

En tête à tête

Des millions de personnes passent chaque année des IRM, pour toutes sortes de pathologies. Cette technologie d'imagerie produit des quantités de données qui seraient totalement illisibles sans le traitement conçu par les mathématiciens.

Alors comment comprendre ce qui se passe à l'intérieur d'un corps ou d'un organe sans même effectuer de chirurgie ? Le principe de l'Imagerie par Résonance Magnétique réside dans l'idée que, excités par un champ magnétique, les atomes d'hydrogène présents dans le corps humain réagissent différemment. Ce sont ces réactions multiples qui permettent de définir la composition des tissus. Comment obtenir, traiter et interpréter ces données pour soigner un patient ? Les mathématiques pourraient être les héroïnes de demain en apportant ces réponses.

UN COCKTAIL DE DONNÉES

L'IRM est l'imagerie de référence pour l'étude des tissus mous et en particulier du cerveau. Avec des résolutions de plus en plus élevées, elle propose des données de qualité pour approcher les compositions tissulaires sans avoir à ouvrir la boîte crânienne. Elle permet également de suivre le fonctionnement de zones cérébrales.

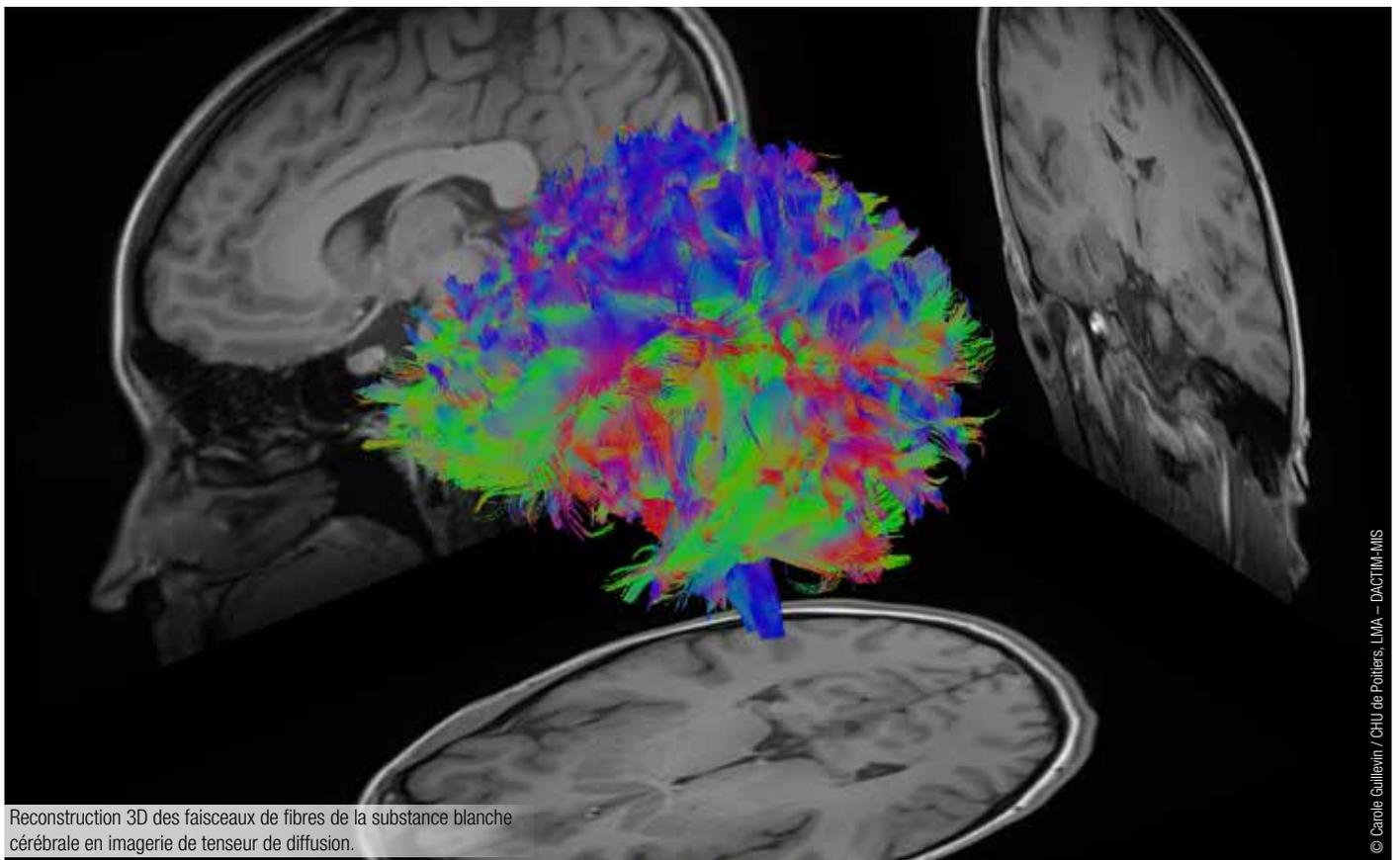
A la base de l'IRM, un ensemble de mécanismes physiques liés aux champs magnétiques fait vibrer des atomes précis, c'est la résonance. On recueille ensuite l'énergie dont chaque atome a besoin pour retourner à son état d'équilibre. L'ensemble de ces données forme le plan des fréquences k ou plan de Fourier. Grâce à une fonction mathématique connue impliquant les nombres complexes, ces données servent ensuite à construire l'image par IRM qui sera analysée par le médecin

puis remise au patient.

Pour pouvoir comprendre mais aussi comparer des données, les images d'IRM doivent subir des opérations de traitement d'image. Dans un premier temps l'image peut subir un recalage soit un alignement de nouvelles données sur des données préexistantes utilisées comme référence. Il s'agit de positionner deux ensembles de données de manière à les rendre comparables et/ou à pouvoir suivre une évolution. Ce recalage nécessite des outils mathématiques tels que les bases de polynômes ou la définition d'un coefficient de corrélation.

Il est également nécessaire de savoir segmenter c'est-à-dire rassembler des pixels entre eux selon des critères prédéfinis. Cette étape sert à discerner les zones spécifiques d'une image donnée et à pouvoir détecter des éventuelles anomalies selon des critères médicaux. Mathématiquement, ces traitements se rapprochent de problèmes de minimisation d'une énergie formée par deux termes. Le premier terme correspond à la régularité de la frontière ainsi formée et le second à la variation de gris des deux côtés de la frontière. Souvent la technique consiste à chercher une courbe simple et une variation de gris importante entre les deux côtés de cette dernière pour discerner des tissus différents.

Le traitement d'image nécessaire pour rendre intelligibles les données issues de l'IRM ne s'arrête pas à ces deux étapes. Les mathématiques sont un outil de choix pour soutenir ces démarches.



Reconstruction 3D des faisceaux de fibres de la substance blanche cérébrale en imagerie de tenseur de diffusion.

© Caroline Guillemin / CHU de Poitiers, LMA - DACTIM-MIS

$$\begin{array}{l}
 \text{variation lactate} \\
 \text{cellule} \\
 \underbrace{u'_\varepsilon(t)} = \underbrace{J(t, u_\varepsilon(t))}_{\text{consommation cellule, échanges avec le voisinage}} - \underbrace{T\left(\frac{u_\varepsilon(t)}{k + u_\varepsilon(t)} - \frac{v_\varepsilon(t)}{k' + v_\varepsilon(t)}\right)}_{\text{échange cellule/sang via symport}} \\
 \underbrace{\varepsilon}_{\text{différence de volume}} \times \underbrace{v'_\varepsilon(t)}_{\text{variation lactate capillaire}} = \underbrace{F(t)(L - v_\varepsilon(t))}_{\text{flux sanguin}} + \underbrace{T\left(\frac{u_\varepsilon(t)}{k + u_\varepsilon(t)} - \frac{v_\varepsilon(t)}{k' + v_\varepsilon(t)}\right)}_{\text{échange cellule/sang via symport}}
 \end{array}$$

Système de deux équations différentielles expliquant les échanges locaux en substrat entre une cellule et le sang. Chaque concentration évolue avec le temps, modulée par des interactions locales

© Angélique Perrillat-Mercerot / LMA – DACTIM-MIS

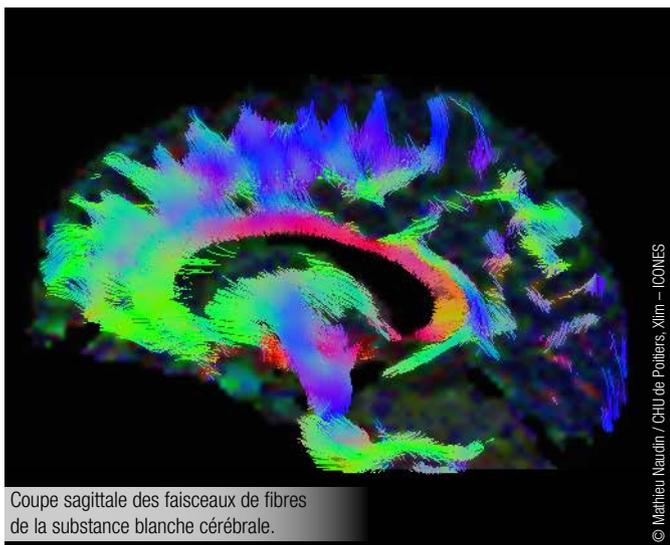
DES INFORMATIONS DÉCORTIQUÉES

Une fois les images traitées et les données fiables extraites, la modélisation mathématique est utile. Elle correspond à une traduction d'une ou plusieurs observations permettant de décrire ou de prédire. Un bon modèle est un modèle adapté au problème, économe, acceptable (donne des résultats cohérents) et efficace *a posteriori*. Deux principaux types de modélisations existent : la modélisation par des équations différentielles (égalités reliant des fonctions à leurs dérivées) et la modélisation statistique.

"... les meilleurs résultats sont ceux donnés comme juste équilibre entre cohérence et complexité."

La modélisation avec des équations différentielles a pour but d'expliquer une dynamique grâce à la valeur de variables à un temps donné et les échanges auxquels elles répondent. Le modèle le plus communément admis est celui de Lotka-Volterra reliant population de loups et populations de lapins. Alors que les variables sont la quantité de loups et la quantité de lapins ; le modèle auquel elles répondent est construit grâce à des taux de natalité, de mortalité et d'interactions (ici prédation). Ainsi par exemple, plus il y a de loups plus il y a de loups (taux de natalité) mais plus il y a de loups, moins il y a de lapins (prédation). Ramenés à des échelles de populations cellulaires ou moléculaires, des modèles adaptés peuvent déterminer les agents et interactions sensibles, d'aborder le squelette d'une dynamique et de tester virtuellement des hypothèses thérapeutiques (échanges ou variables ciblés virtuellement).

La modélisation statistique, quant à elle, assume que le patient n'est



Coupe sagittale des faisceaux de fibres de la substance blanche cérébrale.

© Mathieu Naudin / CHU de Poitiers, Xlim – ICONES

pas le premier à passer une IRM et donc que l'on peut utiliser l'ensemble des données issues de l'IRM connues pour traiter la sienne. Il existe deux types de statistiques : les statistiques descriptives qui exhibent des informations mathématiques sur un échantillon donné et les statistiques inférentielles qui étendent les résultats de l'échantillon à la population dont il est issu. Outre gérer un nombre important de variables, ces méthodes expliquent une variable de sortie en fonction de variables d'entrées : par exemple la manière dont l'âge impacte le développement de tumeurs dans le cerveau. Les études statistiques permettent de comprendre et prédire mais également de distinguer ce qui est normal de ce qui devrait être inquiétant dans le but d'adapter une thérapie.

Comme souvent dans le monde du vivant mais aussi dans celui des sciences, les meilleurs résultats sont ceux donnés comme juste équilibre entre cohérence et complexité.

LES OPÉRATIONS PORTENT LEURS FRUITS

Comprendre et prédire pour mieux soigner, telle pourrait être la devise des mathématiques impliquées dans la compréhension des images d'IRM. Grâce aux différents types de modélisations et à l'informatique, des modèles *In Silico* (c'est-à-dire des simulations par ordinateur) peuvent donner des intervalles de variations pour les variables suivies mais également simuler le fonctionnement d'un organe ou son évolution. Ces différents outils peuvent aussi servir de support à l'intelligence artificielle pour aider au diagnostic et prédire l'évolution d'un problème médical.

Le LMA, le CHU de Poitiers et le laboratoire Xlim (UMR 7252 - CNRS/ Université de Limoges/ Université de Poitiers) entament des travaux de traitement d'image issus d'IRM et de deep learning, une technique d'apprentissage profond. C'est un autre moyen pour traiter un nombre important de données grâce à des réseaux de neurones artificiels et aux statistiques. La machine apprend par elle-même des données connues pour définir comment qualifier une nouvelle donnée, par exemple en utilisant un arbre de décision. Appliqué à des images d'IRM, cela permettrait d'avoir un avis machine pour le diagnostic d'une tumeur.

Un examen médical routinier regorge de nombreux défis et concepts pouvant être abordés d'un point de vue mathématique. Mieux les comprendre, les analyser et les résoudre permettrait de tirer plus d'informations des données disponibles et de proposer des stratégies thérapeutiques adaptées grâce à des méthodes optimisées, plus rapides, moins invasives, moins coûteuses.

Angélique PERRILLAT-MERCEROT < LMA

angelique.perrillat@univ-poitiers.fr

<http://rech-math.sp2mi.univ-poitiers.fr/>