



Méthodologies

Objectifs

- Développer des méthodes pour exploiter au mieux le contenu quantitatif des images médicales pour la médecine de précision
- Faire émerger de nouvelles connaissances sur le cancer à partir des images

Originalités

- Crédit et partage de méthodes réutilisables par un grand nombre
- Evaluation extrêmement exigeante dans le but de produire des résultats impactant la recherche ou la clinique

Illustration n°1 : ICARE par Louis

- On ne peut souvent pas dire de manière fiable si un biomarqueur est plus pronostique qu'un autre
- N'apprenons donc plus les poids dans nos modèles, seulement les signes:

$$Y = s_0\beta_0 + s_1\beta_1X_1 + s_2\beta_2X_2 \longrightarrow Y = s_1X_1 + s_2X_2$$

$$s_i = \begin{cases} +1, & \text{if } c_i \geq 0.5 \\ -1, & \text{otherwise} \end{cases} \quad c_i = C_{index}(x_i, y)$$

- C'est le modèle ICARE que nous avons développé. Ses avantages:
 - Généralise mieux à de nouveaux patients
 - Compétitif (a gagné la compétition HECKTOR 2022)
 - Gère bien les grands nombres de features
 - Facile à interpréter et utiliser (package Python)



Illustration n°2 : Segmentation tumeurs corps entier par Kibrom

- Aim of the study:
 - 1) To automatically detect and segment metabolically active lesions in 3D [18F]-FDG PET;
 - 2) To automatically identify unreliable segmentation results ;
 - 3) To assess the prognostic significance of automatically extracted features.

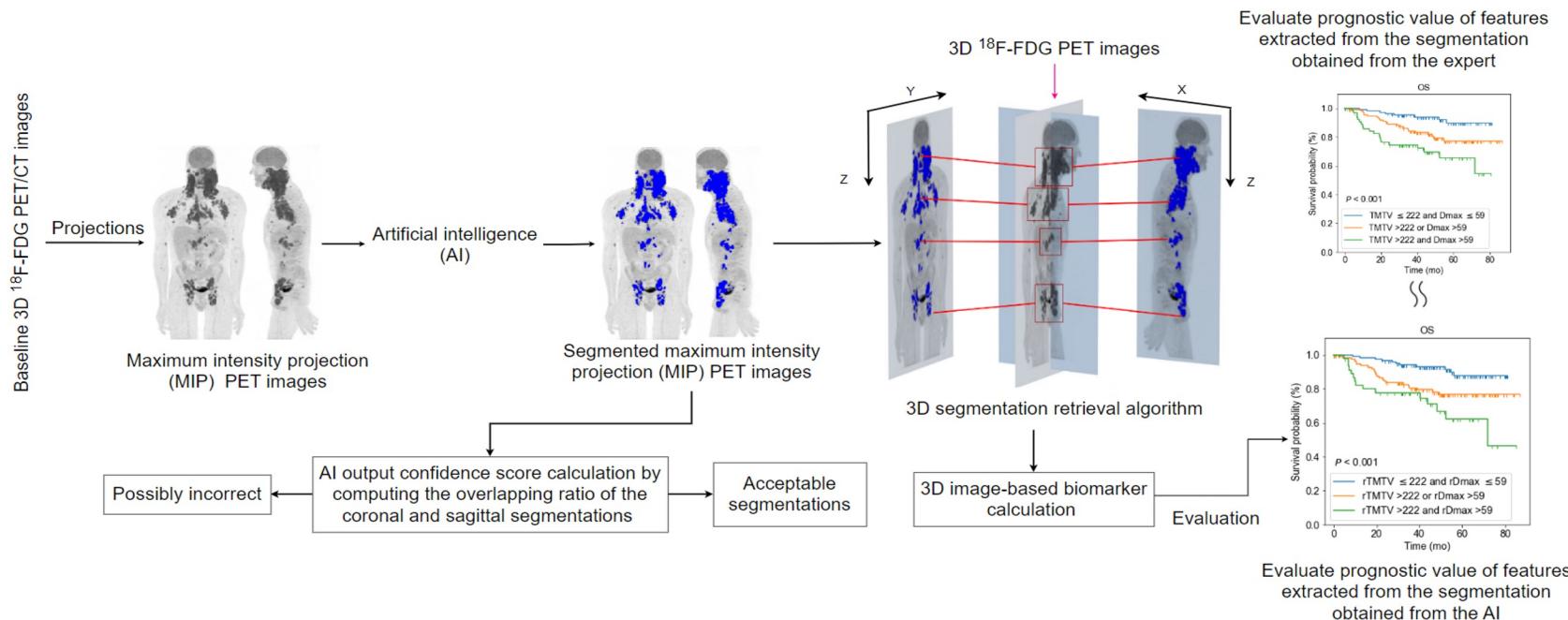
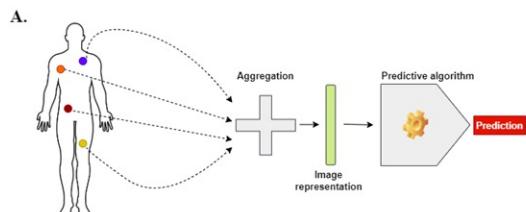


Illustration n°3 : Radshap par Nicolas

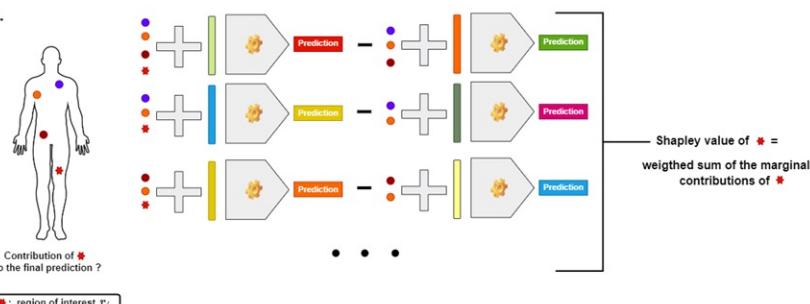
- **Axe de recherche prometteur:** agrégation d'informations provenant de multiples régions d'intérêts (métastases, organes sains...) dans des modèles prédictifs.
- Méthodologie pour mettre en évidence, pour chaque patient, les régions qui impactent le plus la prédiction de ces modèles agrégés.



<https://github.com/ncaptier/radshap>



Une méthode, qui ne dépend pas du type de modèle, basée sur les valeurs de Shapley.



Influence de chaque lésion sur la prédiction du sous-type de CPNC par un modèle radiomique agrégé

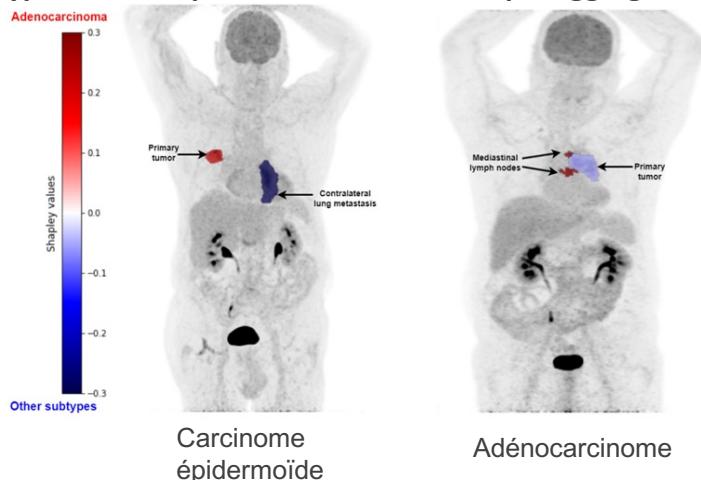


Illustration n°4 : Nouveaux biomarqueurs ds LIFEx (Chris + Narinée)

53 nouveaux biomarqueurs:
patient-level & tumor-level features

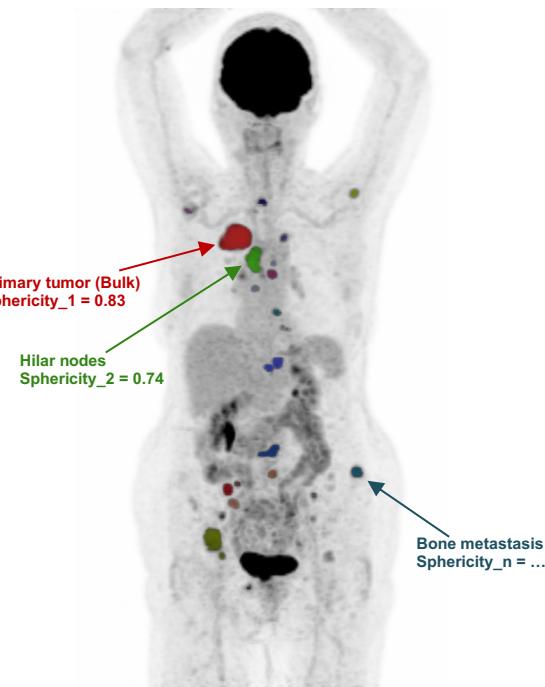
```

END:
SUMMARY_BulkVolume[BS1:Y62][ml] Volume of the largest ROI in ml
SUMMARY_BulkCentroidCor[BS1:Y62][m] Centroid coordinates of the largest ROI
SUMMARY_BulkCentroidCor_RoICentroidCor_DistSum[BS1:Y62][cm] Sum of distances between the centroid of the largest ROI and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_BulkCentroidCor_RoICentroidCor_DistMean[BS1:Y62][cm] Mean distance between the centroid of the largest ROI and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_BulkCentroidCor_RoICentroidCor_DistStd[BS1:Y62][cm] Standard deviation distance between the centroid of the largest ROI and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_BulkCentroidCor_RoICentroidCor_DistMin[BS1:Y62][cm] Minimal distance between the centroid of the largest ROI and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_BulkCentroidCor_RoICentroidCor_DistMax[BS1:Y62][cm] Maximal distance between the centroid of the largest ROI and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_BulkCentroidCor_RoICentroidCor_DistSum[BS1:Y62][cm] Sum of distances between the centroids of the other ROIs
SUMMARY_BulkCentroidCor_RoICentroidCor_DistMean[BS1:Y62][cm] Mean distance between the centroids of the other ROIs
SUMMARY_BulkCentroidCor_RoICentroidCor_DistStd[BS1:Y62][cm] Standard deviation distance between the centroids of the other ROIs
SUMMARY_BulkCentroidCor_RoICentroidCor_DistMin[BS1:Y62][cm] Minimal distance between the centroids of the other ROIs
SUMMARY_BulkCentroidCor_RoICentroidCor_DistMax[BS1:Y62][cm] Maximal distance between the centroids of the other ROIs
SUMMARY_SmallestVolume[BS1:Y62][ml] Volume of the smallest ROI in ml
SUMMARY_SmallestCentroidCor[BS1:Y62][m] Centroid coordinates of the smallest ROI
SUMMARY_SmallestCentroidCor_RoICentroidCor_DistSum[BS1:Y62][cm] Sum of distances between the smallest ROI and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_SmallestCentroidCor_RoICentroidCor_DistMean[BS1:Y62][cm] Mean distance between the smallest ROI and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_SmallestCentroidCor_RoICentroidCor_DistStd[BS1:Y62][cm] Standard deviation distance between the smallest ROI and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_SmallestCentroidCor_RoICentroidCor_DistMin[BS1:Y62][cm] Minimal distance between the smallest ROI and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_SmallestCentroidCor_RoICentroidCor_DistMax[BS1:Y62][cm] Maximal distance between the smallest ROI and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_SmallestWCentroidCor[BS1:Y62][ml] Weighted centroid coordinates of the gma
SUMMARY_SmallestWCentroidCor_RoICentroidCor_DistSum[BS1:Y62][cm] Sum of distances between the gma and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_SmallestWCentroidCor_RoICentroidCor_DistMean[BS1:Y62][cm] Mean distance between the gma and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_SmallestWCentroidCor_RoICentroidCor_DistStd[BS1:Y62][cm] Standard deviation distance between the gma and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_SmallestWCentroidCor_RoICentroidCor_DistMin[BS1:Y62][cm] Minimal distance between the gma and the centroids of the other ROIs
SUMMARY_SmallestWCentroidCor_RoICentroidCor_DistMax[BS1:Y62][cm] Maximal distance between the gma and the centroids of the other ROIs

```



e.g. standard deviation (SD) of sphericity



IBSI: Sphericity is a measure to describe how spherical the volume is.

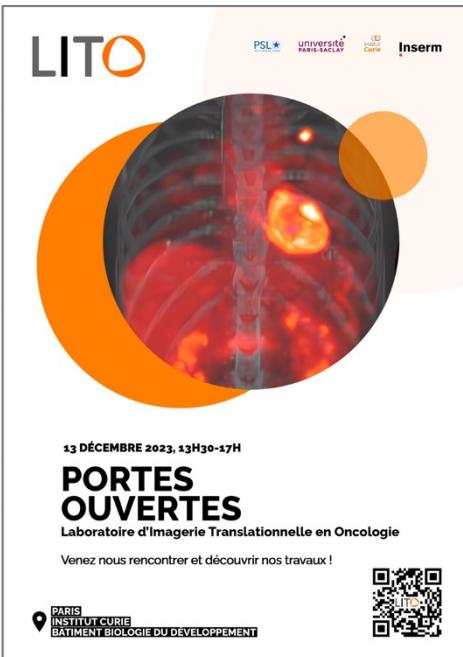
Reference values for the sphericity feature: range [0-1]

data	value	tol.	consensus
dig. phantom	0.843	0.005	very strong
config. A	0.683	0.001	strong
config. B	0.722	0.001	strong
config. C	0.723	0.003	strong
config. D	0.723	0.003	strong
config. E	0.723	0.003	strong

$$F_{morph.sphericity} = \frac{(36\pi V^2)^{1/3}}{A}$$

$$SD_{Sphericity(F)} = \sqrt{\frac{1}{n} \sum_{i=1}^n (F_i - \bar{F})^2}$$

Autres illustrations



- ROBI: un pipeline de sélection automatique de biomarqueurs pronostiques (Louis)
- Construction de modèles robustes en présence de nombreuses données manquantes (Frédérique)
- Harmonisation multicentrique de biomarqueurs (Fanny)
- Apprentissage fédéré (Fanny)
- Caractérisation de la robustesse / aptitude à généraliser des modèles (Paul)
- Augmentation de données pour l'apprentissage automatique (Kibrom) etc

Perspectives envisagées

- Radiomique classique vs deep ?
- Décryptage des modèles et validation de leur interprétation
- Modèles intégratifs
- Médecine des systèmes (whole-person research)
- Créer le LLM de la Médecine Nucléaire
- Distribution conviviale de modèles deep