neighboring slices before denoising, whereas after denoising, it becomes smaller than those of its neighboring slices, which implies that the vector field corresponding to the 13th slice is the most coherent, compared to its neighboring slices. The more coherent the vector field (or equivalently, the smaller the number of noise-corrupted vectors), the smaller the difference between the denoised and original vector fields (i.e. the smaller the increase of DC). Figure 4.6 (b) displays the DC variations before and after interpolation for the sixteen hearts acquired under clinical conditions with different gradient directions and different sequences. Our proposed method always produces greater DC values regardless of the number of gradient directions.

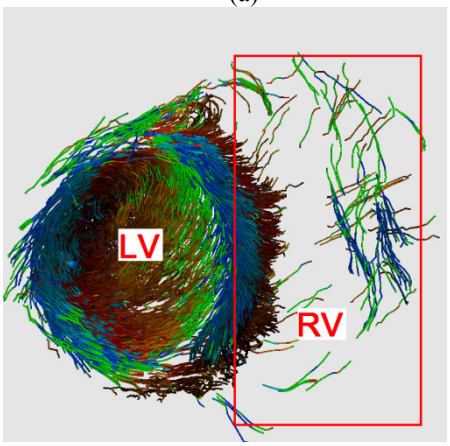
Figure 4.7 provides an example of fiber tracking improvement when using the standard bilinear interpolation, TPS interpolation and our proposed noise-reduced interpolation for primary vector fields. It concerns a human heart dataset with 52 slices; the conventional streamline algorithm is used to track the fibers. The visualization uses a color coded representation of the eigenvector's directions. The left column of Fig. 4.7 shows top views of the fiber architecture, while the right column displays lateral views. We observe that the fibers are sometimes discontinuous (or even disappear) in some parts of the right ventricle, because the primary eigenvectors in these regions are so incoherent or so sparse that it is impossible or difficult to track fibers using the streamline algorithm. Comparing the normal and sparse regions in Fig. 4.7(a) to those in Fig. 4.7(c) (those regions correspond to the left and right ventricles, respectively), we observe that the fibers obtained from standard bilinear interpolation become denser in the normal region, but no possible effect is produced in the sparse region. In fact, the fibers in the sparse region become sparser and more disordered, as can be seen in the boxed region in Fig. 4.7(c) and 4.7 (d). This is because the number of noise-corrupted eigenvectors in the sparse regions increases and the interpolated vector field becomes even more incoherent after interpolation. As a result, fibers are more difficult to be formed and altered by the noise-corrupted vectors. Fibers tracked from the interpolated vector fields from TPS interpolation are denser and smoother than those from bilinear interpolation, but the fibers in the sparse regions are still more discontinuous and sparser than fibers from the original vector fields. In the case of the vector field processed with our method, the fibers in both the normal and sparse regions become significantly denser and smoother (see in Fig. 4.7(g) and Fig. 4.7(h)). The reason is that the corresponding primary eigenvectors are more coherent after our noise-reduced interpolation, which makes the fiber easier to be tracked when using the streamline algorithm.



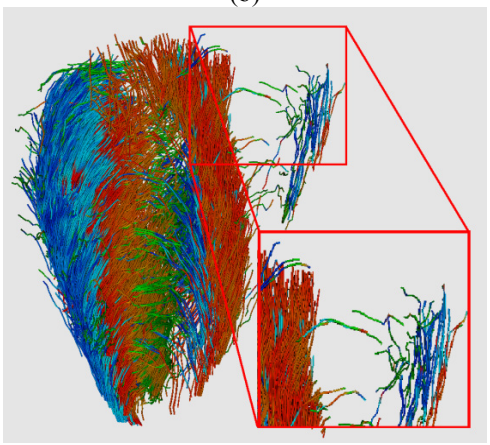
(a)



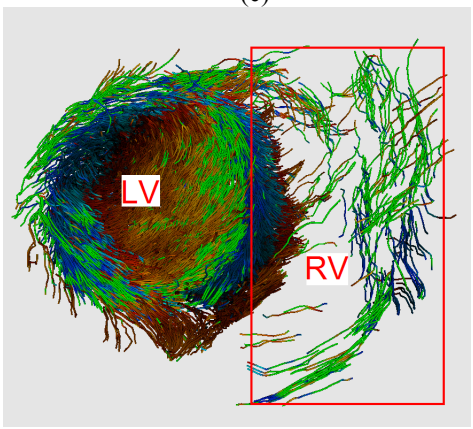
(b)



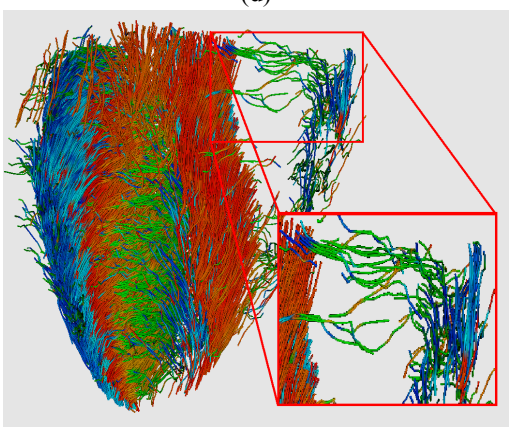
(c)



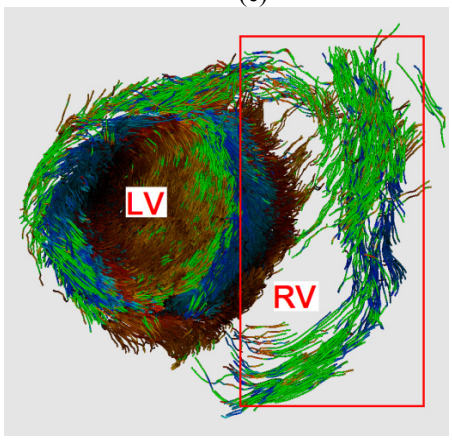
(d)



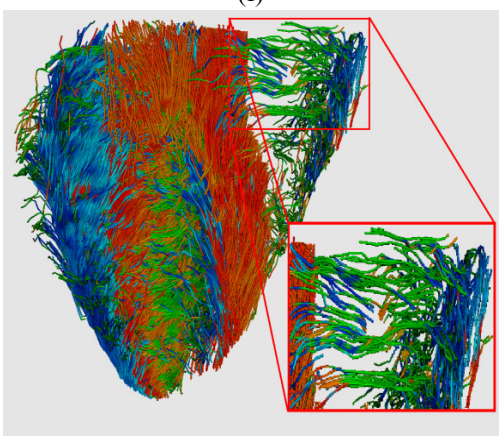
(e)



(f)



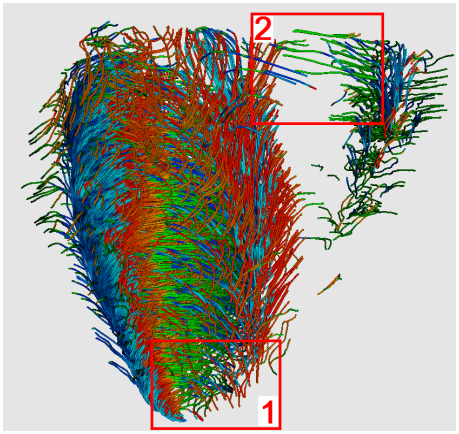
(g)



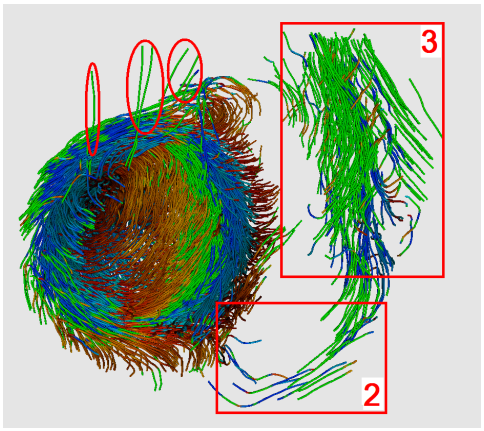
(h)

Fig. 4.7 Fiber tracking from the primary vector fields in human cardiac DT-MRI. Red rectangles marked with LV and RV indicate the normal and sparse regions, respectively. (a) and (b): Fiber tracking from original vector fields. (c) and (d): Fiber tracking from bilinear vector interpolation. (e) and (f): Fiber tracking from TPS interpolation. (g) and (h): Fiber tracking from noise-reduced and interpolated vector fields.

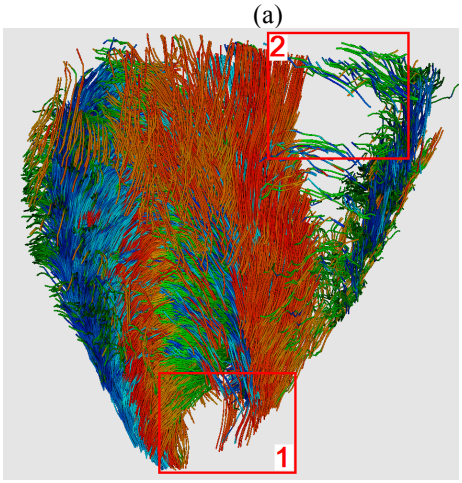
Figures 4.8(a) and 4.8(b) show the results of fiber tracking obtained from original tensor fields, Fig. 4.8(c) and Fig. 4.8(d) the results obtained after using the tensor field interpolation, and Fig. 4.8 (e) and Fig. 4.8(f) the results after using the noise-reduced vector field interpolation. We observe consistent spiral fiber architecture with the three approaches. It follows that interpolation or denoising can be carried out at the level of vector field, at least for fiber tracking. Note that the fibers in region 1 become more discontinuous after interpolating the original tensor fields. This is because the original tensor fields are disordered in region 1, and this disorder is amplified by interpolation. By contrast, using our noise-reduce vector field interpolation, the computed fibers in region 1 are smoother and denser. The same effect can be observed in region 2. In region 3, the fibers obtained after using tensor field interpolation seem denser than those obtained after using the noise-reduced vector field interpolation. This indicates that for the normal region (non sparse region), fiber tracking from the interpolated tensor fields can produce better results than that from the interpolated vector fields (in Fig. 4.8). However, in some situations, it is not always possible to obtain tensor information. This is for example the case when using the polarized light microscope to study fiber architecture (Jouk *et al* 2000). In all cases, the fibers obtained from either vector field interpolation or tensor field interpolation are much denser than those obtained from original tensor fields. The fibers marked by the three red circles in the results of fiber tracking from the original tensor fields (Fig. 4.8(b)) are artifacts: they are disordered and outside the helix of the left ventricle.



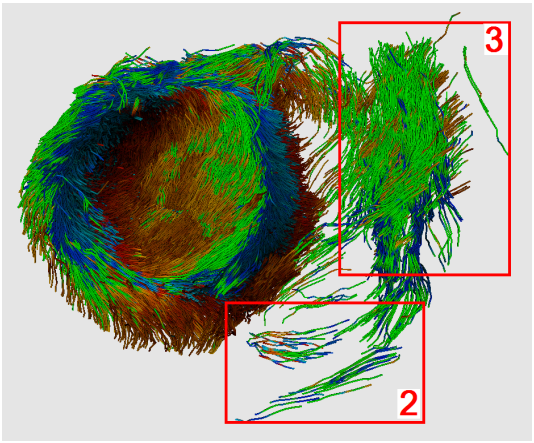
(a)



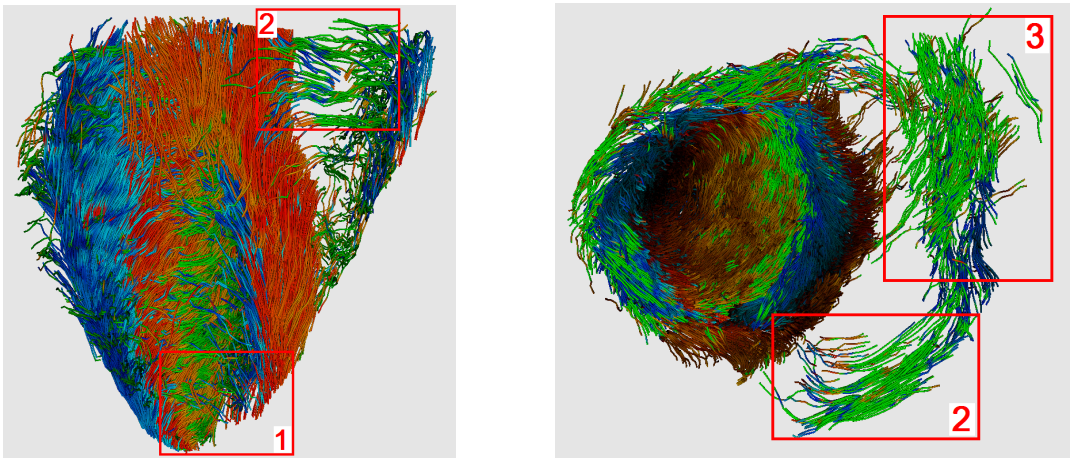
(b)



(c)



(d)

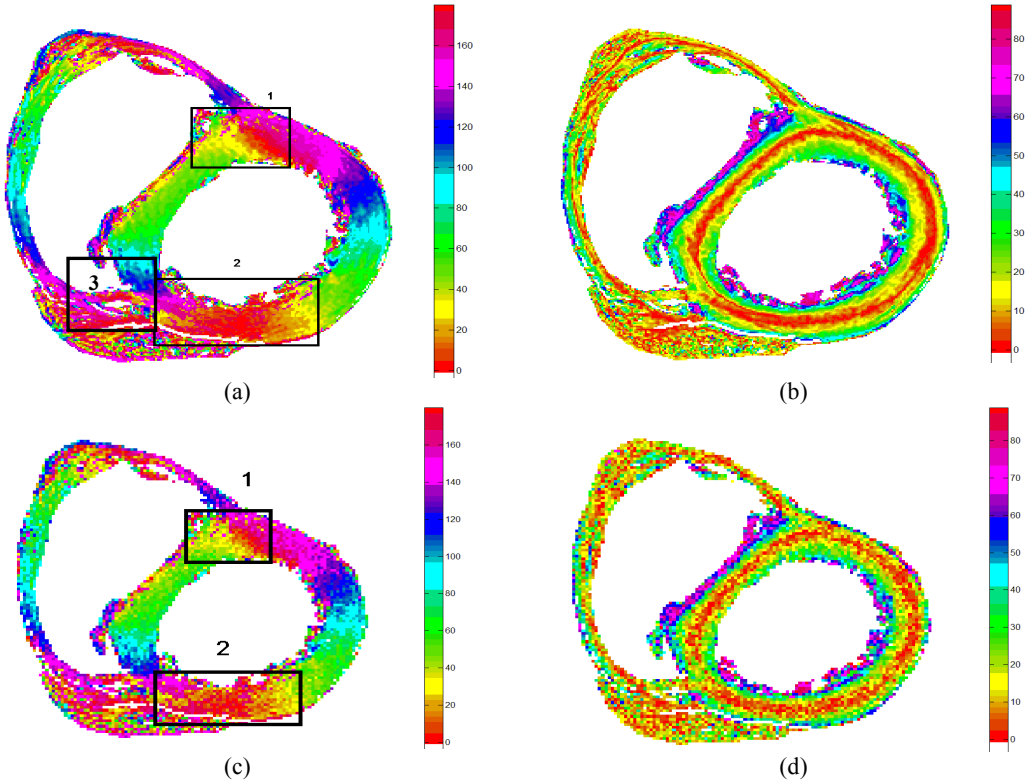


(e) (f)

Fig. 4.8 Results of fiber tracking using vector field interpolation and tensor field interpolation. (a) and (b): fiber tracking from DW images without interpolation. (c) and (d): fiber tracking using tensor field interpolation in Log-Euclidean space. (e) and (f): fiber tracking using the proposed noise-reduced vector field interpolation.

4.4.4. Results and discussions of the 3D noise-reduced interpolation

To evaluate our proposed 3D interpolation method on real data, we have reconstructed vector fields using both our proposed method and trilinear interpolation to interpolate a down sampled and noisy DTI volume, which is calculated from the data on the site http://www.ccbm.jhu.edu/research/DTMRIDS.php. Angle maps are calculated from these vector fields. The down-sampling is done by a factor 2 (in each direction). Again, additive Gaussian noise of NVP equaling to 13.73% is added to the two angles which represent the vector direction. To better understand the performance and robustness of the proposed method, fibers are calculated from the reconstructed vector fields both by the bilinear method and by the proposed method. The fiber tracking is based on the streamline algorithm.



(a) (b)

(c) (d)

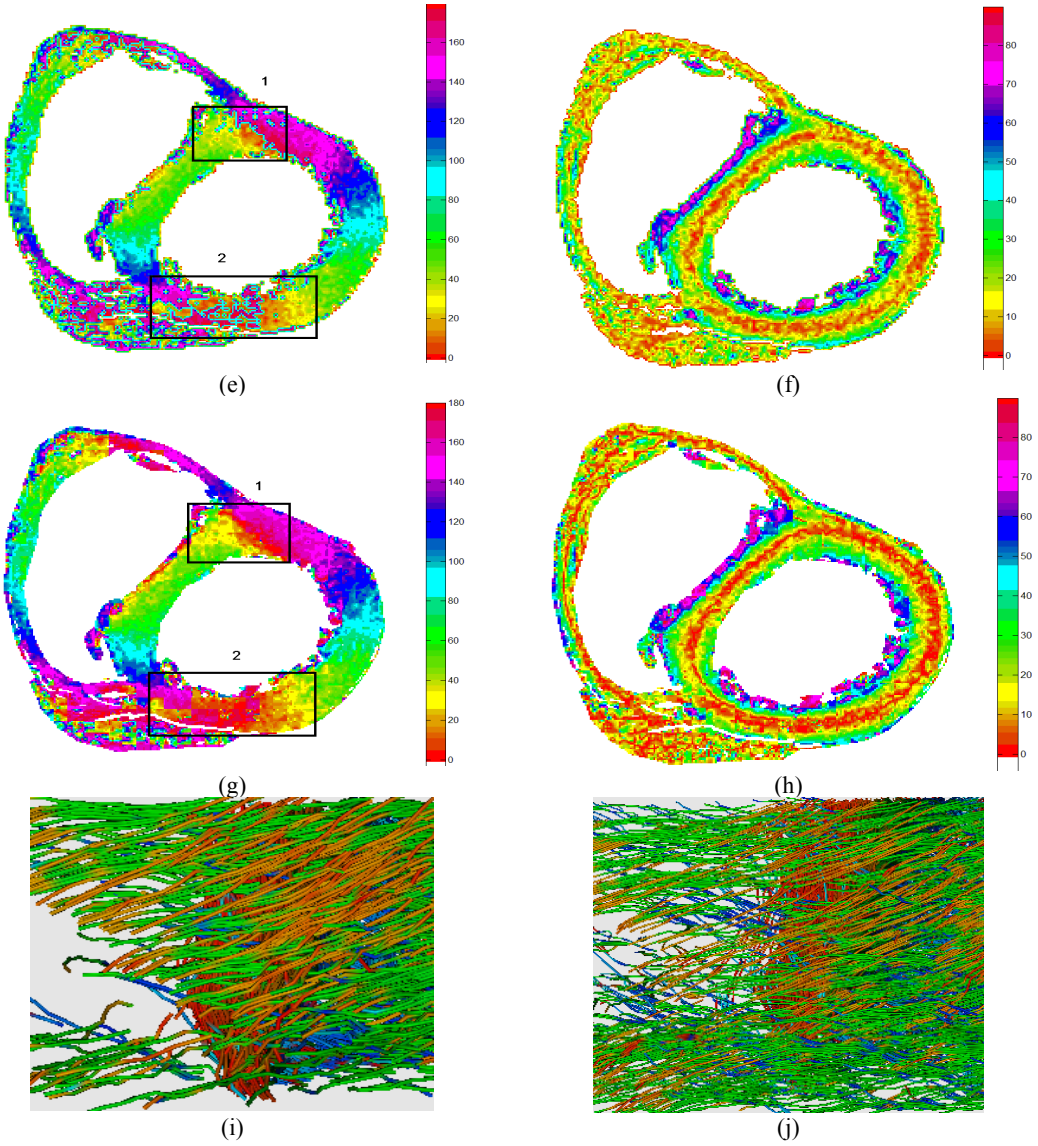


Fig. 4.9 Angle maps of the 67th slice and myocardial fiber tractography. The first column represents azimuth angle maps, and the second column elevation angle maps. (a) and (b): original angle maps before down-sampling and before noising. (c) and (d): angle maps after down-sampling and addition of Gaussian noise (NVP is 13.73%). (e) and (f): angles maps after trilinear interpolation. (g) and (h): angle maps after interpolation and denoising by our proposed algorithm. (i) and (j): fiber tracking results of zone 1 without and with our noise-reduced interpolation respectively.

The sizes of the two windows used in this experiment are $4 \times 4 \times 4$ and $6 \times 6 \times 6$ respectively. Fig.4.9 shows the 67th slice of the azimuth and elevation angle maps reconstructed by both trilinear interpolation and our proposed noise-reduced interpolation of vector fields. Region 1 where the azimuth angle varies from 20 to 40 degrees (yellow) becomes smaller after trilinear interpolation, and displays serrate artifacts. These artifacts introduced by the trilinear interpolation are more visible in region 2. By contrast, mapping of the angles obtained with our proposed 3D noise-reduced interpolation is very close to the reference (Fig. 4.9(a)). Similarly results are arrived for the elevation angle map, which ranges from 25 degrees in endocardium to 0 degrees in the midwall, and back to 25 degrees in epicardium, reflecting the rotation of the fibers. Nevertheless, the trilinear interpolation produces serrate artifacts nearest the left ventricle, while the mapping generated by the proposed method is very close to the reference. One can observe the same results with fiber tractography (region 1). The fibers are so rarer in Fig. 4.9(i) that the inner layer of fibers (red)

is exposed, while the fibers in Fig. 4.9(j) obtained after noise-reduced interpolation, are denser, longer and more continuous. The red inner layer is better covered by the outer fibers.

Quantitative comparison of angle map reconstructions by our 3D method and trilinear interpolation are summarized in Tab. 4.2. Let us first focus on reconstructions of elevation angle (the first three lines of Tab. 4.2): we found that our 3D noise-reduced interpolation by TPS always get much smaller mean absolute error and standard deviation and always obtain higher correlation efficient than trilinear interpolation no matter the NVP is. In addition, the correlation efficient by TPS does not undulate heavily when the noise level increases, that is, our 3D noise-reduced interpolation by TPS is robust to noise. Reconstructions of azimuth angle are detailed in the last three lines of Tab. 4.2: we notice that the mean absolute error by TPS still maintains smaller than by trilinear interpolation. But the standard deviation by TPS becomes higher than trilinear interpolation, and correspondingly, the correlation efficient by TPS becomes lower than trilinear interpolation. Moreover, both the standard deviation and correlation efficient results are inferior and vary little along with the noise level. The raison is: in some area of azimuth angle map (region 2 and region 3 in Fig. 4.9(a)), fiber direction very rapid and there is not so clear side lines between them, especially when it is noisy, fiber direction become so disordered that it is almost impossible to reconstruct them exactly. In this situation, both trilinear interpolation and our proposed interpolation by TPS introduce great artifacts in the two regions and the standard deviation of region 2 and region 3 plays a determination role in the standard deviation of the whole azimuth angle map.

Tab. 4.2 Quantitative analysis of angle maps of the 67th slice reconstructed by different interpolation methods

NVP%		13.73%		40.99%		80.42%	
		Trilinear	TPS	Trilinear	TPS	Trilinear	TPS
Elevation angle	Mean absolute error	2.3962	1.7068	3.9600	2.1150	7.1251	3.0057
	Standard deviation	6.2294	5.7352	8.2064	5.9718	13.7746	7.1879
	Correlation efficient	0.9382	0.9512	0.8948	0.9455	0.7955	0.9200
Azimuth angle	Mean absolute error	7.9896	7.1225	9.2621	7.4884	10.9004	8.1858
	Standard deviation	23.3121	27.3113	23.3591	27.2136	23.9971	27.0495
	Correlation efficient	0.8934	0.8671	0.8889	0.8670	0.8766	0.8658

4.5. Interpolation of human cardiac DT-MRI using polar coordinate

In this section, an interpolation method for the eigenvector fields in human cardiac DT-MRI is proposed. The method accounts for inherent relationships between vector components and the influence of the heart shape on eigenvector fields. It consists of converting the ventricle onto a polar coordinate space, and achieving simultaneously interpolation and denoising. The interest of the method is demonstrated with the aid of human cardiac DT-MRI data.

The proposed noise-reduced interpolator includes three functions: location of left ventricle (LV) centre, localization of noise-corrupted vectors in the polar coordinate system, and restoration of these corrupted vectors and interpolation of the whole vector field. The first function aims at finding the centre of the left ventricle. The second function maps the primary vector field corresponding to the LV from Cartesian coordinates to polar coordinates in order to better localize the noise-corrupted vectors. The third function is to simultaneously restore the noise-corrupted vectors and interpolate the primary vector field to get higher resolution.

4.5.1. Location of the LV centre

A roundness metric is used in order to locate the LV centroid of a given slice, from which mapping from Cartesian coordinates to polar coordinates is needed. The LV centre is then located as follows:

1) Specify a centered, fixed rectangular region of interest (ROI) on the T2 image. The size of the rectangle is 180×180 (Fig. 4.10(a)).

2) Segment the target image simply using a threshold method and convert the ROI to a binary image (Fig. 4.10(b)).

3) Remove all the objects smaller than a predefined threshold (100 pixels) and get the continue edge of the remaining objects using "Canny" edge detection [Canny 1986] (Fig. 4.10(c)).

4) Fill the region within the edge to "1" in the binary image and dilate the convex hull to minimize the perimeter growth caused by the edge irregularity.

5) Compute the roundness metric $R = 4\pi A / P^2$ of each resulting convex-hulled object, where A designates the area and P the perimeter. R is equal to 1 for a circle. The object with the largest roundness metric will be recognized as the LV blood pool, and the coordinates of its centroid are utilized for the subsequent mapping from Cartesian system to polar system.

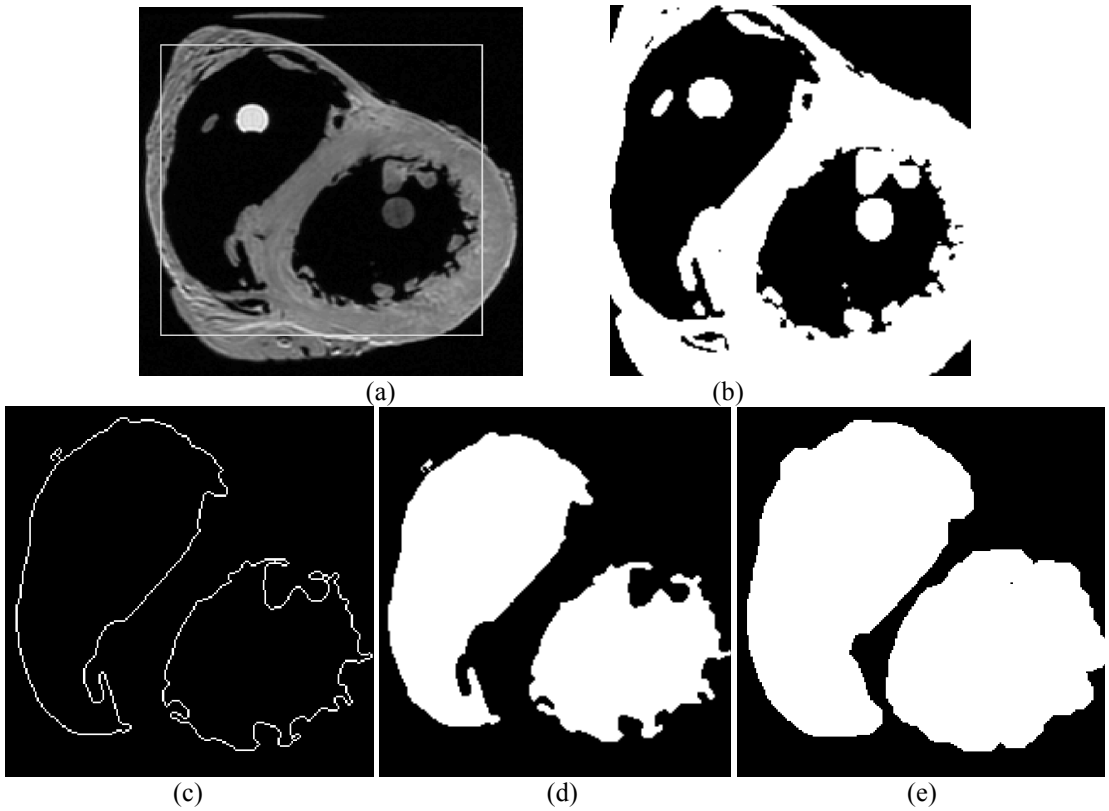


Fig. 4.10 Illustration of the LV center location

4.5.2. Localization of noisy vectors in polar coordinate system

For the vector field of a chosen slice, we use the vector homogeneity level [Yang 2009], which is defined by the inner product of vectors in a local window, to determine if a vector in this local window is a noise. However, since the primary eigenvector direction indicates the direction of cardiac fibers, whose orientation is along with the myocardium. Therefore, it is desirable to choose the windows along with the myocardium. To this end, the primary eigenvector field of a chosen slice is transformed from the Cartesian coordinate system to the corresponding polar coordinate system using the following equation:

$$\begin{cases} r = \sqrt{(x-a_0)^2 + (y-b_0)^2} \\ \theta = \cot((y-b_0)/(x-a_0)) \end{cases}, \qquad (4.7)$$

where (x, y) denotes the vector coordinates in Cartesian system, (a_0, b_0) the left ventricle centre, and (r, θ) the corresponding coordinates in polar system.

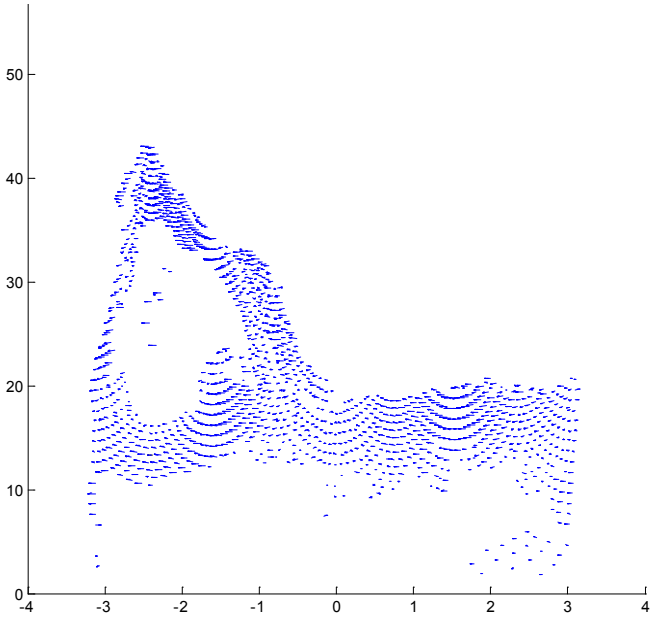


Fig. 4.11 Vector field of the 67th slice of a human cardiac DT-MRI volume in polar coordinate system.

Using Eq. (1), the left myocardium is converted from a circle-like region to a rectangle-like region. In a given window centered at (r, θ), if the current vector is denoted by $\vec{v}(r, \theta)$ and its neighboring vectors by $\{\vec{v}(r_k, \theta_k)\}_{k=1}^{31}$, the vector homogeneity level for the vector $\vec{v}(r, \theta)$ in a 8×4 rectangular window (other window sizes are possible, but the size 8×4 gave us the best results) is defined as

$$d(r, \theta) = \frac{1}{31} \sum_{k=1}^{31} (\vec{v}(r, \theta) \cdot \vec{v}(r_k, \theta_k)). \qquad (4.8)$$

When the eigenvectors are of unity length, the inner product $\vec{v}(r, \theta) \cdot \vec{v}(r_k, \theta_k)$ reflects the cosine angle value between $\vec{v}(r, \theta)$ and $\vec{v}(r_k, \theta_k)$, and vector homogeneity level $d(r, \theta)$ indicates the mean cosine for the angle between $\vec{v}(r, \theta)$ and its thirty-one neighbors and will have a value between -1 and 1, as the angle between two vectors is $[0, \pi]$. Then, we can determine the noise-corrupted vectors using the lower bound of the vector homogeneity level, noted as L_b. When $d(r, \theta)$ is smaller than L_b, the vector $\vec{v}(r, \theta)$ is considered as incoherent with respect to other vectors, and is regarded as a noisy vector. Once the noisy vectors are localized, they are discarded. When $d(r, \theta)$ is larger than L_b, the vector $\vec{v}(r, \theta)$ is considered as normal or coherent vector, it will be mapped back from the polar coordinate system to the original cooridinate system and saved as one of the landmarks which will be used in the interpolation step.

4.5.3. Interpolation of primary eigenvector fields using TPS

In this method, we still use the Thin Plate Spline (TPS) interpolation for its ability of accounting for the correlation among vector components and for its smooth property [Duchon 1976, Bookstein 1989, Sprengel 1996, Davis 1997]. All the nomal vectors in the whole myocardium are used as landmarks of TPS so that the vectors resulting from interpolation follow the whole model determined by these landmarks. Vectors outside the myocardium are discarded by masks obtained from the T2 images.

4.6. Experiments and results

4.6.1. Data acquisition

The proposed method in polar coordinate is evaluated with the eigenvector fields from http://www.ccbm.jhu.edu/research/DTMRIDS.php. The corresponding acquisition parameters are the following: gradient directions=19, resolution=0.4297×0.4297×1.0 mm3, size= 256×256×134. We consider such primary vector fields acquired using long time accumulation as the reference, which was undersampled by collecting every fourth pixel of every fourth line. To the thus undersampled primary vector field is then added additive Gaussian noise. Considering that vector components correlate to each other, it is not suitable to add noise to each component independently. Instead, we added Gaussian noise to azimuth and elevation angles of the primary vector fields, which represent and determine the primary eigenvector's direction (i.e. the fiber direction). In the present experiments, the standard deviation of the added Gaussian noises is 0.032.

4.6.2. Evaluation criteria

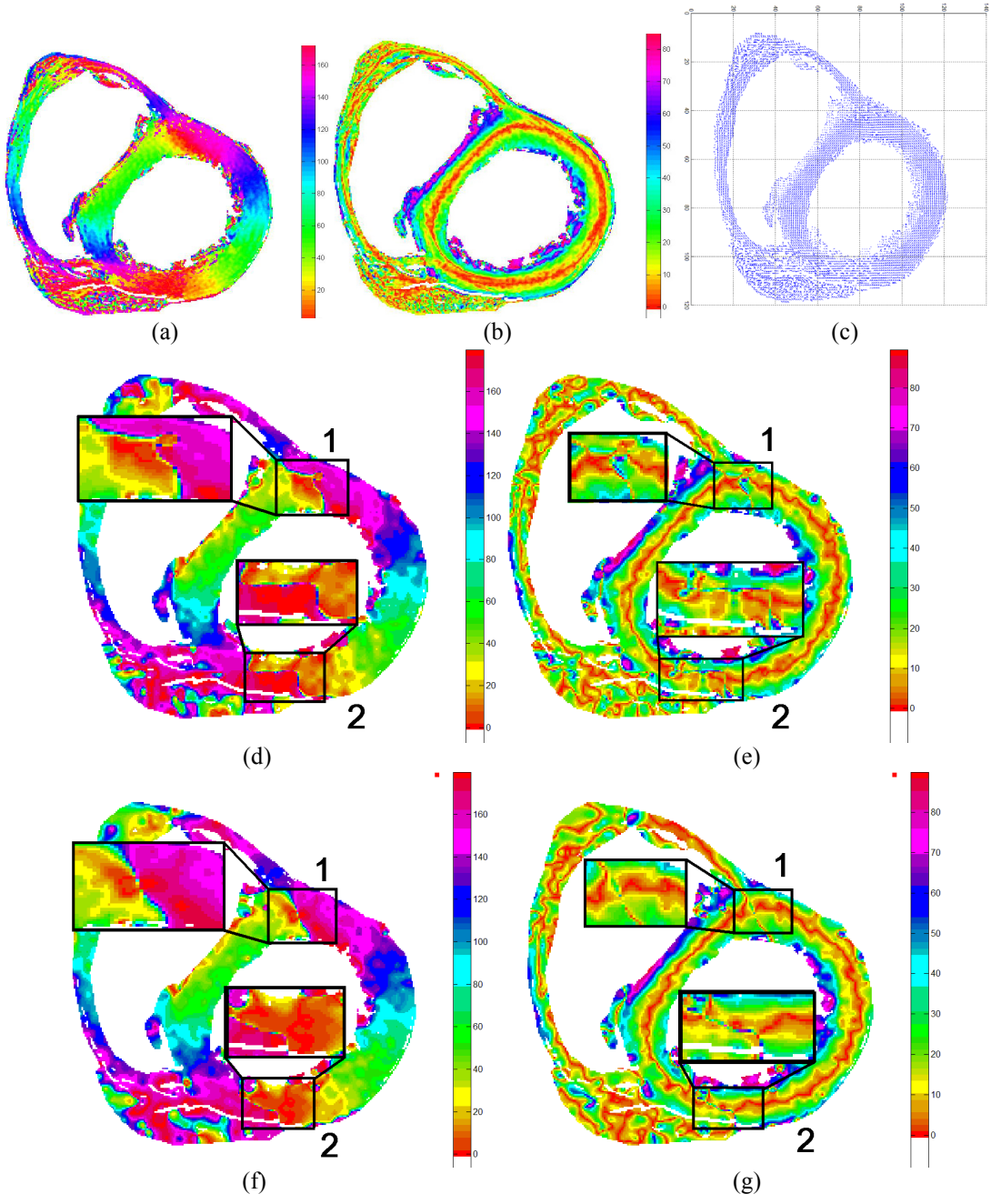
Our proposed method is assessed at the level of vector fields and in terms of elevation angle and azimuth angle [Jouk 2000]. The elevation angle corresponds to the angle between the fiber and the section plane, while the azimuth angle is the angle between the projection of the fiber on the section plane and the east-west axis of the same plan. These two angles, which should range from 0 to π for azimuth angle and $-\pi/2$ to $\pi/2$ for elevation angle, determine completely the direction of the fiber.

4.6.3. Results and discussion

Figure 4.12 shows the interpolated vector fields and corresponding azimuth and elevation angle maps obtained using the method proposed in section 4.2 and our present interpolation based on polar coordinate denoising, as well as from the references. Fig. 4.12 (a), 4.12(b) and 4.12 (c) are the original maps before undersampling and without adding noises.

The regular variation pattern of azimuth and elevation angles (that is: 1) The azimuth angle presents a continuous variation in a circular sense inside the wall of the left ventricle, with the whole range of angles (colors) being visited twice; 2) The elevation angle varies from 25 degrees on the endocardium to 0 degrees in the midwall, and back to 25 degrees on epicardium in both left and right ventricle, reflecting the fiber rotation, shown in Fig. 4.12 (a) and Fig. 4.12(b)) is maintained after using either the interpolation method in section 4.2 or the here proposed method. Note, however, that with the method in section 4.2, some artifacts, near the border between azimuth angles of 0 and 180 degree in the left myocardium, appear as an obvious irregular boundary line. This irregular boundary line indicates that the direction of the interpolated fibers differs from that of the fibers located at both sides of the boundary line, which can be seen clearly in Fig. 4.12(h). This is caused by the window effect due to denoising and restoring the noised-corrupted vectors in the Cartesian coordinate system. Similar artifacts are also present in the elevation angle map, which reflect the presence of the discontinuity of the red ring in the middle wall of the left myocardium. In contrast, with the proposed interpolation making use of denosing in polar coordinate space, the widow effect is reduced and the red ring in the left myocardium become more continuous and closer to the

reference map. This is because fiber orientation arraying along the myocardium is taken into consideration during the denosing in polar coordinate space. The fiber tracking results of the rectangular region 1 obtained using the method in Cartesian coordinate space and the proposed method in polar coordinate space are respectively shown in Fig. 4.12(i) and (j). It is observed that with the proposed method, the obtained fibers are more regular and denser.



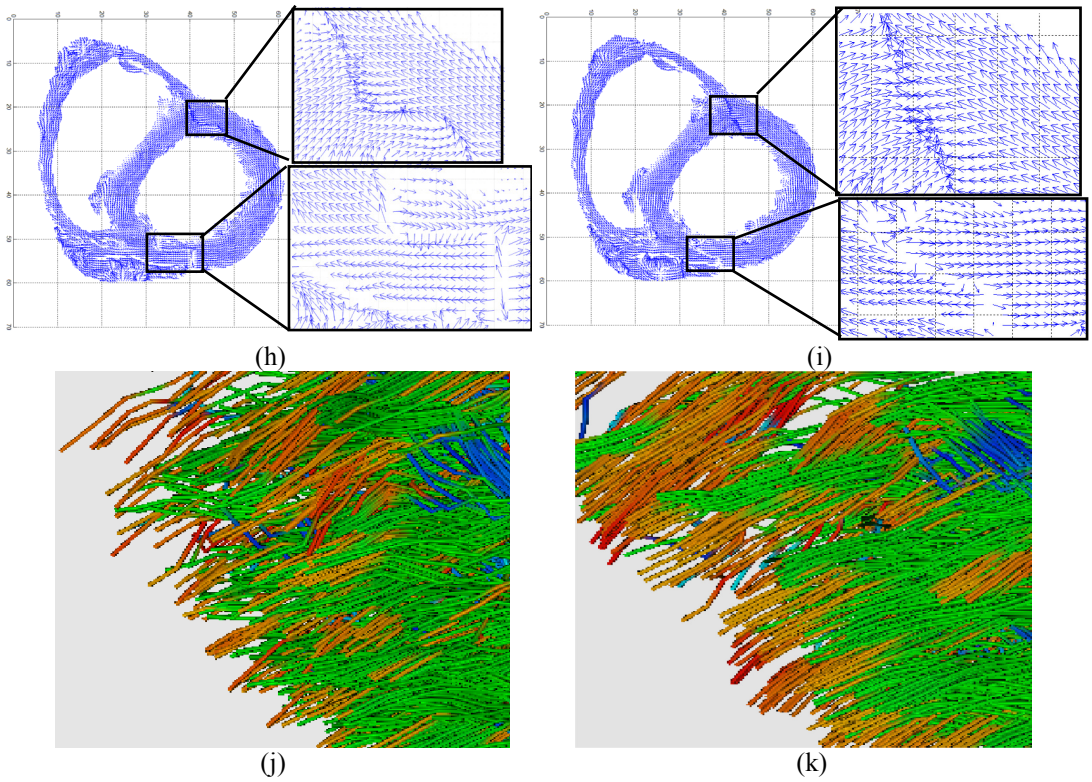


Fig. 4.12 Interpolated vector fields and corresponding azimuth and elevation angle maps using the interpolation method in different coordinates. (a), (b) and (c): angle maps and vector field of the reference. (d) and (e): angle maps from interpolated vector fields using the method in Cartesian coordinate (in section 4.2). (f) and (g): angle maps from the interpolated vector fields using the proposed interpolation based on denoising in polar coordinate. (h) and (i): the interpolated vector fields using the method in Cartesian coordinate and in polar coordinate respectively. (j) and (k): Fiber tracking results in region 1 using respectively the method in Cartesian coordinate and the proposed method in polar coordinate.

4.7. Conclusions

We have presented a new category of methods for simultaneously interpolating and denoising human cardiac primary vector fields.

We first presented the 2D noise-reduced interpolation, which interpolates vector fields slice by slice. By first localizing the noise-corrupted vectors using local information, then restoring them using local TPS interpolation, and finally applying global TPS interpolation, the method allows us to achieve higher resolution, while preserving details and obtaining better direction coherence (DC). The results demonstrate that the proposed method improves the DC by about 15 dB in average and the visual quality of the elevation and azimuth angle maps, and yields smoother and denser fiber tracking for the myocardium.

Then, to extend this method into 3D and to save the computational time caused by global TPS, we proposed a variety of the 2D noise-reduced method, which restores and interpolates vector fields by local volumes instead of slices. The method provides vector fields with satisfactory results in terms of vector fields, angle maps, as well as fiber tracking results. More important, it is with very low computational time.

Finally, we have proposed a method by converting the eigenvector field of myocardium onto polar coordinate space. The obtained results demonstrate that the proposed method performs much better than the interpolation method in Cartesian coordinate, in terms of elevation and azimuth angle maps. During the three methods, the noised-reduced interpolation using polar coordinates gains the best result, while the 3D noise-reduced interpolation with the smallest computational time.

4.7 Conclusions

This category of methods make it an interesting tool for the analysis of multicenter studies of the human hearts and the comparative study of myocardial fiber structures coming from DT-MRI and polarized light microscope. Although developed for cardiac DT-MRI, the proposed method can be readily applied to DT-MRI data of other organs such as the brain.

Chapitre 5 INTERPOLATION OF TENSOR FILEDS IN HUMAN CARDIAC DT-MRI

Feng Yang, Yue-Min Zhu, Isabelle E. Magnin, Pierre Croisille and Peter B. Kingsley

Summary

5.1. Introduction 78
5.2. Feature-based interpolation for diffusion tensor using Euler angles 81
5.2.1. 3D rotation angles 81
5.2.2. Scheme of feature-based interpolation using Euler angles 84
5.2.3. Properties of the feature-based interpolation 85
5.3. Feature-based interpolation for diffusion tensor using quaternion 87
5.3.1. Quaternion theory 88
5.3.2. From rotation matrix to unit quaternion and back 89
5.3.3. Feature-based tensor interpolation using quaternion 91
5.4. Experiments design 92
5.4.1. Synthetic tensor data 92
5.4.2. Real cardiac DT-MRI data 93
5.4.3. Performance evaluation 93
5.5. Results 94
5.5.1. Results for feature-based interpolation using Euler angles 94
5.5.2. Results for feature-based interpolation using quaternion 105
5.6. Discussion 115
5.6.1. FA collapse introduced by interpolation methods 115
5.6.2. Necessity of monotonic determinant interpolation 127
5.6.3. MD decreasing introduced by interpolation methods 128
5.6.4. Comparison of Riemannian rotational and feature-based interpolations. 128
5.7. Comparison of DW image interpolation and tensor field interpolation
Comparison of interpolations at the levels of DW images and tensor fields 128
5.7.1. Interpolation methods 129
5.7.2. Experiments setup 130
5.7.3. Results 131
5.7.4. Discussion 139
5.8. Conclusion 140

***Abstract*—**Diffusion tensor interpolation is an important issue in the application of diffusion tensor magnetic resonance imaging (DT-MRI) to the human heart, all the more as the points representing the myocardium of the heart are often sparse. We propose a category of feature-based methods for interpolating the tensor fields from cardiac DT-MRI, by taking into account inherent relationships between tensor components. We first propose a feature-based interpolation using Euler angles. It consists of representing a diffusion tensor in terms of two tensor features, eigenvalues and orientation, interpolating the rotation angles relative to tensor orientation and the logarithmically transformed eigenvalues, and reconstructing the tensor to be interpolated from the interpolated eigenvalues and rotation angles. Then, we

replace the Euler angles by quaternion for its avoidance of the gimbal lock during interpolation. With this method, tensor features are represented by eigenvalues and unit quaternion, which are interpolated during interpolation process and used for the reconstructions of tensors to be interpolated. The results obtained with the aid of both synthetic and real cardiac DT-MRI data demonstrate that the proposed feature-based methods not only maintain the advantages of Log-Euclidean and Riemannian interpolation as for presenting the tensor's symmetric positive-definiteness and the monotonic determinant variation, but also preserve, at the same time, the monotonicity of fractional anisotropy (FA) and mean diffusivity (MD) values, which is not the case with Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean methods. The interpolated three-dimensional fiber architectures are also compared, which illustrates that our proposed methods produce much more, denser and longer fibers than other methods.

On the other hand, interpolation approaches at the level of diffusion weighted images (DW images) and tensor fields are compared to give a conclusion at what level should interpolation be performed for human cardiac DT-MRI data. These approaches are evaluated in terms of tensor field, tensor parameters as well as fiber tracking results. Experiments on synthetic data and real data show that, interpolation at the level of DW images suffers to tensor swelling effect, FA and MD collapse, while tensor field interpolation can be designed for avoiding swelling effect, FA collapse and decreasing of MD. Fiber tracking results indicate that fibers from tensor filed interpolation are denser, longer than those with DW interpolation. In summary, tensor field interpolation has the potential possibility to preserve properties of diffusion tensors or their parameters during interpolation, since it is much easier to control tensor characteristics (FA, MD, orientation, etc.) in the process of tensor field interpolation than that of DW interpolation. It is suggested that interpolation of DT-MRI should be performed in tensor fields.

5.1. Introduction

Diffusion tensor magnetic resonance imaging (DT-MRI, or simply DTI) has gained considerable attention and importance in recent years in the field of medical imaging and clinical research. In DT-MRI, the quant ity assigned to each voxel is not a scalar, but a tensor that describes local water diffusion and can be expressed as a 3×3 symmetric positive definite matrix [Bihan 2001]. This diffusion tensor can be represented by an ellipsoid, whose axis orientations and magnitudes equal the tensor's eigenvectors and eigenvalues, respectively. In this paper, the phrase "the diffusion tensor shape and orientation" refers to the shape and orientation of the diffusion ellipsoid. These diffusion tensors can be used to elucidate the three-dimensional (3-D) fiber architectural features of anisotropic fibrous tissues and organs *in-vivo*, and provide microstructural information noninvasively and nondestructively in biomedical applications since a tensor contains directional information, due to the anisotropy of the diffusion, as well as magnitude information such as the diffusivity [Basser 1994]. However, because of technical limitations in acquisition, the resolution of DT-MRI data is often low. As a result, some parts of the obtained tensor field, such as those which represent the myocardium, are sparse and appear discontinuous. Also, in some applications such as fiber tracking and registration, it would be desirable to work with higher-resolution data. All that makes it necessary to perform diffusion tensor data interpolation.

The interpolation of general tensors such as those in mathematics and physics has been studied in the literature [Aldroubi 1999, Moakher 2005, Hotz 2009, Merino-Caviedes 2008, Weickert 2006]. Aldroubi and Basser [Aldroubi 1999] proposed to interpolate tensors in shift-invariant amalgam spaces, and Moakher and Batchelor [Moakher 2005] introduced univariate and multivariate interpolations for symmetric positive definite matrix in Riemannian space. Hotz [Hotz 2009] suggested an invariant interpolation method for 2×2 symmetric second-rank tensors, which linearly interpolates the eigenvalues and eigenvectors and makes the tensor shape and orientation vary uniformly. By always interpolating eigenvalues, and separately interpolating rotation angles defined on the two-dimensional (2-D) plane, Merino-

Caviedes and Martin-Fernandez [Merino-Caviedes 2008] reported a similar method. Weickert and Welk [Weickert 2006] introduced an interpolation method based on partial differential equations (PDEs) for both scalar-valued and tensor-valued images, in which, for each image to be interpolated, suitable differential operators have to be chosen to obtain the radial basis functions. For two reasons, all these general tensor interpolation methods cannot be directly used or extended to diffusion tensors in DT-MRI. First, diffusion tensor in DT-MRI is a 3×3 symmetric positive definite matrix, while some general tensor interpolation methods [Hotz 2009, Merino-Caviedes 2008] only work on 2×2 symmetric tensors since, as indicated by (Hotz et al. 2009), extension to three-dimensions is not possible due to the fact that the interpolated vectors are not orthogonal any more. The method in [Merino-Caviedes 2008] essentially amounts to interpolating the rotation angle of a 2-D tensor, which can be readily determined by calculating the angle between the primary eigenvector and the abscissa axis. However, for a 3-D tensor, its orientation cannot be simply determined from its primary eigenvector. Second, interpolation in DT-MRI should obey some constraints. For example, it should guarantee the tensor determinant changing monotonically to avoid swelling effect as explained in [Arsigny 2005, 2006], which is not the case for most general tensor interpolation methods. In addition, an interpolation method for diffusion tensors should also account for its induced effect on subsequently calculated parameters such as fractional anisotropy (FA) and mean diffusivity (MD).

A few interpolation methods specifically for diffusion tensors were also reported in the literature. The most straightforward method for interpolating diffusion tensors is the Euclidean method that consists of interpolating each tensor component independently in Euclidean space [Mishra 2006]. However, tensor computing is difficult due to some limitations of standard Euclidean calculus. Diffusion tensors do not form a vector space since they are symmetric positive definite matrices whose space is restricted to a convex half cone [Arsigny 2005, 2006]. Therefore, special care must be taken in order not to reach the boundaries of the non-linear tensor space, which leads to null or negative eigenvalues. On the purpose of maintaining the symmetric positive definite property, anisotropic interpolation, PDE interpolation and tensor spline interpolation in Euclidean space are proposed for diffusion tensor images respectively in [Castano-Moraga 2004, Weichert 2006, Barmpoutis 2007]. But these methods still may result in non-monotonic tensor determinant, thus producing swelling effect in the interpolated tensors [Arsigny 2005, 2006]. It can also lead to a decrease in FA and MD. In the context of tensor field estimation and regularization, Wang et al. [Wang 2004] proposed to parameterize tensors using Cholesky factorization in order to preserve the symmetric positive definiteness of diffusion tensors. When applying Cholesky factorization for interpolating tensors, the interpolated tensors can be guaranteed to be symmetric positive definite, but there is still a decrease in FA and MD. To simultaneously eliminate the swelling effect and preserve the positive-definite property of the diffusion tensor, Batchelor *et al.* [Batchelor 2005] presented a geodesic interpolation and a rotational interpolation in the Riemannian matrix sense, while Pennec [Pennec 2006] studied PDEs within the affine-invariant framework for applications such as tensor field interpolation. However, interpolation methods in Riemannian space are computationally expensive. To overcome the computational limitation of Riemannian space, a Log-Euclidean metric [Arsigny 2005, 2006] was proposed that performs classical Euclidean computations after taking the logarithm of the tensor matrix while being a close approximation of the Riemannian method. Log-Euclidean interpolation is rigorous in keeping the determinant of tensor varying monotonically and preserving the symmetric positive definite property. However, it may also introduce the collapse of FA and decrease in MD, which might be a serious problem for clinical interpretation. The reason that Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean methods introduce the decrease of FA and MD is that none of them explicitly considers the orientation of tensors. Instead, they interpolate matrix elements independently, which makes the eigenvalues vary much more significantly than the orientation during interpolation. Kindlmann [Kindlmann 2007a, 2007b] proposed a class of so-called interpolation paths for tensors, called geodesic-loxodromes, in order to be able to preserve clinically important tensor attributes and measure the difference in tensor shape and

orientation. The geodesic-loxodromes method can monotonically interpolate some tensor attributes, for example FA or MD. However, it cannot simultaneously and monotonically interpolate FA and MD because FA and MD cannot be, by definition, in the same set of orthogonal invariants. Even worse, it cannot guarantee the monotonic interpolation of tensor determinants in all situations as complementary invariants to the determinant cannot be found.

In fact, FA, which measures the variability of water mobility in different directions, and MD, which measures the average diffusivity regardless of direction, are two important parameters widely used in clinical analysis. In cerebral DT-MRI, FA and MD are commonly used to localize white matter lesions that do not show up on other forms of clinical MRI. Decrease in FA may reflect a breakdown in white matter organization [Ward 2006], the age-related deterioration of white matter [Burgmans 2009], and the emergence of multiple sclerosis [Cercignani 2001] or schizophrenia [Gasparotti 2009], while decrease in FA may also reflect particular structural properties of intact white matter, such as crossing or kissing fibers [Pierpaoli 1996, Virta 1999], and the variation of fiber density [Robertsa 2005] and axonal diameter [Barazany 2009]. It is indicated in [Chao 2009] that tensor interpolation in spatial normalization process may decrease the FA value in nonnegligible degrees and make it difficult to distinguish normal and abnormal groups, particularly in the right anterior corona radiate of the brain. For cardiac DT-MRI, FA and MD also play an important role in distinguishing normal from infarct zones. Several studies have attempted to quantify cardiac fiber architectural remodeling after the occurrence of myocardial infarction [Wu 2006, Chen 2003, Wu 2007, Strijkers 2007, Li 2009] and it is found in these studies that decrease in FA and increase in MD are evident in the infarct regions, which is considered to be consistent with abnormal wall motion and/or cell death [Wu 2006, Chen 2003, Wu 2007, Strijkers 2007, Li 2009]. In summary, decrease of FA in the brain may be due to diseases or crossing fibers, while decrease in FA in the heart is caused by infarction. For these reasons, decrease in FA induced by interpolation may mislead the interpretation of the obtained results.

On the other hand, as mentioned in chapter3, interpolation of DT-MRI data can also be completed at the level of DW images. And some researchers suggest interpolate at the level of DW images to prevent the noise propagation from DW level to tensor fields, while other researchers advise to interpolate in the tensor field for its abundant information. To our knowledge, there has never been conduction at what level should the interpolation be completed, although it is of great use to better comprehend the impact of clinical analysis.

In this paper, we first propose a category of feature-based interpolation methods using Eulers angles or quaternion, which take into account the inherent relationship between tensor components. The kind of methods consist of representing a diffusion tensor in terms of two tensor features, eigenvalues and orientation, interpolating the rotation angles or unit quaternion relative to tensor orientation and the logarithmically transformed eigenvalues, and reconstructing the tensor to be interpolated from the interpolated eigenvalues and rotation angles or unit quaternions. This kind of methods not only maintain the advantages of Log-Euclidean and Riemannian interpolation as for presenting the tensor's symmetric positive-definiteness and the monotonic determinant variation, but also preserve, at the same time, the monotonicity of fractional anisotropy (FA) and mean diffusivity (MD) values, which is not the case with Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean methods. The kind of methods are evaluated with the aid of both synthetic and real cardiac DT-MRI data, and compared with Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean and Riemannian method. Then, we compare interpolation methods at the level of DW images and tensor fields in human cardiac DT-MRI. To evaluate the solutions produced by methods at different levels, we focused on three representations of the DT-MRI processing pipeline: tensors, parametric maps and fibers. Experiments on synthetic data and real data show that, interpolation at the level of DW images suffers to tensor swelling effect, FA and MD collapse, while tensor field interpolation has the potential possibility to avoid swelling effect and to eliminate the FA and MD decreasing during interpolation, since it is much easier to predict and control tensor characteristics (FA, MD, orientation, etc.) in the process of tensor field interpolation than that of DW interpolation. It is suggested that interpolation of DT-MRI should be completed in tensor fields to better preserve clinical parameter properties.

The rest of the paper is organized as follows. In section 5.2, the feature-based interpolation method is presented in detail, including the brief description of 3-D rotation fundamentals, the formulation of interconversion between rotation angles and tensors. Section 5.3 presents the feature-based interpolation using unit quaternion as well as the quaternion theory. Experiments setup is described in section 5.4, and the experimental results in synthetic and real data are exposed in section 5.5, followed by discussion in sections 5.6. In section 5.7, comparison of interpolation methods at the level of DW images and tensor fields are completed, as well as the experimental results and corresponding discussion. Finally, conclusions are given in section 5.8.

5.2. Feature-based interpolation for diffusion tensor using Euler angles

In this section, we propose a feature-based method using Euler angles for interpolating the tensor fields from cardiac DT-MRI, by taking into account inherent relationships between tensor components. The method consists of representing a diffusion tensor in terms of eigenvalues and rotation angles, interpolating the rotation angles relative to tensor orientation and the logarithmically transformed eigenvalues, and reconstructing the tensor to be interpolated from the interpolated eigenvalues and rotation angles. The results obtained with the aid of both synthetic and real cardiac DT-MRI data demonstrate that the proposed feature-based method using Euler angles not only maintains the advantages of Log-Euclidean and Riemannian interpolation as for presenting the tensor's symmetric positive-definiteness and the monotonic determinant variation, but also preserves, at the same time, the monotonicity of fractional anisotropy (FA) and mean diffusivity (MD) values, which is not the case with Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean methods.

5.2.1. 3D rotation angles

In 3-D space, an ellipsoid can be used to describe a diffusion tensor that is represented by a 3×3 matrix. The ellipsoid or the diffusion tensor can be rotated to any orientation by rotating it around three orthogonal rotation axes, which can be specified either in a fixed coordinate system (global x-y-z coordinate system) or in terms of the axes of the ellipsoid (local X-Y-Z coordinate system). There are several conventions for an ellipsoid rotation, such as z-x-z convention, x-z-x convention, x-y-z convention, etc. We chose in the present study the x-y-z convention around the three reference frames in the global system, which means that the ellipsoid is rotated first about the x-axis by an angle γ, then the y-axis by an angle β, and finally the z-axis by an angle α.

The ellipsoid or the diffusion tensor $\mathbf{D}_0$ first undergoes a counterclockwise rotation of γ about the x-axis by means of the rotation matrix

$$\mathbf{R}_x(\gamma) = \begin{pmatrix} 1 & 0 & 0 \\ 0 & \cos\gamma & -\sin\gamma \\ 0 & \sin\gamma & \cos\gamma \end{pmatrix}, \tag{5.1}$$

then rotates about the y-axis counterclockwise by an angle of β with the rotation matrix

$$\mathbf{R}_y(\beta) = \begin{pmatrix} \cos\beta & 0 & \sin\beta \\ 0 & 1 & 0 \\ -\sin\beta & 0 & \cos\beta \end{pmatrix}, \tag{5.2}$$

and finally performs a counterclockwise rotation of α about the z-axis with the rotation matrix

$$\mathbf{R}_z(\alpha)=\begin{pmatrix}\cos\alpha & -\sin\alpha & 0\\ \sin\alpha & \cos\alpha & 0\\ 0 & 0 & 1\end{pmatrix}. \tag{5.3}$$

These three rotation matrices can be combined into a single rotation matrix given by

$$\begin{aligned}\mathbf{R}&=\mathbf{R}_z(\alpha)\mathbf{R}_y(\beta)\mathbf{R}_x(\gamma)\\ &=\begin{pmatrix}\cos\alpha & -\sin\alpha & 0\\ \sin\alpha & \cos\alpha & 0\\ 0 & 0 & 1\end{pmatrix}\times\begin{pmatrix}\cos\beta & 0 & \sin\beta\\ 0 & 1 & 0\\ -\sin\beta & 0 & \cos\beta\end{pmatrix}\times\begin{pmatrix}1 & 0 & 0\\ 0 & \cos\gamma & -\sin\gamma\\ 0 & \sin\gamma & \cos\gamma\end{pmatrix}\\ &=\begin{pmatrix}\cos\alpha\cos\beta & \cos\alpha\sin\beta\sin\gamma-\sin\alpha\cos\gamma & \cos\alpha\sin\beta\cos\gamma+\sin\alpha\sin\gamma\\ \sin\alpha\cos\beta & \sin\alpha\sin\beta\sin\gamma+\cos\alpha\cos\gamma & \sin\alpha\sin\beta\cos\gamma-\cos\alpha\sin\gamma\\ -\sin\beta & \cos\beta\sin\gamma & \cos\beta\cos\gamma\end{pmatrix}\end{aligned}. \tag{5.4}$$

The 3-D rotation matrix (5.4) is widely used in many applications such as aircraft controls and rigid body rotation [Lavalle 2006, Weisstein 1999]. In these applications, the rotation angles α,β and γ are known, and the rotated diffusion tensor $\mathbf{D}'$ can be readily obtained using the relation $\mathbf{D}'=\mathbf{R}\mathbf{D}_0\mathbf{R}^{\mathrm{T}}$. In contrast, in DT-MRI applications, it is the diffusion tensor $\mathbf{D}'$ that is given (and the three axes of original diffusion tensors are assumed to be aligned with x, y, z reference frame), and we try to calculate the rotation angles.

Since the matrix rotation does not change the shape of diffusion tensor, but only modifies the orientation of the latter, any diffusion tensor $\mathbf{D}'$ can be derived by rotations from a diagonal tensor whose diagonal elements are the eigenvalues of $\mathbf{D}'$. We denote this diagonal tensor as

$$\mathbf{\Lambda}=\begin{pmatrix}\lambda_1 & 0 & 0\\ 0 & \lambda_2 & 0\\ 0 & 0 & \lambda_3\end{pmatrix}. \tag{5.5}$$

After rotating the diagonal tensor $\mathbf{\Lambda}$ with the x-y-z convention, the resulting diffusion tensor is given by

$$\mathbf{D}'=\mathbf{R}\mathbf{\Lambda}\mathbf{R}^{\mathrm{T}}=\mathbf{R}_z(\alpha)\mathbf{R}_y(\beta)\mathbf{R}_x(\gamma)\times\mathbf{\Lambda}\times\mathbf{R}_x^{\mathrm{T}}(\gamma)\,\mathbf{R}_y^{\mathrm{T}}(\beta)\,\mathbf{R}_z^{\mathrm{T}}(\alpha). \tag{5.6}$$

Now, assume that the eigenvectors of a diffusion tensor $\mathbf{D}$ form an eigenvector matrix $\mathbf{E}$ as

$$\mathbf{E}=\begin{pmatrix}v_{11} & v_{21} & v_{31}\\ v_{12} & v_{22} & v_{32}\\ v_{13} & v_{23} & v_{33}\end{pmatrix}, \tag{5.7}$$

where the three columns of the matrix $\mathbf{E}$ correspond to the three eigenvectors of the diffusion tensor $\mathbf{D}$, respectively. Then, the diffusion tensor $\mathbf{D}$ can be represented as

$$\mathbf{D}=\mathbf{E}\mathbf{\Lambda}\mathbf{E}^{\mathrm{T}}=\mathbf{E}\times\mathbf{\Lambda}\times\mathbf{E}^{\mathrm{T}}. \tag{5.8}$$

If we want the diffusion tensor $\mathbf{D}'$ rotated from $\mathbf{\Lambda}$ by the angles α, β and γ to be the expected diffusion tensor $\mathbf{D}$ in formula (5.8), $\mathbf{R}$ should be equal to $\mathbf{E}$, that is,

$$\begin{pmatrix} \cos\alpha\cos\beta & \cos\alpha\sin\beta\sin\gamma-\sin\alpha\cos\gamma & \cos\alpha\sin\beta\cos\gamma+\sin\alpha\sin\gamma \\ \sin\alpha\cos\beta & \sin\alpha\sin\beta\sin\gamma+\cos\alpha\cos\gamma & \sin\alpha\sin\beta\cos\gamma-\cos\alpha\sin\gamma \\ -\sin\beta & \cos\beta\sin\gamma & \cos\beta\cos\gamma \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} v_{11} & v_{21} & v_{31} \\ v_{12} & v_{22} & v_{32} \\ v_{13} & v_{23} & v_{33} \end{pmatrix}. \quad \textbf{(5.9)}$$

Since for the same diffusion tensor $\mathbf{D}$, either $\mathbf{v}_i = [v_{i1} \quad v_{i2} \quad v_{i3}]^{\mathrm{T}}$ or $-\mathbf{v}_i = [-v_{i1} \quad -v_{i2} \quad -v_{i3}]^{\mathrm{T}}$, i=1, 2, 3, can be its valid eigenvector, the right-hand side of Eq. (5.9) yields 2^3 possible eigenvector matrices to choose, which implies that there are 2^3 possibilities for the matrix on the left-hand side of Eq. (5.9). This results in two choices (for example, α and $\alpha+\pi$) for each of the rotation angles (i.e. 2^3 rotation angle triples), since these two choices correspond to the same orientation but the opposite direction. Hence, we can calculate the rotation angle triple of the tensor as

$$\begin{cases} \alpha = \operatorname{atan}2(v_{12}, v_{11}) \\ \beta = \operatorname{atan}2(-v_{13}, \sqrt{{v_{11}}^2 + {v_{12}}^2}) = \operatorname{atan}2(-v_{13}, \sqrt{{v_{23}}^2 + {v_{33}}^2}) \\ \gamma = \operatorname{atan}2(v_{23}, v_{33}) \end{cases}, \quad \textbf{(5.10)}$$

where $\operatorname{atan}2(y,x)$ is the four quadrant arctangent of the real arguments x and y. In terms of the standard arctan function that takes values in $(-\pi/2, +\pi/2]$, $\operatorname{atan}2(y,x)$ can be expressed as

$$\operatorname{atan}2(y,x) = \begin{cases} \arctan(y/x), & x > 0 \\ \pi + \arctan(y/x), & y \geq 0, x < 0 \\ -\pi + \arctan(y/x), & y < 0, x < 0 \\ \pi/2, & y > 0, x = 0 \\ -\pi/2, & y < 0, x = 0 \\ 0, & y = 0, x = 0 \end{cases}. \quad \textbf{(5.11)}$$

Since a rotation matrix should satisfy its determinant equal to +1, not all the eigenvector matrices constructed from $\mathbf{v}_i = [v_{i1} \quad v_{i2} \quad v_{i3}]^{\mathrm{T}}$ and $-\mathbf{v}_i = [-v_{i1} \quad -v_{i2} \quad -v_{i3}]^{\mathrm{T}}$ are rotation matrices. Consequently, the 2^3 rotation angle triples will reduce to 4 triples having the determinant equal to +1. The ambiguity of these 4 possibilities for the same tensor can still introduce discontinuities in subsequently calculated angle maps. In order to get around this problem during interpolation, we first consider all the pairs of Euler angle triples for the two current tensors to be interpolated by computing the Euler angle distance between them, which is defined as the sum of absolute values of the respective component difference of their Euler angle triples. The smallest Euler angle distance may correspond to more than one pair of Euler angle triples. Then by making use of neighboring information, the final Euler angle pair corresponding to the current tensors is determined by choosing the one corresponding to the smallest distance between the current tensors and their neighboring tensors.

Taking an example, assume we want to interpolate between tensors $\mathbf{A}$ and $\mathbf{B}$. Taking into account the constraint of determinant equal to +1, each tensor has 4 choices of Euler angle triple. When computing the Euler angle distance between $\mathbf{A}$ and $\mathbf{B}$, there will be 16 possible couples of Euler angle triples (so, 16 possible distances). First, we choose all the pairs of Euler angle triples that give the smallest Euler angle distance between $\mathbf{A}$ and $\mathbf{B}$. There may be 4 pairs leading to the same smallest Euler angle distance. The question is now how to determine which pair of Euler angle triples should be used for interpolation. If $\mathbf{A}$ is the tensor corresponding to the first pixel or voxel of an image, we can choose any one of the 4 couples. Otherwise, we compare the Euler angle distances between $\mathbf{A}$ and its neighboring tensors (a unique Euler angle triple has been determined for each of these neighboring tensors) to determine the pair to be used. The smallest distance will then correspond to the Euler angle

triple of tensor $\mathbf{A}$ we should choose, thus allowing us to obtain the unique pair of Euler angle triples for $\mathbf{A}$ and $\mathbf{B}$.

5.2.2. Scheme of feature-based interpolation using Euler angles

A symmetric positive-definite tensor of rank 3 has 6 degrees of freedom: three eigenvalues representing the shape and the size of the tensor, and three rotation angles representing the orientation of the tensor. Therefore, we can represent the tensor by a vector of six parameters $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3, \alpha$, β, and γ. Meanwhile, it is noted in [Kingsley 2006a] that several properties of the diffusion tensor are rotationally invariant (they do not change when the diffusion tensor is rotated through any angle θ). These invariants include the tensor trace, determinant, and FA. Therefore, when interpolating diffusion tensor rotation angles between two diffusion tensors with only different orientations, the interpolated diffusion tensor will preserve these tensor properties which are very important for clinical analysis. On the other hand, for DT-MRI data, to avoid the swelling effect, the diffusion tensor determinant must be monotonically interpolated [Arsigny 2005, 2006]. Therefore, we cannot interpolate the eigenvalues directly, as it cannot guarantee the monotonicity of the determinant. A solution would be to take the natural logarithm of the eigenvalues and then linearly interpolate these logarithmically transformed eigenvalues. All that led us to define the following mapping from tensor to vector

$$\mathbf{T}: Sym_3 \quad \rightarrow \quad \mathbf{V} = \left[\ln\lambda_1, \ln\lambda_2, \ln\lambda_3, \alpha, \beta, \gamma\right]^{\mathrm{T}}, \text{ with } \alpha, \gamma \in (-\pi, \pi] \text{ and } \beta \in (-\pi/2, \pi/2].$$

The interpolation procedure using Euler angles is described as follows.

Step 1: Perform the diagonalization of the diffusion tensor $\mathbf{D}$ with the relation $\mathbf{D} = \mathbf{E}\boldsymbol{\Lambda}\mathbf{E}^{\mathrm{T}}$, and then arrange the eigenvalues of the obtained diagonal matrix $\boldsymbol{\Lambda}$ in a decreasing order as well as the eigenvector matrix $\mathbf{E}$ accordingly.

Step 2: Calculate the three rotation angles α, β and γ using Eq. (5.10).

Step 3: Logarithmically transform the three eigenvalues, yielding $\lambda_1' = \ln\lambda_1$, $\lambda_2' = \ln\lambda_2$, and $\lambda_3' = \ln\lambda_3$.

Step 4: Interpolate between original vectors (using for example a weighted linear interpolation with $\mathbf{V}(\mathbf{T}) = (1-t)\mathbf{V}(\mathbf{T_0}) + t\mathbf{V}(\mathbf{T_1})$).

Step 5: Construct the interpolated diffusion tensor using $\mathbf{D} = \mathbf{R}\boldsymbol{\Lambda}\mathbf{R}^{\mathrm{T}}$, with $\boldsymbol{\Lambda} = \begin{pmatrix} \exp(\lambda_1') & 0 & 0 \\ 0 & \exp(\lambda_2') & 0 \\ 0 & 0 & \exp(\lambda_3') \end{pmatrix}$ and $\mathbf{R} = \mathbf{R}_z(\alpha)\mathbf{R}_y(\beta)\mathbf{R}_x(\gamma)$.

For instance, given two diffusion tensors $\mathbf{T_0}$ and $\mathbf{T_1}$, the above-described interpolation procedure produces the interpolated diffusion tensor $\mathbf{T}$ by first linearly interpolating the original vectors $\mathbf{V}(\mathbf{T_0})$ and $\mathbf{V}(\mathbf{T_1})$, and then performing the inverse mapping from $\mathbf{V} = \left[\ln\lambda_1, \ln\lambda_2, \ln\lambda_3, \alpha, \beta, \gamma\right]^{\mathrm{T}}$ to obtain $\mathbf{T}$, as formulated by

$$\begin{cases} \mathbf{V} = (1-t)\mathbf{V}(\mathbf{T_0}) + t\mathbf{V}(\mathbf{T_1}) \\ \mathbf{V}(\mathbf{T_0}) = \left[\ln\lambda_{10}, \ln\lambda_{20}, \ln\lambda_{30}, \alpha_0, \beta_0, \gamma_0\right]^{\mathrm{T}} \\ \mathbf{V}(\mathbf{T_1}) = \left[\ln\lambda_{11}, \ln\lambda_{21}, \ln\lambda_{31}, \alpha_1, \beta_1, \gamma_1\right]^{\mathrm{T}} \\ \mathbf{T} = \mathbf{R}\boldsymbol{\Lambda}\mathbf{R}^{\mathrm{T}} \end{cases}, \tag{5.12}$$

where $\mathbf{R}$ is given by Eq. (5.4).

5.2.3. Properties of the feature-based interpolation

5.2.3.1. Determinant interpolation

***Theorem* 5.1** Let $\mathbf{D}_1$ and $\mathbf{D}_2$ represent the two original diffusion tensors whose descending ordered eigenvalues are $\{\lambda_{11},\lambda_{12},\lambda_{13}\}$ and $\{\lambda_{21},\lambda_{22},\lambda_{23}\}$, respectively. Then, the determinants of the interpolated tensors using weighted linear interpolation between them are bigger than the minimum and smaller than the maximum determinants of the original tensors.

Proof. The determinants of the two diffusion tensors can be written respectively as

$$\det(\mathbf{D}_1)=\lambda_{11}\lambda_{12}\lambda_{13}\,, \tag{5.13}$$

$$\det(\mathbf{D}_2)=\lambda_{21}\lambda_{22}\lambda_{23}\,. \tag{5.14}$$

Then, using the weighted linear interpolation, the interpolated eigenvalues can be calculated as

$$\lambda_{i1}^{'}=t\ln\lambda_{11}+(1-t)\ln\lambda_{21}=\ln(\lambda_{11}^{t}\lambda_{21}^{1-t})\,, \tag{5.15}$$

$$\lambda_{i2}^{'}=t\ln\lambda_{12}+(1-t)\ln\lambda_{22}=\ln(\lambda_{12}^{t}\lambda_{22}^{1-t})\,, \tag{5.16}$$

$$\lambda_{i3}^{'}=t\ln\lambda_{13}+(1-t)\ln\lambda_{23}=\ln(\lambda_{13}^{t}\lambda_{23}^{1-t})\,, \tag{5.17}$$

where $\{\lambda_{i1}^{'},\lambda_{i2}^{'},\lambda_{i3}^{'}\}$ denotes the logarithms of the ith interpolated eigenvalue set between the two tensors $\mathbf{D}_1$ and $\mathbf{D}_2$; i=1, …,K with K representing the number of interpolated values; t, $0<t<1$, is the weighting coefficient that is related to K by $t=i/(K+1)$.

As a result, the determinant of the interpolated diffusion tensor $\mathbf{D}_i$ is given by

$$\begin{aligned}\det(\mathbf{D}_i)&=\exp(\lambda_{i1}^{'})\exp(\lambda_{i2}^{'})\exp(\lambda_{i3}^{'})=\lambda_{11}^{t}\lambda_{21}^{1-t}\lambda_{12}^{t}\lambda_{22}^{1-t}\lambda_{13}^{t}\lambda_{23}^{1-t}\\&=(\lambda_{11}\lambda_{12}\lambda_{13})^{t}(\lambda_{21}\lambda_{22}\lambda_{23})^{1-t}=\left(\det(\mathbf{D}_1)\right)^{t}\left(\det(\mathbf{D}_2)\right)^{(1-t)}\,.\end{aligned} \tag{5.18}$$

That means that the determinant of the interpolated diffusion tensor $\mathbf{D}_i$ can be regarded as the weighted geometric mean of the diffusion tensors $\mathbf{D}_1$ and $\mathbf{D}_2$. It can be easily proved that the weighted geometric mean of two positive numbers is greater than the minimum and smaller than the maximum of the two numbers. We have then $\min(\det(\mathbf{D}_1),\det(\mathbf{D}_2))<\left(\det(\mathbf{D}_1)\right)^{t}\left(\det(\mathbf{D}_2)\right)^{(1-t)}<\max(\det(\mathbf{D}_1),\det(\mathbf{D}_2))$, that is, $\min(\det(\mathbf{D}_1),\det(\mathbf{D}_2))<\det(\mathbf{D}_i)<\max(\det(\mathbf{D}_1),\det(\mathbf{D}_2))$.

5.2.3.2. Tensor shape interpolation

In the present work, the tensor shape is expressed by two ratios: $k_2=\dfrac{\lambda_2}{\lambda_1}$ and $k_3=\dfrac{\lambda_3}{\lambda_1}$.

***Theorem* 5.2** Let $\mathbf{D}_1$ and $\mathbf{D}_2$ represent the two original diffusion tensors whose descending ordered eigenvalues are $\{\lambda_{11},\lambda_{12},\lambda_{13}\}$ and $\{\lambda_{21},\lambda_{22},\lambda_{23}\}$, respectively. Then the tensor shape is interpolated monotonically.

Proof. From Eq. (5.15) and (5.16), we can obtain the interpolated ratio:

$$k_{i2}=\frac{\lambda_{i2}}{\lambda_{i1}}=\frac{\exp(\ln(\lambda_{12}^{t}\lambda_{22}^{1-t}))}{\exp(\ln(\lambda_{11}^{t}\lambda_{21}^{1-t}))}=\frac{\lambda_{12}^{t}\lambda_{22}^{1-t}}{\lambda_{11}^{t}\lambda_{21}^{1-t}}=k_{12}^{t}k_{22}^{1-t}\,, \tag{5.19}$$

So, $\min(k_{12},k_{22})\le k_{i2}\le\max(k_{12},k_{22})$.

By the same rule, we can prove that $\min(k_{13},k_{23}) \le k_{i3} \le \max(k_{13},k_{23})$. Therefore, the interpolated tensor shape is monotonically varied.

5.2.3.3. FA interpolation

Pour le variation of FA values during the interpolation, it is more complicated to prove it monotonicity in all situations. We here give the proofs in 2D and in the case of cylindrically symmetric diffusion.

***Theorem* 5.3** Let $\mathbf{D}_1$ and $\mathbf{D}_2$ represent the two original diffusion tensors whose descending ordered eigenvalues are $\{\lambda_{11},\lambda_{12},\lambda_{13}\}$ and $\{\lambda_{21},\lambda_{22},\lambda_{23}\}$, respectively. Then the FA of the interpolated tensors is interpolated monotonically in 2D and in the case of cylindrically symmetric diffusion.

Proof:

Situation 1: when the dimension is equal to 2, $\mathrm{FA} = \frac{\lambda_1-\lambda_2}{\sqrt{\lambda_1^2+\lambda_2^2}} = \frac{\lambda_1-k_2\lambda_1}{\sqrt{\lambda_1^2+k_2^2\lambda_1^2}} = \frac{1-k_2}{\sqrt{1+k_2^2}}$.

Then, we get:

$$\begin{aligned}
\frac{\partial \mathrm{FA}}{\partial k_2} &= \partial\left(\frac{1-k_2}{\sqrt{1+k_2^2}}\right)/\partial k_2 \\
&= \frac{-1\times\sqrt{1+k_2{}^2} - (1-k_2)\times\dfrac{2k_2}{2\sqrt{1+k_2^2}}}{1+k_2^2} \\
&= \frac{-(1+k_2{}^2)-(1-k_2)\times k_2}{(1+k_2^2)\sqrt{1+k_2^2}} \\
&= \frac{-1-k_2{}^2-k_2+k_2^2}{(1+k_2^2)\sqrt{1+k_2^2}} \\
&= \frac{-1-k_2}{(1+k_2^2)\sqrt{1+k_2^2}}
\end{aligned} \quad . \qquad \textbf{(5.20)}$$

Since $0<k_2\le 1$, we have $\frac{\partial \mathrm{FA}}{\partial k_2} < 0$ for any $k_2 \in (0,1]$. That is, FA is a monotone decreasing function of k_2. From theorem 5.2, we know that k_2 is monotonically interpolated during interpolation, therefore FA is monotonically interpolated (but in a reverse manner compared with that of k_2). This situation in geometry can be explained as: if k_2 decreases during interpolation, that is, difference between the first eigenvector and the second eigenvector is bigger and bigger, the interpolated FA will vary in a increasing way, namely, the interpolated ellipses are more and more prolate.

Situation 2: When the dimension is equal to 3, FA can be calculated by: $\mathrm{FA}=\left\{\frac{3[(\lambda_1-\bar{\lambda})^2+(\lambda_2-\bar{\lambda})^2+(\lambda_3-\bar{\lambda})^2]}{2(\lambda_1^2+\lambda_2^2+\lambda_3^2)}\right\}^{1/2} = \left\{\frac{[(\lambda_1-\lambda_2)^2+(\lambda_2-\lambda_3)^2+(\lambda_3-\lambda_1)^2]}{2(\lambda_1^2+\lambda_2^2+\lambda_3^2)}\right\}^{1/2}$. In the case of cylindrically symmetric diffusion in 3D, there are two identical eigenvalues. There are two cases for it: $\lambda_1=\lambda_2>\lambda_3$ and $\lambda_1>\lambda_2=\lambda_3$.

In the case of $\lambda_1=\lambda_2>\lambda_3$, $k_2=1$ and $0<k_3\le 1$, FA can be represented as:

$$\mathrm{FA} = \left\{\frac{\lambda_1^2[(1-1)^2+(1-k_3)^2+(k_3-1)^2]}{2\lambda_1^2(1+1+k_3^2)}\right\}^{1/2} = \sqrt{\frac{(1-k_3)^2}{2+k_3^2}} = \frac{(1-k_3)}{\sqrt{2+k_3^2}}. \qquad \textbf{(5.21)}$$

Then, we get:

$$\begin{aligned}\frac{\partial \mathrm{FA}}{\partial k_3} &= \partial\left(\frac{(1-k_3)}{\sqrt{2+k_3^2}}\right)/\partial k_3 \\ &= \frac{-\sqrt{2+k_3^2}-(1-k_3)\dfrac{2k_3}{2\sqrt{2+k_3^2}}}{2+k_3^2} \\ &= \frac{-2-k_3^2-(1-k_3)k_3}{(2+k_3^2)\sqrt{2+k_3^2}} \\ &= \frac{-(2+k_3)}{(2+k_3^2)^{3/2}}\end{aligned} . \quad \textbf{(5.22)}$$

Obviously, $\frac{\partial \mathrm{FA}}{\partial k_3} < 0$. That is, FA is a monotone decreasing function of k_3. Since k_3 is monotonically interpolated during interpolation, therefore FA is also monotonically interpolated (but in a reverse manner compared with that of k_3).

In the case of $\lambda_1 > \lambda_2 = \lambda_3$, $0 < k_2 = k_3 < 1$, FA is represented as:

$$\mathrm{FA} = \left\{\frac{\lambda_1^2[(1-k_3)^2+(1-1)^2+(k_3-1)^2]}{2\lambda_1^2(1+1+k_3^2)}\right\}^{1/2} = \sqrt{\frac{(1-k_3)^2}{1+2k_3^2}} = \frac{(1-k_3)}{\sqrt{1+2k_3^2}} . \quad \textbf{(5.23)}$$

And we can get:

$$\begin{aligned}\frac{\partial FA}{\partial k_3} &= \partial\left(\frac{(1-k_3)}{\sqrt{1+2k_3^2}}\right)/\partial k_3 \\ &= \frac{-\sqrt{1+2k_3^2}-(1-k_3)\dfrac{4k_3}{2\sqrt{1+2k_3^2}}}{1+2k_3^2} \\ &= \frac{-1-2k_3^2-(1-k_3)2k_3}{(1+2k_3^2)\sqrt{1+2k_3^2}} \\ &= \frac{-(1+2k_3)}{(1+2k_3^2)^{3/2}} < 0\end{aligned} . \quad \textbf{(5.24)}$$

Again, FA is a monotone decreasing function of k_3. Since k_3 is monotonically interpolated during interpolation, therefore FA is also monotonically interpolated.

Proof of theorem 5.3 is finished.

5.3. Feature-based interpolation for diffusion tensor using quaternion

In this section, we choose the unit quaternion to represent tensor orientation because it guarantees smooth interpolation between spatial orientations even with great differences and it provides a mathematically simple, stable, and efficient representation in rotations and orientation in 3-dimensional space. Quaternions [Shoemake 1985, Hamilton 1844], discovered early in the history of vector mathematics, extend complex numbers into four dimensions. Not a new method, they have been frequently used in aircraft controls for flight attitude [Allerton 2009], robotic modeling for movement controlling[Siciliano 2009], computer graphics for animating 3-D rotations [Barr 1992].

Our feature-based interpolation using quaternion first represents a tensor by eigenvalues and unit quaternion, then interpolates the nature logarithm of the eigenvalues and unit quaternion to avoid the swelling effect and to guarantee the monotonic interpolation of tensor

shape and tensor orientation, and finally reconstructs tensors to be interpolated by the interpolated eigenvalues and unit quaternions. The results obtained with the aid of both synthetic and real cardiac DT-MRI data demonstrate that the proposed feature-based method using quaternion not only maintains the advantages of Log-Euclidean and Riemannian interpolation as for preserving the monotonic determinant variation, but also minimizes, at the same time, the decreasing effect of mean diffusivity (MD) and/or fractional anisotropy (FA) values observed in Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean methods. Moreover, our method produces much better fiber tracking results than other existing methods in terms of fiber number and length.

5.3.1. Quaternion theory

Quaternions were first devised by William Rowan Hamilton 1843 as a result of a search for a generalization of complex numbers. Since the late 20th century, quaternions have been widely used in the interpolation of rotations and orientations for its three main advantages. First, its definition of an orientation by a quaternion is coordinate system independent; second, interpolation of quaternions gives a consistent and smooth 3-D orientation interpolation; third, it has avoided gimbal lock during the interpolation.

There are numerous ways to interpret the quaternion mathematically. They can be described as an algebraic quantity

$$\mathbf{q} = w + \mathbf{i}x + \mathbf{j}y + \mathbf{k}z, \tag{5.25}$$

as a point in four dimensional projective space (w, x, y, z) or as a scalar plus 3-vector:

$$\mathbf{q} = (w, \mathbf{v}),\ \mathbf{v} = \mathbf{i}x + \mathbf{j}y + \mathbf{k}z, \tag{5.26}$$

If $w^2 + x^2 + y^2 + z^2 = 1$ is satisfied, q is called unit quaternion, and it can be expressed still as an axis-angle pair:

$$\mathbf{q} = (\cos(\Phi/2), \mathbf{v}\sin(\Phi/2)), \tag{5.27}$$

where Φ describes the rotation about axis $\mathbf{v}$. Similar to the algebra associated with imaginary numbers, quaternions have three imaginary units, $i, j,$ and k and are non-communitive under multiplication with

$$i^2 + j^2 + k^2 = -1, \tag{5.28}$$

and

$$ij = k = -ji,\ jk = i = -kj,\ ki = j = -ik. \tag{5.29}$$

The most popular interpolation curve of quaternions is the SLERP interpolation for its characteristic of getting the shortest geodesic path and the consistent angular velocity in the sphere. Given the starting and ending quaternions q_0 and q_1, the interpolated orientation can be calculated using the theoretical equation:

$$slerp(\mathbf{q}_0, \mathbf{q}_1, t) = (\mathbf{q}_1\mathbf{q}_0^{-1})^t\mathbf{q}_0. \tag{5.30}$$

To get the "short" geodesic from the starting to the end, an antipodal quaternion must be used when the interpolated quaternion has a negative scalar part. Eq. (5.30) is useful for theoretical

analysis, while in practical applications, for the sake of completeness, the following expressions without exponentiation are used:

$$\cos\theta = \mathbf{q}_0 \square \mathbf{q}_1$$
$$slerp(\mathbf{q}_0, \mathbf{q}_1, t) = \frac{\mathbf{q}_0 \sin((1-t)\theta) + \mathbf{q}_1 \sin(t\theta)}{\sin\theta}. \quad \textbf{(5.31)}$$

The two expressions in Eq. (5.29) and (5.30) have been proven to be the same in [Dam 1998].

5.3.2. Conversion between rotation matrix and unit quaternion

For a unit quaternion (w, x, y, z) the corresponding rotation matrix $\mathbf{R}$ is defined as follows [Shoemake 1985].

$$\mathbf{R} = \begin{bmatrix} 1-2y^2-2z^2 & 2xy-2wz & 2xz+2wy \\ 2xy+2wz & 1-2x^2-2z^2 & 2yz-2wx \\ 2xz-2wy & 2yz+2wx & 1-2x^2-2y^2 \end{bmatrix}. \quad \textbf{(5.32)}$$

Converting a rotation matrix to a unit quaternion is a bit more complicated. For a given rotation matrix

$$\mathbf{E} = \begin{pmatrix} v_{11} & v_{21} & v_{31} \\ v_{12} & v_{22} & v_{32} \\ v_{13} & v_{23} & v_{33} \end{pmatrix}, \quad \textbf{(5.33)}$$

Combining Eq. (5.32) and Eq. (5.33) yields the following relations:

$$4w^2 = 1 + v_{11} + v_{22} + v_{33}, \quad \textbf{(5.34)}$$
$$4x^2 = 1 + v_{11} - v_{22} - v_{33}, \quad \textbf{(5.35)}$$
$$4y^2 = 1 - v_{11} + v_{22} - v_{33}, \quad \textbf{(5.36)}$$
$$4z^2 = 1 - v_{11} - v_{22} + v_{33}, \quad \textbf{(5.37)}$$
$$4xy = v_{21} + v_{12}, \quad \textbf{(5.38)}$$
$$4xz = v_{31} + v_{13}, \quad \textbf{(5.39)}$$
$$4yz = v_{23} + v_{32}, \quad \textbf{(5.40)}$$
$$4wz = v_{12} - v_{21}, \quad \textbf{(5.41)}$$
$$4wy = v_{31} - v_{13}, \quad \textbf{(5.42)}$$
$$4wx = v_{23} - v_{32}. \quad \textbf{(5.43)}$$

From these, four different conversions can be given. But depending on the values of E, some will produce complex results. To avoid such an event, constrains are defined to select the best solution:
In the case, $v_{22} > -v_{33}$, $v_{11} > -v_{22}$, and $v_{11} > -v_{33}$, quaternion is defined as:

$$\begin{cases} w = \dfrac{\sqrt{1+v_{11}+v_{22}+v_{33}}}{2} \\ x = \dfrac{v_{23}-v_{32}}{4w} \\ y = \dfrac{v_{31}-v_{13}}{4w} \\ z = \dfrac{v_{12}-v_{21}}{4w} \end{cases}. \quad \textbf{(5.44)}$$

In the case, $v_{22} < -v_{33}, v_{11} > v_{22}$, and $v_{11} > v_{33}$, quaternion is given as:

$$\begin{cases} w = \dfrac{v_{23}-v_{32}}{4x} \\ x = \dfrac{\sqrt{1+v_{11}-v_{22}-v_{33}}}{2} \\ y = \dfrac{v_{12}+v_{21}}{4x} \\ z = \dfrac{v_{31}+v_{13}}{4x} \end{cases}. \quad \textbf{(5.45)}$$

In the case, $v_{22} > v_{33}, v_{11} < v_{22}$, and $v_{11} < -v_{33}$, quaternion is:

$$\begin{cases} w = \dfrac{v_{31}-v_{13}}{4y} \\ x = \dfrac{v_{12}+v_{21}}{4y} \\ y = \dfrac{\sqrt{1-v_{11}+v_{22}-v_{33}}}{2} \\ z = \dfrac{v_{23}+v_{32}}{4y} \end{cases}. \quad \textbf{(5.46)}$$

In the case, $v_{22} < v_{33}, v_{11} < -v_{22}$, and $v_{11} < v_{33}$, quaternion can be calculated as:

$$\begin{cases} w = \dfrac{v_{12}-v_{21}}{4z} \\ x = \dfrac{v_{31}+v_{13}}{4z} \\ y = \dfrac{v_{23}+v_{32}}{4z} \\ z = \dfrac{\sqrt{1-v_{11}-v_{22}+v_{33}}}{2} \end{cases}. \quad \textbf{(5.47)}$$

Finally, quaternions calculated from Eq. (5.44) to (5.47) are normalized to get the unit quaternions.

In 3-D space, a diffusion tensor $\mathbf{D}$, represented by a 3×3 matrix, can be decomposed into eigenvalue matrix and eigenvector matrix.

$$\mathbf{D} = \mathbf{E}\times\ \times\ ^{T}, \quad \textbf{(5.48)}$$

where the three columns of the matrix $\mathbf{E}$ correspond to the three eigenvectors of the diffusion tensor $\mathbf{D}$. Since flipping each eigenvector's direction while keeping its orientation gives the same tensor $\mathbf{D}$, therefore, there are 8 possibilities for each eigenvector matrix. But it is worth noting that not all the eigenvector matrices are rotation matrices, which must be satisfied by the determinant equaling to +1. With this limitation, there are still 4 possibilities for the eigenvector matrix in each voxel, which correspond to 4 quaternions. To obtain the unique quaternion, a local quaternion alignment process using the inner product must be performed before the other process of tensor orientation.

5.3.3. Feature-based tensor interpolation using quaternion

A symmetric positive-definiteness tensor of rank 3 has two features: the first feature is the tensor geometry, which includes tensor shape and tensor size and is related to the three eigenvalues; the other is the tensor orientation, which can be represented by a unit quaternion.

Therefore, a mapping from tensor to the two vector sets is defined:

$\mathbf{T}: Sym_3 \quad \rightarrow \quad \mathbf{V} = [\ln\lambda_1, \ln\lambda_2, \ln\lambda_3]^T$ and $\mathbf{q} = [w, x, y, z]^T$, with $w^2 + x^2 + y^2 + z^2 = 1$.

It is noted in [kingsley 2006b] that several properties of the diffusion tensor are rotationally invariant (they do not change when the diffusion tensor is rotated). These invariants include the tensor trace, determinant, FA and so on. Therefore, when interpolating quaternions between two diffusion tensors with only different orientations, the interpolated diffusion tensor will preserve these tensors' properties which are very important for clinical analysis.

For DT-MRI data, to avoid the swelling effect, we must keep the diffusion tensor determinant monotonically interpolated [Arsigne 2005 & 2006]. Therefore, we cannot interpolate the tensor geometry parameters directly, since it cannot guarantee the monotonicity of the determinant. To cope with this problem, we propose to take the natural logarithm of the tensor geometry parameters and then linearly interpolate these logarithmically transformed parameters.

The interpolation procedure using quaternion is described as follows.

Step 1: Perform the diagonalization of the diffusion tensor $\mathbf{D}$ with the relation $\mathbf{D} = \mathbf{E}\boldsymbol{\Lambda}\mathbf{E}^T$, and then arrange the eigenvalues of the obtained diagonal matrix $\boldsymbol{\Lambda}$ in a decreasing order as well as the eigenvector matrix $\mathbf{E}$ accordingly.

Step 2: Calculate the unit quaternion $\mathbf{q} = [w, x, y, z]$ using Eq. (5.44-5.47).

Step 3: Logarithmically transform the three geometry parameters, yielding $\lambda_1' = \ln\lambda_1$, $\lambda_2' = \ln\lambda_2$, and $\lambda_3' = \ln\lambda_3$.

Step 4: Interpolate the two vector sets: $\mathbf{V} = [\lambda_1', \lambda_2', \lambda_3']^T$ and $\mathbf{q} = [w, x, y, z]^T$ (using for example a weighted linear interpolation with $\mathbf{V}(\mathbf{T}) = (1-t)\mathbf{V}(\mathbf{T_0}) + t\mathbf{V}(\mathbf{T_1})$ and $\mathbf{q}(\mathbf{T}) = slerp(\mathbf{q}(\mathbf{T_0}), \mathbf{q}(\mathbf{T_1}), t) = (\mathbf{q}(\mathbf{T_1})\mathbf{q}(\mathbf{T_0})^{-1})^t \mathbf{q}(\mathbf{T_0}))$.

Step 5: Construct the interpolated diffusion tensor using $\mathbf{D} = \mathbf{R}\boldsymbol{\Lambda}'\mathbf{R}^T$, with

$$\boldsymbol{\Lambda} = \begin{pmatrix} \exp(\lambda_1') & 0 & 0 \\ 0 & \exp(\lambda_2') & 0 \\ 0 & 0 & \exp(\lambda_3') \end{pmatrix}$$ and $\mathbf{R}$ is given by Eq. (5.32).

Our feature-based interpolation using quaternion and feature-based interpolation using Euler angles have the same properties for the interpolation of tensor invariants parameters, such as determinant, tensor shape, tensor size, FA, MD and so on. That is because both of them interpolate the tensor shape uniformly based on the nature logarithm of eigenvalues. That is, the proposed feature-based interpolation using quaternion has the same properties as that using Euler angles described in section 5.2.3.

5.4. Experiments design

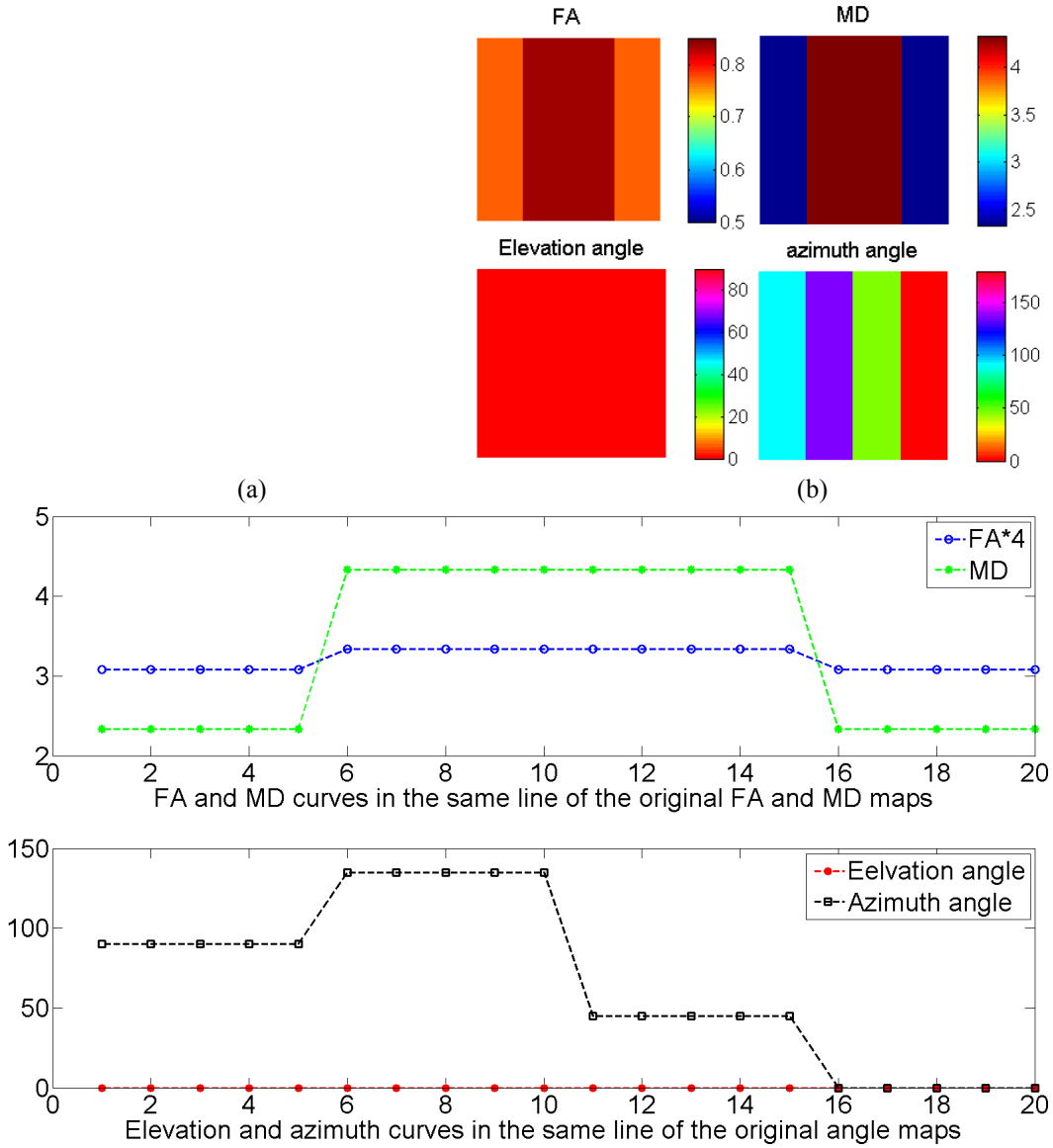
To evaluate the proposed interpolation methods, both synthetic tensor data and real cardiac DT-MRI data were used.

5.4.1. Synthetic tensor data

1D and 2D synthetic data is used for feature-based interpolation using Euler angle and using quaternion respectively.

The 1D synthetic data used for Euler angle based interpolation concerns the tensor fields obtained from two anisotropic tensors of eigenvalues (8, 1.2, 0.3) at angles ($\pi/4$, 0, 0) and (16, 2.4, 0.6) at angles ($-\pi/4$, 0, 0) with the same FA and the same shape but with different sizes and different orientations.

The 2D synthetic data used for quaternion interpolation concerns the tensor fields obtained from a 20×20 artificial tensor field with 4 homogeneous regions separated by discontinuities of different orientations, shapes and sizes (see Fig.5.1 (a)). The corresponding parameters maps are shown in Fig. 5.1 (b), from which we can observe that both FA and MD maps are separated to 3 regions, while elevation angle map is a homogeneous one and azimuth angle map is divided into 4 regions. Corresponding profiles are shown in Fig. 5.1 (c) to better view and comparison.



(c)

Fig. 5.1 Original synthetic tensor field and corresponding parameter maps. (a) Original synthetic tensor field with the same shape, same size and different orientation. (b) FA, MD, elevation angle and azimuth angle maps from the original synthetic tensor field. (c) FA, MD, elevation angle and azimuth angle curves in the same line of the original corresponding maps.

5.4.2. Real cardiac DT-MRI data

The real data sets contain cardiac DT-MRI acquired from 17 human hearts. Among these real data, a major part corresponds to the data acquired with a clinically relevant protocol. These cardiac diffusion-weighted images and T2-weighted images were acquired from 16 *ex-vivo* human hearts on a Siemens 1.5-T Magnetom Sonata in the Hospital of Neuro-Cardiology of Lyon with the following settings: TE = 98 ms, TR = 8600 ms, FOV = 256×256 mm, slice thickness = 2 mm, slice spacing = 2 mm, number of slices = 52, slice size = 128×128, diffusion sensitivity b = 1000 s/mm^2, gradient directions = 30 or 12 or 6, and a single T2-weighted (b=0) image. The acquisition time for a 3-D dataset with 30 directions and 1 average is 4.6 minutes. Each heart was located in a plastic container and fixed by hydrophilic gel to maintain a diastolic shape. This setup has a low dielectric effect and also eliminates unwanted susceptibility artifacts near the boundaries of the heart. The other part corresponds to the data acquired by very long time repeated accumulation (more than 48 hours), which contain much less noise. This diffusion tensor data set (tensor fields and T2 image) was downloaded from the web site http://www.ccbm.jhu.edu/research/DTMRIDS.php.

5.4.3. Performance evaluation

The performance and the accuracy of the proposed interpolation methods were qualitatively assessed using the vector field, tensor field, FA map, and MD map. MD indicates the mean diffusivity of water molecules, which reflects the redistribution of intracellular and extracellular space volumes. FA is defined as $FA=\left\{\frac{3[(\lambda_1-\bar{\lambda})^2+(\lambda_2-\bar{\lambda})^2+(\lambda_3-\bar{\lambda})^2]}{2(\lambda_1^2+\lambda_2^2+\lambda_3^2)}\right\}^{1/2}$, where $\bar{\lambda}$ is the mean of the three eigenvalues of the diffusion tensor λ_1, λ_2, λ_3, which is in fact the MD. FA ranges from 0 for isotropic diffusion to 1 for completely anisotropic diffusion. More quantitative criteria have also been used that concern the tensor determinant and the mean square error of FA or MD, which is calculated as $MSE(X'-X)=\frac{1}{M\times N}\sum_{i=1}^{M}\sum_{j=1}^{N}(X'(i,j)-X(i,j))^2$, where X' indicates FA or MD value of the interpolated image, and X that of the original image. To observe the variation of tensor shape, we have in addition used the primary eigenvalue to the second eigenvalue ratio, and the primary eigenvalue to the third eigenvalue ratio. When two tensors have the same ratios, they have the same shape. To observe the variation of fiber orientation during interpolation process, elevation and azimuth angle maps [Jouk 2000 & 2007] are calculated. The elevation angle corresponds to the angle between the fiber and the section plane, while the azimuth angle is the angle between the projection of the fiber in the section plane and the east-west axis of the same plan. A local knowledge of these two angles which range from 0 to π for azimuth angle and 0 to π/2 for elevation angle determines completely the orientation of the fiber. To illustrate the effect of different interpolation on fiber tracking, quantitative comparisons in fiber length, fiber numbers and are given.

Finally, the proposed interpolation methods were compared with the following existing methods: 1) Euclidean interpolation: interpolate linearly tensor elements using $\mathbf{T}=(1-t)\mathbf{T}_0+t\mathbf{T}_1$ (where $\mathbf{T}_0$ and $\mathbf{T}_1$ are original tensors and $t\in[0,1]$ is the interpolation coefficient); 2) Cholesky interpolation [Wang 2004]: first, decompose tensor into triangular matrices $\mathbf{T}_0=\mathbf{L}_0\mathbf{L}_0^{\mathrm{T}}$, $\mathbf{T}_1=\mathbf{L}_1\mathbf{L}_1^{\mathrm{T}}$, then interpolate linearly the low triangular matrix elements with $\mathbf{L}=(1-t)\mathbf{L}_0+t\mathbf{L}_1$, and finally reconstruct the interpolated tensor by $\mathbf{T}=\mathbf{L}\mathbf{L}^{\mathrm{T}}$; 3) Log-Euclidean

interpolation [Arsigny 2005, 2006]: interpolate linearly tensor elements by means of $\mathbf{T} = \exp((1-t)\log(\mathbf{T}_0) + t\log(\mathbf{T}_1))$, where the logarithm of the matrix $\mathbf{T}_0$ (the same calculation for $\mathbf{T}_1$) is obtained by first decomposing the matrix into $\mathbf{T}_0 = \mathbf{R}\boldsymbol{\Lambda}\mathbf{R}^T$ with $\mathbf{R}$ designating the rotation matrix and $\boldsymbol{\Lambda}$ a diagonal matrix, then taking the logarithms of each eigenvalue in $\boldsymbol{\Lambda}$, and finally rotating each diagonal log matrix using $\mathbf{R}\log(\boldsymbol{\Lambda})\mathbf{R}^T$. 4): Riemannian rotational interpolation [Batchelor 2005]: first decompose the tensor to eigenvalue and eigenvector matrices using: $\mathbf{T}_0 = \mathbf{R}_0\boldsymbol{\Lambda}_0\mathbf{R}_0^T$, then linearly interpolate tensor using $\mathbf{T} = \mathbf{R}_0\boldsymbol{\Lambda}^t\mathbf{R}(t)^T$, where $\mathbf{R}(t) = \mathbf{R}_0(\mathbf{R}_0^T\mathbf{R}_1)^t$. The Riemannian rotational method is only used in the comparison with our proposed method using Euler angles. Since it could produce chaotic results in 2D tensor fields, we will not include it in all the comparisons.

5.5. Results

5.5.1. Results for feature-based interpolation using Euler angles

5.5.1.1. Synthetic Data

Figure 5.2 shows the results of five interpolations between two tensors with 90° difference in orientation but with the same shape (so the same FA). The color of the ellipsoid is determined by the primary eigenvector direction of the tensor. We observe that, for the Euclidean interpolation and Log-Euclidean interpolation, tensor shape has greatly changed and some interpolated tensors have even sphere-like shapes, while the orientation of the interpolated tensors vary little (as can be seen from the color of the tensors). In other words, the Euclidean and Log-Euclidean methods account little for tensor orientation during the interpolation process. With Cholesky interpolation, both tensor shape and tensor orientation have varied, but the change in shape is more salient, and the middle interpolated tensor is not horizontal. With Riemannian rotational interpolation, since the eigenvector matrix is not unique, there are four possible interpolation results, as shown in Fig. 5.2(d), the first and second situations of which keep the tensor shape unchanged while the tensor orientation varies uniformly. In the third situation, some of the interpolated tensors are complex-valued matrices resulting from the complex-valued eigenvectors. The fourth situation gives another possible interpolation, with which the interpolated tensor becomes a line (corresponding to FA=1) instead of an ellipsoid. In contrast, by monotonically interpolating the rotation angles and eigenvalues, our feature-based method preserves tensor shape while producing a regular evolution of tensor size and tensor determinant and a much smoother rotation of the eigenvectors than the Euclidean, Cholesky, and Log-Euclidean methods. Indeed, with Euclidean and log-Euclidean, the interpolated tensors have almost the same principal eigenvector up to the transition point, and then there is a sudden change in principal eigenvector orientation (i.e. sudden changes in color). In contrast, with Cholesky, Riemannian and our methods, the orientation changes more gradually. Note that this example represents an extreme situation, in which the difference in orientation between the two tensors is 90°. When the difference in orientation is smaller than 90°, the shape of the interpolated tensors resembles less a disc, and FA collapse is less with Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean methods.

(a)

(b)

(c)

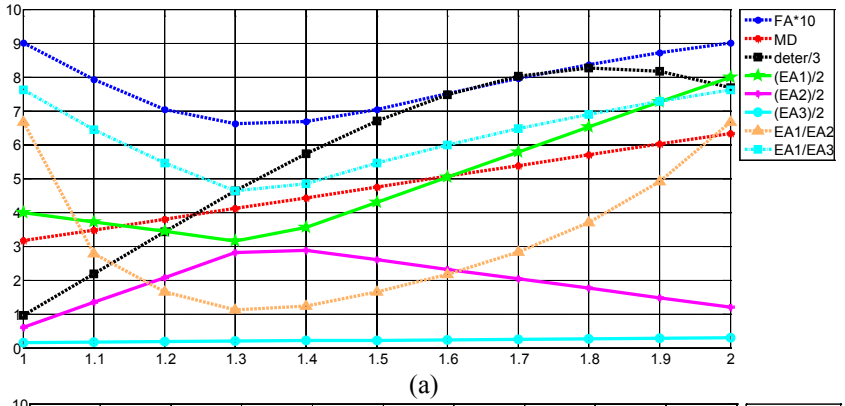
(d)

(e)

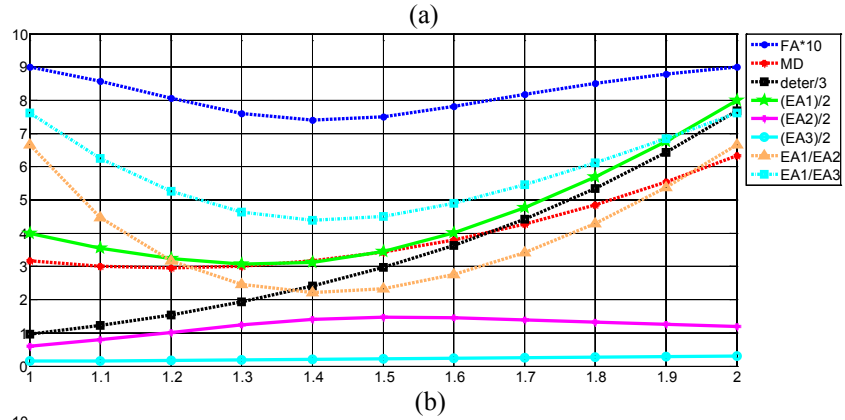
Fig. 5.2 Different interpolations between two tensors with the same shape and different orientations. The first original tensor is defined by the eigenvalues (8, 1.2, 0.3) and the orientation ($\pi/4$, 0, 0), and the second one by (16, 2.4, 0.6) and (- $\pi/4$, 0, 0). (a): Euclidean interpolation. (b): Cholesky interpolation. (c): Log-Euclidean interpolation. (d): Different results using Riemannian rotational interpolation because of the indefinite eigenvector matrix. (e): Our feature-based interpolation using Euler anlges. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top).

In Fig. 5.3 are plotted the three eigenvalues (EA1, EA2 and EA3), FA, MD, determinant (deter) and the two eigenvalue ratios (EA1/EA2, EA1/EA3), obtained using the five interpolation methods. With the Euclidean linear interpolation, MD is perfectly linearly interpolated, while FA and the two eigenvalues ratios have convex curves presenting a minimum value, and the tensor determinant is a concave curve going through a maximum. With Log-Euclidean interpolation and Cholesky interpolation, the tensor determinant is monotonically interpolated, but FA, MD and the two eigenvalue ratios are not. Instead, all of them go through a local minimum, and the difference between Cholesky and Log-Euclidean methods is the position and the value of the local minimum. Note that all these three methods

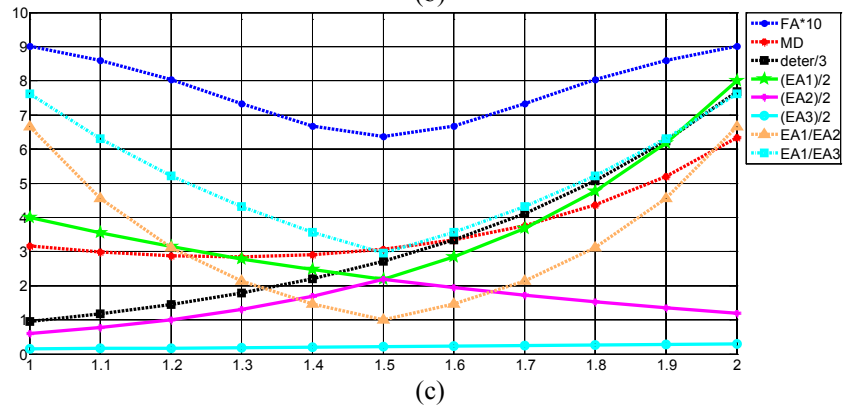
have introduced collapse of FA values between two tensors with the same FA. This implies that between two ellipsoids with the same anisotropy, the interpolated tensors may turn into oblate discs. On the other hand, Log-Euclidean and Cholesky interpolations cause a decrease of MD values. In contrast, our feature-based interpolation method monotonically interpolates the tensor determinants and the eigenvalues, keeps tensor shape unchanged (the two eigenvalue ratios are constant), makes tensor orientation vary smoothly, and minimizes the collapse effect of FA and decrease of MD. For Riemannian rotational interpolation, the first three situations all produce the same parameter curves given in the first plot of Fig. 5.3(d), which are the same as those obtained with our method (Fig. 5.3(e)), while the fourth situation (second plot in Fig. 5.3(d)) generates parameter curves different from the first three situations. In the middle of the interpolation path, the FA value generated by the fourth situation is equal to 1, and the ratios of the primary eigenvalue to the second and the third eigenvalues go up to infinity since the second and the third eigenvalues become zero, while the determinant, the three eigenvalues and the MD value achieve their minimum values.



(a)



(b)



(c)

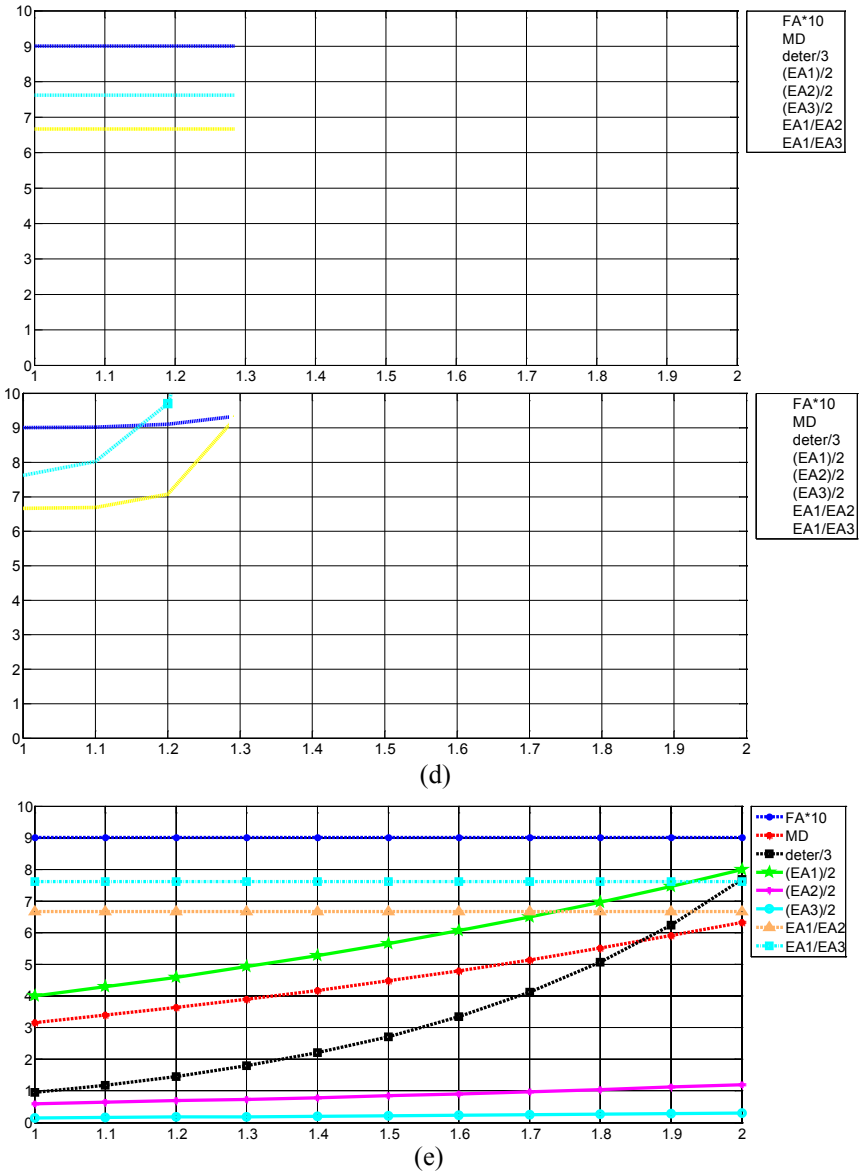


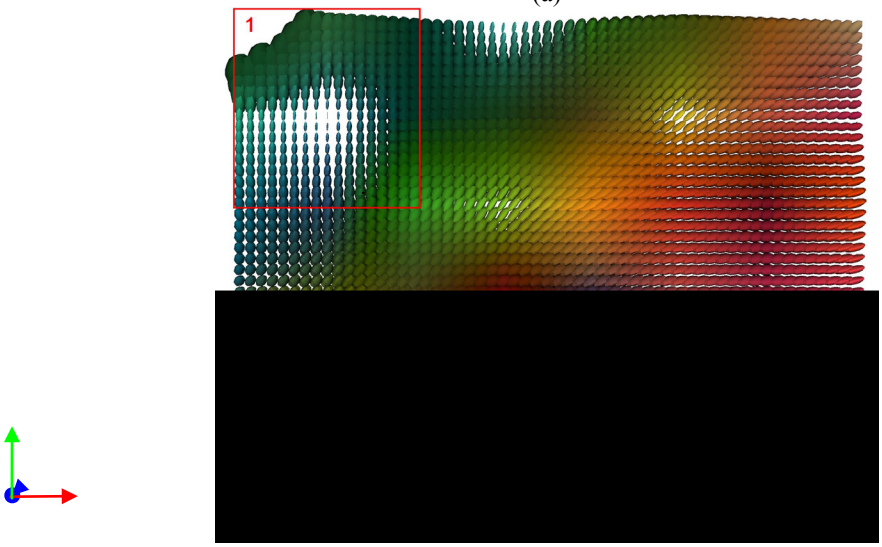
Fig. 5.3 Parameter curves of the tensors illustrated in Fig. 5.2. The plots from (a) to (e) correspond to the Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean interpolation, Riemannian rotational interpolation and the proposed Euler angle based interpolation methods, respectively. Note that for Riemannian rotational interpolation, the four situation in Fig. 5.2 (d) result in only two different plots. In each plot, the eight curves represent FA (blue dotted line), MD (red dotted line), determinant (black dotted) line, the primary eigenvalues (green continued line), the second eigenvalues (magenta continued line), the third eigenvalues (cyan continued line), the ratio of the primary to second eigenvalues (yellow dotted line), and the ratio of the primary to third eigenvalues (cyan dotted line), respectively. Note that FA, determinant, and the three eigenvalues have been scaled in order to more visibly show all the curves in the same plot.

5.5.1.2. Human cardiac DT-MRI Data

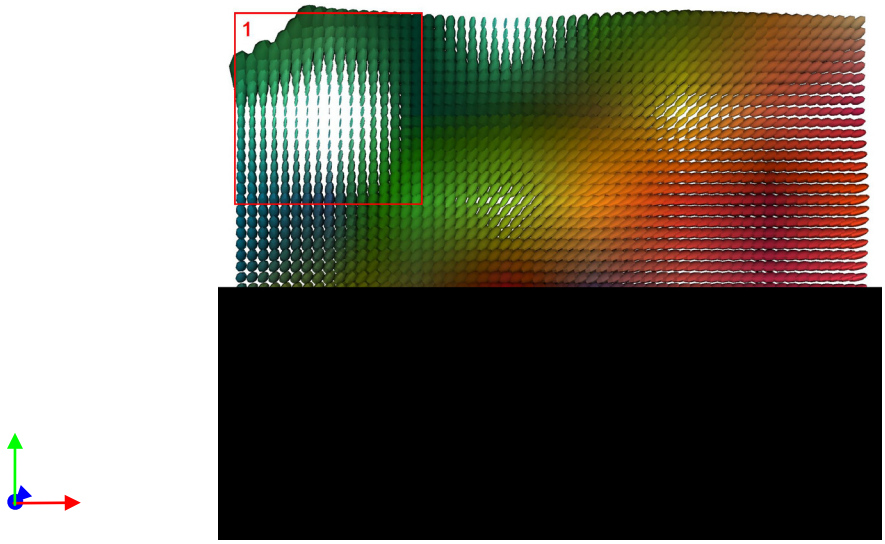
Figure 5.4 illustrates the original tensor field of the 10^{th} slice (near the heart base where both right and left ventricles are visible) of a human cardiac DT-MRI volume and the interpolated tensor fields obtained using the five interpolation methods. The initial tensor fields of 128×128 were interpolated to a size of 256×256. Globally, the four interpolated tensor fields appear rather close. To visually better assess the behavior of the interpolated tensors, the tensor field corresponding to the red box region in Fig. 5.4(a) is zoomed, and then interpolated with K+1=8, using the four interpolation methods. The red outlined zone 1 in the

interpolated tensor fields corresponds to the interpolation of the 8 original tensors inside the first 3×3 window (from left top corner). Even though the initial tensors have different orientations, the tensors interpolated with the Euclidean and Log-Euclidean methods exhibit almost the same orientation as their neighboring initial tensors: almost all the interpolated tensors maintain the vertical orientation and therefore the same color as the original tensors. With Cholesky interpolation, the orientation of the interpolated tensors changes slightly, but in an irregular manner. With Riemannian rotational interpolation, however, the interpolated tensor field is chaotic, as the interpolated tensors vary in different manners: each interpolation between two tensors randomly produces one of the four situations shown in Fig. 5.2(d). In contrast, with the proposed feature-based interpolation using Euler angles, the orientation of the interpolated tensors changes uniformly (see the obliquely oriented tensors in the zone 1), as indicated by their colors varying from light cyan to dark cyan or to green. We also note the presence of a white background area in the zone 1, which does not have the same size for the four interpolation methods. With Euclidean and Cholesky interpolation methods, due to their swelling effects [Arsigny 2005, 2006], the interpolated tensors exhibit bigger volumes, thus reducing the size of the white background area. That is not the case with Log-Euclidean or our interpolation method.

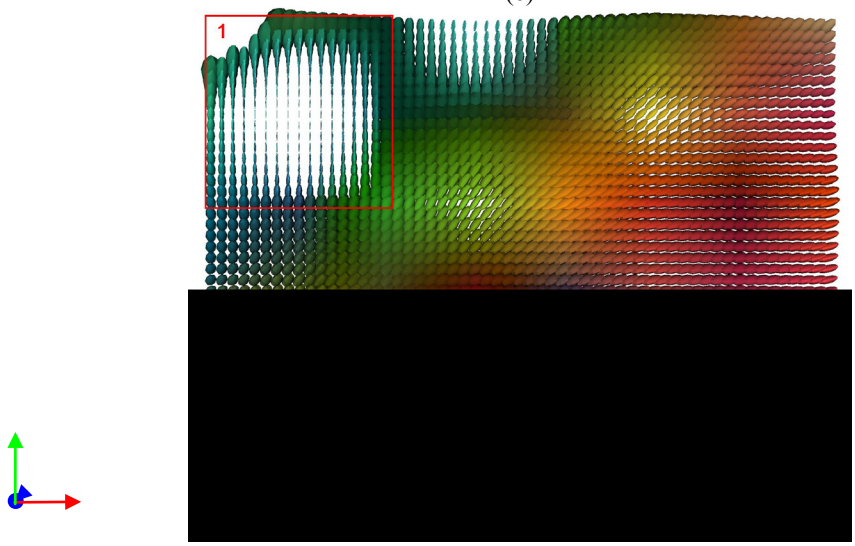
(a)



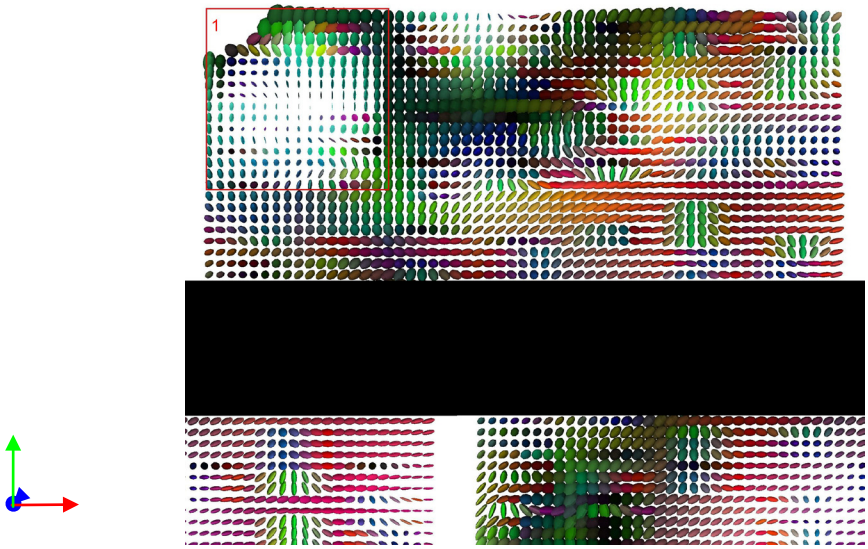
(b)



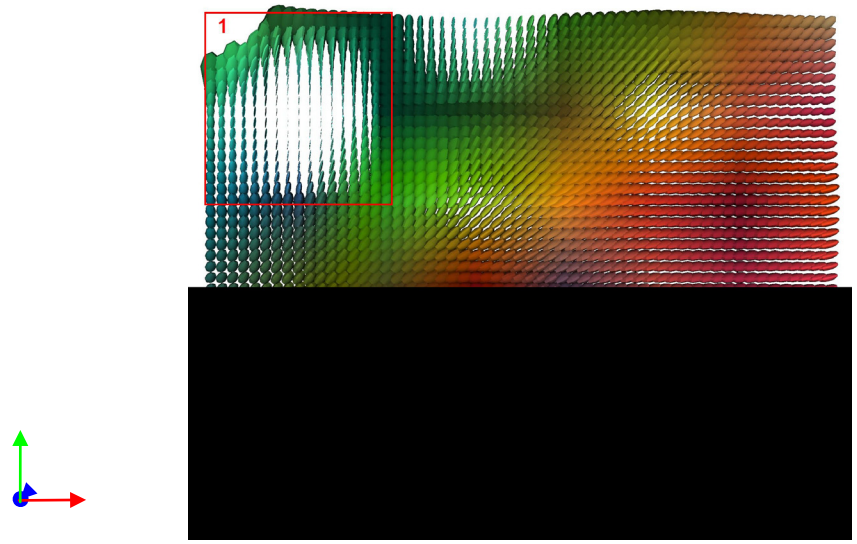
(c)



(d)

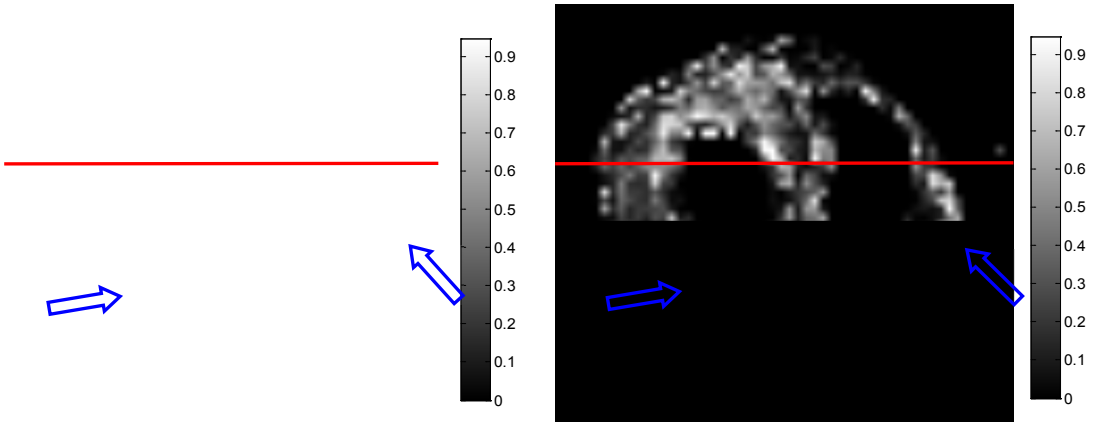


(e)

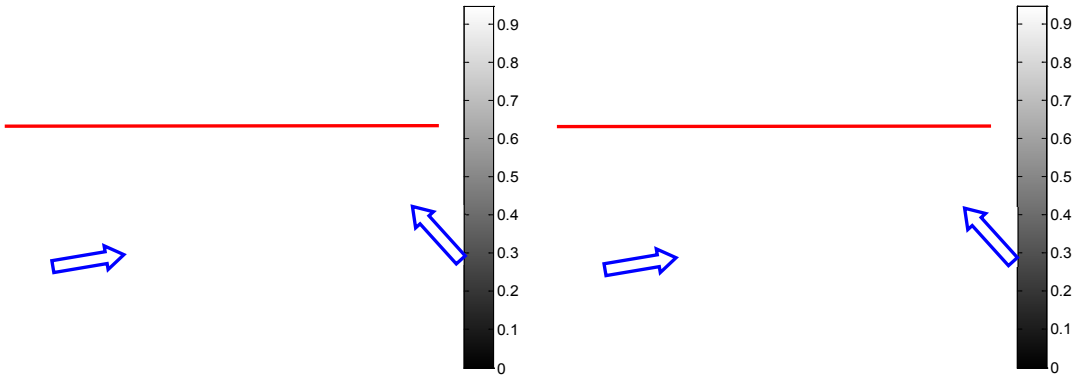


(f)

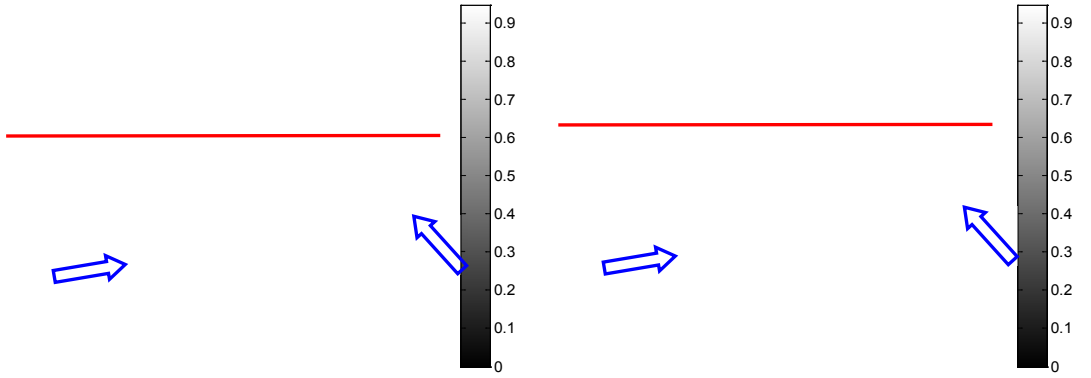
Fig. 5.4 Tensor field interpolations of human cardiac DT-MRI data. (a): Original DT-MRI slice of 128×128, zone marked by red rectangle is zoomed. (b): Euclidean interpolation (with K+1=8) of the red rectangle area in (a). (c): Cholesky interpolation (with K+1=8) of the red rectangle area in (a). (d): Log-Euclidean interpolation (with K+1=8) of the red rectangle area in (a). (e): Riemannian rotational interpolation. (f): our feature-based interpolation using Euler angles(with K+1=8) of the red rectangle area in (a). The red outlined zone 1 in (b)-(e) indicates the interpolation of the 8 tensors in the upper left corner of the red box in (a). As in the preceding figures, the color codes the direction of the principal eigenvector (red: left/right, blue: anterior/posterior, green: bottom/top).



(a) (b)



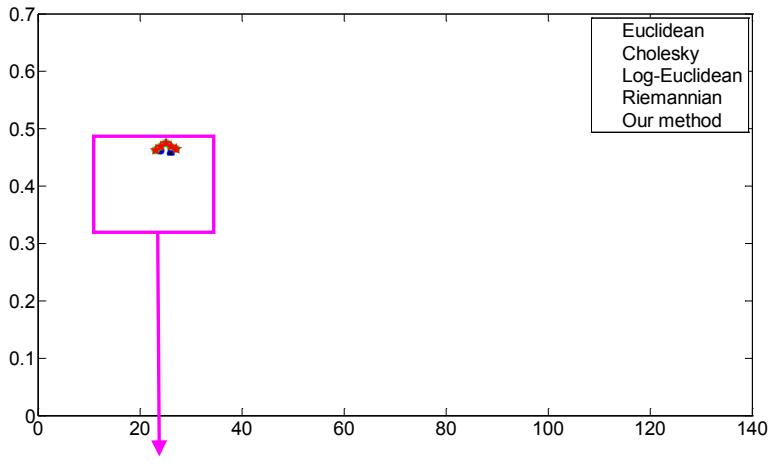
(c) (d)



(e) (f)

Fig. 5.5 FA maps calculated from the tensor fields shown in Fig. 5.4. (a): FA map of the original DT-MRI slice. (b): FA map after Euclidean interpolation. (c): FA map after Cholesky interpolation. (d): FA map after Log-Euclidean interpolation. (e): FA map after Riemannian rotational interpolation. (f): FA map after our feature-based interpolation using Euler angles.

Figure 5.5 shows the FA maps calculated from the original and interpolated tensor fields, respectively. Bright regions represent the myocardium. Both Euclidean and Cholesky methods shrink the bright small sharp areas in the left ventricle, generating the presence of twinkling stars; some bright areas in the right ventricle become more discontinuous after Euclidean or Cholesky interpolation (see the regions indicated by arrows). Log-Euclidean interpolation leads to brighter regions in the FA map than Euclidean and Cholesky interpolations, but the twinkling stars phenomenon still exists. While Riemannian rotational interpolation introduces a lot of dark points (small FA values) in the FA map. In contrast, the FA map generated by our proposed method using Euler angles is globally brighter than the original FA map, bright areas in the ventricles become larger, and the twinkling star phenomenon does not exist. To better examine the collapse phenomenon in the FA maps, we plot in Fig. 5.5 the profile (red line indicated in Fig. 5.5) of the FA maps. In the zoomed profiles, the small rectangles (X stands for the position, and Y the FA value) plotted below the curves indicate where the FA values obtained using Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean interpolations decrease with respect to the original points whereas Riemannian rotational interpolation and our proposed method using Euler angles does not exhibit such collapse effect. Concerning the MD values (Fig. 5.7), Cholesky and Log-Euclidean methods have introduced a decrease of MD. In contrast, the Euclidean method, Riemannian rotational method and our method do not present any spurious (too great or too small) MD values.



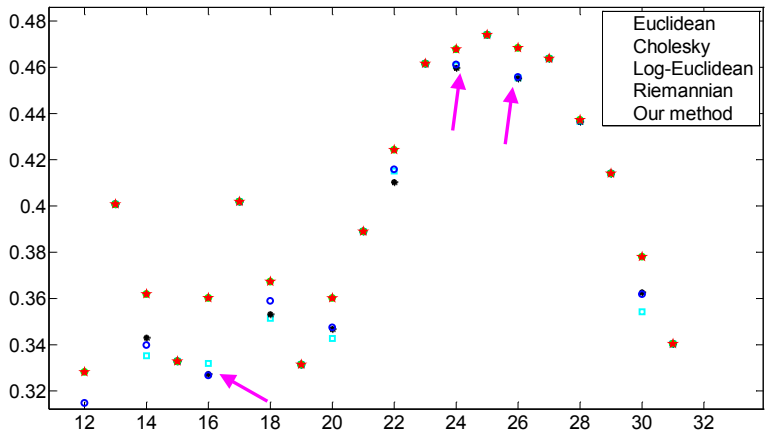


Fig. 5.6 FA profiles corresponding to the red lines indicated in Fig. 4. The bottom plot corresponds to the zoomed version of the boxed part in the top plot to better visualize FA collapse effects caused by interpolation. The four curves in the plots correspond to Euclidean (cyan line), Cholesky (black line), Log-Euclidean (blue line), Riemannian rotational (green line) and the proposed (red line) interpolation methods, respectively. The arrows indicate where there are FA collapse effects with the first three methods, while Riemannian rotational interpolation and the proposed method using Euler angles does not exhibit this unwanted phenomenon.

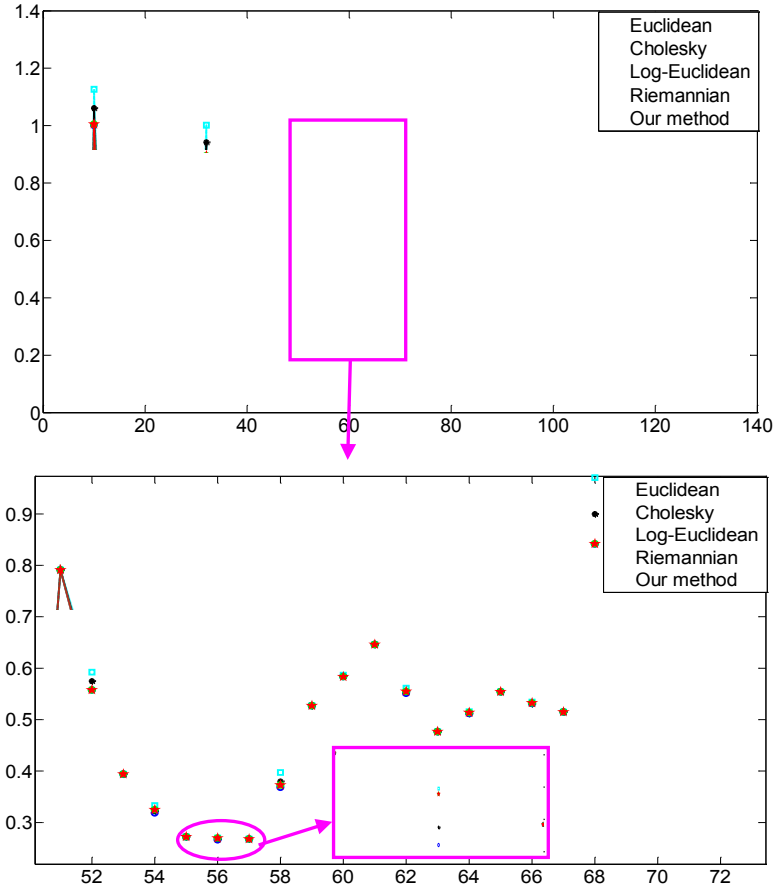
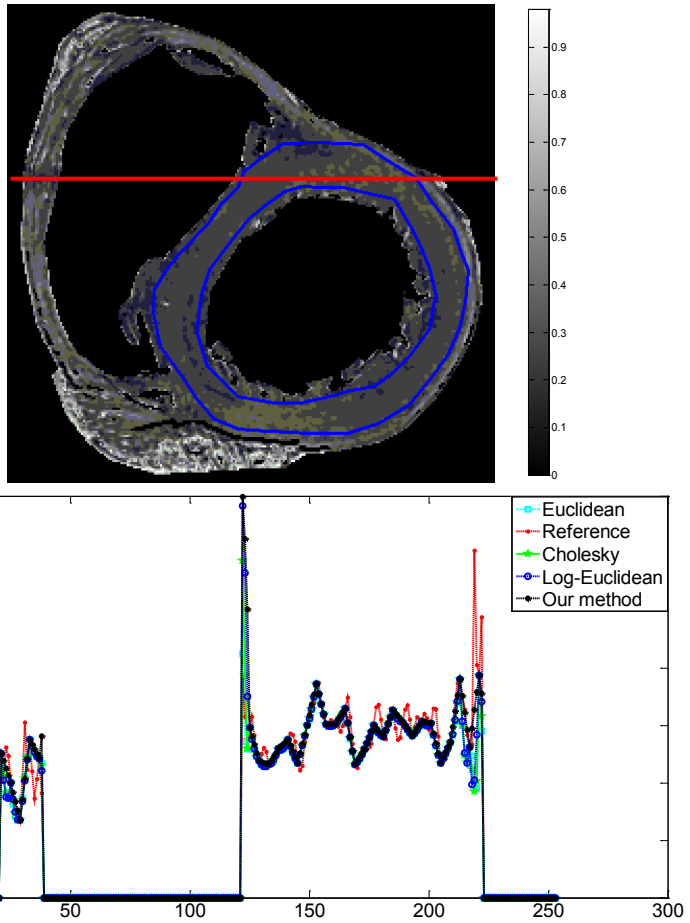


Fig. 5.7 MD profiles corresponding to the same position as indicated by the red lines in Fig. 5.5. The zoomed version of the boxed part in the top plot is given in the bottom plot, in which the circled part is again zoomed to better visualize the MD decreasing effects introduced by Cholesky (black line) and Log-Euclidean (blue line) interpolations, while Euclidean interpolation(cyan line), Riemannian rotational interpolation (green line) and the proposed (red line) interpolation using Euler angles do not induce such unwanted effect.

The results of interpolation using Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean and our proposed Euler angle based interpolation methods on the data downloaded are shown in Figs. 5.8 and 5.9. Each slice of these original 3-D tensor fields has been downsampled by removing three columns out of four and three lines out of four. Compared with the preceding experiment, we have here the reference that corresponds to the original tensor fields without downsampling. The profiles of the obtained FA plotted in Fig. 5.8 show that Euclidean, Cholesky, and Log-Euclidean interpolations have introduced, as before, the collapse effect. The proposed method using Euler angles (black curve) presents in a certain sense a mean behavior with respect to the reference (red curve) without collapse effect (the red reference curve oscillates around the black one). Fig. 5.9 illustrates the MD curve obtained using different interpolation methods. It is seen that the four MD curves almost overlap, showing that the four interpolation methods have very similar effects on the interpolation of MD. Note that the reference MD curve oscillates around the four interpolated curves. More quantitative comparison between the four interpolation methods in terms of FA and MD is given in Fig. 5.10, where the FA and MD have been calculated on the myocardial zone (circled blue region in Fig. 5.8) of the left ventricle. It is seen that the FA obtained with our proposed method using Euler angles is the closest to the reference FA while having the smallest MSE. Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean interpolations yielded 3% to 4% lower FA values than the reference one, which is in agreement with the collapse phenomenon observed in Fig. 5.9. In contrast, with regard to the MD, the four methods lead to rather close results (with less than 0.3% difference compared to the reference MD), with however the smallest MSE with Euclidean method and the greatest MSE with Log-Euclidean interpolation.



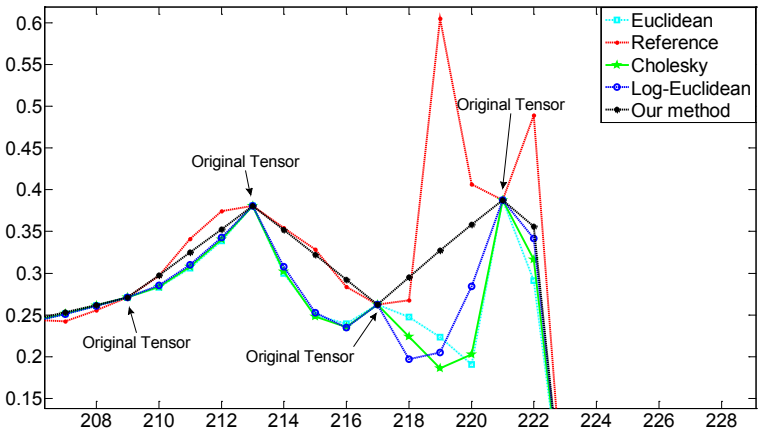


Fig. 5.8 Illustration of FA collapse effects on real human cardiac DT-MRI data acquired with very long time accumulation. Top: FA map of the original DT-MRI slice, considered as reference. Middle: Reference FA profile and FA profiles obtained with the four interpolation methods. Bottom: Zoomed FA profiles, in which is very visible the FA collapse effect expressing the fact that the FA values of the interpolated tensors are significantly smaller than those of the original tensors between which the interpolation is performed (three tensors have been interpolated between two original tensors).

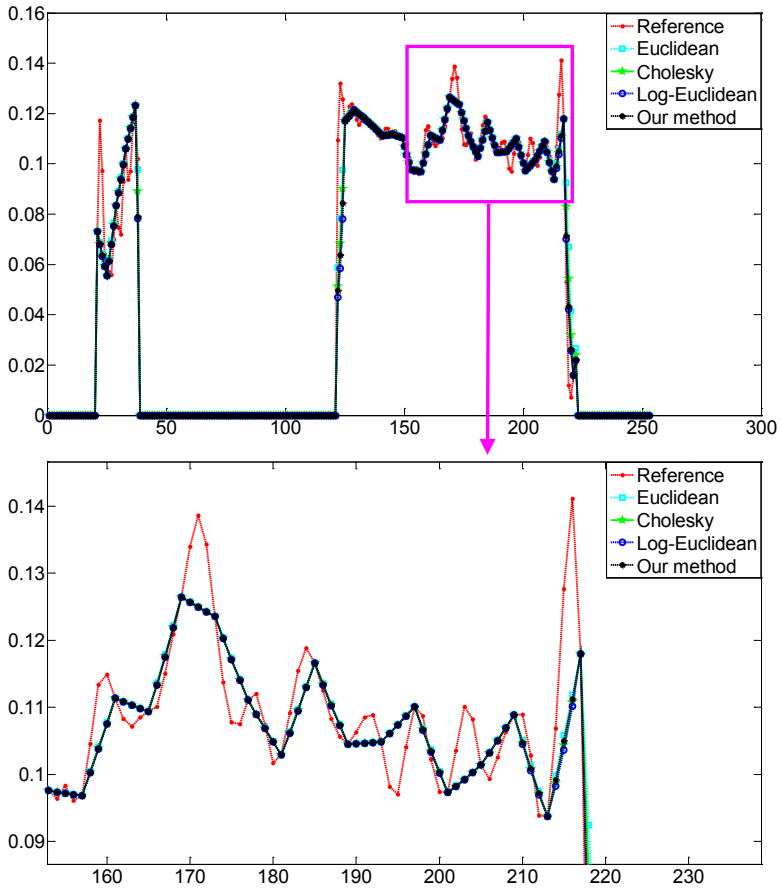


Fig. 5.9 MD profiles for the same DT-MRI slice as in Fig. 5.8. Note that Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean methods and the proposed interpolation using Euler angles give very close MD values, and that the four MD curves can be regarded as smoothed mean curve of the reference curve.

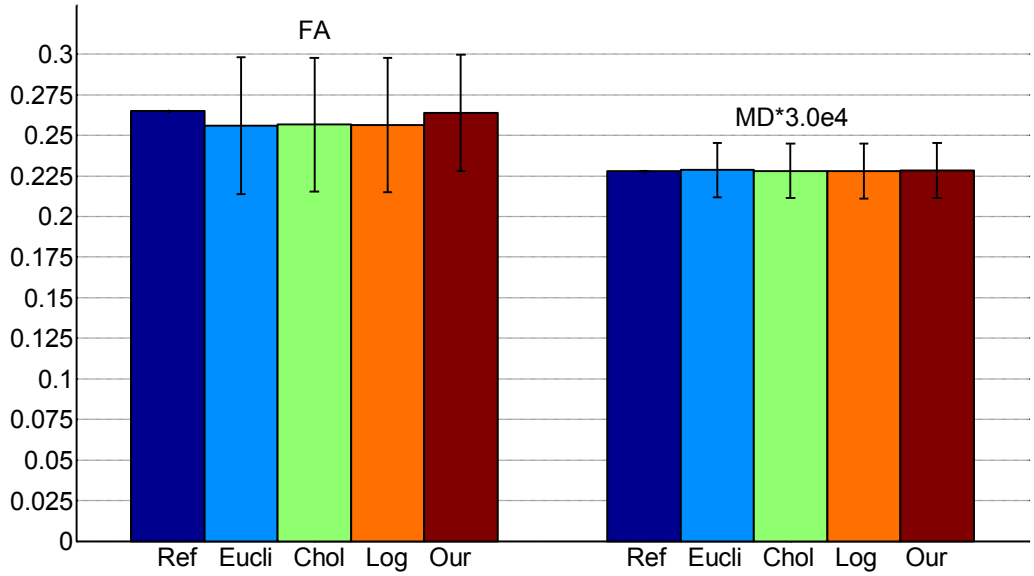


Fig. 5.10 Mean and MSE of FA and MD for a whole DT-MRI slice. The height of the color bar represents the mean FA or MD (multiplied by $3x10^4$ for visualization) and the length of the black line segment indicates two times of the MSE between the reference and interpolated FA or MD. The five color bars designate the reference (Ref), Euclidean (Eucli), Cholesky (Chol), Log-Euclidean (Log) interpolations and our feature-based (Our) interpolation using Euler angles, respectively. Note that the MSE values for FA and MD were multiplied respectively by 50 and 500, for visualization purpose.

5.5.2. Results for feature-based interpolation using quaternion

5.5.2.1. Synthetic Data

Figure 5.11 shows the interpolations of the original tensor field using different techniques. The color of the ellipsoid is determined by the primary eigenvector direction of the tensor. We observe that the most visible difference between the four methods is on the border between the two yellow regions where tensors before interpolation are with the same shape but 90 degrees in orientation. Obviously, even when the original tensors are with the same shape, Euclidean and Log-Euclidean interpolations introduced some different tensor shapes, since some sphere-like tensors were interpolated. In addition, on this border where the original tensors have 90 degree differences in orientation, the interpolated tensors with Euclidean and Log-Euclidean methods vary little (as can be seen from the color of the tensors). In other words, the Euclidean and Log-Euclidean methods account little for tensor orientation during interpolation. With Cholesky interpolation, both tensor shape and tensor orientation have varied, but change in shape is more salient (some sphere-like tensors were also introduced), and the change in orientation is not regular. That is, Cholesky interpolation pays some attention to tensor orientation but cannot preserve tensor shape during interpolation process. In contrast, by monotonically interpolating tensor shape parameters (related to the eigenvalues) and unit quaternion, our proposed interpolation using quaternion preserves tensor shape perfectly while producing a regular evolution of tensor orientation. One may also notice that the sphere-like tensors, interpolated by Euclidean, Cholesky or Log-Euclidean method, on the border between two different areas have the similar shape, but those with Euclidean interpolation is much bigger that those with Cholesky or Log-Euclidean interpolation, which is called Euclidean swelling effect [Arsigne 2005]. In fact, Cholesky method also introduces the swelling effect in certain situations (e.g. between tensors with the same orientation but different shape and size).

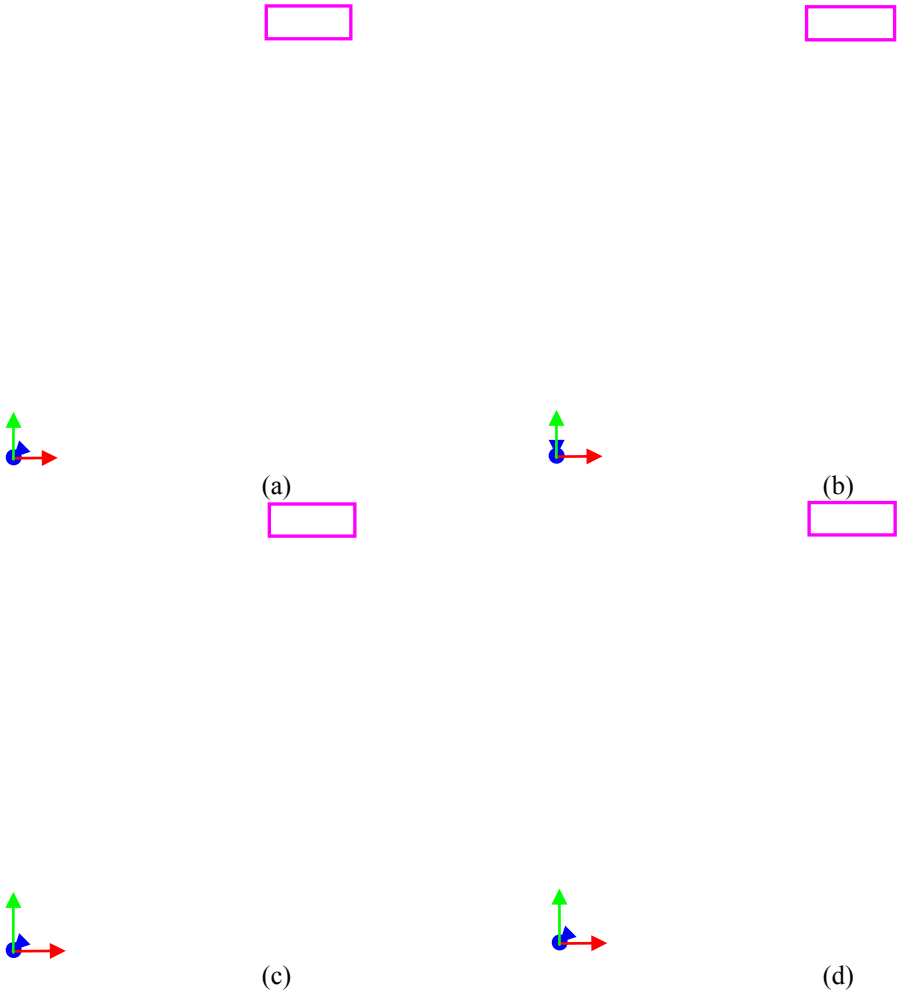


Fig. 5.11 Different interpolations of the original synthetic tensor field in Fig. 1 (a). (a) Euclidean interpolation. (b) Cholesky interpolation. (c) Log-Euclidean interpolation. (d) Our proposed interpolation using quaternion. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top).

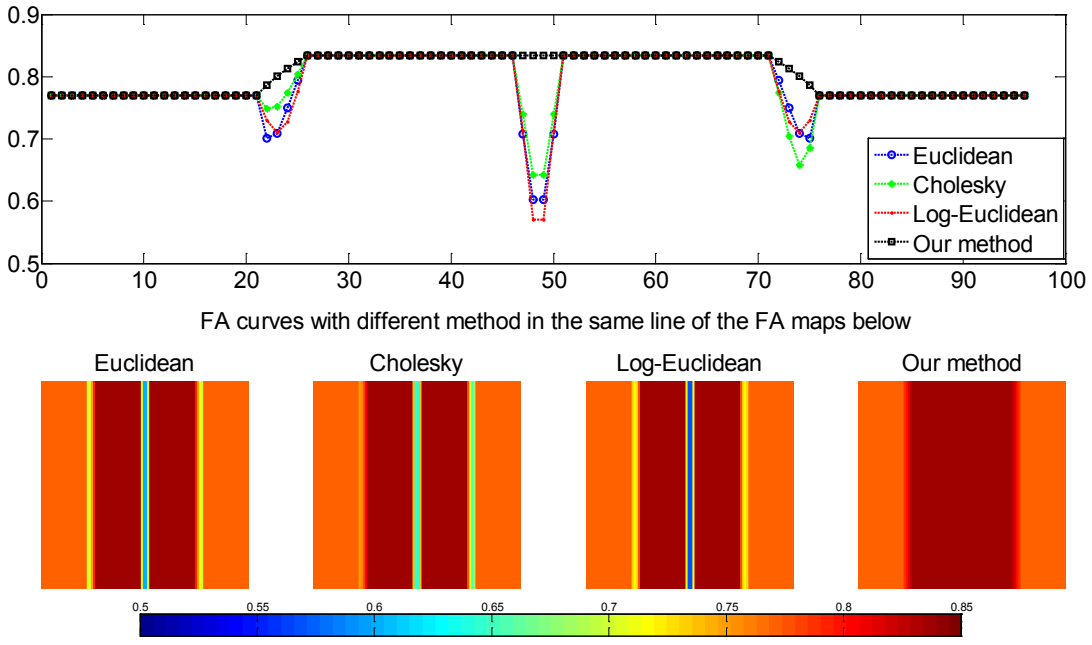


Fig. 5.12 FA variations of the tensors illustrated in Fig. 2. Top: FA curves with different methods in the same line. In each of the four plots, the four curves represent Euclidean (blue line), Cholesky (green line), Log-Euclidean (red line) and our proposed method using quaternion (black line) respectively. Bottom: FA maps with different interpolation methods.

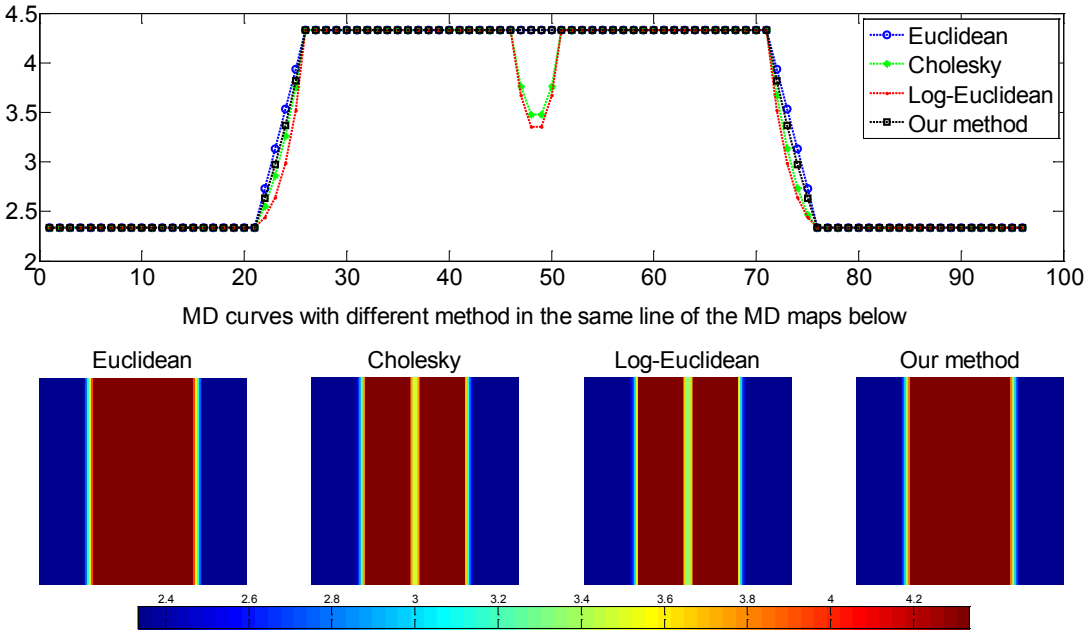


Fig. 5.13 MD variations of the tensors illustrated in Fig. 2. Top: MD curves with different methods in the same line. Bottom: MD maps with different interpolation methods.

In Fig. 5.12 are plotted the FA curves and FA maps, obtained using the four interpolation methods. Focused on the FA curves, it is noted that Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean interpolations introduced collapse of FA values on the border between tensors with different orientation. Moreover, the collapse of FA values between tensors with the same shape is bigger than those with different shape when the difference in orientation is the same (90 degree difference in this example). Compared with the original FA map (in Fig. 5.1) which is divided into three parts by different FA values, one can see that our proposed method using quaternion obtained the closest result which preserved the same color range with the original one. Conversely, FA maps with Euclidean, Choleksy and Log-Euclidean interpolations introduced additional colors, which corresponds to the collapse of FA values, so that FA maps are divided into more homogeneous regions than the original. The results of MD curves and maps are illustrated in Fig.5.13. The difference focus on the middle big regions (in dark red color), which has been preserved by Euclidean interpolation and our proposed method using quaternion, but separated into three parts by a decrease of MD values during interpolation by Cholesky and Log-Euclidean interpolations. This phenomenon can be seen clearly in the curves of MD variations.

All the four methods preserved the elevation angle maps very well (see Fig. 5.14), while the difference in the azimuth angles focuses on the border between the second region (in violet color in Fig. 5.1 (b)) and the third region (in green color in Fig. 5.1 (b)), where Euclidean and Log-Euclidean interpolations produced results like a nearest interpolation on azimuth angle, while our proposed method using quaternion a linear interpolation and Cholesky a linear-like method (shown in Fig. 5.15).

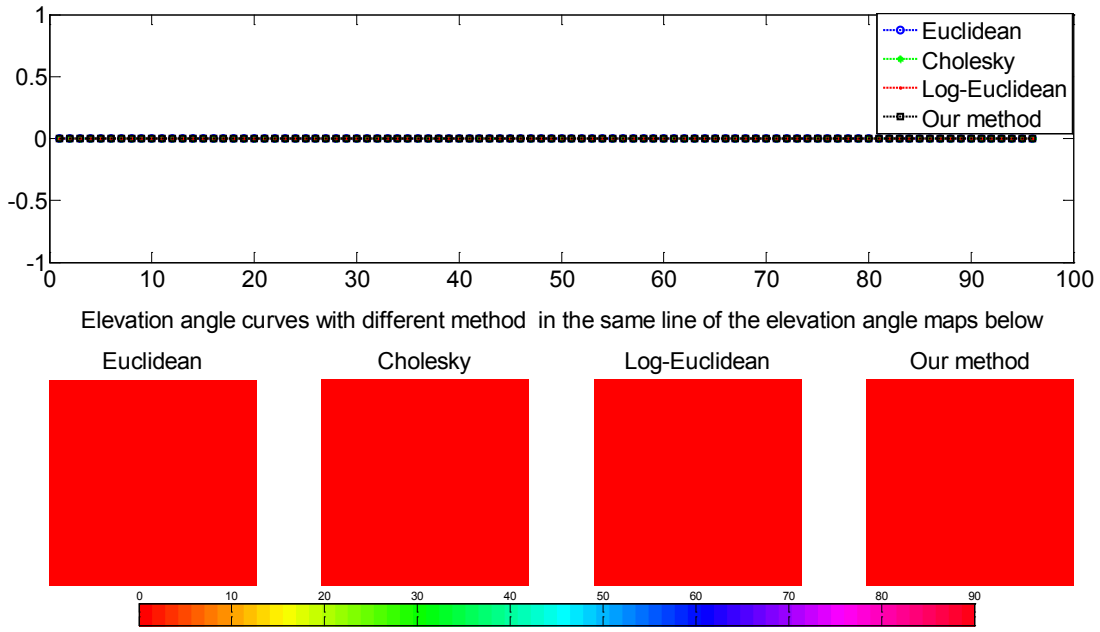


Fig. 5.14 Elevation angle variations of the tensors illustrated in Fig. 5.11. Top: Elevation angle curves with different methods in the same line. Bottom: Elevation angle maps with different interpolation methods.

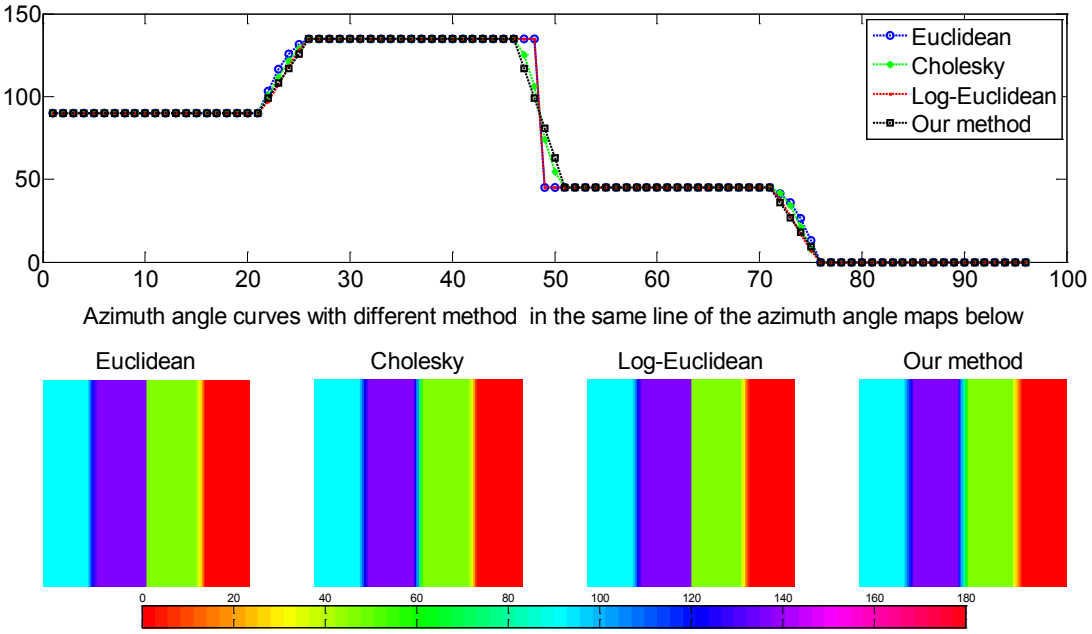


Fig. 5.15 Azimuth angle variations of the tensors illustrated in Fig. 5.11. Top: Azimuth angle curves with different methods in the same line. Bottom: Azimuth angle maps with different interpolation methods.

5.5.2.2. Human cardiac DT-MRI Data

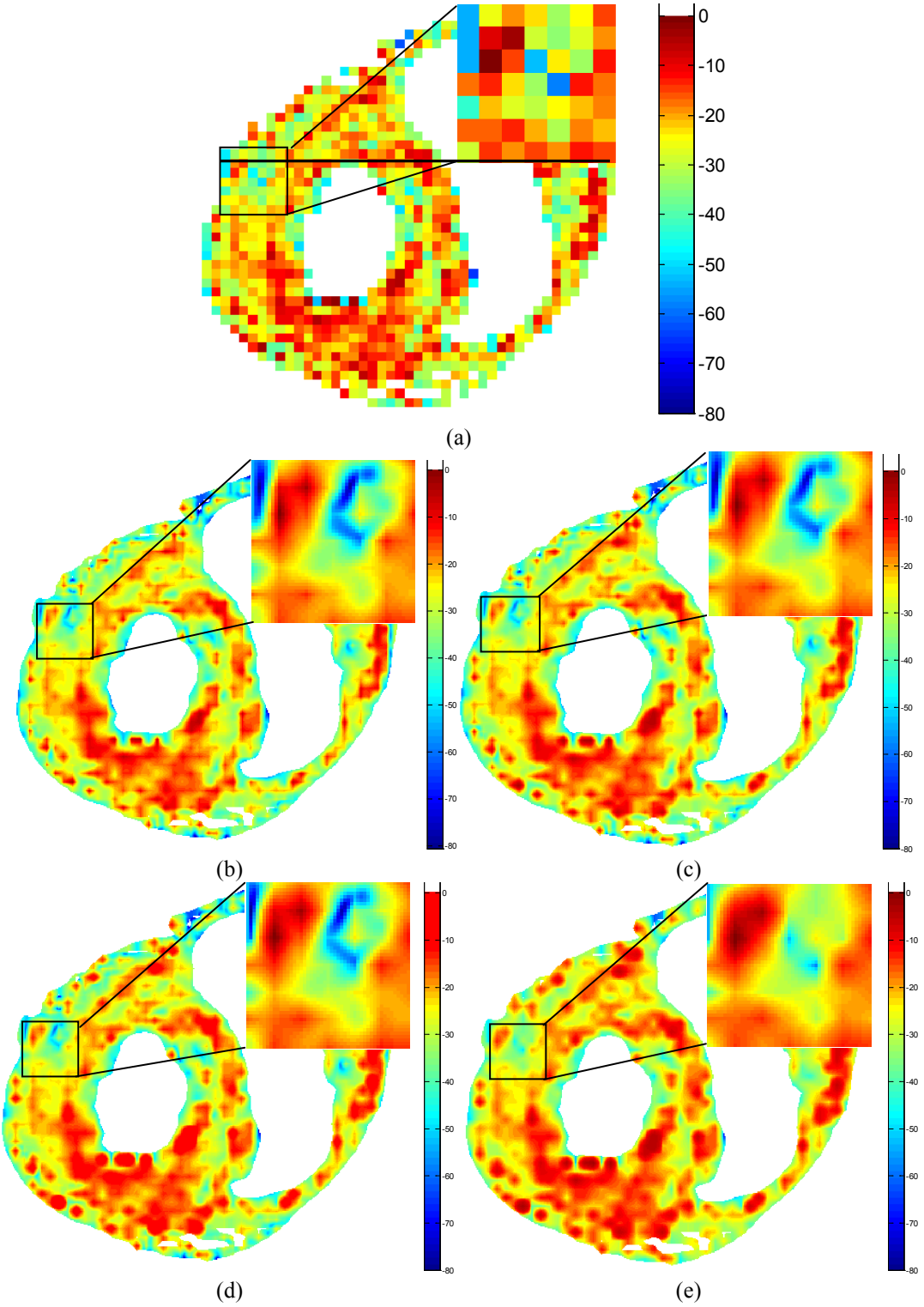


Fig. 5.16 FA maps in dB calculated from original tensor fields and the interpolated tensor fields with different methods. (a): FA map of the original DT-MRI slice. (b): FA map after Euclidean interpolation. (c): FA map after Cholesky interpolation. (d): FA map after Log-Euclidean interpolation. (e): FA map after our proposed interpolation using quaternion.

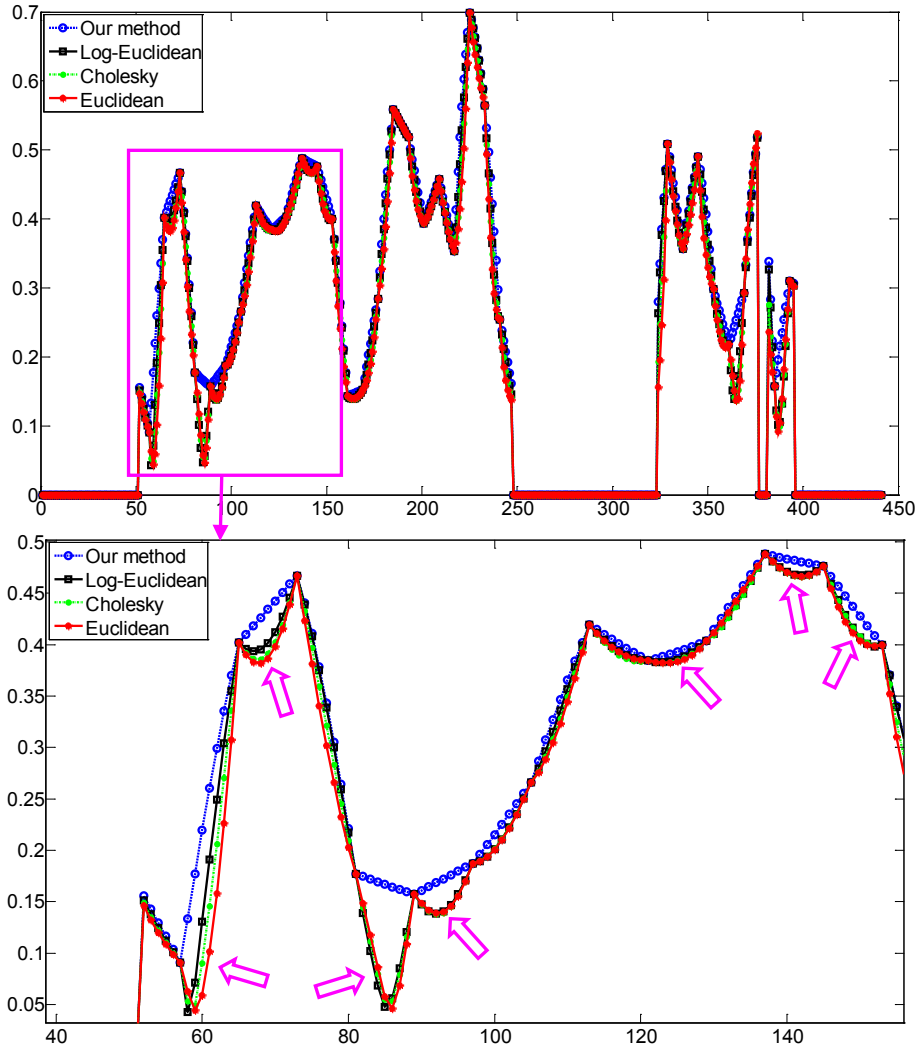


Fig. 5.17 FA profiles corresponding to the same line in Fig. 5.16. The bottom plot corresponds to the zoomed version of the boxed part in the top plot to better visualize FA collapse effects caused by interpolation. The four curves in the plots correspond to Euclidean (red line), Cholesky (green line), Log-Euclidean (black line), and the proposed (blue line) interpolation using quaternion, respectively. The arrows indicate where there are FA collapse effects with the three existing methods, while the proposed method using quaternion does not exhibit this unwanted phenomenon.

Figure 5.16 illustrates FA map calculated from the original tensor field of the 10th slice (near the heart base where both right and left ventricles are visible) of a human cardiac DT-MRI volume and FA maps from the interpolated tensor fields obtained using the four interpolation methods, respectively. The initial slices of 128×128 were interpolated to a size of 1024×1024. To better visualize the difference, FA maps are transformed to dB unit, which is calculated by: $FA(dB) = 20\ln(FA)$, and all the maps are shown in the same range. We observe that, with Euclidean, Cholesky or Log-Euclidean interpolations, many small dark blue areas appear in the left myocardium, which does not exist in the original one. The boxed regions are zoomed to get a clearer view, where between the first 3×2 pixels in the original field (composed by wathet blue, yellow and red colors), much lower values are introduced by Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean interpolations, since dark blues areas are inserted. Similar areas with the dark blue "L" shape appear in the neighborhood. These dark blue areas are in fact due to the collapse of FA values interpolated by these three methods. By contrast, our proposed interpolation using quaternion has obtained the closest result to the original one, since it does not induce the FA collapse effect or additional colors. To better assess the collapse phenomenon in the FA maps, we plot in Fig. 5.17 the profile (the black line in the

original FA map) of the FA maps. In the zoomed profiles, the pink arrows indicate where there the FA values interpolated with Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean methods decrease with respect to the original points whereas our proposed method using quaternion does not exhibit such collapse effect. Concerning the MD values (shown in Fig. 5.18), Cholesky and Log-Euclidean have introduced a decrease of MD. In contrast, Euclidean method and our proposed method using quaternion do not present such spurious MD values.

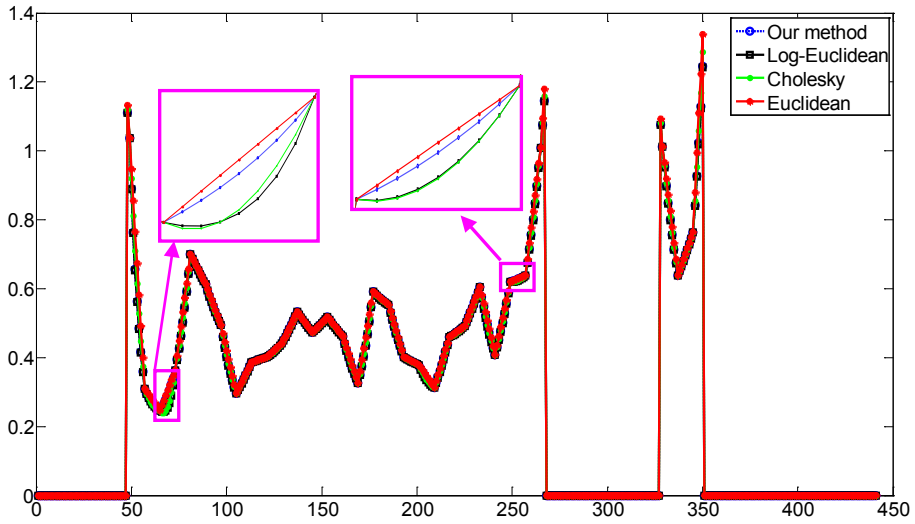
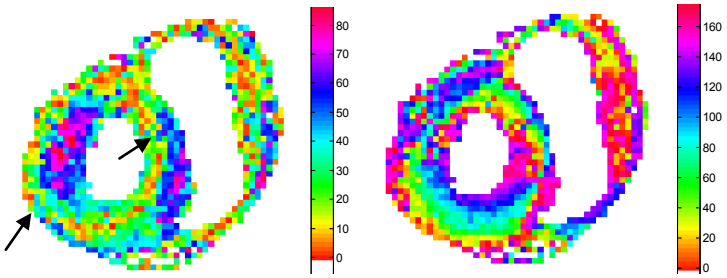


Fig. 5.18 MD profiles corresponding to the same line of the MD maps. The boxed parts are zoomed to better visualize the MD decreasing effects introduced by Cholesky (green line) and Log-Euclidean (black line) interpolations, while Euclidean (red line) and the proposed quaternion based (green line) interpolations do not induce such unwanted effect.

To gain an insight into how the fiber directions are interpolated by different methods, we give in Fig. 5.19 the fiber elevation and azimuth angle maps [Jouk 2000 & 2007]. From the elevation angle map (shown in Fig. 5.19 (a)), we observe a red ring in the left ventricle (in the right ventricle, instead of a ring; a similar red line is formed), reflecting the fibers almost parallel to this slice, and that flanking the red ring, angle ascends from 0 little by little. In the original azimuth angle maps (in Fig. 5.19 (b)), we can see a clear circular to spiral shaped succession of different azimuth angles in the ring formed by the left ventricular, with the whole range of angles (colors) being visited twice. This variation in azimuth angles reflects the spiral shaped muscle structure of the heart. A less clear succession of azimuth angles with the whole range of angles being visited only once is present in the right ventricular wall. The regular variation pattern of azimuth and elevation angle is maintained after all the four interpolation methods, and after interpolation, the red ring in the elevation angle maps becomes clearer, smoother and more continuous. The differences of angle maps with the four interpolation method is not so visible, except that using our method, angles between different areas become less sharp than using other methods. The black arrows in the elevation angle maps designate some different areas where the red ring in the left ventricle becomes more continuous using our proposed method using quaternion than before interpolation or using other methods.



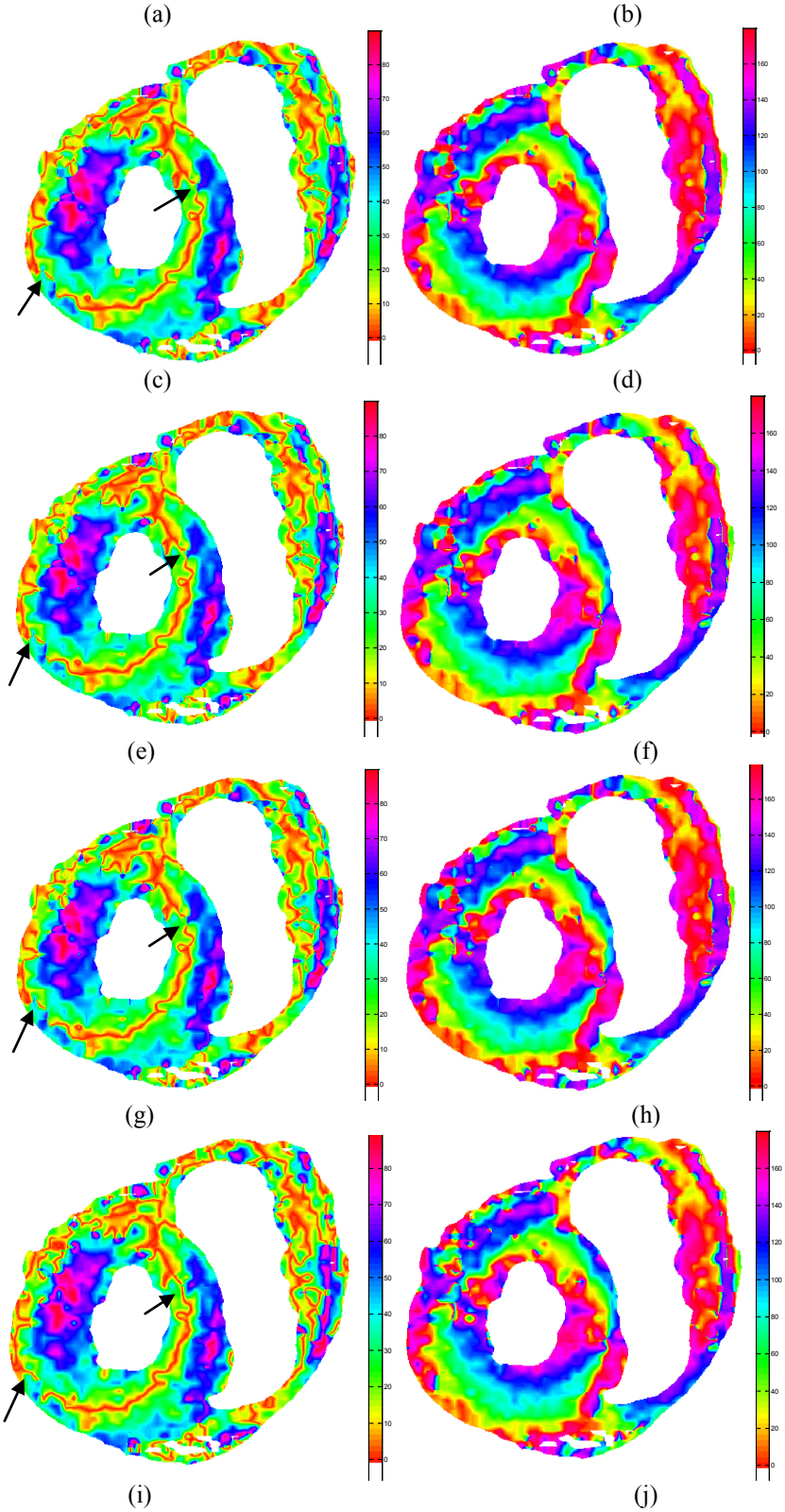
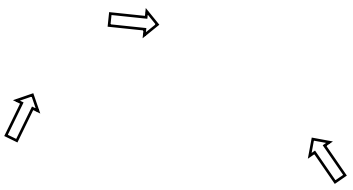


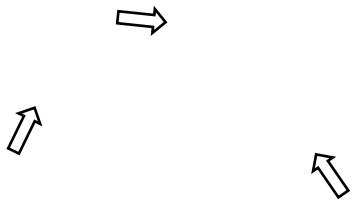
Fig. 5.19 Fiber angle cartographies. The left column exhibits azimuth angle maps and the right column elevation angle maps. (a) and (b): Original angle maps. (c) and (d): angle maps with Euclidean interpolation. (e) and (f): angle maps with Cholesky interpolation. (g) and (h): angle maps with Log-Euclidean interpolation. (i) and (j): angle maps with our proposed interpolation using quaternion.

As mentioned above, using our proposed method using quaternion, the boundary between different areas in the fiber angles maps becomes less sharp than using other methods, namely, angles are monotonically interpolated by our method (like linear interpolation of angles)

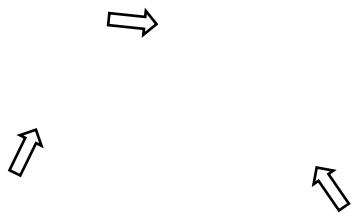
rather than nearest interpolation by other methods. It may be difficult to describe the advantages and disadvantages in terms of only angle maps. To get a clearer insight into the effect of monotonical interpolation of fiber directions, fiber tracking from the tensor fields before interpolation and after different interpolations is completed and illustrated in Fig. 5.20. The original tensor fields of 128×128×52 were interpolated to the size of 256×256×104 with the minimum length of fiber limited to 10 mm. First, it is obvious that by interpolations, fibers become much more, much denser, and much continuous than before interpolation. Second, from Euclidean, Cholesky to Log-Euclidean interpolations, fiber tractography becomes better and better, since the gaps in the second column, which indicate the sparseness and discontinuousness of fibers in these areas, become smaller and smaller. Third, with our proposed interpolation using quaternion, we can see from the areas indicated by black arrows that our proposed method using quaternion has obtained more and denser fibers than the other three interpolation methods. In addition, the gaps in the spiral architecture in the top view disappeared with our proposed interpolation method using quaternion, namely, fibers obtained with our method are not only much denser but also much longer and more continuous than other methods. For the sake of a better comparison of the fibers in a given region, fibers within the same slice (the 10^{th} slice for the original tensor field and the 20^{th} for the interpolated ones) are shown in the third column. It validate our conclusion above that results from our method using quaternion is more favorable than the conventional interpolation methods because it generates a greater number of fibers and denser fiber bundles.



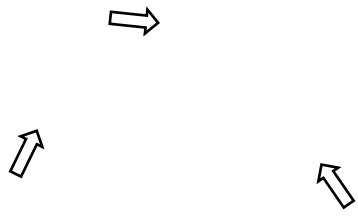
(a)



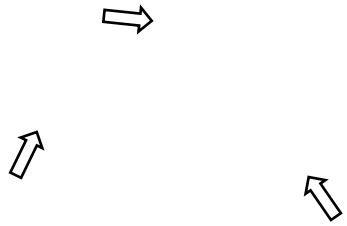
(b)



(c)



(d)



(e)

Fig. 5.20 Fiber tracking from the tensor fields before interpolation and after interpolation in human cardiac DT-MRI. The first and second columns respectively indicate lateral views and top view of myocardial fiber architecture and the third column designates the fibers within the region delimited by the dark red mark. (a): fiber tracking from the original tensor fields. (b): Euclidean interpolation. (c): Cholesky interpolation. (d): Log-Euclidean interpolation. (e): our proposed interpolation using quaternion. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top).

Quantitative comparisons of fiber tracking results with different methods for the whole heart and for the slice indicated in Fig. 5.20 are given in Tab.5.1 and Tab. 5.2 respectively, which summarize fiber numbers (N_f), the minimum length (*Min*), the maximum length (*Max*) and the mean length (*Mean*), as well as the standard deviation of the fiber length (*std*). It is observed that Log-Euclidean method generated longer fibers than Euclidean and Cholesky interpolations, since both the maximum and the mean length are longer than the other two methods, while Cholesky method produced more fibers than Log-Euclidean and Euclidean interpolations. Therefore, it is concluded that Cholesky obtained more but shorteer or less continuous fibers than Log-Euclidean interpolation. By comparison, fibers from our proposed method using quaternion were much more and much longer fibers than the other there

methods, which is reflected as its higher values in number, maximum and mean length of fibers with respect to the whole heart (Tab. 5.1) and those within a given slice (Tab. 5.2).

Tab. 5.1 Parameters from fiber tracking of the whole human heart corresponding to the first column in Fig. 5.20.

Method	N_f	*Min* (mm)	*Max* (mm)	*Mean* (mm)	*Std*
Original	6335	10	46	16.0636	5.5840
Euclidean	80507	10	89	23.3031	11.3691
Cholesky	85536	10	89	23.7419	11.6755
Log-Euclidean	81840	10	90	24.5223	12.1737
Our method	97835	10	95	26.3904	13.4610

Note: Minimum length was set to 10mm before fiber tracking.

Tab. 5.2 Parameters of fibers within the same slice corresponding to the third column in Fig. 5.20

Method	N_f	*Min* (mm)	*Max* (mm)	*Mean* (mm)	*Std*
Original	214	20	46	24.8178	5.9702
Euclidean	2897	20	88	30.9196	9.1901
Cholesky	3161	20	89	31.4938	9.3301
Log-Euclidean	3220	20	90	31.7025	10.1376
Our method	4528	20	95	34.7248	12.6349

Note: Minimum length was set to 20mm before fiber tracking.

5.6. Discussion

Our feature-based interpolation method using Euler angles or quaternion makes use of the fact that a diffusion tensor that is a symmetric positive definite matrix is characterized by two kinds of information: tensor size and shape (related respectively to the three axes' lengths and their ratios), and tensor orientation (related to the three axes' orientations). These feature-based methods consist of interpolating tensors' rotation angles and the logarithms of their eigenvalues, thus preserving the consistent variation of these two kinds of tensor information during the interpolation process.

5.6.1. FA collapse introduced by interpolation methods

5.6.1.1. Influence of FA collapse in clinical analysis

Between two ellipsoidal tensors with the same shape, Euclidean, Log-Euclidean and Cholesky interpolations may produce spherical or sphere-like tensors because these three methods interpolate matrix elements independently, ignoring the inherent relationships between them, and consequently cannot guarantee the invariance of tensor shape. In contrast, our proposed methods using Euler angles and quaternion perfectly preserve tensor shape, and uniformly interpolate tensor size and orientation.

A direct consequence of the tensor shape variation during interpolation is the decrease in FA and MD values, as observed in the preceding section when interpolating two tensors with the same FA. The FA collapse can due to the difference in tensor shape and tensor orientation, and the difference in the orientation of the tensors has more important influence on FA collapse than that in the shape of the tensors. The more there is difference in tensor orientation while the less there is difference of FA, the bigger the collapse of FA. All that can

explain why our method yielded brighter FA maps than the other three methods. The FA collapse effect could make homogeneous FA regions become textured. In clinical applications, FA and MD are two commonly used indexes for structure integrity and architectural organization of the myocardium. It is therefore desirable to monotonically interpolate these parameters so that no artificial information is introduced by interpolation.

As reported in [Wu 2007] and [Chen 2003], there is a negative correlation between degree of anisotropy and fiber disorderliness. The fact that Euclidean, Log-Euclidean and Cholesky interpolations introduce FA collapse during interpolation implies that they could indicate undesired fiber disorderliness. This can be somewhat imagined through the example of Fig. 5.2 and 5.11, in which fiber tracking would become uncertain or difficult if the interpolated tensor it meets is a spherical one (i.e. with almost null FA value). Also, the decrease in FA or sphere-like tensors introduced by Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean interpolation methods may lead to guessing the presence of crossing fibers. However, the appearance of interpolated sphere-like tensors is due to the orientation difference between the two original tensors while this orientation difference may be simply caused by noise, and not by the presence of crossing fibers. For instance, if the orientation of one or more tensors is significantly changed by noise compared to its neighbors, Euclidean, Cholesky or Log-Euclidean interpolation methods will produce sphere-like tensors, and consequently generate crossing fibers, whereas the latters do not exist. On the other hand, the state of the art work on the myocardial fiber architecture of the human heart does not indicate the existence of crossing fibers [Sosnovik 2009a & 2009b, Torrent-Guasp 1975 & 2001, LeGrice 1995, Streeter 1979, Jouk 2007]. The crossing fibers extrapolated by Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean methods could mislead the interpretation of the fiber structure of the human heart. Furthermore, normal cardiac myocardium regions present higher FA values than abnormal regions, and FA collapse induced by interpolation may consequently bias the estimation of abnormal regions [Chao 2009].

In [Chao 2009], decrease in FA is considered to be caused by the swelling effect in Euclidean space. However, as shown in Fig. 5.6 and 5.17, we found that the collapse of FA still exists even with Log-Euclidean interpolation that does not produce the swelling effect, and that the collapse effect is sometimes worse with Log-Euclidean interpolation than with Euclidean or Cholesky method. Therefore, the collapse of FA is likely to be caused by neglecting the relationships between tensor components during interpolation.

5.6.1.2. Causes of FA collapse

Since conversion between Euler angles and unit quaternion can be performed, we use the feature-based interpolation using Euler angles to in the following comparison examples.

Situation 1: FA collapse introduced by tensor orientation difference.

We give the examples of interpolation between tensor with the same FA values but different orientations to explore the influence. An extreme of this situation is presented in Fig. 5.2 and Fig. 5.3, where the original tensors with a 90° difference in orientation and the biggest FA decreasing introduced by Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean are respectively 0.230, 0.172, and 0.263.

We give here an example between tensors with the same FA but with 60° difference in orientation.

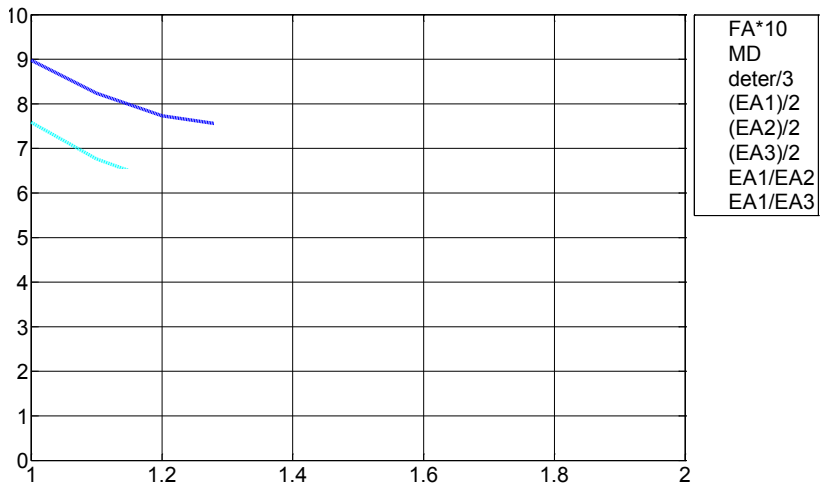
(a)

(b)

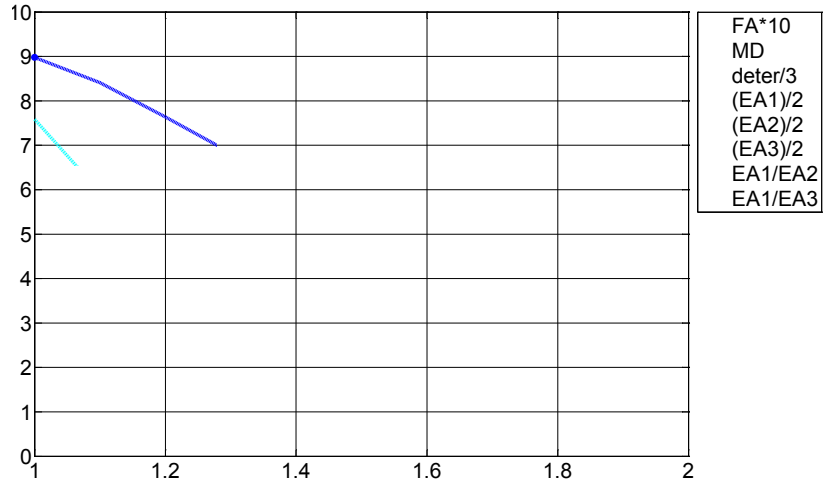
(c)

(d)

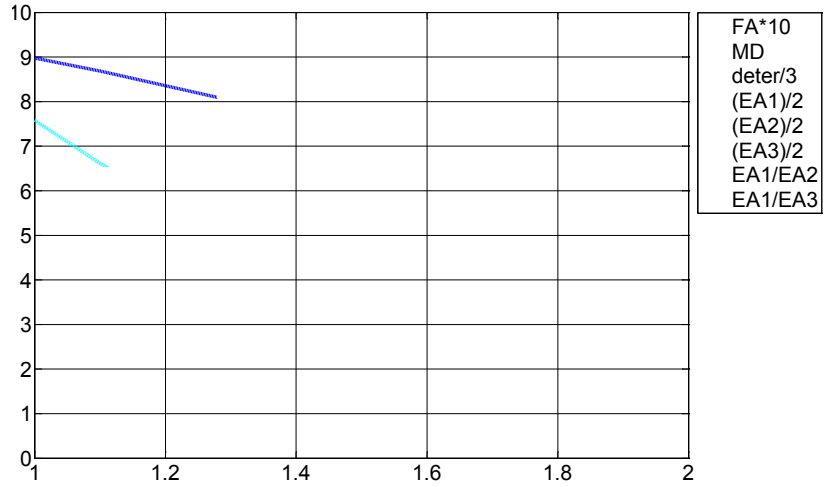
Fig. 5.21 Different interpolations between two tensors with the same shape and different orientations. The first original tensor is defined by the eigenvalues (8, 1.2, 0.3) and the orientation ($\pi/3$, 0, 0), and the second one by (16, 2.4, 0.6) and ($2\pi/3$, 0, 0). (a): Euclidean interpolation. (b): Cholesky interpolation. (c): Log-Euclidean interpolation. (d): Our feature-based interpolation. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top).



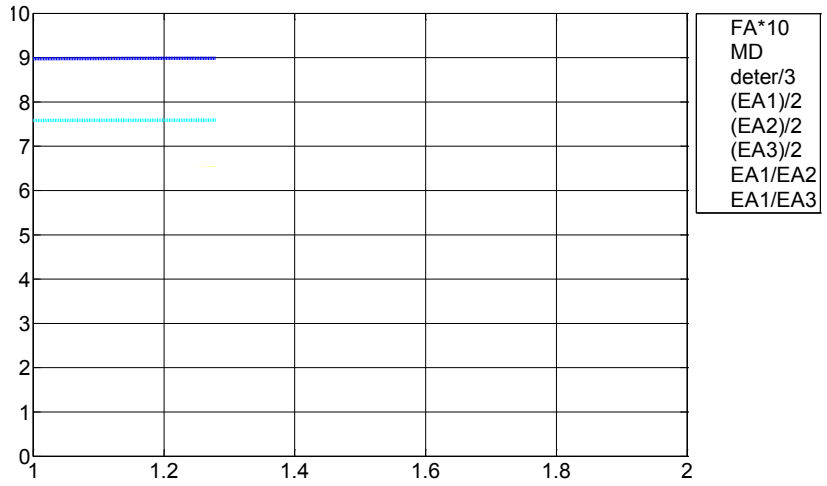
(a)



(b)



(c)



(d)

Fig. 5.22 Parameter curves of the tensors illustrated in Fig. 5.21. From top to bottom, the four plots correspond to the Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean interpolation, Riemannian rotational interpolation and the proposed interpolation methods, respectively. In each of the four plots, the eight curves represent FA (blue dotted line), MD (red dotted line), determinant (black dotted) line, the primary eigenvalues (green continued line), the second eigenvalues (magenta continued line), the third eigenvalues (cyan continued line), the ratio of the primary to second eigenvalues (yellow dotted line), and the ratio of the primary to third eigenvalues (cyan dotted line), respectively. Note that FA,

determinant, and the three eigenvalues have been scaled in order to more visibly show all the curves in the same plot.

In this case, the FA collapses introduced by Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean interpolation are respectively 0.150, 0.251, and 0.121, which are smaller than those in the case of 90° difference in orientation.

Conclusion: The more there is difference in tensor orientation, the bigger the collapse of FA introduced by Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean methods.

When the original tensors are with the same FA, the relationship between FA collapse introduced by Log-Euclidean method and the difference in orientation of original tensors is given in Fig. 5.23.

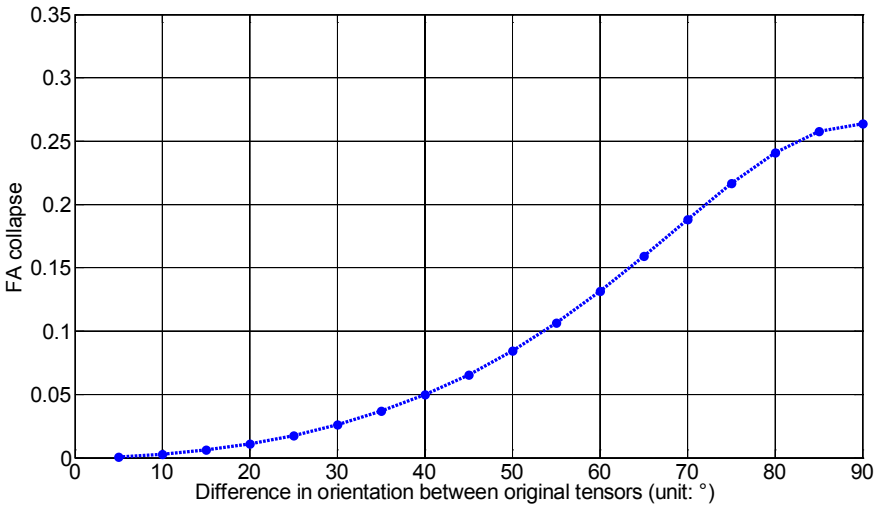


Fig. 5.23 The FA collapse introduced by Log-Euclidean interpolation varies with the orientation difference between original tensors. The FA values of the original tensors are the same.

Situation 2: FA collapse due to the difference in FA values of original tensors.

In this situation, when the original tensors are with the same orientation, no matter Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean or our method produces almost the same results. The example is given as bellow:

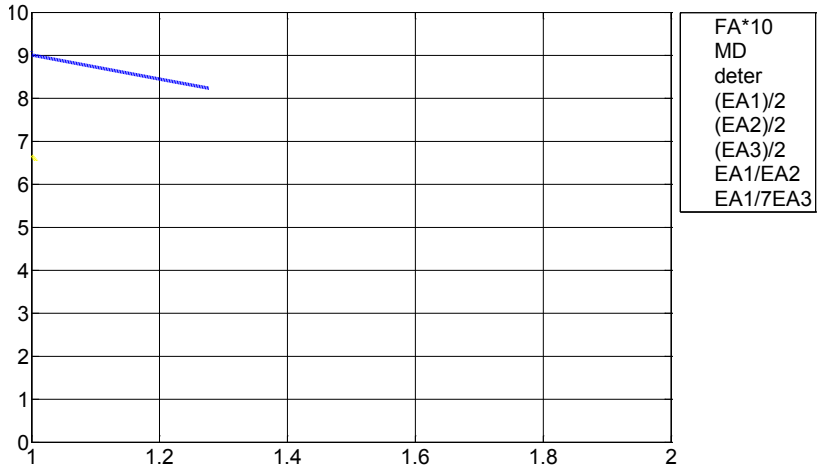
(a)

(b)

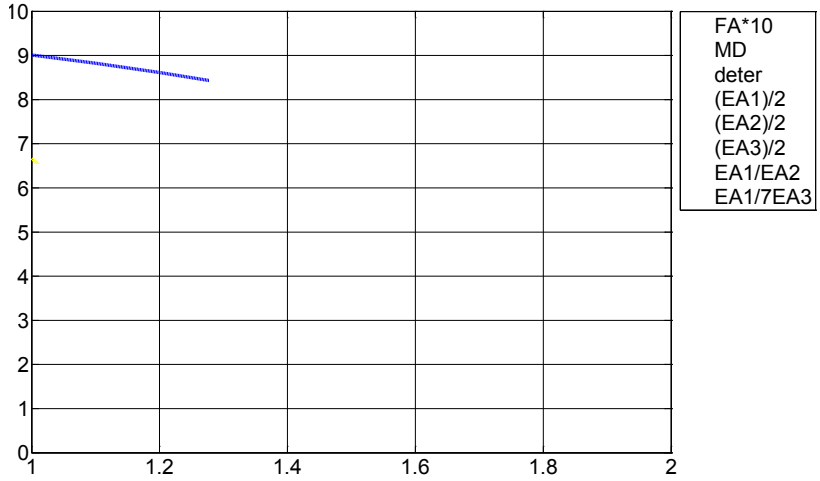
(c)

(d)

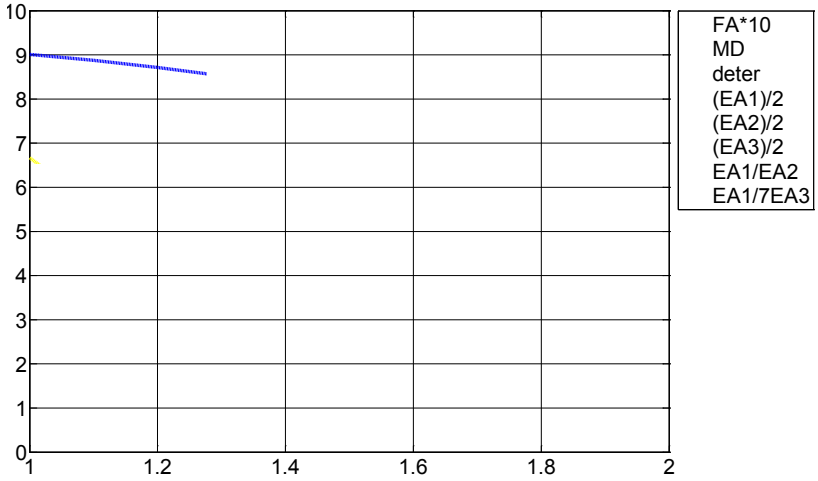
Fig. 5.24 Different interpolations between two tensors with different shapes and the same orientations. The first original tensor is defined by the eigenvalues (8, 1.2, 0.3) and the orientation ($\pi/4$, 0, 0), and the second one by (6, 5.2, 0.1) and ($\pi/4$, 0, 0). (a): Euclidean interpolation. (b): Cholesky interpolation. (c): Log-Euclidean interpolation. (d): Our feature-based interpolation. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top).



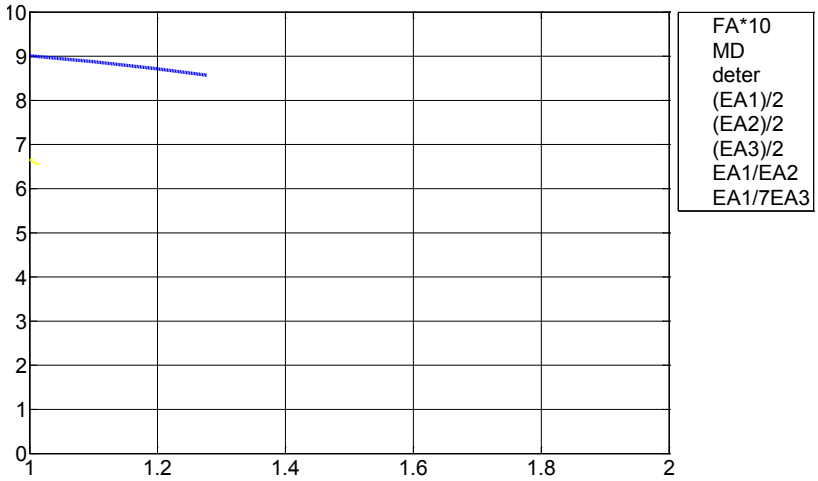
(a)



(b)



(c)



(d)

Fig. 5.25 Parameter curves of the tensors illustrated in Fig. 5.24. From top to bottom, the four plots correspond to the Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean interpolation, Riemannian rotational interpolation and the proposed interpolation methods, respectively. In each of the four plots, the eight curves represent FA (blue dotted line), MD (red dotted line), determinant (black dotted) line, the primary eigenvalues (green continued line), the second eigenvalues (magenta continued line), the third eigenvalues (cyan continued line), the ratio of the primary to second eigenvalues (yellow dotted line), and the ratio of the primary to third eigenvalues (cyan dotted line), respectively. Note that FA, determinant, and the three eigenvalues have been scaled in order to more visibly show all the curves in the same plot.

Conclusion: the less there is difference of FA, the bigger the collapse of FA introduced by Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean methods.

The difference in the orientation of the tensors has much more important influence on FA collapse than that in the shape of the tensors.

When the orientation difference between original tensors is 90°, the relationship between FA collapse introduced by Log-Euclidean method and the difference in FA difference of original tensors is shown in the following plot.

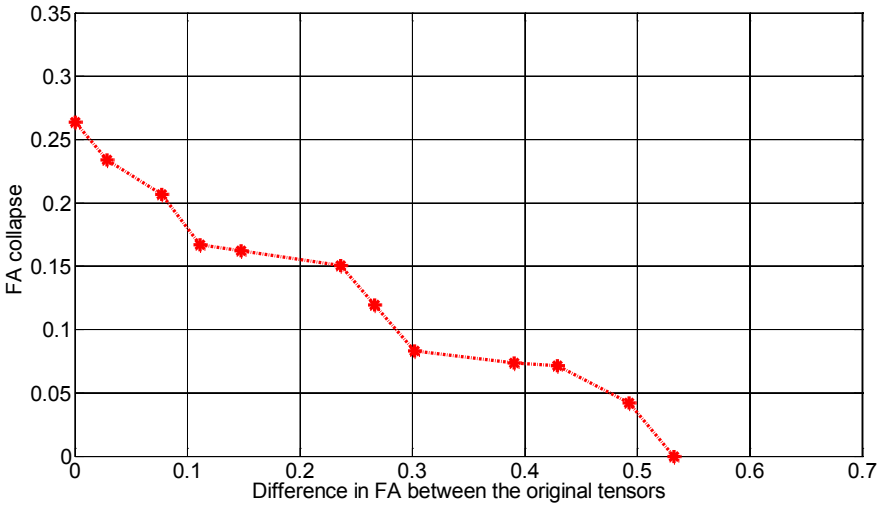


Fig. 5.26 The FA collapse introduced by Log-Euclidean interpolation varies with the difference in tenso shape between original tensors. The orientation difference of the original tensors is kept as 90°.

Situation 3: FA collapse introduced by the different FA values and the different tensor orientation of the original tensors.

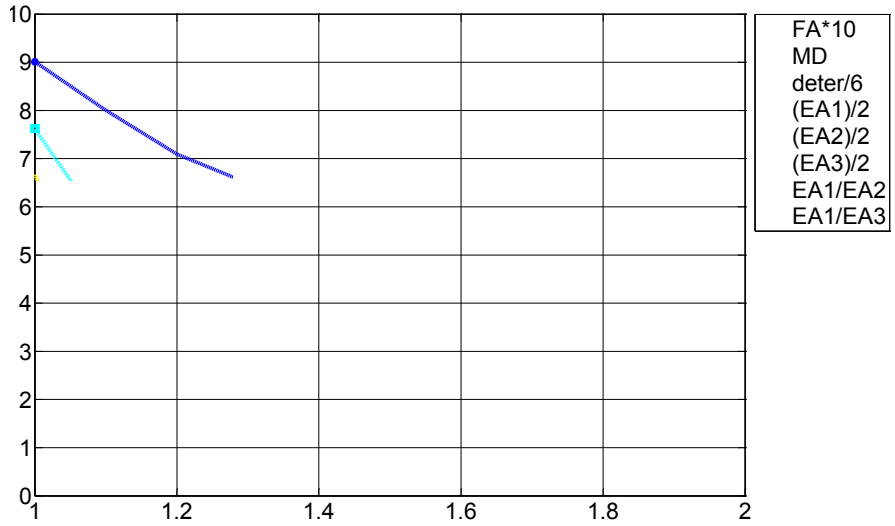
(a)

(b)

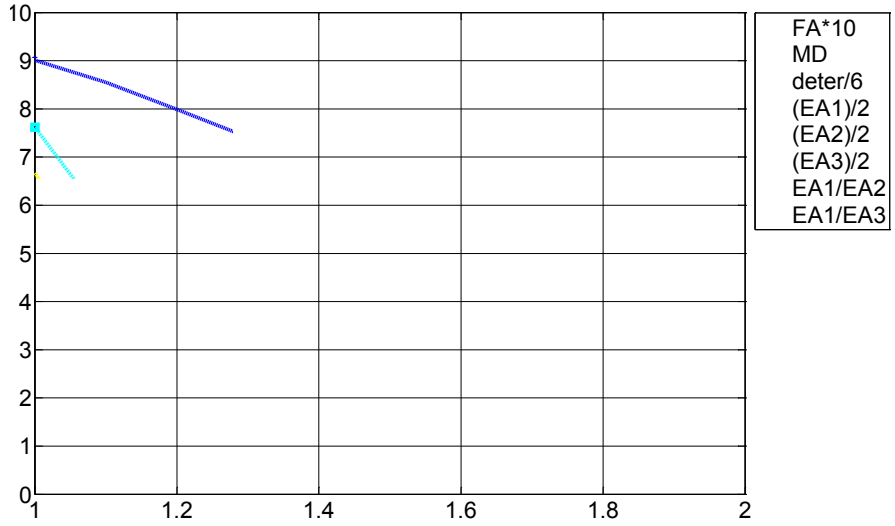
(c)

(d)

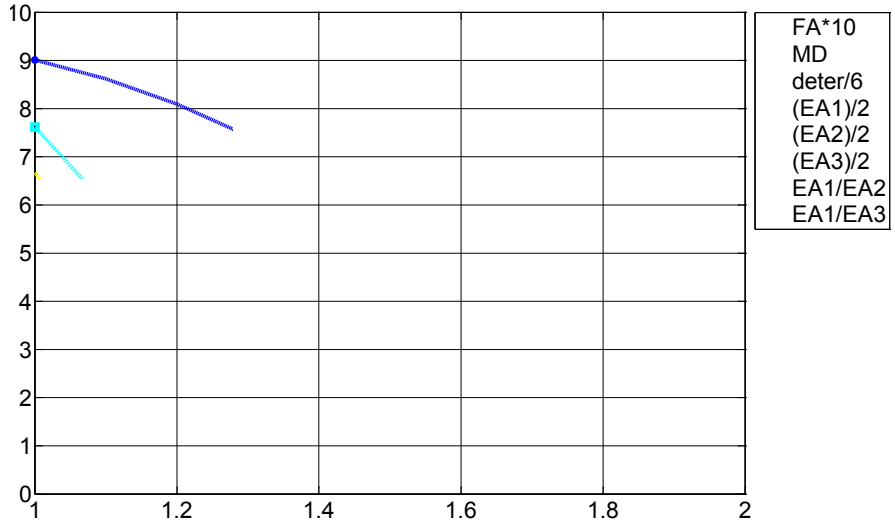
Fig. 5.27 Different interpolations between two tensors with different shapes and different orientations. The first original tensor is defined by the eigenvalues (8, 1.2, 0.3) and the orientation ($\pi/4$, 0, 0), and the second one by (14, 3, 1.2) and ($3\pi/4$, 0, 0). (a): Euclidean interpolation. (b): Cholesky interpolation. (c): Log-Euclidean interpolation. (d): Our feature-based interpolation. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top).


10
9
8
7
6
5
4
3
2
1
0
1
1.2
1.4
1.6
1.8
2
FA*10
MD
deter/6
(EA1)/2
(EA2)/2
(EA3)/2
EA1/EA2
EA1/EA3

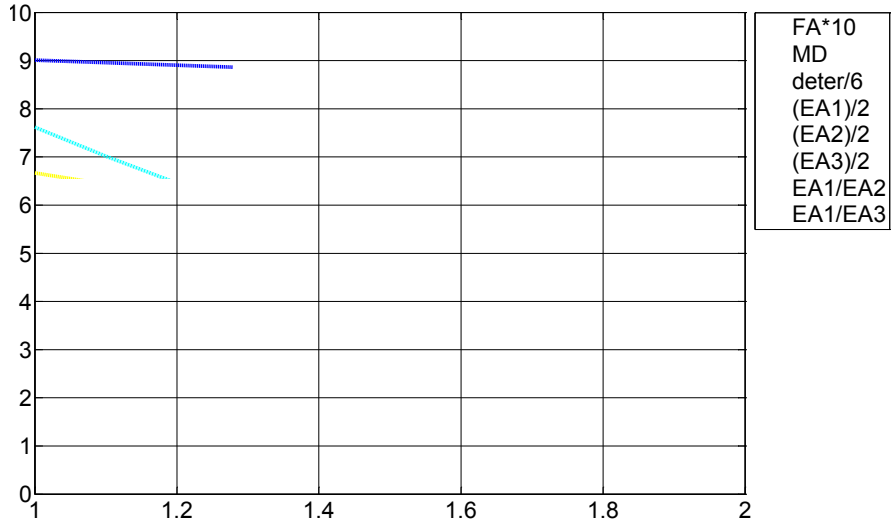
(a)


10
9
8
7
6
5
4
3
2
1
0
1
1.2
1.4
1.6
1.8
2
FA*10
MD
deter/6
(EA1)/2
(EA2)/2
(EA3)/2
EA1/EA2
EA1/EA3

(b)


10
9
8
7
6
5
4
3
2
1
0
1
1.2
1.4
1.6
1.8
2
FA*10
MD
deter/6
(EA1)/2
(EA2)/2
(EA3)/2
EA1/EA2
EA1/EA3

(c)



(d)

Fig. 5.28 Parameter curves of the tensors illustrated in Fig. 5.16. From top to bottom, the four plots correspond to the Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean interpolation, Riemannian rotational interpolation and the proposed interpolation methods, respectively. In each of the four plots, the eight curves represent FA (blue dotted line), MD (red dotted line), determinant (black dotted) line, the primary eigenvalues (green continued line), the second eigenvalues (magenta continued line), the third eigenvalues (cyan continued line), the ratio of the primary to second eigenvalues (yellow dotted line), and the ratio of the primary to third eigenvalues (cyan dotted line), respectively. Note that FA, determinant, and the three eigenvalues have been scaled in order to more visibly show all the curves in the same plot.

In this case, the FA collapses introduced by Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean interpolation are respectively 0.2099, 0.1537, and 0.2303, which are smaller than those in the case of 90° difference in orientation but with the same tensor shape.

Conclusion: In this situation, FA collapse introduced by interpolation methods is smaller than that caused by different orientation together with the same shape, while it is bigger than that caused by the tensor shape.

The more there is difference in tensor orientation while the less there is difference of FA, the bigger the collapse of FA.

5.6.1.3. Influence of FA collapse in fiber tracking

To demonstrate the influence of FA collapse in fiber tracking, we compare fiber tracking results of the 2D dimensional interpolation using Log-Euclidean interpolation and our feature-based interpolation using Euler angles.

Situation 1: Interpolation between four original tensors with different orientations to each other, but with same shape and same size.

In this situation, we give an example of 4×4×2 tensor fields in Fig. 5.29, where each z-slice concerns 2 slices of four tensors with the same eigenvalues (8, 1.2, 0.3) but different orientation to each other: the first tensor situates in voxel (0, 0, 0) at angles ($-\pi/4$, 0, 0), the second tensor situates in voxel (1, 0, 0) at angles ($\pi/4$, 0, 0), the third tensor situates in voxel (0, 1, 0) at angles ($\pi/4$, 0, 0), and the fourth tensor situates in voxel (1, 1, 0) at angles ($-\pi/4$, 0, 0).

(a) (b)

(c) (d)

Fig. 5.29 Tensor fields and fiber tracking results when interpolating between four tensors with different orientations but with the same shape and the same size. (a) and (c): Interpolated tensor fileds with Log-Euclidean method and corresponding fibers through the first slice. (b) and (d): Interpolated tensor fields with our proposed feature-based interpolation using Euler angles and corresponding fibers passed through the first slice.

Conclusion: When the original tensors' orientation derivates greatly from each other, sphere-like tensors will be interpolated them, and crossing fibers will be tracked from these sphere-like tensors (corresponding to the FA collapse), which are not produced by the proposed interpolation using Euler angles.

Situation 2: Interpolation between four tensors, of which half are with one same orientation, and the other two tensors with another orientation.

In this situation, we give an example we give an example of 4×4×2 tensor fields in Fig. 5.30, where each z-slice concerns four tensors with the same eigenvalues (8, 1.2, 0.3): the first tensor situates in voxel (0, 0, 0) at angles (0, 0, 0), the second tensor situates in voxel (1, 0, 0) at angles ($\pi/2$, 0, 0), the third tensor situates in voxel (0, 1, 0) at angles (0, 0, 0), and the fourth tensor situates in voxel (1, 1, 0) at angles ($\pi/2$, 0, 0).

(a) (b)

(c) (d)

Fig. 5.30 Tensor fields and fiber tracking results when interpolating between four tensors with different orientations but with the same shape and the same size. (a) and (c): Interpolated tensor fileds with Log-Euclidean method and corresponding fibers through the first slice. (b) and (d): Interpolated tensor fields with our proposed feature-based interpolation using Euler angles and corresponding fibers passed through the first slice.

Conclusion: When interpolating between tensors, of which one homogeneous region is with same orientation, and another homogeneous region derivates greatly in orientation, using Log-Euclidean interpolation, sphere-like tensors will be produced between the two different regions and corresponding crossing fibers will be tracked,. While in the homogeneous region, tensors are always interpolated uniformly. In contrast, with our proposed method using Euler angles, sphere-like tensors and crossing fibers never happen.

Situation 3: Interpolation with four tensors, of which three are with the same orientation, while the rest one has different orientation.

In this situation, we give an example of 4×4×2 tensor fields in Fig. 5.31, where each z-slice concerns four tensors with the same eigenvalues (8, 1.2, 0.3): the first tensor situates in voxel (0, 0, 0) at angles ($-\pi/4$, 0, 0), the second tensor situates in voxel (1, 0, 0) at angles ($\pi/4$, 0, 0), the third tensor situates in voxel (0, 1, 0) at angles ($-\pi/4$, 0, 0), and the fourth tensor situates in voxel (1, 1, 0) at angles ($-\pi/4$, 0, 0).

(a) (b)

(c) (d)

Fig. 5.31 Tensor fields and fiber tracking results when interpolating between four tensors with different orientations but with the same shape and the same size. (a) and (c): Interpolated tensor fileds with Log-Euclidean method and corresponding fibers through the first slice. (b) and (d): Interpolated tensor fields with our proposed feature-based interpolation using Euler angles and corresponding fibers passed through the first slice.

Conclusion**:** When one of the tensor's orientation derivates greatly from others, using Log-Euclidean interpolation, sphere-like tensors (corresponding to FA collapse) will be interpolated in the neighborhood of the original tensor with different orientation, along with crossing fibers tracked from these sphere-like tensors; while using the proposed interpolation, neither sphere-like tensors nor crossing fibers are produced.

From the three situations, we can get: using Log-Euclidean method, if at least one tensor's orientation derivates greatly from its neighbors, due to for example the noise, sphere-like tensors and corresponding crossing fibers will be produced, which will never happen with our method. In addition, with our proposed method fibers are denser than those from Log-Euclidean interpolation.

5.6.2. Necessity of monotonic determinant interpolation

The necessity of maintaining the monotonicity of the determinant during interpolation has also been reported in [Arsigny 2005, 2006]. The classical Euclidean method interpolates

tensor traces linearly, Log-Euclidean interpolation interpolates determinants monotonically (exponentially for Log-Euclidean interpolation), whereas the Cholesky method cannot monotonically interpolate tensor determinant or tensor traces in all situations. Consequently, when the eigenvalues of the interpolated tensors are the same, the classical Euclidean interpolation preserves the trace, the Log-Euclidean interpolation preserves tensor determinant, and our feature-based interpolation preserves both.

In [Kindlmann 2007a & 2007b], a diffusion tensor interpolation is proposed, who can monotonically interpolate tensor invariants by establishing an orthogonal set for the required invariants. However, so far, no orthogonal set has been found for tensor determinant, that is, the monotonicity of tensor determinant interpolation is not guaranteed.

5.6.3. MD decreasing introduced by interpolation methods

Compared with the significant collapse of FA values in certain situations, the decrease in MD is relatively, and it often requires big interpolation factors (e.g. more than 10 times of the original size) to observe the decrease. As shown in Fig. 5.10, for an interpolation factor of 4, the collapse of FA from Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean interpolations becomes visible (significantly low FA values with respect to the reference ones), but the resulting MD values are close with the four methods.

5.6.4. Comparison of Riemannian rotational and feature-based interpolations

Like our method, the rotational interpolation method reported in [Batchelor 2005] can also preserve the tensor shape very well. When interpolating between two tensors, the rotational interpolation in Riemannian space may produce results similar to our method. However, when applied to more than two tensors, for example to a tensor field, the rotational interpolation will produce chaotic results, since the eigenvector matrix at each voxel is not unique (each eigenvector can have two opposite directions), and the rotational interpolation chooses, for each of the three eigenvectors, randomly one of the two opposite directions during interpolation process. As a result, the orientations of the tensors are randomly interpolated (as shown in Fig. 5.3(d)). When bilinearly interpolating a tensor field, the central point may be, due to the four inconsistent eigenvector directions in the grid, interpolated as sphere-like tensor, which is reflected by the presence of dark points in Fig. 5.5(e). The method in [Batchelor 2005] could yield satisfactory results if and only if the problem of unique eigenvector matrix is solved, which would require additional work. More importantly, in our method, other types of interpolations such as spline interpolation and PDE methods can be readily envisaged to interpolate eigenvalues or Euler angles, which is not realistic with the rotational interpolation in Riemannian space due to the high computational cost.

5.7. Comparison of interpolations at the levels of DW images and tensor fields

As mentioned before, interpolation of DT-MRI data can be performed at the levels of DW images, vector fields and tensor fields. Vector field interpolation is adopted in the case of no possibility to obtain the information of DW images or tensor fields, or for the purpose of fiber tracking. However, when both DW images and tensor fields are available, interpolation at what level, DW images or tensor fields, should take a top priority? To our knowledge, this kind of study has never been conducted before, although it is of great use to better comprehend its impact on clinical analysis. The aim of this section is to focus on the comparison of interpolation methods at the levels of DW images and tensor fields in human cardiac DT-MRI datasets. Anisotropy interpolation of DW images [Mishra 2006] is considered as the state of the art, while Log-Euclidean interpolation [Arsigny 2005 & 2006] and our proposed interpolation using quaternion (described in section 5.3) are considered as the state of the art at the level of tensor fields. To evaluate the results produced by the methods at different levels, we focused on three representations of the DT-MRI processing

pipeline: tensors, parametric maps and fibers. Experiments on synthetic data and real data show that interpolation at the level of DW images suffers from tensor swelling effect, FA and MD collapse, while tensor field interpolation has the potential possibility to avoid swelling effect and to eliminate the FA and MD decreasing during interpolation, since it is much easier to control tensor characteristics (FA, MD, orientation, etc.) in the process of tensor field interpolation than in that of DW interpolation. It is suggested that interpolation of DT-MRI should be performed on the tensor fields to better preserve clinical parameter properties.

5.7.1. Interpolation methods

5.7.1.1. Anisotropic interpolation method at the level of DW images

Based on the conventional interpolation techniques in Section 3.1.1, anisotropic interpolation method with the sigmoid kernel has been proposed for diffusion tensor images [Mishra 2006] that is space-variant and can also suppress noise without compromising the sharpness of structural boundaries using:

$$h(t) = \begin{cases} (1+\exp(a\times(t-\eta)))^{-1}, & 0<t<1 \\ 0, \quad elsewhere. \end{cases} . \tag{5.49}$$

The profile of the function $h(t)$ depends on the values of a and η, with a regulating the sharpness of the function (larger a gives a sharper $h(t)$) and η controlling the position of the maximum change in magnitude.

A formulation, which relates the parameter a to the magnitude of the intensity gradient along each spatial direction, is defined as: $a_i = a_{\min} + (a_{\max} - a_{\min}) \times \left| \nabla I_i / \nabla I_{\max} \right|$ where i denotes the ith spatial direction, $\nabla I_{\max}$ designates the maximum intensity gradient of the image, $a_{\max}$ and $a_{\min}$ delimite the linear mapping between a and $|\nabla I|$, so that a will fall into a proper range, and η being set to 0.5 [Mishra 2006].

5.7.1.2. Tensor field interpolation

As described in chapter 3, five kinds of methods in the tensor fields have been proposed, including Euclidean interpolation, Cholesky interpolation, Riemannian interpolation, Log-Euclidean interpolation and Geodesic-loxodrome interpolation. In this section, we consider the Log-Euclidean interpolation and our feature-based interpolation using quaternion as the state-of-art of tensor field interpolation methods.

The Log-Euclidean linear interpolation can also be performed in three steps:

First, take the logarithm of original tensors: $\mathbf{L}_0 = \log(\mathbf{D}_0)$, $\mathbf{L}_1 = \log(\mathbf{D}_1)$.

Second, interpolate between the logarithm matrices: $\mathbf{L}(t) = (1-t)\log(\mathbf{L}_0) + t\log(\mathbf{L}_1)$.

Finally, reconstruct the tensors to be interpolated using the matrix exponential: $\mathbf{D}(t) = \exp(\mathbf{L}(t))$.

Our feature-based interpolation using quaternion includes five steps:

First, perform the diagonalization of the diffusion tensor $\mathbf{D}$ with the relation $\mathbf{D} = \mathbf{E}\boldsymbol{\Lambda}\mathbf{E}^T$, and then arrange the eigenvalues of the obtained diagonal matrix $\boldsymbol{\Lambda}$ in a decreasing order as well as the eigenvector matrix $\mathbf{E}$ accordingly.

Second, calculate the unit quaternion $\mathbf{q} = [w, x, y, z]$ using Eq. (5.44-5.47).

Third, logarithmically transform the three geometry parameters, yielding $\lambda_1' = \ln\lambda_1, \lambda_2' = \ln\lambda_2$, and $\lambda_3' = \ln\lambda_3$.

Fourth, interpolate the two vector sets: $\mathbf{V} = \left[\lambda_1', \lambda_2', \lambda_3'\right]^T$ and $\mathbf{q} = [w, x, y, z]^T$ (using for example a weighted linear interpolation with $\mathbf{V}(\mathbf{T}) = (1-t)\mathbf{V}(\mathbf{T_0}) + t\mathbf{V}(\mathbf{T}_1)$ and $\mathbf{q}(\mathbf{T}) = (\mathbf{q}(\mathbf{T}_1)\mathbf{q}(\mathbf{T_0})^{-1})^t \mathbf{q}(\mathbf{T_0})$).

Finally, construct the interpolated diffusion tensor using $\mathbf{D} = \mathbf{R}\Lambda\mathbf{R}^{T}$, by means of $\Lambda = \begin{pmatrix} \exp(\lambda_1') & 0 & 0 \\ 0 & \exp(\lambda_2') & 0 \\ 0 & 0 & \exp(\lambda_3') \end{pmatrix}$ and $\mathbf{R}$ given by Eq. (5.32).

5.7.2. Experiments setup

To evaluate the proposed interpolation method, both synthetic tensor data and real cardiac DT-MRI data are used.

5.7.2.1. Synthetic data

A diffusion tensor $\mathbf{D}$ is a 3×3 symmetric, positive definite matrix which can be decomposed as follows:

$$\mathbf{D} = \begin{pmatrix} D_{11} & D_{12} & D_{13} \\ D_{21} & D_{22} & D_{23} \\ D_{31} & D_{32} & D_{33} \end{pmatrix} = R \begin{pmatrix} \lambda_1 & 0 & 0 \\ 0 & \lambda_2 & 0 \\ 0 & 0 & \lambda_3 \end{pmatrix} R^T, \qquad (5.50)$$

where $\lambda_1, \lambda_2, \lambda_3$ are eigenvalues of $\mathbf{D}$ and R is the eigenvector matrix.

We generated a 20×20 synthetic tensor field containing 4 different homogeneous regions separated by discontinuities and of different shape or orientation of tensors.

We used the Stejskal-Tanner diffusion equation to compute the DW images from this artificial tensor field. The associated S_0 image was chosen to be constant and we considered the truncated octahedron encoding scheme (12 directions) to simulate the gradient sequence.

Figure 5.32 shows the generated synthetic tensor field, the corresponding DW image in one direction and the parameter maps calculated from the tensor field. It is noticed that the three parameter maps are divided into three homogeneous regions.

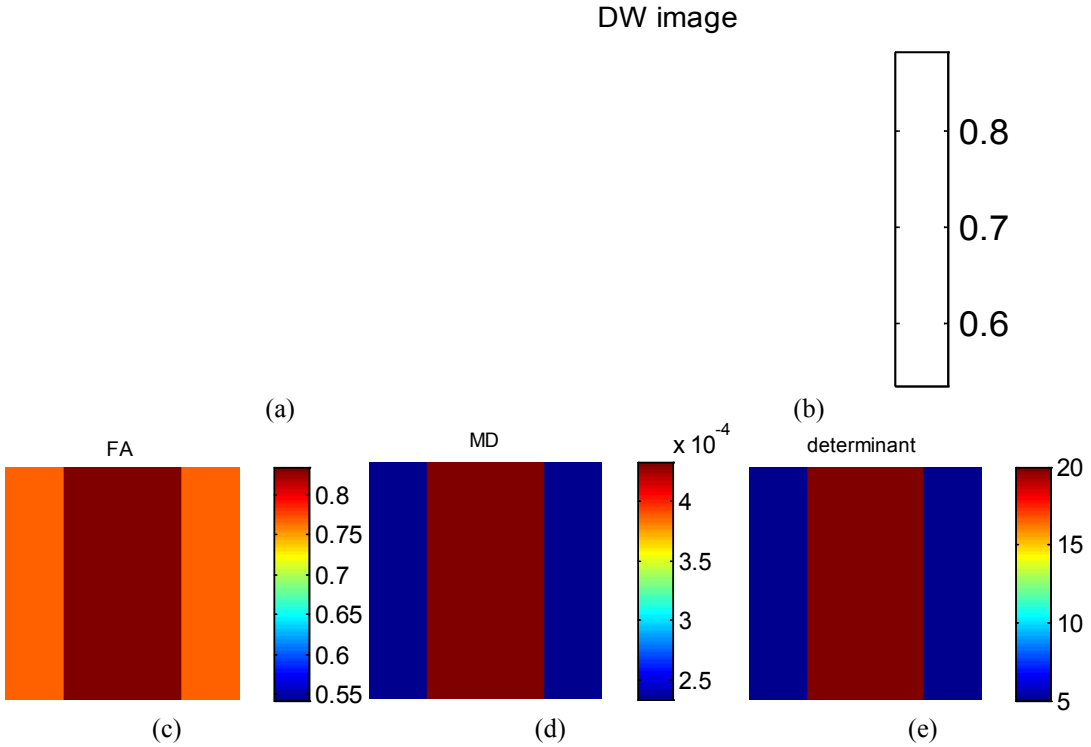


Fig. 5.32 A synthetic tensor field, the corresponding DW image and parameter maps. (a) Synthetic tensor field. (b) DW image corresponding to the encoding gradient $g = (1, 0, 0.5)^T$. (c) FA map. (d) MD map. (e) Determinant map.

5.7.2.2. Real human cardiac DT-MRI data

The real data sets are acquired in clinical conditions. They concern the cardiac diffusion weighted images and T2 images, which were acquired from 16 ex-vivo human hearts on a Siemens 1.5T Magnetom Sonata in the Hospital of Neuro-Cardiology of Lyon with the following settings: TE = 98 ms, TR = 8600 ms, FOV = 256×256 mm^2, slice thickness =2 mm, slice spacing =2 mm, slice duration = 142.5 ms, number of slices = 52, number of b=0 images = 52, slice size = 128×128, diffusion sensitivity b = 1000 s/mm^2, gradient directions = 30 or 12 or 6, acquisition time = 8~10 minutes. Each heart was located in a plastic container and fixed by hydrophilic gel to maintain a diastolic shape. This setup has a low dielectric effect and also eliminates unwanted susceptibility artifacts near the boundaries of the heart.

5.7.2.3. Performance evaluation

The comparison of interpolation methods at different levels was performed at each major step of the DT-MRI processing pipeline: tensor field representation, parametric maps and fiber tracking.

Tensor field: in the case of tensor filed representation, we compare the variation of tensor shape and tensor orientation during the interpolation process.

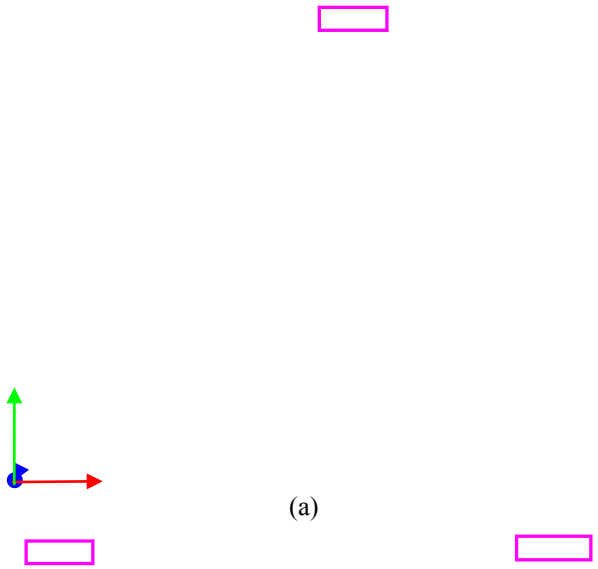
Parameter maps: when considering parametric maps, we compared the MD, FA and determinant maps computed from the interpolated tensor fields. MD indicates the mean diffusivity of water molecules, which reflects the redistribution of intracellular and extracellular space volumes. FA is defined as $FA=\left\{\frac{3[(\lambda_1-\bar{\lambda})^2+(\lambda_2-\bar{\lambda})^2+(\lambda_3-\bar{\lambda})^2]}{2(\lambda_1^2+\lambda_2^2+\lambda_3^2)}\right\}^{1/2}$, where $\bar{\lambda}$ is the mean of the three eigenvalues of the diffusion tensor λ_1, λ_2, λ_3, which is in fact the MD. FA ranges from 0 for isotropic diffusion to 1 for completely anisotropic diffusion. Tensor determinant is calculated by $de(D)=\lambda_1\lambda_2\lambda_3$ and designates the volume of ellipsoid. Determinant maps, compared between methods at different levels, were used to check whether the interpolation methods would introduce swelling effect, which should be avoided in DT-MRI processing [Arsigny 2005 & 2006].

Fiber tracking: to illustrate the effect of different interpolation on fiber tracking, quantitative comparisons in fiber length and fiber numbers and are given.

5.7.3. Results

5.7.3.1. Synthetic data

We applied the anisotropic interpolation at the DW image level, Log-Euclidean interpolation and our proposed method at the level of tensor fields to a synthetic dataset. An original size of 20×20 was interpolated to the size of 153×153. To compare the interpolation methods at different levels, tensor fields and the resulting parameter maps from tensor field are calculated.



(a)

(b) (c)

Fig. 5.33 Tensor fields from interpolation methods at the level of DW image and tensor fields. (a) Tensor field calculated from the interpolated DW images. (b) Interpolated tensor field with LOG-Euclidean method. (c) Interpolated tensor field with our proposed method.

Figure 5.33 shows the tensor fields after interpolations at the level of DW image and tensor fields. The color of the ellipsoid is determined by the primary eigenvector direction of the tensor. We observe that the most visible difference between the three methods is on the border between the two yellow regions where tensors before interpolation have the same shape but different orientations. Additional regions (in green) were introduced by both DW image and tensor field interpolations, between which the difference is the size of the additional region and the tensor shape and tensor orientation in the additional region. Interpolation at the DW image level introduced one isotropic tensors (spheres) column between the two regions with anisotropic tensors (ellipsoids), while, with the two interpolation methods at the level of tensor fields, more than three sphere-like tensors columns were interpolated. The difference is that, with Log-Euclidean interpolation, sphere-like tensors are generated, while with our method, the interpolated tensors have always the same shape. This can be also confirmed quantitatively in the FA and MD maps shown in Fig. 5.34 and Fig. 5.35. As illustrated in Fig. 5.34, both the DW image interpolation and Log-Euclidean interpolation led to the FA collapse between two original homogeneous regions, while the anisotropic interpolation at the DW image level produced more rapid variations than Log-Euclidean interpolation at the level of tensor fields. In contrast, with our proposed tensor interpolation, FA value is monotonically interpolated, and therefore, the FA map is the closest to the original FA map. Similar decreasing effect of MD with anisotropic DW image interpolation and Log-Euclidean tensor interpolation can be seen in Fig. 5.35, where the

decreasing effect was produced only between regions where tensors have the same shape but different orientations. Again, our proposed method preserves the homogeneous regions as the original MD map.

In Fig. 5.36 are plotted tensor determinant curves and determinant maps, obtained using both the DW image interpolation and tensor field interpolations. It is noted that both Log-Euclidean and our proposed interpolation methods at the level of tensor fields maintained the main homogeneous regions of the original determinant map, while anisotropic interpolation at the level of DW image led to higher determinant values in the middle of the interpolation path, which is called the swelling effect [Arsigny 2005 & 2006]. But anisotropic interpolation at the DW image level preserved sharper edges between different regions of the original determinant map than both Log-Euclidean and our proposed interpolation methods at the level of tensor fields.

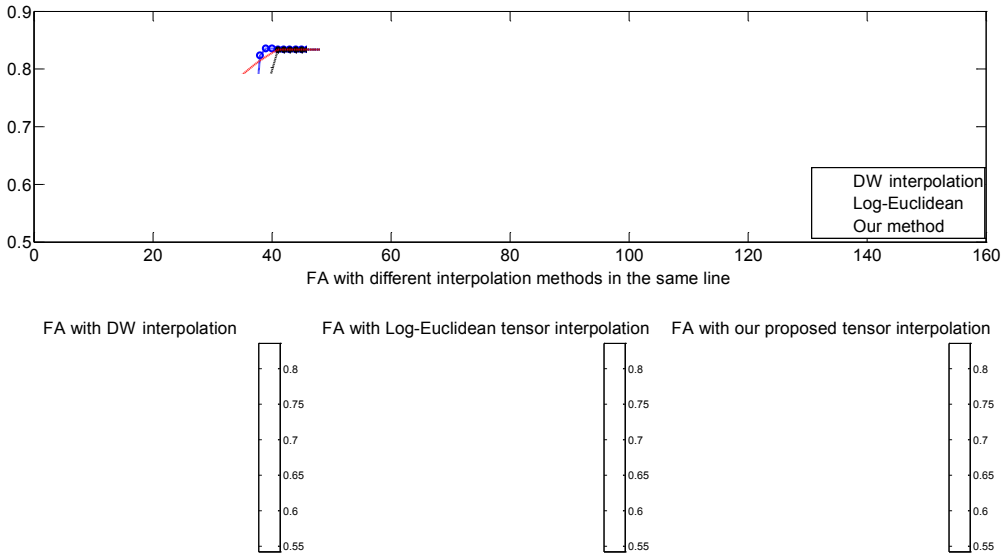


Fig. 5.34 FA maps from interpolation at the levels of DW image and tensor field.

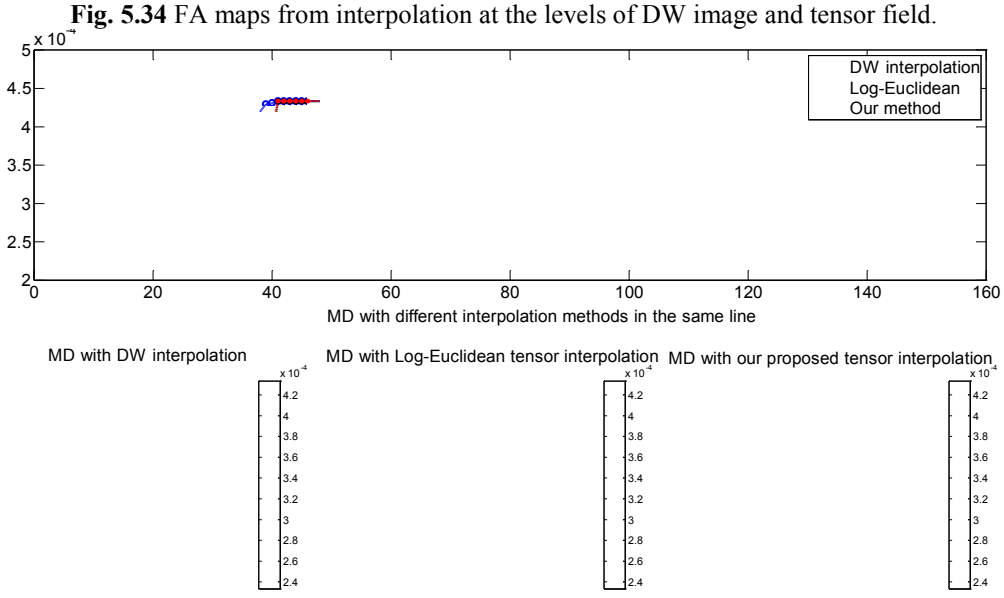


Fig. 5.35 MD maps from interpolation at the levels of DW image and tensor filed.

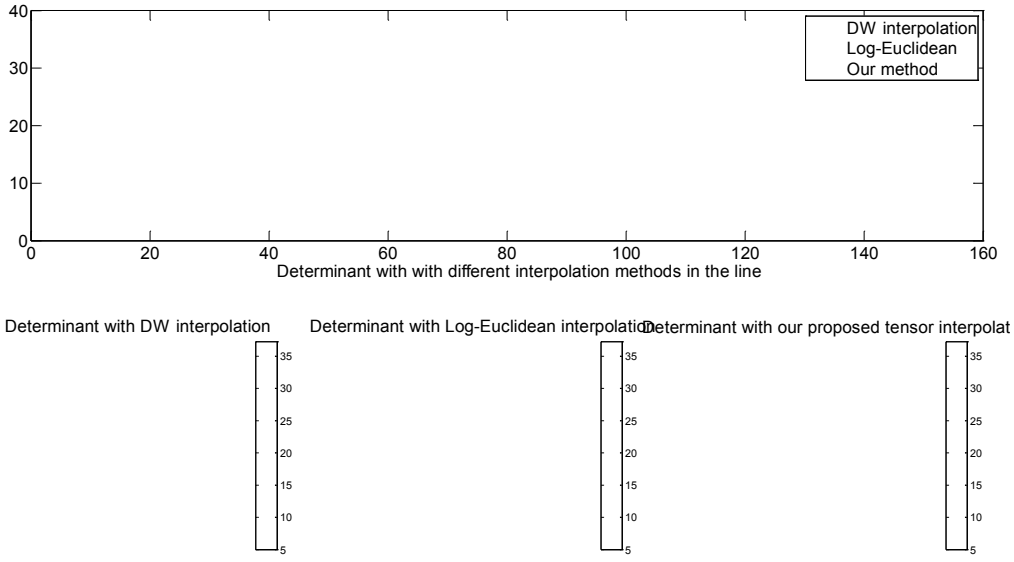


Fig. 5.36 Determinant maps from interpolation at the levels of DW image and tensor filed.

5.7.3.2. Real data

We applied the interpolation methods at different levels to the human cardiac DT-MRI datasets acquired in clinical conditions. The 10th slice of a volume is chosen since it is near the heart base where both right and left ventricles are visible. The initial slices of 128×128 were interpolated to a size of 512×512. Fig. 5.37 represents the original b=0 image and the DW images in a given direction before and after different interpolations. Comparing the results of different interpolations at the level of DW image, it is found that anisotropic interpolation preserved much better the edge of the ventricles than bilinear interpolation which produced blurred edges.

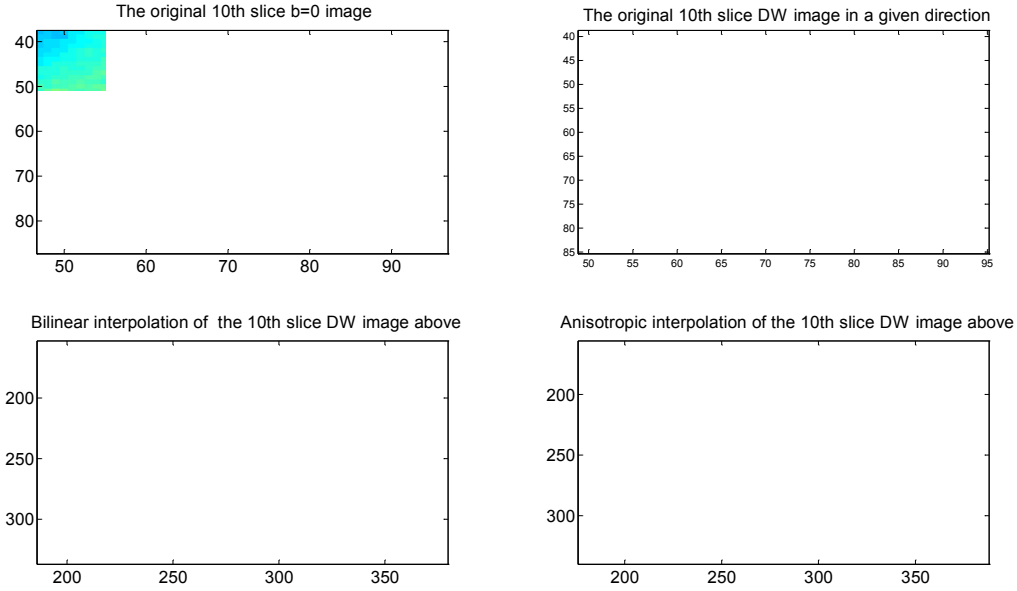


Fig. 5.37 T0 image and DW images of the 10th slice of a human cardiac DT-MRI dataset. Top left: original T0 image of the 10th slice. Top right: the DW image in the same slice with encoding gradient $g = (1, 0.1753, -0.1061)^T$. Bottom left: bilinear interpolation of the DW image on top right. Bottom right: Anisotropic interpolation of the same DW image.

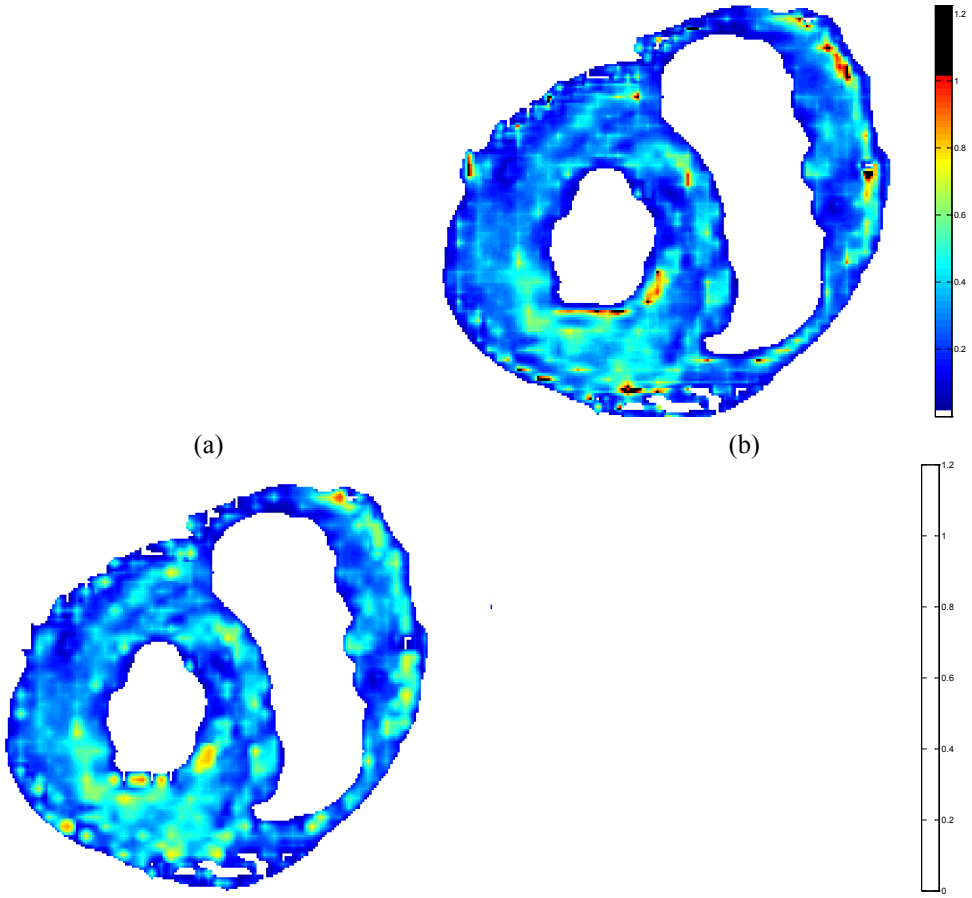


Fig. 5.38 FA maps calculated from the original tensor fields as well as the interpolated tensor fields with different methods. (a): FA map of the original DT-MRI slice. (b): FA map after anisotropic interpolation at DW level. (c): FA map from Log-Euclidean interpolation in tensor fields. (d). FA map from our proposed method in tensor fields.

Figure 5.38 indicates FA map calculated from the original tensor field of the 10^{th} slice and FA maps from the interpolated tensor fields obtained using the anisotropic interpolation at the DW image level, Log-Euclidean interpolation and our proposed methods at the level of tensor fields. The black pixels in the FA map from the original tensor field indicate where it is so noisy that negative eigenvalues appeared, yielding FA values greater than 1. We observe that, with anisotropic interpolation, noisy areas are enlarged, namely, unreasonable pixels (FA>1) are interpolated. In contrast, with Log-Euclidean interpolation and our proposed method, noisy pixels having FA values greater than 1 disappeared. In addition, with anisotropic interpolation at the level of DW images, the FA map introduces some small sharp areas in the left ventricle, generating the presence of twinkling stars, while with Log-Euclidean method, the presence of twinkling stars is weakened, and with our proposed method, these twinkling stars disappear.

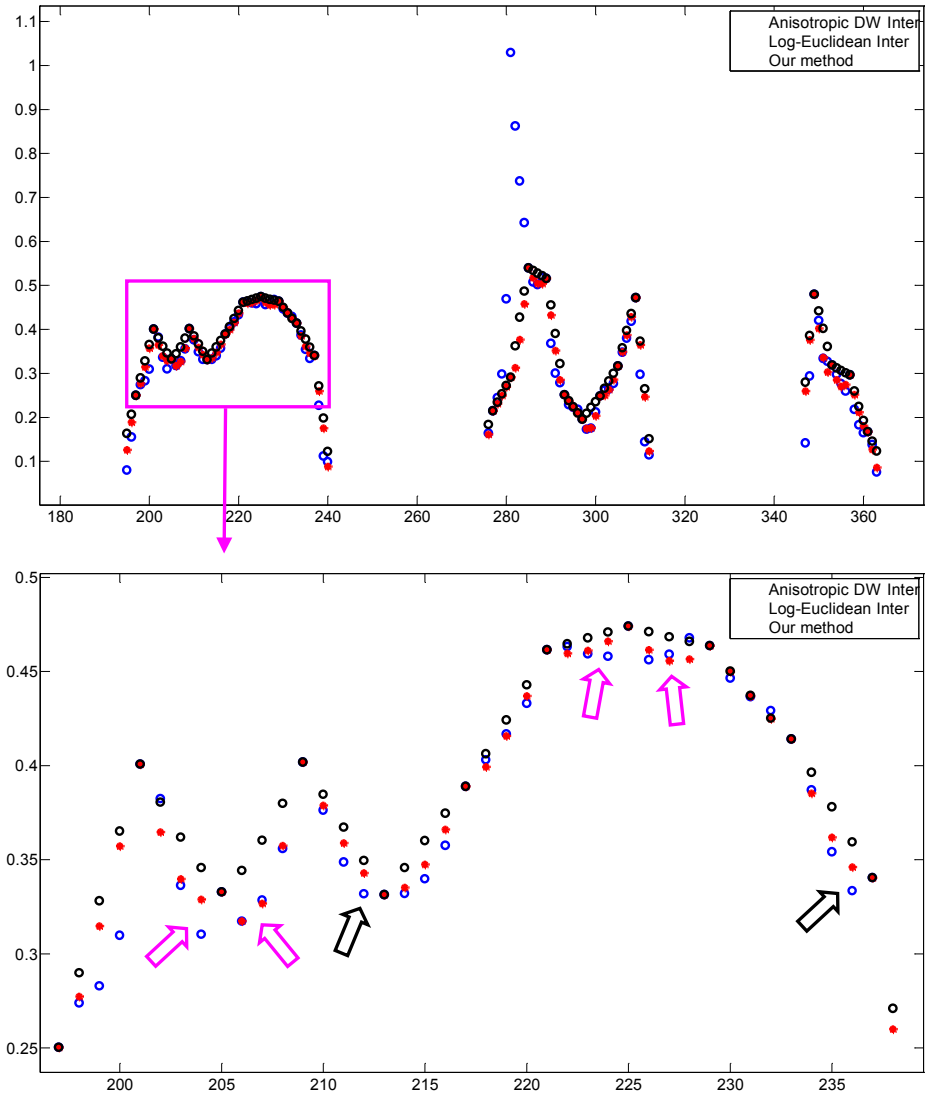


Fig. 5.39 FA profiles corresponding to the dark red line in Fig. 5.38. The bottom plot corresponds to the zoomed version of the boxed part in the top plot to better visualize FA collapse effects caused by interpolation. The three curves in the plots correspond to the anisotropic interpolation at the DW image level (blue line), Log-Euclidean interpolation (red line) and our proposed method (dark line) in tensor fields, respectively. The pink arrows indicate where there are FA collapse effects with both anisotropic interpolation and Log-Euclidean interpolation, while the black arrows designate where there are FA collapse effects with DW interpolation but not with Log-Euclidean interpolation in tensor fields. Note that our proposed interpolation does not introduce any FA collapse.

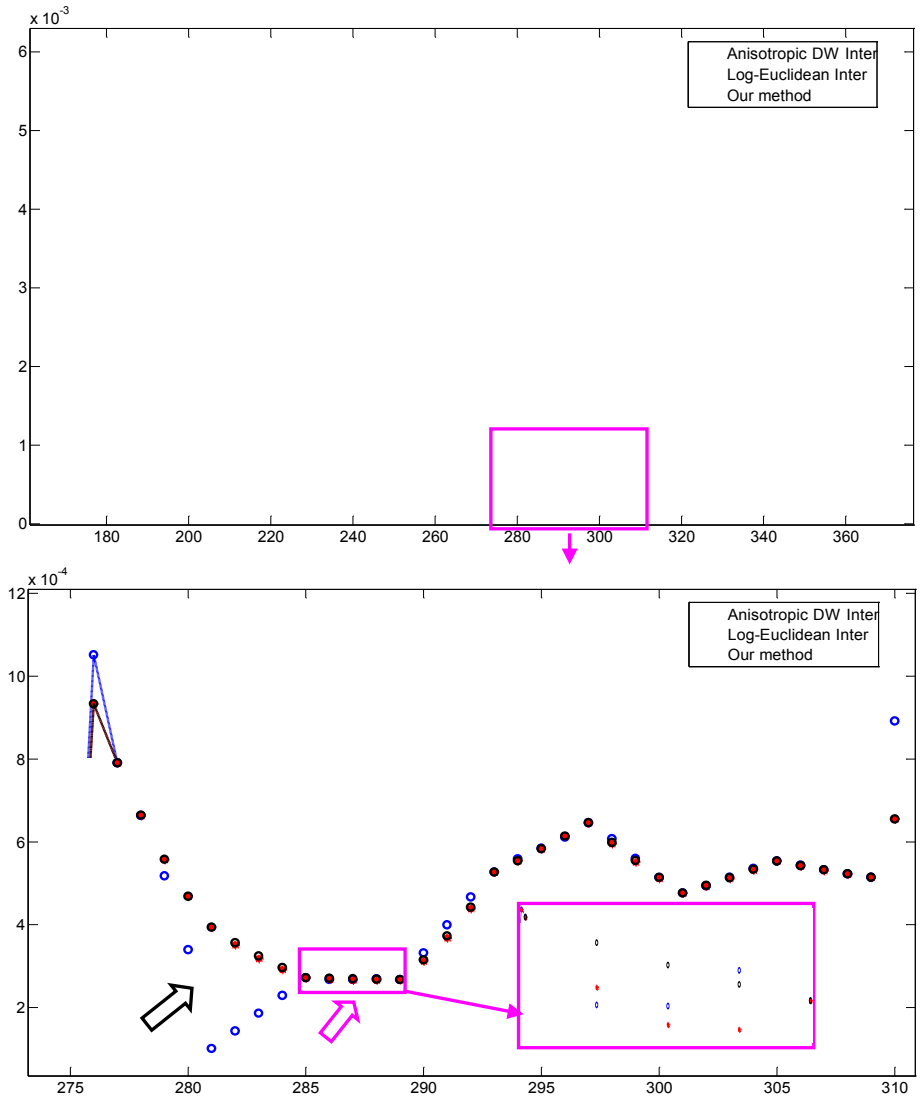


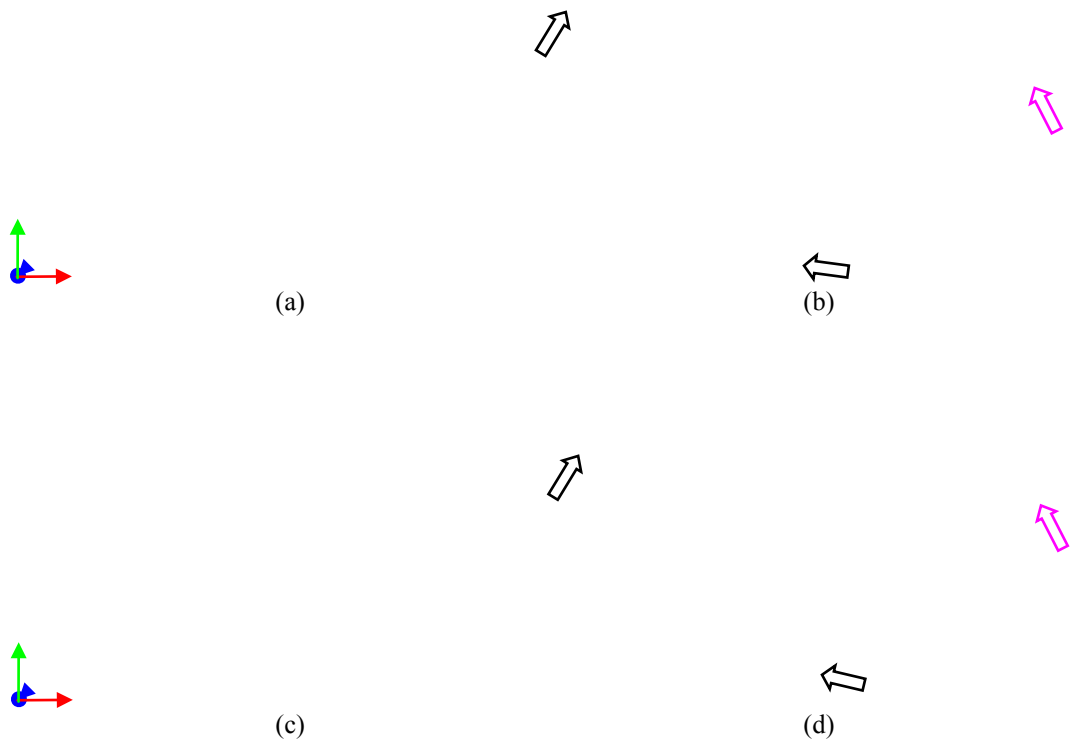
Fig. 5.40 MD profiles corresponding to the dark red line in Fig. 5.38. The zoomed version of the boxed part in the top plot is given in the bottom plot. The region where the pink arrow points is again zoomed to better visualize the MD decreasing effects introduced by anisotropic interpolation at the DW image level (blue line) and Log-Euclidean interpolation (blue line) in tensor fields, while the black arrow indicates where there exist decreasing effects of MD by anisotropic interpolation at the DW image level (blue line) but not by Log-Euclidean interpolation or our proposed method in tensor fields.

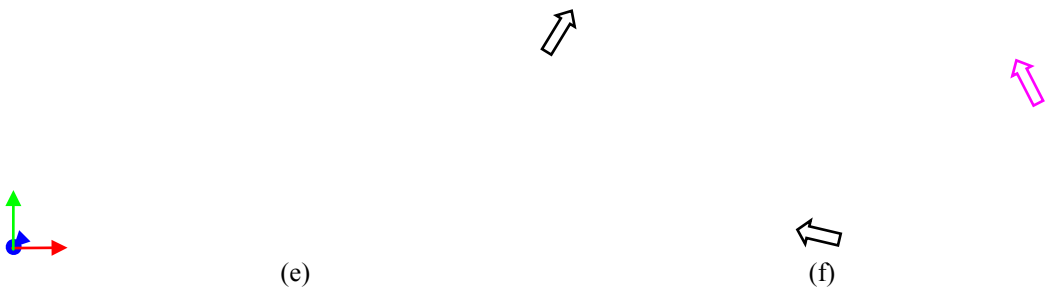
To better compare the three different methods, we plot in Fig. 5.39 the profiles (corresponding to the dark red line in the original FA map) of the FA maps. There is a big peak in the profile with the anisotropic interpolation at the DW image level, which corresponds to the noisy zone (FA>1) in the FA map. In the zoomed profiles, the pink arrows indicate where there are collapse effects of FA values interpolated with both DW image interpolation and Log-Euclidean interpolation with respect to the original points, while the black arrows designate where FA collapse effects are introduced by the anisotropic interpolation at the DW image level. In contrast, with our proposed method, the FA values are always interpolated monotonically.

Concerning the MD values (shown in Fig. 5.40), both anisotropic interpolation at the DW image level and tensor field interpolation introduce great edge effects of MD, namely, the big spires on the edge. In addition, anisotropic interpolation at the DW image level produced visible decreasing effect of MD in some case (see where the black arrow indicates), while anisotropic DW image interpolation and Log-Euclidean tensor interpolation could lead to decreasing effects of MD when interpolating between two tensors with very close MD values

(see where the pink arrow indicates). As indicated by the pink arrow, the interpolated MD values in fact vary in an unpredictable way. In contrast, our proposed method in the tensor field interpolates the MD values monotonically.

Fiber tracking is a process that takes place at the end of the DT-MRI processing pipeline and requires a smooth primary eigenvector direction of diffusion tensors to ensure the reliability of fiber extraction. In the present study, streamline fiber tracking method [Basser 2000b] was chosen in order to get a clearer insight into the effect of interpolations at different levels. The original tensor fields of 128×128×52 were interpolated to 512×512×52 with the minimum length of fiber limited to 20 mm. The 3-D fiber tracking results of the left ventricle of a healthy human heart with different methods are displayed in Fig. 5.41, in which results are shown in both top view and lateral view. All the three approaches yielded the similar spiral architecture of the heart. Obviously, with our proposed method, fibers are denser and longer than those obtained with Log-Euclidean tensor interpolation or anisotropic DW interpolation (see where the arrows indicate). The pink arrow indicates where fibers are denser with DW interpolation than Log-Euclidean, while the black arrows designate where Log-Euclidean interpolation in tensor fields produced denser fibers than DW interpolation. To better compare the three methods, quantitative comparisons are listed in Tab. 5.3. We observe that, on the whole, interpolation in tensor fields performs better than DW interpolation in terms of fiber number and mean length of fibers. And our proposed method produces the best fiber tracking results no matter in fiber length or fiber dense.





(e) (f)

Fig. 5.41 Fiber tracking from the tensor fields obtained using different interpolations in human cardiac DT-MRI. The first and second columns respectively indicate lateral views and top view of left myocardial fiber architecture. (a) and (b): interpolation at the DW image level. (c) and (d): interpolation at the level of tensor fields with Log-Euclidean method. (e) and (f): interpolation at the level of tensor fields with our method. The color designates the direction of the primary eigenvector (red: left/right; blue: anterior/posterior; green: bottom/top).

Tab. 5.3 Parameters from fiber tracking of the whole human heart corresponding to the first column in Fig. 5.41.

Method	N_f	Min (mm)	Max (mm)	Mean (mm)	Std
DW	83800	20	148	37.6465	16.8586
Log	86937	20	149	37.9745	17.4905
Our	126265	20	150	41.4432	20.2977

5.7.4. Discussion

From Fig. 5.33, one has noticed that the size of the additional regions introduced by DW image interpolation is smaller than that by tensor field interpolation. This is due to the fact that the DW image interpolation is an anisotropic interpolation, which has the sharp characteristic during interpolation to preserve perfectly the edge of the image (which can also be seen in Fig. 5.37). What we want to show though Fig. 5.33 is that both DW anisotropic interpolation and Log-Euclidean tensor interpolation introduce sphere-like tensors between anisotropic tensors, and that they divide the middle homogeneous region in FA or MD maps into two regions (seen in Figs. 5.34 and 5.35). Moreover, the two interpolation methods created two visible vertical yellow bars. Nevertheless, tensor interpolation could still be envisaged to eliminate the FA and MD decreasing (our method). In addition, another problem with DW image interpolation is that it can produce the swelling effect during interpolation, which is avoided by both Log-Euclidean and our interpolation in tensor fields. This is an essential problem, since with DW image interpolation, it is impossible to predict the characteristic of the interpolated tensors. In contrast, with both Log-Euclidean and our proposed methods, it is easy to control the interpolated tensor characteristics, and the swelling effect can be avoided.

Moreover, DW image interpolation cannot guarantee the positive definiteness properties of tensors during interpolation, which can be easily maintained when choosing tensor field interpolations. From Fig. 5.38, it is observed that unreasonable FA values are avoided with Log-Euclidean interpolation and our proposed method in tensor fields. In this work, we simply set the tensors with negative eigenvalues to be the same with its neighbor whose eigenvalues are positive, whereas it is difficult to know whether the eigenvalues are positive or not at the level of DW images. One may argue that regularization of DW images can be

applied before the interpolation to solve this problem. However, from the regularization at DW image level, tensor properties are not taken into consideration and can not be predicted during the regularization.

The results of fiber tracking by DW image interpolation or tensor field interpolation differ little, and tensor field interpolations produce better results. The mean length of fibers with Log-Euclidean tensor field interpolation is 0.33 mm larger than that with DW interpolation, while the mean length of our proposed method is almost 4 mm larger than that with DW interpolation. Since myocytes (muscle cells) are 80 to 100 μm in length and have a cylindrical shape with a radius of 5 to 10 μm [Humphrey 2002, Hunter 1996]. That means, each fiber obtained by Log-Euclidean tensor interpolation is three or four myocytes longer than that by DW interpolation, while each fiber obtained with our proposed method is 40 or 50 myocytes longer than that by DW interpolation.

5.8. Conclusion

We have proposed a category of feature-based methods using Euler angles or quaternion for the interpolation of tensor fields from human cardiac DT-MRI. The proposed methods present the particularity of accounting for the inherent relationships among tensor components, and provide the possibility of monotonically interpolating simultaneously tensor shape and tensor orientation. The problem of representing a diffusion tensor in terms of tensor features, interpolating these features, and reconstructing the tensor to be interpolated from the interpolated features has been formulated in detail. The influence of different interpolations on FA and MD values has been studied in depth. The results on both synthetic and real cardiac DT-MRI data have consistently shown that the proposed method not only maintains the diffusion tensors' properties such as symmetric positive-definiteness and monotonically interpolates tensor determinant, but also preserves the monotonicity of FA and MD values, in contrast with Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean methods, which allows providing another kind of approaches for clinical applications. Fiber tracking results also demonstrate the effectiveness of our interpolation by generating much more, denser, longer and more continuous fibers than other methods. In addition, though the present work focuses on diffusion tensors, the proposed feature-based interpolation method can be readily applied to general tensor fields without the limitation of positive definite matrix.

Finally, we presented a comprehensive comparison of DW images and diffusion tensor field interpolation methods, in the context of DT-MRI of the human ex vivo hearts. Anisotropic DW image interpolation, Log-Euclidean interpolation and our proposed interpolation using quaternion have been chosen as the state-of-the-art methods at the level of DW images and tensor fields, respectively. Results on synthetic data and real data show that DW image interpolation introduced FA and MD decreasing effects during interpolation, while tensor field interpolation could be designed to avoid the FA and MD decreasing effects (for example, Log-Euclidean tensor interpolation has avoided the swelling effect during interpolation, and our proposed interpolation using quaternion has avoided both the swelling effect and the decreasing effects of FA and MD during interpolation). The major problem of DW image interpolation is that it is impossible to predict the properties of interpolated tensors, while this can be readily achieved using tensor field interpolations. Therefore, from the viewpoint of clinical applications such as tensor parameter analysis, it is better to perform interpolation at the level of tensor fields, since it is easier to control tensor properties during interpolation.

Chapitre 6 INFLUENCE OF TENSOR INTERPOLATION ON FA AND MD VALUES OF MYOCARDIAL INFARCTION IN PORCINE MODEL

Summary

6.1. Introduction 141
6.2. Material and methods 142
6.2.1. Material 142
6.2.2. Ischemic injury induction 142
6.2.3. Excised heart preparation 142
6.2.4. Ex vivo CMR study 143
6.2.5. Histological study 143
6.2.6. Diffusion tensor interpolations 143
6.3. Results and analysis 144
6.3.1. FA and MD differences between infarction and remote regions 144
6.3.2. Influence of interpolation methods on FA and MD values in different regions 146
6.4. Discussion and conclusions 149

***Abstract*--**In this chapter, we use diffusion tensor magnetic resonance imaging (DT-MRI) to investigate changes in direction-dependent water diffusivity to reflect alterations in tissue integrity: mean diffusivity (MD) and fractional anisotropy (FA) in porcine hearts after myocardial infarction. In addition, the effects on FA and MD of diffusion tensor interpolation methods are studied. DT-MRI data ware obtained from 15 porcine hearts after acute myocardial infarction. It is found that the infarcted region showed significantly decreased FA and increased MD than the remote region, and that diffusion tensor interpolations have more significant influence on FA than on MD due to the fact that existing interpolation methods can introduce FA collapse but produce very close MD results. This work suggests that precaution should be taken with diffusion tensor interpolations when using absolute indexes (e.g. FA value) to distinguish infarction and remote regions, since interpolation methods may affect FA values in a non-negligible manner.

6.1. Introduction

The identification and characterization of infarcted myocardium in patients with previous myocardial infarction are of fundamental clinical importance, as patients with myocardial infarction are associated with an increased risk of future ischemic events and cardiac mortality [Kannel 1984, Sanz 1982]. Diffusion tensor magnetic resonance imaging (DT-MRI) provides a nondestructive manner to understand the altered tissue integrity and fiber architecture in diseased myocardium such as myocardial infarction by assessing fractional anisotropy (FA) and mean diffusion (MD) of myocardium.

It is known that, in brain, diffusion indices derived from DT-MRI, namely FA and MD, reflect the structural integrity of underlying tissues [Le 2003]. FA measures the variability of water mobility in different directions and will decrease if the organization of tissue structure is destroyed. MD measures the average diffusivity regardless of direction and will change if

there is pathological change causing redistribution of intracellular and extracellular space volumes. Recently, several studies have attempted to quantify cardiac fiber architectural remodeling after the occurrence of myocardial infarction [Chen 2003, Li 2009, Strijkers 2007, Wu 2006, Wu 2007]; it is concluded that FA and MD not only reflect the fiber structural integrity, but also play an important role in distinguishing normal from infarct zones in cardiac DT-MRI. It is found in these studies that decrease in FA and increase in MD are evident in the infarct regions, which is considered to be consistent with abnormal wall motion and/or cell death [Chen 2003, Li 2009, Strijkers 2007, Wu 2006, Wu 2007].

However, FA and MD values are influenced by image processing, such as interpolation, regularization and so on. As mentioned in chapter 5, existing interpolations, such as Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean may introduce FA collapse during interpolation. Meanwhile, Cholesky and Log-Euclidean interpolations also introduce MD decreasing. In this chapter, we apply different interpolations to DT-MRI data of porcine heart after infarction, and systematically and quantitatively investigate the influence of interpolation methods on FA and MD values in infarction and remote regions respectively.

This chapter is organized as follows. In section 6.2, material and methods are introduced, while experimental results and analysis are presented in section 6.3, followed by discussion and conclusions in section 6.4.

6.2. Material and methods

6.2.1. Material

Fifteen healthy farm pigs weighing 30±3 kg, were pre-anesthetized with intramuscular administration of ketamine (50 mg/kg) and bromazepam (0.5 mg/kg) followed by a continuous intravenous infusion of thiopental sodium (15 mg/kg) and sufentanil (0.01 mg/kg). All animals were orotracheally intubated and mechanically ventilated with an oxygen and air mixture.

6.2.2. Ischemic injury induction

All experiments were approved by the State Committee on Animal Affairs of our Institution. Acute reperfused myocardial infarction was induced using a closed chest model. A 5-F guiding catheter was positioned at the origin of the left coronary artery through the right carotid approach. After a coronary angiogram was obtained for visualizing the left coronary anatomy, the left anterior descending coronary artery was occluded for 40 minutes by inflation of an individually sized 2.25 to 3-mm balloon catheter (Tsunami, Terumo, Tokyo, Japan) at the level of the second diagonal branch. Complete vessel occlusion was verified by coronary angiography and electrocardiography. All animals received 1mg of propranolol prior to occlusion and 200 IU/kg of heparin and 1.5mg/kg of lidocaïne prior to occlusion and immediately after reperfusion. At reperfusion the LAD coronary artery patency was controlled by angiography. Continuous electrocardiography (ECG), pulse oxymetry and arterial invasive blood pressure monitoring was available for all animals. In case of left ventricular (LV) fibrillation, direct current defibrillation was applied.

6.2.3. Excised heart preparation

Animals were sacrificed 4 hours after occlusion for immediate *post mortem* analysis. The left anterior descending coronary was briefly re-occluded via a brief angioplasty balloon inflation at the same level as the initial occlusion according to the same angiographic landmarks. Then 100 ml of Uniperse blue (1.0 mg/ml Uniperse blue in Krebs solution) (Ciba-Geigy, Hawthorne, NY, USA) were infused as a bolus into the jugular vein to delineate the AAR. With this technique, the previously non-ischemic area appears blue whereas the AAR remains unstained {Reimer KA, Long JB, Murry CE, Jennings RB. Three-dimensional distribution of collateral blood flow within the anatomic area at risk after circumflex coronary artery occlusion in dogs. Basic Res Cardiol. 1987;82:473-485.}. The animals were then

sacrificed with an overdose of intravenous thiopental sodium and the hearts were excised. Immediately after excision, the excised hearts were rinsed with normal saline and placed in a plastic box. Cavities and receptacle were filled with a neutral solution of hydrophilic fast-hardening solution (Gel-Vac RE2015, Cardinal Health, Chateaubriant, France) to provide a physiological shape to ventricles.

6.2.4. Ex vivo CMR study

Immediate ex vivo CMR studies were conducted on a clinical 1.5T scanner (Avanto, Siemens, Erlangen, Germany) with a maximum gradient strength of 40 mT/m and maximum slew rate of 200 mT/m/s using a 32-channels birdcage head coil. After determining the cardiac axes with localizers, the full left ventricular was imaged with short axis slices with sequences as follow: 3D turbo-spin-echo T_1-weigthed imaging (0.5x0.5x5mm^3 resolution, matrix of 448x512, TE=13ms, TR=449ms), 3D gradient-echo T_2*-weighted imaging (0.4x0.4x5mm^3 resolution, matrix of 448x512, TE=26ms, TR=800ms) and diffusion weighted imaging(DWI) (2.0x2.0x2.0mm^3 resolution, matrix of 128x128, 50 slices, parallel imaging with rate 2, TE=69ms, TR=6500ms, b=0 and 1000 s/mm2, 12 encoding-directions, 6 repetitions). DWI was performed with a state-of-the art single-shot, twice-refocused spin-echo EPI sequence available on the clinical scanner (ReeseMRM02).

6.2.5. Histological study

Hearts were then sliced into 5-mm sections using a commercial meat slicer (Slicer T250, Magimix®, Vincennes, FRANCE). Each slice was submerged in 0.9% normal saline and photographed on both sides at 600 dpi using a digital camera (Canon EOS 450D, Canon Inc.®, Tokyo, JAPAN), for the AAR assessment. Then each slice was stained with 2% 2,3,5-triphenyltetrazolin-chloride (TTC) solution at 37°C for 25 minutes. Then again, each slice was photographed on both sides.

6.2.6. Diffusion tensor interpolations

For each pig, one mid-ventricular slice encompassing infarct region was selected. Diffusion tensor **D** was computed using Matlab (Mathworks, Natick, MA, USA). FA and MD maps were generated with:

$$\mathrm{FA}=\left\{\frac{[(\lambda_1-\lambda_2)^2+(\lambda_2-\lambda_3)^2+(\lambda_3-\lambda_1)^2]}{2(\lambda_1^2+\lambda_2^2+\lambda_3^2)}\right\}^{1/2}, \text{ and } \mathrm{MD}=\frac{\lambda_1+\lambda_2+\lambda_3}{3}.$$

To the given DTI data are applied the following four interpolation methods: 1) Euclidean interpolation: interpolate linearly tensor elements using $\mathbf{D}=(1-t)\mathbf{D}_0+t\mathbf{D}_1$ (where $\mathbf{D}_0$ and $\mathbf{D}_1$ are original tensors and $t\in[0,1]$ is the interpolation coefficient); 2) Cholesky interpolation [Wang 2004]: first, decompose tensor into triangular matrices $\mathbf{D}_0=\mathbf{L}_0\mathbf{L}_0^{\mathrm{T}}$, $\mathbf{D}_1=\mathbf{L}_1\mathbf{L}_1^{\mathrm{T}}$, then interpolate linearly the low triangular matrix elements with $\mathbf{L}=(1-t)\mathbf{L}_0+t\mathbf{L}_1$, and finally reconstruct the interpolated tensor by $\mathbf{D}=\mathbf{L}\mathbf{L}^{\mathrm{T}}$; 3) Log-Euclidean interpolation [Arsigny 2005, 2006]: interpolate linearly tensor elements by means of $\mathbf{D}=\exp((1-t)\log(\mathbf{D}_0)+t\log(\mathbf{D}_1))$, where the logarithm of the matrix $\mathbf{D}_0$ (the same calculation for $\mathbf{D}_1$) is obtained by first decomposing the matrix into $\mathbf{D}_0=\mathbf{R}\boldsymbol{\Lambda}\mathbf{R}^{\mathrm{T}}$ with $\mathbf{R}$ designating the rotation matrix and $\boldsymbol{\Lambda}$ a diagonal matrix, then taking the logarithms of each eigenvalue in $\boldsymbol{\Lambda}$, and finally rotating each diagonal log matrix using $\mathbf{R}\log(\boldsymbol{\Lambda})\mathbf{R}^{\mathrm{T}}$; 4) Our proposed tensor interpolation using Euler angles: first, perform the diagonalization of the tensor to get an eigenvalue matrix with the three eigenvalues in decreasing order and take the natural logarithm of the three eigenvalues; second, calculate the three rotation angles by equaling 3D rotational matrix to the eigenvector matrix; third, interpolate the logarithmically transformed eigenvalues and the rotation angles; finally,

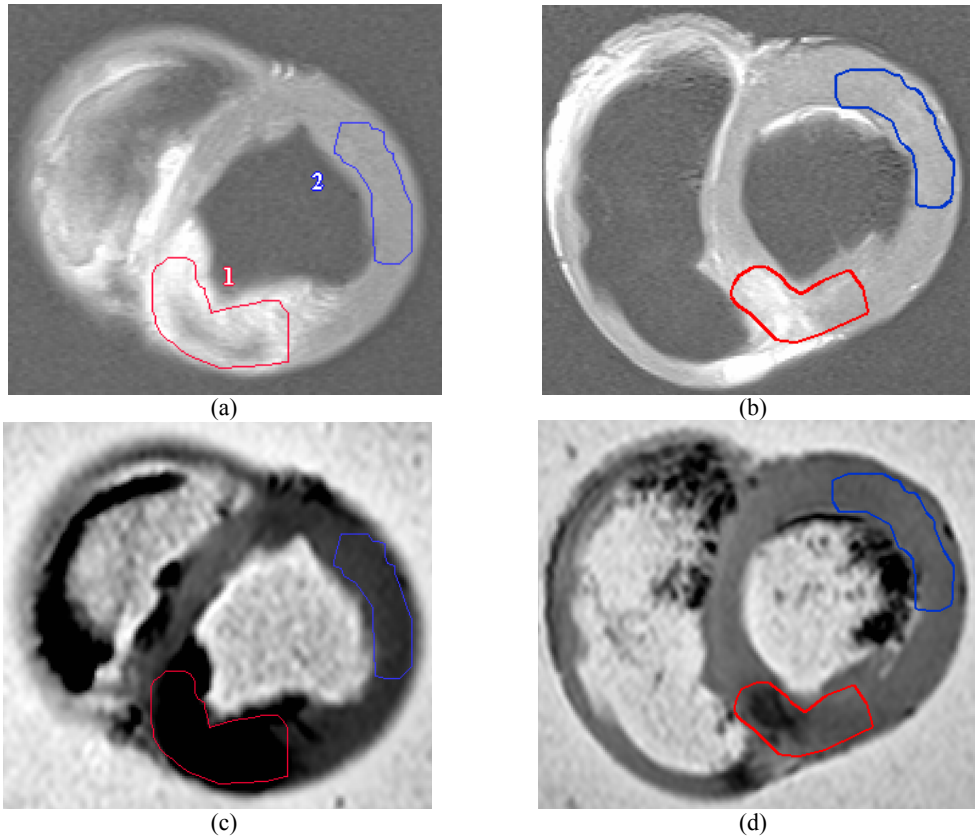
reconstruct the interpolated tensor fields from the interpolated eigenvalues and rotation angles (as detailed in Section 5.2).

6.3. Results and analysis

6.3.1. FA and MD differences between infarction and remote regions

In Fig. 6.1 are shown a T_1 image and a T_2* image with their corresponding FA and MD maps. The left column represents the findings in a damaged slice, while the right column designates a healthy slice in the same porcine heart. The red marked regions are infarction regions, while the blue marked regions are remote regions. The comparison between the infarction and remote regions is performed both in the same slice (damaged or healthy) and between the damaged and healthy slices.

For the damaged slice, in the T_1 image, the infarction region exhibits a much higher intensity than the remote region (Fig. 6.1(a)). On the contrary, for the same damaged slice, in the T_2* image, the intensity in the infarction region is much lower than that in the remote region (Fig. 6.1(c)). As can be remarked in Fig. 6.1(e), the calculated FA values in the infarction region are much smaller than those in the remote region, and the calculated MD values in the infarction region are greater than those in the remote region. For the healthy slice, the T_1 image, the T_2* image, FA and MD maps show relatively smooth and uniform variations inside the whole myocardium, compared with what is observed in the damaged slice. In the healthy slice, in comparison with the remote region, the region corresponding to the infarction region of the damaged slice shows slightly higher intensity in the T_1 image, slightly lower intensity in the T_2* image, slightly lower FA values and slightly higher MD values.



(a) (b)

(c) (d)

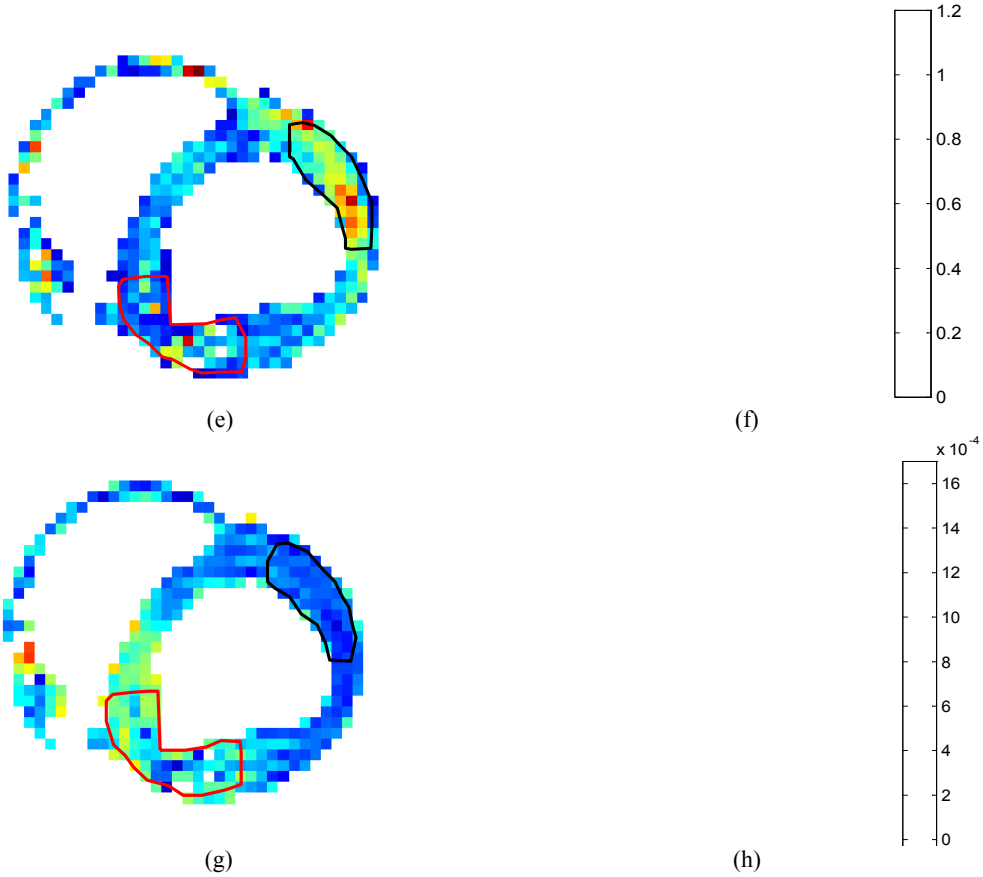


Fig. 6.1 Variation of different parameters in the case of the damaged slice and healthy slice of a same ex-vivo pig heart. (a) and (b): T_1 images. (c) and (d): T2* images. (e) and (f): FA maps. (g) and (h): MD maps. The first column shows the parameter maps of the damaged slice, while the second column indicates these of the healthy slice. Red-marked regions correspond to the infarction region, and the black-marked regions are remote regions.

The quantitative results corresponding to the Fig. 6.1 are shown in Tab. 6.1. It is confirmed that the infarction region is with higher signal intensity in T_1 image of the damaged slice, lower signal intensity in T_2* image of the damaged slice, lower FA values in the FA map of the damaged slice and higher MD values in the MD map of the damaged slice than the remote region in the same damaged slice. However, both in T_1 image and in T_2* image, the infarction region shows a much higher standard deviation than in the remote region, which implies that the signal in the infarction region varies greatly and less regular than in the remote region. Meanwhile, in the healthy slice, the region corresponding to the infarction region in the damaged slice shows a much less difference compared with that in the remote region.

Tab. 6.1 Quantitative comparison of damaged and healthy slices illustrated in Fig. 6.1.

		Infarction region		Remote region	
		Mean	Std	Mean	Std
Damaged slice	T_1	1022.4	128.51	733.00	29.556
	T_2*	154.55	89.516	388.72	15.439
	MD	6.2380e-4	2.5611e-4	3.4510e-4	9.7936e-5
	FA	0.28279	0.19477	0.55608	0.18112
Healthy slice	T_1	913.19	121.11	774.28	37.327
	T_2*	348.64	59.274	403.58	22.131
	MD	4.6875e-4	9.3664e-5	3.9136e-4	7.6649e-5
	FA	0.37509	0.11734	0.41237	0.11795

The mean FA and MD values respectively in infarction and remote regions of different porcine hearts are shown in Fig. 6.2 and Fig. 6.3 respectively. It is observed that FA value decreases significantly and MD value significantly increases in infarction region compared with values in remote regions. In addition, we can see that, in remote region, FA values are bigger than 0.40 regardless of the hearts, and that MD values are smaller than 4.5×10^{-4} m^2/s, and that, in infarction region, FA values are smaller than 0.35 regardless of the hearts, and that MD values are greater than 5.0×10^{-4} m^2/s.

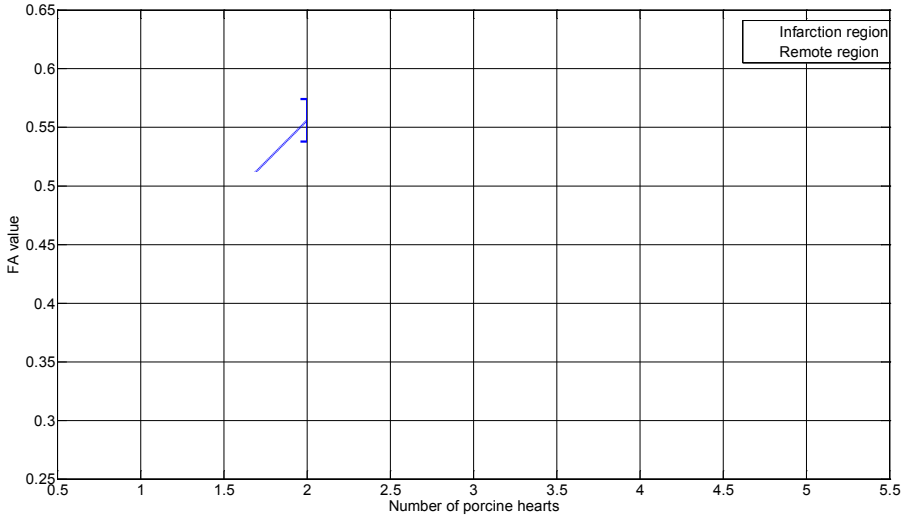


Fig. 6.2 Average FA values in infarction and remote regions in different porcine hearts.

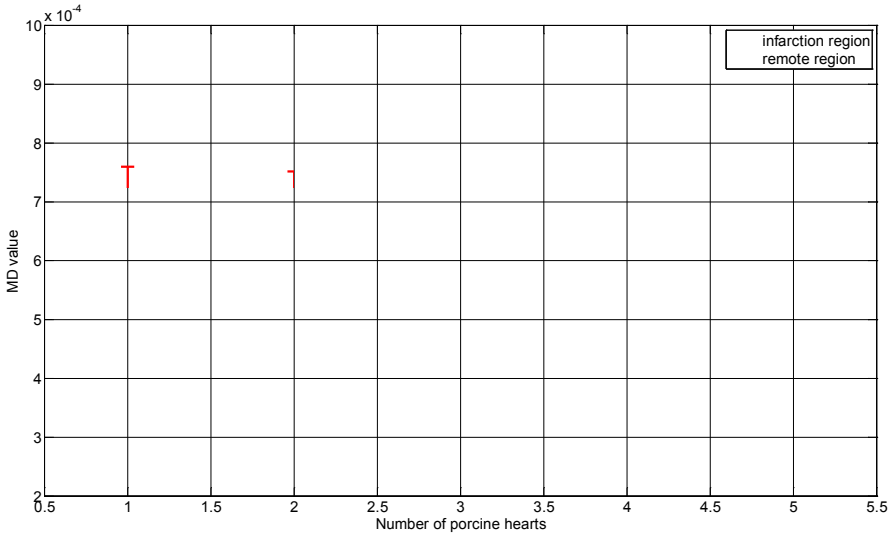


Fig. 6.3 Average MD values in infarction and remote regions in different porcine hearts.

6.3.2. Influence of interpolation methods on FA and MD values in different regions

To illustrate the influence of diffusion tensor interpolation methods on FA and MD values in different regions, we apply four interpolation methods, which are Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean interpolations and our proposed method, to the tensor fields of 15 porcine hearts, and statistically analyze FA and MD variations in both infarction and remote regions.

Figure 6.4 shows the bar chart of FA variations in infarction and remote regions using the four interpolations with factors 2 and 8. The dark blue bars indicate FA information of original tensor fields, while bars with blue, cyan, yellow and red designate respectively FA information of tensor fields after Euclidean, Choleksy, Log-Euclidean and our proposed

interpolations. The left bar set shows FA variations in infarction region and the right column shows MD variations in remote region. The first bar of a same color represents the results from the interpolated tensor fields with factor 2 and the second column with factor 8. It is observed that FA values decrease in both infarction and remote regions after Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean interpolations. In addition, FA values decrease more with factor 8 than those with factor 2. Namely, the bigger the interpolation factor is, the larger FA collapse from the three methods. The original FA values in infarction and remote regions are respectively 0.3359 and 0.4133, but the FA values from the interpolated tensor fields can decrease to 0.3524 due to the FA collapse introduced by the interpolation. In this sense, we cannot judge remote regions using the threshold 0.40 which is observed from the original FA maps. In contrast, FA values from our proposed interpolation are very close to the original FA values in both infarction and remote regions.

Figure 6.5 indicates the bar chart of MD variations in infarction and remote regions using the four interpolations with factors 2 and 8. Compared with the variation of FA values, MD value variations after interpolations are very small and the results from the four methods are rather close. It is observed that in infarction region, the MD values from Euclidean interpolation and our proposed method are the closest to the original one. Cholesky and Log-Euclidean interpolations result in a slight decrease in MD, which can be seen clearly in the remote regions. In infarction region, MD values after interpolation with factor 8 increase a little compared to those with factor 2.

From Fig. 6.4 and Fig. 6.5, we observe that different diffusion tensor interpolation methods have significantly different influence on FA value, but have little different influence on MD value. The experiments with other 5 porcine hearts, with the same acquisition conditions, the same sequence and the same gradient file in order to better observe the influence of different interpolation methods on FA variations in both infarction and remote regions, led to the same results: in all the cases, Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean interpolations yield FA collapse in both infarction and remote regions, and the only difference between them is the degree of the FA collapse. In contrast, the FA curves with our proposed method are rather close to the original FA ones.

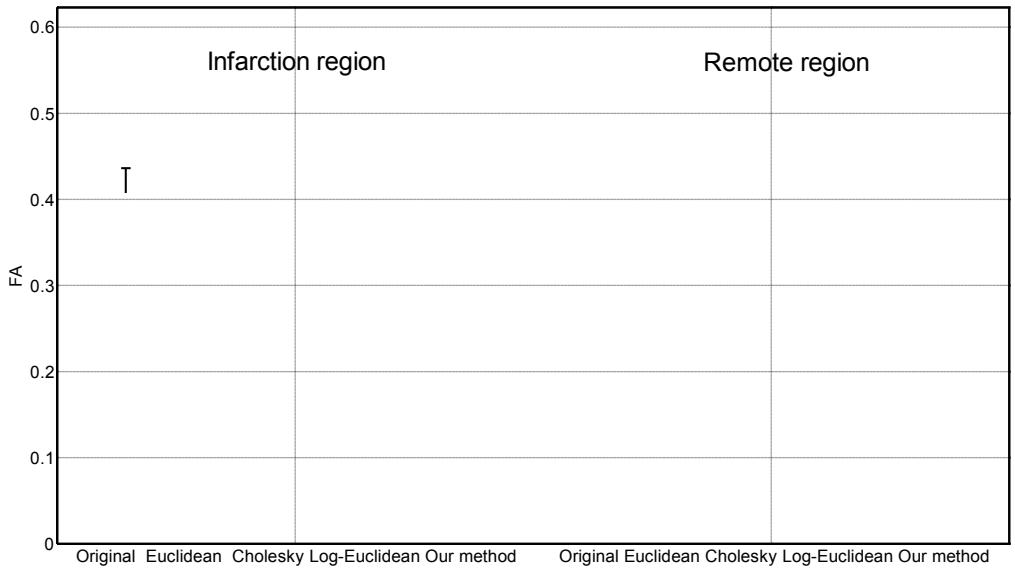


Fig. 6.4 Influence of diffusion tensor interpolations on FA values. The height of the bar stands for the mean FA, and the error line segments along with each bar indicate the lower and upper errors respectively. Colors from dark blue to red represent respectively original, Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean and our proposed interpolations. Each method has two bars which designate interpolation with factor 2 (the first of the two bars having the same color) and factor 8, respectively.

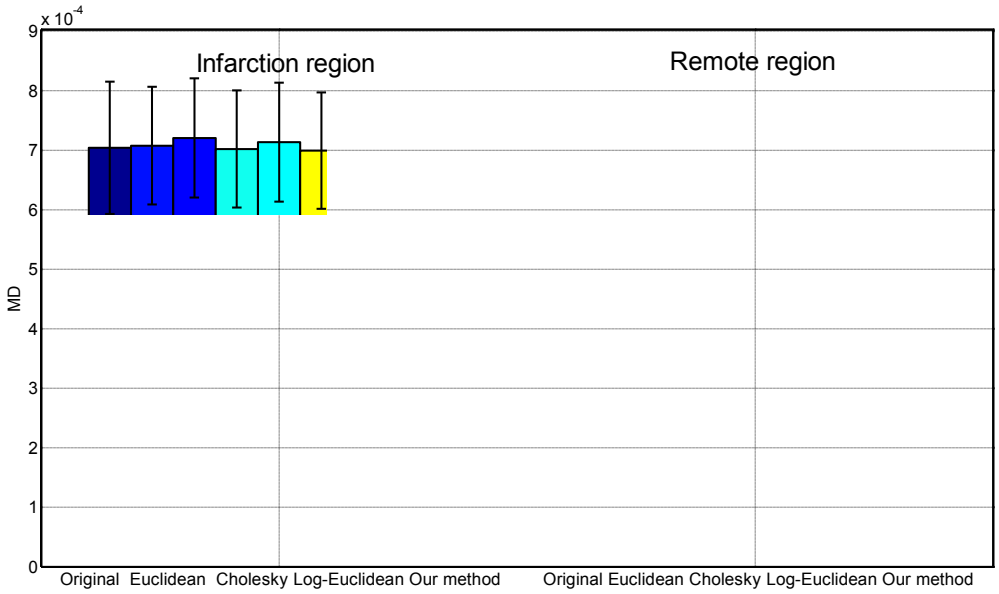


Fig. 6.5 Influence of diffusion tensor interpolation methods on MD values. The height of the bar stands for the mean MD, and the error line segments along with each bar indicate the lower and upper errors respectively. . Colors from dark blue to red represent respectively original, Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean and our proposed interpolations. Each method has two bars which designate interpolation with factor 2 (the first of the two bars having the same color) and factor 8, respectively.

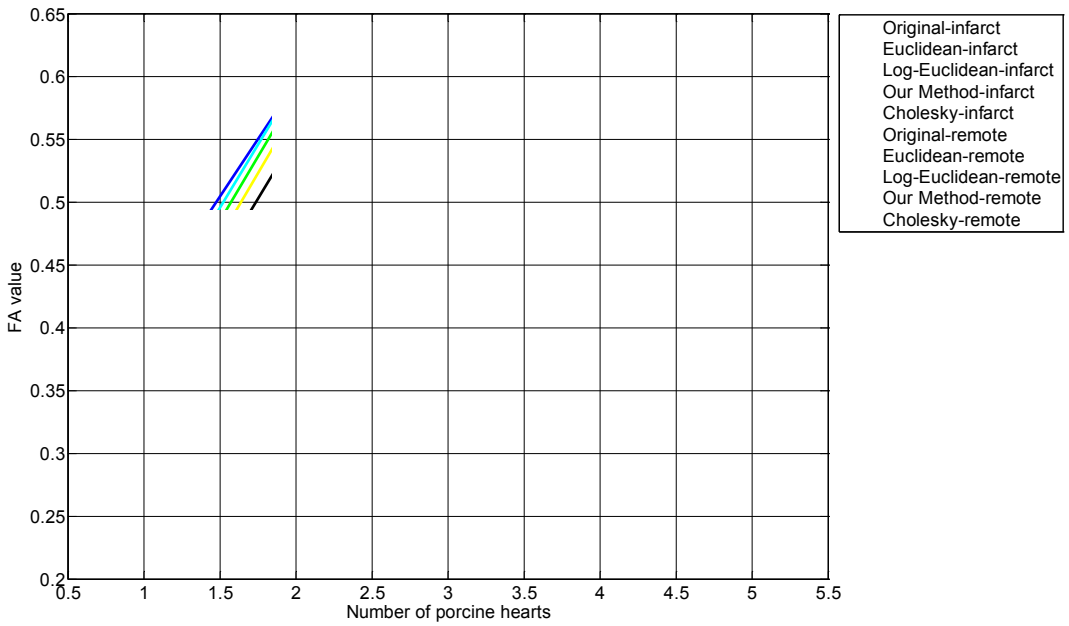


Fig. 6.6 FA variations in different regions using different interpolation methods with factor 8. Curves in blue, black, yellow, green and cyan in the upper curves set represent the remote region FA values of the original tensor fields and tensor fields interpolated by Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean and the proposed methods, respectively. Curves in red, black, yellow, green and cyan in the lower curves set indicate infarction region FA values of the original tensor fields and tensor fields interpolated by Euclidean, Cholesky, Log-Euclidean and the proposed methods, respectively.

6.4. Discussion and conclusions

MD indicates the mean diffusivity of water molecules regardless of the direction, which reflects the redistribution of intracellular and extra cellular space volumes [Le 2003]. In the present study, we found that MD was significantly increased in the infarction region in porcine hearts. This finding is consistent with the findings of DT-MRI study of the rat heart, mouse heart and human heart [Chen 2003, Wu 2006, Wu 2007]. FA, because it measures the variability of water mobility in different directions, is a common index for structure integrity and architectural organization of tissues. In the present study, we found that FA of the infarction region is significantly decreased compared with the remote region. This finding is again in line with the findings from the rat and human hearts. The decrease in FA confirms the conclusion in [Chen 2003, Wu 2006] that there is a negative correlation between degree of anisotropy and microscopic fiber disarray. The decrease in FA related to infarction may be multifactorial such as swollen myocytes, myocardial fibers that are disarrayed in orientation, and an increase in collagen concentration replacing the extracellular matrix after myocardial infarction [Whittaker 1995]. In addition, we found that at 2 hours after acute myocardial infarction, the FA and MD in infarction and remote regions show significant inverse correlation (Fig. 6.1, Fig. 6.2 and Fig. 6.3).

More importantly, we found that existing interpolation methods, such as Euclidean, Cholesky and Log-Euclidean interpolations, can lead to FA collapse in both infarction and remote regions, while all of them generate very close MD results. This may confuse to some extent the infarction and remote regions. Therefore precautions should be taken when using the absolute indices (for example, considering remote regions with FA values bigger than 0.4) to distinguish the infarction and remote regions. In contrast, our proposed method produces the closest result to the original one.

In summary, we used DT-MRI to study porcine hearts after myocardial infarction. The purpose was to investigate the alterations in different regions after myocardial infarction and to get insights into possible influences on DT-MRI indices, namely, the effects of interpolation methods on FA and MD values. It was found that the alterations in tissue integrity of the injured myocardium are region dependent and that diffusion tensor interpolations may cause different degrees of FA collapse but produce very close MD results. In other words, diffusion tensor interpolations have more significant influence on FA than on MD. The results would provide useful information for the DT-MRI study of the human heart, by reporting that interpolation operation may obscure infarction and remote regions in FA. Careful attention should therefore be paid when interpreting DT-MRI characteristics.

PARTIE III

CONCLUSION

Chapitre 7 Conclusion et perspectives

Sommaire

7.1. Contributions.....153
7.2. Perspectives.....155
7.3. Publications de l'auteur.....155

7.1. Contributions

Le thème central de cette thèse était d'améliorer la résolution spatiale des données d'IRM-TD en cardiologie pour mieux représenter la structure des fibres du myocarde et mieux comprendre des fonctions du cœur. Afin d'atteindre cet objectif, les méthodes d'interpolation ont été développées. Plus précisément, l'IRM-TD a été employée sur les cœurs humains normaux et les cœurs porcins après l'infarctus du myocarde.

Cette thèse a d'abord brièvement présenté le contexte de l'anatomie du cœur et des techniques d'imagerie cardiaque, et a ensuite décrit l'état de l'art des méthodes d'interpolation. Basée sur cette étude bibliographique, de nouvelles méthodes d'interpolation au niveau des champs de vecteurs propres et des champs de tenseurs ont été proposées. D'une part, des méthodes d'interpolation pour les champs de vecteurs ont été développées afin de préparer la comparaison entre les données d'IRM-TD et des données d'imagerie en lumière polarisée du cœur humain. D'autre part, des méthodes d'interpolation pour les champs de tenseurs ont été mises en œuvre afin de bien préserver les propriétés du tenseur, qui peuvent être très importantes pour les analyses cliniques.

Nos contributions principales se situent dans les domaines suivants:

- *Nouvelle approche d'interpolation de champs de vecteurs*

  Nous avons proposé une nouvelle approche d'interpolation avec réduction du bruit pour les champs de vecteurs propres principaux issus de l'IRM-TD cardiaque humain. Cette approche consiste d'abord à supprimer les vecteurs corrompus par le bruit au lieu de débruiter de manière uniforme le champ entier de vecteurs, et ensuite à interpoler le champ de vecteurs en utilisant la modèle Thin-Plate-Spline (TPS) afin d'exploiter la corrélation entre les composantes du vecteur. Tout d'abord, une méthode pour interpoler les champs de vecteurs principaux coupe par coupe a été proposée, avec la particularité de réaliser l'interpolation et la réduction du bruit en même temps. Cette méthode consiste à localiser les vecteurs corrompus par le bruit en utilisant les propriétés statistiques locales du champ de vecteurs, à supprimer les vecteurs corrompus par le bruit, à reconstruire ces vecteurs supprimés à l'aide du modèle TPS, et enfin à appliquer l'interpolation TPS globale pour augmenter la résolution spatiale. Ensuite, cette interpolation 2D coupe par coupe a été étendue à la 3D, ce qui signifie que la réduction du bruit et l'interpolation des champs de vecteurs propres principaux sont réalisées en volume local. Il est à noter que les champs de vecteurs propres principaux sont toujours 3D quelles que soient les méthodes 2D ou 3D employées. Dans le cas de la méthode 3D proposée, la localisation des vecteurs corrompus par le bruit, leur suppression, et la reconstruction des vecteurs supprimés se font de manière 3D, et l'interpolation TPS globale est remplacée par le modèle TPS du volume local afin d'économiser le temps de calcul. Enfin, l'interpolation avec réduction du bruit est étudiée en système de coordonnées polaires en vue de tenir compte de l'influence de la forme du cœur. La méthode proposée consiste à convertir

le ventricule sur un espace de coordonnées polaires, à supprimer les vecteurs corrompus par le bruit, et à réaliser simultanément l'interpolation et le débruitage. Les résultats obtenus sur des données d'IRM-TD cardiaque humaine acquises dans des conditions cliniques ont démontré que ces nouvelles méthodes d'interpolation avec réduction du bruit améliorent la cohérence des directions des champs de vecteurs, et la qualité des cartes d'angles d'azimut et d'élévation, et qu'elles produisent des fibres myocardiques plus lisses et plus denses.

- *Nouvelle famille de méthodes d'interpolation pour les champs de tenseurs*
  Nous avons proposé une nouvelle famille de méthodes d'interpolation basées sur les caractéristiques pour interpoler les champs de tenseurs issus de l'IRM-TD cardiaque, en prenant en compte les relations intrinsèques entre les composantes du tenseur. Cette famille de méthodes comprend l'interpolation du tenseur avec les angles d'Euler et celle avec le quaternion. L'idée consiste à représenter un tenseur de diffusion en fonction de deux de ses caractéristiques, les valeurs propres et l'orientation, à interpoler les angles de rotation ou le quaternion par rapport à l'orientation du tenseur et les valeurs propres transformées en logarithmique, et à reconstruire les tenseurs interpolés à partir des valeurs propres interpolées et des angles de rotation ou des quaternions interpolés. Les résultats démontrent que ces méthodes basées sur les caractéristiques du tenseur non seulement maintiennent les avantages de l'interpolation Log-Euclidienne ou Riemannienne avec la préservation des tenseurs symétriques et définis positifs et de la variation monotone du déterminant, mais aussi préservent, en même temps, la variation monotone de la fraction d'anisotropie (FA) et la moyenne de la diffusivité (MD), ce qui n'est pas le cas pour la méthode Euclidienne, Cholesky ou Log-Euclidienne. Les architectures de fibres en trois dimensions obtenues après différentes interpolations ont également été comparées, et les résultats montrent que nos méthodes produisent des fibres plus denses et plus longues que d'autres méthodes. D'autre part, les approches d'interpolation au niveau des images pondérées en diffusion et au niveau des champs de tenseurs ont été comparées pour permettre de conclure à quel niveau faut-il effectuer l'interpolation des données d'IRM-TD cardiaque. Ces approches ont été évaluées en termes de champ de tenseurs, des paramètres du tenseur ainsi que de la tractographie des fibres. Les résultats ont montré que l'interpolation au niveau des champs de tenseurs présente la possibilité potentielle de préserver les propriétés du tenseur de diffusion au cours de l'interpolation, et qu'il est beaucoup plus facile de prédire et donc de contrôler les caractéristiques du tenseur (FA, MD, orientation, etc.) avec l'interpolation au niveau des champs de tenseurs qu'avec celle au niveau des images pondérées en diffusion, ce qui suggère qu'en IRM-TD cardiaque, on devrait privilégier l'interpolation sur les champs de tenseurs.
- *Influence de l'infarctus du myocarde et des méthodes d'interpolation sur FA et MD*
  Nous avons étudié les changements de FA et de MD dans les cœurs porcins après un infarctus du myocarde et les effets sur FA et MD des méthodes d'interpolation du tenseur de diffusion. Il a été constaté à partir des données de 15 cœurs porcins que la zone d'infarctus a montré une diminution significative de FA et une augmentation significative de MD en comparaison avec la zone distante, et que les interpolations du tenseur de diffusion ont eu une influence plus importante sur FA que sur MD. Les résultats montrent également que les méthodes d'interpolation existantes peuvent introduire l'effondrement de l'FA et prendre des résultats très proches de la MD. Ce travail suggère qu'il faut prendre des précautions avec des interpolations du tenseur de diffusion lors de l'utilisation des indices comme la valeur de FA comme critères absolus pour distinguer les infarctus et les régions éloignées, car les méthodes d'interpolation peuvent affecter la valeur de FA en degrés non-négligeables.

7.2. Perspectives

Dans cette thèse, nous avons présenté un grand nombre d'approches d'interpolation aux niveaux différents des données d'IRM-TD. Nous sommes allés dans les fins détails et nous efforçons de développer nos idées le plus profondément que nous le pouvions. Notre travail a donné une bonne préparation pour une validation future de la méthode d'IRM-TD par les résultats obtenus avec l'imagerie en lumière polarisée. Dans le futur, il serait intéressant d'effectuer une validation croisée entre ces deux modalités d'imagerie sur les mêmes cœurs, et de ce fait d'utiliser les méthodes d'interpolation développées dans cette thèse.

Nos nouvelles méthodes d'interpolation du tenseur pourraient également être intégrées dans d'autres traitements des données d'IRM-TD, tels que le recalage, la segmentation, etc. Cela pourrait améliorer ces algorithmes grâce à leur résolution supérieure.

Une autre perspective des méthodes développées dans cette thèse serait d'envisager une autre façon de régulariser le champ de tenseurs via la régularisation des logarithmes des valeurs propres et des angles d'Euler ou du quaternion, calculés à partir des vecteurs propres.

Bien que nos méthodes proposées soient ciblées sur des données d'IRM-TD cardiaque, elles pourraient être appliquées à d'autres données IRM-TD (issues par exemple du cerveau ou des os) et aux champs de tenseurs généraux, tels que le champ de tenseurs des déformations.

7.3. Publications de l'auteur

Revues Internationales avec comité de lecture

- *Feng Yang, Yue-Min Zhu, Stanislas Rapacchi, Jian-Hua Luo, Marc Robini, Pierre Croisille.*
  Interpolation of Vector Fields from Human Cardiac DT-MRI.
  Second round revision, Physics in Medicine and Biology.
- *Feng Yang, Yue-Min Zhu, Isabelle E. Magnin, Pierre Croisille, Peter B. Kingsley.*
  Feature-based interpolation of diffusion tensors in human cardiac DT-MRI.
  Submitted to Medical Image Analysis.

Congrès Internationaux

- *Feng Yang, Xin Song, Stanislas Rapacchi, Laurent Fanton, Pierre Croisille, Yue-Min Zhu.*
  Noise-Reduced TPS Interpolation of Primary Vector Fields for Fiber Tracking in Human Cardiac DT-MRI.
  The 5th international conference FIMH, Nice, France, June 2009, springer LNCS, pp. 78-85.
- *Feng Yang, Yue-Min Zhu, Xin Song, Jian-Hua Luo, Patrick Clarysse.*
  Interpolation of Human Cardiac DT-MRI Data Using Polar Coordinates.
  In: International conference on signal processing (ICSP 2010), Beijing, Chine, October 2010, pp. 678-681.
- *Xin Song, Yue-Min Zhu, Feng Yang, Jian-Hua Luo.*
  Analysis of myocardial fiber structure using DTI.
  In the second international conference on future computer and communication, Shanghai, Chine, September 2010, 4p.
- *Xin Song, Yue-Min Zhu, Feng Yang, Jian-hua Luo.*
  Quantitative study of fiber tracking results in human cardiac DTI.
  In: International conference on signal processing (ICSP'10), Beijing, Chine, October 2010, pp. 724-727.

Congrès Nationaux

- *Feng Yang, Yue-Min Zhu, Xin Song, Stanislas Rapacchi, Pierre Croisille, Marc Robini.*

Interpolation avec réduction du bruit du champ de vecteurs 3D en IRM cardiaque du tenseur de diffusion.
The 22nd image and signal conference GRETSI, Dijon, France, September 2009, 4p.

Bibliographies

[Aldroubi 1999] Aldroubi A and Basser P. Reconstruction of vector and tensofields from sampled discrete data," *In D. Larson and L. Baggett, editors, The Functional and Harmonic Analysis of Wavelets*, volume 247 of Contemporary Mathematics, pp. 1-15, AMS, Providence, 1999.

[Allerton 2009] Allerton D. Principles of Flight Simulation. In Lan Moic, Allan Seabridge and Roy Langton, editors. *Receptor localization*. New York: Wiley; pp. 97-154, 2009.

[Altehoefer 1992] Altehoefer C, Kaiser H J, Dörr R, Feinendegen C, Beilin I, Uebis R et al Fluorine-18 deoxyglucose PET for assessment of viable myocardium in perfusion defects in 99mTc-MIBI SPET: a comparative study in patients with coronary artery disease. *Eur J Nucl Med*, vol. 19, pp. 334–342, 1992;

[Arsigny 2005] Arsigny V, Fillard P, Pennec X, and Ayache N. Fast and Simple Computations on Tensors with Log-Euclidean Metrics. *Research Report 5584* , INRIA, 2005.

[Arsigny 2006] Arsigny V, Fillard P, Pennec X, and Ayache N. Log-Euclidean Metrics for Fast and Simple Calculus on Diffusion Tensors. *Magn. Reson. Med.*, vol. 56, pp. 411–421, 2006.

[Arts 2001] Arts T, Costa K D, Covell J W and McCulloch A D. Relating Myocardial Laminar Architecture to Shear Strain and Muscle Fiber Orientation. *Am J Physiol Heart Circ. Physiol.*, vol. 280, pp. H2222-H2229, 2001.

[Astola 1990] Astola J, Haavisto P and Neuvo Y. Vector Median Filters. In: *Proceeding of the IEEE*, pp. 678--689

[Barazany 2009] Barazany D, Basser P J and Assaf Y. In vivo measurement of axon diameter distribution in the corpus callosum of rat brain. *BRAIN*, vol. 132, pp. 1210-1220, 2009.

[Barmpoutis 2007] Barmpoutis A, Vemuri B C, Shepherd T M and Forder J R. Tensor splines for interpolation and approximation of DT-MRI with applications to segmentation of isolated rat hippocampi. *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 26, pp. 1537–1546, 2007.

[Barr 1992] Barr A H, Currin B, Gabriel S, Hughes J F. Smooth interpolation of orientations with angular velocity constraints using quaternions. *Computer Graphics (SIGGRAPH'92)*, vol. 26, pp. 313-320, 1992.

[Basser 1994a] Basser P J, Mattiello J, and Le Bihan D. MR diffusion tensor spectroscopy and imaging. *Biophys. J.*, vol. 66, pp. 259-267, 1994a.

[Basser 1994b] Basser, P J, Mattiello, J, and Le Bihan, D. Estimation of the effective self-diffusion tensor from the NMR spin echo. *J. Magn. Reson. B*, vol. 103, pp. 247-254, 1994b.

[Basser 2000a] Basser P J and Pajevic S. Statistical Artifacts in Diffusion Tensor MRI (DTMRI) Caused by Background Noise. *Magn Reson Med*, vol. 44, pp. 41-50, 2000.

[Basser 2000b] Basser P J, Pajevic S, Pierpaoli C, Duda J, and Aldroubi A. In vivofiber tractography using DT-MRI data. *Magn. Reson. Med.*, vol. 44, pp. 625–632, 2000.

[Batchelor 2005] Batchelor P G, Moakher M, Atkinson D, Calamante F and Connelly A. A Rigorous Framework for Diffusion Tensor Calculus. *Magn Reson Med*, vol. 53, pp. 221-225, 2005.

[Behrens 2003] Behrens T, Johansen-Berg H, Woolrich M, Smith S, Wheeler-Kingshott C, Boulby P, Barker G, Sillery E, Sheehan K, Ciccarelli O, Thompson A, Brady J, and Matthews P. Non-invasive mapping of connections between human thalamus and cortex using diffusion imaging. *Nat. Neurosci.*, vol. 6, pp. 750-757, 2003.

[Behrens 2003b] Behrens T, Woolrich M, Jenkinson M, Johansen-Berg H, Nunes R G, Clare S, Matthews P, Brady J and Smith S. Characterisation and propagation of uncertainty in diffusion weighted MR imaging. *Magn. Reson. Med.*, vol. 50, pp. 1077–1088, 2003.

[Belahmidi 2004] Belahmidi A and Guichard F. A partial differential equation approach to image zoom. *ICIP*, pp. 649–652, 2004.

[Berensztein 2000] Berensztein C S, Piñeiro D, Marcotegui M, Brunoldi R, Blanco M V and Lerman J. Usefulness of echocardiography and Doppler echocardiography in endomyocardial fi brosis. *J. Am. Soc. Echocardiogr.*, vol. 13, pp. 385–392, 2000.

[Berg 1983] Berg H C. Random Walks in Biology, Princeton University Press, Princeton, NJ, 1983.

[Beuthan 1996] Beuthan J, Minet O, Helfmann J, Herrig M and Muller G. The spatial variation of the refractive index in biological cells. *Phys. Med. Biol.*, vol. 41, pp. 369–382, 1996.

[Bihan 2001] Bihan D L, Mangin J F, Poupon C, Clark C A, Pappata S, Molko N and Chabriat H. Diffusion tensor imaging: concepts and applications. *Magn. Reson. Imaging*, vol. 13, pp. 534–546, 2001.

[Bistoquet 2007] Bistoquet A, Oshinski J and Skrinjar O M. Left Ventricular Deformation Recovery From Cine MRI using an Incompressible Model. *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 26, no. 9, pp. 1136-1153, 2007

[Bistoquet 2008] Bistoquet A, Oshinski J and Skrinjar O M. Myocardial Deformation Recovery from Cine MRI using a Nearly Incompressible Biventricular Model. *Med. Image Anal.*, vol. 12, no. 1, pp. 69-85, 2008

[Block 1946] Block F. Nuclear induction. *Phys. Rev.*, vol. 7 and 8, pp. 460–474, 1946.

[Bookstein 1989] Bookstein F L: Principal Warps. Thin-plate Splines and Decomposition of Deformations. *IEEE Trans. Pattern. Anal.*, vol. 11, pp. 567-585, 1989.

[Borisenko 1979] Borisenko A I and Tarapov I E, Vector and Tensor Analysis With Applications, Dover Publications, Inc., New York, NY, 1979.

[Born 1993] Born M and Wolf E. Principles of optics, 6th edition. Pergamon, Oxford, 1993.

[Burgmans 2009] Burgmans S, Boxtel M P van, Gronenschild E H, Vuurman E F, Hofman P, Uylings H B, Jolles J and Raz N. Multiple indicators of age-related differences in cerebral white matter and the modifying effects of hypertension. *NeuroImage*, vol. 49, pp. 2083-2093, 2009.

[Campbell 2005] Campbell J S, Siddiqi K, Rymar V V, Sadikot A F, and Pike G B. Flowbased fiber tracking with diffusion tensor and q-ball data: Validation and comparison to principal diffusion direction techniques. *NeuroImage*, vol. 27 pp. 725–736, 2005.

[Canny 1986] J. F. Canny. A Computational Approach to Edge Detection. *IEEE Trans. Pattern. Anal.*, Vol. PAMI-8, No. 6, pp. 679-698, 1986

[Castaño-Moraga 2004] Castaño-Moraga C A, Rodríguez-Florido M A, Álvarez L, Westin C-F and Ruiz-Alzola J. Anisotropic Interpolation of DT-MRI. *MICCAI*, vol. 1: 343-350, 2004.

[Canny 1999] Canny A M and van Zijl P C M. Orientation-independent diffusion imaging without tensor diagonalization: Anisotropy definitions based on physical attributes of the diffusion ellipsoid. *J. Magn. Reson. Im.*, vol. 9, pp. 804–813, 1999.

[Cathier 2004] Cathier P and Ayache N. Isotropic Energies, Filters and Splines for Vector Field Regularization. *J. Math. Imaging Vis.*, vol. 20, pp. 251-165, 2004.

[Coulon 2004] Coulon O, Alexander D C and Arridge S R. Diffusion Tensor Magnetic Resonance Image Regularisation. *Med. Image Anal.,* vol. 8, pp. 47-67, 2004.

[Cercignani 2001] Cercignani M, Inglese M, Pagani E, Comi G and Filippi M. Mean diffusivity and fractional anisotropy histograms of patients with multiple sclerosis. *AJNR Am J Neuroradiol,* vol.22*,* pp. 952–*958,* 2001.

[Cerqueira 2002] Cerqueira M D, Weissman N J, Dilsizlan V et al. Standardized myocardial segmentation and nomenclature for tomographic imaging of the heart: a statement for healthcare professionals from the Cardiac Imaging Committee of the Council on Clinical Cardiology of the American Heart Association. *Circulation*, vol. 105, pp. 539-542, 2002.

[Chao 2009] Chao T C, Chou M C, Yang P C, Chung H W and Wu M T. Effects of interpolation methods in spatial normalization of diffusion tensor imaging data on group comparison of fractional anisotropy. *Magn. Reson. Imaging*, vol. 27, no. 5, pp. 681-690, 2009.

[Chandrashekara 2004] Chandrashekara R, Mohiaddin R H and Rueckert D. Analysis of 3-D Myocardial Motion in Tagged MR Images using Nonrigid Image. *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 23, no. 10, pp. 1245-1250, 2004

[Chen 2003] Chen, J, Song S K, Liu W, et al. Remodeling of cardiac fiber structure after infarction in rats quantified with diffusion tensor MRI. *Am. J. Physiol. Heart Circ. Physiol*., vol. 285, No. 3, H946-54, 2003.

[Conturo 1999] Conturo T E, Lori N F, Cull T S, Akbuda E, Snyder A Z, Shimony J S, McKinstry R. C., Burton H., and Raichle A E. Tracking neurofiber pathways in the living human brain. *Neurobiology*, vol. 96, pp. 10422–10427, 1999.

[Costa 2001] Costa K D, Holmes J and McCulloch A D. Modeling Cardiac Mechanical Properties in Three Dimensions. *Phil Trans R. Soc Lond*, vol. A359, pp. 1233-1250, 2001.

[Dam 1998] Dam E B, Koch M and Millholm M. Quaternions, interpolation and animation. University of Copenhagen, *Technical Report,* DIKU-TR-98/5; pp. 40-50, 1998.

[Davis 1997] Davis M H, Khotanzand A, Flaming D P, and Harms S E. A Physics-based Coordinate Transformation for 3-D image Matching. *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 16, pp. 317-328, 1997.

[Duchon 1976] Duchon J. Splines minimizing rotation invariant seminorms in sobolev spaces. *Constructive Theory of Functions of Several Variables*, vol. 1, pp. 85-100, 1976.

[De Campos Vidal 1980] de Campos Vidal B, Mello M L, Caseiro-Filho A C and Godo C. Anisotropic properties of the myelin sheath. *Acta. Histochem.*, vol. 66, pp. 32-39, 1980.

[Erbel 1989] Erbel R, Engberding R, Daniel W et al. Echocardiography indiagnosis of aortic dissection. *LANCET*, vol. 1, pp. 457-461, 1989.

[Fernandez-Teran 1982] Fernandez-Teran M A and Hurle J M. Myocardial fibre architecture of the human heart ventricles. *Anat. Rec.*, vol. 204, pp. 137-47, 1982.

[Fox 1972] Fox C C and Hutchins G M. The architecture of the human ventricular myocardium. *Hopkins Med J,* vol. 130, pp. 289-99, 1972.

[Gasparotti 2009] Gasparotti R, Valsecchi P, Carletti F, Galluzzo A, Liserre R, Cesana B and Sacchetti E. Reduced fractional anisotropy of corpus callosum in first-contact, antipsychotic drug-naive patients with schizophrenia. *Schizophrenia Research,* vol. 108, pp. 41–48, 2009.

[Grant 1965] Grant R P. Notes on the muscular architecture of the left ventricle. *Circulation,* vol. 32, pp. 301-308, 1965

[Greenbaum 1981] Greenbaum R A, Ho S Y, Gibson D G, Becker A E and Anderson R H. Left ventricular fibre architecture in man. *Br Heart J ,* vol. 45, pp. 248-63, 1981.

[Guichard 1998] Guichard F and Malgouyres F. Total variation based interpolation. *In Proc. EUSIPCO*, vol. 3, pp. 1741–1744, 1998.

[Hamilton 1844] Hamilton W R. On a new species of imaginary quantities connected with a theory of quaternions. *Proc. R. Irish. Acad.,* vol. 2, pp. 424-434, 1844.

[Haskell 1989] Haskell R C, Carlson F D and Blank P S. Form birefringence of muscle. *Biophys. J*., vol. 56, pp. 401–413, 1989.

[Holmes 2000] Holmes A, Scollan D and Winslow R L. Direct histological validation of diffusion tensor MRI in formaldehyde-fixed myocardium. *Magn. Reson. Med.,* vol. 44, pp. 157-161, 2000.

[Hooks 2007] Hooks DA, Trew ML, Caldwell BJ, Sands GB, LeGrice IJ and Smaill BH. Laminar Arrangement of Ventricular Myocytes In□uences Electrical Behavior of the Heart. *Circ. Res.*, vol. 101, no. 10, pages103-112, 2007. 15, 65.

[Hort 1971] Hort W. Quantitative morphology and structural dynamics of the myocardium. *Methods Achiev. Exp. Pathol.*, vol. 5, pp. 3-21, 1971.

[Hotz 2009] Hotz I, Sreevalsan Nair J and Hamann B. Tensor Field Reconstruction Based on Eigenvector and Eigenvalue Interpolation. *In: Hagen, H., ed., Scientific Visualization: Challenges for the Future*, IEEE Computer Society Press, Los Alamitos, California, 2009.

[Hsu 1998] Hsu, E.W., A.L. Muzikant, S.A. Matulevicius, R.C. Penland, and C.S. Henriquez. Magnetic resonance myocardial fiber-orientation mapping with

direct histological correlation. *Am. J. Physiol.,* vol. 274(5 Pt 2), pp. H1627-34, 1998.

[Humphrey 2002] Humphrey J D. Cardiovascular solid mechanics. *Springer*, 2002.

[Hunter 1996] Hunter P J, Smaill B H, Nielsen P M F et al. Mathematical model of the cardiac anatomy. *Computational biology of the heart*, New York: John Wiley; chapter 6, 1996.

[Ingels 1997] Ingels N B Jr. Myocardial fiber architecture and left ventricular function. *Technol. Health Care*., vol. 5, pp. 45-52, 1997.

[Jouk 1994] Jouk P S. Etude de la topographie des cellules myocardiques au cours du développement embryonnaire et fœtal. *Thèse de biologie de l'Université Joseph Fourier*, Grenoble, 1994.

[Jouk 1995] Jouk P S, Usson Y, Michalowicz G and Parazza F. Methods for the study of the three-dimensional orientation of myocardial cells by means of polarized light microscopy. *Microscopy Res. Tech.*, vol. 30, pp. 480-490, 1995.

[Jouk 2000] Jouk P S, Usson Y, Michalowicz G and Grossi L. Three-dimensional cartography of the pattern of the myocardial fibres in the second trimester fetal human heart, *Anat. Embryol.*, vol. 202, pp. 103-118, 2000.

[Jouk 2007] Jouk P S, Mourad A, Milisic V, Michalowicz G, Raoult A, Caillerie D and Usson Y. Analysis of the fiber architecture of the heart by quantitative polarized light microscopy: Accuracy, limitations and contribution to the study of the fibre architecture of the ventricles during fetal and neonatal life. *Eur. J. Cardio-Thorac. Surg.,* vol. 31, pp. 915-921, 2007.

[Kannel 1984] Kannel W B and Abbott R D. Incidence and prognosis of unrecognized myocardial infarction. An update on the Framingham study. *N. Engl. J. Med.,* vol. 311, pp. 1144-7, 1984.

[Kim 2004] Kim K H, Ronne I, Formisano E, Goebel R, Ugurbil K and Kim D S. Robust Fiber Tracking Method by Vector Selection Criterion in Diffusion Tensor Images. In: IEEE Engineering in Medicine and Biology Society, 1080-1083, 2004.

[Kindlmann 2007a] Kindlmann G, Estepar R S J, Niethammer M, Haker S and Westin C-F. Geodesic-Loxodromes for Diffusion Tensor Interpolation and Difference Measurement. *In 10th International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI'07),* Brisbane, Australia, Lecture Notes in Computer Science, pp. 1-9, 2007.

[Kindlmann 2007b] Kindlmann G, Ennis D B, Whitaker R T and Westin C-F. Diffusion tensor analysis with invariant gradients and rotation tangents. *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 26, No. 11, pp. 1483-1499, 2007.

[Kingsley 2006a] Kingsley P B. Introduction to Diffusion Tensor Imaging Mathematics: Part I. Tensors, rotations, and eigenvalues. *Concepts Magn. Reson.*, vol. 28A, pp. 101-123, 2006.

[Kingsley 2006b] Kingsley P B. Introduction to Diffusion Tensor Imaging Mathematics: Part III. Tensors, rotations, and eigenvalues. *Concept. Magnetic Res.*, vol. 28A, pp. 101-123, 2006.

[Krehl 1891] Krehl L. Beitrage zur Kenntniss der Füllung und Entleerung des Herzens. *Abh. Math Phys. Kl Saechs Akad. Wiss.*, vol. 17, pp. 341-62, 1891.

[Lai 2005] Lai J C, Li Z H, Wang C Y and He A Z. Experimental measurement of the refractive index of biological tissue's by total internal reflection. *Appl. Opt.*, vol. 44, pp.1845–1849, 2005.

[Turner 2000] Turner A, Chapman D and Penn A. Sketching space. *Comput. Graph.*, vol. 24, pp. 869–879, 2000.

[Lauterbur 1973] Lauterbur P C. Image formation by induced local interactions: Examples employing nuclear magnetic resonance. *Nature*, vol. 242, pp. 190–191, 1973.

[Lavalle 2006] Lavalle S M. Planning Algorithms. *Cambridge university press*. pp. 96-100, 2006.

[Lawson 1974] Lawson C L. Solving Least Squares Problems. Prentice-Hall, Inc., *Englewood Cliffs*, NJ, 1974.

[Le 2003] Le B D. Looking into the functional architecture of the brain with diffusion MRI. *Nat. Rev. Neurosci.*, vol. 4, pp. 469–480, 2003.

[Leal 2006] Leal J, Luengo-Fernandez R, Gray A, Petersen S and Rayner M. Economic burden of cardiovascular diseases in the enlarged European union. *Eur. Heart J.*, pp. 1610–1619, 2006.

[Le Bihan 1991] Le Bihan D. Diffusion MNR imaging. *Magn. Reson. Q*, vol. 7, pp. 1-30, 1991.

[Le Bihan 2003] Le Bihan D. Looking into the functional architecture of the brain with diffusion MRI. Nature Reviews. *Neuroscience*, 4(6):469–480, 2003.

[LeGrice 1995] LeGrice I J, Smaill B H, Chai L Z, Edgar S G, Gavin J B and Hunter P J. Laminar structure of the heart: ventricular myocyte arrangement and connective tissue architecture in the dog. *Am. J. Physiol*., vol. 269, pp. H571-82, 1995.

[Lehmann 1999] Lehmann T M, Gonner C, Spitzer K. Survey: interpolation methods in medical image processing. *IEEE Trans. Med. Imag.*, 1999; 18: 1049–1075.

[Lev 1956] Lev M, Simkins C S. Architecture of the human ventricular myocardium. Technique for study using a modification of the Mall-MacCallum method. *Lab. Invest*., vol. 5, pp. 396-409, 1956.

[Li 2009] Li W, Lu M, Banerjee S, Zhong J, Ye A, Molter J, and Yu X. Ex vivo diffusion tensor MRI reflects microscopic structural remodeling associated with aging and disease progression in normal and cardiomyopathic Syrian hamsters. *NMR Biomed*., vol. 22, pp. 819-825, 2009.

[Malgouyres 2001] Malgouyres F, Guichard F. Edge direction preserving image zooming: a mathematical and numerical analysis. *SIAM J. Num. Anal*., vol. 39, pp. 1–37, 2001.

[Mangin 2003] Mangin J F, Poupon C, Clark C, Le Bihan D and Bloch I. Distortion correction and robust tensor estimation for mr diffusion imaging. *Med. Image Anal.*, vol. 6, pp. 191–198, 2003.

[Masutani 2003] Masutani Y, Aoki S, Abe O, Hayashi N and Otomo K. MR diffusion tensor imaging: recent advance and new techniques for diffusion tensor visualization. *Eur. J. Radiol*., vol. 46, pp. 53–66, 2003.

[Mall 1911] Mall FP. On the muscular architecture of the ventricles of the human heart. *Am. J. Anat*., vol. 11, 211-66, 1911.

[Merino-Caviedes 2008] Merino-Caviedes S and Martin-Fernandez M. A general interpolation method for symmetric second-rank tensors in two dimensions. *In: the 5th IEEE Int. symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, Paris, pp. 931-934, May 2008.

[Mishra 2006] Mishra A, Lu Y G, Meng J J, Anderson A W and Ding Z H. Unified framework for anisotropic interpolation and smoothing of diffusion tensor images. *NeuroImage*, vol. 31, No. 4, pp. 1525-1535, 2006.

[Moakher 2005] Moakher M and Batchelor P G. Symmetric positive definite matrices: From geometry to applications and visualization. *In J. Weickart and H. Hagen, editors, Visualization and Image Processing of Tensor Fields,* Springer, 2005.

[Mori 1999] Mori S, Crain B, Chacko V, and van Zijl P. Three dimensional tracking of axonal projections in the brain by magnetic resonance imaging. *Ann. Neurol.*, vol. 45, pp. 265–269, 1999.

[Moseley 1990] Moseley M E, Cohen Y, Mintorovitch J, Kucharczyk J and Weinstein P R. Early Detection of Regional Cerebral Ischemia: Comparison of Diffusion and T2-weighted MRI and Spectroscopy, *Magn. Reson. Med*., vol. 14, pp. 330-336, 1990.

[Nichols 1995] Nichols K J, Galt J R. Quality control for SPECT imaging. In: De Puey E G, Berman D S, García EV (edrs) *Cardiac SPECT Imaging*. Raven, New York, 24–47, 1995.

[Ohnesorge 2003] Ohnesorge B M, Becker C R, Flohr T G and Reiser M F. Multislice CT in Cardiac Imaging. *Eur. J. Radiol*., vol. 47, no. 2, pp. 174, 2003.

[Osman 1999] Osman N F, Kerwin W S, McVeigh E R and Prince J L. Cardiac Motion Tracking using CINE Harmonic Phase (HARP). *Magn. Reson. Imaging*, vol. 42, no. 6, pp. 1048-1060, 1999.

[Pajevic 1999] Pajevic S and Pierpaoli C. Color schemes to represent the orientation of anisotropic tissues from diffusion tensor data: application to white matter

fiber tract mapping in the human brain. *Magn. Reson. Med.*, vol. 42, pp. 526–540, 1999.

[Parker 2002] Parker G J, Wheeler-Kingshott C A and Barker G J. Estimating distributed anatomical connectivity using fast marching methods and diffusion tensor imaging. *IEEE Trans. Med. Imaging*, vol. 21, pp. 505–512, 2002.

[Pennec 2006] Pennec X, Fillard P and Ayache N. A Riemannian Framework for Tensor Computing. *International Journal of Computer Vision*, vol. 66, pp. 41–66, 2006.

[Perona 1990] Perona P and Malik J. Scale space and edge detection using anisotropic diffusion. *IEEE -PAMI*, vol. 12, pp. 629–639, 1990.

[Pierpaoli 1996] Pierpaoli C, Jezzard P, Basser P J, Barnett A and Chiro G D. Diffusion tensor MR imaging of the human brain. *Radiology*, vol. 201, pp. 637, 1996.

[Prokop 2003] Prokop M, Galanski M, Schaefer-Prokop C, von der Molen A J and Telger T C. Spiral and Multislice Computed Tomography of the Body. *Thieme Publishing Group*, 22, 2003.

[Purcell 1946] Purcell E M, Torrey H C, and Pound R V. Resonance absorption by nuclear magnetic moments in a solid. *Phys. Rev.*, vol. 69, pp. 37–38, 1946.

[Rijcken 1997] Rijcken J, Bovendeerd P H, Schoofs A J, van Campen D H, and Arts T. Optimization of cardiac fiber orientation for homogeneous fiber strain at beginning of ejection. *J. Biomech*., vol. 30, No. 10, 1041-9, 1997.

[Rijcken 1999] Rijcken J, Bovendeerd P H, Schoofs A J, van Campen D H, and Arts T. Optimization of cardiac fiber orientation for homogeneous fiber strain during ejection. *Ann. Biomed. Eng*., vol. 27, No. 3, pp. 289-97, 1999.

[Robb 1942] Robb J S and Robb R C. The normal heart - anatomy and physiology of the structural units. *Am. Heart J*., vol. 23, pp. 455-67, 1942.

[Roberts 1979] Roberts D E, Hersh L T and Scher A M. Influence of cardiac fiber orientationon wavefront voltage, conduction velocity, and tissue resistivity in the dog. *Circ. Res*., vol. 44, pp. 701–712, 1979.

[Robertsa 2005] Robertsa Tim P L, Liu F, Kassnera A, Morib S and Guhaa A. Fiber Density Index Correlates with Reduced Fractional Anisotropy in White Matter of Patients with Glioblastoma. *Am. J. Neuroradiol.*, vol. 26, pp. 2183-2186, 2005.

[Rodriguez-Florido 2004] Rodriguez-Florido M A, Westin C-F and Ruiz-Alzola J. DT-MRI regularization using anisotropic tensor field filtering. *IEEE Int. Symp. Biomedical Imaging*, April, Arlington,VA (USA), 336–339, 2004.

[Roussos 2007] Roussos A and Maragos P. Vector-Valued Image Interpolation by an Anisotropic Diffusion-Projection PDE. *SSVM, LNCS 4485*, pp. 104–115, 2007.

[Rushmer 1953] Rushmer R F, Crystal D K and Wagner C. The functional anatomy of ventricular contraction. *Circ. Res*., 1: 162-70, 1953.

[Sallin 1969] Sallin E A. Fiber orientation and ejection fraction in the human left ventricle. *Biophys. J*., vol. 9, No. 7, pp. 954-64, 1969.

[Sanz 1982] Sanz G, Castaner A, Betriu A, et al. Determinants of prognosis in survivors of myocardial infarction: a prospective clinical angiographic study. *N. Engl. J. Med.*, vol. 306, pp. 1065-70, 1982.

[Sanchez-Quintana 1990] Sanchez-Quintana D, Garcia-Martinez V, Hurle J M. Myocardialfibre architecture in the human heart. *Anat. Rec*., vol. 217, 263-73, 1990.

[Scollan 2000] Scollan D F, Holmes A, Zhang J and Winslow R L. Reconstruction of cardiac ventricular geometry and fiber orientation using magnetic resonance imaging. *Ann. Biomed. Eng*., vol. 28, pp. 934-944, 2000.

[Schlang 1997] Schlaug G, Siewert B, Benfield A, Edelman R R and Warach S. Time course of the apparent diffusion coefficient (ADC) abnormality in human stroke. *Neurology*, vol. 49, No. 1, pp. 113–119, 1997.

[Schmid 2005] Schmid P, Jaermann T, Boesiger P, Niederer P F, Lunkenheimer P P, Cryer C W and Anderson R H. Ventricular myocardial architecture as visualised in postmortem swine hearts using magnetic resonance diffusion tensor imaging. *Eur. J. Cardiothorac. Surg*., vol. 27, pp. 468-72, 2005.

[Shoemake 1985] Shoemake K. Animating rotation with quaternion curves. *Computer Graphics*, vol. 19 No. 3, pp. 245-254, 1985.

[Siciliano 2009] Siciliano B, Sciavicco L, Villani L and Oriolo G. Robotics modelling, planning and controls. *Receptor localization*, London: Springer, pp. 39-100, 2009.

[Sosnovik 2009a] Sosnovik D E, Wang R, Dai G, Wang T, Aikawa E, Novikov M, Rosenzweig A, Gilbert R J and Wedeen V J. Diffusion Spectrum MRI Tractography Reveals the Presence of a Complex Network of Residual Myofibers in Infarcted Myocardium. *Circ. Cardiovasc. Imaging,* vol. 2, pp. 206-212, 2009.

[Sosnovik 2009b] Sosnovik D E, Wang R, Dai G, Reese T G and Wedeen V J. Diffusion MR tractography of the heart. *J Cardiovasc. Magn. Reson.,* vol. 11, pp. 47, 2009.

[Sprengle 1996] Sprengel R, Rohr K, Stiehl H S. Thin-plate Spline Approximation for Image Registration. In: *Engineering in Medicine and Biology Society, Bridging Disciplines for Biomedicine. Proceedings of the 18th Annual International*, pp. 1190-1191, 1996.

[Stejskal 1965] Stejskal E O and Tanner J E. Spin diffusion measurements: Spin echoes in the presence of a time-dependent field gradient. *J. Chem. Phys.*, vol. 42, pp. 288–292, 1965.

[Streeter 1969] Streeter D D Jr, Spotnitz H M, Patel D P, Ross J Jr and Sonnenblick E H. Fiber orientation in the canine left ventricle during diastole and systole. *Circ Res*., vol. 24, No. 3, pp. 339-47, 1969.

[Streeter 1979] Streeter D D Jr. Gross morphology and fibre geometry of the heart. In: Berne RM, Sperelakis N, Geiger SR, editors. Handbook of physiology. *The cardiovascular system*, Baltimore: Williams & Wilkins; pp.61-112, 1979.

[Strijkers 2007] Strijkers G J, Bouts A, Heijman E, Blankesteijn M, Peeters T H, Vilanova A and Nicolay K. Diffusion tensor imaging of left ventricular remodeling in response to myocardial infarction in the mouse. *Proc. Intl. Soc. Mag. Reson. Med.,* vol. 15, pp. 818, 2007.

[Taccardi 1994] Taccardi B, Lux R L, Macchi E, and Ershler P R. Effect of myocardial fiber direction on epicardial potentials. *Circulation*, vol. 90, pp. 3076–3090, 1994.

[Tomioka 2006] Tomioka H, Liakopoulos O J, Buckberg G D, Hristov N, Tan Z and Trummer G. The effect of ventricular sequential contraction on helical heart during pacing: high septal pacing versus biventricular pacing. *Eur. J. Cardiothorac. Surg*., vol. 29(Supplement 1), pp. S198-S206, 2006.

[Torrent-Guasp 1975] Torrent-Guasp F. Organizacion de la musculatura cardiaca ventricular. In: Zarco P, Perez J, editors. *El Fallo mecanico del Corazon*. Barcelona: Ediciones Toray, pp. 3-36, 1975.

[Torrent-Guasp 2001] Torrent-Guasp F, Ballester M, Buckberg G D, Carreras F, Flotats A, Carrio I, Ferreira A, Samuels L E and Narula J. Spatial orientation of the ventricular muscle band: physiologic contribution and surgical implications. *J. Thorac. Cardiovasc. Surg*., vol. 122, No. 2, pp. 389-92, 200.

[Tschumperlé 2003] Tschumperlé D and Deriche R. Vector-valued Image Regularization with PDE's: A Common Framework for Different Applications. In: *IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR),* pp. 651-656, 2003.

[Tschumperlé 2005] Tschumperlé D, Deriche R. Vector-valued image regularization with PDE's: A common framework for different applications. *IEEE -PAMI*, vol. 27, No. 4, pp. 506–517, 2005.

[Tseng 2000] Tseng W Y, Reese T G, Weisskoff R M, Brady T J and Wedeen V J. Myocardial fiber shortening in humans: initial results of MR imaging. *Radiology*, vol. 216, No. 1, pp. 128-39, 2000.

[Tseng 2006] Tseng W Y, Dou J, Reese T G and Wedeen V J. Imaging myocardial fiber disarray and intramural strain hypokinesis in hypertrophic cardiomyopathy with MRI. *J. Magn. Reson. Imaging*, vol. 23, No. 1, pp. 1-82006.

[Tuch 2002] Tuch D S. Diffusion MRI of Complex Tissue Structure. *Ph.D. thesis, Massachusetts Institute of Technology*, 2002.

[Usson 1994] Usson Y, Parazza F, Jouk P S and Michalowicz G. Method for the study of the three-dimensional orientation of myocardial cells by means of confocal scanning laser microscopy. *J. Microsc*., vol. 174, pp. 101-10, 1994.

[Van Der Toorn 2002] Van Der Toorn A, Barenbrug P, Snoep G, et al. Transmural gradients of cardiac myofiber shortening in aortic valve stenosis patients using MRI

tagging. *Am. J. Physiol. Heart Circ. Physiol*., vol. 283, No. 4, pp. H1609-15, 2002.

[Viero 1994] Viero T, Oistamo K, and Neuvo Y. Three-dimensional Median-Related Filters for Color Image Sequence Filtering. *IEEE Trans. Circuits Syst. Video Technol.*, vol. 15, pp. 129-142, 1994.

[Virta 1999] Virta A, Barnett A and Pierpaoli C. Visualizing and characterizing white matter fiber structure and architecture in the human pyramidal tract using diffusion tensor MRI. *Magn. Reson. Imaging*, vol. 17, pp. 1121–1133, 1999.

[Ward 2006] Ward P, Counsell S, Allsop J, Cowan F, Shen Y, Edwards D and Rutherford M. Reduced fractional anisotropy on diffusion tensor magnetic resonance imaging after hypoxic-ischemic encephalopathy. *Pediatrics*, vol. 117, pp. 619–630, 2006.

[Wang 2004] Wang Z, Vemuri B, Chen Y and Mareci T. A constrained variational principle for direct estimation and smoothing of the diffusion tensor field from complex DWI. *IEEE Trans. Med. Imag.,* vol. 23, No. 8, pp. 930-939, 2004.

[Webb 2003] Webb A. Introduction to Biomedical Imaging, *John Wiley and Sons, Inc., Hoboken*, NJ, 2003.

[Weickert 2006] Weickert J and Welk M. Tensor field interpolation with PDEs. *In Visualization and Processing of Tensor Fields*, Springer, pp. 315–325, 2006.

[Weisstein 1999] Weisstein W E. Euler Angles. *From MathWorld-A Wolfram Web Resource,* Available. http://mathworld.wolfram.com/EulerAngles.html, 1999.

[Westenberg 2004] Westenberg M A and Ertl T. Vector wavelet thresholding for vector field denoising. *IEEE Visualization Posters Compendium*, pp. 123-124, 2004

[Westenberg 2005] Westenberg M A and Ertl T. Denoising 2-D Vector Fields by Vector Wavelet Thresholding. *Journal of WSCG*, vol. 13, pp. 33-40, 2005

[Westin 1997] Westin C F, Peled S, Gudbjartsson H, Kikinis R and. Jolesz F A. Geometrical diffusion measures for MRI from tensor basis analysis. In *ISMRM 97*, Vancouver, Canada, 1997.

[Westin 1999] Westin C F, Maier S E, Khidhir B, Everett P, Jolesz F A and Kikinis R. Image processing for diffusion tensor magnetic resonance imaging. In MICCAI, LNCS, pp. 441–452, September1999.

[Westin 2002] Westin C F, Maier S E, Mamata H, Nabavi A, Jolesz F A and Kikinis R. Processing and visualization for diffusion tensor MRI. *Med. Image Anal*., vol. 6, 93–108, 2002.

[Whittaker 1995] Whittaker P. Wound healing after myocardial infarction. In: Armonk KTW, ed. *Wound Healing in Cardiovascular Disease*. New York. NY: Futura, pp. 33-48, 1995.

[WHO 2005] World Health Organization. Preventing chronic disease: a vital investment. Geneva, 2005.

[Wu 2006] Wu M T and Tseng W Y. Diffusion tensor magnetic resonance imaging mapping the fibre architecture remodeling in human myocardium after infarction. *Circulation*, vol. 114, pp. 1036-45, 2005.

[Wu 2007] Wu E X, Wu Y, Nicholls J M, Wang J, Liao S, Zhu S, Lau C P, Tse H F. MR Diffusion Tensor Imaging Study of Postinfarct Myocardium Structural Remodeling in a Porcine Model. *Magn. Reson. Med.*, vol. 58, pp. 687-695, 2007.

[Xia 1996] Xia X G and Suter B W. Vector-valued wavelets and vectofilter banks *IEEE Trans. Signal Process.*, vol. 44, pp. 508–518, 1996.

[Yoruk 2005] Yoruk E and Acar B. Structure Preserving Regularization of DT-MRI Vector Fields by Nonlinear Anisotropic Diffusion Filtering In *Proceedings of European Signal Processing Conference (EUSIPCO)*, Antalya, Turkey, 2005.

[Zhao 2005] Zhao X, Wang M S, Gao W and Liu H Y. White Matter Fiber Tracking Method by Vector Interpolation with Diffusion Tensor Imaging Data in Human Brain In: *IEEE Eng. Me. Biol. Mag.*, China, 2005.

FOLIO ADMINISTRATIF

THESE SOUTENUE DEVANT L'INSTITUT NATIONAL DES SCIENCES APPLIQUEES DE LYON

NOM : YANG **DATE de SOUTENANCE** : 15 Janvier 2011
Prénoms : Feng

TITRE : Interpolation des données en imagerie cardiaque par résonance magnétique du tenseur de diffusion

NATURE : Doctorat **Numéro d'ordre** : 2011-ISAL-0007

Ecole doctorale : Ecole Doctorale Electronique, Electrotechnique, Automatique

Spécialité : Image et System

Cote B.I.U. - Lyon : **CLASSE** :

Résumé : L'un des problèmes fondamentaux de l'imagerie cardiaque par résonance magnétique du tenseur de diffusion (IRM-TD) est sa faible résolution spatiale, à cause des limitations matérielles des scanners IRM actuels. L'objectif principal de ce travail de thèse est de développer de nouvelles approches pour améliorer la résolution des données d'IRM-TD afin de mieux représenter l'architecture myocardique du cœur humain et de la comparer avec des résultats issus d'autres techniques d'investigation telles que l'imagerie par lumière polarisée.

Dans ce cadre, le travail porte sur trois parties principales. La première concerne le développement d'une nouvelle approche pour l'interpolation des champs de vecteurs propres principaux issus de l'IRM-TD cardiaque humaine. Cette approche consiste d'abord à supprimer les vecteurs corrompus par le bruit au lieu de débruiter de manière uniforme le champ entier de vecteurs, et ensuite à interpoler le champ de vecteurs en utilisant la modèle Thin-Plate-Spline (TPS) afin d'exploiter la corrélation entre les composantes du vecteur. La deuxième partie concerne une nouvelle famille de méthodes d'interpolation pour les champs de tenseurs, basée soit sur les angles d'Euler soit sur le quaternion. Ces méthodes exploitent les caractéristiques du tenseur et préservent les paramètres de tenseurs, tels que le déterminant du tenseur, l'anisotropie fractionnelle (FA) et la diffusivité moyenne (l'MD). En outre, cette partie compare les principales approches d'interpolation au niveau des images pondérées en diffusion et des champs de tenseurs, et les résultats montrent qu'il serait préférable d'effectuer l'interpolation des données d'IRM-TD au niveau des champs de tenseurs. La troisième partie étudie le changement des paramètres MD et FA après un infarctus du myocarde chez les cochons, et l'influence des méthodes d'interpolation sur ces paramètres dans la zone infarctus et la zone distante. Les résultats montrent que la zone infarctus présente une diminution significative de FA et une augmentation significative de MD, comparée avec la zone distante, et que les méthodes d'interpolations du tenseur ont plus d'influence sur FA que sur MD, ce qui suggère que l'interprétation de ces paramètres cliniques après l'interpolation doive être prise avec précaution.

MOTS-CLES: IRM du tenseur de diffusion; Imagerie cardiaque; Interpolation des champs de vecteurs; Débruitage; Interpolation des champs de tenseurs; Tractographie; Anisotrope fractionnelle; diffusivité moyenne; infarctus.

Laboratoire (s) de recherche :
CREATIS-LRMN (CNRS UMR 5220, INSERME U630)

Directeur de thèse: Yue-Min ZHU

Président de jury : Rachid DERICHE

Composition du jury : Rachid DERICHE, Nicole VINCENT, Michèle ROMBAUT, Isabelle E. MAGNIN, Pierre CROISILLE, Cyril POUPON, Yue-Min ZHU