



HAL
open science

Apport et potentiel de l'Intelligence Artificielle en imagerie médicale pour la cancérologie

Fanny Orlhac, Irène Buvat

► **To cite this version:**

Fanny Orlhac, Irène Buvat. Apport et potentiel de l'Intelligence Artificielle en imagerie médicale pour la cancérologie. Médecine et intelligence artificielle, 2022. hal-03662317

HAL Id: hal-03662317

<https://hal.science/hal-03662317>

Submitted on 9 May 2022

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.

Apport et potentiel de l'Intelligence Artificielle en imagerie médicale pour la cancérologie

Fanny Orlhac et Irène Buvat

En cancérologie, l'imagerie médicale occupe une place centrale dans la prise en charge des patients, que ce soit pour le dépistage, le diagnostic, le bilan d'extension de la maladie, ou le suivi thérapeutique. Par la très grande diversité des modalités d'imagerie désormais disponibles –tomodensitométrie (TDM), échographie, imagerie par résonance magnétique (IRM) ou tomographie par émission de positons (TEP) –, l'imagerie médicale fournit des informations anatomiques, fonctionnelles ou moléculaires variées, de façon non invasive.

Les images médicales contiennent une très grande richesse d'information encore sous-exploitée dans la pratique. En effet, l'analyse des images par le médecin est le plus souvent visuelle, à la recherche du nombre, de la localisation et de l'extension des foyers tumoraux. Cette appréciation qualitative est sujette à une variabilité intra- et inter-observateur et peu d'index quantitatifs et robustes sont facilement accessibles aux médecins.

Ces dernières années, grâce à la numérisation des images médicales, à une plus grande facilité d'accès à de puissantes ressources de calcul et aux progrès algorithmiques, l'intelligence artificielle a créé un changement de paradigme, comme le résume le titre de l'article de Gillies *et al.*¹ : « Images are more than pictures, they are data. » Quels sont les apports majeurs que l'IA pourrait avoir dans les années à venir en imagerie médicale pour la cancérologie ?

Amélioration de la qualité des images

Les algorithmes d'IA peuvent être mis en œuvre pour obtenir des images plus précises et de meilleure qualité, tout en réduisant, pour les modalités impliquant un rayonnement ionisant telles que la TDM ou la TEP, la dose reçue par le patient. En effet, les images médicales sont créées à partir des signaux délivrés par des détecteurs. La reconstruction des images à partir de ces signaux fait appel à des opérations mathématiques qui incluent des approximations². Les méthodes d'IA permettent d'apprendre, à partir d'exemples, les approximations qui conduisent aux images les plus proches des images exactes en dépit de l'imperfection des mesures. De façon similaire, les algorithmes d'IA vont permettre d'obtenir des images d'excellente qualité à partir de moins de signal. Pour cela, l'algorithme apprend à restaurer l'image pauvre en photons pour produire une image équivalente à celle qui est obtenue avec cent fois plus de photons. Les filtres optimaux utilisant l'IA vont très bientôt avoir deux applications importantes : la réalisation d'examens TDM et TEP en réduisant encore la dose au patient ou en diminuant la durée des examens. La réduction de la dose permet d'élargir, sans risque, la prescription des examens à tous les sujets qui pourraient en bénéficier (enfants, jeunes adultes), et réduit aussi leur coût. Au-delà d'améliorer le confort du patient, des examens plus courts diminuent le risque de mouvement, et donc de flou dans les images. Cela permet aussi d'en effectuer davantage en un temps donné, ce qui confère un avantage économique certain à des machines coûteuses (plusieurs millions d'euros). La faisabilité de ces algorithmes a déjà été démontrée³⁴ et

¹ Gillies *et al.* « Radiomics: images are more than pictures, they are data ». *Radiology*, 278, 2016, p.563-577.

² Häggström *et al.* « DeepPET: A deep encoder-decoder network for directly solving the PET image reconstruction inverse problem ». *Med. Image Anal.*, 54, 2019, p.253-262.

³ Lei *et al.* « Whole-body PET estimation from low count statistics using cycle-consistent generative adversarial networks ». *Phys. Med. Biol.*, 64, 2019, p.215017.

⁴ Brady S.L. *et al.* « Improving Image Quality and Reducing Radiation Dose for Pediatric CT by Using Deep Learning Reconstruction ». *Radiology*, 298, 2021, p.180-188.

leur évaluation clinique est en cours⁵, afin de vérifier qu'ils n'effacent pas des détails importants correspondant, par exemple, à des anomalies rares. Leur arrivée sur le marché est imminente.

Automatisation de l'interprétation des images et simplification

Grâce à l'IA, certaines procédures très chronophages et/ou sujettes à une variabilité substantielle entre opérateurs sont déjà automatisables avec des résultats suffisamment fiables pour être mises à disposition *via* les consoles d'imagerie. C'est le cas par exemple de l'algorithme PARS⁶, qui permet de segmenter puis labelliser automatiquement tous les sites métastatiques à partir d'un examen TEP/TDM, et cela pour diverses pathologies. Cet algorithme donne accès à une mesure non-invasive de la charge tumorale du patient qui se révèle être un biomarqueur prédictif pour de nombreux types de cancer⁷.

Une autre utilisation majeure des méthodes d'IA consiste à automatiser la segmentation des lésions tumorales et des organes à risque sur les images TDM pour la planification des traitements de radiothérapie. Cette automatisation permet un gain de temps considérable pour le radiothérapeute et limite le risque d'erreur lors de la segmentation.

Les algorithmes d'IA peuvent aussi facilement apprendre à reconnaître des distributions du signal spécifiques à certaines pathologies. Par exemple, il est possible de détecter et de labelliser des ganglions pathologiques médiastinaux associés aux cancers du poumon à partir d'images TEP/TDM grâce à des réseaux de neurones et d'obtenir des performances similaires à celles des médecins⁸.

De manière générale, les algorithmes d'IA sont capables d'apprendre à réaliser des tâches d'analyse d'images pour lesquelles les experts sont très performants. Cette technologie offre l'espoir de pouvoir lisser les inégalités multicentriques imputables à l'absence d'experts dans toutes les pathologies sur tous les sites, permettant ainsi une diffusion massive d'expertises de pointe dans tous les territoires.

Toutefois, le développement et l'utilisation de ces algorithmes se heurtent encore à deux verrous majeurs : le système doit le plus souvent apprendre à partir de très nombreuses données images annotées par des experts et les concepteurs doivent scrupuleusement vérifier la robustesse de leur algorithme afin s'assurer qu'il produit de bons résultats indépendamment de la machine et du protocole utilisés pour générer les images, et pour une population suffisamment large.

Ces algorithmes d'automatisation ont un rôle majeur à jouer : s'ils permettent de mesurer facilement certains biomarqueurs (caractéristiques reflétant un état physiologique ou pathologique), ces derniers pourront être calculés systématiquement, de façon beaucoup plus reproductible, et il deviendra plus aisé de caractériser leur utilité et de positionner leur usage dans l'arsenal des biomarqueurs.

Découverte de nouveaux biomarqueurs

Partant du constat que les images médicales sont encore sous-exploitées, les algorithmes d'IA pourraient aider à révéler des informations pertinentes, non aisément visibles par l'œil humain ou qui peuvent nécessiter leur mise en relation avec de nombreuses autres données (cliniques, génomiques, etc.) pour être éloquentes. Cette discipline, qui consiste à analyser automatiquement des caractéristiques issues des images médicales est appelée Radiomique⁹, par analogie aux autres omiques (génomique, protéomique, etc.). Les caractéristiques extraites peuvent être prédéfinies, par exemple en mesurant des observables issus

⁵ Katsari et al. « Artificial intelligence for reduced dose 18F-FDG PET examinations: a real-world deployment through a standardized framework and business case assessment ». *EJNMMI Phys.*, 8, 2021, p25.

⁶ Sibille et al. « 18F-FDG PET/CT uptake classification in lymphoma and lung cancer by using deep convolutional neural networks ». *Radiology*, 294, 2020, p.445-452.

⁷ Capobianco et al. « Deep-learning 18F-FDG uptake classification enables total metabolic tumor volume estimation in diffuse large B-cell lymphoma ». *J. Nucl. Med.*, 62, 2021, p.30-36. Weber et al. « Just another "clever Hans"? Neural networks and FDG PET-CT to predict the outcome of patients with breast cancer ». *Eur. J. Nucl. Med. Mol. Imaging*, 48, 2021, p3141-3150.

⁸ Wallis et al. « Automated detection of mediastinal cancer nodes from 18F-FDG PET/CT scans of NSCLC patients using radiomic and CNN features ». *J. Nucl. Med.*, 61, 2020, p.507.

⁹ Gillies et al. « The biology underlying molecular imaging in oncology: from genome to anatome and back again ». *Clin. Radiol.*, 65, 2020, p.517-521.

de l'histogramme des niveaux de gris ou en caractérisant la texture du signal. Elles peuvent aussi être définies spécifiquement en fonction des données, en utilisant des méthodes d'apprentissage profond guidées par les données elles-mêmes, telles que les réseaux de neurones convolutionnels ou les auto-encodeurs. Les caractéristiques ainsi extraites peuvent être utilisées soit pour l'exploration afin d'identifier des groupes ou des structures dans les données, soit pour la modélisation dans le but de classer ou prédire le devenir des patients. La radiomique est actuellement un domaine de recherche en pleine expansion. Toutefois, l'absence de validation externe et indépendante des modèles demeure encore un véritable obstacle au déploiement clinique de ces approches.

10 ans de radiomique : progrès et nouvelles étapes à franchir

Après une dizaine d'années de recherche en radiomique, des progrès récents sont notables. Tout d'abord, un consortium international, appelé *Image Biomarker Standardisation Initiative (IBSI)*¹⁰, a permis de standardiser la définition d'une majorité des caractéristiques radiomiques prédéfinies pour s'assurer que différents logiciels de calcul, tels que Pyradiomics¹¹ ou LIFEx¹², produisent des valeurs identiques. Toutefois, même si la méthodologie de description des performances des modèles statistiques a gagné en fiabilité¹³, leurs validations sur un ensemble de données externes restent encore marginales, souvent du fait de la difficulté à accéder à ces données. On note aussi une prise de conscience de la communauté de l'impact que les protocoles d'acquisition et de reconstruction des images peuvent avoir sur les performances des modèles radiomiques. Pour compenser cet effet « scanner », une méthode d'harmonisation appelée ComBat¹⁴ est de plus en plus utilisée pour analyser des caractéristiques radiomiques issues d'images provenant de différentes machines¹⁵. Enfin, une autre évolution récente concerne l'attention désormais portée à l'interprétation des algorithmes développés pour la classification ou la prédiction, pour passer de modèles dit « boîte noire » à des modèles explicables, pour lesquels il est possible de comprendre sur quelles informations se fonde la décision prise. Ainsi en 2014, Aerts *et al.*¹⁶ ont publié une signature radiomique TDM prédictive de la survie dans plusieurs types de cancer en assurant, sans démonstration, que la signature reflétait l'hétérogénéité tumorale. Le pouvoir prédictif de la signature provenait en réalité uniquement du volume de la lésion¹⁷ ! Le décryptage des signatures radiomiques est donc essentiel pour comprendre les éléments expliquant la décision de l'algorithme et ainsi faire émerger de nouvelles connaissances.

La validation à grande échelle des algorithmes de classification ou prédictifs reste actuellement un défi. En effet, outre l'impact de l'effet « scanner » sur les performances des modèles, les caractéristiques des patients et l'offre de soins proposée dans chaque centre devraient également être prises en compte. Il est donc possiblement trop ambitieux de chercher à construire un modèle applicable à tous les patients ayant la même pathologie, et plus réaliste d'introduire dans les modèles les spécificités de chaque centre. Comme pour les essais cliniques, les performances des modèles radiomiques sont souvent surestimées dans des études où les données d'imagerie sont extrêmement sélectionnées pour leur homogénéité, à la différence des données de vie réelle plus hétérogènes. Idéalement, les modèles d'IA devraient pouvoir fournir un résultat assorti d'un niveau de confiance, qui devrait lui-même être validé.

¹⁰ Zwanenburg *et al.* « The Image Biomarker Standardization Initiative: standardized quantitative radiomics for high-throughput image-based phenotyping ». *Radiology*, 295, 2020, p.328-338.

¹¹ van Griethuysen *et al.* « Computational radiomics system to decode the radiographic phenotype ». *Cancer Res.*, 77, 2017, p.104-107.

¹² Nioche *et al.* « LIFEx: a freeware for radiomic feature calculation in multimodality imaging to accelerate advances in the characterization of tumor heterogeneity ». *Cancer Res.*, 78, 2018, p.4786-4789.

¹³ Sollini *et al.* « Towards clinical application of image mining: a systematic review on artificial intelligence and radiomics ». *Eur. J. Nucl. Med. Mol. Imaging*, 46, 2019, p.2656-2672.

¹⁴ Orlhac *et al.* « A postreconstruction harmonization method for multicenter radiomic studies in PET ». *J. Nucl. Med.*, 59, 2018, p.1321-1328.

¹⁵ Orlhac *et al.* « Validation of a method to compensate multicenter effects affecting CT radiomics ». *Radiology*, 291, 2019, p.53-59.

¹⁶ Aerts *et al.* « Decoding tumour phenotype by noninvasive imaging using a quantitative radiomics approach ». *Natur. Com.*, 5, 2014, p.4006.

¹⁷ Welch *et al.*, « Vulnerabilities of radiomic signature development: the need for safeguards », *Radiother Oncol*, 130, 2019, p.2-9.

Enfin, l'IA doit permettre d'exploiter tout le potentiel de l'imagerie corps-entier et fournir une évaluation complète de la pathologie du patient, en prenant en compte non seulement les informations mesurées dans les différents foyers tumoraux, mais aussi en analysant les caractéristiques des organes non directement touchés par la maladie, mais qui peuvent affecter la réponse aux traitements, comme par exemple l'activité métabolique dans la moelle osseuse ou la rate pour des traitements par immunothérapie. C'est là sans doute l'un des plus grands enjeux : mettre en relation les signaux de nature différente (métabolique, fonctionnelle, moléculaire, anatomique) détectés dans tous les organes et établir des liens entre eux et avec d'autres variables, génétiques, cliniques, environnementales, pour prédire le devenir du patient.

Conclusion

Les algorithmes d'intelligence artificielle envahissent actuellement le domaine de l'imagerie médicale en cancérologie avec trois applications majeures : l'obtention d'images de meilleure qualité, l'aide à l'analyse des images, et enfin la construction de modèles de classification ou de prédiction. Si les deux premières applications connaissent déjà des succès indéniables, la validation à grande échelle de modèles prédictifs ou de classification susceptibles de modifier la prise en charge des patients fait encore défaut. Une meilleure compréhension des informations utilisées par ces modèles pourrait permettre d'une part d'améliorer leur capacité de généralisation, et d'autre part, être source de nouvelles connaissances biologiques concernant les mécanismes du cancer.