Optimisation de séquences MRF 3D : prise en compte de l'aimantation longitudinale initiale et du bruit de sous-échantillonnage

Constantin Slioussarenko[1], Benjamin Marty[1]

[1]*Laboratoire de RMN, Centre d'Exploration et d'Evaluation Neuromusculaire, Institut de Myologie, Paris, France*

Objectifs : La fraction de graisse intramusculaire (FF) et le T1 de l'eau ($T1_{H2O}$) ont un potentiel important pour l'évaluation des maladies neuromusculaires [1]. Ces variables peuvent être estimées conjointement par la méthode de MR *fingerprinting* (MRF) [2,3]. Les séquences MRF nécessitent généralement de longs temps de récupération entre les répétitions pour permettre à l'aimantation longitudinale de revenir à l'équilibre, ce qui limite leur implémentation en 3D. Nous introduisons ici un cadre théorique d'optimisation (*framework*) prenant en compte l'atteinte d'un équilibre de l'aimantation longitudinale après quelques répétitions, ainsi que le bruit de sous-échantillonnage inhérent à la méthode MRF. Celui-ci nous a permis d'optimiser les TE, les angles de bascule (FA) et le temps de récupération pour raccourcir la séquence MRF T1-FF et maintenir la qualité d'estimation des variables.

Matériels et Méthodes : Notre *framework* comporte 4 blocs : i) simulation de l'aimantation pour une séquence MRF avec impulsion d'inversion initiale et TE, FA et TR variables; ii) algorithme de *pattern matching*; iii) fonction de coût mesurant l'erreur sur l'estimation de $T1_{H2O}$ et FF par rapport aux valeurs théoriques ; iv) optimiseur (évolution différentielle [4]). Le bruit de sous-échantillonnage est pris en compte en simulant l'acquisition non-Cartésienne sur un fantôme numérique réaliste. Pour réduire la dimension du problème, l'évolution des FA est une fonction continûment différentiable de 8 paramètres, et les TE sont constants par morceaux. La séquence ainsi optimisée a été comparée à la séquence MRF T1-FF originale *in vivo* sur les cuisses d'un volontaire sain à 3T (Prisma^{Fit}, Siemens).

Résultats : Nous avons montré que l'aimantation longitudinale initiale atteint sa valeur d'équilibre, qui peut être calculée explicitement, après 2 à 3 répétitions. La séquence optimisée est plus rapide que la séquence originale (7.5s vs 10.9s par répétition). *In vivo*, la précision sur l'estimation des variables FF et $T1_{H2O}$ est conservée (Fig.1).

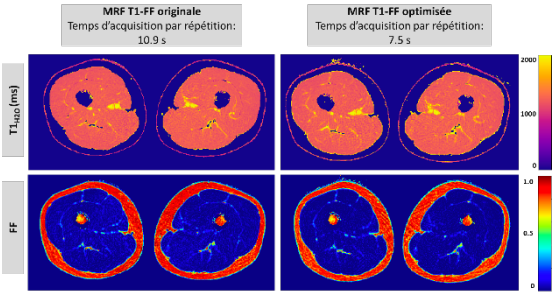

Figure 1 : Comparaison *in vivo* des cartographies de $T1_{H2O}$ et FF

Conclusion : Notre *framework* d'optimisation prenant en compte l'atteinte d'un état d'équilibre de l'aimantation longitudinale et le bruit de sous-échantillonnage nous a permis de générer une nouvelle séquence 30% plus rapide que la séquence MRF T1-FF d'origine tout en conservant la même précision sur l'estimation des variables.

Références : [1] Marty et al. Radiology (2021) [2] Ma et al. Nature (2013) [3] Marty et al. MRM (2020) [4] Storn et al. Journal of Global Optimization (1997)

Remerciements : Projet ANR-20-CE190004