



Intelligence artificielle pour le contrôle qualité des systèmes de planification de traitements en radiothérapie externe

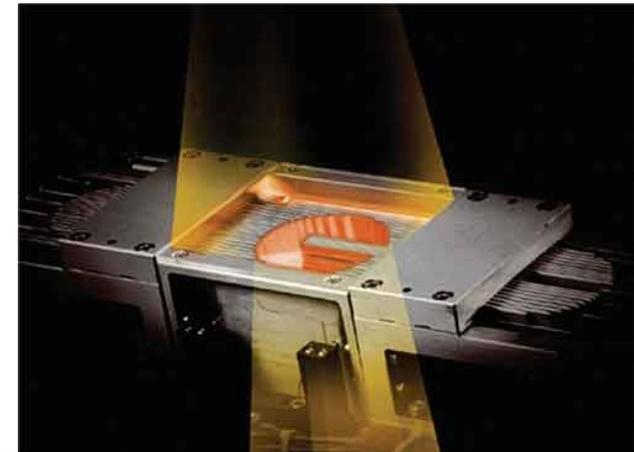
**7^{ème} Journées scientifiques francophones
9 mars 2023**

LAGEDAMON Valentin - GSCHWIND Régine - LENI Pierre-Emmanuel



Accélérateur linéaire médical (LINAC)

Complexification des
traitements

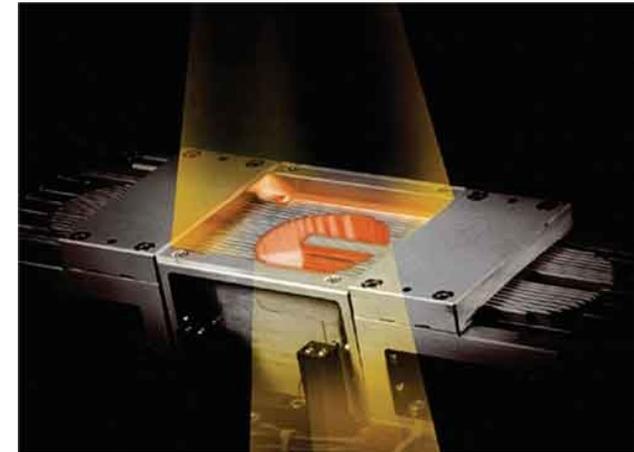


Collimateur Multi-Lames (MLC)



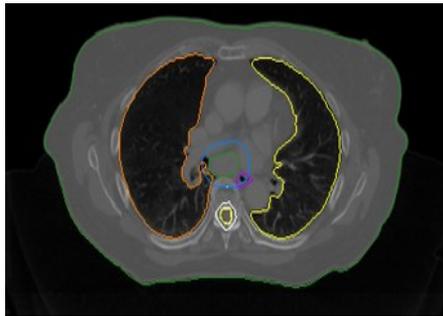
Accélérateur linéaire médical (LINAC)

Complexification des
traitements



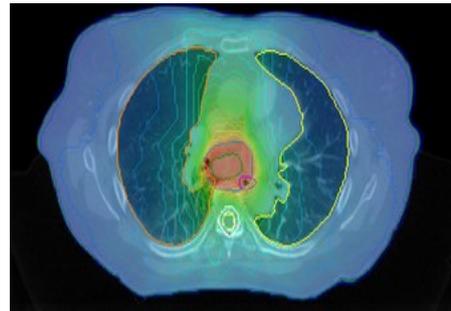
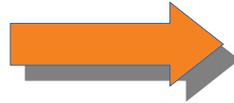
Collimateur Multi-Lames (MLC)

Étapes de planification



Imagerie

Localisation de la tumeur



Calcul de la dose

*Utilisation d'un système de
planification (TPS)*



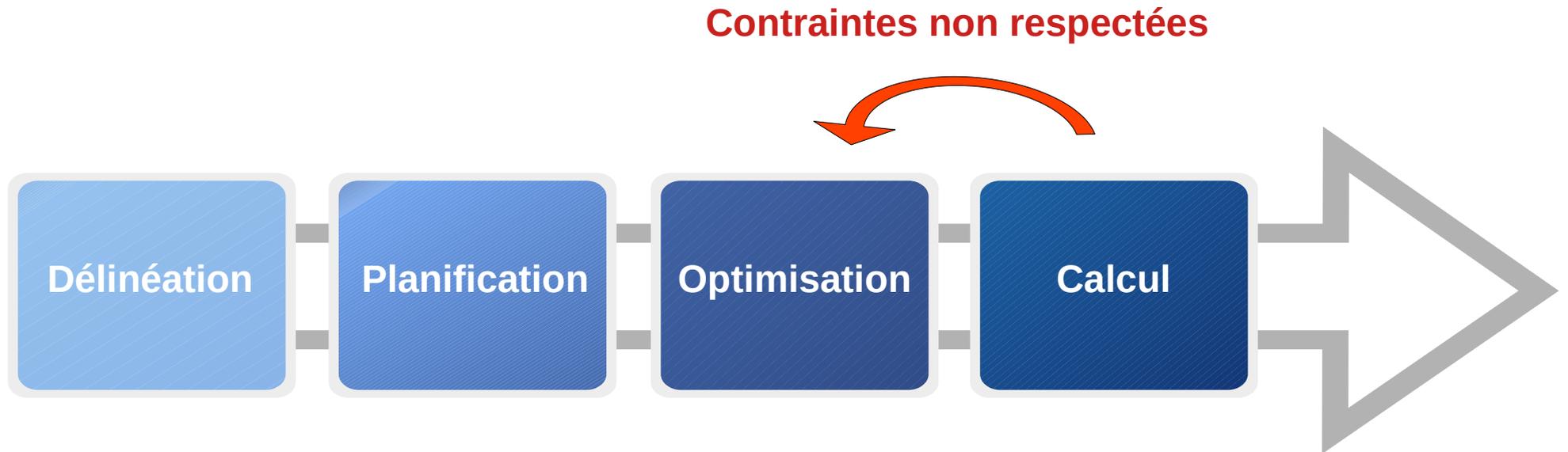
Traitement

LINAC

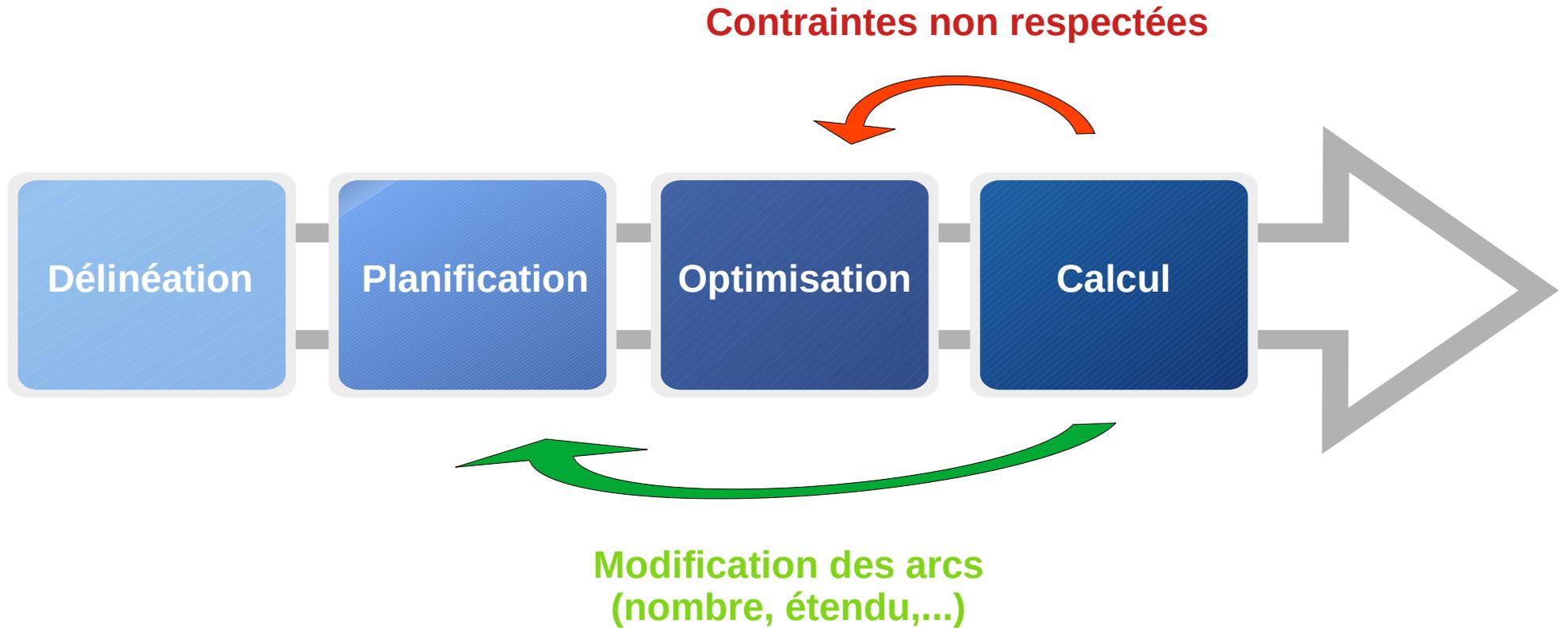
- Décomposable en 4 étapes :



- Décomposable en 4 étapes :



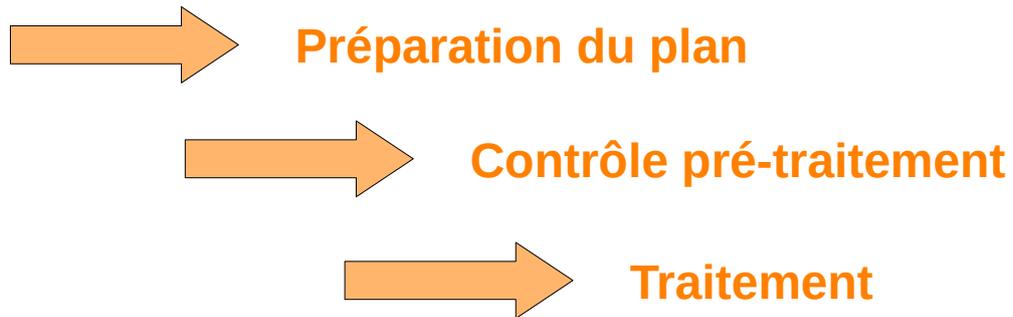
- Décomposable en 4 étapes :



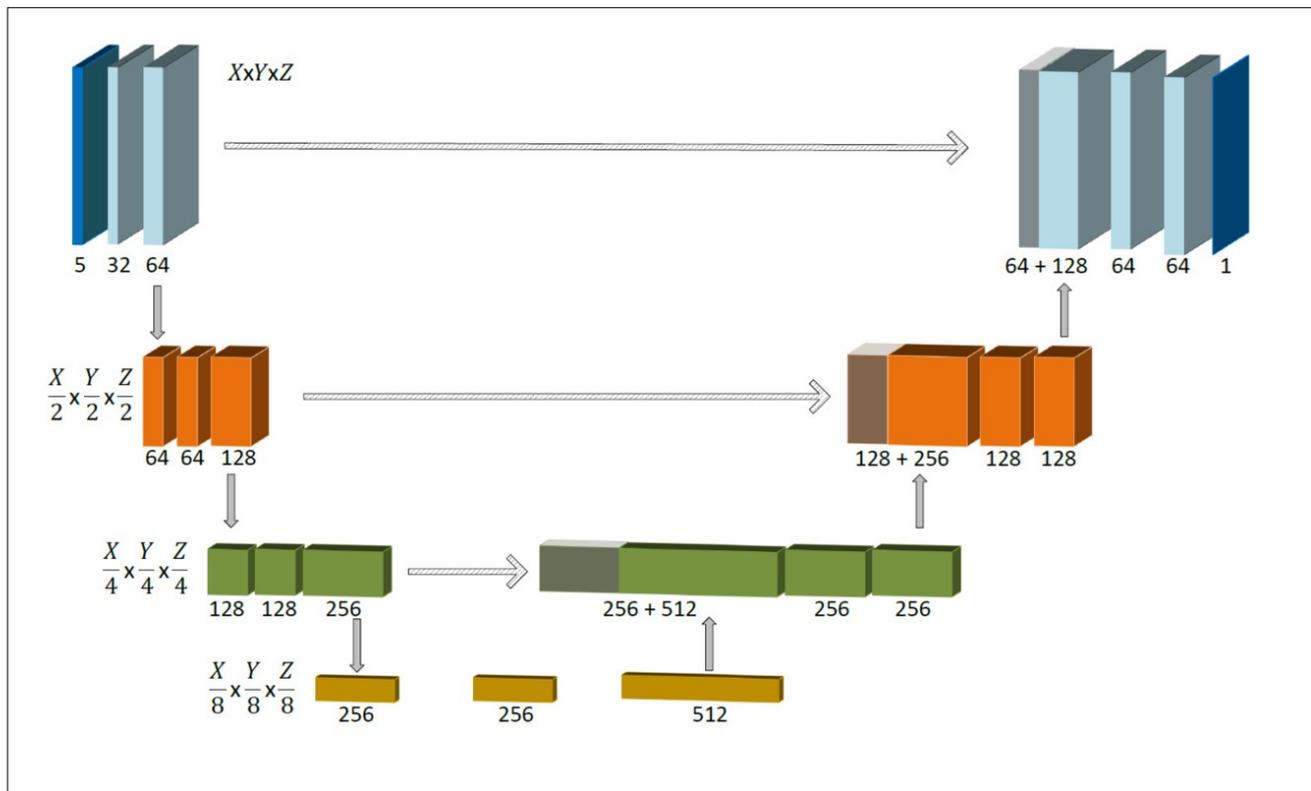
- Décomposable en 4 étapes :



- Décomposable en 4 étapes :



- Apprentissage par **labellisation / régression**
- **Architecture préférentielle : CNN**
- **Données d'apprentissage : CT-Scan / Contours cliniques**
- Nouvelles approches : GAN et LSTM



*Représentation schématique
d'un réseau CNN
à 5 canaux d'entrée
(Kontaxis et al. 2020²)*

- Apprentissage de la « physique »
- Apprentissage par régression / labellisation
- **Intrication** de deux architectures :
 - **MLP** : *Multi-Layer Perceptron*
 - **ConvLSTM2D** : *Convolutional Long Short Term Memory 2D*
- Formatage, Apprentissage & Reconstruction

 TensorFlow

 Keras

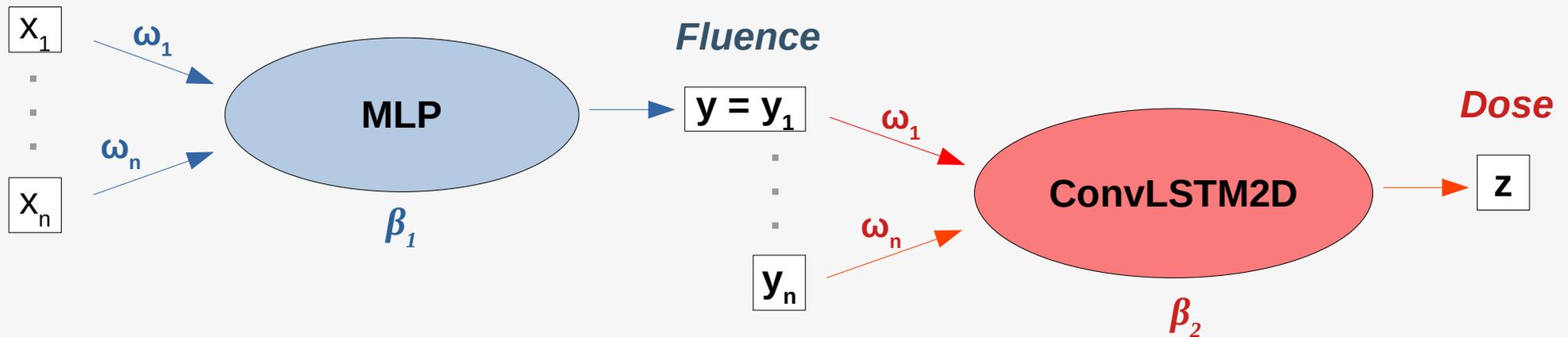


Schéma neuronal

- **Formatage dépendant** de l'architecture et de l'approche
- **Paramétrisation du réseau :**
 - Nombre de couches cachées
 - Nombre de neurones / couches
 - Initialisation des poids
 - Optimiseur, Fonctions d'activation et Fonction coût

- **Formatage dépendant** de l'architecture et de l'approche
- **Paramétrisation du réseau :**
 - Nombre de couches cachées
 - Nombre de neurones / couches
 - Initialisation des poids
 - Optimiseur, Fonctions d'activation et Fonction coût

- Pour chaque réseau :



→ Analyses : $MSE_{\text{Prédiction} - \text{Monte-Carlo}}$ / $SSIM_{P-M}$ / $\gamma\text{-index}_{P-M}$



- **DICOM** fournis par **HNFC**

- **Localisation** : Prostate « complète » (**VS*** + **LP*** + **GG***)

- **Machine** : Clinac 2100 C

LP : Loge prostatique / GG : Ganglions / VS : Vésicules séminales

- **Technique** : VMAT

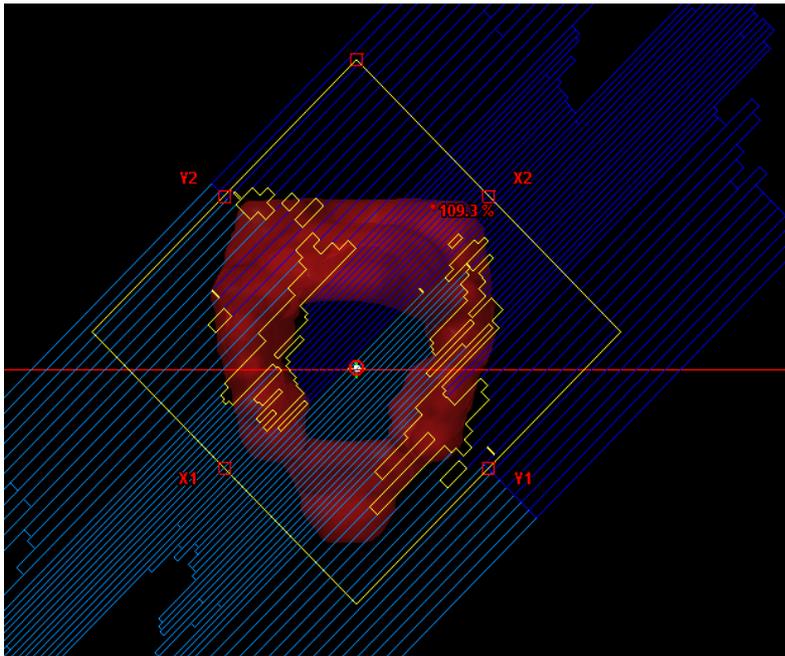
- **DICOM** fournis par **HNFC**

- **Localisation** : Prostate « complète » ($VS^* + LP^* + GG^*$)

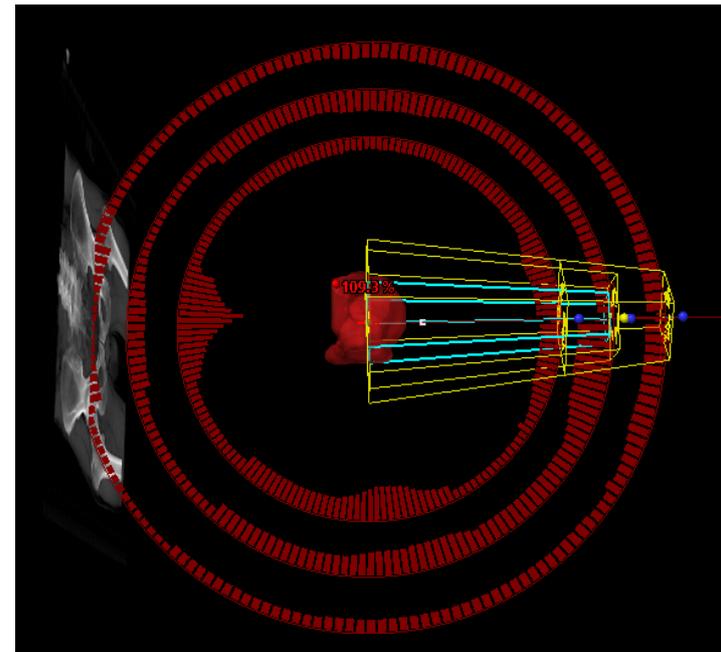
- **Machine** : Clinac 2100 C

- **Technique** : VMAT

LP : Loge prostatique / *GG* : Ganglions / *VS* : Vésicules séminales



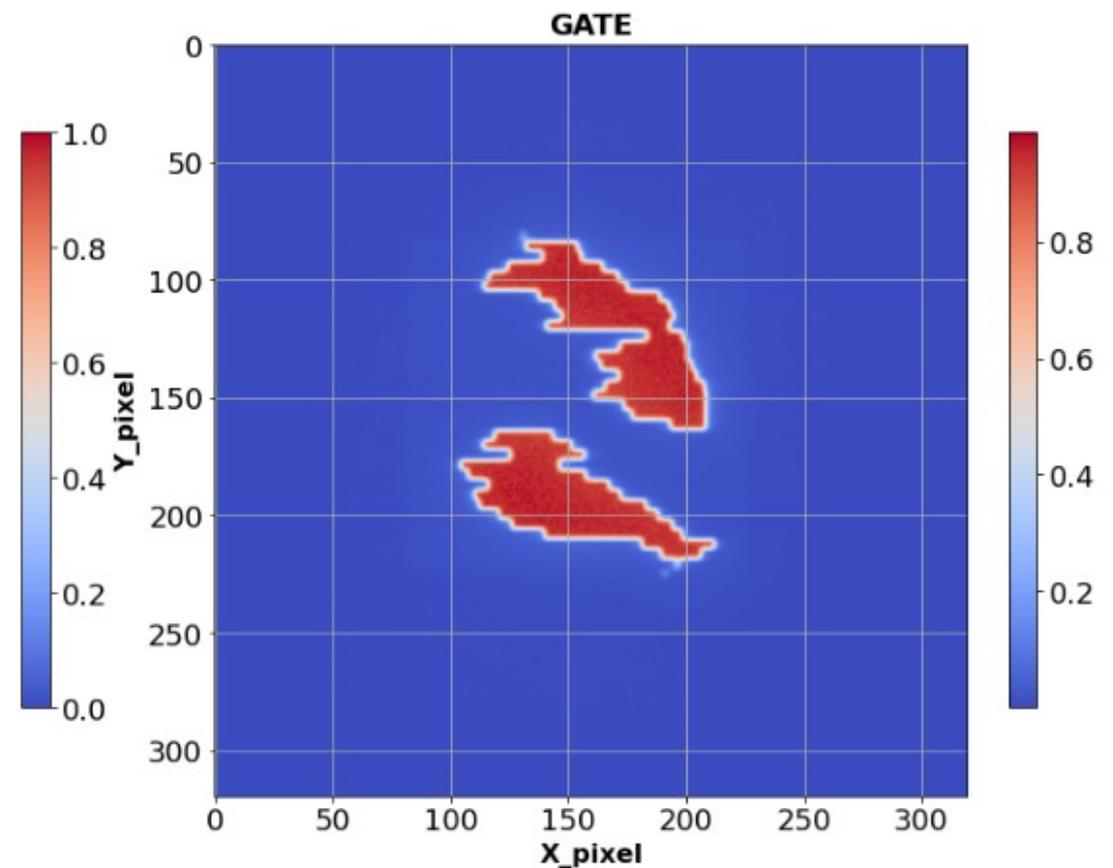
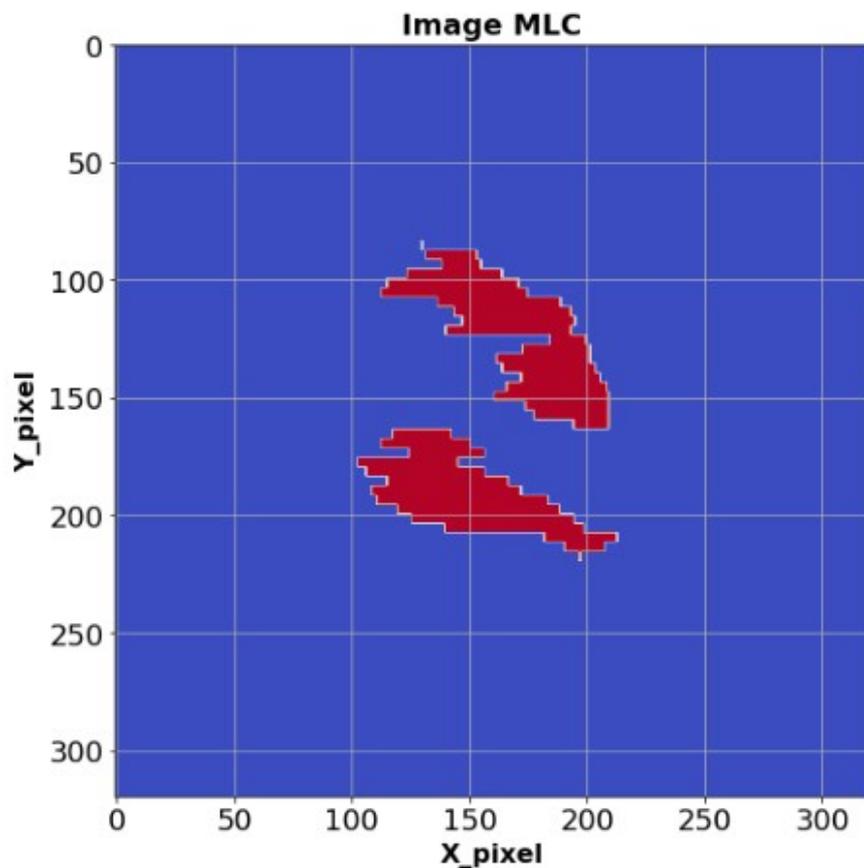
Ajustement des mâchoires pré-optimisation



Visualisation spatiale des 3 arcs (étendu et modulation)

Données d'apprentissage

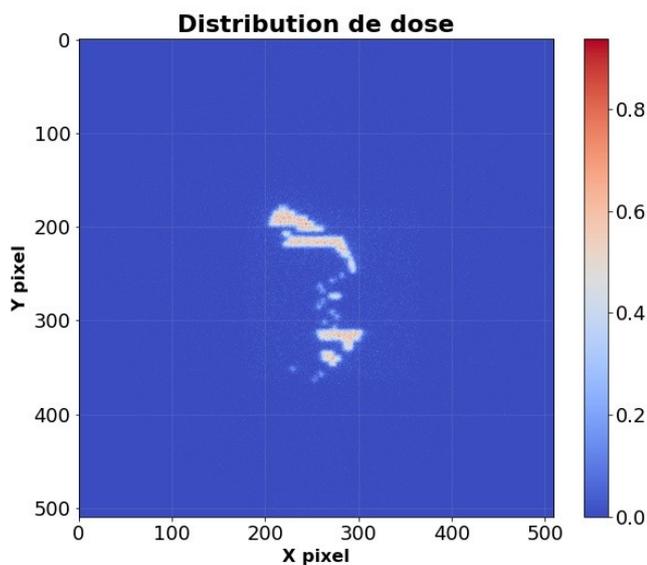
- Génération de l'image du MLC à partir du DICOM
- Calcul des matrices de fluence via GATE (DSP =100 cm)



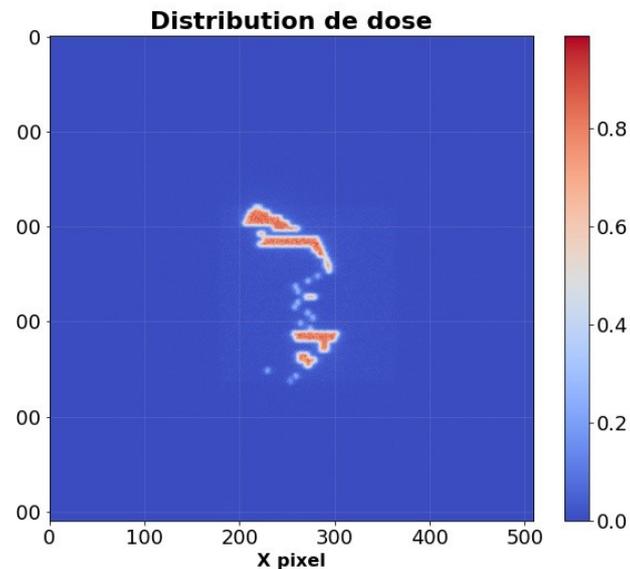
Simulations - Incertitudes

- **Modélisation** Clinac 2100C (EGSnrc)
- **Source** : Phase space files
- **Physic Lists** :
 - emstandard_opt3
 - Physic processes

		Paramètres
Physique	Histoires	Variable
	Cut energy	e ⁻ 0.521MeV γ 0.01 MeV
Simulation	Acteur	Fluence Actor
	Résolution	320 x 320 x 1 (1.25 x 1.25 x 3 mm ³)
	DSP	100 cm



10⁶ Histoires

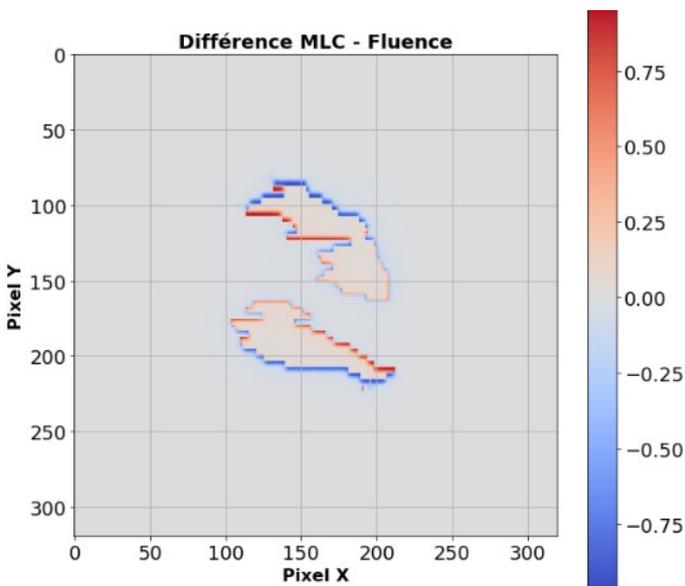


10⁷ Histoires

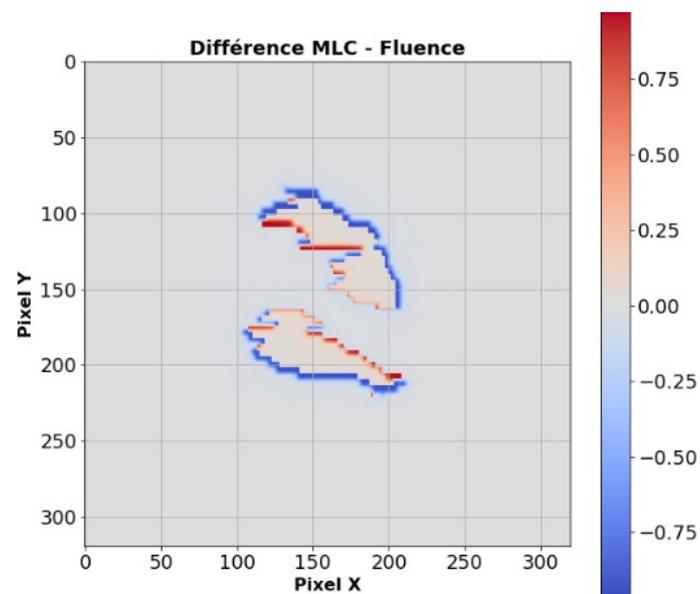
Recalage

- Caractéristiques techniques / calculées / empiriques
- Effet Tongue & Groove
- DLG / Transmission

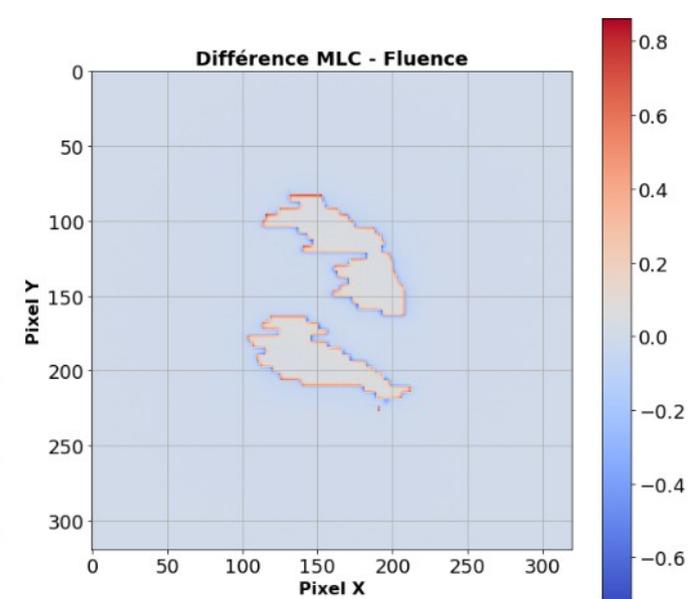
Technique



Calculée



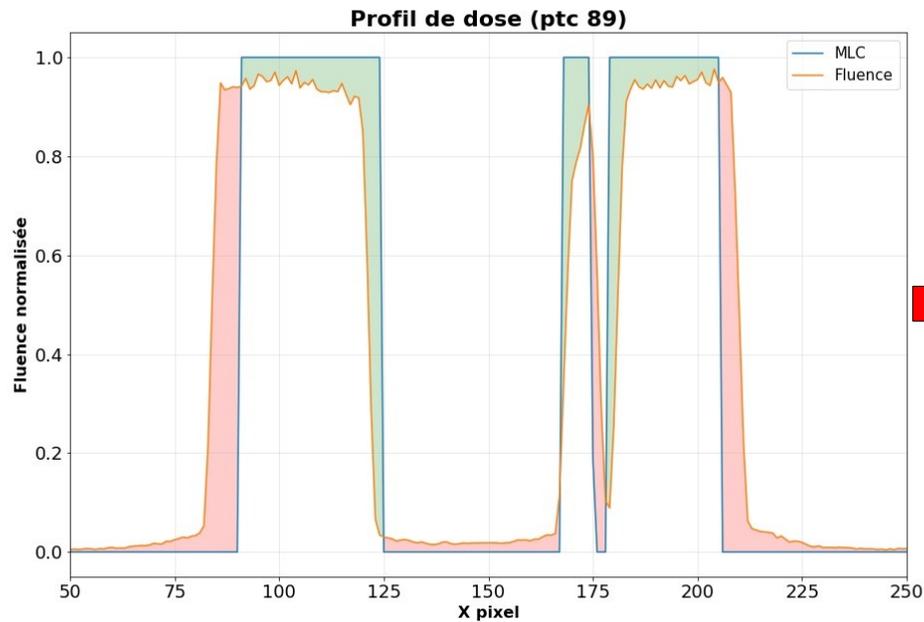
Corrigée



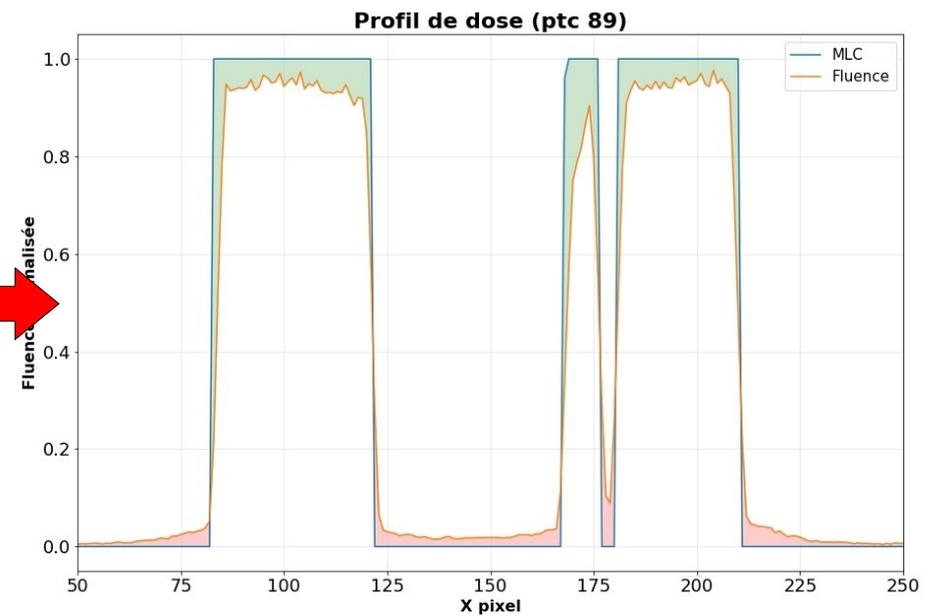
Recalage

- Caractéristiques **techniques** / **calculées** / **corrigées**
- Lames **internes** / **externes**

Calculée

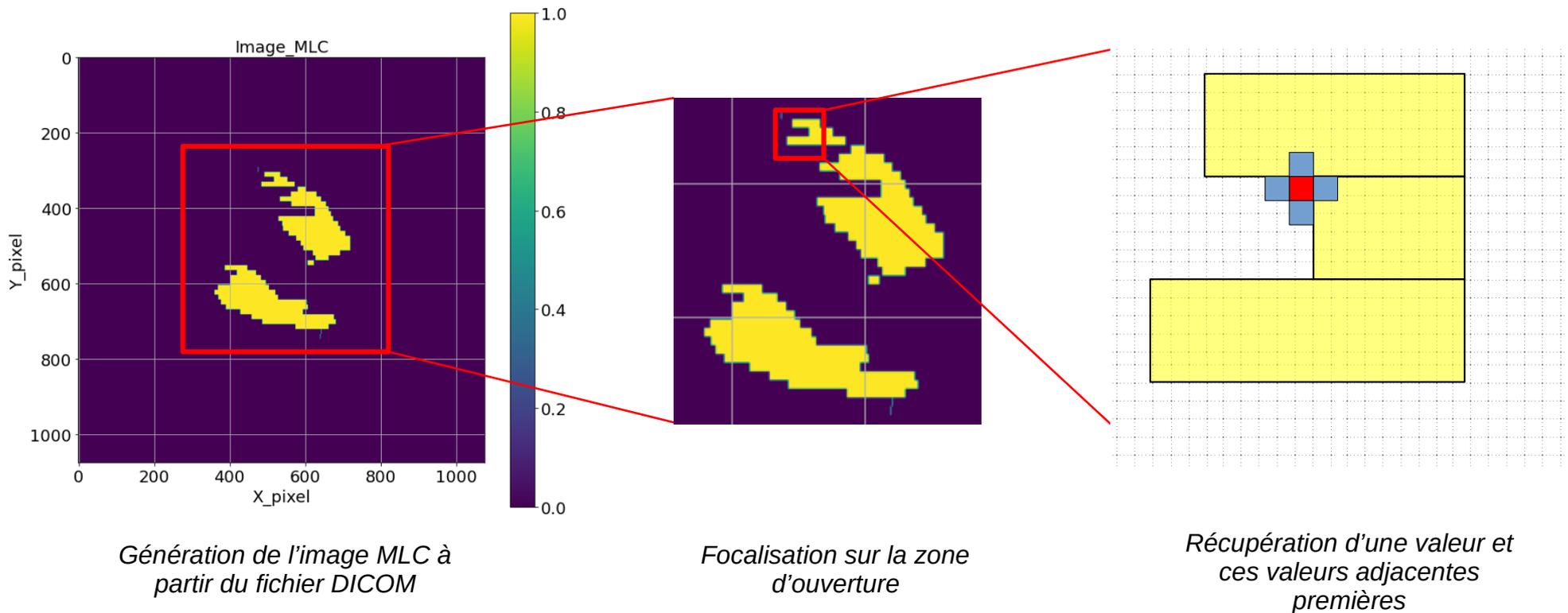


Corrigée



Architecture - Apprentissage

- Multi-Layer Perceptron
- Approche par régression linéaire / labellisation



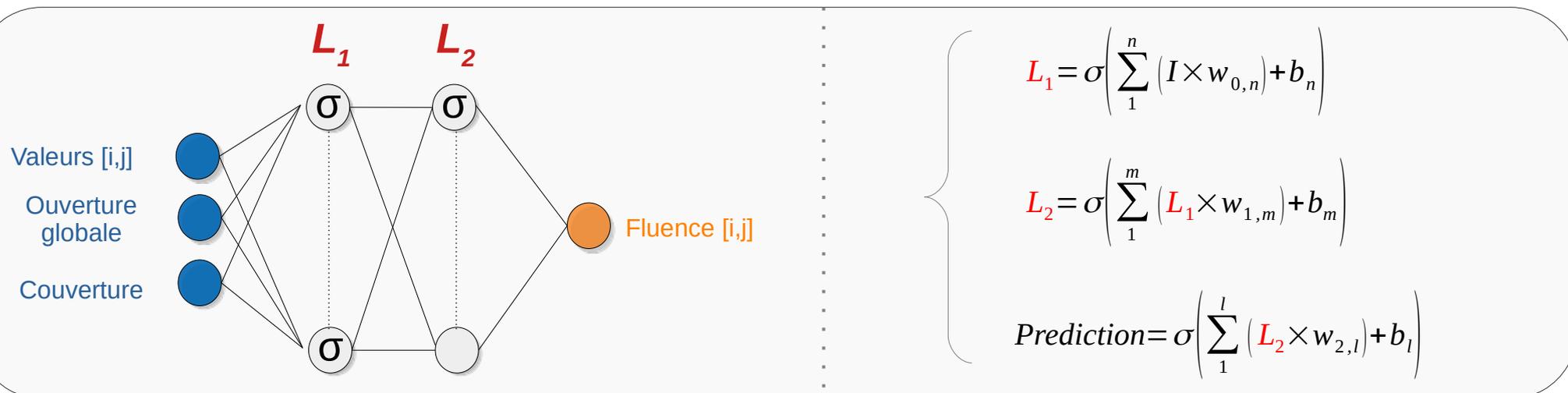
1^{er} réseau : MLP

- Perceptron Multi-Couches
- **Interpolateur universel**
- Approche par régression / labellisation
- Normalisation
- $T_{\text{prediction}} \approx 1 \text{ s} / \text{ptc} (2\text{D})$

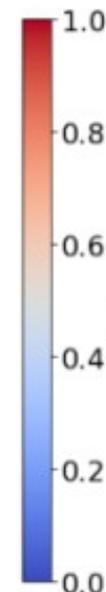
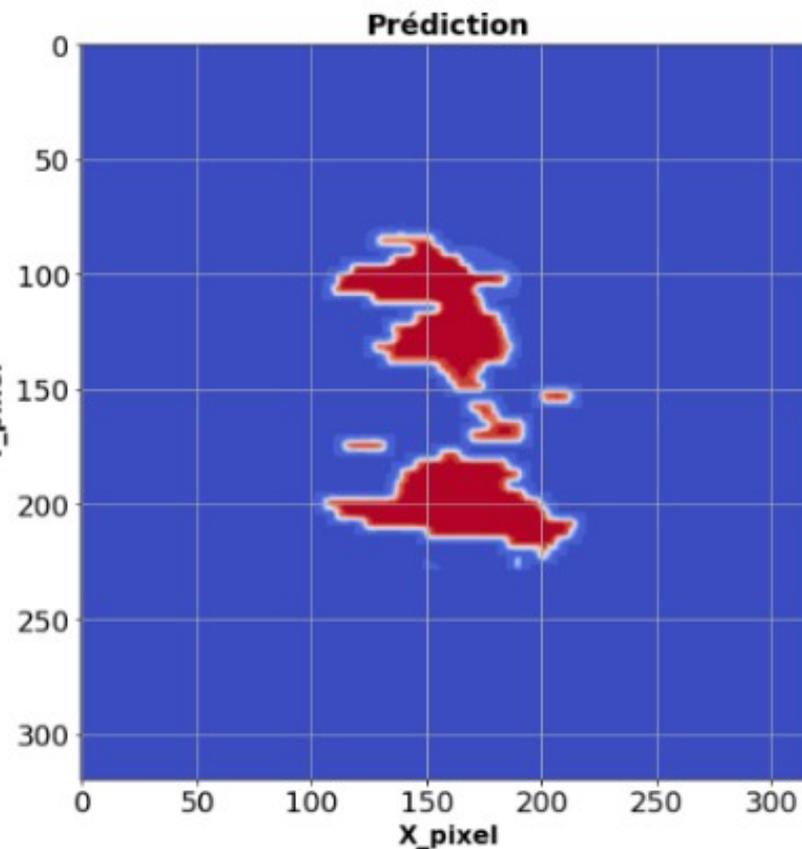
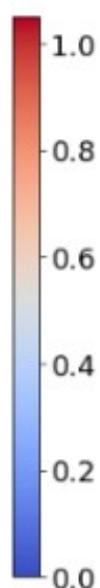
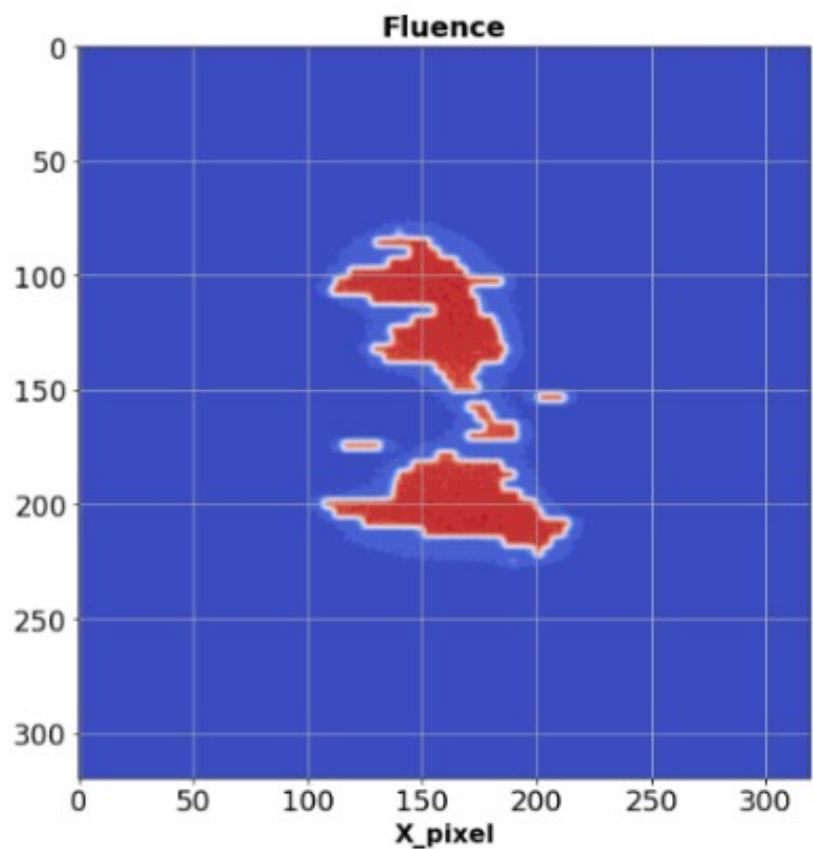
	« Layer 1 »	« Layer 2 »	Output
Architecture			
Nombre de neurones	16	16	7
Activation (σ)	Sigmoïde	Sigmoïde	Softmax
Initialisation	Glorot (5)	Glorot (5)	Glorot (5)
Bias (b)	0	0	0
Algorithme & autres paramètres			
Optimiseur	ADAM <i>Adapative moment estimation</i> ($\epsilon = 10^{-7}$)		
Fonction coût	Sparse Categorical Crossentropy		
Batch size	32		
Métrique	Accuracy		

Architecture neuronale :

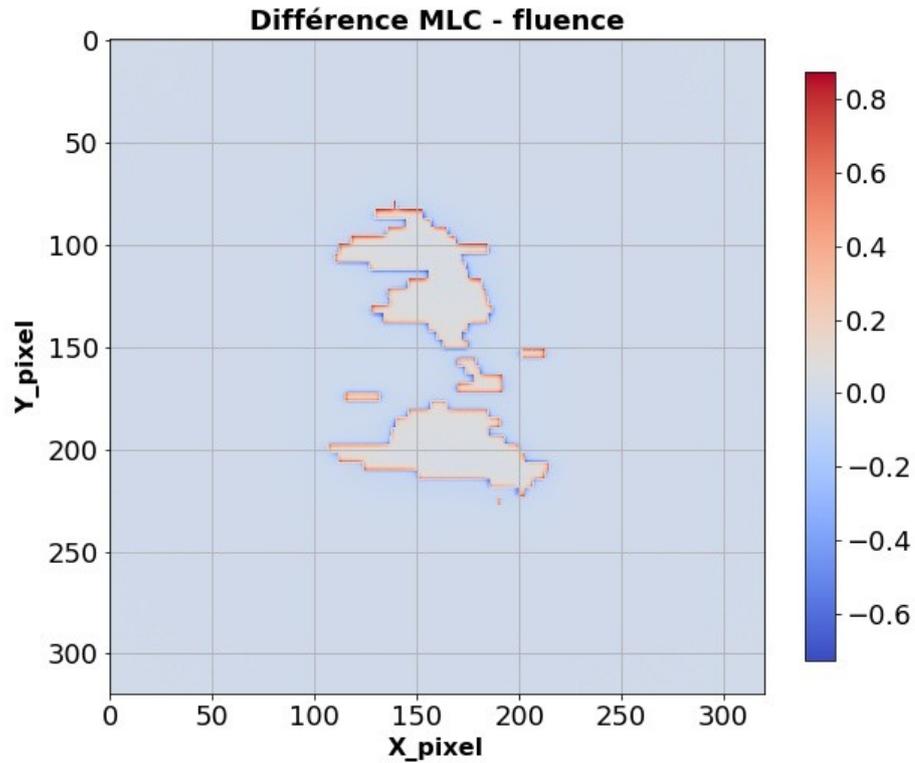
Hyperparamètres



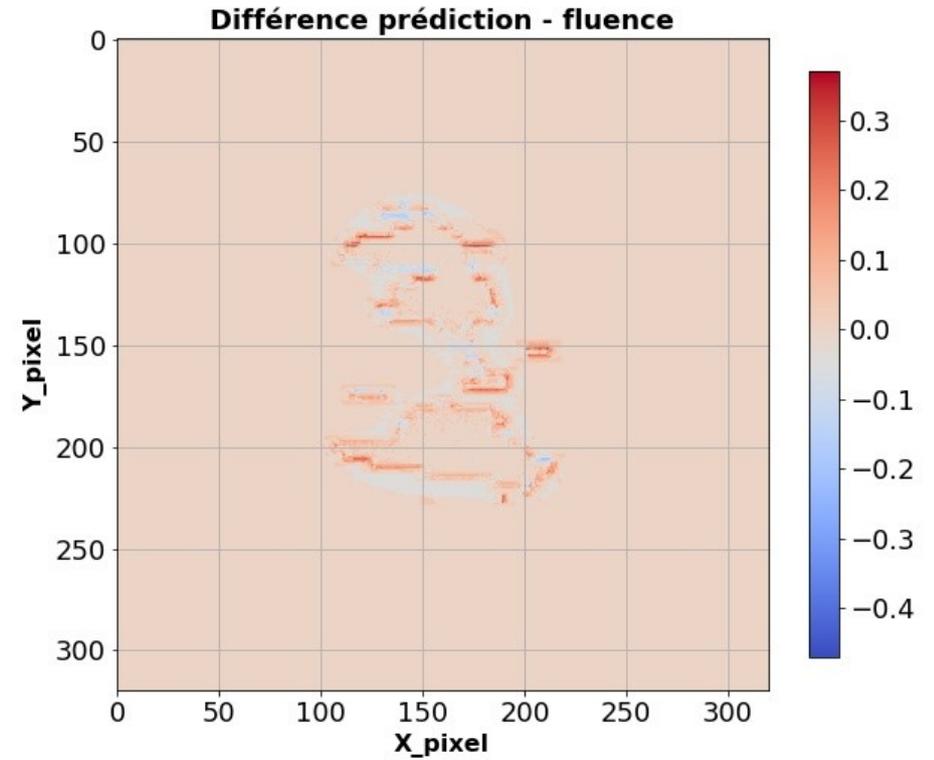
Résultats



Résultats



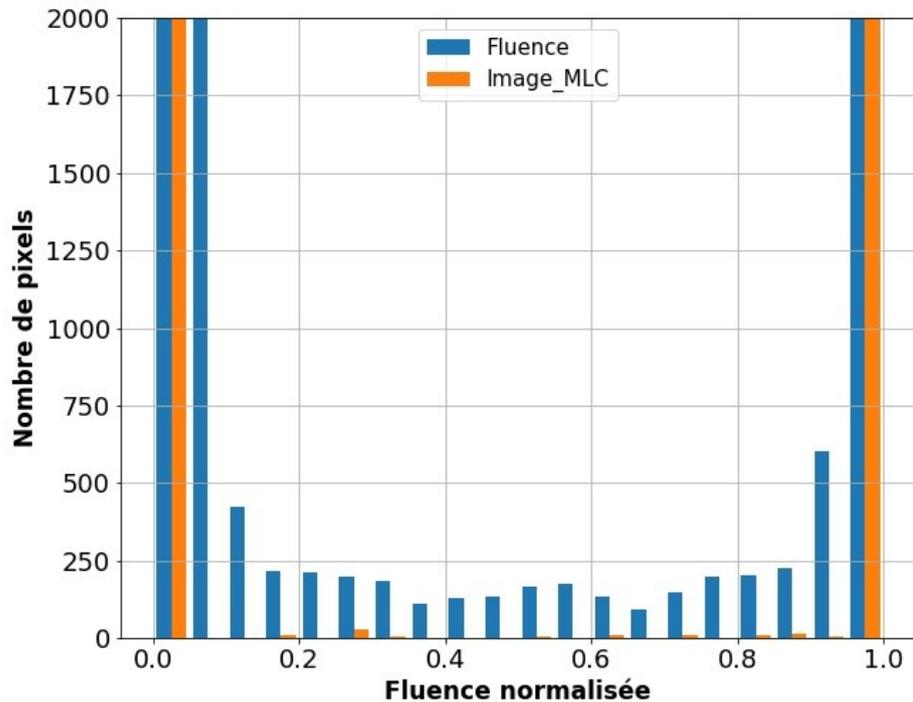
MSE = $3 \cdot 10^{-2}$



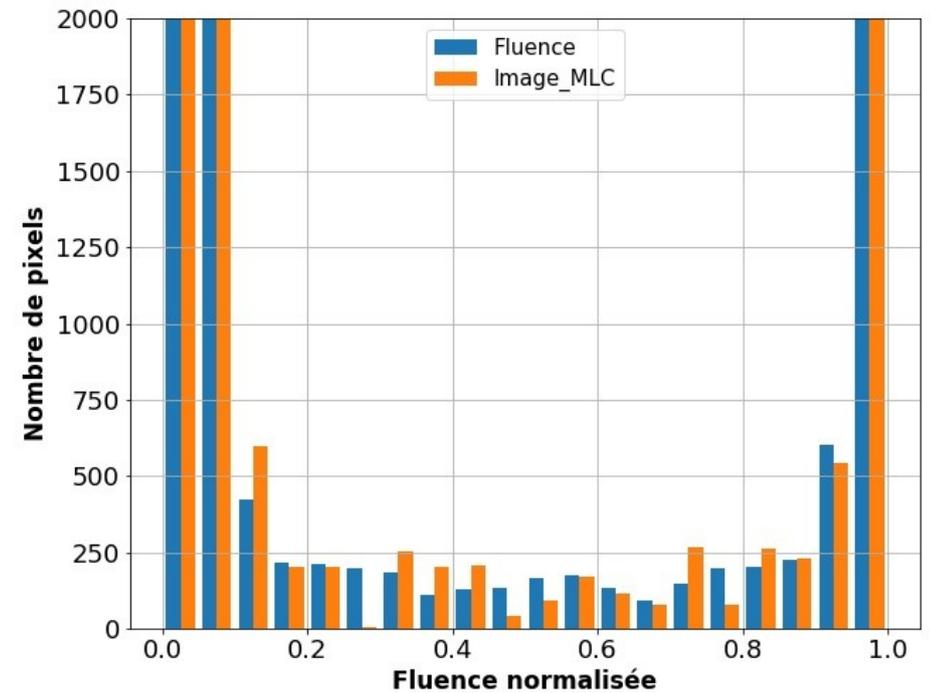
MSE = $1,4 \cdot 10^{-2}$

Résultats

Représentation histogramme de la distribution



Représentation histogramme de la distribution



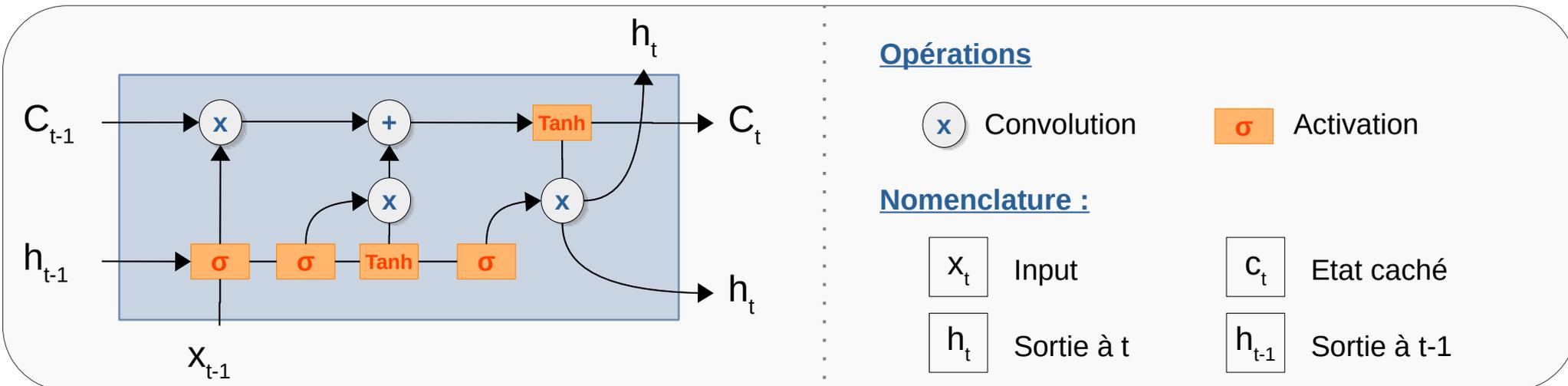
2^{ème} réseau : ConvLSTM 2D

- Convolution + LSTM
- **LSTM = Récurrence**
- Approche par régression
- CT-Scan / Fluence projetée

	« Layer 1 »	« Layer 2 »
Architecture		
Nombre de cellules	290	2
Activation (σ)	Sigmoïde	Sigmoïde
Initialisation	Glorot (5)	Glorot (5)
Bias (b)	0	0
Algorithme & autres paramètres		
Optimiseur	ADAM <i>Adapative moment estimation</i> ($\epsilon = 10^{-7}$)	
Fonction coût	MSE	
Batch size	32	

Hyperparamètres

Architecture simplifiée :

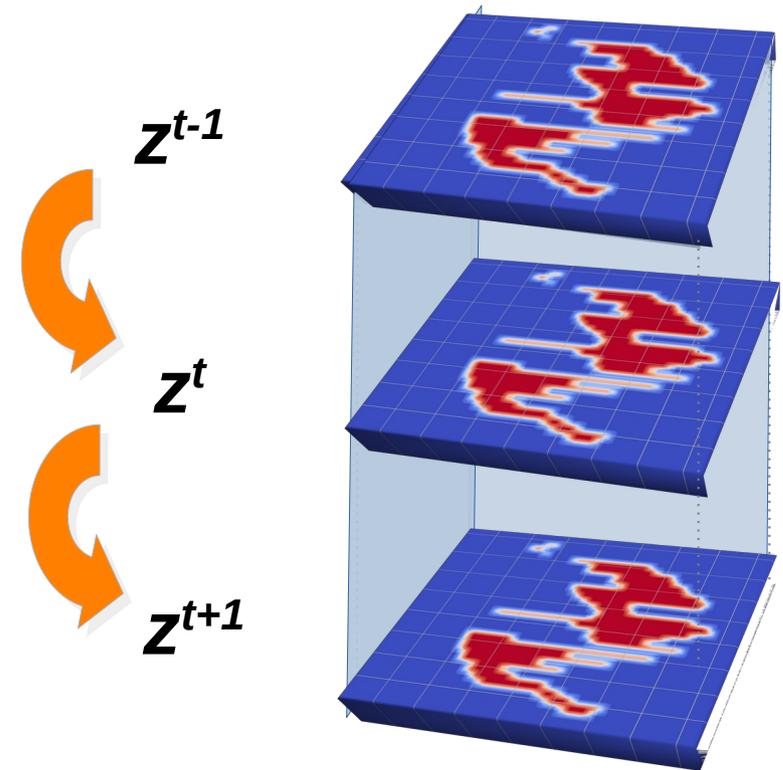


Approche

- CT-Scan / Fluence à z donné
- Récurrence spatiale
- Apprentissage par point de contrôle
- Neishabouri et *al.* (2021 - protonthérapie)

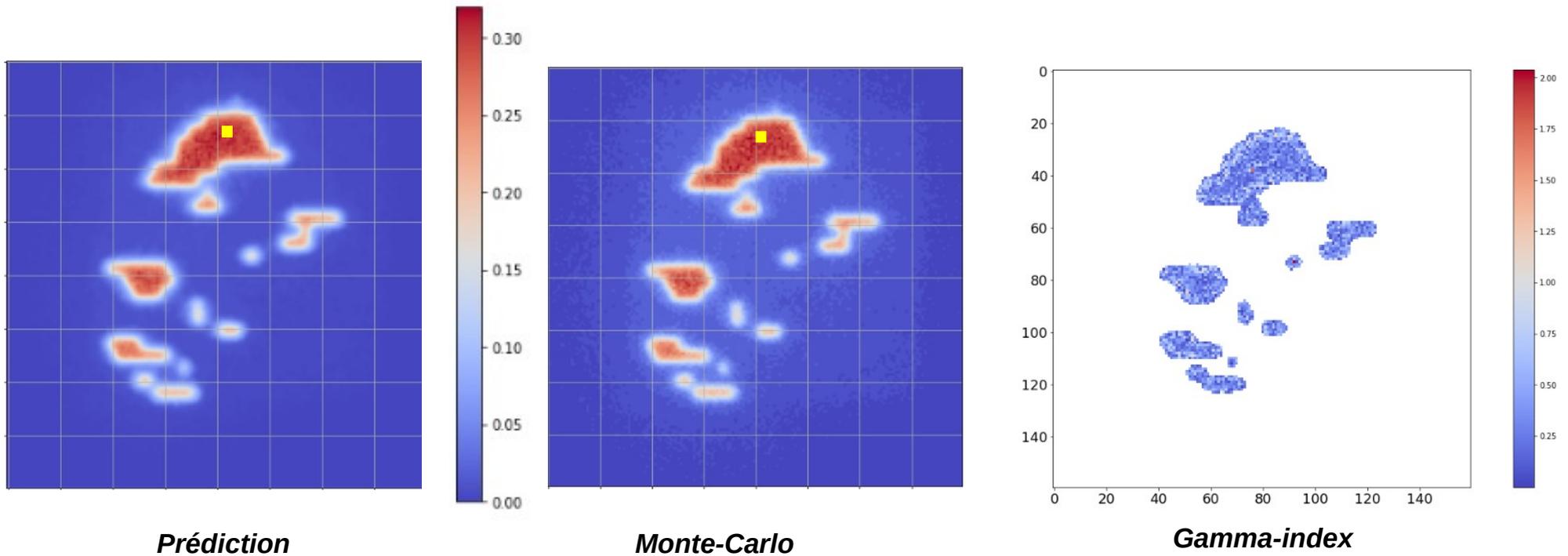
Simulation - DosXYZnrc	
Histoires	Variable
Recyclage	6
Cut Energy	e^- 0.521MeV γ 0.01 Mev
Réduction de variance	Sans

Paramètres de simulation



Apprentissage du dépôt de dose par récurrence à la profondeur z

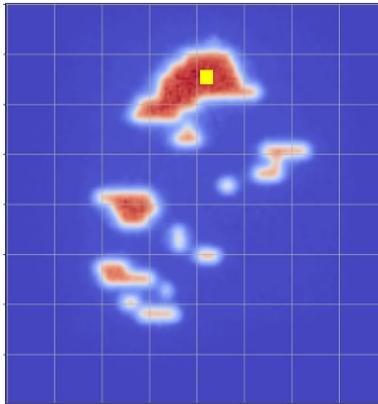
Résultats – Fantôme d'eau (Dose)



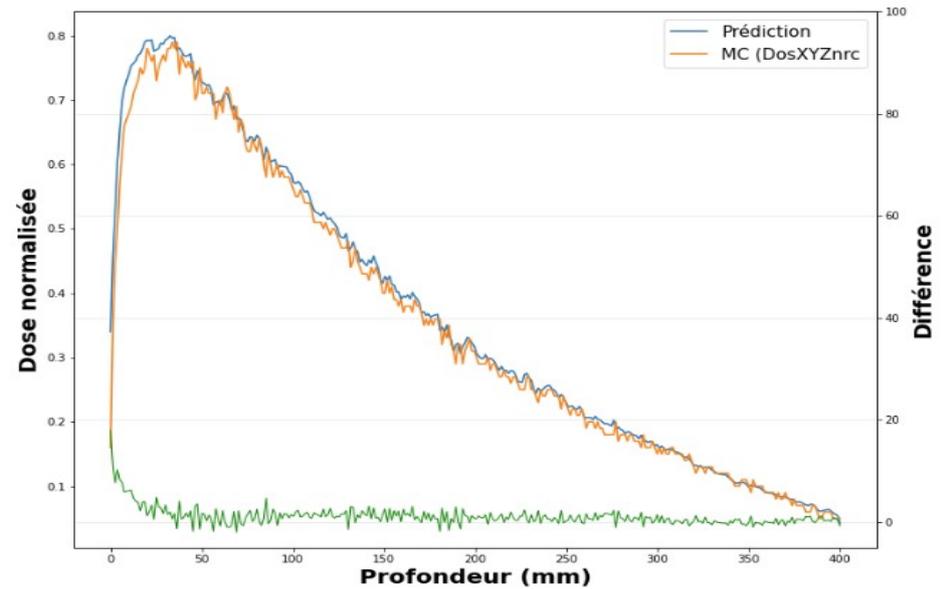
- $T_{\text{prediction}} \approx 2 \text{ s / ptc (3D)}$
- Comparaison de distribution 2D / 3D
- Profils et rendements en profondeur
- $\gamma\text{-index} > 95 \%$

Parameters	Gamma-index	
	$z = 10\text{cm}$	3D
1 % / 1mm	99.12 %	99.54 %
3 % / 3 mm	99.73 %	99.87 %

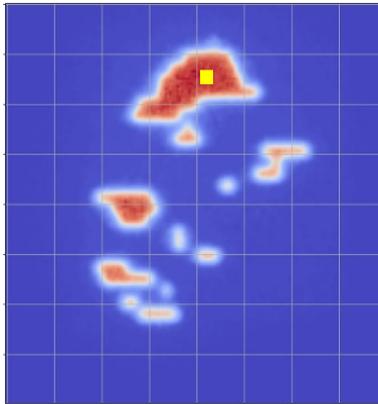
Résultats – Fantôme d'eau (Dose)



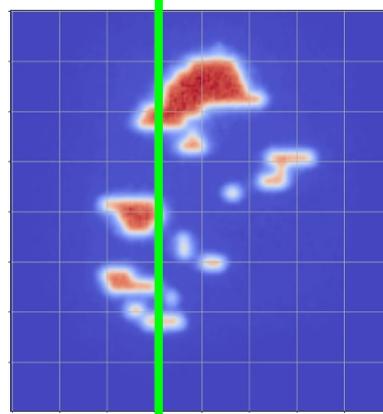
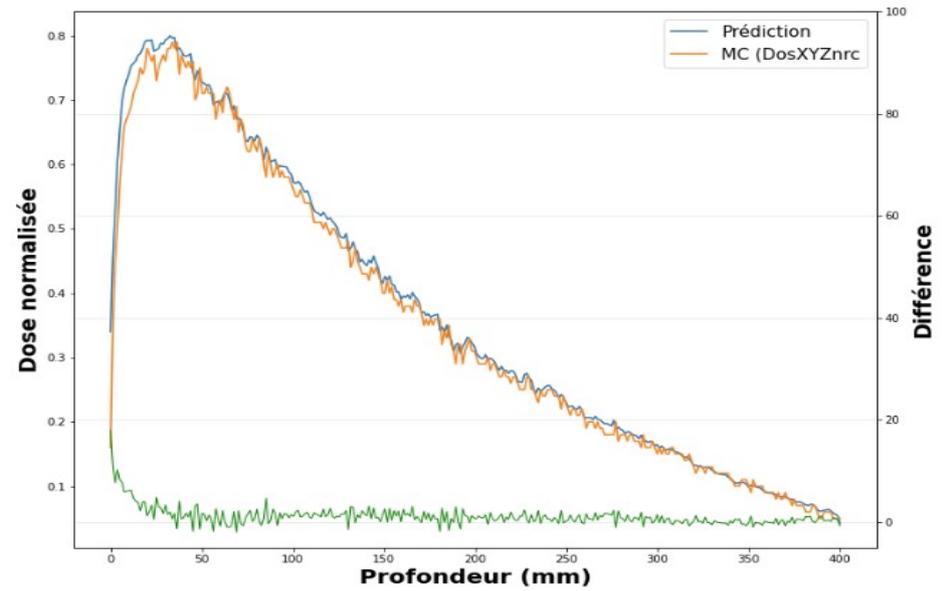
Rendement en profondeur



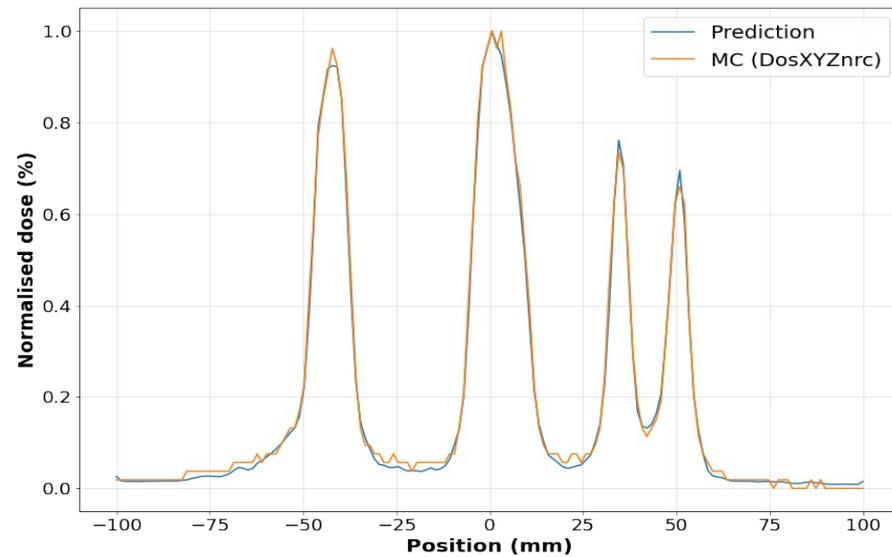
Résultats – Fantôme d'eau (Dose)



Rendement en profondeur



Profil en X à 10 cm de profondeur



Conclusions :

- **Prédiction de la fluence** à partir de l'image MLC :
 - Minimum local
 - Baisse de la précision dans la pénombre
- **Prédiction de la dose dans l'eau** à partir de la fluence prédite :
 - **γ -index > 99%**

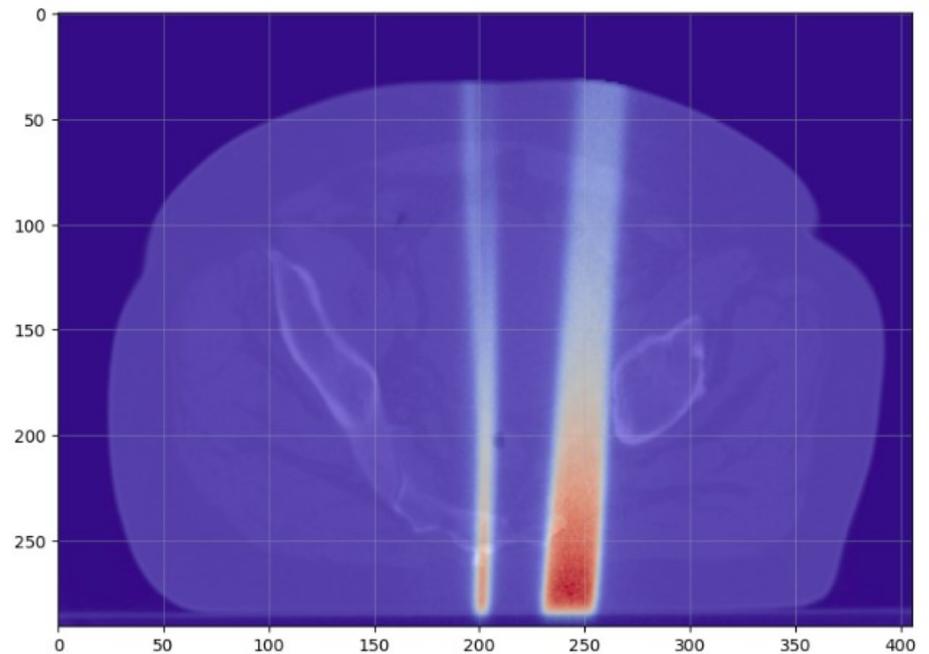
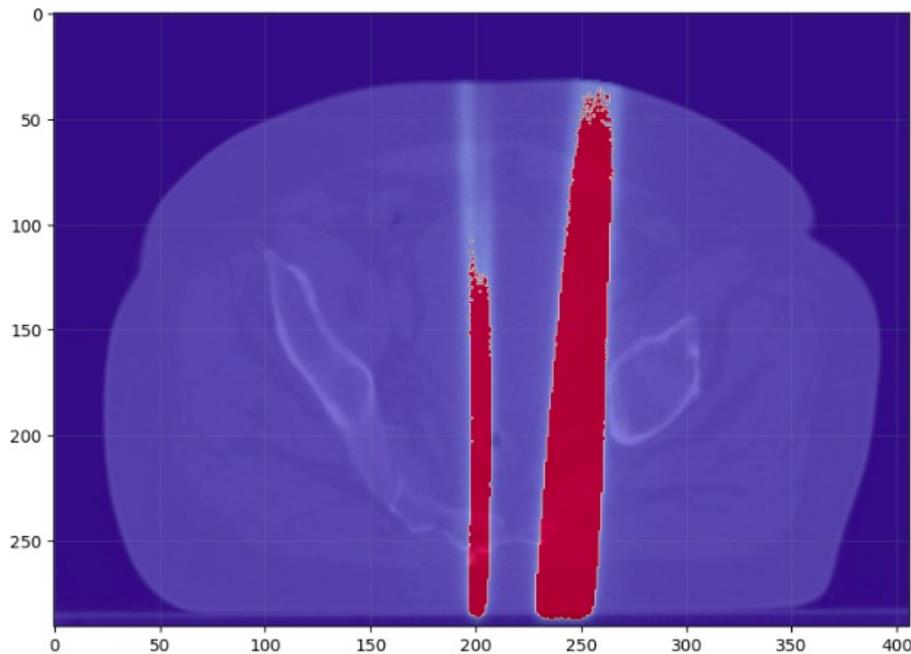
Perspectives :

- **Prédiction dans le patient** (VMAT – *en cours*)
- **Optimisation des réseaux : Minima locaux**
- Optimisation des « pipeline » de données
 - Temps de formatage long

***Merci pour votre
attention***

Résultats – CT-patient (Dose)

- Limites de la compréhension de la **physique**
- Limites **computationnelles**

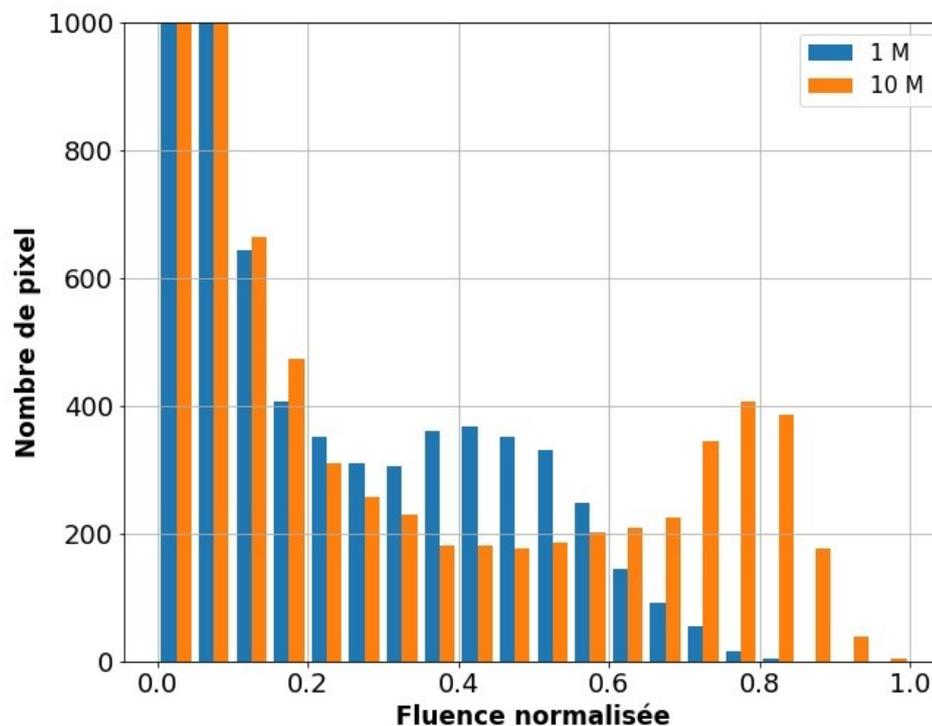


GATE

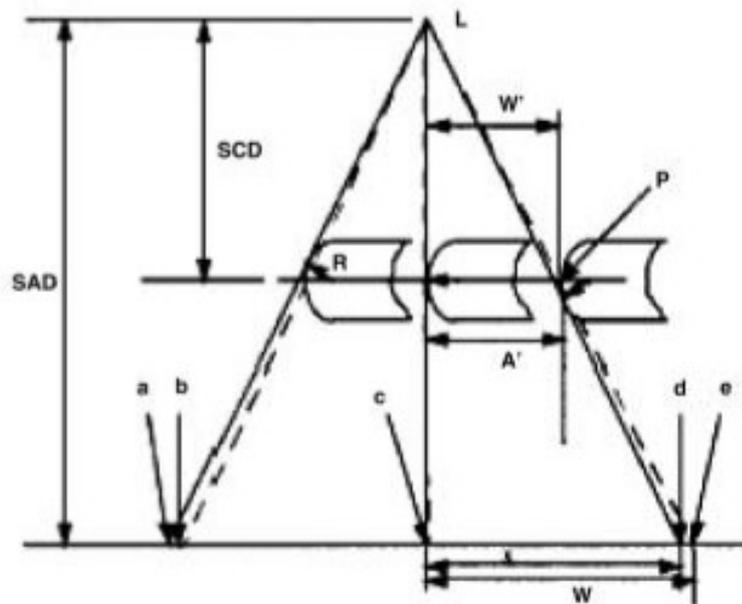
Simulations - Incertitudes

- Physics Lists
- Cut energy
- Homogénéité & incertitude (GATE)

Représentation histogramme de la distribution

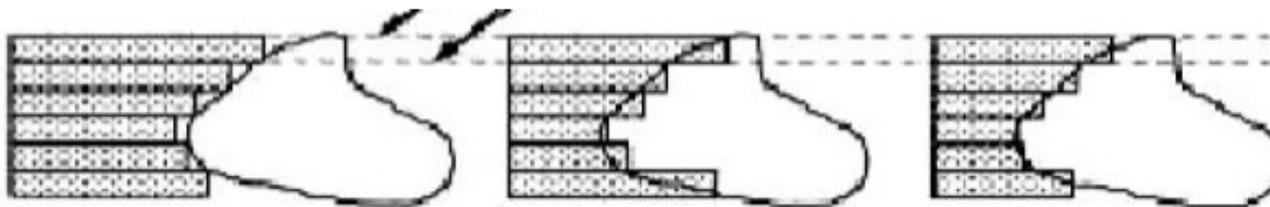


Configuration – Optimisation clinique



Représentation du phénomène de divergence

- Extrémité incurvée
- Phénomène de divergence
- Impact de l'approche clinique



Différentes approches d'optimisation clinique

Fluence

Estimation de l'erreur standard :

$$\sigma_i = \sqrt{\frac{1}{N-1} \left(\frac{\sum_{j=1}^N X_j^2}{N} - \left(\frac{\sum_{j=1}^N X_j}{N} \right)^2 \right)}$$

Incertitude statistique relative :

$$\sigma_{D>0,5 Dmax} = \sqrt{\frac{1}{K_{50}} \sum_{i=1}^{K_{50}} \left(\frac{\sigma_i}{D_i} \right)^2}$$

X_j : Contribution de l'histoire j dans le voxel i

Dose

Estimation de l'erreur standard :

$$D_k = \sum_{j=1}^M w_j d_{k,j}$$

Incertitude statistique relative :

$$\Delta_k = \sqrt{\sum_{j=1}^k w_j^2 \sigma_j^2}$$

ω_j : pondération des faisceaux de traitement

RNA

Algorithmes, fonctions & métriques

- **ADAM** : Adaptive moment estimation
- Descente de gradient stochastique (SGD avec momentum)
- Dérivé de **Adagrad** et **RMSprop**

Paramètres

$$m_t = \beta_1 m_{t-1} + (1 - \beta_1) g_t$$
$$v_t = \beta_2 v_{t-1} + (1 - \beta_2) g_t^2$$

Optimisation

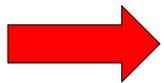
$$\theta_{t+1} = \theta_t - \frac{\eta}{\sqrt{\hat{v}_t} + \epsilon} \cdot \hat{m}_t$$

β_1, β_2 : taux de décroissance

m_t, v_t : moyennes de la décroissance exponentielle du gradient

ϵ : terme de régularisation

- **Nesterov** momentum
- Amélioration de la convergence :
 - **Régulateur** de l'apprentissage
 - **Mémoire tampon** de l'optimisation



Absence de **Minima locaux**

Apprentissage accéléré (taux d'apprentissage élevé)

- **Sparse Categorical Crossentropy**
- « Fonction coût » **probabiliste**
- **Labellisation**
- Label = [0] → Prédiction = [0.9,0.05,0.05,0]

2 labels

$$J(w) = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N [y_i \log(\hat{y}_i) + (1 - y_i) \log(1 - \hat{y}_i)]$$

> 2 labels

$$J(w) = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N (y_i \log(\hat{y}_i))$$

w : pondérations
 y_i : valeur réelle ou valeur de référence
 \hat{y}_i : prédictions

- **Mean Squared Error**
- **RNA** → Modèle par régression
- **Analyse** → Quantification de l'écart

$$MSE = \frac{1}{N} \sum_{i=0}^n \sum_{j=0}^m (\hat{y}_{ij} - y_{ij})^2$$

y_i : valeur réelle ou valeur de référence

\hat{y}_i : prédictions

- **Peak Signal-Noise Ratio**
- Evaluation de perte d'information post-traitement

$$PSNR = 10 \log_{10} \left(\frac{Max}{MSE} \right)$$

- Indice de similarité de structures
- $0 \leq SSIM \leq 1$

$$SSIM = l \times c \times s$$

$$l = \frac{2 \times \mu_1 \cdot \mu_2 + C}{\mu_1^2 + \mu_2^2 + C}$$

Luminance

$$c = \frac{2 \times \sigma_1 \cdot \sigma_2 + C}{\sigma_1^2 + \sigma_2^2 + C}$$

Contraste

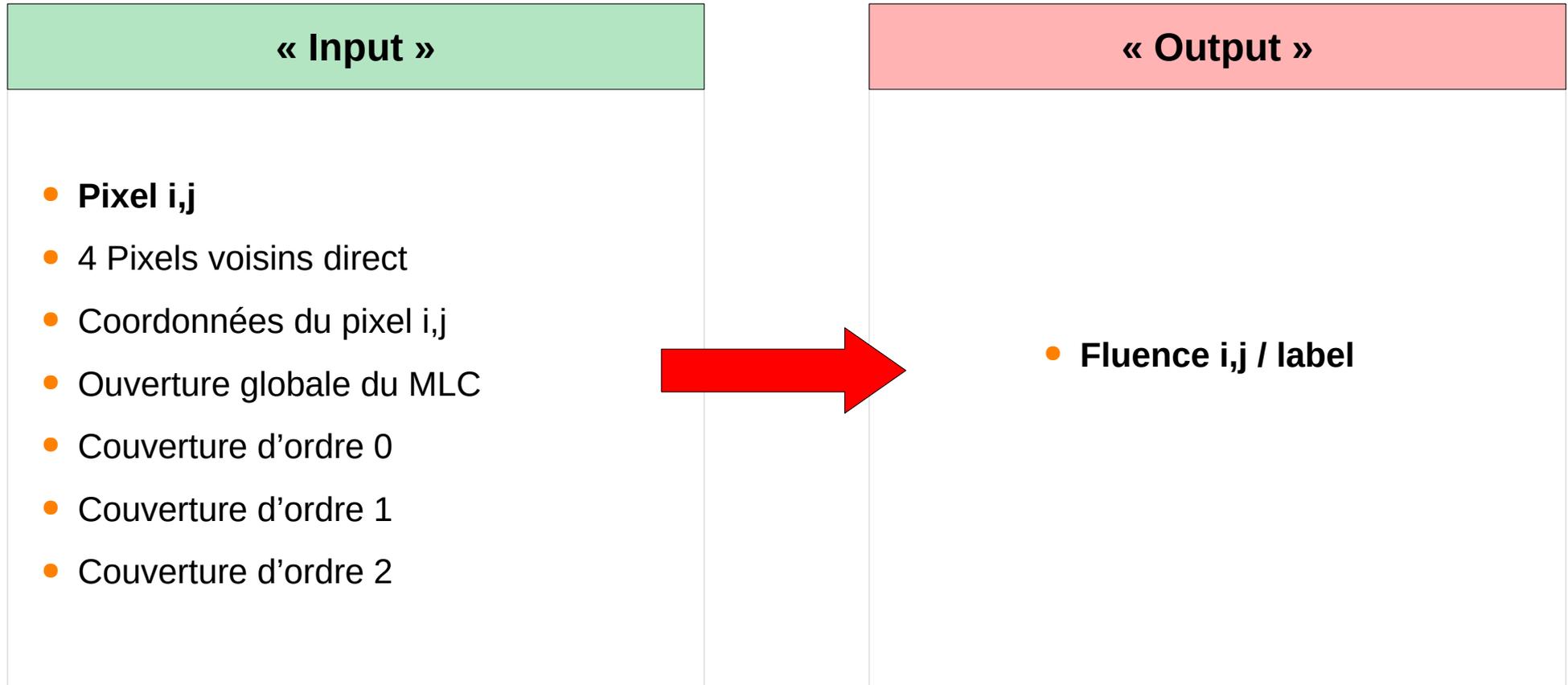
$$s = \frac{\text{cov}(X, Y) + C}{\sigma_1 \cdot \sigma_2 + C}$$

Structure

RNA

Formatage

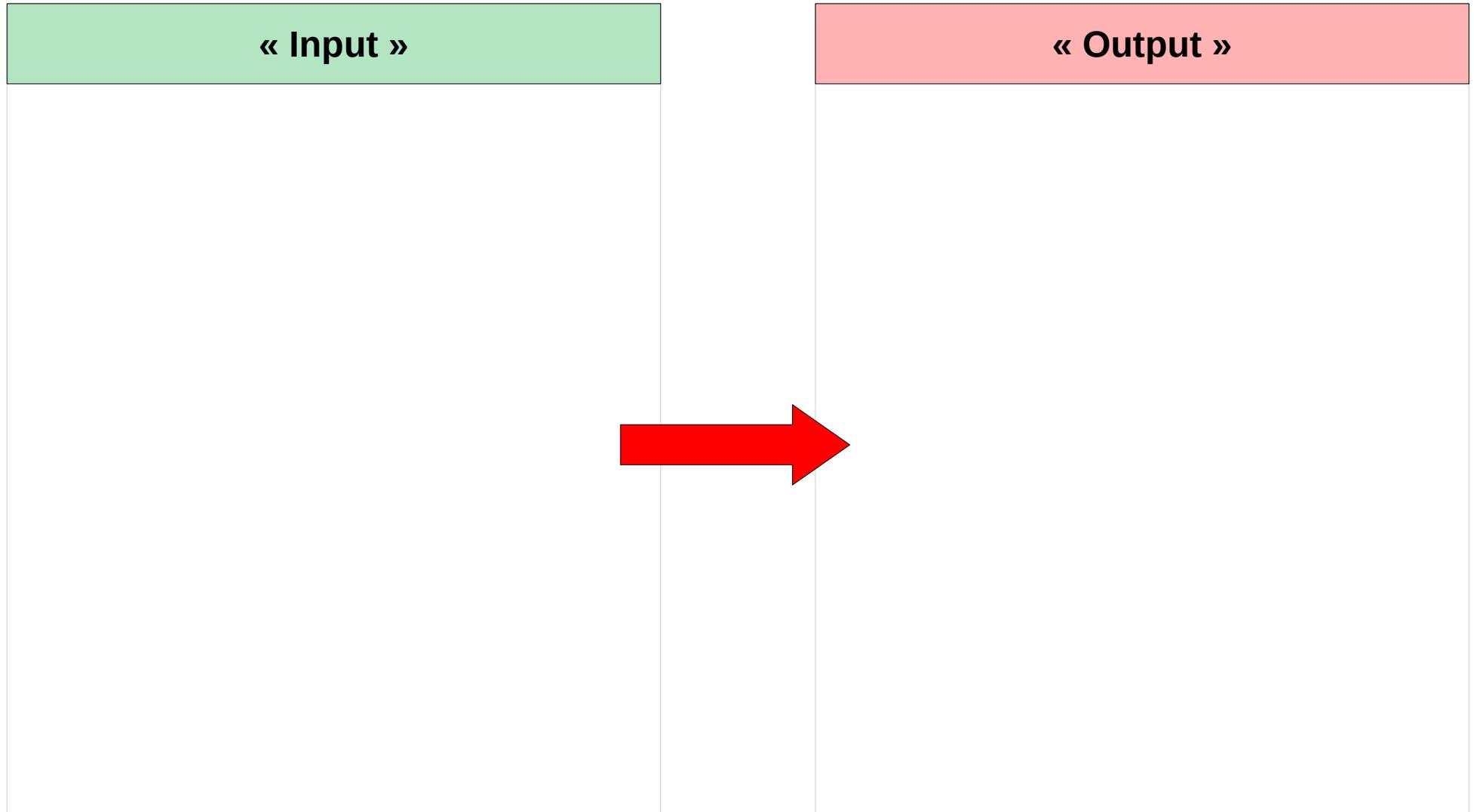
Formatage des données



Paramètres du réseau

	« Layer 1 »	« Layer 2 »	Output
Architecture			
Nombre de neurones	16	16	7
Activation	Sigmoïde	Sigmoïde	Softmax
Initialisation	Glorot (5)	Glorot (5)	Glorot (5)
Bias	0	0	0
Algorithme & autres paramètres			
Optimiseur	ADAM <i>Adapatative moment estimation</i> ($\epsilon = 10^{-7}$)		
Fonction coût	Sparse Categorical Crossentropy		
Batch size	16		
Métrique	Accuracy		

Formatage des données



Paramètres du réseau

	<i>Encoder</i>	<i>Decoder</i>
Architecture		
Nombre de neurones	16	16
Activation	Sigmoïde	Sigmoïde
Initialisation	Glorot (5)	Glorot (5)
Bias	0	0
Algorithme & autres paramètres		
Optimiseur	ADAM <i>Adapatative moment estimation</i> ($\epsilon = 10^{-7}$)	
Fonction coût	Sparse Categorical Crossentropy	
Batch size	16	
Métrique	Accuracy	

Paramètres du réseau

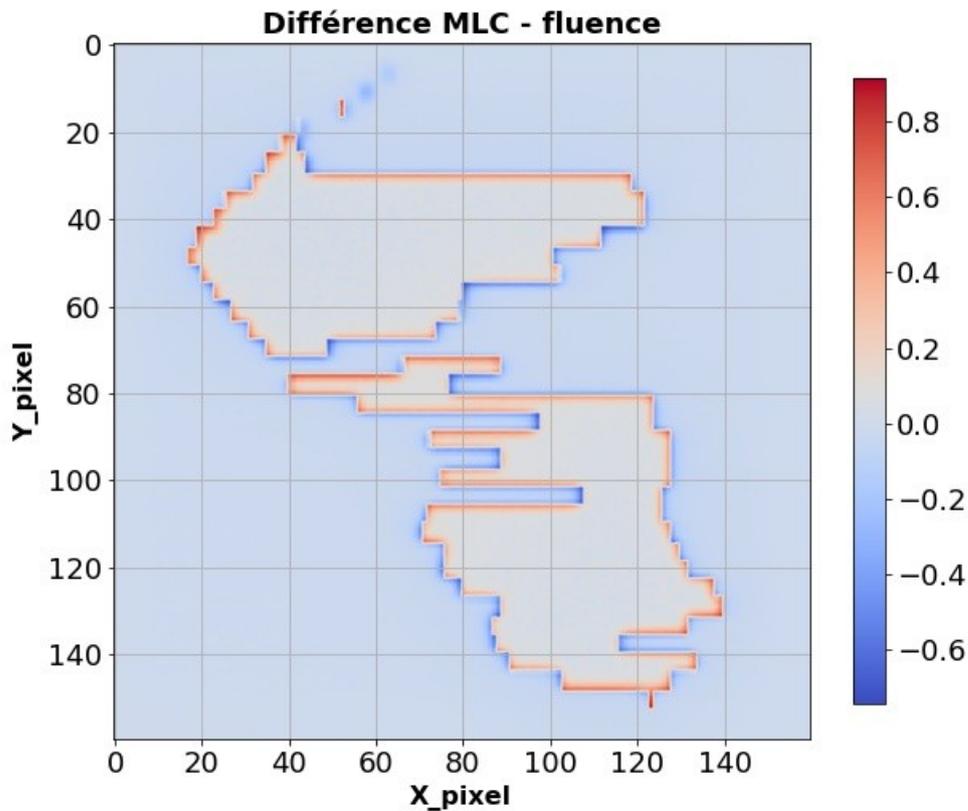
	<i>Encoder</i>	<i>Decoder</i>
Architecture		
Nombre de neurones	16	16
Activation	Sigmoïde	Sigmoïde
Initialisation	Glorot (5)	Glorot (5)
Bias	0	0
Algorithme & autres paramètres		
Optimiseur	ADAM <i>Adapatative moment estimation</i> ($\epsilon = 10^{-7}$)	
Fonction coût	Sparse Categorical Crossentropy	
Batch size	16	
Métrique	Accuracy	

RNA

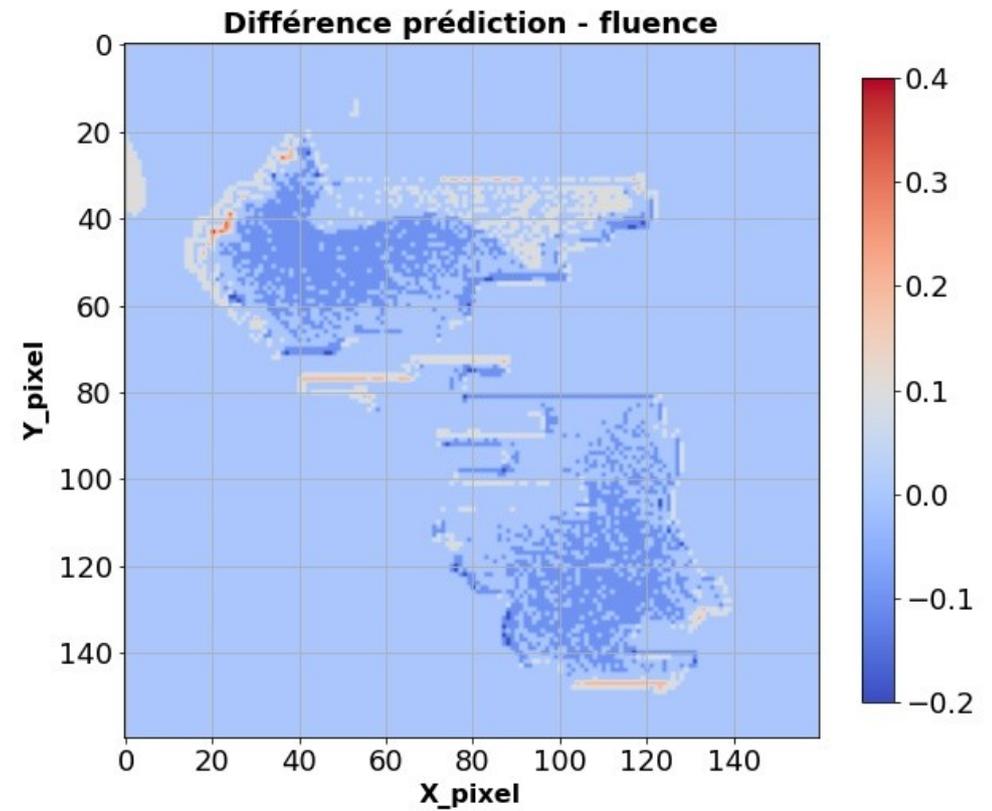
Résultats

MLP_4 : Résultats

Comparaison Prédiction / Fluence



MSE = $3 \cdot 10^{-2}$

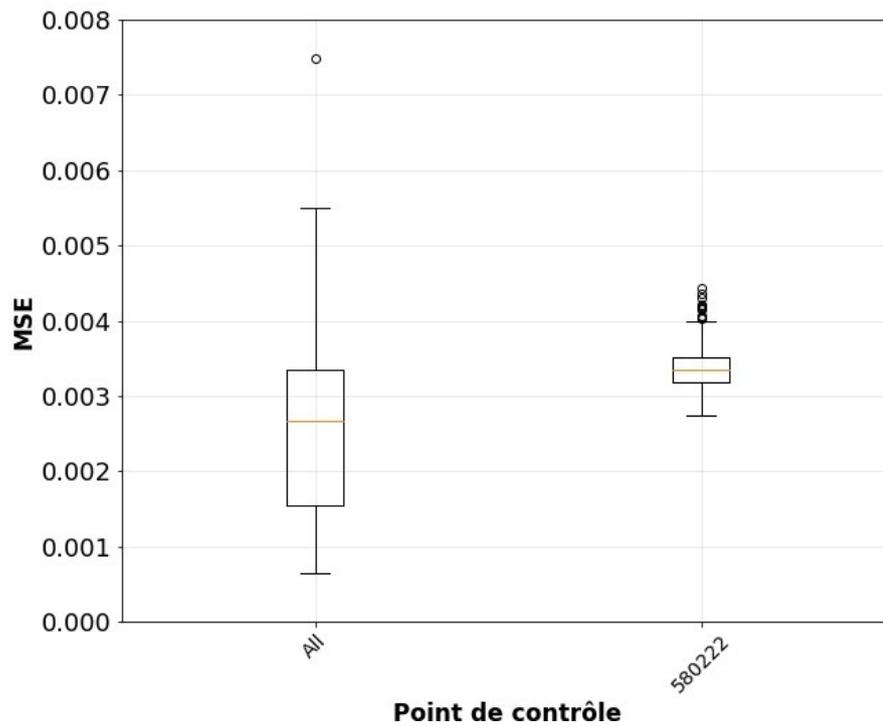


MSE = 10^{-2}

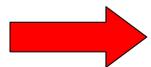
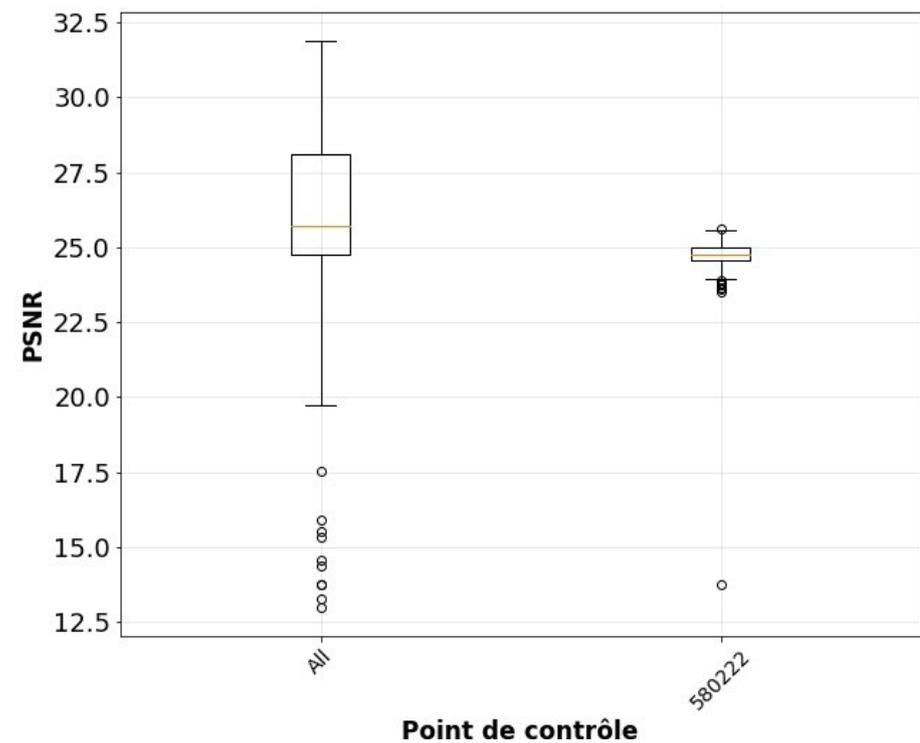
MSE

PSNR

Comparaison de répartition de la MSE



Comparaison de répartition du PSNR



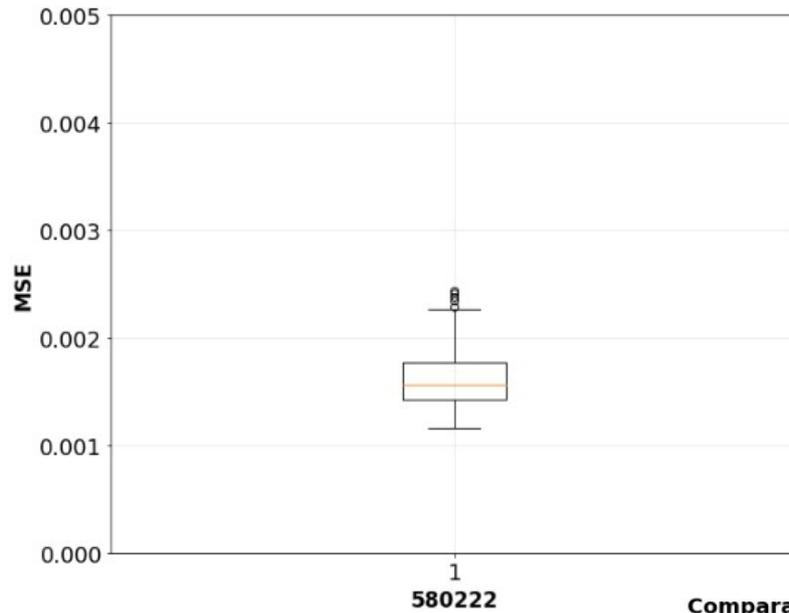
$MSE_{\text{médiane}} \sim 3.10^{-2}$ / $PSNR_{\text{médiane}} \sim 26$

Kalantzis_6 (2)

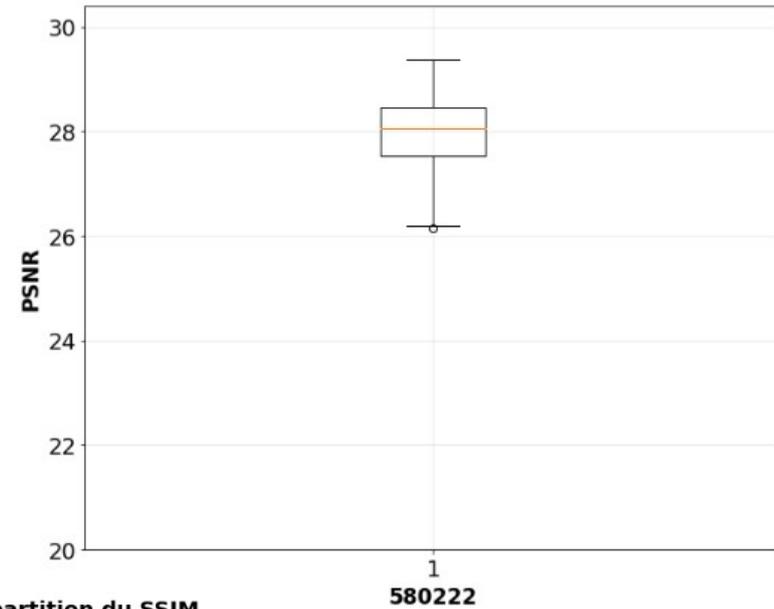
	Prediction		Image MLC	
	Full	Zoom	Full	Zoom
MSE	$3 \cdot 10^{-4}$	$1,4 \cdot 10^{-2}$	$3 \cdot 10^{-3}$	$1 \cdot 10^{-2}$
PSNR	34,29	28,27	24,72	18,72
SSIM	0,9956	0,9945	0,9665	0,9498

Kalantzis_6 (3)

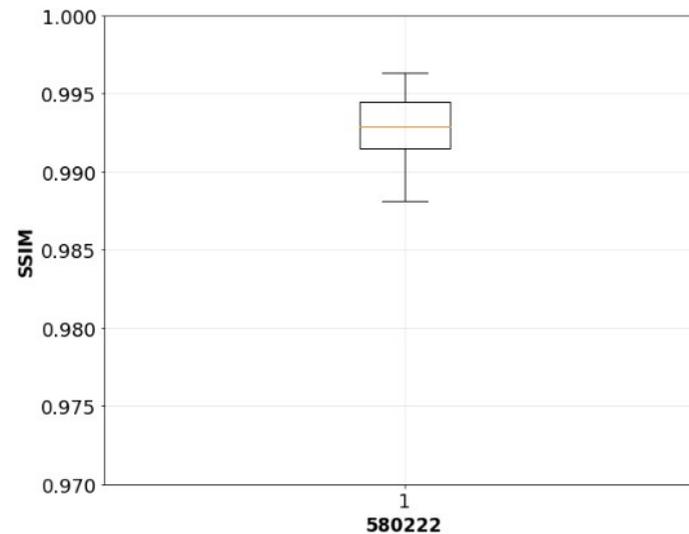
Comparaison de répartition de la MSE



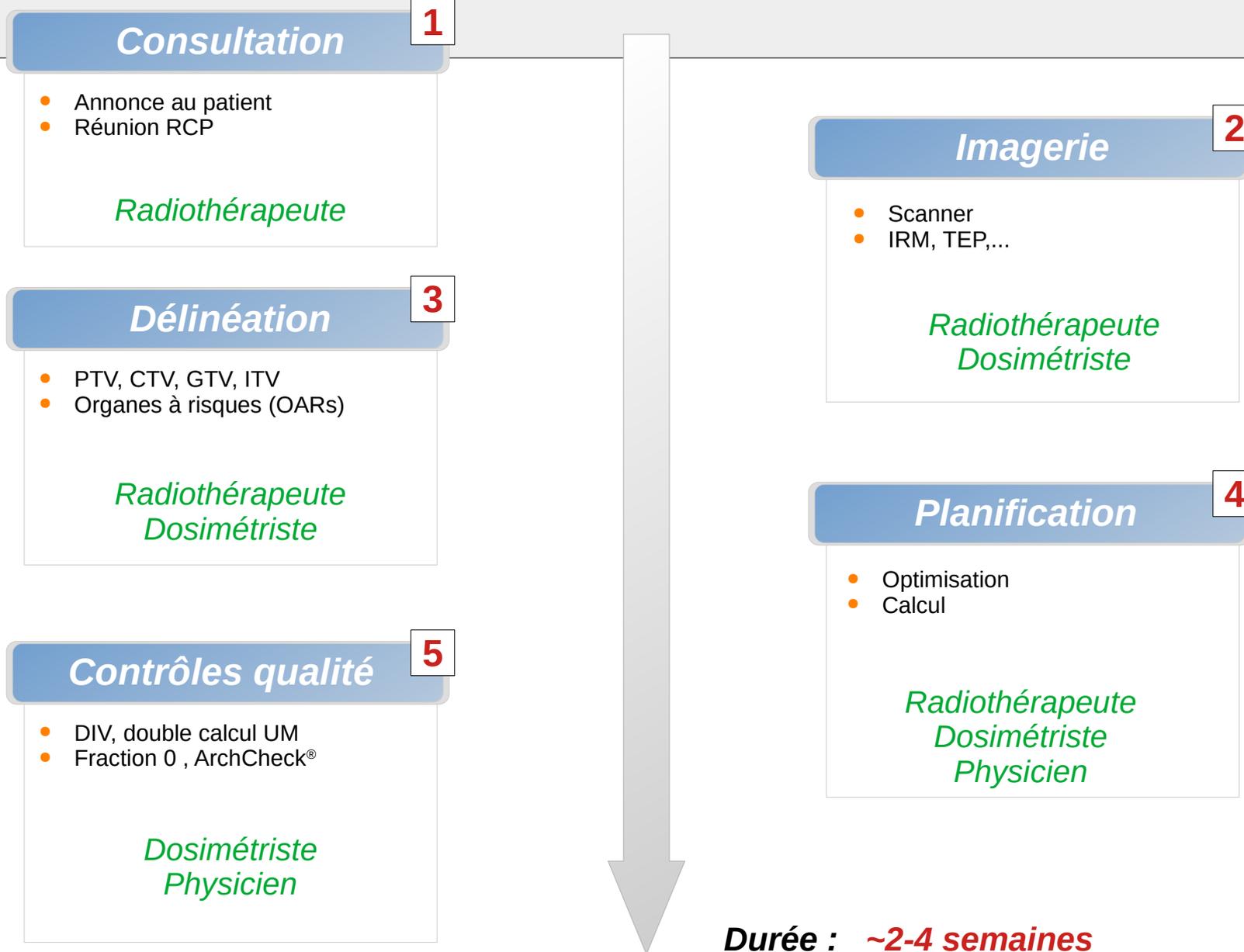
Comparaison de répartition du PSNR



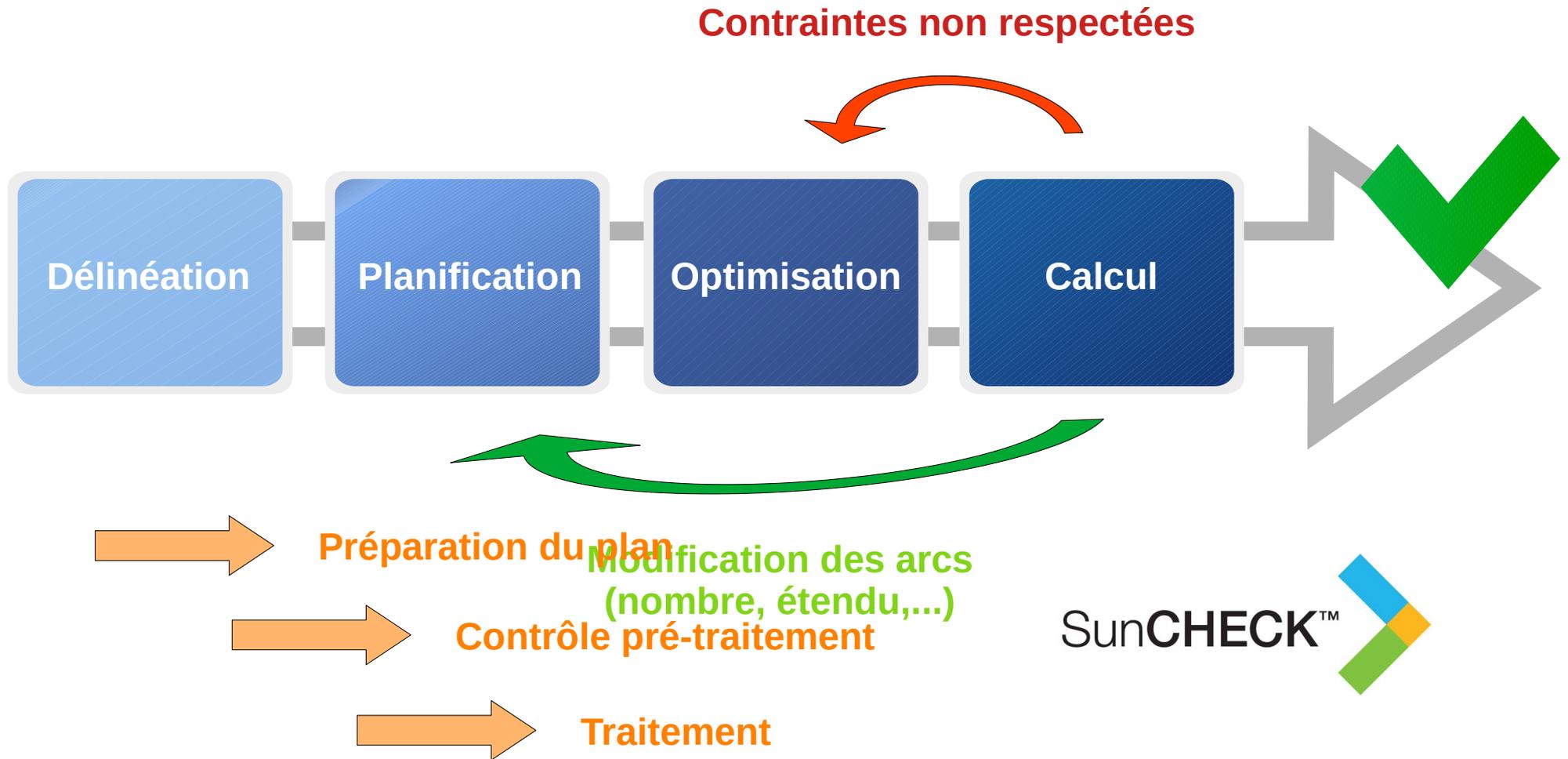
Comparaison de répartition du SSIM



Dosimétrie

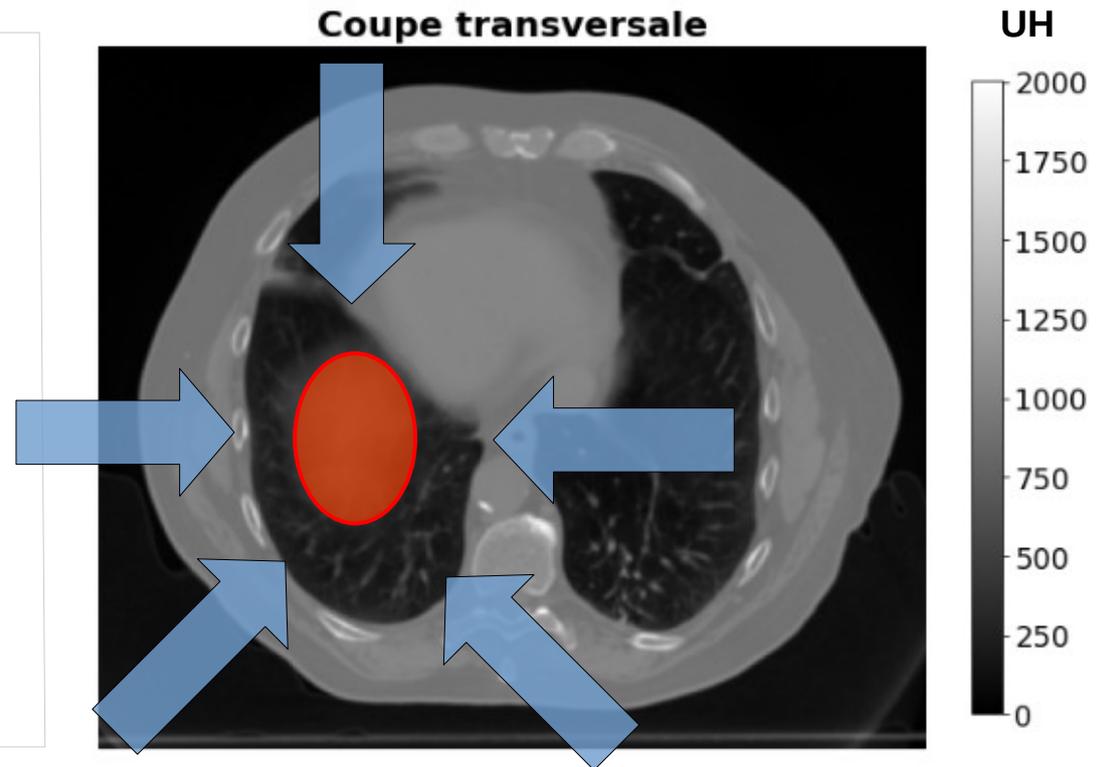


- Décomposable en 4 étapes :



Planification directe

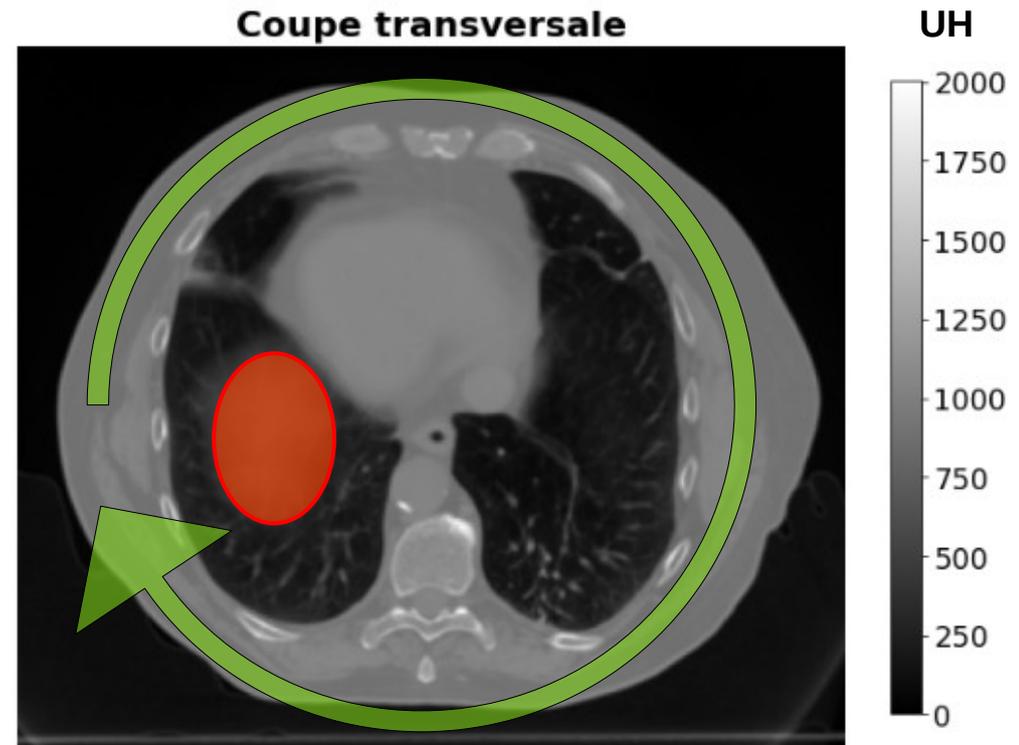
- **Balistique manuelle**
- **Optimisation manuelle**
 - Collimateur
 - MLC
- Pondération des faisceaux
- Vérification couverture (objectifs)
- Technique **RC3D / SBRT IC**



● Volume cible → Balistique du faisceau

Planification inverse

- **Positionnement des arcs**
- **Ajustement collimateur manuel**
- **Objectifs (Contraintes)**
 - 100 % Volume / 100 % Dose
 - 0 % Volume / 105 % Dose
- **Couverture / HDV**
- **Technique IMRT / VMAT / SBRT / FFF**

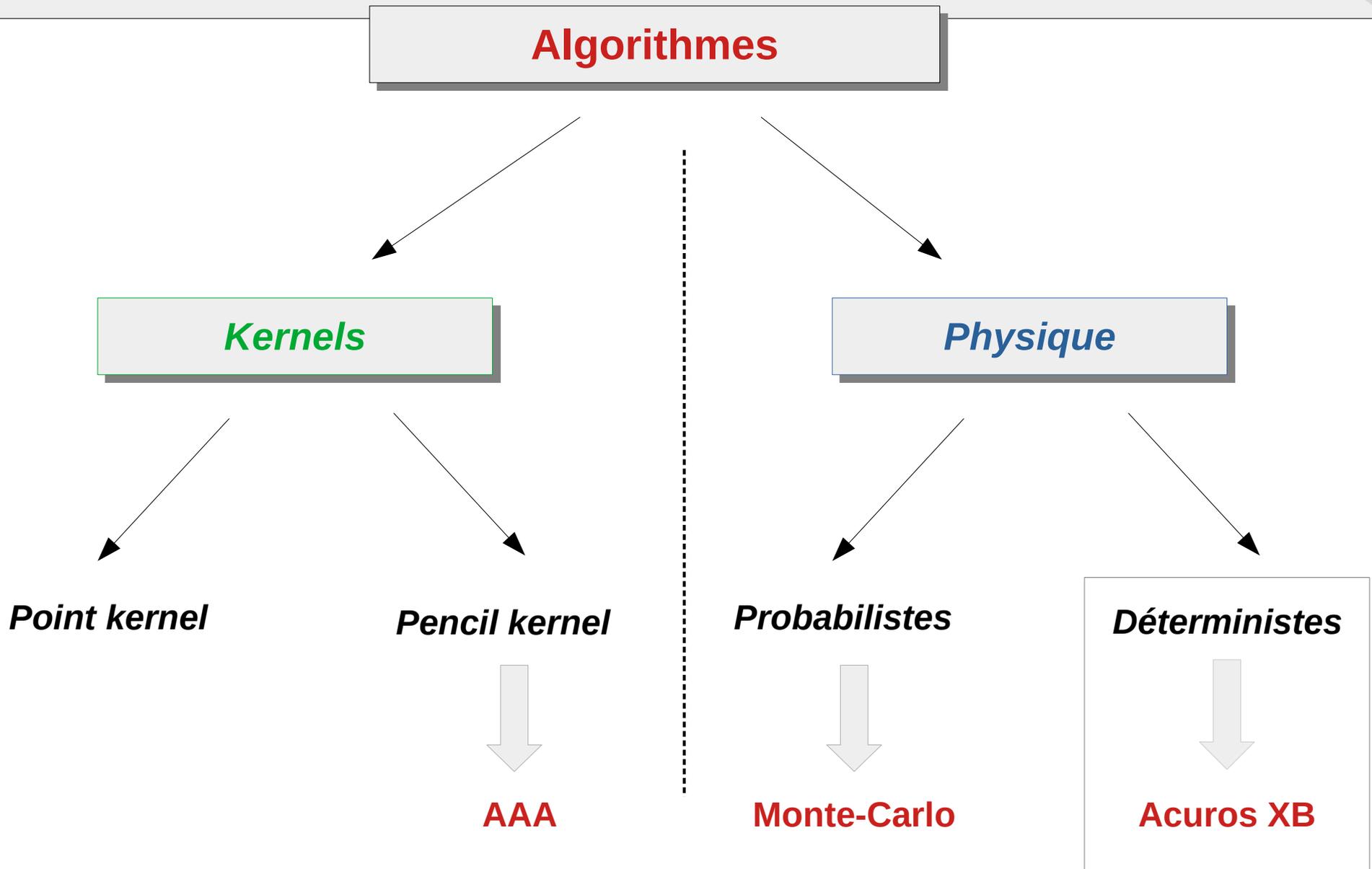


● Volume cible

➔ Balistique du faisceau

Algorithmes de calcul de dose

Classification



Théorie

- Équations linéaires couplées de Boltzmann en régime stationnaire (LBTE) :

$$\hat{\Omega} \vec{\nabla} \Psi^y(\vec{r}, E, \hat{\Omega}) + \sigma_t^y(\vec{r}, E) \Psi^y(\vec{r}, E, \hat{\Omega}) = q^{yy}(\vec{r}, E, \hat{\Omega}) + q^y(\vec{r}, E) \quad (1)$$

$$\hat{\Omega} \vec{\nabla} \Psi^e(\vec{r}, E, \hat{\Omega}) + \sigma_t^e(\vec{r}, E) \Psi^e(\vec{r}, E, \hat{\Omega}) - \frac{\partial}{\partial E} (S_R(\vec{r}, E) \Psi^e(\vec{r}, E, \hat{\Omega})) = q^{ee}(\vec{r}, E, \hat{\Omega}) + q^{ye}(\vec{r}, E, \hat{\Omega}) + q^e(\vec{r}, E) \quad (2)$$

- Dose dans un voxel i :

$$D_i = \int_0^\infty dE \int_{4\pi} d\hat{\Omega} \frac{\sigma_{ED}^e(\vec{r}, E) \rho(\vec{r}) \Psi^e(\vec{r}, E, \hat{\Omega})}{\rho(\vec{r}) \Psi^e(\vec{r}, E, \hat{\Omega})}$$

« Physique »
1^{er} réseau