

---

# Détection et caractérisation de l'évolution de tumeurs entre deux volumes d'images de Tomographie par Emission de Positons (PET)

Irène Buvat, Hatem Necib

Imagerie et Modélisation en Neurobiologie et Cancérologie,  
UMR 8165 CNRS  
Université Paris 7 - Université Paris 11 - Orsay

[buvat@imnc.in2p3.fr](mailto:buvat@imnc.in2p3.fr)  
<http://www.guillemet.org/irene>

# Plan

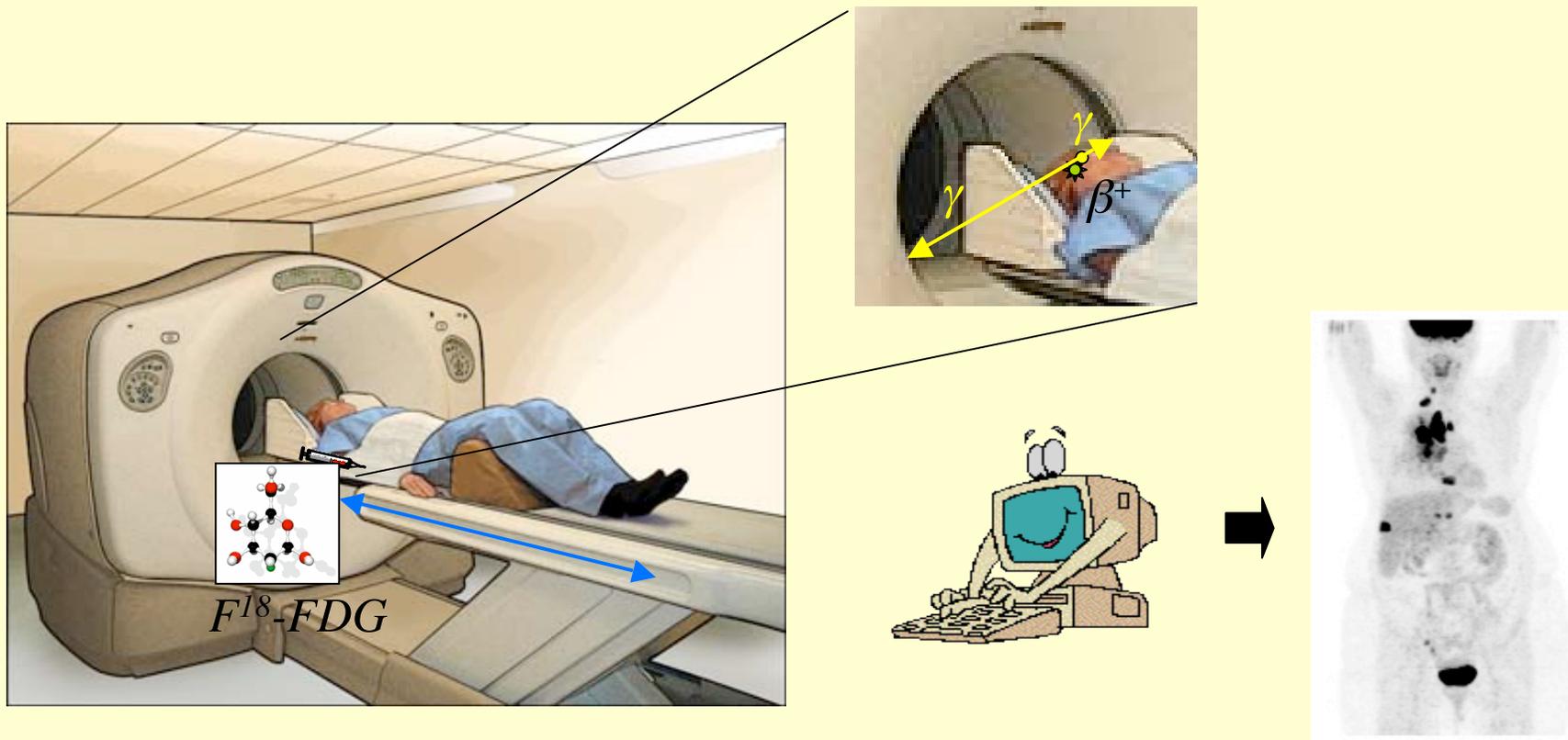
---



- Contexte
- Objectif
- Méthodes
- Evaluation
- Discussion / Conclusion

## Contexte : la tomographie par émission de positons (TEP)

- Méthode d'imagerie fonctionnelle permettant de visualiser le métabolisme d'une substance, en particulier d'un analogue du glucose, le FDG



## Contexte : signification d'une image TEP

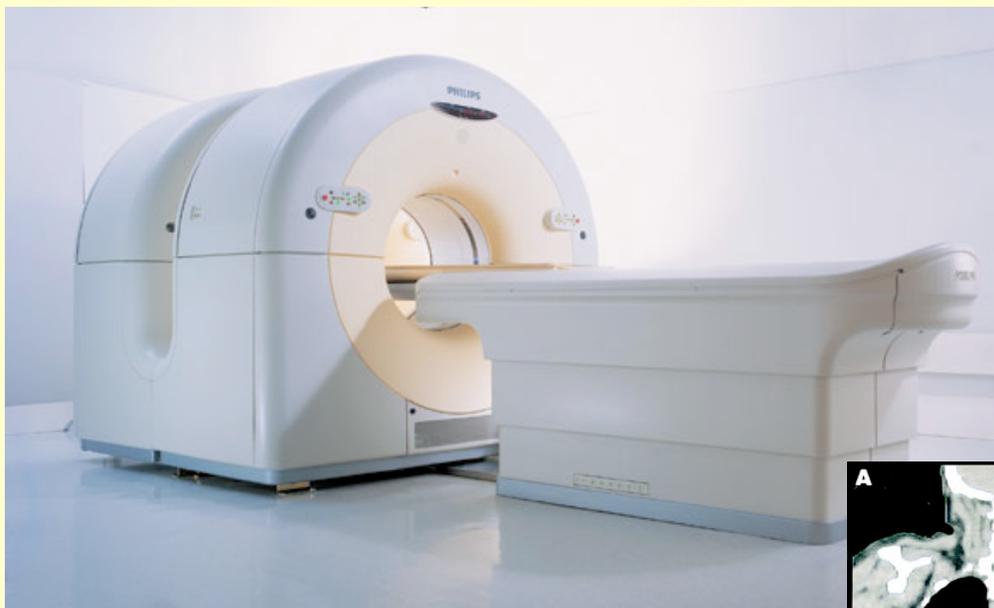


Concentration du radiotraceur (kBq/mL)

$$\text{SUV (Standardized Uptake Value)} = \frac{\text{Concentration du traceur}}{\text{Activité injectée / poids du patient}}$$

SUV ~ activité métabolique des cellules

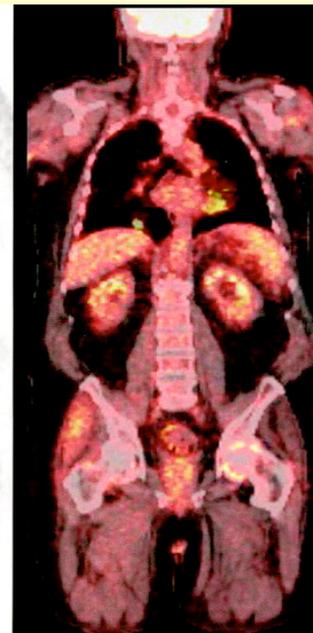
# Contexte : imagerie TEP/TDM



CT



PET (CTAC)



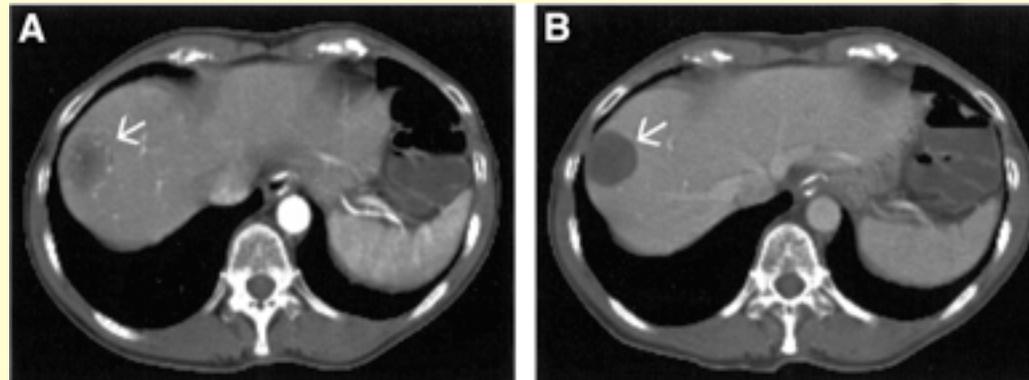
Fused (PET CTAC -CT)

*Osman et al, J Nucl Med 2003*

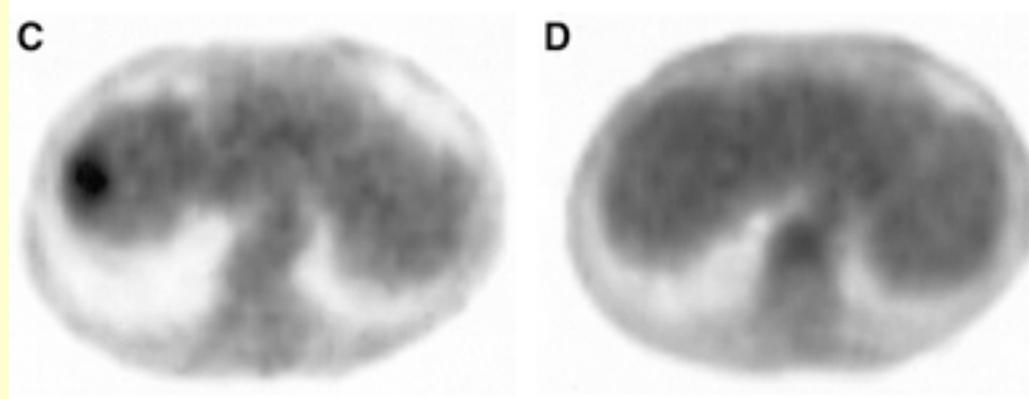
## Contexte : utilisation de la TEP pour le suivi thérapeutique

- Motivation : les désordres métaboliques précèdent les distorsions anatomiques

Images anatomiques  
(TDM)



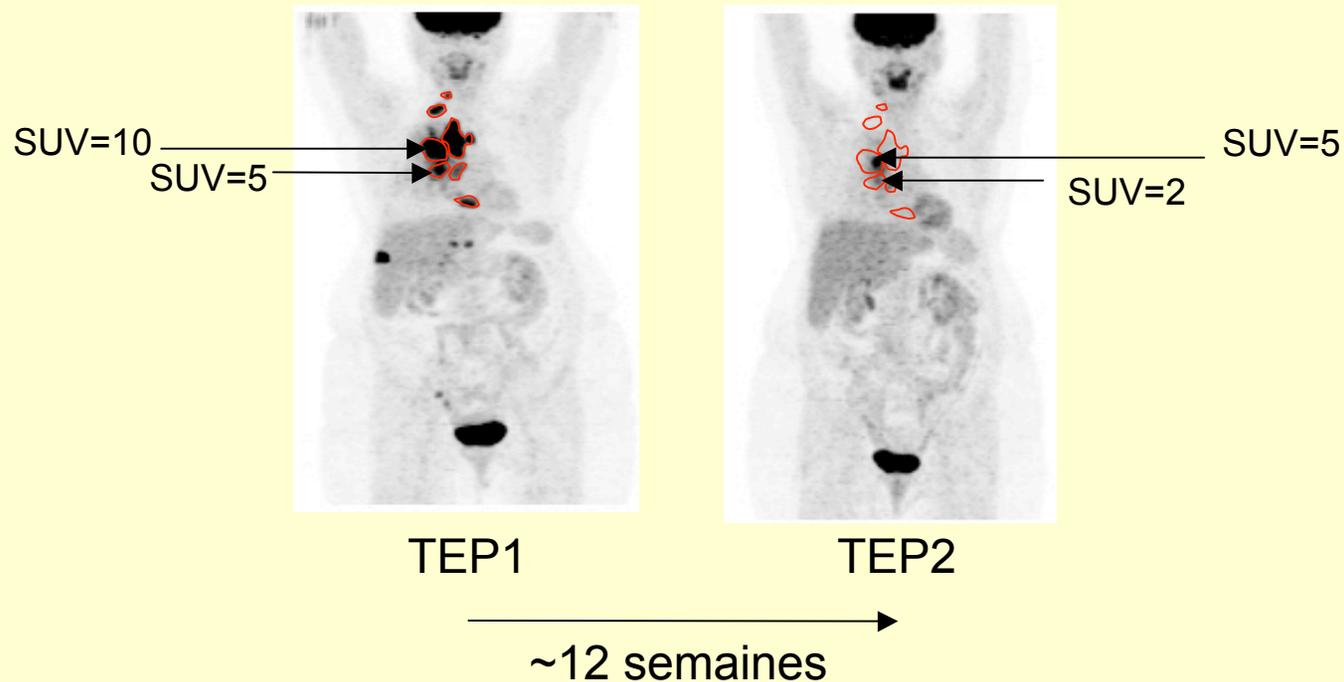
Images fonctionnelles  
(TEP)



1 mois après le début  
du traitement

*Antoch et al, J Nucl Med 2004*

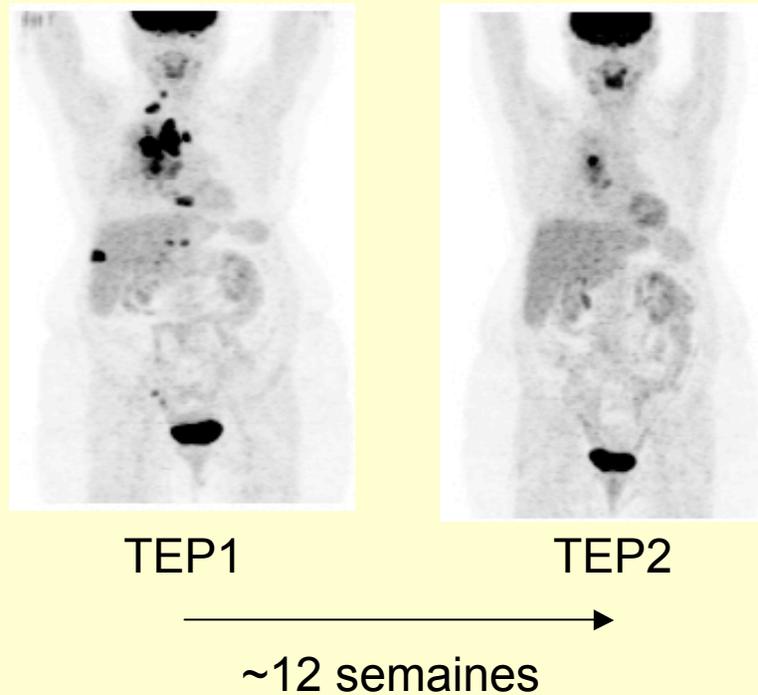
## Contexte : approche actuelle d'analyse



- Nécessaire identification voire contourage des tumeurs
- Approche régionale : caractérisation de chaque tumeur par une seule valeur de SUV
- +/- subjectif
- Laborieux en cas de nombreuses tumeurs
- Comparaison sans fondement statistique

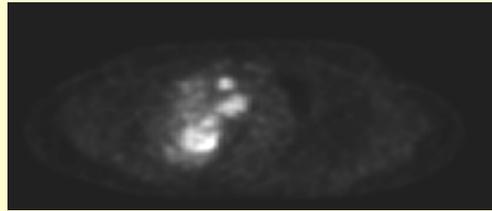
# Objectif

- Fournir une méthode de comparaison objective de 2 volumes TEP acquis à plusieurs semaines d'intervalle

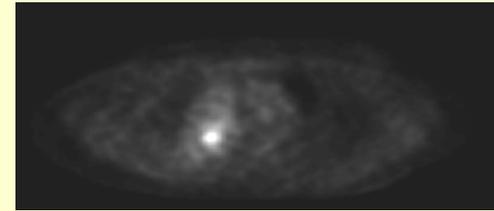


# Méthode : principe

1. Recalage rigide local utilisant les images TDM associées aux TEP

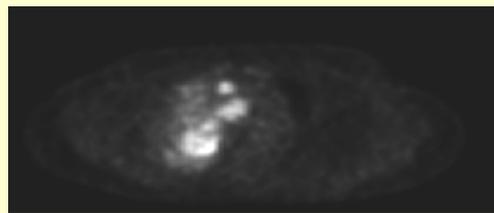


TEP1



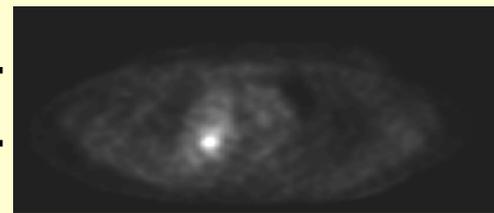
TEP2

2. « Soustraction » voxel à voxel des volumes d'images



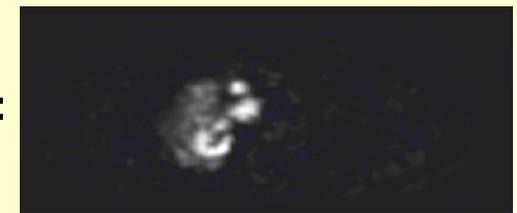
TEP1

$- T_{21} \{$



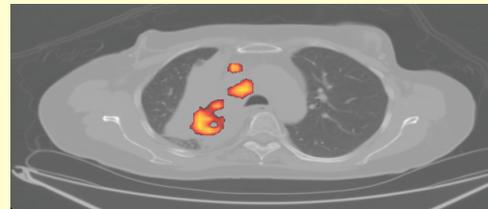
TEP2

$\} =$



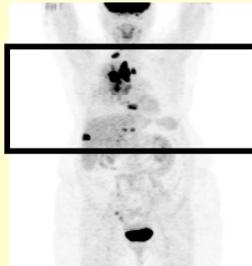
TEP1-TEP2'

3. Identification des voxels dans lesquels le SUV a évolué significativement d'un examen à l'autre par une analyse biparamétrique

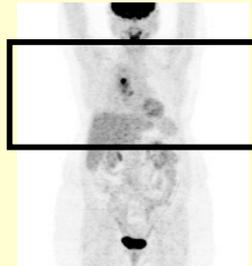


# Méthode : recalage des volumes TEP

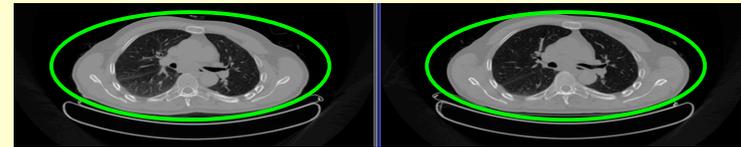
## 1. Sélection des régions d'intérêt



TEP1



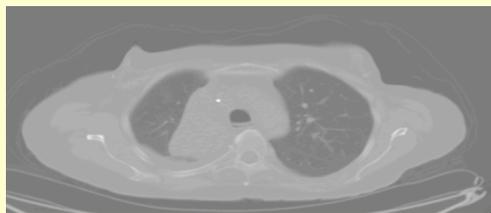
TEP2



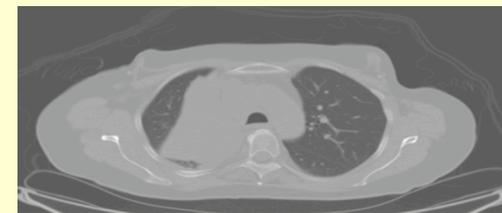
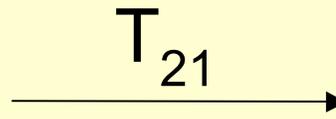
TDM1

TDM2

## 2. Identification d'une transformation rigide à partir des images TDM

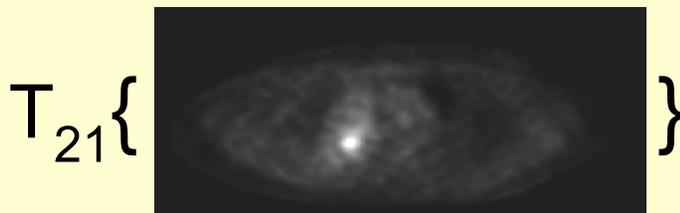


TDM2

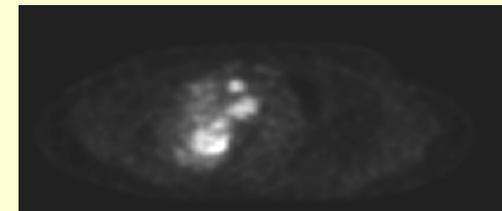


TDM1

## 3. Transformation des volumes TEP



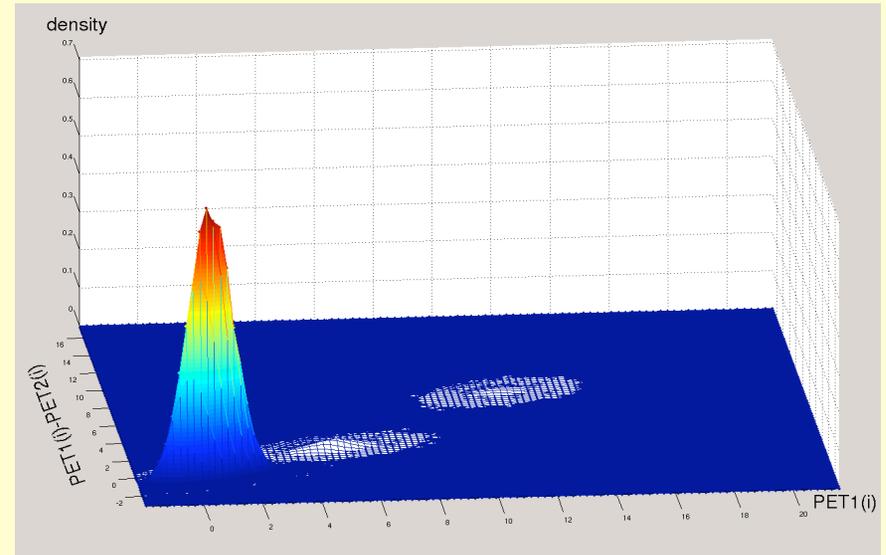
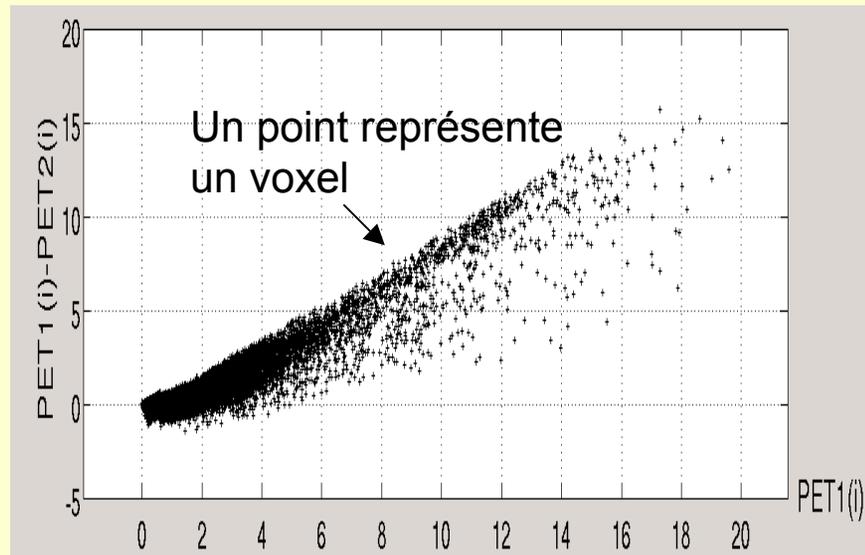
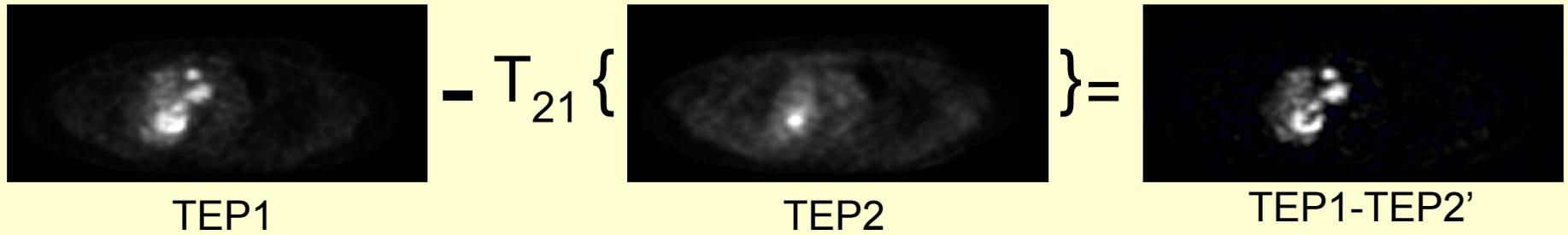
TEP2



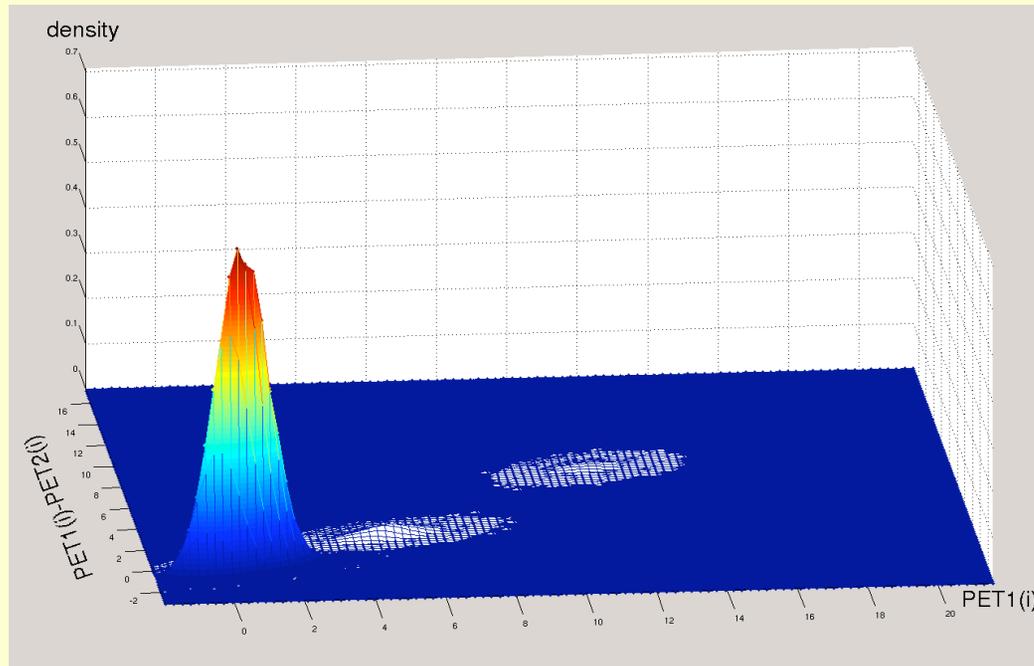
TEP1

# Méthode : soustraction des volumes recalés

Images exprimées en unités SUV



# Méthode : identification des changements liés aux tumeurs



$$x_i \begin{bmatrix} \text{TEP1}(i) - \text{TEP2}(i) \\ \text{TEP1}(i) \end{bmatrix}$$

## Résolution d'un modèle de mélange gaussien

$$f(x_i | \theta) = \sum_{k=1}^K p_k \phi(x_i | \mu_k, \Sigma_k)$$

densité du mélange      proportions du mélange      densité gaussienne 2D

$\theta$  : vecteur de paramètres  $(p_1, \dots, p_K, \mu_1, \dots, \mu_K, \Sigma_1, \dots, \Sigma_K)$

# Méthode : résolution du modèle de mélange gaussien\*

$$f(x_i|\theta) = \sum_{k=1}^K p_k \phi(x_i|\mu_k, \Sigma_k)$$

- Initialisation empirique du nombre de composantes K
- Etiquetage partiel des  $x_i$

- Choix du modèle :  $\Sigma_k = \lambda_k D A_k D'$   
volume                      forme                      orientation

- Maximisation de  $\mathcal{L}(\theta|x_1, \dots, x_n) = \sum_{i=1}^n \ln \left( \sum_{k=1}^K p_k \phi(x_i|\mu_k, \Sigma_k) \right)$  par un algorithme SEM (EM stochastique) pour déterminer  $\hat{\theta}$

- Partitionnement des  $x_i$  par une approche MAP reposant sur le calcul de :

$$t_k(x_i|\hat{\theta}) = \frac{\hat{p}_k \phi(x_i|\hat{\mu}_k, \hat{\Sigma}_k)}{\sum_{j=1}^K \hat{p}_j \phi(x_i|\hat{\mu}_j, \hat{\Sigma}_j)}$$

\* Logiciel MIXMOD

# Méthode : algorithme SEM

- Version stochastique de l'algorithme EM :

Itération  $m$  :

1. Etape E :

Calcul des probabilités conditionnelles  $t_{ik}^m$  ( $i=1,n$  ;  $k=1,K$ ) pour la valeur courante du vecteur de paramètres  $\hat{\theta}$ .

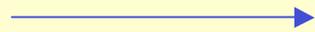
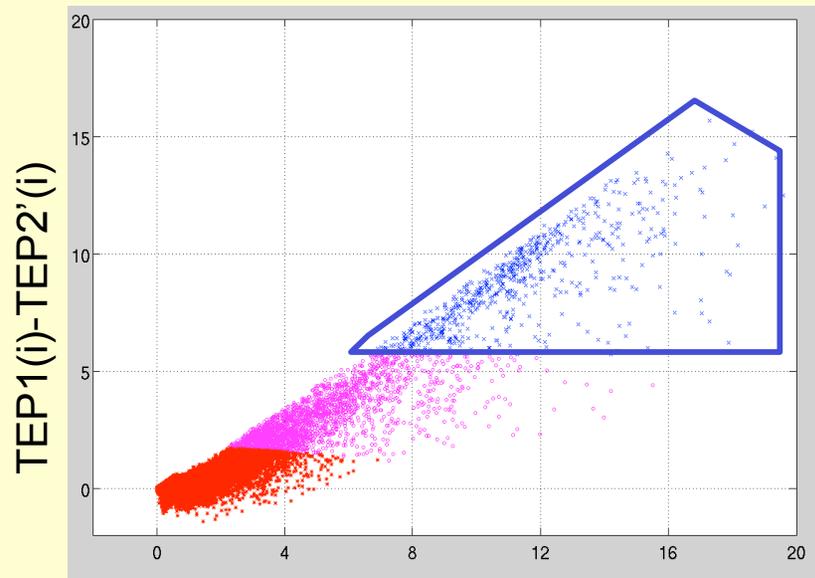
2. Etape S :

Partitionnement  $P^m$  des  $x_i$  en affectant chaque  $x_i$  de façon aléatoire à une composante du mélange suivant une distribution binomiale de paramètre  $t_{ik}^m$ .

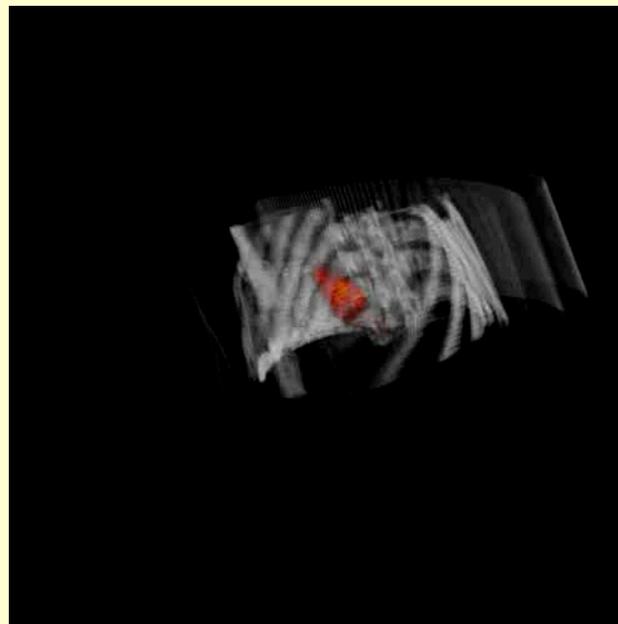
3. Etape M :

Mise à jour de l'estimée  $\hat{\theta}$  en utilisant chaque classe  $P_k^m$  comme sous-échantillon de la composante  $k$  du mélange.

# Méthode : création d'une image paramétrique



$TEP1 - TEP2'$   
où seuls les voxels appartenant à  
des tumeurs sont représentés



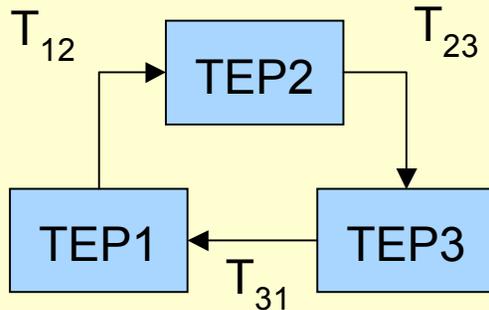
## Résultats : patients et données

---

- 3 patients atteints de cancer du poumon ayant bénéficié d'examens TEP/TDM avant et en cours de thérapie
- 16 tumeurs au total → 27 paires d'images de tumeurs
- Examens TEP/TDM au FDG (tomographe GE Discovery LS)
- Examens 75 min  $\pm$  14 min après injection de 4 MBq/kg de FDG
- Reconstruction tomographique des images : OSEM (2 itérations, 28 sous-ensembles)
- Images corrigées de l'atténuation et de la diffusion
- Echantillonnage TEP : 3,91 mm x 3,91 mm x 4,25 mm
- Echantillonnage TDM : 0,98 mm x 0,98 mm x 5 mm

## Résultats : précision du recalage

- Cas cliniques : méconnaissance des vrais paramètres de recalage
- Evaluation en utilisant une mesure de consistance



$$E = I - T_{31} T_{23} T_{12}$$

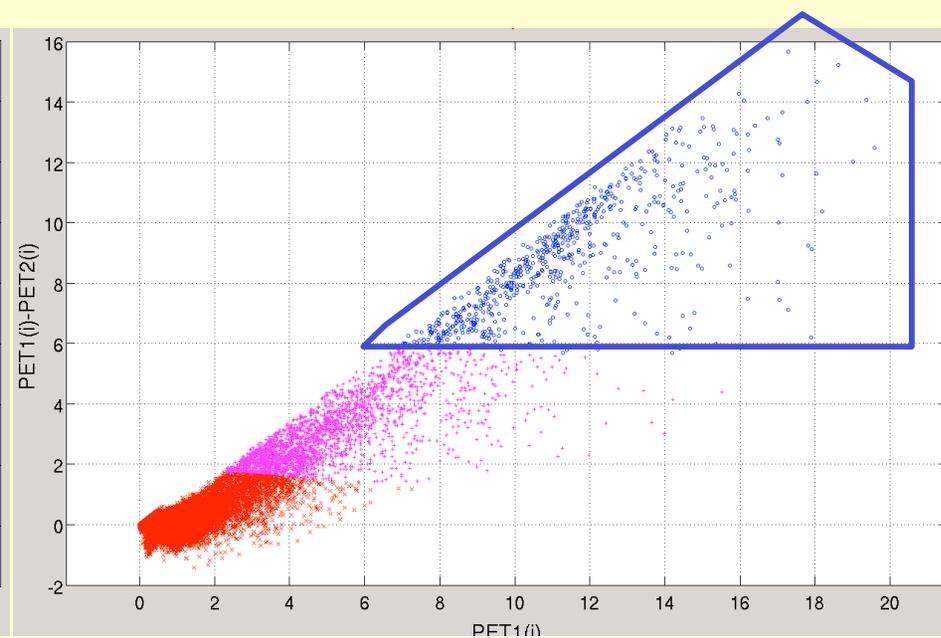
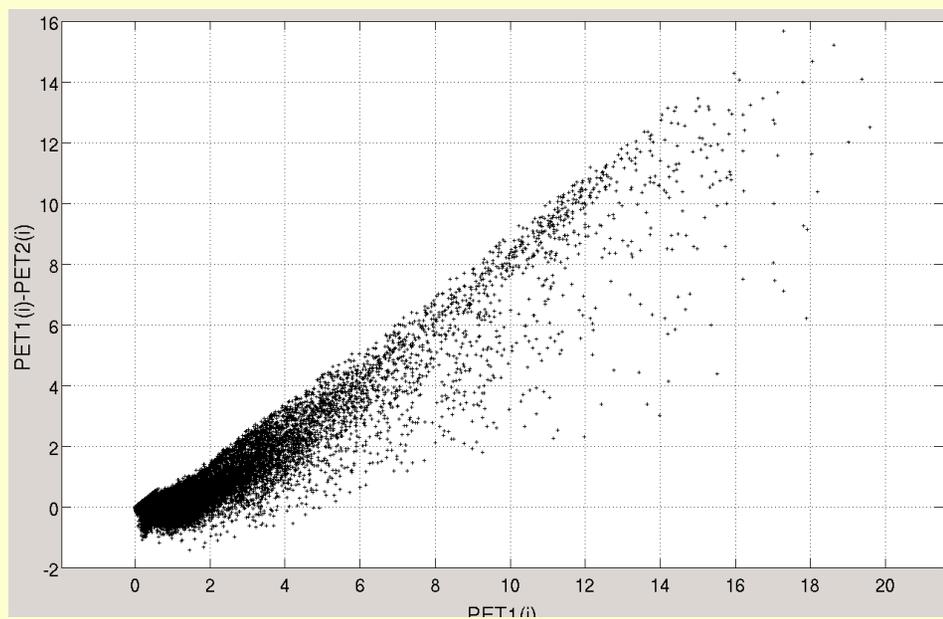
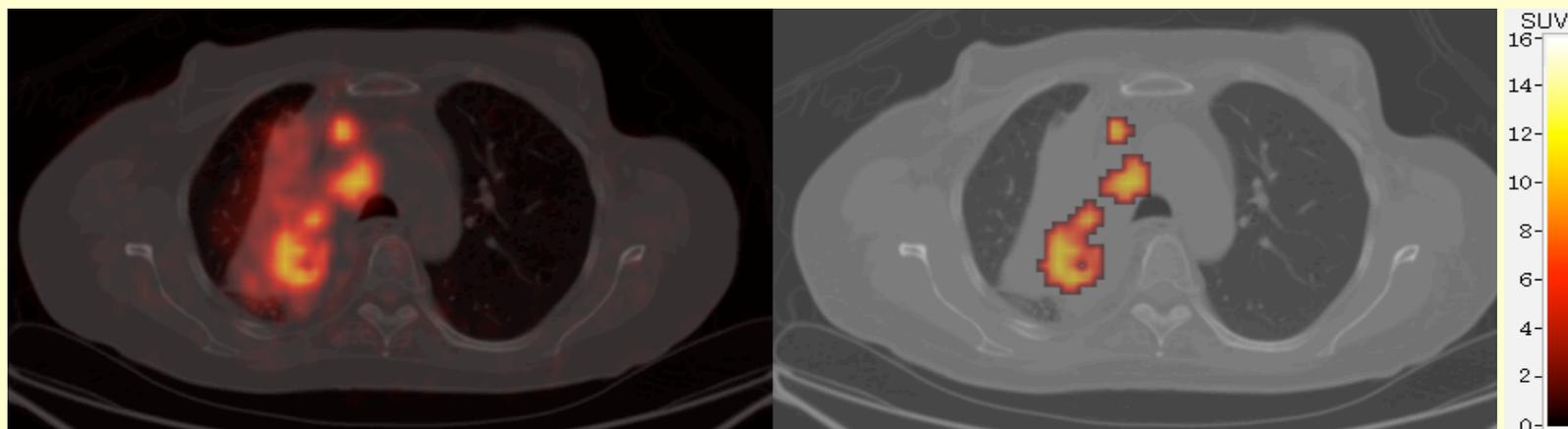
*Holden et al, IEEE Trans Med Imaging, 2000.*

8 séries of 3 volumes d'images utilisés pour cette évaluation :

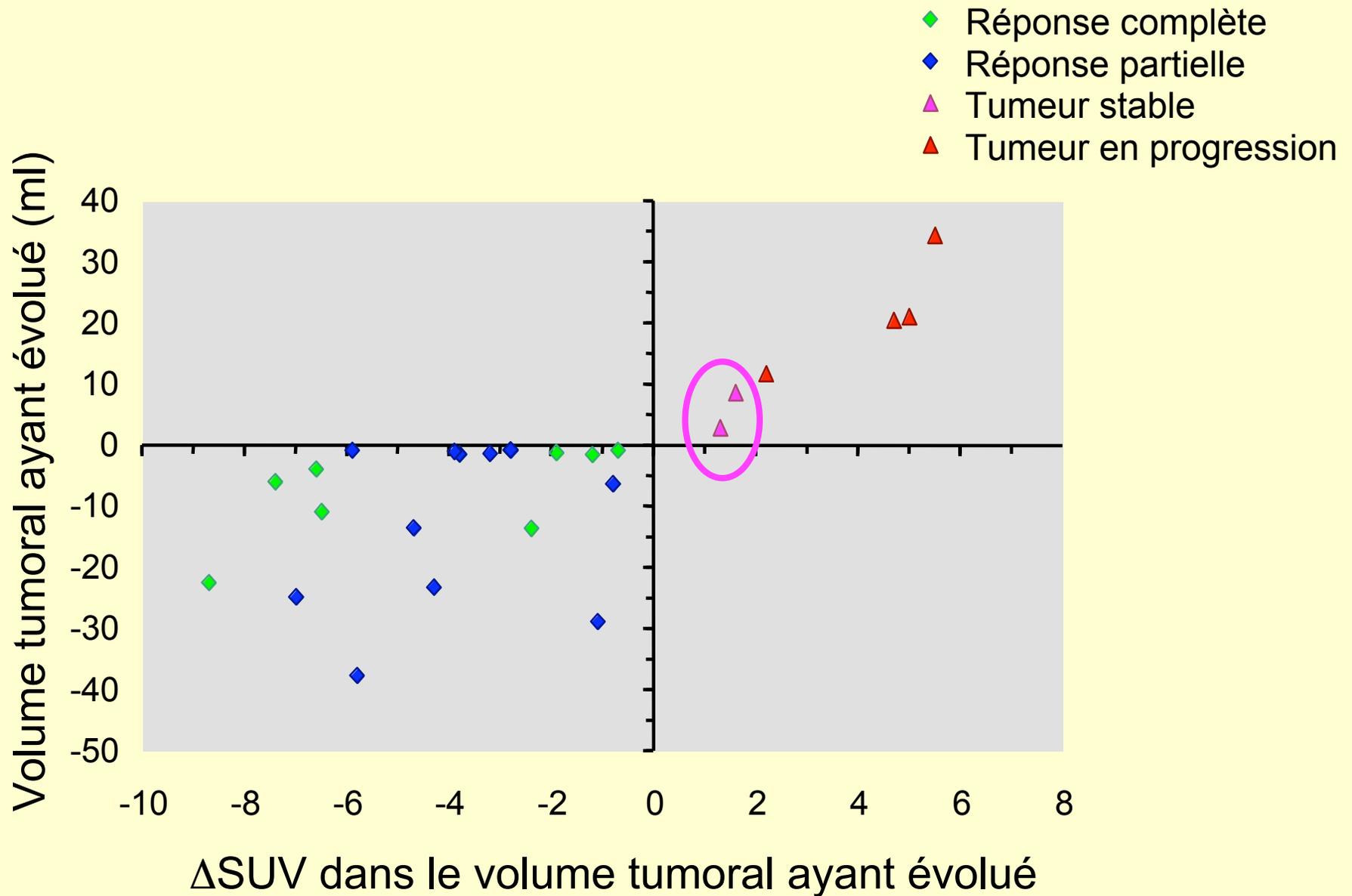
Erreur E moyenne ( $\pm 1$  sd) : 2,9 mm  $\pm$  3,3 mm

< taille d'un voxel : 3,91 mm x 3,91 mm x 4,25 mm

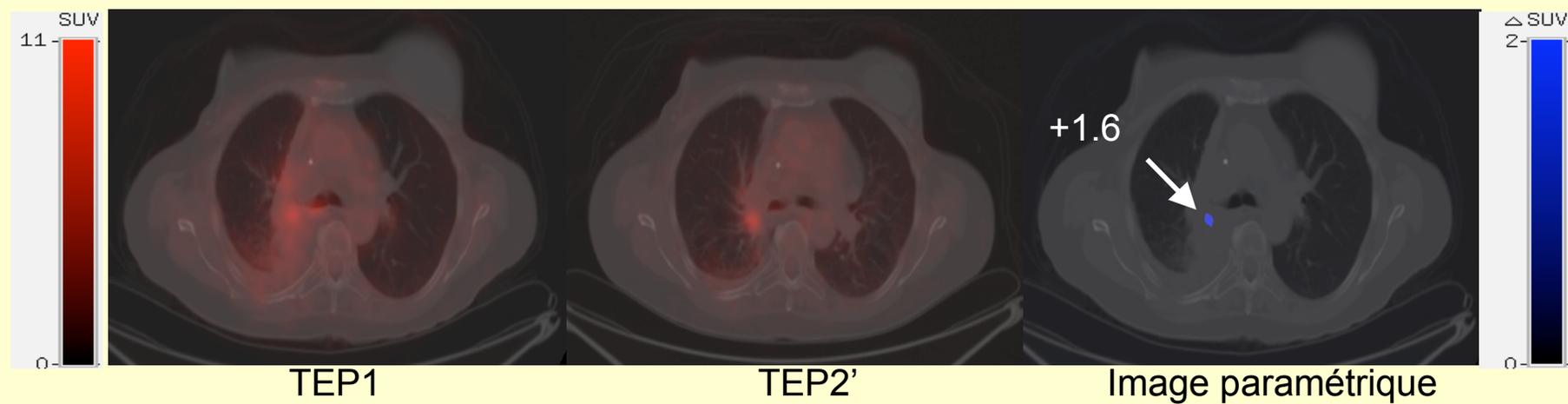
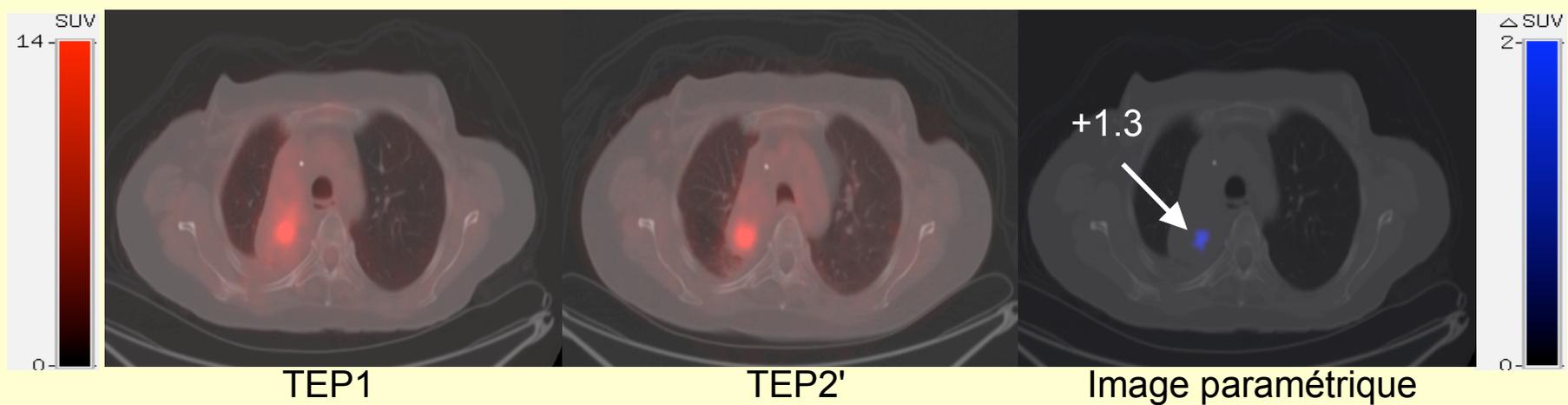
# Résultats : exemple d'images paramétriques obtenues



# Résultats : corrélation avec le jugement du médecin

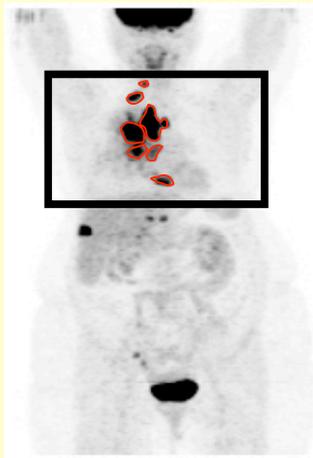


## Résultats : analyse des 2 tumeurs « stables »

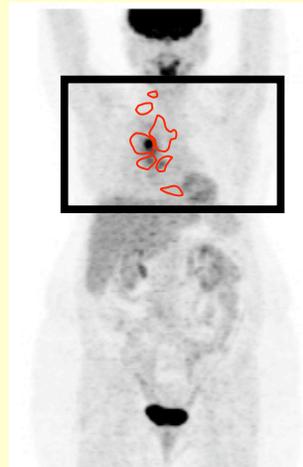


## Discussion / Conclusion

- L'approche d'imagerie paramétrique proposée identifie les évolutions tumorales entre 2 examens successifs, au niveau des voxels et sans délimitation précise des tumeurs.



TEP1



TEP2



- Une évaluation clinique plus complète est nécessaire pour étudier la robustesse de l'approche et son intérêt clinique

## Discussion / Conclusion

---

Réflexions autour des bases théoriques de la méthode de résolution du modèle de mélange gaussien

- Légitimité du modèle
- Hypothèse des  $x_i$  indépendants ?
- Choix empirique du nombre de composantes (échec du critère d'information bayésien par exemple)
- Choix empirique de la forme des matrices  $\Sigma_k$
- Algorithme SEM

# Remerciements

---

Perrine Tylski, Michelle Dusart, Bruno Vanderlinden

Diaporama disponible sur  
<http://www.guillemet.org/irene/conference>