

Suivi de l'hétérogénéité de la croissance des gliomes par IRM multiparamétrique analysée par clustering

Benjamin Lemasson^{1,2}, Nora Collomb^{1,2}, Alexis Arnaud^{3,4}, Florence Forbes^{3,4}, and Emmanuel Luc Barbier^{1,2}
¹U836, Inserm; ²Grenoble Institut des Neurosciences; ³INRIA and ⁴LJK, Université Grenoble Alpes, Grenoble, France

L'hétérogénéité intra-lésionnelle des tumeurs cérébrales joue un rôle majeur dans la croissance et la résistance des gliomes aux thérapies. L'objectif de cette étude est de démontrer la capacité d'une analyse par clusters, appliquée aux données d'IRM multiparamétriques (IRMmp), pour suivre quantitativement l'hétérogénéité intra-lésionnelle au cours de la croissance tumorale. Un jeu de données d'IRMmp a été acquis durant la croissance d'un modèle de gliome chez le rat et analysé par clustering.

Des tumeurs 9L ont été implantées en intra-cérébrale chez des rats Fischer (n=8) et imagées tous les 2 jours entre J7 et J17 (n=6) sur un système Bruker 4.7T. Chaque session IRM incluait 5 paramètres IRM: une imagerie de diffusion (ADC) ainsi que des cartographies de volume sanguin (BVf), de taille des vaisseaux (VSI), de la saturation tissulaire en oxygène (StO₂) et de perméabilité de la barrière hémato-encéphalique. Après recalage spatial de toutes les données IRM (inter et intra session), une analyse par clustering a été réalisée en utilisant un modèle de distribution de mélange Gaussien. Le nombre de classes dans le mélange a été sélectionné en minimisant le critère d'information Bayésienne (BIC).

Le nombre optimal de classes, défini par le critère BIC était de 5. Chaque cluster peut être considéré comme un type tissulaire distinct comme décrit dans la Fig. 1-E. L'évolution moyenne des 5 clusters est présentée dans la Fig. 1-B. Il est important de noter que malgré le fait que le clustering soit réalisé sans prendre en compte la spatialité des voxels, on observe une très bonne cohérence spatiale des clusters au cours de la croissance tumorale. Par exemple, le cluster vert se trouve principalement au centre de la tumeur (Fig. 1-C). La figure 1-C illustre l'évolution longitudinale des clusters sur 2 animaux ayant des caractéristiques différentes (croissance lente en haut et rapide en bas). Nos résultats montrent une différence de composition en cluster entre ces 2 tumeurs (Fig. 1-C, D). Par exemple, au sein de la tumeur à croissance lente, la proportion du cluster jaune augmente au fur et à mesure du développement tumoral (jusqu'à 49% à D17) alors que dans la tumeur à plus forte croissance c'est le cluster vert qui est majoritairement présent. La différence principale entre ces deux clusters est la forte réduction de la StO₂ dans le groupe vert par rapport au groupe jaune (voir figure 1-E).

À notre connaissance, il s'agit d'une première étude démontrant la faisabilité d'effectuer une analyse par clustering sur les données mpMRI dans le but de suivre l'évolution de l'hétérogénéité intra-tumorale. Bien que préliminaires, nos résultats montrent que l'analyse par clustering de données d'IRMmp semble avoir un grand potentiel pour suivre quantitativement l'hétérogénéité intralésionnelle durant le développement tumoral.

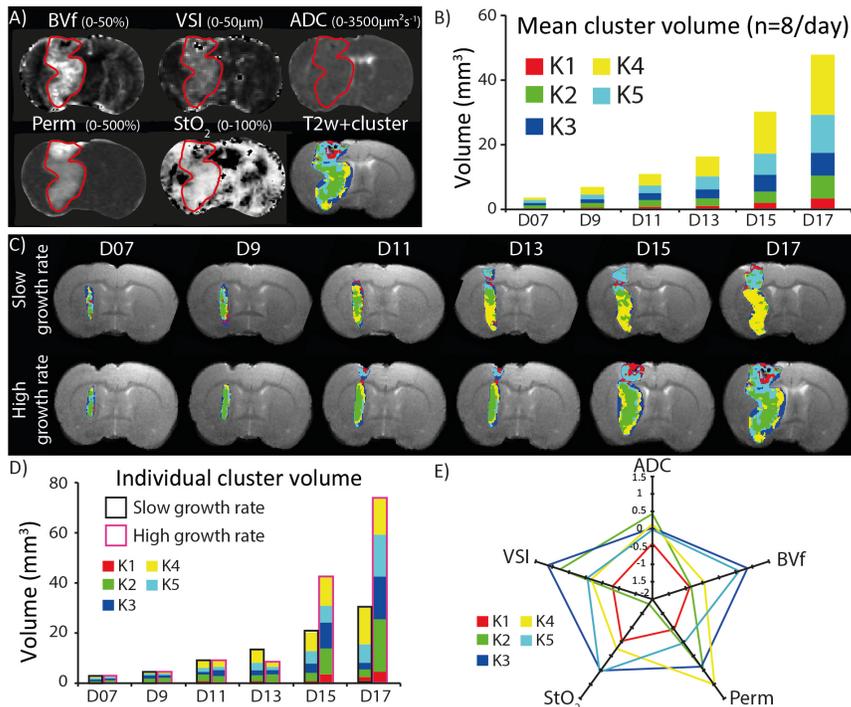


Figure 1:
 A) Images représentatives d'un animal acquis 17 jours après implantation. La ligne rouge correspond à la délimitation manuelle de la tumeur. Le résultat du clustering (en couleur) est superposé sur l'image T2w.
 B) Histogramme représentant le volume moyen des clusters moyens de tous les animaux pour chaque temps.
 C) Images représentatives du clustering (images couleurs) superposées aux images T2w durant la croissance de 2 animaux (croissance lente en haut et élevée en bas).
 D) Histogramme représentant le volume des clusters d'une tumeur à croissance lente versus une tumeur à croissance rapide.
 E) Caractéristiques de chaque cluster à travers chaque paramètre IRM mesurés.