

Sciences du vivant : simulation d'un examen d'imagerie TEP 'corps entier'

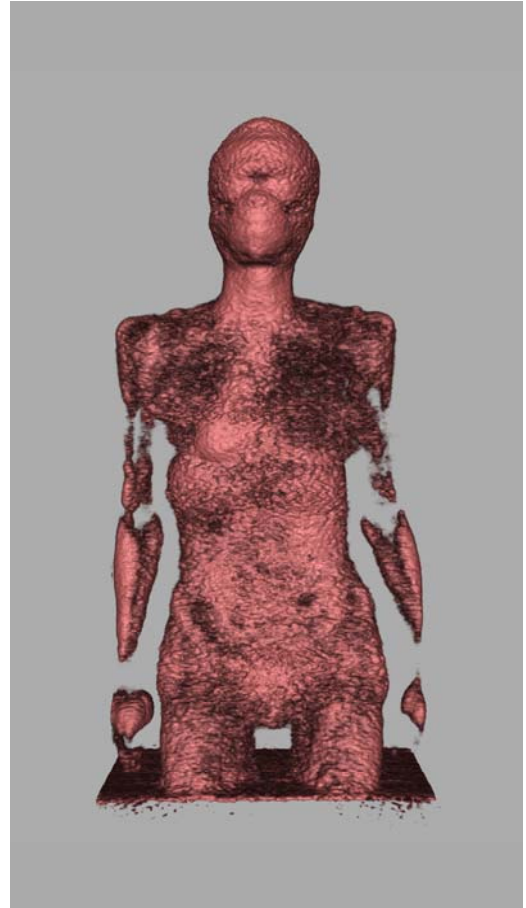
De plus en plus utilisée en milieu hospitalier, la tomographie par émission de positons (TEP) est un examen d'imagerie médicale dont l'interprétation des données reste encore complexe. En vue d'optimiser cette analyse et d'extraire l'information physiologique la plus pertinente, les chercheurs travaillent sur des programmes de simulation numérique en appui de la TEP, qui se heurtent aujourd'hui aux limites du temps de calcul.

Le CEA-SHFJ¹ (Service hospitalier Frédéric Joliot) a donc installé la plateforme de simulation GATE², permettant de modéliser des examens TEP, sur le supercalculateur Tera 10 situé au centre CEA de Bruyères-le-Châtel. La simulation a permis de reproduire de manière tout à fait réaliste la distribution d'un traceur utilisé en TEP dans le cadre de diagnostic en cancérologie, en un temps très court. Ce premier résultat de simulation permet d'envisager, à moyen terme, une utilisation plus fine des données fournies par les images et une personnalisation au patient de ces examens.

Personnaliser au patient l'examen médical

La tomographie par émission de positons (TEP) consiste à administrer par voie intraveineuse une molécule marquée avec un isotope radioactif, un 'traceur', afin de suivre, par détection externe, le fonctionnement normal ou pathologique d'un organe. A l'aide d'outils de détection appropriés, le rayonnement émis par le traceur permet de construire une image sur laquelle on visualise la distribution de la molécule dans l'organisme. Certaines pathologies réagissent aux molécules utilisées : c'est le cas en particulier pour le glucose qui se concentre dans les tumeurs cancéreuses, où le métabolisme est accru.

Afin d'optimiser la détectabilité des tumeurs en fonction de la dose radioactive injectée au patient et de s'affranchir des paramètres qui perturbent l'analyse (par exemple la respiration du patient au cours de l'examen, ou la réaction d'autres organes ayant un métabolisme par nature élevé), les chercheurs ont recours à des simulations comme outil de correction. Ces simulations sont effectuées selon la méthode Monte-Carlo, fondée sur les théories des probabilités. L'analyse se heurte cependant aux limites du traitement numérique : pour un examen TEP classique 'corps entier' sur l'homme, une simulation Monte-Carlo doit traiter l'émission de plusieurs milliards de positons et de photons gamma, soit au minimum 10 000 heures de calcul, ou 400 jours d'analyse sur un PC standard.



Une première simulation prometteuse

Afin de réduire le temps de calcul, les chercheurs du SHFJ et de la DAM ont mené une simulation sur le supercalculateur Tera 10. Après modélisation de l'organisme d'un patient, basé sur un examen réel, les chercheurs ont simulé l'injection d'un traceur pour une activité réaliste de 264 mégabecquerels (MBq) et un temps d'acquisition similaire à celui d'un examen TEP standard. Cette première simulation a nécessité moins de 3 heures de calcul sur 7 000 processeurs. La comparaison de l'examen réel et de sa simulation montre une distribution du traceur quasi-identique. D'un point de vue quantitatif, la comparaison du volume d'une tumeur située sous l'aisselle gauche du patient rend un écart de 6%, considéré comme très faible pour une première simulation.

Ce résultat constitue un premier pas probant vers le développement de méthodes pour corriger les données réelles des examens TEP et viser à terme une spécification au patient des protocoles d'acquisition et d'analyse en TEP. Il montre également l'intérêt du calcul intensif dans le domaine des sciences de la vie.

Pour en savoir plus : <http://www-dsv.cea.fr/>

¹ Le SHFJ est l'une des 4 plates-formes de recherche de l'Institut d'imagerie BioMédicale (CEA-I²BM). Les autres sont NeuroSpin (Saclay), MIRCen (Fontenay-aux-Roses) et Ci-NapS (Caen).

² GATE : Geant4 Application for Tomographic Emission – Geant4 est un programme international de simulation développé au CERN (Suisse).