

Assimilation des données cliniques pour la modélisation de lymphomes crbraux

Cédric COPOL, INRIA MONC Bordeaux

Le lymphome crbral est une maladie rare et très agressive, qui représente moins de 0,5% de l'ensemble des lymphomes et moins de 2% des tumeurs cérébrales et son pronostic est assez sombre (30% de survie à cinq ans). Dans la suite, à partir de données IRM multi-modales (T1 et T2-FLAIR), nous construisons un modèle EDP pour modéliser la réponse de la maladie au traitement standard.

$$\frac{\partial T}{\partial t} + \nabla \cdot (\vec{v}T) = -NT \quad (1)$$

$$\frac{\partial N}{\partial t} = -\alpha NT, \alpha > 0 \quad (2)$$

$$\frac{\partial S}{\partial t} + \nabla \cdot (\vec{v}S) = 0 \quad (3)$$

La vitesse étant donnée par la loi de Darcy

$$\vec{v} = -\nabla \pi \quad (4)$$

où T représente les cellules tumorales, S les cellules saines, π est la pression.

Le modèle EDP est un modèle personnalisé à chaque patient, les paramètres α et N sont obtenus par une technique d'assimilation de données. Ceci permet d'avoir notamment un modèle volumique qui suit de très près la décroissance volumique de la maladie.

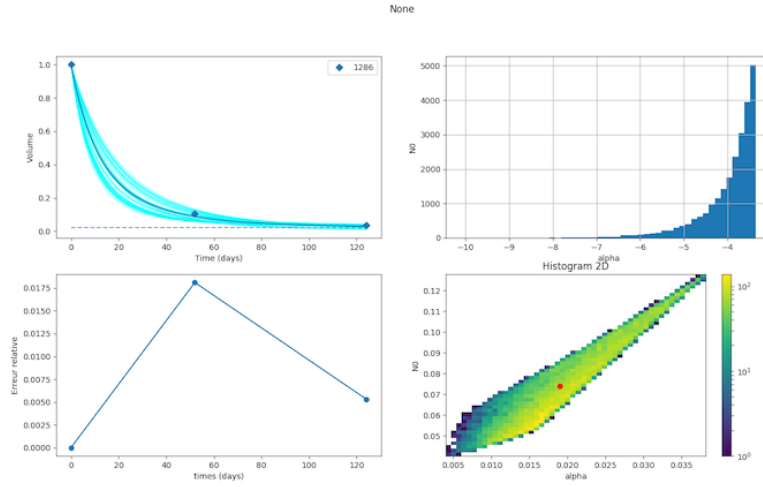


Figure 1: Assimilation de données par la méthode de MonteCarlo

La figure en bas droite montre la distribution des paramètres acceptés dans l'espace des paramètres possibles, au dessus l'histogramme 1D de ces mêmes paramètres. La figure en haut à gauche montre le volume des œdèmes (losange) et les courbes obtenues avec la multitude de jeux de paramètres acceptés (cyan). La dernière figure montre l'erreur relative entre les données simulées et les données cliniques. En perspectives, l'assimilation des données des IRMs pourra faire apparaître des marqueurs permettant de catégoriser les patients en fonction de l'évolution de leur maladie.