Comparaisons de séquences accélérées avec de l'IRM de flux 4D conventionnelle et de la mécanique des fluides numérique (CFD)

Morgane Garreau[1,2], Thomas Puiseux[2,3], Solenn Toupin[4], Daniel Giese[5], Simon Mendez[1], Franck Nicoud[1], Ramiro Moreno[3,6]

[1]Université de Montpellier, CNRS, Montpellier, France, [2]Spin Up, ALARA Group, Strasbourg, France, [3]I2MC, INSERM/UPS UMR 1297, Toulouse, France, [4]Siemens Healthcare France, Saint-Denis, France, [5]Magnetic Resonance, Siemens Healthcare GmbH, Erlangen, Germany, [6]ALARA Expertise, ALARA Group, Strasbourg, France

Objectifs : Évaluer des marqueurs hémodynamiques obtenus par des séquences de flux 4D accélérées (GRAPPA R=3 et Compressed Sensing ; CS R=7.6 [1]) dans un contexte d'écoulement complexe [2].

Matériels et Méthodes : Les séquences accélérées, ainsi qu'une séquence non-accélérée, ont été acquises sur un fantôme de flux à parois rigide parcouru par un écoulement pulsé [3]. En complément, des simulations basées sur ces mesures expérimentales ont été réalisées avec le code YALES2BIO spécialisé dans la simulation numérique d'écoulements sanguins dans des géométries complexes [4]. Les champs de vitesse expérimentaux et simulés ont été comparés sur les quantités suivantes : profils de vitesse, débits et vitesses maximales.

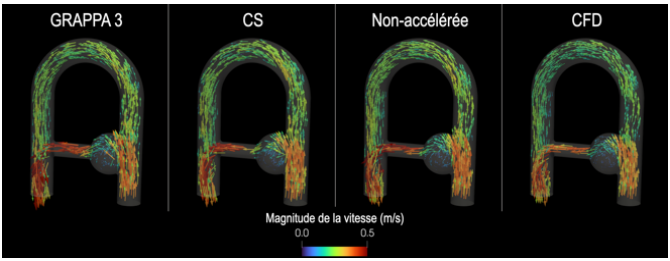


Figure 1 : Visualisation vectorielle des acquisitions IRM et de la simulation CFD à la systole.

Résultats : Des motifs hémodynamiques similaires ont été observés aussi bien pour les images expérimentales que pour la simulation numérique (Figure 1). Il a été noté une tendance à la surestimation des profils de vitesse et des vitesses maximales pour toutes les acquisitions IRM par rapport à la CFD, notamment dans les régions associées avec une forte vitesse et/ou accélération. La correction des courants de Foucault apparaît comme essentielle pour obtenir des débits préservant le principe de conservation de la masse. Avec cette correction, les débits calculés sont en bon accord entre les différentes modalités.

Conclusion : Les acquisitions accélérées ont montré de bonnes corrélations avec l'acquisition non-accélérée. Cependant, toutes les images souffrent d'artéfacts inhérents au protocole de contraste de phase. Bien que sensible aux paramètres de modélisation, la CFD est un outil intéressant pour évaluer ces différences.

Références : [1] Ma LE, Markl M, Chow K, et al. MRM 2019;81:3675-3690. [2] Garreau M, Puiseux T, Toupin S, et al. MRM 2022; 88: 2432- 2446. [3] Puiseux T, Sewonu A, Meyrignac O, et al. NMR Biomed 2019;32:e4063. [4] Mendez S and Nicoud F. https://imag.umontpellier.fr/~yales2bio/

Remerciements : Simulations avec YALES2BIO effectuées avec les ressources HPC du GENCI-CINES (A0080307194, A0100307194) et avec l'appui de la plateforme MESO@LR de l'Université de Montpellier.