



Université Claude Bernard



## DIPLÔME NATIONAL DE DOCTORAT

(Arrêté du 25 mai 2016)

Date de la soutenance : **23 juin 2017**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **Inés MERIDA**

Titre de la thèse : « Développement et application d'une méthode de correction d'atténuation multi-atlas pour l'imagerie cérébrale avec l'IRM-TEP simultané »



### RÉSUMÉ DE THÈSE :

L'imagerie simultanée IRM-TEP ouvre de nouvelles perspectives pour l'exploration in vivo des fonctions cérébrales. Pour une quantification du signal de tomographie par émission de positons, il est indispensable de corriger l'atténuation tissulaire des photons. En l'absence de mesure tomodensitométrique en IRM-TEP, les cartes de radiodensité ne sont pas disponibles. Il est nécessaire de trouver une méthode fiable et exacte pour générer une carte d'atténuation du sujet à partir des données disponibles TEP ou IRM. Nous avons développé une technique qui génère une carte d'atténuation propre à un sujet par une approche multi-atlas (MaxProb). Cette approche utilise uniquement l'image IRM T1 du sujet, couramment acquise dans les protocoles cliniques et de recherche, ainsi qu'une base de données d'atlas.

L'évaluation de MaxProb montre de très bonnes performances, le biais de quantification de l'image TEP étant réduit à moins de 2%. Cette évaluation pratiquée sur une acquisition dynamique TEP a en outre montré qu'une carte d'atténuation imparfaite, combinée à une distribution spatiale inhomogène du traceur au cours du temps, peut produire un biais non-constant des cinétiques TEP. Cela impacte les paramètres biologiques estimés par modélisation sur les cinétiques TEP. La méthode MaxProb n'est cependant pas affectée par ce phénomène. MaxProb fournit une quantification fiable des paramètres physiologiques estimés par modélisation même lorsque le cervelet est utilisé comme région de référence. Notre évaluation a aussi porté sur la reproduction par simulation d'une étude réaliste d'imagerie TEP d'une décharge dynamique d'un neurotransmetteur. Par rapport à la méthode de correction d'atténuation standard (UTE), MaxProb améliore la sensibilité de détection des variations

physiologiques, même faibles. Ceci ouvre la voie à de nouveaux protocoles d'imagerie dynamique et simultanée en IRM-TEP, augmentant la puissance de détection, et réduisant les nombres de sujets nécessaires à la mise en évidence d'un phénomène neurophysiologique ou d'un dysfonctionnement physiopathologique.

## Abstract

Simultaneous PET-MR imaging brings new perspectives for understanding many aspects of brain function. To achieve PET-MR's full potential, accurate brain attenuation correction (AC) is required for absolute PET quantification. In PET-MR scanners, radiodensity maps are not directly available unlike in PET/CT, and the attenuation map has to be derived from the MR data (MRAC methods). In this thesis, I have developed a multi-atlas procedure that produces a subject-specific  $\mu$ -map for brain imaging (MaxProb) via multiple registrations of CT-MR atlas pairs to an MR target. The solution proposed only requires a T1-weighted MRI of the subject, commonly acquired in clinical and research protocols, and a CT-MR atlas database.

The MaxProb method permits generating pseudo-CT images for brain MRAC with high accuracy. Results obtained show very good performance of the method and a bias in reconstructed PET of less than 2%. I have also demonstrated for the first time that an inaccurate attenuation correction map, combined with inhomogeneous spatial tracer distribution as is regularly encountered in dynamic brain PET, can lead to a non-constant bias of the activity measure across time, and this can distort kinetic parameter estimation. MaxProb AC is not affected by this phenomenon. Accurate quantification is also achieved with MaxProb on physiological parameters estimated from kinetic modelling, even when cerebellum (surrounded by bone) is used as reference region: In a simulation study, I have shown that compared to a standard approach (UTE), MaxProb multi-atlas MRAC enhances sensitivity to detect physiological variations in binding parameters, opening the way for new dynamic PET studies on simultaneous PET-MR systems.