



Université Claude Bernard



# DIPLÔME NATIONAL DE DOCTORAT

(Arrêté du 25 mai 2016)

Date de la soutenance : **30 septembre 2022**

Nom de famille et prénom de l'auteur : **Monsieur LARTAUD Pierre-Jean**

Titre de la thèse : « *Extraction automatique de biomarqueurs sur examens tomodensitométriques standards* »

## Résumé



L'extraction de biomarqueurs d'imagerie quantitatifs est centrale à la méthodologie de la médecine de précision. Ils sont quotidiennement utilisés pour le diagnostic, le pronostic et le suivi des pathologies. À cet égard, le scanner est une modalité de choix, étant la modalité de référence pour de nombreuses pathologies thoraciques, et produisant de grandes quantités de données volumétriques hautement reproductibles et cohérentes. En imagerie TDM, différents protocoles sont utilisés en fonction de l'indication de l'examen. Les biomarqueurs sont conçus pour être extraits sur des protocoles d'imagerie spécifiques afin de favoriser leur reproductibilité, et sont donc dépendants de l'indication de l'examen.

La mise en place d'une extraction automatisée et systématique de ces biomarqueurs indépendamment de l'indication serait d'une grande aide dans la pratique clinique, permettant la découverte fortuite de pathologies et gagnant ainsi un temps précieux en termes de gestion de la maladie pour le patient. Cependant, les défis liés à la variabilité des protocoles (dose, noyaux de reconstruction, résolution, synchronisation...) sont considérables. Parmi eux, les différents protocoles d'injection de produit de contraste induisent d'énormes disparités de contraste le long de la circulation.

La segmentation de la ROI est pour la plupart des biomarqueurs une étape critique, vulnérable aux changements de protocoles. Pour surmonter la variabilité induite par le protocole d'injection du produit radio-opaque, nous avons proposé des méthodes basées sur des données de TDM spectrale pour entraîner des réseaux robustes à ces variations de contraste. Lorsque des données d'entraînement spectrales sont disponibles, des images spécifiques telles que des images virtuelles monoénergétiques et virtuelles sans contraste sont utilisées pour imiter les différentes concentrations d'agent de contraste dans la circulation. Comme ces données sont rarement disponibles, nous avons développé un processus d'augmentation alternatif utilisant un réseau de conversion d'images TDM conventionnelles à spectrales. Appliquées à la segmentation cardiaque multi-classes, ces méthodes permettent des améliorations significatives de la segmentation sur des images TDM peu ou pas contrastées. En utilisant la segmentation cardiovasculaire, une fonction de coût masquée a ensuite été créée pour un réseau de segmentation du calcium aortique, qui montre des performances aussi robustes sur des scans contrastés que non contrastés.

Comme étude de validation sur des protocoles de TDM non standards par rapport à la référence, les volumes ventriculaires ont été calculés sur des scanners sans synchronisation ECG et comparés aux volumes extraits à

l'aide d'annotations manuelles sur des images IRM T2 Ciné. Une sensibilité et une spécificité élevées ont été trouvées pour la détection des dilatations des ventricules gauche et droit.

Enfin, nous avons illustré l'intérêt de l'extraction automatique de biomarqueurs pour l'évaluation du risque cardiovasculaire. Nous avons mené une étude sur 808 patients ayant bénéficié d'un scanner avant une implantation de valve aortique par voie percutanée (TAVI). Les biomarqueurs ont été extraits des images et utilisés avec d'autres données cliniques pour créer un score de risque de mortalité toutes-causes à un an. Ce score montre de meilleures performances que les scores présentés dans la littérature ou utilisés en pratique clinique.

**mots clés** : biomarqueurs d'imagerie, segmentation, cardiovasculaire, calcifications, TAVI, TDM, TDM spectrale