

# EXTRACTION DE PARAMETRES PHYSIOLOGIQUES & DIAGNOSTIQUES

HISTORIQUE

TRACEURS EN IMAGERIE FONCTIONNELLE

SIGNAL PHYSIQUE → IMAGE MEDICALE

EXTRACTION DE PARAMETRES PHYSIOLOGIQUES & DIAGNOSTIQUES

UE optionnelle DFGSM : Imagerie métabolique et fonctionnelle  
14 mars 2013. 14h-18h. D. Mariano-Goulart

# PLAN DU COURS

## EXTRACTION DE PARAMETRES PHYSIOLOGIQUES & DIAGNOSTIQUES

- CINETIQUE DES TRACEURS
- SELECTION D'UNE REGION D'INTERET DANS UNE IMAGE
  - Segmentation, seuils, croissance de régions,
  - Quantification, méthodes dérivatives,
  - Ligne de partage des eaux.
- EXTRACTION DE PARAMETRES PHYSIOLOGIQUES A PARTIR DE MODELES PHARMACOCINETIQUES ET STATISTIQUES
  - SPM, Temps de transit intra-rénal,
  - Modèle pharmacocinétique en TEP au 18FDG
  - IRM fonctionnelle, Neurologie isotopique.

# SEGMENTATION



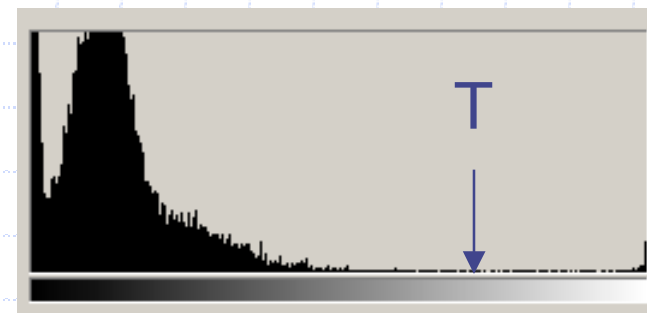
- ◆ Partition d'une image en régions d'intérêt (ROI)
- ◆ Première étape d'une analyse d'image
  - Extraction d'une mesure physique dans une ROI
- ◆ Quantification morphologique ou fonctionnelle

# METHODES DE SEGMENTATION

- ◆ Seuillages
- ◆ Croissance de régions
- ◆ Recherches de frontières entre objets
  - Méthodes dérivatives
  - Méthodes morphologiques (gradients, LPE)
- ◆ Autres
  - Champs de Markov, réseaux de neurones, regroupement de pixels, étiquetage par analogie à des modèles, modèles déformables, atlas, analyse d'une évolution temporelle (ventriculographie, scintigraphie rénale...)

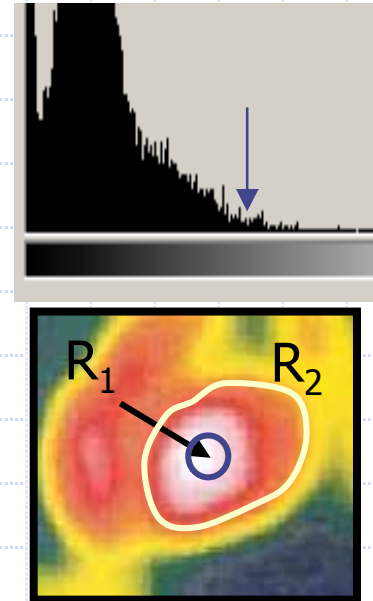
# SEUILLAGE

- ◆ Définition d'un seuil  $T$  sur l'image ou l'histogramme
- ◆ Sélection des pixels de niveau supérieurs ou inférieurs à  $T$



# CHOIX DU SEUIL

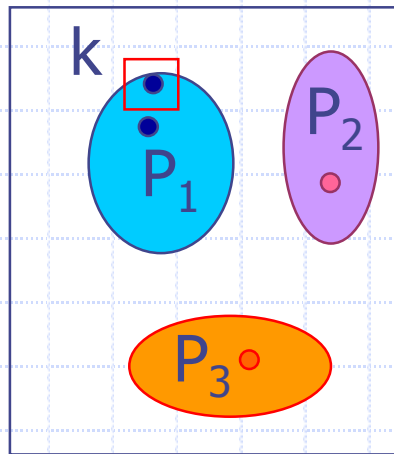
- ◆ Minimum de l'histogramme
- ◆ % d'un extrema de l'image
- ◆ Automatique:
  - ◆ Initialisation de T
  - ◆  $R_1 = \{(i,j) / S(i,j) > T\}$  et  $R_2 = \{(i,j) / S(i,j) \leq T\}$
  - ◆  $M_1 = \text{Moyenne}_{R_1} S(i,j)$  et  $M_2 = \text{Moyenne}_{R_2} S(i,j)$
  - ◆  $T = (M_1 + M_2) / 2$  tant que  $M_1$  ou  $M_2$  change
- ◆ Optimisation d'une fonctionnelle



# SEUILLAGE PAR HYSTERESIS

- ◆ Définition d'un seuil haut  $S_h$  et d'un seuil bas  $S_b$
- ◆ Seuillage haut:  $R' = \{ (i,j) / S(i,j) > S_h \}$
- ◆  $R'' = \{ (i,j) / S(i,j) > S_b$   
et  $(i,j)$  connexe à  $(i',j') \in R' \}$
- ◆  $R = R' \cup R''$

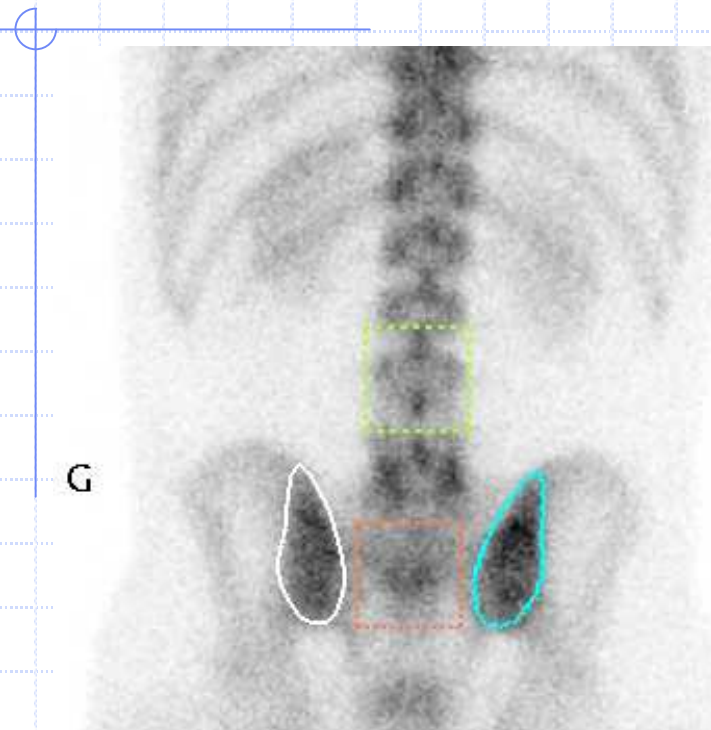
# CROISSANCE DE REGIONS



- ◆ Initialisation:  $R_i = \{P_i\}$ ,  $i=1-3$
- ◆ Pour chaque région  $i$ 
  - $M_i =$  Moyenne des pixels dans  $R_i$
  - Pour chaque pixel  $k$  au bord de  $R_i$ 
    - ◆ Pour chaque pixel  $(x,y)$  voisin de  $k$ 
      - Si  $(x,y)$  non affecté et  $|S(x,y) - M_i| < \epsilon$  alors  $R_i = R_i \cup \{(x,y)\}$
      - $M_i =$  moyenne des pixels dans  $R_i$
- ◆ Si au moins un pixel affecté



# EXEMPLE : SACROILEITE ?



scintigraphie osseuse  
aux BP-<sup>99m</sup>Tc

SIG = SID ?

GAUCHE Total: 46474.00

DROITE Total: 50278.25

Sacrum Total: 55411.00

Lombaire Total: 51640.75

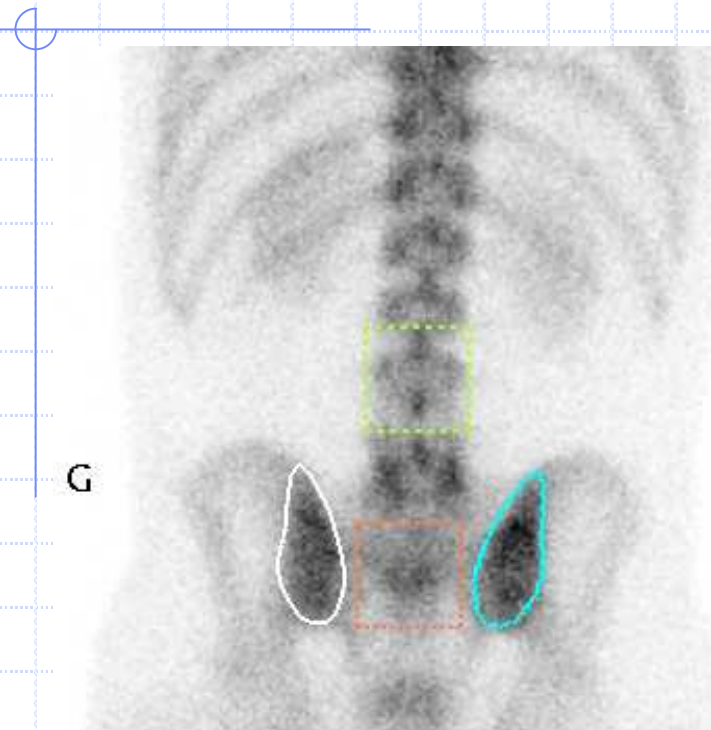
GAUCHE Mean: 52.57

DROITE Mean: 56.88

Sacrum Mean: 42.61

Lombaire Mean: 39.71

# EXEMPLE : SACROILEITE ?



scintigraphie osseuse  
aux BP-<sup>99m</sup>Tc

**GAUCHE Total: 46474.00**

**DROITE Total: 50278.25**

**Sacrum Total: 55411.00**

**Lombaire Total: 51640.75**

Comptage : Stat de Poisson

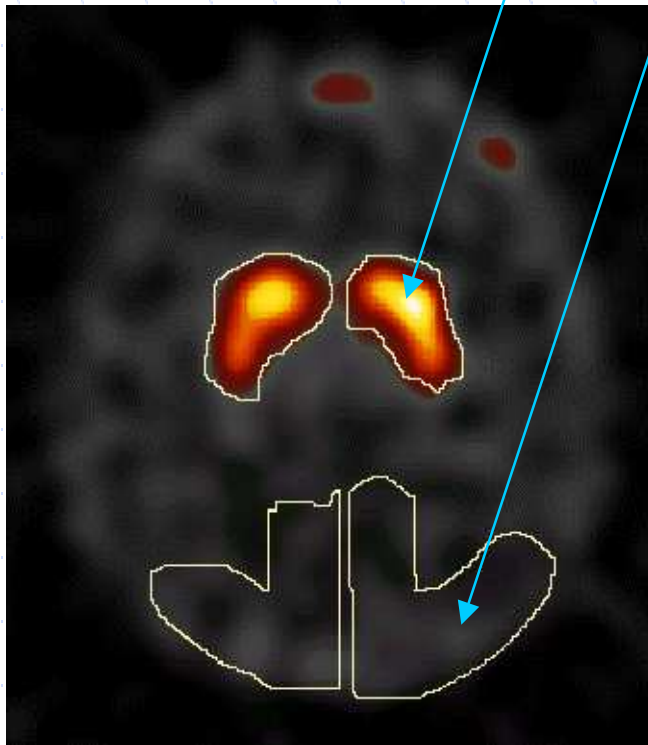
Moyenne =  $C_{total}$  et  $SD = \sqrt{C_{total}}$

$$\sqrt{50278} = 224 \quad \sqrt{46474} = 216$$

$$50278 - 46474 = 3804 = 17 \times 224$$

**SIG < SID**

# ET EN TOMOGRAPHIE ?



$$BP = \frac{C_S - C_{NS}}{C_{NS}} = \frac{C_S}{C_{NS}} - 1$$

$$\left( \frac{\sigma_{BP}}{BP} \right)^2 = \left( \frac{\sigma_{C_S}}{C_S} \right)^2 + \left( \frac{\sigma_{C_{NS}}}{C_{NS}} \right)^2$$

inconnus car la statistique ne suit plus une loi de Poisson (erreur importante)

# EN TOMOGRAPHIE

## ◆ Quantifier les comptages plutôt en TEP :

- ◆ Correction des fortuits, normalisation, temps mort...
- ◆ Correction des artefacts d'atténuation maîtrisée
- ◆ **Standardized Uptake Value :**

$$SUV = \frac{C(\text{kBq/mL})}{A_{\text{injectée}}(\text{kBq})/V(\text{mL})} \approx \frac{C(\text{kBq/mL})}{A_{\text{injectée}}(\text{kBq})/P(\text{g})}$$

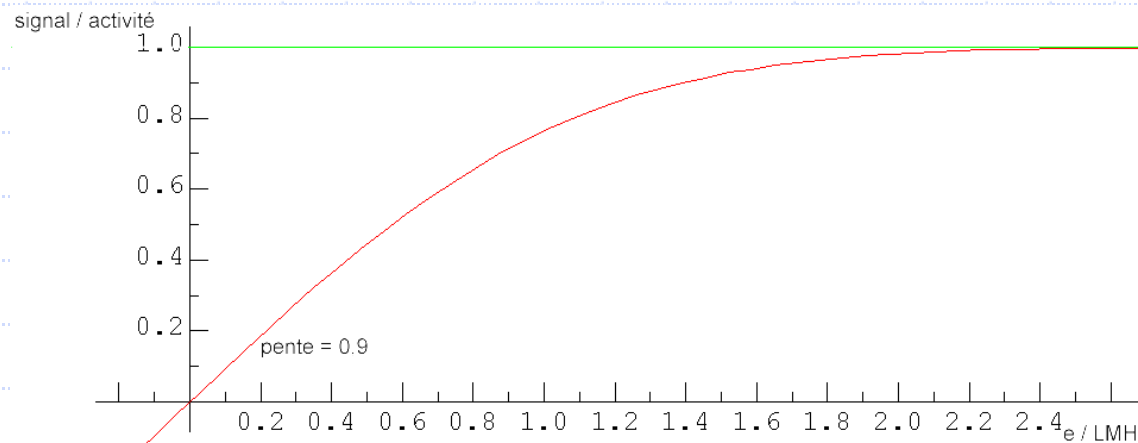
- ◆ **Modèles pharmacocinétiques :** coups → moles/min/mL

## ◆ Définition des seuils pathologiques

- ◆ Approche empirique (ROC):  $\Delta SUV > 25\%$ ,  $BP > 1.6$
- ◆ Développements en cours
  - Transports de variance
  - Tomographie par intervalle...

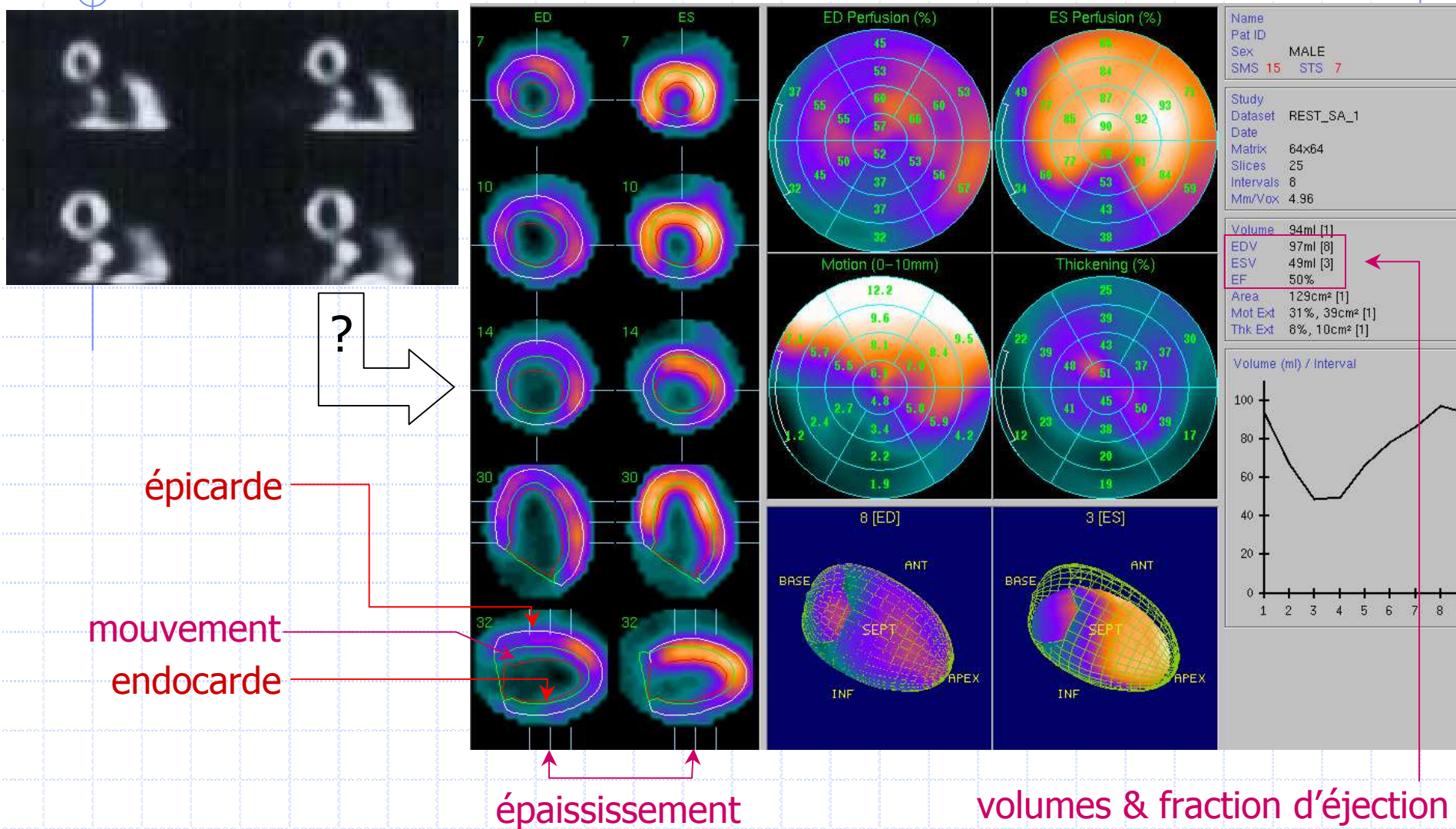
# SUIVI DES CANCERS

- ◆ Diagnostic de malignité :  $SUV > SUV$ 
  - ◆  $SUV > SUV_{\text{aorte}}$
  - ◆  $SUV > SUV_{\text{foie}}$
  - ◆ Moduler en fonction de la taille (EVP)



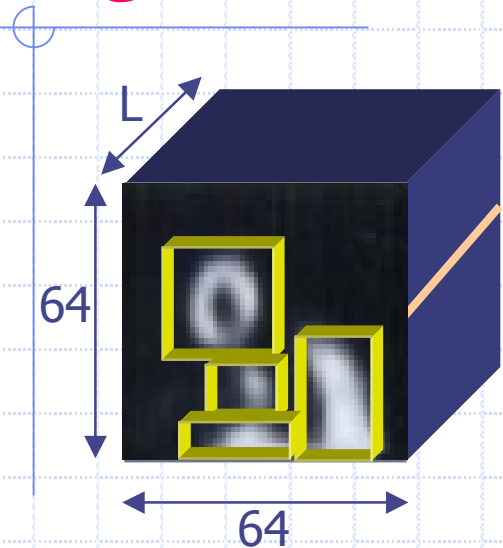
- ◆ Réponse à une chimiothérapie :
  - ◆  $\Delta SUV > 30\%$  dans les mêmes conditions de TEP

# EXEMPLE : QPS® et QGS®





# QPS<sup>®</sup> : Identification



S+5% ⇒ fragmentation

Essai d'identification :  
seuil → 1 amas cubique [50 mL, 1L[

① Somme pondérée des coupes SA

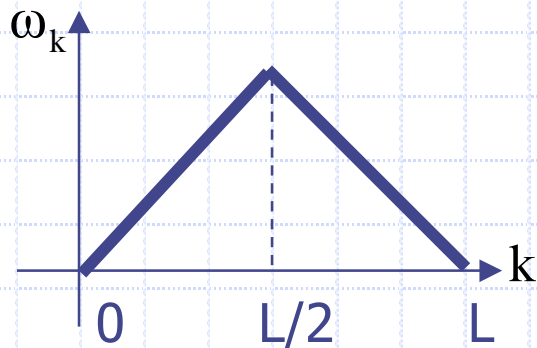
$$S(i, j) = \sum_{k=1}^L \omega_k \cdot SA(i, j, k)$$

② ? Maxima locaux de S(i,j)

- supérieur seuil et au moins 4-connexes

◆ Transformée de Hough

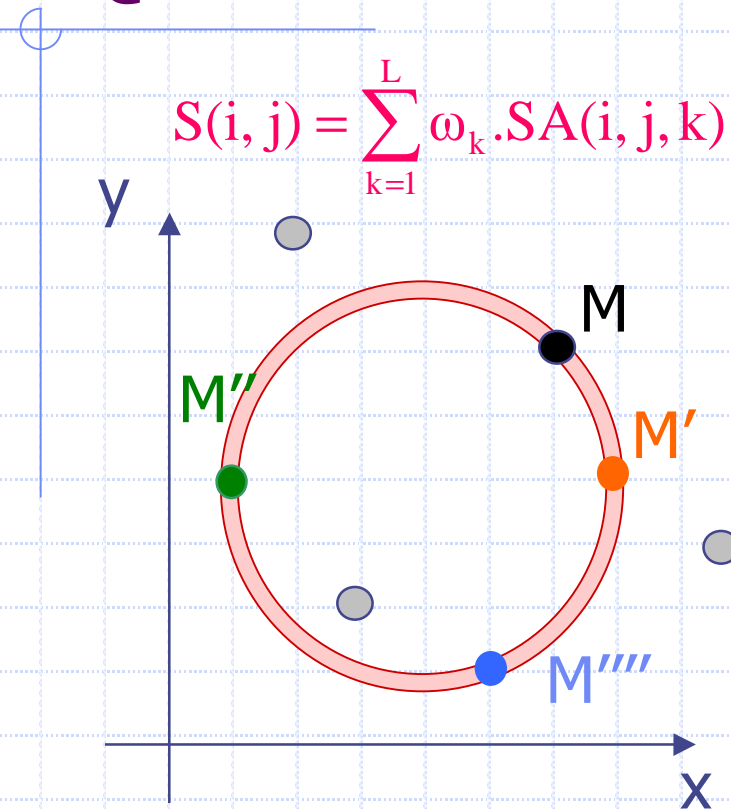
- ? cercles dans un nuage de points



A Ezekiel et al. in Computers in cardiology. NY, IEEE Computer society. 1991:237-240

G. Germano et al. JNM 1995;36:1107-1114 et 1995;36:2138-2147

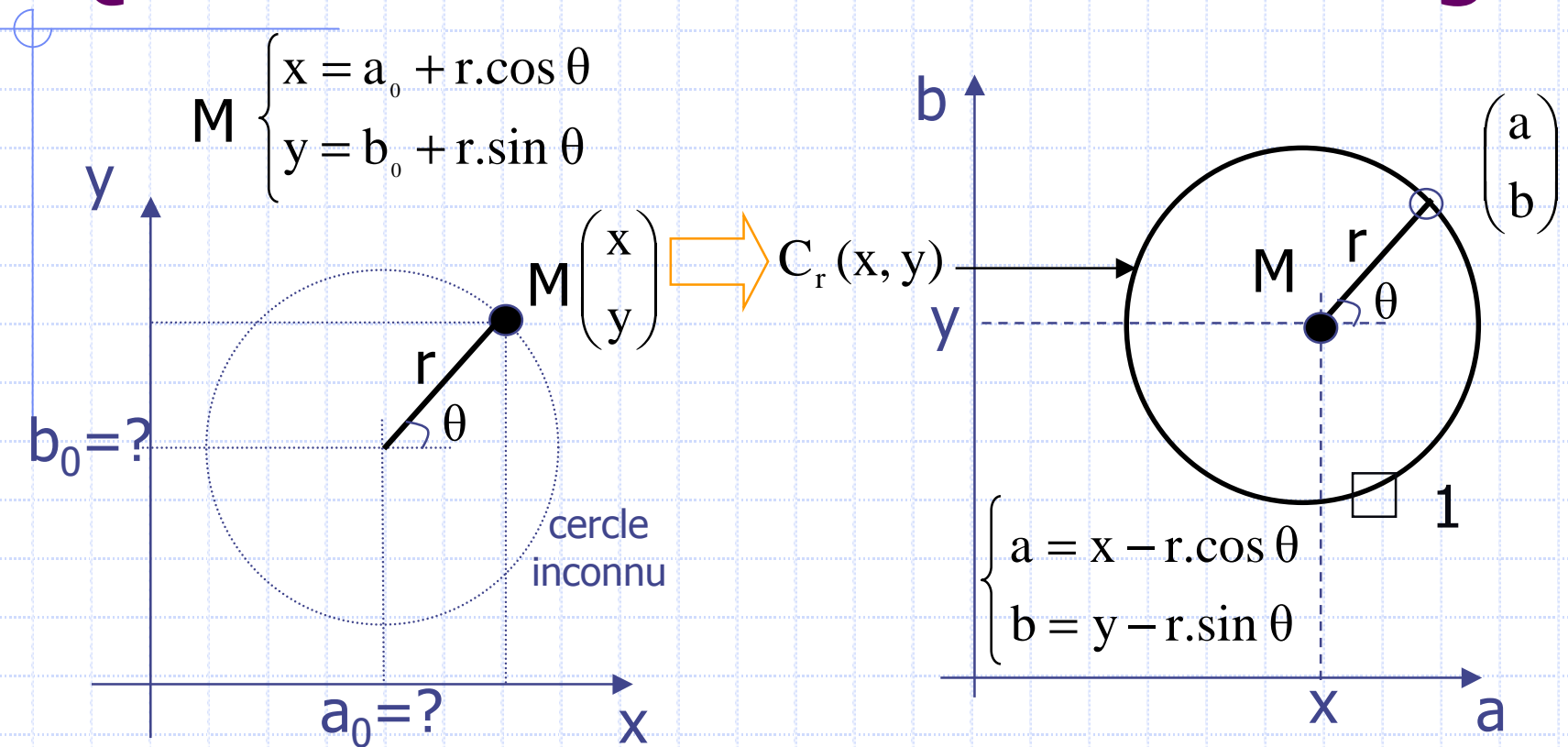
# QPS<sup>®</sup> : en cas d'échec...



Le problème est de déterminer (par son centre et son rayon) le cercle (ou le disque) qui passe au mieux par les maxima locaux de  $S(i, j)$  supposés appartenir au myocarde...

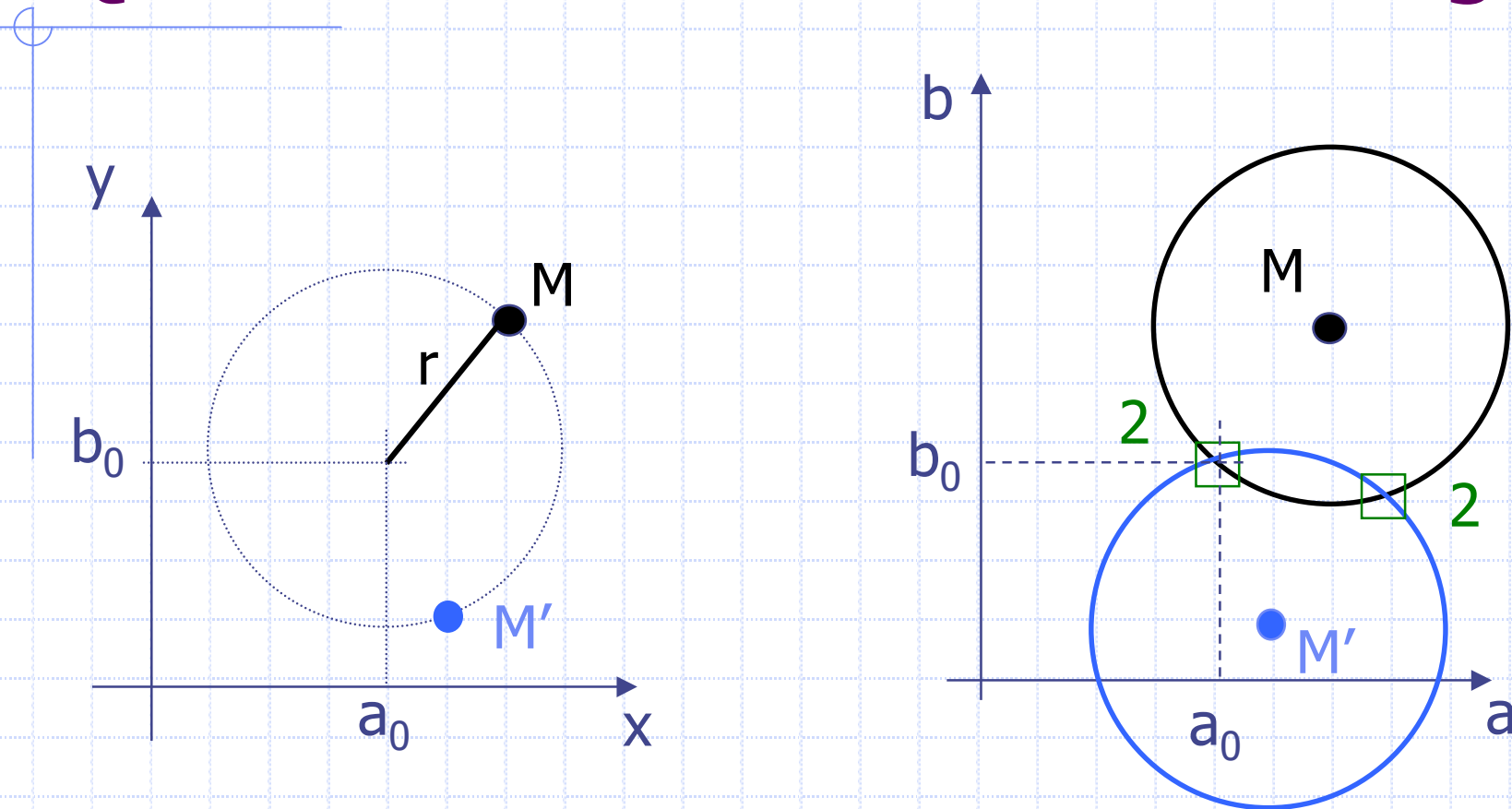


# QPS<sup>®</sup> : transformation de Hough



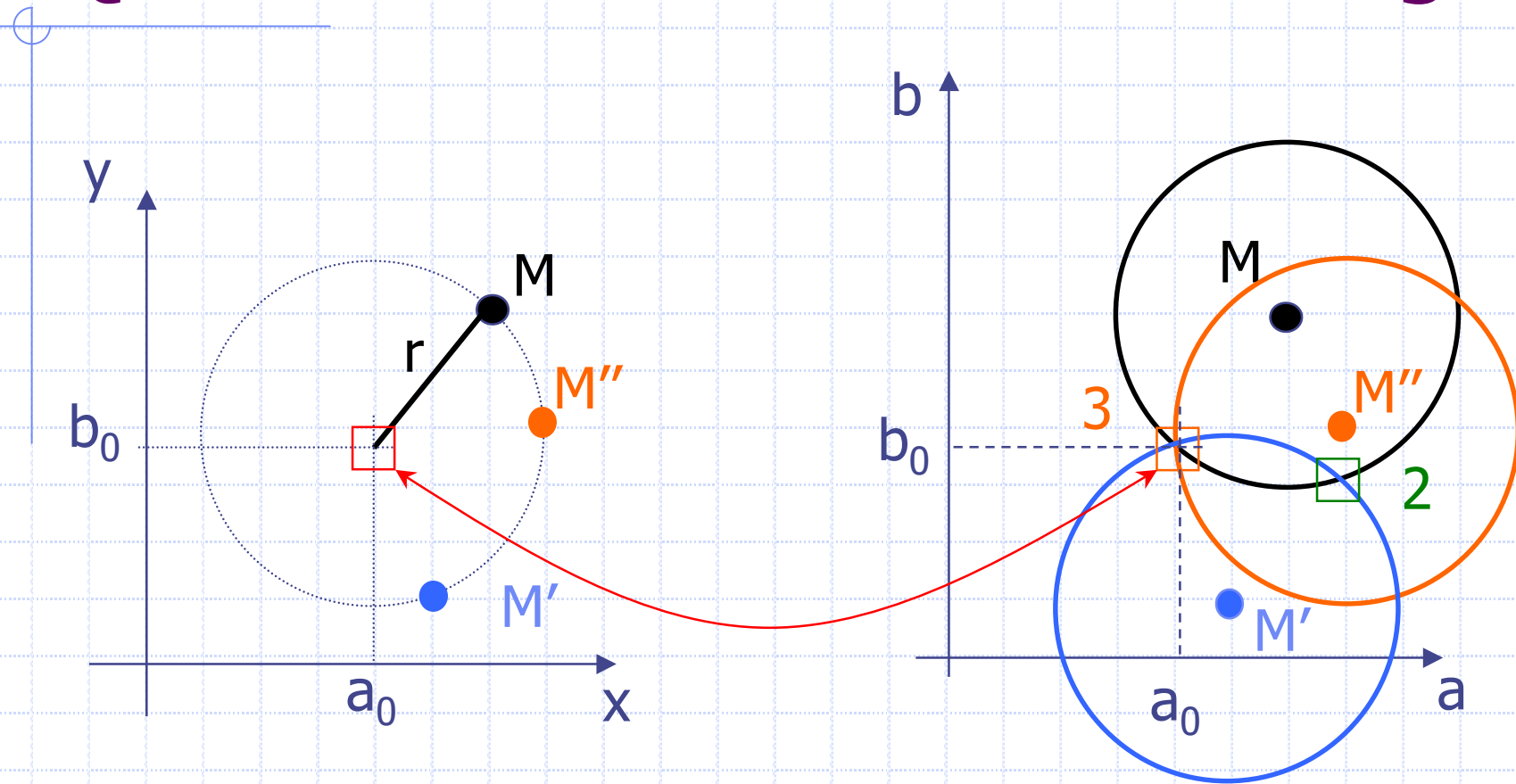
Si  $r$  est donné, à tout **point**  $M$  on associe un **cercle** de centre  $M$  et de rayon  $r$  contenant tous les centres possibles de  $C$

# QPS<sup>®</sup> : transformation de Hough



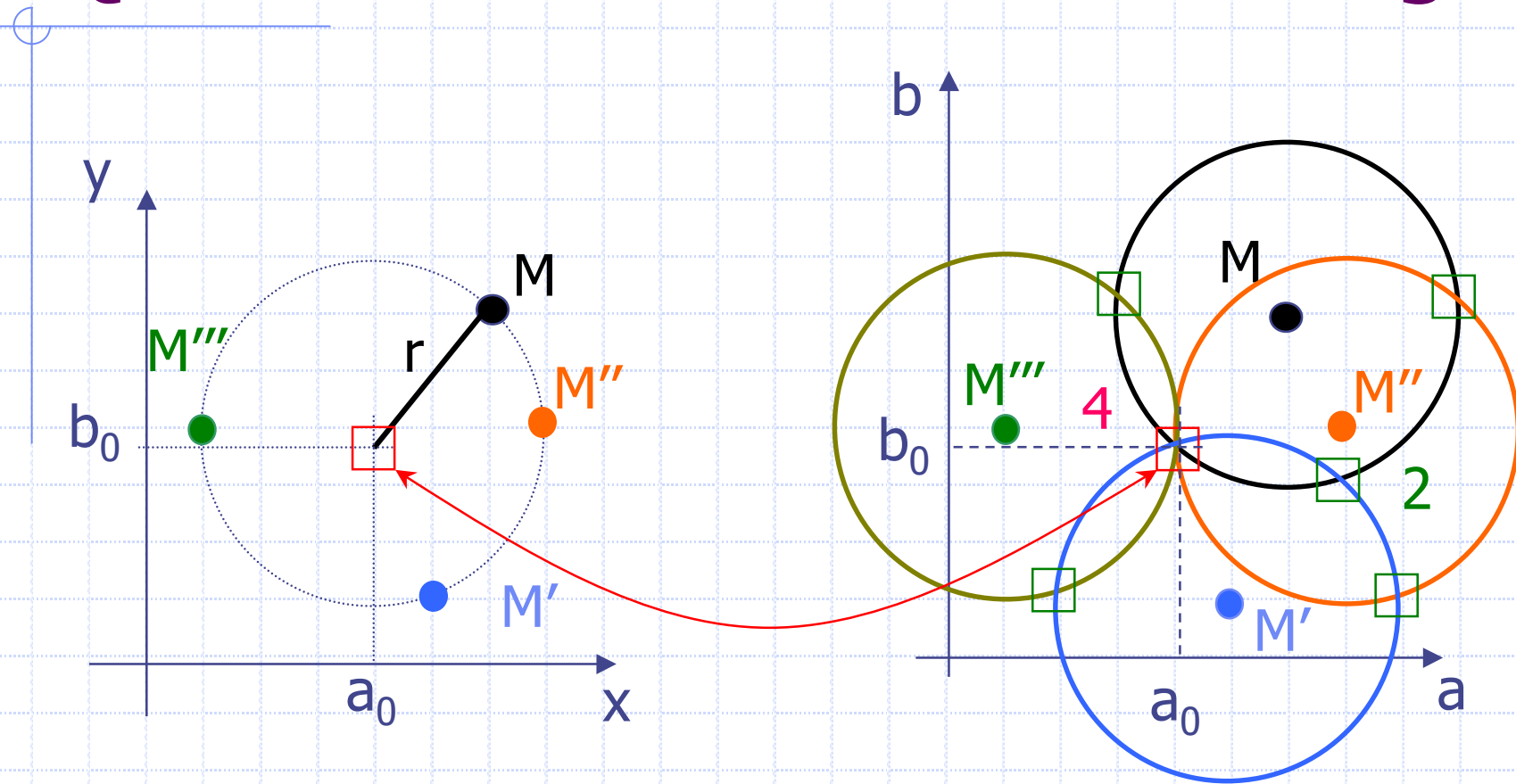
D. Ballard, C. Brown. Computer vision. Englewood Cliffs, NJ: Prentice-Hall; 1982.  
<http://homepages.inf.ed.ac.uk/rbf/BOOKS/BANDB/bandb.htm>

# QPS<sup>®</sup> : transformation de Hough



D. Ballard, C. Brown. Computer vision. Englewood Cliffs, NJ: Prentice-Hall; 1982.  
<http://homepages.inf.ed.ac.uk/rbf/BOOKS/BANDB/bandb.htm>

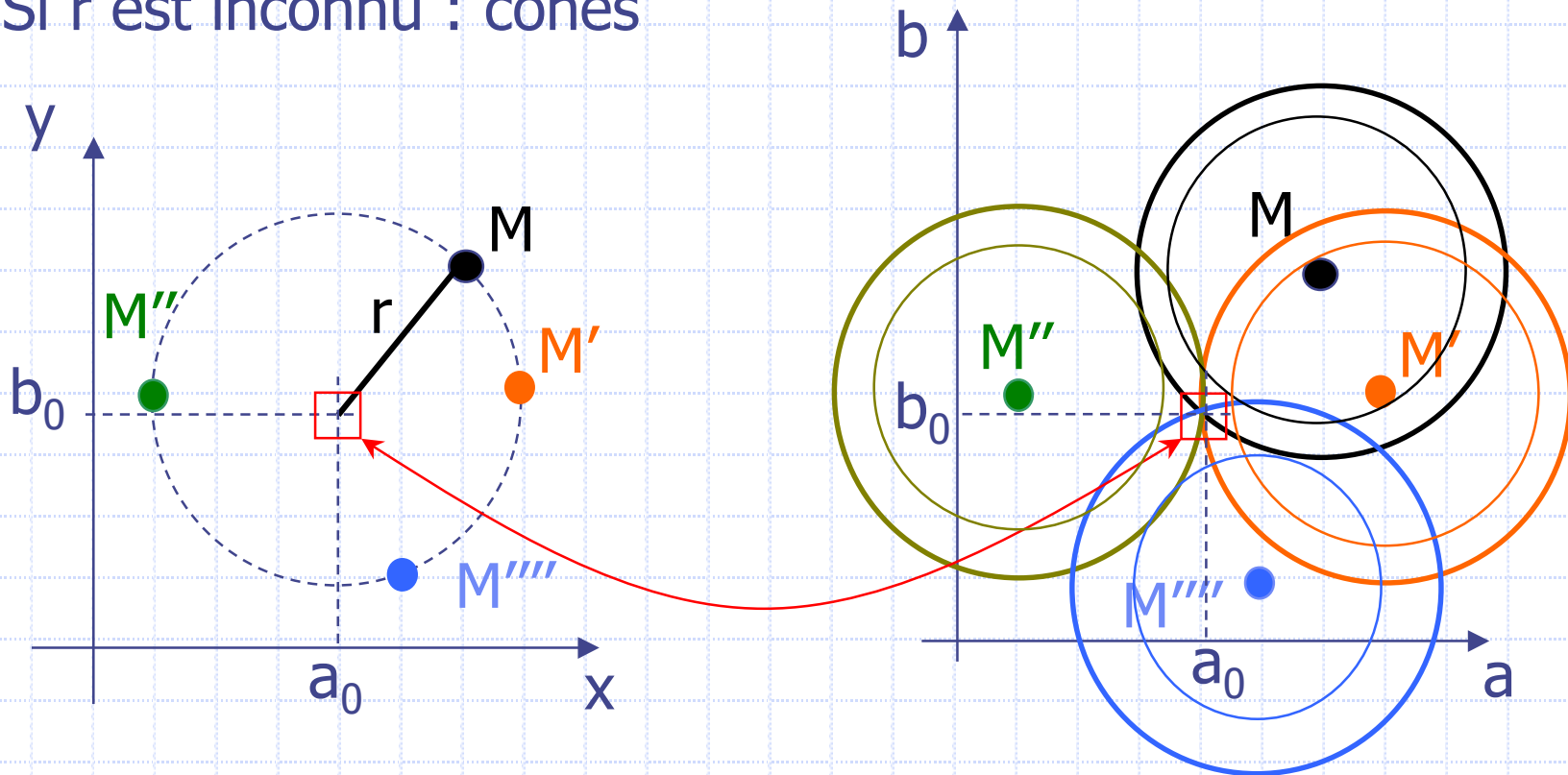
# QPS<sup>®</sup> : transformation de Hough



Extrema dans l'espace des paramètres 2D:  $(a, b) \rightarrow$  centre  $(a_0, b_0)$

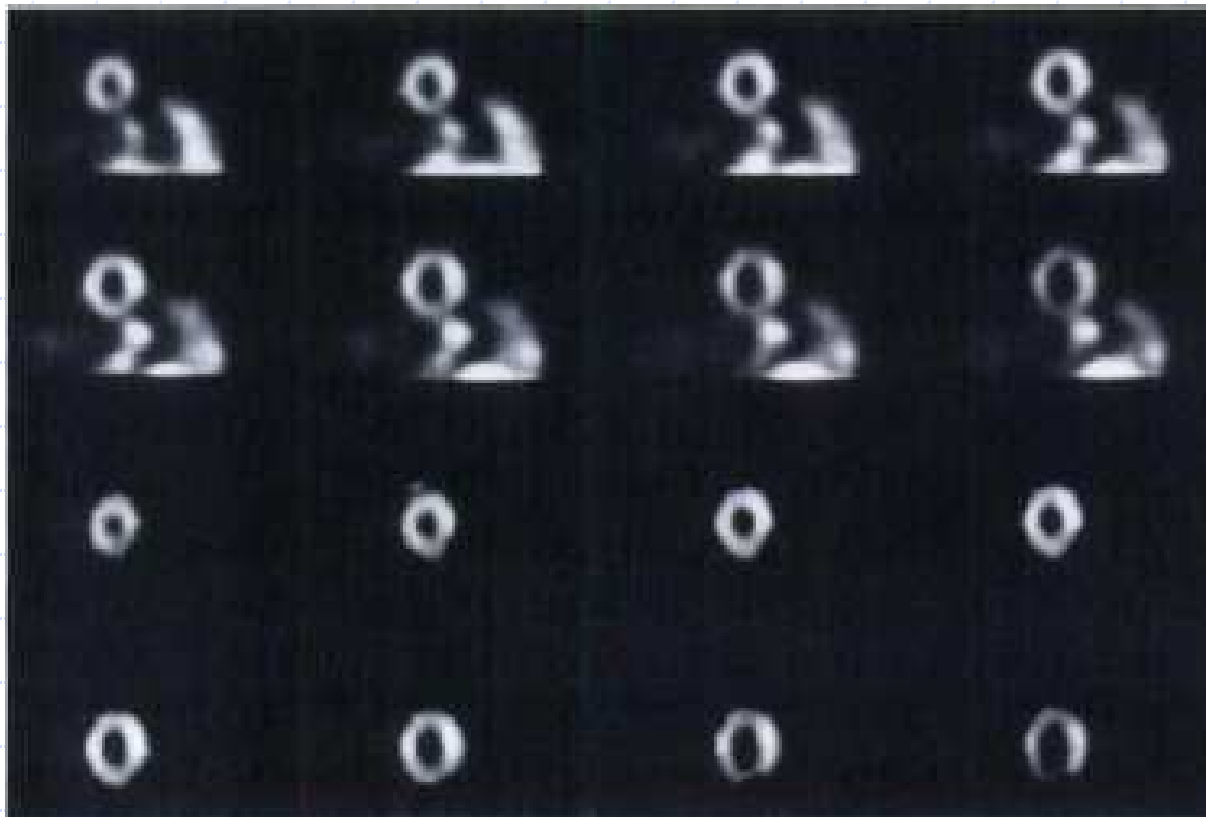
# QPS<sup>®</sup> : transformation de Hough

Si  $r$  est inconnu : cônes



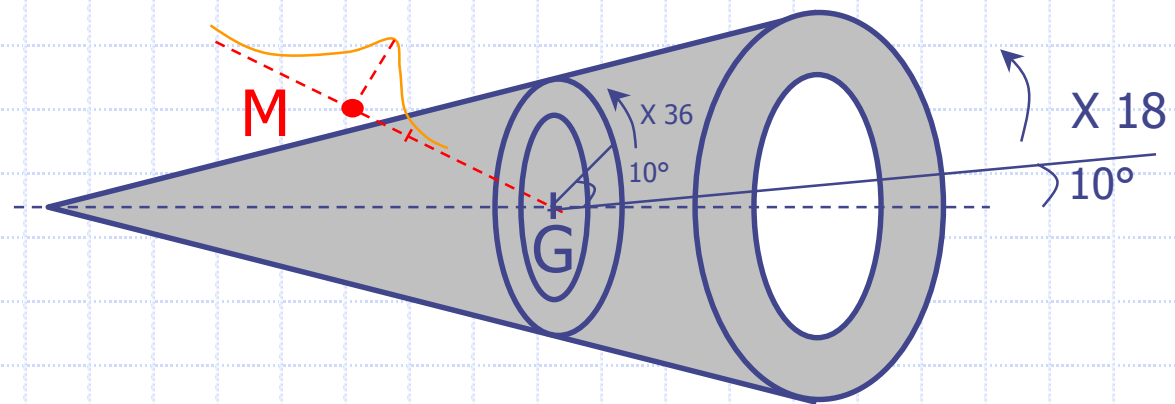
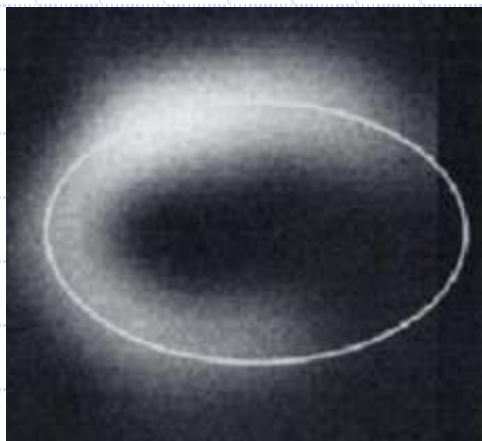
Extrema dans l'espace des paramètres 3D:  $(a, b, r) \rightarrow$  centre  $(a_0, b_0)$

# QPS<sup>®</sup> : Masque binaire connexe



# QPS<sup>®</sup> : surface myocardique médiane

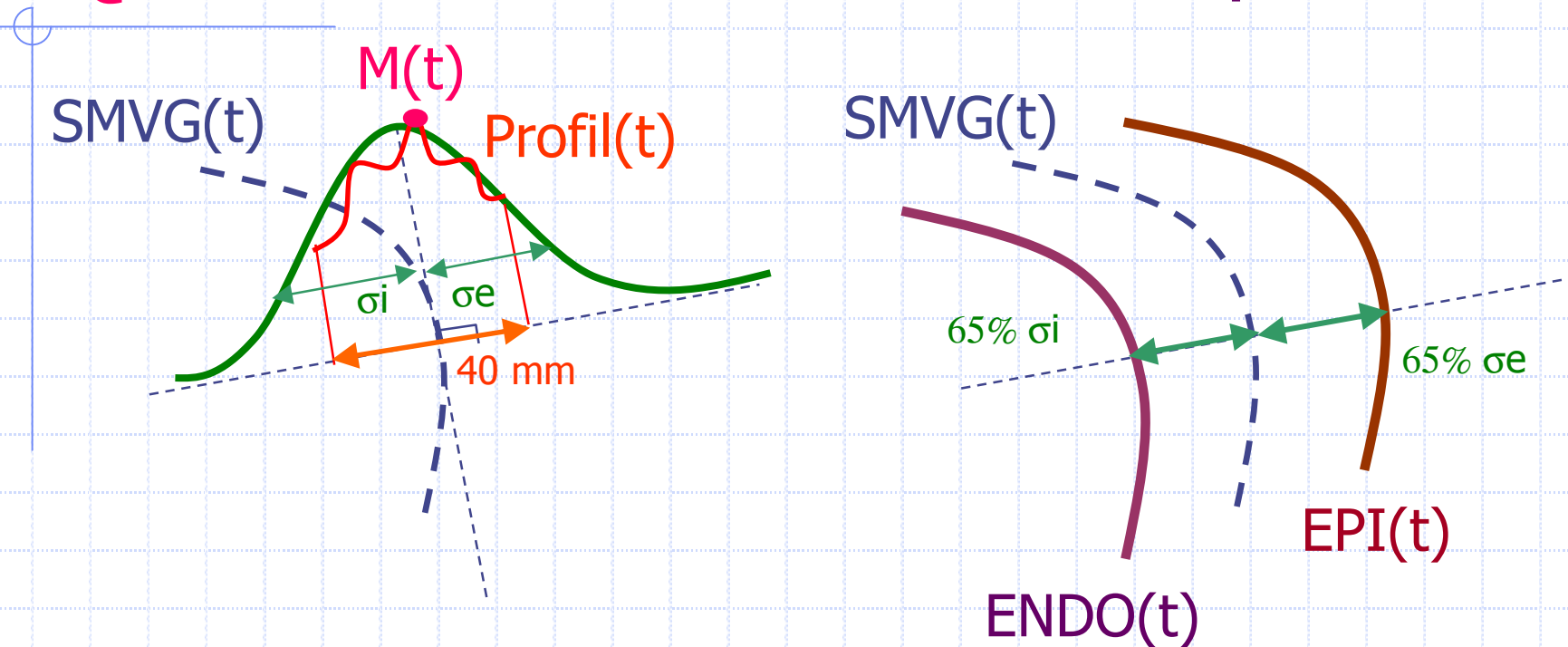
- ① G : Centre de Gravité du masque binaire
- ② Données = Volume SPECT x Masque
- ③ Extraction de 18x36 profils d'activité
- ④ Surface médio VG = maxima des profils M
- ⑤ Fit ellipse 3D → axe VG → G ← proj.(G)/axe



JC Cauvin et al. Eur J Nucl med 1992;19:1032-1037

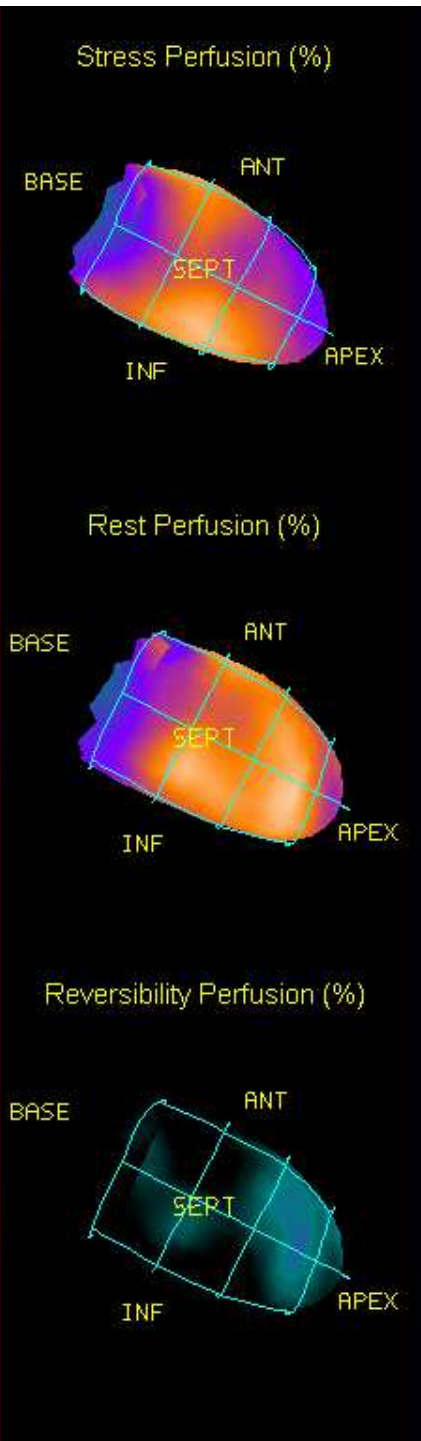
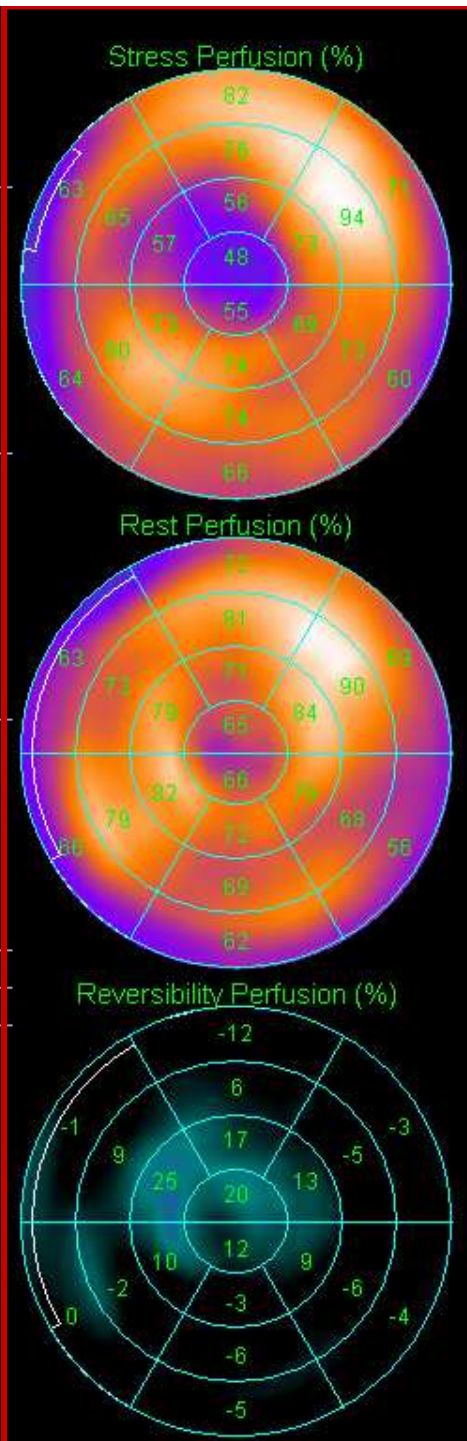
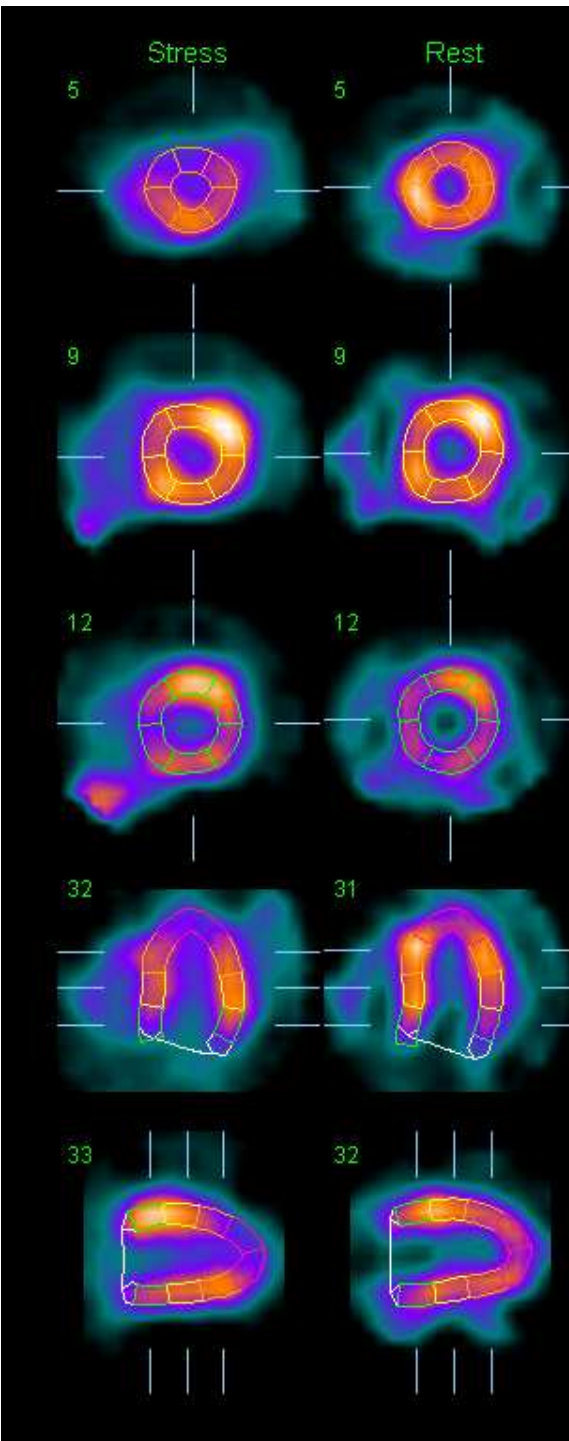
G. Germano et al. JNM 1995;36:1107-14 ; 1995;36:2138-47 et JNM 2000;41:712-19

# QPS<sup>®</sup> : « endocarde » et « épicarde »



- ①  $M(t) < C_m/2 \Rightarrow$  minimiser l'écart aux  $4 \sigma$  voisins
- ② Affiner/ Volume myocardique =  $EPI-ENDO = cste(t)$
- ③ Calculer l'activité sommée entre endo et épicarde





SSS	11	SRS	0	SDS	11
-----	----	-----	---	-----	----

Study	MYOCARDE 99mTc
Dataset	STRESS_FBPC
Date	
Volume	52ml
Area	103cm <sup>2</sup>
Defect	17cm <sup>2</sup>
Extent	17%

Study	MYOCARDE 99mTc
Dataset	REST_FBPC
Date	
Volume	57ml
Area	104cm <sup>2</sup>
Defect	1cm <sup>2</sup>
Extent	1%

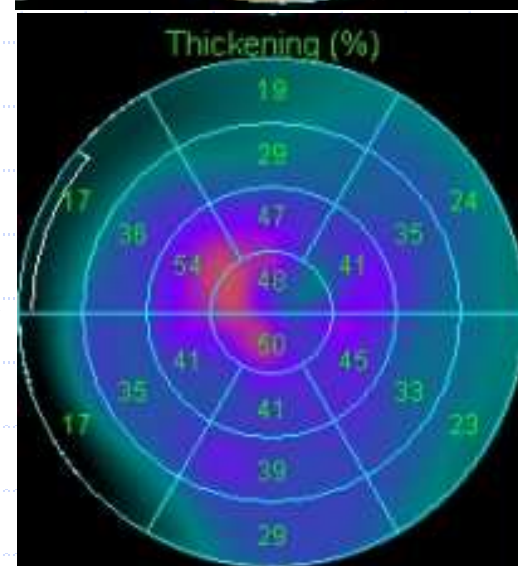
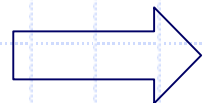
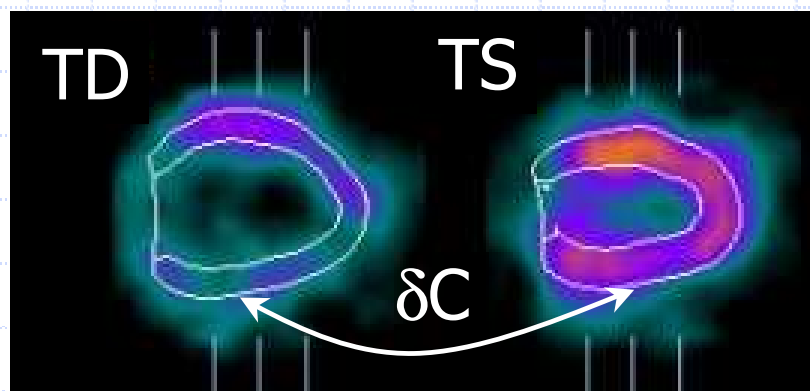
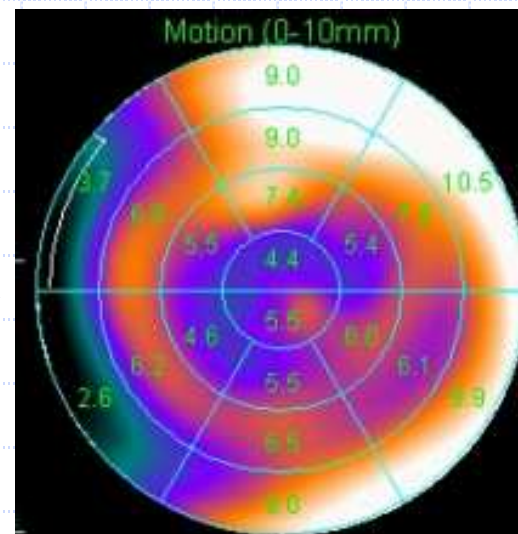
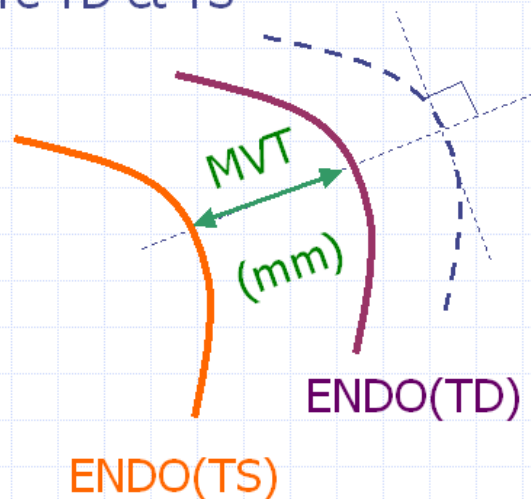
  

Reu

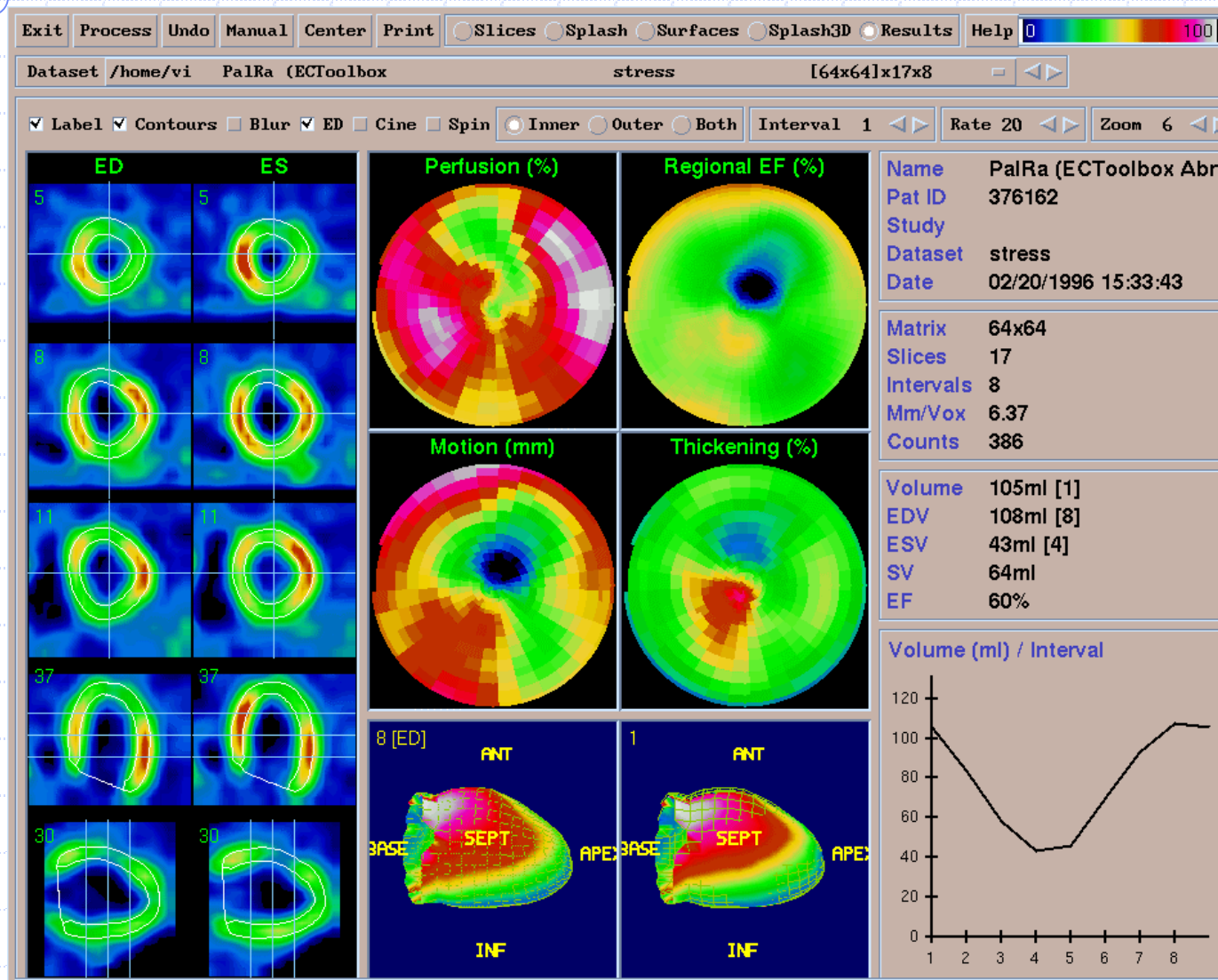
Auto  - Grid  Accept  Reject

# QPS-QGS®

SMVG moyenne  
entre TD et TS

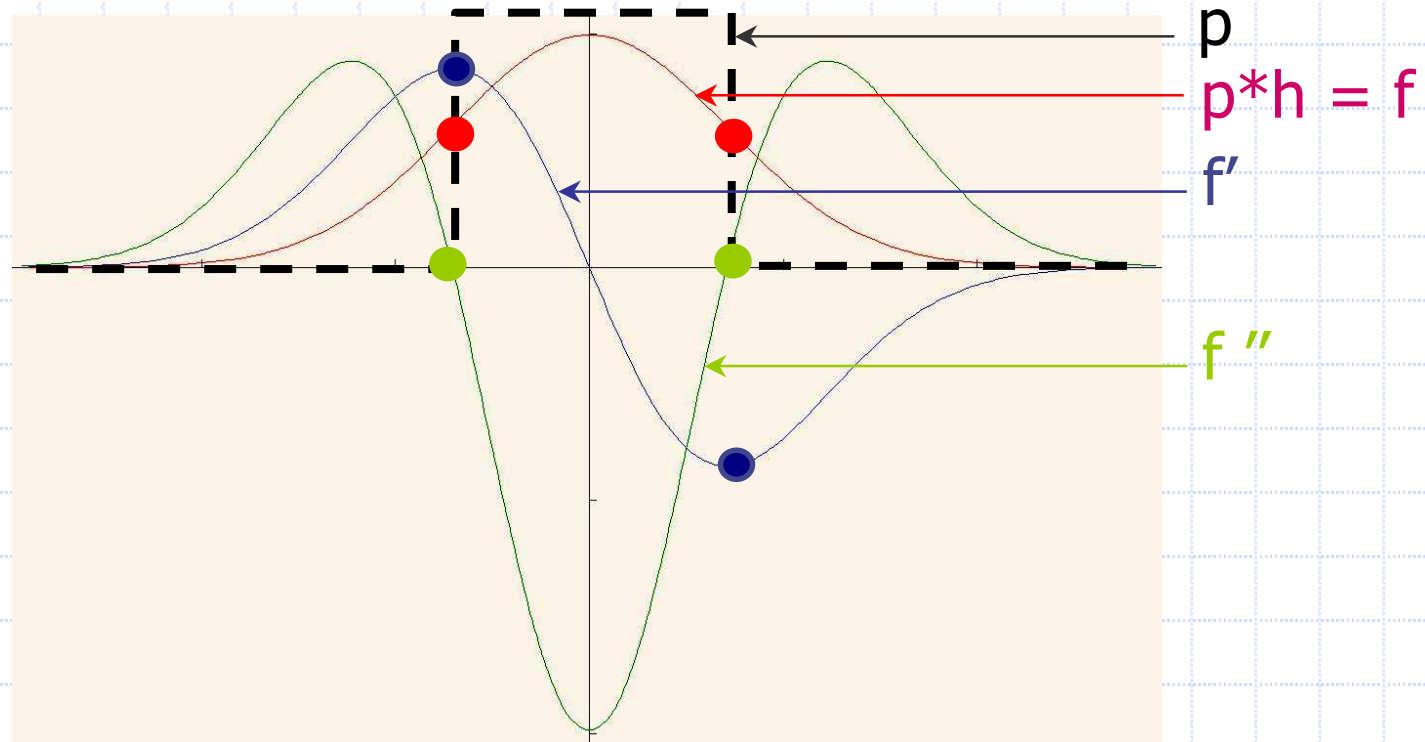


# QPS<sup>®</sup> et QGS<sup>®</sup>





# METHODES DERIVATIVES



## ◆ Frontières :

- Extrema du gradient ( $f'$ )
- Passages par zéro du Laplacien ( $f''$ )

# GRADIENTS

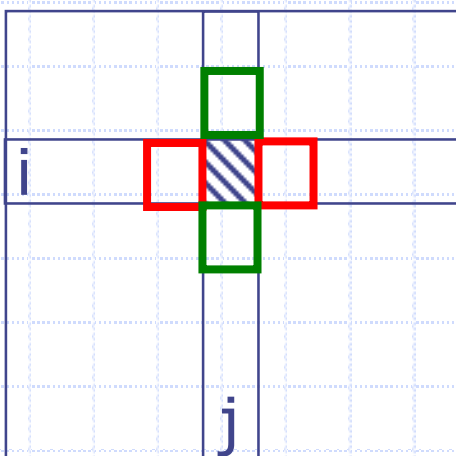
$$g_h(i, j) = \frac{1}{2} [f(i+1, j) - f(i-1, j)]$$

$$\begin{bmatrix} -1/2 \\ 0 \\ 1/2 \end{bmatrix}$$

$$g_v(i, j) = \frac{1}{2} [f(i, j+1) - f(i, j-1)]$$

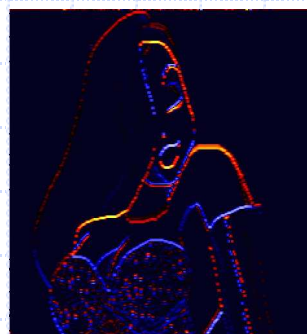
$$[-1/2 \ 0 \ 1/2]$$

Généralisation 2D:

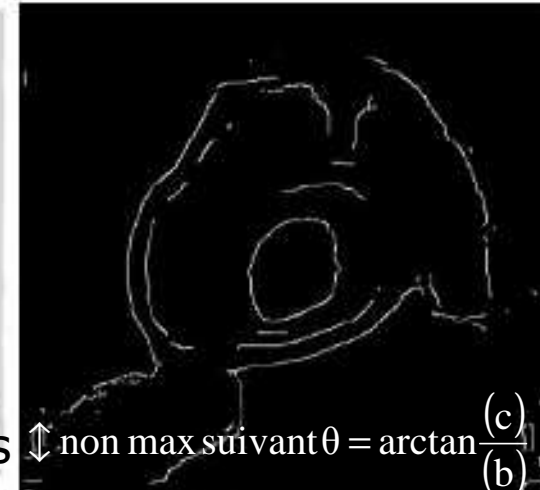
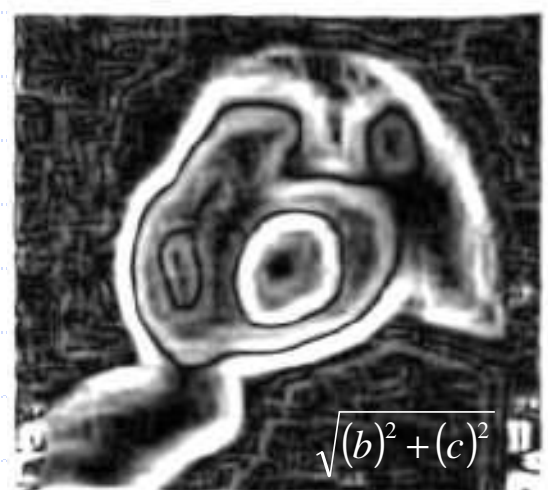
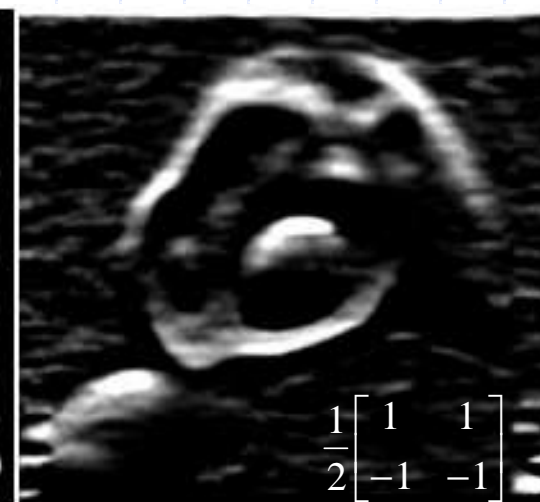
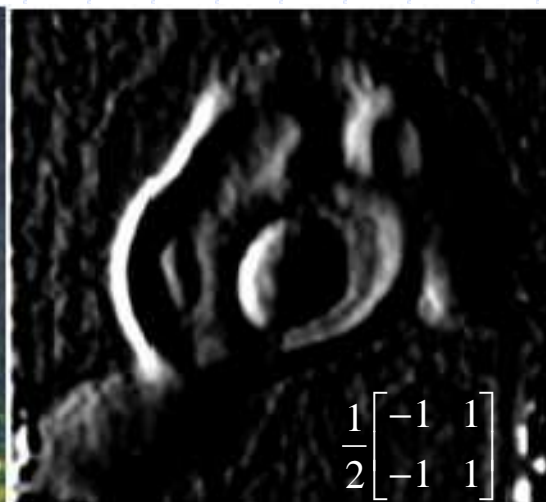
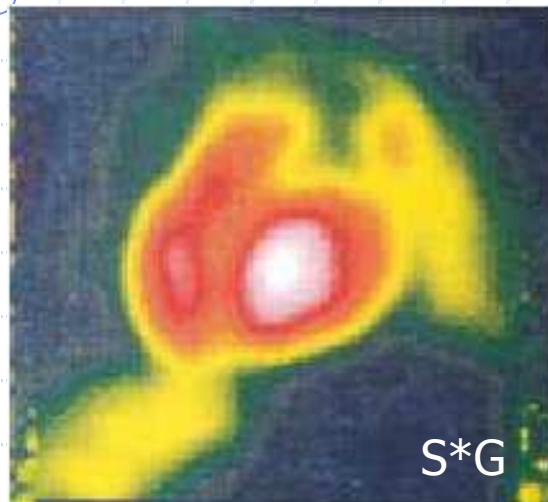


$$G_h = \begin{bmatrix} -1 & -\sqrt{2} & -1 \\ 0 & 0 & 0 \\ 1 & \sqrt{2} & 1 \end{bmatrix}$$

$$G_v = \begin{bmatrix} -1 & 0 & 1 \\ -\sqrt{2} & 0 & \sqrt{2} \\ -1 & 0 & 1 \end{bmatrix}$$



# GRADIENT (CANNY)



(a)

(b)

(c)

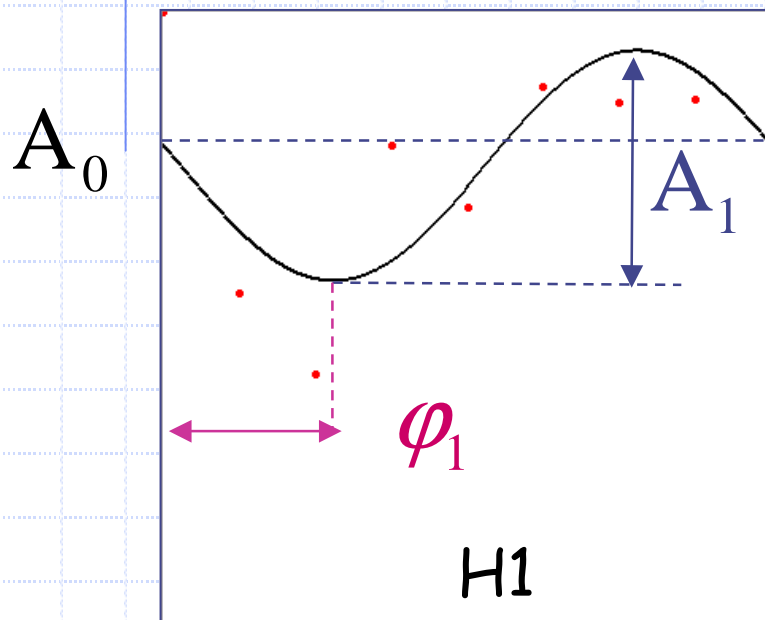
(d)

(e)

(f)

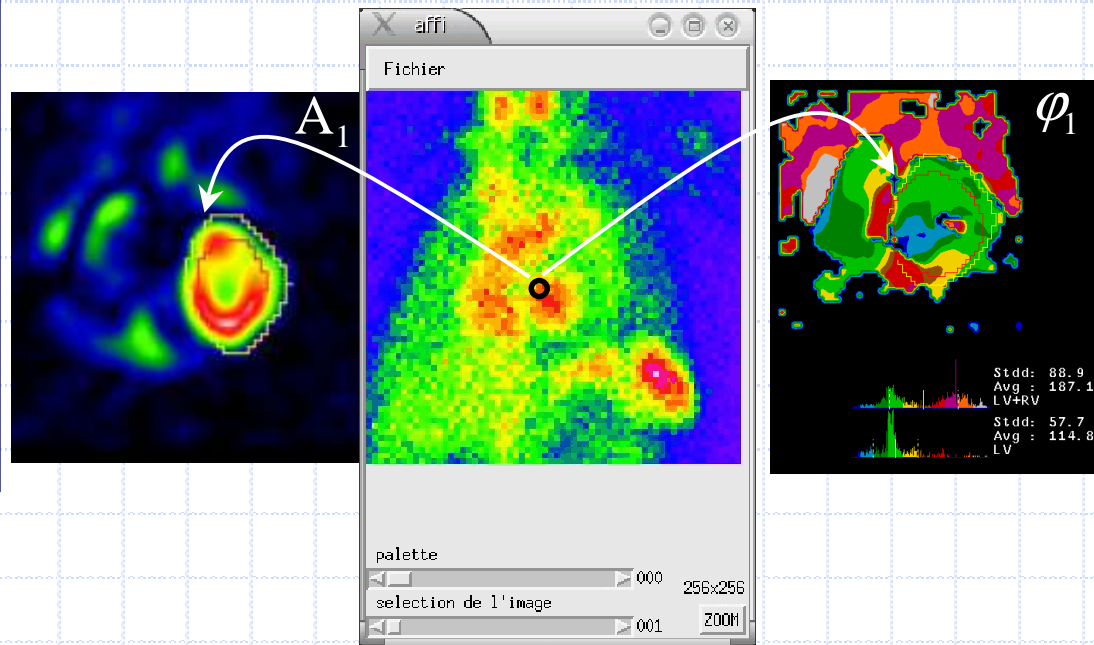
# APPROXIMATION 1° HARMONIQUE

$$s(t) = \frac{1}{N} \sum_{k=0}^{N-1} \hat{s}(k) \cdot e^{j \cdot (k \cdot \omega_0) t} = \sum_{k=0}^{N-1} A_k \cdot e^{j \cdot \varphi_k} \cdot e^{j \cdot (k \cdot \omega_0) t} \approx A_0 + A_1 e^{j \cdot (\omega_0 t + \varphi_1)}$$

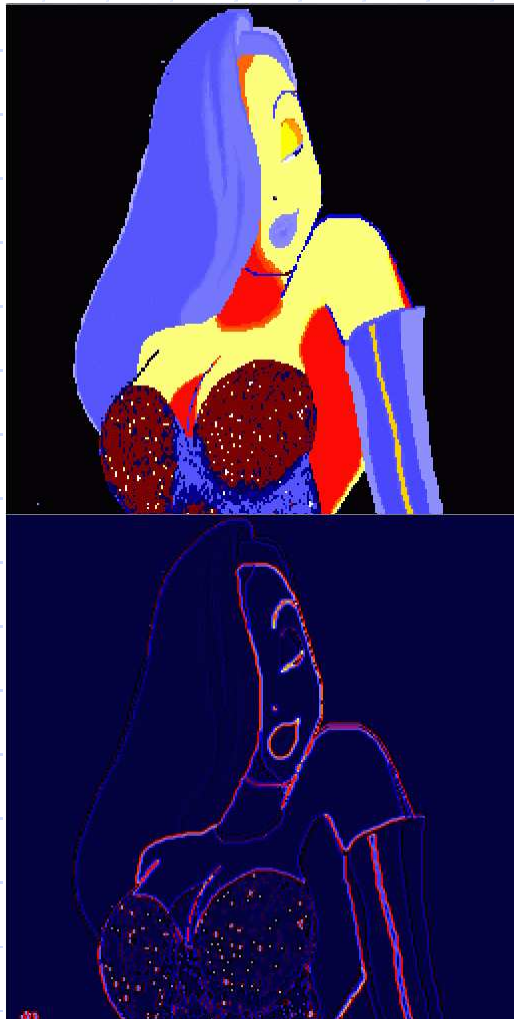


Amplitude  
 ↪ hypokinésies ?

Phase  
 ↪ dyskínésies ?



# LAPLACIEN



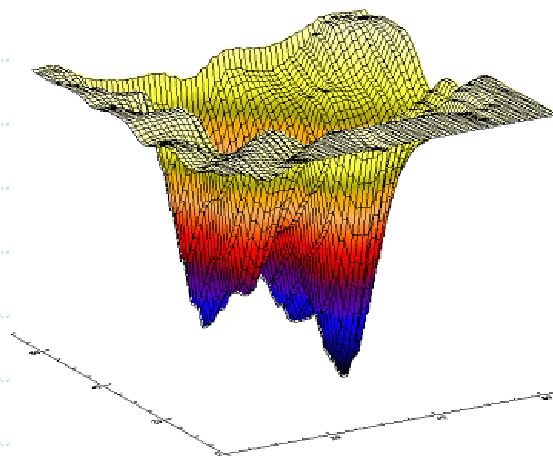
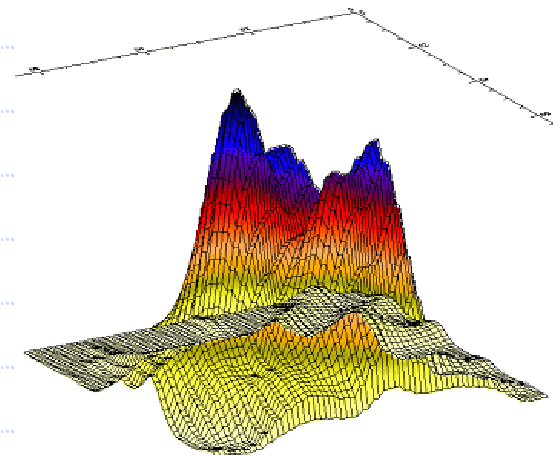
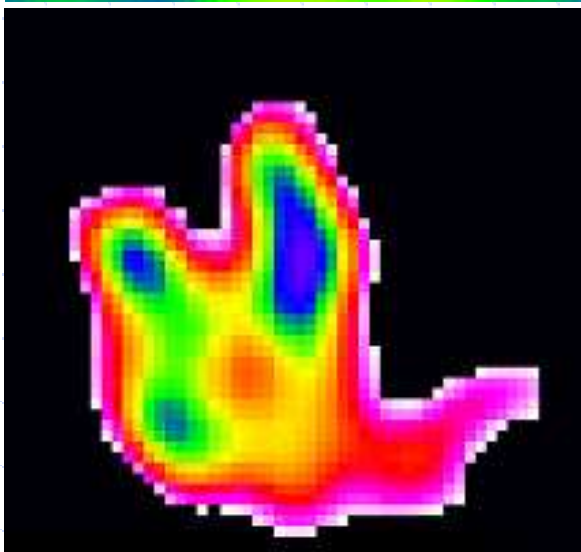
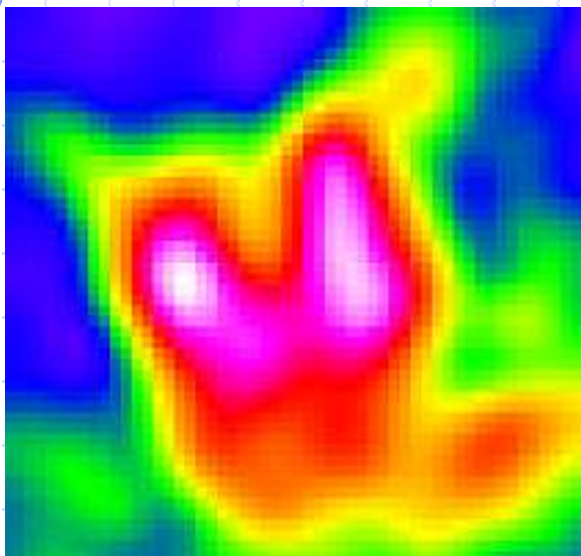
◆ Laplacien : 
$$\begin{bmatrix} 1 & 1 & 1 \\ 1 & -8 & 1 \\ 1 & 1 & 1 \end{bmatrix}$$

◆ Création de l'image des passages par zéro affectés par la norme du gradient

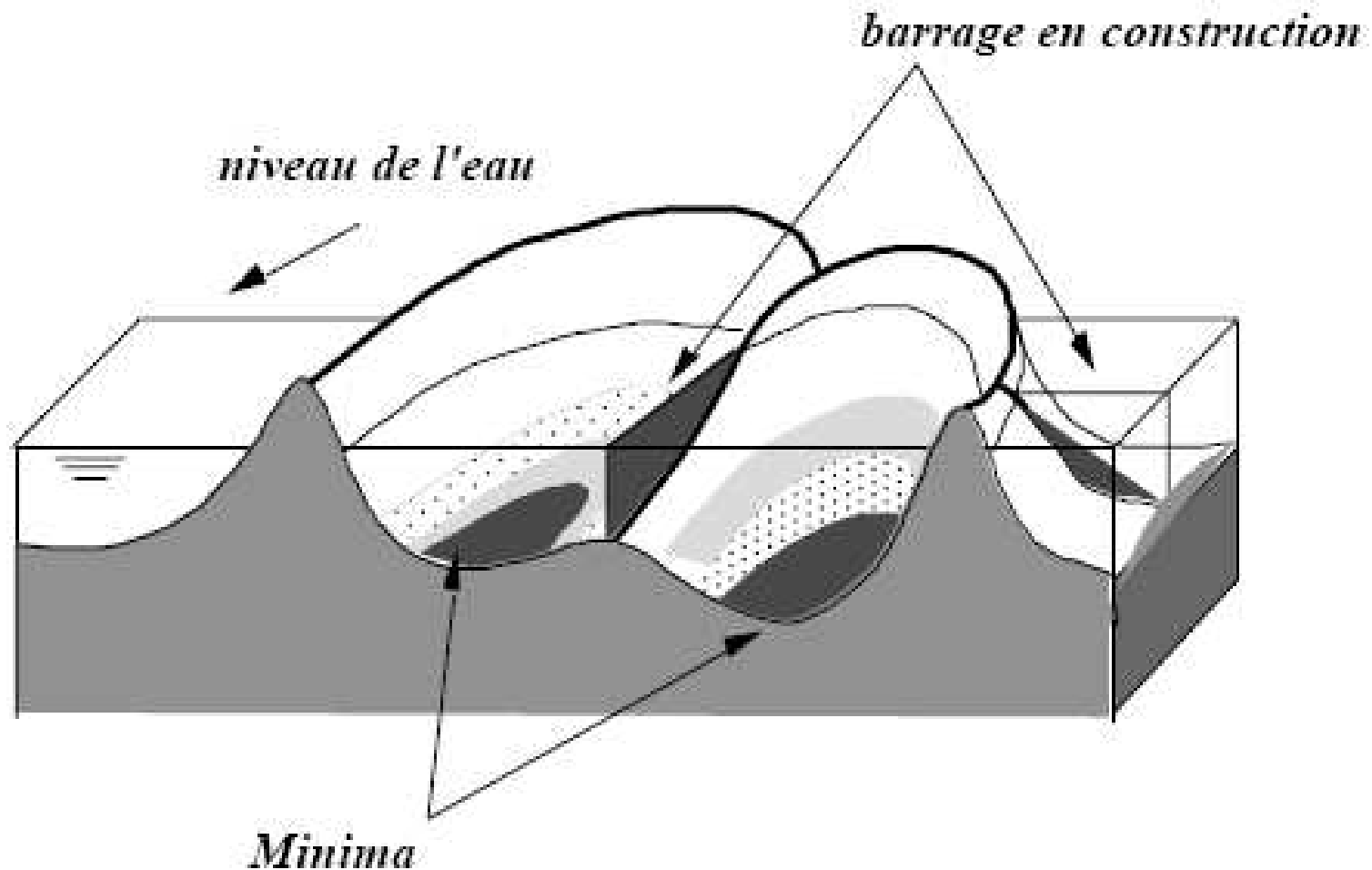
◆ Seuillage par hystérésis de cette image



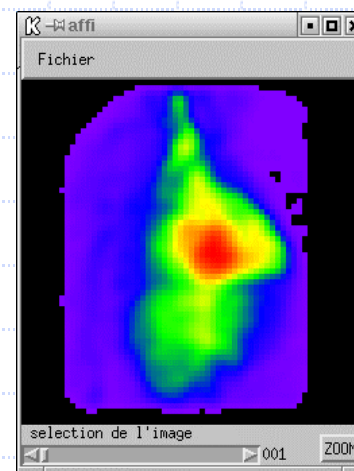
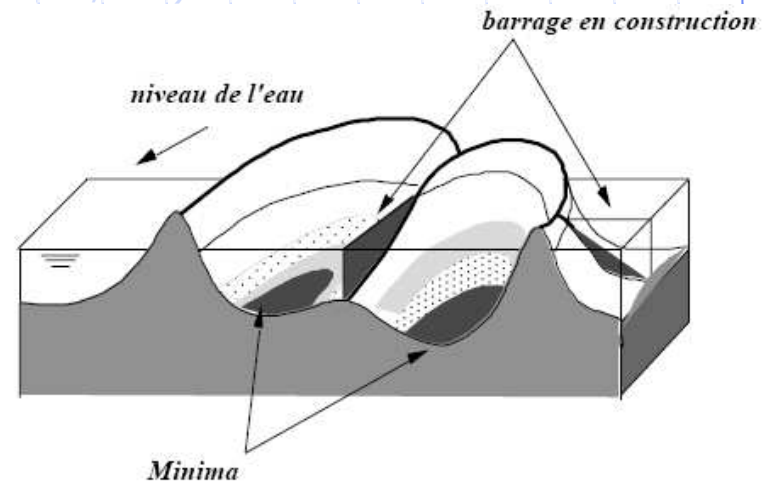
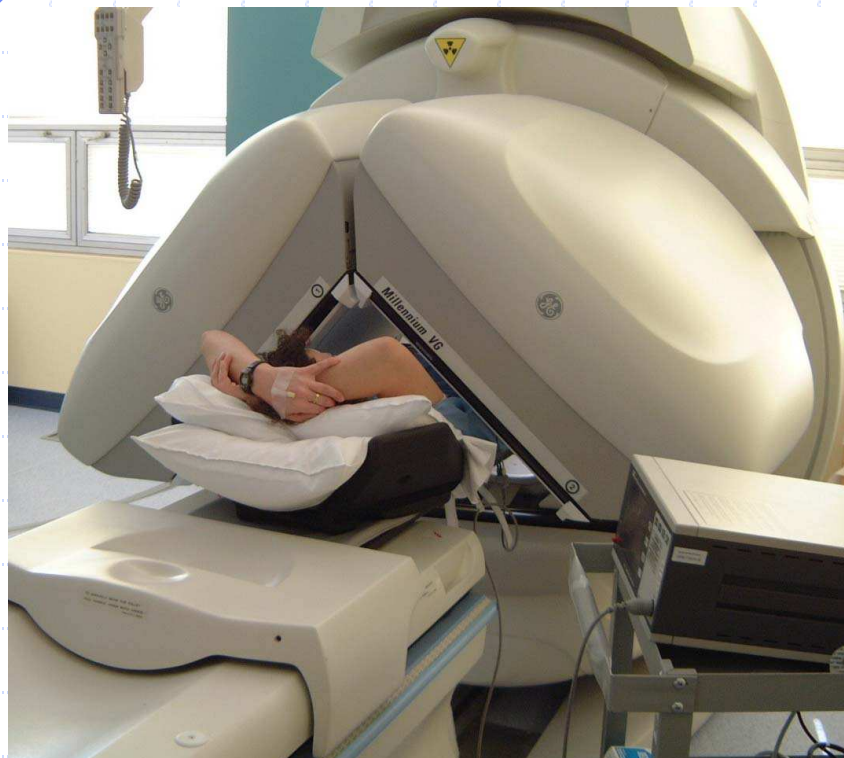
# LIGNE DE PARTAGE DES EAUX



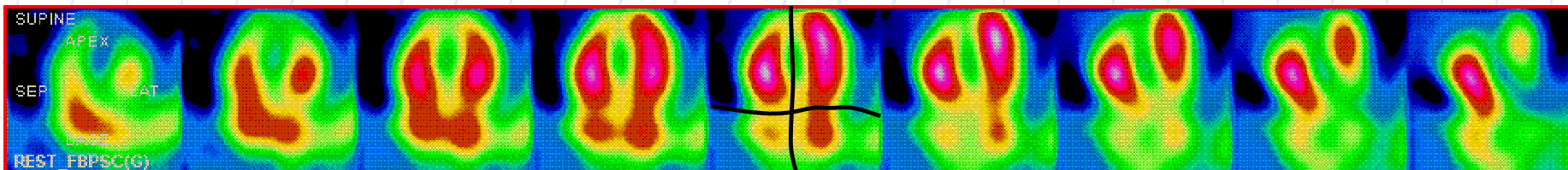
# LPE PAR IMMERSION



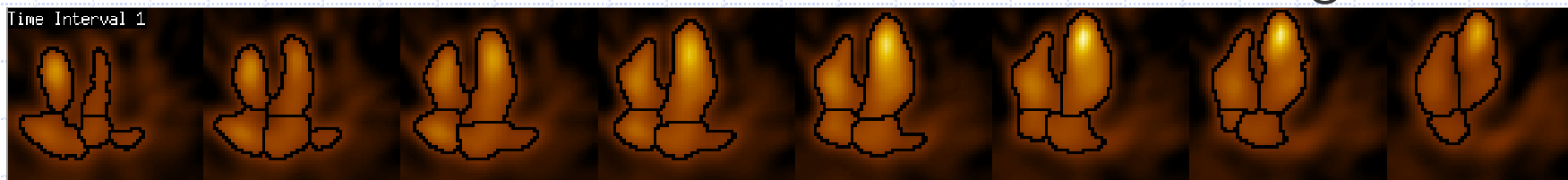
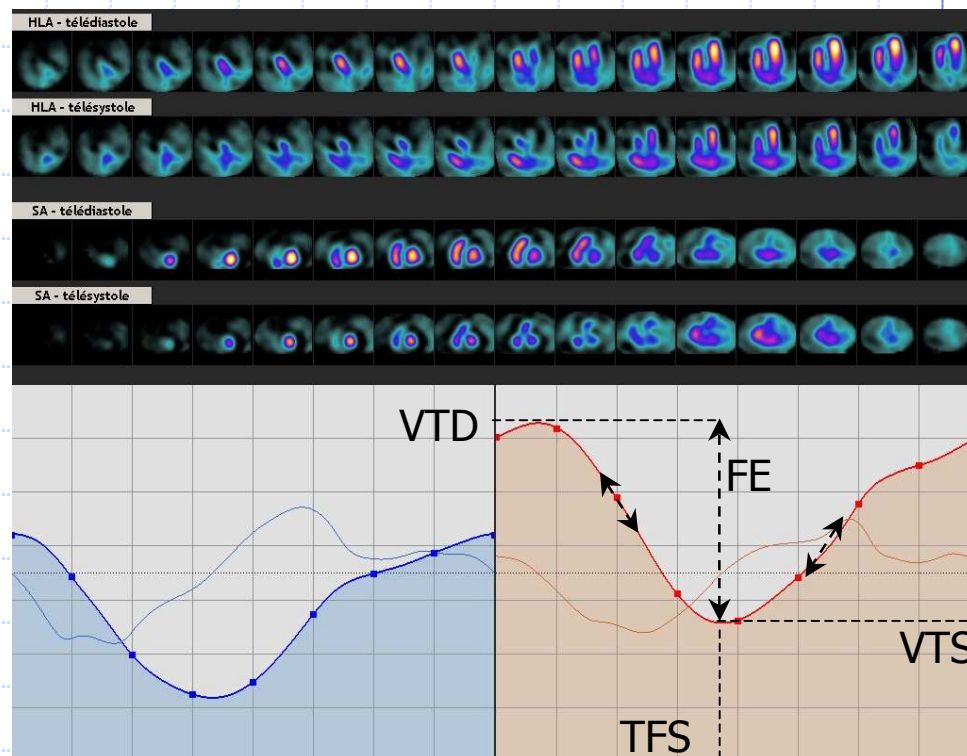
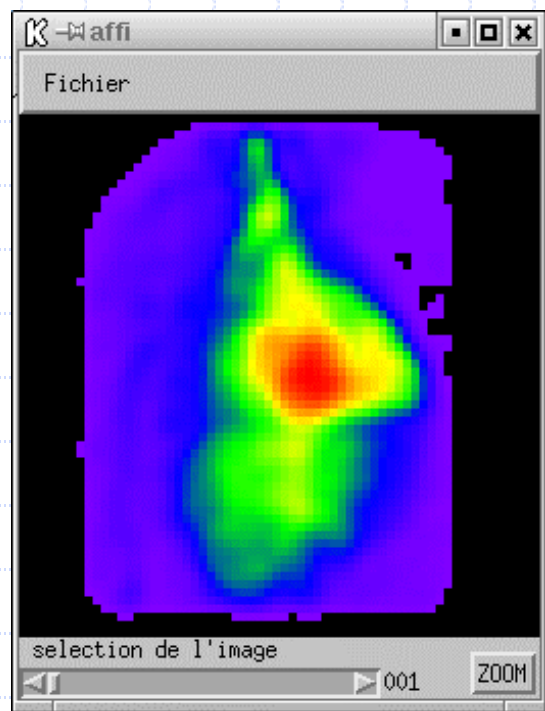
# APPLICATION



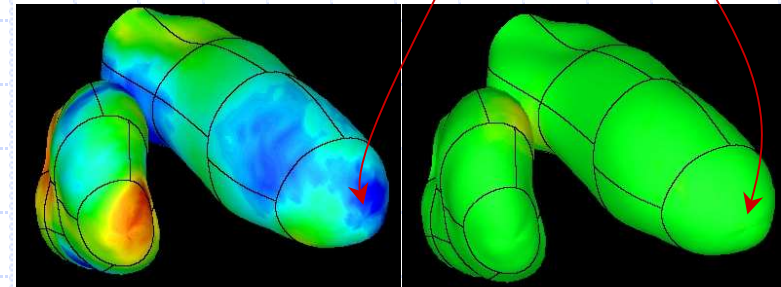
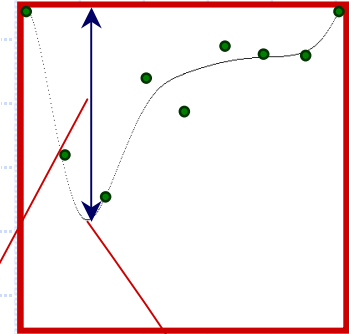
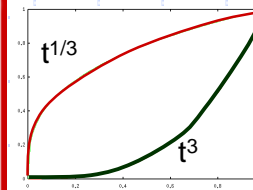
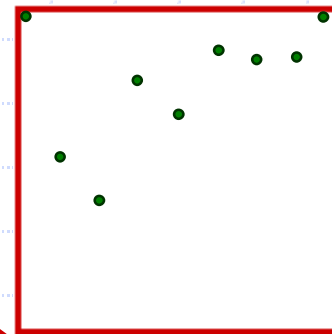
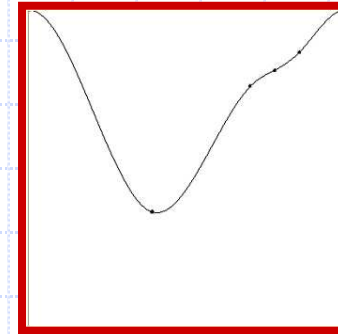
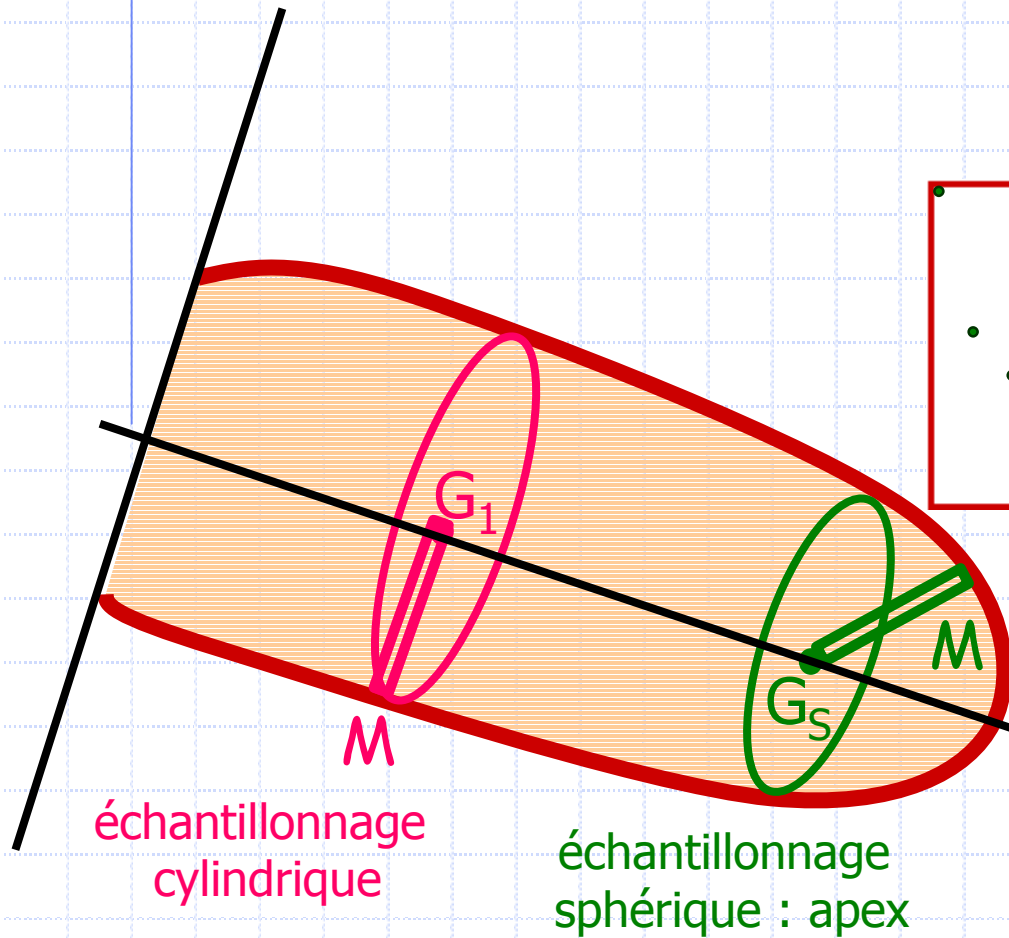
Segmentation par ligne de partage des eaux



# FONCTION SYSTOLIQUE GLOBALE

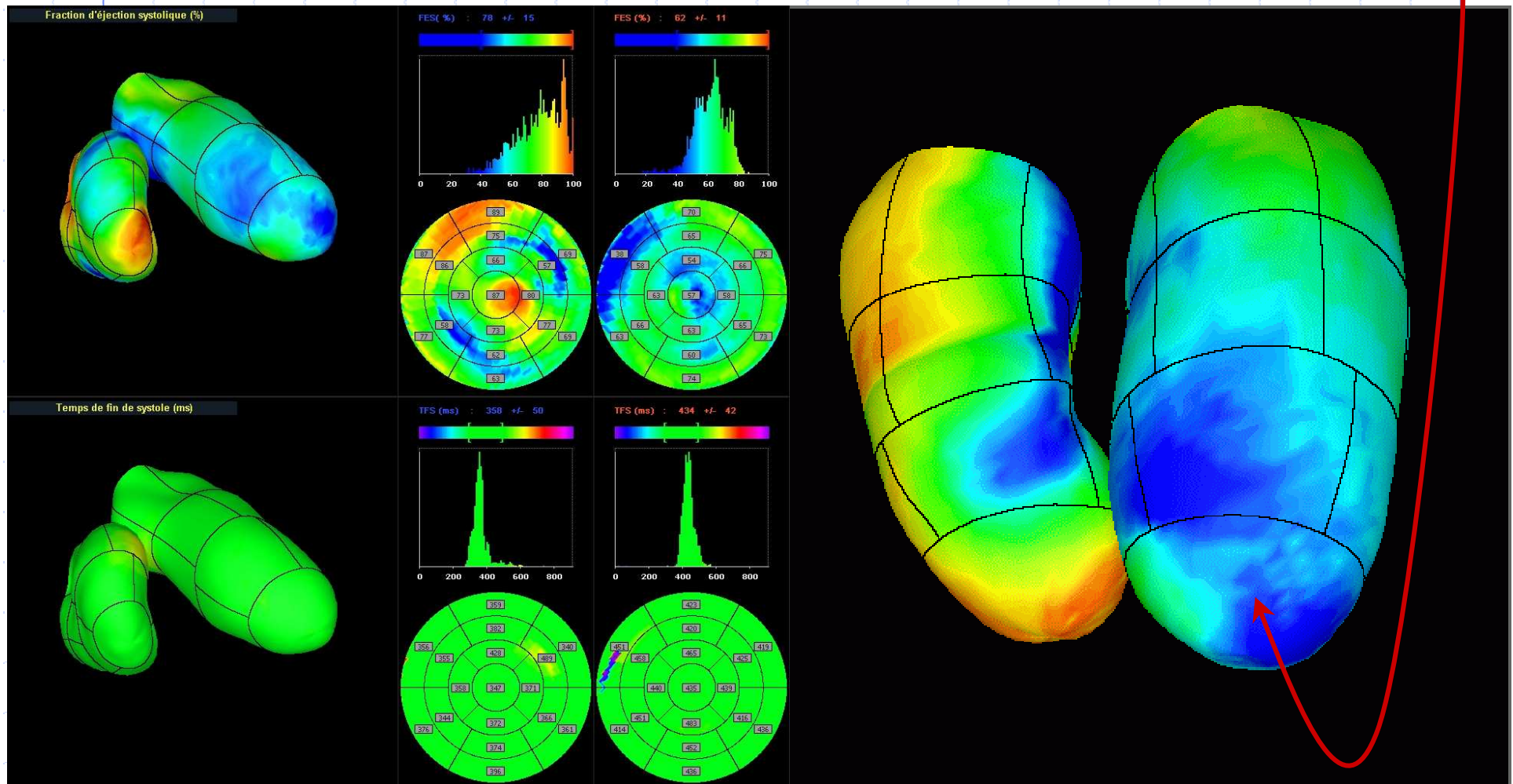
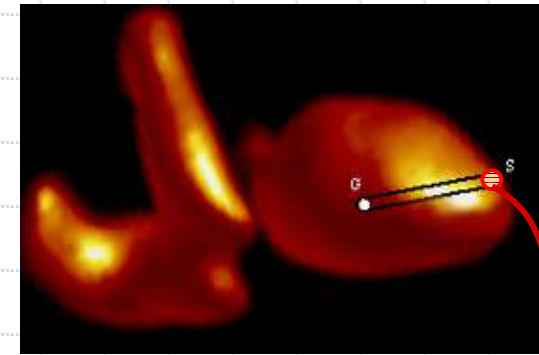


# ANALYSE LOCALE





# FONCTION SYSTOLIQUE LOCALE

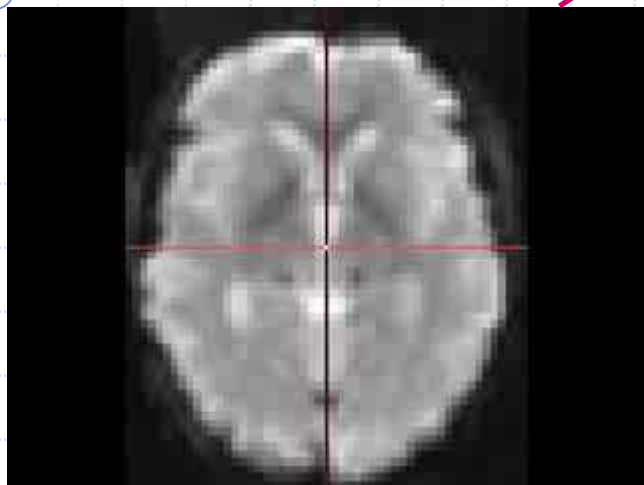


# **Extraction de paramètres physiologiques pertinents à partir de modèles pharmacocinétiques et statistiques**

Statistical Parametric Mapping

Modélisation de la consommation de glucose  
en situations physio et pathologiques

BUT



Effet BOLD

**Statistics: p-values adjusted for search volume**

set-level		cluster-level			voxel-level					x,y,z (mm)		
p	c	P <sub>corrected</sub>	k <sub>E</sub>	P <sub>uncorrected</sub>	P <sub>FWE-corr</sub>	P <sub>FDR-corr</sub>	T	(Z <sub>z</sub> )	p <sub>uncorrected</sub>			
0.414	5	0.632	362	0.086	0.928	0.604	3.79	3.35	0.000	20	58	12
					0.998	0.604	3.30	2.99	0.001	22	62	-6
					0.971	0.604	3.62	3.23	0.001	-4	30	28
		0.925	298	0.125	0.986	0.604	3.52	3.15	0.001	-10	34	22
					1.000	0.604	2.74	2.55	0.005	6	16	32
					0.976	0.604	3.59	3.21	0.001	8	34	0
		0.965	245	0.161	0.997	0.604	2.25	2.03	0.001	6	20	-6
					0.999	0.604	2.22	2.29	0.002	-2	26	-6
					0.981	0.604	3.56	3.18	0.001	44	42	-6
		0.637	578	0.067	1.000	0.604	3.01	2.76	0.009	46	46	6
					1.000	0.604	2.93	2.70	0.009	46	46	18
					0.995	0.604	3.40	3.07	0.001	46	20	26
					0.998	0.604	3.31	3.00	0.001	38	20	32

table shows 3 local maxima more than 8.0mm apart

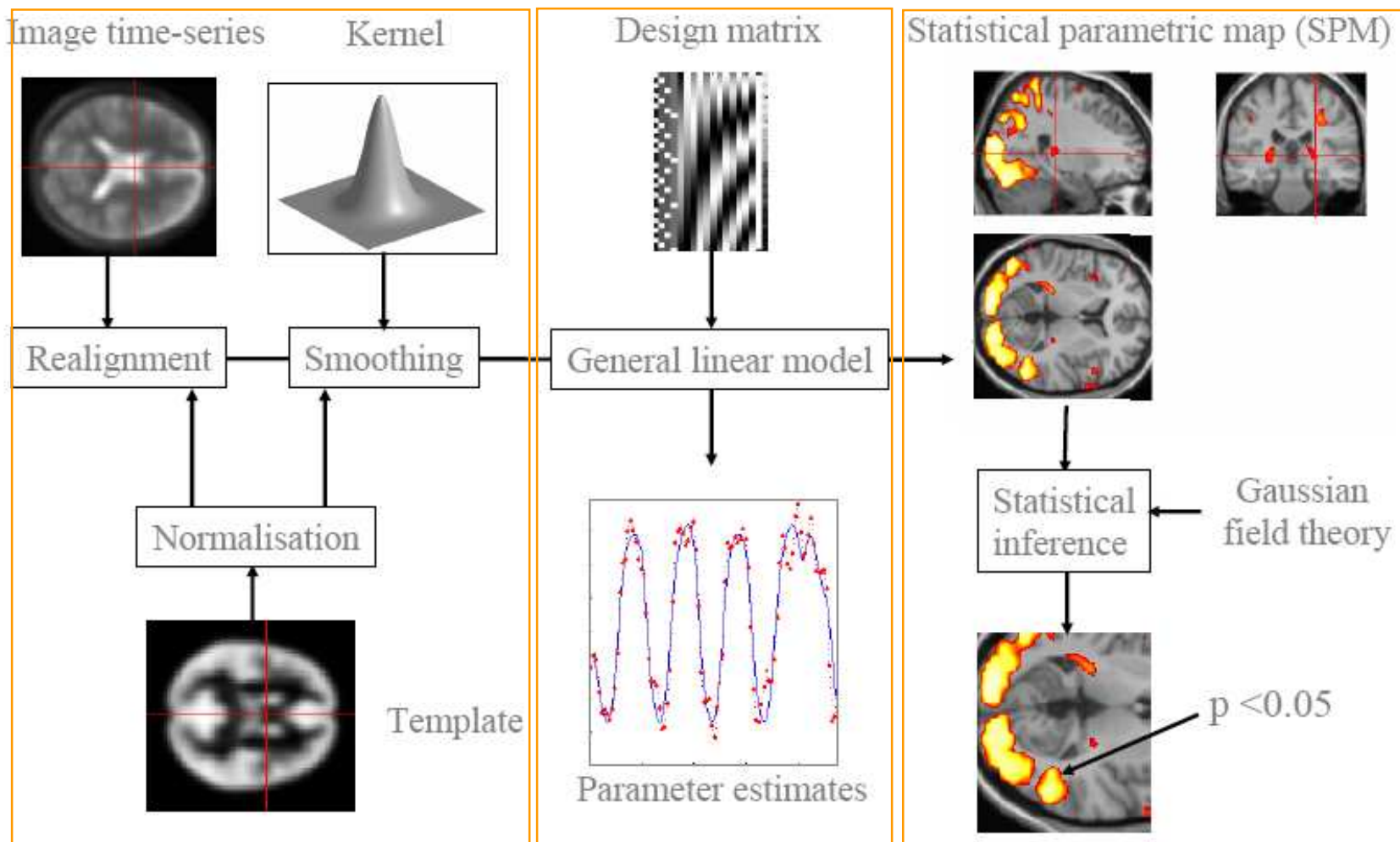
Height threshold: T = 2.48, p = 0.010 (1.000)  
 Extent threshold: k = 200 voxels, p = 0.203 (0.985)  
 Expected voxels per cluster, <math>\langle k \rangle = 131.901</math>  
 Expected number of clusters, <math>\langle c \rangle = 4.22</math>  
 Expected false discovery rate, <math>\leq 0.60</math>

Degrees of freedom = (1.0, 26.0)  
 Smoothness FWHM = 15.7 16.0 17.0 (mm) = 7.9 8.0 8.5 (voxels)  
 Search vol: 1439320 cmm; 179915 voxels; 302.9 resels  
 Voxel size: (2.0, 2.0, 2.0) mm (1 resel = 534.00 voxels)



# Procédure générale

Standardisation anatomique   Estimation des paramètres   Inférences statistiques



# Standardisation anatomique

- ◆ Recalage (correction des mouvements)
  - Recalage sur une des images ( $1^\circ$ , moyenne)
  - Transformation rigide (T,R)  $\pm$  non linéaire (IRMf)
  
- ◆ Standardisation anatomique
  - Recalage sur espace stéréotaxique de Talairach
  - Transformation affine (T,R,H,G) + a priori
    - Minimisation de l'information mutuelle
  - Puis transformation non linéaire (sur cp. BF)

# Modèle linéaire généralisé

Exemple sur une tâche sémantique:

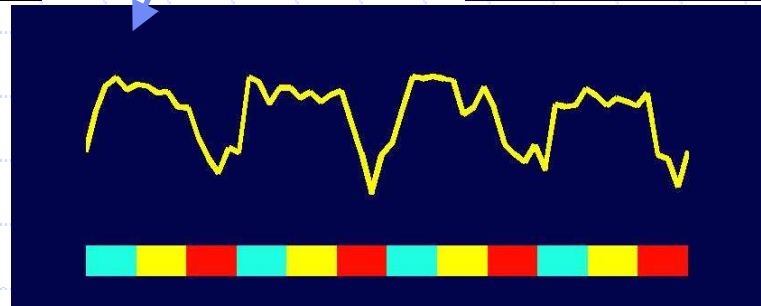
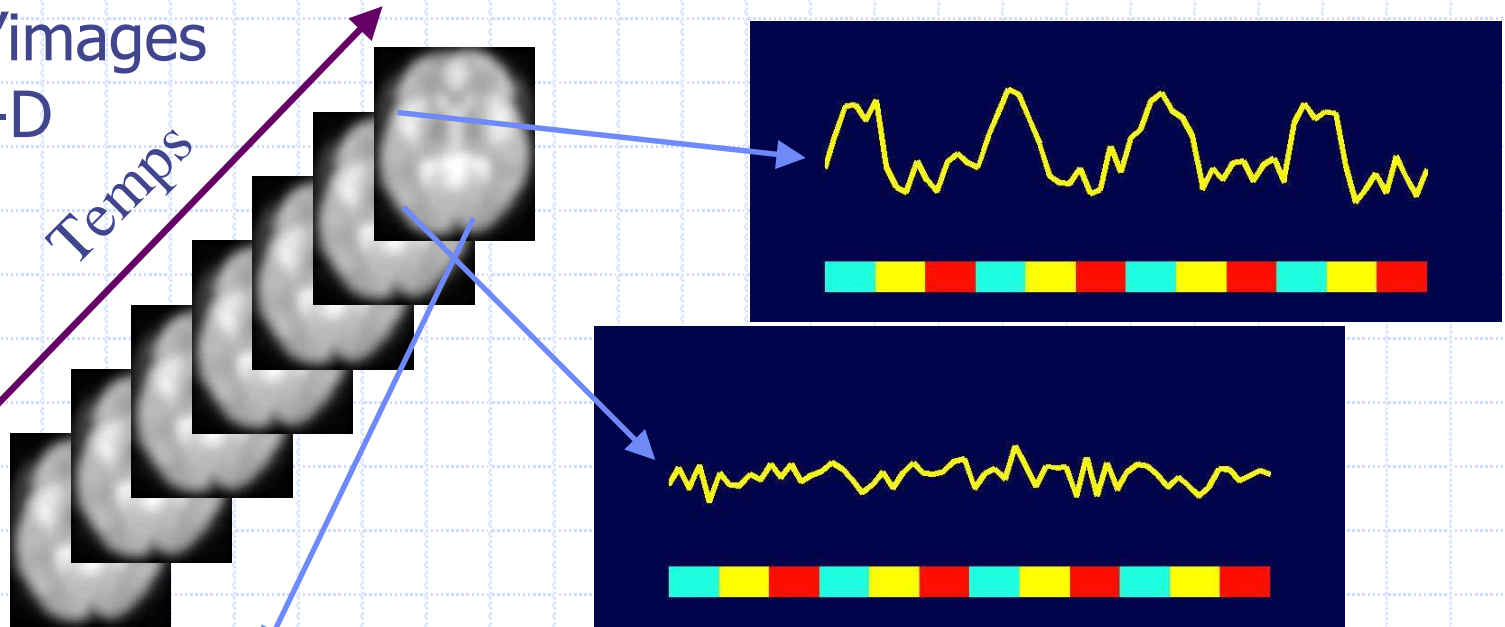
- ◆ 1: génération d'un verbe / vision d'un mot
- ◆ 2: répétition d'un verbe
- ◆ 3: repos / vision d'une croix

Exemple imaginé par Malik Koulibaly, CHU de Nice, utilisé avec son aimable autorisation.

# Modèle linéaire généralisé

Série d'images  
3-D

Temps

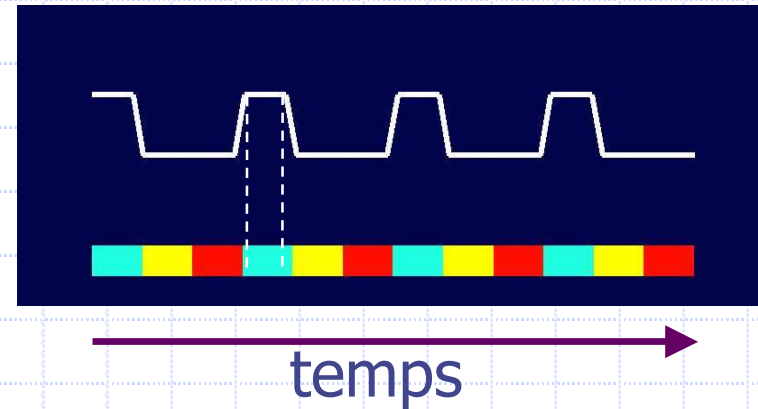


temps

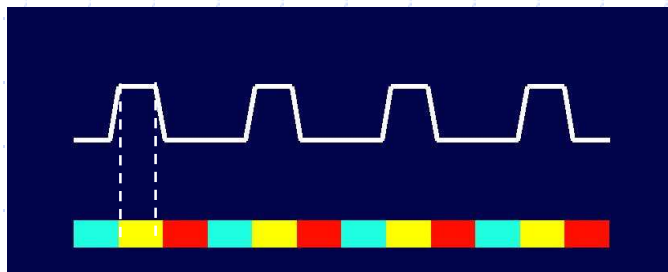
Generation  
Répétition  
Repos

# Hypothèses du modèle

Un pixel activé par la génération doit avoir un signal de ce type

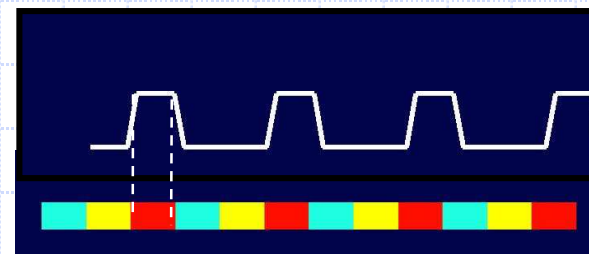


Un pixel activé par la répétition a un signal de ce type:

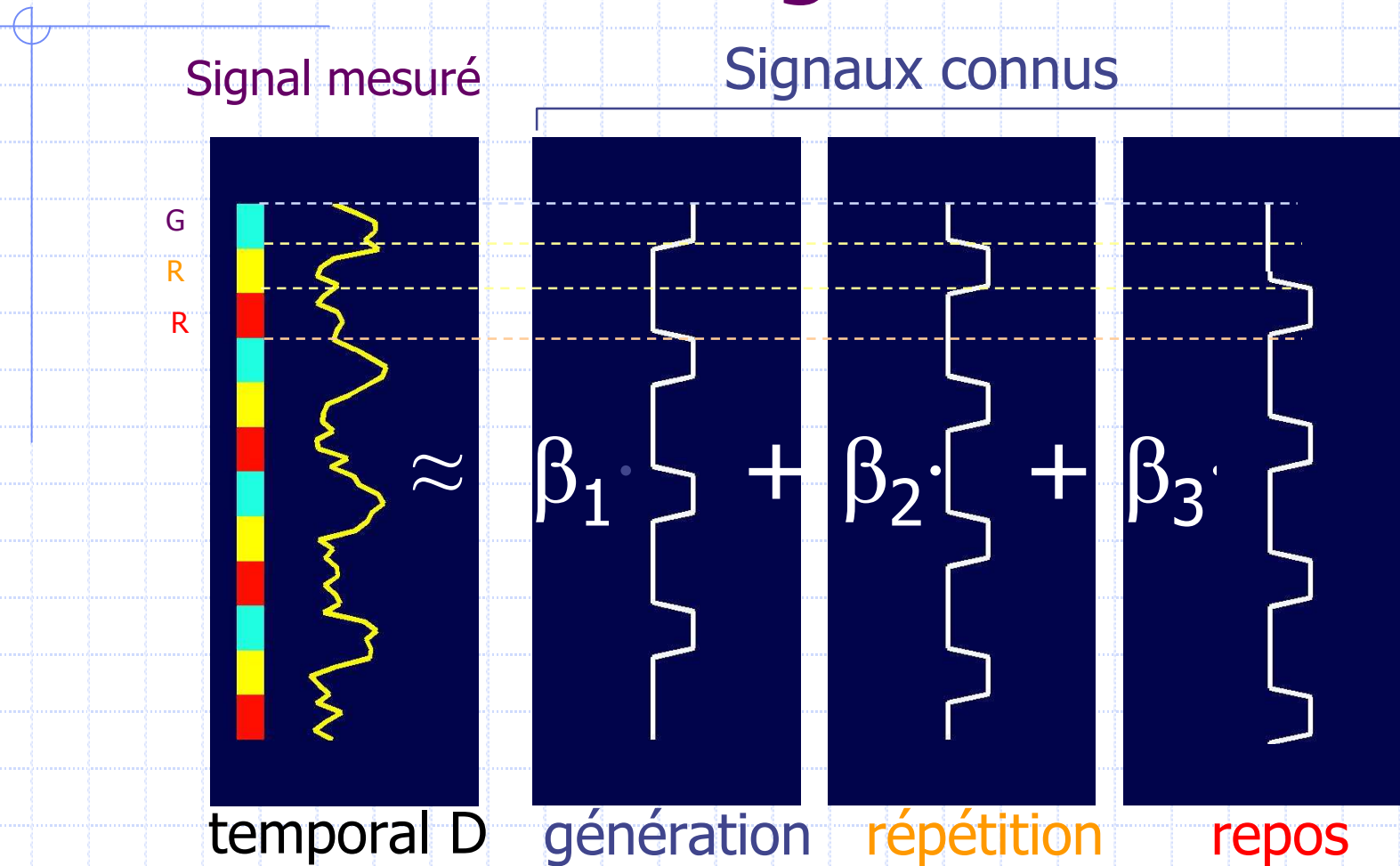


et

Un pixel qui préfère le repos:

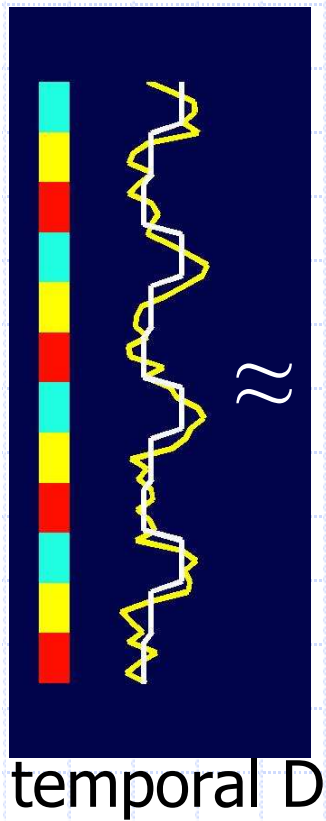


# Modèle linéaire généralisé

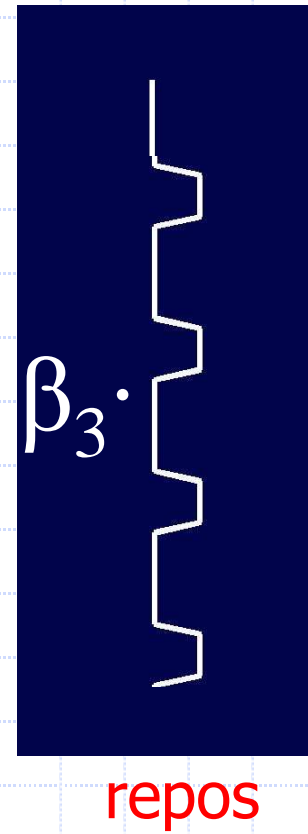
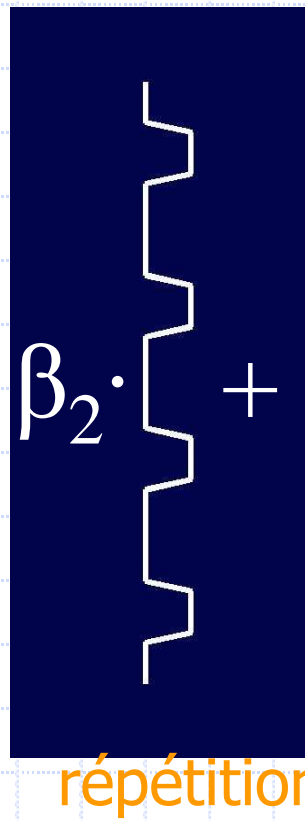
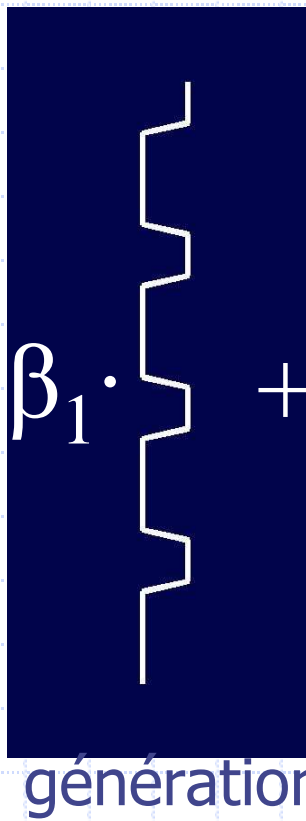


Problème: estimer les paramètres  $\beta_i$

# Estimation des paramètres $\beta_i$



$\approx$

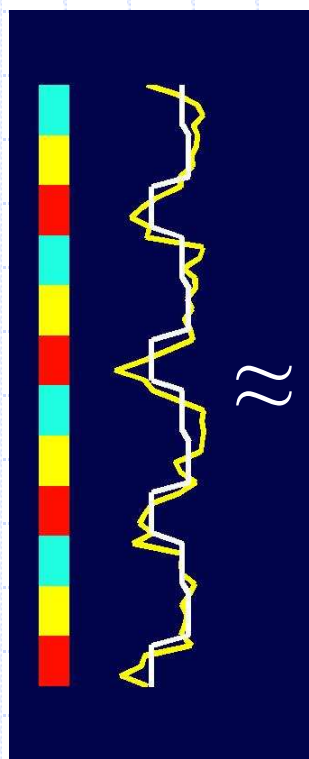


1.60

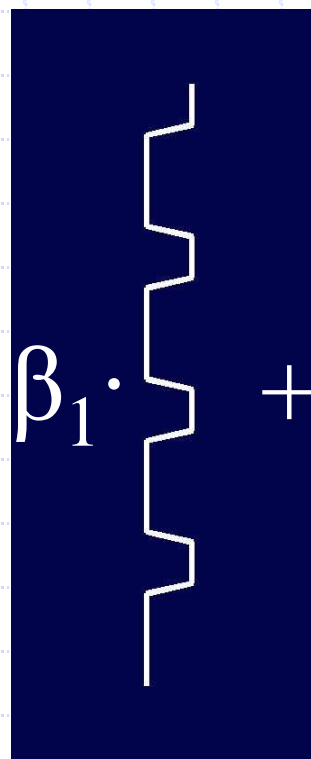
0.35

0.10

# Estimation des paramètres $\beta_i$

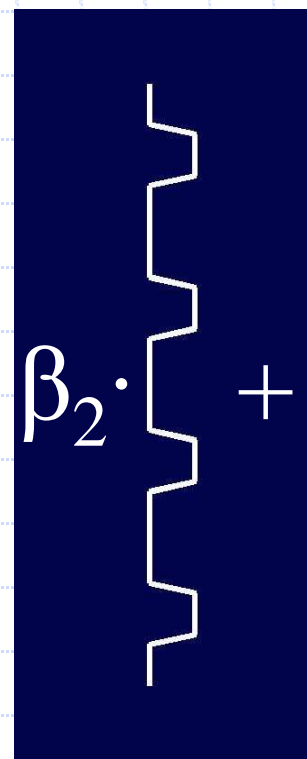


occipital G



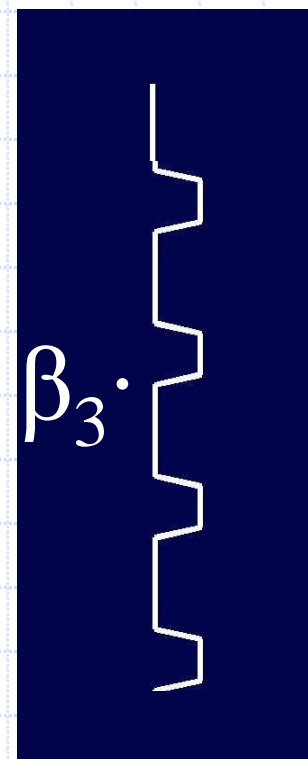
génération

1.1



répétition

1.6

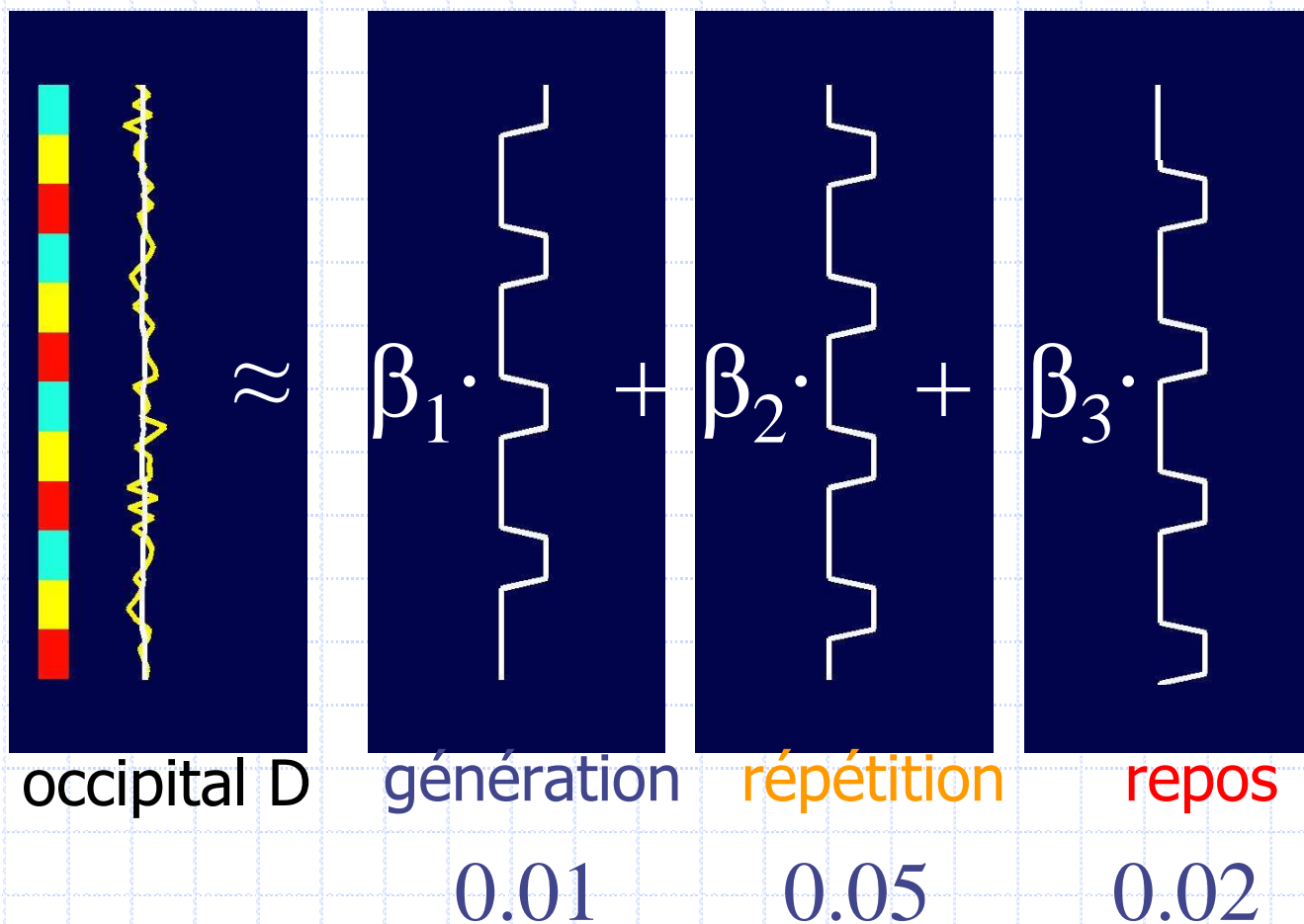


repos

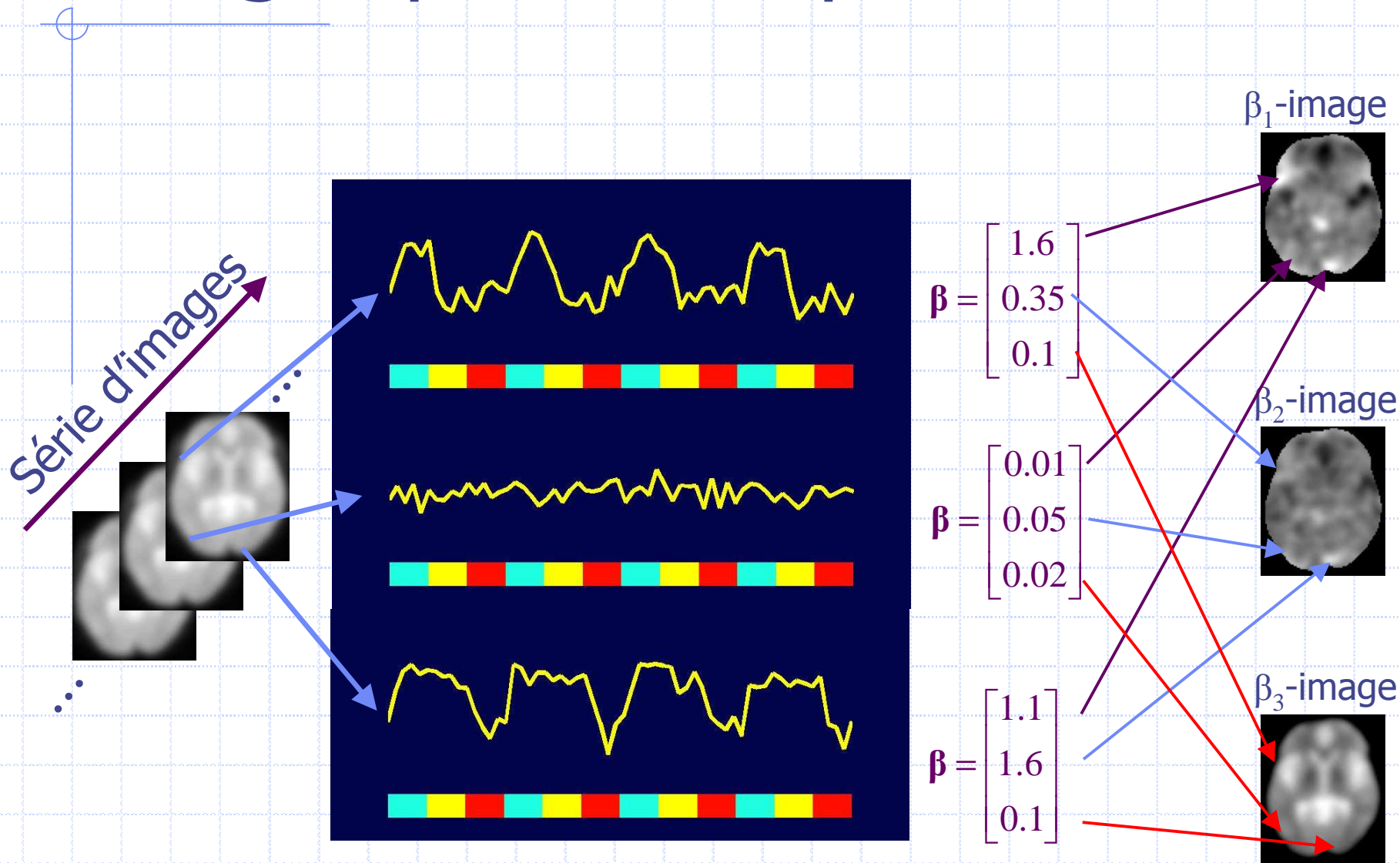
0.10



# Estimation des paramètres $\beta_i$



# Images paramétriques

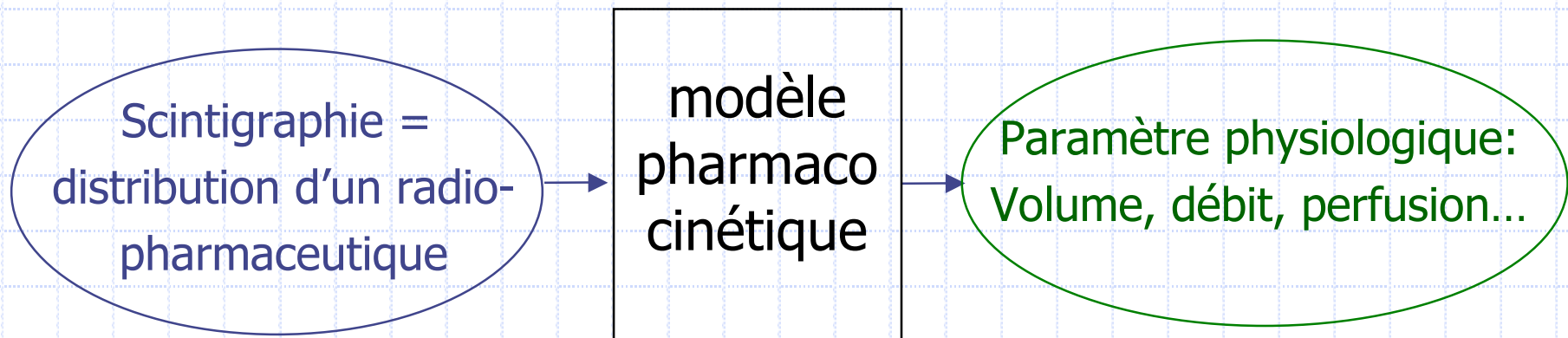


# Tests statistiques

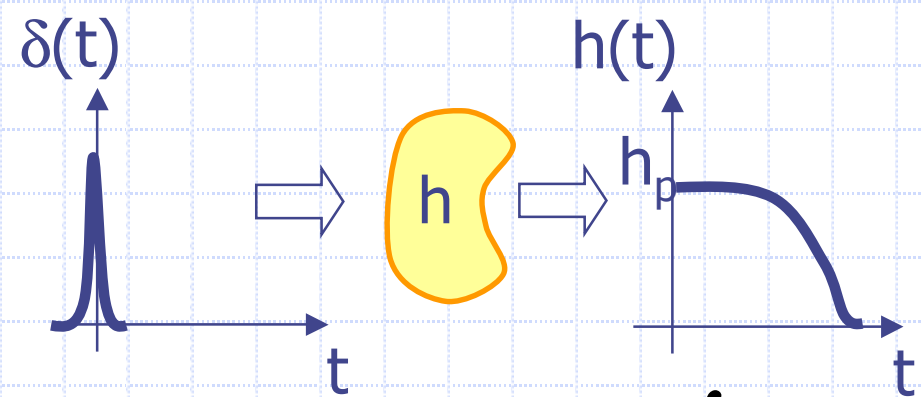
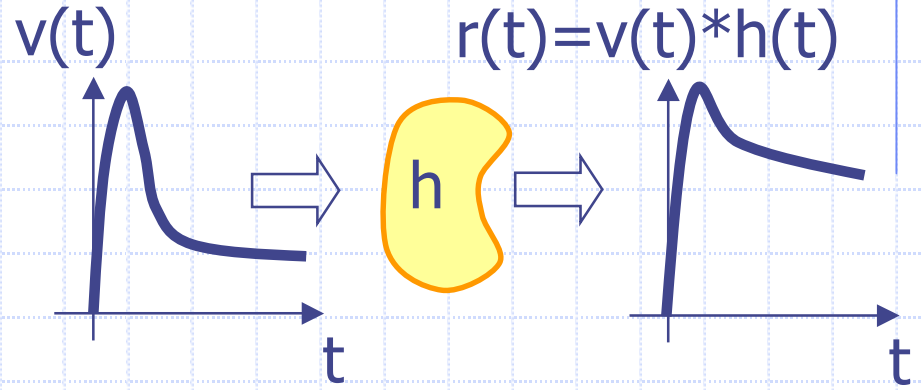
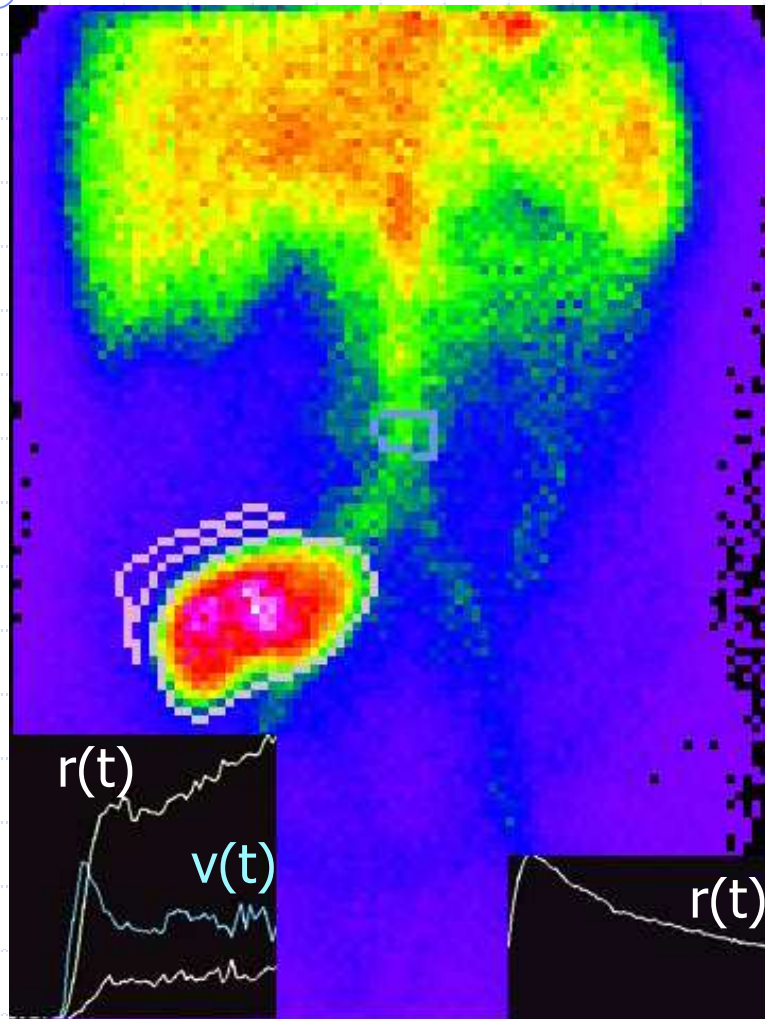
- ◆ Validité du modèle ( $\beta_1 = \beta_2 = \beta_3 = 0$  ?)
  - ◆  $\text{var}(\text{signal}) > \text{var}(\text{bruit})$  ?
- ◆ Hypothèses d'activation (Student:  $\beta_i > \beta_j$  ?)
  - ◆  $H_0$  = pas de différence significative
  - ◆ Rejet de  $H_0$  si  $p = \text{proba}(\text{test}/H_0) < p = 0.01$  %
  - ◆ Problème : 100 000 voxels  $\Rightarrow$  1 000 FP
    - $\Rightarrow$  imposer  $p$ (au moins un FP) ou  $\text{FDR} = \text{FP}/(\text{VP} + \text{FP})$

# Modélisation, pharmacocinétique

Que mesure exactement la distribution de radioactivité (i.e d'un radio-pharmaceutique) observée dans une scintigraphie ?



# Déconvolution de l'entrée vasculaire



$$TTM = \frac{\int h(t) dt}{h_p}$$

# Déconvolution de l'entrée vasculaire

$$r(u) = \sum_{t=0}^u v(u-t) \cdot h(t)$$

$$u = 0 \Rightarrow r(0) = v(0) \cdot h(0) \Rightarrow h(0) = \frac{r(0)}{v(0)}$$

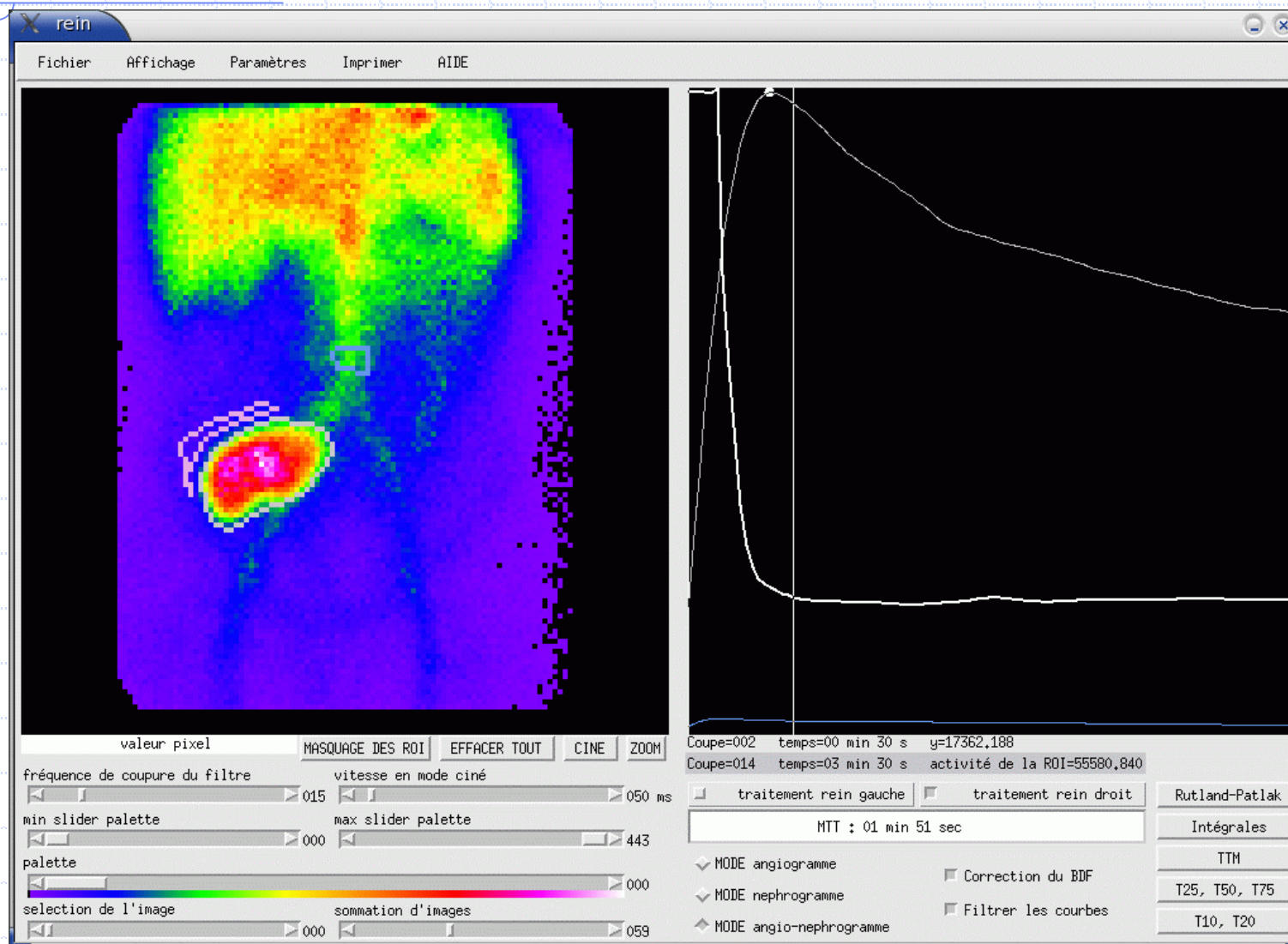
$$u = 1 \Rightarrow r(1) = v(1) \cdot h(0) + v(0) \cdot h(1) \Rightarrow h(1) = \frac{r(1)v(0) - v(1)r(0)}{v(0)^2}$$

etc...

$$r = v * h \Rightarrow \hat{r} = \hat{v} \cdot \hat{h} \Rightarrow \hat{h} = \frac{\hat{r}}{\hat{v}}$$

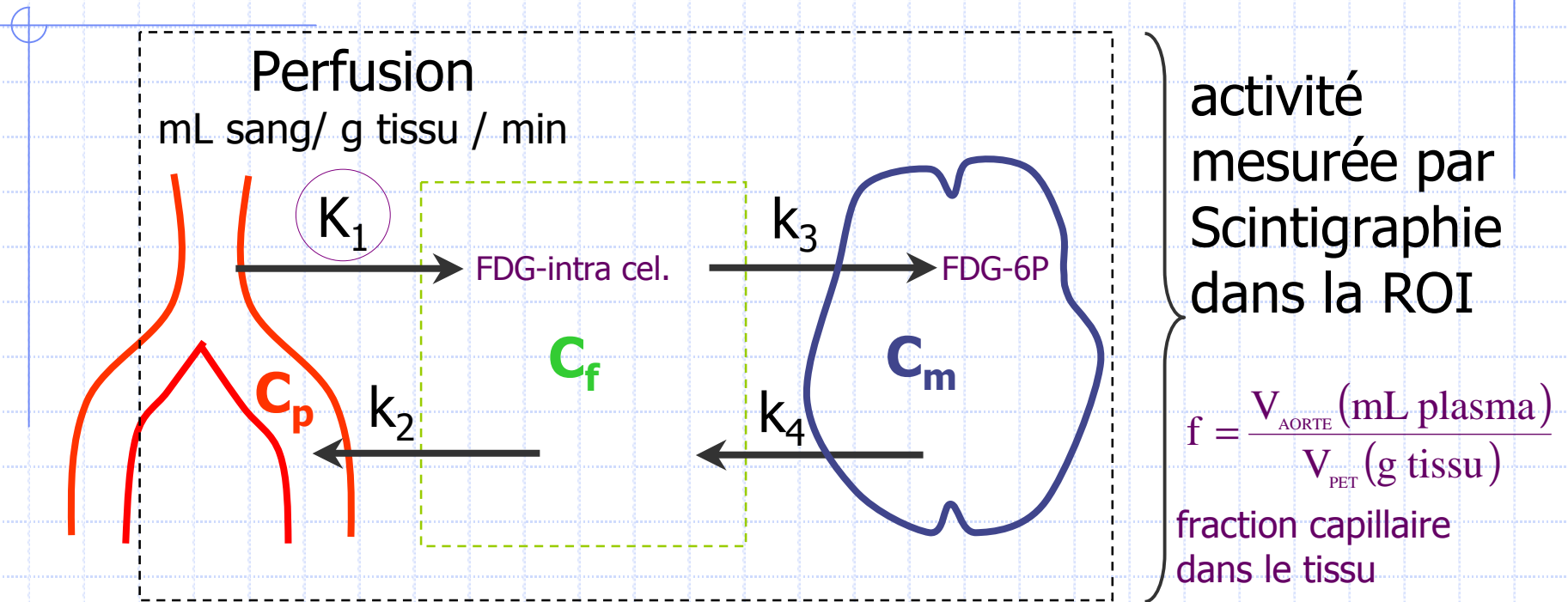
$$\text{donc } h = \text{TF}^{-1} \left( \frac{\hat{r}}{\hat{v}} \right)$$

# Déconvolution de l'entrée vasculaire





# MODELE POUR LE FDG



Activité mesurée ?  
par la scintigraphie  $\Rightarrow$   
(kBq/mL)

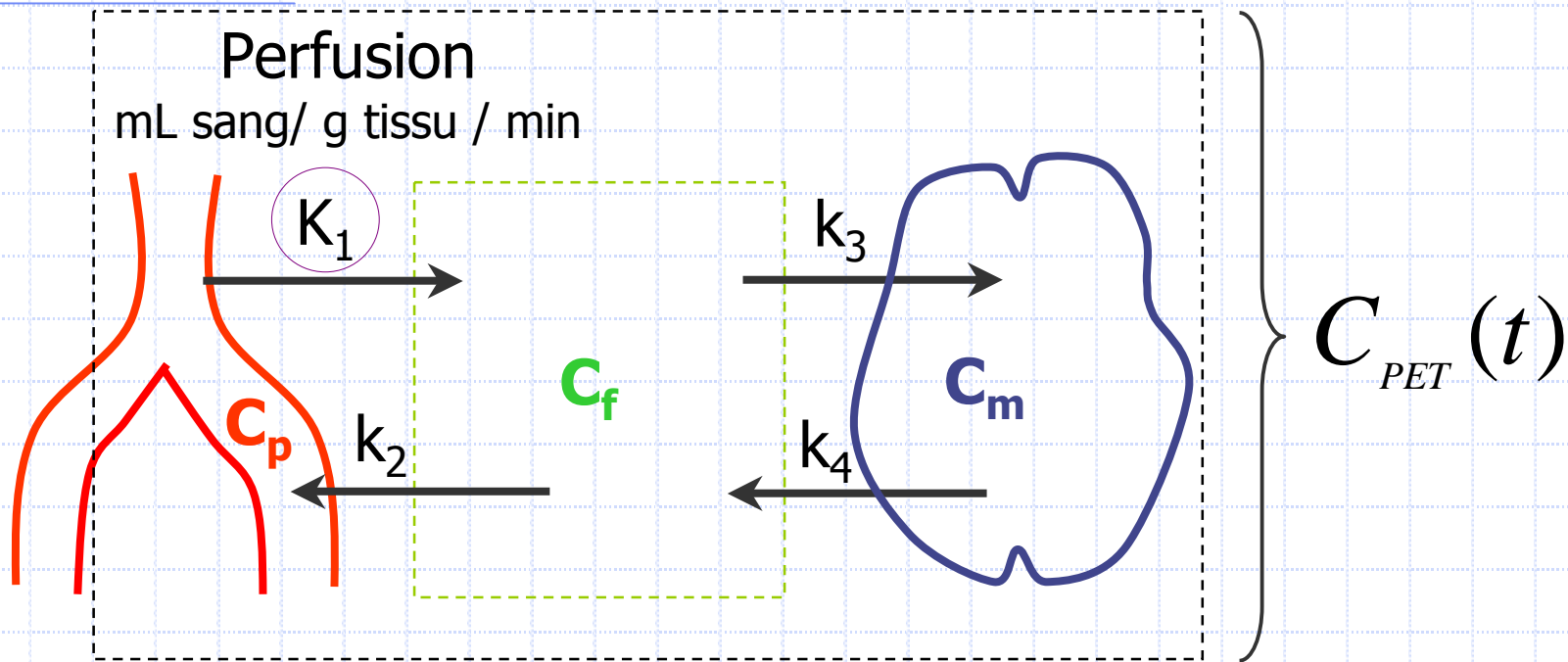
**Perfusion**  $K_1$  ( $\text{ml.g}^{-1}.\text{min}^{-1}$ ) =  $f.k_1$

**Métabolisation** du glucose

( $\mu\text{mol.g}^{-1}.\text{min}^{-1}$ ):  $MRG = \frac{Gly}{LC} \frac{K_1 k_3}{k_2 + k_3}$



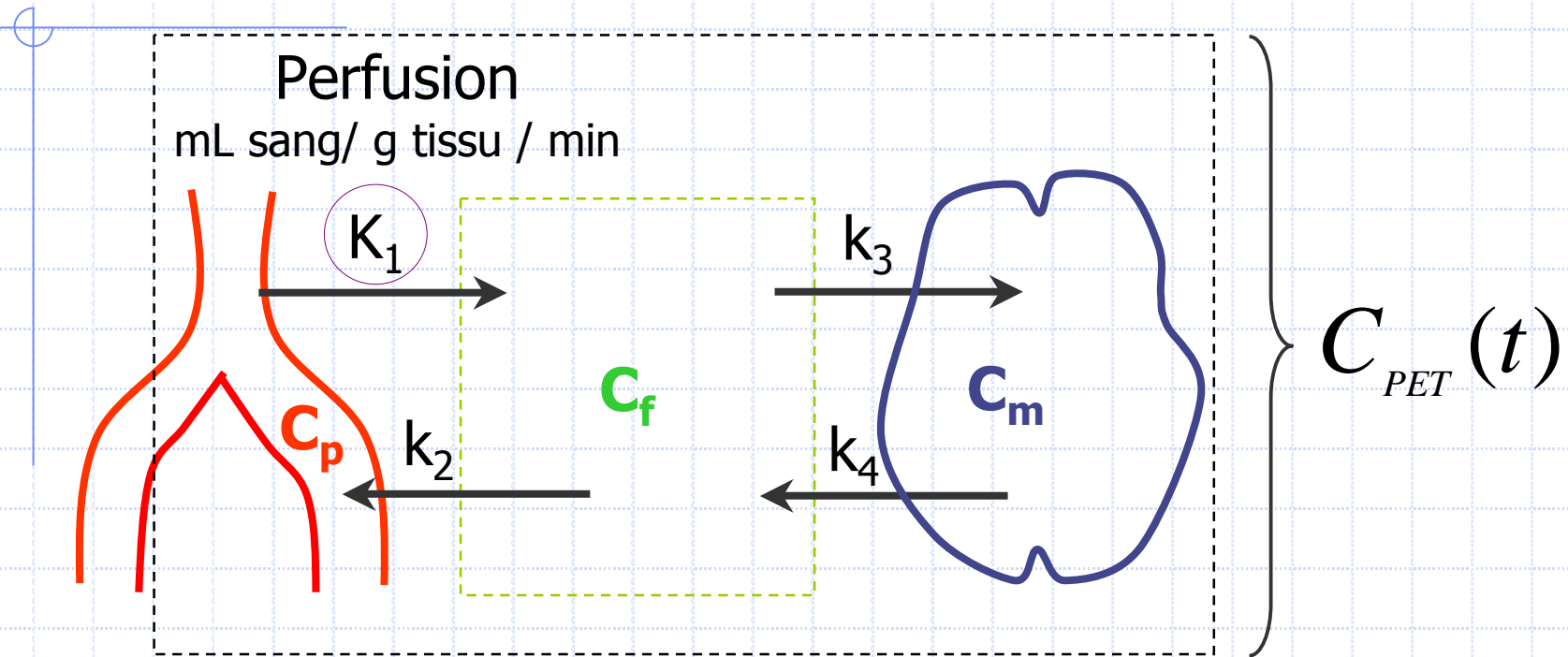
# MODELE POUR LE FDG



$$\frac{dC_f(t)}{dt} = K_1 C_p(t) - (k_2 + k_3) C_f(t) + k_4 C_m(t)$$

$$\frac{dC_m(t)}{dt} = k_3 C_f(t) - k_4 C_m(t)$$

# MODELE POUR LE FDG



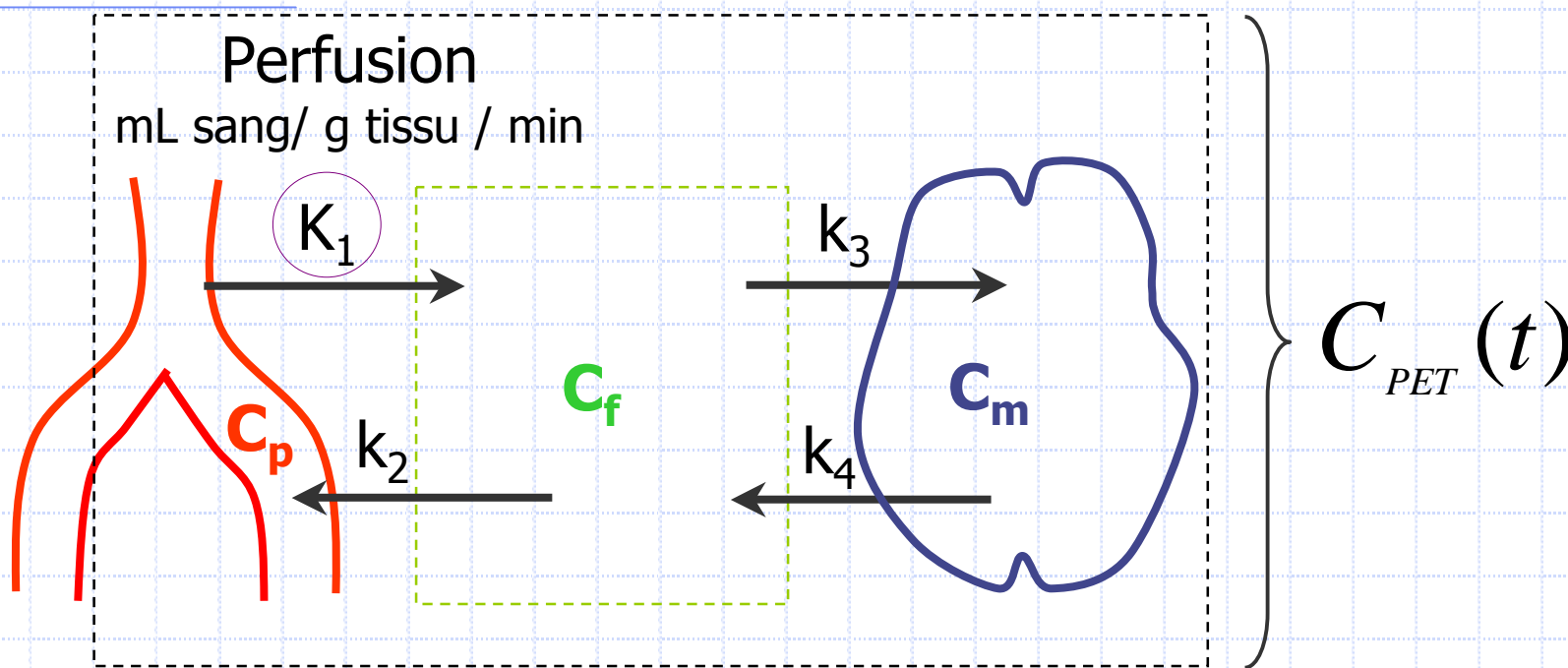
$$C_f(t) = \frac{K_1}{\alpha_2 - \alpha_1} \int_0^t [(k_4 - \alpha_1)e^{-\alpha_1 t} + (\alpha_2 - k_4)e^{-\alpha_2 t}] \cdot C_p(t-u) \cdot du$$

$$C_m(t) = \frac{K_1 k_3}{\alpha_2 - \alpha_1} \int_0^t [e^{-\alpha_1 t} - e^{-\alpha_2 t}] \cdot C_p(t-u) \cdot du$$

$$\alpha_1^2 = \frac{k_2 + k_3 + k_4 \pm \sqrt{\Delta}}{2}$$

$$\Delta = (k_2 + k_3 + k_4)^2 - 4k_2 k_4$$

# MODELE POUR LE FDG

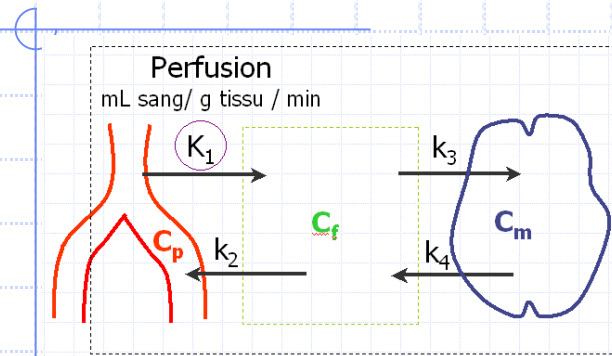


$$C_{PET}(t) = C_f(t) + C_m(t) + f.C_p(t)$$

$$C_{PET}(t) = f.C_p(t) + \frac{K_1}{\alpha_2 - \alpha_1} \int_0^t [(k_3 + k_4 - \alpha_1)e^{-\alpha_1 t} + (\alpha_2 - k_3 - k_4)e^{-\alpha_2 t}] . C_p(t - u) . du$$

$$\alpha_1^2 = \frac{k_2 + k_3 + k_4 \pm \sqrt{\Delta}}{2} \quad \text{et} \quad \Delta = (k_2 + k_3 + k_4)^2 - 4k_2k_4$$

# MODELE POUR LE FDG

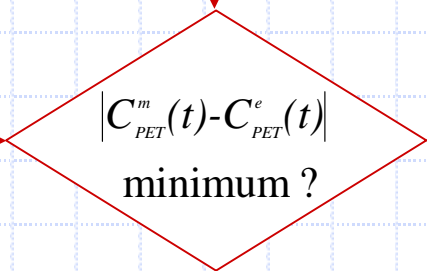


Estimation  
 $K_1, k_2, k_3, k_4$

$$C_{PET}^e(t) = f \cdot C_p(t) + \frac{K_1}{\alpha_1 - \alpha_2} \int_0^t [(k_3 + k_4 - \alpha_1)e^{-\alpha_1 t} + (\alpha_2 - k_3 - k_4)e^{-\alpha_2 t}] \cdot C_p(t-u) \cdot du$$

$$\alpha_1^2 = \frac{k_2 + k_3 + k_4 \pm \sqrt{\Delta}}{2} \quad \text{et} \quad \Delta = (k_2 + k_3 + k_4)^2 - 4k_2k_4$$

Mesures de  
 $C_{PET}^m(t)$  et  $C_p(t)$

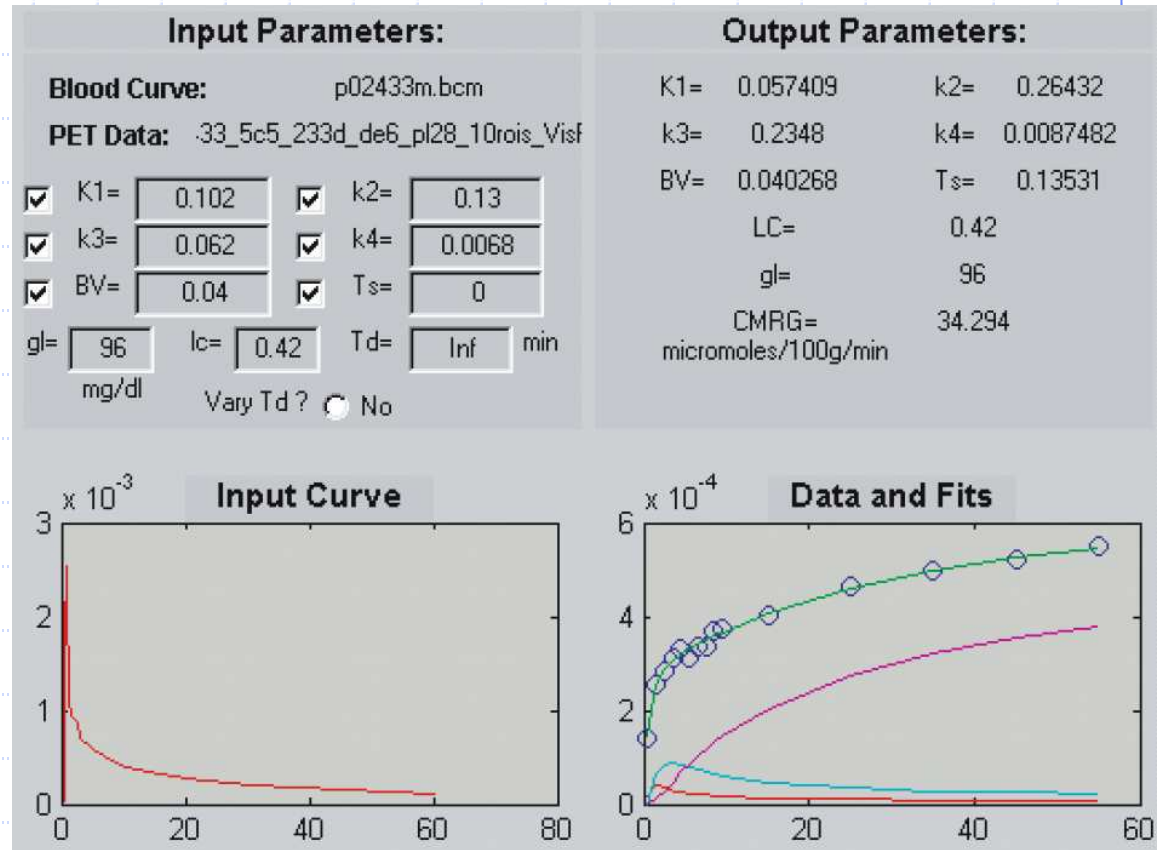
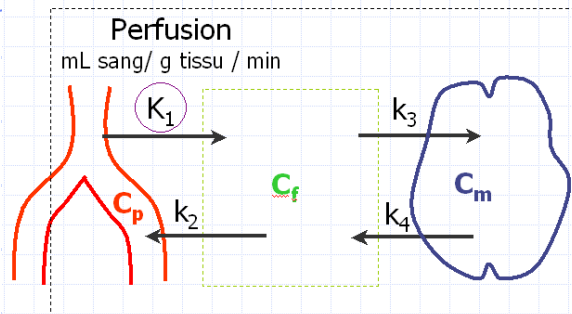


Ajustement  
 $K_1, k_2, k_3, k_4$

$Lumped Cst = E_{av}(FDG/G) = 0.4 \text{ à } 1.3$

$$MRG(\mu mol / 100g / min) = \frac{Gly(\mu mol / 100mL)}{LC} \frac{K_1 k_3}{k_2 + k_3}$$

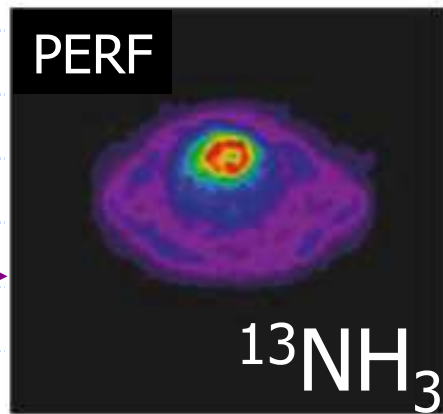
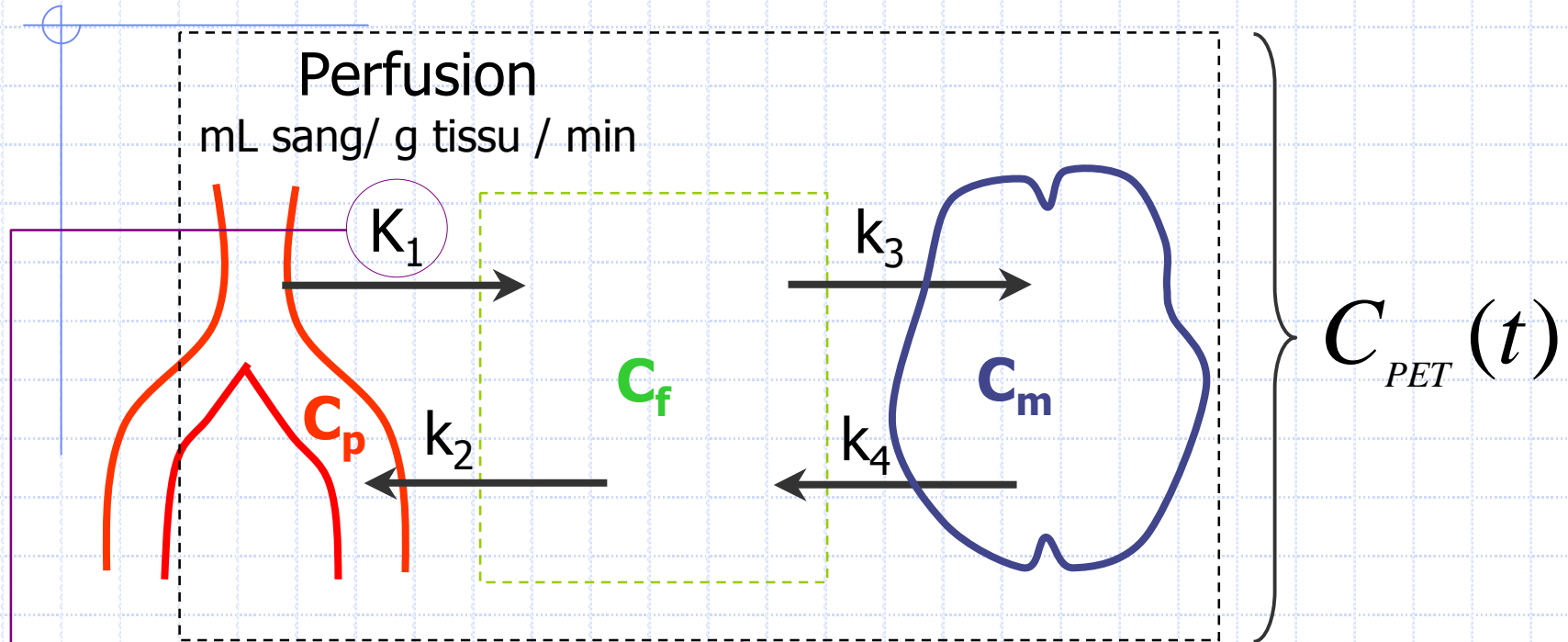
# MODELE POUR LE FDG



Lumped Cst =  $E_{av}(FDG/G) = 0.4 \text{ à } 1.3$

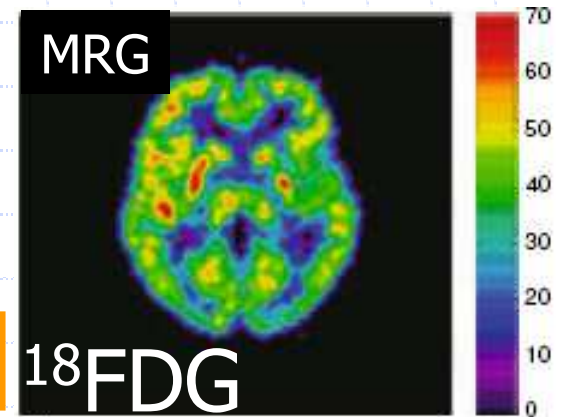
$$MRG(\mu\text{mol} / 100\text{g} / \text{min}) = \frac{Gly(\mu\text{mol} / 100\text{mL})}{LC} \frac{K_1 k_3}{k_2 + k_3}$$

# MODELE POUR LE FDG

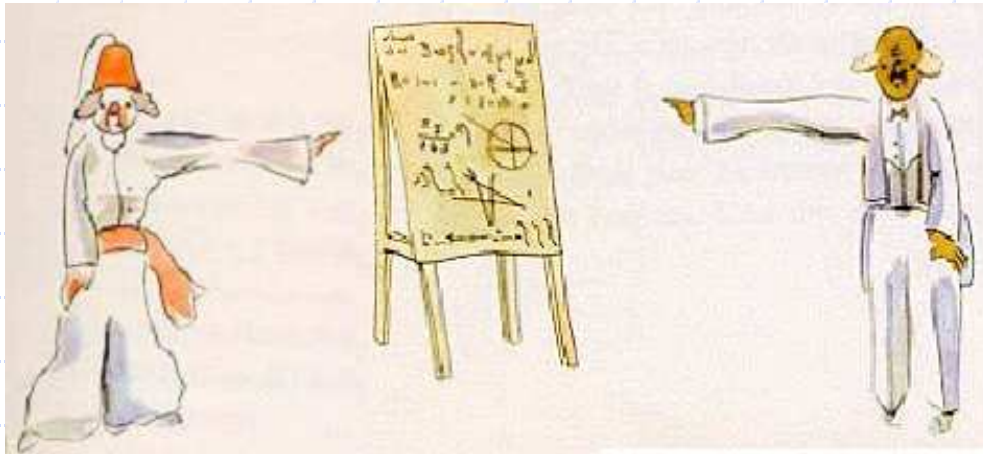


taux de métabolisation  
du glucose en  
 $\mu\text{mole} / 100 \text{ g} / \text{min}$

IMAGES PARAMETRIQUES







**Bibliographie :**

Introduction au traitement numérique  
des images médicales. D. Mariano-  
Goulart.  
Encyclopédie Médico-chirurgicale,  
35-100-A-10, 2009.

**Merci de votre attention...**

[denis.mariano-goulart@univ-montp1.fr](mailto:denis.mariano-goulart@univ-montp1.fr)

<http://scinti.etud.univ-montp1.fr>