



HAL
open science

Intégration de connaissances a priori dans la reconstruction des signaux parcimonieux : Cas particulier de la spectroscopie RMN multidimensionnelle

Dany Merhej

► **To cite this version:**

Dany Merhej. Intégration de connaissances a priori dans la reconstruction des signaux parcimonieux : Cas particulier de la spectroscopie RMN multidimensionnelle. Autre. INSA de Lyon, 2012. Français. NNT : 2012ISAL0014 . tel-00782465

HAL Id: tel-00782465

<https://theses.hal.science/tel-00782465>

Submitted on 29 Jan 2013

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

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

THÈSE

Présentée devant

L'INSTITUT NATIONAL DES SCIENCES APPLIQUÉES DE LYON

pour obtenir

LE GRADE DE DOCTEUR

École doctorale : Électronique, Électrotechnique, Automatique
Formation doctorale : Images et Systèmes

En cotutelle avec

L'UNIVERSITE LIBANAISE - LIBAN

École doctorale Sciences et Technologies

par

Dany MERHEJ

Intégration de connaissances a priori dans la reconstruction des signaux parcimonieux Cas particulier de la spectroscopie RMN multidimensionnelle

Soutenue le 10 février 2012 devant la commission d'examen

Jury :

Christian Jutten	Rapporteur	Professeur, GIPSA-Lab, Université J. Fourier, Grenoble
Bassam Daya	Rapporteur	Professeur, IUT Saida, Université Libanaise
Denis Kouamé	Examinateur	Professeur, IRIT, Université Paul Sabatier, Toulouse
Hervé Saint-Jalmes	Examinateur	Professeur, LTSI, Université de Rennes 1
Hélène Ratiney	Examinatrice	Chargée de Recherche, CNRS, CREATIS, Lyon
Denis Friboulet	Invité	Professeur, CREATIS, INSA Lyon
Chaouki Diab	Co-encadrant	Maitre de Conférences, ISAE-Cnam, Liban
Mohamad Khalil	Co-directeur de thèse	Professeur, EDST, FG, Université Libanaise
Rémy Prost	Co-directeur de thèse	Professeur, CREATIS, INSA Lyon

INSA Direction de la Recherche - Ecoles Doctorales – Quinquennal 2011-2015

SIGLE	ECOLE DOCTORALE	NOM ET COORDONNEES DU RESPONSABLE
CHIMIE	<u>CHIMIE DE LYON</u> http://www.edchimie-lyon.fr Insa : R. GOURDON	M. Jean Marc LANCELIN Université de Lyon – Collège Doctoral Bât ESCPE 43 bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE Cedex Tél : 04.72.43 13 95 directeur@edchimie-lyon.fr
E.E.A.	<u>ELECTRONIQUE, ELECTROTECHNIQUE, AUTOMATIQUE</u> http://edeea.ec-lyon.fr Secrétariat : M.C. HAVGOUDOUKIAN eea@ec-lyon.fr	M. Gérard SCORLETTI Ecole Centrale de Lyon 36 avenue Guy de Collongue 69134 ECULLY Tél : 04.72.18 60 97 Fax : 04 78 43 37 17 Gerard.scorletti@ec-lyon.fr
E2M2	<u>EVOLUTION, ECOSYSTEME, MICROBIOLOGIE, MODELISATION</u> http://e2m2.universite-lyon.fr Insa : H. CHARLES	Mme Gudrun BORNETTE CNRS UMR 5023 LEHNA Université Claude Bernard Lyon 1 Bât Forel 43 bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE Cédex Tél : 04.72.43.12.94 e2m2@biomserv.univ-lyon1.fr
EDISS	<u>INTERDISCIPLINAIRE SCIENCES-SANTE</u> http://ww2.ibcp.fr/ediss Sec : Safia AIT CHALAL Insa : M. LAGARDE	M. Didier REVEL Hôpital Louis Pradel Bâtiment Central 28 Avenue Doyen Lépine 69677 BRON Tél : 04.72.68 49 09 Fax :04 72 35 49 16 Didier.revel@creatis.uni-lyon1.fr
INFOMATHS	<u>INFORMATIQUE ET MATHEMATIQUES</u> http://infomaths.univ-lyon1.fr	M. Johannes KELLENDONK Université Claude Bernard Lyon 1 LIRIS - INFOMATHS Bâtiment Nautibus 43 bd du 11 novembre 1918 69622 VILLEURBANNE Cedex Tél : 04.72. 43.19.05 Fax 04 72 43 13 10 infomaths@bat710.univ-lyon1.fr
Matériaux	<u>MATERIAUX DE LYON</u>	M. Jean-Yves BUFFIERE Secrétaire : Mériem LABOUNE INSA de Lyon École Doctorale Matériaux Mérim LABOUNE Bâtiment Antoine de Saint-Exupéry 25bis Avenue Jean Capelle 69621 VILLEURBANNE Tel : 04 72 43 71 70 Fax : 04 72 43 72 37 ed.materiaux@insa-lyon.fr
MEGA	<u>MECANIQUE, ENERGETIQUE, GENIE CIVIL, ACOUSTIQUE (ED n°162)</u>	M. Philippe BOISSE Secrétaire : Mériem LABOUNE Adresse : INSA de Lyon École Doctorale MEGA Mérim LABOUNE Bâtiment Antoine de Saint-Exupéry 25bis Avenue Jean Capelle 69621 VILLEURBANNE Tel : 04 72 43 71 70 Fax : 04 72 43 72 37 mega@insa-lyon.fr Site web : http://www.ed-mega.com

<p>ScSo</p>	<p><u>ScSo*</u> M. OBADIA Lionel Sec : Viviane POLSINELLI Insa : J.Y. TOUSSAINT</p>	<p>M. OBADIA Lionel Université Lyon 2 86 rue Pasteur 69365 LYON Cedex 07 Tél : 04.78.69.72.76 Fax : 04.37.28.04.48 Lionel.Obadia@univ-lyon2.fr</p>
--------------------	--	--

*ScSo : Histoire, Géographie, Aménagement, Urbanisme, Archéologie, Science politique, Sociologie, Anthropologie

Table des matières

Liste des abréviations	9
Introduction	13
Chapitre 1 : Introduction au « Compressed Sensing »	17
1. Introduction	17
2. Acquisition de données sous-échantillonnées	20
3. Incohérence et acquisition de signaux parcimonieux	22
3.1. Parcimonie	22
3.2. Échantillonnage incohérent	25
4. Sous-échantillonnage et reconstruction des signaux parcimonieux	26
4.1. Approche probabiliste du « compressed sensing »	27
4.1.1. Échantillonnage de signaux parcimonieux	29
4.1.2. Un « compressed sensing » robuste	31
4.1.2.1. Reconstruction de signaux arbitraires bruités	31
4.2. Approche déterministe du « compressed sensing »	33
4.2.1. Propriété d'isométrie restreinte (RIP)	33
4.2.2. Reconstruction de signaux à partir de données sous-échantillonnées (mesures sans bruit)	34
4.2.3. Reconstruction robuste de signaux à partir de données bruitées	35
4.2.4. Procédés d'acquisition respectant la RIP	36
5. Géométrie des minimisations ℓ_1 et ℓ_2 et équivalence $\ell_1 - \ell_0$	37
6. « Compressed Sensing »	39
7. Autres décodeurs CS	40
8. Algorithme «Orthogonal Matching Pursuit»	41
9. Applications	43
Chapitre 2 : Intégration de connaissances a priori dans un décodeur CS par un réseau de neurones	45
1. Introduction	45
2. Motivations pour un OMP à bases d'un réseau de neurones	48
3. Intégration d'un réseau de neurones dans un décodeur CS	51
4. Génération de la base d'apprentissage	53
5. Modèles de signaux et configuration des simulations	54

6. Résultats obtenus et discussion	55
6.1. Reconstructions de signaux aléatoires appartenant à Σ_S	57
6.2. Reconstructions de signaux aléatoires appartenant à Σ_{S+} , modèle 1	58
6.2.1. Reconstructions à partir de mesures exactes	58
6.2.2. Reconstructions à partir de mesures bruitées	58
6.3. Reconstructions de signaux appartenant au modèle 2	60
6.3.1. Reconstructions à partir de mesures exactes	60
6.3.2. Reconstructions à partir de mesures bruitées	62
6.3.3. Exemples d'applications pour le modèle 2	62
6.4. Reconstructions de signaux appartenant au modèle 3	67
6.4.1. Reconstructions à partir de mesures exactes et bruitées	67
6.4.2. Diagrammes de phase et transition de phase pour des reconstitutions à partir des mesures exactes	68
7. Une dernière expérience	68
8. Extensibilité et complexité de NNOMP	72
9. Conclusions et perspectives	73

Chapitre 3 : Spectroscopie par résonance magnétique nucléaire 75

1. Introduction	75
2. Propriétés intrinsèques du noyau des atomes	78
2.1. Moment cinétique angulaire intrinsèque	78
2.2. Moment magnétique nucléaire	79
3. Application d'un champ magnétique \vec{B}_0	80
3.1. Précession de Larmor	80
3.2. Etats énergétiques et amplitude du moment magnétique résultant \vec{M}	82
4. Application d'un second champ magnétique \vec{B}_1	84
4.1. Impulsion radiofréquence et magnétisation transversale	84
4.2. Angle de basculement	85
4.3. Précession libre et relaxation, signal FID	86
4.4. Déplacements chimiques	88
4.5. Séquence d'écho de spins	90
5. Champs de gradients	93
6. Localisation	94
6.1. Sélection de coupe	94
6.1.1. Équation d'une coupe arbitraire	94
6.1.2. Gradient de sélection de coupe	95

6.1.3. Impulsion RF de sélection de coupe	96
7. Localisation et séquences de bases en spectroscopie RMN in vivo	98
7.1. Spectroscopie monovoxel	98
7.1.1. Séquence PRESS	98
7.1.2. Séquence STEAM	99
7.2. Spectroscopie multi-voxel, séquence classique d'ISRM	100
Chapitre 4 : Spectroscopie multidimensionnelle rapide pour les spectres parcimonieux	103
1. Introduction	103
2. Acquisition des données RMN-2D, notation matricielle	104
3. Acquisition des données ISRM-2D, notation matricielle	106
4. Information a priori et système sous-échantillonné	109
4.1. Information a priori en RMN-2D et système sous-échantillonné	109
4.2. Information a priori en ISRM-2D et système sous-échantillonné	112
5. Sélection des observations	113
6. Matériel et méthode pour les expérimentations	114
7. Résultats	114
7.1. Reconstructions sous-échantillonnées en RMN-2D	115
7.2. Reconstructions à l'aide de données sous-échantillonnées en ISRM-2D	118
8. Conclusion et perspectives	122
Conclusion et perspectives	125
Annexe A : Un résultat probabiliste, cas du peigne de Dirac	129
Annexe B : Résultat fondamental du « Compressed sensing », approche déterministe	131
Bibliographie	141
Publications	149

Liste des abréviations

BMRB	Biological Magnetic Resonance Data Bank
Card	Cardinalité
Cho	Choline
CoSaMP	Compressive sampling matching pursuit
COSY	Correlation spectroscopy
CR	Créatine
CS	Compressed sensing
CSI	Chemical shift imaging
DCT	Discreet cosine transform
ESMRMB	European society for magnetic resonance in medicine and biology
FID	Free induction decay
FOV	Field of view
Gln	Glutamine
Glc	Glucose
i.i.d.	Indépendantes et identiquement distribuées
Ins	Myo-inositol
IRM	Imagerie par résonance magnétique
ISMRM	International society for magnetic resonance in medicine
ISRM	Imagerie spectroscopique par résonance magnétique
Lac	Lactate
LASSO	Least absolute shrinkage and selection operator
MLP	Multi layer perceptron
MP	Matching pursuit
NAA	N-acétylaspartate
NNOMP	Neural network orthogonal matching pursuit
NNOMP-L	NNOMP avec réseau de neurone linéaire

NNOMP-NL	NNOMP avec réseau de neurone non linéaire
NP	Nondeterministic polynomial time
OMP	Orthogonal matching pursuit
pdf	Probability density function
ppm	Parties par million
PRESS	Point resolved spectroscopy
RARE	Rapid acquisition with relaxation enhancement
RF	Radio fréquences
RIP	Restricted isometry property
ROMP	Regularized orthogonal matching pursuit
RMN	Résonance magnétique nucléaire
RSB	Rapport signal sur bruit
RSB_{rec}	Rapport signal sur bruit de reconstruction
SE	Spin echo
SI	Support identifié
SL0	Smoothed ℓ_0
SLE	Spectres localisés dans l'espace
SNR	Signal to noise ratio
SNR_{mes}	Measurement signal to noise ratio
SNR_{rec}	Reconstruction signal to noise ratio
SP	Subspace pursuit
SRM	Spectroscopie par résonance magnétique
SSFP	Steady-state free precession
STEAM	Stimulated echo acquisition mode
STOMP	Satgewise orthogonal matching pursuit
$\text{supp}(\mathbf{x})$	Support du vecteur \mathbf{x}
TE	Echo time

TFD	Transformation de Fourier discrète
TMS	Tétraméthylsilane
TOCSY	Total correlation spectroscopy
TR	Repetition time
UUP	Uniform uncertainty principle

Introduction

La parcimonie est devenue l'une des caractéristiques les plus recherchées en traitement du signal. Dans la présentation de la réédition de son livre sur les ondelettes (*A wavelet tour of signal processing. The sparse way, 2009*) Stéphane Mallat dit : « *Wavelets are no longer the central topic, despite the previous edition's original title. It is just an important tool as the Fourier transform is. Sparse representation and processing are now at the core* ».

Depuis les années 90 et jusqu'au début de la dernière décennie, la parcimonie était principalement utilisée en arrière plan, après l'étape d'acquisition. Pour obtenir une représentation parcimonieuse, *i.e.* compressée, on calcule les coefficients du signal dans une base appropriée, par exemple, une base de fonctions cosinus ou d'ondelettes, puis on ne conserve que les plus grands coefficients. Seuls ces coefficients sont stockés, alors que le reste est mis à zéro lors de la reconstruction du signal compressé. Ceci est à la base de techniques de compression avec perte, très efficaces, que nous utilisons au quotidien, telle que JPEG (JPEG2000, pour la base d'ondelettes) ou MP3.

Lorsque les informations complètes, obtenues par un nombre suffisant de mesures, sur un signal ou image sont disponibles, cette stratégie est justifiée. Toutefois, lorsque le processus d'acquisition du signal est coûteux, difficile, ou trop long, ceci semble être un gaspillage de ressources: en premier lieu, on consacre des efforts énormes pour acquérir un maximum de mesures, puis on jette la plupart des coefficients pour obtenir sa version compressée.

On pourrait alors se demander s'il existe un moyen plus efficace pour obtenir, plus directement, la version compressée d'un signal. Ceci n'est pas évident à première vue. Mesurer directement les plus grands coefficients est impossible car généralement on ne connaît pas, a priori, leurs positions. C'est cette problématique qui est abordée par la théorie récente de 'Compressed Sensing (CS)'. Le CS fournit un moyen d'obtenir la version compressée d'un signal en utilisant seulement un petit nombre de mesures linéaires et non-adaptatives au contenu de ce signal. Ce nombre de mesures est largement inférieur à ce qu'impose la théorie de Shannon-Nyquist. Le CS affirme que les vecteurs (signaux) parcimonieux peuvent être reconstruits à partir de ce qui était auparavant considéré comme un ensemble de mesures incomplet. Les articles précurseurs écrits par Candès, Romberg et Tao [1,2] et par Donoho [3] ont attiré une attention considérable et ont déclenché des activités de recherche extrêmement nombreuses (voir <http://dsp.rice.edu/cs>).

Avec le CS, la parcimonie est ainsi devenue un centre d'intérêt de premier plan en traitement du signal, intervenant dans toutes les étapes, de l'acquisition des données jusqu'au stockage et la reconstruction. Après l'étape d'acquisition, la reconstruction (ou décodage) du signal à partir de ses mesures sous-échantillonnées (compressées) se fait avec des méthodes d'optimisation convexe, plus précisément la minimisation selon la norme ℓ_1 , ou des algorithmes gloutons, algorithmes semi empiriques pour la minimisation suivant la pseudo norme ℓ_0 . Ces derniers offrent, pour les problèmes de dimensions moyennes, une alternative à l'optimisation convexe rapide et facile à implémenter.

Cette thèse a pour objet le sous-échantillonnage et la reconstruction de signaux parcimonieux.

Nous proposons deux contributions. La première intègre des connaissances a priori sur le signal à reconstruire afin d'améliorer les performances du CS. Nous proposons un décodeur CS intégrant un réseau de neurones. L'idée est d'introduire des connaissances a priori au sein de ce décodeur pour mieux reconstruire les signaux parcimonieux appartenant à une application donnée et possédant des propriétés supplémentaires à la parcimonie. La deuxième contribution traite une application à la spectroscopie multidimensionnelle par résonance magnétique nucléaire (RMN) et à l'imagerie spectroscopique par résonance magnétique (ISRM). Nous

proposons un sous-échantillonnage des mesures et la reconstruction des spectres intrinsèquement parcimonieux dans le but d'accélérer la procédure d'acquisition. Notre motivation pour cette application est née de l'observation des expériences en spectroscopie RMN qui sont particulièrement lentes. Elles nécessitent souvent plusieurs heures, jours ou semaines [4]. Le sous-échantillonnage contribue ainsi à une réduction proportionnelle des temps d'acquisitions. La réduction des temps d'acquisition a déjà fait l'objet de nombreuses investigations. Par exemple, en RMN-2D, des procédés d'acquisition rapides ont été proposés. Ils limitent le nombre d'incrémentes dans la dimension indirecte et emploient des algorithmes adéquats de reconstruction : prédiction linéaire [5] et maximum d'entropie [6]. D'autres méthodes proposent un échantillonnage irrégulier de la dimension indirecte comme dans la spectroscopie par transformée de Hadamard [7, 8], ou bien utilisent l'échantillonnage radial dans l'espace des k (Fourier) [9]. Dans l'ISRM, les nouvelles méthodes de codage rapide sont principalement basées sur les méthodes d'acquisitions rapides en IRM tels que l'imagerie Echo Planar, le RARE (Rapid Acquisition with Relaxation Enhancement) [10], l'encodage en spirale [11] et les méthodes SSFP (Steady-State Free Precession) [12]. Dans cette thèse, nous proposons une nouvelle approche basée sur la modélisation, comme dans le cas du CS, du processus d'acquisition des données et de reconstructions des spectres par un système d'équations linéaires. Cependant, contrairement au CS, où les coefficients significatifs sont inconnus, nous utilisons des connaissances a priori, sur les emplacements non nuls dans les spectres multidimensionnels, pour enlever la sous-détermination induite par le sous échantillonnage des données. Dans le cas particulier de spectres intrinsèquement parcimonieux, ce qui est fréquent en spectroscopie, notre méthode dépasse largement le CS en termes de qualité, rapidité de la reconstruction et de simplicité d'implémentation.

Organisation du mémoire

Le premier chapitre décrit la théorie du 'Compressed Sensing (CS)'. Nous aborderons, dans un premier temps, le problème tel qu'il a été présenté initialement par Emmanuel Candès. Puis nous apporterons les derniers développements de cette méthode dans un formalisme unifié. En particulier, nous présenterons la théorie reliant la minimisation selon la norme ℓ_1 et le CS dans ses deux approches:

- « probabiliste » se basant principalement, sur les propriétés de cohérence, entre domaine de mesure et domaine de reconstruction, et d'isotropie entre les vecteurs de mesures.
- « déterministe » se basant sur la propriété d'isométrie restreinte (RIP) de la matrice d'acquisition.

Nous terminons le chapitre par la présentation d'un décodeur alternatif à la minimisation selon la norme ℓ_1 , appelé « Orthogonal Matching Pursuit » (OMP) qui est à la base de notre première contribution.

Dans le second chapitre, nous proposons notre première contribution : le décodeur NNOMP (neural network OMP) qui est principalement une version modifiée d'OMP, intégrant un réseau de neurones afin d'incorporer des connaissances a priori dans le processus de décodage en CS. Nous montrerons, à l'aide d'arguments théoriques et des simulations numériques, que NNOMP est approprié pour la reconstruction de signaux parcimonieux possédant des propriétés supplémentaires à la parcimonie.

Le troisième chapitre, est consacré à la présentation des bases de la spectroscopie RMN, nécessaires pour aborder le dernier chapitre. Après un bref historique, nous décrirons le phénomène de RMN et les éléments de base d'une expérience en spectroscopie RMN. Nous traiterons ensuite le problème de localisation, et les principes de l'acquisition d'un signal en spectroscopie mono et multi-voxels.

Dans le quatrième chapitre nous proposons notre deuxième contribution : une nouvelle méthode permettant de sous-échantillonner, et par suite d'accélérer, l'acquisition en spectroscopie multidimensionnelle, lorsque les spectres sont intrinsèquement parcimonieux. La méthode proposée est évaluée sur des données synthétiques et expérimentales *in vitro* et *in vivo*.

Une conclusion termine ce travail, rappelant les idées majeures, et proposant des perspectives de recherche dans les deux axes de travail de cette thèse.

Chapitre 1

Introduction au « Compressed Sensing »

1. Introduction

Un des principes fondamentaux du traitement numérique des signaux et de l'acquisition des données est la théorie de l'échantillonnage de Shannon-Nyquist [13]. Cette théorie précise que le nombre d'échantillons nécessaires pour capter la totalité de l'information portée par un signal est imposé par sa largeur de bande fréquentielle. La contrainte imposée au signal est alors qu'il soit à bande limitée. Le cas échéant on utilise un filtre passe-bas d'anti-repliement pour limiter la bande fréquentielle du signal avant l'échantillonnage.

Cette théorie est pratiquement à la base de la plupart des protocoles d'acquisition de signaux et de conversion analogique /numérique utilisés dans l'électronique audio-visuelle, les appareils d'imagerie médicale, la communication, l'industrie, ... etc. Les approches conventionnelles d'échantillonnage des signaux ou d'images suivent alors le célèbre théorème de Shannon-Nyquist :

Théorème 1:

La fréquence d'échantillonnage f_e doit être au moins deux fois la fréquence maximale f_{max} présente dans le signal pour que ce signal puisse être reconstruit parfaitement par filtrage linéaire passe-bas.

$$f_e = 2 \times f_{max} \quad (1.1)$$

Cependant, la fréquence d'échantillonnage f_e de Shannon-Nyquist est une condition suffisante, mais pas toujours nécessaire.

Au cours de ces dernières années, on a vu l'apparition d'un protocole alternatif de mesure/acquisition connu par « *compressive sampling* » ou « *compressed sensing* » (CS) que l'on peut traduire par « échantillonnage et compression simultanés ». Cette technique permet une reconstruction fiable de signaux (images et autres) à partir de mesures sous-échantillonnées (au dessous de la fréquence imposée par Shannon-Nyquist (1.1)). Au cœur de cette nouvelle approche, on distingue trois observations essentielles :

- La première est que l'échantillonnage selon Shannon-Nyquist exploite un minimum d'information a priori sur le signal à échantillonner, *i.e.* sa bande fréquentielle. Cependant la plupart des signaux auxquels on s'intéresse sont structurés et ne remplissent que partiellement la bande fréquentielle qui leur est attribuée. Plus précisément, la plupart des signaux sont parcimonieux, en anglais « *sparse* », ou *compressibles* dans une base appropriée, ce qui signifie que l'on peut les coder avec un nombre de coefficients qui est inférieur à leur degré de liberté, dimension de l'espace dans lequel ils se trouvent.
- La deuxième observation est que l'information utile dans les signaux compressibles peut être captée par des protocoles d'échantillonnage ou de détection qui condensent directement ces signaux en une forme compressée. La surprise est que ces protocoles de détection ne fassent pratiquement que la corrélation linéaire du signal avec un ensemble fixe de formes d'ondes indépendantes du signal. Ces formes d'ondes, doivent toutefois être "incohérentes" avec la famille de formes d'ondes dans lequel le signal est compressible.

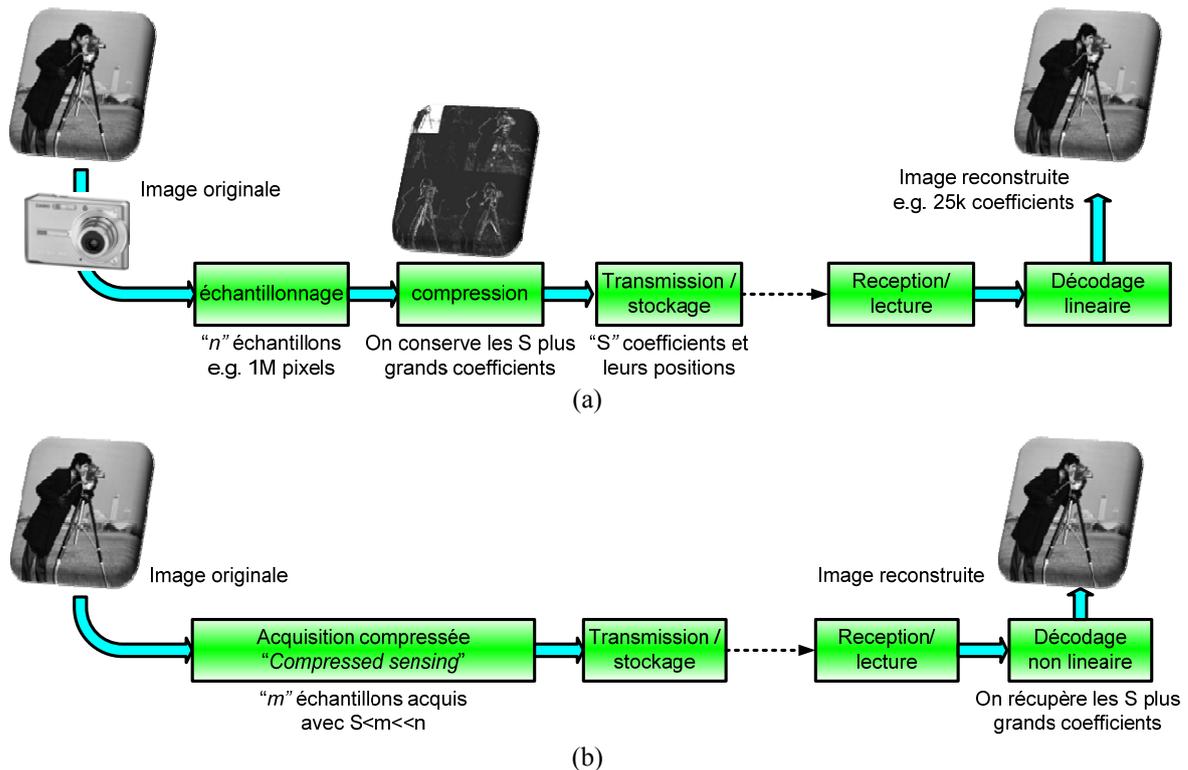


Fig. 1.1 : Comparaison des chaînes d'acquisition de données (e.g. image) traditionnelle et par CS :

- (a) Acquisition d'images traditionnelle : échantillonnage selon Shannon suivie d'une compression avant transmission/stockage. La reconstruction de l'image se fait en utilisant un décodeur linéaire.
- (b) Acquisition par CS : fusion des étapes d'acquisition et de compression. Reconstruction de l'image en utilisant un procédé non linéaire.

- La troisième observation est que, en contraste avec l'acquisition traditionnelle qui résulte en des décodeurs linéaires, on utilise généralement, pour le décodage, des procédés d'optimisation numérique non linéaires, pour reconstruire le signal à partir de mesures linéaires.

En résumé, l'échantillonnage selon la technique du CS transforme directement les données analogiques en leurs représentations numériques compressées, de telle sorte qu'on peut – en principe – obtenir des signaux reconstruits, de façon fiable, à partir d'un nombre de mesures largement inférieur à celui imposé par le théorème de Shannon-Nyquist.

La théorie du CS contourne le processus habituel d'acquisition, dans lequel des quantités massives de données sont recueillies, pour être en grande partie rejetées dans une étape de compression ultérieure, qui est habituellement nécessaire pour leur stockage et leur transmission. Le protocole d'acquisition de données CS traduit directement les données analogiques en une forme numérique compressée de sorte que l'on peut, du moins en principe, obtenir des signaux-super-résolus à partir de seulement quelques mesures. Après l'étape d'acquisition, tout ce que nous devons faire est la «décompression» des données mesurées à travers un procédé d'optimisation non linéaire. La fig. 1.1 présente une comparaison synoptique entre ces deux procédés d'acquisitions de données (e.g. image).

Ainsi le CS permet de reconstruire certains signaux (ou certaines images) à partir d'un nombre plus réduit d'échantillons ou de mesures que celui exigé par les méthodes traditionnelles respectant le théorème de Shannon-Nyquist. Pour que cela soit possible, le CS repose sur deux principes fondamentaux :

- la parcimonie, qui est une propriété dépendant du signal concerné.

- l'incohérence des mesures par rapport à la base dans laquelle le signal sera reconstruit, qui se rapporte à la méthode d'acquisition.
- La parcimonie ou la compressibilité expriment que la « quantité d'information », contenu dans un signal temporel continu peut être beaucoup plus petite que ce que suggère sa largeur de bande fréquentielle. De même un signal temporel discret possède un degré de liberté qui est beaucoup plus petit que sa dimension finie n (nombre d'échantillons). Plus précisément, le CS exploite le fait que beaucoup de signaux naturels sont parcimonieux dans le sens où ils ont des représentations concises quand ils sont exprimés dans une base appropriée Ψ .
- L'incohérence étend la dualité temps-fréquence et exprime l'idée que les signaux ayant une représentation parcimonieuse dans une base Ψ doivent avoir une représentation étendue (non concise) dans le domaine Φ dans lequel ils seront acquis, tout comme une impulsion de Dirac dans le domaine temporel possède une étendue infinie dans le domaine fréquentiel. L'incohérence signifie ainsi que, en contraste avec le signal d'intérêt parcimonieux (i.e. support concis) dans la base Ψ , les formes d'ondes d'acquisitions/échantillonnage selon Φ possèdent une représentation dense (i.e. à support étendu).

En conclusion, on peut concevoir des protocoles d'échantillonnage qui captent le contenu de l'information utile présente dans un signal parcimonieux/compressible, et la condenser dans une petite quantité de données. Ces protocoles d'échantillonnage ne sont pas adaptés au signal ; ils exigent simplement la corrélation de ce dernier avec un petit nombre de formes d'ondes fixes qui sont incohérentes avec la base dans laquelle le signal possède une représentation parcimonieuse.

Ce qui est le plus remarquable dans ces protocoles d'échantillonnage est qu'ils permettent à un détecteur de capter efficacement l'information présente dans un signal parcimonieux sans essayer de "comprendre" ce signal. Ensuite, en utilisant des méthodes d'optimisation numérique non linéaires, on peut reconstruire le signal complet, à partir de la petite quantité de données mesurées/acquises.

En d'autres termes, le CS est un protocole d'acquisition de signaux, simple et efficace, qui échantillonne - d'une façon indépendante du signal considéré - à une fréquence inférieure à $2 \times f_{max}$, et utilise ultérieurement des méthodes d'optimisation adéquates pour la reconstruction à partir de ce qui semble être une série incomplète de mesures.

Nous donnons, dans ce chapitre, un aperçu général de la théorie qui est à la base du CS et qui a émergé des travaux publiés dans les références [1], [3] et [14];

On y présentera les principes mathématiques fondamentaux du CS, et on examinera les résultats importants obtenus ainsi que les derniers avancements théoriques. Nous discuterons son implication la plus significative en tant que protocole concret d'échantillonnage et de compression simultanés des données (d'où le nom de "compressive sampling"), ainsi que des applications intéressantes qui peuvent en découler.

Ce 1er chapitre est organisé ainsi:

- La section 2 présente la problématique liée à l'acquisition des données, l'échantillonnage des signaux et leur modélisation.
- La section 3 introduit les deux notions fondamentales du CS: la parcimonie et l'incohérence.
- Nous passons dans la section 4 à la description de la théorie reliant la minimisation selon la norme ℓ_1 et le CS dans ses deux approches probabiliste et déterministe. Les théorèmes

présentés montrent la robustesse du « compressed sensing », qualité qui le rend utilisable pour des implémentations réelles.

- La section 5 présente la géométrie des minimisations ℓ_1 et ℓ_2 et les conditions d'équivalences ℓ_1 - ℓ_0 .
- La section 6 récapitule la méthode d'échantillonnage basée sur ce nouveau protocole.
- La section 7, présente brièvement deux familles de décodeurs alternatifs à la minimisation selon ℓ_1 pour la reconstruction des signaux parcimonieux.
- Dans la section 8, nous présenterons en détail l'un de ces algorithmes, le « Orthogonal Matching Pursuit » (OMP) appartenant à la famille des « algorithmes goutons », en anglais « *greedy algorithms* ». Le chapitre 2 de ce mémoire propose l'utilisation d'une version modifiée d'OMP afin de pouvoir incorporer des connaissances a priori au sein du processus de décodage CS et ceci en utilisant un réseau de neurones.
- Nous terminons par la section 9 qui présente quelques applications du CS.

Notons enfin que le CS s'inspire de diverses sous-disciplines des mathématiques appliquées, notamment de la théorie des probabilités, de l'optimisation convexe, et de l'analyse fonctionnelle géométrique.

2. Acquisition de données sous-échantillonnées

Dans cette partie, nous discuterons le mécanisme d'acquisition dans lequel l'acquisition de m mesures linéaires d'un signal $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n$ est obtenu par :

$$y_k = \langle \mathbf{x}, \mathbf{a}_k \rangle, \quad k = 1, \dots, m \quad (1.2)$$

L'équation (1.2) peut s'écrire en représentation matricielle sous la forme:

$$\mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} \quad (1.3)$$

Où \mathbf{A} est une matrice de taille $m \times n$ et \mathbf{y} est le vecteur de mesure de taille $m \times 1$.

Ici, on effectue simplement la corrélation du signal \mathbf{x} que nous souhaitons acquérir avec m formes d'ondes ou vecteurs $\mathbf{a}_k \in \mathbb{R}^n$ (les vecteurs lignes de \mathbf{A}). On peut aussi considérer \mathbf{A} comme étant un encodeur, et \mathbf{y} l'information acquise sur le signal \mathbf{x} à travers cet encodeur. Ceci est une organisation standard pour l'acquisition.

Si les formes d'onde d'acquisition \mathbf{a}_k sont, par exemple, les impulsions de Dirac, alors « \mathbf{y} » est un vecteur de valeurs échantillonnées de \mathbf{x} dans le domaine temporel.

De la même façon, si les formes d'onde des acquisitions sont des fonctions indicatrices de pixels, alors \mathbf{y} représente les données d'une image, typiquement collectées par les détecteurs d'un appareil photo numérique dans le domaine spatial. Les domaines temporel et spatial sont couramment appelés « domaines canoniques ». Cependant, si les formes d'onde d'acquisition sont des sinusoides, alors « \mathbf{y} » est un vecteur de coefficients de Fourier; ceci est le protocole d'acquisition utilisé dans l'imagerie par résonance magnétique (IRM). D'autres exemples abondent.

Le problème du CS à résoudre est le suivant : étant donnée \mathbf{y} et \mathbf{A} , reconstruire \mathbf{x} . On s'intéresse au cas sous-déterminé, pour lequel $m < n$. Ceci correspond aux situations de sous-échantillonnage dans lesquelles le nombre de mesures disponibles « m » est beaucoup plus

petit que le nombre de coefficients « n » qui représente la dimension du signal \mathbf{x} . De tels problèmes sont extrêmement communs pour plusieurs raisons :

- Par exemple, le nombre de détecteurs pourrait être limité.
- Les mesures peuvent être extrêmement chères comme dans les études sismiques.
- Ou le processus d'acquisition peut être lent comme, par exemple, en IRM.

Ces circonstances révèlent des questions importantes :

- Est-ce qu'une reconstruction précise à partir de $m \ll n$ mesures seulement est possible?
- Est-ce possible de concevoir $m \ll n$ formes d'onde d'acquisition pour capturer presque toute l'information de \mathbf{x} ? Comment peut-on rapprocher \mathbf{x} à partir de cette information ?

Il est vrai que cette situation est plutôt décourageante, on a à résoudre un système d'équations linéaire sous-dimensionné. Le problème : « trouver \mathbf{x} , à partir de $\mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} \in \mathbb{R}^m$ », est un problème inverse mal posé quand $m < n$;

En effet, supposons que \mathbf{A} soit de plein rang, formée, par exemple, de façon aléatoire à partir de m lignes d'une matrice orthogonale Φ de dimensions $n \times n$ (*i.e.* $\mathbf{A} = \mathbf{R}\Phi$ où \mathbf{R} est une matrice de dimension $m \times n$, choisissant aléatoirement les m lignes de \mathbf{A}), alors pour chaque $\mathbf{y} \in \mathbb{R}^m$, il existe un ensemble infini de signaux candidats $\hat{\mathbf{x}}$ pour lesquels $\mathbf{A}\hat{\mathbf{x}} = \mathbf{y}$ de la forme

$$\{\hat{\mathbf{x}} | \mathbf{A}\hat{\mathbf{x}} = \mathbf{y}\} = \{\mathbf{x}_p + \mathbf{z} | \mathbf{z} \in \mathbf{N}(\mathbf{A})\} \quad (1.4)$$

où \mathbf{x}_p est n'importe quelle solution particulière, pour laquelle $\mathbf{A}\mathbf{x}_p = \mathbf{y}$, et $\mathbf{N}(\mathbf{A})$ est le noyau de \mathbf{A} . Une solution particulière est la solution à « norme minimale » \mathbf{x}_{ln}

$$\mathbf{x}_{ln} = \mathbf{A}^t(\mathbf{A}\mathbf{A}^t)^{-1}\mathbf{y} \quad (1.5)$$

où l'exposant "t" représente l'opérateur de transposition. La solution particulière \mathbf{x}_{ln} n'est autre que la solution du problème d'optimisation P2 suivant

$$\text{P2} \quad \mathbf{x}_{ln} = \underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n}{\text{argmin}} \|\mathbf{x}\|_2 \quad \text{sous la contrainte} \quad \mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} \quad (1.6)$$

Résoudre (1.3), c'est-à-dire trouver le « *vrai* » signal \mathbf{x} , sachant qu'il y en a une infinité qui correspondent au vecteur de mesures \mathbf{y} , paraît impossible.

Mais, en supposant des modèles ou classes réalistes de signaux, on peut trouver une solution. Supposons, par exemple, que nous avons une connaissance a priori que le signal \mathbf{x} , qui nous intéresse, est parcimonieux (dans une base appropriée Ψ), *i.e.* le support du signal \mathbf{x} dépend essentiellement d'un petit nombre $s \leq S$ de coefficients non nuls avec $S < m \ll n$, alors, cette information change le problème, et rend la recherche du signal \mathbf{x} faisable (jusqu'à un certain niveau de parcimonie S de \mathbf{x}).

En effet, dans [15], Cohen *et al.* montrent que, pour certaines matrices spéciales \mathbf{A} , les mesures $\mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x}$ déterminent de façon unique tout vecteur \mathbf{x} S -parcimonieux lorsque $m \geq 2S$, et donc il existe un décodeur Δ tel que $\Delta(\mathbf{y}) = \mathbf{x}$. Toutefois, ces matrices sont généralement mal conditionnées et le calcul est numériquement impossible. Candès et al. [2, 3, 14, 15], posent le problème d'une manière plus quantitative, en introduisant pour toute matrice \mathbf{A} la « propriété d'isométrie restreinte » (RIP), qui sera présentée ultérieurement dans ce chapitre.

Si le signal \mathbf{x} , S -parcimonieux est unique, alors le problème de la recherche de \mathbf{x} , peut être reformulé par le problème P0 d'optimisation selon la pseudo-norme ℓ_0

$$P0 \quad \hat{\mathbf{x}} = \underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n}{\operatorname{argmin}} \|\mathbf{x}\|_{\ell_0} \quad \text{sous la contrainte } \mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} \quad (1.7)$$

où la pseudo-norme ℓ_0 est $\|\mathbf{x}\|_{\ell_0} := |\{i, x_i \neq 0\}|$.

C'est à dire, parmi toutes les solutions possibles de (1.3), définies dans l'ensemble (1.4), on choisit la solution la plus parcimonieuse.

On note ici que même si \mathbf{x} n'est pas intrinsèquement parcimonieux dans le domaine Φ , on pourra toujours supposé qu'il l'est dans une base appropriée Ψ , ce qui est généralement le cas pour les signaux rencontrés pratiquement, et par suite dans ce contexte la matrice \mathbf{A} s'écrit :

$$\mathbf{A} = \mathbf{R}\Phi\Psi \quad (1.8)$$

Un problème majeur est cependant que, en général, la résolution de P0 défini dans (1.7) est de complexité-NP.

Cependant, Candès et Tao ont démontré [2,16] que, en imposant des conditions plus restrictives sur \mathbf{A} , la solution la plus parcimonieuse dans (1.7) peut être trouvée en résolvant le problème P1 d'optimisation selon la norme ℓ_1 :

$$P1 \quad \hat{\mathbf{x}} = \underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n}{\operatorname{argmin}} \|\mathbf{x}\|_{\ell_1} \quad \text{sous la contrainte } \mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} \quad (1.9)$$

où la norme ℓ_1 est $\|\mathbf{x}\|_{\ell_1} := \sum_{i=1}^n |x_i|$.

D'autres travaux, liés à cette équivalence entre ℓ_1 et ℓ_0 utilisant une approche différente que la RIP de \mathbf{A} ont été faits par Donoho [17].

Dans la suite de ce chapitre nous allons détailler la théorie de CS et sa connexion avec la minimisation selon la norme ℓ_1 ; mais ceci après avoir abordé d'une façon plus détaillée les deux concepts fondamentaux du CS.

3. Incohérence et acquisition de signaux parcimonieux

Cette partie présente les deux notions fondamentales du CS, la parcimonie et la cohérence.

3.1. Parcimonie

De nombreux signaux naturels ont des représentations concises quand ils sont exprimés dans une base appropriée [18]. Considérons, par exemple l'image de la fig. 1.2 (a), et les 25000 plus grands coefficients, en valeur absolue, de sa transformée en ondelettes dans (b). Les coefficients dans (b) sont présentés en une dimension, par ordre décroissant pour plus de visibilité. Bien que presque tous les pixels de l'image aient des valeurs non nulles, les coefficients d'ondelettes offrent une représentation concise : la plupart des coefficients sont faibles, et un petit nombre de grands coefficients portent la majorité de l'information.

Plus précisément, supposons que l'on a un vecteur $\mathbf{f} \in \mathbb{R}^n$, *e.g.* l'image de n -pixels dans la fig. 1.2, que l'on effectue son développement dans une base orthonormée $\Psi = [\psi_1 \psi_2 \dots \psi_n]$, de la manière suivante

$$\mathbf{f} = \sum_{i=1}^n x_i \cdot \psi_i \quad \text{où } x_i = \langle \mathbf{f}, \psi_i \rangle \quad (1.10)$$

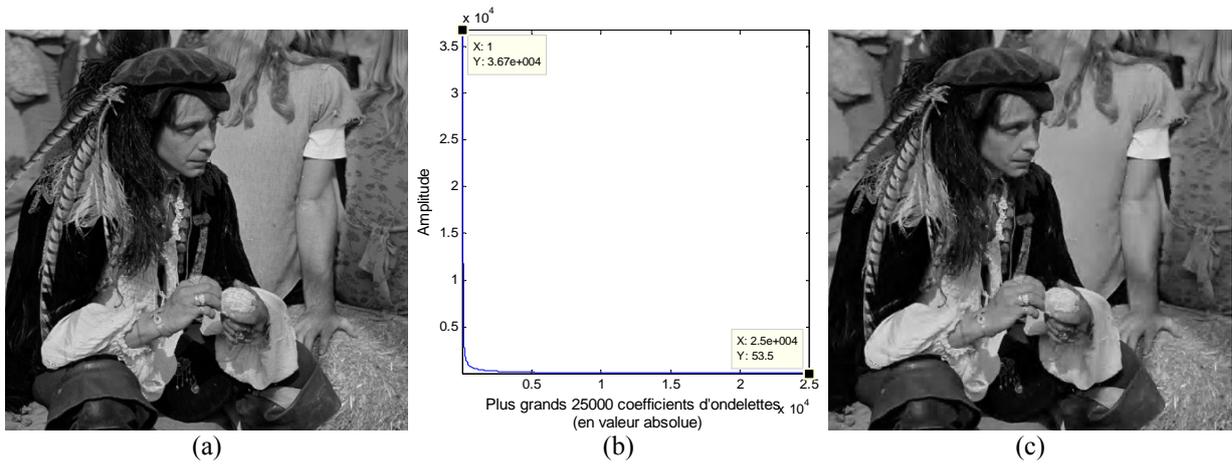


Fig. 1.2 : Conséquences de la parcimonie [18]

- (a) Image originale de 1 Megapixel (1024×1024 pixels) à valeurs entières dans l'intervalle $[0, 255]$.
- (b) Ses 25000 plus grands coefficients, en valeur absolue, dans une transformation d'ondelette (db2, avec niveau de résolution 8), présentés dans un ordre décroissant pour plus de visibilité. Relativement un faible nombre de coefficients possède la plus grande quantité de l'énergie du signal.
- (c) La reconstruction obtenue par inversion de la transformation d'ondelette, après avoir mis à zéros tous les coefficients d'ondelette à l'exception des 25000 (*i.e.* 2.38% des 1048576) plus grands en valeur absolue. La différence avec l'image originale est à peine visible.

En notant par \mathbf{x} la séquence des coefficients x_i de \mathbf{f} , dans la base Ψ , il sera commode d'exprimer \mathbf{f} par :

$$\mathbf{f} = \Psi \cdot \mathbf{x} \quad (1.11)$$

où Ψ est la matrice de dimension $n \times n$ dont les colonnes sont $\psi_1, \psi_2, \dots, \psi_n$.

Nous allons utiliser les définitions suivantes pour les vecteurs parcimonieux et quasi-parcimonieux :

- Le support d'un vecteur \mathbf{x} est noté $\text{supp}(\mathbf{x}) = \{i, x_i \neq 0\}$ et on a :

$$\|\mathbf{x}\|_{\ell_0} := |\text{supp}(\mathbf{x})| \quad (1.12)$$

- On dit que \mathbf{x} est un vecteur S -parcimonieux si son support est un petit ensemble de coefficients d'indices $T_0 \subset \{1, \dots, n\}$ de cardinalité « s » inférieure ou égale « S ». On dit ainsi qu'un vecteur est S -parcimonieux si :

$$\|\mathbf{x}\|_{\ell_0} = s \leq S \quad (1.13)$$

- On note alors l'ensemble des vecteurs S -parcimonieux par :

$$\Sigma_S := \{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n, \|\mathbf{x}\|_{\ell_0} \leq S\} \quad (1.14)$$

- La plus faible erreur d'approximation du vecteur $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n$ avec S termes est (selon la norme ℓ_2):

$$\sigma_S(\mathbf{x}) = \inf_{\mathbf{x}_S \in \Sigma_S} \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_2} \quad (1.15)$$

Ainsi \mathbf{x}_S est la meilleure approximation de \mathbf{x} en utilisant S coefficients. Pratiquement, le support de \mathbf{x}_S est composé d'un petit ensemble $T_0 \subset \{1, \dots, n\}$ contenant les indices des S plus grands coefficients \mathbf{x} .

- Si σ_S décroît rapidement lorsque S augmente, on dit alors que \mathbf{x} est quasi-parcimonieux ou compressible.

En posant :

$$\mathbf{f}_S := \sum_{i \in T_0} x_i \cdot \psi_i \quad (1.16)$$

ou d'une façon équivalente en écriture matricielle :

$$\mathbf{f}_S := \Psi^{-1} \cdot \mathbf{x}_S \quad (1.17)$$

On obtient ainsi \mathbf{f}_S qui correspond à garder seulement les coefficients qui correspondent aux S plus grandes valeurs x_i de \mathbf{f} dans son expansion selon (1.11).

Le vecteur \mathbf{x}_S est alors le vecteur des coefficients x_i dans lequel tous les coefficients sont mis à zéro à l'exception des S plus grands appartenant à T_0 . Ce vecteur est parcimonieux au sens strict puisque peu de ses coefficients sont non nuls. Puisque Ψ est une base orthonormée, on a dans ce cas :

$$\|\mathbf{f} - \mathbf{f}_S\|_{\ell_2} = \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_2} \quad (1.18)$$

Si \mathbf{x} est parcimonieux ou compressible (dans le sens où ses coefficients x_i triés selon leur amplitude, en valeur absolue, décroissent rapidement), alors \mathbf{x} est bien approximé par \mathbf{x}_S et, donc, l'erreur $\|\mathbf{f} - \mathbf{f}_S\|_{\ell_2}$ est petite.

La conséquence de la parcimonie est maintenant claire, quand un signal a un développement parcimonieux, on peut rejeter les petits coefficients sans beaucoup de perte de qualité perceptuelle. La fig. 1.2 (c) montre un exemple où la perte perceptuelle d'une image de 1 méga pixels est à peine perceptible avec son approximation obtenue en éliminant (par mise à zéro) 97.62% de ses coefficients.

Ce principe est, bien sûr, à la base de la plupart des compressions modernes avec pertes, « *lossy compression* », comme JPEG-2000 [19] et beaucoup d'autres, puisque une méthode simple pour la compression de données serait de calculer le développement \mathbf{x} de \mathbf{f} puis de coder, d'une façon « adaptée » à son contenu, les emplacements et les valeurs des S coefficients les plus significatifs.

Un tel processus exige cependant la connaissance de tous les n coefficients de \mathbf{x} , parce que les emplacements des coefficients les plus significatifs ne peuvent pas être connus à l'avance (ils sont dépendants du signal); dans l'exemple de la fig. 1.2, ils ont tendance à être rassemblés autour des bords dans l'image.

Plus généralement, la parcimonie est une propriété de modélisation (ou classification) de base, d'un signal, qui permet d'effectuer efficacement des opérations fondamentales en traitement du signal telle que sa compression. Son impact le plus spectaculaire est sur le processus d'acquisition lui-même: la parcimonie pose les fondements d'une acquisition efficace des signaux d'une façon non adaptée au contenu de \mathbf{x} .

3.2. Échantillonnage incohérent

Supposons que l'on a une paire de bases orthonormées (Φ, Ψ) de \mathbb{R}^n . La première base Φ est utilisée pour l'acquisition du signal f , et la deuxième base Ψ est utilisée pour la reconstruction de la représentation x de f . On verra par la suite que Ψ est choisie de façon à avoir une représentation x parcimonieuse de f . La condition des bases orthonormées n'est pas essentielle mais simplifiera la présentation.

Définition 1:

La cohérence entre la base d'acquisition Φ et la base de représentation Ψ est mesurée par:

$$\mu(\Phi, \Psi) = n \times \max_{1 \leq k, j \leq n} |\langle \varphi_k, \psi_j \rangle|^2 \quad (1.19)$$

La cohérence mesure la plus grande corrélation entre n'importe quel couple de colonnes de Φ et Ψ (voir aussi [20]). On peut facilement déduire que $\mu(\Phi, \Psi) \in [1, n]$ [21]; Plus Φ et Ψ contiennent des éléments corrélés, plus la cohérence est grande.

Le « compressive sampling » trouve son intérêt avec les paires de bases fournissant une faible cohérence. Quelques exemples sont donnés ci-dessous :

- Dans le premier exemple, on prend pour Φ la base canonique $\varphi_k(t) = \delta(t - k)$, et pour Ψ la base de Fourier, $\psi_j(t) = \frac{1}{\sqrt{n}} e^{i\frac{2\pi jt}{n}}$. Puisque Φ est la matrice d'acquisition, ceci correspond à l'arrangement d'échantillonnage classique dans le temps ou dans l'espace. Les paires temps-fréquence ou espace-fréquence donnent une cohérence minimale $\mu(\Phi, \Psi) = 1$ et donc, on trouve le maximum d'incohérence. De plus, cette incohérence maximale entre les impulsions et les sinusoides ne se limite pas seulement au cas unidimensionnel, mais s'étend aussi au cas multidimensionnel.
- Le deuxième exemple prend une base d'ondelettes pour base de parcimonie ou de reconstruction Ψ et les noiselets (voir la définition dans [22]) pour base d'acquisition Φ . La cohérence entre les ondelettes de Haar et les noiselets est 2, et entre les noiselets et les ondelettes Daubechies D4 et D8, est de 2.2^2 et 2.8^2 , respectivement, et ceci pour une grande plage de valeurs de n . L'intérêt des noiselets vient du fait qu'elles sont incohérentes avec les bases donnant des représentations parcimonieuses des images (e.g. les ondelettes) et d'autres type de signaux, et qu'ils possèdent des algorithmes rapides ne nécessitant pas le stockage de leur matrice complète afin de pouvoir effectuer un produit matrice-vecteur. Ceci est primordial pour obtenir des applications CS numériques efficaces.
- Enfin, les matrices aléatoires sont largement incohérentes avec n'importe quelle base fixe Ψ ; choisissons par exemple aléatoirement une base orthonormée Φ ; ceci peut être réalisé en ortho-normalisant n vecteurs choisis de façon aléatoire et uniforme sur la sphère unité. On montre que la cohérence de cette base avec Ψ est de l'ordre de $2 \log n$, avec grande probabilité.

Notons l'implication plutôt étrange du dernier exemple; si l'acquisition incohérente est recommandée, alors de *bons arrangements d'échantillonnage* seraient d'acquérir d'une façon non adapté (i.e. indépendamment du contenu informationnel de x) des corrélations avec des formes d'ondes aléatoires tel que le bruit blanc, par exemple.

La fig. 1.3 présente un arrangement de ce type. La représentation x de f est locale (parcimonieuse), les formes d'ondes de mesures, avec lesquels on va corréliser x , sont au contraire incohérente et globales (étendues). Ainsi dans chaque mesure y_i , on va acquérir un peu d'information à propos des coefficients non nuls de x et leurs emplacements, et le décodeur

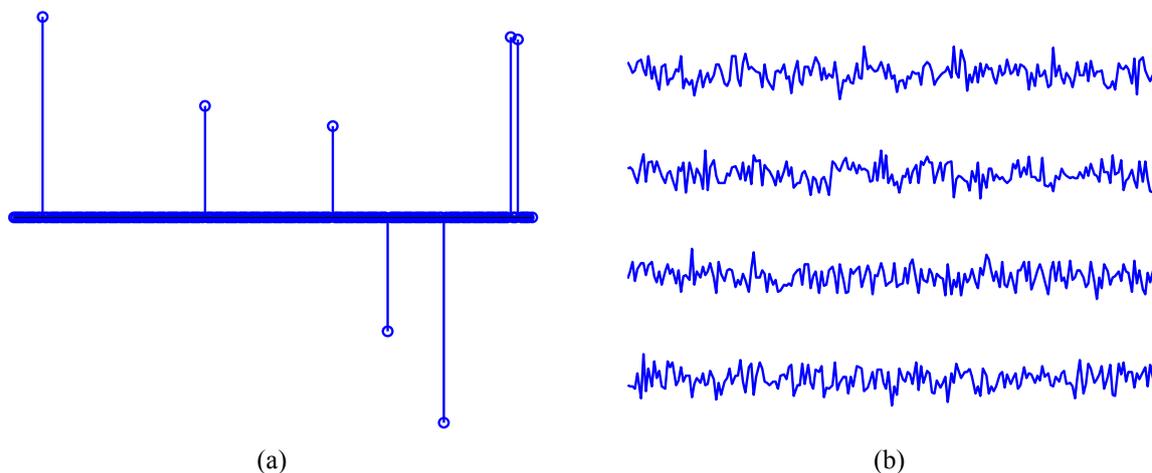


Fig. 1.3 : Acquisition aléatoire

(a) Le signal à reconstruire \mathbf{x} est local (parcimonieux).

(b) Les formes d'ondes de mesures avec lesquels sera corrélé \mathbf{x} sont globales (étendues).

CS va utiliser cette information pour reconstruire \mathbf{x} , *i.e.* les emplacements de ces coefficients non nuls et leurs amplitudes.

4. Sous-échantillonnage et reconstruction des signaux parcimonieux

Idéalement, on souhaite mesurer les n coefficients de \mathbf{x} , mais on a pu acquérir seulement un sous-ensemble de ceux-ci, de cardinalité $m < n$, et on a collecté l'information selon (1.2). Avec cette information, on décide de reconstruire le signal \mathbf{x} par minimisation selon la norme ℓ_1 .

La solution proposée $\hat{\mathbf{x}}$ par P1 correspond, parmi toutes les solutions possibles de $\mathbf{y} = \mathbf{Ax}$, *i.e.* compatibles avec les données mesurées, à celle dont la séquence des coefficients possède la plus petite norme ℓ_1 . Minimiser la norme ℓ_1 avec des contraintes d'égalités linéaires peut être facilement reformulé par un programme linéaire, ce qui met à notre disposition plusieurs algorithmes efficaces.

On note cependant que, la minimisation selon la norme ℓ_1 n'est pas le seul moyen de reconstruire des solutions parcimonieuses, d'autres algorithmes ont également été proposés. Nous présenterons quelques-uns dans la section 7, et nous aborderons en détail un de ces algorithmes, le « *orthogonal matching pursuit* » [23, 24, 25], OMP, dans la section 8.

Quand nous essayons d'aborder une théorie générale du CS, il y a principalement deux grandes approches qui émergent et qui expliquent aussi la relation entre la minimisation de la norme ℓ_1 et le décodage CS :

- La première est une approche probabiliste basée sur l'incohérence. Les derniers résultats dans cette approche sont très récents [26, 27].
- La deuxième est une approche « déterministe » basée sur ce qu'on appelle propriété isométrie restreinte ou RIP (*restricted isometry property*). Cette deuxième approche utilise nécessairement la probabilité à un certain point, car la théorie du CS est probabiliste par nature, mais l'avantage de la deuxième approche est de dénouer complètement la partie probabiliste de la partie déterministe.

4.1. Approche probabiliste du « compressed sensing »

Notation temporaire : $a[i]$ représente la $i^{\text{ème}}$ composante du vecteur \mathbf{a} .

On acquiert un signal $\mathbf{x} \in \mathbb{C}^n$ en le corrélant avec $k = 1, \dots, m$ formes d'ondes de façon à assembler un système d'équations linéaires sous déterminé

$$y_k = \langle \mathbf{a}_k, \mathbf{x} \rangle \quad \text{ou} \quad \mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} \quad (1.20)$$

où y_k représente la composante k du vecteur \mathbf{y} .

Ainsi chaque ligne de \mathbf{A} est un vecteur \mathbf{a}_k^* (où * signifie « conjugué transposé ») et on va supposer que ces \mathbf{a}_k sont choisis aléatoirement dans une population $P : \mathbf{a}_k \sim P$.

On a alors un modèle de mesure simple, on observe à chaque fois $\mathbf{a}_k^* \cdot \mathbf{x}$. Par exemple si P représente la famille des sinusoides complexes, ceci correspond à un modèle d'échantillonnage de Fourier, les mesures acquises correspondent à des coefficients de TFD du signal \mathbf{x} .

L'approche probabiliste du CS demande d'imposer à P les deux propriétés suivantes :

- **Isotropie**

On dit que \mathbf{A} respecte l'isotropie si :

$$\mathbb{E} \mathbf{a} \mathbf{a}^* = \mathbf{I} \quad \mathbf{a} \sim P \quad (1.21)$$

Où \mathbf{I} est la matrice unité de dimension adéquate. Si P possède une moyenne nulle (non indispensable), alors $\mathbb{E} \mathbf{a} \mathbf{a}^*$ sera la matrice de covariance de P . En d'autres termes, la condition d'isotropie garantit que les composantes du vecteur $\mathbf{a}_k \sim P$, possèdent une variance égale à 1 et sont non corrélées.

- **La cohérence**

On peut définir le paramètre de cohérence $\mu(P)$ par le plus petit nombre tel que :

$$\max_{1 \leq i \leq n} |a[i]|^2 \leq \mu(P) \quad (1.22)$$

de façon déterministe ou stochastique. Dans l'approche stochastique on demande que l'inégalité soit respectée avec large probabilité. Plus $\mu(P)$ est faible, i.e. plus les vecteurs d'acquisition sont incohérents, moins d'échantillons sont nécessaires pour une reconstruction exacte.

Les propriétés d'isométrie et d'incohérence garantissent que les vecteurs parcimonieux se trouvent loin de l'espace nul de la matrice d'acquisition \mathbf{A} dont les lignes sont les \mathbf{a}_k^* .

Le rôle de la condition d'isotropie est d'assurer que la matrice de mesure ne soit pas de rang déficitaire (*rank deficient*), lorsque suffisamment de mesures sont prises (il en est de même pour des sous-ensembles de colonnes de \mathbf{A}).

Nous donnons, ci-dessous, quelques mécanismes d'acquisitions satisfaisant aux deux propriétés que l'on vient de citer.

Matrices \mathbf{A} possédant des vecteurs d'acquisition à composantes indépendantes:

Supposons que les composantes de $\mathbf{a}_k \sim P$ ont des distributions indépendantes avec une moyenne nulle et une variance unité, alors P est isotrope. De plus, si la distribution de chacune des composantes est de type « à queue longue » (e.g. exponentielle, gamma, normale, Weibull), alors les mesures sont clairement incohérentes.

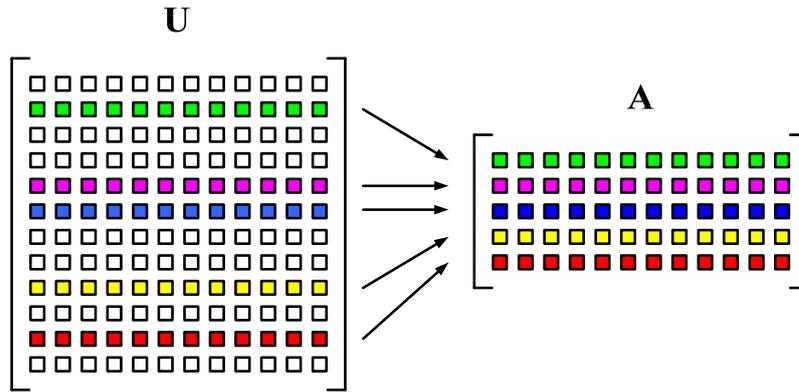


Fig. 1.4 : Choix aléatoire de lignes d'une matrice orthogonale \mathbf{U} .

Un premier cas particulier est lorsque $\mathbf{a}_k \sim N(0, I)$, couramment connu dans la littérature du CS par l'ensemble de mesures gaussiennes, « *Gaussian measurement ensemble* », on démontre que l'on peut prendre $\mu(P) = 6 \log n$ [26].

Un autre cas particulier est le « *binary measurement ensemble* », où les composantes de \mathbf{a}_k sont des variables de Bernoulli prenant les valeurs ± 1 avec une probabilité $1/2$. Ici le vecteur d'acquisition \mathbf{a}_k est simplement une séquence aléatoire ± 1 . Évidemment $\mathbb{E}\mathbf{a}\mathbf{a}^* = \mathbf{I}$ et $\mu(P) = 1$, on atteint ainsi la cohérence minimale. Une version décalée de cette distribution a été utilisée dans le mécanisme d'acquisition du « *single pixel imaging* » [28, 29].

Matrices \mathbf{A} obtenues à partir de transformations orthogonales sous-échantillonnées, connues par isométries partielles :

Supposons que l'on a une matrice orthogonale \mathbf{U} respectant $\mathbf{U}^*\mathbf{U} = \mathbf{I}$. Considérons le mécanisme d'échantillonnage où l'on choisit, aléatoirement, des lignes de \mathbf{U} d'une façon uniforme et indépendante (fig. 1.4). Clairement ce procédé est *isotrope* $\mathbb{E}\mathbf{a}\mathbf{a}^* = \mathbf{I}$, et

$$\mu(P) = \max_{ij} |U_{ij}|^2.$$

Dans le cas particulier où \mathbf{U} est la matrice de la transformation de Fourier discrète (TFD), ceci correspond à choisir aléatoirement $k = 1, \dots, m$ fréquences dans $\{0, 1, \dots, n - 1\}$ de façon uniforme :

$$\mathbf{a}_k[t] = e^{i\frac{2\pi kt}{n}}, \quad 0 \leq t \leq n - 1$$

L'*isotropie* est alors :

$$\mathbb{E}\mathbf{a}\mathbf{a}^*[t, t'] = \frac{1}{n} \sum_k e^{i\frac{2\pi k(t-t')}{n}} = \delta[t - t']$$

δ étant le symbole de Kronecker. La cohérence est :

$$\mu(P) = \max_{ij} |U_{ij}|^2 = 1$$

On atteint encore ici la cohérence minimale ce qui est bien pour le CS.

Ce type d'acquisition s'étend aux couples de bases orthogonales où $\mathbf{U} = \mathbf{\Phi}\mathbf{\Psi}$, dans lequel $\mathbf{\Phi}$ est généralement considérée comme base d'échantillonnage ou d'acquisition, et $\mathbf{\Psi}$ est considérée comme base de parcimonie ou de reconstruction. Comme nous l'avons déjà mentionné, le CS trouve son intérêt dans des couples de bases à faible cohérence.

Les exemples abondent (voir [26, 27]), et l'on a un système d'acquisition qui s'adapte à différents procédés d'échantillonnage réalisables pratiquement.

4.1.1. Échantillonnage de signaux parcimonieux

Maintenant que nous avons décrit ce procédé simple d'échantillonnage, nous allons assembler notre système sous-déterminé, et reconstruire le signal \mathbf{x} à partir de $m \ll n$ mesures, en utilisant P1.

Théorème 1.2: [26]

Soit \mathbf{x} un vecteur S -parcimonieux fixé, mais arbitraire, dans \mathbb{R}^n , et prenons n'importe quel scalaire $\beta > 0$. Alors, avec une probabilité d'au moins égale à $1 - \frac{5}{n} - e^{-\beta}$, le vrai \mathbf{x} est le minimum unique de P1 avec $\mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x}$, à condition que

$$m \geq C_\beta \cdot \mu \cdot S \cdot \log n \quad (1.23)$$

Plus précisément C_β peut être choisi de la forme $C_0(1 + \beta)$ pour une certaine constante positive C_0

Ce théorème étend un résultat antérieur [21], qui supposait un modèle sous-échantillonné orthogonal. Il le renforce aussi dans le sens que le résultat de [21] concernait les vecteurs \mathbf{x} avec des composantes de signe aléatoire. Ici, \mathbf{x} est arbitraire, aucune hypothèse n'est faite à propos de la distribution de son support ou du signe de ses composantes.

On note les quatre observations suivantes:

- Le théorème ne démontre pas que, si la matrice \mathbf{A} est obtenue aléatoirement, puis fixée, alors on va pouvoir reconstruire tous les vecteurs \mathbf{x} , S -parcimonieux. Il précise que si on s'est donné un signal \mathbf{x} arbitraire, et puis si l'on collecte les mesures en appliquant le procédé aléatoire d'acquisition, alors la reconstruction de \mathbf{x} va être exacte avec une très grande probabilité. Ainsi ce résultat manque d'universalité, qui sera par contre garantie à l'aide de la RIP de \mathbf{A} , propriété qui sera vue ultérieurement.
- Une cohérence faible signifie que moins d'échantillons sont nécessaires pour reconstruire \mathbf{x} .
- Il n'y a pas de perte d'information en mesurant, n'importe quel ensemble de m coefficients ($m \ll n$). Si μ est égale ou proche de un, alors un nombre d'échantillons de l'ordre de $S \cdot \log n$ est suffisant.
- Le signal \mathbf{x} peut être exactement reconstruit à partir d'un petit ensemble de données en minimisant un problème convexe, qui ne demande aucune connaissance a priori, sur le nombre de composantes non nulles de \mathbf{x} , leurs emplacements ou leurs amplitudes; toutes ces informations sont supposées inconnues a priori. Un algorithme de reconstruction convenable (P1 ici) peut assurer une reconstruction exacte du signal s'il est suffisamment parcimonieux.

Le théorème 1.2 suggère en effet un protocole d'acquisition très pratique: échantillonner aléatoirement dans un domaine incohérent et utiliser la programmation linéaire après l'étape d'acquisition pour faire la reconstruction.

En utilisant ce protocole, on aura effectivement acquis le signal sous une forme compressée. Pour le "décompresser", il nous faut un décodeur, qui est assuré par la minimisation selon la norme ℓ_1 .

Supposons que l'on s'intéresse à l'échantillonnage d'un signal à large bande spectrale, mais à spectre parcimonieux. Sa représentation est de la forme :

$$f(t) = \sum_{j=0}^{n-1} x_j \cdot e^{i\frac{2\pi jt}{n}} \quad \text{avec } t = 0, 1, \dots, n-1$$

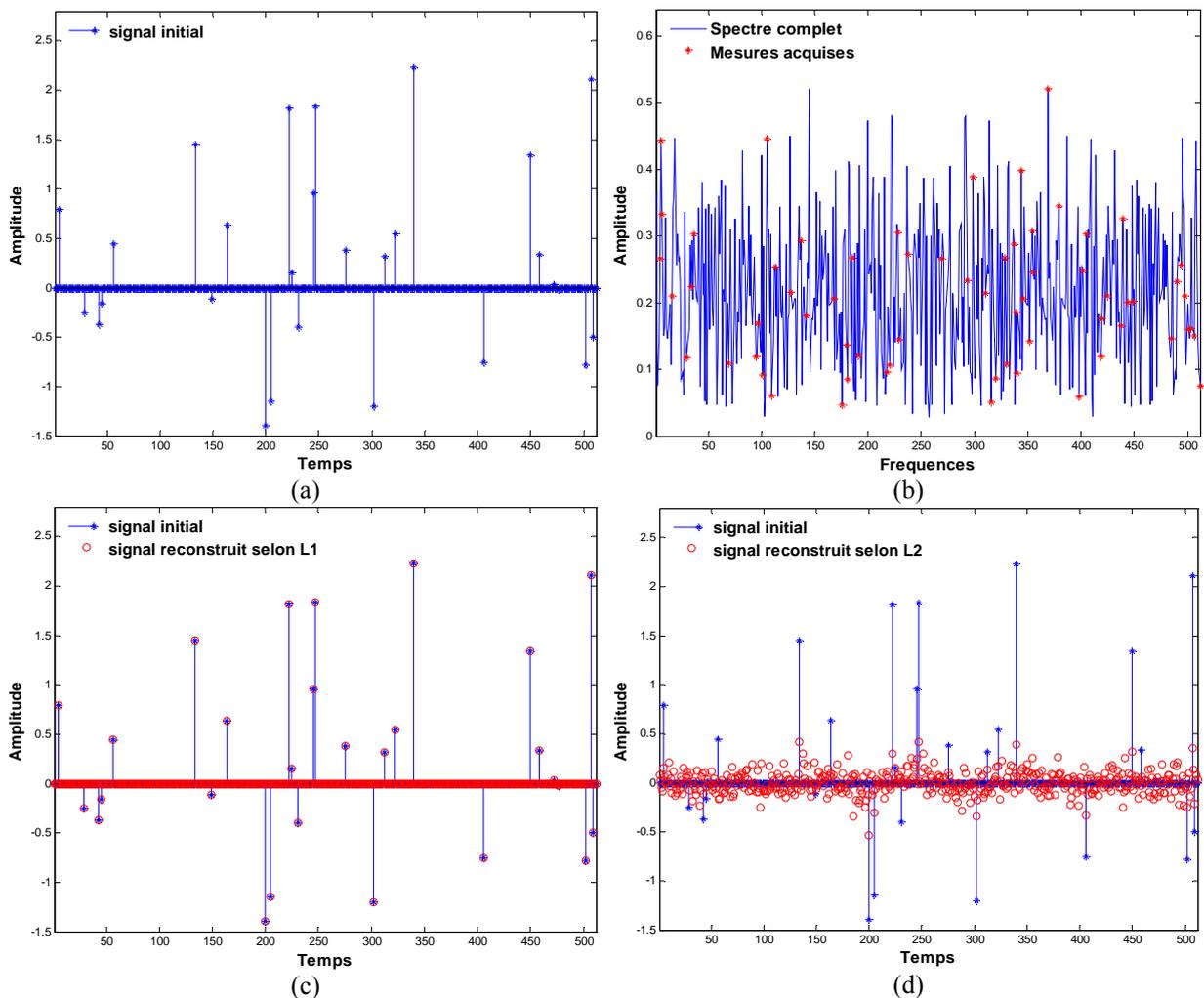


Fig. 1.5 : Échantillonnage, dans le domaine fréquentiel, et reconstruction, dans le domaine temporel, d'un signal x S -parcimonieux.

- (a) Un signal x réel de dimension $n = 512$, 28 -parcimonieux ($S = 28$) dans le domaine temporel.
- (b) Son spectre complet, en bleu, avec $m = 64$ coefficients de Fourier choisis aléatoirement (échantillonnage spectral), en rouge.
- (c) Une reconstruction exacte, à partir des m coefficients de Fourier, par minimisation selon la norme ℓ_1 .
- (d) Une reconstruction fautive, à partir de ces 64 coefficients de Fourier, par minimisation selon la norme ℓ_2 ;

Les reconstructions par minimisation selon les normes ℓ_1 , et ℓ_2 , donnent des résultats totalement différents, la solution ℓ_2 ne donne même pas une approximation raisonnable du signal x .

où n est très grand, mais où le nombre de composantes non nulles parmi les x_j est inférieur ou égal à S (qu'on suppose petit par rapport à n). On ne connaît pas, a priori, ni les amplitudes ni les indices de ces composantes non nulles. On note par T_0 l'ensemble de ces indices. Puisque T_0 n'est pas nécessairement un sous-ensemble d'entiers consécutifs, la théorie de Nyquist – Shannon est le plus souvent inutile dans ce cas car on ne peut pas limiter la bande passante a priori; on croit alors que tous les n échantillons temporels sont nécessaires.

D'après le théorème 1.2, on peut reconstruire le signal x avec un support arbitraire de fréquences inconnues de taille S à partir d'un nombre d'échantillons temporels de l'ordre de $S \cdot \log n$. De plus, la manière de choisir ces échantillons est sans aucune importance.

La fig. 1.5 donne un exemple dans ce contexte, où l'on a inversé les rôles: le signal étant S -parcimonieux dans le temps, et on échantillonne son spectre. Pour d'autres types de résultats théoriques, en ce sens, en utilisant des idées totalement différentes, voir les références [30, 31] et [32].

Examinons le rôle que joue la probabilité. Pour obtenir des résultats acceptables, il faut recourir à une déclaration probabiliste car on ne peut pas espérer des résultats vrais pour n'importe quel ensemble d'échantillons de taille m . C'est ainsi qu'il y a des signaux parcimonieux, à composantes nulles à peu près partout dans le domaine d'acquisition Φ (on suppose $\mathbf{A} = \mathbf{R}\Phi$ ou $\mathbf{A} = \mathbf{R}\Phi\Psi$). En d'autres termes, on peut trouver des signaux \mathbf{x} parcimonieux et un grand nombre de sous-ensembles de taille proche de n (par exemple, $n - S$) pour lesquels on a $y_k = \langle \mathbf{x}, \mathbf{a}_k \rangle = 0$. C'est le cas par exemple du peigne de Dirac [1, 33] (voir aussi annexe A)

Avec de tels sous-ensembles, on pourrait capter une séquence de zéros et aucun algorithme ne serait capable de reconstruire le signal, mais ceci, d'après le théorème 1.2, est très peu probable. Ce théorème nous laisse espérer, et d'une manière très probable, qu'avec d'autres sous-ensembles de m mesures, on peut obtenir une reconstruction exacte de \mathbf{x} .

Ainsi, on doit tolérer une probabilité de défaillance qui est extrêmement faible. Pratiquement, la probabilité de défaillance est nulle si le nombre d'échantillons mesurés est suffisamment grand.

4.1.2. Un « compressed sensing » robuste

Le théorème 1.2 montre qu'on peut reconstruire les signaux parcimonieux de taille n à partir de m mesures avec $m \ll n$. Cependant, pour qu'il soit pratiquement utilisable, le CS doit être en mesure de donner des résultats acceptables dans les deux cas suivants :

- des signaux quasi-parcimonieux, *i.e.* compressible.
- des mesures bruitées.

En effet, les signaux d'intérêt pratique ne sont pas exactement parcimonieux, mais quasi-parcimonieux, *i.e.* compressibles dans une base appropriée. La question ici est de savoir s'il est possible d'obtenir des reconstructions de ces signaux à partir de mesures sous-échantillonnées.

Deuxièmement, dans toute application réelle les mesures acquises seront nécessairement corrompues par du bruit, les dispositifs de mesure étant à précision finie.

Il est donc impératif que le CS soit robuste vis-à-vis de ces cas réalistes, de façon que, les petites perturbations dans les données provoquent de petites perturbations à la reconstruction.

Cette section examine ces deux questions simultanément.

Nous formulons le problème de reconstruction de $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n$ à partir de $\mathbf{y} \in \mathbb{R}^m$ comme suit :

$$\mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} + \sigma\mathbf{z} \quad (1.24)$$

où \mathbf{A} est la matrice d'acquisition de dimensions $m \times n$ avec $m < n$, \mathbf{y} l'information bruitée qu'on possède sur \mathbf{x} , et \mathbf{z} un bruit blanc de moyenne nulle et de variance unitaire.

4.1.2.1. Reconstruction de signaux arbitraires bruités

Pour reconstruire \mathbf{x} à partir des données \mathbf{y} selon le modèle (1.24), nous considérons le problème suivant de minimisation sans contrainte appelé LASSO, «*least absolute shrinkage and selection operator*» [34], qui résout un problème de moindres carrés régularisé par ℓ_1 :

$$\text{LASSO} \quad \hat{\mathbf{x}} = \underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n}{\operatorname{argmin}} \frac{1}{2} \|\mathbf{A}\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_2 + \lambda\sigma\|\mathbf{x}\|_1 \quad (1.25)$$

Le théorème suivant donne une **majoration** de la performance de la reconstruction obtenue par la solution du LASSO (1.25) :

Théorème 1.3:[26]

Soient \mathbf{x} un vecteur arbitraire donné dans \mathbb{R}^n , et $\beta > 0$ un scalaire quelconque. Alors, avec une probabilité d'au moins égale à $1 - \frac{6}{n} - 6e^{-\beta}$, la solution $\hat{\mathbf{x}}$ du LASSO avec $\lambda = 10\sqrt{\log n}$, respecte l'inégalité suivante:

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_2} \leq \min_{1 \leq s \leq S} C(1 + \alpha) \left[\frac{\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_s\|_{\ell_1}}{\sqrt{s}} + \sigma \sqrt{\frac{s \log n}{m}} \right] \quad (1.26)$$

à condition que $m \geq C_\beta \cdot \mu \cdot S \cdot \log n$. Si on mesure l'erreur selon la norme ℓ_1 , alors

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_1} \leq \min_{1 \leq s \leq S} C(1 + \alpha) \left[\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_s\|_{\ell_1} + s\sigma \sqrt{\frac{s \log n}{m}} \right] \quad (1.27)$$

Ici, C est une constante numérique, C_β peut être choisi comme précédemment et

$\alpha = \sqrt{\frac{(1+\beta)s\mu \log(n) \log(m) [\log(s)]^2}{m}}$ n'est jamais supérieur à $[\log(n)]^{3/2}$ dans ce contexte.

S est interprété comme la borne supérieure de parcimonie « s » permise, qui conduit à une reconstruction stable. On peut prendre $S = \frac{m}{C_\beta \cdot \mu \cdot \log n}$. Ces bornes d'erreur robustes ne nécessitent pas un modèle aléatoire du signal ou la propriété RIP de \mathbf{A} (voir la section suivante), ni l'une des conditions qui lui sont étroitement liées [35, 36, 37].

Un autre algorithme souvent discuté pour la régression parcimonieuse avec des mesures bruitées selon le même modèle (1.24), est le « sélecteur de Dantzig » [38]. Ici, l'estimation $\hat{\mathbf{x}}$ est donnée par la solution du programme linéaire :

$$\textbf{Dantzig} \quad \hat{\mathbf{x}} = \underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n}{\operatorname{argmin}} \|\mathbf{x}\|_{\ell_1} \text{ avec la contrainte } \|\mathbf{A}^*(\mathbf{A}\mathbf{x} - \mathbf{y})\|_{\ell_\infty} \leq \lambda\sigma \quad (1.28)$$

où $\|\cdot\|_{\ell_\infty}$ dénote la norme ℓ_∞ , qui représente la plus grande composante, en valeur absolue, dans un vecteur, et λ un paramètre qui contrôle la fiabilité de la reconstruction. Le théorème suivant montre que la solution du sélecteur de Dantzig obéit, à peu près, à la même borne supérieure.

Théorème 1.4: [26]

Le sélecteur de Dantzig, avec $\lambda = 10\sqrt{\log n}$, et dans les conditions du théorème 1.3 respecte les deux inégalités suivantes

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_2} \leq \min_{s \leq S} C(1 + \alpha^2) \left[\frac{\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_s\|_{\ell_1}}{\sqrt{s}} + \sigma \sqrt{\frac{s \log n}{m}} \right] \quad (1.29)$$

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_1} \leq \min_{s \leq S} C(1 + \alpha^2) \left[\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_s\|_{\ell_1} + s\sigma \sqrt{\frac{s \log n}{m}} \right] \quad (1.30)$$

Avec les mêmes probabilités que précédemment.

4.2. Approche déterministe du « compressed sensing »

La deuxième approche décrivant une théorie générale du CS, et la relation entre la minimisation de la norme ℓ_1 et le décodage des mesures acquises, utilise une notion clé, très utile pour étudier la robustesse générale du CS selon une « approche déterministe » ; elle s'appelle la « propriété d'isométrie restreinte » ou « *Restricted Isometry Property* », RIP.

4.2.1. Propriété d'isométrie restreinte (RIP)

Cette propriété, caractérisant une matrice donnée, est aussi connue par « le principe d'incertitude uniforme », « *Uniform Uncertainty Principle* », UUP. La RIP a d'abord été introduite dans [14], raffinée ensuite dans [2], et les derniers résultats concernant ses implications sur le CS sont donnés dans [16]. On donne ici sa définition de [16] :

Définition 1.2:

Pour chaque entier « $S = 1, 2, 3, \dots$ », on définit les **constantes d'isométrie** δ_S d'une matrice **A** comme le plus petit nombre tel que l'inégalité suivante :

$$(1 - \delta_S) \|\mathbf{x}\|_{\ell_2}^2 \leq \|\mathbf{Ax}\|_{\ell_2}^2 \leq (1 + \delta_S) \|\mathbf{x}\|_{\ell_2}^2 \quad (1.31)$$

avec $0 < \delta_S < 1$

est vérifiée pour tout vecteur \mathbf{x} , S -parcimonieux.

Un vecteur $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n$ est dit S -parcimonieux si les indices de ses composantes non nulles appartiennent à un sous-ensemble $T \subset \{1, \dots, n\}$ tel que $\text{Cardinal}(T) = |T| \leq S$

Ces constantes d'isométrie sont définies pour chaque valeur de S , on a ainsi $\delta_1, \delta_2, \delta_3, \dots$, qui correspondent respectivement à des signaux \mathbf{x} , S -parcimonieux, c.à.d. avec au plus 1, 2, 3, etc., composantes non nulles.

Afin de reconstruire le signal exact \mathbf{x} S -parcimonieux à partir de $\mathbf{y} = \mathbf{Ax}$, il faut que \mathbf{x} soit unique. En utilisant (1.31), on démontre dans [2, 16] que si $\delta_{2S} < 1$, alors il existe un signal \mathbf{x} unique S -parcimonieux qui donne $\mathbf{y} = \mathbf{Ax}$.

En effet, supposons que $\delta_{2S} < 1$, et que nous avons deux vecteurs distincts, \mathbf{v} et \mathbf{v}' , S -parcimonieux, dont les supports respectifs T et T' sont tels que $|T| \leq S$ et $|T'| \leq S$, et que $\mathbf{y} = \mathbf{Av} = \mathbf{Av}'$. Alors $\mathbf{A}(\mathbf{v} - \mathbf{v}') = \mathbf{Ah} = \mathbf{0}$. Le vecteur $\mathbf{h} = \mathbf{v} - \mathbf{v}'$ a comme support $T \cup T'$, de cardinal inférieur ou égal à δ_{2S} . En appliquant (1.31) pour ce vecteur, on obtient:

$$(1 - \delta_{2S}) \|\mathbf{h}\|_{\ell_2}^2 \leq (\|\mathbf{Ah}\|_{\ell_2}^2 = 0)$$

Nous concluons que $\|\mathbf{h}\|_{\ell_2}^2 = \|\mathbf{v} - \mathbf{v}'\|_{\ell_2}^2 = 0$, parce que $\delta_{2S} < 1$, ce qui contredit l'hypothèse que \mathbf{v} et \mathbf{v}' sont distincts.

Dans l'autre sens [16], supposons que $\delta_{2S} = 1$, alors $2S$ colonnes de **A** peuvent être linéairement dépendantes et nous pouvons trouver un vecteur $2S$ -parcimonieux \mathbf{h} appartenant à l'espace nul de **A**, donnant $\mathbf{Ah} = \mathbf{0}$. Nous pouvons alors décomposer \mathbf{h} sous la forme $\mathbf{v} - \mathbf{v}'$ où les deux vecteurs \mathbf{v} et \mathbf{v}' , sont à la fois tous les deux S -parcimonieux. Cela donne $\mathbf{A}(\mathbf{v} - \mathbf{v}') = \mathbf{0}$ et par suite $\mathbf{Av} = \mathbf{Av}' = \mathbf{y}$. Ce qui signifie que si $\delta_{2S} = 1$, un signal S -parcimonieux n'est pas unique et par suite, sous la seule contrainte de parcimonie, n'est pas reconstructible.

Remarquons que, pour de petites valeurs de δ_S , la norme du vecteur des mesures $\mathbf{y} = \mathbf{Ax}$, est environ égale à la norme de \mathbf{x} . **A** se comporte approximativement comme une isométrie

On dit, de façon informelle, qu'une matrice **A** obéit à la RIP d'ordre S , si δ_{2S} n'est pas trop près de 1 (on définira ce seuil formellement dans ce qui suit). Lorsque cette propriété est

vérifiée, elle implique que les vecteurs S -parcimonieux ne peuvent pas être dans l'espace nul de \mathbf{A} , $N(\mathbf{A})$. Cela est très important car autrement il n'y aurait aucun espoir de reconstruction de ces vecteurs.

Une description équivalente de la RIP, est de dire que tous les sous-ensembles de S colonnes, choisies de \mathbf{A} , sont presque orthogonaux (les colonnes de \mathbf{A} ne peuvent pas être exactement orthogonales puisque nous avons plus de colonnes que de lignes).

Pour voir le lien entre la RIP et le CS, imaginons que l'on veut acquérir des signaux S -parcimonieux avec \mathbf{A} , et supposons que δ_{2S} est suffisamment inférieur à 1. Cela implique que toutes les distances entre les paires de signaux S -parcimonieux doivent être bien conservées dans cet espace de mesure. C'est-à-dire que la double inégalité suivante

$$(1 - \delta_{2S})\|\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2\|_{\ell_2}^2 \leq \|\mathbf{A}\mathbf{x}_1 - \mathbf{A}\mathbf{x}_2\|_{\ell_2}^2 \leq (1 + \delta_{2S})\|\mathbf{x}_1 - \mathbf{x}_2\|_{\ell_2}^2 \quad (1.32)$$

est vérifiée pour tout couple $\mathbf{x}_1, \mathbf{x}_2$ de vecteurs S -parcimonieux.

Comme on va le voir dans le paragraphe suivant, ce fait garantit l'existence d'algorithmes efficaces et robustes pour discriminer des signaux S -parcimonieux en se basant sur les « mesures compressibles » effectuées. Notons enfin que l'objectif est de reconstruire un signal \mathbf{x} S -parcimonieux, mais la condition d'unicité (et par conséquent la possibilité de reconstruction exacte) est basée sur δ_{2S} .

4.2.2. Reconstruction de signaux à partir de données sous-échantillonnées (mesures sans bruit)

Si la RIP est satisfaite, alors le programme d'optimisation convexe P1 (1.9), donne une reconstruction précise de \mathbf{x} . Le théorème 1.5 donne une **majoration déterministe** de la performance de la reconstruction $\hat{\mathbf{x}}$ obtenue en minimisant la norme ℓ_1

Théorème 1.5: (Candès, Tao - 2004) [39] (voir annexe B) (reformulé par Candès (2007) sous la forme suivante [16][40])

Si $\delta_{2S} < \sqrt{2} - 1 = 0.414$, alors la solution $\hat{\mathbf{x}}$ de (1.9) respecte les inégalités :

$$\begin{aligned} \|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_1} &\leq C_0 \cdot \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_1} \\ \text{et} \quad \|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_2} &\leq C_0 \cdot \frac{\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_1}}{\sqrt{S}} \end{aligned} \quad (1.33)$$

pour une certaine constante C_0 .

Où \mathbf{x}_S est la meilleure approximation de \mathbf{x} avec S coefficients, pratiquement en prenant les S plus grands coefficients de \mathbf{x} , et en annulant les autres coefficients (comme si nous savions au préalable leurs positions et leurs grandeurs exactement).

Les conclusions du théorème 1.5 sont très importantes

- Si \mathbf{x} est S -parcimonieux, alors $\mathbf{x} = \mathbf{x}_S$ et, par conséquent, la reconstruction est exacte.
- Si \mathbf{x} n'est pas S -parcimonieux, alors d'après (1.33), on peut dire que la qualité du signal reconstruit $\hat{\mathbf{x}}$ est aussi bonne que si l'on savait à l'avance l'emplacement et la valeur des S plus grands coefficients de \mathbf{x} . Ceci est important car il étend l'application du CS aux signaux, non seulement S -parcimonieux, mais compressibles (*i.e* où les coefficients du signal décroissent exponentiellement en valeur absolue).

- Une différence majeure avec les théorèmes de la section précédente (approche probabiliste) est que (1.33) est déterministe, elle ne comporte aucune probabilité. Si nous avons la chance d'avoir construit une matrice d'échantillonnage \mathbf{A} obéissant à l'hypothèse du théorème 1.5, on peut l'appliquer, et cela garantit la reconstruction exacte de tous les vecteurs S -parcimonieux, et des S plus grands coefficients de tous les autres vecteurs ; il n'y a aucune probabilité de défaillance.

Ce qui manque encore à ce point, est de connaître la relation entre S , le nombre de composantes que l'on peut reconstruire de façon efficace, obéissant à l'hypothèse du théorème 1-5, et m , le nombre de mesures ou de lignes de la matrice \mathbf{A} . Pour obtenir des résultats incontestables, on voudrait trouver des matrices obéissant à la RIP avec des valeurs de S aussi proches que possible de m . La section 4.2.4, montre quelques unes de ces matrices, mais d'abord, nous allons présenter la robustesse du CS vis-à-vis de données bruitées.

4.2.3. Reconstruction robuste de signaux à partir de données bruitées

On possède des données bruitées $\mathbf{y} \in \mathbb{R}^m$, modélisées par :

$$\mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} + \mathbf{w} \quad (1.34)$$

où \mathbf{w} représente le bruit sur les mesures acquises, de norme bornée par ε de façon déterministe ou stochastique.

Pour reconstruire $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n$, on utilise la minimisation selon la norme ℓ_1 avec des contraintes relâchées sur le résidu :

$$\hat{\mathbf{x}} = \underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n}{\operatorname{argmin}} \|\mathbf{x}\|_{\ell_1} \quad \text{sous la contrainte} \quad \|\mathbf{A}\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_{\ell_2} \leq \varepsilon \quad (1.35)$$

C'est encore un problème convexe et peut être résolu efficacement.

Le théorème suivant donne une **majoration déterministe** de la performance de la reconstruction $\hat{\mathbf{x}}$ obtenue par (1.35) pour des mesures bruitées :

Théorème 1.6: (Candès, Tao - 2004) [39] (*reformulé par Candès (2007) sous la forme suivante* [16][40]).

Si $\delta_{2S} < \sqrt{2} - 1 = 0.414$, alors la solution $\hat{\mathbf{x}}$ de (1.35) respecte l'inégalité suivante

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_2} \leq C_0 \cdot \frac{\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_1}}{\sqrt{S}} + C_1 \cdot \varepsilon \quad (1.36)$$

pour certaines constantes C_0 et C_1 .

Où \mathbf{x}_S est la meilleure approximation de \mathbf{x} avec S coefficients, pratiquement en prenant les S plus grands coefficients de \mathbf{x} , et en annulant les autres coefficients (comme si nous savions au préalable leurs positions et leurs grandeurs exactement).

L'erreur de reconstruction est bornée par la somme des deux termes :

- Le premier terme est l'erreur qui se produirait si l'on a des mesures exactes non bruitées.
- Le second terme est simplement proportionnel au niveau de bruit.

En outre, les constantes C_0 et C_1 sont généralement petites. Pour $\delta_{2S} = 1/4$ par exemple, on a $C_0 \leq 5.5$ et $C_1 \leq 6$.

Ce dernier résultat montre aussi que, dans la pratique, le CS est un mécanisme robuste d'acquisition. Il fonctionne avec tous les types de signaux et pas nécessairement des signaux parcimonieux, et il gère les données bruitées de façon efficace.

L'objet de la section suivante est de présenter des matrices d'acquisition efficaces, obéissant à la RIP, obtenues à partir de procédés d'acquisition réalistes.

4.2.4. Procédés d'acquisition respectant la RIP

On aimerait trouver des matrices d'acquisition \mathbf{A} , possédant la propriété que des sous-ensembles de vecteurs colonnes pris arbitrairement dans l'ensemble de toutes ses colonnes, sont presque orthogonaux. Plus ces sous-ensembles sont grands, plus nous allons reconstruire d'une façon efficace tout vecteur S -parcimonieux pour de plus grandes valeurs de S .

C'est ici que le caractère aléatoire intervient, une liste des matrices est proposée ci-dessous [2, 14, 21, 40]:

1. Former \mathbf{A} en choisissant n vecteurs colonnes au hasard, selon une loi uniforme, sur la sphère unité de \mathbb{R}^m ;
2. Matrice gaussienne : former \mathbf{A} par échantillonnage i.i.d. selon une distribution normale de moyenne nulle et de variance $1/m$; ou d'autres distribution déduites de la distribution gaussienne.
3. Matrice de Bernoulli : former \mathbf{A} par échantillonnage i.i.d., selon une distribution symétrique de Bernoulli avec $P(A_{i,j} = \pm 1/\sqrt{m}) = 1/2$.
4. Projection aléatoire : former \mathbf{A} par échantillonnage d'une projection aléatoire \mathbf{P} (matrices gaussiennes orthogonalisées), puis m lignes sont choisies au hasard, suivi de la normalisation: $\mathbf{A} = \sqrt{\frac{n}{m}} \mathbf{P}$;

Alors avec une très grande probabilité, toutes ces matrices possèdent la RIP avec $\delta_{2S} < \sqrt{2} - 1$ (qui est la condition suffisante des théorèmes 1.5 et 1.6), à condition que :

$$m \geq C \cdot S \log \frac{n}{S} \quad (1.37)$$

où C est une constante déterminée en fonction de chaque cas.

Dans tous ces exemples, la probabilité d'avoir une matrice d'acquisition qui ne possède pas la RIP quand (1.37) est respectée, est une puissance exponentielle négative en m .

On peut aussi établir la RIP pour des couples de bases orthonormées, avec $\mathbf{A} = \mathbf{R}\Phi\Psi$ où \mathbf{R} est une sous-matrice de l'identité qui extrait au hasard selon une loi uniforme m lignes de \mathbf{I} . Alors, il suffit d'avoir :

$$m \geq C \cdot S (\log n)^4 \quad (1.38)$$

pour que la RIP reste vérifiée avec une grande probabilité (voir aussi [14] et [41]).

Si l'on veut une probabilité de défaillance d'au plus $O(n^{-\beta})$ pour $\beta > 0$, alors le meilleur exposant connu pour (1.38) est cinq au lieu de quatre.

Cela montre que l'on peut reconstruire d'une manière stable et précise les signaux quasi-parcimonieux à partir de données sous-échantillonnées.

Enfin, la RIP est aussi vérifiée pour les matrices d'acquisition de la forme $\mathbf{A} = \Phi\Psi$ où Ψ est une base orthonormée arbitraire et Φ une matrice d'acquisition de dimension $m \times n$ tirée au hasard selon une distribution appropriée. Si on fixe Ψ et on remplit Φ selon l'un des points de 1 à 4 cités ci-dessus, alors, avec une très grande probabilité, la matrice $\mathbf{A} = \Phi\Psi$ obéit à la RIP pourvu que (1.37) soit satisfaite, où C est aussi une constante en fonction de chaque cas. Ces matrices aléatoires d'échantillonnage Φ sont à caractère universel [42] du fait que, la base dans laquelle le signal possède une représentation parcimonieuse Ψ (ou quasi-parcimonieuse) ne devrait même pas être connue lors de la conception du système de mesure.

5. Géométrie des minimisations ℓ_1 et ℓ_2 et équivalence $\ell_1 - \ell_0$

Pour reconstruire une représentation parcimonieuse \mathbf{x} d'un signal \mathbf{f} , on doit résoudre un problème d'optimisation P0 (1.7). Le terme $\|\mathbf{x}\|_{\ell_0}$ (pseudo-norme ℓ_0 de \mathbf{x}) dans P0 n'est autre que le nombre de composantes non nulles du vecteur \mathbf{x} . Ce qu'on vient de présenter dans ce chapitre, remplace P0 par P1 (1.9) afin d'échapper à la résolution d'un problème de complexité-NP.

La différence entre (P0) et (P1) est qu'on remplace le nombre de composantes non nulles par la somme des valeurs absolues des composantes. (P1) peut être reformulé, cependant, en un programme linéaire et résolu par l'une des techniques appropriées. Même si (P0) et (P1) sont fondamentalement différents, ils produisent la même réponse dans beaucoup de situations intéressantes, au prix d'un nombre de mesures y_k , un peu plus élevé pour (P1).

À ce stade deux questions se posent

- Pourquoi la minimisation selon la norme ℓ_1 est un substitut efficace pour promouvoir la parcimonie ?
- Pourquoi la minimisation selon la norme ℓ_1 est-elle assez différente de la minimisation selon ℓ_2 ?

La fig. 1.6 présente d'une manière géométrique les minimisations selon ℓ_1 et ℓ_2 en regardant dans \mathbb{R}^2 [34].

La partie (a) illustre une « boule ℓ_1 », de rayon r , dans \mathbb{R}^2 . Cette boule ℓ_1 est anisotrope. En effet, cette boule présente un angle vif le long des axes, à comparer à la boule de la norme euclidienne ℓ_2 dans (c), qui est circulaire et donc complètement isotrope.

La partie (b) présente le procédé de résolution du problème P1 (également dans \mathbb{R}^2): le point marqué \mathbf{x} est un vecteur parcimonieux (une seule de ses 2 composantes est différente de zéro), on a fait une seule mesure y_k (problème sous déterminé); la droite D est l'ensemble des points du plan qui partagent cette même valeur de mesure \mathbf{y} . Résoudre (P1) consiste à trouver le point sur cette droite ayant la plus petite norme ℓ_1 . Pour visualiser comment (P1) accomplit cette tâche, imaginons une boule (selon la norme ℓ_1) de petit rayon r et élargissons son rayon progressivement jusqu'à ce qu'elle rencontre la droite D . Ce premier point d'intersection est par définition le vecteur-solution de P1. La combinaison de l'anisotropie de la « boule ℓ_1 » et la planéité de l'espace D (linéarité dans 2D) fait que cette intersection se produit pour un point donné $\hat{\mathbf{x}}$, précisément là où les vecteurs parcimonieux \mathbf{x} sont situés.

Comparons ceci à ce qui se passerait si on remplaçait la norme ℓ_1 , par la norme ℓ_2 (ce qui transformerait alors la reconstruction en un problème des moindres carrés). La fig. 1.6 (c) remplace le losange de la boule selon ℓ_1 par la sphère, parfaitement isotrope, de la boule selon ℓ_2 . On peut voir que le point, de la première intersection $\hat{\mathbf{x}}$ de D avec la boule ℓ_2 en expansion, n'est pas parcimonieux !

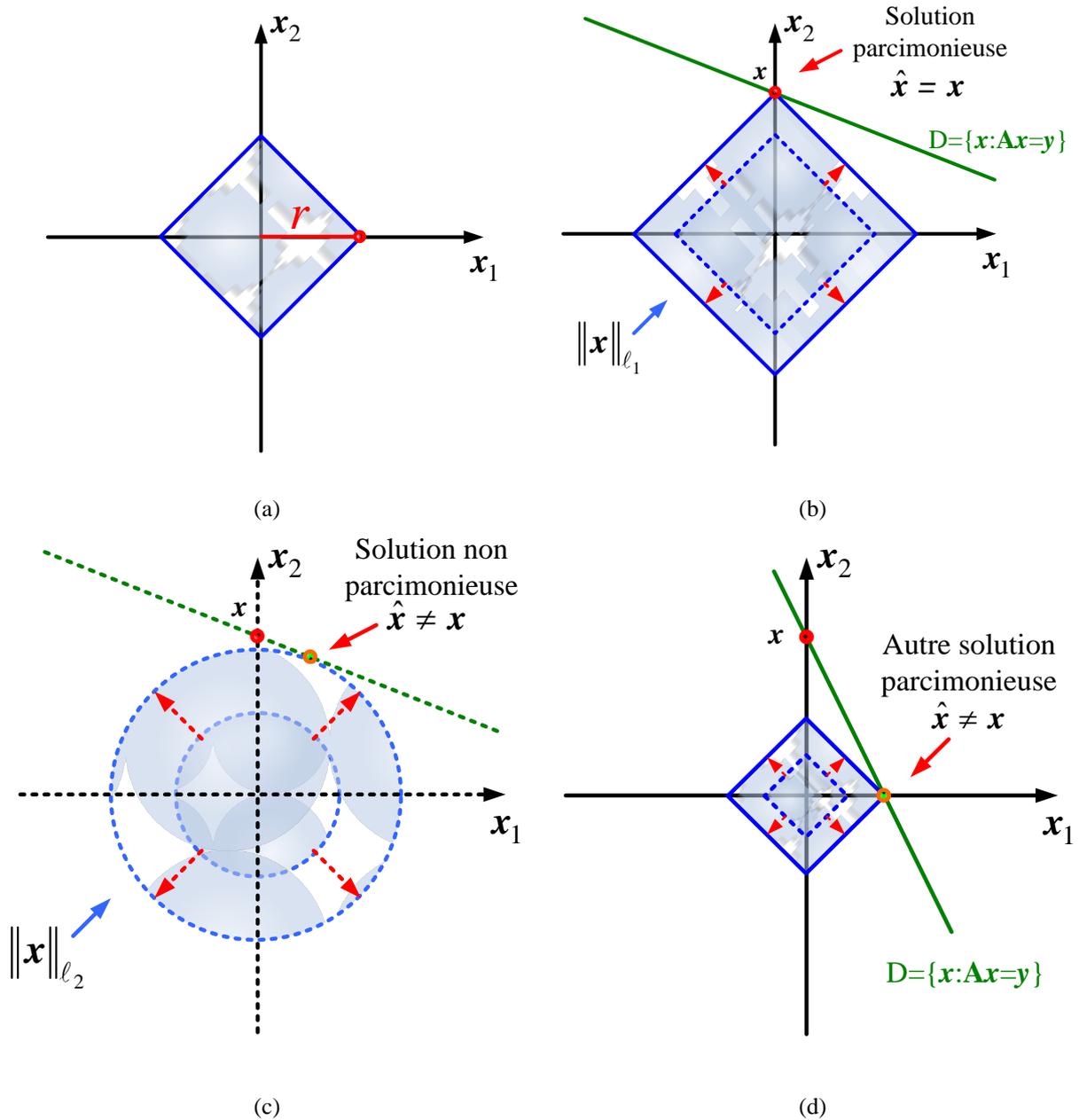


Fig. 1.6 : Géométrie des reconstructions selon ℓ_1 et ℓ_2 :

- (a) Boule ℓ_1 : la surface interne de la boule contient tous les vecteurs $x \in \mathbb{R}^2$ tel que $|x_1| + |x_2| \leq r$.
- (b) Solution par minimisation de la norme ℓ_1 de x . On trouve un vecteur \hat{x} parcimonieux qui correspond au signal x recherché.
- (c) Solution par minimisation de la norme ℓ_2 de x . Le vecteur solution \hat{x} n'est pas parcimonieux.
- (d) Illustration d'une solution \hat{x} parcimonieuse fautive si le nombre de mesures est insuffisant (voir théorème 1.2).

Il est vrai que, dans \mathbb{R}^2 , les deux solutions sont proches, mais dans des espaces de dimensions plus grandes, la différence devient importante (voir fig.1.5).

Malgré la petite différence dans les définitions des normes ℓ_1 et ℓ_2 (somme des coefficients en valeur absolue par rapport à la somme des carrés des coefficients), les minimisations selon l'une ou l'autre de ces normes se comportent de façons totalement différentes.

Bien sûr, on pourrait avoir un cas similaire à (d), en prenant une autre mesure y_k , qui mène à une autre solution, aussi parcimonieuse, mais qui ne correspond pas à la vraie solution, mais selon le théorème 1.2, si l'on fait m mesures tel que $m \geq C_\beta \cdot \mu \cdot S \cdot \log n$, on ne sera jamais dans la situation (d), mais dans la situation (b) et ceci avec une très grande probabilité.

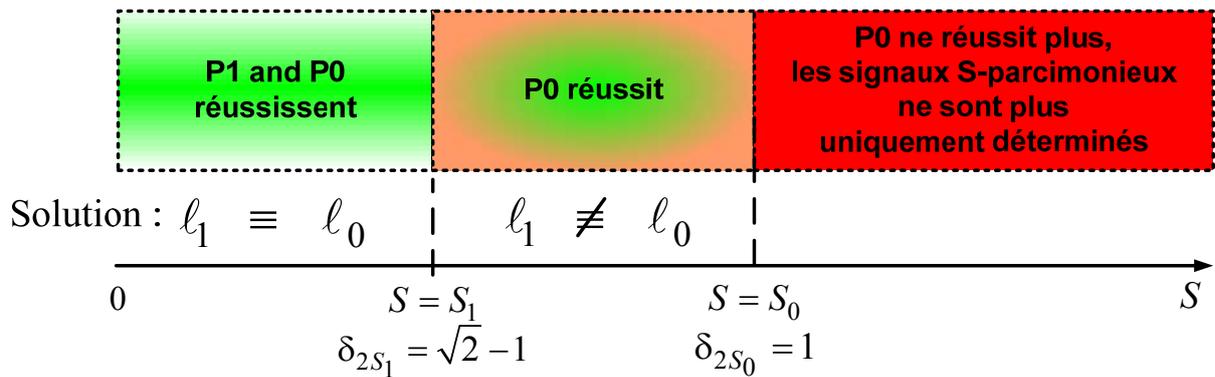


Fig. 1.7 : Approche déterministe du CS, équivalence des solutions l_1 et l_0 .

Une dernière question se pose alors :

- Est-ce que l_1 peut toujours remplacer l_0 dans la recherche de solution parcimonieuse ?

Supposons que l'on dispose d'une matrice \mathbf{A} , et que l'on nous demande de reconstruire un signal \mathbf{x} S -parcimonieux, la fig. 1.7 présente graphiquement à quoi on peut s'attendre (d'une façon déterministe) en minimisant selon la norme l_1 et ceci en fonction de la parcimonie S du signal \mathbf{x} :

- si $S \leq S_1$ tel que $\delta_{2S_1} \leq \sqrt{2} - 1$, alors P1 et P0 réussissent à trouver la vraie solution, qui est unique, et par suite en ce qui nous concerne les solutions selon l_1 et l_0 sont identiques.
- si $S_1 < S < S_0$ tel que $\delta_{2S_0} < 1$, alors P1 échoue tandis que P0 réussit à trouver la solution, qui reste unique dans ce cas, les solutions selon l_1 et l_0 sont différentes.
- si $S \geq S_0$, alors P0 échoue car les vecteurs S -parcimonieux ne sont plus uniques pour l'acquisition effectuée en utilisant la matrice \mathbf{A} .

6. « Compressed Sensing »

L'acquisition de données en général fonctionne de la manière suivante: on acquiert d'énormes quantités de mesures pour être, en grande partie, rejetées dans la phase de compression pour faciliter le stockage et la transmission.

En prenant les notations utilisées dans ce chapitre :

1. on acquiert un signal \mathbf{f} de haute résolution (pixels d'une image par exemple),
2. on calcule l'ensemble des coefficients \mathbf{x} , représentation de \mathbf{f} dans une base appropriée Ψ qui promeut la parcimonie.
3. on encode les S plus grands coefficients et on rejette tous les autres, pour se retrouver pratiquement avec \mathbf{x}_S , et par suite \mathbf{f}_S après reconstruction.

Ce processus d'acquisition de données massives suivi de compression ne semble pas économe. On peut penser par exemple à un appareil photo qui possède des millions de capteurs – les pixels –, mais qui code l'image, après compression, en quelques centaines de kilo-octets.

Le CS fonctionne très différemment. Il suppose qu'il est possible d'acquérir directement seulement les informations importantes du signal d'intérêt. En prenant des projections aléatoires (mesures) de l'ordre de $O(S \log n / S)$ (1.37), on aura suffisamment d'informations pour reconstruire le signal \mathbf{x} avec une précision, au moins aussi bonne, que celle fournie par \mathbf{x}_S , ou \mathbf{f}_S , la meilleure approximation du signal \mathbf{f} avec S termes, *i.e.* la meilleure compression.

En d'autres termes, les protocoles de mesure selon le « compressive sampling » traduisent essentiellement les données analogiques sous forme numérique ayant déjà subi la compression, afin que l'on puisse obtenir des signaux de haute qualité à partir de quelques mesures (ou de quelques capteurs). Tout ce qui est nécessaire après l'étape d'acquisition est de faire la "décompression" des données mesurées.

7. Autres décodeurs CS

Il existe d'autres méthodes algorithmiques pour la reconstruction de signaux parcimonieux non basées sur l'optimisation. En effet, bien que le problème de la reconstruction de signaux parcimonieux à partir de mesures linéaires (sous dimensionnées) ait reçu une attention considérable ces dernières années dans le cadre du CS, un grand nombre de ces techniques lui sont antérieures. Il existe ainsi une variété d'algorithmes [43, 44], qui sont utilisés dans des applications telles les approximations parcimonieuses, la séparation de sources, les statistiques, la géophysique et l'informatique, qui ont été développés pour exploiter la parcimonie dans d'autres contextes et peuvent être utilisés dans les problèmes de reconstruction en CS. Nous présentons brièvement dans la suite deux familles de ces méthodes. Le lecteur pourra se référer à [43, 44] pour plus de détail.

On cite en premier lieu, la famille des algorithmes gloutons « *Greedy* ». Ces algorithmes sont de nature itérative pour résoudre directement P0 (1.7). Ils identifient les positions des coefficients non nuls de \mathbf{x} en fonction de la corrélation des colonnes de \mathbf{A} avec :

- à la première itération, les mesures \mathbf{y} .
- aux itérations suivantes, un résidu obtenu en soustrayant la contribution de l'estimation partielle du signal, obtenue à l'itération précédente, à partir du vecteur de mesure initial \mathbf{y} .

Le principal avantage des algorithmes gloutons est qu'ils offrent, pour des problèmes de taille modérée, et pour les régimes ultra-parcimonieux, une méthode constructive, simple et rapide pour résoudre P0 (1.7). L'un de ces algorithmes, le plus connu, appliqué comme décodeur dans le CS, est le « *Orthogonal Matching Pursuit (OMP)* » [24, 25]. OMP identifie l'ensemble des coefficients non nuls de \mathbf{x} , à raison d'un coefficient par étape. Il sera détaillé dans la section suivante. Un autre algorithme glouton, très proche de l'OMP, est le Stagewise-OMP proposé dans [45], qui identifie en général, plus d'un élément par itération, correspondants aux coefficients du vecteur de corrélation, dont l'amplitude en valeur absolue, dépasse un seuil adéquatement choisi.

Le principal inconvénient des algorithmes gloutons déjà cités est le manque d'uniformité ou d'universalité, c'est à dire, une seule matrice aléatoire \mathbf{A} , ne peut pas garantir la reconstruction de tous les signaux \mathbf{x} S-parcimonieux. D'autres variantes plus sophistiquées de ces algorithmes gloutons, fournissant une telle uniformité, tout en imposant des mesures plus restrictives sur les constantes de la RIP de \mathbf{A} , ont été introduites. Elles comprennent, entre autres, ROMP [46], CoSaMP [47], et SP [48]. Ces algorithmes identifient généralement plus qu'un élément par étape, et permettent un réexamen des coefficients déjà sélectionnés dans les étapes précédentes. Ils exigent cependant, afin de donner une bonne performance, une estimation précise de la parcimonie S du signal \mathbf{x} à reconstruire, ce qui n'est pas nécessairement connue a priori dans des applications pratiques.

Un second avantage des algorithmes gloutons est qu'ils peuvent intégrer des contraintes qui ne s'inscrivent pas naturellement dans les formulations de programmation convexes [43]. C'est ainsi qu'une nouvelle approche dans le CS, couramment connue sous l'appellation « *model based compressed sensing* », a également été introduite récemment avec des implémentations à base des algorithmes gloutons. Deux exemples sont donnés dans [49]. Les auteurs de [49] proposent que le choix des emplacements des coefficients non nuls, après avoir effectué l'étape

de corrélation, doivent être effectués sur la base d'un certain *modèle structuré* de parcimonie. L'idée de base est la présence d'une structure d'interdépendance entre les coefficients d'un signal \mathbf{x} dans la base de reconstruction. Le premier modèle de parcimonie structurée fait l'hypothèse que, quand les ondelettes sont utilisées comme base de reconstruction, les grands coefficients d'ondelettes de signaux et d'images lisses par morceaux, ont tendance à se connecter selon une arborescence. Le second modèle tient compte du fait que les larges coefficients dans une base de compression ont tendance à se regrouper.

Un autre algorithme pour la minimisation de la norme ℓ_0 est l'algorithme « Smoothed ℓ_0 » (SL0) [44, 50-52]. Cet algorithme aussi, contrairement à la minimisation de la norme ℓ_1 qui utilise des techniques de programmation linéaire, essaie de minimiser directement la norme ℓ_0 . SL0 a été initialement introduit dans [44] pour les signaux réels et dans [50] les auteurs introduisent sa version complexe. La version avec mesures bruitées est donnée dans [51]. Les derniers résultats sont présentés dans [52] avec une étude mathématique et expérimentale de sa convergence et de l'influence du choix de ses paramètres.

La minimisation directe de pseudo-norme ℓ_0 nécessite une recherche combinatoire qui est sensible au bruit. Ceci est dû au fait que la pseudo-norme ℓ_0 d'un vecteur est une fonction discontinue de ce vecteur. L'idée de base dans SL0 est alors d'approcher cette fonction discontinue par une fonction continue. Cette fonction est minimisée au moyen d'un algorithme de la plus grande pente (« *steepest descent* »). Ainsi, SL0 approche la pseudo-norme ℓ_0 de $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n$ avec la fonction continue « $n - F_\sigma(\mathbf{x})$ », où $F_\sigma(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n f_\sigma(x_i)$ et $f_\sigma(x_i)$ appartient à une famille de fonctions continues (à une variable) qui approxime l'opérateur de Kronecker lorsque $\sigma \rightarrow 0$ (e.g. famille des fonctions gaussienne à variance variable). Par conséquent, au lieu de résoudre P0 (1.7), SL0 résout le problème :

$$Q \quad \hat{\mathbf{x}} = \operatorname{argmax}_{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n} \left(\lim_{\sigma \rightarrow 0} F_\sigma(\mathbf{x}) \right) \quad \text{sous la contrainte } \mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} \quad (1.39)$$

Cependant, pour éviter d'être piégé dans les maxima locaux, très fréquents pour les faibles valeurs de σ , SL0 résout une série de problèmes de la forme :

$$Q_\sigma \quad \hat{\mathbf{x}}_\sigma = \operatorname{argmax}_{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n} (F_\sigma(\mathbf{x})) \quad \text{sous la contrainte } \mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} \quad (1.40)$$

en diminuant σ à chaque étape et en initialisant l'étape suivante à maximiser par la solution trouvée pour la valeur précédente de sigma.

8. Algorithme « *Orthogonal Matching Pursuit* »

L'OMP est un algorithme constructif empirique qui essaie de résoudre P0 (1.7), en identifiant l'ensemble T des coefficients non nuls de \mathbf{x} , à raison d'un coefficient par étape. Les amplitudes de ces coefficients, identifiés dans T, sont par la suite estimées avec la solution des moindres carrés

$$\mathbf{x}_T = (\mathbf{A}_T^t \mathbf{A}_T)^{-1} \mathbf{A}_T^t \mathbf{y} \quad (1.41)$$

où $\mathbf{A}_T = [\boldsymbol{\alpha}_k, k \in T]$ et $\boldsymbol{\alpha}_1, \dots, \boldsymbol{\alpha}_n$ représentent les colonnes de \mathbf{A} dans (1.3). La reconstruction est exacte en cas de mesures sans bruit, et d'un ensemble identifié T contenant tout les indices des coefficients non nuls de \mathbf{x} . OMP fonctionne de la manière suivante.

Soient :

- T^j l'ensemble des éléments non nuls, de l'estimation finale $\hat{\mathbf{x}}$, identifiés à l'étape j,

- $\mathbf{A}_{T^j} = [\alpha_k, k \in T^j]$,
- $\mathbf{x}_{T^j}^j$ la solution par moindres carrés obtenue à l'étape j .

Lors de la première étape d'OMP, on pose : $j = 0, T^j = \emptyset, \mathbf{A}_{T^j} = []$ et $\mathbf{x}_{T^j}^j = 0$. Le vecteur résidu \mathbf{r}^j défini par

$$\mathbf{r}^j = \mathbf{y} - \mathbf{A}_{T^j} \mathbf{x}_{T^j}^j \quad (1.42)$$

est donc fixé à \mathbf{y} . Le vecteur des corrélations \mathbf{c}^{j+1} entre \mathbf{r}^j et les colonnes de \mathbf{A} est calculé par

$$\mathbf{c}^{j+1} = \mathbf{A}^t \mathbf{r}^j \quad (1.43)$$

L'indice k^{j+1} de la plus grande composante dans \mathbf{c}^{j+1} correspondant au vecteur colonne $\alpha_{k^{j+1}}$ de \mathbf{A} , donnant la corrélation maximale en valeur absolue avec \mathbf{r}^j , est ajouté à T^{j+1} . Si le maximum dans \mathbf{c}^{j+1} n'est pas unique, on choisit un maximum de façon déterministe. Le vecteur identifié $\alpha_{k^{j+1}}$ est ajouté à $\mathbf{A}_{T^{j+1}}$. Un système surdéterminé est ensuite résolu pour obtenir une

Pseudo-code 1: Algorithme OMP

A- Entrées:

Mesures : $\mathbf{y} \in \mathbb{R}^m$;
 Matrice d'acquisition ou de mesures : $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{m \times n}$;
 Conditions d'arrêt : $res_{min}, iter_{max}$;

B- Initialisation:

$j = 0, T^j = \emptyset, \mathbf{A}_{T^j} = [], \mathbf{x}_{T^j}^j = 0, \mathbf{r}^j = \mathbf{y}, \hat{\mathbf{x}} = \mathbf{0}, \hat{\mathbf{x}} \in \mathbb{R}^n$ et $done=0$;

C- Procédure:

```

1   While  $done==0$ 
2        $j = j + 1$  ;
3        $\mathbf{c}^j = \mathbf{A}^t \mathbf{r}^{j-1}$  ;      /* calcul du vecteur des corrélations */
4        $k^j = \text{indice du } \max\{c_i^j\}$  ; /* si plusieurs, choisir un maximum de
                                       façon déterministe */
5        $T^j = T^{j-1} \cup k^j$  ;
6        $\mathbf{A}_{T^j} = [\alpha_k, k \in T^{j-1}; \alpha_{k^j}]$  ;
7        $\mathbf{x}_{T^j}^j = \text{argmin} \|\mathbf{y} - \mathbf{A}_{T^j} \mathbf{x}\|_{\ell_2}$  ;      /* moindres carrés */
8        $\mathbf{r}^j = \mathbf{y} - \mathbf{A}_{T^j} \mathbf{x}_{T^j}^j$  ;      /* mise à jour du résidu */
9       If ( $j > iter_{max}$  ou  $\|\mathbf{r}^j\|_{\ell_2} < res_{min}$ ),
10           $\hat{x}_i = \begin{cases} x_i & i \notin T^j \\ 0 & i \in T^j \end{cases}$  ;
11           $done=1$  ;
12       End
13   End

```

D- Sorties:

$\hat{\mathbf{x}}, T$;

solution approximée par moindres carrés

$$\mathbf{x}_{T^{j+1}}^{j+1} = (\mathbf{A}_{T^{j+1}}^t \mathbf{A}_{T^{j+1}})^{-1} \mathbf{A}_{T^{j+1}}^t \mathbf{y} \quad (1.44)$$

Le résidu est mis à jour, en utilisant (1.42), et la procédure est répétée, si aucune des conditions d'arrêt n'est satisfaite. Le pseudo-code 1 détaille l'algorithme OMP.

On note cependant que, comme dans [25, 45], on considère ici le cas où les colonnes de \mathbf{A} sont de norme 1 dans ℓ_2 , et par suite, le calcul du vecteur des corrélations, dans (1.43) et la ligne 3 de pseudo-code 1, ne nécessitent aucune normalisation. À chaque itération, le vecteur résidu est orthogonal à l'espace engendré par les colonnes de \mathbf{A}_{T^j} . Cela garantit qu'un nouveau vecteur indépendant de \mathbf{A} , est identifié à chaque itération. Cette procédure se répète pour un nombre maximum d'itérations égal à m , le rang de \mathbf{A} , ou lorsqu'une quantité «résidu minimal», ou «corrélation minimale», définie par l'utilisateur est atteinte. Le nombre d'étapes ne dépasse pas m dans tout les cas. Les indices des coefficients non nuls de la solution finale proposée $\hat{\mathbf{x}}$ correspondent aux éléments de la dernière mise à jour de T^j , et les valeurs des amplitudes de ces coefficients non nuls correspondent à la dernière solution obtenue par moindres carrés selon (1.44). Notons que, à chaque itération, OMP identifie un nouveau coefficient de \mathbf{x} , sans aucun examen ou raffinement des coefficients précédemment sélectionnés, c'est un algorithme « constructif ».

9. Applications

Depuis l'apparition du CS, il y a quelques années en 2005 [1, 3], il a fait l'objet de recherches intensives. Le potentiel des applications est énorme, cela concerne le traitement du signal et des images. Il s'applique principalement dans le cas où l'acquisition complète du signal est une procédure coûteuse, longue, difficile, dangereuse ou impossible.

De plus, il devrait y avoir des raisons de supposer que le signal en question est parcimonieux dans une base convenable connue et incohérente avec la base d'acquisition. Pratiquement, ceci s'applique à plusieurs types de signaux, et par suite ceci mène à des implications importantes qui concernent un certain nombre d'applications possibles. Nous citons entre autres :

- Compression de données.

Dans certaines situations, la base de reconstruction Ψ , dans laquelle le signal possède une représentation parcimonieuse, peut être inconnue à l'encodeur (près du dispositif de mesure), ou il est peu pratique de la mettre en œuvre. Cependant, une matrice d'acquisition Φ conçue de manière aléatoire peut être considérée comme une stratégie de codage universel [14], parce qu'elle ne doit pas être conçue en relation avec la structure de Ψ . Ainsi, le choix, la connaissance, et l'aptitude à mettre en œuvre Ψ ne sont requises que pour le décodage ou la reconstruction du signal. Cette universalité peut être particulièrement utile pour le codage de sources distribuées tels que les réseaux de capteurs [53], ainsi que dans les applications astronomiques [54].

- Codage de canal.

Les principes du CS (parcimonie, probabilité, optimisation convexe) peuvent être manipulés et appliqués à la conception des codes correcteurs d'erreurs rapides, et par suite corriger les erreurs de la transmission [2].

- Acquisition de données.

Dans certains cas, l'acquisition complète de n échantillons discrets d'un signal analogique peut être difficile à obtenir, ou peut-être difficile à compresser sur place [54]. Ici, il pourrait

être utile à la conception physique que les dispositifs de mesures enregistrent directement, à faible fréquence d'échantillonnage des mesures incohérentes du signal analogique incident.

Dans d'autres cas tels les applications de la résonance magnétique nucléaire [1, 54, 56, 57] (e.g. spectroscopie, imagerie), le processus d'acquisition des données est intrinsèquement lent. L'application du CS offre potentiellement d'importantes réductions des temps d'acquisitions, permettant ainsi l'amélioration du confort du patient et la réduction des artefacts reliés aux mouvements respiratoires. Notons ici que l'imagerie par résonance magnétique obéit naturellement à deux conditions nécessaires à la réussite de l'application du CS:

- Elle est naturellement compressible dans une base appropriée, e.g. les transformations d'ondelettes, les différences finies.
- Son acquisition correspond à des échantillons codés linéairement (codage espace-fréquence), plutôt qu'à une acquisition directe des intensités des pixels de l'image.

Citons enfin l'application du « *single pixel imaging* »[28, 29] qui vise à reconstruire une image à partir d'un nombre réduit de capteurs.

Nous n'avons donné que quelques exemples des applications possibles du CS, et qui font qu'il détient, en tant que procédé d'acquisition et de traitement, une grande promesse pour les applications actuelles et futures.

Chapitre 2

Intégration de connaissances a priori dans un décodeur CS par un réseau de neurones

Dans le cadre du CS, différents algorithmes ont été proposés pour la reconstruction des signaux parcimonieux à partir d'un ensemble incomplet de mesures linéaires. Malgré cette linéarité, la majorité des algorithmes de reconstruction CS sont non linéaires (voir <http://dsp.rice.edu/cs>).

Dans ce chapitre, nous proposons un algorithme « Matching Pursuit » modifié, basé sur l'algorithme OMP qui a été détaillé à la fin du premier chapitre. L'idée est de remplacer l'étape de corrélation dans OMP, avec un réseau de neurones approprié. Les résultats des simulations montrent que, dans le cas de la reconstruction des signaux aléatoires parcimonieux sans aucune structure supplémentaire, la méthode proposée est aussi performante qu'OMP. Cependant, la complexité d'apprentissage et d'intégration ensuite du réseau dans la reconstruction des signaux parcimonieux n'est donc pas justifiée dans ce cas. Toutefois, si ces signaux possèdent une 'structure' particulière ou 'modèle', les résultats des simulations montrent que ce modèle sera appris d'une façon efficace dans la version modifiée d'OMP que nous proposons. Nous allons considérer trois modèles :

1. Dans le premier nous allons supposer que les signaux parcimonieux sont exclusivement positifs.
2. Dans le second nous allons supposer que les positions des coefficients non nuls des signaux parcimonieux suivent une certaine densité de probabilité spatiale (i.e. qui dépend de l'indice du coefficient).
3. Le troisième modèle est une combinaison des deux premiers.

Des simulations aléatoires selon ces trois modèles et une application pratique selon le second modèle, montrent que, pour ces signaux, la probabilité de reconstruction exacte avec notre version modifiée d'OMP augmente considérablement. Des comparaisons avec les algorithmes de minimisation selon la norme ℓ_1 sont également effectuées.

Le travail de ce chapitre a fait l'objet de la publication « Embedding Prior Knowledge Within Compressed Sensing By Neural Networks » dans la revue *IEEE Transactions on Neural Networks* [58].

1. Introduction

Dans cette introduction nous passons en revue certains principes de base de la théorie des réseaux de neurones limités à l'exigence minimale nécessaire pour présenter la suite de ce chapitre. Un traitement plus approfondi de ces sujets peut être trouvé dans [59]. Les notations et variables de cette introduction correspondent à celles qui seront utilisées dans notre algorithme.

Dans cette dernière décennie de nombreux résultats remarquables ont été obtenus dans différents domaines en utilisant des réseaux de neurones. Une avancée historique majeure avait eu lieu avec l'introduction de l'architecture du perceptron multicouche (MLP) et la méthode de rétro-propagation pour l'apprentissage des poids d'interconnexion, en ligne ou hors ligne, à partir des exemples de la base d'apprentissage d'entrée/sortie.

Selon le modèle de McCulloch-Pitts, un neurone est modélisé comme un simple élément statique non linéaire qui prend une somme pondérée des signaux d'entrée r_i multipliés par les

poids d'interconnexion w_i (poids synaptiques). Après l'ajout d'un biais « b » (aussi appelé seuil), l'activation résultante $a = \sum_{i=1}^m w_i r_i + b$ est envoyée à travers une non-linéarité statique $h(\cdot)$, appelée fonction d'activation du neurone, produisant la sortie scalaire \hat{x} donnée par

$$\hat{x} = h\left(\sum_{i=1}^m w_i r_i + b\right) \quad (2.1)$$

La non-linéarité $h(\cdot)$ est généralement du type « saturation », par exemple $\tanh(\cdot)$. Biologiquement, cela correspond au déclenchement d'un neurone en fonction des informations recueillies des signaux d'entrée qui dépassent une certaine valeur de seuil. Ce modèle de McCulloch et Pitts est un modèle simple pour un neurone biologique qui a été fréquemment utilisé dans les modèles de réseaux de neurones artificiels. On doit aussi noter que des modèles beaucoup plus sophistiqués existent pour les neurones biologiques et l'objectif des réseaux de neurones artificiels n'est pas d'imiter la biologie, mais plutôt de créer un outil puissant de modélisation mathématique.

Au moyen d'un seul neurone, on peut former une architecture perceptron comme indiqué dans la fig. 2.1. Un modèle plus puissant d'un perceptron multicouche (MLP) est obtenu en ajoutant

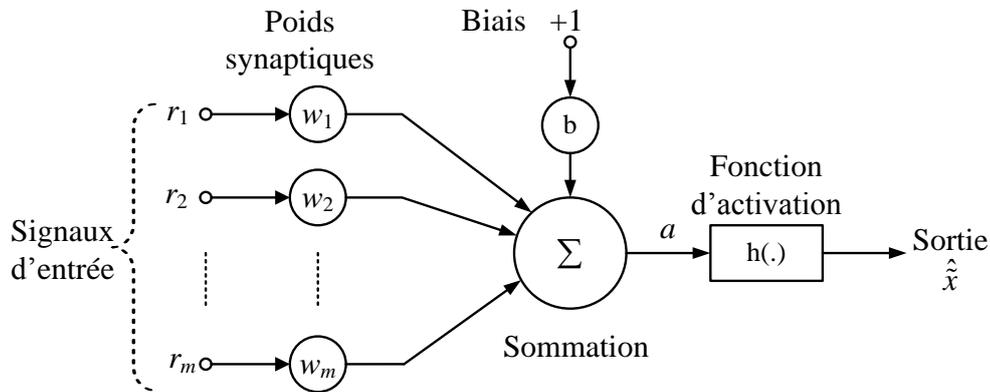


Fig. 2.1 : Modèle de McCulloch-Pitts d'un neurone.

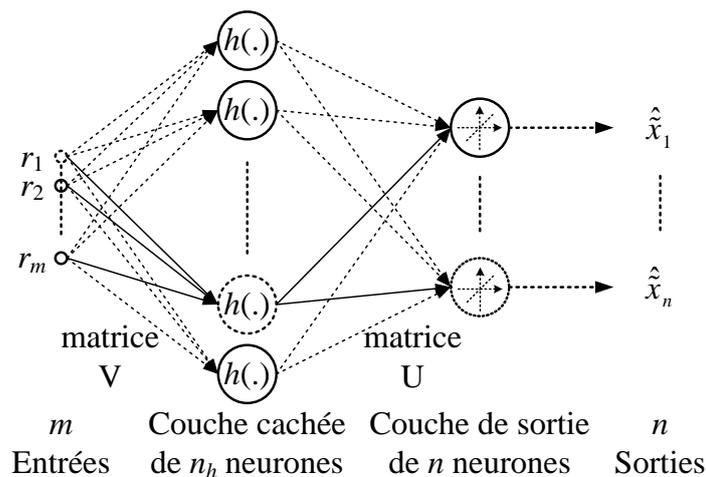


Fig. 2.2 : Réseau 'feedforward' multicouche entièrement connecté, MLP, avec une couche cachée et une couche de sortie linéaire.

une ou plusieurs couches cachées, fig. 2.2. C'est un modèle statique non-linéaire $\hat{\mathbf{x}} = f(\mathbf{r})$, exprimé en notation matrice-vecteur par:

$$\hat{\mathbf{x}} = f(\mathbf{r}) = \mathbf{U}h(\mathbf{V}\mathbf{r} + \boldsymbol{\beta}_1) + \boldsymbol{\beta}_2 \quad (2.2)$$

avec $\mathbf{r} \in \mathbb{R}^m$ le vecteur d'entrée, $\hat{\mathbf{x}} \in \mathbb{R}^n$ le vecteur de sortie, $\mathbf{U} \in \mathbb{R}^{n \times n_h}$ et $\mathbf{V} \in \mathbb{R}^{n_h \times m}$ les matrices d'interconnexion, pour la couche de sortie et la couche cachée, respectivement, et n_h le nombre de neurones dans la couche cachée. Les vecteurs de biais $\boldsymbol{\beta}_1 \in \mathbb{R}^{n_h}$ et $\boldsymbol{\beta}_2 \in \mathbb{R}^n$ (non représentés sur la fig. 2.2) sont composés, respectivement, des valeurs de biais pour les n_h neurones cachés et les n neurones de sortie. Dans cette description, la fonction d'activation de la couche de sortie est linéaire. Selon l'application, on peut aussi choisir d'autres fonctions; cependant, pour des problèmes d'estimation de fonctions non-linéaires et de régression, on prend généralement une fonction d'activation linéaire dans la couche de sortie.

Une des raisons du succès des réseaux de neurones est le fait qu'ils sont des approximateurs universels [59, 60]. En 1989, Hornik *et al* établissent dans [60], que les réseaux « feedforward » multicouche, avec une couche cachée, utilisant des fonctions sigmoïdes arbitraires (par exemple, la fonction logistique et tangente hyperbolique) sont suffisants pour l'approximation universelle. Ensuite, Stinchcombe *et al.* ont montré que cela est vrai avec une fonction d'activation non linéaire générale [61]. Le rôle de la fonction d'activation a été encore étudié par Leshno *et al.* en 1993 [62].

Dans le cas particulier de fonctions d'activation linéaires dans les couches cachées, nous pouvons toujours trouver un réseau monocouche linéaire, fig. 2.3, équivalent au réseau multicouche.

Le premier algorithme d'apprentissage supervisé pour les MLP et les réseaux 'feedforwards' en général, a été l'algorithme de rétro-propagation d'erreur. En mode d'apprentissage par lots ou « *batch learning mode* », l'objectif est de minimiser la « fonction coût » définie comme étant l'erreur quadratique moyenne par rapport aux poids inconnus d'interconnexions:

$$\min_{\boldsymbol{\theta} \in \mathbb{R}^d} J(\boldsymbol{\theta}) = \frac{1}{2M} \sum_{k=1}^M \|\tilde{\mathbf{x}}_k - \hat{\mathbf{x}}_k\|_{\ell_2}^2 \quad (2.3)$$

où $\hat{\mathbf{x}}_k = f(\mathbf{r}_k, \boldsymbol{\theta})$, représente la sortie du réseau, pour l'entrée \mathbf{r}_k , paramétré par $\boldsymbol{\theta}$, et $\tilde{\mathbf{x}}_k$ la

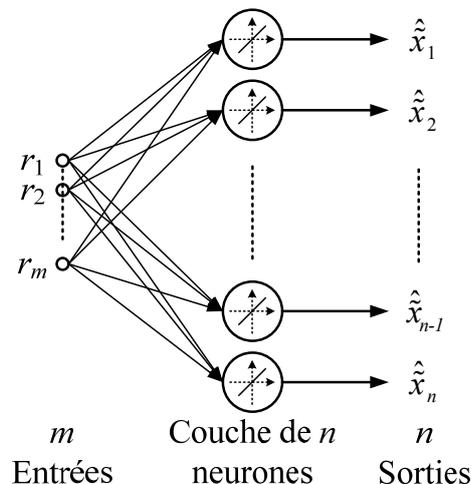


Figure 2.3 : Réseau monocouche équivalent à un réseau 'feedforward' multicouche avec des fonctions d'activations linéaires.

sortie désirée pour l'entrée \mathbf{r}_k . Le vecteur $\boldsymbol{\theta} \in \mathbb{R}^d$ de d inconnues contient les poids (coefficients des matrices \mathbf{U} et \mathbf{V}) et les termes de biais (les coefficients des vecteurs $\boldsymbol{\beta}_1$ et $\boldsymbol{\beta}_2$). La base d'apprentissage de M paires d'entrée/sortie (exemples) est $\{\mathbf{r}_k, \tilde{\mathbf{x}}_k\}_{k=1,\dots,M}$.

L'algorithme de rétro-propagation d'erreur est essentiellement un algorithme d'optimisation du gradient qui minimise la fonction de coût $J(\boldsymbol{\theta})$. Plusieurs heuristiques ont été proposées pour rendre l'algorithme de rétro-propagation plus performant [59]. D'autres méthodes d'apprentissage, généralement plus rapides, ont été développées; par exemple, la théorie de l'optimisation a été utilisée afin d'appliquer les algorithmes « quasi-Newton », « gradient conjugué » et « Levenberg-Marquardt ».

2. Motivations pour un OMP à base d'un réseau de neurones

Dans l'algorithme OMP, les positions des éléments non nuls de \mathbf{x} , sont obtenues grâce à la corrélation du résidu avec les vecteurs colonnes de \mathbf{A} (1.43). Notre approche est de remplacer cette étape de corrélation par un réseau de neurones, entraîné au préalable, pour donner, à partir de la valeur résiduelle à l'itération j , une estimation des entrées non nulles, et non encore identifiées, du vecteur \mathbf{x} . Dans cette section, nous montrons que cette proposition est consistante. Notons ici que l'idée de combiner l'apprentissage, les algorithmes gloutons (e.g. le Matching Pursuit [23], MP) et la parcimonie a été récemment utilisée dans des applications audio-visuelles [63]. Nous utilisons cette combinaison pour introduire l'approche plus générale de la reconstruction de signaux parcimonieux dans le contexte du CS.

Imaginons une séquence idéale de décodage dans l'algorithme OMP, où nous identifions, avec succès, une entrée non nulle du signal \mathbf{x} , de parcimonie s , à chaque itération j . Le résidu dans OMP est calculé par:

$$\mathbf{r}^j = \mathbf{y} - \mathbf{y}^j \quad (2.4)$$

avec

$$\mathbf{y}^j = \mathbf{A}_{T^j} \mathbf{x}_{T^j}^j \quad (2.5)$$

où les indices identifiés des entrées non nulles de \mathbf{x} , jusqu'à l'itération j , se trouvent dans l'ensemble T^j . Le vecteur $\mathbf{x}_{T^j}^j$ est calculée comme dans (1.44), et

$$\mathbf{y} = \mathbf{A}_T \mathbf{x}_T \quad (2.6)$$

Notons que :

$$T = T^j \cup T \setminus T^j \quad \text{et} \quad |T| = s \quad (2.7)$$

Les équations (2.4), (2.6) et (2.7) donnent:

$$\mathbf{r}^j = \mathbf{A}_{T \setminus T^j} \mathbf{x}_{T \setminus T^j} + \mathbf{A}_{T^j} (\mathbf{x}_{T^j} - \mathbf{x}_{T^j}^j) \quad (2.8)$$

où $\mathbf{x}_{T \setminus T^j}$ représente le signal formé par les coefficients non nuls de \mathbf{x} non encore identifiés à l'itération j , et $(\mathbf{x}_{T^j} - \mathbf{x}_{T^j}^j)$ représente l'erreur commise lors de l'estimation des amplitudes des coefficients identifiés de \mathbf{x} à l'itération j . Notons que $\mathbf{x}_{T \setminus T^j}$ devient de plus en plus parcimonieux au fur à mesure que le nombre d'itérations augmente, et que le second terme dans

(2.8) disparaît quand j devient égal à s , la parcimonie de \mathbf{x} . L'équation (2.8) montre que la résolution du problème inverse de l'estimation de $\mathbf{x}_{T \setminus T^j}$, étant donné le résidu \mathbf{r}^j , est possible. En effet, le terme $\mathbf{A}_{T^j}(\mathbf{x}_{T^j} - \mathbf{x}_{T^j}^j)$ de (2.8) est une erreur additive dans ce problème inverse. Il en résulte que l'apprentissage d'un réseau de neurones pour résoudre ce problème est cohérent. Sans le terme d'erreur additive, ce problème inverse a une solution unique, pour les signaux $\mathbf{x}_{T \setminus T^j} \in \Sigma_S$ acquis (échantillonnés) avec des matrices \mathbf{A} obéissant à la RIP avec $\delta_{2S} < 1$.

Notons qu'une autre proposition pourrait être considérée: elle consiste à entraîner le réseau de neurones pour identifier directement la plus grande entrée du vecteur $\hat{\mathbf{x}}_k \in \mathbb{R}^n$ où $\hat{x}_{i,i \in T \setminus T^j} = x_{i,i \in T \setminus T^j}$, et égal à zéro sinon. Toutefois, le maximum n'est, généralement, pas déterminé d'une manière unique (ce qui viole l'unicité de la relation, entre les résidus et la sortie du réseau).

Dans le cas de la reconstruction de signaux parcimonieux aléatoire, on ne peut pas s'attendre à avoir de meilleures performances celles achevées par la l'étape de corrélation d'OMP, qui peut aussi être considérée comme une étape de filtrage adapté lorsque les colonnes de \mathbf{A} sont normalisées. Mais, dans le cas de signaux parcimonieux structurés, appartenant à un certain modèle, nous attendons de meilleures performances du réseau entraîné, dans le sens d'une erreur quadratique plus faible. Deux avantages directs sont aussi attendus par cette approche. Premièrement, le modèle du signal n'a pas à être défini explicitement au préalable, mais peut être appris directement à partir des exemples de la base d'apprentissage pendant une phase d'apprentissage supervisé. Deuxièmement, nous avons la possibilité d'actualiser le modèle d'une façon adaptative alors qu'il est utilisé.

Une deuxième motivation pour le choix des réseaux de neurones est le fait qu'ils ont déjà été appliqués avec succès dans le domaine de la compression de signaux et d'images [64] par transformations, la similarité avec le cadre de l'acquisition CS est remarquable. En effet, considérons un réseau utilisé à des fins de compression, et connu par le « réseau répliqueur » [voir [59] p. 250, et [64]]. La fig. 2.4 montre une mise en œuvre d'un tel réseau répliqueur en utilisant un perceptron multicouche entièrement connecté. Le réseau possède des couches d'entrée et de sortie de la même taille n , et une couche cachée avec m neurones, et $m < n$. L'apprentissage de ce réseau se fait en appliquant simultanément le signal \mathbf{x} à la couche

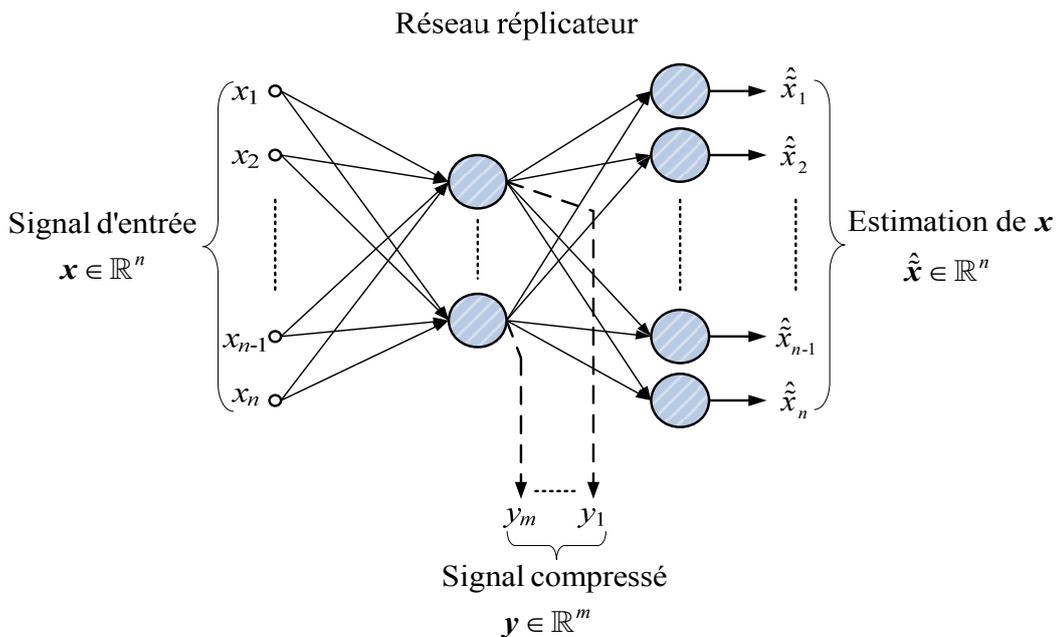


Fig. 2.4. Implémentation d'un réseau répliqueur en utilisant un perceptron multicouche.

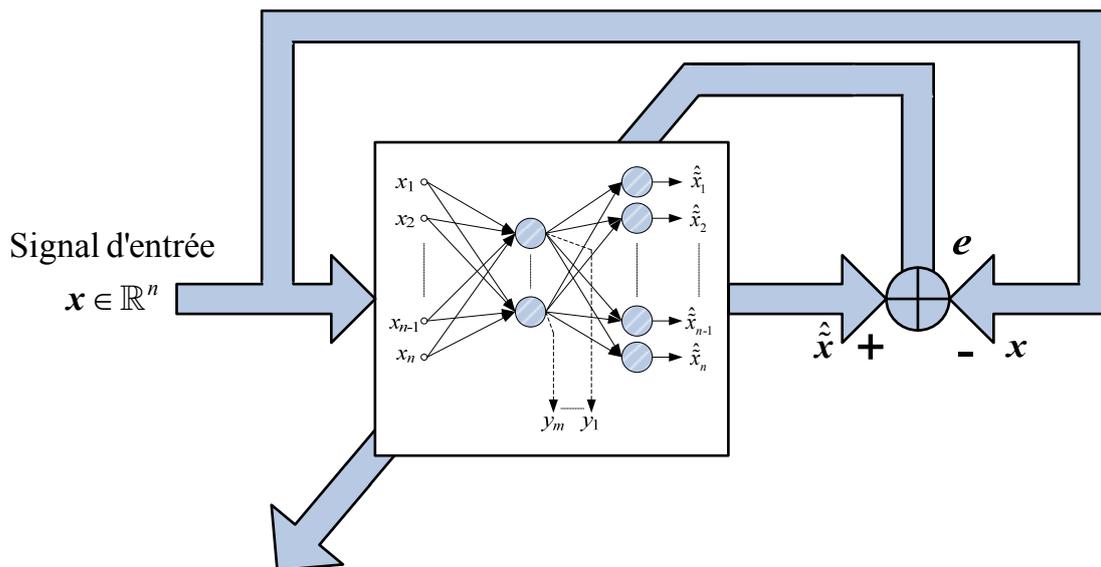


Fig. 2.5 : Un synoptique pour l'apprentissage supervisé d'un réseau répliqueur.

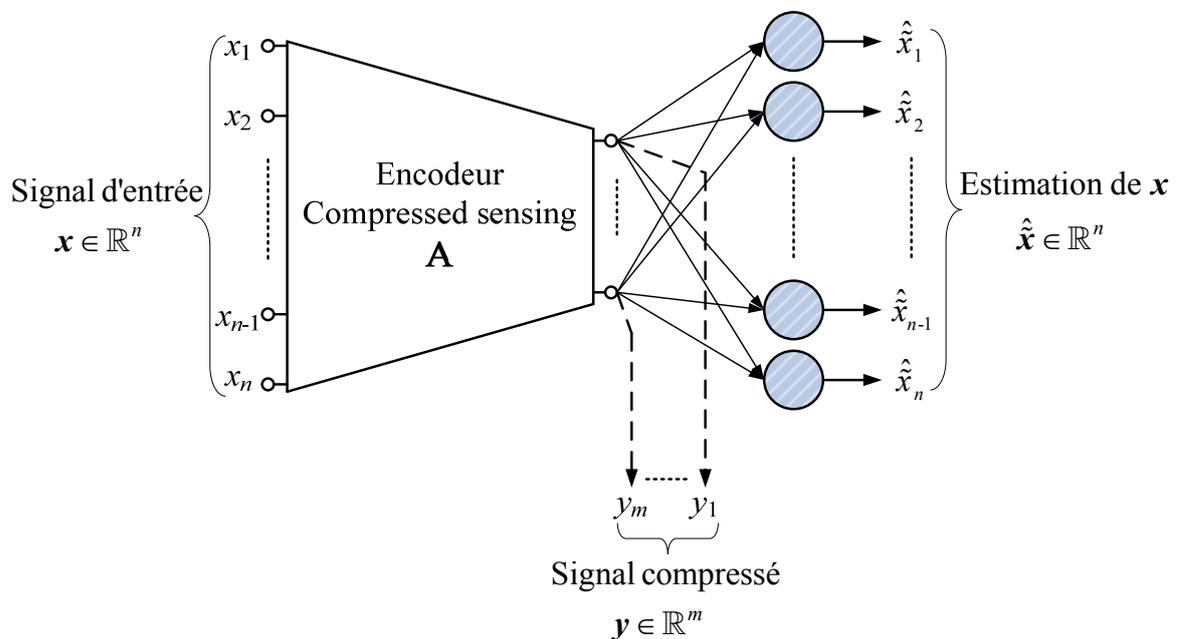


Fig. 2.6. Un arrangement similaire à la fig. 2.4 intégrant une acquisition CS.

d'entrée comme stimulus et à la couche de sortie pour la réponse souhaitée (voir fig. 2.5). Après apprentissage, les sorties de la couche cachée sont considérées comme une version codée/compressée $y \in \mathbb{R}^m$ du signal d'entrée $x \in \mathbb{R}^n$. Ainsi, la couche de sortie joue le rôle du décodeur, et ses poids seront utilisés pour la reconstruction. Le codeur est constitué de l'entrée et des couches cachées.

Dans cette approche, les poids de l'encodeur, et ceux du décodeur, sont ajustés pendant la phase d'apprentissage, avec comme objectif la minimisation de l'erreur quadratique moyenne de reconstruction sur la base d'apprentissage.

La fig. 2.6 montre un arrangement similaire à la fig. 2.4 intégrant une acquisition CS. Ici l'encodeur A , est fixé une fois les lignes de A choisies au hasard, comme proposé dans [14, 17, 26] afin de respecter la RIP, pour de grandes valeurs de S (sinon l'unicité de la relation entre les signaux y et x est violée). Aucun ajustement de poids ne peut être fait du côté du codeur, mais nous pouvons encore ajuster les poids du décodeur afin de minimiser l'erreur quadratique

sur l'ensemble d'apprentissage. L'objectif principal sera alors d'obtenir les meilleurs poids pour décoder cet ensemble, et par la suite généraliser sur des signaux semblables, encodé avec \mathbf{A} .

Ainsi, dans le cas d'un signal parcimonieux structuré, appartenant à un certain modèle, nous attendons du réseau préalablement entraîné, de meilleures performances, c'est à dire une plus faible erreur quadratique, pour ce type de signaux qu'une simple corrélation.

3. Intégration d'un réseau de neurones dans un décodeur CS

Comme nous l'avons déjà mentionné, nous proposons de remplacer l'étape de corrélation (1.43) d'OMP par un réseau de neurones approprié. Nous appelons ce nouvel algorithme, Neural Network OMP, NNOMP. Les détails concernant l'apprentissage du réseau seront donnés dans les sections suivantes. Notre décodeur est donc essentiellement une version modifiée de l'OMP.

Nous considérons que les colonnes de \mathbf{A} sont normalisées pour avoir une norme ℓ_2 unitaire. Les colonnes de \mathbf{A} seront représentées par $\alpha_k, k \in \{1, \dots, n\}$.

Nous notons ici que, même si notre système de mesure $\mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x}$ ne possède pas une matrice \mathbf{A} avec des colonnes normalisées, nous pouvons toujours considérer le problème équivalent, noté WP0, de minimisation selon la pseudo-norme ℓ_0 :

$$\text{WP0} \quad \hat{\mathbf{z}} = \underset{\mathbf{z} \in \mathbb{R}^n}{\operatorname{argmin}} \|\mathbf{z}\|_{\ell_0} \quad \text{sous la contrainte} \quad \mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{W}^{-1}\mathbf{z} \quad (2.9)$$

où \mathbf{W} est une matrice diagonale de dimensions $n \times n$ avec des entrées $\|\alpha_k\|_{\ell_2}, k \in \{1, \dots, n\}$, sur la diagonale (on suppose que tous les $\|\alpha_k\|_{\ell_2} \neq 0$). Chaque fois que la solution de (P0) est unique, il existe alors une solution unique de (WP0). L'estimation finale du signal sera $\hat{\mathbf{x}} = \mathbf{W}^{-1}\hat{\mathbf{z}}$.

Le pseudo-code 2 présente l'algorithme NNOMP avec les modifications proposées dans OMP dans les cases hachurées. À chaque itération, nous appliquons le résidu normalisé à l'entrée du réseau de neurones entraîné pour estimer des signaux de Σ_S (ensemble des signaux de parcimonie $\leq S$). La position de la composante maximale à la sortie du réseau est choisie pour être la position d'un coefficient non nul dans la solution finale proposée, et sera ajouté à l'ensemble T. À la 1^{ère} itération, le résidu est le vecteur \mathbf{y} correspondant aux m mesures effectuées. Les notations suivantes sont utilisées dans le pseudo-code 2:

- L'état d'une variable à l'itération j , est désigné par le nom de la variable avec en exposant la lettre j , e.g. \mathbf{r}^j .
- Le vecteur $\hat{\mathbf{x}}^j \in \mathbb{R}^n$ désigne le vecteur de sortie du réseau de neurones à l'itération j , lorsque son entrée est le résidu normalisé \mathbf{r}_n^j . Les composantes de $\hat{\mathbf{x}}^j$ sont notées par $\hat{x}_i^j, i \in \{1, \dots, n\}$.
- k^j , l'indice de $\max\{|\hat{x}_i^j|\}$, représente l'indice de la nouvelle composante non nulle identifiée dans la solution estimée à l'itération j .
- T^j représente l'ensemble des indices des composantes non nulles identifiées jusqu'à l'itération j .
- $\mathbf{x}_{T^j}^j$ contient les amplitudes estimées à l'itération j , des composantes non nulles \hat{x}_i^j de $\hat{\mathbf{x}}^j, i \in T^j$.
- \mathbf{A}_{T^j} est la matrice formée par les colonnes de α_k de \mathbf{A} , où $k \in T^j$.
- Le vecteur final estimé est $\hat{\mathbf{x}}$.

Notons que, bien que le résidu \mathbf{r}^j est orthogonal à toutes les colonnes sélectionnées dans \mathbf{A}_{T^j} , le réseau de neurones non linéaire pourrait encore choisir à l'itération $(j + 1)$ un vecteur de l'espace engendré par les colonnes de \mathbf{A}_{T^j} . C'est pourquoi, les lignes 5,13-15 assurent que la procédure des moindres carrés, suivie par la projection, ne seront exécutées que si un nouveau vecteur colonne indépendant de \mathbf{A} est identifié, sinon la boucle s'arrête. Les autres conditions d'arrêt définies sont les mêmes que celles utilisées dans la mise en œuvre de OMP dans la boîte à outils SparseLab [65]. La valeur par défaut pour le résidu minimal res_{min} est de $10^{-5} \times \|\mathbf{y}\|_{\ell_2}$ lors de la reconstruction à partir des mesures exactes. L'autre condition d'arrêt sur le nombre maximum d'itérations permises $iter_{max}$, n'est généralement pas utilisée vu que la parcimonie s de \mathbf{x} est généralement inconnue. Cependant, si $iter_{max}$ est fixée à une certaine

Pseudo-code 2: Algorithme proposé : NNOMP

A- Entrées:

Mesures : $\mathbf{y} \in \mathbb{R}^m$;
 Matrice d'acquisition ou de mesures : $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{m \times n}$;
 Conditions d'arrêt : $res_{min}, iter_{max}$;

B- Initialisation:

$j = 0, T^j = \emptyset, \mathbf{A}_{T^j} = [], \mathbf{x}_{T^j}^j = \mathbf{0}, \mathbf{r}^j = \mathbf{y}, \hat{\mathbf{x}} = \mathbf{0}, \hat{\mathbf{x}} \in \mathbb{R}^n$ et $done=0$;

C- Procédure:

```

1   While  $done==0$ 
2        $j = j + 1$  ;
3        $\mathbf{r}_n^j = \frac{\mathbf{r}^{j-1}}{\max\{|\mathbf{r}_i^{j-1}|\}}$  ;           /* normalisation du résidu */
4       Appliquer  $\mathbf{r}_n^j$  à l'entrée du réseau de neurones qui donne  $\hat{\mathbf{x}}^j$ :
        $\hat{\mathbf{x}}^j = f(\mathbf{r}_n^j) = \mathbf{U}h(\mathbf{V}\mathbf{r}_n^j + \boldsymbol{\beta}_1) + \boldsymbol{\beta}_2$ 
5        $k^j = \text{indice du } \max\{|\hat{x}_i^j|\}$  ;
6       If  $\alpha_{k^j} \notin \text{espace engendré par } \{\alpha_k, k \in T^{j-1}\}$ 
7            $T^j = T^{j-1} \cup k^j$  ;
8            $\mathbf{A}_{T^j} = [\alpha_k, k \in T^{j-1}; \alpha_{k^j}]$  ;
9            $\mathbf{x}_{T^j}^j = \text{argmin } \|\mathbf{y} - \mathbf{A}_{T^j}\mathbf{x}\|_{\ell_2}$  ;           /* moindres carrés */
10           $\mathbf{r}^j = \mathbf{y} - \mathbf{A}_{T^j}\mathbf{x}_{T^j}^j$  ;           /* mise à jour du résidu */
11          If ( $j > iter_{max}$  ou  $\|\mathbf{r}^j\|_{\ell_2} < res_{min}$ ),
12               $done=1$  ;
13          End
14          Else
15               $done=1$ 
16          End
17          If  $done == 1$ 
18               $\hat{x}_i = \begin{cases} x_i & i \notin T^j \\ 0 & i \in T^j \end{cases}$  ;
19          End
20      End

```

D- Sorties:

$\hat{\mathbf{x}}, T$;

valeur $u < m$, alors nous attendons que l'algorithme retourne la meilleure approximation de \mathbf{x} avec u coefficients. Dans tous les cas, le nombre d'itérations effectuées ne peut pas être plus grand que m , le nombre de mesures dans le vecteur \mathbf{y} , égal aussi au rang de \mathbf{A} .

4. Génération de la base d'apprentissage

Afin de générer un ensemble de M exemples d'apprentissage $\{\text{entrée, objectif}\}$ que l'on note $\{\mathbf{r}_k, \tilde{\mathbf{x}}_k\}$, où $\mathbf{r}_k \in \mathbb{R}^m$, $\tilde{\mathbf{x}}_k \in \mathbb{R}^n$, $k \in \{1, \dots, M\}$, nous avons procédé de la manière décrite ci-dessous. Nous avons d'abord généré $N = M/s$ vecteurs aléatoires \mathbf{x} de parcimonie $s \approx m/4$ avec un support et des amplitudes choisis aléatoirement selon les trois modèles de signaux qui seront définis dans la section suivante. Nous avons ensuite calculé le vecteur de mesure \mathbf{y} correspondant à une matrice donnée \mathbf{A} (voir section suivante). Puis, nous avons imité, avec chaque vecteur \mathbf{y} , une séquence de décodage idéale où nous identifions une composante non nulle du vrai signal \mathbf{x} à chaque itération j et nous calculons la valeur \mathbf{r}^j résiduelle selon (2.4, 2.5). Les entrées non nulles de \mathbf{x} ont été identifiées dans un ordre décroissant en fonction de leur valeur absolue. À chaque itération, la valeur résiduelle calculée, et la sortie correspondante idéale $\tilde{\mathbf{x}} \in \mathbb{R}^n$, avec $\tilde{\mathbf{x}}_{T \setminus T^j} \leftarrow \mathbf{x}_{T \setminus T^j}$, ont été assemblées en paires et ajoutées à l'ensemble des exemples d'apprentissage. L'algorithme est détaillé dans le pseudo-code 3 (pour un seul signal \mathbf{x} s -parcimonieux). Notons que $\mathbf{r}_k, \tilde{\mathbf{x}}_k$ ont été ensuite normalisés, afin d'avoir $\|\mathbf{r}_k\|_{\ell_\infty} = 1$.

Pseudo-code 3: Génération de la base d'apprentissage (exemple pour un seul signal \mathbf{x} s -parcimonieux)

A- Entrées:

Signal : $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n$;
 Parcimonie : s ;
 Matrice d'acquisition ou de mesures : $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{m \times n}$;

B- Initialisation:

$j = 1, T^j = \emptyset, \mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x}, \mathbf{r}^j = \mathbf{y}, \tilde{\mathbf{x}}^j = \mathbf{x}, \text{entrées}^j = \{\mathbf{r}^j\}, \text{objectifs}^j = \{\tilde{\mathbf{x}}^j\}$;

C- Procédure:

```

1   While  $j < s$ 
2        $j = j + 1$  ;
3        $k^j = \text{indice du } \max\{|\hat{x}_i^j|\}$  ;
4        $T^j = T^{j-1} \cup k^j$  ;
5        $\tilde{x}_i^j = \begin{cases} \tilde{x}_i^{j-1} & i \notin T^j \\ 0 & i \in T^j \end{cases}$  ;
6        $\mathbf{A}_{T^j} = [\alpha_k, k \in T^j]$  ;
7        $\mathbf{x}_{T^j}^j = \text{argmin} \|\mathbf{y} - \mathbf{A}_{T^j}\mathbf{x}\|_{\ell_2}$  ;           /* moindres carrés */
8        $\mathbf{r}^j = \mathbf{y} - \mathbf{A}_{T^j}\mathbf{x}_{T^j}^j$  ;                       /* mise à jour du résidu */
9        $\text{entrées}^j = \text{entrées}^{j-1} \cup \{\mathbf{r}^j\}$  ;
10       $\text{objectifs}^j = \text{objectifs}^{j-1} \cup \{\tilde{\mathbf{x}}^j\}$  ;
11
19  End
```

D- Sorties:

base d'apprentissage : $\{\text{entrées, objectifs}\}$.

5. Modèles de signaux et configuration des simulations

Un des avantages des réseaux de neurones est leur capacité à apprendre les caractéristiques d'un signal directement à partir de l'ensemble des exemples d'apprentissage. En outre, ils nous ont offert également une implémentation simple du modèle de signaux dans l'algorithme glouton OMP. Les trois modèles de signaux suivants seront considérés par la suite:

Modèle 1: Les composantes du signal d'intérêt $\mathbf{x} \in \Sigma_S$, sont connus pour être toutes positives. Cette classe de signaux sera désignée par Σ_{S+} . En ce qui concerne le support de \mathbf{x} , il suit une distribution aléatoire uniforme. Une application typique pour ce modèle sera le calcul du spectre de puissance, en utilisant seulement un petit nombre de décalages aléatoires de la fonction d'auto-corrélation, d'un signal connu pour avoir un spectre de puissance parcimonieux. Les signaux possédant des spectres de puissance parcimonieux sont fréquents pratiquement.

Modèle 2: Les composantes non nulles du signal d'intérêt $\mathbf{x} \in \Sigma_S$, suivent une fonction de densité de probabilité (pdf) particulière, traduisant le 'modèle', dépendant de leur position. La figure 2.7 donne un exemple d'un modèle de ce type. Ici, la génération des coefficients non nuls de $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{100}$, suit une densité de probabilité basée sur deux Gaussiennes, avec des valeurs moyennes de 15 et 62 et des écarts type de 4 et 5, respectivement. Des applications possibles pour ce modèle seront détaillées dans la section suivante consacrée aux résultats.

Modèle 3: Le troisième modèle est une combinaison des deux précédents, à savoir des signaux $\in \Sigma_{S+}$, ayant aussi une pdf spatiale particulière, traduisant le 'modèle', pour leur support. La motivation pour ce modèle est de montrer que la même structure de réseaux de neurones intégrée dans NNOMP est capable d'apprendre plusieurs caractéristiques du signal simultanément et améliorer les résultats de reconstructions.

Nous allons décrire ci-dessous la construction de la matrice de mesure \mathbf{A} , de telle sorte qu'elle respecte la RIP avec une grande probabilité (cf. 1^{er} chapitre), ainsi que l'obtention des signaux $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n$, S-parcimonieux, utilisés pour la génération de la base d'apprentissage (selon pseudo-code 3), ou utilisés pour la simulation. La taille n des signaux sera fixée à 100.

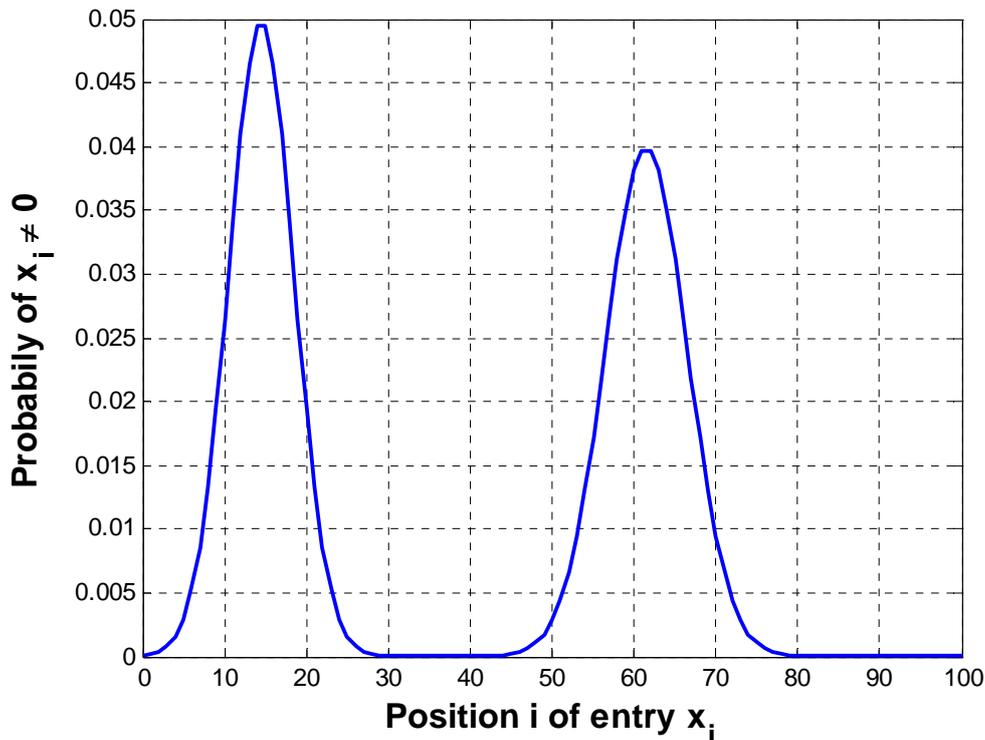


Fig. 2.7. Densité de probabilité des coefficients non nuls de $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{100} \cap \Sigma_S$, en fonction de leur position.

Nous avons d'abord généré une matrice de projection aléatoire $\mathbf{F} \in \mathbb{R}^{n \times n}$. Cette matrice est construite en générant 100×100 variables aléatoires gaussiennes, indépendantes et identiquement distribuées (i.i.d.), puis nous avons orthogonalisé ses colonnes. Pour obtenir les différentes matrices de mesure \mathbf{A} (chacune correspondant à une valeur différente du nombre de mesures m), m lignes ont été choisies de manière aléatoire et uniforme à partir de \mathbf{F} , et les colonnes de \mathbf{A} ont ensuite été normalisées à l'unité selon la norme ℓ_2 .

La génération du signal \mathbf{x} , parcimonieux, dépend des modèles de signaux précédemment décrits. Nous commençons toujours par sélectionner le support du signal. Pour le premier modèle, nous avons choisi au hasard la position des s composantes non nulles (la valeur de s peut être fixe ou variable au cours d'une expérience en fonction de son contexte). Pour le second et le troisième modèle, la génération du support signal suit la p.d.f. prédéfinie dans la fig. 2.5. Nous avons ensuite donné à chacun de ces s composantes non nulles des amplitudes choisies au hasard selon une distribution gaussienne de moyenne nulle et de variance égale à 1. Dans le cas du premier et du troisième modèle de signaux, nous avons pris la valeur absolue des amplitudes obtenues. Lors des simulations, $\mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x}$ représente le vecteur de mesures appliqué au décodeur CS. La mesure de performance de la reconstruction proposée ainsi que le rapport signal sur bruit sont défini de la manière suivante:

$$SNR_{rec} = 20 \log_{10} \frac{\|\mathbf{x}\|_{\ell_2}}{\|\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}\|_{\ell_2}} \quad (2.10)$$

Où $\hat{\mathbf{x}}$ représente le vecteur de la solution proposée par un décodeur donné. Dans le cas du vecteur de mesures \mathbf{y} bruitées, on ajoute un bruit blanc Gaussien \mathbf{e} , normalisé afin d'avoir un vecteur de mesures avec un rapport signal sur bruit fixé :

$$SNR_{mes} = 20 \log_{10} \frac{\|\mathbf{y}\|_{\ell_2}}{\|\mathbf{e}\|_{\ell_2}} \quad (2.11)$$

6. Résultats obtenus et discussion

Cette section évalue les performances de l'algorithme proposé pour la reconstruction des signaux parcimonieux appartenant aux trois modèles définis précédemment. Une série de simulations, avec et sans mesures bruitées, ont été menées, la comparaison avec des reconstructions basées sur la minimisation selon la norme L1 ont également été effectuées. Avant d'explorer les résultats, nous donnons ci-dessous un peu plus de détails sur les réseaux entraînés.

La longueur du signal (nombre d'échantillons) considéré est $n = 100$. Au total, neuf réseaux non linéaires, et 9 réseaux linéaires ont été entraînés, pour chaque modèle de signal, correspondant à 9 valeurs de m , $m \in \{10, 15, \dots, 50\}$. Pour chaque valeur de m , on a choisi au hasard m lignes de $\mathbf{F} \in \mathbb{R}^{100 \times 100}$, et on a construit \mathbf{A} . Ainsi, les fractions d'échantillons acquis, par rapport à un échantillonnage complet selon Shannon, sont $\delta = m/n = 0.1, 0.15, \dots, 0.5$.

Pour le premier modèle de signaux parcimonieux, et pour chaque \mathbf{A} , nous avons généré comme décrit précédemment, $M = 50\,000$ paires d'exemples pour l'apprentissage $\{\mathbf{r}_k, \tilde{\mathbf{x}}_k\}$, avec $\tilde{\mathbf{x}}_k \in \Sigma_{S^+}$, $S = m/4$, et $\mathbf{r}_k \in \mathbb{R}^m$ les résidus correspondants. On a par la suite entraîné les réseaux en utilisant ces paires d'exemples.

Pour le second modèle, et pour chaque \mathbf{A} , les $M = 50\,000$ paires d'exemples pour l'apprentissage sont une union d'un ensemble de 25 000 paires $\{\mathbf{r}_k, \tilde{\mathbf{x}}_k\}$, avec $\tilde{\mathbf{x}}_k \in \Sigma_S$,

$S = m/4$, et $\mathbf{r}_k \in \mathbb{R}^m$ les résidus correspondants, et un autre ensemble de 25 000 d'exemples générés en utilisant le modèle 2 du signal, i.e. en utilisant la p.d.f. de la fig. 2.7.

Pour le troisième modèle de signaux parcimonieux, les $M = 50\,000$ paires d'exemples pour l'apprentissage ont été obtenues d'une manière similaire au modèle 2, mais avec des signaux $\in \Sigma_{S+}$.

L'apprentissage a été réalisé à l'aide de Matlab. Dans le cas des réseaux non linéaires, nous avons utilisé un réseau 'feedforward' standard à 3-couches entièrement connectées (fig. 2.2), avec $n_h=260$ neurones dans la couche cachée, et éventuellement 100 neurones dans la couche de sortie. La fonction d'activation pour les neurones de la couche cachée est la " tangente sigmoïde " et pour la couche de sortie une fonction d'activation "linéaire". L'équation (2.3) a été prise pour la fonction de performance du réseau (à minimiser), et l'apprentissage a été réalisé à l'aide de la rétro-propagation à gradient conjugué avec des mises à jour selon l'algorithme de Fletcher-Reeves. L'objectif de la minimisation a été fixé à 10^{-3} , et le nombre maximum d'itérations à 4000. Sur un ordinateur muni de 4 processeurs Xeon L7455 à six cœurs, (horloge à 2.13 GHz avec 12 Mo de cache L3 et 1.066 GHz TSB et 128 Go de RAM), l'apprentissage d'un réseau non linéaire a pris 45 heures environ pour aboutir à une des conditions d'arrêt (objectif atteint, nombre maximum d'itérations atteint, pas minimal,...). Notons que le code n'a pas été optimisé et qu'il n'utilise pas très efficacement la capacité de calcul qu'offre cet ordinateur.

Dans le cas de fonctions d'activation linéaires dans la couche cachée, le réseau multicouche est en fait équivalent à un réseau monocouche linéaire. L'apprentissage peut alors être effectué de la même manière; cependant, un moyen plus efficace est d'utiliser la fonction "newlind" du logiciel Matlab qui calcule les poids et les biais de façon à minimiser l'erreur quadratique moyenne sur l'ensemble des exemples d'apprentissage au sens des moindres carrés. Ces réseaux linéaires peuvent facilement être obtenus sur un ordinateur personnel. Les réseaux linéaires utilisés dans les simulations suivantes ont été obtenus sur un PC équipé d'un processeur AMD Turion (tm) X2 Dual-Core Mobile RM-72 et 4 Go de RAM.

Pour les simulations décrites ci-dessous, les reconstructions OMP ont été effectuées avec sa mise en œuvre dans la boîte à outils SparseLab [65]. Lors de la reconstruction de signaux appartenant à Σ_{S+} (modèles 1 et 3), nous avons modifié la mise en œuvre d'OMP afin de résoudre le problème suivant P0+:

$$\text{P0+} \quad \hat{\mathbf{x}} = \underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n}{\operatorname{argmin}} \|\mathbf{x}\|_{\ell_0} \quad \text{sous les contraintes} \quad \begin{cases} \mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} \\ x_i \geq 0 \end{cases} \quad (2.12)$$

Les modifications d'OMP ont été effectuées de la même manière que dans [66], c'est à dire, en ne considérant que les corrélations positives lors de l'identification du support de \mathbf{x} , et en ajoutant la contrainte de non négativité aux moindres carrés de (1.44) à l'aide de la fonction « *lsqnonneg.m* » de Matlab. Cette mise en œuvre d'OMP pour résoudre P0+ (2.12) sera référencée par la suite par OMP+.

Les minimisations selon la norme ℓ_1 ont été effectuées en utilisant la boîte à outils CVX [67] (destinée à l'identification et la résolution les programmes convexes). Lors de la reconstruction à partir des signaux appartenant à Σ_{S+} (modèles 1 et 3), les contraintes $x_i \geq 0, i \in \{1,2,\dots,n\}$, peuvent être facilement ajoutées. Le problème de la recherche de $\mathbf{x} \in \Sigma_{S+}$ est alors reformulé par le problème P1+ de minimisation selon la norme ℓ_1 suivant :

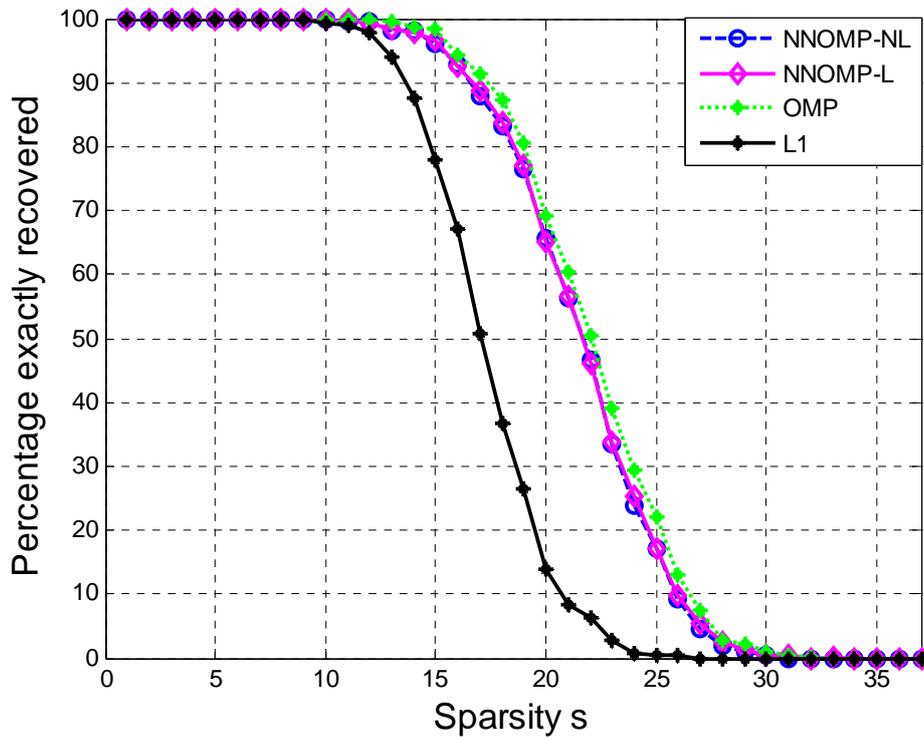


Fig. 2.8. Pourcentage de reconstructions exactes, en moyenne sur 1000 signaux aléatoires $\mathbf{x} \in \Sigma_s$ (aucun modèle \mathbf{n} 'est considéré), en fonction de la parcimonie s de \mathbf{x} , pour $m = 45$ et $n = 100$.

$$P1+ \quad \hat{\mathbf{x}} = \underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n}{\operatorname{argmin}} \|\mathbf{x}\|_{\ell_1} \quad \text{sous les contraintes} \quad \begin{cases} \mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} \\ x_i \geq 0 \end{cases} \quad (2.13)$$

La mise en œuvre utilisée pour résoudre P1+ selon ℓ_1 sera désignée par L1+.

Des reconstructions à partir de mesures exactes et bruitées ont été effectuées. Dans le cas de mesures bruitées, la valeur de res_{min} dans tous les décodeurs à base l'OMP, y compris le nôtre (voir le pseudo-code 2), a été fixée à la norme euclidienne du vecteur de bruit \mathbf{e} . Le même seuil a été utilisé pour ε dans les décodeurs par minimisation selon la norme ℓ_1 (voir (1.34)).

6.1. Reconstructions de signaux aléatoires appartenant à Σ_s

D'abord, nous allons considérer les signaux \mathbf{x} aléatoires qui ne possèdent aucune caractéristique particulière à part qu'ils soient parcimonieux. Ce cas nous permet de montrer que lors de la reconstruction de signaux aléatoires appartenant à Σ_s , notre algorithme NNOMP donne des résultats équivalents à la version standard de l'algorithme OMP. Notre premier relevé, fig. 2.8, présente les résultats de simulations avec $n = 100$, et $m = 45$. La matrice de mesure \mathbf{A} est donc de dimensions 45×100 . Cela correspond à une fraction d'échantillons acquis en dimension n , $\delta = m/n = 0.45$. La fig. 2.8 montre le pourcentage de reconstructions exactes en fonction de la parcimonie s du signal aléatoire \mathbf{x} . Une reconstruction exacte est déclarée quand $\frac{\|\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}\|_{\ell_2}}{\|\mathbf{x}\|_{\ell_2}} \leq 10^{-5}$. Cela correspond à un $SNR_{rec} \geq 100\text{dB}$. Chaque point sur le tracé correspond à une moyenne sur 1000 reconstructions, et pour chaque s , le vecteur de mesure \mathbf{y} est le même pour tous les décodeurs (i.e. nous utilisons la même matrice de mesure \mathbf{A}). Les résultats de quatre types de décodeurs sont représentés dans la fig. 2.8: OMP standard, L1, et l'algorithme NNOMP avec les réseaux non linéaires et linéaires, désignés par NNOMP-NL et NNOMP-L, respectivement. Nous remarquons que les courbes obtenues pour NNOMP-NL et NNOMP-L sont pratiquement les mêmes et que leurs performances suivent de près celle d'OMP.

6.2. Reconstructions de signaux aléatoires appartenant à Σ_{S^+} , modèle 1

Nous considérons maintenant les reconstructions de signaux \mathbf{x} parcimonieux générés selon le modèle 1, c'est à dire avec des composantes uniquement positives. Le support de \mathbf{x} est distribué uniformément de façon aléatoire.

6.2.1. Reconstructions à partir de mesures exactes

La fig. 2.9, présente les résultats de simulation avec $n = 100$, et $m = 45$. Les courbes montrent le pourcentage de reconstructions exactes, en moyenne sur 1000 signaux aléatoires générés selon le modèle 1, en fonction de la parcimonie s de \mathbf{x} . Les résultats de cinq types de décodeurs sont représentés: OMP standard, OMP+, L1+, NNOMP-NL et NNOMP-L.

Le décodeur OMP + donne les meilleurs résultats, suivi par NNOMP-NL. Le décodeur linéaire NNOMP-L est suffisant pour donner une performance similaire celle de L1+. L'OMP standard donne la plus faible performance comme prévu, car aucune connaissance a priori sur \mathbf{x} n'est utilisé lors du décodage. Les reconstructions L1 ne sont pas affichées, elles donnent une performance inférieure à celle d'OMP.

La fig. 2.10 montre également les résultats de la simulation avec $n = 100$. Elle indique le pourcentage de reconstructions exactes, c'est à dire avec un $SNR_{rec} \geq 100\text{dB}$, en moyenne sur 1000 signaux d'essais $\mathbf{x} \in \Sigma_{S^+}$, en fonction de la fraction d'échantillons acquis en dimension n , $\delta = m/n$, pour différents niveaux de parcimonie s de \mathbf{x} ($s = 7, 15$, et 25 , courbes de gauche à droite). Ici encore, OMP+ donne la meilleure performance suivi de près par NNOMP-NL. La performance de L1+ par rapport à NNOMP-L change en fonction de s et δ . OMP donne la plus faible performance.

6.2.2. Reconstructions à partir de mesures bruitées

La fig. 2.11, présente des courbes similaires à celles de la fig.2.9, mais qui correspondent à des

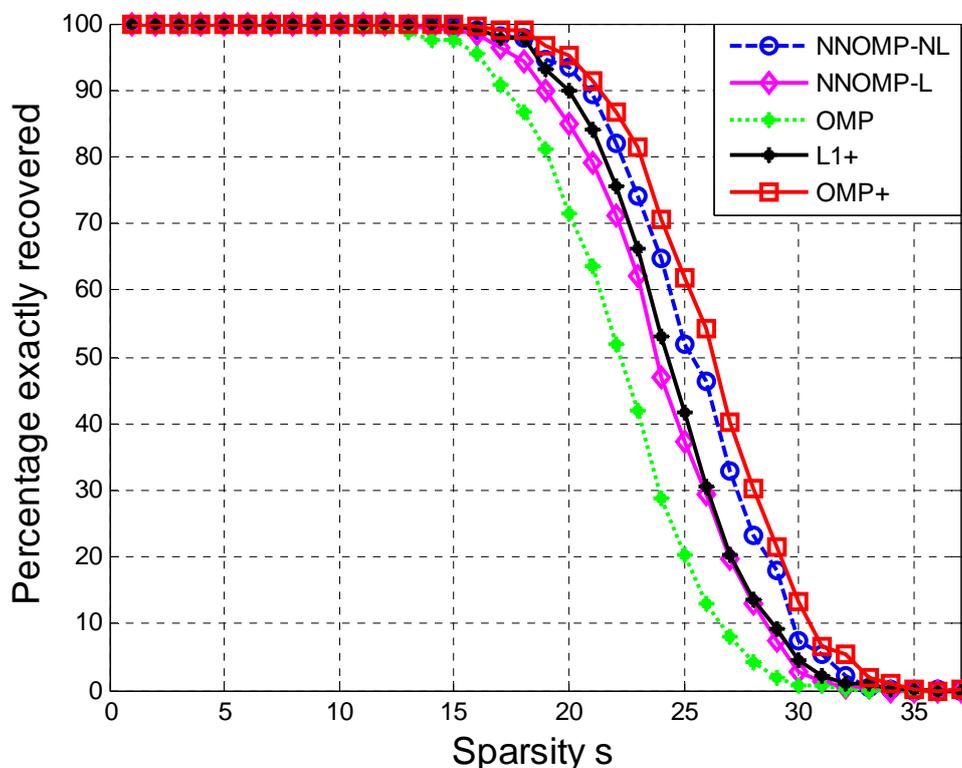


Fig. 2.9. Pourcentage de reconstructions exactes, en moyenne sur 1000 signaux aléatoires $\mathbf{x} \in \Sigma_{S^+}$ (modèle 1), en fonction de la parcimonie s de \mathbf{x} , pour $m = 45$ et $n = 100$.

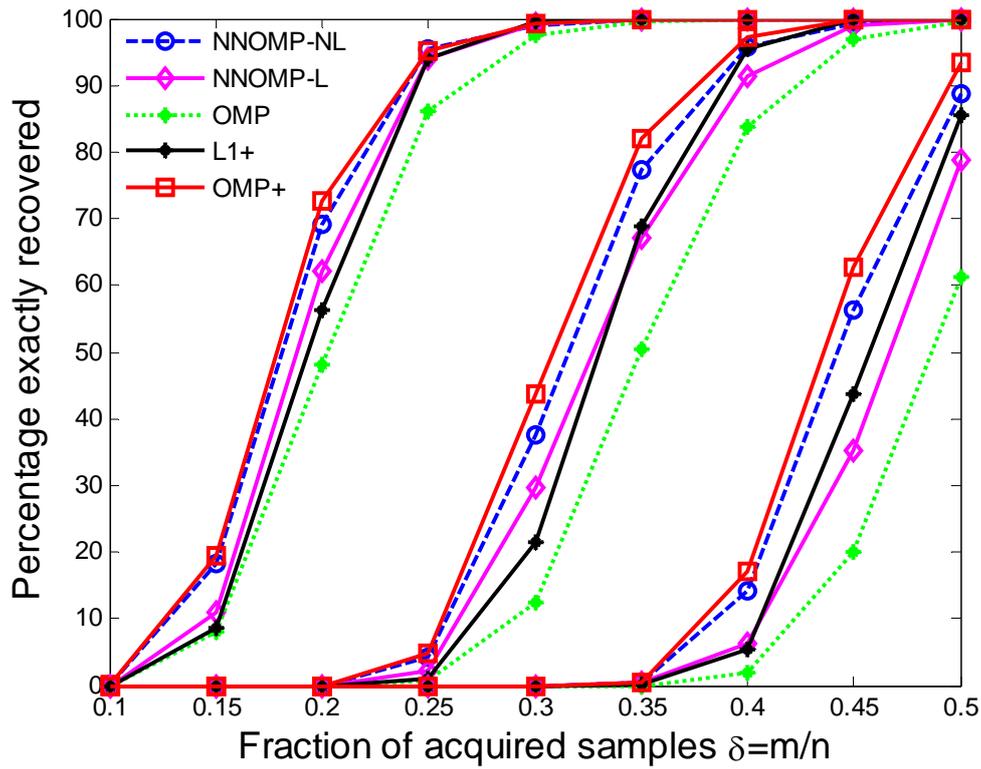


Fig. 2.10. Pourcentage de reconstructions exactes, en moyenne sur 1000 signaux aléatoires $\mathbf{x} \in \Sigma_{S^+}$ (modèle 1), en fonction de la fraction d'échantillons acquis $\delta=m/n$ pour les niveaux de parcimonie $s=7, 15, 25$ (courbes de gauches à droite) et $n=100$, avec cinq décodeurs différents.

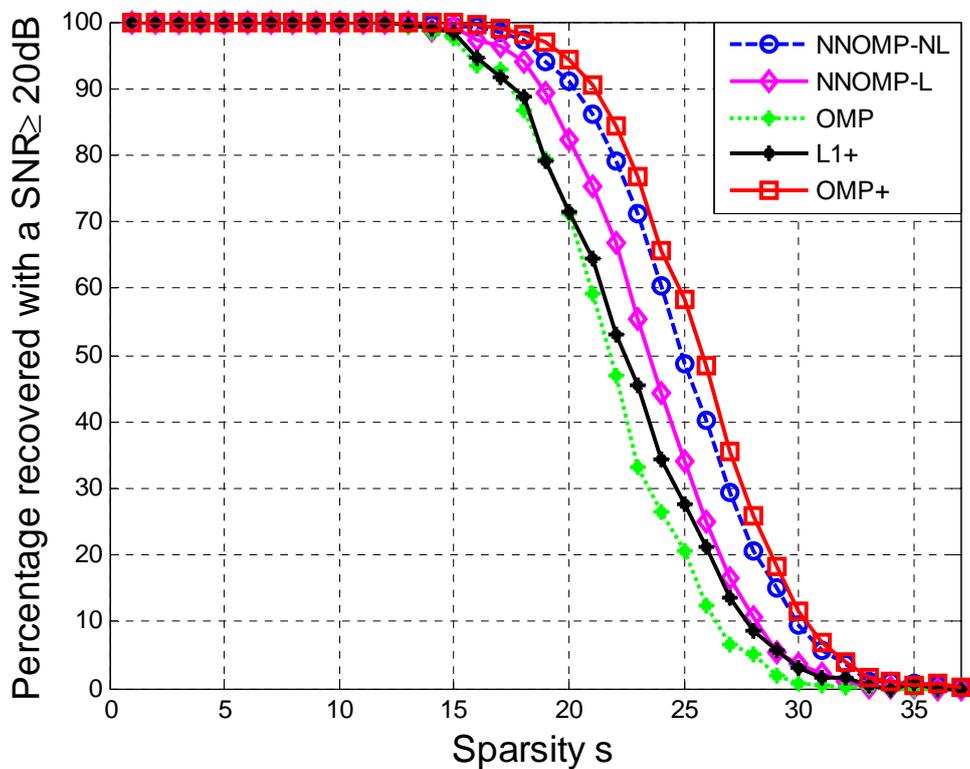


Fig.2.11. Pourcentage de reconstructions avec un $SNR_{rec} \geq 20$ dB, en moyenne sur 1000 signaux d'essai générés selon le modèle 1 avec un $SNR_{mes} = 30$ dB, en fonction de la parcimonie s , pour $m = 45$ et $n = 100$.

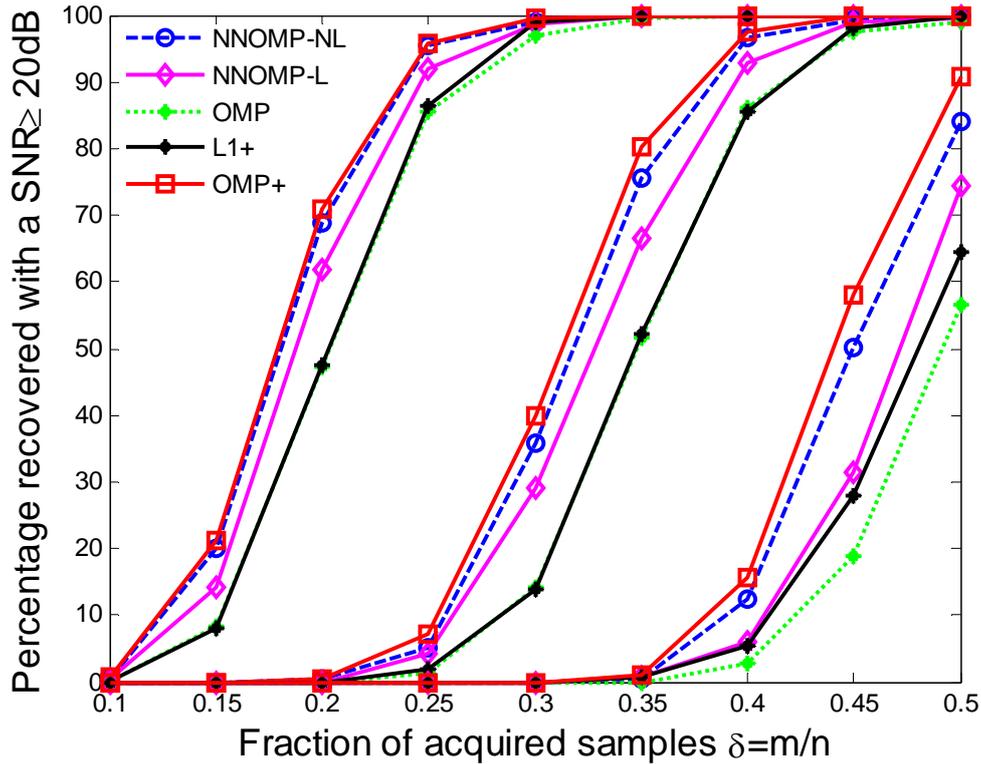


Fig. 2.12. Pourcentage de reconstructions avec un $SNR_{rec} \geq 20$ dB, en moyenne sur 1000 signaux aléatoires générés selon le modèle 1 avec un $SNR_{mes} = 30$ dB, en fonction de la fraction d'échantillons acquis $\delta=m/n$ pour les niveaux de parcimonie $s=7, 15, 25$ (courbes de gauches à droite) et $n=100$, avec cinq décodeurs différents.

reconstructions à partir de mesures bruitées avec un $SNR_{mes} = 30$ dB. Les tracés montrent, pour chaque décodeur, le pourcentage de signaux reconstruits avec un $SNR_{rec} \geq 20$ dB, en moyenne sur 1000 signaux d'essais générés selon le modèle 1, en fonction de la parcimonie s du signal \mathbf{x} .

La fig. 2.12, montre le pourcentage de signaux reconstruits avec un $SNR_{rec} \geq 20$ dB, en moyenne sur 1000 signaux d'essais générés selon le modèle 1, avec un $SNR_{mes} = 30$ dB, en fonction de $\delta = m/n$, pour différents niveaux de parcimonie s de \mathbf{x} .

Ici encore, OMP+ donne les meilleures performances, suivi de près par NNOMP-NL, par NNOMOP-L, par L1+ et enfin OMP.

6.3. Reconstructions de signaux appartenant au modèle 2

Nous considérons ci-dessous les reconstructions de signaux \mathbf{x} parcimonieux générés selon le modèle 2, c'est à dire avec un support généré selon la p.d.f. spatiale donnée dans la fig. 2.7. Des reconstructions à partir des mesures exactes et bruitées sont étudiées.

6.3.1. Reconstructions à partir de mesures exactes

Les courbes de la fig. 2.13 montrent le pourcentage de reconstructions exactes, en moyenne sur 1000 signaux aléatoires générés selon le modèle 2, en fonction de la parcimonie s de \mathbf{x} lorsque $n = 100$, et $m = 45$. Les décodeurs NNOMP-NL et NNOMP-L donnent approximativement les mêmes performances. Ils dépassent largement celles d'OMP et de L1 dans la reconstruction des signaux appartenant au modèle 2. Nous remarquons aussi que la non-linéarité ne donne aucun avantage et qu'un décodeur à base de réseau linéaire est suffisant pour reconstruire les signaux appartenant à ce modèle. Ce qui est intéressant dans ce cas, est que la complexité de

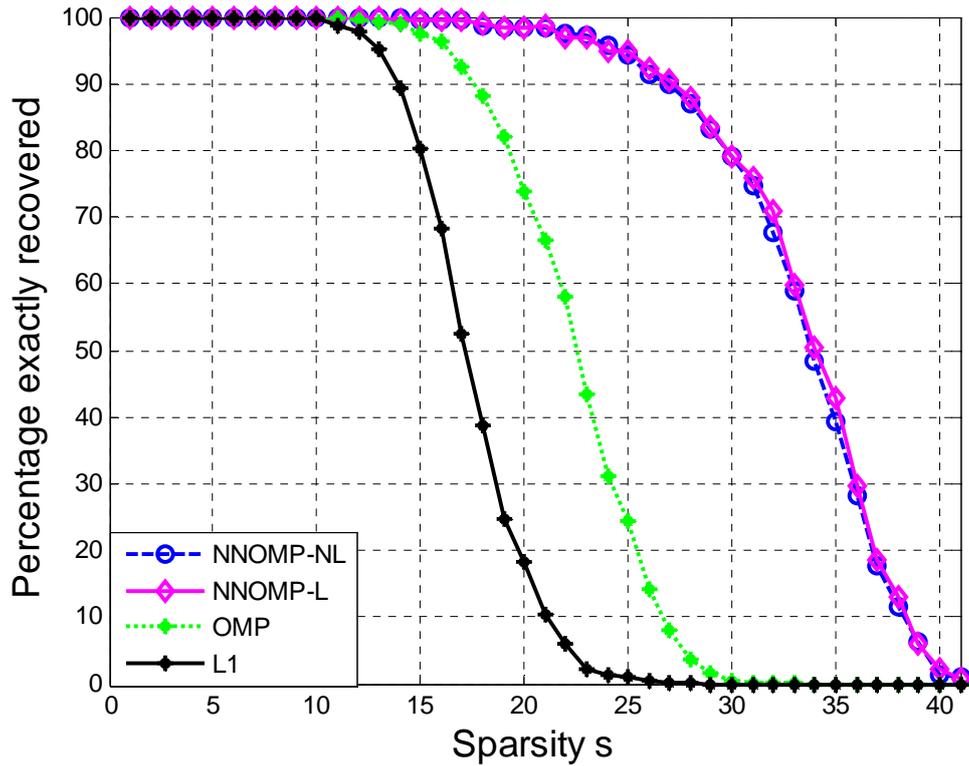


Fig. 2.13. Pourcentage de reconstructions exactes, en moyenne sur 1000 signaux aléatoires x générés selon le modèle 2, en fonction de la parcimonie s de x , pour $m = 45$ et $n = 100$.

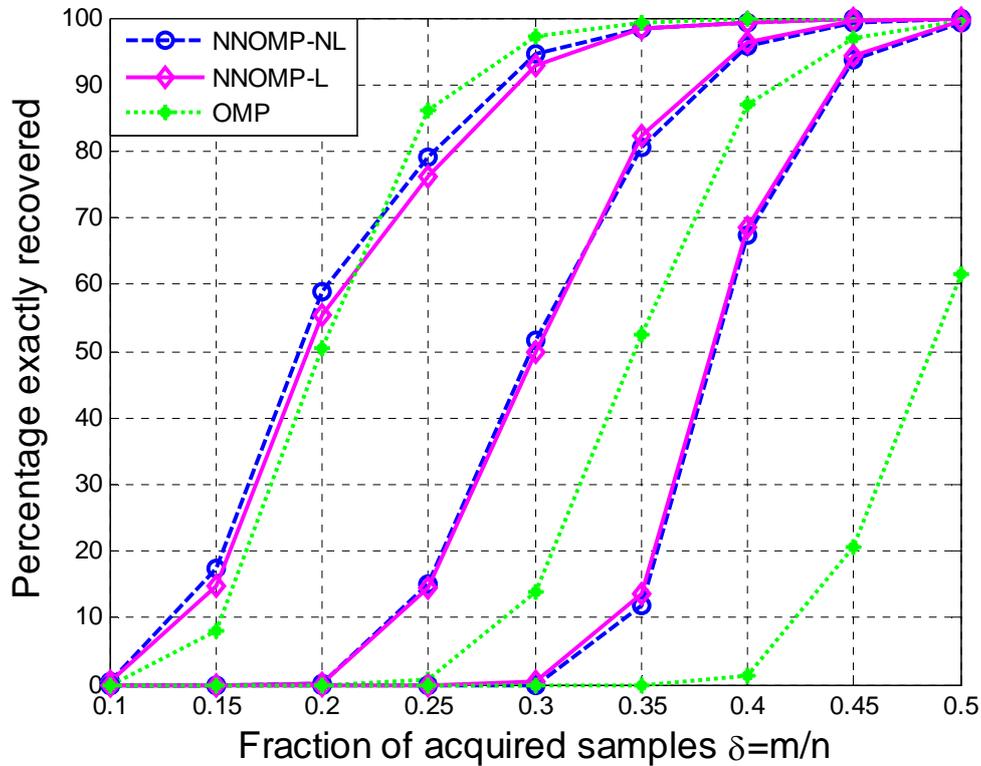


Fig. 2.14. Pourcentage de reconstructions exactes, en moyenne sur les 1000 signaux aléatoires x générés selon le modèle 2, en fonction de la fraction d'échantillons acquis $\delta = m/n$ pour les niveaux de parcimonie $s = 7, 15, 25$ (courbes de gauches à droite) et $n = 100$.

NNOMP-L est égale à l'OMP standard. Ainsi, une fois l'apprentissage du réseau linéaire effectué, on obtient en utilisant NNOMP-L une performance largement supérieure à OMP, pour la reconstruction de signaux appartenant au modèle 2, et ceci sans aucun coût supplémentaire. En plus, l'apprentissage peut se poursuivre en ligne.

Les courbes de la fig. 2.14, montrent le pourcentage de reconstructions exactes, en moyenne sur 1000 signaux aléatoires générés selon le modèle 2, en fonction de la fraction d'échantillons acquis en dimension n , $\delta = m/n$, pour différents niveaux de parcimonie de \mathbf{x} . Ici de même, NNOMP-NL et NNOMP-L présentent des performances similaires et dépassent largement OMP et L1, dans la reconstruction de signaux appartenant modèle 2. Les résultats des reconstructions selon L1 ne sont pas présentés dans la fig. 2.14 pour la rendre plus lisible.

6.3.2. Reconstructions à partir de mesures bruitées

Les mêmes expériences ont été menées avec des mesures bruitées et un $SNR_{mes} = 30$ dB. Les résultats sont présentés dans les fig. 2.15 et 2.16. Ici encore, NNOMP-NL et NNOMP-L dépassent largement OMP et L1. Les résultats des reconstructions selon L1 ne sont également pas présentés dans la fig. 2.16 pour la rendre plus lisible.

6.3.3. Exemples d'applications pour le modèle 2

Le modèle 2 peut être utilisé dans des applications telle que l'imagerie mono-pixel ou « *single pixel imaging* » [29] où on cherche à reconstruire le signal inconnu \mathbf{x} dans le domaine de la transformée cosinus discrète (DCT). Le « *single pixel imaging* » vise principalement à reconstruire un signal à partir d'un nombre réduit de capteurs. L'intérêt sera d'autant plus important si ces capteurs sont, par exemple, coûteux ou difficiles à mettre en œuvre. Cela pourrait être utile, par exemple, en surveillance infrarouge, civile ou militaire, en imagerie thermique également connue sous le nom de thermographie, ainsi que dans les applications astronomiques où nous voulons obtenir des images à des longueurs d'ondes où les capteurs sont très complexes, encombrants et coûteux. Par exemple, les grilles de bolomètres sur le télescope spatial Herschel [54], emporté dans l'espace le 14 mai 2009, et possédant le plus grand et le plus puissant télescope infrarouge jamais envoyé dans l'espace, sont de 16×32 et 32×64 pixels pour les bandes 125-210 μm , et 60-85 μm ou de 85-125 μm , respectivement. Ces capteurs doivent en plus, être maintenus à une température de 0.4°K (degré Kelvin).

Le choix de la DCT est motivé par le groupement observé des coefficients DCT significatifs des images naturelles, qui correspond au modèle 2. Cette caractéristique s'étend et s'accroît davantage avec les images infrarouges. Un exemple de ce regroupement est donné dans la fig. 2.17 où l'on présente l'amplitude, en valeur absolue, des coefficients DCT de blocs d'image de tailles 8×8 , organisés sous forme de vecteurs de taille 1×64 selon la direction horizontale, et ceci en empilant les colonnes de chaque bloc. Les blocs ont été prélevés au hasard dans différentes images de test standard dans Matlab, e.g. *cameraman*, *woman blond*, *testpat1*, *rice*, *woman darkhair*, *wpeppers2*, *fabric*. Une fraction de 15% des blocs de chaque image a été choisie au hasard, ce qui a donné un nombre total de 2720 blocs. Nous remarquons, dans la fig. 2.17, que les coefficients DCT les plus significatifs des blocs de ces différentes images sont regroupés autour de positions similaires, i.e. des indices similaires des composantes du vecteur \mathbf{x} . Nous attendons ainsi que les décodeurs NNOMP intégrant des réseaux entraînés avec une telle base d'apprentissage, donnent de meilleurs résultats que le décodeur OMP généraliste.

Les fig. 2.18 à 2.21 montrent quelques résultats obtenus. Ici nous effectuons une acquisition séquentielle de m mesures. Elles correspondent aux composantes du vecteur \mathbf{y} acquises dans le domaine spatial (ou canonique) [29], et la reconstruction de \mathbf{x} est réalisée dans le domaine de la DCT. Ici, chaque vecteur \mathbf{x} est constitué des coefficients DCT d'un bloc d'image de taille 8×8 . Dans chaque mesure effectuée, nous acquérons une combinaison linéaire aléatoire des pixels

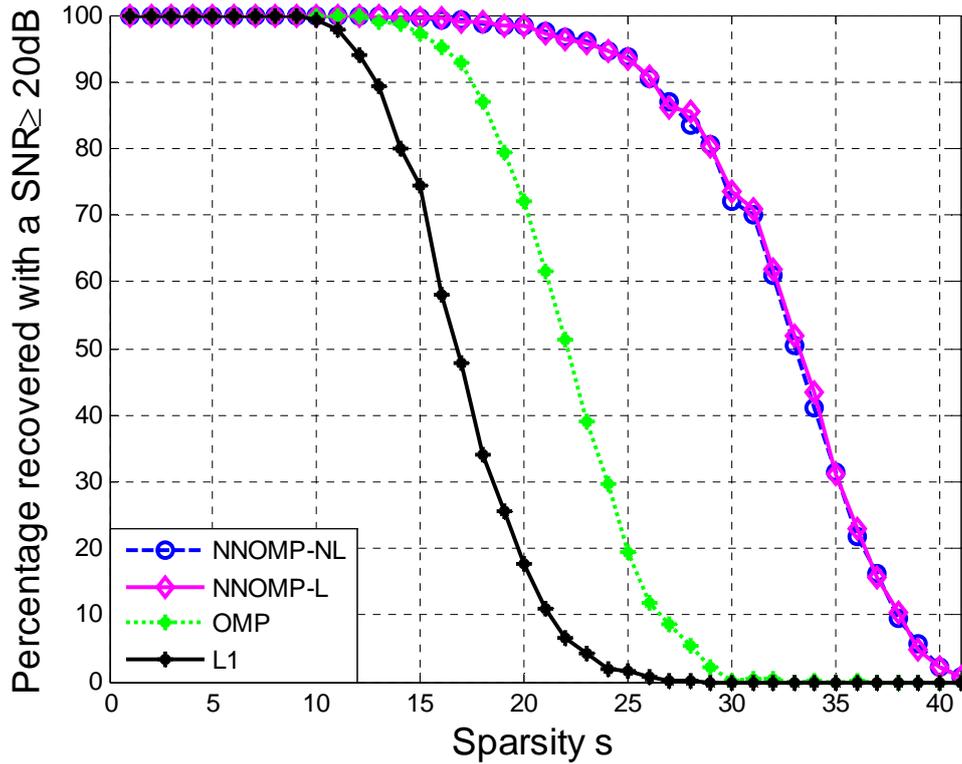


Fig. 2.15. Pourcentage de reconstructions avec un $SNR_{rec} \geq 20$ dB, en moyenne sur 1000 signaux d'essai générés selon le modèle 2 avec un $SNR_{mes} = 30$ dB, en fonction de la parcimonie s , pour $m = 45$ et $n = 100$.

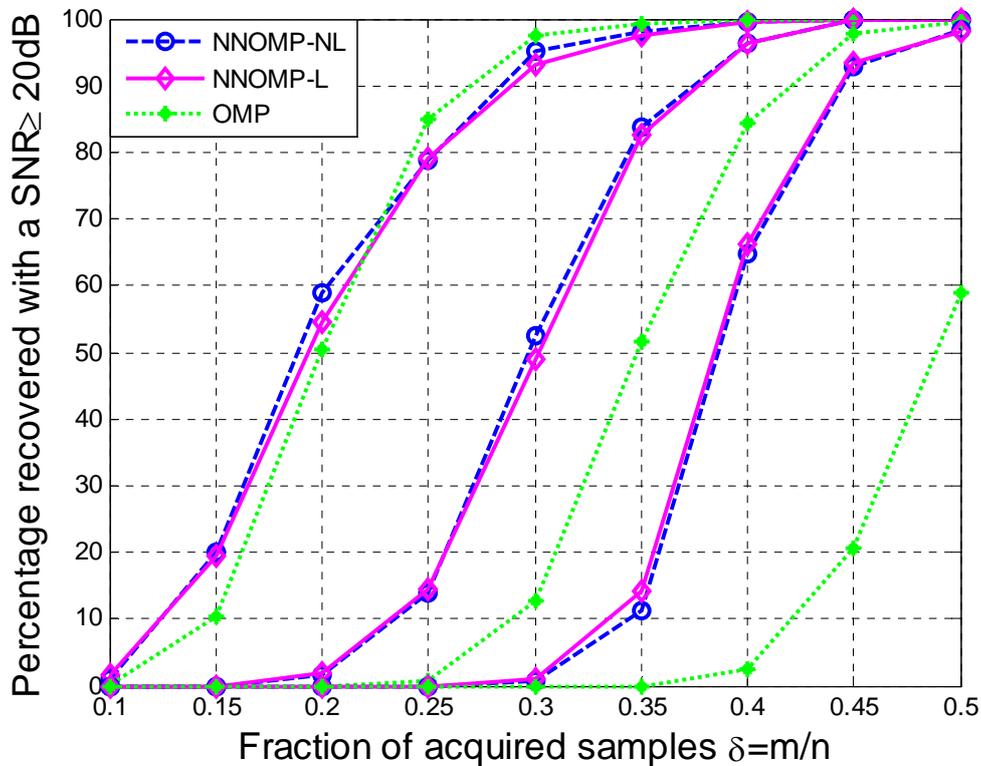


Fig. 2.16. Pourcentage de reconstructions avec un $SNR_{rec} \geq 20$ dB, en moyenne sur 1000 signaux aléatoires générés selon le modèle 2 avec un $SNR_{mes} = 30$ dB, en fonction de la fraction d'échantillons acquis $\delta = m/n$ pour les niveaux de parcimonie $s = 7, 15, 25$ (courbes de gauches à droite) et $n = 100$.

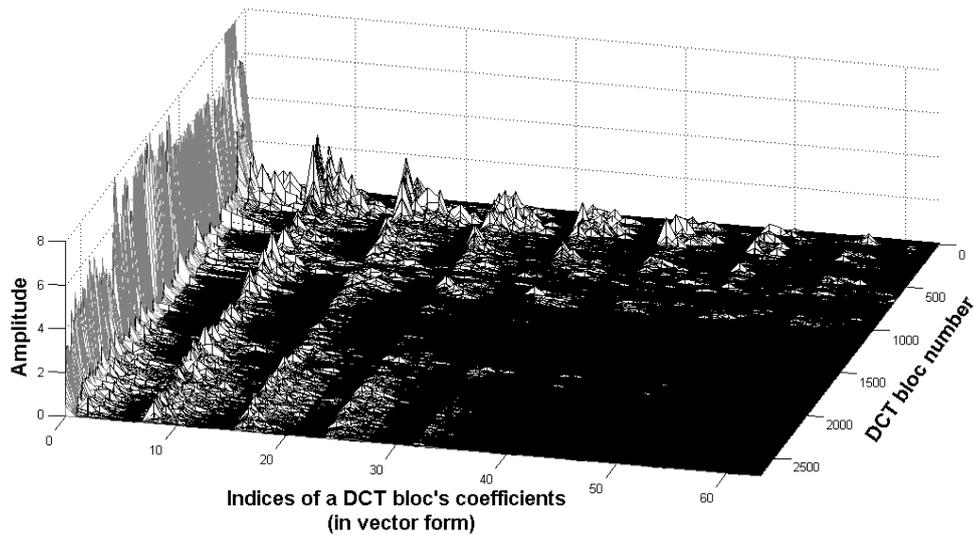
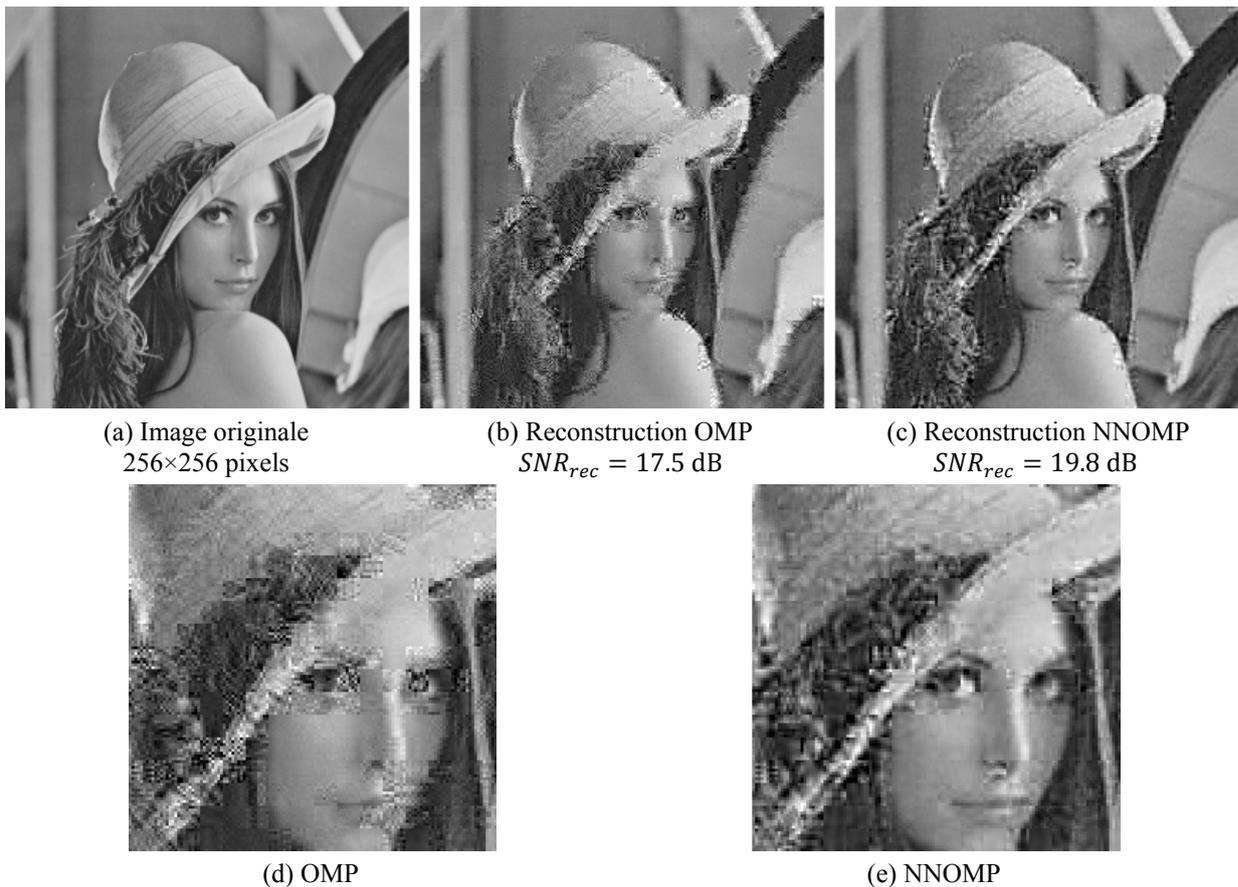


Fig. 2.17. Groupement observé des coefficients DCT significatifs des images naturelles.

La figure présente, l'amplitude en valeur absolue, des coefficients DCT de blocs d'images de taille 8×8 , organisés sous forme de vecteurs de taille 1×64 selon la direction horizontale, et ceci en empilant les colonnes de chaque bloc. Les blocs ont été prélevés au hasard de différentes images de test standard dans Matlab, e.g. *cameraman*, *woman blond*, *testpat1*, *rice*, *woman darkhair*, *wpeppers2*, *fabric* ; Une fraction de 15% des blocs de chaque image a été choisie au hasard ce qui a donné ici un nombre total de 2720 blocs.



(a) Image originale
256×256 pixels

(b) Reconstruction OMP
 $SNR_{rec} = 17.5$ dB

(c) Reconstruction NNOMP
 $SNR_{rec} = 19.8$ dB

(d) OMP

(e) NNOMP

Fig. 2.18. Reconstruction du portrait de Lena (image n'appartenant pas à la base d'apprentissage) à partir de $m = 22$ combinaisons linéaires aléatoires de pixels dans chaque bloc d'image de taille 8×8 ($\delta = m/n \approx 0.34$). (a) Image originale. (b) Reconstruction en utilisant le décodeur OMP. (c) Reconstruction en utilisant notre décodeur NNOMP. Le SNR_{rec} affiché a été calculé sur la totalité de l'image. Un gain de 2.3 dB par rapport à OMP a été obtenu en utilisant NNOMP. (d) et (e) L'agrandissement montre clairement la supériorité de reconstruction avec NNOMP.



(a) Image de surveillance infrarouge originale : 480×704 pixels



(b) Reconstruction OMP, $SNR_{rec} = 16.2$ dB



(c) Reconstruction NNOMP, $SNR_{rec} = 22.4$ dB

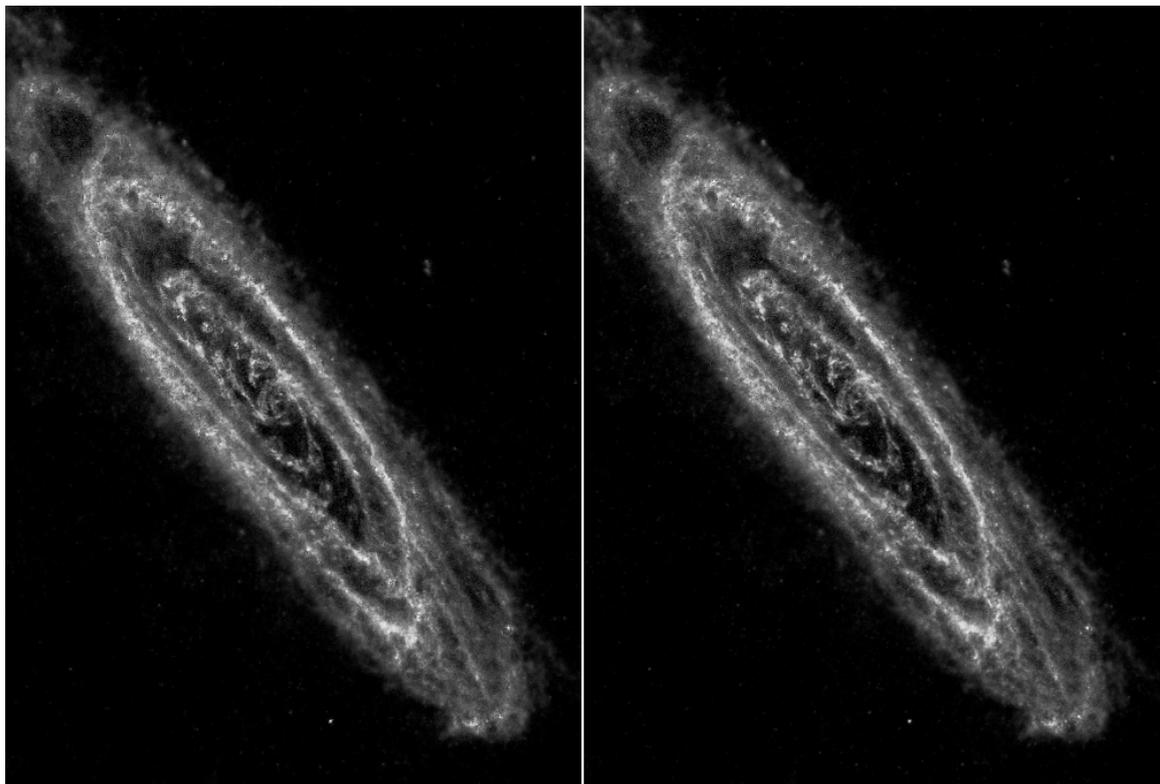


(d) OMP



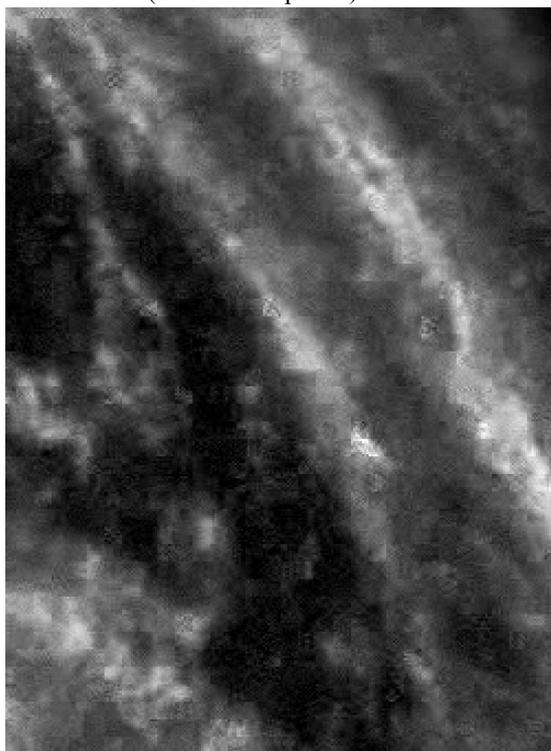
(e) NNOMP

Fig. 2.19. Reconstructions avec les mêmes paramètres de la fig. 2.18, d'une image de surveillance infrarouge. (a) Image originale (http://rst.gsfc.nasa.gov/Intro/Part2_26e.html), (b) Reconstruction en utilisant le décodeur OMP. (c) Reconstruction en utilisant notre décodeur NNOMP. Le SNR_{rec} affiché a été calculé sur la totalité de l'image. Un gain de 6.2 dB par rapport à OMP a été obtenu en utilisant NNOMP. (d) et (e) L'agrandissement montre clairement qu'OMP échoue principalement dans la reconstruction de blocs d'image contenant des bords. Ce n'est pas le cas de NNOMP

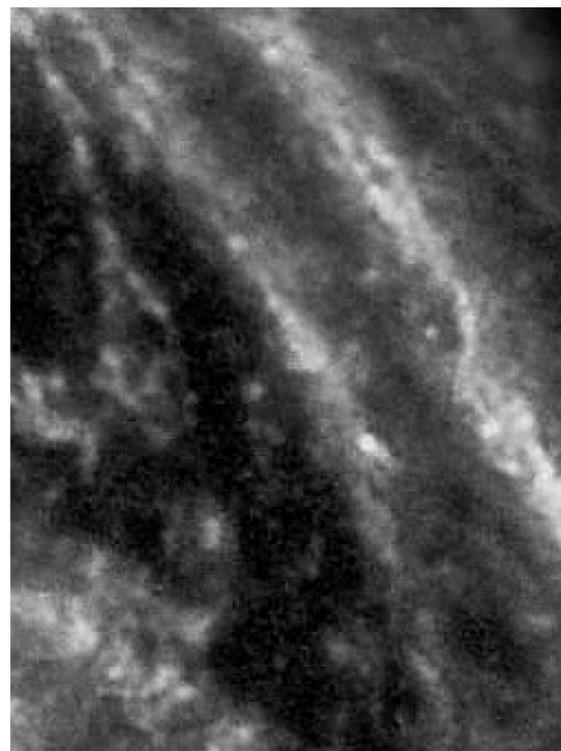


(a) Reconstruction OMP, $SNR_{rec} = 19.3$ dB
(2040×1496 pixels)

(b) Reconstruction NNOMP, $SNR_{rec} = 22.2$ dB



(c) OMP



(d) NNOMP

Fig. 2.20. Reconstructions avec les mêmes paramètres de la fig. 2.18, de l'image infrarouge de la Galaxie Andromède (crédits: ESA/Herschel/ PACS/SPIRE/J. Fritz, U. Gent).

(a) Reconstruction en utilisant le décodeur OMP. (b) Reconstruction en utilisant notre décodeur NNOMP. Le SNR_{rec} affiché a été calculé sur la totalité de l'image. Un gain de 2.9 dB par rapport à OMP a été obtenu en utilisant NNOMP. (d) et (e) L'agrandissement de la zone centrale montre clairement la supériorité de reconstruction avec NNOMP. En effet OMP échoue dans la reconstruction de certain bloc, et les effets de bord de la DCT sont visibles. Ceci n'est pas le cas pour NNOMP ce qui suggère que même pour les blocs reconstruits avec succès la reconstruction de NNOMP possède un meilleur SNR.

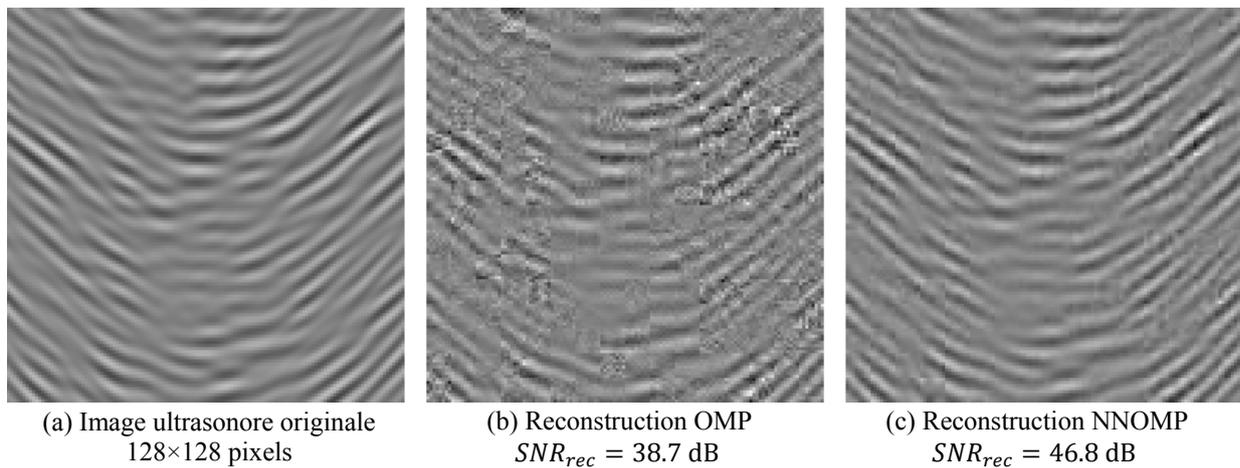


Fig. 2.21. Reconstructions avec les mêmes paramètres de la fig. 2.18, d'une image ultrasonore.

(a) Image originale. (b) Reconstruction en utilisant le décodeur OMP. (c) Reconstruction en utilisant notre décodeur NNOMP. Le SNR_{rec} affiché a été calculé sur la totalité de l'image. Un gain de 8.1 dB par rapport à OMP a été obtenu en utilisant NNOMP.

du bloc d'image de taille 8×8 à l'aide de la matrice \mathbf{A} . La valeur de m a été fixée à 22 ($\delta = m/n \approx 0.34$). On observe, dans les fig. 2.18 à 2.21, des gains allant de 2,3 dB à plus de 8 dB en termes de SNR_{rec} calculé sur l'ensemble de l'image, par rapport à des reconstructions OMP, et ceci pour des images n'appartenant pas à la base d'apprentissage et appartenant à différentes modalités d'imagerie. En outre, l'inspection visuelle de ces figures suggère que la reconstruction est subjectivement nettement améliorée.

Notons enfin que les performances obtenues en utilisant NNOMP s'amélioreront éventuellement davantage, en choisissant des ensembles d'apprentissages plus spécifiques, *i.e.* des bases d'apprentissage constitués d'images similaires appartenant à chacune des modalités d'imagerie considérées.

6.4. Reconstructions de signaux appartenant au modèle 3

Ici, notre modèle est une combinaison des deux précédents. Les essais décrits ci-dessous montrent que le réseau apprend simultanément les deux caractéristiques du signal, *i.e.* la positivité et la distribution des coefficients, pendant la phase d'apprentissage supervisée, et donne ainsi de meilleurs résultats lors de la reconstruction à partir de mesures sous-échantillonnées.

6.4.1. Reconstructions à partir de mesures exactes et bruitées

Les courbes de la fig. 2.22, montrent le pourcentage de reconstructions exactes, en moyenne sur 1000 signaux aléatoires générés selon le modèle 3, en fonction de la parcimonie s de \mathbf{x} lorsque $n = 100$, et $m = 45$. Maintenant les performances de NNOMP-NL et NNOMP-L dépassent largement celle de OMP+, grâce à l'information a priori supplémentaire concernant la distribution des coefficients non nuls de \mathbf{x} , qui est apprise par le réseau durant sa phase d'apprentissage. Bien que le pourcentage des reconstructions par NNOMP-L dépassent légèrement celui de NNOMP-NL, pour les grandes valeurs de s , ce dernier donne cependant des reconstructions plus uniformes; à titre d'exemple dans l'expérience la figure la fig. 2.22, 100% des 1000 signaux d'essais ont été reconstruits avec NNOMP-NL pour tous les signaux \mathbf{x} de parcimonie $s \leq 18$, ceci est vrai pour NNOMP-L seulement lorsque $s \leq 12$, et pour L1+, OMP+, et OMP, lorsque $s \leq 15$, 12 et 11 respectivement. Les mêmes essais ont été menés avec des mesures bruitées et un $SNR_{mes} = 30$ dB. Des résultats similaires à ceux de la fig. 2.22 ont été obtenus pour les reconstructions avec un $SNR_{rec} \geq 20$ dB.

6.4.2. Diagrammes de phase et de transition de phase pour des reconstitutions à partir des mesures exactes

Les diagrammes de phase des décodeurs L1+, OMP+, NNOMP-L et NNOMP-NL obtenus avec des signaux générés selon le modèle 3 et des mesures exactes sont présentés dans la fig. 2.23. Dans le contexte du CS, les diagrammes de phases représentent la probabilité de succès tracée dans un espace bidimensionnel (ρ, δ) , où $\rho = S/m$ est le rapport entre la parcimonie du signal et le nombre d'échantillons acquis, et $\delta = m/n$ la fraction d'échantillons acquise en dimension n . L'espace de phase présenté est limité à 0,5 dans la direction δ . Voir [45, 68] pour plus de détails sur les représentations des diagrammes de phases.

Enfin la fig. 2.24 présente, pour les mêmes essais, les courbes de transition de phase, pour les mêmes décodeurs, donnant les taux de réussite supérieurs ou égaux à 95%. Ces courbes fournissent des indications sur le nombre d'échantillons nécessaires pour reconstruire le signal original avec une forte probabilité, correspondant à la zone située au-dessous des courbes.

Dans ces deux diagrammes, nous observons clairement que NNOMP-NL dépasse largement L+, OMP+, et NNOMP-L, donnant ainsi la possibilité de reconstruire les signaux d'intérêt à partir d'un nombre inférieur d'échantillons que NNOMP-L et NNOMP-NL. La fig. 2.24 montre également la meilleure performance, pour le modèle 3, des décodeurs non linéaires NNOMP-NL par rapport aux décodeurs linéaires NNOMP-L pour les petites valeurs de δ , la fraction d'échantillons acquise en dimension n .

7. Une dernière expérience

Revenant à la fig. 2.6 dans la section 2, on peut se demander pourquoi utiliser un réseau de neurones pour remplacer l'étape de corrélation dans la boucle interne d'OMP, quand un réseau de neurones peut être utilisé pour traiter le problème complet de reconstruction?

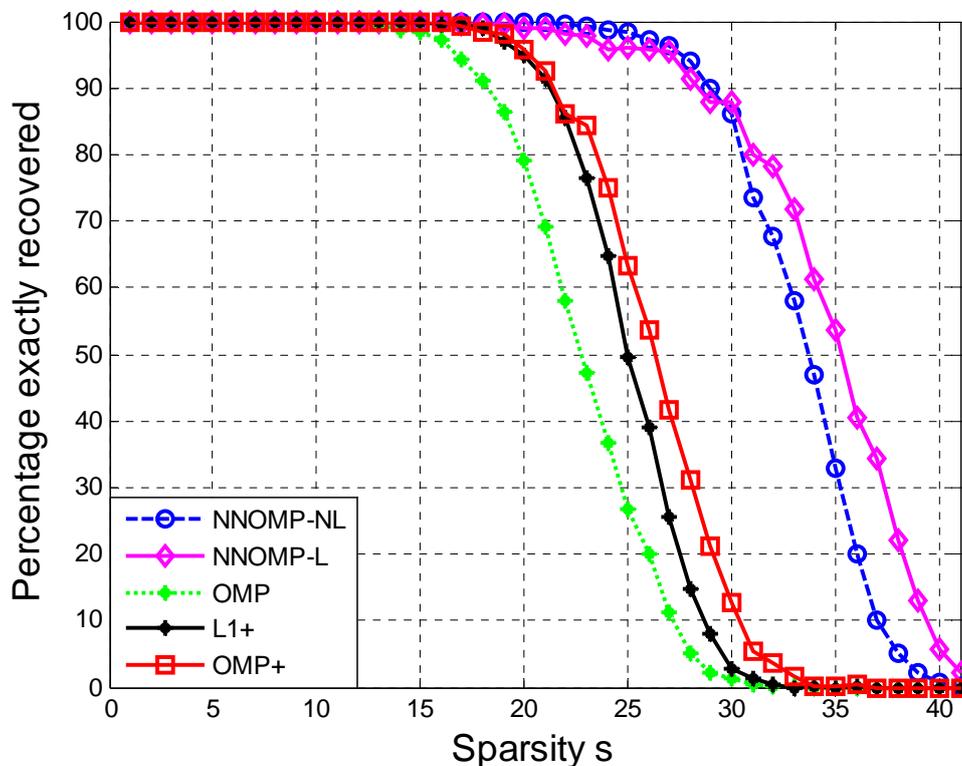


Fig. 2.22. Pourcentage de reconstructions exactes, en moyenne sur 1000 signaux aléatoires x générés selon le modèle 3, en fonction de la parcimonie s de x , pour $m = 45$ et $n = 100$.

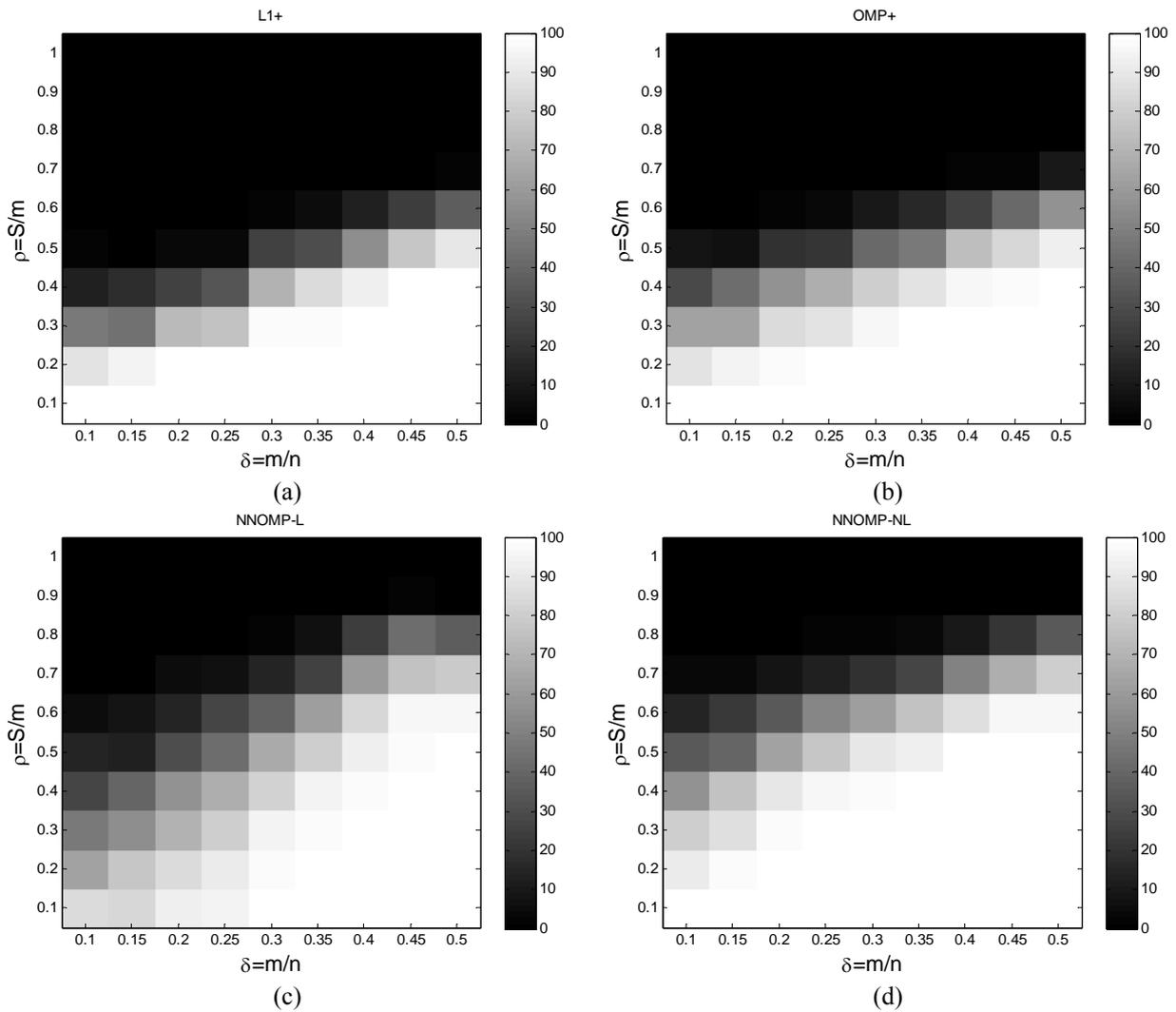


Fig. 2.23. Diagrammes de phases obtenus pour les signaux du modèle 3 dans le cas de mesures sans bruit en utilisant les décodeurs (a) L1+ . (b) OMP+. (c) NNOMP-L et (d) NNOMP-NL.

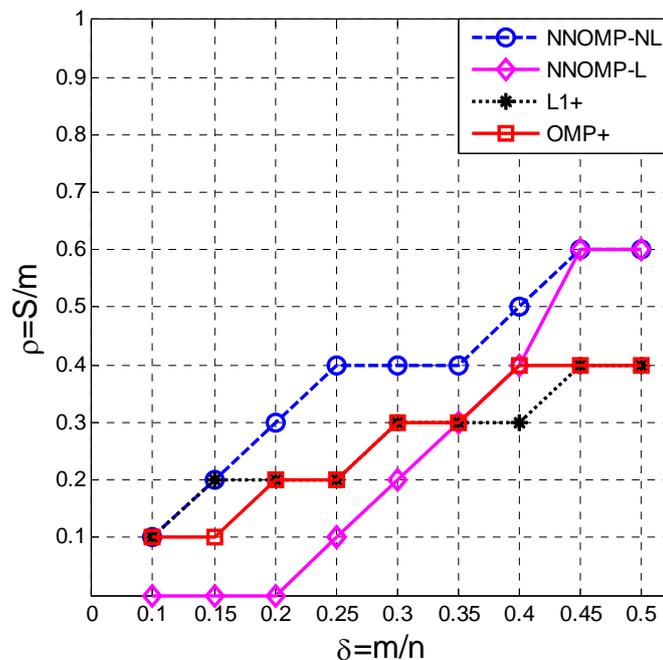


Fig. 2.24. Directives de sous échantillonnage en utilisant les diagrammes de transitions, obtenus pour les signaux du modèle 3 dans le cas de mesures sans bruit, et ceci pour les décodeurs NNOMP-NL, NNOMP-L, L1+ et OMP+ avec un taux de réussite supérieur ou égal à 95%.

En effet, ceci a fait l'objet de nos premières simulations. L'apprentissage du réseau de neurones est aussi conçu de manière à estimer la valeur du signal parcimonieux correspondant au résidu appliqué à son entrée et non pas à estimer la corrélation avec ce résidu. Lors de la première itération de NNOMP, nous traitons effectivement le problème inverse dans sa totalité. Puis, dans les itérations suivantes, nous traitons le même problème inverse pour les signaux devenant de plus en plus parcimonieux au fur et à mesure que nous identifions les emplacements des coefficients non nuls du signal \mathbf{x} original (et inconnu), et que nous soustrayons leurs contributions du vecteur de mesures \mathbf{y} .

Cependant à chaque itération dans NNOMP, on ne fait «confiance», comme dans OMP, qu'à la position correspondante au coefficient maximal de la solution proposée par le réseau comme étant la position d'un coefficient non nul du signal parcimonieux inconnu. Ceci est dans le but d'améliorer le SNR_{rec} de la solution finale estimée. Mais déjà, dès la première itération, les résultats obtenus suggèrent une meilleure capacité dans l'identification de la position correspondante au coefficient maximal par rapport à la corrélation.

Pour y mettre l'accent, la fig. 2.25 donne une comparaison entre le résultat obtenu, à la première itération, à la sortie d'un réseau de neurone entraîné selon le modèle 3, et le vecteur de corrélation, et ceci éventuellement pour un signal généré selon le même modèle. Pour le réseau de neurones ceci correspond pratiquement à aborder le problème de reconstruction globale du signal en question. Le résultat présenté dans la fig. 2.25 correspond au cas où nous acquérons $m = 45$ mesures ($\mathbf{y} \in \mathbb{R}^{45}$), d'un signal $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{100}$ avec $s = 12$ coefficients non nuls. Dans cette illustration, le réseaux de neurone et la corrélation (qui correspond à un filtrage adapté si les colonnes de \mathbf{A} sont normalisées) identifient avec succès une position correspondante à un coefficient non nul de \mathbf{x} . Toutefois, la solution globale proposée par le réseau de neurone présente une meilleure capacité de rejection d'une "fausse alarme" en raison de l'amplitude réduite de l'arrière-plan, qui est très importante en cas de mesures bruitées.

En termes de SNR_{rec} , la reconstruction obtenue en utilisant uniquement le réseau de neurones donne un $SNR_{rec} = 10.24 \text{ dB}$ pour cet exemple. On note ici qu'afin d'accélérer le processus de

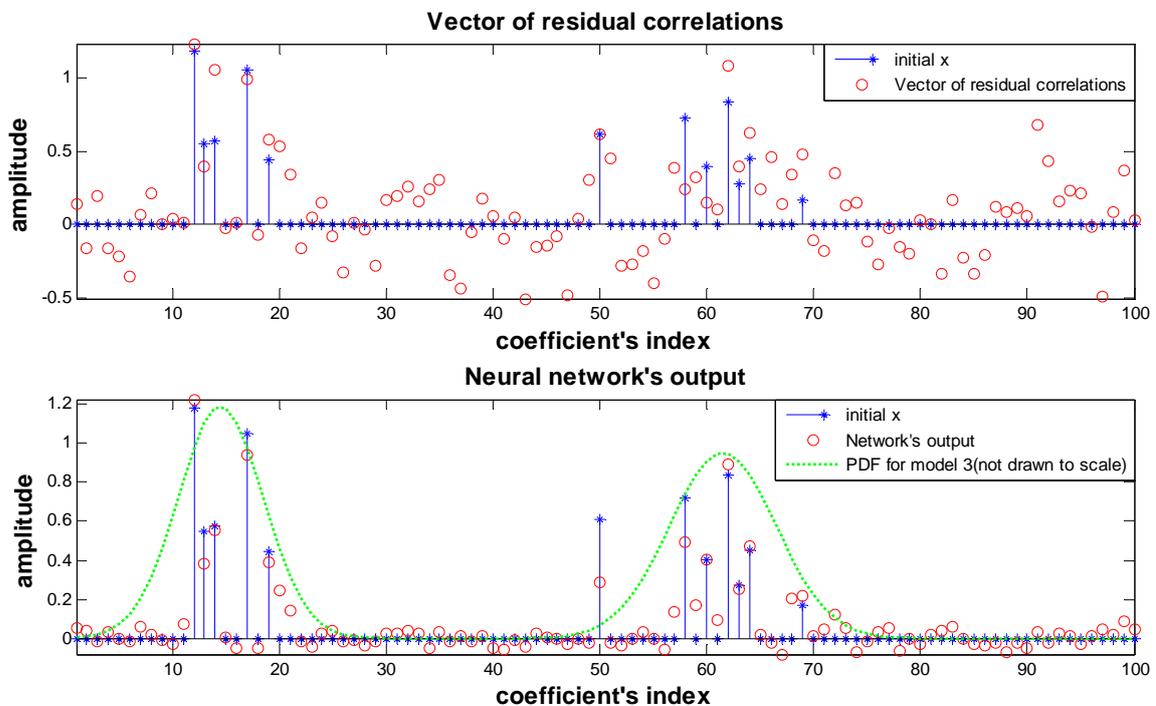


Fig. 2.25. Comparaison entre sortie réseau de neurones et vecteur de corrélation.

Le vecteur des corrélations (tracé supérieur), et la sortie d'un réseau neurone entraîné (tracé inférieur), obtenus à partir de $m = 45$ mesures, d'un signal $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{100}$ généré selon le modèle 3 et de parcimonie $s = 12$. La PDF correspondante au modèle 3 est aussi donnée en pointillé (le tracé n'est pas à l'échelle en amplitude).

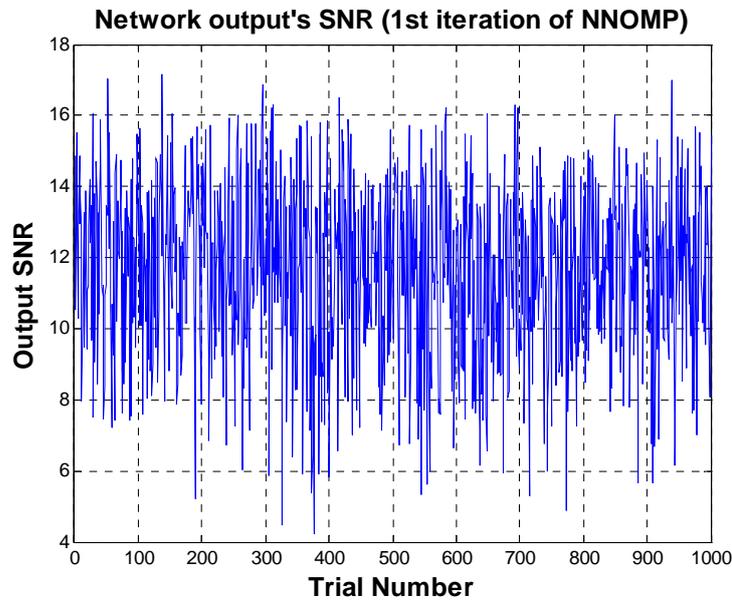


Fig. 2.26. Le SNR_{rec} des sorties proposées par le réseau de neurones pour 10 tirages aléatoires généré selon le modèle 3. La parcimonie s du signal a été choisie uniformément au hasard entre $s = 1$ et $s = 12$.

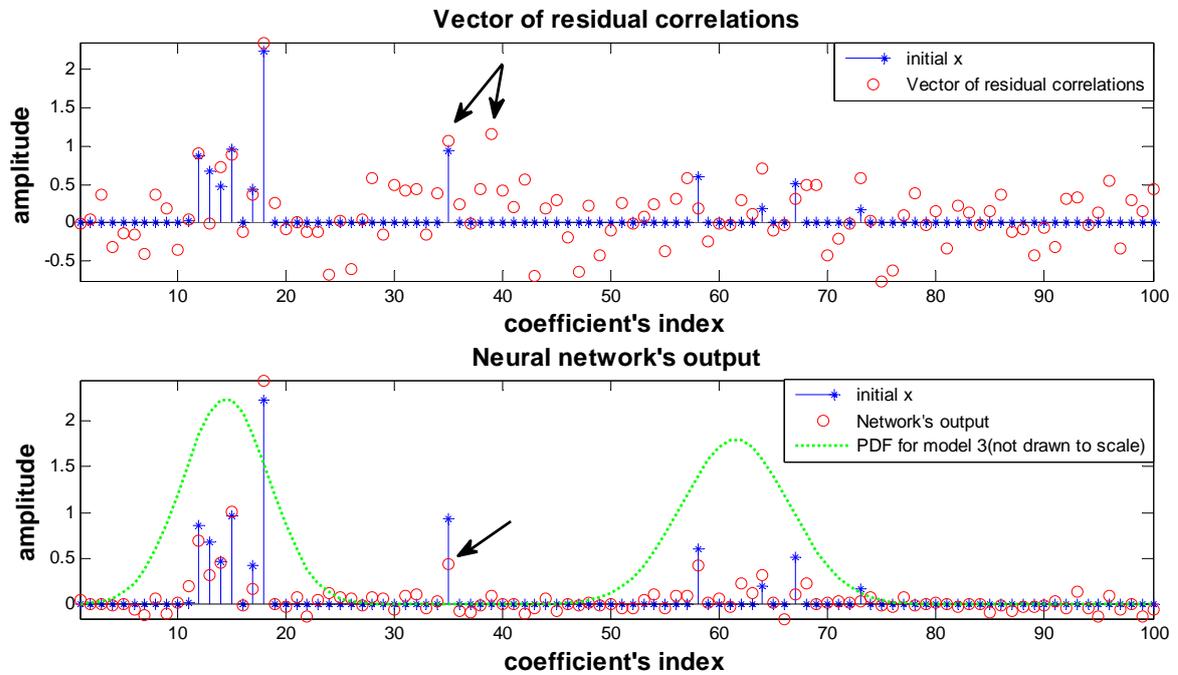


Fig. 2.27. Essai similaire à celui de la fig. 2.25 avec altération d'un coefficient n'appartenant pas à la région de forte probabilité définie pour le modèle 3. Le réseau réussit aussi à l'identifier avec succès (flèche noire sur la courbe inférieure). Le résultat de la sortie de corrélation est nettement moins bon (flèches doubles au tracé supérieur).

reconstruction, on peut penser à "faire confiance" à plus qu'une seule position par itération dans la sortie proposée par le réseau de neurones: celle correspondant au maximum d'amplitude ainsi que d'autres identifiées par un seuillage appliqué d'une manière similaire à STOMP (stagewise OMP) proposée par Donoho [45].

Nous avons répété le même essai de la fig. 2.25, avec le même décodeur non linéaire, pour 1000 signaux d'entrée aléatoires, appartenant au modèle 3. Pour chaque tirage, la parcimonie s du signal x a été choisie uniformément au hasard entre $s = 1$ et $s = 12$. Nous avons calculé le SNR_{rec} des sorties proposées par le réseau de neurone, par rapport au signal original x . La fig.

2.26 montre les résultats obtenus. Une moyenne de $SNR_{rec} = 11.64 \text{ dB}$ a été obtenue avec un écart type de 2,43.

Un cas intéressant est présenté dans la fig. 2.27. Ici nous avons altéré un des coefficients du vrai signal généré selon le modèle 3, et n'appartenant pas à la région de forte probabilité définie pour ce modèle. Le réseau réussit quand même ici à l'identifier avec succès (flèche noire sur la courbe inférieure de la fig. 2.27). Le résultat de la sortie de corrélation est nettement moins bon (flèches doubles au tracé supérieur). Ces résultats montrent les capacités de généralisation du réseau correctement entraîné.

8. Extensibilité et complexité de NNOMP

Les réseaux utilisés dans les simulations précédentes possédaient 260 nœuds dans la couche cachée, pour le traitement de signaux $\mathbf{x} \in \mathbb{R}^{100}$. Ceci pose un problème d'extensibilité de l'approche proposée avec des décodeurs NNOMP à réseaux non linéaire, pour des tailles de signaux plus importantes. Comme il a été mentionné dans la section 6, l'opération d'apprentissage des réseaux non linéaires pour les signaux $\in \mathbb{R}^{100}$ nécessite 40 à 45 heures de calculs. Nous n'avons également pas été en mesure d'utiliser des algorithmes d'apprentissage tel que la rétro-propagation de type «Levenberg-Marquardt». Cependant, bien que la dimension $n = 100$ concerne les signaux de petite taille, elle est suffisante, par exemple, pour les blocs DCT de taille 8×8 pixels d'images, que nous avons introduit comme exemple d'application possible pour le modèle 2. Nous avons également pu effectuer l'apprentissage de réseaux non linéaires pour des signaux $\in \mathbb{R}^{512}$ (non présentés dans le manuscrit). Cette taille de signaux est plus acceptable pour des signaux monodimensionnels. Pour des signaux bidimensionnels ou multidimensionnels, l'utilisation des transformées séparables pourrait être envisagée [56].

Alors que la phase d'apprentissage prend le plus de temps, et pose des problèmes d'extensibilité, le temps d'exécution pendant la phase de mise en œuvre de NNOMP et la complexité correspondante restent comparables à ceux d'OMP. Le temps d'exécution de NNOMP pourrait aussi être considérablement réduit lorsque NNOMP est implémenté sur des architectures adaptées au parallélisme intrinsèquement présent dans les réseaux de neurones. Nous donnons ci-dessous une comparaison simplifiée entre les coûts par itération du calcul par OMP et par NNOMP

- 1^{er} cas : NNOMP avec des réseaux non linéaires:

En supposant que le réseau a été préalablement entraîné, les deux algorithmes, OMP et NNOMP diffèrent dans la 1^{ère} opération:

- OMP calcule le vecteur des corrélations entre les colonnes de la matrice de mesure \mathbf{A} et le vecteur résidu mis à jour, tandis NNOMP calcule une estimation d'un signal en réponse au stimulus du vecteur résidu (voir ligne 3 du pseudo-code 2).

Les deux algorithmes partagent par ailleurs les opérations suivantes:

- une recherche du plus grand coefficient dans un vecteur,
- une approximation par moindres carrés,
- une mise à jour du vecteur résidu,
- un test des conditions d'arrêt.

La comparaison entre OMP et NNOMP se réduit alors à une comparaison de la complexité de leur 1^{ère} étape dont le coût de calcul est détaillé comme suit:

- OMP: la corrélation représente un produit matrice-vecteur, $\mathbf{A} \in \mathbb{R}^{m \times n}$, qui demande $C_c = 2mn$ flops (plus précisément $C_c = 2(m-1)n$ flops).

- NNOMP: le passage à travers le réseau MLP de la fig.2.2 nécessite deux produits matrice-vecteur, i.e. $2mn_h + 2nn_h = 2(m+n)n_h$ flops (termes de biais inclus). Nous avons aussi le coût de l'évaluation de la fonction d'activation $h(\cdot)$ non linéaire (qui peut être mise en œuvre à l'aide d'une "look-up table"), et la normalisation du vecteur résidu qui peut être effectuée en $2m$ flops.

Comme les deux variables m et n_h pourraient être exprimées proportionnellement à n , la première étape dans les deux algorithmes est donc de même complexité $O(n^2)$.

Dans un exemple pratique, pour $m = 0.5n$ et $n_h = 260$ nœuds, le coût de la première étape de NNOMP est environ 7,5 fois celui de l'étape de corrélation dans OMP. Nous devons cependant noter que NNOMP intègre un modèle de signaux, ce qui n'est pas le cas pour OMP. Les calculs détaillés pour cet exemple sont donnés ci-dessous (sans prendre en compte le temps de l'évaluation de la fonction d'activation $h(\cdot)$).

Au total nous avons besoin de $C_{RN} = (2(m+n)n_h + 2m)$ flops pour calculer la sortie du réseau. Si nous prenons par exemple $n_h = 5m$, on obtient $C_{RN} = (10m^2 + 10mn + 2m)$ flops. Et pour $m = 0.5n$ on obtient $C_{RN} = (15mn + 2m)$ flops. Le rapport avec le coût de la 1^{ère} étape d'OMP est alors de $\frac{C_{RN}}{C_c} = \frac{15mn+2m}{2mn} = 7.5 + \frac{1}{n} \cong 7.5$.

- 2nd cas : NNOMP avec des réseaux linéaires:

Ici, NNOMP et OMP partagent pratiquement le même coût de calcul. Aucun coût de calcul supplémentaire n'est nécessaire pour la prise en compte du modèle du signal.

9. Conclusions et perspectives

Nous avons montré dans ce chapitre, à l'aide d'arguments théoriques et des simulations numériques, qu'un décodeur OMP intégrant un réseau de neurones, appelé NNOMP, est approprié pour la reconstruction de signaux parcimonieux possédant des structures particulières supplémentaires. Les décodeurs intégrant des réseaux non linéaires ont généralement donné de meilleures performances que ceux intégrant des réseaux linéaires; cependant ce gain en performance reste dépendant du modèle de signaux considéré. Les décodeurs à base de réseaux linéaires offrent toutefois, lorsqu'ils sont appropriés, de bons résultats sans aucun coût supplémentaire par rapport au décodeur OMP standard.

Le décodeur NNOMP possède aussi l'avantage d'apprendre le modèle des signaux d'intérêt à partir d'exemples d'apprentissage expérimentaux sans nécessiter de définir explicitement le modèle correspondant; ceci a été présenté dans les applications possibles du modèle 2. En outre, la procédure d'apprentissage supervisé rend possible une mise à jour en ligne du modèle du signal, lors de son utilisation. La fig. 2.28 donne un éventuel arrangement d'apprentissage et de mise à jour des poids du réseau de neurones en cours d'utilisation (apprentissage en ligne). Imaginons un système (par exemple en imagerie médicale) où l'acquisition CS n'est pas toujours nécessaire, mais serait importante pour certaines procédures d'imagerie. Alors, lorsque le système effectue des tâches qui ne nécessitent pas les atouts d'une acquisition CS, les reconstructions peuvent être effectuées de manière traditionnelle. Dans ce mode de fonctionnement, les signaux reconstruits peuvent être utilisés pour l'apprentissage/raffinement des poids du réseau de neurones. Lorsque les avantages d'une acquisition CS sont nécessaires (e.g. pour une augmentation de la vitesse ou de la résolution), NNOMP va utiliser les connaissances acquises par le réseau afin de donner de meilleures reconstructions à partir de mesures sous-échantillonnées.

Comme perspective, nous pensons qu'un travail plus élaboré doit être fait pour rechercher des topologies de réseau de neurones, et des procédés d'apprentissage, qui offriront une meilleure

performance dans la reconstruction de signaux parcimonieux. L'unicité de la solution parcimonieuse selon la théorie du CS (pour tout x S-parcimonieux échantillonné avec une matrice A possédant la RIP), suggère aussi l'utilisation des décodeurs en structure « committee machines » (fig. 2.29) (voir chap. 7 dans [59]) avec des critères de sélection ou de moyennage appropriés.

Nous soulignons enfin que des articles très récents proposent l'extension de l'acquisition CS au cas de mesures non linéaires [69, 70]. Nous pensons que notre proposition NNOMP serait également utile dans de tels contextes.

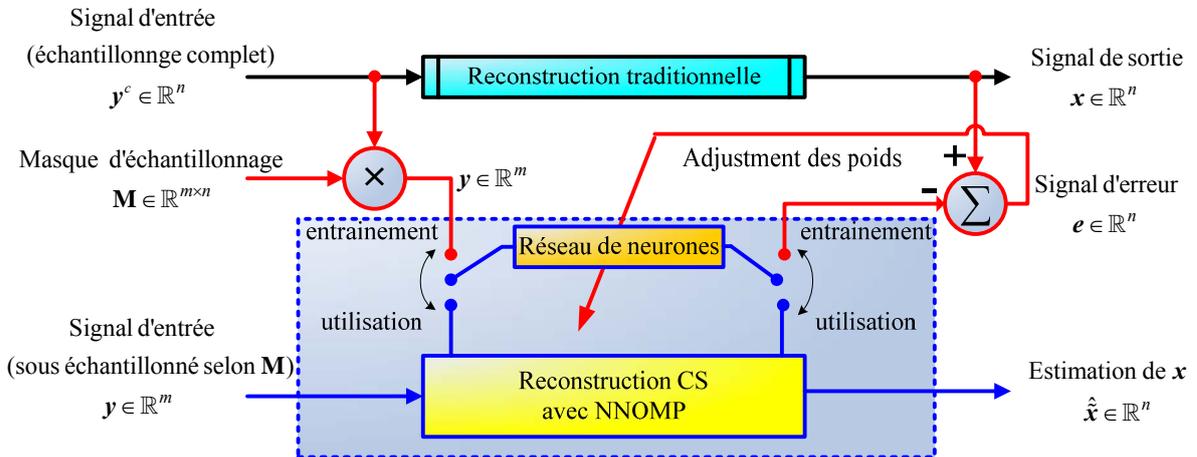


Fig. 2.28. Proposition d'un arrangement d'apprentissage et de mise à jour des poids du réseau de neurones en cours d'utilisation (apprentissage en ligne).

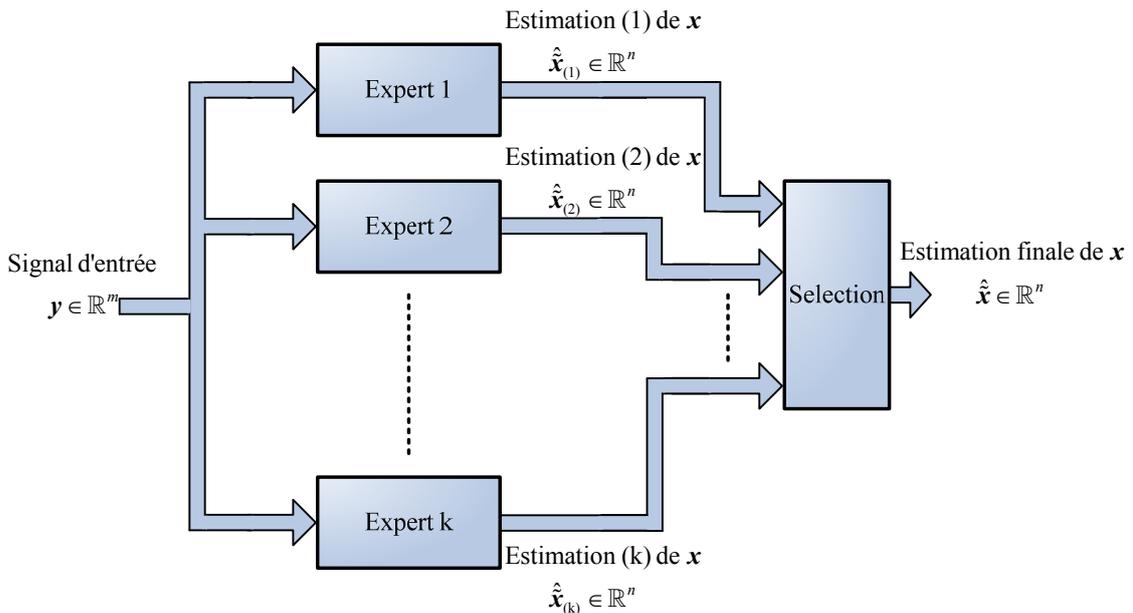


Fig. 2.29. Décodeur en structure « committee machines ».

Chapitre 3

Spectroscopie par résonance magnétique nucléaire

Liminaire : Le sujet initial de cette thèse était l'implémentation et l'évaluation du CS en spectroscopie par Résonance Magnétique Nucléaire (RMN). Comme tout sujet de recherche, la première phase est une étude bibliographique des bases théoriques du CS, et des décodeurs CS existants. À l'issue de cette phase, nous avons eu l'idée de réaliser un décodeur CS à base de réseaux de neurones, l'algorithme NNOMP présenté dans le chapitre 2.

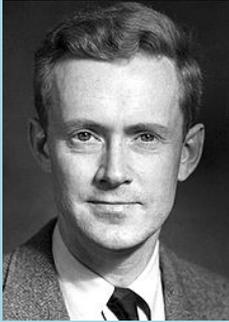
La suite logique de notre travail, était alors de revenir à notre sujet initial, et d'essayer d'utiliser NNOMP. Cependant, avec les compétences théoriques acquises en CS, nous avons trouvé une méthode de reconstruction rapide en spectroscopie multidimensionnelle, lorsque les spectres sont intrinsèquement parcimonieux. Vu l'importance de la Spectroscopie par Résonance Magnétique (SRM), nous avons développé cet axe de recherche. Les résultats obtenus montrent que, pour les spectres intrinsèquement parcimonieux, on dépasse largement les performances du CS. Ce travail sera détaillé dans le chapitre 4. Ce chapitre est consacré à l'introduction des fondements de la RMN, on se limitera à décrire de façon succincte les éléments de base d'une expérience de SRM. On décrira les propriétés intrinsèques du noyau des atomes, l'effet de l'application d'un champ magnétique statique \vec{B}_0 , l'effet de l'application d'un champ magnétique radiofréquence \vec{B}_1 et l'obtention du signal RMN. On abordera aussi la localisation spatiale par des champs de gradients, et les séquences de base utilisées en spectroscopie mono et multi-voxels. Le lecteur pourra se référer aux ouvrages [71, 72, 73, 74, 75] pour une description plus complète du sujet.

1. Introduction

Après des essais infructueux en 1936 [76], le phénomène de RMN de la matière fut pour la première fois mis en évidence en 1946. La technologie du radar, développée lors de la seconde guerre mondiale, a rendu réalisable l'électronique du spectromètre RMN. La découverte simultanée par deux équipes différentes : celle de Félix Bloch à Stanford [77], et celle d'Edward Purcell à Harvard [78], a été récompensée par le Prix Nobel de physique en 1952.

La RMN fut tout d'abord utilisée pour mesurer le moment magnétique des noyaux atomiques, puis l'intensité des champs magnétiques naturels et artificiels. La fréquence de résonance d'un noyau atomique étant dépendante de la structure chimique à laquelle il est incorporé, la résonance magnétique fut utilisée pour mesurer le spectre chimique de différents noyaux d'échantillons de matière. Destinée à la chimie, la spectrométrie bénéficia de l'amélioration des aimants capables de produire des champs magnétiques d'intensité élevée et remarquablement stables, augmentant la précision des spectres obtenus; elle fut introduite en biochimie, microbiologie, pharmacie et plus tard en médecine. La table 3.1 présente un bref historique de quelques découvertes majeures en RMN. Les années 1970 virent le développement de l'utilisation de la résonance magnétique nucléaire dans les techniques médicales, ceci dans les trois aspects fondamentaux: spectrométrie, relaxométrie et imagerie. La formation d'images à partir de signaux RMN est rendue possible par les principes de codage de l'information spatiale, développés par Paul Lauterbur en 1972 [79], appelés « zeugmatographie ». Ces principes permettent de coder de façon unique l'information spatiale dans les signaux RMN détectés à l'extérieur d'un objet.

Table 3.1

<p>Fin 1945 et début 1946</p>	 <p>Edward Purcell</p>	 <p>Felix Bloch</p>	<p>Les deux physiciens Edward Purcell (Harvard) et Felix Bloch (Stanford) découvrent de façon indépendante le phénomène RMN. En 1952, ils reçoivent le Prix Nobel en physique.</p>
<p>1949</p>			<p>Erwin L. Hahn découvre la séquence “spin-echo” [80] qui est à la base des séquences utilisées actuellement.</p>
<p>1966-1975</p>			<p>Richard R. Ernst améliore considérablement la sensibilité de la résonance magnétique nucléaire, en introduisant en 1966 la spectroscopie de Fourier [81]. En 1974 il réalise la première expérience en spectroscopie bidimensionnelle COSY. En 1991, il reçoit le prix Nobel en chimie.</p>
<p>1971-1973</p>	 <p>Paul C. Lauterbur</p>	 <p>Peter Mansfield</p>	<p>Paul C. Lauterbur et Peter Mansfield développent indépendamment les principes de codage d'information spatiale. En 2003, ils reçoivent le prix Nobel de physiologie ou médecine.</p>
<p>3 Juillet 1977 à 4:45 du matin</p>			<p>Première image de coupe humaine réussie par Raymond V. Damadian et son équipe.</p>

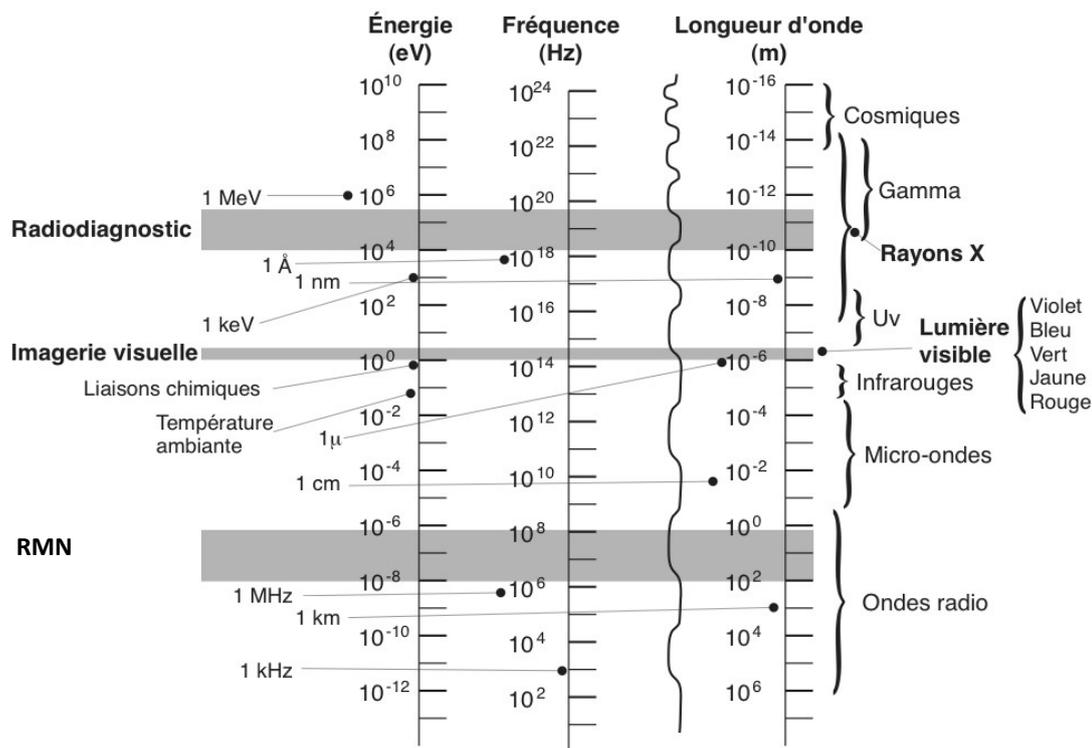


Fig. 3.1 : Spectre électromagnétique. (Extrait de Radioprotection en radiodiagnostic – 3e édition, page 19, <http://www.ccdmd.qc.ca/ressources/?id=22#>)

Les applications RMN opèrent dans la gamme des fréquences radio, comme le montre la fig. 3.1. Elles n'impliquent donc pas l'utilisation de radiations ionisantes et ne possèdent pas les effets nocifs associés. Les signaux RMN recueillis proviennent directement de l'objet étudié.

Une expérience RMN nécessite trois éléments de base : un aimant principal, un système de génération de champs de gradients magnétiques, et un système radio fréquences (RF).

- L'aimant principal peut être un électroaimant résistif, un aimant permanent, ou un électroaimant supraconducteur. Sa fonction est de générer un puissant champ magnétique statique et uniforme, noté \vec{B}_0 , se dirigeant par convention selon la direction z, pour la polarisation des spins nucléaires. L'intensité de \vec{B}_0 dépend de l'application. Les champs intenses apportent un plus grand RSB et une plus grande résolution spectrale. Les désavantages des champs intenses sont les problèmes de pénétration RF et le coût. L'homogénéité spatiale de \vec{B}_0 est définie [71] par :

$$hom = \frac{B_{0,max} - B_{0,min}}{B_{0,moyen}} \quad (3.1)$$

Un aimant, utilisé pour l'imagerie, demande une grande homogénéité sur un large volume pour fournir des images de bonnes qualités. Une marge typique, pour un imageur humain, sera entre 10 et 50 parties par million (*ppm*), sur un diamètre de 30 à 50 cm d'un volume sphérique. Pour l'imagerie spectroscopique, les exigences en homogénéité sont encore plus fortes.

- Le système de gradients est constitué, généralement, de trois bobines orthogonales, utilisées pour induire une inhomogénéité spatiale contrôlable. Le système de gradient est essentiel dans les équipements RMN, parce que les champs qu'il crée sont indispensables pour la localisation spatiale. Les spécifications du système de gradient concernent son amplitude de déviation et la vitesse avec laquelle la déviation maximale peut être obtenue. L'amplitude de déviation est généralement exprimée en milli-tesla par mètre (*mT/m*).

- Le système radio fréquence est constitué d'une bobine émettrice (antenne) capable de générer un champ magnétique tournant, conventionnellement noté \vec{B}_1 , pour exciter les spins, et d'une bobine de réception qui convertit le champ magnétique de précession de Larmor des spins en signal électrique. La même bobine peut être utilisée en émission/réception.

2. Propriétés intrinsèques du noyau des atomes

2.1. Moment cinétique angulaire intrinsèque

Un noyau est observable par RMN s'il possède des propriétés magnétiques caractérisées par son « spin » \vec{J} représentant son « moment cinétique angulaire intrinsèque ». Le spin est une propriété quantique des particules subatomiques (électrons, protons et neutrons) que l'on peut représenter, dans un modèle vectoriel classique, comme la rotation de ces particules autour d'un axe. Son amplitude (module) est caractérisée par un nombre quantique, le « nombre de spin » I

$$|\vec{J}| = \hbar\sqrt{I(I+1)} \quad (3.2)$$

où \hbar est la constante de Planck h divisée par 2π . La valeur de I est égale à $\frac{1}{2}$ pour les électrons, protons et neutrons. Les noyaux atomiques ont un moment cinétique angulaire résultant de la composition vectorielle des moments des particules individuelles. Il dépend alors du nombre de protons et de neutrons et de leurs orientations relatives à l'état fondamental nucléaire. Dans la plupart des atomes, comme le carbone 12 (^{12}C), ces spins sont associés par paires et s'annulent. Dans certains atomes, comme l'hydrogène (^1H) ou le carbone 13 (^{13}C), la symétrie est brisée et il apparaît alors un spin global au noyau. Les noyaux avec un nombre de spins non nuls peuvent absorber et émettre des rayonnements électromagnétiques. Ce nombre de spins prend des valeurs entières, demi entières, ou nulles

$$I = 0, \frac{1}{2}, 1, \frac{3}{2}, 2, \frac{5}{2}, \dots \quad (3.3)$$

Il dépend du nombre de masse (A) et du numéro (Z) de l'élément X (noté: A_ZX) selon les trois règles suivantes :

1. Les noyaux possédant un nombre de masse pair, et un numéro atomique impair possèdent un nombre de spin entier (e.g. $^{14}_7\text{N}$, ^2_1H).
2. Les noyaux possédant un nombre de masse impair ont un nombre de spin demi-entier (e.g. ^1_1H , $^{13}_6\text{C}$, $^{15}_7\text{N}$, $^{31}_{15}\text{P}$...).
3. Les noyaux possédant un nombre de masse et un numéro atomique pairs, ont un nombre de spin nul (e.g. $^{12}_6\text{C}$, $^{16}_8\text{O}$...).

Un noyau est observable par RMN si son nombre de spin I est non nul. Le noyau d'hydrogène, constitué d'un seul proton possède un nombre de spin de $1/2$. Son étude est très intéressante en pratique médicale car l'hydrogène est très répandu dans l'organisme, et il est très sensible à la RMN, le plus sensible des noyaux à abondance égale (voir table 3.2).

En SRM, un ensemble de noyaux du même type, présents dans l'objet étudié, est appelé système de spin (nucléaire).

2.2. Moment magnétique nucléaire

Le magnétisme d'un système de spins nucléaires provient du champ microscopique magnétique associé avec les spins individuels nucléaires. Un double argument classique pour l'existence de ce champ magnétique est:

1. un noyau comme un proton a des charges électriques.
2. le noyau tourne autour de son axe s'il possède un spin non nul.

Ainsi, comme tout objet chargé qui se déplace, un noyau avec un spin différent de zéro crée un champ magnétique autour de lui, qui est analogue à celui qui entoure un barreau aimanté microscopique comme le montre la figure 3.2. Il est représenté par une grandeur vectorielle $\vec{\mu}$, qui est appelé « moment magnétique nucléaire ». Une relation fondamentale de la physique des particules est que les vecteurs de moment angulaire de spin \vec{J} , et de moment magnétique $\vec{\mu}$, sont reliés par la relation

$$\vec{\mu} = \gamma \vec{J} \quad (3.4)$$

où γ est une constante physique connue par « rapport gyromagnétique », exprimée en $rd/sec/T$ (T pour Tesla). La valeur de γ dépend du noyau considéré. Les valeurs de $\gamma/2\pi$, correspondantes à quelques noyaux importants en diagnostic médicale, sont donnés dans la table 3.2.

Table 3.2 : Propriétés de quelques noyaux observables par RMN

Noyau	Nombre de spin I	Sensibilité relative ⁽¹⁾	$\frac{\gamma}{2\pi}$ (MHz/T)
^1_1H	$1/2$	1.000	42.58
$^{13}_6\text{C}$	$1/2$	0.016	10.71
$^{19}_9\text{F}$	$1/2$	0.870	40.05
$^{31}_{15}\text{P}$	$1/2$	0.093	11.26

(1) Calculé à champ constant, pour un nombre égal de noyau

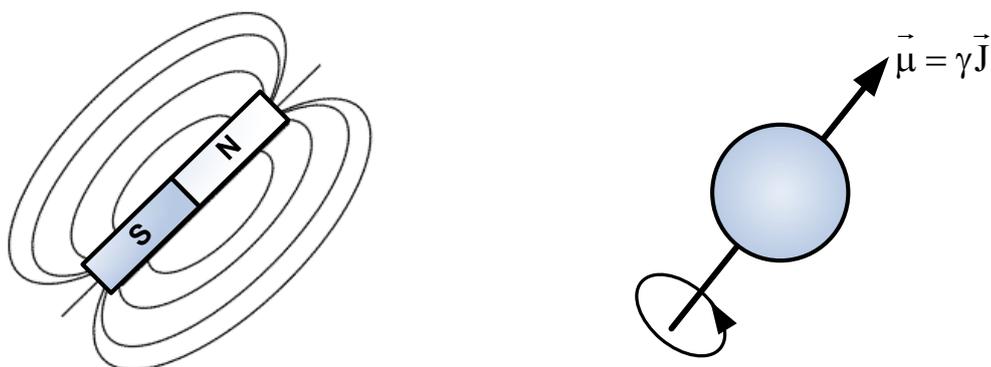


Fig. 3.2 Un noyau, avec un moment magnétique non nul, est considéré comme un barreau aimanté microscopique.

3. Application d'un champ magnétique \vec{B}_0

3.1. Précession de Larmor

A l'échelle macroscopique d'un échantillon de matière contenant un très grand nombre de noyaux, les moments magnétiques unitaires $\vec{\mu}$ correspondant à chaque noyau sont orientés au hasard à cause de l'agitation thermique, comme le présente la fig. 3.3(a). Ainsi, le moment magnétique macroscopique résultant correspondant à l'échantillon entier est nul. Pour activer un magnétisme macroscopique à partir de l'échantillon de matière, il est nécessaire d'aligner les vecteurs de spin. Ceci est accompli en exposant l'objet à un fort champ magnétique externe. \vec{B}_0 . Par convention, nous supposons que le champ magnétique externe d'amplitude B_0 est appliqué dans la direction z du référentiel du laboratoire $R(O; x, y, z)$, de vecteur unitaires \vec{i}, \vec{j} et \vec{k} , tel que :

$$\vec{B}_0 = B_0 \vec{k} \tag{3.5}$$

Contrairement à une aiguille de boussole qui s'aligne exactement avec un champ magnétique externe, le vecteur moment magnétique $\vec{\mu}$ ne peut prendre qu'un ensemble discret d'orientations. Ceci est une caractéristique essentielle du modèle quantique. Dans ce modèle, la composante μ_z de $\vec{\mu}$ devient déterministe à cause du champ \vec{B}_0 . Sa valeur est donnée par

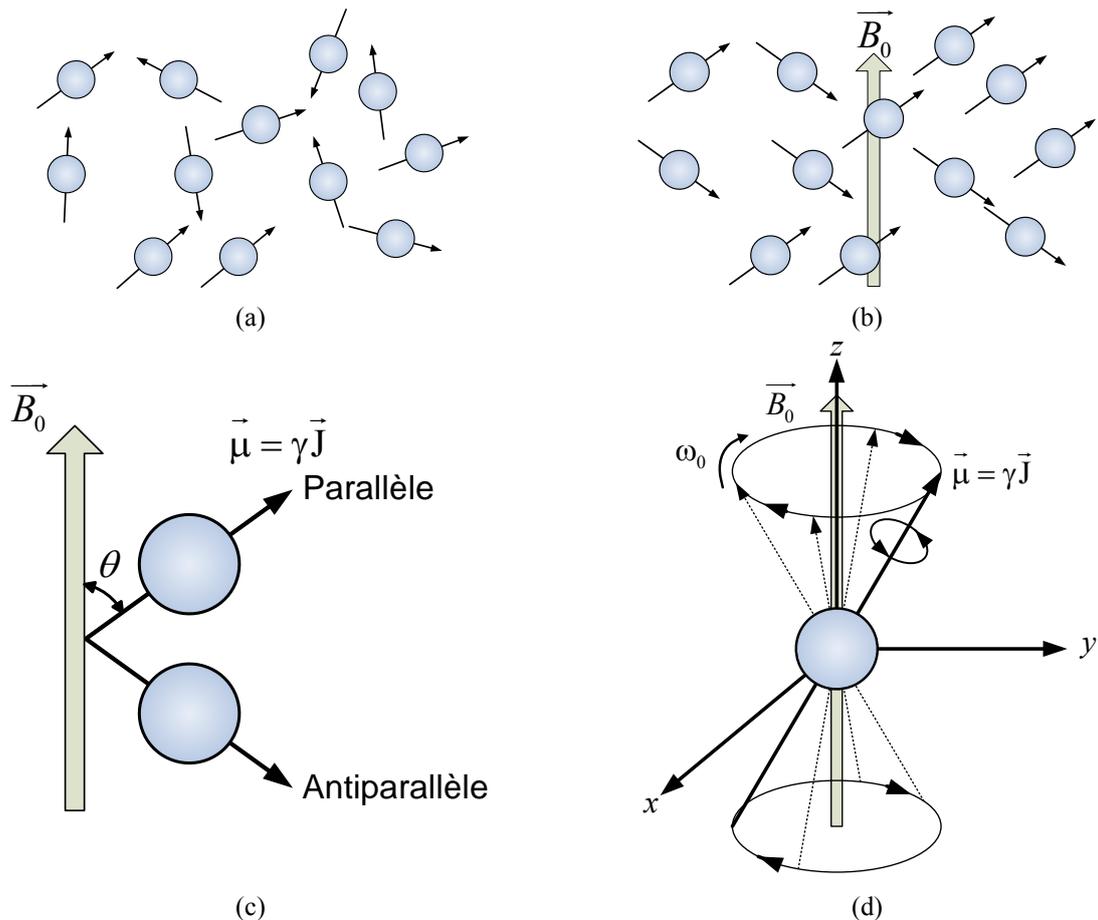


Fig. 3.3 Vecteurs de moment magnétique $\vec{\mu}$

- (a) de directions aléatoires sans champ magnétique externe.
- (b) alignés dans la direction du champ magnétiques externe \vec{B}_0 .
- (c) effectuant un angle $\theta = \pm 54^\circ 44'$ avec la direction de \vec{B}_0 .
- (d) avec un mouvement de précession autour de \vec{B}_0 à la pulsation de Larmor ω_0 .

$$\mu_z = \gamma m_I \hbar \quad (3.6)$$

où m_I est appelé le nombre quantique magnétique. Pour n'importe quel noyau de spin non nul, m_I prend la série suivante de $(2I + 1)$ valeurs

$$m_I = -I, -I + 1, \dots, I \quad (3.7)$$

qui correspondent à $(2I + 1)$ orientations possibles de $\vec{\mu}$ par rapport à la direction du champ externe \vec{B}_0 . L'angle θ entre $\vec{\mu}$ et \vec{B}_0 peut être calculé par

$$\cos \theta = \frac{\mu_z}{|\vec{\mu}|} = \frac{m_I}{\sqrt{I(I + 1)}} \quad (3.8)$$

Pour un système de spin avec $I = 1/2$, e.g. ^1H , on a $m_I = \pm 1/2$. On démontre facilement que $\theta = \pm 54^\circ 44'$. Ainsi tout moment magnétique possède deux orientations possibles, nommée « parallèle » dans le sens du champ \vec{B}_0 , ou « antiparallèle » de sens opposé, comme il est présenté dans les fig. 3.3 (b) et (c). Alors que l'orientation de $\vec{\mu}$ est quantifiée le long de la direction du champ externe \vec{B}_0 , la direction de sa composante transversale $\vec{\mu}_{xy}$, avec

$$\vec{\mu}_{xy} = \mu_x \vec{i} + \mu_y \vec{j} \quad (3.9)$$

reste aléatoire. Les moments magnétiques $\vec{\mu}$ vont tendre à s'aligner avec l'axe z sous l'action du couple $\vec{\mu} \wedge \vec{B}_0 = \vec{\mu} \wedge B_0 \vec{k}$, qui est égal à la dérivée de leurs moments angulaires.

$$\frac{d\vec{J}}{dt} = \vec{\mu} \wedge B_0 \vec{k} \quad (3.10)$$

or $\vec{\mu} = \gamma \vec{J}$, ainsi

$$\frac{d\vec{\mu}}{dt} = \gamma \vec{\mu} \wedge B_0 \vec{k} \quad (3.11)$$

qui est l'équation classique du mouvement des moments magnétiques, dont la solution est

$$\begin{cases} \mu_{xy}(t) = \mu_{xy}(0) e^{-i\gamma B_0 t} \\ \mu_z(t) = \mu_z(0) \end{cases} \quad (3.12)$$

où $\mu_{xy}(0)$ et $\mu_z(0)$ représentent les conditions initiales. Ainsi le couple $\vec{\mu} \wedge \vec{B}_0$ entraîne un mouvement de rotation de $\vec{\mu}$ autour de l'axe z, qui décrit alors un cône (fig. 3.3(d)). On l'appelle mouvement de précession. La rotation sur le cône d'axe \vec{B}_0 s'effectue avec une pulsation angulaire ω_0 tel que :

$$\omega_0 = \gamma B_0 \quad (3.13)$$

La pulsation ω_0 est connue sous le nom de pulsation de Larmor. Elle est spécifique pour un système de spin donné dans un champ magnétique. La fréquence de Larmor correspondante est

$$f_0 = \frac{\gamma B_0}{2\pi} \quad (3.14)$$

Par exemple, pour l'hydrogène dans un champ magnétique de 1 tesla, $f_0 = 42,57 \text{ MHz}$.

3.2. États énergétiques et amplitude du moment magnétique résultant \vec{M}

Soit \vec{M} le vecteur de magnétisation macroscopique, somme de tous les moments magnétiques unitaires microscopique $\vec{\mu}_n$ représentant le moment magnétique « n » dans un système de spins, on a alors

$$\vec{M} = \sum_{n=1}^{N_S} \vec{\mu}_n \quad (3.15)$$

où N_S représente le nombre total de spins présents dans l'échantillon étudié. En l'absence de champ magnétique externe \vec{B}_0 , les moments magnétiques unitaires $\vec{\mu}_n$ d'un échantillon sont orientés de façon aléatoire, et la somme des vecteurs d'aimantation unitaires donne $\vec{M} = 0$.

Considérons le cas particulier de système de spin $I = 1/2$. Sous l'action d'un haut champ magnétique \vec{B}_0 , les spins s'orientent selon deux directions par rapport à z . Selon la théorie quantique, leur énergie est

$$E = -\vec{\mu} \cdot \vec{B}_0 = -\mu_z \cdot B_0 = -\gamma m_1 \hbar B_0 \quad (3.16)$$

ainsi pour les spins parallèles on a

$$E_{\uparrow} = -\frac{1}{2} \gamma \hbar B_0 \quad (3.17)$$

et pour les spins antiparallèles on a

$$E_{\downarrow} = \frac{1}{2} \gamma \hbar B_0 \quad (3.18)$$

la différence d'énergie est

$$\Delta E = E_{\downarrow} - E_{\uparrow} = \gamma \hbar B_0 \quad (3.19)$$

La valeur non nulle de ΔE , pour B_0 non nul, est connue par le phénomène de partition de Zeeman, il est illustré dans la fig. 3.4. À l'équilibre thermique, le rapport de population entre les deux états de spins, parallèles et antiparallèles, est donné par la statistique de Boltzmann dont l'expression est

$$\frac{N_{\uparrow}}{N_{\downarrow}} = \exp \frac{\Delta E}{KT_S} \quad (3.20)$$

où N_{\uparrow} , N_{\downarrow} représentent le nombre de spins parallèles et antiparallèles respectivement, T_S la température ambiante du système de spin en degré Kelvin, et K la constante de Boltzmann ($1.38 \times 10^{-23} \text{ Joules}/^\circ\text{K}$).

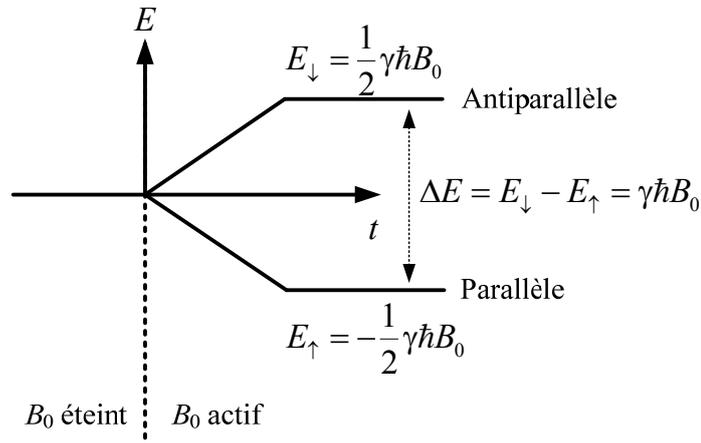


Fig. 3.4 : Phénomène de partition de Zeeman pour un système de spin $\frac{1}{2}$.

À titre d'exemple, à température ambiante ($T_S = 300^\circ K$), et pour un champ $B_0 = 1.5 T$, pour 10^5 spins en position antiparallèle on trouve $10^5 + 1$ protons en position parallèle. Notons que seule la différence de populations entre ces deux états fournira le signal RMN final. En pratique on a $\Delta E \ll KT_S$, l'approximation du 1^{er} ordre de (3.20) donne

$$\exp \frac{\Delta E}{KT_S} \approx 1 + \frac{\Delta E}{KT_S} \quad (3.21)$$

ainsi

$$\frac{N_\uparrow}{N_\downarrow} \approx 1 + \frac{\Delta E}{KT_S} \quad (3.22)$$

et

$$\frac{N_\uparrow - N_\downarrow}{N_S} \approx \frac{\Delta E}{2KT_S} = \frac{\gamma\hbar B_0}{2KT_S} \quad (3.23)$$

À l'équilibre thermique, la différence entre les protons parallèles et antiparallèles va faire apparaître un vecteur d'aimantation macroscopique $\vec{M} = \vec{M}_0$ non nul. En développant \vec{M} selon ses composantes M_x, M_y, M_z on peut écrire

$$\begin{aligned} \vec{M} &= M_x \vec{i} + M_y \vec{j} + M_z \vec{k} \\ &= \left(\sum_{n=1}^{N_S} \mu_{x,n} \right) \vec{i} + \left(\sum_{n=1}^{N_S} \mu_{y,n} \right) \vec{j} + \left(\sum_{n=1}^{N_S} \mu_{z,n} \right) \vec{k} \end{aligned} \quad (3.24)$$

où $\mu_{x,n}, \mu_{y,n}$ et $\mu_{z,n}$ sont les projections de $\vec{\mu}$ selon les axes x, y et z . À l'équilibre, la dispersion dans toutes les directions des composantes élémentaires $\mu_{x,n}$ et $\mu_{y,n}$ conduit à leur annulation. La composante transversale \vec{M}_{xy} de \vec{M} est alors nulle et on a

$$\vec{M} = \vec{M}_z = \left(\sum_{n=1}^{N_S} \mu_{z,n} \right) \vec{k} \quad (3.25)$$

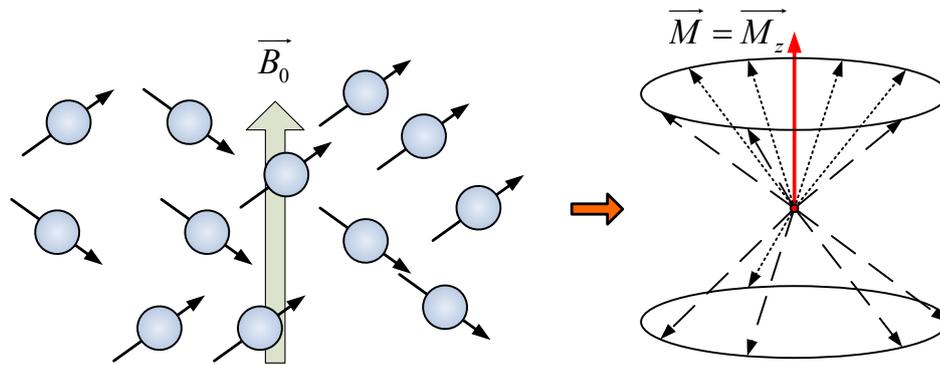


Fig. 3.5 : Apparition d'une aimantation longitudinale suivant la direction de champ \vec{B}_0 .

de module

$$|\vec{M}| = \frac{1}{2} (N_{\uparrow} - N_{\downarrow}) \gamma \hbar = \frac{\gamma^2 \hbar^2 B_0 N_S}{4KT_S} \quad (3.26)$$

L'aimantation macroscopique est alors longitudinale, $\vec{M} = \vec{M}_z$. Elle est orientée suivant la direction du champ magnétique statique \vec{B}_0 qui l'a créée (fig. 3.5). L'intensité de \vec{M} croît de manière proportionnelle à \vec{B}_0 . La petite valeur de $(N_{\uparrow} - N_{\downarrow})$ entraîne une petite valeur pour $|\vec{M}|$, et par suite une faible sensibilité pour une expérimentation RMN à température ambiante, même à haut champs B_0 . L'équation (3.26) est pour un système de spin $1/2$. Pour un système de spin I , on a [72]

$$|\vec{M}| = \frac{\gamma^2 \hbar^2 B_0 N_S I(I + 1)}{3KT_S} \quad (3.27)$$

4. Application d'un second champ magnétique \vec{B}_1

4.1. Impulsion radiofréquence et magnétisation transversale

On peut apporter de l'énergie au milieu, en appliquant un champ magnétique \vec{B}_1 perpendiculaire à \vec{B}_0 , créé par une onde radiofréquence (RF). Cette onde est appliquée pendant une durée τ_p limitée. On parle alors d'« impulsion RF ». Dans le modèle quantique, une onde électromagnétique de pulsation ω_{RF} possède une énergie

$$E_{RF} = \hbar \omega_{RF} \quad (3.28)$$

Pour induire une transition entre les populations de spin parallèle et antiparallèle, E_{RF} doit être égale à leur différence d'énergie ΔE

$$\hbar \omega_{RF} = \Delta E = \gamma \hbar B_0 \quad (3.29)$$

et ainsi

$$\omega_{RF} = \gamma B_0 = \omega_0 \quad (3.30)$$

On parle alors de condition de résonance.

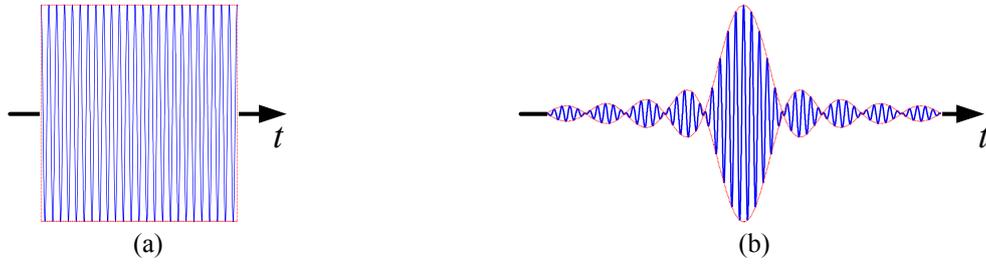


Fig. 3.6 : Impulsion RF. (a) Avec enveloppe rectangulaire. (b) Avec enveloppe sinus cardinal.

L'impulsion RF, *i.e.* le champ \vec{B}_1 s'exprime typiquement sous la forme

$$\vec{B}_1(t) = \vec{i} 2 B_1^e(t) \cos(\omega_{RF}t + \varphi) \quad (3.31)$$

pour $0 \leq t \leq \tau_p$ avec, $B_1^e(t)$ la fonction d'enveloppe de l'impulsion, ω_{RF} la pulsation de l'onde RF et φ sa phase. Deux fonctions d'enveloppe sont couramment utilisées, l'impulsion rectangulaire, fig. 3.6(a) :

$$B_1^e(t) = B_1 \Pi\left(\frac{t - \tau_p/2}{\tau_p}\right) = \begin{cases} B_1, & 0 \leq t \leq \tau_p \\ 0 & \text{ailleurs} \end{cases} \quad (3.32)$$

où $\Pi(t)$ représente la fenêtre rectangulaire de largeur unité centrée sur $t = 0$, ou l'impulsion sinus cardinal, fig. 3.6(b) :

$$B_1^e(t) = \begin{cases} B_1 \operatorname{sinc}\left[\pi f_\omega \left(t - \tau_p/2\right)\right], & 0 \leq t \leq \tau_p \\ 0 & \text{autrement} \end{cases} \quad (3.33)$$

où f_ω représente la largeur de bande fréquentielle à exciter. En contraste avec le champ statique \vec{B}_0 , le champ \vec{B}_1 est nettement moins puissant, e.g. $B_1 = 50mT$ pour un $B_0 = 1.5T$.

4.2. Angle de basculement

Considérons le référentiel $R'(O; x', y', z')$, tournant à la pulsation de résonance $\omega_{RF} = \omega_0$, avec les vecteurs unitaires correspondant \vec{i}', \vec{j}' et \vec{k}' . Ce référentiel est relié au référentiel fixe (initial) du laboratoire $R(O; x, y, z)$ de vecteurs unitaires \vec{i}, \vec{j} et \vec{k} , par les transformations suivantes

$$\begin{cases} \vec{i}' = \cos(\omega_0 t)\vec{i} - \sin(\omega_0 t)\vec{j} \\ \vec{j}' = \sin(\omega_0 t)\vec{i} + \cos(\omega_0 t)\vec{j} \\ \vec{k}' = \vec{k} \end{cases} \quad (3.34)$$

L'avantage d'introduire le référentiel tournant R' est de décrire plus facilement l'effet de l'impulsion RF sur \vec{M} . En se plaçant dans ce référentiel tournant R' , l'effet du champ magnétique perpendiculaire \vec{B}_1 sur \vec{M} , est une précession de \vec{M} autour de l'axe x' (fig. 3.7(a)). L'onde RF va donc écarter \vec{M} de l'axe z et faire apparaître une magnétisation transversale \vec{M}_{xy} . Dans le cas d'une impulsion RF rectangulaire, la précession se fait avec une pulsation angulaire

$$\omega_1 = \gamma B_1 \quad (3.35)$$

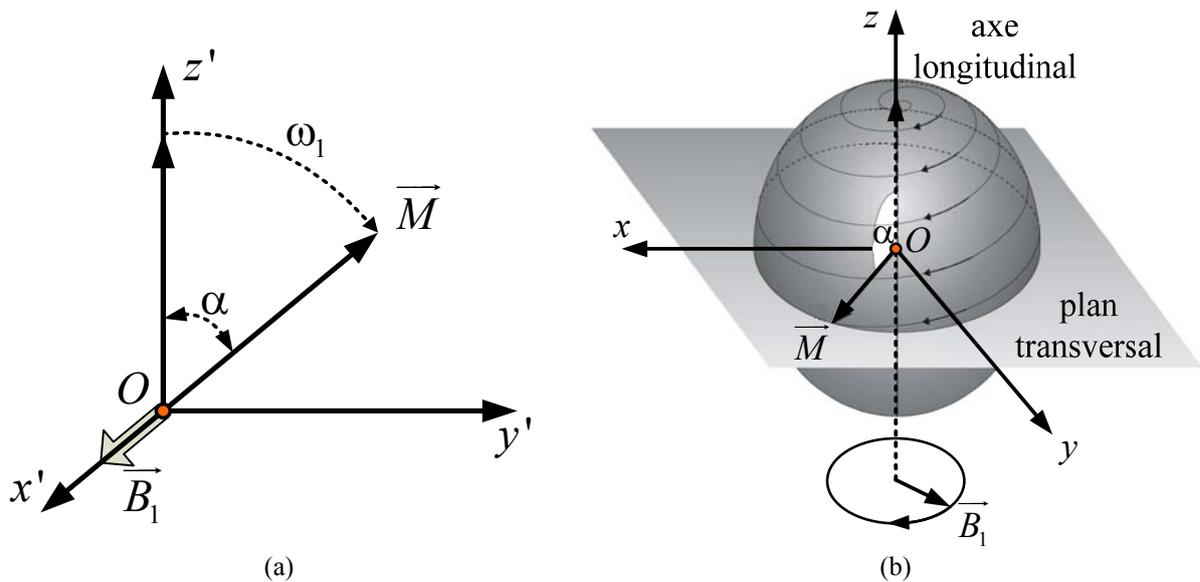


Fig. 3.7: Trajectoire de la pointe du vecteur de moment magnétique \vec{M} en présence du champ magnétique perpendiculaire tournant \vec{B}_1 . (a) Dans le référentiel tournant. (b) Dans le référentiel du laboratoire.

Le moment magnétique \vec{M} va, en présence de \vec{B}_1 , progressivement s'écartier de z (on note que $\vec{k}' = \vec{k}$) pour devenir perpendiculaire à z , puis va prendre la position antiparallèle. La trajectoire plus complexe du moment magnétique \vec{M} dans le référentiel du laboratoire R est schématisée dans la fig. 3.7(b).

Ainsi, en présence de \vec{B}_1 , la magnétisation longitudinale \vec{M}_z va progressivement diminuer jusqu'à s'annuler, puis s'inverser. En opposition avec ce comportement, la magnétisation transversale \vec{M}_{xy} , initialement nulle en l'absence de \vec{B}_1 , va croître progressivement dans le plan xOy du champ \vec{B}_1 , jusqu'à une valeur maximale de saturation, puis décroître de nouveau jusqu'à une valeur nulle. On parle alors d'inversion de \vec{M}_z et de saturation de \vec{M}_{xy} . L'angle de basculement α du moment magnétique \vec{M} , par rapport à l'axe z , est donné par :

$$\alpha = \int_0^{\tau_p} \omega_1(t) dt = \int_0^{\tau_p} \gamma B_1^e(t) dt \quad (3.36)$$

où τ_p représente la durée de l'impulsion RF. Dans le cas d'une impulsion RF rectangulaire, on trouve

$$\alpha = \omega_1 \tau_p = \gamma B_1 \tau_p \quad (3.37)$$

on peut donc facilement, en choisissant B_1 et τ_p obtenir des valeurs précises de l'angle α pour un système de spin donné, *e.g.* $\alpha = 90^\circ$ pour obtenir la saturation, et $\alpha = 180^\circ$ pour obtenir l'inversion. On parle aussi d'impulsion RF d'excitation (pour $\alpha = 90^\circ$) ou d'inversion (pour $\alpha = 180^\circ$). Notons ici que, en ce qui concerne l'angle α , la forme de la fonction d'enveloppe $B_1^e(t)$ de l'impulsion RF n'est pas importante. Ce qui importe, c'est la surface au dessous de la courbe $B_1^e(t)$.

4.3. Précession libre et relaxation, signal FID

Juste après l'excitation et la coupure du champ radiofréquence \vec{B}_1 , le moment magnétique macroscopique \vec{M} revient à sa position d'équilibre par deux phénomènes de relaxation, mais

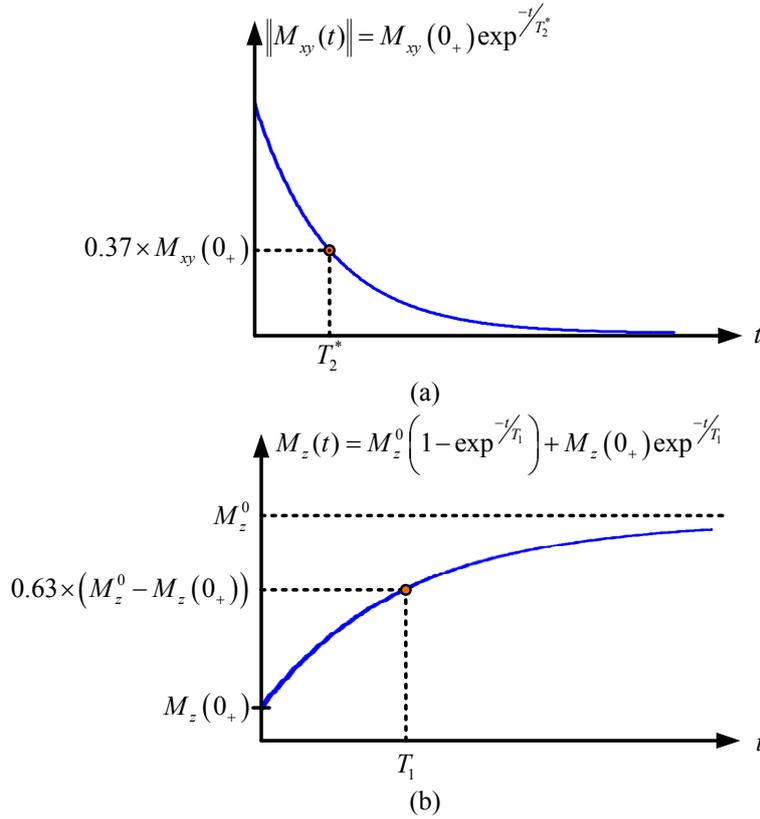


Fig. 3.8: Relaxations. (a) Courbe de relaxation transversale. (b) Courbe de relaxation longitudinale.

toujours en suivant un mouvement de précession autour de \vec{B}_0 . L'évolution de \vec{M} est donnée par l'équation de Bloch [77]

$$\frac{d\vec{M}}{dt} = \gamma \vec{B}_0 \wedge \vec{M} - \left(\frac{M_z - M_z^0}{T_1} \right) \vec{k} - \left(\frac{M_x \vec{i} + M_y \vec{j}}{T_2^*} \right) \quad (3.38)$$

où $M_z^0 = M_0$ est l'aimantation macroscopique à l'équilibre thermodynamique avant l'impulsion RF, en présence de \vec{B}_0 seulement. Les phénomènes de relaxation sont caractérisés par deux constantes de temps T_1 et T_2^* . En effet, la résolution de l'équation différentielle (3.38) donne:

$$\begin{cases} M_{xy}(t) = M_{xy}(0_+) \exp\left(\frac{-t}{T_2^*}\right) \exp(-i\omega_0 t) \\ M_z(t) = M_z^0 \left(1 - \exp\left(\frac{-t}{T_1}\right)\right) + M_z(0_+) \exp\left(\frac{-t}{T_1}\right) \end{cases} \quad (3.39)$$

Où $M_z(0_+)$ et $M_{xy}(0_+)$ représentent respectivement les valeurs initiales des aimantations longitudinales et transversales, juste après la fin de l'impulsion RF (dans l'équation (3.39), l'origine des temps $t = 0$ correspond justement à la fin de l'impulsion RF). On assiste alors à :

- une diminution exponentielle de la composante transversale M_{xy} de l'aimantation, caractérisée par la constante de temps T_2^* (fig. 3.8(a)) appelée temps de relaxation transversal, avec une précession autour de \vec{B}_0 (le terme $\exp(-i\omega_0 t)$ dans (3.39)). On parle de précession libre. La constante T_2^* est le temps que prend la composante longitudinale M_{xy} pour perdre 63% de sa valeur initiale $M_{xy}(0_+)$.
- la repousse de la composante longitudinale M_z jusqu'à sa valeur d'équilibre, elle aussi

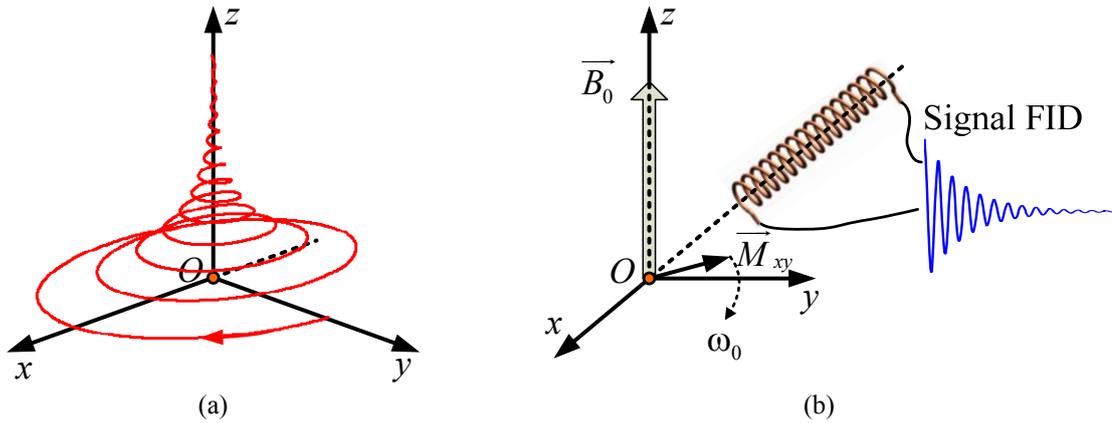


Fig. 3.9: (a) Trajectoire, dans référentiel du laboratoire, de la pointe du vecteur de moment magnétique \vec{M} pendant la période de relaxation. (b) Signal de précession libre recueilli (FID).

exponentielle, caractérisée par la constante de temps T_1 appelée temps de relaxation longitudinal (fig. 3.8(b)). T_1 est le temps que prend la composante longitudinale M_z pour récupérer 63% de sa valeur perdue par l'application de l'impulsion RF, *i.e.* pour atteindre $0.63 \times (M_z^0 - M_z(0_+))$. La fig. 3.9(a) décrit la trajectoire, dans le référentiel du laboratoire, de la pointe du vecteur de moment magnétique \vec{M} pendant la période de relaxation.

Le mouvement de précession libre de l'aimantation transversale M_{xy} induit un courant dans une bobine radiofréquence de réception comme présente la fig. 3.9(b). Le signal ainsi acquis, appelé signal de précession libre ou FID (Free Induction Decay), présente toutes les caractéristiques de la décroissance de l'aimantation transversale. Son expression est de la forme

$$\hat{x}(t) = c \exp\left(\frac{-t}{T_2^*}\right) \exp(i\omega_0 t) \exp(i\phi) \quad (3.40)$$

où c est une constante de proportionnalité. Il s'agit d'un signal sinusoïdal exponentiellement amorti, de constante de temps T_2^* . On parle aussi du facteur d'amortissement apparent $\beta = 1/T_2^*$. La constante de temps T_2^* est en effet liée au temps de relaxation transversale, *i.e.* interaction spin-spin ou T_2 , et aux inhomogénéités du champ statique et de l'échantillon. En effet, la fréquence de résonance étant proportionnelle à l'intensité du champ magnétique, si celui-ci n'est pas parfaitement homogène sur tout le volume observé, les moments magnétiques élémentaires de ce volume ne précessent pas tous à la même fréquence. Sur un volume macroscopique, il y aura toujours des inhomogénéités de champ qui provoquent le déphasage des spins, et donc une décroissance du signal transversal, plus rapide que pour une aimantation élémentaire. On peut exprimer ceci par la relation :

$$\frac{1}{T_2^*} = \frac{1}{T_2} + \frac{1}{T_{2inhomo}} \quad (3.41)$$

4.4. Déplacements chimiques

Jusqu'à maintenant on a supposé qu'au niveau microscopique, tous les noyaux subissent le même champ magnétique extérieur B_0 . En réalité, les noyaux présents dans l'échantillon analysé sont soumis à différents champs magnétiques locaux dus au diamagnétisme induit par le nuage électronique moléculaire environnant. On parle alors de facteur d'écran σ . Ainsi, les spins élémentaires possèdent des fréquences de résonance f_k différentes

$$f_k = f_0 + \frac{\sigma_k B_0}{2\pi} = \frac{\gamma}{2\pi} (B_0 - \sigma_k B_0) \quad (3.42)$$

Suivant son environnement électronique, *i.e.* suivant la molécule à laquelle il appartient, un noyau (spin élémentaire), va résonner à une fréquence particulière f_k . Pour N_k fréquences particulières, le signal de précession libre s'écrit alors

$$\hat{x}(t) = \sum_{k=1}^{N_k} c_k \exp\left(\frac{-t}{T_{2k}^*}\right) \exp(j2\pi f_k t) \exp(j\phi_k) \quad (3.43)$$

Tout l'intérêt de l'analyse du signal de spectroscopie repose sur cette équation. Le signal de précession libre apporte des informations précieuses sur l'échantillon observé. Les fréquences f_k du signal $\hat{x}(t)$ permettent l'identification des molécules. Après démodulation par rapport à la fréquence porteuse f_p (*e.g.* pour $B_0 = 1.5T$, la fréquence porteuse est $f_p = 63.861MHz$), les fréquences présentes dans le signal démodulé, correspondent aux différences en fréquence par rapport à cette fréquence porteuse. Elles sont appelées les déplacements chimiques. Ces déplacements chimiques δ_k (différences de fréquence) ne sont généralement pas exprimés en *Hz* mais en parties par million (*ppm*) et définis par la relation

$$\delta_k = \frac{f_k - f_{ref}}{f_{ref}} \quad (3.44)$$

où f_{ref} représente la valeur d'une fréquence de résonance arbitrairement choisie. L'intérêt d'exprimer les δ_k en *ppm* est d'obtenir des valeurs de déplacements chimiques indépendantes du champ magnétique statique B_0 .

On utilise traditionnellement le tétraméthylsilane (TMS) comme référence. Sa structure chimique, représentée dans la fig. 3.10, est composée de 12 protons (noyaux d'hydrogène 1H) symétriquement répartis dans la molécule. Dans cette structure particulière les 12 protons possèdent un même δ_k et la molécule a ainsi une fréquence de résonance unique et précise. Le choix du tétraméthylsilane vient du fait que la spectroscopie était, historiquement, réalisée *in vitro* et que les échantillons étudiés devaient être placés en solution: le TMS était donc choisi car la majorité des composants étudiés en SRM ont une fréquence de résonance supérieure à celle du TMS, ainsi il n'y a pas d'interférence entre la solution de référence et l'échantillon étudié. Depuis, la position de ce pic sert de référence $\delta_{TMS} = 0$ en SRM, quelque soit les conditions.

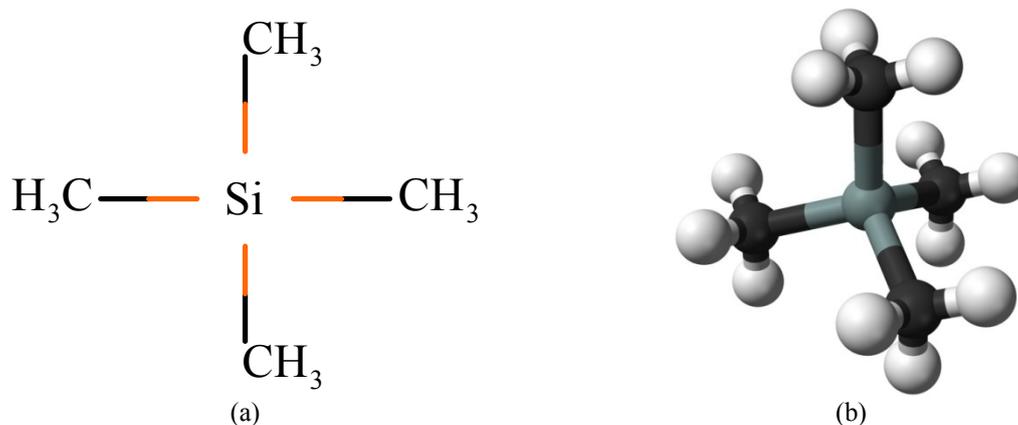


Fig. 3.10 : Structure chimique de la molécule de tétraméthylsilane (TMS). (a) planaire. (b) en 3D.

Notons enfin que le signal de résonance attribué aux noyaux d'une molécule donnée a une amplitude directement proportionnelle au nombre de molécules observées. Toute la difficulté du spectroscopiste est d'extraire ces informations par l'analyse du signal $\hat{x}(t)$. Le signal de précession libre est échantillonné à la sortie de la chaîne d'acquisition pour permettre un traitement numérique post-acquisition. Pour un pas d'échantillonnage t_e , et un temps t_0 origine de l'acquisition, le signal de RMN, échantillonné s'écrit alors:

$$\hat{x}(nt_e) = \sum_{k=1}^K c_k \exp\left(\left(\frac{-1}{T_{2k}^*} + j2\pi f_k\right)(nt_e + t_0)\right) \exp(j\phi_k) \quad (3.45)$$

L'amplitude du signal est aussi quantifiée par un convertisseur analogique numérique. L'amplitude du signal recueilli est généralement très faible car les énergies mises en jeu lors d'une expérience RMN sont de l'ordre de l'agitation thermique. Le signal acquis est alors noyé dans du bruit principalement d'origine thermique, le bruit électronique. Le bruit thermique a une densité spectrale de puissance constante sur toute la bande spectrale, c'est un bruit blanc. Son écart-type a pour expression [74, 75]

$$\sigma_{bruit} = \sqrt{4RKT B_p} \quad (3.46)$$

où K est la constante de Boltzmann, T est la température en degré Kelvin, B_p la largeur de la bande passante du récepteur, et R une résistance équivalente qui inclut la résistance de la bobine et la résistance équivalente de l'échantillon.

En pratique, on accumulera plusieurs acquisitions (répétition et sommation d'acquisitions avec des paramètres expérimentaux identiques) afin d'améliorer le RSB. Il faudrait plus rigoureusement inclure le bruit du système (mouvement, variation de température, etc ...), le bruit de quantification du convertisseur analogique-numérique et le bruit informatique (erreurs d'arrondis), mais ces sources de bruit sont considérées comme négligeables dans une expérience idéale.

4.5. Séquence d'écho de spins

La technique d'écho de spins a été créée par Hahn [80] dans le but, en particulier, de mesurer le paramètre T_2 . Certains des signaux que nous allons traiter résultent d'acquisitions basées sur le principe de la séquence d'écho de spins. En général, en SRM ou en IRM, on n'acquiert pas le signal de précession juste après l'impulsion radio-fréquence. En effet, après la première impulsion RF, les spins se déphasent et l'aimantation transversale décroît avec une constante de temps T_2^* , plus courte que T_2 , en raison des inhomogénéités du champ statique. Le principe de la séquence d'écho de spin consiste à faire renaître une aimantation transversale après une impulsion, e.g. $\alpha_1 = 90^\circ$, grâce à une impulsion d'inversion $\alpha_2 = 180^\circ$.

Pour expliquer comment l'écho de spin se forme, on va suivre l'action des impulsions α_1 et α_2 , et l'évolution de la magnétisation transversale. On va supposer que l'impulsion α_1 est appliquée selon l'axe x' (dans le référentiel tournant $R'(O, x', y', z')$), et que l'impulsion α_2 est appliquée selon l'axe y' . Pour plus de simplicité on va considérer que l'échantillon étudié possède deux isochromates (isochromate : groupe de spins possédant la même fréquence de résonance) avec des vitesses angulaires de précession ω_l (lent) et ω_r (rapide) et des moments magnétiques \vec{l} et \vec{r} respectivement.

À l'instant $t = 0$, l'impulsion $\alpha_1 = 90^\circ$ va tourner les deux moments magnétique autour de x' et les aligner selon l'axe y' , comme le présente la fig. 3.11(a). Après l'impulsion, les deux

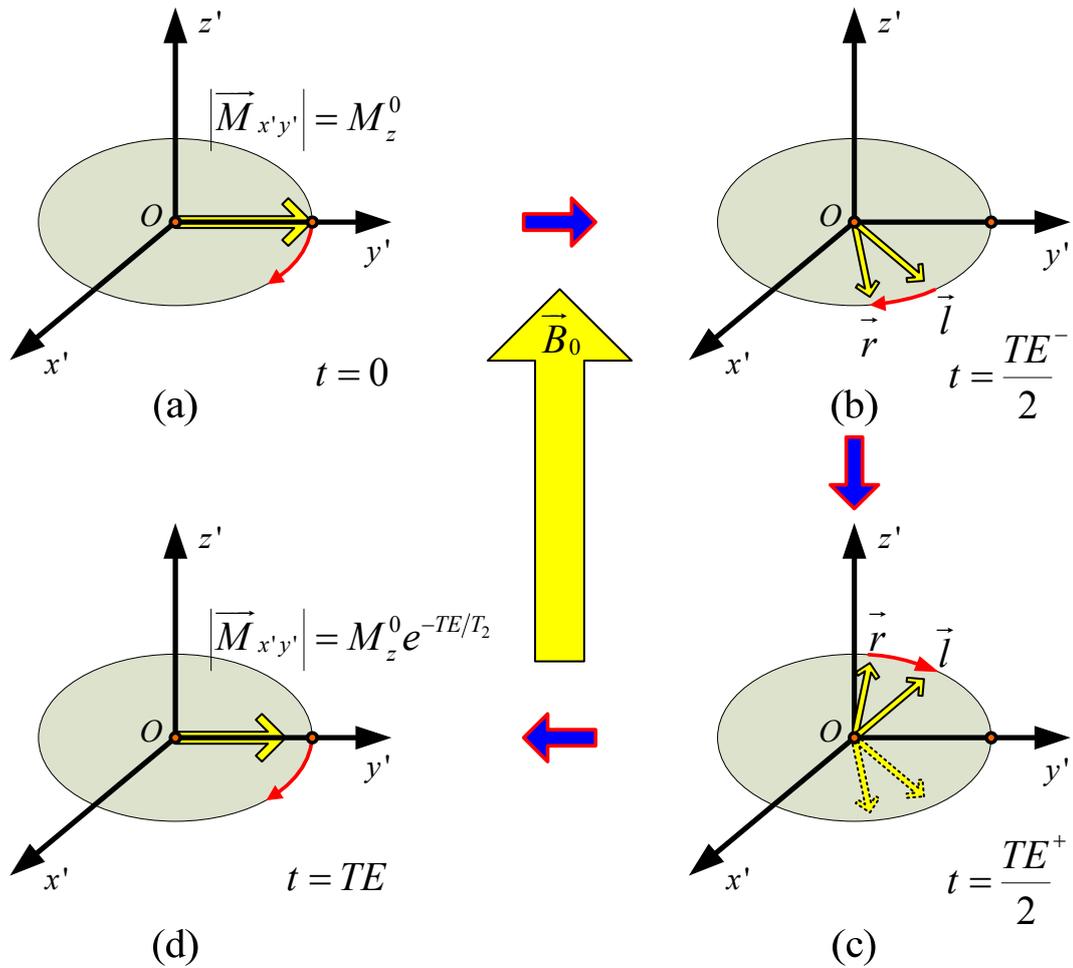


Fig. 3.11 : Diagramme vectoriel illustrant le rephasage des isochromats dans une expérience d'écho de spin.

vecteurs \vec{l} et \vec{r} vont effectuer des mouvements de précession libre autour de l'axe z' . Comme un de ces vecteurs possède une vitesse angulaire un peu plus rapide que l'autre, ils vont progressivement se déphaser. Après un intervalle de temps $TE/2$, la phase entre les deux vecteurs dans le plan transversale est $(\omega_r - \omega_l) \times TE/2$, comme le présente la fig. 3.11 (b). À cet instant on applique une impulsion d'inversion $\alpha_2 = 180^\circ$ selon y' , qui bascule les deux vecteurs de l'autre côté du plan transversal (symétrie par rapport à y') comme le présente la fig. 3.11(c). En conséquence, le vecteur plus rapide \vec{r} se trouve maintenant derrière le vecteur lent \vec{l} avec le même angle de phase avec lequel il était en tête avant l'impulsion de 180° . Puisque les deux vecteurs continuent leurs précessions dans le sens horaire à des fréquences angulaires ω_r et ω_l (en supposant que les inhomogénéités du champ \vec{B}_0 sont invariantes dans le temps), le plus rapide va rattraper le plus lent après un intervalle de temps $TE/2$, recréant ainsi une cohérence de phase entre les deux vecteurs à $t = TE$, comme le montre la fig. 3.11(d). TE est appelé temps d'écho. Ainsi, au bout du temps TE , les moments magnétiques se rephasent, on obtient un maximum de signal puis se déphasent à nouveau. La fig. 3.12 illustre le motif d'une séquence d'écho de spins.

Si nous ignorons la relaxation T_2 , le mécanisme responsable de la perte de la cohérence de phase entre les iso-chromats pendant la période de précession libre avant l'impulsion $\alpha_2 = 180^\circ$ est le même que celui chargé de la récupération de la cohérence de phase après l'impulsion. Par conséquent, $M_{x'y'}$, en fonction du temps, possède la propriété suivante :

$$\left| M_{x'y'} \left(TE/2 - t \right) \right| = \left| M_{x'y'} \left(TE/2 + t \right) \right| \quad \text{pour } 0 \leq t \leq TE/2 \quad (3.47)$$

Ce qui implique que $M_{x'y'}(t)$ possède une symétrie par rapport à $t = TE/2$. Cependant, la relaxation T_2 ne peut être ignorée. En effet, on démontre que l'amplitude de l'écho est maximale pour $t = TE$, et sa valeur est donnée par :

$$A_E = M_Z^0 \sin \alpha_1 \sin^2 \frac{\alpha_2}{2} e^{-TE/T_2} \quad (3.48)$$

qui montre explicitement la pondération T_2 de l'amplitude de l'écho. Clairement, A_E atteint sa valeur maximale $M_Z^0 e^{-TE/T_2}$ quand $\alpha_1 = 90^\circ$ et $\alpha_2 = 180^\circ$. Cette valeur est toujours inférieure, d'un facteur e^{-TE/T_2} , à la valeur maximale du FID initial pour $t = 0$ (après l'impulsion α_1). Cette perte de signal se produit parce que la perte de cohérence de phase dans les moments magnétiques, résultant des fluctuations aléatoires du champ, ne peut pas être récupérée par une impulsion RF d'inversion.

En résumé, un signal d'écho est formé par rephasage d'un grand nombre d'isochromats déphasés. Il atteint son maximum lorsque les isochromats atteignent une nouvelle cohérence de phase. Un signal d'écho est un signal 'à deux faces' composé de deux FID "en miroir" avec une décroissance pondérée en T_2^* , son amplitude est pondérée T_2 . Cette caractéristique est utile en imagerie IRM pour obtenir un contraste de l'image pondéré en T_2 . Elle permet aussi de laisser s'écouler un délai entre l'excitation par l'impulsion de RF et l'acquisition d'un signal de RMN. On peut jouer différemment sur le temps d'écho TE . En spectroscopie, lorsque l'on utilise des temps d'écho longs, typiquement 136 – 270 ms pour l'acquisition de signaux ^1H in vivo [82, 83] seules les aimantations des métabolites à T_2 longs peuvent se refocaliser et

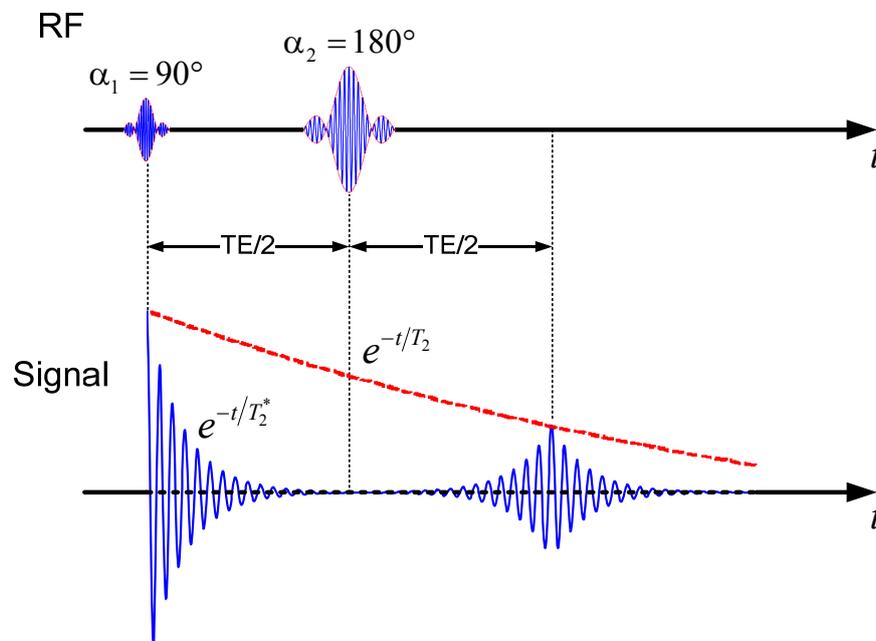


Fig. 3.12 : Motif d'une séquence d'écho de spins.

Une impulsion $\alpha_1 = 90^\circ$ excite les spins et bascule les moments magnétiques dans le plan $x'Oy'$. Elle crée un signal FID, qui s'amortit rapidement avec le déphasage des spins. La seconde impulsion $\alpha_2 = 180^\circ$ inverse les moments magnétiques qui se refocalisent au temps $t = TE$ (après l'impulsion de 90°), et produisent un écho.

participer au signal. Pour les signaux ^1H , les métabolites que l'on peut observer à temps d'écho longs sont le N-acétylaspartate (NAA), la créatine (Cr), la choline (Cho), le lactate (Lac) [84, 85]. Avec la diminution de TE, typiquement 20 à 30 ms, l'information spectrale augmente considérablement. D'autres métabolites présentant des T_2 courts contribuent au signal. La mesure des métabolites avec des systèmes de spins couplés tels que le glutamate (Glu), la glutamine (Gln), le myo-inositol (Ins), et le glucose (Glc) devient possible [86, 87]. Apparaissent également les contributions des macromolécules qui possèdent aussi des constantes de relaxation T_2 courtes.

5. Champs de gradients

Un champ de gradient \vec{B}_G est un champ magnétique spécial, non homogène, dont la composante z varie linéairement selon une direction précise appelé la direction du gradient. Plus précisément, \vec{B}_G est appelé « champ de gradient- x » si :

$$B_{G,z} = G_x x \quad (3.49)$$

et G_x est appelé « gradient- x ». De même \vec{B}_G est appelé « champ de gradient- y » si :

$$B_{G,z} = G_y y \quad (3.50)$$

ou un « champ de gradient- z » si :

$$B_{G,z} = G_z z \quad (3.51)$$

Comme mentionné dans l'introduction, le système de gradient est généralement constitué de trois bobines de gradient orthogonales appelées, bobine de gradient- x , bobine de gradient- y , et bobine de gradient- z , et qui, dans le cas idéal, fournissent respectivement, un champ de gradient- x , un champ de gradient- y et un champ de gradient- z . Lorsque les trois bobines de gradient sont activées simultanément on a :

$$B_{G,z} = G_x x + G_y y + G_z z \quad (3.52)$$

Il est important de noter que pour chaque cas, le champ magnétique produit par une bobine de gradient a aussi des composantes dans la direction x , $B_{G,x}$, et la direction y , $B_{G,y}$. Cependant, ces composantes sont souvent ignorées parce que le champ B_0 est très puissant dans la direction z . Le champ magnétique global, en présence d'un champ de gradient dans la région d'intérêt peut être exprimé par :

$$\vec{B} = (B_0 + B_{G,z})\vec{k} = (B_0 + G_x x + G_y y + G_z z)\vec{k} \quad (3.53)$$

Les trois gradients sont souvent groupés dans un vecteur gradient \vec{G} tel que

$$\vec{G} = G_x \vec{i} + G_y \vec{j} + G_z \vec{k} \quad (3.54)$$

Notons que \vec{G} est, en général, une fonction du temps. Si \vec{G} est constant dans l'intervalle de temps qui nous intéresse, il est nommé « champ de gradient statique », autrement on a un « champ de gradient variable dans le temps ». Les deux types de gradients sont couramment utilisés en RMN.

6. Localisation

On a présenté dans les sections précédentes comment activer un signal RMN d'un échantillon. En effet, le protocole expérimental est simple: on place l'échantillon à étudier dans un champ magnétique uniforme principal, on l'excite avec un autre champ magnétique oscillant à la fréquence de résonance, on capte le signal de précession libre. Ce signal est cependant une somme des signaux «locaux» obtenus à partir de toutes les parties de l'échantillon. Pour un échantillon spatialement homogène, ce signal est ce qu'on recherche, puisque les signaux locaux sont les mêmes, quel que soit leur origine spatiale. Si les échantillons que nous étudions sont hétérogènes, il devient nécessaire de différencier les signaux locaux provenant des différentes parties de l'échantillon.

Il existe essentiellement deux types de méthodes utilisées en localisation spatiale: l'excitation sélective et l'encodage spatial. L'usage d'un gradient de champ est au cœur de ces deux méthodes de localisation. On se limite dans cette section à décrire brièvement les concepts de base de l'excitation sélective. Le lecteur pourra se référer aux ouvrages plus spécifiques [71, 75] concernant l'encodage des informations spatiales. Ce dernier est à la base de l'imagerie multidimensionnelle, et de la spectroscopie multi-voxel qui sera décrite dans la section 7.2. Il utilise le formalisme mathématique populaire connu par « espace des K » (espace de Fourier multidimensionnel).

6.1. Sélection de coupe

La sélection de coupe est peut-être la forme la plus utilisée d'excitation sélective pour la localisation en RMN. Pour exciter sélectivement les spins dans une coupe, deux choses sont essentielles: un champ de gradient et une impulsion RF appropriée. Nous discuterons ces deux exigences dans la suite. Avant cela, nous décrirons les paramètres utilisés pour caractériser une coupe arbitraire dans un objet en trois dimensions.

6.1.1. Équation d'une coupe arbitraire

On définit, mathématiquement, une coupe dans un objet en trois dimensions par l'inégalité suivante:

$$|\vec{\mu}_s \cdot \vec{r} - s_0| < \Delta_s / 2 \quad (3.55)$$

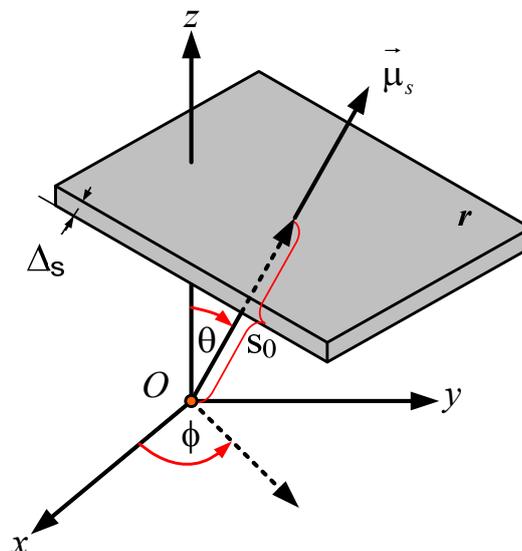


Fig. 3.13 : Paramètres caractérisant une coupe dans la direction $\vec{\mu}_s$.

où $\vec{\mu}_s$ est un vecteur unitaire qui spécifie l'orientation de la coupe (*i.e.* sa normale), Δ_s est l'épaisseur de coupe, mesurée dans la direction de $\vec{\mu}_s$, \vec{r} la position (x, y, z) d'un point de l'espace vérifiant l'inégalité (3.55), et s_0 est la distance de la coupe à l'origine O , comme l'indique la fig. 3.13.

Trois cas particuliers de sélection de coupe le long des directions x , y , et z , sont illustrés dans la fig. 3.14. Les équations des coupes correspondantes sont données, respectivement, par

$$|x - x_0| < \Delta_x/2 \quad (3.56a)$$

$$|y - y_0| < \Delta_y/2 \quad (3.56b)$$

$$|z - z_0| < \Delta_z/2 \quad (3.56c)$$

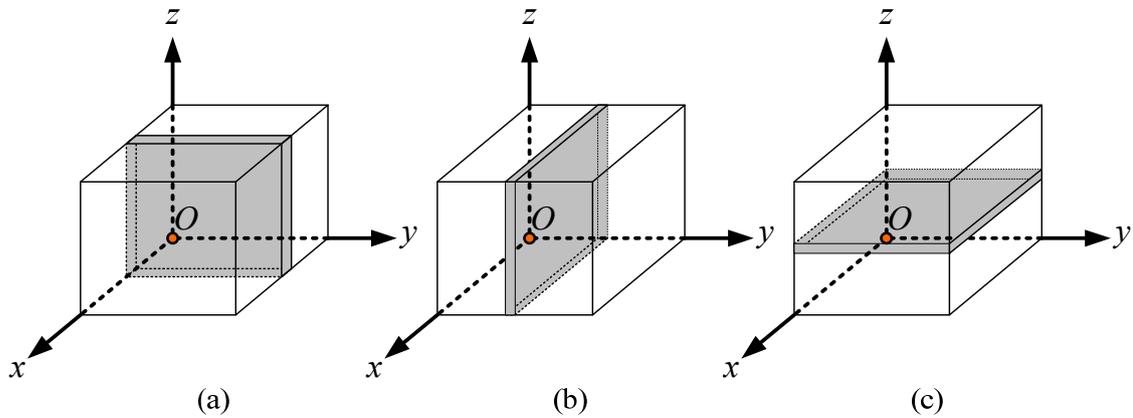


Fig. 3.14 : Coupes sélectionnées selon les directions x , y , et z , appelées respectivement coupes sagittale, coronale et transverse dans les applications RMN in vivo (imagerie ou spectroscopie).

6.1.2. Gradient de sélection de coupe

Le besoin d'activer un gradient de champ pendant la période d'excitation par une onde RF pour la sélection d'une coupe est évident. En effet, une impulsion RF ne peut être sélective qu'en fréquence, et les spins qui se trouvent à différentes positions dans l'espace seront excités de la même manière s'ils résonnent à la même fréquence. Par conséquent, pour avoir une impulsion RF sélective spatialement, il est nécessaire d'avoir la fréquence de résonance des spins dépendante de leur position, ou plus précisément, qu'elle varie linéairement le long de la direction de sélection de coupe $\vec{\mu}_s$. Pour obtenir cette sélection, on additionne au champ homogène \vec{B}_0 un champ de gradient linéaire pendant la période d'excitation. On appelle ce gradient de champ « gradient de sélection de coupe ».

On rappelle (section 5) qu'un champ de gradient linéaire \vec{B}_G est, par définition, un champ magnétique, dont la composante z varie linéairement selon une direction précise appelée la direction du gradient $\vec{\mu}_G$. On va noter le champ de gradient de sélection de coupe par

$$\vec{G}_{SC} = (G_x, G_y, G_z) = G_{SC} \vec{\mu}_G \quad (3.57)$$

où $G_{SC} = \sqrt{G_x^2 + G_y^2 + G_z^2}$ et $\vec{\mu}_G$ est un vecteur unitaire selon la direction du champ de gradient de sélection. Pour rendre la fréquence de résonance des spins variable linéairement le

long de $\vec{\mu}_S$, nous devons imposer $\vec{\mu}_G = \vec{\mu}_S$. En développant $\vec{\mu}_S$ en fonction des angles d'orientations de la coupe dans la fig. 3.13, on peut écrire

$$\vec{\mu}_S = (\sin \theta \cos \phi, \sin \theta \sin \phi, \cos \theta) \quad (3.58)$$

et par suite :

$$\begin{cases} G_x = G_{SC} \sin \theta \cos \phi \\ G_y = G_{SC} \sin \theta \sin \phi \\ G_z = G_{SC} \cos \theta \end{cases} \quad (3.59)$$

Les équations (3.59) donnent le vecteur de gradient nécessaire pour choisir une coupe dans une direction arbitraire. La valeur de G_{SC} n'est pas spécifiée. Théoriquement, n'importe quelle valeur non nulle de G_{SC} est adéquate pour discriminer les spins le long de la direction du gradient. Cependant en pratique, G_{SC} doit être suffisamment grand pour pouvoir sélectionner une coupe mince.

6.1.3. Impulsion RF de sélection de coupe

Après le choix du gradient de sélection de coupe, l'étape suivante est de traduire la sélectivité fréquentielle établie par ce gradient dans la forme d'onde temporelle d'une impulsion RF. On rappelle que l'amplitude d'impulsion RF modulée est caractérisée par une fréquence d'excitation ω_{RF} et une fonction enveloppe $B_1^e(t)$ (on néglige sa phase, supposée constante, et qui n'influe pas sur sa sélectivité fréquentielle) de la forme :

$$B_1(t) = B_1^e(t)e^{-i\omega_{RF}t} \quad (3.60)$$

La question est alors comment choisir $B_1^e(t)$ et ω_{RF} .

La transformée de Fourier est la méthode la plus simple pour la conception d'impulsions sélectives. Pour illustrer l'idée, considérons le cas de la fig. 3.14(c). En se basant sur l'équation de coupe donnée dans (3.56c), il est commode de définir une fonction de sélection spatiale :

$$p_s(z) = \begin{cases} 1 & \text{pour } |z - z_0| < \Delta_z/2 \\ 0 & \text{autrement} \end{cases} \quad (3.61)$$

qui est une fenêtre «rectangulaire» de largeur Δ_z centrée sur $z = z_0$. En utilisant la notation de la fenêtre rectangulaire $\Pi(z)$ de largeur unité et centrée sur $t = 0$, on peut écrire :

$$p_s(z) = \Pi\left(\frac{z - z_0}{\Delta_z}\right) \quad (3.62)$$

Selon (3.59), le gradient de sélection de coupe nécessaire est

$$\vec{G}_{SC} = (0, 0, G_z) \quad (3.63)$$

En présence de ce gradient, la pulsation angulaire de Larmor à la position z est donnée par

$$\omega(z) = \omega_0 + \gamma G_z z \quad (3.64)$$

et la fréquence est :

$$f(z) = f_0 + \frac{\gamma G_z z}{2\pi} \quad (3.65)$$

Ainsi, la fonction de sélection fréquentielle est

$$p(f) = p_s \left(\frac{2\pi f}{\gamma G_z} \right) = \Pi \left(\frac{f - f_c}{\Delta_f} \right) \quad (3.66)$$

où

$$f_c = f_0 + \frac{\gamma G_z z_0}{2\pi} \quad (3.67)$$

et

$$\Delta_f = \frac{\gamma G_z \Delta_z}{2\pi} \quad (3.68)$$

Par transformée de Fourier inverse de $p(f)$, et en utilisant la relation :

$$\text{sinc}(\pi a t) \stackrel{TF}{\leftrightarrow} \frac{1}{a} \Pi \left(\frac{f}{a} \right) \quad (3.69)$$

On obtient

$$B_1(t) \propto \Delta_f \text{sinc}(\pi \Delta_f t) e^{-i2\pi f_c t} \quad (3.70)$$

En comparant (3.60) et (3.70), on trouve la fréquence d'excitation nécessaire

$$\omega_{RF} = 2\pi f_c = \omega_0 + \gamma G_z z_0 \quad (3.71)$$

et la fonction enveloppe

$$B_1^e(t) = A \text{sinc}(\pi \Delta_f t) \quad (3.72)$$

où A est une constante de proportionnalité déterminée en fonction de l'angle de basculement désiré. On note cependant que l'impulsion $\text{sinc}(\pi \Delta_f t)$ n'est pas physiquement réalisable, car une impulsion pratique doit nécessairement commencer à $t \geq 0$ et ne durer que pendant une période de temps limitée, τ_p . En supposant que l'impulsion est symétrique autour du point de temps $t = \tau_p/2$. La fonction d'enveloppe de l'impulsion donnée dans l'équation. (3.70) devient

$$B_1^e(t) = A \text{sinc} \left[\pi \Delta_f \left(t - \frac{\tau_p}{2} \right) \right], \quad 0 \leq t \leq \tau_p \quad (3.73)$$

Le profil résultant de sélection de coupe devient (en ignorant l'effet de troncature de l'impulsion) :

$$p(f) = \Pi \left(\frac{f - f_c}{\Delta_f} \right) e^{-i2\pi(f-f_c)\frac{\tau_p}{2}} \quad (3.74)$$

7. Localisation et séquences de base en spectroscopie RMN in vivo

Le but de la spectroscopie RMN in vivo est de déterminer la composition chimique des tissus, en utilisant les noyaux les plus abondants tel le ^1H et le ^{31}P . On distingue deux types d'acquisitions en spectroscopie RMN in vivo: l'acquisition mono-voxel et l'acquisition multi-voxel. Les techniques mono-voxel isolent un élément de volume cubique ou rectangulaire de base (nommé voxel). Pour la spectroscopie multi-voxel, aussi appelée imagerie spectroscopique par résonance magnétique (ISRM), ou encore imagerie du déplacement chimique « CSI », on utilise des techniques qui permettent l'acquisition dans une, deux et trois dimensions, de voxels multiples dans une ou plusieurs coupes.

Pour les deux types d'acquisition en SRM, mono et multi-voxel, les deux séquences de localisation les plus utilisées sont : la séquence PRESS [88] (Point RESolved Spectroscopy) et la séquence STEAM [89] (STimulated Echo Acquisition Mode). Ces deux séquences utilisent une série d'impulsions RF avec les gradients correspondants de sélection de coupe. Toute séquence qui utilise plusieurs impulsions RF génère une série d'échos. Hahn a montré que, pour une séquence de trois impulsions, un total de cinq échos peut être généré [80]. La séquence PRESS utilise pour localiser le voxel une impulsion de 90° , suivie par deux impulsions de 180° et acquiert un « écho de spins ». La séquence STEAM utilise trois impulsions 90° pour localiser le voxel et acquiert, par conséquent, un « écho stimulé » [80].

L'amplitude d'un écho stimulé est la moitié que celle d'un écho de spins acquis de la même région [80]. La séquence PRESS donne ainsi un spectre avec un meilleur RSB. Cependant, le voxel sélectionné n'est pas aussi bien délimité que pour la séquence STEAM. La séquence STEAM est aussi préférable pour l'acquisition des spectres des métabolites à T_2 court. La séquence PRESS, cependant, est la séquence préférée si un temps de relaxation T_2 est permis dans l'expérience.

Pour plus de simplicité, ces séquences de localisation seront décrites en termes d'acquisition monovoxel.

7.1. Spectroscopie monovoxel

Les deux techniques de localisation utilisent le croisement de trois gradients de sélection de coupes orthogonales pour créer un voxel.

7.1.1. Séquence PRESS

La séquence PRESS sélectionne un cube ou un voxel rectangulaire grâce à trois impulsions sélectives, une de 90° puis deux de 180° selon chacun des axes x , y et z . La fig. 3.15 représente le motif de base de la séquence PRESS. Les gradients de déphasage (spoilers) nécessaires à l'élimination d'échos secondaires n'ont pas été représentés. Le principe de refocalisation du signal, par exploitation de l'aimantation transversale est le même que pour l'écho de spins.

Dans la fig. 3.15, l'intervalle de temps entre les deux premières impulsions détermine le temps d'écho (TE), qui est l'intervalle entre le centre de la première impulsion RF et le début de l'acquisition de données. La première impulsion RF est un sinus cardinal avec un angle de basculement $\alpha_1 = 90^\circ$, appliqué selon x' (dans le référentiel tournant $R(O, x', y', z')$), avec un gradient de sélection de coupe G_z . Le moment magnétique bascule et s'aligne selon l'axe y' . Pendant $TE/4$, l'intervalle entre les deux premières impulsions, les spins se déphasent par $\Delta\omega \times TE/4$, où $\Delta\omega$ est la différence de fréquence entre la fréquence de l'impulsion RF et la fréquence de précession d'un spin donné. À l'instant $t = TE/4$, on applique avec un gradient de sélection de coupe associé G_y , une impulsion $\alpha_2 = 180^\circ$ selon y' . Cette impulsion bascule

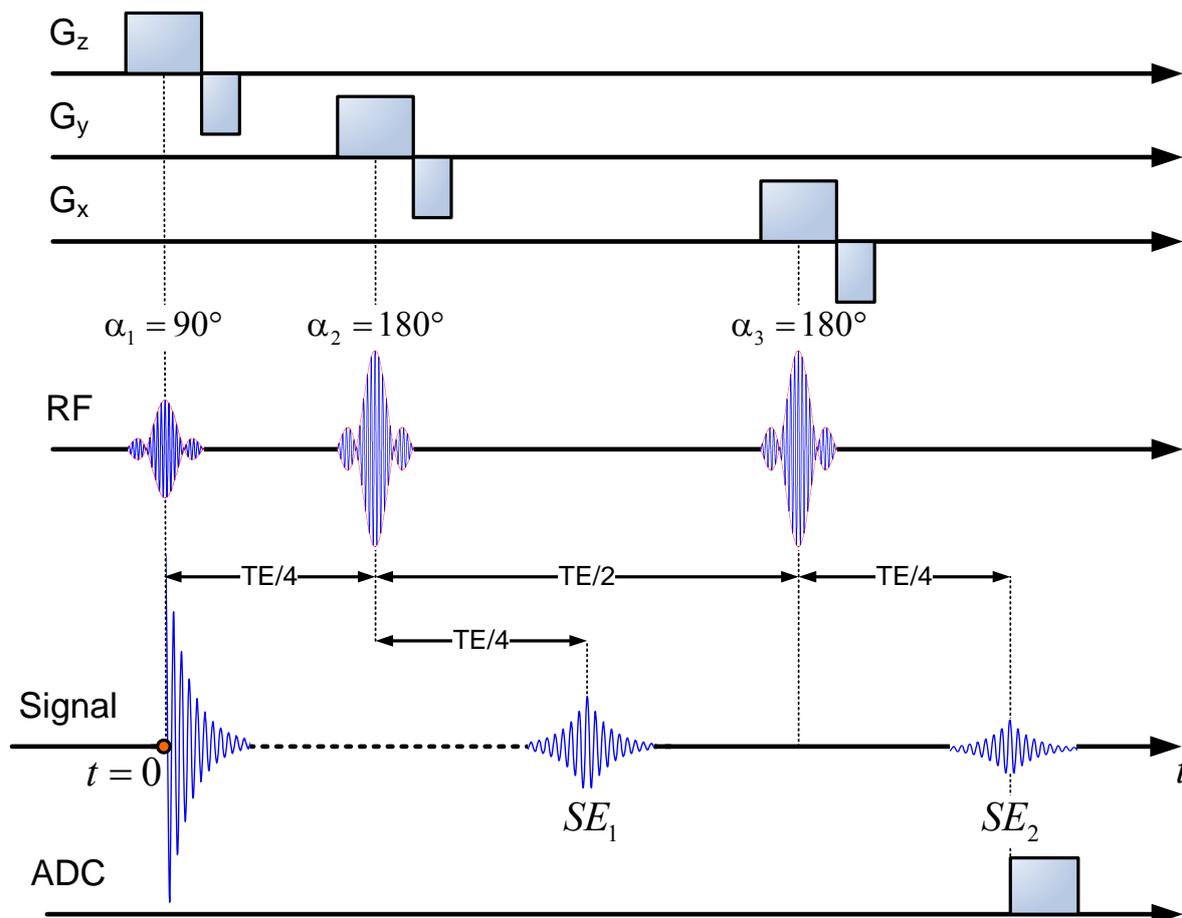


Fig. 3.15 : Principe de la séquence PRESS. La ligne RF contient trois impulsions, une de 90° qui bascule l'aimantation dans le plan transversal et deux impulsions de refocalisation de 180° avant l'acquisition de l'écho de spins. Les trois lignes de haut présentent les gradients de sélection de coupes associés aux impulsions RF qui font que l'écho de spin SE_2 provient du voxel d'intérêt. Le signal obtenu de l'aimantation transversale et la période de conversion A/D (notée ADC) sont affichés dans les deux dernières lignes. Seule la seconde moitié de l'écho de spins SE_2 est acquise.

les spins de l'autre côté du plan transversal (symétrie par rapport à y'), sans changer la direction dans lequel ils tournent. Un écho de spins SE_1 se forme à l'instant $t = TE / 2$.

Enfin, une troisième impulsion $\alpha_3 = 180^\circ$ est appliquée $TE / 2$ après la deuxième impulsion α_2 . Cette impulsion renverse à nouveau les spins, mais seulement dans le voxel d'intérêt, à cause du gradient de sélection de coupe associé G_x , appliqué simultanément avec l'impulsion. Les spins rephasés génèrent alors un écho de spin SE_2 , $TE / 4$ après la dernière impulsion α_3 .

Bien que l'écho entier SE_2 puisse être échantillonné, en pratique, seule la seconde moitié de l'écho est acquise. La raison de ce retard est de réduire la distorsion par courants de Foucault causés par l'activation des gradients de sélection de coupe. La seconde moitié de l'écho, se produisant plus tard dans le temps, elle est moins susceptible d'être déformée. La transformation de Fourier discrète du signal échantillonné donne le spectre.

7.1.2. Séquence STEAM

La séquence STEAM sélectionne aussi un cube ou un voxel rectangulaire grâce à trois impulsions sélectives de 90° selon chacun des axes x , y et z . L'aimantation transversale obtenue après la première impulsion α_1 devient longitudinale après la deuxième impulsion α_2 , et se refocalise sous forme d'un « écho stimulé » après la troisième impulsion α_3 . Cet écho stimulé, influencé par les trois gradients de sélection de coupe G_x , G_y et G_z , provient du voxel d'intérêt. La fig. 3.16 présente le motif de base de la séquence STEAM. Les gradients de

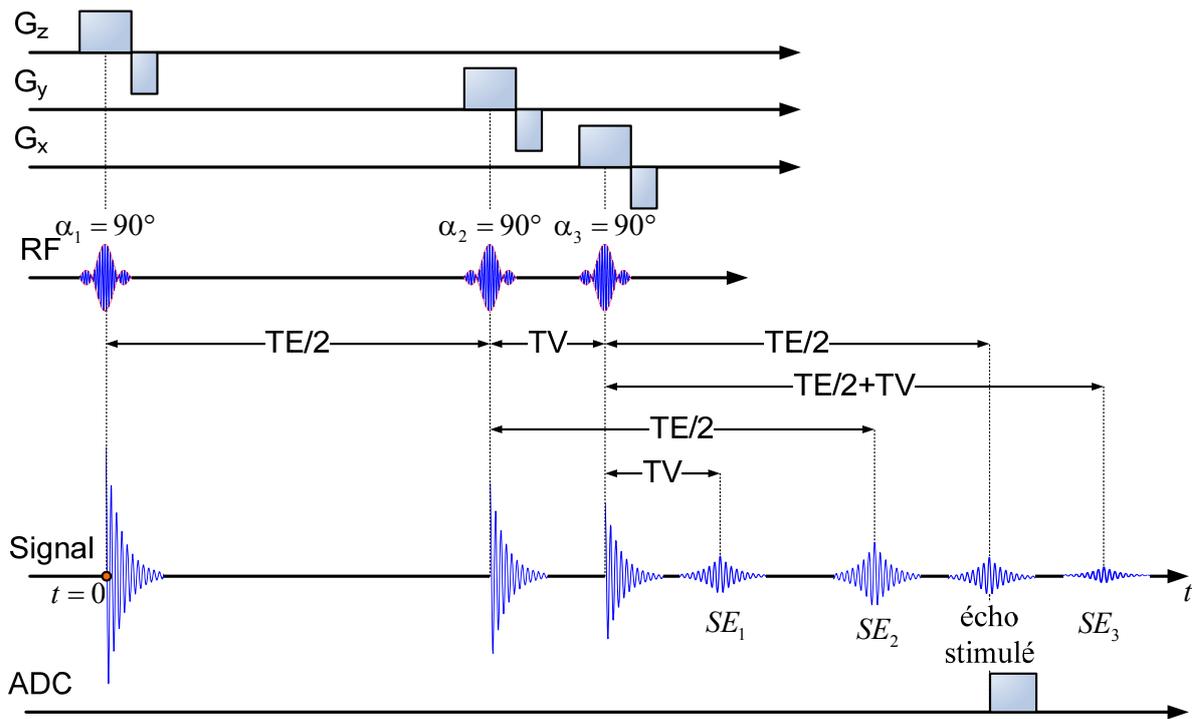


Fig. 3.16 : Principe de la séquence STEAM. La ligne RF contient trois impulsions de 90° pour créer un « écho simulé ». Les trois lignes supérieures présentent les gradients de sélection de coupes associés aux impulsions RF, qui font que l'écho simulé provient du voxel d'intérêt. Le signal de l'aimantation transversale obtenu et la période de conversion A/D (notée ADC) sont affichés dans les deux dernières lignes. Seule la seconde moitié de l'écho simulé est acquise

déphasage (spoilers) nécessaires à l'élimination d'échos secondaires n'ont pas été représentés. L'écho de spin SE_1 , généré au temps $t = TE/2 + 2TV$, résulte de la deuxième et troisième impulsion RF. L'intervalle TV représente un temps d'évolution (déphasage). L'écho SE_2 généré à $t = TE$ résulte de la première et deuxième impulsion RF. L'écho SE_3 généré à $t = TE + 2TV$ provient de la première et de la troisième impulsion et enfin, l'écho simulé, est généré à $t = TE + TV$. L'utilisation d'impulsions de 90° permet de bien délimiter le voxel d'intérêt et de minimiser la contamination par les autres régions.

7.2. Spectroscopie multi-voxel, séquence classique d'ISRM

Il s'agit d'une séquence permettant d'obtenir de l'information spectroscopique et spatiale de plusieurs voxels. Pour cela, on rajoute aux séquences monovoxels, *e.g.* PRESS, un codage spatial [90, 91, 92]. La sélection de coupe est réalisée grâce à une impulsion sélective en présence, par exemple, d'un gradient de sélection dans la direction z . Les signaux sont codés dans le plan de coupe à l'aide de gradients de phase qui permettent de déphaser les spins en fonction de leur position.

Le codage de phase consiste à appliquer les gradients de champs, G_x et/ou G_y , pendant une durée τ_x et/ou τ_y , avant chaque acquisition du signal. Cette opération induit un déphasage proportionnel à la position des noyaux dans le référentiel fixe, l'information spatiale est ainsi codée dans le signal reçu. Le signal correspondant au voxel (x, y) s'écrit alors :

$$s'(t, x, y) = s(t, x, y) e^{-i\gamma G_x x \tau_x} e^{-i\gamma G_y y \tau_y} \quad (3.75)$$

À l'acquisition, le signal reçu correspond à la somme de toutes les contributions élémentaires de chaque point du plan (x, y)

$$\begin{aligned}
 S(t) &\propto \int_x \int_y s'(t, x, y) dx dy \\
 &= \int_x \int_y s(t, x, y) e^{-i\gamma G_x x \tau_x} e^{-i\gamma G_y y \tau_y} dx dy
 \end{aligned}
 \tag{3.76}$$

En posant $k_x = \gamma G_x \tau_x$ et $k_y = \gamma G_y \tau_y$, il vient

$$S(t, k_x, k_y) \propto \int_x \int_y s(t, x, y) e^{-i\gamma G_x x \tau_x} e^{-i\gamma G_y y \tau_y} dx dy
 \tag{3.77}$$

L'expression (3.77) correspond à la transformée de Fourier 2D du signal $s(t, x, y)$. Pour obtenir les signaux de précession localisés en (x, y) , il faut appliquer une transformée de Fourier inverse à deux dimensions, dans les directions k_x et k_y . L'acquisition des signaux de spectroscopie se fait alors dans l'espace de Fourier, *i.e.* l'espace des K , encore appelé espace réciproque. Le motif de base de la séquence d'ISRM présenté dans la fig. 3.17 correspond à l'acquisition d'un « point » de l'espace des k . En répétant ce motif $N_x \times N_y$ fois et en incrémentant les amplitudes des gradients G_x et G_y à chaque étape (ceci est illustré par les barres horizontales colorées des lignes des gradients G_x et G_y dans la fig. 3.17), on obtient toute une grille de points dans l'espace réciproque. Le nombre de pas de codage correspond au nombre de voxels.

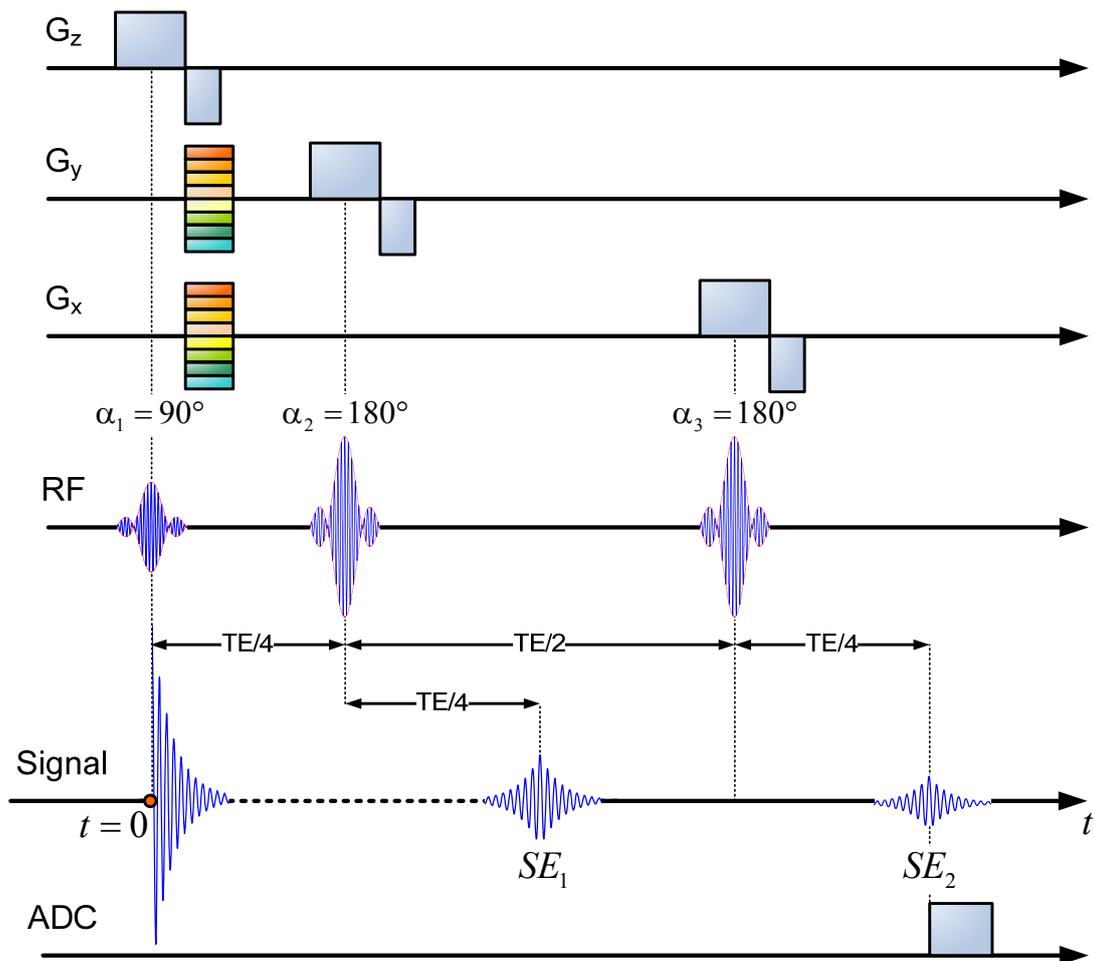


Fig. 3.17 : Séquence d'ISRM avec PRESS.

Chapitre 4

Spectroscopie multidimensionnelle rapide pour les spectres parcimonieux

La spectroscopie multidimensionnelle par résonance magnétique nucléaire (RMN), y compris l'imagerie spectroscopique par résonance magnétique (ISRM), sont largement utilisées pour les études de la structure moléculaire et biomoléculaire. Cependant, un inconvénient majeur de la RMN multidimensionnelle est les temps d'acquisitions longs qui, indépendamment des considérations de sensibilité, peuvent être nécessaires pour l'obtention des coefficients du domaine fréquentiel multidimensionnel. Dans ce chapitre, on propose une nouvelle méthode qui permet le sous-échantillonnage en RMN multidimensionnelle des spectres intrinsèquement parcimonieux et ainsi de réduire le temps d'acquisition.

Notre présentation est limitée à la spectroscopie bidimensionnelle mais elle se généralise à n dimensions sans difficultés. L'approche proposée utilise une connaissance a priori sur les emplacements possibles des coefficients non nuls dans le domaine fréquentiel, pour supprimer la sous-détermination, résultante des acquisitions sous-échantillonnées. Afin d'obtenir cette connaissance a priori, nous effectuons une acquisition RMN monodimensionnelle dans le cas de la RMN bidimensionnelle - qui est habituellement toujours acquise - et une acquisition monovoxel dans le cas de l'imagerie spectroscopique multi-voxels. Si ces acquisitions monodimensionnelles sont intrinsèquement parcimonieuses, il est alors possible de reconstruire les acquisitions bidimensionnelles correspondantes à partir d'un nombre d'observations très inférieur à ce qu'impose le théorème de Shannon-Nyquist.

Les essais réalisés sur des acquisitions synthétiques et expérimentales démontrent qu'on peut obtenir des reconstructions fiables avec des facteurs d'accélération d'environ 3.

Le travail de ce chapitre a fait l'objet de deux communications dans des conférences internationales avec comité de lecture. La 1^{ère} dans *International Society for Magnetic Resonance in Medicine* (ISMRM 2011) [93], la 2^{ème} dans *European Society for Magnetic Resonance in Medicine and Biology* (ESMRMB 2011) [94]. Un article intitulé «Fast multidimensional spectroscopy for sparse spectra» a été soumis dans la revue *NMR in Biomedicine* [95].

1. Introduction

La RMN est une source d'informations moléculaires très riche. L'analyse des structures des molécules organiques ou biologiques, ainsi que celles de nombreuses molécules inorganiques, commence souvent par la spectroscopie RMN. En dehors de la cristallographie aux rayons X, la RMN est l'outil le plus direct et général pour identifier la structure des composés purs et des mélanges de solides ou liquides. Ce processus implique souvent la réalisation de plusieurs expériences RMN afin de déduire la structure moléculaire à partir des propriétés magnétiques des noyaux atomiques et des électrons de valences. L'introduction de la spectroscopie RMN à deux dimensions (2D) au cours des années 1980 [96], a révolutionné la spectroscopie RMN unidimensionnelle (1D) traditionnelle et a rendu plus facile l'étude de systèmes moléculaires plus complexes, comme les protéines, les acides nucléiques, etc.

La spectroscopie RMN a été combinée avec l'imagerie par résonance magnétique (IRM) afin de fournir une image spatialement localisée de la biochimie dans les tissus vivants en utilisant les signaux provenant des molécules organiques. Elle fournit ainsi un outil puissant pour la

quantification, l'imagerie, et la détection in vivo non-invasive de bio-marqueurs, également connus sous le nom de « métabolites ». Elle permet l'évaluation de la réponse au traitement et à la caractérisation biochimique de la pathologie, dans le cerveau, le cœur, la prostate et d'autres parties du corps humain et animal. Les techniques de localisation en spectroscopie RMN comprennent l'acquisition monovoxel qui détecte le signal à partir d'un seul voxel, et l'ISRM aussi appelée imagerie de déplacement chimique, permettant la détection et la localisation des spectres de plusieurs voxels répartis dans l'espace.

La spectroscopie RMN multidimensionnelle est très coûteuse en temps d'acquisition. Dans l'acquisition RMN multidimensionnelle conventionnelle, la RMN-1D est répétée autant de fois que le nécessite la résolution souhaitée dans chaque dimension supplémentaire, résultant en des temps d'acquisition très longs. Ainsi, l'un des problèmes de la spectroscopie RMN est l'accélération de l'acquisition des données en RMN-multidimensionnelle. Elle est particulièrement lente pour obtenir la structure des protéines. En effet, ces expériences nécessitent souvent plusieurs heures, jours ou semaines [97].

La même chose peut être dite à propos de l'ISRM multi-voxels, où un inconvénient majeur est le temps d'acquisition long requis pour recueillir les données nécessaires pour parvenir à une résolution satisfaisante avec un rapport signal sur bruit (*RSB*) acceptable. Dans une expérience ISRM conventionnelle, l'*espace des k* (domaine de Fourier bidimensionnel) est échantillonné par incrémentation de l'amplitude de l'impulsion que génère le gradient de champ magnétique d'une manière semblable au codage de phase dans l'IRM. À chaque application du gradient de codage de phase, un emplacement de l'*espace de k* est sélectionné et le signal spectroscopique FID codé par la dispersion des déplacements chimiques est acquis. Cette technique d'acquisition conventionnelle résulte en des temps d'acquisition longs, e.g. plus de 10 *min* sur le cerveau de l'homme et de 40 *min* sur le cerveau de souris ou du rat. La résolution spatiale est faible, e.g. plus grand que 1 *cc* pour le cerveau humain, quelques μL pour le cerveau du petit animal, et ceci en raison du faible *RSB* et des faibles possibilités de codage spatial.

Par conséquent, la réduction du temps d'acquisition est un objectif primordial dans le développement de la technique RMN multidimensionnelle. Une réduction du temps d'acquisition, tout en préservant la résolution fréquentielle, permettrait des acquisitions RMN multidimensionnelle à des dimensions supérieures et un accroissement du débit du spectromètre. Une réduction du temps d'acquisition, tout en préservant la sensibilité par unité de temps et par unité de volume dans l'ISRM, permettrait une amélioration du confort du patient en conséquence de la diminution de la durée de l'examen.

À cette fin, nous proposons une nouvelle méthode d'acquisition RMN multidimensionnelle rapide [94], y compris pour l'ISRM [93], en utilisant les connaissances a priori obtenues à partir des acquisitions de dimension inférieure, e.g. monodimensionnelle. On fait l'hypothèse de spectres intrinsèquement parcimonieux.

L'approche proposée est de présentation plus simple dans une notation matrice-vecteur. Les deux sections suivantes modélisent les procédures d'acquisition et de reconstruction, en RMN-2D et ISRM-2D, sous cette forme.

2. Acquisition des données RMN-2D, notation matricielle

Quelques soit la nature de l'interaction à identifier, toutes les séquences d'excitation RMN-2D suivent le même procédé qui peut être subdivisé en quatre étapes bien définies appelées: préparation, évolution, mélange et détection illustrés par la fig. 4.1. En RMN-2D standard,

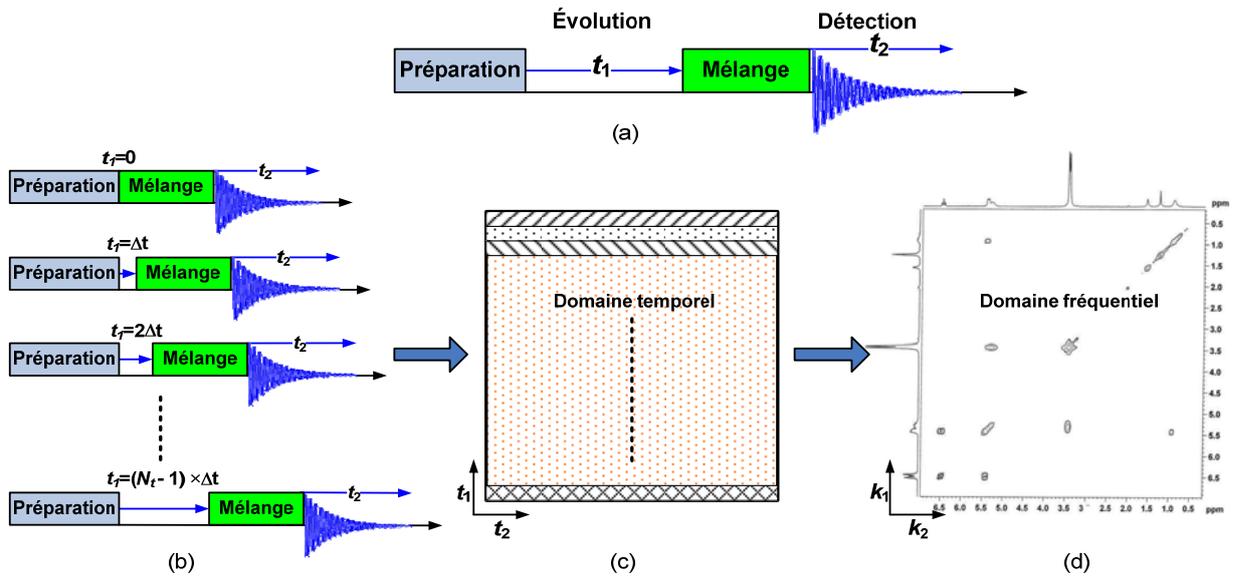


Fig. 4.1 : Acquisition NMR-2D

- Séquence d'excitation standard NMR-2D subdivisées en quatre étapes appelées: préparation, évolution, mélange et détection.
- Chaque balayage, correspond à une incrémentation discrète de la variable d'évolution dans le temps t_1 ; l'acquisition correspondante dans la période de détection t_2 remplit une ligne du domaine temporel 2D (c).
- Domaine temporel 2D contenant toutes les FID acquises.
- Domaine fréquentiel obtenu par TFD bidimensionnelle du domaine temporel.

l'axe des temps t_2 , généralement connu par la dimension directe, est acquis de manière analogue à RMN-1D. L'axe des temps supplémentaire, généralement connu sous le nom de « dimension indirecte », est acquis séquentiellement par incrémentation discrète de la variable d'évolution dans le temps t_1 , à travers une série de répétitions (scans) de l'expérience RMN-1D de base. Chaque scan remplit exactement une seule ligne le long de la dimension t_2 dans une grille bidimensionnelle connue sous le nom de « domaine temporel ».

Prenons un exemple où nous effectuons N_t scans, et nous acquérons N_t échantillons dans chaque période de détection. Le domaine temporel est alors une grille 2D de dimensions $N_t \times N_t$, acquise ligne par ligne le long de l'axe des temps discrets t_2 . Soient $x(t_1, t_2) \in \mathbb{C}$, $0 \leq t_1, t_2 \leq N_t - 1$, l'ensemble des données acquises de N_t^2 échantillons dans le domaine temporel, la RMN-2D correspondante, i.e. le domaine fréquentiel, $\mathbf{X}(k_1, k_2)$, est calculé en appliquant la transformée de Fourier discrète (TFD) unitaires 2D

$$\mathbf{X}(k_1, k_2) = \frac{1}{N_t} \sum_{t_1=0}^{N_t-1} \sum_{t_2=0}^{N_t-1} x(t_1, t_2) \cdot \exp\left(\frac{-2\pi j(k_1 t_1 + k_2 t_2)}{N_t}\right) \quad (4.1)$$

Avec $0 \leq k_1, k_2 \leq N_t - 1$ et $j = \sqrt{-1}$.

Afin de présenter notre méthode dans sa forme la plus simple, nous utilisons une notation matrice-vecteur reliant les coefficients fréquentiels inconnus, aux échantillons acquis du domaine temporel. Soit $\mathbf{x}_s, \mathbf{X}_s \in \mathbb{C}^n$, avec $n = N_t^2$, la représentation vectorielle (en empilant les colonnes) des échantillons du domaine temporel 2D, et des coefficients inconnus du domaine fréquentiel 2D, respectivement (voir fig. 4.2). Soient $\mathbf{F}_1, \mathbf{F}_2$ les matrices de transformation de Fourier unidimensionnels unitaires, de dimensions $N_t \times N_t$, correspondant respectivement aux dimensions indirectes et directes, et soit \mathbf{F} l'inverse de leur produit de Kronecker de taille $n \times n$

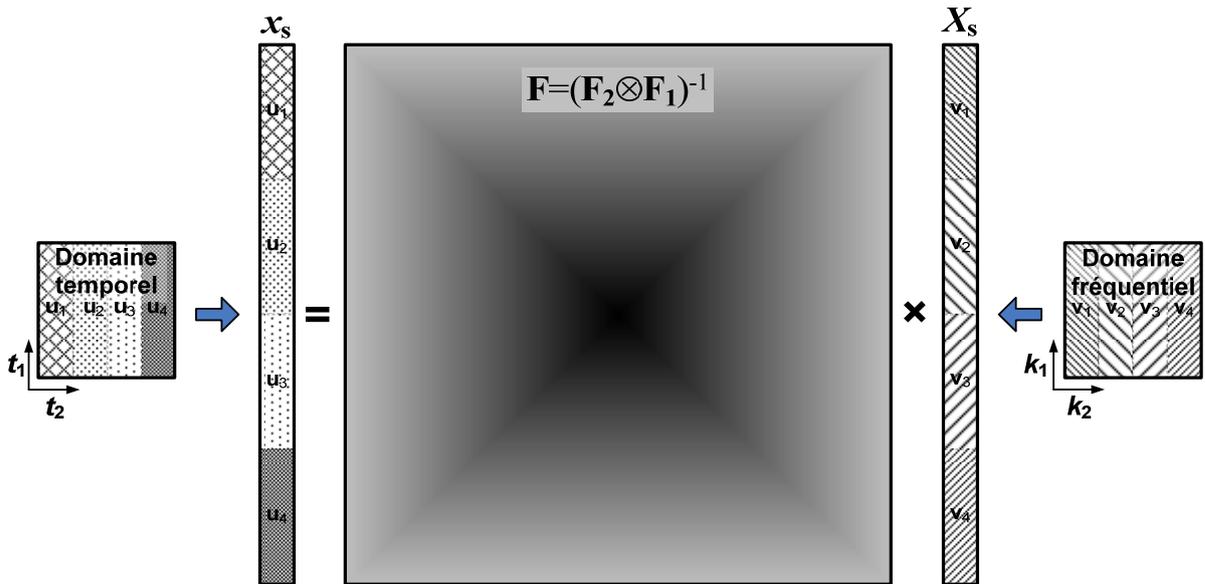


Fig. 4.2 : Notation matrice-vecteur en RMN-2D.

Soient $\mathbf{x}_s, \mathbf{X}_s \in \mathbb{C}^n$, avec $n = N_t^2$, les représentations vectorielles (en empilant les colonnes) des échantillons du domaine temporel 2D, et des coefficients inconnus du domaine fréquentiel 2D, respectivement. L'équation reliant le domaine des coefficients fréquentiels inconnus RMN-2D, au domaine des mesures temporelles 2D peut alors s'écrire sous la forme $\mathbf{y} = \mathbf{F}\mathbf{x}$ avec $\mathbf{F} = (\mathbf{F}_2 \otimes \mathbf{F}_1)^{-1}$, $\mathbf{y} \equiv \mathbf{x}_s$, $\mathbf{x} \equiv \mathbf{X}_s$.

$$\mathbf{F} = (\mathbf{F}_2 \otimes \mathbf{F}_1)^{-1} \quad (4.2)$$

où \otimes désigne le produit de Kronecker. La relation du domaine inconnu des coefficients RMN-2D fréquentiel, au domaine 2D des mesures temporelles peut alors être exprimée par:

$$\mathbf{x}_s = \mathbf{F}\mathbf{X}_s \quad (4.3)$$

La fig. 4.2 donne un synoptique de cette relation. L'équation (4.3) est de la forme:

$$\mathbf{y} = \mathbf{F}\mathbf{x} \quad (4.4)$$

où le vecteur $\mathbf{y} \in \mathbb{C}^n$ représente les mesures acquises \mathbf{x}_s , et $\mathbf{x} \in \mathbb{C}^n$ le domaine des coefficients fréquentiel 2D inconnus \mathbf{X}_s .

3. Acquisition des données ISRM-2D, notation matricielle

L'ISRM combine l'imagerie et la spectroscopie pour produire des spectres localisés dans l'espace (SLE). La résolution spatiale en spectroscopie est cependant beaucoup plus faible que celle d'une image IRM, car elle est limitée par le *RSB* nécessaire pour l'acquisition. L'acquisition des données ISRM-2D standard et leur traitement sont effectués de la manière suivante. Les données sont acquises sur une grille 2D (k_x, k_y) , i.e. l'espace des K (domaine discret 2D de Fourier), et le long d'un troisième axe temporel discret $t, t \in \mathbb{N}$, aussi appelé direction spectrale. La procédure est répétée pour chaque position (k_x, k_y) dans l'espace des K.

Supposons par exemple un espace des K de dimensions $N_k \times N_k$, et τ échantillons acquis à chaque position (k_x, k_y) selon l'axe des temps t , l'ensemble des données acquises est de $N_k^2 \times \tau$ échantillons (Fig. 4.3). Le calcul de l'ISRM passe ensuite dans un domaine intermédiaire, le domaine spatial des images, calculées individuellement pour chaque espace

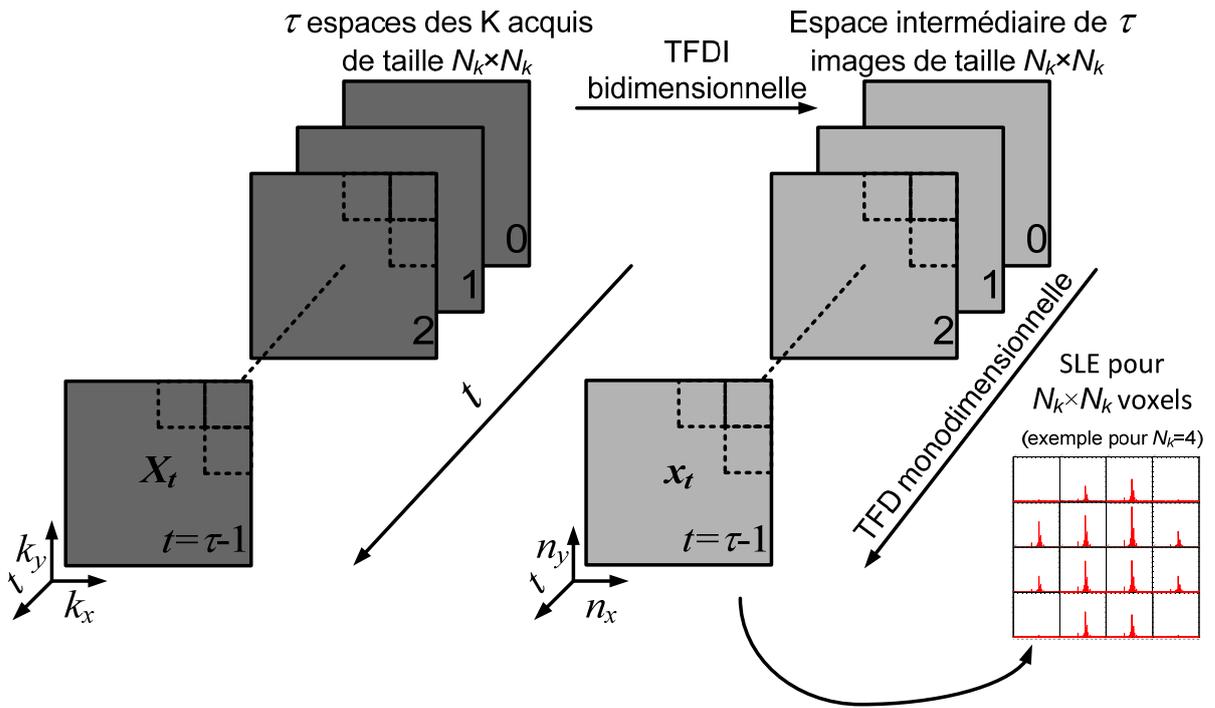


Fig. 4.3 : Synoptique du traitement classique en ISRM-2D, de l'acquisition des données jusqu'aux SLE.

Les données sont acquises sur une grille 2D (k_x, k_y) de l'espace des K, et le long d'un troisième axe temporel discret $t, t \in \mathbb{N}$. Le traitement passe ensuite dans un domaine intermédiaire, le domaine spatial des images, calculées individuellement pour chaque espace des k acquis selon l'axe des temps t . Les SLE, sont obtenus en effectuant une TFD unitaire 1D à chaque position (n_x, n_y) dans le plan de l'image, le long de l'axe des temps t .

des k acquis pour une valeur du temps. Soient $X(k_x, k_y, t) \in \mathbb{C}$ l'ensemble des échantillons correspondant à un seul espace des K acquis selon t , avec $-\frac{N_k}{2} \leq k_x, k_y \leq \frac{N_k}{2} - 1$ et

$0 \leq t \leq \tau - 1$, alors l'image correspondante, à l'instant t , $x(n_x, n_y, t)$, est calculée en prenant la TFD unitaire inverse 2D

$$x(n_x, n_y, t) = \frac{1}{N_k} \sum_{k_y = -\frac{N_k}{2}}^{\frac{N_k}{2}-1} \sum_{k_x = -\frac{N_k}{2}}^{\frac{N_k}{2}-1} X(k_x, k_y, t) \cdot \exp\left(\frac{2\pi j(n_x k_x + n_y k_y)}{N_k}\right) \quad (4.5)$$

avec $n_x, n_y \in \mathbb{N}$, $-\frac{N_k}{2} \leq n_x, n_y \leq \frac{N_k}{2} - 1$, et $j = \sqrt{-1}$. Les SLE, sont ensuite obtenus en effectuant une TFD unitaire 1D pour chaque position - pixel - (n_x, n_y) dans le plan de l'image, le long de l'axe des temps t

$$X_{SLE}(n_x, n_y, f) = \frac{1}{\sqrt{\tau}} \sum_{t=0}^{\tau-1} x(n_x, n_y, t) \cdot \exp\left(\frac{-2\pi j f t}{\tau}\right) \quad (4.6)$$

avec $f \in \mathbb{N}$ et $0 \leq f \leq \tau - 1$. Ici, τ représente à la fois le nombre d'échantillons acquis selon l'axe des temps t et le nombre de coefficients de déplacement chimique dans chaque SLE. Ces coefficients de déplacement chimique se situent à des intervalles équidistants de largeur f/τ .

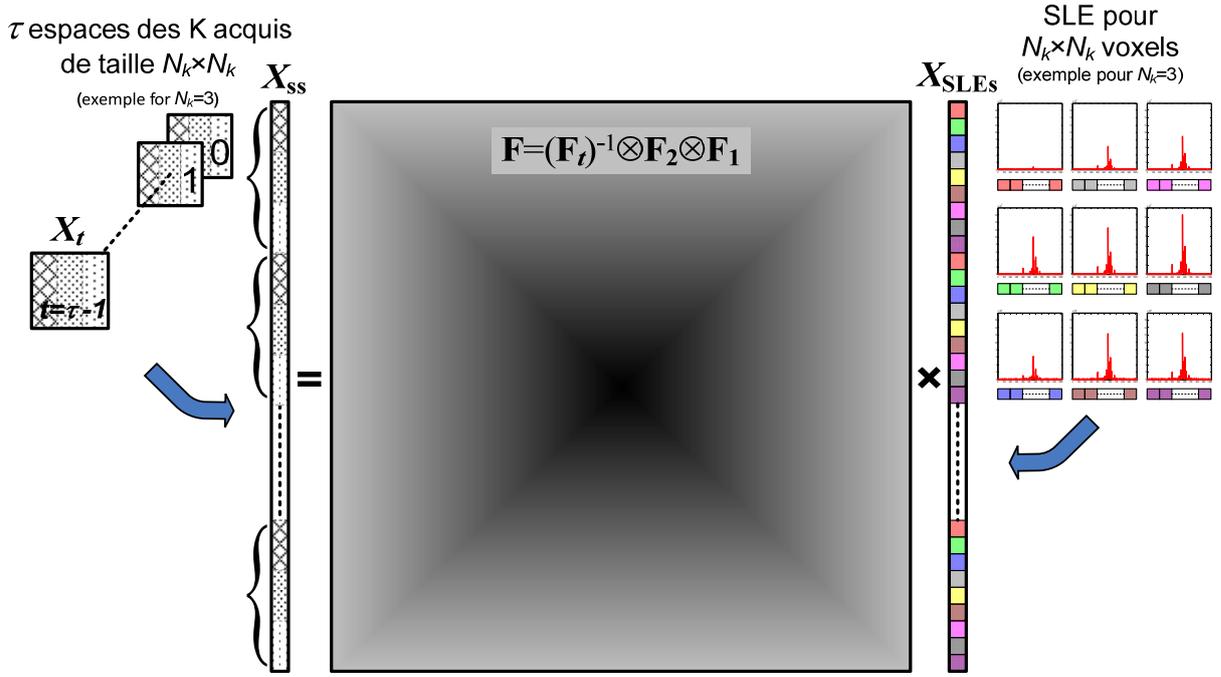


Fig. 4.4 : Notation matrice-vecteur en ISRM-2D.

Soient $\mathbf{X}_{SS}, \mathbf{X}_{SLEs} \in \mathbb{C}^n$, avec $n = N_k^2 \times \tau$, les représentations vectorielles des échantillons de tous les espaces des k acquis, et des coefficients inconnus du domaine fréquentiel des SLE, respectivement. L'équation reliant les coefficients ISRM-2D aux mesures acquises des espaces des K peut alors s'écrire sous la forme $\mathbf{y} = \mathbf{F}\mathbf{x}$ avec $\mathbf{F} = \mathbf{F}_t^{-1} \otimes \mathbf{F}_2 \otimes \mathbf{F}_1$, $\mathbf{y} \equiv \mathbf{X}_{SS}$, $\mathbf{x} \equiv \mathbf{X}_{SLEs}$.

Une fenêtre d'apodisation optionnelle $w(t)$ peut également être utilisée. La fig. 4.3 donne un schéma synoptique du traitement classique en ISRM-2D de l'acquisition aux SLE.

De même ici, on utilise une notation matrice-vecteur reliant, les coefficients inconnus SLE, aux échantillons de l'espace des K . Soient $\mathbf{X}_s(t) \in \mathbb{C}^{N_k^2}$, avec $0 \leq t \leq \tau - 1$, la représentation vectorielle (en empilant les colonnes) des échantillons de l'espace des K -2D à l'instant t , et $\mathbf{X}_{SS} \in \mathbb{C}^n$, avec $n = N_k^2 \times \tau$, le vecteur formé par l'empilement de tous les vecteurs $\mathbf{X}_s(t)$. Soit $\mathbf{X}_{SLEs} \in \mathbb{C}^n$ le vecteur formé par l'empilement de tous les coefficients inconnus des SLE correspondants, et soient $\mathbf{F}_1, \mathbf{F}_2$ et \mathbf{F}_t , les représentations des matrices unitaires TFD-1D, de la tailles appropriée, selon des dimensions k_x, k_y et t respectivement. La relation du domaine inconnu des coefficients \mathbf{X}_{SLEs} , aux mesures du domaine fréquentiel \mathbf{X}_{SS} contenant tous les espaces des K , peut alors être exprimée par

$$\mathbf{X}_{SS} = \mathbf{F}\mathbf{X}_{SLEs} \quad (4.7)$$

avec

$$\mathbf{F} = \mathbf{F}_t^{-1} \otimes \mathbf{F}_2 \otimes \mathbf{F}_1 \quad (4.8)$$

et $\mathbf{F} \in \mathbb{C}^{n \times n}$. La fig. 4.4 donne un synoptique de cette relation, avec un exemple pour $N_k = 3$. L'équation (4.7) est de la même forme que l'équation (4.4), i.e. $\mathbf{y} = \mathbf{F}\mathbf{x}$, où ici le vecteur $\mathbf{y} \in \mathbb{C}^n$ (avec avec $n = N_k^2 \times \tau$), représente les mesures acquises dans tous les espaces des K , et $\mathbf{x} \in \mathbb{C}^n$ tous les coefficients inconnus du domaine fréquentiel des SLE.

4. Information a priori et système sous-échantillonné

Notre objectif est de sous échantillonner le domaine d'acquisition afin d'effectuer des acquisitions plus rapides, en ISRM et RMN multidimensionnelles, avec des reconstructions acceptables en terme de *RSB*. Cependant le sous-échantillonnage aboutirait à une sous-détermination selon le modèle d'acquisition présenté précédemment ($\mathbf{y} = \mathbf{F}\mathbf{x}$), et par la suite, à l'impossibilité d'identifier le signal original en utilisant des méthodes de reconstruction linéaires. L'approche du CS, discutée dans les chapitres 1 et 2, offre éventuellement une possibilité de résolution, en supposant que le signal \mathbf{x} est parcimonieux ou compressible dans un domaine approprié (voir [56, 98]). Cependant les dimensions des signaux en ISRM et en RMN multidimensionnelle, ainsi que le faible *RSB* à l'acquisition (en comparaison avec d'autres domaines d'acquisitions) limitent largement son applicabilité.

Dans l'approche CS, le signal \mathbf{x} n'a pas à être intrinsèquement parcimonieux, mais pourrait l'être dans n'importe quel autre domaine de transformation connue, et qui incohérent avec le domaine d'acquisition.

Notre proposition cependant, s'appuie sur la parcimonie intrinsèque de \mathbf{x} . Plus précisément, dans le cas de la RMN-2D et ISRM-2D, si les acquisitions monodimensionnelles réalisées (comme cela sera décrit dans les deux sections suivantes) sont intrinsèquement parcimonieuses, nous serons en mesure d'identifier efficacement un ensemble $T \in \{1,2,\dots,n\}$ d'indices de coefficients pouvant être non nuls dans le domaine fréquentiel du signal \mathbf{x} . Cet ensemble T définit alors ce que l'on va appeler le « support identifié (SI) », avec $\text{Card}(T_0) \leq \text{Card}(T)$, où T_0 correspond à l'ensemble exact, et inconnu, des indices des coefficients non nuls de \mathbf{x} . Eventuellement on doit avoir $T_0 \subseteq T$.

Plus les données monodimensionnelles sont parcimonieuses, plus nous serons en mesure de réduire $\text{Card}(T)$, de façon à avoir $\text{Card}(T) \ll n$. Nous pouvons alors résoudre la situation de sous-détermination sans le recours au CS. L'estimation de l'ensemble T , devra cependant être rapide, simple et efficace, sinon l'approche proposée sera inutile.

4.1. Information a priori en RMN-2D et système sous-échantillonné

Supposons par exemple que l'échantillon étudié contient un mélange de deux substances différentes, chacune avec un système de spin AX différents, mais avec un couplage J identique. Alors le spectre RMN-1D correspondant possède l'allure de la fig. 4.5 (a). Visiblement, ce spectre possède un certain nombre d'interprétations différentes. Les pics peuvent appartenir à différents systèmes de *spin*. Trois modèles possibles des spectres de corrélation COSY [73, 96] (correlation spectroscopy) sont données dans les fig. 5 (b), (c) et (d). Prenons l'union de tous les modèles possibles, nous obtenons la fig. 4.5 (e). Il est vrai que nous n'avons pas identifié le support T_0 exactement, toutefois, si le spectre RMN-1D est suffisamment parcimonieux, le SI dans T aura une cardinalité S réduite par rapport à n , et sera généralement parcimonieux. Dans l'exemple présenté à la fig. 4.5, nous avons $S = 2 \times \text{Card}(T_0) \ll n$.

Dans l'ensemble T , certains indices peuvent correspondre à des coefficients qui peuvent être nuls, mais tous les indices appartenant au complément de T dans $\{1,2,\dots,n\}$ correspondent certainement à des coefficients nuls. L'ensemble T ne nous informe pas seulement sur le nombre de coefficients non nuls de \mathbf{x} , mais aussi nous donne leurs emplacements. Ainsi, une seule expérience RMN-1D, e.g. une procédure simple et rapide qui coûte le prix d'un seul balayage en RMN multidimensionnelle, et qui est habituellement toujours acquise en RMN-2D, peut révéler beaucoup d'informations sur l'inconnue \mathbf{x} . Nous avons maintenant quelques informations importantes à propos du support de \mathbf{x} . Ces informations nous aiderons à enlever la sous-détermination apportée par des acquisitions sous-échantillonnées.

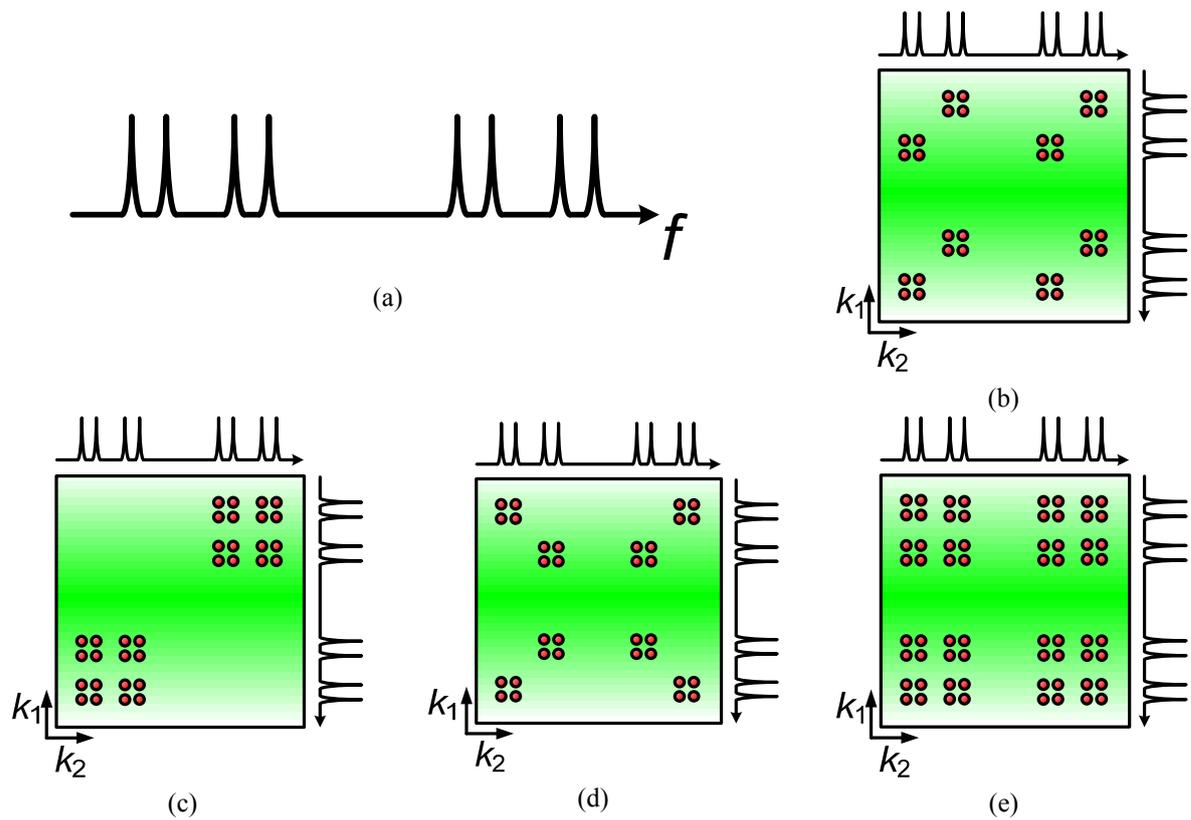


Fig. 4.5: Information a priori concernant l'ensemble T des indices de coefficients pouvant être non nuls dans une acquisition COSY en NMR-2D.

- (a) Spectre NMR-1D d'un mélange de deux composés différents, chacun avec un système de spin AX différent, mais avec un couplage J identique.
- (b) (c) et (d), trois modèles différents possibles des spectres de corrélation COSY en RMN-2D correspondant à l'acquisition NMR-1D de (a).
- (e) Union de toutes les possibilités de modèles COSY en NMR-2D. Les endroits des coefficients du domaine fréquentiel pouvant être non nuls sont identifiés. Les autres coefficients doivent être nuls.

En effet, les informations présentes dans T , intégrées au modèle matriciel de l'acquisition dans l'équation (4.4), signifient que les mesures acquises dans \mathbf{y} sont en fait une combinaison linéaire d'un sous-ensemble des colonnes de la matrice \mathbf{F} . Les autres colonnes de \mathbf{F} ne contribuent pas aux mesures acquises. Soit \mathbf{x}_T la restriction de \mathbf{x} aux coefficients identifiés dans l'ensemble T , nous pouvons maintenant réécrire le système (4.4) sous la forme

$$\mathbf{y} = \mathbf{F}_T \mathbf{x}_T \quad (4.9)$$

où \mathbf{F}_T est une matrice de rang plein (car \mathbf{F} est orthogonal), formée en choisissant les S colonnes de \mathbf{F} ayant les mêmes indices que les coefficients identifiés dans T . L'équation (4.9) est un système d'équations linéaires largement surdéterminé, $n \gg S$. Sous-échantillonner le domaine temporel (e.g. selon la dimension indirecte t_1), tout en conservant un système surdéterminé, est équivalent à choisir un ensemble limité \mathbf{y}_m de m mesures avec $S < m < n$. L'acquisition sous-échantillonnée peut alors s'exprimer de la manière suivante

$$\mathbf{y}_m = \mathbf{A} \mathbf{x}_T \quad (4.10)$$

où \mathbf{A} est la matrice de dimensions $m \times S$, formée par la sélection à partir de \mathbf{F}_T , des lignes qui correspondent aux m échantillons y_i de \mathbf{y} acquis, $i \in \{1, 2, \dots, m\}$. Soit \mathbf{A}^\dagger le pseudo-inverse de \mathbf{A}

$$\mathbf{A}^\dagger = (\mathbf{A}^* \mathbf{A})^{-1} \mathbf{A}^* \quad (4.11)$$

L'estimation par moindres carrés des coefficients non nuls du domaine fréquentiel 2D sera

$$\mathbf{x}_{ls} = \mathbf{A}^\dagger \mathbf{y}_m \quad (4.12)$$

Incorporer (4.10) dans (4.12), donne la solution exacte \mathbf{x}_T et ceci dans le cas de mesures sans bruit (le vecteur mesuré \mathbf{y}_m appartient à l'espace engendré par les colonnes de \mathbf{A}). Dans le cas réel, avec des mesures bruitées, on obtient

$$\mathbf{x}_{ls} = \mathbf{x}_T + \mathbf{A}^\dagger \mathbf{w} \quad (4.13)$$

où \mathbf{w} représente le bruit présent dans \mathbf{y}_m . Les amplitudes des coefficients de l'estimation \mathbf{x}_{ls}

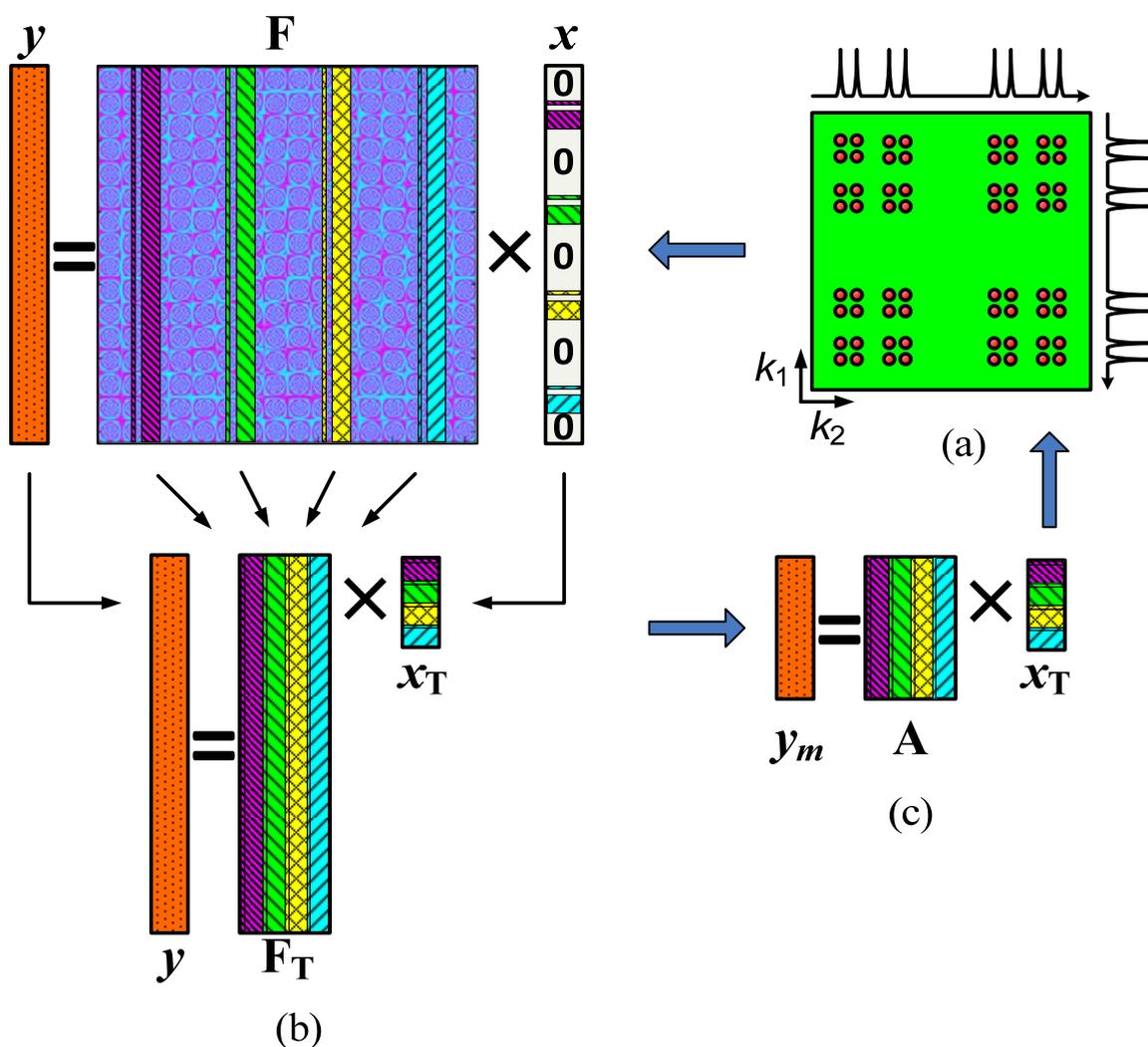


Fig. 4.6 : Sous échantillonnage du domaine temporel tout en conservant un système surdéterminé en utilisant les informations a priori de l'ensemble T.

- (a) Le support identifié T des positions des coefficients dans le plan fréquentiel NMR-2D pouvant être non nuls, obtenu à partir d'une acquisition NMR-1D.
- (b) Notation matricielle équivalente de l'acquisition NMR-2D avec l'information a priori de l'ensemble T ajoutée au vecteur \mathbf{x} , représentant le domaine fréquentiel. Le vecteur de mesures \mathbf{y} est ainsi une combinaison linéaire d'un sous ensemble des colonnes de \mathbf{F} , i.e. on a $\mathbf{y} = \mathbf{F}_T \mathbf{x}_T$
- (c) Sous-échantillonnage du domaine temporel: $\mathbf{y}_m = \mathbf{A} \mathbf{x}_T$. La solution par moindres carrés va donner l'estimation finale des amplitudes des coefficients fréquentiels, dont les indices appartiennent à l'ensemble T, les autres coefficients étant nuls.

correspondent aux amplitudes des coefficients du domaine fréquentiel-2D identifiés dans l'ensemble T. La fig. 4.6 illustre l'approche proposée. Elle peut être facilement étendue à la RMN multidimensionnelle.

Nous soulignons ici que, plus on peut limiter le nombre d'indices de l'ensemble T au début de l'acquisition, en utilisant des contraintes supplémentaires, plus on peut améliorer le *RSB* du signal reconstruit, ou accélérer l'acquisition en sous-échantillonnant davantage. Ces contraintes peuvent être ajoutées en fonction de l'expérience RMN réalisée, ou de l'échantillon étudié.

4.2. Information a priori en ISRM-2D et système sous-échantillonné

De la même manière, nous pouvons identifier et restreindre l'ensemble T des coefficients non nuls possibles dans une acquisition ISRM-2D en utilisant une procédure rapide, simple et efficace. Considérons par exemple l'image du domaine spatial de dimensions 16×16 de la fig. 4.7 (a). Elle correspond à la simulation de trois tubes contenant chacun un mélange de métabolites différents. L'acquisition multi-voxels ISRM-2D correspondante est présentée dans la figure. 4.7 (b). Effectuons une acquisition spectroscopique mono-voxel sur la totalité du volume dans la fig. 4.7 (a), qui coûte le prix d'une seule acquisition dans le plan. Nous obtenons la somme des contributions de tous les métabolites présents dans les trois tubes sans aucune localisation spatiale. Ceci est présenté dans la fig. 4.7 (c). Un simple seuillage sera alors suffisant pour obtenir l'ensemble T. Nous avons maintenant, à un faible coût, quelques informations importantes à propos du support de \mathbf{x} . De plus, si le spectre du signal de l'acquisition mono-voxel, est intrinsèquement parcimonieux, nous allons être capable de réduire efficacement l'ensemble T. Le sous échantillonnage et la reconstruction seront menés de manières semblables à celles présentées pour la RMN-2D. L'approche peut être facilement étendue à l'ISRM-3D.

Comme nous l'avons mentionné précédemment, nous souhaitons réduire le nombre des indices du SI dans T, autant que possible au début de l'acquisition. Si nous regardons le contenu de l'image du domaine spatial dans la fig. 4.7(a), nous pouvons observer qu'elle est aussi à support limitée. La région du support spatial peut ainsi être déterminée facilement et rapidement à partir d'une IRM conventionnelle, qui est habituellement effectuée dans une acquisition typique en ISRM-2D. Cette approche a déjà été examinée dans [99] où l'information a priori correspond à

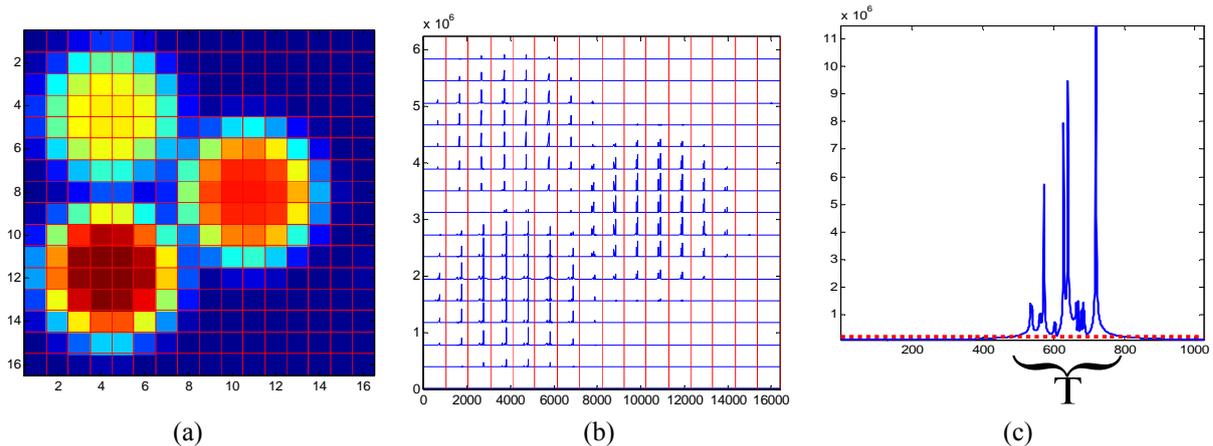


Fig. 4.7 : Information a priori concernant l'ensemble T des indices des coefficients pouvant être non nuls dans une acquisition ISRM-2D.

- (a) Image de trois tubes répartis dans l'espace, chacun contenant un mélange de métabolites différents.
- (b) ISRM-2D correspondante.
- (c) Résultat d'une acquisition mono-voxel réalisée sur tout le volume dans (a). On obtient la somme des contributions de tous les métabolites présents dans les trois tubes sans aucune localisation spatiale. L'ensemble T des indices des coefficients pouvant être non nuls est identifié par simple seuillage. Les autres coefficients fréquentiels doivent être nuls.

la région du support dans le domaine spatial. Notre approche est en un sens plus générale et s'appuie sur le contenu spectroscopique final de l'échantillon étudié plutôt que sur sa forme. Toutefois, l'information spatiale pourrait également être combinée, avec notre approche afin de restreindre davantage l'ensemble des indices dans T.

5. Sélection des observations

Nous avons modélisé les mesures acquises dans le domaine temporel en RMN-2D, et les échantillons de tous les espaces des K en ISRM-2D, par un vecteur \mathbf{y} résultant d'une transformation linéaire d'un vecteur \mathbf{x} correspondant aux coefficients du domaine fréquentiel 2D ou du domaine des SLE. En présence d'un bruit additif \mathbf{w} nous pouvons écrire:

$$\mathbf{y} = \mathbf{F}_T \mathbf{x} + \mathbf{w} \quad (4.14)$$

avec $\mathbf{F}_T \in \mathbb{C}^{n \times S}$, et $n \gg S$.

\mathbf{F}_T représente une matrice de Fourier multidimensionnelle (formée à l'aide de produits de Kronecker de matrices TFD, directes et inverses, unidimensionnelles), avec des colonnes supprimées correspondant aux coefficients appartenant au complément de T dans $\{1, \dots, n\}$. Le sous échantillonnage est équivalent à choisir dans \mathbf{y} un ensemble limité de m mesures \mathbf{y}_m avec $S < m < n$. L'acquisition sous-échantillonnée peut alors être exprimée par :

$$\mathbf{y}_m = \mathbf{A} \mathbf{x} + \mathbf{w} \quad (4.15)$$

avec $\mathbf{A} \in \mathbb{C}^{m \times S}$.

Eventuellement, nous souhaiterions choisir à partir \mathbf{F}_T les lignes qui correspondent aux meilleures observations à acquérir afin de former \mathbf{A} , ceci est connu sous le nom de « sélection d'observations » [99 à 103].

D'autres restrictions techniques surviennent dans l'échantillonnage en RMN multidimensionnelle et acquisitions ISRM, elles limitent de la liberté dans le choix des lignes de \mathbf{F}_T .

Par exemple, en RMN multidimensionnelle, l'objectif est de limiter le nombre de balayages selon la dimension indirecte t_1 (l'acquisition des coefficients selon la dimension directe t_2 , est plus rapide). En outre, le sous échantillonnage selon t_2 , en utilisant la technique d'acquisition traditionnelle (fig. 4.1), ne contribue pas à l'accélération du processus d'acquisition global.

La même chose peut être dite à propos de l'acquisition de l'espace des K en ISRM-2D, où une ligne entière est acquise selon la dimension de l'axe temporel t à chaque emplacement (k_x, k_y) dans l'espace des K. On note cependant, que des techniques d'échantillonnage plus avancées en ISRM, impliquant un sous échantillonnage selon la direction t ont été développées dans le cadre de l'application du CS, et ceci aux prix de séquences d'acquisition spéciales et des exigences matérielles avancées (voir [56] et le brevet américain [98]). Elles sont donc techniquement irréalisables sur les équipements standards d'IRM actuellement (Sept. 2011).

Ainsi, le problème de « sélection des observations » doit être considéré d'une manière plus détaillée, en utilisant 1) les directives de [99 à 103], 2) en tenant compte des contraintes techniques propres à chaque modalité d'acquisition 3) en tenant compte de l'efficacité des algorithmes de calcul de sélection qui seront proposés pour bien gérer les grandes dimensions des systèmes d'équations linéaires rencontrés. Les expériences réalisées dans ce chapitre montrent cependant la faisabilité de l'approche proposée.

Les lignes acquises, dans le domaine temporel bidimensionnel, en RMN-2D ont été choisies aléatoirement. Dans le cas de l'ISRM-2D, nous avons choisi de commencer l'échantillonnage à partir du centre de l'espace des k vers l'extérieur, en raison de la forte concentration d'énergie au centre de l'espace K dans les acquisitions ISRM-2D typiques. On notera dans la littérature l'échantillonnage centré à densité variable [104, 105] concernant la stratégie d'échantillonnage k -espace dans le contexte de la CS. Dans nos expériences, des facteurs d'accélération $R = n/m$, allant de $R = 2$ à 3.3 ont été obtenus avec de bonnes reconstruction en terme de RSB dans les deux modalités d'acquisition discutées (voir aussi [56]).

6. Matériel et méthode pour les expérimentations

Pour la RMN-2D, nous avons testé la méthode proposée sur des données synthétiques et expérimentales. Pour les données synthétiques, nous avons généré une simulation du spectre COSY du lactate de dimensions 1024×1024 à l'aide de la librairie GAMMA [106]. Pour les données expérimentales, nous avons simplement téléchargé deux acquisitions RMN-2D, possédant des spectres RMN-1D parcimonieux, de la base de données « Biological Magnetic Resonance Data Bank » (BMRB) disponible à l'adresse <http://www.bmrb.wisc.edu/>.

Pour l'ISRM, nous avons testé la méthode proposée sur des données synthétiques et expérimentales *in vitro* et *in vivo*. Pour les données synthétiques, nous avons généré de la même manière qu'en [107] une simulation Matlab, d'un espace des k de dimensions $16 \times 16 \times 1024$ en affectant à trois ellipsoïdes réparties dans l'espace, un signal métabolite différent simulé avec la librairie GAMMA. Pour l'expérience *in vitro*, nous avons réalisé une séquence de *spin-echo* d'ISRM-2D standard (utilisant la technique d'apodisation de l'espace des K) sur une solution contenant 11 métabolites différents, en utilisant un imageur 4,7 T *Bruker Avance (Bruker BioSpin Corp)*, avec les paramètres suivants: $TR/TE = 1500/144 \text{ ms}$, $20 \times 20 \times 2 \text{ mm}^3$ FOV, matrice CSI de dimensions 16×16 , 1024 échantillons selon la dimension spectrale t , une bande passante de 6 kHz. Le temps d'acquisition résultant est de 40 min. Pour l'acquisition *in vivo* nous avons réalisé une séquence *spin-echo* similaire sur une souris « Swiss » dans un scanner 7T (*Bruker Biospin*) et avec les paramètres suivants: $TR/TE = 2500/6.5 \text{ ms}$, $20 \times 20 \times 2 \text{ mm}^3$ FOV, matrice CSI de dimensions 16×16 , 1024 échantillons selon la dimension spectrale t , une bande passante de 4 kHz. Le temps d'acquisition résultant est de 40 min. Ces paramètres correspondent pour une acquisition complète de l'espace des K .

7. Résultats

Les performances, sont mesurées par le rapport signal sur bruit de reconstruction, RSB_{rec}

$$RSB_{rec} = 20 \log_{10} \frac{\|\mathbf{x}\|_{\ell_2}}{\|\mathbf{x} - \hat{\mathbf{x}}\|_{\ell_2}} \quad (4.16)$$

\mathbf{x} représente les spectres du domaine fréquentiel en RMN-2D, ou les coefficients des SLE, obtenus respectivement, à partir du domaine temporel, ou de l'espace des K , complètement échantillonnés. La reconstruction, à partir de l'échantillonnage complet, est utilisée pour la référence. Le vecteur $\hat{\mathbf{x}}$ représente la reconstruction correspondante, en utilisant l'approche proposée, à partir des données sous-échantillonnées.

7.1. Reconstructions à l'aide de données sous-échantillonnées en RMN-2D

Les fig. 4.8, 4.9 et 4.10 présentent des reconstructions à l'aide de données sous-échantillonnées en RMN-2D à partir de données simulées et expérimentales. Les valeurs de RSB_{rec} indiquées ci-dessous ont été calculées sur le SI dans l'ensemble T.

La fig. 4.8(a) présente la reconstruction RMN-2D d'une simulation de dimensions 1024×1024 du spectre de corrélation HH-COSY du Lactate. Le SI dans le plan fréquentiel 2D est délimité par 4 carrés rouges. Il a été déduit de l'acquisition RMN-1D du Lactate. Les lignes acquises dans le domaine temporel 2D sont données dans la figure 4.8 (b). Nous avons retenu

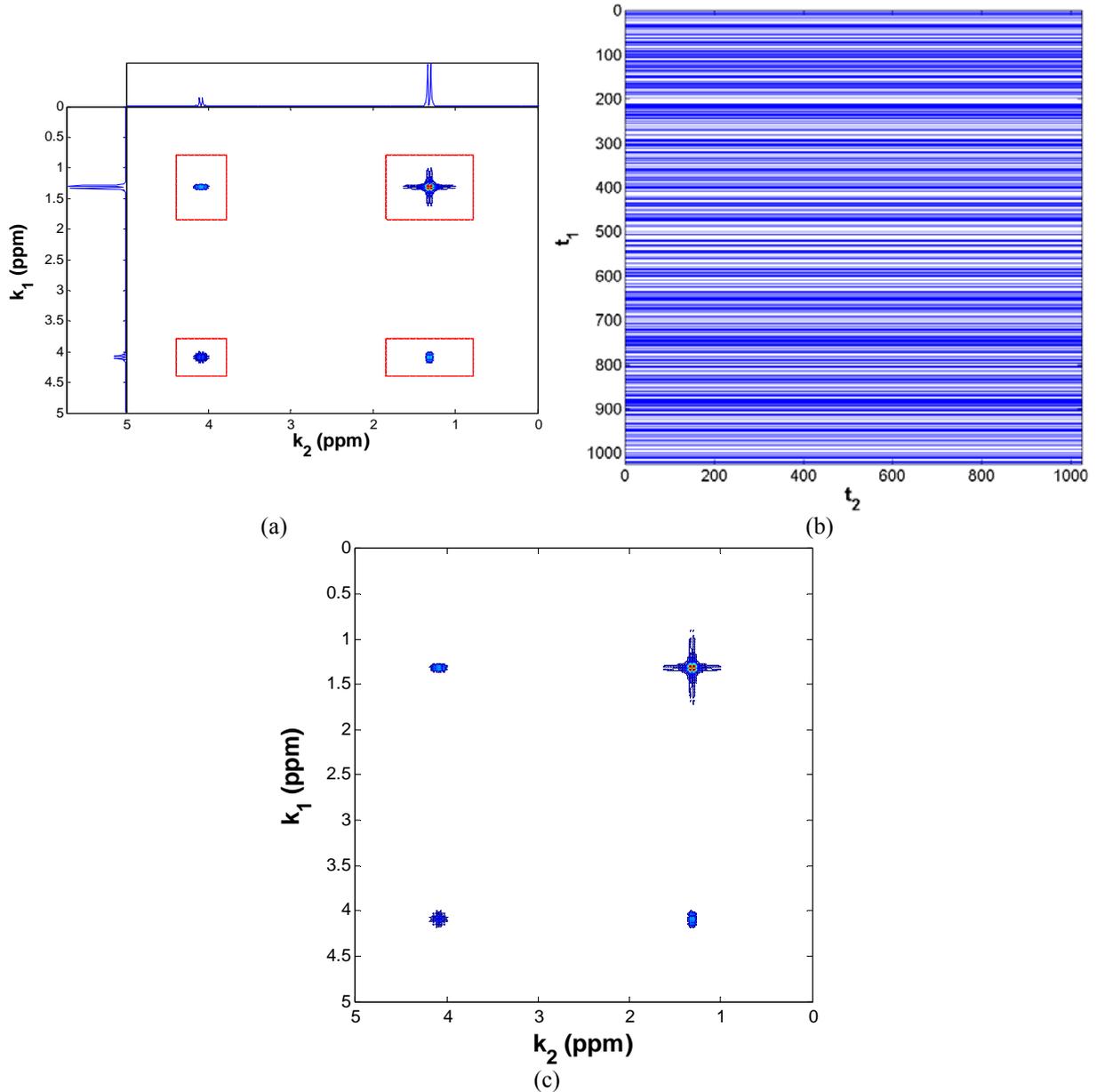


Fig. 4.8: Données simulées de dimensions 1024×1024 . HH-COSY du Lactate.

- (a) Reconstruction NMR-2D à partir d'un échantillonnage complet sans bruit. La région délimitée en rouge définit le support identifié (SI). Elle correspond aux coefficients du plan fréquentiel-2D pouvant être non nuls, i.e. appartenant à l'ensemble T. L'ensemble T est déduit de l'acquisition NMR-1D.
- (b) Masque d'échantillonnage dans le domaine temporel-2D avec un facteur d'accélération $R \approx 3$. Les lignes bleues correspondent aux lignes acquises, 342 des 1024 lignes dans cette expérience.
- (c) Reconstruction NMR-2D à partir du domaine temporel sous-échantillonné. $RSB_{rec}(\text{SI}) = 25.79$ dB.

Temps de reconstruction: 16.55 sec., avec Matlab R2009a sur un PC portable équipé d'un AMD Turion, X2 Dual Core, 2.1GHz et 4GO de RAM.

aléatoirement 342 des 1024 balayages dans cette expérience, ceci correspond à un facteur d'accélération $R \approx 3$. La reconstruction, à partir de données sous-échantillonnées, est donnée dans la fig. 4.8(c). Un $RSB_{rec} = 25,79$ dB a été obtenu.

La fig. 4.9(a) montre la reconstruction RMN-2D correspondant à un échantillonnage complet, à partir des données expérimentales de dimensions 256×1024 , du spectre de corrélation HH_TOCY du D-alanine. Nous avons obtenus ces données à partir de BMRB, disponible en ligne à l'adresse <http://www.bmrb.wisc.edu/>. Le SI dans le plan fréquentiel 2D est délimité en

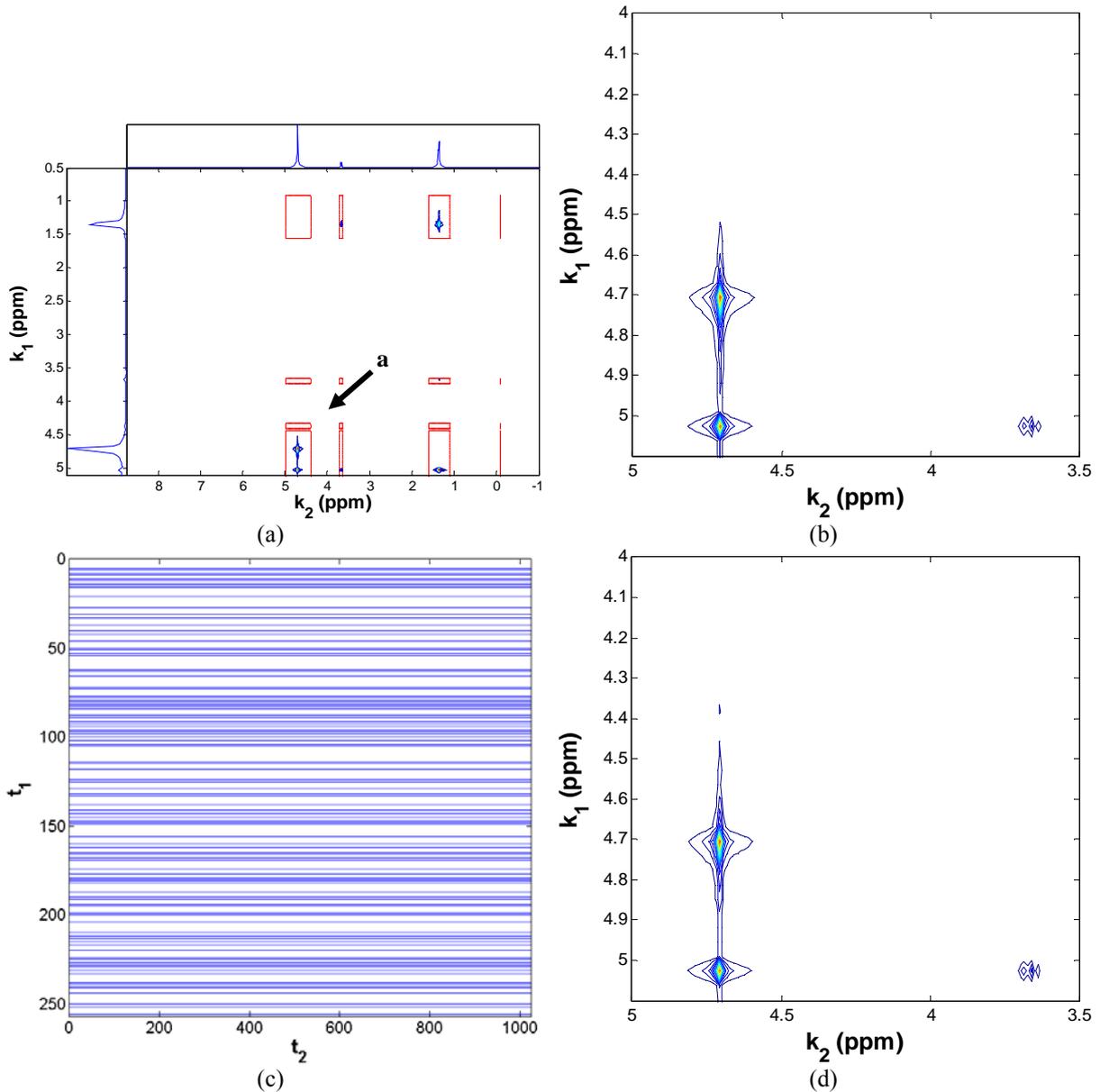


Fig. 4.9: Données expérimentales de dimensions 256×1024 . HH-TOCSY du d-Alanine. (<http://www.bmrb.wisc.edu/>).

- (a) Reconstruction NMR-2D à partir d'un échantillonnage complet. La région délimitée en rouge définit le SI.
- (b) Région pointée par « a » dans la fig. 4.9(a) reconstruite à partir d'un échantillonnage complet du domaine temporel.
- (c) Masque d'échantillonnage dans le domaine temporel-2D avec un facteur d'accélération $R \approx 2.5$. Les lignes bleues correspondent aux lignes acquises, 103 des 256 lignes dans cette expérience.
- (d) Reconstruction, de la région présentée dans la fig. 4.9(b), à partir de données temporelles sous-échantillonnées. $RSB_{rec}(SI) = 19.75$ dB.

Temps de reconstruction: 3.6 sec., avec Matlab R2009a sur un PC portable équipé d'un AMD Turion, X2 Dual Core, 2.1GHz et 4GO de RAM.

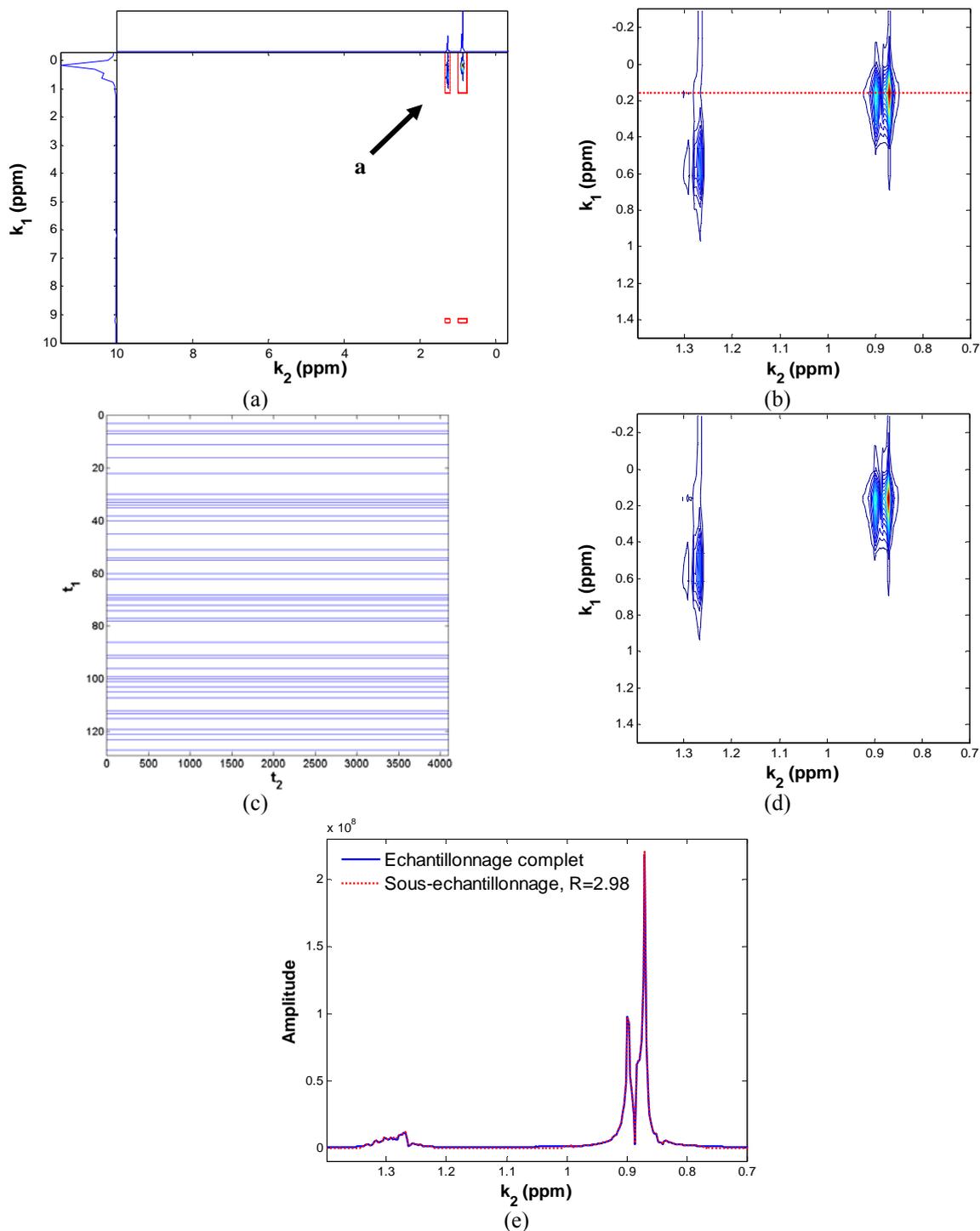


Fig. 4.10: Données expérimentales de dimensions 128×4096 . HH-COSY de l'Octane. (<http://www.bmrbl.wisc.edu/>).

- (a) Reconstruction NMR-2D à partir d'un échantillonnage complet. La région délimitée en rouge définit le SI.
- (b) Région pointée par « a » dans la fig. 4.10(a) reconstruite à partir d'un échantillonnage complet du domaine temporel.
- (c) Masque d'échantillonnage dans le domaine temporel-2D avec un facteur d'accélération $R \approx 3$. Les lignes bleues correspondent aux lignes acquises, 43 des 128 lignes dans cette expérience.
- (d) Reconstruction, de la région présentée dans la fig. 4.10(b), à partir de données temporelles sous-échantillonnées. $RSB_{rec}(SI) = 26.77$ dB.
- (e) Reconstructions à partir des données temporelles complètement échantillonnées (bleue) et sous-échantillonnées (rouge, $R \approx 3$), entre 0,7 et 1,4 ppm, correspondant à la ligne horizontale en pointillé sur la fig.10 (b).

Temps de reconstruction: 6.21 sec., avec Matlab R2009a sur un PC portable équipé d'un AMD Turion, X2 Dual Core, 2.1GHz et 4GO de RAM.

rouge. La fig. 4.9(b) est un agrandissement de la région pointée par « a » dans la Fig. 4.9 (a). Les lignes acquises dans le domaine temporel 2D sont données dans la figure 4.9 (c). Nous avons aléatoirement retenu 103 des 256 balayages, ceci correspond à un facteur d'accélération $R \approx 2.5$. La fig. 4.9(d) donne la reconstruction, de la région présentée dans la fig. 4.9(b), à partir de données sous-échantillonnées. Un $RSB_{rec}(IS) = 19.75$ dB a été obtenu.

La fig. 4.10(a) montre la reconstruction RMN-2D correspondant à un échantillonnage complet, à partir des données expérimentales de dimensions 128×4096 , du spectre de corrélation HH_COSY de l'Octane. Nous avons obtenus ces données à partir de BMRB. Le SI dans le plan fréquentiel 2D est délimité en rouge. La fig. 4.10(b) est un agrandissement de la région pointée par « a » dans la fig. 4.10 (a). Les lignes acquises dans le domaine temporel 2D sont données dans la figure 4.10 (c). Nous avons aléatoirement retenu 43 des 128 balayages, ceci correspond à un facteur d'accélération $R \approx 3$. La fig. 4.10(d) donne la reconstruction, de la région présentée dans la fig. 4.9(b), à partir des données sous-échantillonnées. Un $RSB_{rec}(SI) = 26.77$ dB a été obtenu. La fig. 4.10 (d) montre les reconstructions de la ligne horizontale pointillée sur la fig. 4.10(b), à partir des données temporelles complètement échantillonnées (bleue) et sous-échantillonnées (rouge, $R \approx 3$), entre 0.7 et 1.4 ppm. Pratiquement, nous avons des reconstructions équivalentes.

7.2. Reconstructions à l'aide de données sous-échantillonnées en ISRM-2D

Les fig. 4.11, 4.12 et 4.13 présentent des reconstructions à l'aide de données sous-échantillonnées en ISRM-2D à partir de données simulées, expérimentales in vitro et in vivo.

La fig. 4.11 (a) présente l'image (domaine spatial) d'une simulation MRSI-2D de dimensions $16 \times 16 \times 1024$ de trois tubes, chacun contenant un mélange différent de métabolites. La reconstruction des SLE à partir d'un espace des K complet, est donnée dans la fig. 4.11 (b). La fig. 4.11 (c) présente la reconstruction avec facteur d'accélération $R = 3.32$ en utilisant l'approche proposée. La fig. 4.11 (d) montre les 77 positions (k_x, k_y) sur les 256 acquises (30% des échantillons) dans l'espace K, l'axe correspondant à la dimension spectrale t a été entièrement échantillonnée. Les positions (k_x, k_y) dans l'espace des K ont été acquises à partir du centre de l'espace K, en se dirigeant vers l'extérieur, et ceci en raison de la distribution de l'énergie non-uniforme mentionnée précédemment.

Nous avons comparé notre approche à la reconstruction CS. Le sous-échantillonnage aléatoire a été réalisé dans les dimensions k_x, k_y en utilisant une distribution normale bi-variée centrée au milieu de l'espace des K, avec une matrice de covariance diagonale adéquate. La dimension spectrale t a été entièrement échantillonnée. On rappelle cependant l'existence des techniques d'échantillonnage plus avancées ([56], brevet [98]) nécessitant des exigences matérielles avancées non disponibles actuellement sur les équipements standards d'IRM. Les reconstructions CS ont été réalisées en utilisant la boîte à outils « Sparco » [108], pour résoudre le problème de minimisation selon la norme L1 (nous n'avons pas utilisé OMP à cause de la grande taille des systèmes d'équations linéaires rencontrés). La fig. 4.11 (e) présente le résultat obtenu en utilisant le CS, mais ici avec facteur d'accélération $R = 2.5$ (40% des échantillons de l'espace des K).

Les reconstructions du spectre localisé au voxel (9,5) sont données dans les fig. 4.11(f), (g), et (h), pour un échantillonnage complet de l'espaces des K, pour un sous échantillonnage en utilisant notre approche et en utilisant le CS, respectivement. Nous avons obtenu un $RSB_{rec} = 19.05$ dB pour un facteur d'accélération $R = 3.32$ avec notre méthode, et un $RSB_{rec} = 17.41$ dB pour $R = 2.5$ en utilisant le CS. Nous avons répété la reconstruction du spectre localisé au voxel (9,5) en utilisant notre approche et un facteur d'accélération $R = 2.5$. Le résultat est donné dans la fig. 4.11(i). Nous avons obtenu un $RSB_{rec} = 23.0$ dB.

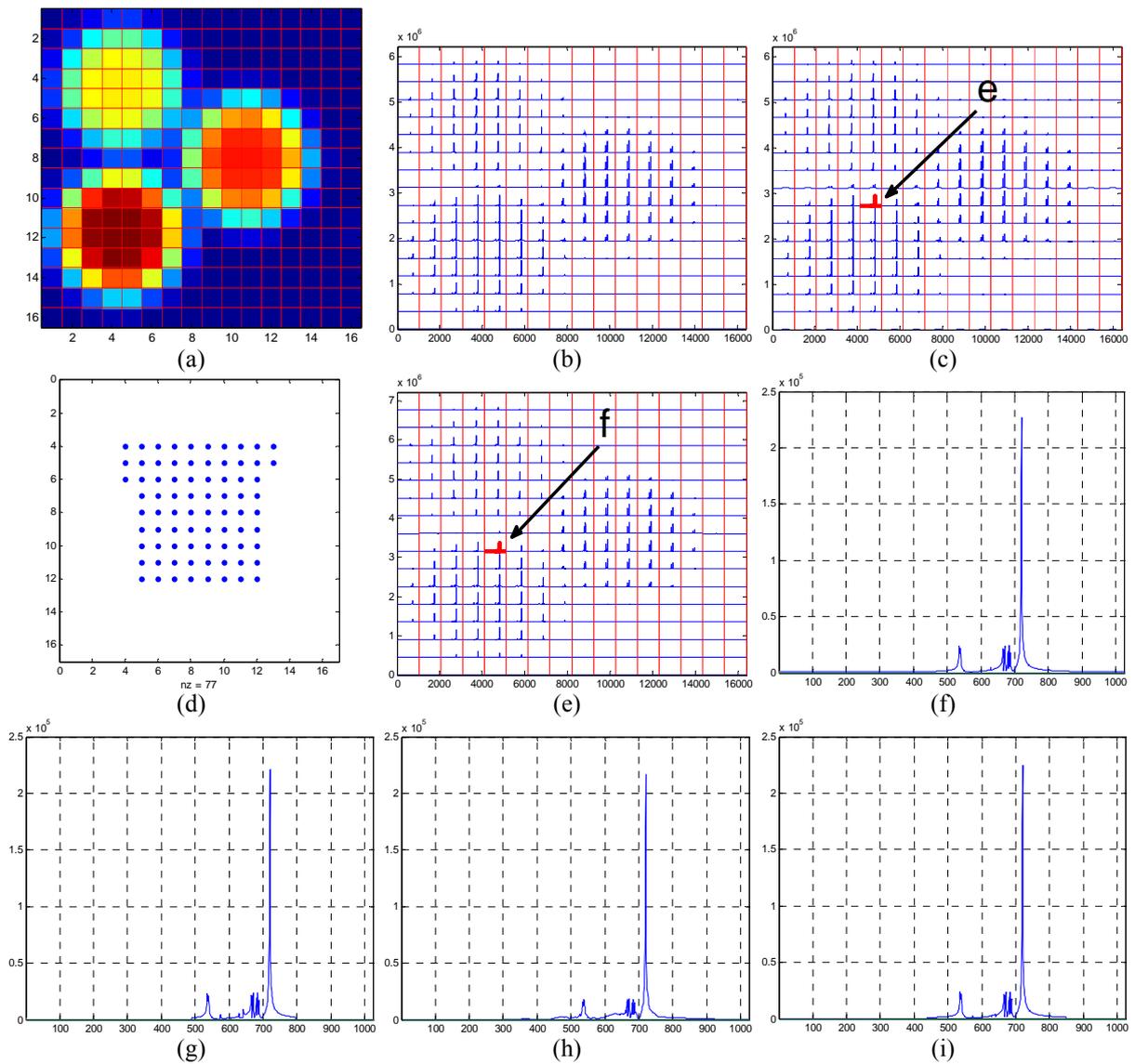


Fig. 4.11: Données simulées ISRM-2D de dimensions $16 \times 16 \times 1024$ correspondant à trois tubes répartis dans l'espace, chacun contenant un mélange différent de métabolites.

- (a) Image du domaine spatial de dimensions 16×16 .
- (b) Spectres reconstruits à partir d'un échantillonnage complet de l'espace des K.
- (c) Spectres reconstruits avec un facteur d'accélération $R = 3.32$ (30 % de l'espace des K) en utilisant notre méthode.
- (d) Masque d'échantillonnage dans le plan k_x, k_y . La dimension spectrale t a été entièrement échantillonnée.
- (e) Spectres reconstruits avec $R = 2.5$ (40 % de l'espace des K) en utilisant le CS (minimisation L1). Le sous-échantillonnage aléatoire a été réalisé dans les dimensions k_x, k_y en utilisant une distribution normale bi-variée centrée au milieu de l'espace des K, avec une matrice de covariance diagonale adéquate. La dimension spectrale t a été entièrement échantillonnée.
- (f) Spectre reconstruit au voxel (9,5) à partir d'un échantillonnage complet de l'espace des K.
- (g) Spectre reconstruit au voxel (9,5), flèche e dans(c), en utilisant notre méthode. $R = 3.32$, $RSB_{rec} = 19.05$ dB.
- (h) Spectre reconstruit au voxel (9,5), flèche f dans(e), en utilisant le CS. $R = 2.5$, $RSB_{rec} = 17.41$ dB.
- (i) Spectre reconstruit au voxel (9,5), en utilisant notre méthode avec $R = 2.5$, $RSB_{rec} = 23.0$ dB.

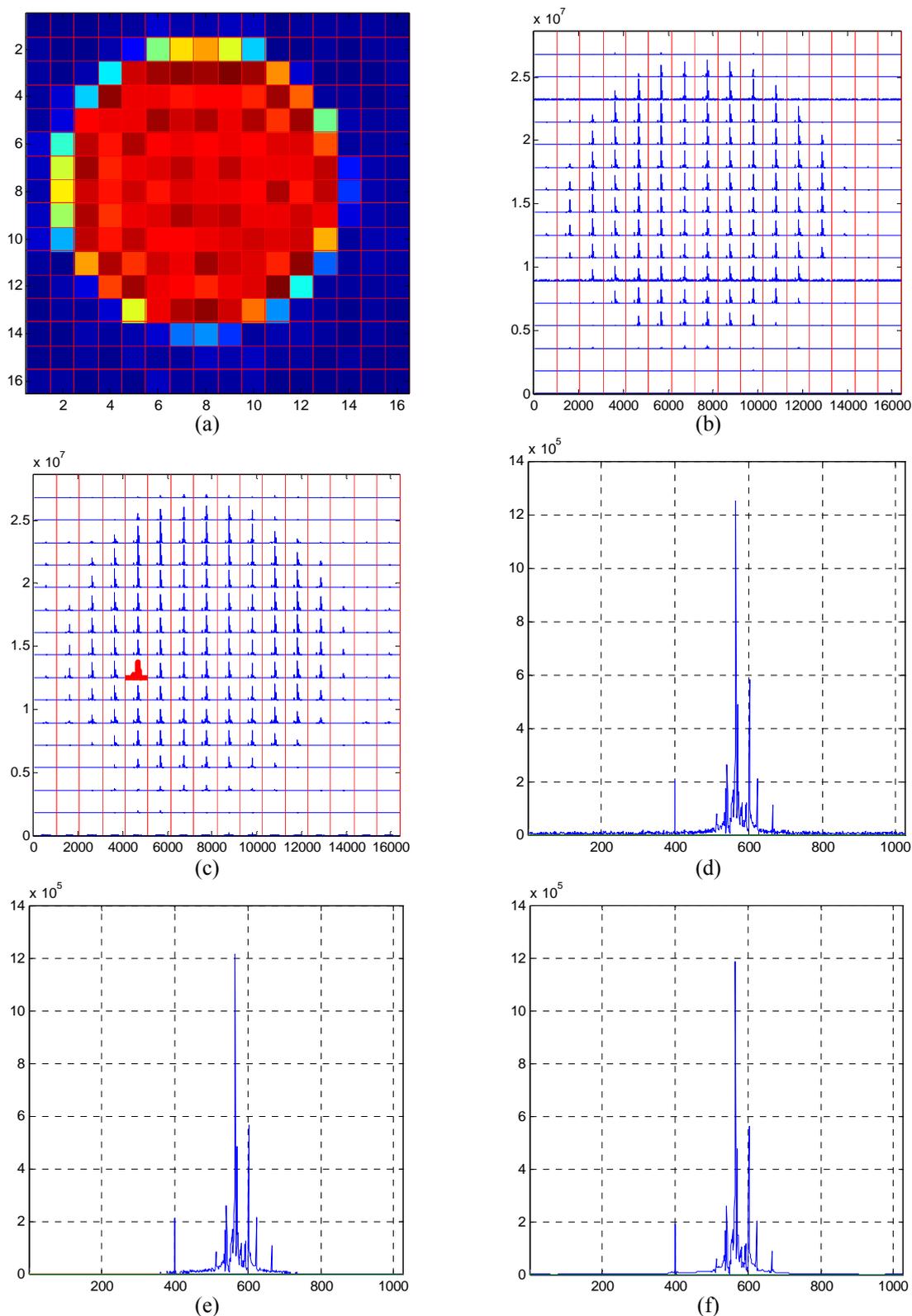


Fig. 4.12: Données expérimentales MRSI-2D in vitro de dimensions $16 \times 16 \times 1024$, d'une solution contenant un mélange de 11 métabolites.

- (a) Image du domaine spatial de dimensions 16×16 .
- (b) Spectres reconstruits à partir d'un échantillonnage complet de l'espace des K.
- (c) Spectres reconstruits avec $R = 3.32$ (30 % de l'espace des K) en utilisant notre méthode.
- (d) Spectre reconstruit au voxel (9,5) à partir d'un échantillonnage complet de l'espace des K.
- (e) Spectre reconstruit au voxel (9,5), en utilisant notre méthode. $R = 3.32$, $RSB_{rec} = 18.71$ dB.
- (f) Spectre reconstruit au voxel (9,5), en utilisant le CS (minimisation L1). $R = 2.5$, $RSB_{rec} = 17.43$ dB.

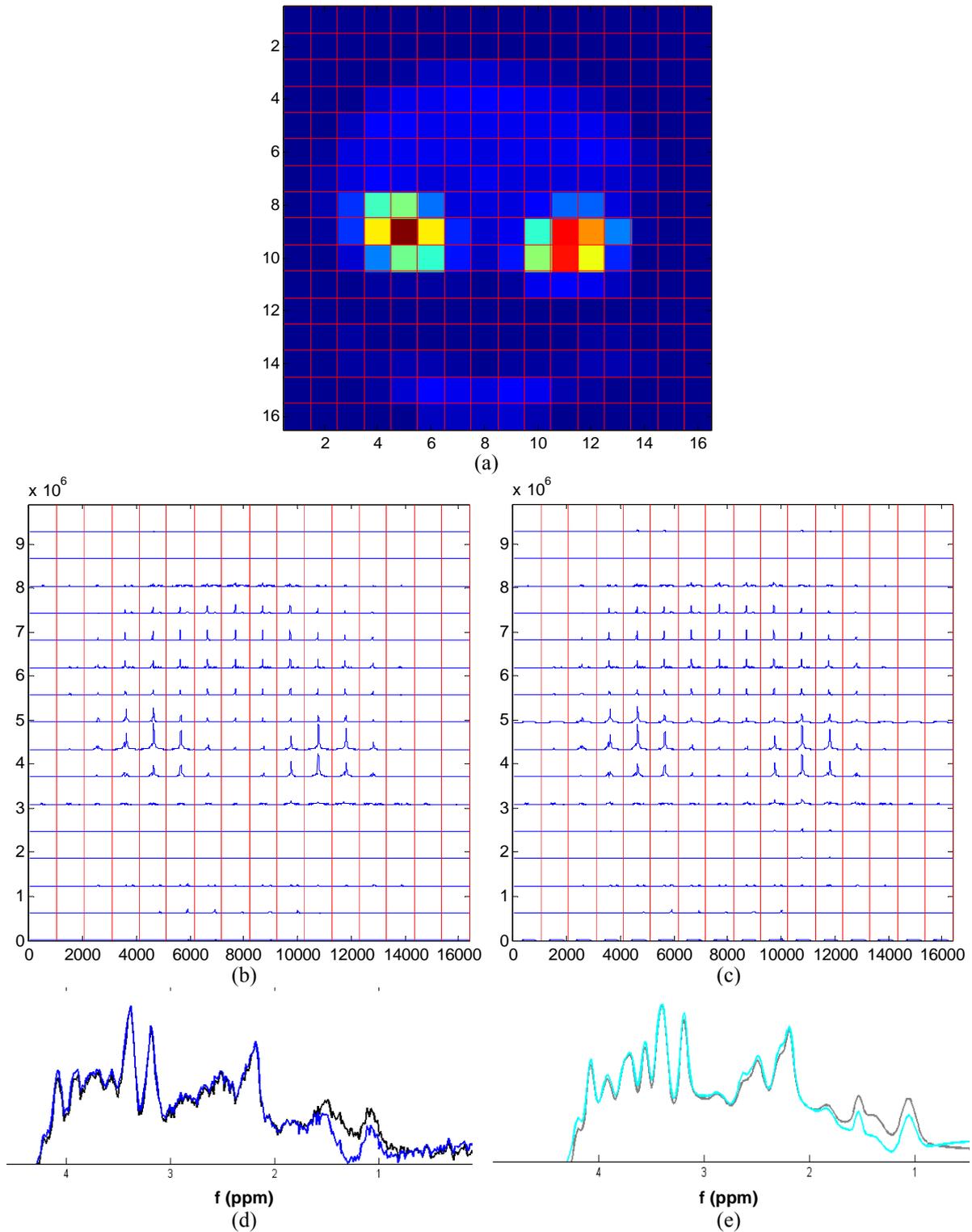


Fig. 4.13: Données expérimentales MRSI-2D in vivo de dimensions $16 \times 16 \times 1024$ du cerveau d'une souris acquis à 7T.

- (a) Image du domaine spatial de dimensions 16×16 .
- (b) Spectres reconstruits à partir d'un échantillonnage complet de l'espace des K.
- (c) Spectres reconstruits avec $R = 2$ (50 % de l'espace des K) en utilisant notre méthode.
- (d) Superposition des reconstructions du spectre localisé au milieu du cerveau de souris au voxel (6,8), entre 0 et 5 ppm, obtenus à partir d'un espace des k complet (noir), et en utilisant notre approche avec $R = 2$ (bleu).
- (e) Superposition de leurs quantifications correspondantes à l'aide de QUEST en gris et cyan, respectivement. À l'exception de la région des lipides, les résultats quantitatifs sont en accord.

Ces reconstructions montrent que, dans quasiment les mêmes conditions d'échantillonnage, nous avons réussi à effectuer une réduction supplémentaire de 10% le nombre d'échantillons acquis dans l'espace des K , par rapport au CS, tout en conservant un meilleur RSB_{rec} . Une autre amélioration importante est la réduction du temps de calcul et de la puissance du matériel informatique nécessaire. Alors qu'une reconstruction CS peut demander environ 45' sur PC portable standard, et varie largement selon la base de compression utilisée, notre méthode demande généralement moins d'une minute.

La fig. 4.12 présente une reconstruction ISRM-2D in vitro de dimensions $16 \times 16 \times 1024$. La fig. 4.12 (a) montre l'image (domaine spatial) de dimensions 16×16 d'une solution contenant un mélange de 11 métabolites. La fig. 4.12 (b) présente l'ISRM-2D correspondante reconstruite à partir d'un espace des k complet. La fig. 4.12 (c) présente l'ISRM-2D correspondante reconstruite avec un facteur d'accélération $R = 3.32$ (30% des échantillons de l'espace des K) en utilisant l'approche proposée. Le masque d'échantillonnage utilisé est le même que celui de la fig. 4.11 (d).

Les reconstructions du spectre localisé au voxel (9,5) sont données dans les fig. 4.12(d), (e), et (f), respectivement pour un échantillonnage complet de l'espaces des K , pour un sous échantillonnage en utilisant notre approche, et en utilisant le CS. Nous avons obtenu un $RSB_{rec} = 18.71$ dB pour un facteur d'accélération $R = 3.32$ avec notre méthode, et un $RSB_{rec} = 17.43$ dB pour $R = 2.5$ en utilisant le CS. Les conclusions sont les mêmes que précédemment.

La fig. 4.13 présente une reconstruction ISRM-2D in vivo de dimensions $16 \times 16 \times 1024$. La fig. 4.13(a) montre l'image (domaine spatial) de dimensions 16×16 du cerveau d'une souris. Les fig. 4.13 (b) et (c) présentent respectivement l'ISRM-2D correspondante, reconstruite à partir d'un espace des k complet, et en utilisant notre approche avec facteur d'accélération $R = 2$ (50% des échantillons de l'espace des K).

Les reconstructions du spectre localisé au milieu du cerveau de souris au voxel (6,8), entre 0 et 5 ppm obtenus, à partir d'un espace des k complet (en noir), et en utilisant notre approche (en bleu) avec $R = 2$, sont données dans la fig. 4.13(d). La fig. 4.13 (e) présente les quantifications correspondantes en utilisant la méthode QUEST [109] [110].

8. Conclusion et perspectives

Dans ce chapitre nous avons proposé une méthode pour sous-échantillonner le domaine d'acquisition en spectroscopie multidimensionnelle, lorsque les acquisitions monodimensionnelles correspondantes sont intrinsèquement parcimonieuses. Cela nous permet d'avoir ainsi une réduction proportionnelle du temps d'acquisition global, ou une amélioration de la résolution des spectres pour la même durée d'acquisition.

L'information a priori sur le support des spectres multidimensionnels, obtenue à partir des acquisitions monodimensionnelles simples et rapides, nous ont permis d'éliminer la sous-détermination dans le modèle d'acquisition, induit par la procédure de sous-échantillonnage. Nous avons donné des exemples en RMN-2D et ISRM-2D. Cependant l'approche proposée peut être facilement étendue aux dimensions supérieures, e.g. RMN-3D et 4D, et ISRM-3D, et montre un potentiel intéressant pour les investigations métabolomiques.

Des améliorations sur la méthode proposée, peuvent être obtenues en ajoutant, lorsqu'elles sont disponibles, des informations a priori plus précises sur le support final, e.g. des informations obtenues dans le domaine spatial (image) en ISRM-2D, et des contraintes de corrélations spécifiques à l'expérience envisagée en RMN-multidimensionnelle. Également, de meilleurs RSB_{rec} seraient éventuellement obtenus en optimisant la procédure de « sélection des

observations », tout en tenant compte des contraintes techniques d'échantillonnage propre à chaque modalité d'acquisition.

Avec les nouveaux équipements à hauts champs magnétiques, les spectres deviennent plus parcimonieux. La technique récemment introduite de spectroscopie hyper-polarisée, caractérisée par une acquisition à haut *RSB* [56], et des spectres parcimonieux, peut être une bonne candidate pour l'approche proposée.

Notons enfin que l'essence de la méthode proposée est que, dans plusieurs expériences, l'intérêt du passage à des dimensions supérieures, est généralement de supprimer l'ambiguïté présente dans des acquisitions à plus faibles dimensions. Toutefois, les informations obtenues à partir des acquisitions à faibles dimensions, et qui sont généralement plus simples et plus rapides, ne doivent pas être complètement écartées lors du passage à des acquisitions plus sophistiquées dans des dimensions supérieures. Par ailleurs, nous ne devons pas négliger ce qu'une acquisition RMN-1D peut nous informer à propos d'une acquisition RMN multidimensionnelle, ou qu'une acquisition mono-voxel peut nous informer à propos d'une acquisition ISRM multi-voxels. En fait, c'est cette information précieuse qui nous a permis des acquisitions plus efficaces dans ces dimensions supérieures.

Conclusion et perspectives

Les travaux de cette thèse s'inscrivent dans le cadre de l'acquisition et la reconstruction de signaux parcimonieux, et du 'Compressed Sensing (CS)', théorie récente pour l'acquisition et la reconstruction efficaces de signaux parcimonieux. Le but étant principalement de reconstruire les signaux parcimonieux à partir d'un ensemble de mesures largement inférieur à ce que prédit le célèbre théorème de Shannon-Nyquist.

Nous avons développé deux axes de recherche distincts, s'articulant autour d'un même objectif défini par le sujet de la thèse : l'intégration de connaissances a priori dans les algorithmes de reconstruction des signaux parcimonieux.

Dans le premier axe de recherche, nous avons proposé une version modifiée du décodeur OMP, le NNOMP. L'idée principale dans ce nouveau décodeur est de remplacer l'étape de corrélation dans OMP par un réseau de neurones, afin de mieux reconstruire des signaux parcimonieux possédant des propriétés supplémentaires à la parcimonie. La motivation de cette proposition, au niveau des arguments théoriques, se base sur la RIP et le pouvoir d'approximation universelle des réseaux de neurones. L'analogie avec le « réseau répliqueur » utilisant un perceptron multicouche entièrement connecté, utilisé dans le domaine de la compression/décompression des signaux et images, a aussi été une source de motivation pour le développement de notre algorithme NNOMP.

Pour la validation expérimentale, trois modèles de signaux parcimonieux avec des propriétés supplémentaires à la parcimonie, ont été considérés : (1) un modèle à coefficients non nuls positifs, (2) un modèle où les coefficients non nuls ont une position qui suit une loi de probabilité particulière, et (3) un modèle à coefficients réunissant les deux propriétés précédentes.

Les résultats obtenus avec le décodeur NNOMP ont montré de très bonnes performances dans la reconstruction des signaux appartenant à ces trois modèles. L'algorithme NNOMP possède l'avantage d'apprendre ces modèles, à partir des exemples d'apprentissage, sans nécessiter de les définir explicitement. Les premiers résultats, obtenus avec des images réelles, conformes au modèle (2), sont très prometteurs.

Les perspectives de cet axe concernent la recherche de structures de réseaux de neurones adaptés à l'estimation des signaux parcimonieux. On peut penser, par exemple, à remplacer la « fonction de coût » en norme L2 dans (2.3) par une norme L1. L'utilisation des décodeurs en structure « *committee machines* » avec des critères de sélection appropriés paraît aussi une approche possible. En effet quelques expériences préliminaires ont donné des résultats encourageants. L'utilisation de NNOMP dans le contexte du CS « non linéaire » récemment introduit dans [69, 70] serait également une autre piste à examiner.

Le second axe de recherche a été dédié à l'élaboration d'une nouvelle technique de sous-échantillonnage en spectroscopie RMN multidimensionnelle, lorsque les spectres des acquisitions correspondantes, monodimensionnelles, sont intrinsèquement parcimonieux. Cette méthode consiste à

1. modéliser le processus d'acquisition des données et la reconstruction des spectres en spectroscopie multidimensionnelle, par un système d'équations linéaires.
2. utiliser ensuite les informations obtenues à partir d'acquisitions monodimensionnelles pour limiter le support du signal « multidimensionnel » à reconstruire, *i.e.* celui des spectres recherchés, et par suite diminuer le nombre de mesures nécessaires à l'acquisition.

La méthode proposée a été évaluée sur des données synthétiques et expérimentales *in vitro* et *in vivo*. Les résultats obtenus sont remarquables.

En effet, nous avons réussi à obtenir de meilleures reconstructions que celles obtenues par CS, et ceci à partir d'un nombre inférieur de mesures. Un second avantage, très important au niveau pratique, est que contrairement à la plupart des décodeurs CS, il n'y a aucun paramètre de régularisation ou d'ajustement. D'autres avantages majeurs de notre méthode concernent la simplicité d'implémentation et la rapidité d'exécution, qui provient du fait que cette méthode n'utilise aucune nouvelle procédure de calcul, le modèle final à résoudre étant simplement une estimation de moindres carrés. Par ailleurs, plusieurs implémentations optimisées existent pour ce type d'estimation et qui, contrairement au CS, possède une solution analytique. La nouveauté de la méthode proposée réside principalement dans la modélisation du problème en un système d'équations linéaires, et l'utilisation d'informations autrefois négligées en spectroscopie RMN multidimensionnelle.

On note ici que l'approche utilisée pour la présentation de la méthode a consisté à faire un passage d'une acquisition monodimensionnelle, vers une reconstruction bidimensionnelle. On peut facilement envisager une approche $1D \rightarrow 3D$, $1D \rightarrow ND$ (pour N -dimensionnelle), $2D \rightarrow 3D$, ou autres.

Dans le modèle final du système d'équations linéaires, on peut penser qu'à la limite théorique, on a besoin d'autant de mesures (indépendantes) que de coefficients à reconstruire. Cependant dans la pratique, le conditionnement de la matrice d'acquisition et le RSB des mesures acquises jouent un rôle important. Ainsi l'excès de mesures, par rapport au nombre de coefficients inconnus à estimer, contribue à améliorer le RSB de la reconstruction. La méthode présentée est cependant optimale dans le sens que l'estimateur des moindres carrés possède la caractéristique dite « *blue* » (*Best linear unbiased estimator*) quand les erreurs de mesures sont non corrélées, de moyenne nulle, et de variances égales.

Les perspectives de ce second axe concernent plusieurs volets. Le premier est l'optimisation de la procédure de sélection des mesures, tout en tenant compte des contraintes techniques propres à l'acquisition dans chaque modalité considérée. Le deuxième est d'ajouter, selon l'expérience en cours, des contraintes supplémentaires pour restreindre davantage le nombre de coefficients à reconstruire dans le domaine final. C'est ainsi que :

- en MRSI, l'information spatiale peut aussi être utilisée.
- en spectroscopie, les propriétés de l'échantillon étudié ou les caractéristiques de la séquence d'excitation utilisée peuvent être prises en compte.

Ceci, permettra d'augmenter le facteur d'accélération (sous-échantillonner plus), ou d'améliorer la qualité de la reconstruction en termes de RSB. Une interface graphique où l'opérateur peut ajouter ces types de contraintes (et son expertise) dans le domaine de reconstruction, et gérer par suite le facteur d'accélération, le conditionnement de la matrice de reconstruction, et d'autres paramètres serait très utile.

Dans une troisième piste de recherche, nous proposons de combiner l'approche proposée en spectroscopie (dans ce second axe), avec la méthode du CS. Ceci paraît une solution lorsque les spectres RMN monodimensionnels ne sont pas suffisamment parcimonieux et par suite la méthode proposée ne conduit pas à des facteurs d'accélération intéressants. On propose alors dans ce cas de limiter dans un premier temps le support à reconstruire, et au lieu d'utiliser les moindres carrés, d'appliquer la méthode du CS sur le système réduit. Ceci paraît en effet une approche de reconstruction universelle. En effet, si on sait au préalable que certains coefficients du domaine de reconstruction sont nécessairement nuls, il faut les enlever du modèle retenu pour la reconstruction, et ne pas les estimer.

Une dernière idée consiste à utiliser l'information présente dans les acquisitions monodimensionnelles, pour réordonner les coefficients du signal à reconstruire en spectroscopie multidimensionnelle. Ceci augmentera la compressibilité de ce signal et par suite améliorera considérablement les performances des reconstructions CS.

Nous espérons enfin que les travaux de cette thèse inspireront au lecteur de nouvelles applications en CS, en spectroscopie, ou d'autres domaines d'applications.

Annexe A

Un résultat probabiliste, cas du peigne de Dirac [40]

On rappelle le théorème 1.2

Théorème 1.2: [26]

Soit \mathbf{x} un vecteur S -parcimonieux fixé, mais arbitraire, dans R^n , et prenons n'importe quel scalaire $\beta > 0$. Alors, avec une probabilité d'au moins $1 - \frac{5}{n} - e^{-\beta}$, le vrai \mathbf{x} est le minimum unique de P1 (1.9) avec $\mathbf{y} = \mathbf{Ax}$, à condition que

$$m \geq C_\beta \cdot \mu(\Phi, \Psi) \cdot S \cdot \log n \quad (\text{A. 1})$$

Plus précisément C_β peut être choisi de la forme $C_0(1 + \beta)$ pour une certaine constante positive C_0

Prenons l'exemple suivant

- \mathbf{x} est un signal dans R^n , S -parcimonieux dans le temps.
- Ψ est la base canonique (temps).
- Φ est la base de Fourier.

Dans ce cas $\mu(\Phi, \Psi) = 1$, et il suffit selon le théorème 1.2 de $m \geq C_\beta \cdot S \cdot \log n$ mesures fréquentielles aléatoires $\omega_1, \dots, \omega_m$, pour reconstruire \mathbf{x} par minimisation selon la norme ℓ_1 , et ceci avec une très grande probabilité.

En effet, si on cherche un résultat déterministe, on va être déçu. Prenons l'exemple suivant, soit $\mathbf{x}(t)$ un peigne de Dirac, illustré dans la fig. A.1(a) (exemple pour $n = 36$), de la forme :

$$\mathbf{x}(t) = \bigsqcup_{\sqrt{n}}(t) = \sum_{k=0}^n \delta(t - k \cdot \sqrt{n}) \quad k \in \mathbb{Z}$$

avec n un carré parfait. Le signal \mathbf{x} est alors périodique de période \sqrt{n} . Il est aussi parcimonieux dans le temps, le nombre de coefficients non nul est $S = \frac{n}{\sqrt{n}} = \sqrt{n}$. Le signal $\mathbf{x}(t)$ est invariant par transformée de Fourier $\mathbf{X}(\omega)$, qui est présentée dans la fig. A.1(b).

Supposons maintenant qu'on échantillonne m coefficients aléatoirement de $\mathbf{X}(\omega)$, que peut-il arriver ?

On peut échantillonner seulement des zéros, et par suite, ne jamais pouvoir reconstruire $\mathbf{x}(t)$. L'information est alors perdue. Si on cherche un résultat déterministe, on ne peut plus rien faire. Mais supposons que l'on échantillonne un grand nombre de zéros, que l'on capte une seule raie et, qu'avec cette raie, on peut reconstruire $\mathbf{x}(t)$. Quelle sera alors la probabilité d'échec (*i.e.* qu'avec m échantillons, on ne capte aucune raie) ?

$$P_{\text{echec}} = \left(1 - \frac{1}{\sqrt{n}}\right)^m$$

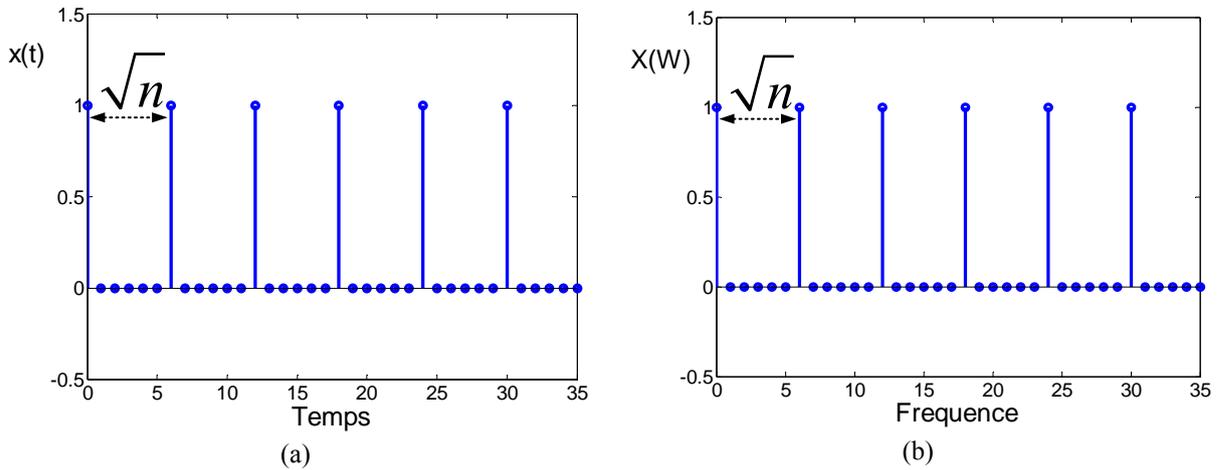


Fig. A.1 : Cas particulier d'un peigne de Dirac invariant par transformée de Fourier (exemple pour $n = 36$).

Supposons qu'on veut que cette quantité soit très petite de telle sorte qu'elle soit inférieure ou égale à une constante δ alors

$$P_{\text{échec}} = \left(1 - \frac{1}{\sqrt{n}}\right)^m \leq \delta \quad \Rightarrow \quad \log\left(1 - \frac{1}{\sqrt{n}}\right)^m \leq \log \delta \quad \Rightarrow \quad m \cdot \log\left(1 - \frac{1}{\sqrt{n}}\right) \leq \log \delta$$

or

$$\log(1 + a) \approx a \text{ pour } |a| \ll 1$$

ainsi on obtient

$$-m \cdot \frac{1}{\sqrt{n}} \leq \log \delta \quad \Rightarrow \quad m \geq \sqrt{n} \log \frac{1}{\delta} = S \log \frac{1}{\delta}$$

Donc pour avoir $P_{\text{succès}} \leq \delta$ il faut que $m \geq S \log \frac{1}{\delta}$.

Si on veut que cette $P_{\text{échec}}$ soit inférieure à une grande puissance négative de n , i.e. $\delta = n^{-\alpha}$, il faut que

$$m \geq S \log \frac{1}{n^{-\alpha}} \quad \Rightarrow \quad m \geq \alpha \cdot S \cdot \log n$$

Alors pour avoir une $P_{\text{succès}} > (1 - \delta)$, avec $\delta = n^{-\alpha}$

- n'importe quelle méthode a besoin d'au moins une raie, i.e. $m \asymp O(\alpha)S \log n$ échantillons.
- et la solution par minimisation selon la norme ℓ_1 a besoin de $m \geq O(\alpha)S \log n$ échantillons.

Ainsi si on se contente de résultats vraisemblables, avec une probabilité presque égale à 1, les résultats obtenus dans le théorème 1.2 seront très intéressants.

Annexe B

Résultat fondamental du « Compressed sensing », approche déterministe [16, 40]

Supposons que l'on possède m mesures d'un signal \mathbf{x} de taille n , avec $m < n$, obtenus à l'aide d'une matrice de mesure \mathbf{A} de dimension $(m \times n)$. Ces m mesures forment un vecteur \mathbf{y} . Le problème est : comment peut-on reconstruire \mathbf{x} à partir de \mathbf{y} ? Une méthode possible consiste à chercher parmi toutes les solutions possibles celle qui possède la plus petite norme ℓ_1 . Le problème est alors de la forme :

$$P1 \quad \hat{\mathbf{x}} = \underset{\mathbf{x} \in \mathbb{R}^n}{\operatorname{argmin}} \|\mathbf{x}\|_{\ell_1} \quad \text{sous la contrainte} \quad \mathbf{y} = \mathbf{A}\mathbf{x} \quad (B.1)$$

Pour mesurer la performance de la reconstruction $\hat{\mathbf{x}}$, on la compare avec \mathbf{x}_S qui est la meilleure approximation de \mathbf{x} avec S coefficients. On rappelle le théorème 1.5 qui donne une **majoration déterministe** de la performance de la reconstruction obtenue avec (B.1)

Théorème 1.5: (Candès et Tao [16, 39, 40]).

Si $\delta_{2S} < \sqrt{2} - 1 = 0.414$, alors la solution $\hat{\mathbf{x}}$ de (B.1) respecte les inégalités :

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_1} \leq C_0 \cdot \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_1} \quad (B.2a)$$

et

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_2} \leq C_0 \cdot \frac{\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_1}}{\sqrt{S}} \quad (B.2b)$$

pour une certaine constante C_0 .

Où \mathbf{x}_S est la meilleure approximation de \mathbf{x} avec S coefficients, pratiquement en prenant les S plus grands coefficients de \mathbf{x} , et en annulant les autres coefficients (comme si nous savions au préalable leurs positions et leurs grandeurs exactement).

Dans ce qui suit nous allons utiliser les notations suivantes

\mathbf{x} : solution exacte recherchée, pas nécessairement S -parcimonieuse.

$\hat{\mathbf{x}}$: solution trouvée que l'on peut mettre sous la forme $\hat{\mathbf{x}} = \mathbf{x} + \mathbf{h}$.

x_i, h_i : composantes d'indice i , respectivement des vecteurs \mathbf{x} et \mathbf{h} .

T_0 : ensemble des indices des S plus grands coefficients de \mathbf{x} en valeur absolue.

T_0^c : complément de T_0 dans $\{1, \dots, n\}$.

$\hat{\mathbf{x}}$ est une solution de (B.1) on a donc

$$\mathbf{A}\hat{\mathbf{x}} = \mathbf{y} \Rightarrow \mathbf{A}(\mathbf{x} + \mathbf{h}) = \mathbf{y}$$

mais $\mathbf{A}\mathbf{x} = \mathbf{y}$, ainsi

$$\mathbf{A}(\mathbf{x} + \mathbf{h}) = \mathbf{A}\mathbf{x} \Rightarrow \mathbf{A}\mathbf{h} = \mathbf{0} \Rightarrow \mathbf{h} \in N(\mathbf{A})$$

où $N(\mathbf{A})$ représente le noyau de \mathbf{A} ou $\operatorname{Ker}(\mathbf{A})$.

- **Démonstration du Théorème 1.5**

Le vecteur $\hat{\mathbf{x}}$ est solution de (B.1) si et seulement si

$$\|\hat{\mathbf{x}}\|_{\ell_1} \leq \|\mathbf{x}\|_{\ell_1} \Rightarrow \|\mathbf{x} + \mathbf{h}\|_{\ell_1} \leq \|\mathbf{x}\|_{\ell_1} \Rightarrow \|\mathbf{x} + \mathbf{h}\|_{\ell_1} - \|\mathbf{x}\|_{\ell_1} \leq 0 \quad \forall \mathbf{h} \in N(\mathbf{A})$$

On décompose les normes de \mathbf{x} et \mathbf{h} entre T_0 et T_0^c

$$\|\mathbf{x} + \mathbf{h}\|_{\ell_1} - \|\mathbf{x}\|_{\ell_1} = \sum_{i \in T_0} |x_i + h_i| + \sum_{i \in T_0^c} |x_i + h_i| - \sum_{i \in T_0} |x_i| - \sum_{i \in T_0^c} |x_i| \quad (B.3)$$

Or, l'inégalité triangulaire donne :

$$\begin{aligned} \sum_{i \in T_0} |x_i| &\leq \sum_{i \in T_0} |x_i + h_i| + \sum_{i \in T_0} |h_i| \Rightarrow \sum_{i \in T_0} |x_i + h_i| \geq \sum_{i \in T_0} |x_i| - \sum_{i \in T_0} |h_i| \\ \sum_{i \in T_0^c} |h_i| &\leq \sum_{i \in T_0^c} |x_i + h_i| + \sum_{i \in T_0^c} |x_i| \Rightarrow \sum_{i \in T_0^c} |x_i + h_i| \geq \sum_{i \in T_0^c} |h_i| - \sum_{i \in T_0^c} |x_i| \end{aligned}$$

Ainsi, (B.3) implique

$$\begin{aligned} \|\mathbf{x} + \mathbf{h}\|_{\ell_1} - \|\mathbf{x}\|_{\ell_1} &\geq \sum_{i \in T_0} |x_i| - \sum_{i \in T_0} |h_i| + \sum_{i \in T_0^c} |h_i| - \sum_{i \in T_0^c} |x_i| - \sum_{i \in T_0} |x_i| - \sum_{i \in T_0^c} |x_i| \\ &\geq \sum_{i \in T_0^c} |h_i| - \sum_{i \in T_0} |h_i| - 2 \sum_{i \in T_0^c} |x_i| \\ &\geq \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} - \|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} - 2\|\mathbf{x}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \end{aligned}$$

mais puisque $\|\mathbf{x} + \mathbf{h}\|_{\ell_1} - \|\mathbf{x}\|_{\ell_1} \leq 0$ alors

$$\|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} - \|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} - 2\|\mathbf{x}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \leq 0$$

ceci implique que

$$\|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \leq \|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} + 2\|\mathbf{x}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \quad (B.4)$$

sachant que

$$\|\mathbf{x}_{T_0^c}\|_{\ell_1} = \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_1}$$

qui est égale à l'erreur effectuée, en norme ℓ_1 , en approximant \mathbf{x} par ses S plus grands coefficients, (B.4) devient

$$\|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \leq \|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} + 2\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_1} \quad (B.5)$$

Pour $\delta_{2S} < \sqrt{2} - 1$, la RIP (1.31) nous permet d'écrire (la démonstration sera donnée plus loin)

$$\|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} \leq \rho \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \quad (B.6)$$

pour un certain $\rho < 1$. En supposant que (B.6) est vraie, alors (B.5) et (B.6) impliquent

$$\begin{aligned} \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} &\leq \|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} + 2\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_1} \leq \rho \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} + 2\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_1} \\ &\Rightarrow (1 - \rho) \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \leq 2\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_1} \\ &\Rightarrow \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \leq \frac{2}{(1 - \rho)} \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_S\|_{\ell_1} \quad (B.7) \end{aligned}$$

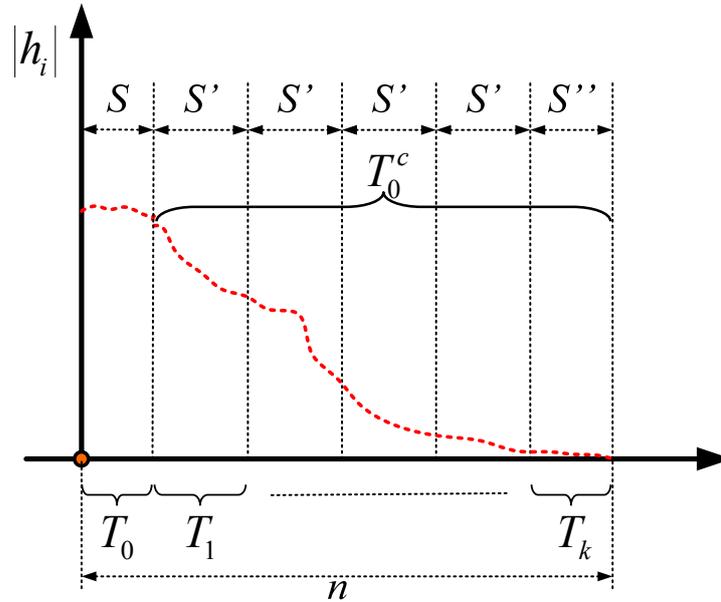


Fig. B.1 Nouvel arrangement des coefficients h_i sur T_0^c

D'autre part on a : $\hat{\mathbf{x}} = \mathbf{x} + \mathbf{h}$

$$\begin{aligned} \Rightarrow \|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_1} &= \|\mathbf{h}\|_{\ell_1} = \|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} + \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \leq \rho \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} + \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \\ &\Rightarrow \|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_1} \leq (\rho + 1) \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \end{aligned}$$

Avec (B.7) on obtient :

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_1} \leq \frac{2(1 + \rho)}{(1 - \rho)} \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_s\|_{\ell_1} \quad (\text{B.8})$$

qui démontre (B.2a) du théorème 1.5

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_1} \lesssim \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_s\|_{\ell_1}$$

Il reste à vérifier la relation (B.6) et la condition $\delta_{2S} < \sqrt{2} - 1$

• **Démonstration de (B.6)**

En utilisant l'inégalité de Cauchy-Schwarz, on peut écrire que :

$$\|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} \leq \sqrt{S} \|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_2} \quad (\text{B.9})$$

Si on réordonne les coefficients h_i de \mathbf{h} à l'extérieur de T_0 (donc sur T_0^c), de telle sorte que ces coefficients décroissent en valeur absolue (fig. B.1), on obtient:

- T_1 : ensemble des indices des S' plus grands coefficients de \mathbf{h} en valeur absolue, sur T_0^c , placés par ordre décroissant.
- T_2 : ensemble des indices des S' plus grands coefficients de \mathbf{h} en valeur absolue, sur $(T_0 \cup T_1)^c$, placés par ordre décroissant.
- Et ainsi de suite...

Le dernier intervalle peut ne pas contenir S' coefficients mais ceci est sans importance.

Si on tient compte du fait que $\mathbf{A}\mathbf{h} = 0$, on peut écrire

$$\mathbf{A}\mathbf{h} = 0 \Rightarrow \mathbf{A}(\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1} + \mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}) = 0 \Rightarrow \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1} = -\mathbf{A}\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}$$

or

$$\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c} = \mathbf{h}_{T_2} + \mathbf{h}_{T_3} + \cdots + \mathbf{h}_{T_k} = \sum_{j \geq 2} \mathbf{h}_{T_j}$$

alors

$$\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1} = -\mathbf{A}\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c} = -\sum_{j \geq 2} \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_j} \quad (B.10)$$

Ayant $\text{Card}(T_0 \cup T_1) = S + S'$, la RIP (1.31) implique

$$\begin{aligned} (1 - \delta_{S+S'}) \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}^2 &\leq \|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}^2 \leq (1 + \delta_{S+S'}) \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}^2 \\ &\Rightarrow \sqrt{(1 - \delta_{S+S'})} \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \leq \|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \end{aligned} \quad (B.11)$$

En utilisant l'inégalité triangulaire, (B.10) implique

$$\|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} = \|-\mathbf{A}\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_2} = \left\| -\sum_{j \geq 2} \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_j} \right\|_{\ell_2} \leq \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \quad (B.12)$$

Comme chaque T_j est de taille $\leq S'$, la RIP (1.31) nous permet d'écrire

$$\begin{aligned} (1 - \delta_{S'}) \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2}^2 &\leq \|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2}^2 \leq (1 + \delta_{S'}) \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2}^2 \\ &\Rightarrow \|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \leq \sqrt{(1 + \delta_{S'})} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \\ &\Rightarrow \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \leq \sqrt{(1 + \delta_{S'})} \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \end{aligned} \quad (B.13)$$

Alors (B.11), (B.12) et (B.13) impliquent que

$$\sqrt{(1 - \delta_{S+S'})} \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \leq \|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \leq \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \leq \sqrt{(1 + \delta_{S'})} \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \quad (B.14)$$

Or, pour chaque ensemble T_j de cardinalité $\leq S'$, avec $j \geq 2$, nous avons

$$\|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \leq \sqrt{S'} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_\infty}$$

Sachant que $\|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_\infty}$ n'est autre que le maximum de \mathbf{h} sur T_j , et comme le maximum de \mathbf{h} sur T_j est inférieur à la moyenne des coefficients de \mathbf{h} sur T_{j-1} pour $j \geq 2$, alors

$$\|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \leq \sqrt{S'} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_\infty} \leq \frac{1}{\sqrt{S'}} \|\mathbf{h}_{T_{j-1}}\|_{\ell_1}$$

et donc pour $j \geq 2$

$$\sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \leq \frac{1}{\sqrt{S'}} \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_{j-1}}\|_{\ell_1}$$

Ayant

$$\sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_{j-1}}\|_{\ell_1} = \|\mathbf{h}_{T_1}\|_{\ell_1} + \|\mathbf{h}_{T_2}\|_{\ell_1} + \|\mathbf{h}_{T_3}\|_{\ell_1} + \cdots = \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1}$$

donc

$$\sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \leq \frac{1}{\sqrt{S'}} \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \quad (B.15)$$

Avec (B.14) on obtient

$$\|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \leq \sqrt{\frac{(1 + \delta_{S'})}{(1 - \delta_{S+S'})}} \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2}$$

et (B.15) implique

$$\Rightarrow \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \leq \sqrt{\frac{(1 + \delta_{S'})}{(1 - \delta_{S+S'})}} \frac{\|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1}}{\sqrt{S'}} \quad (B.16)$$

or (B.9) donne

$$\|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} \leq \sqrt{S} \|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_2} \Rightarrow \|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} \leq \sqrt{S} \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \quad (B.17)$$

En plaçant (B.16) dans (B.17) on obtient

$$\|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} \leq \sqrt{\frac{(1 + \delta_{S'})}{(1 - \delta_{S+S'})}} \frac{S}{S'} \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} = \rho \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1}$$

avec

$$\rho^2 = \frac{S}{S'} \frac{(1 + \delta_{S'})}{(1 - \delta_{S+S'})}$$

Si $\rho^2 < 1 \Leftrightarrow \rho < 1$, la relation (B.6) sera vérifiée. La condition $\rho < 1$ ne dépend que des δ .

Prenons alors $S' = 2S$, on obtient :

$$\rho^2 = \frac{S}{2S} \frac{(1 + \delta_{2S})}{(1 - \delta_{3S})} = \frac{1(1 + \delta_{2S})}{2(1 - \delta_{3S})}$$

$\rho^2 < 1 \Leftrightarrow \rho < 1$ si et seulement si

$$\begin{aligned} \frac{1(1 + \delta_{2S})}{2(1 - \delta_{3S})} < 1 &\Rightarrow 1 + \delta_{2S} < 2 - 2\delta_{3S} \\ &\Rightarrow \delta_{2S} + 2\delta_{3S} < 1 \end{aligned}$$

- **Une légère amélioration pour $S=S'$** (condition $\delta_{2S} < \sqrt{2} - 1$)

Lemme B.1 [16]

On a

$$|\langle \mathbf{A}\mathbf{x}, \mathbf{A}\mathbf{x}' \rangle| \leq \delta_{S+S'} \|\mathbf{x}\|_{\ell_2} \|\mathbf{x}'\|_{\ell_2} \quad (B.18)$$

et ceci $\forall \mathbf{x}, \mathbf{x}'$ de support les ensembles disjoints, $T' \subseteq \{1, \dots, n\}$ avec $\text{Card}(T) \leq S$ et $\text{Card}(T') \leq S'$.

Démonstration [16, 40]

En effet, supposons que les vecteurs \mathbf{x} et \mathbf{x}' sont de norme unité, alors:

- Le vecteur somme $\mathbf{x} + \mathbf{x}'$ est « $(S + S')$ -parcimonieux » et sa norme est $\sqrt{2}$ (car T et T' sont disjoints), l'application de la RIP (1.31) donne

$$(1 - \delta_{S+S'}) \|\mathbf{x} + \mathbf{x}'\|_{\ell_2}^2 \leq \|\mathbf{A}(\mathbf{x} + \mathbf{x}')\|_{\ell_2}^2 \leq (1 + \delta_{S+S'}) \|\mathbf{x} + \mathbf{x}'\|_{\ell_2}^2$$

$$2(1 - \delta_{S+S'}) \leq \|\mathbf{A}\mathbf{x} + \mathbf{A}\mathbf{x}'\|_{\ell_2}^2 \leq 2(1 + \delta_{S+S'}) \quad (B.19)$$

- De même, le vecteur différence $\mathbf{x} - \mathbf{x}'$ est « $(S + S')$ -parcimonieux » et sa norme est $\sqrt{2}$, l'application de la RIP (1.31) donne

$$(1 - \delta_{S+S'}) \|\mathbf{x} - \mathbf{x}'\|_{\ell_2}^2 \leq \|\mathbf{A}(\mathbf{x} - \mathbf{x}')\|_{\ell_2}^2 \leq (1 + \delta_{S+S'}) \|\mathbf{x} - \mathbf{x}'\|_{\ell_2}^2$$

$$2(1 - \delta_{S+S'}) \leq \|\mathbf{A}\mathbf{x} - \mathbf{A}\mathbf{x}'\|_{\ell_2}^2 \leq 2(1 + \delta_{S+S'}) \quad (B.20)$$

La règle du parallélogramme, illustrée dans la fig. B.2, donne pour deux vecteurs \mathbf{x} et \mathbf{y}

$$\langle \mathbf{x} | \mathbf{y} \rangle = \frac{1}{4} (\|\mathbf{x} + \mathbf{y}\|_{\ell_2}^2 - \|\mathbf{x} - \mathbf{y}\|_{\ell_2}^2) \quad (B.21)$$

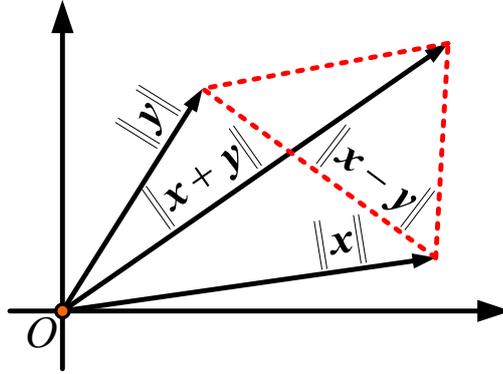


Fig. B.2 Règle du parallélogramme

Appliquons (B.21) aux vecteurs $\mathbf{A}\mathbf{x}$ et $\mathbf{A}\mathbf{x}'$, on obtient

$$\langle \mathbf{A}\mathbf{x} | \mathbf{A}\mathbf{x}' \rangle = \frac{1}{4} (\|\mathbf{A}\mathbf{x} + \mathbf{A}\mathbf{x}'\|^2 - \|\mathbf{A}\mathbf{x} - \mathbf{A}\mathbf{x}'\|^2) \quad (B.22)$$

(B.19) et (B.20) dans (B.22) impliquent

$$\langle \mathbf{A}\mathbf{x} | \mathbf{A}\mathbf{x}' \rangle \leq \frac{1}{4} (2(1 + \delta_{S+S'}) - 2(1 - \delta_{S+S'}))$$

$$\langle \mathbf{A}\mathbf{x} | \mathbf{A}\mathbf{x}' \rangle \leq \frac{1}{2} (1 + \delta_{S+S'} - 1 + \delta_{S+S'})$$

$$\langle \mathbf{A}\mathbf{x} | \mathbf{A}\mathbf{x}' \rangle \leq \delta_{S+S'}$$

Ce qui termine la démonstration.

Prenons maintenant dans la suite $S = S'$, ainsi $\text{Card}(T_0) = \text{Card}(T_1) = \text{Card}(T_2) = \dots = S$.

(B.10) a donné

$$\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1} = -\mathbf{A}\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c} = -\sum_{j \geq 2} \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_j}$$

ainsi

$$\|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}^2 = \langle \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1} | \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1} \rangle = -\left\langle \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1} \left| \sum_{j \geq 2} \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_j} \right. \right\rangle$$

la subdivision du premier terme du produit scalaire entre T_0 et T_1 donne

$$\|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}^2 = - \left\langle \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0} \left| \sum_{j \geq 2} \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_j} \right. \right\rangle - \left\langle \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_1} \left| \sum_{j \geq 2} \mathbf{A}\mathbf{h}_{T_j} \right. \right\rangle$$

avec (B. 18) on obtient

$$\begin{aligned} \|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}^2 &\leq \delta_{2S} \|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_2} \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} + \delta_{2S} \|\mathbf{h}_{T_1}\|_{\ell_2} \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \\ &\leq \delta_{2S} (\|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_2} + \|\mathbf{h}_{T_1}\|_{\ell_2}) \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \end{aligned}$$

mais puisque

$$\|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_2} + \|\mathbf{h}_{T_1}\|_{\ell_2} \leq \sqrt{2} \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}$$

nous aurons

$$\|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}^2 \leq \sqrt{2} \delta_{2S} \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2}$$

En utilisant la RIP (1.31), on obtient

$$(1 - \delta_{S+S}) \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}^2 \stackrel{\text{RIP}}{\lesssim} \|\mathbf{A}\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}^2 \leq \sqrt{2} \delta_{2S} \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2}$$

divisons par $\|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}$

$$\|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \leq \frac{\sqrt{2} \delta_{2S}}{(1 - \delta_{2S})} \sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2}$$

(B. 15) a donné

$$\sum_{j \geq 2} \|\mathbf{h}_{T_j}\|_{\ell_2} \leq \frac{1}{\sqrt{S}} \|\mathbf{h}_{t_0^c}\|_{\ell_1}$$

ainsi

$$\|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \leq \frac{\sqrt{2} \delta_{2S}}{(1 - \delta_{2S})} \frac{1}{\sqrt{S}} \|\mathbf{h}_{t_0^c}\|_{\ell_1} \quad (\text{B. 23})$$

or (B. 9) donne

$$\|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} \leq \sqrt{S} \|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_2}$$

et par suite

$$\|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} \leq \sqrt{S} \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}$$

ainsi

$$\|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} \leq \frac{\sqrt{2} \delta_{2S}}{(1 - \delta_{2S})} \|\mathbf{h}_{t_0^c}\|_{\ell_1} = \rho' \|\mathbf{h}_{t_0^c}\|_{\ell_1}$$

avec

$$\rho' = \frac{\sqrt{2} \delta_{2S}}{(1 - \delta_{2S})}$$

Si $\rho' < 1$, la relation (B.6) sera vérifiée.

$$\rho' < 1 \Rightarrow \sqrt{2} \delta_{2S} \leq (1 - \delta_{2S})$$

et par suite

$$\delta_{2S} < \sqrt{2} - 1$$

Ce qui termine la démonstration de (B.2a) (1^{ère} partie du théorème 1.5).

- **Les constantes du théorème 1.5**

On rappelle que $\mathbf{h} = \hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}$ et

$$\|\mathbf{h}_{T_0}\|_{\ell_1} \leq \rho' \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1}$$

implique (voir (B.8)):

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_1} \leq \frac{2(1 + \rho')}{(1 - \rho')} \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_s\|_{\ell_1} \quad (B.24)$$

et comme

$$\rho' = \frac{\sqrt{2} \delta_{2S}}{(1 - \delta_{2S})}$$

$$\frac{1 + \rho'}{1 - \rho'} = \frac{1 + \frac{\sqrt{2} \delta_{2S}}{(1 - \delta_{2S})}}{1 - \frac{\sqrt{2} \delta_{2S}}{(1 - \delta_{2S})}} = \frac{1 - \delta_{2S} + \sqrt{2} \delta_{2S}}{1 - \delta_{2S} - \sqrt{2} \delta_{2S}} = \frac{1 + (\sqrt{2} - 1)\delta_{2S}}{1 - (\sqrt{2} + 1)\delta_{2S}}$$

on obtient alors :

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_1} \leq \frac{1 + (\sqrt{2} - 1)\delta_{2S}}{1 - (\sqrt{2} + 1)\delta_{2S}} \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_s\|_{\ell_1}$$

Pour un $\delta_{2S} = \frac{1}{4}$ par exemple, (i.e. les valeurs propres de \mathbf{A} sont entre $\frac{3}{4}$ et $\frac{5}{4}$), on trouve

$$\|\hat{\mathbf{x}} - \mathbf{x}\|_{\ell_1} \leq 5.5 \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_s\|_{\ell_1}$$

Les constantes sont pratiquement acceptables.

- **En ce qui concerne la norme ℓ_2 , (B.2b)**

Si on s'intéresse à la norme ℓ_2 , on peut procéder de la manière suivante. Ayant déjà majoré la valeur de $\|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2}$ dans (B.23), il reste à contrôler $\|\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_2}$. Pour $(T_0)^c$, on possède l'inégalité suivante concernant la $k^{\text{ième}}$ plus grande coordonnée, en valeur absolue, de $\mathbf{h}_{T_0^c}$:

$$\left| (\mathbf{h}_{T_0^c})_k \right| \leq \frac{\|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1}}{k}$$

par suite

$$\|\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_2}^2 = h_{2S+1}^2 + h_{2S+2}^2 + h_{2S+3}^2 + \dots$$

et

$$\|\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_2}^2 \leq \frac{1}{(2S+1)^2} \|\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_1}^2 + \frac{1}{(2S+2)^2} \|\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_1}^2 + \frac{1}{(2S+3)^2} \|\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_1}^2 + \dots$$

ainsi

$$\begin{aligned} \|\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_2}^2 &\leq \|\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_1}^2 \sum_{k=2S+1}^n \frac{1}{k^2} \leq \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1}^2 \sum_{k=S+1}^n \frac{1}{k^2} \\ \|\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_2}^2 &\leq \frac{1}{S} \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1}^2 \\ \|\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_2} &\leq \frac{1}{\sqrt{S}} \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \end{aligned}$$

Et (B.23) donne

$$\|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} \leq \frac{\sqrt{2} \delta_{2S}}{(1 - \delta_{2S})} \frac{1}{\sqrt{S}} \|\mathbf{h}_{t_0^c}\|_{\ell_1} = \rho' \frac{1}{\sqrt{S}} \|\mathbf{h}_{t_0^c}\|_{\ell_1}$$

L'inégalité triangulaire donne

$$\begin{aligned} \|\mathbf{h}\|_{\ell_2} &\leq \|\mathbf{h}_{T_0 \cup T_1}\|_{\ell_2} + \|\mathbf{h}_{(T_0 \cup T_1)^c}\|_{\ell_2} \\ \|\mathbf{h}\|_{\ell_2} &\leq \rho' \frac{1}{\sqrt{S}} \|\mathbf{h}_{t_0^c}\|_{\ell_1} + \frac{1}{\sqrt{S}} \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \\ \|\mathbf{h}\|_{\ell_2} &\leq (1 + \rho') \frac{1}{\sqrt{S}} \|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \end{aligned}$$

En se servant de la relation (B.7), on obtient

$$\|\mathbf{h}_{T_0^c}\|_{\ell_1} \leq \frac{2}{(1 - \rho')} \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_s\|_{\ell_1}$$

et par suite

$$\|\mathbf{h}\|_{\ell_2} \leq \frac{2(1 + \rho')}{(1 - \rho')} \frac{\|\mathbf{x} - \mathbf{x}_s\|_{\ell_1}}{\sqrt{S}}$$

Ce qui termine la démonstration de (B.2b) (2^{ème} partie du théorème 1.5).

Bibliographie

- [1] **E. Candès, J. Romberg, and T. Tao**, “Robust uncertainty principles: Exact signal reconstruction from highly incomplete frequency information,” *IEEE Trans. Inform. Theory*, vol. 52, no. 2, pp. 489–509, Feb. 2006
- [2] **E. Candès and T. Tao**, “Decoding by linear programming,” *IEEE Trans. Inf. Theory*, vol. 51, no. 12, pp. 4203–4215, 2005.
- [3] **D. Donoho**, “Compressed sensing,” *IEEE Trans. Inform. Theory*, vol. 52, no. 4, pp. 1289–1306, Apr. 2006.
- [4] **S. Kim and T. Szyperski**, “GFT NMR, a new approach to rapidly obtain precise high-dimensional NMR spectral information,” *Journal of the American Chemical Society*, vol. 125, no. 5, pp. 1385–1393, 2003.
- [5] **A. Stern, K. Li and J. Hoch**, “Modern spectrum analysis in multidimensional NMR spectroscopy: comparison of linear-prediction extrapolation and maximum-entropy reconstruction,” *Journal of the American Chemical Society*, vol. 124, pp. 1982–1993, 2002.
- [6] **J. Hoch**, “Maximum entropy signal processing of two-dimensional NMR data,” *J. Magn. Reson.*, vol. 64, pp.436-440, 1985.
- [7] **E. Kupce and R. Freeman**, “Frequency-domain Hadamard spectroscopy,” *J. Magn. Reson.*, vol. 162, pp.158-165, 2003.
- [8] **E. Kupce and R. Freeman**, “Two-dimensional Hadamard spectroscopy,” *J. Magn. Reson.*, vol. 162, pp. 300-310, 2003.
- [9] **E. Kupce and R. Freeman**, “Fast multidimensional NMR: radial sampling of evolution space,” *J. Magn. Reson.*, vol. 173, pp. 317-321, 2005.
- [10] **W. Dreher and D. Leibfritz**, “Fast proton spectroscopic imaging with high signal-to-noise ratio: spectroscopic RARE,” *Magn. Reson. Med.*, vol. 47, pp. 523–528, 2002.
- [11] **E. Adalsteinsson, P. Irarrazabal, S. Topp, C. Meyer, A. Macovski and D. Spielman**, “Volumetric spectroscopic imaging with spiral-based k-space trajectories,” *Magn. Reson. Med.*, vol. 39, pp. 889–898, 1998.
- [12] **W. Dreher, C. Geppert, M. Althaus and D. Leibfritz**, “Fast proton spectroscopic imaging using steady-state free precession methods,” *Magn. Reson. Med.*, vol. 50, pp. 453–460, 2003.
- [13] **C.E. Shannon**, “Communication in the Presence of Noise,” *Proc. IRE*, vol. 37, no.1, pp. 10 - 21, January 1949.
- [14] **E. Candès and T. Tao**, “Near optimal signal recovery from random projections: Universal encoding strategies?,” *IEEE Trans. Inform. Theory*, vol. 52, no. 12, pp. 5406–5425, Dec. 2006.
- [15] **A. Cohen, R. DeVore, and W. Dahmen**, “Compressed sensing and best k-term approximation,” *J. Amer. Math. Soc.*, 22, pp. 211–231, 2009.
- [16] **E. Candès**, “The restricted isometry property and its implications for compressed sensing,” *C. R. Acad. Sci. Paris, Ser. I*, vol. 346, pp. 589–592, 2008
- [17] **D. Donoho**, “For most large underdetermined systems of linear equations the minimal ℓ_1 -norm solution is also the sparsest solution,” *Comm. Pure and Applied Math.*, vol. 59, no. 6, pp. 797–829, 2006.

- [18] **E. Candès and M. Wakin**, “People hearing without listening: an introduction to compressive sampling,” *IEEE Signal Processing Magazine*, vol. 25, no. 2, pp. 21-30, 2008.
- [19] **D.S. Taubman and M. W. Marcellin**, *JPEG 2000: Image Compression Fundamentals, Standards and Practice*. Norwell, MA: Kluwer, 2001.
- [20] **D.L. Donoho and X. Huo**, “Uncertainty principles and ideal atomic decomposition,” *IEEE Trans. Inform. Theory*, vol. 47, no. 7, pp. 2845–2862, Nov. 2001.
- [21] **E. Candès and J. Romberg**, “Sparsity and incoherence in compressive sampling,” *Inverse Prob.*, vol. 23, no. 3, pp. 969–985, 2007.
- [22] **R. Coifman, F. Geshwind, and Y. Meyer**. “Noiselets.” *Appl. Comput. Harmon. Anal.*, 10(1), pp. 27–44, 2001
- [23] **S. Mallat and Z. Zhang**, “Matching pursuits with time-frequency dictionaries,” *IEEE Trans. Signal Process.*, vol. 41, no. 12, pp. 3397–3415, Dec. 1993.
- [24] **J. Tropp**, “Greed is good: Algorithmic results for sparse approximation,” *IEEE Trans. Inf. Theory*, vol. 50, no. 10, pp. 2231–2242, 2004.
- [25] **J. Tropp and A. Gilbert**, “Signal recovery from random measurements via orthogonal matching pursuit,” *IEEE Trans. Inf. Theory*, vol. 53, no. 12, pp. 4655–4666, 2007.
- [26] **E. Candès, Y. Plan**, “A Probabilistic and RIPless Theory of Compressed Sensing,” *IEEE Trans. Inf. Theory*, vol. 57, no. 11, pp. 7235 – 7254, November 2011.
- [27] **E. Candès**, University of Cambridge, Isaac Newton Institute for Mathematical Sciences, LMS - Invited Lecturer Series 2011, 21-25 March 2011. Available Online: <http://sms.cam.ac.uk/collection/1117766>.
- [28] **D. Takhar, V. Bansal, M. Wakin, M. Duarte, D. Baron, K.F. Kelly, and R. Baraniuk**, “A compressed sensing camera: New theory and an implementation using digital micromirrors,” in *Proc. Comp. Imaging IV SPIE Electronic Imaging*, San Jose, CA, 2006
- [29] **M. Duarte, M. Davenport, D. Takbar, J. Laska, T. Sun, K. Kelly, and R. Baraniuk**, “Single-Pixel Imaging via Compressive Sampling [Building simpler, smaller, and less-expensive digital cameras],” *IEEE Signal Processing Magazine*, vol. 25, no. 2, pp. 83–91, March 2008.
- [30] **P. Feng and Y. Bresler**, “Spectrum-blind minimum-rate sampling and reconstruction of multiband signals,” in *Proc. IEEE Int. Conf. Acoustics Speech Signal Processing*, Atlanta, GA, vol. 2, pp. 1689–1692, 1996.
- [31] **M. Vetterli, P. Marziliano, and T. Blu**, “Sampling signals with finite rate of innovation,” *IEEE Trans. Signal Processing*, vol. 50, no. 6, pp. 1417-1428, June 2002.
- [32] **A. Gilbert, S. Muthukrishnan, and M. Strauss**, “Improved time bounds for near-optimal sparse Fourier representation,” in *Proc. Wavelets XI SPIE Optics Photonics*, San Diego, CA, 2005.
- [33] **D.L. Donoho and P.B. Stark**, “Uncertainty principles and signal recovery,” *SIAM J. Appl. Math.*, vol. 49, no. 3, pp. 906–931, 1989.
- [34] **R. Tibshirani**, Regression shrinkage and selection via the lasso. *Journal of the Royal Statistical Society Series B*, vol. 58, issue 1, pp. 267-288, 1996.
- [35] **P. Bickel, Y. Ritov, and A. Tsybakov**, “Simultaneous analysis of Lasso and Dantzig selector,” *Ann. Statist.*, vol 37, issue 4, pp. 1705-1732, 2009.

- [36] **A. Gilbert and P. Indyk**, "Sparse recovery using sparse matrices." *Proc. IEEE*, vol. 98, issue 6, pp. 937-947, 2010.
- [37] **S. A. van de Geer and P. Bühlmann**, "On the conditions used to prove oracle results for the Lasso," *Electron. J. Stat.*, vol. 3, pp. 1360-1392, 2009.
- [38] **E. Candès and T. Tao**, "The Dantzig selector: Statistical estimation when p is much larger than n ," *Ann. Statist.*, 35(6), pp. 2313-2351, 2007.
- [39] **E. Candès, J. Romberg, and T. Tao**, "Stable signal recovery from incomplete and inaccurate measurements," *Comm. Pure Appl. Math.*, vol. 59, no. 8, pp. 1207–1223, Aug. 2006.
- [40] **E. Candès**, "Lectures on compressive sampling and frontiers in signal processing," The Institute for Mathematics and its Applications. University of Minnesota, June 2007. Available Online: <http://www.ima.umn.edu/2006-2007/ND6.4-15.07/abstracts.html>.
- [41] **M. Rudelson and R. Vershynin**, "On sparse reconstruction from Fourier and Gaussian measurements," *Communications on Pure and Applied Mathematics*, vol. 61, no. 8, pp. 1025–1045, 2008.
- [42] **R. Baraniuk, M. Davenport, R. DeVore, and M. Wakin**, "A simple proof of the restricted isometry property for random matrices," *Construct. Approx.*, vol. 28, pp. 253-263, 2008.
- [43] **[0] J. Tropp and S. Wright**, "Computational methods for sparse solution of linear inverse problems," *Proc. IEEE*, vol. 98, no. 6, pp. 948-958, 2010.
- [44] **[1] G. H. Mohimani, M. Babaie-Zadeh, and C. Jutten**, "Fast sparse representation based on smoothed l_0 norm," in *Proc. 7th Int. Conf. Independent Component Analysis and Signal Separation (ICA)*, London, U.K., pp. 389–396, Sep. 2007.
- [45] **D. Donoho, Y. Tsaig, I. Drori and J.-L. Starck**, "Sparse solution of underdetermined linear equations by stagewise orthogonal matching pursuit," *Tech. Report 06-02, Dept. of Statistics, Stanford Univ.*, 2006.
- [46] **D. Needell and R. Vershynin**, "Signal recovery from incomplete and inaccurate measurements via regularized orthogonal matching pursuit," *IEEE Selected Topics in Signal Processing*, vol. 4, no. 2, pp. 310-316, 2010.
- [47] **D. Needell and J. A. Tropp**, "CoSaMP: Iterative signal recovery from incomplete and inaccurate samples," *Appl. Comp. Harmonic Anal.*, vol. 26, pp. 301-321, 2008.
- [48] **W. Dai and O. Milenkovic**. "Subspace pursuit for compressive sensing: Closing the gap between performance and complexity," *IEEE Trans. Inf. Theory*, vol. 55, no. 5, pp. 2230-2249, 2009.
- [49] **R. G. Baraniuk, V. Cevher, M. F. Duarte, and C. Hegde**, "Model-based compressive sensing," *IEEE Trans. Inf. Theory*, vol. 56, no. 4, pp. 1982–2001, 2010.
- [50] **G. H. Mohimani, M. Babaie-Zadeh, and C. Jutten**, "Complex-valued sparse representation based on smoothed l_0 norm," in *Proc. Int. Conf. Acoustics, Speech, Signal Processing (ICASSP)*, Las Vegas, NV, pp. 3881–3884, Apr. 2008.
- [51] **A. Eftekhari, M. Babaie-Zadeh, C. Jutten and H.A. Moghaddam**, "Robust- SL_0 for stable sparse representation in noisy settings," IEEE International Conference on Acoustics, Speech and Signal Processing, 2009, pp.3433-3436, 19-24 April 2009.
- [52] **G. H. Mohimani, M. Babaie-Zadeh, and M. Jutten**, "A fast approach for overcomplete sparse decomposition based on smoothed l_0 norm," *IEEE Trans. Signal Process.*, vol. 57, no. 1, pp. 289–301, Jan. 2009.

- [53] **D. Baron, M.B. Wakin, M.F. Duarte, S. Sarvotham, and R.G. Baraniuk**, “Distributed compressed sensing,” *CoRR*, vol. abs/0901.3403, 2009.
- [54] **A. Poglitsch et al.**, “The Photodetector Array Camera and Spectrometer (PACS) on the Herschel Space Observatory,” *Astronomy and Astrophysics*, Volume 518, id. L2, July 2010.
- [55] **M. Lustig, D. L. Donoho, and J. M. Pauly**, “Rapid MR imaging with compressed sensing and randomly under-sampled 3DFT trajectories,” in *Proc. 14th Ann. Mtg. ISMRM*, May 2006.
- [56] **S. Hu, M. Lustig, A. P. Chen, J. Crane, A. Kerr, D. A.C. Kelley, R. Hurd, J. Kurhanewicz, S. J. Nelson, J. M. Pauly, and D. B. Vigneron**, “Compressed Sensing for Resolution Enhancement of Hyperpolarized ^{13}C Flyback 3D-MRSI,” *Journal of Magnetic Resonance*, 192(2), pp. 258-264, 2008.
- [57] **M. Lustig, D. L. Donoho, J. M. Santos, and J. M. Pauly**, “Compressed Sensing MRI, A look at how CS can improve on current imaging techniques”, *IEEE Signal Processing Magazine*, pp. 72 – 82, March 2008.
- [58] **D. Merhej, C. Diab, M. Khalil, and R. Prost**, "Embedding Prior Knowledge Within Compressed Sensing By Neural Networks", *IEEE Trans. on Neural Network*, vol.22, no.10, pp.1638-1649, Oct. 2011.
- [59] **S. Haykin**, *Neural Networks: A Comprehensive Foundation*, 2nd edition, Prentice -Hall, 1999.
- [60] **K. Hornik, M. Stinchcombe, and H.White**, Multilayer feedforward networks are universal approximators, *Neural Networks*, vol. 2, no. 5, pp. 359–366, 1989.
- [61] **M. Stinchcombe and H. White**, “Universal approximation using feedforward networks with non-sigmoid hidden layer activation functions,” in *IJCNN Proc. I*, pp. 613-617, 1989.
- [62] **M. Leshno, V. Y. Lin, A. Pinkus, and S. Schocken**, “Multilayer feedforward networks with a nonpolynomial activation function can approximate any function,” *Neural Networks*, vol. 6, pp. 861-867, 1993.
- [63] **G. Monaci, P. Vandergheynst, and F. Sommer**, "Learning Bimodal Structure in Audio–Visual Data," *IEEE Trans. Neural Networks*, vol.20, no.12, pp.1898-1910, Dec. 2009.
- [64] **Robert D. Dony and Simon Haykin**, "Neural Network Approaches to Image Compression," *Proceedings of the IEEE*, Vol. 83, no. 2, pp. 288 – 303, Feb. 1995.
- [65] **D.L. Donoho et al.**, "SparseLab", Available: <http://sparselab.stanford.edu>
- [66] **A. Bruckstein, M. Elad, and M. Zibulevsky**, “On the uniqueness of nonnegative sparse solutions to underdetermined systems of equations,” *IEEE Trans. Inf. Theory*, vol. 54, no. 11, pp. 4813– 4820, Nov. 2008.
- [67] **M. Grant and S. Boyd**, CVX: Matlab software for disciplined convex programming, version 1.21. <http://cvxr.com/cvx>, July 2010.
- [68] **David L. Donoho, Jared Tanner**, “Precise undersampling theorems,” *Proceedings of the IEEE*, vol. 98, no. 6, pp. 913-924, June 2010.
- [69] **T. Blumensath and M. E. Davies**, "Gradient Pursuit for Non-Linear Sparse Signal Modelling", *European Signal Processing Conference (EUSIPCO)*, Lausanne, Switzerland, August 25-29, 2008.

- [70] **T. Blumensath**, "Compressed Sensing with Nonlinear Observations," *preprint*, 2010, Download preprint http://users.fmrib.ox.ac.uk/~tblumens/papers/B_Nonlinear.pdf
- [71] **Z.P. Liang, P. Lauterbur**, "Principles of Magnetic Resonance Imaging: A Signal Processing Perspective," *IEEE press /John Wiley*, ISBN: 0-7803-4723-4, 2000.
- [72] **A. Abragam**, "Principles of Nuclear Magnetism," *Oxford university press*, New York, 1989.
- [73] **M. Levitt**, "Spin Dynamics, Basics of Nuclear Magnetic Resonance," *Second edition, John Wiley*, ISBN: 978-0-470-51118-3, March 2008.
- [74] **P. Callaghan**, "Principles of nuclear magnetic resonance microscopy," *Oxford University Press*, 1993.
- [75] **E. Haacke, R. Brown, M. Thompson, and R. Venkatesan**, "Magnetic Resonance Imaging, Physical Principles and Sequence Design," *Wiley-Liss*, 1999.
- [76] **GORTER C.J.**, Negative results of an attempt to detect nuclear magnetic spins, *Physica*, vol. 3, pp. 995-98, 1936.
- [77] **F.Bolch, W. Hansen and M. Packard**, " Nuclear induction," *Phys. Rev.*, vol. 70, pp. 460-473,1946.
- [78] **E. Purcell, H. Torrey and C. Pound**, "Resonance absorption by nuclear magnetic moments in a solid," *Phys. Rev.*, vol. 69, pp. 37-38, 1946.
- [79] **P. Lauterbur**, "Image formation by induced local interactions: Examples employing nuclear magnetic resonance," vol. 242, pp. 190–191, 1973.
- [80] **E. Hahn**, "Spin echoes", *Phys. Rev.*, 80(4), pp. 580-594, 1950.
- [81] **W.A. Anderson and R.R. Ernst**, 'Impulse resonance spectrometer including a time averaging computer and a Fourier analyzer', US Patent No. 3.475.680, filed May 26, 1965, issued Oct. 28, 1969.
- [82] **F. Howe, R. Maxwell, D. Saunders, M. Brown, and J. Griffiths**, "Proton spectroscopy in vivo," *Magn. Reson.*, vol. 9, pp. 31–59, 1993.
- [83] **P. Van Zijl, P. Barker**, "Magnetic resonance spectroscopy and spectroscopic imaging for the study of brain metabolism," *Ann. N.Y. Acad. Sci.*, vol. 820, pp. 75–96, 1997.
- [84] **J. Hennig, H. Pfister, T. Ernst, D. Ott**, "Direct absolute quantification of metabolites in the human brain with in vivo localized proton spectroscopy," *NMR Biomed*, vol. 5, pp. 193–199, 1992.
- [85] **B. Ross, T. Michaelis**, "Clinical applications of magnetic resonance spectroscopy," *Magn. Reson.*, vol. 10, pp. 191–247, 1994.
- [86] **T. Michaelis, K. Merboldt, H. Bruhn, W. Hanicke, J. Frahm**, "Absolute concentrations of metabolites in the adult human brain in vivo: quantification of localized proton MR spectra," *Radiology*, vol. 187, pp. 219–227, 1993.
- [87] **M. Gyngell, J. Ellermann, T. Michaelis, W. Hanicke, K. Merboldt, H. Bruhn, J. Frahm**, "Non-invasive ¹H NMR spectroscopy of the rat brain in vivo using a short echo time STEAM localization sequence," *NMR Biomed.*, vol. 4, pp. 150–156, 1991.
- [88] **P. Bottomley**, "Spatial localization in NMR spectroscopy in vivo," *Ann. N.Y. Acad. Sci.*, vol. 508, pp. 333–348, 1987.
- [89] **J. Frahm, K. Merboldt, W. Hänicke**, "Localized proton spectroscopy using stimulated echoes," *J. Magn. Reson.*, vol. 72, pp.502–508, 1987.

- [90] **A. Maudsley, S.K. Hilal, W.H. Perman, and H. Simon**, "Spatial resolved High resolution spectroscopy by "four dimensional" NMR," *J. Magn. Reson.*, vol. 51, pp. 147–152, 1983.
- [91] **I. Pykett and B. Rosen**, "Nuclear Magnetic Resonance: in vivo proton chemical shift imaging," *Radiology*, vol. 149, pp. 197–201, 1983.
- [92] **J. Miller and A. Garroway**, "Removal of static field inhomogeneity and chemical shift effects in NMR imaging," *J. Magn. Reson.*, vol. 67, pp. 575–579, 1986.
- [93] **D. Merhej, H. Ratiney, C. Diab, M. Khalil, and R. Prost**, "Undersampled MRSI k-space for spectra with limited support," *ISMRM 2011*, #2854.
- [94] **D. Merhej, H. Ratiney, C. Diab, M. Khalil, and R. Prost**, " Undersampling for fast multidimensional spectroscopy with sparse frequency domain," *ESMRMB 2011*, #247.
- [95] **D. Merhej, H. Ratiney, C. Diab, M. Khalil, and R. Prost**, " Fast multidimensional spectroscopy for sparse spectra," *NMR in Biomedicine*, submitted.
- [96] **R. Ernst, G. Bodenhausen, and A. Wokaun**, "Principles of Nuclear Magnetic Resonance in One and Two Dimensions," *Clarendon Press*, Oxford, 1987.
- [97] **S. Kim and T. Szyperski**, "GFT NMR, a new approach to rapidly obtain precise high-dimensional NMR spectral information," *Journal of the American Chemical Society*, vol. 125, no. 5, pp. 1385–1393, 2003.
- [98] **M. Lustig, S. Hu, D. Vigneron and J. M Pauly**, "Blip design for random sampling compressed sensing of flyback 3D-MRSI with application to Hyperpolarized ^{13}C ," US patent 7.659.718, 2010.
- [99] **Y. Gao and S. J. Reeves**, "Optimal k-space sampling in MRSI for images with a limited region of support," *IEEE Trans. Med. Imag.*, vol. 19, pp. 1168–1178, Dec. 2000.
- [100] **J. Reeves and L. P. Heck**, "Selection of observations in signal reconstruction," *IEEE Trans. Signal Processing*, vol. 43, pp. 788–791, Mar.1995.
- [101] **S. J. Reeves**, "Selection of k-space samples in localized spectroscopy of arbitrary volumes of interest," *J. Magn. Reson. Imaging*, vol. 5, pp. 245–247, Mar./Apr. 1995.
- [102] **S. J. Reeves and Z. Zhao**, "Sequential algorithms for observation selection," *IEEE Trans. Signal Processing*, vol. 47, pp. 123–132, Jan. 1999.
- [103] **S. J. Reeves and L. P. Heck**, "Selection of observations in signal reconstruction," in *Proc. 1998 IEEE Int. Conf. Acoustics, Speech, and Signal Processing*, vol. 3, pp. 444–447.
- [104] **P. Larson, S. Hu, M. Lustig, A. Kerr, S. Nelson, J. Kurhanewicz, J. Pauly and D.Vigneron**, "3D Dynamic MRSI for Hyperpolarized ^{13}C with Compressed Sensing and Multiband Excitation Pulses," in: *Proceedings of the 17th Annual Meeting of the ISMRM, Honolulu, Hawaii, USA*, p.257, 2009.
- [105] **P. Larson, S. Hu, M. Lustig, A. Kerr, S. Nelson, J. Kurhanewicz, J. Pauly and D.Vigneron**, "Fast Dynamic 3D MR Spectroscopic Imaging with Compressed Sensing and Multiband Excitation Pulses for Hyperpolarized ^{13}C Studies," *Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 65, no. 3, pp. 610–619, March 2011.
- [106] **S. Smith, T. Levante, B. Meier, and R. Ernst**, "Computer Simulations in Magnetic Resonance. An Object Oriented Programming Approach," *J. Magn. Reson.*, 106a, pp.75-105,1994.

- [107] **H. Ratiney, S. Noworolski, M. Sdika, R. Srinivasan, R. Henry, S. Nelson, and D. Pelletier**, "Estimation of metabolite T1 relaxation times using tissue specific analysis, signal averaging and bootstrapping from magnetic resonance spectroscopic imaging data." *Magn. Reson. Mater. Phy. Biol. Med.*, 20(3), pp.143-155, 2007.
- [108] **E. van den Berg, et al.**, "Sparco: A testing framework for sparse reconstruction," Tech.Rep. No TR-2007-20, Univ. of British Columbia, 2007, <http://www.cs.ubc.ca/labs/scl/sparco/>.
- [109] **H. Ratiney, M. Sdika, Y. Coenradie, S. Cavassila, D. van Ormondt, and D. Graveron-Demilly**, "Time-domain semi-parametric estimation based on a metabolite basis set," *NMR Biomedicine*, 18, pp.1-13, 2005.
- [110] **H. Ratiney, M. Albers, H. Rabeson, and J. Kurhanewicz**, "Semi-parametric time-domain quantification of HR-MAS data from prostate tissue," *NMR in Biomedicine*, vol. 23, no. 10, pp. 1146-1157, December 2010.

Publications

- **Journaux avec comité de lecture:**

- [1] **D. Merhej, C. Diab, M. Khalil, and R. Prost**, "Embedding Prior Knowledge Within Compressed Sensing By Neural Networks", *IEEE Trans. on Neural Network*, vol.22, no.10, pp.1638-1649, Oct. 2011.
- [2] **D. Merhej, H. Ratiney, C. Diab, M. Khalil, and R. Prost**, " Fast multidimensional spectroscopy for sparse spectra," *NMR in Biomedicine*, soumis.

- **Conférences avec comité de lecture et comptes-rendus**

- [3] **D. Merhej, H. Ratiney, C. Diab, M. Khalil, and R. Prost**, "Undersampled MRSI k-space for spectra with limited support," *ISMRM 2011*, #2854, Montreal, Canada, May 2011.
- [4] **D. Merhej, H. Ratiney, C. Diab, M. Khalil, and R. Prost**, " Undersampling for fast multidimensional spectroscopy with sparse frequency domain," *ESMRMB 2011*, #247, Leipzig, Germany, Oct. 2011. (Oral)

FOLIO ADMINISTRATIF

THÈSE SOUTENUE DEVANT L'INSTITUT NATIONAL DES SCIENCES APPLIQUÉES DE LYON

NOM : MERHEJ	DATE DE SOUTENANCE : 10 Février 2012
PRÉNOM : Dany	
TITRE : Intégration de connaissances a priori dans la reconstruction des signaux parcimonieux. Cas particulier de la spectroscopie RMN multidimensionnelle	
NATURE : Doctorat	NUMÉRO D'ORDRE :
FORMATION DOCTORALE : EEA	
Spécialité : Images et Systèmes	
RÉSUMÉ : Les travaux de cette thèse concernent la conception d'outils algorithmiques permettant l'intégration de connaissances a priori dans la reconstruction de signaux parcimonieux. Le but étant principalement d'améliorer la reconstruction de ces signaux à partir d'un ensemble de mesures largement inférieur à ce que prédit le célèbre théorème de Shannon-Nyquist. Dans une première partie nous proposons, dans le contexte de la nouvelle théorie du « compressed sensing » (CS), l'algorithme NNOMP (Neural Network Orthogonal Matching Pursuit), qui est une version modifiée de l'algorithme OMP dans laquelle nous avons remplacé l'étape de corrélation par un réseau de neurones avec un entraînement adapté. Le but est de mieux reconstruire les signaux parcimonieux possédant des structures supplémentaires, <i>i.e.</i> appartenant à un modèle de signaux parcimonieux particulier. Pour la validation expérimentale de NNOMP, trois modèles simulés de signaux parcimonieux à structures supplémentaires ont été considérés, ainsi qu'une application pratique dans un arrangement similaire au « <i>single pixel imaging</i> ». Dans une deuxième partie, nous proposons une nouvelle méthode de sous-échantillonnage en spectroscopie RMN multidimensionnelle (y compris l'imagerie spectroscopique RMN), lorsque les spectres des acquisitions correspondantes de dimension inférieure, <i>e.g.</i> monodimensionnelle, sont intrinsèquement parcimonieux. Dans cette méthode, on modélise le processus d'acquisition des données et de reconstruction des spectres multidimensionnels, par un système d'équations linéaires. On utilise ensuite des connaissances a priori, sur les emplacements non nuls dans les spectres multidimensionnels, pour enlever la sous-détermination induite par le sous échantillonnage des données. Ces connaissances a priori sont obtenues à partir des spectres des acquisitions de dimension inférieure, <i>e.g.</i> monodimensionnelle. Le sous-échantillonnage acceptable est d'autant plus important que ces spectres monodimensionnels sont parcimonieux. La méthode proposée est évaluée sur des données synthétiques et expérimentales <i>in vitro</i> et <i>in vivo</i> .	
MOTS-CLÉS : Parcimonie, compressed sensing, orthogonal matching pursuit, réseaux de neurones, spectroscopie RMN multidimensionnelle, sous-échantillonnage.	
LABORATOIRE DE RECHERCHES : Centre de Recherche et d'Applications en Traitement de l'Image et du Signal (CREATIS), UMR CNRS 5220, Inserm U1044, INSA-Lyon, Université Claude Bernard Lyon I.	
DIRECTEURS DE THÈSE : Rémy Prost (CREATIS, INSA-Lyon), Mohamad Khalil (EDST, FG, Université Libanaise)	
PRÉSIDENT DU JURY :	
COMPOSITION DU JURY : Christian Jutten (Rapporteur), Bassam El Daya (Rapporteur), Hélène Ratiney, Hervé Saint-Jalmes, Denis Kouamé, Denis Friboulet, Chaouki Diab (Co-encadrant de thèse), Mohamad Khalil (Co-directeur de thèse), Rémy Prost (Co-directeur de thèse)	