

# Sommaire

<b>Sommaire</b>	<b>i</b>
<b>Introduction</b>	<b>v</b>
<b>Chapitre 1.</b>	
<b>Le cancer : aspects biologique et clinique.</b>	<b>1</b>
1.1 Croissance tumorale . . . . .	1
1.2 Dissémination des métastases . . . . .	2
1.3 Les traitements . . . . .	3
1.4 Fonctionnement du scanner . . . . .	5
1.4.1 Le scanner en général . . . . .	5
1.4.2 Le scanner avec produit de contraste iodé (PCI) . . . . .	6
1.5 Evaluation clinique de la réponse au traitement : le critère RECIST . . . . .	7
<b>Chapitre 2.</b>	
<b>Un modèle mathématique qui reproduit la croissance tumorale</b>	<b>9</b>
2.1 Principaux résultats . . . . .	9
2.2 Description du modèle . . . . .	11
2.2.1 Le modèle mathématique . . . . .	13
2.2.2 Formulation vectorielle des équations sur les cellules cancéreuses . . . . .	16
2.3 Méthodes numériques . . . . .	17
2.3.1 Calcul de la vitesse et de la pression . . . . .	18
2.3.2 Equation d'advection . . . . .	18
2.3.3 Calcul des quantités $\xi$ et $M$ . . . . .	19
2.3.4 Condition CFL . . . . .	19
2.4 Résultats numériques . . . . .	20

2.4.1	Outils numériques pour comparer les résultats aux scanners	20
2.4.2	Etude approfondie sur un patient spécifique . . . . .	21
2.5	Discussion . . . . .	28
2.5.1	Evolution de l'aire tumorale de Patient B . . . . .	28
2.5.2	Consistance du modèle . . . . .	30
2.6	Conclusion . . . . .	31

## **Chapitre 3.**

<b>Préservation de l'invariance par rotation sur maillage cartésien</b>	<b>33</b>	
3.1	Présentation du problème . . . . .	33
3.2	Le schéma de diffusion . . . . .	34
3.2.1	Influence de la condition limite . . . . .	34
3.2.2	Schéma à 9 points . . . . .	35
3.3	Le schéma de transport . . . . .	36
3.3.1	Reproduction du problème sur un modèle (très) réduit .	36
3.3.2	Méthode pour améliorer la préservation de l'invariance par rotation : le twin-WENO5 . . . . .	38

## **Chapitre 4.**

<b>Optimisation de la reconstruction d'images scanners</b>	<b>43</b>	
4.1	Présentation de l'approche . . . . .	43
4.2	Optimisation sur 3 paramètres . . . . .	44
4.3	Optimisation sur 2 paramètres, $\tau_S$ fixé . . . . .	47
4.4	Conclusion . . . . .	51

## **Chapitre 5.**

<b>Critère quantifiant l'hétérogénéité.</b>	<b>53</b>	
5.1	Construction des histogrammes de niveaux de gris. . . . .	53
5.1.1	Histogrammes cliniques . . . . .	54
5.1.2	Histogrammes numériques . . . . .	54
5.1.3	Traitements appliqués aux histogrammes : fit par un mélange bi-gaussien . . . . .	55
5.2	Définition d'une fonction objectif à reproduire . . . . .	56
5.3	Premiers essais de critères . . . . .	58
5.4	Critères basés sur la manière dont s'intersecte les gaussiennes .	61
5.4.1	Ensemble des configurations d'un mélange bi-gaussien. .	61
5.4.2	Etudes de différents critères . . . . .	63
5.5	Critère retenu . . . . .	66
5.6	L'hétérogénéité sur les simulations numériques . . . . .	68
5.6.1	Patient A . . . . .	68
5.6.2	Influence des niveaux de gris sur l'hétérogénéité numérique	70
5.6.3	Patient B . . . . .	71

**Annexe A.**

<b>Tableaux et graphiques complémentaires</b>	<b>75</b>
A.1 Ensemble des données . . . . .	75
A.1.1 Scanners de Patient A . . . . .	77
A.1.2 Scanners de Patient B . . . . .	78
A.1.3 Histogrammes cliniques de Patient A . . . . .	79
A.1.4 Histogrammes cliniques de Patient B . . . . .	80
A.2 Valeur des paramètres pour les simulations numériques de la Figure 2.8 : . . . . .	81

**Annexe B.**

<b>Schéma mixte volumes finis/éléments finis pour résoudre l'équation de Poisson</b>	<b>83</b>
B.1 Description de la méthode . . . . .	83
B.2 Calcul des coefficients du polynôme Q1 : inversion de matrice .	84
B.3 Ecriture de la méthode comme un schéma à 9 points. . . . .	86

**Annexe C.**

<b>Exploration de différentes pénalisations sur la fonction coût utilisée pour optimiser les niveaux de gris.</b>	<b>89</b>
C.1 Régularisation de Moreau-Yosida . . . . .	89
C.1.1 Présentation de la régularisation et propriétés. . . . .	89
C.1.2 Régularisation de Moreau-Yosida appliquée à une parabole tronquée. . . . .	92
C.2 Impact du choix de la pénalisation sur l'optimisation des niveaux de gris . . . . .	93

**Annexe D.**

<b>Ananalyse de mélanges bi-gaussien</b>	<b>97</b>
D.1 Propriétés d'une gaussienne . . . . .	97
D.2 Comment s'intersectent deux gaussiennes ? . . . . .	99

**Test****Remerciements**



## **Introduction**



## Le cancer : aspects biologique et clinique.

tumeur en  
general ou  
GIST ?

**L**a biologie du cancer est encore à ce jour non entièrement connue. Sa complexité n'étant pas des moindres, on présentera dans ce chapitre uniquement les points clés nécessaire à l'élaboration des modèles mathématiques présentés dans ce manuscrit. On présentera tout d'abord sommairement comment croît une tumeur, puis comment elle se répand dans l'organisme. Nous aborderons ensuite les traitements actuels. Puis nous examinerons de plus près le fonctionnement d'un scanner ; les scanners constituant le seul et unique support d'informations médicales dont nous disposons. Enfin, la manière dont on évalue les réponses au traitement (le critère RECIST) sera présentée.

### 1.1 Croissance tumorale

Une tumeur est un ensemble de cellules de l'organisme se multipliant de manière dégénérée. Certains scientifiques s'accordent à dire que cela partirait d'une seule cellule (pour l'instant aucune preuve de cela n'a encore été apportée : le sujet reste ouvert). Chaque cellule fille est alors à son tour dégénérée et se multiplie encore et encore. La tumeur pourrait alors grandir exponentiellement. En réalité, la croissance tumorale est limitée par les besoins de glucose et d'oxygène. En effet, à force de se multiplier les cellules sont en surpopulation. Les nutriments et l'oxygène viennent à manquer : c'est l'*hypoxie*. Les cellules du bord de la tumeur consomment tout et n'en laissent pas assez pour celles situées plus au centre. C'est dans ces cas là que l'on peut voir sur les scanners des tumeurs avec 2 nuances de gris :

- un gris foncé au centre, emplacement du tissu en partie nécrosé
- un gris plus clair sur le pourtour, lieu de la prolifération

Les cellules en hypoxie vont alors entrer dans un état de quiescence et vont sécréter des *facteurs de croissance*, dont le VEGF (Vascular Endothelial Growth Factor). Ces protéines commandent la création de nouveaux vaisseaux sanguins, processus appellé *angiogenèse*.

Les cellules endothéliales, cellules qui recouvrent la paroi intérieure des vaisseaux sanguins et destinataires de ces facteurs de croissance, vont alors construire des nouveaux vaisseaux sanguins par chimiotactisme c'est à dire que les nouveaux vaisseaux sanguins sont orientés dans le sens où la concentration de facteur de croissance est la plus forte. Ainsi la tumeur se crée son propre réseau sanguin : la *néovascularisation*. La nourriture et l'oxygène redeviennent de nouveau abondants. Les cellules qui étaient en hypoxie vont alors se remettre à proliférer jusqu'à ce que de nouveau, il y ait surpopulation.

Et ainsi de suite, le cycle continue. On peut visualiser ce cycle sur le schéma présenté Figure 1.1. Notez qu'une cellule saine n'est en général jamais quiescente : si les conditions extérieures ne sont pas bonnes (surpopulation, manque de nutriments, etc ...), elle va activer son auto-destruction : c'est l'*apoptose*. A cause de mutation, les cellules cancéreuses sont nettement moins (voire pas) sensibles à ce mécanisme.

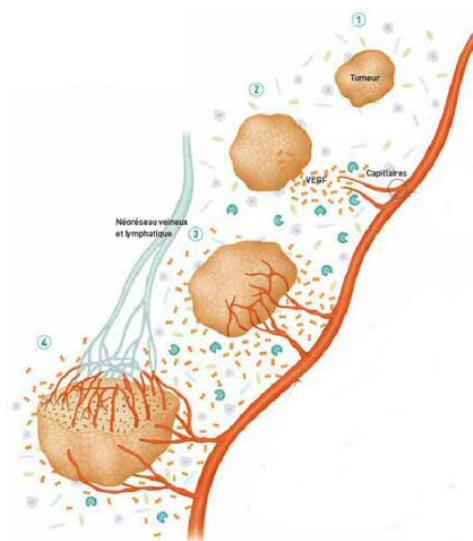
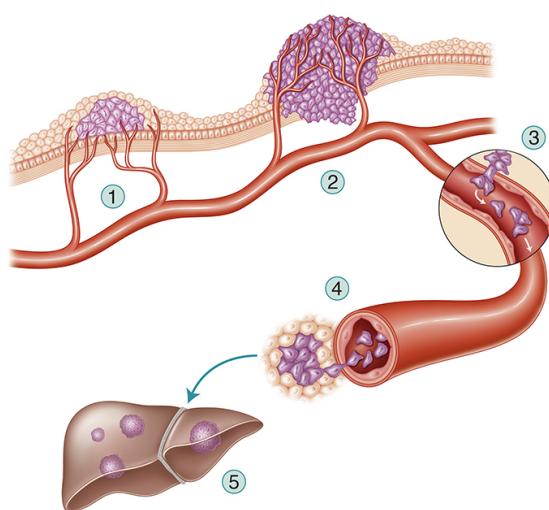


FIGURE 1.1 – Schéma descriptif de l'angiogénèse générant la néovascularisation [?].

## 1.2 Dissémination des métastases



Copyright Eléonore Lamoglia/Institut Curie

FIGURE 1.2 – Dissémination des métastases.

L'ensemble du processus métastatique est résumé sur le schéma présenté Figure 1.2. Décrivons le. La tumeur primaire cherche continuellement à se vasculariser toujours plus, mais paradoxalement, sa croissance va endommager le réseau sanguin qui l'irrigue. Une partie des cellules tumorales (cellules invasives) va alors pouvoir pénétrer dans les voies sanguines. La plupart de ces essaims seront éliminés par le système immunitaire. Une partie arrivera à s'installer dans un autre organe : elle forme des tumeurs filles appé-

<http://www.nature.com/nrc/journal/v9/n4/abs/nrc2622.html> + Langely 2011

lées *métastases*. Chaque type de cancer a une préférence métastatique : le GIST, le cancer du pancréas ou du colon migre au foie ; le cancer du sein, du rein, de la vessie et de l'estomac migre dans les poumons ; le cancer de la prostate migre dans les os. Les métastases s'installent généralement dans des endroits bien vascularisé : les poumons et le foie sont les 2 organes les plus touchés [REF].

De simple cellules ne pourraient pas nicher dans un autre organe que celui auquel elles appartenaient au départ. Les cellules tumorales le peuvent, car à force de divisions elles s'indifférencient. Autrement dit, elles s'approchent de ce qu'elles étaient au stade embryonnaire : des cellules souches qui en se différenciant formeront aussi bien des cellules de l'intestin que des cellules du foie. Ce type de cellules, bien que provenant de l'intestin, n'est donc pas reconnu comme étranger au foie et la métastase peut s'installer. La métastase créera ensuite son propre réseau néovasculaire tout comme une tumeur primaire.

## 1.3 Les traitements

A l'heure actuelle aucun traitement ne permet de guérir de manière sûre les cancers, d'autant plus s'ils sont avancés. Cependant plusieurs techniques existent pour prolonger et/ou améliorer la vie des patients.

**La chirurgie** ne peut-être réalisée que sur des cancers primaires, non métastasés et donc détectés tôt. C'est la première option considérée par le corps médical (bien que la chirurgie elle-même puisse être source de dissémination de métastase, cf. par exemple <http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S0748798305000089>).

**L'ablation par radiofréquence** permet, à l'aide d'une sonde électromagnétique à haute fréquence, de brûler une région définie par le médecin. On peut ainsi réaliser une ablation sans avoir à opérer le patient. Cette technique ne peut cependant être utilisée que pour de petites tumeurs, ne dépassant pas une certaine taille (de l'ordre du centimètre) et n'étant pas à proximité d'organes sensibles.

A verif, ref ?

**La radiothérapie** consiste à irradier une zone de l'organisme par une forte dose de rayons X. Ceci a pour effet de détruire les cellules qui se multiplient et donc, par voie de conséquence, les cellules cancéreuses. Cette méthode présente les mêmes limitations que la radiofréquence à savoir que son efficacité est limitée à des petites tumeurs. La radiothérapie est souvent utilisée à titre palliatif sur des petites métastases (pulmonaires notamment).

**La chimiothérapie** est un médicament *cytotoxique* (*i.e.* qui détruit les cellules) administré en intraveineuse. Ce type de molécules est suffisamment petit pour pénétrer à l'intérieur des cellules. Elle agit sur toutes les cellules en division trop rapide en affectant soit directement la mitose, soit la duplication de l'ADN. Ceci explique ses principaux effets secondaires car elle va impacter aussi sur des cellules saines à division naturellement rapide comme les cellules responsables de la pousse des cheveux, les cellules intestinales (de l'épithélium), les cellules sanguines (à l'origine d'affaiblissement du système immunitaire et d'anémies notamment) ou encore les gamètes.

**Les thérapies ciblées** sont également des médicaments administrés par voies intraveineuses. Des versions systémiques commencent également à voir le jour (*i.e.* sous forme de comprimés à prendre à heures fixes). Bien qu'étant diffusées dans tout l'organisme, ces thérapies ciblent un type spécifique de voie moléculaire (ou de récepteur), voie moléculaire généralement caractéristique des cellules malignes. Ce peut être des anticorps (X-mab) ou bien de petites molécules ciblant les fonctions tyrosines kinases (X-inib), fonctions impliquées dans l'activité cellulaire et la mitose.

En exemple on pourra citer l'*imatinib* (Glivec) qui se fixe sur les récepteurs cellulaires (récepteurs de tyrosine kinase, RTK) commandant l'activité intra cellulaire. En inhibant ces récepteurs, l'apoptose tend à se réactiver dans les cellules défectueuses. On peut également citer le *bevacizumab* (Avastin), qui inhibe l'angiogenèse, en se fixant sur les récepteurs de VEGF (que l'on abrège communément VEGFR). D'autres molécules, comme le sorafenib ou le sunitinib, ont des effets multiples. Le *sorafenib* (Nexavar) est un inhibiteur, à la fois, de VEGFR et de Raf-kinase (tyrosine kinase intervenant dans la cascade de kinases activées lors de la mitose). Le *sunitinib* (Sutent) inhibe également les VEGFRs ainsi que les KIT-kinases (protéines CD117, qui sont des tyrosines kinases très souvent exprimées dans le cas de GIST, kinases normalement produites uniquement par les cellules souches).

Tous les cas cliniques que nous étudions dans cet ouvrage ont été traités avec ce type de traitement. Dans le cas de métastases de GIST, l'imatinib est recommandé en première ligne. Si celui-ci devient inefficace (ce qui arrive très souvent, des cellules résistantes se développant), le sunitinib est utilisé en seconde ligne. (REF) Dans certains cas de mutation génétique (du gène KIT notamment), il a même été montré une résistance à l'imatinib plus accrue que chez les autres patients [???].

Kit -> commande la survie, la prolif, ou la division cellulaire

<http://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S01406736066944>

## 1.4 Fonctionnement du scanner

### 1.4.1 Le scanner en général

Le scanner est un examen médical qui permet d'acquérir des images d'une partie de l'organisme par le biais d'une irradiation aux rayons X. Oui, oui, une irradiation ! Cependant l'irradiation est faible et de plus en plus d'études mettent en avant des méthodes pour la réduire (<http://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC2743386/>). Le bénéfice est donc très important devant les risques marginaux. C'est certainement l'une des raisons pour laquelle le scanner (tout comme la radio, ou l'IRM) est aujourd'hui très utilisé pour diagnostiquer une maladie, ou ne serait-ce même que pour contrôler la santé d'un patient.

Un scanner procède par acquisition d'images en couches. En ce qui concerne le scanner du thorax, le patient est « découpé » de part en part (<http://www.impactscan.org/download/msctdose.pdf>) selon le plan axial (cf. Figure 1.3 présentant l'orientation des plans de coupe). Sur chacun de ces plans on mesure l'absorption aux rayons X : la *tomodensitométrie*. Cette absorption dépend de la densité du tissu mais pas seulement : elle dépend aussi de sa nature. Chaque constituant de l'organisme à sa propre tomodensimétrie. La tomodensimétrie se mesure en *unité Hounsfield* (HU). Sur cette échelle, l'absorption au rayons X de l'eau est définie comme étant zéro. Toute autre tomodensimétrie est alors exprimée relativement à cette absorption de référence. Par exemple l'air a une tomodensimétrie de -1 000 HU, le poumon de -500 HU, la graisse de -100 à -50 HU, le foie autour de 50 HU, les os entre +700 et +3 000 HU selon s'ils sont spongieux ou non. La tomodensimétrie est donc très variable. Pour pouvoir visualiser cette quantité, il est nécessaire de choisir une échelle adaptée à ce que l'on veut regarder. L'échelle sera définie par :

- deux absorptions limites que l'on choisit. Le noir est associé à la plus petite de ces bornes, le blanc à l'autre. Au delà de ces bornes aucune nuance de couleur n'apparaîtra.
- une fonction qui va définir la manière dont on passe du noir au blanc. Généralement, une fonction linéaire est considérée c-à-d que la variation du noir au blanc est constante.

Par exemple, si l'on s'intéresse aux poumons, on pourra fixer l'échelle entre

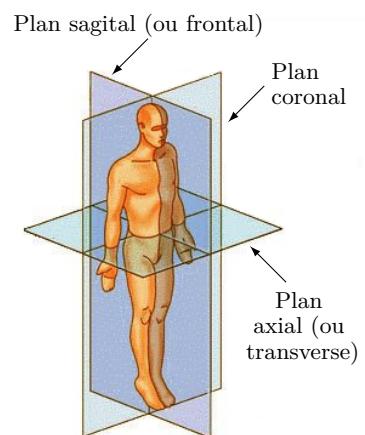


FIGURE 1.3 – Plans de coupe du corps humain.

-1 200 et 200 HU (qui est l'échelle sugérée par le logiciel OsiriX dans le cas du poumon). Avec cette échelle le foie apparaît tout blanc avec très peu de nuances. Elle donc inadaptée si l'on souhaite observer le foie ! Pour le foie, une échelle allant de -135 à +215 HU par exemple, sera beaucoup plus adaptée. Une telle échelle est illustrée plus loin dans ce manuscrit, *cf.* Figure 4.1 page 47. Cependant pour le foie les variations de tomodensimétrie sont assez faible, même en cas de maladie (métastases notamment). Les médecins ont alors recours à une méthode particulière pour augmenter le contraste des images : le scanner avec produit de contraste iodé (PCI).

### 1.4.2 Le scanner avec produit de contraste iodé (PCI)

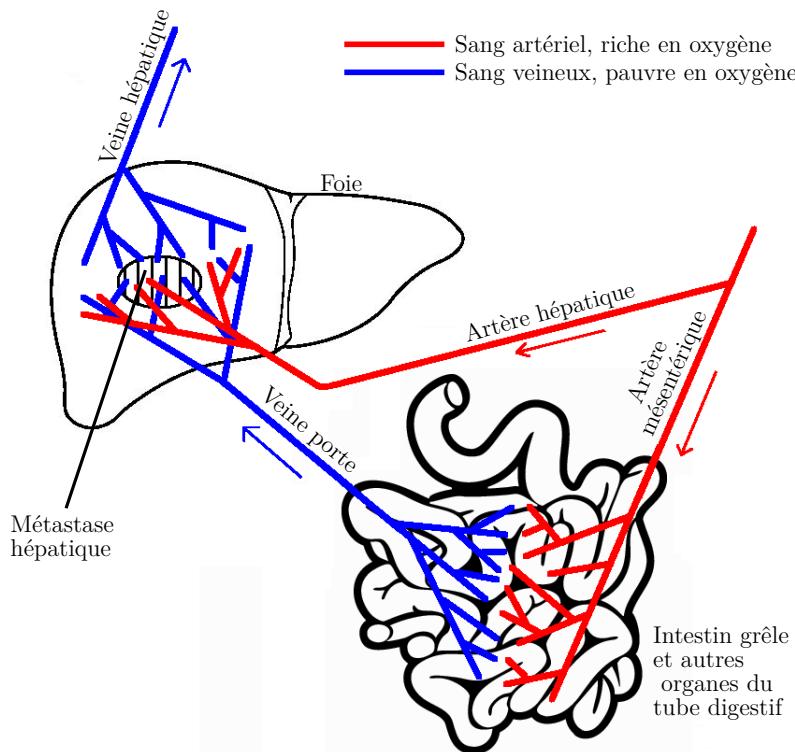


FIGURE 1.4 – Schéma de l'irrigation du foie.

Pour réaliser ce type d'examen, on procède comme pour un simple scanner avec le même équipement. La différence réside dans l'injection en intraveineuse d'un produit de contraste iodé (PCI), juste avant l'examen. L'iode ayant un fort taux absorption des rayons X, il va éclaircir l'ensemble des zones dans lequel il se trouve. En ce qui concerne le foie, pour comprendre pourquoi le foie sain est plus éclairci par le PCI que les métastases, nous devons nous intéresser à la manière dont arrive le PCI au foie et à la tumeur. La Figure 1.4 présente le schéma général de la vascularisation du foie. Il possède une double vascularisation. La première est apportée directement depuis le cœur par

l'artère hépatique. Du sang riche en nutriments (glucose et oxygène) vient ainsi irriguer les cellules hépatiques. La seconde provient d'une dérivation. Le sang veineux en provenance du système digestif ne retourne pas directement au cœur : il est envoyé au foie par la veine porte. Ce sang bien qu'étant pauvre en oxygène, est riche en glucose puisqu'il contient l'ensemble des éléments digérés. Dans un foie sain, la vascularisation portale est de l'ordre 70% et la vascularisation artérielle de l'ordre de 30%. Dans une tumeur hépatique, ce ratio est inversé ! REFFEn effet, en grandissant la tumeur va accroître ces besoins en glucose mais aussi en oxygène : la néovascularisation se fait donc principalement depuis la vascularisation artérielle.

Revenons au PCI. Dans la mesure où il y a deux voies sanguines pour accéder au foie, il y a deux temps caractéristiques :

- Le *temps artériel*. C'est le temps après l'injection, que le PCI met pour parvenir au foie par la voie artérielle. Il est d'environ 30 secondes.
- Le *temps portal*. C'est le temps après l'injection, que le PCI met pour parvenir au foie par la voie portale. Il est d'environ 70 secondes.

Les scanners réalisés avec PCI, sont effectués au temps portal. Ainsi au moment de l'acquisition de l'image, le PCI se trouve majoritairement dans les tissus vascularisées par la voie portale *i.e.* le foie sain. Le tissu tumoral, beaucoup moins irriguer par voie portal contiendra donc nettement moins de PCI. Ceci se traduit directement sur le contraste de l'image médicale : le tissu sain ayant fortement éclaircit, le tissu tumoral apparaît de manière beaucoup plus évidente, en sombre. On pourra même distinguer des nuances au sein même de la tumeur (entre le centre et le pourtour notamment), ce qui va particulièrement nous intéressé pour tout ce qui concerne l'hétérogénéité tumorale. L'ensemble des scanners présentés dans cet ouvrage a été réalisé avec un PCI.

## 1.5 Evaluation clinique de la réponse au traitement : le critère RECIST

La surveillance des patients ayant des métastases hépatiques de GIST est assuré grâce à des scanners avec PCI réalisés environ tous les 2 mois. Ainsi, tous les 2 mois, les médecins acquièrent une série d'images en niveaux de gris, chaque image représentant une coupe transversale du thorax du patient. Les images que nous possédons, ont une résolution de  $512 \times 512$  pixels, et chaque image est espacé d'environ  $1mm$ , ce qui représente environ 800 images par scanners du thorax. Le foie est présent sur environ 200 de ces coupes. Ceci représente donc un nombre importants de pixels. Ainsi pour évaluer la progression de la tumeur, il est nécessaire d'avoir un critère, qui permet de synthétiser les informations apportés par tout ces nombreux pixels. Le criitère RECIST (de l'anglais Response Evaluation Criteria In Solid Tumors) est actuellement utilisé. Il consiste à ne retenir de chaque scanner qu'une seule et

unique information : le diamètre de la métastase (ou de la plus grosse des métastases si le patient en a plusieurs). Si ce diamètre décroît ou est stable, alors on considère le traitement efficace. S'il augmente de plus de 10 %, alors l'échec thérapeutique est considéré (et dans ce cas là, le traitement est alors changé). Ce critère a l'avantage d'être simple. Ceci étant, il a déjà démontré ces limites *cf..* <http://jco.ascopubs.org/content/25/13/1760.full>, principalement dans l'évaluation d'efficacité de traitement antiangiogénique qui font apparaître beaucoup de nécrose. D'autres critères sont à l'étude, dont le critère Choi notamment, qui prend en compte aussi les densités internes de la métastase.

Dans le chapitre suivant, nous allons construire un modèle mathématique qui simule la croissance d'une tumeur. Ce modèle qui se démarque des précédents modèles notamment par son caractère spatial, soulignera particulièrement l'importance de la prise en compte des densités (caractère homogène ou hétérogène) dans l'évaluation de la réponse aux traitements dans le cas de métastases hépatiques de GIST.

## Un modèle mathématique qui reproduit la croissance tumorale

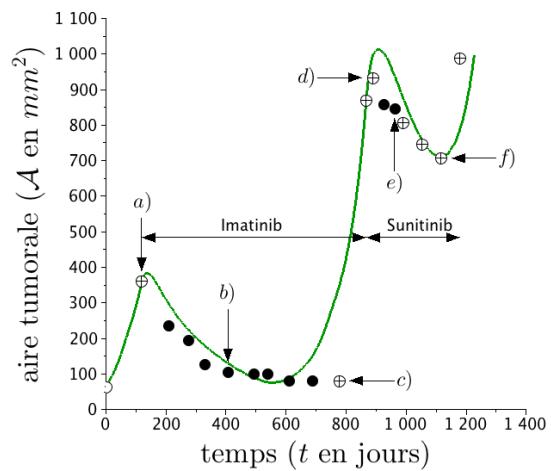
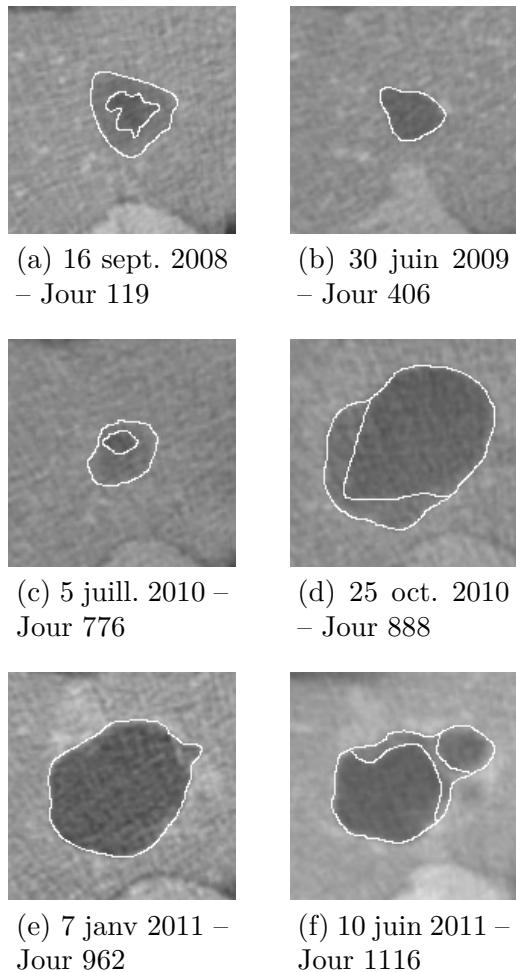
Ce chapitre, ainsi qu'une partie du chapitre suivant (la partie sur le twin-WENO5), ont fait l'objet d'une publication (actuellement en review). Nous allons ici en garder la structure, en commençant par présenter les principaux résultats. La construction du modèle sera ensuite détaillée. Nous discuterons enfin sur les résultats numériques apportés par notre modèle, et les diverses informations que l'ont peut en tirer.

### 2.1 Principaux résultats

Sur la partie gauche de la Figure 2.1 est présenté une séquence de scanners, et sur la partie droite nous donnons l'évolution de l'aire tumorale d'une métastase hépatique de GIST d'un patient spécifique, appelé Patient A. Sur chaque scanner de Patient A, nous avons contourné la région la plus sombre, qui correspond principalement à la zone nécrosée. Pendant l'évolution tumorale, on peut voir que l'hétérogénéité tumorale change (par exemple sur la Figure A.1b la tumeur est homogène tandis que sur la Figure A.1f, elle est hétérogène). Nous distinguons, dans l'évolution de l'aire tumorale, les points correspondant à une tumeur homogène (cercles pleins) des points correspondants à une tumeur hétérogène.

Curieusement, juste avant les recroissances tumorales au Jour 776 (Figure A.1c) et au Jour 1116 (Figure A.1f), une couronne plus claire que le cœur sombre apparaît, alors que la réponse au traitement se traduit par un assombrissement de la tumeur (*cf.* Figure A.1b et A.1e). De telles étapes successives de tumeurs homogènes/hétérogènes sont particulièrement prononcées dans les métastases hépatiques de GIST et notre but est de fournir une explication à ce type de comportement.

Le premier résultat de cet article est qu'il est possible de décrire l'évolution tumorale en terme d'aire tumorale comparable aux mesures réalisées sur les



(g) Aire tumorale. Chaque point représente l'aire de la tumeur mesurée sur les scanners et la ligne représente notre résultat numérique.

Les lettres font référence aux scanners montrés sur la gauche. Les symboles  $\oplus$  représentent les tumeurs hétérogènes,  $\bullet$  les tumeurs plutôt homogènes et  $\circ$  les tumeurs pour lesquelles il est difficile de détecter sur le scanner un aspect hétérogène ou homogène dominant. Les valeurs des paramètres utilisés dans la simulation numérique sont données dans la Table 2.2.

FIGURE 2.1 – Evolution spatiale de la métastase hépatique de Patient A sur une série de scanners.

scanners, comme présenté sur la Figure 2.1g ; la ligne continue représentant notre résultat numérique. Il est important de noter que nous ne fournissons pas un modèle 1D qui décrit le volume tumoral. Nous traitons un modèle complexe d'EDPs non linéaires, qui est phénoménologique et qui décrit le comportement des cellules cancéreuses en fonction du temps et de l'espace. Par conséquent, le premier fit de l'aire tumorale n'est pas un résultat trivial.

Le second résultat est que notre modèle apporte de nouvelles informations sur la structure de la tumeur, ce qui semble corroborer par les scanners. En effet, comme présenté dans la suite, nous relierons l'hétérogénéité tumorale à une augmentation de l'activité cellulaire signifiant qu'un phénotype résistant émerge dans la région plus claire. Selon notre modèle, de tels comportements peuvent être constatés avant la rechute effective, alors que le critère RECIST n'a pas changé. Par exemple, sur la Figure 2.2, nous comparons la structure de la tumeur à deux temps différents : l'hétérogénéité de la tumeur semble bien capturée par les simulations numériques. Ainsi, notre article peut être

vu comme un premier pas dans le développement de nouveaux outils pour évaluer la réponse des tumeurs aux traitements basés sur des inhibiteurs de tyrosine kinase.

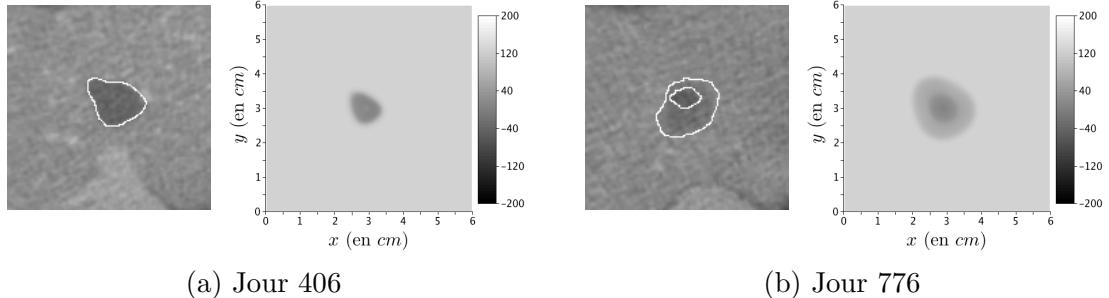


FIGURE 2.2 – Comparaison entre les scanners du Patient A et les simulations numériques.

## 2.2 Description du modèle

Notre modèle est un système d'EDPs similaire au modèle de Bresch *et al.* [?]. Grossièrement, la tumeur est décrite grâce à des densités de cellules proliférantes et une densité de cellules cancéreuses nécrosées notées  $P$  et  $N$  respectivement. La prolifération cellulaire conduit à une augmentation de l'aire causée par une surpression dont le gradient transporte les cellules saines environnantes  $S$  loin du cœur de la tumeur. Les cellules situées au centre de la tumeur se nécrosent à cause du manque d'oxygène, sauf si l'angiogenèse intervient pour leur apporter les provisions nutritives nécessaires. L'angiogenèse et l'apport en nutriments sont pris en compte dans notre modèle via une description simpliste similaire à celle de [?, ?] : comme la vascularisation gouverne la concentration de nutriments parvenant à la tumeur, nous introduisons une variable  $M$  qui décrit à la fois la vascularisation, la néovascularisation et les nutriments apportés à la tumeur grâce à une équation d'advection-diffusion. Nous introduisons également les effets liés aux facteurs de croissance au travers de la variable  $\xi$  qui module  $M$ . L'ensemble des quantités utilisées dans notre modèle est résumé dans la Table 2.1.

La principale nouveauté réside en la modélisation des traitements. Deux traitements sont considérés (on peut voir dans [?], les récents travaux de Lorz *et al.* pour des modèles plus élaborés sur les résistances aux traitements). Le premier est un inhibiteur de tyrosine kinase, comme l'imatinib, qui a un effet cytotoxique sur les cellules proliférantes. Le second est inhibiteur multi-kinases, comme le sunitinib ou le sorafenib, qui a un effet à la fois cytotoxique et antiangiogénique. En d'autres termes, en plus de l'effet

cytotoxique, il bloque la production de facteurs de croissance, comme le facteur de croissance vasculaire endothérial (VEGF), et ainsi réduit la quantité de nutriments apportée à la tumeur. Il est bien connu que les médicaments cytotoxiques n'ont pas un impact similaire sur toutes les cellules cancéreuses métastatiques car des phénotypes résistants peuvent apparaître dans la population de cellules proliférantes. De plus les cellules cancéreuses peuvent résister différemment à l'hypoxie. Par conséquent nous découpons, comme dans [?], la densité  $P$  de cellules proliférantes en 3 sous-populations  $P_1$ ,  $P_2$  et  $P_3$ , telles que  $P = P_1 + P_2 + P_3$ , où

- $P_1$  représente la fraction de cellules proliférantes qui sont sensibles au premier traitement  $\mathcal{T}_1$ , basé sur la molécule d'imatinib, et sensible aussi au second traitement  $\mathcal{T}_2$ , à base de sunitinib ou de sorafenib, qui a un effet à la fois cytoxique et antiangiogénique.
- $P_2$  désigne la densité de cellules proliférantes qui sont résistantes à  $\mathcal{T}_1$  et sensibles à  $\mathcal{T}_2$ ,
- $P_3$  représente les cellules proliférantes résistantes aux deux traitements.

Il est important de noter que notre but n'est pas de décrire l'évolution de la tumeur depuis le tout début du GIST, mais de nous focaliser sur l'évolution des métastases situées dans le foie. Par conséquent, selon les observations cliniques, il semble pertinent de considérer que trois sous-populations sont présentes lorsqu'une métastase est détectée.

Nom	Signification	Unité
$P_1(t, \mathbf{x})$	Fraction de cellules proliférantes qui sont sensibles aux traitements $\mathcal{T}_1$ et $\mathcal{T}_2$	-
$P_2(t, \mathbf{x})$	Fraction de cellules proliférantes qui sont résistantes à $\mathcal{T}_1$ et sensibles à $\mathcal{T}_2$	-
$P_3(t, \mathbf{x})$	Fraction de cellules proliférantes qui sont résistantes à $\mathcal{T}_1$ et à $\mathcal{T}_2$	-
$P(t, \mathbf{x})$	Fraction de cellules cancéreuses proliférantes (égale à $P_1 + P_2 + P_3$ )	-
$N(t, \mathbf{x})$	Fraction de cellules nécrosées	-
$S(t, \mathbf{x})$	Fraction de cellules saines	-
$M(t, \mathbf{x})$	Fraction de nutriments // Vascularisation	-
$\xi(t)$	Vitesse moyenne de transport des nutriments en direction de la tumeur	$cm.d^{-1}$
$\mathbf{v}(t, \mathbf{x})$	Vitesse du mouvement passif de la tumeur sous l'effet de la pression	$cm.d^{-1}$
$\Pi(t, \mathbf{x})$	Pression du milieu <sup>1</sup>	$kg.cm^{-1}.d^{-2}$

TABLE 2.1 – Liste des quantités calculées par le modèle –  $d$  = jour (day)

1. L'unité de masse dans la pression  $\Pi$  et la perméabilité  $k$  n'ont pas d'importance.

### 2.2.1 Le modèle mathématique

Soit  $\Omega$  le domaine d'intérêt, où la tumeur croît, et soit  $\partial\Omega$  son bord, qui est supposé aussi régulier que nécessaire. Le domaine  $\Omega$  est supposé strictement inclus dans le tissu –le foie– qui est plus grand. De plus, nous supposons que la tumeur n'atteint pas le bord  $\partial\Omega$ .

#### EDPs sur les cellules proliférantes, nécrosées et saines

La densité de cellules proliférantes est gouvernée par l'équation de transport suivante :

$$\partial_t P_1 + \nabla \cdot (\mathbf{v} P_1) = (\gamma_{pp}(M) - \gamma_{pd}(M)) P_1 - (\mu_1 \chi_1(t) + \mu_2 \chi_2(t))(1+M)P_1 \quad \text{dans } \Omega, \quad (2.1)$$

$$\partial_t P_2 + \nabla \cdot (\mathbf{v} P_2) = (\gamma_{pp}(M) - \gamma_{pd}(M)) P_2 - \mu_2 \chi_2(t)(1+M)P_2 \quad \text{dans } \Omega, \quad (2.2)$$

$$\partial_t P_3 + \nabla \cdot (\mathbf{v} P_3) = (\gamma_{pp}(M) - \gamma_{pd}(M)) P_3 \quad \text{dans } \Omega, \quad (2.3)$$

où  $\chi_i(t) = \mathbb{1}_{[T_{\text{ini}}^i, T_{\text{end}}^i]}(t)$  est la fonction temps caractéristique du traitement  $T_i$  et  $\mu_i$  représente le taux de mortalité<sup>2</sup> causé par  $T_i$  sur les cellules proliférantes, pour  $i \in \{1, 2\}$ . Le terme  $\mathbf{v}(t, \mathbf{x})$  désigne la vitesse impliquée dans les changements d'aire de la tumeur et  $M(t, \mathbf{x})$  représente la vascularisation et l'apport en nutriments. Le taux de prolifération (resp. de mortalité) des cellules proliférantes, noté  $\gamma_{pp}$  (resp.  $\gamma_{pd}$ ), dépend de  $M$  comme suit :

$$\gamma_{pp}(M) = \gamma_0 \frac{1 + \tanh(R(M - M_{th}))}{2}, \quad (2.4)$$

$$\gamma_{pd}(M) = \gamma_1 \frac{1 - \tanh(R(M - M_{th}))}{2}, \quad (2.5)$$

où  $R$  est un paramètre numérique régularisant<sup>3</sup>,  $\gamma_0$  et  $\gamma_1$  sont respectivement les paramètres de prolifération/mortalité et  $M_{th}$  est le seuil d'hypoxie.

On suppose que les cellules saines sont uniquement sensibles à l'hypoxie, et qu'elles sont passivement transportées par les changements de l'aire tumorale :

$$\partial_t S + \nabla \cdot (\mathbf{v} S) = -\gamma_{sd}(M)S, \quad (2.6)$$

où  $\gamma_{sd}$  est le taux de mortalité des cellules saines dû à l'hypoxie :

$$\gamma_{sd}(M) = C_S \gamma_1 \max(0, -\tanh(R(M - M_{th}))). \quad (2.7)$$

---

Seule la quantité  $k\nabla\text{II}$  est pertinente et ce terme est homogène à  $\text{cm}\cdot\text{d}^{-1}$ . Ainsi  $k$  et  $\text{II}$  doivent juste avoir la même unité arbitraire de masse.

2. Le taux de mortalité dû au traitement est clairement lié à la dose de médicament délivrée au patient, mais pas seulement. Par exemple la sensibilité du patient et la dose parvenant vraiment à la tumeur sont aussi impliquées.

3. Notez que les fonctions  $\gamma_{pp}$  et  $\gamma_{pd}$  sont purement des fonctions de Heaviside régularisées. Pour les simulations numériques, nous fixerons arbitrairement  $R$  à 5.

Notez que  $\gamma_{sd}$  s'annule exactement si  $M \geq M_{th}$  dans le but d'assurer que  $S = 1$  sur le bord extérieur en tout temps. Finalement, la densité de cellules nécrosées satisfait la relation

$$\partial_t N + \nabla \cdot (\mathbf{v}N) = \gamma_{pd}(M)P + \gamma_{sd}(M)S + (\mu_1\chi_1(t)P_1 + \mu_2\chi_2(t)(P_1 + P_2))(1 + M) - \delta(1 + M)N, \quad (2.8)$$

où

$$P = P_1 + P_2 + P_3, \quad (2.9)$$

et où  $\delta$  est un paramètre qui contrôle le taux d'élimination de la nécrose par le système immunitaire.

La condition suivante de Dirichlet est utilisée sur le bord si la vitesse est entrante :

$$P_1 = P_2 = P_3 = N = 1 - S = 0 \quad \text{pour } \mathbf{x} \in \partial\Omega, \text{ si } \mathbf{v} \cdot \mathbf{n} < 0, \quad (2.10)$$

où  $\mathbf{n}$  est le vecteur normal sortant au domaine  $\Omega$ .

## Fonctionnement

En utilisant la condition de saturation suivante (comme dans [?])

$$P + N + S = 1, \quad (2.11)$$

et en sommant (2.1),(2.2),(2.3),(2.6) et (2.8), on obtient

$$\nabla \cdot \mathbf{v} = \gamma_{pp}P - \delta(1 + M)N. \quad (2.12)$$

La loi de Darcy assure la solvabilité du système, de manière similaire à [?] :

$$\begin{cases} \mathbf{v}(t, \mathbf{x}) = -k\nabla\Pi(t, \mathbf{x}) & \text{dans } \Omega, \\ \Pi(t, \mathbf{x}) = 0 & \text{sur } \partial\Omega, \end{cases} \quad (2.13)$$

où  $\Pi$  est la pression (ou le potentiel) du milieu et  $k$  sa perméabilité. La condition de Dirichlet homogène, dans (2.13), impose qu'en dehors de  $\Omega$ , la pression du tissu sain n'est pas modifiée par la pression générée par la croissance tumorale. Cette hypothèse est valide pour de petites métastases n'impactant pas la forme du foie. En d'autres termes, la tumeur n'est pas mécaniquement contrainte par la région extratumorale.

Observez qu'une condition de flux nul impliquerait nécessairement que l'intégrale  $\int_{\Omega} \gamma_{pp}P - \delta(1 + M)N \, d\mathbf{x}$  s'annule en tout temps, ce qui n'est pas satisfait à  $t = 0$ .

Nous soulignons que notre article traite de métastases hépatiques de GIST et non de tumeurs primaires du foie. Par conséquent, les cellules métastatiques ne grandissent pas dans leur milieu d'origine : elles ne peuvent pas infiltrer le

foie mais leur prolifération induit une pression qui pousse les cellules saines vers l'extérieur. Pour ces raisons, nous choisissons une loi de Darcy pour décrire la croissance de la métastase.

Bien sûr, une loi de Stockes ou n'importe quelle loi viscoélastique pourrait être utilisée, nous référons à [?] et [?, ?] pour plus de détails. De telles lois plus compliquées peuvent fournir une meilleure description du front tumoral. Cependant, le but de cet article n'est pas de fournir précisément le front tumoral : notre objectif est de reproduire la structure interne de la métastase et non sa forme précise.

### Vascularisation, Nutriments et Angiogenèse

Il reste à décrire l'apport de vascularisation/nutriments  $M$  et l'impact du traitement  $\mathcal{T}_2$  sur celui-ci. Il est important de noter que la seconde ligne de traitement n'impacte pas directement  $M$ , mais elle bloque la production de facteurs de croissance qui gouvernent la quantité  $M$ .

Nous introduisons une variable scalaire  $\xi$ , qui est associée à la moyenne de facteurs de croissance produits par les cellules cancéreuses. Il a été signalé dans [?] que les cellules hypoxiques augmentent leur production de facteurs de croissance, tandis que les cellules hautement proliférantes n'ont pas besoin d'apports nutritifs supplémentaires. Ainsi, si  $M$  est en dessous du seuil  $M_{th}$  alors  $\xi$  doit augmenter. Notez aussi que l'effet antiangiogénique du traitement  $\mathcal{T}_2$  diminue la production de  $\xi$ , mais seulement pour les cellules  $P_1$  et  $P_2$  alors que  $P_3$  est la densité de cellules insensibles à  $\mathcal{T}_1$  et  $\mathcal{T}_2$ . Nous décrivons ainsi l'évolution de  $\xi$  par

$$\partial_t \xi = \alpha \int_{\Omega} \left( 1 + \epsilon_{\xi} - \gamma_{pp}(M)/\gamma_0 \right) \left( (1 - \nu_2 \chi_2(t))(P_1 + P_2) + P_3 \right) dx - \lambda \xi. \quad (2.14)$$

Le paramètre adimensionné  $\nu_2 \in (0, 1)$  représente l'effet antiangiogénique de  $\mathcal{T}_2$ , qui est supposé identique pour  $P_1$  et  $P_2$ , et le paramètre  $\epsilon_{\xi}$  traduit la production minimale de facteurs de croissance par les cellules cancéreuses.

La quantité  $M$  décrit à la fois la vascularisation et la concentration de nutriments. Nous utilisons une équation de transport-réaction-diffusion pour décrire cette quantité :

$$\begin{cases} \partial_t M - \xi \frac{\nabla S}{\|\nabla S\|} \nabla M = C_0 S \left( 1 - \frac{M}{2M_{th}} \right) - \eta PM + \psi \Delta M & \text{dans } \Omega, \\ M(t, \mathbf{x}) = 2M_{th} & \text{sur } \partial\Omega, \end{cases} \quad (2.15)$$

où  $C_0$  est la capacité angiogénique des cellules saines,  $\eta$  représente la destruction de la vascularisation par les cellules proliférantes, et  $\psi$  est un paramètre de diffusion. Le terme de transport  $\xi \frac{\nabla S}{\|\nabla S\|} \cdot \nabla M$  de (2.15) décrit le fait que la vascularisation est apportée à la tumeur depuis le tissu sain qui est supposé

bien vascularisé. L'amplitude de la vitesse est égale à  $\xi$ , qui représente le total des facteurs de croissance produit par les cellules proliférantes.

Le terme de diffusion décrit l'infiltration des vaisseaux sanguins et des nutriments dans la tumeur. D'un point de vue numérique, ce terme a un effet régularisant sur la vascularisation  $M$ , et ainsi stabilise le modèle.

Notez que si initialement

$$0 \leq \|M|_{t=0}\|_{L^\infty} \leq 2M_{th} \quad (2.16)$$

alors pour tout temps  $t$ ,  $0 \leq M(t) \leq 2M_{th}$ . Ceci traduit le fait que le tissu sain environnant est bien vascularisé et est fourni de suffisamment de nutriments.

### 2.2.2 Formulation vectorielle des équations sur les cellules cancéreuses

Pour simplifier les notations, considérons le vecteur des populations de cellules  $\mathbf{W} = {}^t(P_1, P_2, P_3, N)$ . On définit la fonction vectorielle

$$\mathbf{G}(M, \mathbf{W}) = {}^t(\mathbf{G}_1(M, \mathbf{W}), \mathbf{G}_2(M, \mathbf{W}), \mathbf{G}_3(M, \mathbf{W}), \mathbf{G}_4(M, \mathbf{W})), \quad (2.17)$$

dont les composantes sont données par :

$$\mathbf{G}_1(M, \mathbf{W}) = (\gamma_{pp}(M) - \gamma_{pd}(M) - (\mu_1\chi_1(t) + \mu_2\chi_2(t))(1 + M))P_1, \quad (2.18)$$

$$\mathbf{G}_2(M, \mathbf{W}) = (\gamma_{pp}(M) - \gamma_{pd}(M) - \mu_2\chi_2(t)(1 + M))P_2, \quad (2.19)$$

$$\mathbf{G}_3(M, \mathbf{W}) = (\gamma_{pp}(M) - \gamma_{pd}(M))P_3, \quad (2.20)$$

$$\begin{aligned} \mathbf{G}_4(M, \mathbf{W}) = & \gamma_{pd}(M)P + \gamma_{sd}(M)(1 - P - N) \\ & + (\mu_1\chi_1P_1 + \mu_2\chi_2(P_1 + P_2))(1 + M) - \delta(1 + M)N. \end{aligned} \quad (2.21)$$

Il est également utile de définir  $\mathbf{F}(M, \mathbf{W})$  comme

$$\mathbf{F}(M, \mathbf{W}) := \gamma_{pp}(M) \sum_{i=1}^3 W_i - \delta(1 + M)W_4, \quad (2.22)$$

de manière à réécrire l'ensemble d'équations (2.1)-(2.3), (2.8) et (2.12) fermés par la loi de Darcy de la manière suivante :

$$\begin{cases} \partial_t \mathbf{W} + (\nabla \mathbf{W}) \cdot \mathbf{v} + \mathbf{W}(\nabla \cdot \mathbf{v}) = \mathbf{G}(M, \mathbf{W}) & \text{sur } \Omega, \\ \mathbf{W} = 0 & \text{sur } \partial\Omega, \text{ si } \mathbf{v} \cdot \mathbf{n} < 0, \end{cases} \quad (2.23)$$

et

$$\begin{cases} -\nabla \cdot (k \nabla \Pi) = \mathbf{F}(M, \mathbf{W}), & \text{dans } \Omega, \\ \Pi(t, \mathbf{x}) = 0 & \text{sur } \partial\Omega. \end{cases} \quad (2.24)$$

Notez que la densité de cellules saines  $S$  est donnée par (2.11).

## 2.3 Méthodes numériques

Nous utilisons une méthode de volumes finis sur grille uniforme 2D. Pour la simulation numérique, le domaine  $\Omega$  est le rectangle  $[0, L] \times [0, D]$ . Le domaine est maillé avec une grille cartésienne contenant  $N_x$  points sur l'axe  $x$  et  $N_y$  points sur l'axe  $y$ .

Les densités de cellules cancéreuses sont discrétisées au centre des mailles et les vitesses sont discrétisées au milieu de chaque arête comme montré sur la Figure 2.3.

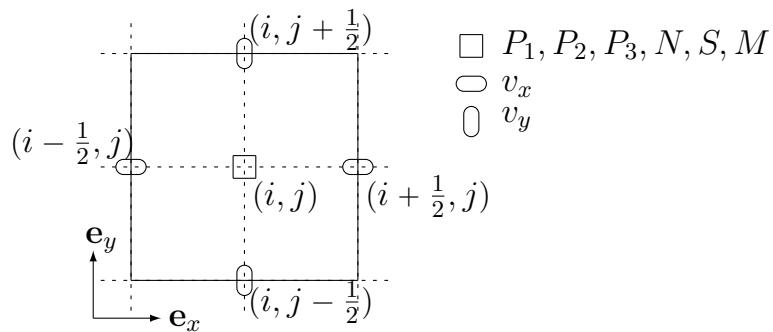


FIGURE 2.3 – Discréétisation des inconnues sur une maille.

Notez que l'égalité (2.11) donne directement  $S$ , sans résoudre l'équation (2.6). Le calcul est séparé en plusieurs étapes (spliting), comme suit :

- Etant donnés<sup>4</sup>  $\mathbf{W}^n$  et  $M^n$  au temps  $t^n$ , on infère  $F^n = F(M^n, \mathbf{W}^n)$  et  $\mathbf{G}^n = \mathbf{G}(M^n, \mathbf{W}^n)$ .
- On calcule d'abord la pression  $\Pi^n$  solution de (2.24) avec  $F^n$  comme membre de droite, pression de laquelle on en déduit la vitesse  $\mathbf{v}^n$  grâce à l'équation (2.13).
- Ensuite le nouveau temps  $t^{n+1} = t^n + \Delta t$  est déterminé en utilisant l'équation (2.38).
- Après cela,  $\mathbf{W}^{n+1}$  est calculé à partir de (2.23), à partir duquel on infère  $S^{n+1}$ .
- On termine par le calcul de  $\xi^{n+1}$  et de  $M^{n+1}$  grâce à (2.14)–(2.15).

Présentons maintenant dans le détail, les schémas utilisés dans les simulations numériques.

4. L'exposant  $n$  représente le temps discret  $t^n$  de la quantité (par exemple  $S^n$  est la densité de cellules saines au temps  $t^n$ )

### 2.3.1 Calcul de la vitesse et de la pression

Selon (2.12) et (2.13), la pression  $\Pi^n$  est donnée par

$$\begin{cases} -\nabla \cdot (k\nabla \Pi^n) = F^n := F(M^n, \mathbf{W}^n) & \text{sur } \Omega, \\ \Pi^n = 0 & \text{sur } \partial\Omega, \end{cases} \quad (2.25)$$

où  $F$  est définie par (2.22). Cette équation est résolue grâce à un schéma classique à 5-points. La composante de la vitesse selon  $\mathbf{e}_x$ ,  $v_{i+1/2,j}^{x,n}$  au point  $\mathbf{x}_{i+1/2,j}$  (*resp.* la composante selon  $\mathbf{e}_y$ ,  $v_{i,j+1/2}^{y,n}$  au point  $\mathbf{x}_{i,j+1/2}$ ) est donnée grâce à

$$v_{i+1/2,j}^{x,n} = -k \frac{\Pi_{i+1,j}^n - \Pi_{i,j}^n}{\Delta x}, \quad v_{i,j+1/2}^{y,n} = -k \frac{\Pi_{i,j+1}^n - \Pi_{i,j}^n}{\Delta y}$$

et la vitesse  $\mathbf{v}_{ij}^n$  au point  $\mathbf{x}_{ij}$  est approximée par

$$\mathbf{v}_{ij}^n = v_{ij}^{x,n} \mathbf{e}_x + v_{ij}^{y,n} \mathbf{e}_y = \frac{1}{2} (v_{i+1/2,j}^{x,n} + v_{i-1/2,j}^{x,n}) \mathbf{e}_x + \frac{1}{2} (v_{i,j+1/2}^{y,n} + v_{i,j-1/2}^{y,n}) \mathbf{e}_y. \quad (2.26)$$

### 2.3.2 Equation d'advection

Par la définition (2.22) de  $F$ , l'équation (2.12) conduit à  $\nabla \cdot \mathbf{v} = F$ . Ainsi, l'équation (2.23) peut être écrite sous la forme non conservative

$$\partial_t \mathbf{W} + (\nabla \mathbf{W}) \cdot \mathbf{v} = G(M, \mathbf{W}) - (\nabla \cdot \mathbf{v}) \mathbf{W} = G(M, \mathbf{W}) - F(M, \mathbf{W}) \mathbf{W}, \quad (2.27)$$

Résolue grâce au splitting en temps suivant :

$$\frac{\mathbf{W}^* - \mathbf{W}^n}{\Delta t / 2} = \mathbf{G}^n - F^n \mathbf{W}^n, \quad (2.28)$$

$$\frac{\mathbf{W}^\# - \mathbf{W}^*}{\Delta t} + (\nabla \mathbf{W}^*) \cdot \mathbf{v}^n = 0, \quad (2.29)$$

$$\frac{\mathbf{W}^{n+1} - \mathbf{W}^\#}{\Delta t / 2} = \mathbf{G}^n - F^n \mathbf{W}^n. \quad (2.30)$$

Cette forme non conservative est choisie dans le but de réutiliser les informations que nous possédons déjà sur la divergence de la vitesse, grâce à la relation (2.12).

Une méthode de type WENO5 comme donnée par [?] est utilisée pour approximer le gradient  $\nabla \mathbf{W}$  impliqué dans (2.29). Cette variante du WENO5, appelée twin-WENO5, est présentée dans le chapitre suivant, section 3.3.2. D'autres schémas d'ordre moins élevé ont aussi été essayés. Cependant la diffusion numérique de ces schémas est trop importante. Ceci conduit à une diffusion artificielle des nutriments dans la tumeur. La croissance tumorale est alors complètement modifiée par cet artefact. La résolution précise du transport est par conséquent un point important. De plus, utiliser un schéma d'ordre élevé réduit, par le gain de convergence, les problèmes usuels liés à la résolution du problème non conservatif.

### 2.3.3 Calcul des quantités $\xi$ et $M$

L'équation scalaire (2.14) est résolue grâce à la méthode classique d'Euler explicite :

$$\frac{\xi^{n+1} - \xi^n}{\Delta t} = \alpha \int_{\Omega} \left(1 + \epsilon_{\xi} - \gamma_{pp}(M^n)/\gamma_0\right) \left((P_1^n + P_2^n)(1 - \nu_2 \chi_2(t^n)) + P_3^n\right) d\mathbf{x} - \lambda \xi^n, \quad (2.31)$$

où la formule standard des rectangles est utilisée pour approcher l'intégrale du membre de droite.

Pour résoudre l'équation d'advection-diffusion (2.15) satisfaite par  $M$ , le splitting en temps suivant est réalisé :

$$\frac{M^* - M^n}{\Delta t/2} = C_0 S^n \left(1 - \frac{M^n}{2M_{th}}\right) - \eta P^n M^n, \quad (2.32)$$

$$\frac{M^{\#} - M^*}{\Delta t} - \psi \frac{\Delta M^{\#} + \Delta M^*}{2} = \xi^n \frac{\nabla S^n}{\|\nabla S^n\|} \nabla M^n, \quad (2.33)$$

$$\frac{M^{n+1} - M^{\#}}{\Delta t/2} = C_0 S^n \left(1 - \frac{M^n}{2M_{th}}\right) - \eta P^n M^n. \quad (2.34)$$

L'équation (2.33) est calculée comme une équation de la chaleur avec un schéma standard à 5 points de grille. Le membre de droite est approximé par un schéma twin-WENO5 également.

### 2.3.4 Condition CFL

En outre, une restriction de type CFL est requise pour assurer la stabilité numérique. Tout d'abord, le schéma de type WENO5 conduit à une condition CFL qui s'écrit :

$$\Delta t < \min \left( \frac{\Delta x}{\max |v_x|}, \frac{\Delta y}{\max |v_y|}, \frac{\min(\Delta x, \Delta y)}{\xi} \right) := \Delta t_{adv}. \quad (2.35)$$

Le schéma d'Euler explicite sur l'équation (2.28) conduit à l'inégalité (coordonnées par coordonnées)

$$\mathbf{W}^* = \mathbf{W}^n + \frac{\Delta t}{2} (\mathbf{G}^n - \mathbf{F}^n \mathbf{W}^n) \geq \left( \mathbf{1} + \frac{\Delta t}{2} (\bar{\mathbf{G}}^n - \mathbf{F}^n \mathbf{1}) \right) \circ \mathbf{W}^n,$$

où  $\mathbf{1} = {}^t(1, 1, 1, 1)$ , le symbole  $\circ$  représente le produit d'Hadamard (multiplication terme à terme) et où  $\bar{\mathbf{G}}^n$  vaut :

$$\bar{\mathbf{G}}^n = \begin{pmatrix} \gamma_{pp}(M^n) - \gamma_{pd}(M^n) - (\mu_1 \chi_1^n + \mu_2 \chi_2^n)(1 + M^n) \\ \gamma_{pp}(M^n) - \gamma_{pd}(M^n) - \mu_2 \chi_2^n(1 + M^n) \\ \gamma_{pp}(M^n) - \gamma_{pd}(M^n) \\ -\delta(1 + M^n) \end{pmatrix}.$$

Une relation similaire entre  $\mathbf{W}^\#$  et  $\mathbf{W}^{n+1}$  peut être écrite depuis l'équation (2.30). Ainsi, en supposant que  $\mathbf{W}^n \geq 0$  et  $S^n = 1 - \sum_i W_i^n \geq 0$  au temps  $t^n$ , la restriction suivante sur le pas de temps

$$\Delta t < \min \left( \frac{1}{\max_i \|\bar{\mathbf{G}}_i^n - \mathbf{F}^n\|_\infty}, \frac{1}{\|\gamma_{sd}(M^n) + \mathbf{F}^n\|_\infty} \right) := \Delta t_W. \quad (2.36)$$

assure que  $\mathbf{W}^{n+1} \geq 0$  et  $S^{n+1} \geq 0$ . De manière similaire, le schéma d'Euler explicite dans les équations (2.31) et (2.34) sur la vascularisation, conduit à

$$\Delta t < \min \left( \frac{1}{\eta}, \frac{1}{\lambda} \right) := \Delta t_{angio}. \quad (2.37)$$

Finalement, comme la vitesse peut être très petite, pour éviter les pas de temps  $\Delta t$  trop larges, nous choisissons arbitrairement une vitesse  $\bar{\mathbf{v}}$  et notre condition CFL s'écrit<sup>5</sup>

$$\Delta t = C_{CFL} \min \left( \frac{1}{\bar{\mathbf{v}}} \min(\Delta x, \Delta y), \Delta t_{adv}, \Delta t_W, \Delta t_{angio} \right), \quad (2.38)$$

pour une constante donnée  $C_{CFL} < 1$ .

Notez qu'un schéma implicite aurait pu être utilisé pour relaxer les conditions (2.36)-(2.37). Cependant avec l'ensemble de paramètres utilisé, le pas de temps est seulement limité par  $\Delta t_{adv}$ , et cette condition reste aussi avec une méthode implicite.

## 2.4 Résultats numériques

### 2.4.1 Outils numériques pour comparer les résultats aux scanners

Afin de comparer les résultats numériques aux scanners, nous devons définir des quantités d'intérêts appropriées aussi bien que développer un outil numérique qui reproduit l'échelle de gris.

#### Détermination numérique de l'aire tumorale, de la partie nécrosée et de la masse tumorale

Soit le seuil  $\epsilon_{th}$ , la fraction minimale de cellules tumorales en dessus de laquelle nous définissons numériquement la tumeur. L'aire tumorale, mesurée numériquement, s'écrit alors

$$\mathcal{A}(t) = \int_{\Omega} \mathbf{1}_{\{\mathbf{x} : P(t, \mathbf{x}) + N(t, \mathbf{x}) > \epsilon_{th}\}}(\mathbf{x}) \, d\mathbf{x}. \quad (2.39)$$

---

5. Dans les simulations, nous choisissons  $\bar{\mathbf{v}} = 1 \text{ cm/mois}$ , en considérant 30 *jours* par mois et  $C_{CFL} = 0.4$ .

On définit l'aire de chaque population cancéreuse par

$$\mathcal{A}_J(t) = \int_{\Omega} \mathbb{1}_{\{\mathbf{x}: J(t, \mathbf{x}) > \epsilon_{th}\}}(\mathbf{x}) \, d\mathbf{x}, \quad \text{pour } J \in \{P_1, P_2, P_3, N\}. \quad (2.40)$$

On définit également la masse de chaque population, et la masse proliférante totale en tout temps par

$$\mathcal{M}_J(t) = \int_{\Omega} J(t, \mathbf{x}) \, d\mathbf{x}, \quad J \in \{P_1, P_2, P_3, N\}, \quad (2.41)$$

$$\mathcal{M}(t) = \int_{\Omega} P(t, \mathbf{x}) \, d\mathbf{x}. \quad (2.42)$$

### Reconstitution numérique de scanners

La comparaison de simulations numériques avec les scanners soulève une difficulté importante. Actuellement, contrairement aux simulations numériques qui fournissent en tout point chacune des quantités  $S$ ,  $P$  et  $N$ , les scanners fournissent des images en niveaux de gris reliés à la radiodensité locale grâce à l'échelle de Hounsfield. Comme les unités Hounsfield (HU) rendent possible de quantifier l'aire de la tumeur et de détecter sa localisation sur les scanners, nous introduisons une échelle numérique HU, qui est une combinaison linéaire de nos résultats numériques. Plus précisément, nous considérons une échelle linéaire de gris allant du noir au blanc. Pour chaque espèce (cellules proliférantes, saines et nécrosées), nous allouons les coefficients  $\tau_P$ ,  $\tau_S$  et  $\tau_N$  à chacune de nos populations, et nous traçons ensuite la quantité

$$\tau_P P + \tau_N N + \tau_S S, \quad (2.43)$$

qui est une sorte d'échelle de niveau de gris numérique. Comme pour les scanners abdominaux, l'échelle de Hounsfield est limitée de -200 à +200, nous fixons arbitrairement les coefficients ci-dessus à

$$\tau_P = 60, \quad \tau_S = 120, \quad \tau_N = -140,$$

et nous associons à la valeur -200 la couleur noir, et à + 200 le blanc.

## 2.4.2 Etude approfondie sur un patient spécifique

### Comparaison des résultats numériques avec les données cliniques

Nous nous focalisons à présent sur Patient A pour lequel nous avons aussi bien le protocole clinique complet que les données cliniques de l'évolution de l'aire tumorale et la séquence des scanners. Les simulations numériques sont réalisées dans un domaine carré de taille  $L = D = 6 \text{ cm}$  avec 120 points dans chaque direction. Le pas de temps  $\Delta t$  est calculé en utilisant l'équation (2.38).

Les paramètres numériques ont été choisis de sorte à reproduire l'évolution de l'aire tumorale. En particulier, nous n'essayons pas de fiter avec les images, on vérifie seulement que l'évolution spatiale soit plausible comparée aux images médicales. Les paramètres sont résumés dans la Table 2.2.

L'aire tumorale numérique est ensuite comparée aux aires mesurées sur la Figure 2.1g (les cercles représentent les données réelles, et la ligne pleine représente la simulation numérique). Il est important de noter que d'après cette figure, l'évolution de l'aire tumorale est bien reproduite. Nous soulignons que la donnée initiale est cruciale dans la croissance de la tumeur. Afin de reproduire qualitativement la forme de la lésion au temps initial (*cf.* Figure A.1a), la condition initiale est choisie comme une ellipse perturbée. Plus précisément, étant donnés 3 paramètres  $r_1$ ,  $r_2$  et  $e$ , nous définissons dans le domaine  $\Omega$ ,  $d(\mathbf{x})$  par

$$d(\mathbf{x}) = \sqrt{\left( \frac{|x - L/2|}{e|x - L/2| + cr_1} \right)^2 + \left( \frac{|y - D/2|}{e|y - D/2| + cr_2} \right)^2}, \quad (2.44)$$

avec  $\mathbf{x} = (x, y)$  et où  $c = \frac{2\pi}{2\pi - \arccos(1 - 2\epsilon_{th})}$ . La fonction  $Y$  définie par<sup>6</sup>

$$Y(\mathbf{x}) = \begin{cases} 1 & \text{si } d(\mathbf{x}) \leq 0.5, \\ 0 & \text{si } d(\mathbf{x}) \geq 1, \\ \frac{1}{2}(1 - \cos(2\pi d(\mathbf{x}))) & \text{sinon,} \end{cases} \quad (2.45)$$

est ensuite utilisée afin d'imposer la condition initiale :

$$\begin{aligned} P_1|_{t=0} &= (1 - \Sigma_{ini})Y, \quad P_2|_{t=0} = \frac{\Sigma_{ini}}{1 + q_{ini}}Y, \quad P_3|_{t=0} = q_{ini}P_2(t = 0), \quad N|_{t=0} = 0, \\ M|_{t=0} &= 2M_{th}, \end{aligned} \quad (2.46)$$

où  $\Sigma_{ini}$  représente la proportion de cellules résistantes au traitement  $\mathcal{T}_1$  et  $q_{ini}$  est la proportion de cellules  $P_2$  qui sont aussi résistantes au traitement  $\mathcal{T}_2$ . Pour Patient A, nous avons choisi  $e = 0.35$  et  $r_1 = 0.47$ ;  $r_2 = 0.36$ .

L'aspect spatial des simulations numériques présentées dans la Figure 2.4, fait apparaître les faits suivants :

- i) Pendant la phase sans traitement, du jour 0 au jour 119, la tumeur croît. Comme des cellules nécrosées et proliférantes sont présentes, les scanners numériques sont hétérogènes, comme on peut le constater Figure 2.4a.
- ii) Ensuite le traitement  $\mathcal{T}_1$  est administré du jour 119 au jour 867. Les cellules proliférantes  $P_1$  sont tuées et la nécrose devient prédominante. A cause du choix du coefficient  $\tau_N$ , la tumeur numérique devient homogène et plus sombre comme le montre la Figure 2.4b.

6. Notez que si  $e = 0$ , alors  $Y$  est invariant par rotation.

Nom	Signification	Unité	Valeur pour le fit de Patient A (Figure 2.1g)	Valeur pour le fit de Patient B (Figure 2.7g)
$\gamma_0$	Taux de croissance des cellules cancéreuses	$d^{-1}$	2.0e-2	6.33e-3
$\gamma_1$	Taux d'apoptose des cellules cancéreuses	$d^{-1}$	8.0e-3	4.46e-2
$C_S$	Taux d'apoptose du tissu sain relativement à $\gamma_1$	-	10	10
$M_{th}$	Seuil d'hypoxie	-	2	2
$\delta$	Taux d'élimination de la nécrose par le système immunitaire	$d^{-1}$	1.33e-2	8.19e-2
$\psi$	Taux de diffusion des nutriments	$cm^2.d^{-1}$	1.33e-2	3.33e-3
$\eta$	Taux de consommation des cellules cancéreuses	$d^{-1}$	6.67e-2	8.05e-3
$\alpha$	Excitabilité angiogénique	$d^{-1}$	1.11e-3	8.0e-3
$\lambda$	Taux d'élimination du signal de facteurs de croissance angiogénique	$d^{-1}$	2.0e-2	0.68
$C_0$	Capacité angiogénique du tissu sain	$d^{-1}$	3.33e-2	3.33e-2
$k$	Perméabilité du tissu	$kg^{-1}.cm^3.d$	1	1
$T_{ini}^1$	Début (en jours) de l'administration du traitement $\mathcal{T}_1$	d	119	0
$T_{end}^1$	Fin (en jours) de l'administration du traitement $\mathcal{T}_1$	d	867	845
$T_{ini}^2$	Début (en jours) de l'administration du traitement $\mathcal{T}_2$	d	867	1049
$T_{end}^2$	Fin (en jours) de l'administration du traitement $\mathcal{T}_2$	d	1298	1600
$\mu_1$	Taux de mortalité des cellules proliférantes dû au traitement $\mathcal{T}_1$	$d^{-1}$	7.17e-3	3.45e-3
$\nu_2$	Taux d'inhibition de l'angiogenèse par le traitement $\mathcal{T}_2$	-	0.8	0.90
$\mu_2$	Taux de mortalité des cellules proliférantes dû au traitement $\mathcal{T}_2$	$d^{-1}$	4.27e-3	3.0e-4
$\epsilon_{th}$	Proportion minimale de cellules cancéreuses pouvant être détectée sur les scanners – Seuil minimal pour la localisation numérique de la tumeur	-	1.0e-2	0.1
$\Sigma_{ini}$	Proportion de cellules résistantes à l'imatinib à $t = 0$ – Équivalent à $(P_2 + P_3)_{t=0}$	-	3e-06	0.10
$q_{ini}$	Proportion des cellules résistantes à l'imatinib qui sont aussi résistantes au sunitinib à $t = 0$ – Équivalent à $(P_3/P_2)_{t=0}$	-	7.5e-3	0.41
$\xi_{ini}$	Signal de facteurs de croissance angiogénique à $t = 0$	$cm.d^{-1}$	3.33e-3	0
$\epsilon_\xi$	Production résiduelle de facteur de croissance	-	0.1	0.1

$L, D$	Dimensions du domaine de calcul	$cm$	6	12
$N_x, N_y$	Nombre de points dans chaque dimension du domaine de calcul	-	120	132
$r_1$	Rayon de la donnée initiale selon l'axe $x$	$cm$	0.47	0.5
$r_2$	Rayon de la donnée initiale selon l'axe $y$	$cm$	0.36	0.5
$e$	Sorte d'excentricité de la donnée initiale	-	0.35	0
$\beta$	Poids du Twin-WENO5	-	0	0.3

TABLE 2.2 – Liste des paramètres du modèle et leur valeurs pour les deux patients considérés –  $d$  = Jour (day)

- iii) Le regain d'activité cellulaire au jour 776, juste avant la rechute, est caractérisé par une augmentation de l'hétérogénéité : une couronne proliférante apparaît et recolonise progressivement l'intérieur nécrosé de la tumeur comme l'illustre la Figure 2.4c. Il est important de noter que le traitement  $\mathcal{T}_1$  est encore administré et donc que les cellules résistantes commencent à devenir prédominantes.
- iv) Ensuite le traitement  $\mathcal{T}_2$  est administré du jour 867 au jour 1298. Une fois de plus, la population nécrosée augmente et la tumeur numérique s'assombrit, comme le montrent les Figures 2.4d-2.4e.
- v) Finalement, au jour 1116, une nouvelle rechute se prépare. Ici encore, elle est caractérisée par une couronne proliférante au bord de la tumeur (*cf.* Figure 2.4f).

Curieusement, les résultats numériques spatiaux sont en accord avec les données, au moins jusqu'au début de la dernière rechute autour du jour 1000. En fait, les cinq étapes que nous observons numériquement sont également constatées sur les scanners (*cf.* Figure A.1a-A.1f).

Après le jour 1116, notre modèle n'est probablement plus valide car la structure de la tumeur numérique est très différente de celles des scanners. Peut-être que d'autres phénomènes qui ne sont pas pris en compte par notre modèle se produisent, comme les changements microenvironnementaux ou d'autres mutations cellulaires. Des interactions dans la 3<sup>ème</sup> direction (non prise en compte ici) peuvent aussi être impliquées.

Nous soulignons que le modèle semble fournir d'importantes informations auxquelles les cliniciens n'ont pas accès avec les dispositifs d'imagerie. Plus précisément, la Figure 2.5 qui présente l'évolution de l'aire et de la masse de *chaque* population de cellules, nous permet de dire que selon notre modèle :

- Pendant le premier rétrécissement de la tumeur causé par le traitement  $\mathcal{T}_1$ , du jour 119 au jour 406, on observe que
  - i) Le traitement  $\mathcal{T}_1$  tue les cellules proliférantes  $P_1$  qui deviennent du tissu nécrosé.
  - ii) La réduction de l'aire est due à l'élimination de la nécrose par le système immunitaire.
  - iii) Les populations de cellules  $P_2$  et  $P_3$  qui ne sont pas sensibles au traitement  $\mathcal{T}_1$  continuent de se diviser.
- Pendant plusieurs mois, du jour 406 au jour 778, l'aire tumorale continue de décroître lentement à cause de la mort de la population  $P_1$ . Cependant les populations de cellules  $P_2$  et  $P_3$  continuent de grandir et prennent progressivement la place des cellules nécrosées éliminées. Même si l'activité cellulaire de  $P_2$  et  $P_3$  n'est pas affectée par le traitement, il conduit dans un premier temps à une stabilisation de l'aire tumorale avant la recroissance au jour 778. En fait, quand  $P_2 + P_3$  devient trop grand, la croissance de l'aire tumorale reprend et est gouvernée par les cellules résistantes au

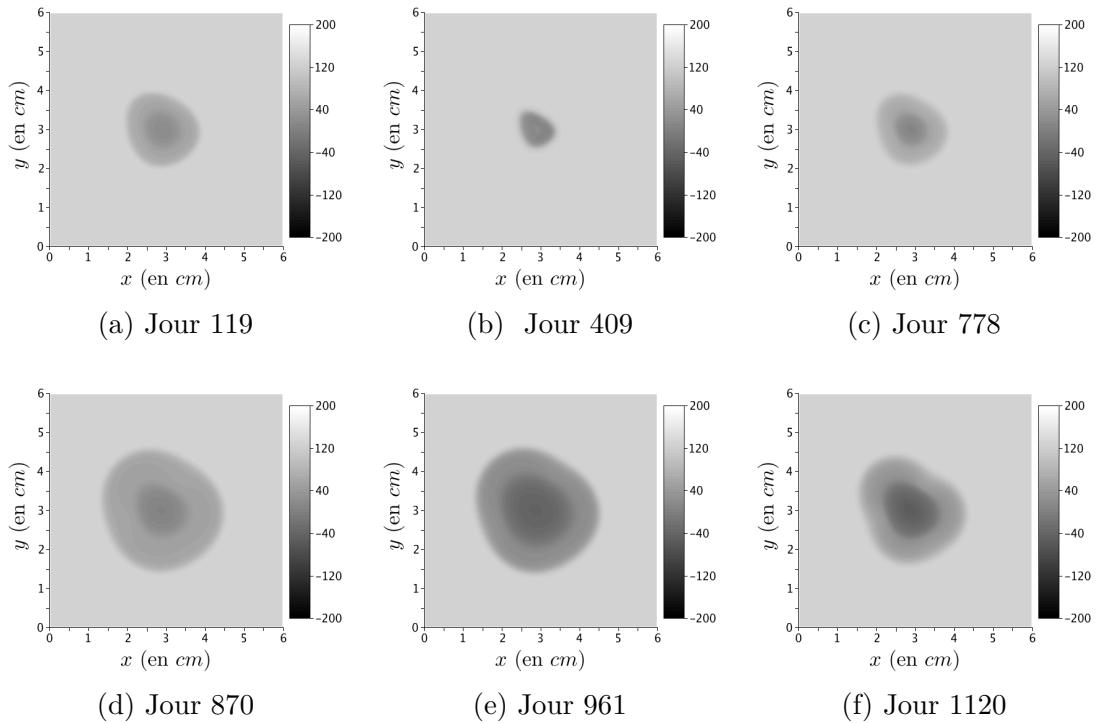


FIGURE 2.4 – Simulation numérique pour Patient A : évolution spatiale de la lésion avec reconstruction numérique de scanners.

traitement  $\mathcal{T}_1$ .

- Pendant le traitement  $\mathcal{T}_2$ , du jour 867 au jour 1298, nous pouvons remarquer que
  - i) La population  $P_1$  est encore sensible au traitement.
  - ii) La population  $P_2$ , sensible au traitement  $\mathcal{T}_2$ , se nécrose.
  - iii) La population  $P_3$  qui est résistante aux deux traitements continue de croître.

Il est important de noter que pour chaque rechute, l’activité proliférante reprend sur le pourtour de la tumeur, là où sont présents les nutriments. De plus, notre modèle présente des différences entre l’évolution de l’aire tumorale  $\mathcal{A}$  et l’évolution de la masse tumorale  $\mathcal{M}$  données respectivement par (2.39) et (2.42).

En particulier, la masse de cellules cancéreuses décroît juste après l’administration du traitement alors que l’aire tumorale décroît avec un retard. Ce délai est dû au fait que les cellules proliférantes tuées basculent dans une phase nécrosée. Ainsi l’aire tumorale reste la même jusqu’à ce que le système immunitaire élimine cette nécrose. De plus, notre modèle permet de distinguer les effets des deux traitements sur l’angiogenèse. En effet, le traitement  $\mathcal{T}_2$  inhibe directement le signal angiogénique alors que le traitement  $\mathcal{T}_1$  tue la population  $P_1$ , ce qui implique indirectement une diminution de la production du

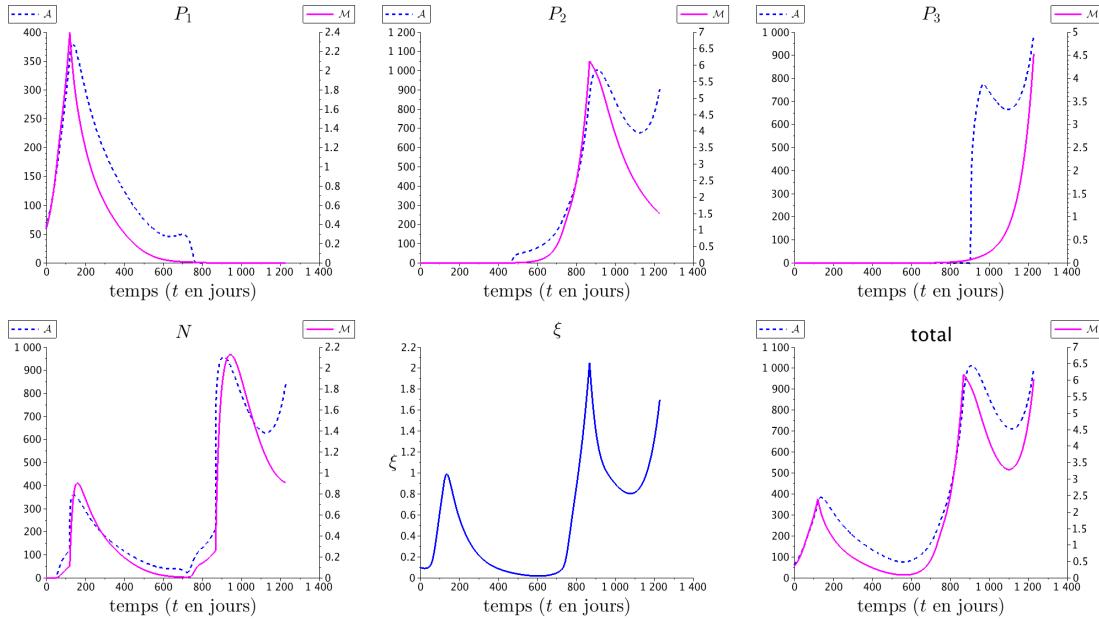


FIGURE 2.5 – Evolution de la masse (intégrale du niveau de gris, dans une unité arbitraire) et de l'aire ( $mm^2$ ) de chaque population de cellules et évolution du signal angiogénique ( $cm.d^{-1}$ ) données par les simulations numériques.

signal.

### Etude numérique de l'influence de l'efficacité du traitement $\mathcal{T}_1$

Nous nous intéressons ici, à l'étude numérique de différents aboutissements obtenus avec le traitement  $\mathcal{T}_1$  afin d'examiner son influence sur la croissance tumorale. Prenons les paramètres de la Table 2.2, et faisons juste varier  $\mu_1$ . Définissons deux durées caractéristiques :

- $T_{PFS}$  (progression-free survival time) qui est le temps de survie sans aggravation. C'est le temps pour lequel la taille de la tumeur reste inférieure à sa taille au début du traitement.
- $T_{double}$ , qui est le temps de doublement. C'est la durée pour laquelle l'aire tumorale reste inférieure au double de sa taille initiale au début du traitement.

Notez que cette étude est purement théorique et ne peut pas être utilisée telle quelle pour l'optimisation de traitement car l'évolution complète de la maladie (phases de rechute incluses) est nécessaire pour calibrer les paramètres utilisés dans les simulations. Par conséquent, il est clair que notre approche ne peut pour l'instant pas conduire à une détermination d'un protocole optimal de traitement, mais cette étude numérique est déjà un premier pas crucial au vue de l'importance de l'enjeu.

Sur la Figure 2.6a est présenté le temps de survie sans aggravation  $T_{PFS}$  en fonction de  $\mu_1$ . Si  $\mu_1$  est en dessous une valeur seuil  $\mu_{th}$  ( $\mu_{th} \sim 0.0047$  pour

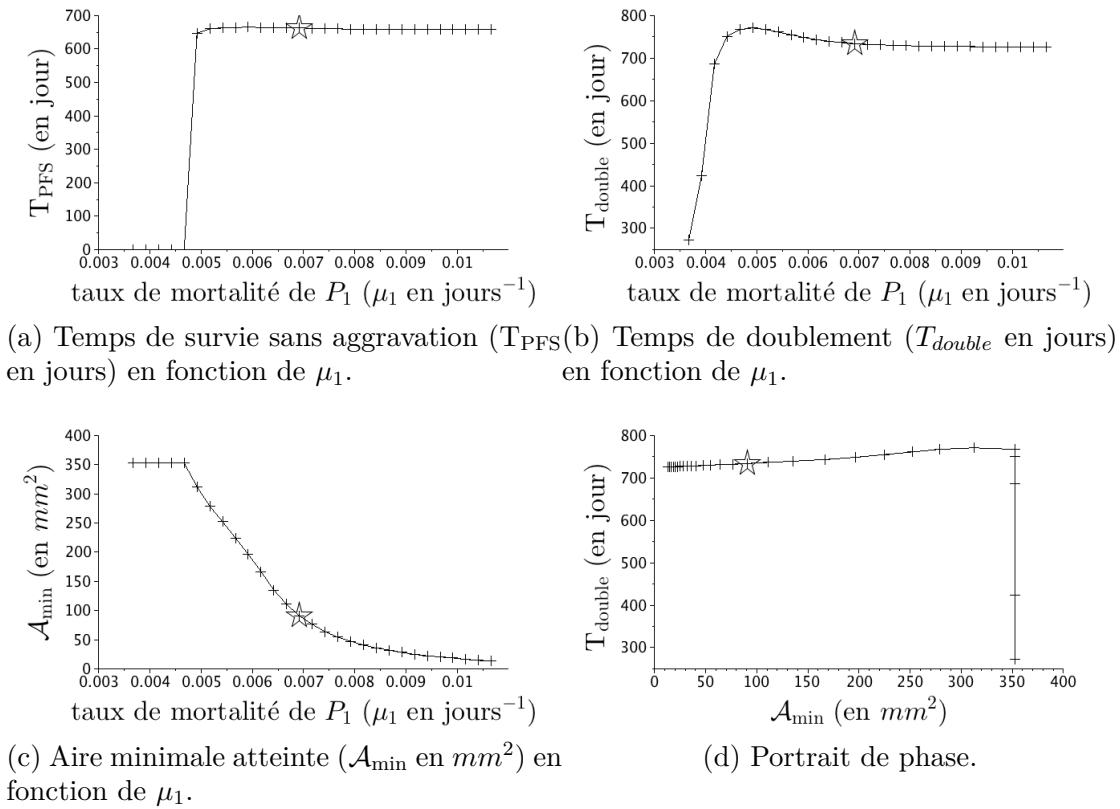


FIGURE 2.6 – Efficacité du traitement  $\mu_1$  sur Patient A. Les étoiles correspondent aux paramètres utilisés dans la Figure 2.1 pour le fit de l'aire tumorale.

Patient A), alors la croissance tumorale n'est pas stoppée. Pour  $\mu_1$  en dessus de ce seuil,  $T_{PFS}$  augmente rapidement et atteint un plateau, ce qui signifie qu'il n'est pas nécessaire d'augmenter la dose puisque cela n'aurait pas d'effet sur le temps de survie sans aggravation  $T_{PFS}$ .

Sur la Figure 2.6b est présenté le temps de doublement  $T_{double}$ . Comme nous pouvons le voir,  $T_{double}$  n'augmente pas avec l'augmentation de la dose au-delà du seuil  $\mu_{th}$ , ce qui signifie une fois de plus qu'il n'est pas nécessaire d'augmenter la dose au-delà d'une certaine valeur seuil.

L'aire minimale atteinte par la tumeur en fonction de  $\mu_1$  est présentée sur la Figure 2.6c. Notez que la courbe est décroissante : en effet plus  $\mu_1$  est élevé, plus l'aire minimale atteinte est petite. Cependant, comme le montre la Figure 2.6d, la relation entre la taille minimale et le temps de doublement n'est pas monotone. En particulier, si la taille minimale est très petite, alors le temps de doublement peut être plus petit. Ceci peut être dû à des mécanismes de sélection darwinienne : la population  $P_1$ , qui est prédominante lorsque la lésion est détectée, est tuée plus vite par le traitement et ainsi plus de place et de nutriments sont disponibles pour la croissance des populations résistantes  $P_2$  et  $P_3$ . Ainsi le temps de doublement devient plus court. Ces

courbes montrent qu'il existe un seuil  $\mu_{th}$  à partir duquel le traitement  $\mathcal{T}_1$  est efficace. Au-delà de ce seuil, l'aire minimale atteinte par la tumeur décroît, mais le temps de survie du patient n'augmente pas.

## 2.5 Discussion

Dans la section précédente, nous avons étudié en détail notre modèle sur un patient spécifique, Patient A, dont la lésion tumorale a été suivie par une série de scanners. Nous avons trouvé les paramètres qui rendent possible la comparaison qualitative des images médicales avec les images numériques, grâce à notre reconstitution numérique de scanners, et nous avons également fité l'aire tumorale. La lésion du patient est intéressante car elle est confinée à l'intérieur du foie, et donc son évolution n'est pas mécaniquement contrainte par l'organe. Cependant, dans certains cas, la métastase est proche du bord du foie. Dans de tels cas, il n'y a pas d'espoir de produire des résultats quantitatifs sur l'évolution spatiale de la lésion, mais dans la section suivante, nous montrerons que l'évolution de l'aire tumorale peut être correctement décrite.

### 2.5.1 Evolution de l'aire tumorale de Patient B

Dans cette section, on s'intéresse à Patient B, dont l'évolution tumorale est assez différente de celle Patient A. En effet le protocole clinique de ce patient est le suivant :

- i) Patient B est traité dans un premier temps avec un inhibiteur de tyrosine kinase mono-cible (imatinib), qui stabilise l'aire de la tumeur pendant plus de 10 mois avant une rechute.
- ii) Le sunitinib, inhibiteur de tyrosine kinase multi-cibles, est démarré mais contrairement à Patient A, il est totalement inefficace.
- iii) Un troisième traitement est administré. Le sorafenib est un autre inhibiteur de tyrosine kinase multi-cibles, qui a à la fois un effet cytotoxique et antiangiogénique. La tumeur semble être sensible à ce médicament pendant plusieurs mois jusqu'à ce qu'une nouvelle rechute arrive.

Malheureusement, comme illustré par la Figure 2.7g, l'évolution tumorale est très rapide entre le scanner du jour 429 et celui de jour 845 sur lequel la métastase a atteint le bord du foie, et ainsi, avec notre modèle nous n'avons pas espoir de fournir une croissance tumorale numérique qui soit spatialement en accord avec les scanners car les effets de bord de l'organe devraient être pris en compte. Par conséquent, nous nous intéresserons à la l'aire tumorale comme donnée par les cliniciens, le principal enjeu ici étant de capter une croissance aussi rapide.

---

7. Ne pas confondre la métastase avec la vésicule biliaire qui est plus grosse sur les deux premiers scanners.

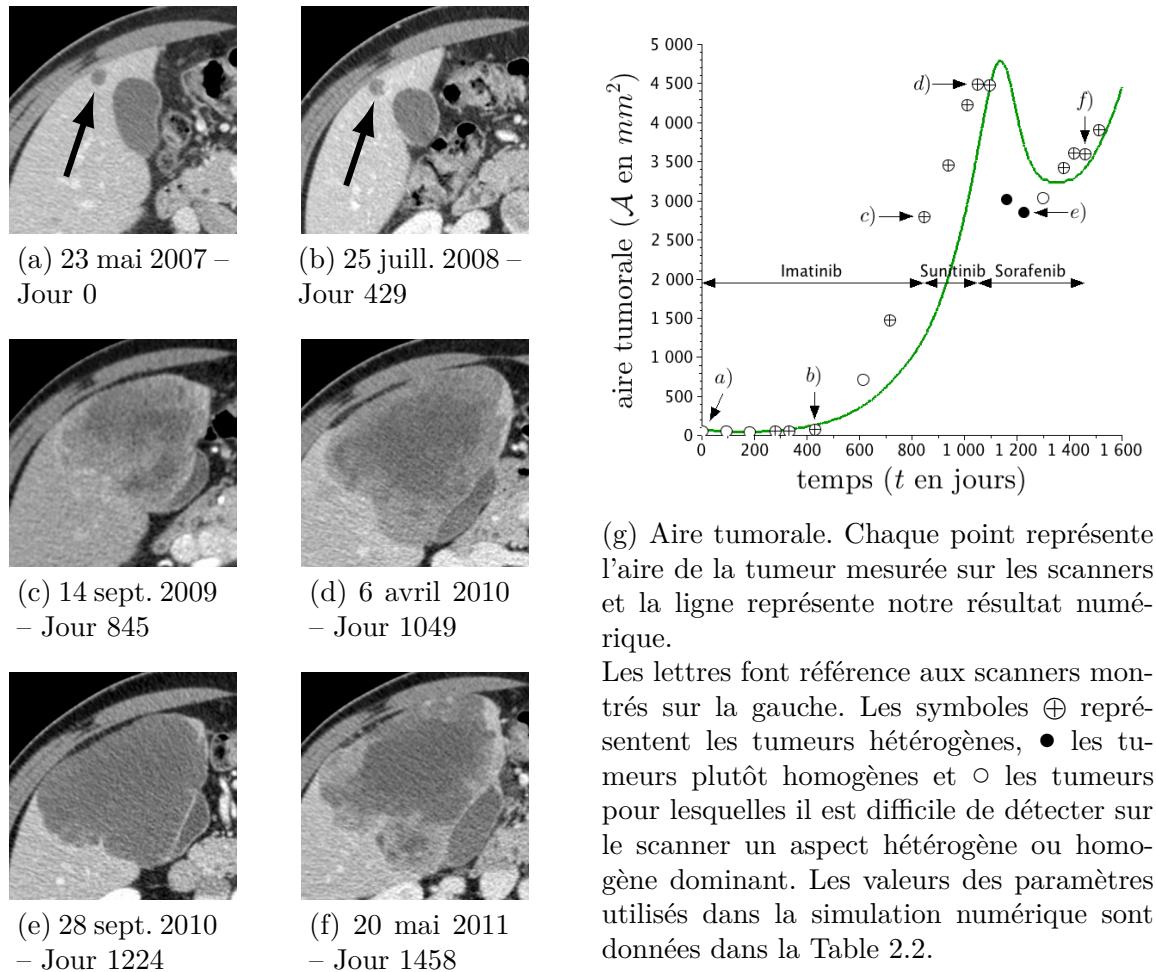
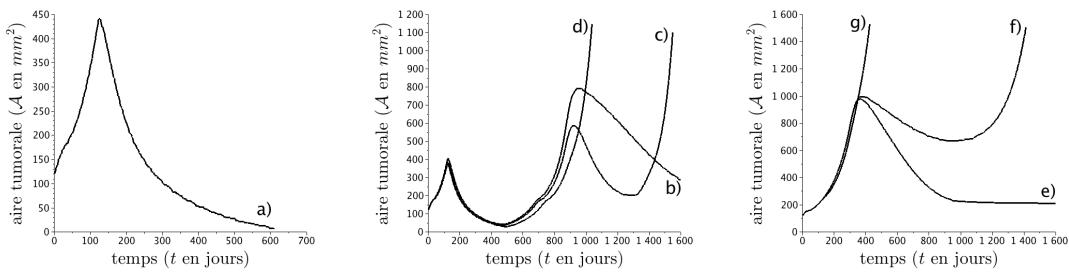


FIGURE 2.7 – Evolution spatiale de la métastase hépatique de Patient B sur une série de scanners. Nous examinons l'évolution de la lésion<sup>7</sup> située au départ en haut à gauche de la Figure 2.7a.

Comme le sunitinib est totalement inefficace dans ce cas, nous considérons que le traitement  $T_1$  est administré du jour 0 au jour 845, tandis que le traitement  $T_2$ , basé sur le sorafinib, est administré du jour 1049 au jour 1600. Nous avons trouvé des paramètres qui rendent possible la comparaison qualitative entre l'aire tumorale mesurée par les cliniciens et notre aire tumorale numérique. Ces paramètres sont donnés dans la Table 2.2. La donnée initiale a été choisie invariante par rotation, puisque nous ne pouvons pas ici de reproduire la forme de la métastase qui atteint rapidement le bord du foie. Comme on peut le voir, l'évolution tumorale est très raide : entre le jour 416 et le jour 614 l'aire de la tumeur a été multipliée par plus de 9, et une fois que le sorafenib est administré, l'aire décroît de  $4\ 500\ mm^2$  à  $2\ 850\ mm^2$ . Nous parvenons malgré tout à obtenir, au moins qualitativement, un tel comportement avec notre modèle, même si le fit n'est pas parfait.

Nous avons aussi examiné l'effet de l'efficacité du traitement  $\mathcal{T}_1$ , comme pour Patient A. On a pu observer que le temps de survie sans aggravation  $T_{PFS}$ , le temps de doublement  $T_{double}$  et l'aire minimale atteinte par la lésion  $\mathcal{A}_{min}$  ont le même profil que pour le patient étudié dans la section précédente. En particulier, il existe un seuil  $\mu_{th}$  en dessous duquel le traitement n'a aucun effet sur  $T_{PFS}$ . Ensuite une augmentation de la dose n'améliore pas non plus  $T_{PFS}$  qui atteint un plateau au-delà de  $\mu_{th}$  comme pour Patient A. Le temps de doublement  $T_{double}$  en fonction de  $\mu_1$  est également monotone, contrairement à  $\mathcal{A}_{min}$ . Ainsi, comme précédemment, au-delà du seuil  $\mu_{th}$ , le minimum de l'aire tumorale décroît encore, mais le temps de survie globale du patient n'est pas augmenté.

### 2.5.2 Consistance du modèle



(a) Imatinib à partir du jour 119      (b-c-d) Imatinib à partir du jour 119 jusqu'au jour 867      (e-f-g) Imatinib à partir du jour 119 jusqu'au jour 300 puis sunitinib juste après      puis sunitinib juste après

FIGURE 2.8 – Différents comportements pris en compte par notre modèle.

Notre modèle reproduit les données cliniques pour Patient A et Patient B. De plus, il est capable de traiter l'ensemble des comportements rapportés par les médecins comme le montre la Figure 2.8 (*cf.* Table A.1 dans la section des informations complémentaires pour les différentes valeurs des paramètres utilisés) :

- La métastase est contrôlée par le traitement  $\mathcal{T}_1$  (imatinib). Dans ce cas, il n'y a pas besoin de changer de traitement.
- La métastase est contrôlée par le traitement  $\mathcal{T}_1$  mais la tumeur recroît ensuite. Le traitement  $\mathcal{T}_2$  (sunitinib ou sorafenib) est alors administré avec succès et l'aire tumorale est contrôlée.
- La métastase est contrôlée par le traitement  $\mathcal{T}_1$  avant une première rechute. Le traitement  $\mathcal{T}_2$  (sunitinib ou sorafenib) est alors administré et

est efficace avant une seconde rechute.

- d) La métastase est contrôlée par le traitement  $\mathcal{T}_1$  avant une première rechute. Ensuite le traitement  $\mathcal{T}_2$  est totalement inefficace.
- e) Le traitement  $\mathcal{T}_1$  est totalement inefficace. Ensuite le traitement  $\mathcal{T}_2$  est efficace et l'aire de la tumeur est contrôlée.
- f) Le traitement  $\mathcal{T}_1$  est totalement inefficace. Ensuite le traitement  $\mathcal{T}_2$  est efficace avant une rechute.
- g) Le traitement  $\mathcal{T}_1$  est totalement inefficace. Ensuite le traitement  $\mathcal{T}_2$  est totalement inefficace. Ce type de profil est représentatif des patients avec une mutation génétique EXON, comme rapporté par Andersson *et al.* [?], ou Hirota *et al.* [?].

## 2.6 Conclusion

Dans cet article, nous avons fourni un modèle dépendant de chaque patient, basé sur des EDPs, qui décrit le comportement global de métastases hépatiques de GISTs durant les différentes étapes. Nous avons présenté les méthodes numériques utilisées pour résoudre le système d'EDPs et nous avons introduit un nouveau type de schéma WENO5, appelé twin-WENO5. Ensuite, le modèle a été numériquement comparé avec les observations cliniques concernant Patient A, qui a été traité successivement à l'imatinib puis au sunitinib. Comme présenté sur la Figure 2.1g, notre modèle fournit des résultats qui sont qualitativement en accord avec les données cliniques. En particulier, notre modèle est capable de décrire non seulement l'évolution de la taille de la lésion, mais aussi sa structure, comme l'illustrent les Figures 2.1 et 2.2.

Il est intéressant de noter que nos simulations numériques font apparaître une couronne de cellules proliférantes sur le pourtour de la tumeur juste avant la rechute. Ceci semble corroboré dans les scanners par l'augmentation de l'hétérogénéité tumorale, au sens des niveaux de gris, avant la rechute. Plus la métastase est hétérogène, plus la rechute est imminente. Ce résultat souligne le fait que le critère RECIST n'est pas suffisant pour évaluer l'efficacité d'un traitement.

Nous avons également étudié numériquement l'effet du paramètre  $\mu_1$ , lié à l'efficacité du traitement  $\mathcal{T}_1$ . Nous avons montré que, selon notre modèle, augmenter la valeur de  $\mu_1$ , ce qui peut être vu comme une augmentation de la dose administrée, ne fournit pas de meilleurs résultats en terme de survie sans aggravation comme le montre la Figure 2.6.

Il est important de noter que notre modèle fite bien les données, cependant il n'est pas prédictif. En effet, comme expliqué par la Figure 2.8b-c-d, on peut voir que les 3 comportements typiques b, c, d peuvent être obtenus avec le même comportement durant les 400 premiers jours. Ceci est dû au fait que sur les images médicales, il est compliqué de dire *à priori*, ce qu'il va se passer avant d'utiliser le second traitement, entre une tumeur principalement

composée de la population  $P_2$  (comme pour le cas b) de la Figure 2.8b-c-d) ou une tumeur avec une population  $P_3$  (comme donné par la courbe d) de la Figure 2.8b-c-d). En d'autre termes, on peut trouver différents jeux de paramètres qui donnent le même comportement initial. Ceci signifie que des données plus précises, comme de l'imagerie fonctionnelle, devront être nécessaires pour une meilleure analyse de la structure interne de la métastase.

En conclusion, nous avons fourni un modèle qui fite avec les scanners cliniques que nous avons. De futurs travaux consisteront à ajouter plus d'informations biologiques que nous ne pouvons pas obtenir depuis les scanners, afin d'obtenir un modèle prédictif. L'imagerie fonctionnelle (TEP-scan ou IRM) ou des biopsies pourraient enrichir le présent modèle.

## Préservation de l'invariance par rotation sur maillage cartésien

ou Vous avez dit trèfle à 4 feuilles ?

**C**ONSIDÉRONS le modèle que nous avons construit au chapitre précédent avec pour donnée initiale des densités invariantes par rotation. Le champ de vitesse (dont la divergence est donnée par ces mêmes densités, *cf.* Eq. EQREF) est donc invariant par rotation. Ainsi pour tout temps nos densités devraient être invariante par rotation. Sauf que sur maillage cartésien, avec les schémas numériques classiques, cette propriété n'est pas du tout conservée au fil du temps... Comme nous allons le présenter au début de ce chapitre, les lignes de niveaux, au départ circulaires, vont peu à peu se déformer devenant progressivement carrées puis prenant plus tard la forme d'un trèfle à 4 feuilles !... Deux pistes seront alors étudiées :

- défaut du schéma de diffusion
- défaut du schéma de transport

Une fois le défaut identifié, un correctif sera finalement proposé.

### 3.1 Présentation du problème

Sans plus tarder, présentons le problème en image. Sur la Figure 3.1, est présenté une simulation numérique du modèle EDP construit au chapitre précédent avec :

- un schéma à 5 points classique pour la diffusion,
- un WENO5 (avec splitting directionnel) pour le transport.

Partant d'une donnée initiale irrotationnelle, on constate que la simulation numérique peut générer une structure en forme de trèfle, comme présenté sur la Figure 3.1, alors que la forme circulaire devrait être préservée.

Ce problème n'apparaît pas de manière systématique. L'ensemble des simulations numériques réalisées pour Patient A, ne le faisait pas apparaître. Le problème a été identifié par incident, lorsque nous cherchions à recoller notre modèle aux données de Patient B.

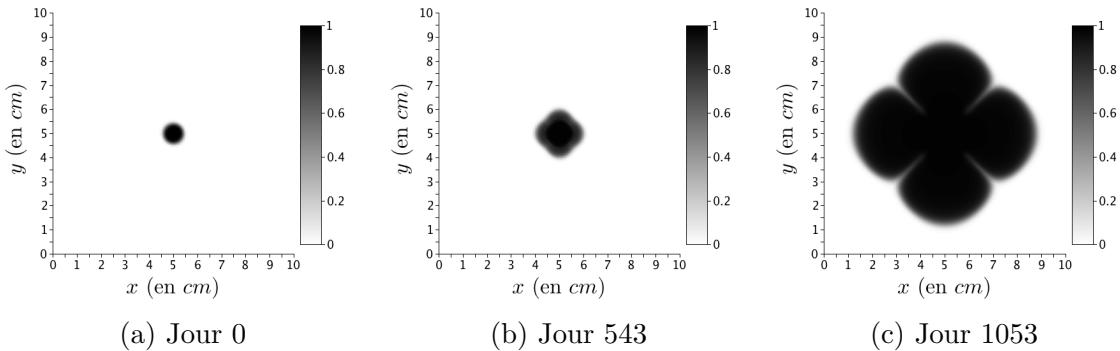


FIGURE 3.1 – Simulations numériques réalisées avec un WENO5 pour le transport et un Laplacien classique à 5 points pour la diffusion. Partant d'une donnée initiale circulaire, une structure en forme de trèfle apparaît.

Notez que ce type d'erreur sur la forme conduit à une erreur sur l'évolution de l'aire de la lésion. En effet la forme de trèfle augmente la surface de contact ce qui modifie l'interaction entre la vascularisation et la tumeur. Ce type d'instabilités doit être fixé.

## 3.2 Le schéma de diffusion

### 3.2.1 Influence de la condition limite

Le schéma associé à la diffusion a été le premier à être incriminé. En effet dans l'équation REFF ??, la condition limite (CL) est imposée au bord du eqref domaine de calcul  $\Omega$ , domaine qui est carré. La CL ne vérifie donc pas, dès le départ, l'invariance par rotation. Ceci est illustré sur la Figure 3.2 qui présente la solution de l'équation

$$\begin{cases} -\Delta \Pi(\mathbf{x}) = P(t = 0, x) & \text{dans } \Omega, \\ \Pi(\mathbf{x}) = 0 & \text{sur } \partial\Omega, \end{cases} \quad (3.1)$$

qui n'est autre que l'équation résolue lors de la première itération de l'algorithme sur le modèle complet ( $M$  étant initialisé au dessus du seuil d'hypoxie, on a alors au départ  $\gamma_{pp} = 1$  dans l'équation REF). De plus, comme  $N = 0$  au départ, on obtient alors  $\nabla \cdot \mathbf{v} = P$ , car  $k \equiv 1$ ). Dans les itérations suivantes certes le second membres de l'équation va varier, mais cela ne va pas changer le fait que la forme du bord impacte sur les lignes de niveaux.

L'effet carré sur les lignes de niveaux de la pression, apparait surtout près du bord du domaine de calcul. Ainsi, pour tenter de palier à ce défaut, la première idée fut de considérer un domaine plus grand, laissant une sorte de couche limite pour absorber les déformations. Des simulations numériques de notre modèle ont été réalisées en doublant la longueur dans chaque direction

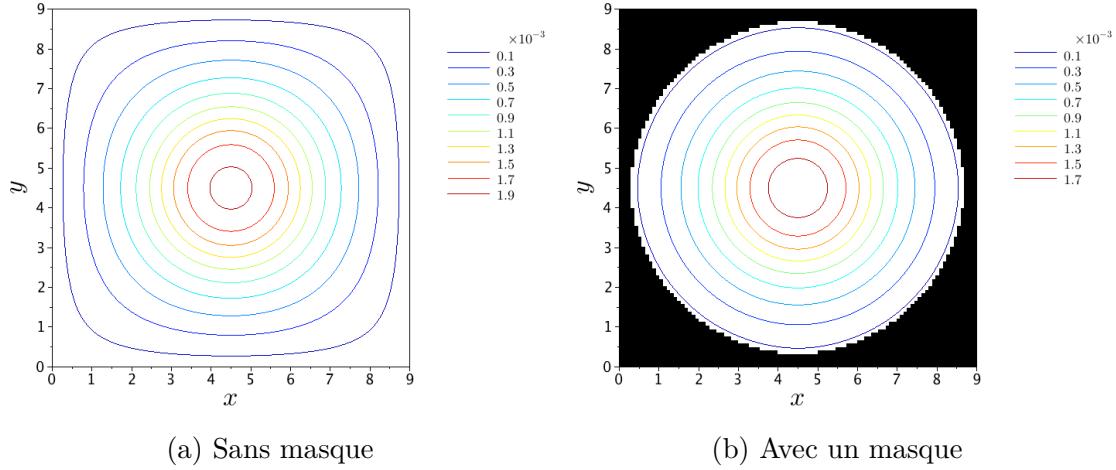


FIGURE 3.2 – Résolution de la pression donnée par un laplacien. La forme du domaine de calcul carré impacte sur le résultat.

(la taille d'une maille restant inchangée, on double aussi le nombre de maille). Malheureusement, une forme de trèfle est toujours visible. On a même du mal à distinguer visuellement si il y a eu une amélioration. Visiblement cette couche limite ne suffit pas. La seconde idée, fut donc d'imposer la CL sur un cercle, de sorte à ce que celle-ci soit invariante par rotation. Considérons alors un disque  $\mathcal{D}$  (un masque) inclus dans notre domaine de calcul initial  $\Omega$  et imposons la CL de Dirichlet sur son bord. L'équation REFF devient alors :

$$\begin{cases} -\Delta\Pi(t, \mathbf{x}) = F(t, \mathbf{x}) & \text{dans } \mathcal{D}, \\ \Pi(t, \mathbf{x}) = 0 & \text{sur } \partial\mathcal{D}, \end{cases} \quad \forall t > 0 \quad (3.2)$$

Pour résoudre cela on procède par pénalisation de tout ce qui est à l'extérieur du disque :

$$-\Delta\Pi(t, \mathbf{x}) = F(t, \mathbf{x}) + \frac{1}{\epsilon}\Pi\mathbb{1}_{\mathcal{D}^c}(\mathbf{x}), \quad (3.3)$$

où  $\mathcal{D}^c$  désigne le complémentaire de  $\mathcal{D}$ . Ainsi, le domaine de calcul reste  $\Omega$  entier, mais en dehors de  $\mathcal{D}$ , la pénalisation impose  $\Pi = 0$ . Cette technique nous garantit ainsi l'invariance par rotation de  $\Pi$  si le terme source  $F$  l'est. Comme on peut le voir sur la Figure ??, l'utilisation d'un masque permet bien d'assurer la préservation de l'invariance par rotation sur la pression. Malheureusement, les simulations numériques réalisées avec ce masque circulaire ne montre qu'une très légère amélioration de la forme : le trèfle persiste. Explorons alors une autre piste.

eqref

Montrer graphique ?

### 3.2.2 Schéma à 9 points

La forme du trèfle fait très clairement apparaître les directions du maillage. Il est alors légitime de se demander si un schéma avec un stencil à 9 points

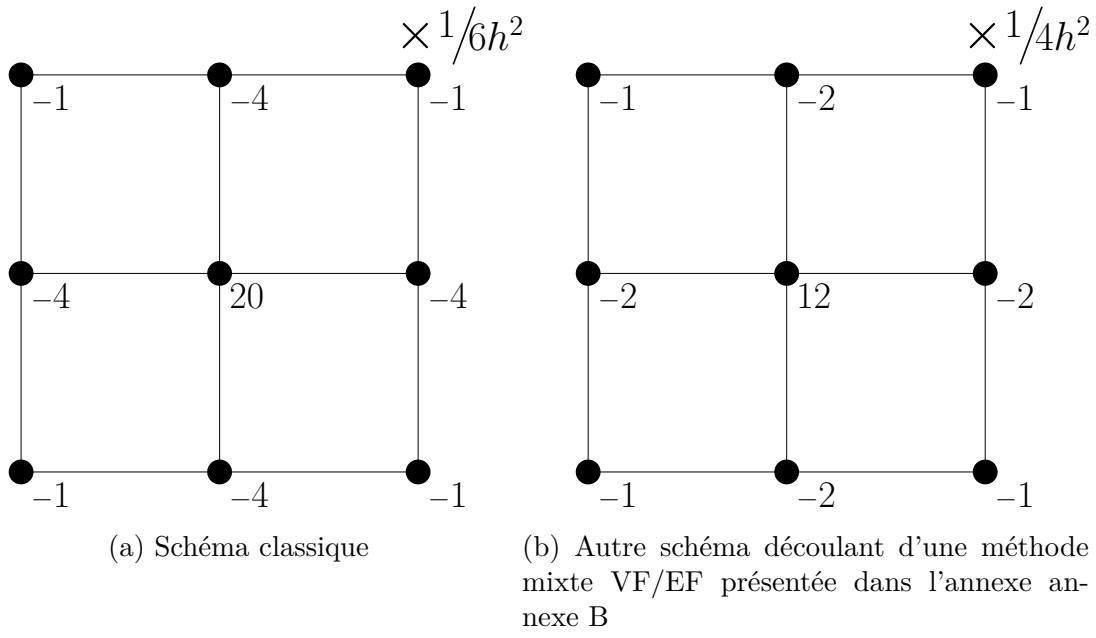


FIGURE 3.3 – Poids associés à chacun des points du stencil à 9 points de schémas discrétilisant le laplacien ( $h$  étant le pas d'espace, égal dans chaque direction).

ferait aussi apparaître ce genre de forme. Le premier schéma à 9 points essayé est le schéma classique, présenté notamment ?? ?, ayant des poids comme indiqué sur la Figure 3.3a. Aucune amélioration n'a malheureusement été constatée ... Un second schéma à 9 points a été imaginé à partir d'une méthode mixte éléments finis/volumes finis. Le principe est le suivant. Sur chaque maille  $\mathcal{M}$ , une approximation par un polynôme Q1 est réalisée à partir des valeurs aux quatre coins de la maille. Le flux au travers du volume de contrôle est alors calculé comme l'intégrale sur le bord de ce volume, de la dérivée du polynôme. Les détails concernant cette méthode sont présentés en annexe B. Il y est notamment montré que ce schéma mixte se ramène en réalité à un schéma à 9 points avec des poids un peu différents, comme présenté dans la Figure 3.3b. Ici encore le trèfle persiste. Explorons alors une autre piste.

bib ref

### 3.3 Le schéma de transport

#### 3.3.1 Reproduction du problème sur un modèle (très) réduit

Afin de démontrer que le responsable du trèfle est le schéma de transport, travaillons sur un modèle plus simple, le plus simple possible. Il sera *a priori* incapable de reproduire la biologie que l'on souhaite décrire mais il aura l'avantage de toujours présenter cette forme en trèfle. Ce nouveau mo-

dèle est construit à partir du modèle complet présenté au chapitre précédent, en faisant les simplifications suivantes :

- On enlève les parties modélisant les traitements cliniques. On peut donc ainsi considérer une seule et unique population proliférante.
- On supprime la partie vascularisation. Les taux de croissance  $\gamma_{pp}$  et  $\gamma_{pd}$  sont alors considéré constant, égaux à 1.
- On supprime le compartiment nécrosé, quitte à considérer que celle-ci est instantanément éliminée.

Le modèle complet en est alors réduit à :

$$\left\{ \begin{array}{l} \partial_t P + \nabla \cdot (\mathbf{v}P) = 0 \\ \nabla \cdot \mathbf{v} = P \\ \mathbf{v} = -\nabla \Pi \end{array} \right. \quad (3.4)$$

Notez qu'en injectant la seconde égalité dans la première équation, on obtient :

$$\partial_t P + \mathbf{v} \nabla P = -P^2 \quad (3.5)$$

Pour pouvoir incriminer le schéma de transport, réalisons une dernière simplification : donnons nous une vitesse. Ainsi seule l'équation (3.5) ci-dessus suffit. La vitesse est choisie de sorte à reproduire au mieux la vitesse du système complet. Le champ est d'abord dilatant (pour reproduire la croissance lors de la rechute au premier traitement) puis contractant (lorsque le second traitement agit). La transition entre les deux comportements est une phase dans laquelle on a un mélange des deux comportements. La Figure 3.4 présente l'un des profils de vitesse de la simulation numérique qui génère le trèfle, simulation que l'on a présentée sur la Figure 3.1. Au centre de la tumeur (autour de  $x = 5 \text{ cm}$ ), il y a un point de compression : la vitesse est centripète puisque  $v_x$  est positif à droite et négatif à gauche. De plus, aux alentours de  $1.5 \text{ cm}$  du centre de la tumeur, il y a une couronne de cellules proliférantes qui induit un mouvement d'étalement : la vitesse est centripète près du centre mais centrifuge plus loin.

graphique 3.5  
a refaire

La vitesse, que l'on impose dans (3.5), est alors choisie comme suit en fonction du rayon  $r(\mathbf{x}) = \|\mathbf{x} - \mathbf{x}_c\|$  uniquement ( $\mathbf{x}_c$  étant le centre du domaine de calcul de taille  $L \times L$ ) :

$$\mathbf{v}(t, \mathbf{x}) = v(t, r(\mathbf{x})) \frac{\mathbf{x}}{\|\mathbf{x}\|} \quad \text{avec} \quad v(t, r) = e^{-t} v_+(r) - \frac{t}{T_{\text{end}}} v_-(r), \quad (3.6)$$

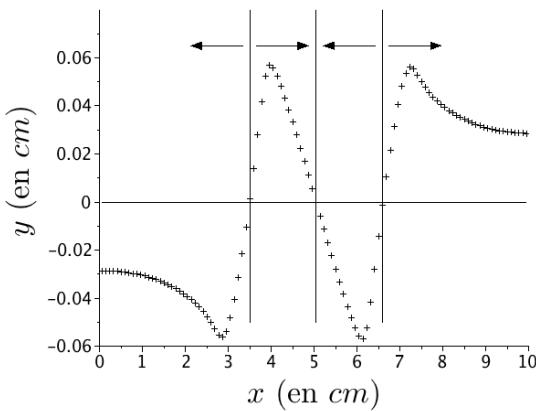


FIGURE 3.4 – Profil de la vitesse  $\mathbf{v}_x$  le long de  $\mathbf{e}_x$  au Jour 905 – Simulation numérique avec le modèle complet, dont la densité tumorale est présentée Figure 3.1

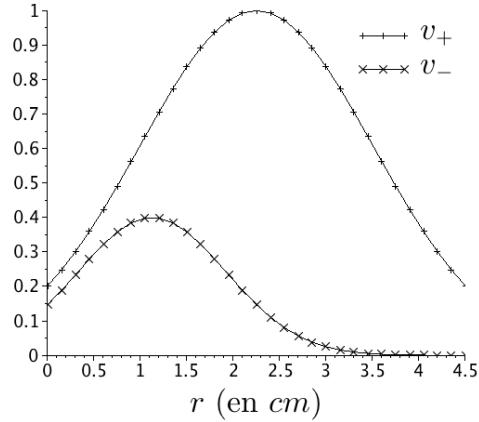


FIGURE 3.5 – Composantes de la vitesse imposée dans l'équation de transport (3.5) – Ici  $L = 9$  donc le rayon  $r$  varie entre 0 et 4,5

où  $T_{\text{end}}$  est le temps final de simulation (ici choisi à 1650 jours) et où  $v_-$  et  $v_+$  sont respectivement les vitesses contractantes et dilatantes :

$$v_-(r) = 0.4 \exp \left( \frac{-1}{10} \left( \frac{r - L/8}{L/8} \right)^2 \right), \quad (3.7)$$

$$v_+(r) = \exp \left( \frac{-1}{10} \left( \frac{r - L/4}{L/16} \right)^2 \right), \quad (3.8)$$

Le profil de ces 2 vitesses est présenté à titre indicatif sur la Figure 3.5.

La vitesse imposée est donc, par construction, complètement dilatante au départ et tends vers un comportement totalement contractant en temps long. La transition s'opère avec un mélange des 2 comportements :

- dilatant en périphérie, autour d'un rayon  $L/4 = 2.25$ ,
- contractant à l'intérieur, autour d'un rayon  $L/8 = 1.125$ .

Notez qu'ici la couronne dilatante ne coïncide pas avec le bord de la tumeur, puisque celle-ci est fixe : elle ne suit pas le front tumoral au cours du temps. Malgré cela, avec ce modèle extrêmement minimaliste, le trèfle à 4 feuilles apparaît lors de la simulation numérique, comme on peut le constater sur la Figure 3.6. Ici encore, les symptômes sont les mêmes : on voit d'abord apparaître une altération de la forme circulaire, qui amène à un carré (*cf.* Figure ??), ce qui conduit ensuite progressivement à une forme de trèfle (*cf.* Figure ??-??). Nous avons ainsi mis en évidence la responsabilité du schéma de transport dans l'apparition de la forme de trèfle non désirée.

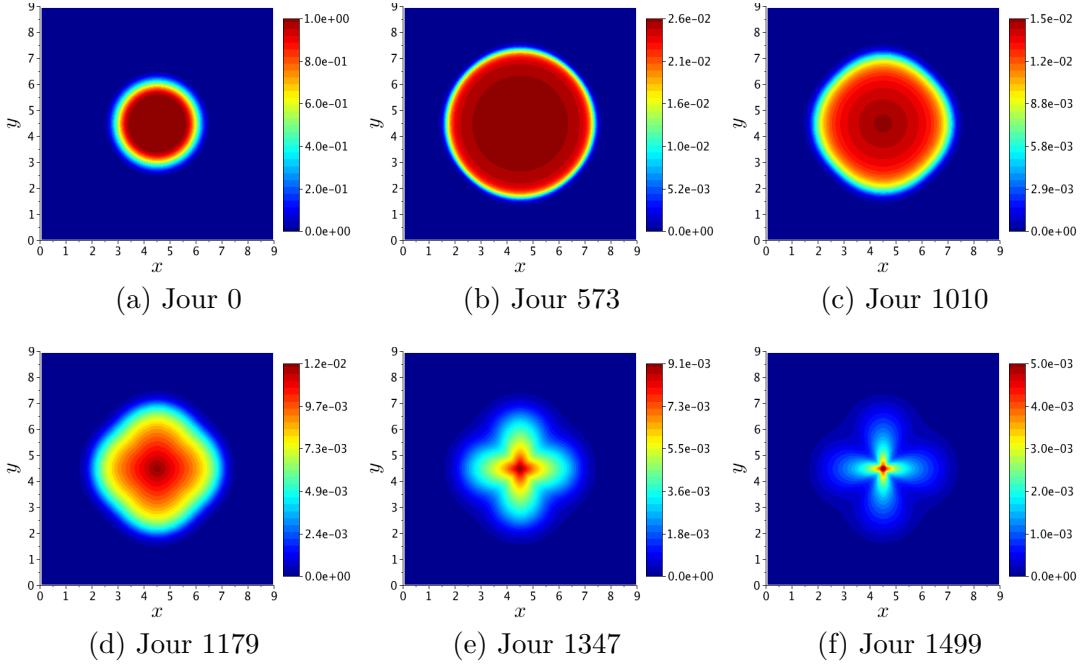


FIGURE 3.6 – Evolution de la densité  $P$ , solution numérique du modèle réduit (3.5) (vitesse imposée (3.6)) avec un WENO5 standard – La forme en trèfle est également visible sur le modèle réduit.

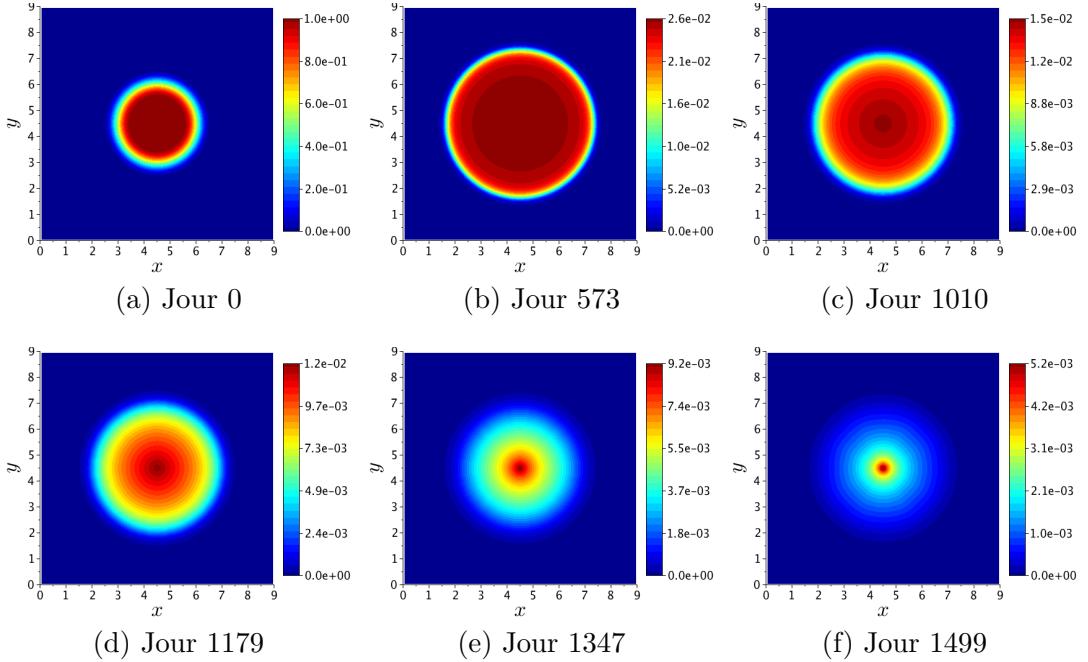


FIGURE 3.7 – Evolution de la densité  $P$ , solution numérique du modèle réduit (3.5) (vitesse imposée (3.6)) avec le schéma twin-WENO5 ( $\beta = 0.27$ ). – Comparé à la Figure 3.6, l'invariance par rotation est ici très nettement améliorée.

### 3.3.2 Méthode pour améliorer la préservation de l'invariance par rotation : le twin-WENO5

Le schéma WENO5 standard comme donné par [?] est précis dans la plupart des cas, cependant, comme nous venons de le voir, certains ensembles de paramètres produisent des instabilités numériques. De telles instabilités ont aussi été constatées avec un schéma classique upwind.

Le problème est dû au stencil du WENO5 qui tend à favoriser les directions du maillage lors de changement de direction de la vitesse. Plus précisément, pour le schéma classique WENO5, en tout point  $\mathbf{x}_{ij}$  de la grille, l'approximation numérique  $\mathbf{W}_{ij}^{n+1}$  de l'équation (2.29) au temps  $t^{n+1}$  est donnée par

$$\begin{aligned}\mathbf{W}_{ij}^{n+1} = \mathbf{W}_{ij}^n + \Delta t & \left( v_{ij}^{x,n} \mathcal{F} \left( \Delta x, (\mathbf{W}_{i+k,j}^n)_{k=-3, \dots, 3} \right) \right. \\ & \left. + v_{ij}^{y,n} \mathcal{F} \left( \Delta y, (\mathbf{W}_{i,j+k}^n)_{k=-3, \dots, 3} \right) \right),\end{aligned}\quad (3.9)$$

où  $v_{ij}^{x,n}$  et  $v_{ij}^{y,n}$  sont définis par (2.26) et où  $\mathcal{F}$  est le fonction de flux WENO5 donnée par [?].

Pour éviter ces instabilités numériques, proposons un schéma de transport dont le stencil n'est pas uniquement réparti selon 2 directions. Nous introduisons un nouveau schéma, baptisé twin-WENO5, qui consiste en une combinaison d'un WENO5 avec son stencil standard avec un autre WENO5 dont le stencil est basé sur les directions diagonales. Cette technique aura l'avantage de conserver l'ordre de convergence élevé du WENO5, tout en améliorant considérablement son aptitude à préserver une invariance par rotation. Plus précisément, le second stencil de ce schéma est une rotation d'angle  $\alpha$  du premier (*cf.* Figure 3.7), où  $\alpha$  est défini en fonction des pas d'espaces de la grille,  $\Delta x$  et  $\Delta y$ , par

$$\alpha = \arctan(\Delta y / \Delta x) \in (0, \pi/2). \quad (3.10)$$

Nous introduisons les coefficients  $(v_{ij}^{r,n}, v_{ij}^{\theta,n})$  et  $\Delta r$  définis par<sup>1</sup>

$$\begin{pmatrix} v_{ij}^{r,n} \\ v_{ij}^{\theta,n} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \cos \alpha & \sin \alpha \\ -\sin \alpha & \cos \alpha \end{pmatrix} \begin{pmatrix} v_{ij}^{x,n} \\ v_{ij}^{y,n} \end{pmatrix}, \quad \Delta r = \sqrt{\Delta x^2 + \Delta y^2}, \quad (3.11)$$

---

1. Les coefficients  $v_{ij}^{r,n}$  et  $v_{ij}^{\theta,n}$  sont définis de sorte que

$\mathbf{v}_{ij}^n = v_{ij}^{x,n} \mathbf{e}_x + v_{ij}^{y,n} \mathbf{e}_y = v_{ij}^{r,n} \mathbf{e}_r + v_{ij}^{\theta,n} \mathbf{e}_\theta$ , avec  $\mathbf{e}_r = \cos \alpha \mathbf{e}_x + \sin \alpha \mathbf{e}_y$ ,  $\mathbf{e}_\theta = -\sin \alpha \mathbf{e}_x + \cos \alpha \mathbf{e}_y$ .

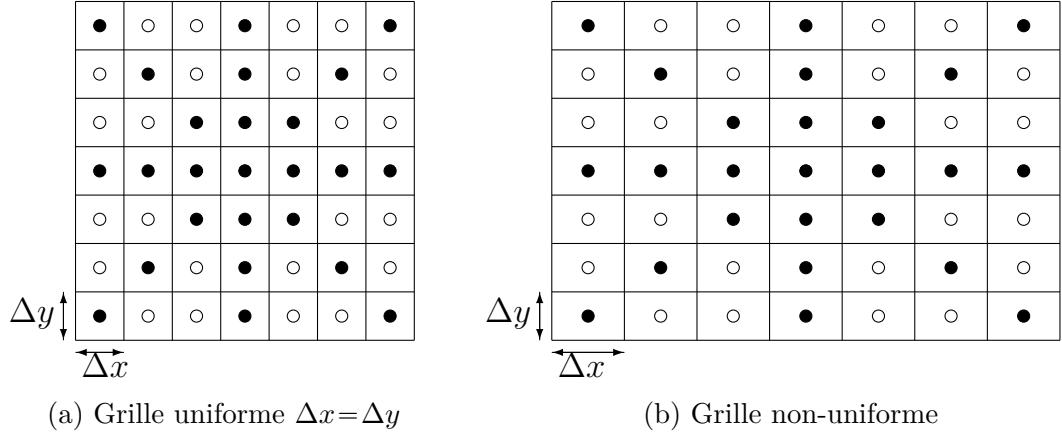


FIGURE 3.8 – Stencil du schéma twin-WENO5 pour une grille uniforme (à gauche) et une grille non-uniforme (à droite).

et nous discrétisons l'équation (2.29) grâce à notre schéma twin-WENO5 :

$$\begin{aligned} \mathbf{W}_{i,j}^{n+1} = & \mathbf{W}_{i,j}^n + (1 - \beta)\Delta t \left( v_{i,j}^{x,n} \mathcal{F} \left( \Delta x, (\mathbf{W}_{i+k,j}^n)_{k=-3,\dots,3} \right) \right. \\ & + v_{i,j}^{y,n} \mathcal{F} \left( \Delta y, (\mathbf{W}_{i,j+k}^n)_{k=-3,\dots,3} \right) \Big) \\ & + \beta\Delta t \left( v_{i,j}^{r,n} \mathcal{F} \left( \Delta r, (\mathbf{W}_{i+k,j+k}^n)_{k=-3,\dots,3} \right) \right. \\ & \left. \left. + v_{i,j}^{\theta,n} \mathcal{F} \left( \Delta r, (\mathbf{W}_{i-k,j+k}^n)_{k=-3,\dots,3} \right) \right) \right), \end{aligned} \quad (3.12)$$

où  $\beta \in [0, 1]$  est un paramètre numérique que nous devons choisir. En particulier pour  $\beta = 0$ , on retrouve le WENO5 standard.

Sur la Figure ??, on peut visualiser le bénéfice apporté par le twin-WENO5 sur le modèle réduit. Ici bien que le résultat final ne soit pas parfaitement circulaire (de l'ordre de quelques pourcents d'erreurs), on peut voir que la conservation de l'invariance par rotation est très améliorée. Cette amélioration est également rendue sur le modèle complet comme nous pouvons le voir sur la Figure 3.8, comparée à la même simulation présentée Figure 3.1, réalisée avec un WENO5 standard.

### Quelle est la valeur optimale pour le paramètre $\beta$ ?

Avec  $\beta = 1$ , on obtient un trèfle orienté dans les directions diagonales. Avec  $\beta = 0.5$  aussi ! Le fait que  $\Delta r$  soit supérieur à  $\Delta x$  favorise certainement la direction diagonale au détriment des autres. Pour l'équation (3.5) muni de la vitesse (3.6), la valeur optimale de  $\beta$  est de 0,26 (résultat fourni par une méthode de descente sur le paramètre  $\beta$ , précis à la seconde décimale). Cependant cette valeur du paramètre  $\beta$ , bien que faisant nettement moins apparaître le trèfle, ne semble pas être optimale pour le problème complet. Pour le jeu de paramètre de la simulation présentée sur la Figure 3.1, la

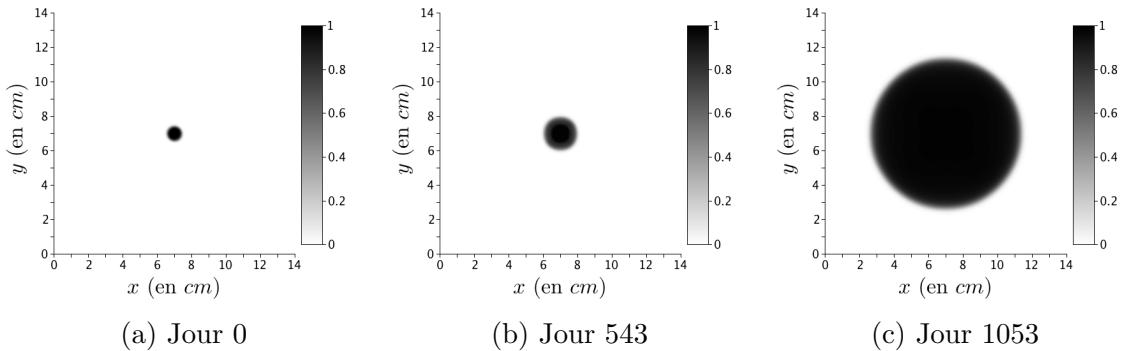


FIGURE 3.9 – Simulation numérique avec le schéma twin-WENO5 ( $\beta = 0.26$ ). Comparé à la Figure 3.1, la conservation de l'invariance par rotation est très clairement améliorée.

valeur  $\beta = 0.27$  est meilleure que 0.26. D'autres jeux de paramètres encore ont produit un optimal de  $\beta$  de 0.3. La valeur optimale du paramètre  $\beta$  n'est donc pas transcendante : elle ne dépend pas uniquement du schéma utilisé et des caractéristiques du maillage, mais aussi de la vitesse. L'étude du choix de ce paramètre en fonction de la vitesse n'a pas été réalisée ici. Nos simulations permettent d'en donner un encadrement : entre 0.2 et 0.4. Ici, nous nous limiterons à  $\beta$  constant en temps, ce choix améliorant déjà de manière très satisfaisante la conservation de l'irrotationnalité.

## Optimisation de la reconstruction d'images scanners

eqref

**M**AINTENANT que nous avons un modèle EDP qui reproduit bien les aspects constatés en clinique, interrogeons nous sur la manière de reconstruire une image en niveau de gris (image scanner) à partir des résultats numériques *i.e.* de l'évolution des densités  $N(t, x)$ ,  $P(t, x)$  et  $S(t, x)$  (toutes comprises entre 0 et 1). On tentera, dans ce chapitre, d'optimiser les niveaux de gris  $\tau_N$ ,  $\tau_P$  et  $\tau_S$  de l'interpolation EQREF afin de rapprocher au maximum la visualisation des résultats numériques de la visualisation des scanners médicaux.

### 4.1 Présentation de l'approche

Pour un patient donné, on considère  $n$  instants auxquels on possède des scanners (aux temps  $t_i$ ,  $i \in \{1, \dots, n\}$ ). Sur ces  $n$  images, on propose d'optimiser les coefficients (niveaux de gris) de l'interpolation  $\tau_N N + \tau_P P + \tau_S S$  où  $N$ ,  $P$  et  $S$  sont les populations définies dans le modèle présenté précédemment. Sur l'ensemble de ces images, on fait correspondre le niveau de gris moyen des images numériques à celui moyen des scanners, ce qui s'écrit :

$$\begin{aligned} & \frac{1}{\mathcal{A}(Z_1(t_i))} \left( \tau_N \int_{Z_1(t_i)} N(t_i, x) \, dx + \tau_P \int_{Z_1(t_i)} P(t_i, x) \, dx + \tau_S \int_{Z_1(t_i)} S(t_i, x) \, dx \right) \\ &= \frac{1}{\mathcal{A}(Z_2(t_i))} \int_{Z_2(t_i)} s(t_i, x, z_0) \, dx \quad i \in \{1, \dots, n\} \end{aligned} \quad (4.1)$$

où :

- $\mathcal{A}(Z)$  est l'aire de la zone  $Z$ .
- $Z_1(t_i)$  est la zone correspondant à la tumeur dans les simulations numériques au temps  $t_i$ . Elle est définie par un seuillage sur  $S$ .

specifier le seuillage ?

- $Z_2(t_i)$  est la zone tumorale sur le scanner réalisé au temps  $t_i$ . Cette zone a été définie par contourage manuel à l'aide du logiciel OsiriX.
- $z_0$  est la coupe que l'on choisie d'étudier dans les scanners. Cette coupe est approximativement la même au cours du temps.
- $s(t_i, x, z_0)$  est la valeur du niveaux de gris du pixel en position  $x$  sur la coupe  $z_0$  du scanner effectué au temps  $t_i$ .

En utilisant la discréétisation, aussi bien sur les simulations numériques que sur les scanners, on obtient :

$$\begin{aligned} & \frac{1}{\mathcal{N}(Z_1(t_i))} \left( \tau_N \sum_{x \in Z_1(t_i)} N(t_i, x) + \tau_P \sum_{x \in Z_1(t_i)} P(t_i, x) + \tau_S \sum_{x \in Z_1(t_i)} S(t_i, x) \right) \\ &= \frac{1}{\mathcal{N}(Z_2(t_i))} \sum_{x \in Z_2(t_i)} s(t_i, x, z_0) \quad i \in \{1, \dots, n\} \end{aligned} \quad (4.2)$$

où  $\mathcal{N}(Z)$  désigne le nombre de pixel contenu dans la zone  $Z$ . On a donc un système linéaire de 3 inconnues à  $n$  équations que l'on peut réécrire :

$$A\tau = B, \quad (4.3)$$

avec  $\tau = (\tau_N, \tau_P, \tau_S)$ ,  $A$  matrice de taille  $n \times 3$  et  $B$  vecteur colonne de taille  $n$ .

Pour ne pas se limiter au cas  $n = 3$  qui clos le système, on le résoud par la minimisation suivante :

$$\min_{\tau} J(\tau) \quad \text{avec} \quad J(\tau) = \frac{\|A\tau - B\|_{\ell^2}^2}{\|B\|_{\ell^2}^2} + \mathcal{P}(\tau), \quad (4.4)$$

où  $\mathcal{P}$  pénalise la fonction coût  $J$  lorsque l'une des composante de  $\tau$  est en dehors de l'intervalle  $[0; 255]$ . Une pénalisation en créneau sera considérée ici

$$\mathcal{P}(\tau) = 1e7 \times (\tau \notin [0; 255])^3. \quad (4.5)$$

## 4.2 Optimisation sur 3 paramètres

La résolution de l'équation (4.4) fournit le  $\tau$  optimal. Il y a cependant plusieurs manières de calculer cet optimum. On peut faire varier :

- le nombre d'images considérées
- les moments considérés
- l'algorithme d'optimisation lui-même

Dans tous les cas, on ne considèrera pas le premier scanner (numéro 0) car la condition initiale numérique EQREF n'est pas prise de sorte à respecter la répartition des niveaux de gris du scanner. Evitons donc d'inclure dans l'optimisation une erreur de base qui serait incompréhensible. On regardera des situations avec seulement 2 images (problème sous-déterminé) ou 3 images (problème fermé) ou plus (problème sur-déterminé).

Presenter les algo

EQREF

En ce qui concerne les algorithmes d'optimisations utilisés, nous en choisirons quatre :

Scanners pour l'optimisation	SLSQP			GC			Nelder-Mead			BFGS		
	$\tau_N$	$\tau_P$	$\tau_S$	Erreur	$\tau_N$	$\tau_P$	$\tau_S$	Erreur	$\tau_N$	$\tau_P$	$\tau_S$	Erreur
[1, 2]	39.08	145.73	195.76	7.0e-07	39.08	145.73	195.76	2.7e-11	37.34	145.08	200.62	5.5e-09
[1, 2, 3]	29.87	148.26	192.23	1.2e-02	54.09	151.32	153.71	1.2e-09	54.09	151.32	153.71	8.5e-11
[1, 2, 3, 4]	28.29	147.54	190.53	2.0e-02	61.29	153.52	136.77	4.0e-03	61.58	153.57	136.3	4.0e-03
[1, 2, 3, 4, 5]	27.06	146.73	188.18	2.7e-02	56.18	152.31	146.43	5.2e-03	56.35	152.32	146.23	5.2e-03
[1, 3]	30.72	146.69	192.06	1.0e-06	30.74	145.7	191.96	5.0e-03	35.66	147.67	183.96	2.2e-09
[1, 3, 5]	28.36	145.23	188.1	2.5e-02	58.7	152.23	146.13	5.2e-11	58.7	152.23	146.13	2.4e-11
[1, 2, 5]	28.84	146.19	189.06	3.2e-02	56.1	152.07	148.06	3.9e-11	56.1	152.07	148.06	4.4e-08
[1, 2, 3, 5]	28.07	147.06	189.07	2.8e-02	56.73	152.07	147.85	1.2e-03	56.76	152.08	147.82	1.2e-03
[1, 2, 3, 7]	66.03	154.63	127.93	5.1e-03	65.99	154.63	127.97	5.1e-03	66.06	154.62	127.92	5.1e-03
[1, 2, 5, 7]	24.09	158.07	152.67	3.8e-02	65.54	154.1	131.69	1.3e-02	65.77	154.09	131.56	1.3e-02
[1, 2, 9]	66.95	156.11	117.68	3.6e-06	66.95	156.11	117.68	3.1e-11	66.95	156.11	117.68	5.7e-08
[1, 7, 11]	15.19	153.63	148.95	1.7e-03	28.18	154.12	143.44	1.4e-10	28.18	154.12	143.44	7.6e-09
[1, 9, 11]	28.31	159.08	120.72	8.7e-03	28.33	159.08	120.75	8.7e-03	255.0	150.81	101.75	8.5e-03
[1, 2, 7, 11]	24.8	156.45	147.25	3.2e-02	60.86	155.38	129.69	3.9e-03	60.92	155.38	129.66	3.9e-03
[1, 3, 5, 7]	21.73	156.58	156.48	3.8e-02	74.46	154.4	126.77	1.1e-02	74.78	154.39	126.57	1.1e-02
[1, 3, 7, 11]	21.61	154.79	152.72	3.4e-02	68.12	155.64	126.72	4.7e-03	68.24	155.65	126.65	4.7e-03
[1, 3, 9, 11]	34.7	161.68	121.59	3.5e-02	73.74	157.46	116.9	7.7e-03	73.84	157.45	116.89	7.7e-03
[2, 3]	26.59	152.64	191.17	1.1e-02	35.77	163.3	152.67	7.4e-11	42.91	158.63	153.07	3.4e-09
[2, 3, 4]	25.3	150.49	188.98	2.4e-02	39.24	168.0	135.44	4.9e-03	0.0	193.74	133.11	4.8e-03
[2, 3, 5]	24.95	150.0	186.75	3.3e-02	35.25	165.75	147.57	1.2e-03	0.0	188.15	147.14	8.3e-04
[2, 3, 4, 5]	24.39	149.04	186.18	3.0e-02	36.07	165.1	146.11	6.3e-03	255.0	26.08	149.25	4.6e-03
[2, 5, 7]	38.95	171.19	131.26	1.6e-02	38.8	171.21	131.36	1.6e-02	0.0	196.02	130.85	1.6e-02
[2, 3, 5, 7]	39.05	171.6	130.96	1.4e-02	38.88	171.63	131.06	1.4e-02	0.0	196.35	130.63	1.4e-02
[3, 5, 7]	21.44	144.29	173.47	6.1e-02	41.24	175.3	126.62	1.3e-02	255.0	41.26	127.12	1.3e-02
Moyenne :	31.02	153.07	164.99		50.43	157.76	140.8		72.05	149.97	139.84	
												50.49, 157.82, 140.72

TABLE 4.1 – Tableau récapitulatif des optimisations pour les 3 niveaux de gris

- SLSQP (Sequential Least SQuares Programming) : Méthodes des moindres carrés
- GC : Gradient Conjugué
- Neldear-Mead : Algorithme basé sur une méthode du Simplex.
- BFGS (Broyden, Fletcher, Goldfarb, and Shanno) : Méthode quasi newtonnienne basée également sur une approximation de la dérivée.

Ref : Piocher ref algo : <http://docs.scipy.org/doc/scipy-0.15.1/reference/generated/scipy.optimize.minimize.html>

Ces algorithmes seront initialisés avec les paramètres  $\tau_N$ ,  $\tau_P$  et  $\tau_S$  de l'estimation visuelle du chapitre REF SECTION ET/OU PAGE . Lorsqu'il sont nécessaire, les gradients (voire les hessiennes) sont approximés par les algorithmes eux-même. Outre un vecteur de paramètre initial et la fonction coût à optimiser (4.4), aucune information supplémentaire n'est fournie à ces différents algorithmes.

[ref section](#)

La Table 4.1 synthétise une partie des résultats d'optimisation obtenus sur les différents tests qui ont été réalisés. On remarque que plus le nombre d'image considérées est grand, plus l'erreur à convergence a tendance à être grande. Ce comportement est attendu et ne pose pas de problème tant que l'erreur reste acceptable (de l'ordre de quelques pourcents). Augmenter le nombre d'images considérées s'avère utile pour rendre les optima moins sensibles aux perturbations éventuelles qu'il y a sur les données (bruit, marge d'erreur de segmentation manuelle, etc ...).

Presenter  
numerotation  
des scans

On peut de plus remarquer que selon les images choisies et selon les algorithmes choisis les résultats sont assez variables. Les moyennes des optima trouvés selon l'algorithme sont présentés sur la dernière ligne de la Table 4.1. Seul l'algorithme SLSQP se démarque des autres qui ont :

- une valeur moyenne de  $\tau_P$  supérieur à  $\tau_S$  alors qu'on s'attendrait plutôt à l'inverse... Des images ont été reconstituées avec des valeurs de  $\tau_S$  aux alentours de 140 et 150. Il apparaît que la couleur du tissu sain n'est pas bonne : il est beaucoup trop foncé.
- pour environ un tiers des combinaisons, une valeur de  $\tau_P$  proche de celle de  $\tau_S$ , ce qui ne facilite pas du tout le contraste du tissu proliférant avec le tissu sain.

L'algorithme Neldear-Mead semble le moins bon algorithme, au vu notamment des résultats fournis pour les combinaisons [1,9,11], [2,3,4,5] et [3,5,7] qui font apparaître une valeur de  $\tau_N$  de 255 ! Non seulement elle est grande, mais en plus elle atteint le bord autorisé. Notez que si l'on retire ces 3 valeurs de la moyenne présentée sur la dernière ligne du tableau, alors celle-ci s'approche des moyennes des algorithmes GC et BFGS.

Pour expliquer l'erreur commise sur  $\tau_S$ , on aurait pu penser à une large variabilité permise sur ce paramètre due à la présence très minoritaire de tissu sain dans la tumeur. Ainsi  $\tau_S$  serait très peu influent dans le calcul de

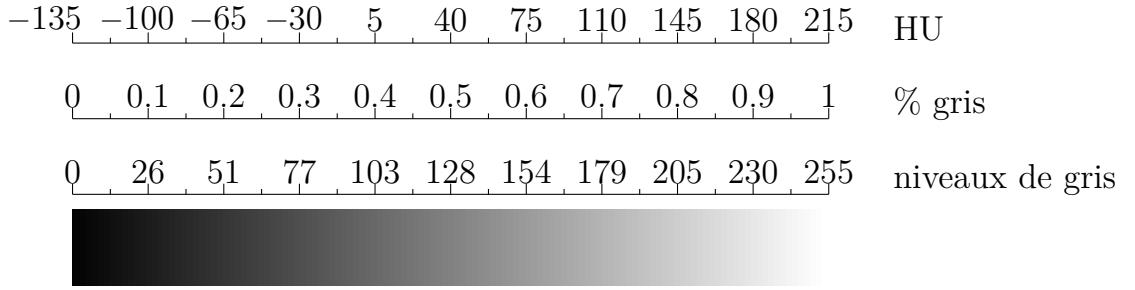


FIGURE 4.1 – Correspondance des niveaux de gris

l'erreur (4.4). Cependant après avoir examiné de plus près les valeurs des intégrales de l'équation (4.1) (*i.e.* les coefficients de la matrice  $A$ ), il y a toujours au moins 10% de cellules saines. La plupart du temps, elles sont réparties sur le pourtour de la tumeur, dans la zone de transition sur laquelle il y a un mélange de tissu sain et de tissu tumoral. Ceci écarte donc l'hypothèse avancée. On pourrait alors avancer des variations dans les données (bruit dans les images, erreur sur le contourage, variation du temps d'acquisition du scanner qui impacte sur les niveaux de gris, ...) pour justifier cela, mais les impacts sont difficiles à mesurer. Il n'en reste pas moins que le niveau de gris  $\tau_S$  est mal estimé. Pour palier à cela, nous allons le fixer dans la section suivante.

### 4.3 Optimisation sur 2 paramètres, $\tau_S$ fixé

Pour essayer de palier aux problèmes rencontrés dans la section précédentes, nous allons fixer  $\tau_S$  à une valeur de 197 (sur l'échelle des niveaux de gris de 0 à 255). Cette valeur a été fixée en réalisant un contourage d'une zone de tissu sain dans OsiriX (*cf.* Figure 4.2). La moyenne de ce contourage est de 134.5 HU. Le niveau de gris étant échelonné linéairement entre -135 et 215, on peut ainsi faire correspondre cette quantité en HU à un niveau de gris compris entre 0 et 255 (*cf.* Figure 4.1). Ainsi, selon l'échelle considérée ici, 134.5 HU équivaut à un gris de 77% soit un gris de niveau 197.

Titre figure  
4.1 à revoir  
...

Ainsi nous résolvons toujours (4.3), mais ici avec

$$\begin{aligned}
 A_{k,\dots,\tau} &= \frac{1}{\mathcal{N}(Z_1(t_i))} \left( \tau_N \sum_{x \in Z_1(t_i)} N(t_i, x) + \tau_P \sum_{x \in Z_1(t_i)} P(t_i, x) \right), \\
 B_k &= \frac{1}{\mathcal{N}(Z_2(t_i))} \sum_{x \in Z_2(t_i)} s(t_i, x, z_0) - \bar{\tau}_S \sum_{x \in Z_1(t_i)} S(t_i, x) \quad i \in \{1, \dots, n\},
 \end{aligned} \tag{4.6}$$

où  $A_{k,\dots}$  désigne la k-ième ligne de la matrice  $A$  et où  $\bar{\tau}_S$  est fixé à 197.

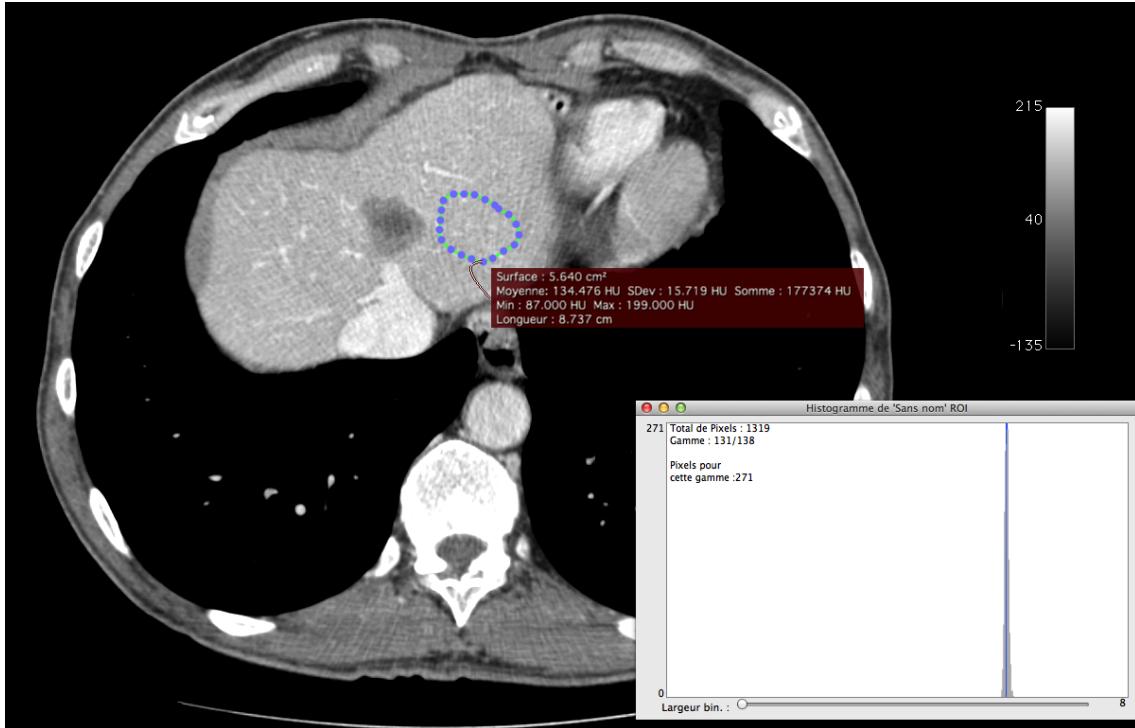


FIGURE 4.2 – Contourage d'une zone saine réalisé à l'aide du logiciel OsiriX – Moyenne de la valeur des pixels dans ce périmètre : 134.5 HU (avec une échelle HU de -135 à 215).

Les premiers essais ont été réalisés avec la même fonction coût (4.4) et avec la même pénalisation (4.5) que pour l'optimisation sur 3 paramètres. L'ensemble des résultats d'optimisation de  $\tau_N$  et de  $\tau_P$  avec  $\tau_S$  fixé à 197 est fourni dans les Tables 4.2 et 4.3.

La table 4.2 présentent les cas correctement convergés. Ici les niveaux de gris moyens fournis sont conformes aux attentes dans le sens où l'on a  $\tau_N < \tau_P < \tau_S$ . Ici encore l'algorithme basé sur la méthode des moindres carrés se démarque des 3 autres qui fournissent des aptima très similiaire.

Cependant dans certaines configurations, présentées dans la Table 4.3, les algorithmes tendent vers un jeu de paramètres optimal qui s'approche du bord 0 ou du bord 255, voire même qui est négatif (*i.e.* non convergence de l'algorithme d'optimisation). Même en écartant les configurations qui tendent vers le bord 0, il reste encore quelques combinaisons qui paraissent très pathologiques avec  $\tau_N \gg \tau_S$  ce qui est aberrant. Notons que l'algorithme basé sur la méthode des moindres carrés semble moins touché par ce problème. Ces erreurs pourraient être des notamment au fait que la pénalisation choisie (4.5) présente une discontinuité. Les algorithmes de descente fonctionnant sur une approximation du gradient peuvent ainsi être perturbé par cette discontinuité aux abords des bornes autorisées. Dans l'annexe C page 89 est détaillé l'enquête menée sur les fonctions de pénalisations. Des pénalisations plus régulières ont été testées (parabole tronquée et parabole tronquée régularisée)

Scanners choisis pour l'optimisation	Algorithmes d'optimisation			
	SLSQP $\tau_N, \tau_P$	GC $\tau_N, \tau_P$	Nelder-Mead $\tau_N, \tau_P$	BFGS $\tau_N, \tau_P$
[1, 2]	38.64, 145.56 Err : 8.0e-07	38.64, 145.56 Err : 2.7e-11	38.64, 145.56 Err : 8.6e-08	38.64, 145.56 Err : 3.4e-11
[1, 2, 3]	33.65, 145.78 Err : 1.3e-02	33.6, 145.8 Err : 1.3e-02	33.63, 145.79 Err : 1.3e-02	33.67, 145.78 Err : 1.3e-02
[1, 2, 3, 4]	27.62, 145.69 Err : 3.2e-02	26.63, 146.05 Err : 3.2e-02	26.53, 146.08 Err : 3.2e-02	26.51, 146.08 Err : 3.2e-02
[1, 2, 3, 4, 5]	25.93, 144.01 Err : 5.1e-02	19.97, 146.34 Err : 4.9e-02	19.82, 146.4 Err : 4.9e-02	19.77, 146.42 Err : 4.9e-02
[1, 3]	27.72, 146.09 Err : 5.5e-07	27.42, 146.12 Err : 5.3e-04	27.72, 146.09 Err : 1.9e-08	27.72, 146.09 Err : 2.3e-11
[1, 3, 5]	27.55, 142.69 Err : 5.0e-02	12.47, 146.8 Err : 4.2e-02	12.35, 146.84 Err : 4.2e-02	12.34, 146.84 Err : 4.2e-02
[1, 2, 5]	28.23, 144.23 Err : 5.6e-02	20.87, 146.33 Err : 5.4e-02	20.71, 146.38 Err : 5.4e-02	20.68, 146.39 Err : 5.4e-02
[1, 2, 3, 5]	27.26, 144.83 Err : 5.0e-02	23.32, 146.22 Err : 5.0e-02	23.17, 146.27 Err : 5.0e-02	23.16, 146.27 Err : 5.0e-02
[1, 2, 3, 7]	25.65, 141.8 Err : 1.3e-01	11.26, 146.64 Err : 1.3e-01	10.86, 146.77 Err : 1.3e-01	10.78, 146.81 Err : 1.3e-01
[1, 2, 9]	28.58, 134.69 Err : 2.9e-01	34.13, 133.49 Err : 2.9e-01	35.21, 133.25 Err : 2.9e-01	35.33, 133.23 Err : 2.9e-01
[1, 3, 9, 11]	29.62, 133.93 Err : 2.5e-01	19.26, 135.52 Err : 2.5e-01	17.99, 135.72 Err : 2.5e-01	17.55, 135.83 Err : 2.5e-01
Moyenne :	29.13, 142.66	24.32, 144.08	24.24, 144.1	24.19, 144.12

TABLE 4.2 – Tableau récapitulatif des optimisations réalisées sur 2 niveaux de gris,  $\tau_S$  fixé à 197, avec un créneau comme pénalisation de l'intervalle – cas favorables

mais n'améliorent que très peu le résultat final. Ceci nous amène à penser que ce n'est donc pas la régularité de la pénalisation qui est à mettre en cause mais les données elles-mêmes. Certaines combinaisons d'images fourniraient donc de mauvais résultats.

Pour une combinaison de 2 ou 3 images, on s'attend à ce que l'optimum soit la solution exacte du système linéaire, et ce indépendamment de l'algorithme choisi. Dans la mesure où ce n'est pas le cas, nous devons nous interroger sur le conditionnement des systèmes que l'on résout. S'il ne sont pas bien conditionné, alors une petite perturbation des données entraîne un très grand écart sur la solution du système. Bien que nous ne résolvions pas directement le système, mais que nous effectuons une minimisation, ces problèmes de sensibilité aux données n'ont aucune raisons de ne pas se reporter. La Table 4.4 présente les conditionnements (rapport de la plus grande valeur propre sur la plus petite) associés aux différentes combinaisons d'image que nous avons examinés. Pour les cas ayant bien convergés (partie inférieure des tableaux), le conditionnement reste raisonnable (excepté peut-être pour le cas [1,2,3]). Maintenant, si on examine les cas ayant mal convergés, on constate des conditionnements très élevés (dans la partie supérieure des ta-

Scanners choisis pour l'optimisation	Algorithme d'optimisation			
	SLSQP $\tau_N, \tau_P$	GC $\tau_N, \tau_P$	Neldear-Mead $\tau_N, \tau_P$	BFGS $\tau_N, \tau_P$
[2, 3]	25.49, 150.89 Err : 1.9e-02	31.85, 146.9 Err : 1.9e-02	255.0, 6.31 Err : 1.4e-02	226.63, 22.8 Err : 1.6e-02
[2, 3, 4]	23.64, 147.84 Err : 4.4e-02	32.94, 142.01 Err : 4.3e-02	255.0, 2.76 Err : 3.6e-02	220.28, 27.1 Err : 4.0e-02
[2, 3, 5]	22.75, 146.5 Err : 6.9e-02	27.06, 143.79 Err : 6.9e-02	255.0, 0.39 Err : 6.6e-02	223.15, 18.18 Err : 6.7e-02
[2, 3, 4, 5]	21.9, 145.05 Err : 6.5e-02	27.6, 141.48 Err : 6.5e-02	253.36, 0.0 Err : 6.0e-02	222.72, 21.59 Err : 6.3e-02
[2, 5, 7]	15.96, 135.58 Err : 2.0e-01	24.3, 130.33 Err : 2.0e-01	231.68, 0.0 Err : 2.0e-01	219.66, 12.28 Err : 2.0e-01
[1, 7, 11]	0.0, 139.22 Err : 1.1e-01	0.3, 139.4 Err : 1.1e-01	0.0, 139.65 Err : 1.0e-01	0.11, 131.97 Err : 1.2e-01
[1, 9, 11]	31.17, 131.88 Err : 2.7e-01	-0.01, 134.01 Err : 3.3e+02	0.0, 134.11 Err : 2.6e-01	2.14, 140.56 Err : 2.7e-01
[1, 2, 7, 11]	28.41, 138.98 Err : 1.3e-01	6.75, 143.27 Err : 1.2e-01	6.3, 143.36 Err : 1.2e-01	6.13, 143.4 Err : 1.2e-01
[1, 3, 7, 11]	27.94, 137.75 Err : 1.2e-01	0.03, 142.99 Err : 1.1e-01	0.0, 143.06 Err : 1.1e-01	0.09, 145.57 Err : 1.1e-01
[3, 5, 7]	13.92, 132.24 Err : 1.9e-01	14.03, 132.18 Err : 1.9e-01	225.52, 0.0 Err : 1.9e-01	13.91, 132.23 Err : 1.9e-01
[1, 3, 5, 7]	23.41, 137.16 Err : 1.4e-01	-0.04, 144.54 Err : 1.4e+04	0.0, 144.78 Err : 1.2e-01	1.2, 148.93 Err : 1.3e-01
[2, 3, 5, 7]	18.39, 139.46 Err : 1.7e-01	23.89, 136.02 Err : 1.7e-01	240.58, 0.0 Err : 1.7e-01	216.95, 18.63 Err : 1.7e-01
[1, 2, 5, 7]	24.17, 138.77 Err : 1.4e-01	-0.03, 146.6 Err : 9.2e+03	0.0, 146.65 Err : 1.3e-01	0.01, 144.07 Err : 1.3e-01

TABLE 4.3 – Tableau récapitulatif des optimisations réalisées sur 2 niveaux de gris,  $\tau_S$  fixé à 197, avec un créneau comme pénalisation de l'intervalle – cas défavorables.

bleaux, les conditionnements dépassent  $10^3$ ). Le conditionnement semble donc expliquer la plupart des configurations non convergentes avec 2 ou 3 images. Pour les configurations où l'on considère un plus grand nombres d'images, si un sous-ensemble d'images fournit une configurations instable, alors il y a de fortes chances que l'image (ou les 2 images) supplémentaire(s) ne parvienne(nt) pas à contrebalancer cette instabilité. On pourra donner comme exemple la configuration [2,5,7] pour laquelle l'ajout de l'image n°1 ne fournit pas d'amélioration (*cf.* résultats de la configuration [1,2,5,7]) ou bien la configuration [1,3,5,7] qui n'améliore pas la configuration [3,5,7] ou encore la configuration [1,3,7,11] qui n'améliore pas non plus la configuration [1,7,11].

Pour les configuration contenant l'image n°11, on peut aussi avancer que le modèle EDP n'est pas proche de la réalité en terme de volume tumorale (*cf.* Figure REFF). Bien qu'ici les niveaux de gris soit moyennés, il y a certainement des erreurs qui se reportent sur nos systèmes.

ref

Scanners choisis pour l'optimisation	Conditionnement matrice 3x3	Scanners choisis pour l'optimisation	Conditionnement matrice 2x2
[2, 3, 4]	1.5e+07	[2, 3]	1.2e+05
[2, 3, 5]	2.8e+05	[1, 2]	1.6e+01
[2, 5, 7]	3.1e+06	[1, 3]	1.8e+01
[1, 7, 11]	1.8e+03		
[1, 9, 11]	1.6e+07		
[3, 5, 7]	4.7e+06		
[1, 2, 3]	6.7e+02		
[1, 3, 5]	1.5e+02		
[1, 2, 5]	6.9e+01		
[1, 2, 9]	2.2e+01		

TABLE 4.4 – Conditionnement (rapport de la plus grande valeur propre sur la plus petite).

## 4.4 Conclusion

L'algorithme basé sur la méthodes des moindres carrés semblent plus robustes que les autres méthodes examinées. Bien que plus robuste, il peut également fournir des résultats biaisés dans le cas de système mal conditionnés. Il est donc important d'examiner le conditionnement – ou du moins le conditionnement des sous-systèmes carrés – pour donner de la crédibilité (ou non) aux optima fournis.

Dans les cas bien conditionnés, les optima fourni sont relativement proches les uns des autres même en faisant varier la méthode d'optimisation ou bien les images considérées comme en atteste la Table 4.2. Dans la suite de ce manuscrit, on fixera alors les niveaux de gris  $\tau_N = 25$ ,  $\tau_P = 143$  et  $\tau_S = 197$ .



## Critère quantifiant l'hétérogénéité.

DANS ce chapitre, nous allons construire un critère permettant permettant de quantifier l'hétérogénéité d'une tumeur. A chaque image, on construira l'histogramme des niveaux de gris associés aux tumeurs. Dans un premier temps, les images cliniques seront considérées. Les histogrammes associés à ces scanners (que l'on appellera par abus de langage « histogramme clinique ») seront ensuite étudiés. Plusieurs quantités seront examinées afin de construire un quantificateur de l'hétérogénéité. Dans un second temps, nous appliquerons le même traitement aux images produites par la simulation numérique du modèle EDP présenté précédemment. Les histogrammes des images produites numériquement (que l'on appellera aussi par abus de langage « histogramme numérique ») seront présentés et comparés à ceux cliniques. De même, le quantificateur de l'hétérogénéité que l'on aura construit, sera appliqué aux histogrammes numériques et nous pourrons ainsi voir à quel point le modèle EDP est capable de reproduire les aspects homogènes et hétérogènes des tumeurs que l'on considère.

### 5.1 Construction des histogrammes de niveaux de gris.

Dans cette section, il s'agit, à partir d'une image donnée en niveaux de gris et d'un contour donné, de reconstruire l'histogramme des niveaux de gris des pixels présents à l'intérieur du contour. Une telle zone est communément appelée ROI (de l'anglais : Region Of Interest). Dans la suite, pour une image donnée, on :era  $p(\mathbf{x})$  la valeur du pixel (comprise entre 0 et 255) situé en position  $\mathbf{x}$ . Ainsi les données de l'histogramme sont représentées par la liste (ensemble avec valeur multiples autorisées) :

$$X := \{ p(\mathbf{x}) \mid \mathbf{x} \in \text{ROI} \}, \quad (5.1)$$

et l'histogramme lui-même, que l'on normalise, est donné par la fonction :

$$H(x) = \frac{\#X_x}{\#X}, \quad \forall x \in \{0, 1, 2, \dots, 255\} \quad (5.2)$$

où  $x$  désigne un niveau de gris et  $X_x$  désigne la partition de la liste  $X$  qui ne contient que les éléments  $x$  (le symbole  $\#$  désignant le cardinal).

### 5.1.1 Histogrammes cliniques

Les données dont nous disposons sont celles produites par le scanner (*cf.* Chapitre 1.4 pour la procédure d'acquisition d'images médicales). Beaucoup plus riche qu'un agglomérat de pixels, ces données (méta-images) au format DICOM, nécessitent l'utilisation d'un outil adapté pour les visualiser. OsiriX est ainsi utilisé pour :

- Choisir une coupe pertinente sur chaque scanner et l'exporter (également au format DICOM) de sorte à avoir ensuite des données 2D à traiter.
- Contourer manuellement la métastase. OsiriX dispose d'un outil crayon adapté à ce type de contourage. Ce contourage définit une ROI, que l'on peut également exporter (au format .xml)

Description du processus médical pour les scanners :  
ajout ici ?

A partir de ces 2 fichiers, un code C++, s'appuyant sur la librairie ITK qui traite entre autre le format DICOM, permet de :

- Construire l'histogramme des niveaux de gris en parcourant l'ensemble des pixels du scanner contenus uniquement dans la ROI. A titre indicatif, l'ensemble des histogrammes cliniques de Patient A et de Patient B sont présentés Figure A.4 et A.5. Nous les commenterons plus tard.
- Produire des images sur lesquelles le contour est visible. L'ensemble des contourages effectués pour Patient A et pour Patient B sont présentés respectivement Figure A.2 et A.3.

Commenter les histogrammes

Commenter les contourages ?

Remarquons que, comme montré sur la figure 4.2, le logiciel OsiriX, permet de visualiser directement l'histogramme des niveaux de gris d'une ROI. Cependant, il n'y a aucune possibilité d'exporter ces histogrammes... De plus on souhaite appliquer autant que possible, un traitement similaire aux images cliniques et aux images numériques, images numériques qui ne peuvent être traiter avec OsiriX. Le développement d'un code pour réaliser ceci était donc nécessaire.

### 5.1.2 Histogrammes numériques

Pour les histogrammes numériques, seule une image est reconstruite par la simulation. Le contour quant à lui va être défini à partir des fichiers de sorties des simulations qui stockent la densité des différentes populations donnée par notre modèle EDP, en chacune des mailles du quadrillage. En utilisant la reconstruction d'images scanners détaillée au chapitre précédent, on peut

fournir une image en niveaux de gris à partir de ces valeurs. En ce qui concerne le contour, il sera défini par seuillage sur le tissu sain : si la proportion de tissu sain est inférieur à un pourcentage donné, alors on considérera que l'on est à l'intérieur de la tumeur, sinon on est à l'extérieur. Nous avons donc également dans cas, une image en niveaux de gris et une ROI. Le code C++ pour la partie clinique peut être réutilisé et produira ainsi les histogrammes numériques.

### 5.1.3 Traitements appliqués aux histogrammes : fit par un mélange bi-gaussien

Le but de ce chapitre est de mettre en exergue l'aspect hétérogène de certaines tumeurs. Sur les scanners dont il est question d'hétérogénéité, on voit clairement deux composantes distinctes de niveaux gris qui se dégagent au sein de la tumeur. Nous avons donc choisi de décrire chacun des histogrammes (que l'on a au préalable normalisés) à l'aide d'une somme de deux gaussiennes :

$$g(x) = g_1(x) + g_2(x) \quad \text{avec} \quad g_i(x) = h_i \exp\left(\frac{-1}{2}\left(\frac{x - c_i}{\sigma_i}\right)^2\right), \quad (5.3)$$

où :

- $c_i$  est le centre de chacune des gaussiennes,
- $\sigma_i$  est l'écart-type de chacune des composantes,
- $h_i$  est la hauteur de chaque composante. Elles sont données par :

$$h_i := \frac{w_i}{\sigma_i \sqrt{2\pi}} \quad i = 1; 2, \quad (5.4)$$

où  $w_i$  est le poids associés à chacune des composantes. Notez que les poids sont choisis de telle sorte que :

$$w_1 + w_2 = 1. \quad (5.5)$$

Ainsi, selon les besoins de l'écriture et pour mettre en évidence dans certains cas le nombre de paramètres, on pourra alléger les notations de la manière suivante :

$$w_1 := w \quad \text{et} \quad w_2 = 1 - w. \quad (5.6)$$

De même, lorsqu'on aura besoin d'écrire  $g$  en fonction de ces paramètres sans besoin de distinction sur la nature de ceux-ci, on écrira  $g(x, \theta)$  avec  $\theta = (c_1, c_2, \sigma_1, \sigma_2, w)$ .

L'optimisation des 5 paramètres  $c_1, c_2, \sigma_1, \sigma_2$  et  $w$  est réalisée grâce à une librairie Python nommée Scikit-learn, qui contient un module dédié aux mélanges gaussiens. Ce module procède d'abord à une clusterisation des données par la méthodes des K-moyennes afin d'estimer les centres des composantes.

Le jeu de paramètres résultant est ensuite donné comme point de départ à une méthode de descente aléatoire qui cherche à maximiser la logvraisemblance. Par algorithme de descente aléatoire, on entend qu'étant donné un jeu de paramètres courants, on réalise les étapes suivantes :

- 1) Un nouveau jeu de paramètres est choisi dans un certain périmètre (plus ou moins grand) autour du jeu de paramètres courants.
- 2) La logvraisemblance de ce nouvel ensemble de paramètres est calculée. Si elle est meilleure que celle du jeu de paramètres courants, alors ce nouveau jeu de paramètres devient le jeu courant. Sinon le jeu de paramètres courants reste celui qu'il était.
- 3) On recommence à 1). On boucle ainsi jusqu'à ce qu'une précision voulue soit atteinte ou que nous ayons atteint le nombre maximum d'itérations que l'on souhaite faire à l'algorithme.

La vraisemblance, dont on maximise le logarithme selon  $\theta$ , est quant à elle donnée par :

$$\mathcal{L}(X, \theta) = \prod_{x \in X} g(x, \theta). \quad (5.7)$$

Quelques soit  $\theta$ , l'intégrale de  $g$  vaut 1 (*cf.* Propriété D.1.2, page 97 dans l'annexe D). Ainsi la vraisemblance est le produit des probabilités que chacun des éléments de  $X$  appartiennent à la distribution de paramètre  $\theta$ .

Cet algorithme de mélanges de gaussiennes nous fournit alors la meilleure (au sens de la logvraisemblance) combinaison de gaussiennes qui permet de décrire l'histogramme des niveaux de gris. Ainsi, à chaque image correspond un mélange bi-gaussien totalement identifié. L'ensemble des fits bi-gaussien, pour les images cliniques et numériques, sont présentés sur les Figures A.4 et A.5 pour les histogrammes cliniques et sur les figures ??? pour les histogrammes cliniques. Voyons à présent, comment pouvons-nous exploiter ceci pour quantifier une hétérogénéité.

Fig fit histo  
num, on  
commente  
les histos ?  
les fits ?

Img + histo  
numérique ?

## 5.2 Définition d'une fonction objectif à reproduire

Afin de correctement traduire l'hétérogénéité, il est nécessaire de fournir une fonction objectif que notre critère devra reproduire au mieux. Ainsi, j'ai décidé de catégoriser l'ensemble des scanners de nos patients. Le partage des scanners est ainsi fait en 5 catégories, en associant à chaque catégorie une valeur de l'hétérogénéité  $\mathcal{H}$  :

- $\mathcal{H} = 0.9$  : très hétérogène
- $\mathcal{H} = 0.7$  : plutôt hétérogène
- $\mathcal{H} = 0.5$  : cas intermédiaire ou difficile à caractériser
- $\mathcal{H} = 0.3$  : plutôt homogène

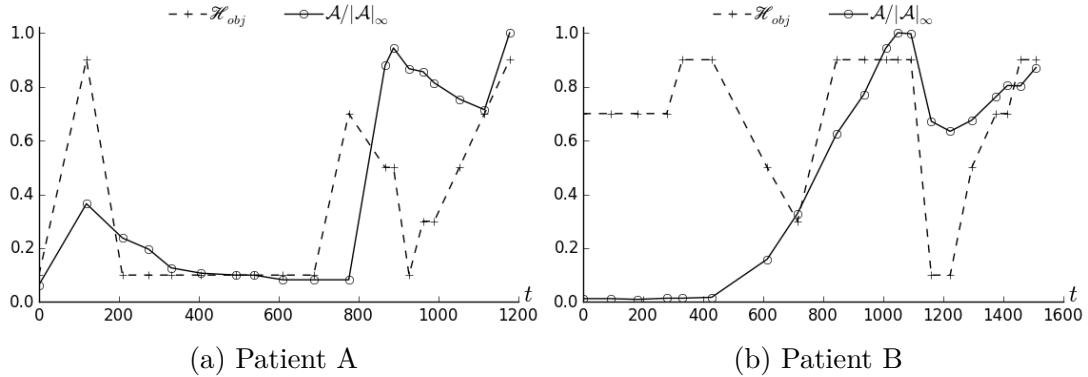


FIGURE 5.1 – Fonction objectif de l'hétérogénéité

- $\mathcal{H} = 0.1$  : très homogène

**Comment visuellement bien apprécier l'hétérogénéité ?** Pour correctement classifier les images dans les 5 catégories que nous venons de dresser, il est nécessaire de savoir précisément ce que l'on entend : à quoi correspond une hétérogénéité de 0 % ? de 100 % ? Une hétérogénéité nulle (*i.e.* homogénéité parfaite) correspond à un aplat d'une seule et unique couleur. A l'opposé, étant données 2 couleurs bien distinctes, on dira que l'hétérogénéité est maximale, si ces 2 couleurs occupent chacune la moitié de la zone considérée. Une hétérogénéité intermédiaire pourra être un cas où :

- soit les 2 couleurs sont relativement proche,
- soit l'une des deux couleurs occupe un faible espace comparé à celui occupé par l'autre couleur,
- soit aussi un mélange des deux raisons précédentes.

En se conformant à ces règles, l'appréciation visuelle<sup>1</sup> des images cliniques nous donne les fonctions objectifs  $\mathcal{H}_{obj}$  (*cf.* Figure 5.1) que notre quantificateur de l'hétérogénéité se devra de reproduire. Notons que Patient A est encore ici un cas très représentatif de ce que l'on cherche à étudier *i.e.* qui montre bien la corrélation entre hétérogénéité et rechute imminente. En effet, ici l'hétérogénéité croît avant même que le volume tumorale ne réaugmente, signe de la reprise d'activité cellulaire sur le pourtour de la métastase. Le cœur reste nécrosé et donc l'hétérogénéité est accrue. Lorsque le volume tumorale

1. Cette appréciation visuelle reste ma perception personnelle même si je me suis efforcer de rester le plus objectif possible. Mettre à contribution les membres de l'équipe de recherche par exemple, pour leur demander une catégorisation aurait pu permettre de confronter l'évolution de l'hétérogénéité au cours du temps que je perçois à celle que perçoivent les autres. La fonction objectif finale pourrait ainsi être la moyenne de celles que chacun obtient. On aurait donc un peu plus de nuances : des valeurs intermédiaires aux 5 paliers notamment ainsi que des barres d'erreurs pour chaque valeur.

fini par augmenter, le tissu proliférant a, en grande partie (si le centre de la tumeur est suffisamment vascularisé), recolonisé la zone nécrosée. La croissance de la métastase est alors synonyme d'homogénéisation, puisque l'ensemble de la surface tumorale tend à être proliférante. Une homogénéisation a également lieu lorsque le traitement est efficace. Dans ce cas-ci, l'ensemble de la tumeur tend à être nécrosée.

Bien que nous ayons 2 patients à notre disposition, je m'efforcerais de construire un critère qui reproduira convenablement la fonction objectif pour Patient A uniquement. Le second patient, Patient B, sera gardé pour valider le ou les critère(s) retenu(s) et non pour le ou les construire. L'idéal serait bien sûr d'avoir à notre disposition une plus large cohorte de patient.

### 5.3 Premiers essais de critères

On considère désormais l'approximation en un mélange de deux gaussiennes des histogrammes de niveaux de gris provenant de nos images. La définition faite de l'hétérogénéité dans la section précédente, nous invite à prendre en compte non pas les positions des gaussiennes, mais plutôt leur écarts. Plus les gaussiennes sont similaires, et plus on tends vers un cas homogène. Notons  $\Delta$  l'opérateur de différence défini par :

$$\Delta : u \longmapsto \Delta u := u_2 - u_1, \quad (5.8)$$

et

$$Q : u \longmapsto Qu := \frac{\min(u_2, u_1)}{\max(u_2, u_1)}. \quad (5.9)$$

l'opérateur de ratio. Ainsi les quantités suivantes pourraient s'avérer intéressantes à étudier :  $\Delta c$ ,  $\Delta \sigma$ ,  $\Delta \sigma^2$ ,  $\Delta h$ ,  $\Delta w$  représentant respectivement l'écart entre les centres, la différence d'écart-type, la différence des variances, la différence des hauteurs et la différences des poids. On pourra aussi regarder leur ratio :  $Qc$ ,  $Qw$  et  $Qh$  notamment. Naïvement, on pourrait penser que ces quantités pourraient être des indicateurs directs de l'hétérogénéité. Examinons donc, les informations que fournissent les quantités suivantes :

$$(5.10) \quad \mathcal{H}_1 = \frac{|\Delta c|}{256}, \quad | \quad \mathcal{H}'_3 = Qw, \quad (5.13)$$

$$(5.11) \quad \mathcal{H}'_1 = 1 - Qc, \quad | \quad \mathcal{H}_8 = \sqrt{2\pi} |\Delta h|, \quad (5.14)$$

$$(5.12) \quad \mathcal{H}_3 = 1 - |\Delta w|, \quad | \quad \mathcal{H}'_8 = Qh. \quad (5.15)$$

Notons que les ratios  $Qc$ ,  $Qh$  et  $Qw$  sont par définition entre 0 et 1. Pour les quantités  $\Delta h$  et  $\Delta w$  la propriété suivante nous permet aussi d'assurer la même condition.

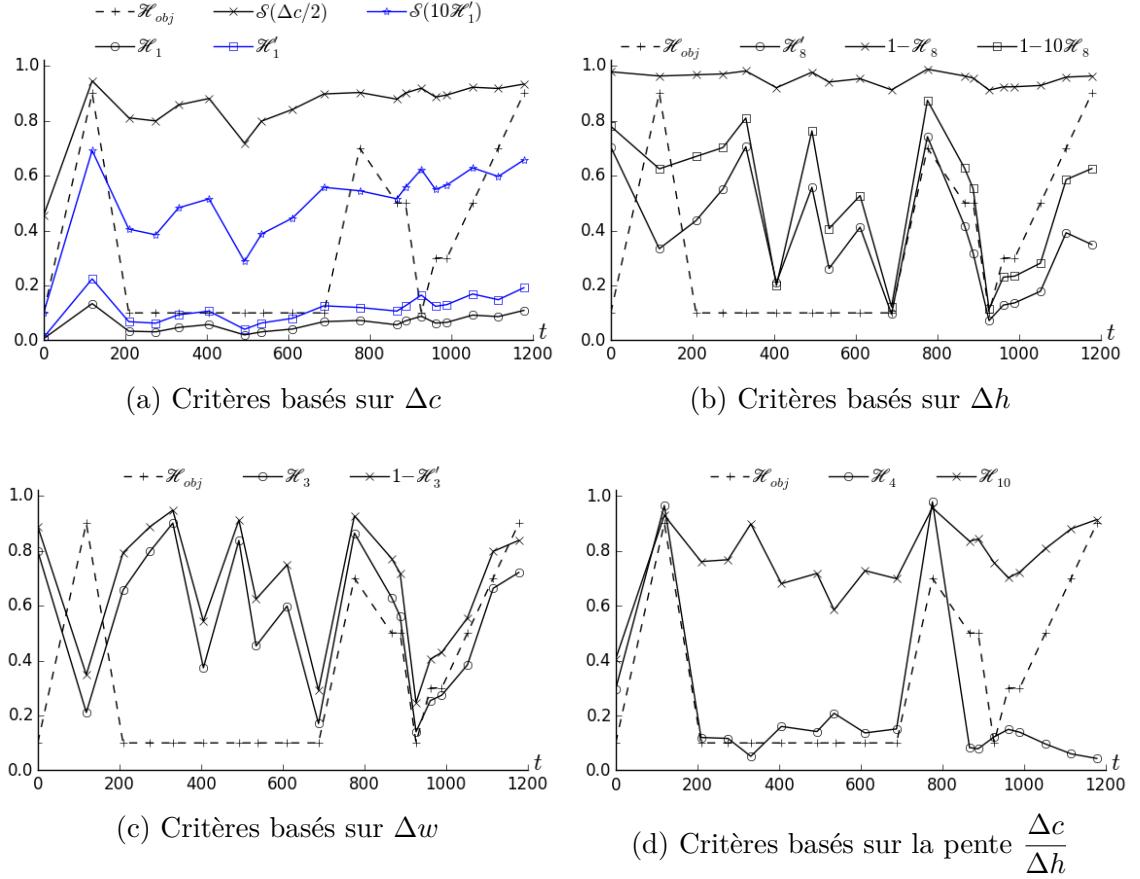


FIGURE 5.2 – Premiers critères

**Propriété 5.3.1.** Soit l'intervalle  $I = ]0, a[$  avec  $a > 0$ . Alors :

$$\forall (x, y) \in I^2, |x - y| < a - \min(x, y). \quad (5.16)$$

En particulier, on a :  $\forall (x, y) \in I^2, |x - y| < a$ .

La démonstration de cette propriété est quasiment immédiate par disjonction des cas  $x = y$ ,  $x < y$  et  $x > y$ .

Ainsi, par cette propriété, comme les poids  $w_i$  sont compris entre 0 et 1, alors  $\Delta w$  l'est aussi. De même, comme  $\sigma_i \geq 1$  alors,  $h_i < 1/\sqrt{2\pi}$  et donc  $\Delta h < 1/\sqrt{2\pi}$ . En ce qui concerne  $\Delta c$ , rien n'assure qu'il soit dans l'intervalle  $[0; 1]$ . On le divisera par 256, pour également l'y ramener. De manière plus générale, pour garantir l'appartenance d'une quantité positive à l'intervalle  $[0, 1]$ , on pourra lui appliquer la fonction de saturation :

$$S : x \mapsto \frac{x}{1 + x}. \quad (5.17)$$

La Figure 5.2.abc montre l'évolution des quantités (5.10)-(5.15) au cours du temps, avec application d'une saturation pour certaines. Tout d'abord, on peut remarquer les équivalences suivantes :

$$\mathcal{H}_1 \simeq \mathcal{H}'_1 \quad \text{et} \quad \mathcal{H}_3 \simeq \mathcal{H}'_3 \quad (5.18)$$

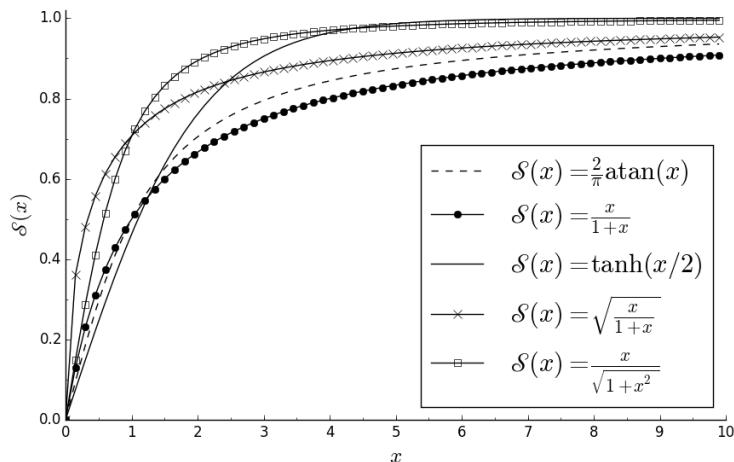


FIGURE 5.3 – Equivalence des différentes saturations

Ce comportement était attendu puisque les ratios varient varie de manière inverse aux différences. Pour  $\mathcal{H}_8(\sim |\Delta h|)$  et  $\mathcal{H}'_1(\sim 1 - Qh)$ , on a visiblement pas d'équivalence stricte mais les variations du ratio semble être une dilatation de celles de la différence comme le montre la courbe représentant  $1 - 10\mathcal{H}_8$  sur la Figure 5.2b.

On peut noter également que  $Qh$  et  $Qw$  sont très similaire et reproduisent assez bien la partie sur laquelle le patient est sous antiangiogénique.

Outre ces similitudes, on remarque qu'aucune de ces quantités n'est pertinente pour décrire l'hétérogénéité. Les quantités  $\Delta c/256$  et  $Qc$  n'excèdent pas 20 %. Sur la Figure 5.2a sont aussi présentées deux dilatations de ces courbes. Même après dilatation, l'écart des centres ne semble pas pertinent pour décrire l'hétérogénéité : mise à part le premier pic qui semblent capté, le reste de la courbe varie trop peu. Pour ce qui est des quantités  $\mathcal{H}_8$ ,  $\mathcal{H}'_8$ ,  $\mathcal{H}_3$  et  $\mathcal{H}'_3$  l'hétérogénéité sur la partie angiogénique (après le jour 700) semble correctement captée. On ne peut pas en dire autant sur la première partie de la courbe.

Etudions donc de nouveaux critères. Les prochains critères que nous allons étudier sont basés sur l'angle de la pente décrise entre le sommet des deux gaussiennes :

$$\mathcal{H}_4 = \frac{1}{\pi} \operatorname{atan} \left( \frac{\Delta c/256}{\Delta h} \right) + \frac{1}{2} \quad \text{et} \quad \mathcal{H}_{10} = \frac{2}{\pi} \operatorname{atan} \left( \left| \frac{\Delta c/256}{\Delta h} \right| \right). \quad (5.19)$$

Il s'agit de l'inverse de la pente

Notons que l'arctangente, n'est ni plus ni moins qu'une autre manière de saturer une quantité. En effet, comme le montre la Figure 5.3, l'arctangente est proche de la saturation  $S$  définie par (5.17). Ce graph montre d'ailleurs également que d'autre saturation sont également possibles et équivalentes à celles utilisées.

l'arctangente ?

Sur la Figure 5.2d, on peut voir que le critère  $\mathcal{H}_4$  correspond relativement bien sur la partie correspondante au premier traitement, rechute incluse (jus-

qu'au jour 900). Cependant la recroissance finale n'est pas captée. En fait,  $\mathcal{H}_4$  ne décrit pas l'hétérogénéité. Il décrit le ratio proliférant sur nécrose. En effet :

- une pente positive va traduire qu'on a une majorité de proliférantes,
- une pente négative va traduire qu'on a une majorité de tissu nécrosé.

Ce ratio donc est corrélé à l'hétérogénéité, mais pas de manière linéaire puisqu'une tumeur avec 25 % de proliférant et 75 % de nécrose est aussi hétérogène qu'une tumeur présentant 75 % de proliférant et 25 % de nécrose. Nous avons donc besoin d'un critère indépendant du signe de la pente, tel  $\mathcal{H}_{10}$ . Comme on peut le remarquer sur la Figure 5.2d, ce critère n'est encore pas très convaincant en tant que quantificateur de l'hétérogénéité... Les 3 pics à 90 % sont correctement capté, mais les parties basses traduisant des tumeurs bien homogènes ne sont pas bien décrite et ne diffèrent que trop peu des valeurs aux pics. D'autres critères doivent encore être explorés.

## 5.4 Critères basés sur la manière dont s'intersecte les gaussiennes

Avant de proposer diverses autres critères, étudions de manière plus précise, la façon dont peuvent s'intersecter deux gaussiennes.

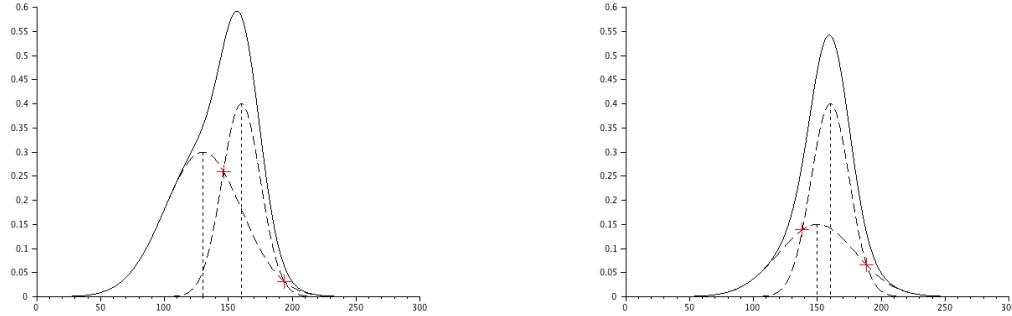
### 5.4.1 Ensemble des configurations d'un mélange bi-gaussien.

Comme le montre la Figure 5.4, deux gaussiennes ne s'intersectent pas nécessairement. De plus, il n'est pas obligatoire d'avoir un point d'intersection dont l'abscisse est située entre  $c_1$  et  $c_2$ . Pour cela, résolvons l'équation suivante :

$$\begin{aligned} g_1(x) = g_2(x) &\Leftrightarrow h_1 \exp\left(\frac{-1}{2}\left(\frac{x - c_1}{\sigma_1}\right)^2\right) = h_2 \exp\left(\frac{-1}{2}\left(\frac{x - c_2}{\sigma_2}\right)^2\right), \\ &\Leftrightarrow \ln h_1 - \frac{1}{2}\left(\frac{x - c_1}{\sigma_1}\right)^2 = \ln h_2 - \frac{1}{2}\left(\frac{x - c_2}{\sigma_2}\right)^2, \\ &\stackrel{\sigma_i \neq 0}{\Leftrightarrow} 0 = \sigma_2^2(x - c_1)^2 - \sigma_1^2(x - c_2)^2 + 2\sigma_1^2\sigma_2^2 \ln(h_2/h_1), \end{aligned}$$

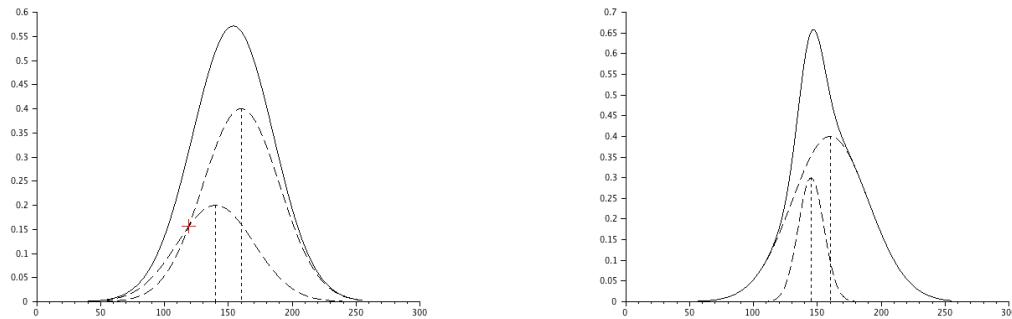
qui amène à la résolution d'un polynôme du second degré en  $x$  :

$$\begin{aligned} g_1(x) = g_2(x) &\iff Ax^2 + 2B'x + C = 0 \\ \text{avec : } A &= \sigma_2^2 - \sigma_1^2, \\ B' &= c_2\sigma_1^2 - c_1\sigma_2^2, \\ C &= c_1^2\sigma_2^2 - c_2^2\sigma_1^2 + 2\sigma_1^2\sigma_2^2 \ln(h_2/h_1). \end{aligned} \tag{5.20}$$



(a) Cas avec 2 intersections, l'une se situant entre les centres des gaussiennes.

(b) Cas avec 2 intersections, toutes les deux en dehors de l'intervalle défini par le centre des gaussiennes.



(c) Cas avec un seul et unique point d'intersection (ici  $\sigma_1 = \sigma_2$ ).

(d) Cas sans aucun point d'intersection.

FIGURE 5.4 – Ensemble des configurations avec 2 gaussiennes.

**Cas particulier.** Ecartons tout de suite le cas particulier  $\sigma_1 = \sigma_2$ . Dans ce cas, l'équation (5.20) se réécrit :

$$2\Delta c x + c_1^2 - c_2^2 + 2\sigma^2 \ln((1-w)/w) = 0 \quad (5.21)$$

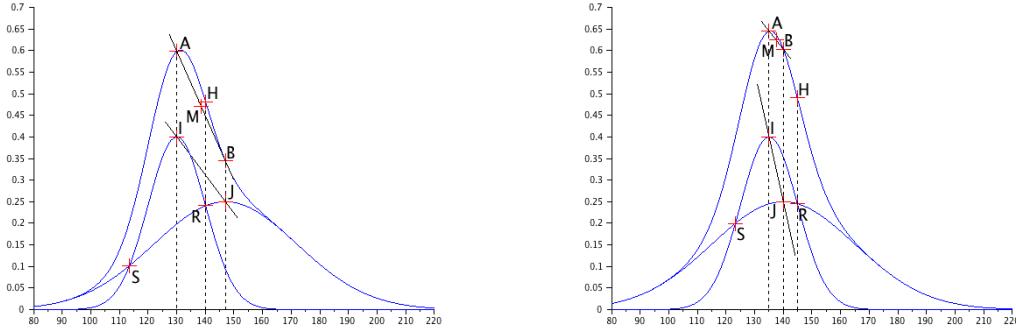
- Si de plus  $\Delta c = 0$ , alors (5.21) implique que  $h_1 = h_2$ , et donc les deux gaussiennes sont absolument identiques et superposées.
- Si  $\Delta c \neq 0$ , alors on a un seul et unique point de croisement, dont l'abscisse est :

$$x = \frac{c_1 + c_2}{2} - \frac{\sigma^2}{\Delta c} \ln\left(\frac{1-w}{w}\right). \quad (5.22)$$

**Cas général.** Il convient ici de calculer le discriminant réduit :

$$\Delta' := B'^2 - AC = \sigma_1^2 \sigma_2^2 [(\Delta c)^2 - 2(\sigma_2^2 - \sigma_1^2) \ln(h_2/h_1)]. \quad (5.23)$$

Ce discriminant n'est pas nécessairement positif! Donc il existe des cas où les gaussiennes ne s'intersectent pas. L'annexe D page 97 présente une étude



- (a) Cas où l'une des intersections se situe entre les centres des gaussiennes ( $R_x \in [c_1; c_2]$ ).  
(b) Cas où les deux points d'intersections sont à l'extérieur ( $R_x \notin [c_1; c_2]$ ).

FIGURE 5.5 – Points caractéristiques d'un mélange de deux gaussiennes.

détaillée du signe de ce discriminant (et donc de la manière dont peuvent s'intersecter 2 gaussiennes). On y montre que celui-ci est positif dans une large majorité de cas, ce qui appuie le fait qu'en pratique nous n'avons jamais été confronté à des cas de gaussiennes ne s'intersectant pas (ou s'intersectant en un seul et unique point). Outre le sommet des gaussiennes, ces points d'intersections sont de nouveaux points caractérisant le mélange. Voyons à présent s'ils peuvent conduire à un critère pertinent.

### 5.4.2 Etudes de différents critères

Différents critères seront étudiés dans cette section. Ils sont basés sur

- l'intégrale commune aux deux gaussiennes
- la valeur de certains angles

#### Critères basés sur la valeur d'angles particuliers.

Plutôt que de considérer seulement 2 points (le sommet de chaque gaussienne), élargissons notre éventail de points caractéristiques. La Figure 5.5 présente l'ensemble des points utilisés dans les critères d'évaluation de l'hétérogénéité de cette section. Cet ensemble de points n'existe que dans le cas où les gaussiennes possèdent 2 points d'intersection. Comme montrer dans l'annexe D, les cas avec aucun ou un seul point d'intersection sont relativement marginaux (plus ou moins selon la valeur de  $\Delta c$  notamment). En plus des points  $I$  et  $J$  représentant le sommet de chaque composante ( $I$  représentera toujours le sommet de la plus haute composante), on se servira de  $A$  et  $B$  qui représentent les valeurs du mélange gaussien en les centres des composantes :  $c_1$  et  $c_2$  ( $A$  ayant même abscisse que  $I$ , et  $B$  même abscisse

que  $J$ ). On notera également  $R$  et  $S$  les points d'intersections des composantes,  $R$  étant le point le plus haut. On considère également  $H$  positionné sur la courbe du mélange gaussien à la même abscisse que le point  $R$ . Enfin, on note  $M$  le milieu de  $[AB]$ .

On regardera ici les informations que peuvent fournir l'étude de différents angles. Un large spectre sera examiné :  $\widehat{ARB}$ ,  $\widehat{MRB}$ ,  $\widehat{MRA}$ ,  $\widehat{HRB}$ ,  $\widehat{HRA}$ ,  $\widehat{IRJ}$ ,  $\widehat{MRJ}$ ,  $\widehat{MRI}$ ,  $\widehat{HRJ}$ ,  $\widehat{HRI}$ ,  $\widehat{IRB}$  et  $\widehat{ARJ}$ . On s'attend cependant à ce que certain d'entre eux soit équivalents, notamment ceux qui font intervenir des points sur la même verticale comme  $\widehat{HRA}$  et  $\widehat{HRI}$  par exemple avec à priori une variation un peu plus importante du critère d'hétérogénéité qui sera basé sur  $\widehat{HRA}$  que celui basé sur  $\widehat{HRI}$ .

Tous ces angles ne seront pas calculés. On ne s'intéressera uniquement qu'à leur cosinus qui se calcule aisément de la manière suivante avec le produit scalaire :

$$\cos(\widehat{BAC}) = \frac{\overrightarrow{AB} \cdot \overrightarrow{AC}}{\|\overrightarrow{AB}\| \|\overrightarrow{AC}\|}. \quad (5.24)$$

Notons que :

- Plus les angles définis ci-dessus sont petits, plus on s'attend à une tumeur homogène. Le critère d'hétérogénéité doit donc avoir des variations inversées par rapport à celle du cosinus.
- Le critère doit être indépendant du signe de l'angle orienté. Tout critère basé sur le cosinus de l'angle respectera ceci, puisque le cosinus est une fonction paire.
- Le cosinus est à valeur dans  $[-1;1]$ . Le critère doit quant à lui être entre 0 et 1. Il faut donc adapter. Mais attention à la manière d'adapter. L'idée triviale de la valeur absolue ou du carré ne peut pas être appliquée ici. En effet, le signe de l'angle est sans importance mais le signe de son cosinus l'est ! Si l'angle est obtu (donc grand, ce qui traduirait une hétérogénéité) le cosinus de l'angle est négatif et donc il ne faut surtout pas le ramené à son équivalent aigu ! De même on ne veut qu'un angle droit traduire un cas limite ( $\mathcal{H} = 0$  ou  $1$ ). L'angle droit doit être le cas de transition entre l'angle obtu et l'angle aigu.

On souhaite construire ici un critère qui varie de manière monotone en fonction de l'angle. Nous examinerons deux types d'adaption d'échelle :

$$\mathcal{H}_5(\theta) = \frac{1 - \cos \theta}{2} \quad (5.25)$$

$$\mathcal{H}_6(\theta) = \sqrt{1 - \left( \frac{1 + \cos \theta}{2} \right)^2} \quad (5.26)$$

Pour beaucoup d'angles les résultats fournis sont insatisfaisants : certains sont quasiment constant ( $\mathcal{H}_{5,6}(\widehat{HRJ})$  par exemple), d'autres sont très chaotique (comme  $\mathcal{H}_{5,6}(\widehat{ARB})$ ). Sur la Figure 5.6 sont présentés les critères d'hétérogénéité restants (*i.e.* non écartés pour les raisons précédentes). Les critères

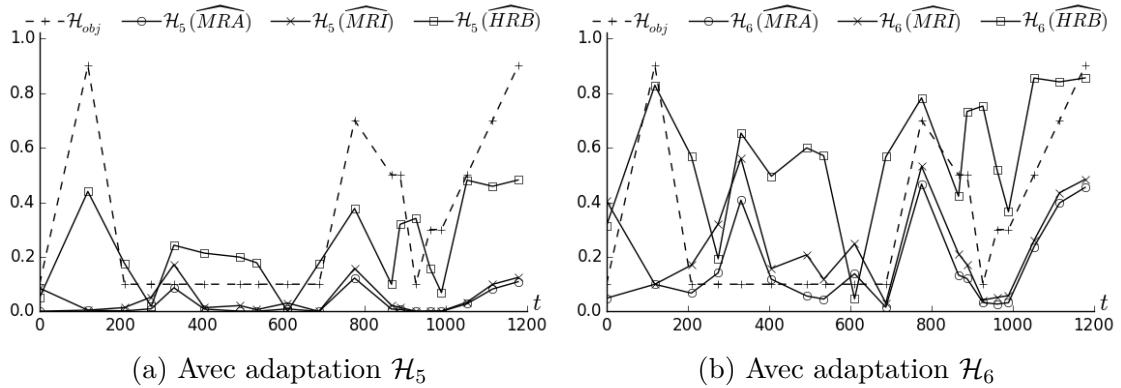


FIGURE 5.6 – Critères basés sur des angles entre points particuliers de l’histogramme des niveaux de gris.

basés sur l’angle  $\widehat{MRI}$  ou sur l’angle  $\widehat{MRA}$  semblent ne pas bien capturés le premier pic d’hétérogénéité même si le second pic est capté ainsi que la remontée finale. Les critères basés sur l’angle  $\widehat{HRB}$  semblent eux bien capter les moments hétérogènes. Les pics d’hétérogénéité sont cependant assez peu différents de certains passages homogènes... Explorons à présent d’autres critères encore.

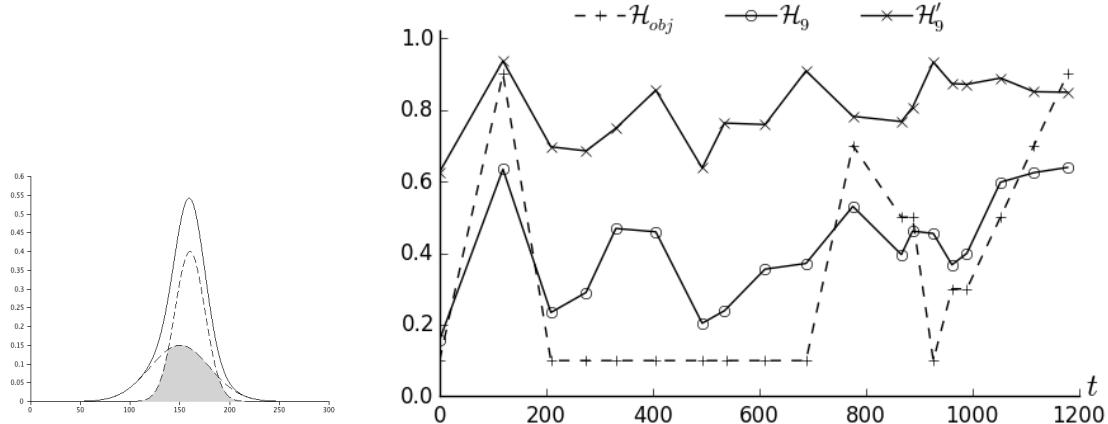
### Critères basés sur des intégrales.

Dans cette section, on va s’intéresser à construire des critères basés sur des comparaisons d’aires. Dans la section 5.3, on a déjà examiner un critère qui compare l’aire des composantes entre elles. Il s’agit du critère  $Qw$ , l’aire (l’intégrale) de la  $i$ -ème composante valant  $w_i$ . Ici, en observant les gaussiennes produite pour Patient A de plus près, on pourrait penser que l’aire commune aux deux gaussiennes (*cf.* schéma représentatif Figure 5.7a) pourrait être un indicateur. Plus l’aire commune aux deux gaussiennes est élevée alors plus les deux composantes seraient d’une certaine manière proche, et ainsi plus l’image serait homogène. On s’intéresse ainsi aux critères suivants :

$$\mathcal{H}_9 = 1 - \frac{1}{\min(w_1, w_2)} \int \min(g_1(x), g_2(x)) \, dx, \quad (5.27)$$

$$\mathcal{H}'_9 = 1 - \int \min(g_1(x), g_2(x)) \, dx. \quad (5.28)$$

Les résultats pour ces deux critères sont présentés Figure 5.7b. Considérer l’aire commune relativement à l’aire de la plus petite des gaussiennes ( $\mathcal{H}_9$ ) semble plus pertinent que de considérer l’aire commune seulement ( $\mathcal{H}'_9$ ). Ce critère n’est pas des plus mauvais : l’ensemble des moments hétérogènes est capturé (premier pic avant traitement jour 119, second et troisième pics avant les rechutes (jour 776 et 1116). Cependant les homogénéisations ne sont pas



(a) Schéma représentatif de l'aire commune à deux gaussiennes.  
(b) Hétérogénéité fournit avec les critères  $\mathcal{H}_9$  et  $\mathcal{H}'_9$ .

FIGURE 5.7 – Critères basés sur l'aire commune aux deux gaussiennes (donnée par :  $\int_0^{255} \min(g_1(x), g_2(x)) dx$ ).

très bien capturées : il y a notamment le plateau lors du premier traitement et le pic descendant lors du second traitement.

## 5.5 Critère retenu

L'idée de ce dernier critère m'est venu de la constatation suivante, en repartant du critère  $\mathcal{H}_{10}$  basé sur la pente décrite entre le sommet des gaussiennes. Sur la Figure 5.8 sont présentés deux configurations très différentes, mais présentant la même pente. Pourtant la Figure 5.8a est très clairement représentative d'une image hétérogène alors que la Figure 5.8a serait plutôt représentative de qqch d'homogène puisque l'approximation par une seule et unique gaussienne ne serait pas des plus mauvaise. Comment différencier ces deux cas ? Cet exemple mis en exergue nous invite à dire que  $\Delta c$  doit avoir plus de poids que  $\Delta h$  dans le calcul du critère de l'hétérogénéité. Ainsi, j'ai décidé de regarder le critère suivant :

$$\mathcal{H}_2 = \left| \frac{(\Delta c/256)^2}{\Delta h} \right| \quad (5.29)$$

L'hétérogénéité clinique, pour Patient A, fournit par le critère  $\mathcal{H}_2$  est présentée sur la Figure 5.9a. Ici, le critère reproduit bien les pics d'hétérogénéité (jour 119 et jour 776). La regain d'hétérogénéité final, qui démarre avant la rechute au second traitement, et qui se poursuit pendant la rechute, est également bien capturé. Les phases homogènes sont également relativement bien reproduites. L'évaluation visuelle qui amenait à considérer l'hétérogé-

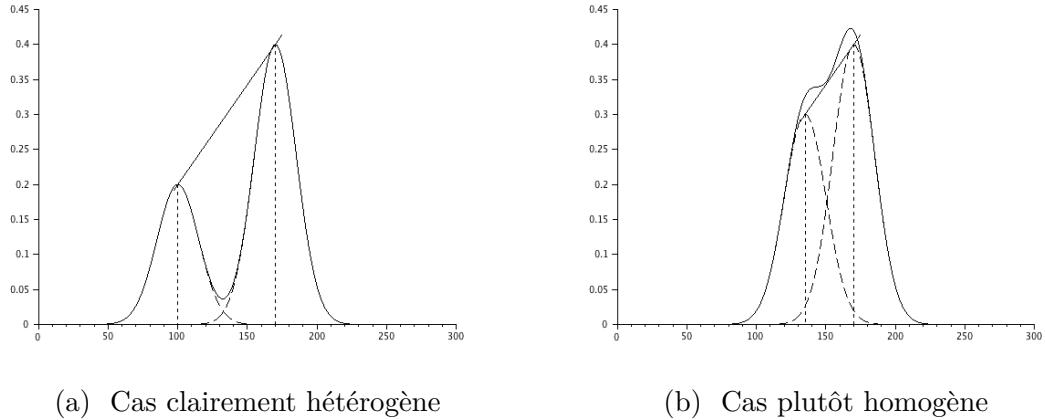


FIGURE 5.8 – Deux configurations très différentes mais fournissant la même pente entre les gaussiennes.

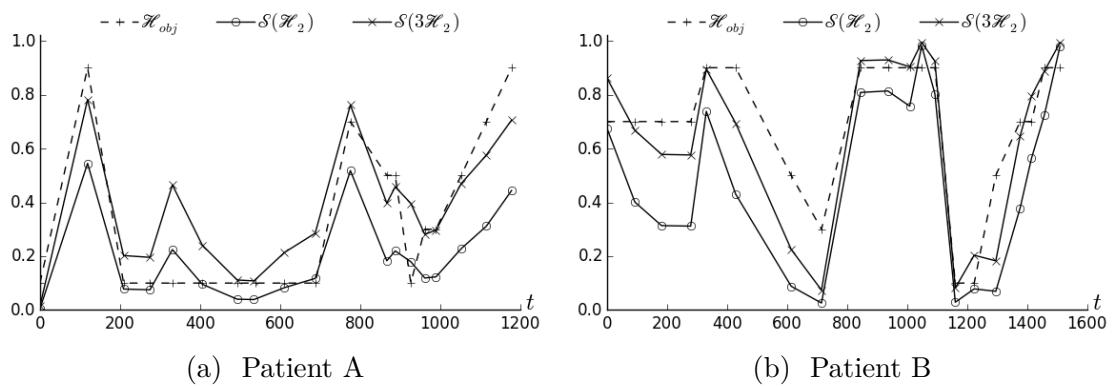


FIGURE 5.9 – Hétérogénéité clinique fournit par le critère  $\mathcal{H}_{12}$  dans lequel  $\Delta c$  joue un rôle prépondérant.

néité constante du jour 209 au jour 688 est ainsi précisée par le critère. Manifestement le jour 331 est donc légèrement plus hétérogène. Notons que bien qu'écartés, plusieurs autres critères (notamment  $\mathcal{H}_{10}$  et  $\mathcal{H}_6(\widehat{MRA})$ ) avaient aussi captés cette subtilité. Enfin la forte homogénéisation causée par le second traitement est également bien traduite. Le seul bémol réside en le fait que ce critère semble avoir des difficultés à monter vers les grandes hétérogénéité. Multiplier ce critère par 3 semble corriger le problème. Mais pourquoi 3 ? Si l'on regarde de plus près les histogrammes clinique de Patient A, on peut remarquer que les histogrammes sont grossièrement tous compris dans l'intervalle [75; 220]. La longueur de cet intervalle est de 145, et non 256. Ainsi si au lieu de diviser  $\Delta c$  par 256, on le divise par 145, on remarque alors :

$$3 \left( \frac{\Delta c}{256} \right)^2 = \left( \frac{\Delta c}{256\sqrt{3}} \right)^2 \approx \left( \frac{\Delta c}{145} \right)^2. \quad (5.30)$$

Nous avons donc trouvé un critère qui semble quantifier de manière acceptable l'hétérogénéité clinique de Patient A. Cela dit ce critère a été construit pour ! Afin de le valider regardons ce qu'il en est sur notre second patient : Patient B.

L'hétérogénéité clinique, pour Patient B, fournit par le critère  $\mathcal{H}_2$  est présentée sur la Figure 5.9b. Ici aussi, la retranscription est aussi tout à fait acceptable. Les phases où il y a regain d'hétérogénéité sont toutes correctement bien décrites. Au tout début (jusqu'au jour 279) la métastase est très petite. Il est donc difficile d'apprécier visuellement l'hétérogénéité. De plus, le quantificateur sera aussi plus sensible aux erreurs dues au contourage. La tendance réelle à une baisse de l'hétérogénéité est tout à fait plausible. D'autant plus que c'est le comportement attendu lorsqu'on traite de manière efficace : l'ensemble de la métastase tends à se nécroser, et donc l'ensemble s'homogénéise. L'homogénéisation lors du second traitement est également très bien capturée. Les pics d'hétérogénéité (du jour 800 à 1100 puis remontée finale) sont aussi bien traduit. De même que pour Patient A, le critère  $S(3\mathcal{H}_2)$  s'approche plus de l'objectif que le critère  $S(\mathcal{H}_2)$ . Bien qu'étant plus large, les histogrammes cliniques de Patient B n'occupent pas l'ensemble de l'intervalle  $[0; 256]$ . Si l'on se restreint à l'intervalle  $[75; 220]$ , ce qui est en dehors reste très marginal et la multiplication par 3 ce justifie également ici.

## 5.6 L'hétérogénéité sur les simulations numériques

Maintenant que nous avons un critère qui décrit correctement l'hétérogénéité clinique (d'une métastase à partir de l'imagerie médicale), faisons parler ce critère sur nos simulations numériques. En ce qui concerne cet aspect, les images résultantes (gouvernées par EQREF ) des simulations numériques dépendent de 3 paramètres :  $\tau_N$ ,  $\tau_P$  et  $\tau_S$  qui représentent les niveaux de gris associés à chacune de nos populations de notre modèle EDP. Ainsi, pour une simulation numérique donnée, il n'y a pas unicité de l'image produite en niveau de gris, et donc non unicité de l'histogramme. Tout dépend de ces 3 paramètres. Dans un premier temps, on examinera ce que cela donne avec les valeurs heuristiques considérées dans la première partie de ce manuscrit :  $\tau_N = 38$ ,  $\tau_P = 166$  et  $\tau_S = 204$ . Dans un second temps, on pourra faire varier ces paramètres pour examiner l'influence de ceux-ci sur l'hétérogénéité numérique. On examinera notamment ce qui est produit avec les niveaux de gris optimaux du chapitre précédent.

eqref

### 5.6.1 Patient A

Sur la Figure 5.13 est présenté l'hétérogénéité numérique de Patient A. La fonction objectif pour l'hétérogénéité clinique est ici rappelée sur ce graphique

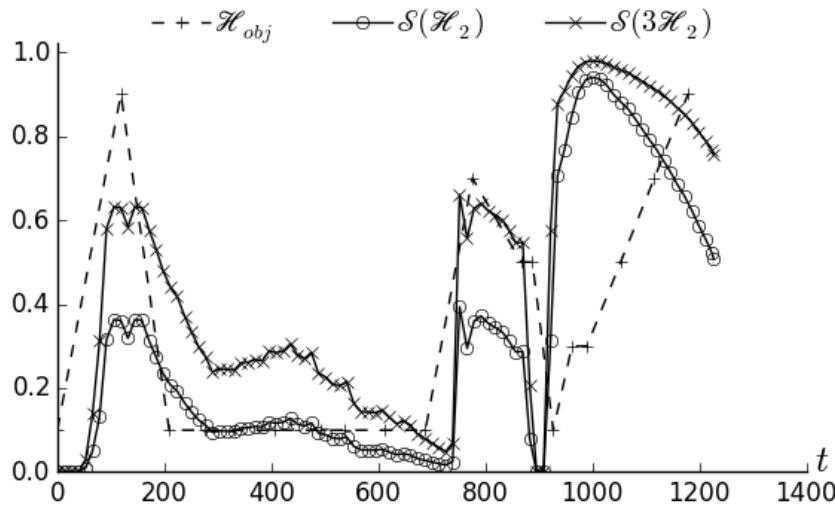


FIGURE 5.10 – Hétérogénéité numérique pour Patient A –  $\tau_N = 38$ ,  $\tau_P = 166$  et  $\tau_S = 215$ . La fonction objectif de l'hétérogénéité clinique ( $\mathcal{H}_{obj}$ ) est rappelée ici à titre de comparaison.

à titre comparatif. La phase avec imatinib est correctement décrite :

- Présence d'un pic d'hétérogénéité jour 119.
- Décroissance de l'hétérogénéité lorsque l'imatinib agit de manière efficace du jour 200 au jour 700.
- Saut important de l'hétérogénéité qui grandit, autour du jour 800, juste avant la recroissance de l'aire tumorale.

En ce qui concerne la partie avec sunitinib, au début de l'administration du traitement l'hétérogénéité décroît. Cependant :

- La recroissance de l'hétérogénéité numérique a lieu un peu tôt par rapport à celle constatée cliniquement.
- Sur la partie finale (lors de la rechute au sunitinib, après le jour 1116), l'hétérogénéité numérique décroît alors que celle clinique continue d'augmenter.

En ce qui concerne le deuxième point, cela peut venir soit de la manière dont on calcule l'hétérogénéité, soit du modèle EDP lui même qui ne retranscrirait pas bien l'évolution de l'hétérogénéité. La Figure 5.11 tends à dire que c'est plutôt le modèle EDP qui est responsable puisque le scanner numérique du jour 1120 est beaucoup plus hétérogène que celui du jour 1227. En effet, le contraste entre les deux masses dominantes (pourtour et intérieur de la tumeur) est beaucoup plus important jour 1120 que jour 1227. De plus le rapport du volume de ces dominantes est beaucoup plus proche de 1 au jour 1120 qu'au jour 1227 (si le ratio est égal à 1 alors les 2 nuances de gris sont de volume égal). Ces impressions visuelles sont confirmées par les histogrammes également présentés sur la Figure 5.11. Tout ceci renforce donc l'idée que l'image numérique du jour 1120 est plus hétérogène que celle du jour 1227.

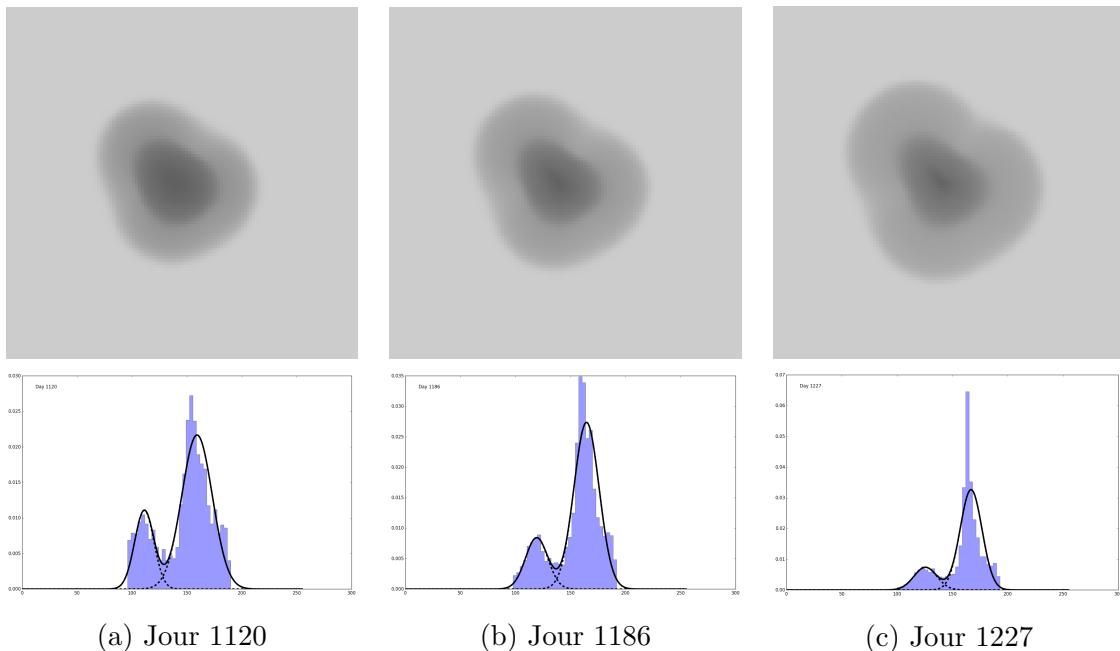


FIGURE 5.11 – Hétérogénéité numérique de Patient A.

Le modèle EDP semblerait donc bien retranscrire globalement les différentes phases hétérogènes/ homogènes, après le jour 950, l'hétérogénéité numérique ne recolle plus à l'hétérogénéité clinique. Ceci n'est guère surprenant. En effet, un grand nombre d'itérations est effectué dans le calcul numérique pour parvenir au temps final. Les erreurs se cumulant au fil des itérations, il n'est donc pas étonnant qu'à un moment donné l'hétérogénéité numérique ne recolle pas complètement à l'hétérogénéité clinique.

De plus les images numériques sont dépendantes du choix des niveaux de gris  $\tau_N$ ,  $\tau_P$  et  $\tau_S$ . Ce choix pourrait aussi être une source d'écart entre le numérique et les données.

### 5.6.2 Influence des niveaux de gris sur l'hétérogénéité numérique

La principale conséquence du changement des niveaux de gris  $\tau_N$ ,  $\tau_P$  et  $\tau_S$  est la dilatation de l'histogramme des niveaux de gris. Les variations de l'hétérogénéité ne sont donc que peu dépendante de ces paramètres, comme le montre la Figure 5.12, sur laquelle toute les courbes sont comparables. Comme différence, on pourra relever tout de même que plus  $\tau_N$  est écarté de  $\tau_P$ , plus les variations de l'hétérogénéité numérique sont importantes. Ceci est notamment visible lors de la rechute à l'imatinib, entre les jour 776 et 888 où le pic descendant de l'hétérogénéité numérique est plus prononcé si  $\tau_P - \tau_N$  est grand. Ceci est conforme à ce que l'on pouvait attendre, puisque cette différence va impacter directement la position des gaussiennes sur l'histogramme,

position relative en grande partie donnée par  $\Delta c$  qui intervient dans le calcul de notre critère de l'hétérogénéité numérique.

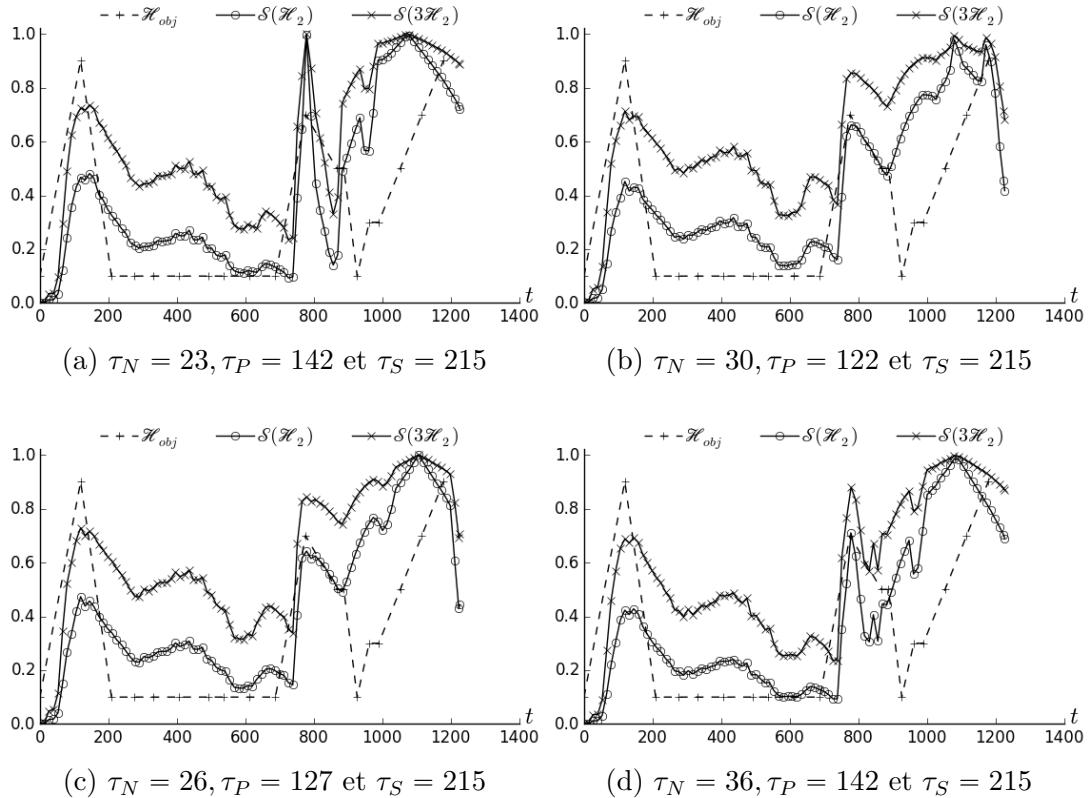


FIGURE 5.12 – Influence du choix des niveaux de gris  $\tau_N$ ,  $\tau_P$  et  $\tau_S$  sur l'hétérogénéité numérique.

### 5.6.3 Patient B

L'hétérogénéité des scanners de Patient B n'a aucune chance d'être numériquement reproduite correctement comme le confirme la Figure HEY . En effet, le premier scanner est très hétérogène, alors que notre condition initial dans le modèle numérique est complètement homogène. Il faudrait prendre une condition initiale plus en relation avec l'image médicale, à minima une condition initiale qui présenterait le même niveau d'hétérogénéité pour pouvoir poursuivre l'étude avec ce patient.

On notera que le critère semble tout de même bien décrire l'hétérogénéité numérique puisque comme le montre les images numériques présentées dans la Figure REF de l'annexe REF (page REF), la simulation produit une tumeur

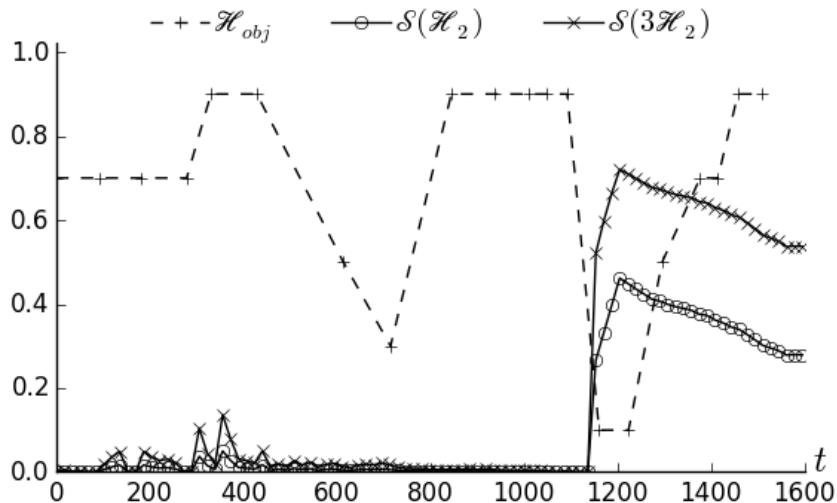


FIGURE 5.13 – Hétérogénéité numérique pour Patient B –  $\tau_N = 38$ ,  $\tau_P = 166$  et  $\tau_S = 215$ . La fonction objectif de l'hétérogénéité clinique ( $\mathcal{H}_{obj}$ ) est rappelée ici à titre de comparaison. La simulation numérique ne reproduit ici pas du tout l'hétérogénéité clinique.

quasi homogène jusqu'au jour 1100, puis une apparition brutale d'hétérogénéité entre les jours 1100 et 1200 et enfin une baisse progressive de l'hétérogénéité après le jour 1200. Le quantificateur de l'hétérogénéité est donc aussi correct ici.

# *Annexes*



# A

## Tableaux et graphiques complémentaires

### A.1 Ensemble des données

L'ensemble des données utilisées pour réaliser ces travaux sont présentées dans cette section. L'ensemble des scanners des 2 patients, Patient A et Patient B, sont présentés ici. On présentera ensuite l'ensemble des histogrammes des niveaux de gris, correspondant à la zone tumorale contournée manuellement sur les scanners.

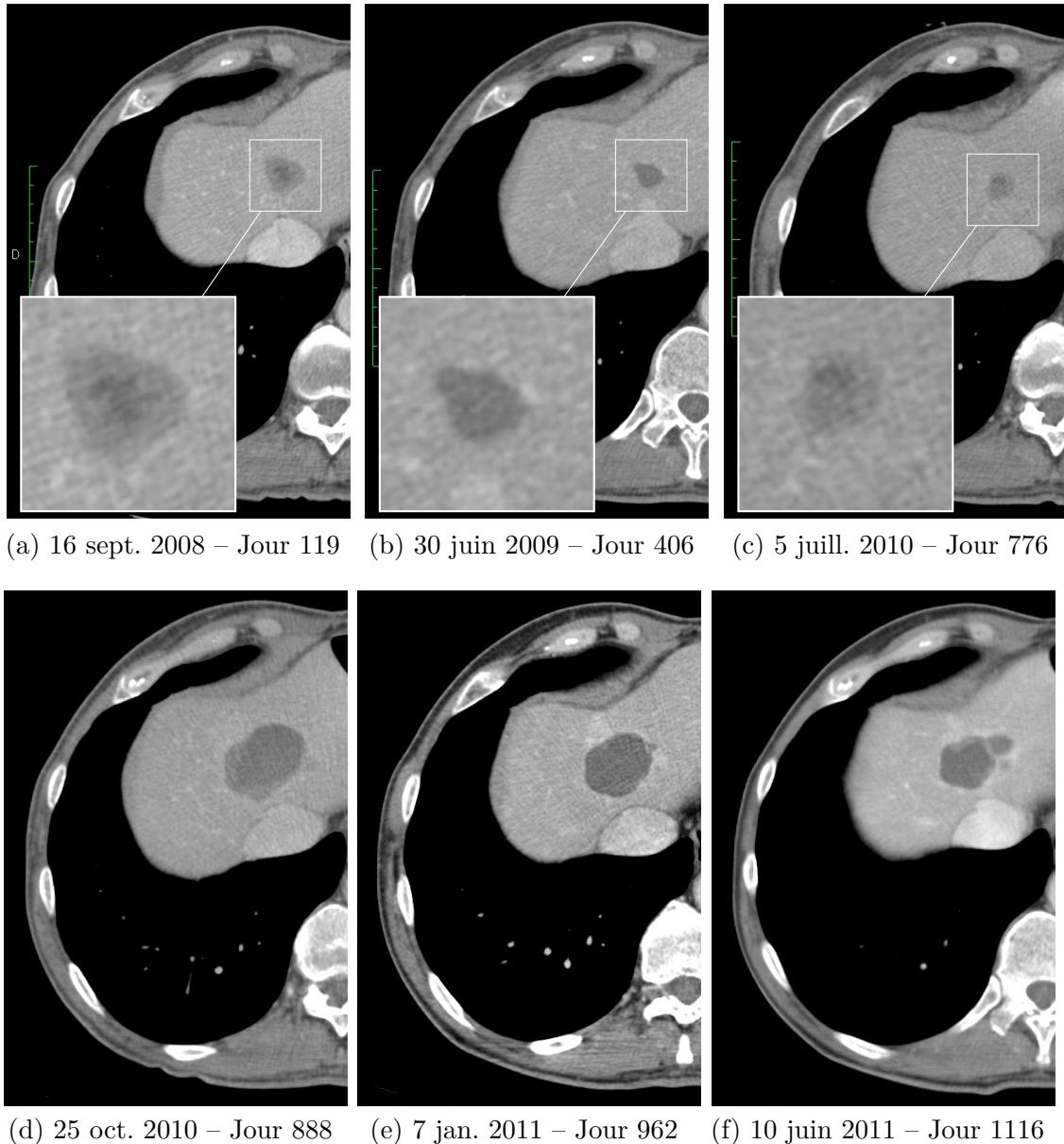


FIGURE A.1 – Evolution spatiale de la métastase hépatique de Patient A sur une série de scanners.

### A.1.1 Scanners de Patient A

Patient A est traité avec de l'imatinib du jour 119 au jour 867, jour où la rechute est constatée. Le sunitinib est ensuite administré, et là aussi le traitement est efficace avant une rechute débutant au jour 1116. Sur la figure ci-dessous, on peut visualiser l'ensemble des scanners réalisés sur ce patient.

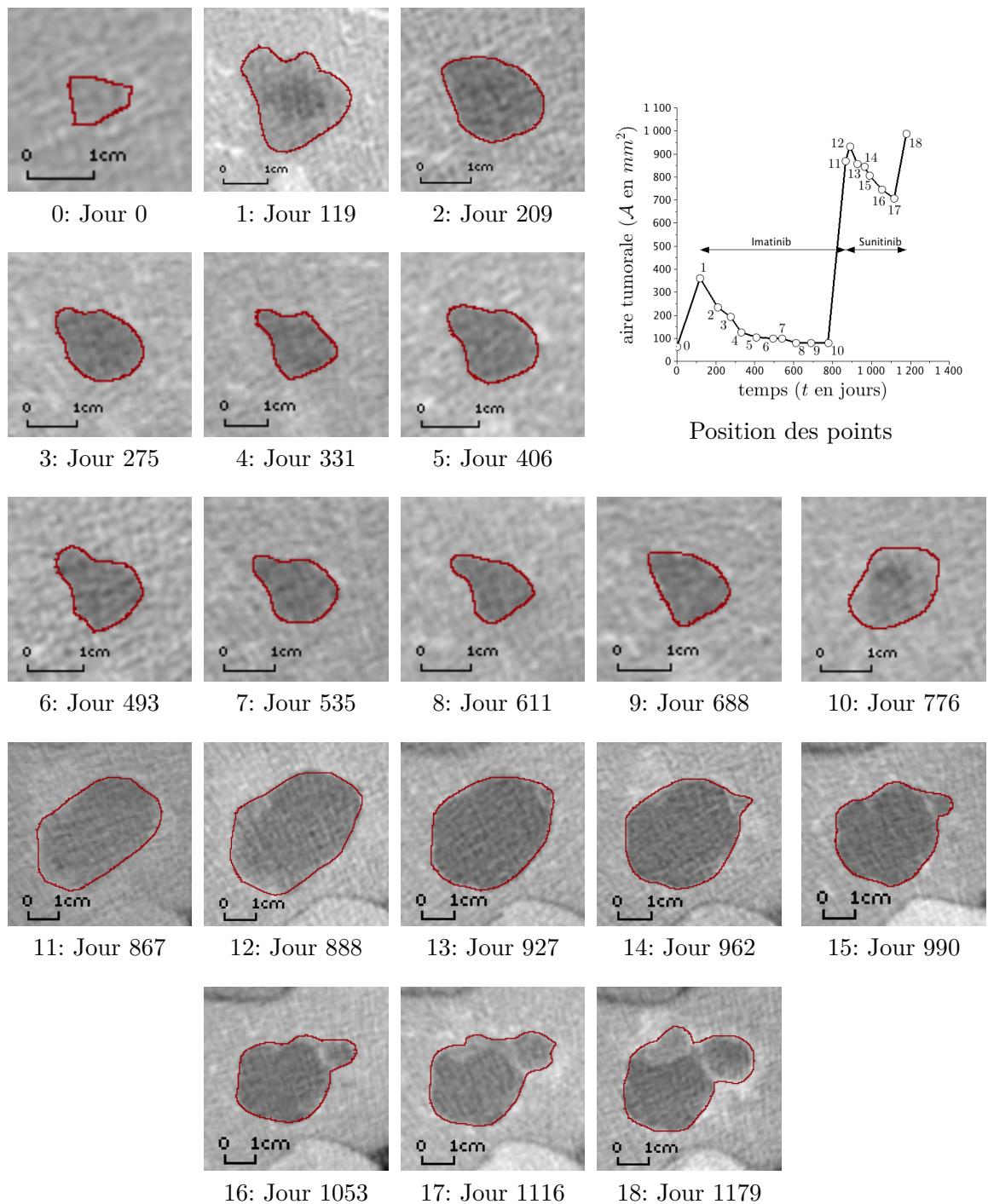


FIGURE A.2 – Contourage manuel de la tumeur de Patient A.

### A.1.2 Scanners de Patient B

Patient B est d'abord traité à l'imatinib, du jour 0 au jour 845. Après une rechute, le sunitinib est utilisé mais il est totalement inefficace. Au jour 1600, le troisième traitement (sorafenib) est démarré. Sur la figure ci-dessous, on peut visualiser l'ensemble des scanners réalisés sur ce patient.

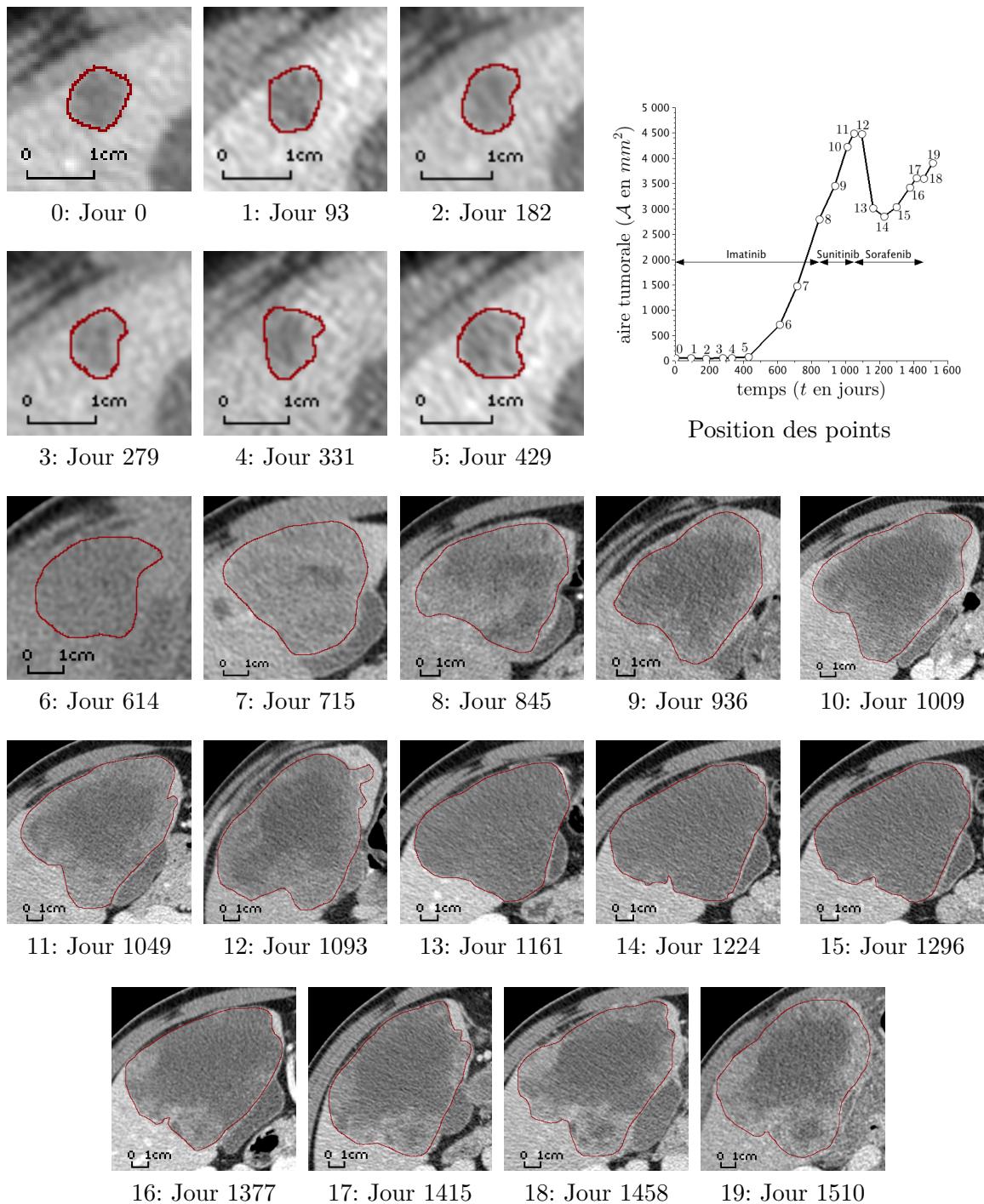


FIGURE A.3 – Contourage manuel de la tumeur de Patient B.

### A.1.3 Histogrammes cliniques de Patient A

Ci-dessous est présenté l'ensemble des histogrammes numériques de Patient A, correspondant au niveaux de gris des régions contournées sur les scanners (*cf.* Figure A.2).

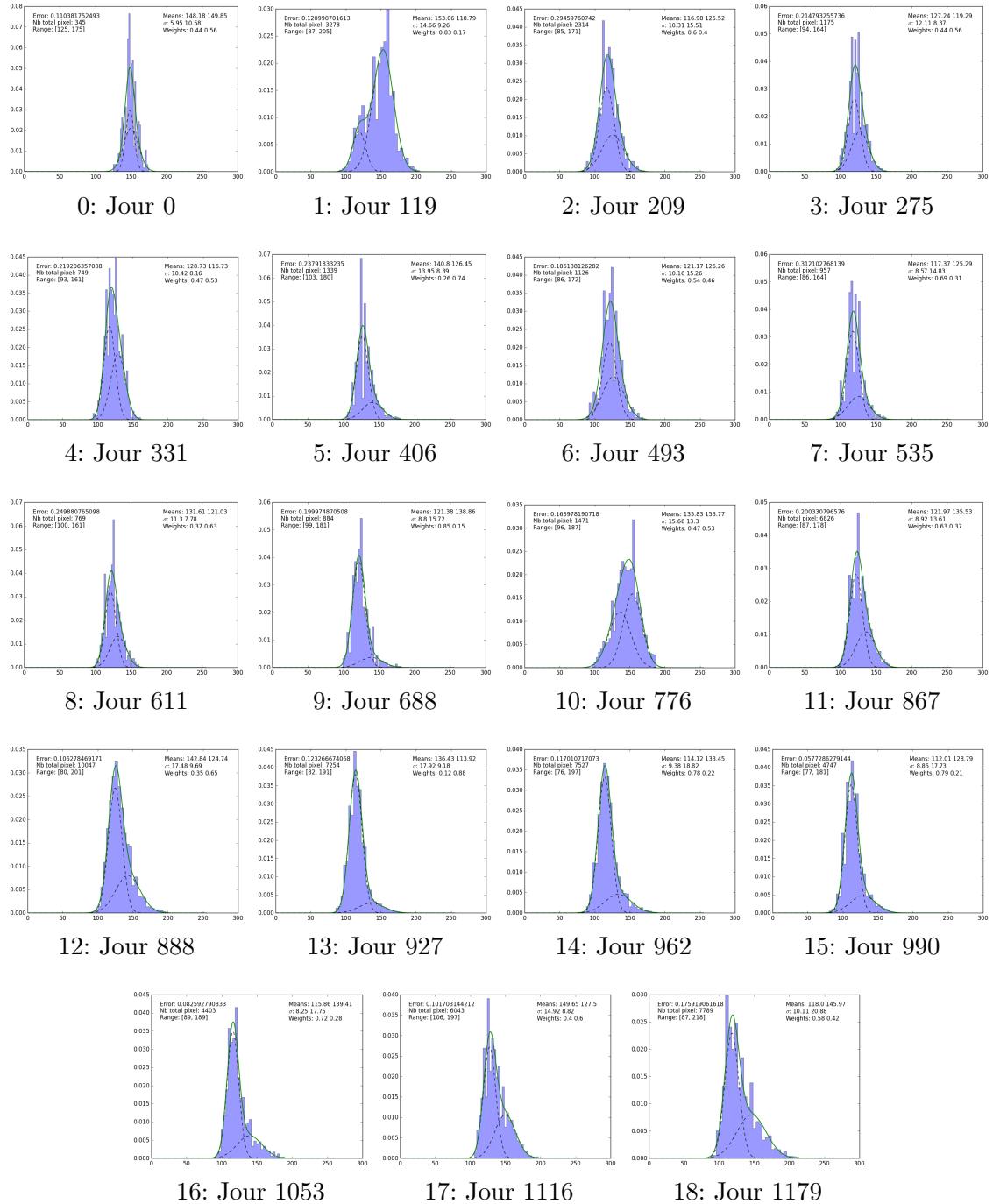


FIGURE A.4 – Histogramme clinique de la tumeur de Patient A.

### A.1.4 Histogrammes cliniques de Patient B

Ci-dessous est présenté l'ensemble des histogrammes numériques de Patient A, correspondant au niveaux de gris des régions contournées sur les scanners (*cf.* Figure A.2).

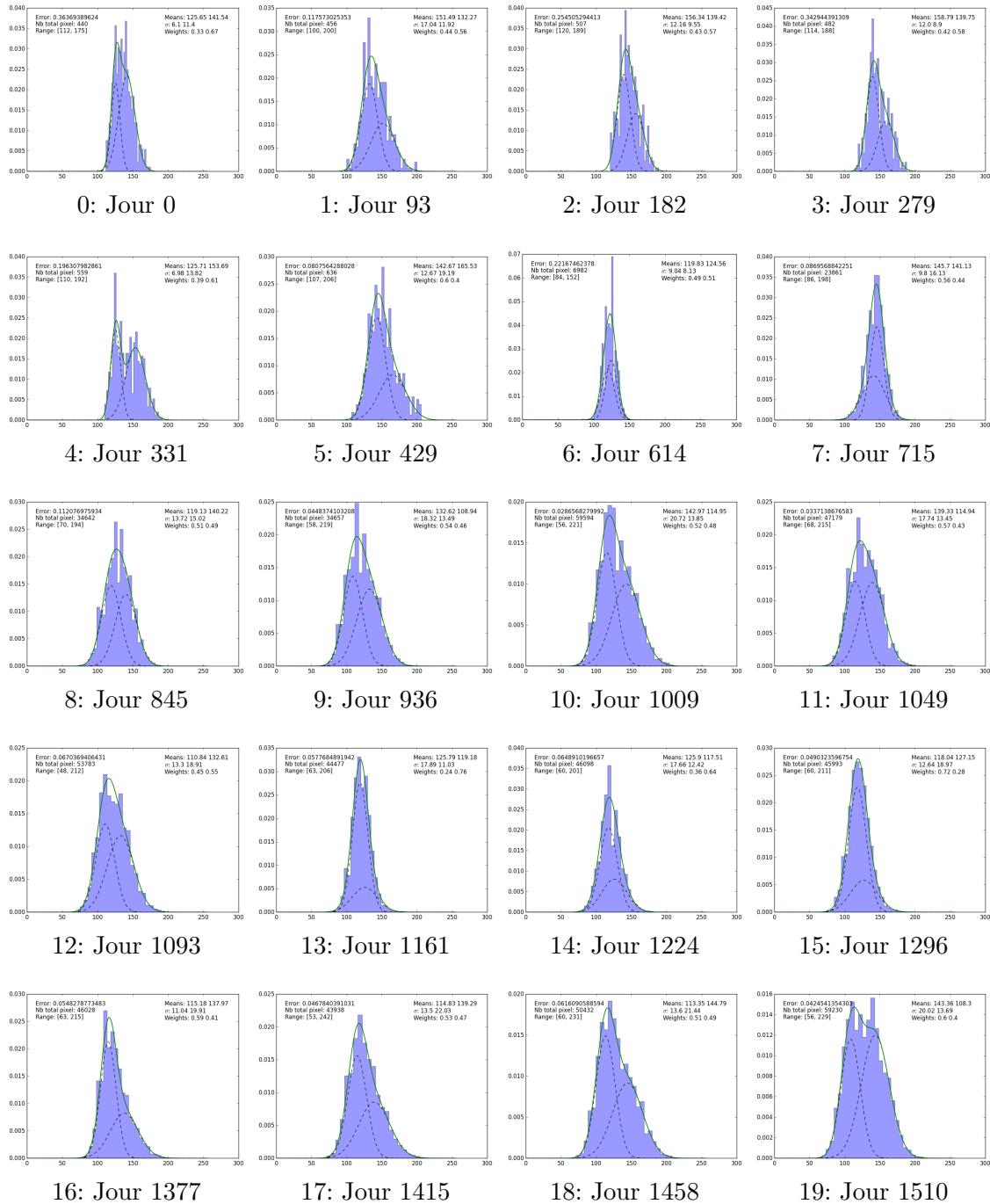


FIGURE A.5 – Histogramme clinique de la tumeur de Patient B.

## A.2 Valeur des paramètres pour les simulations numériques de la Figure 2.8 :

L'ensemble des paramètres utilisés pour réaliser la simulation numérique présentée Figure 2.8 de la section 2.5.2 est présenté dans la Table A.1.

Nom	a)	b)	c)	d)	e)	f)	g)
$\gamma_0$	2.0e-2	2.03e-2	2.0e-2	1.97e-2	1.33e-2	1.33e-2	1.33e-2
$\gamma_1$	6.67e-3	1.0e-2	1.0e-2	1.0e-2	1.0e-2	1.0e-2	1.0e-2
$C_S$	10	10	10	10	10	10	10
$M_{th}$	2	2	2	2	2	2	2
$\delta$	2.67e-2	3.0e-2	5.0e-2	3.0e-2	3.0e-2	3.0e-2	3.0e-2
$\psi$	3.33e-3						
$\eta$	6.67e-2						
$\alpha$	1.11e-3						
$\lambda$	2.0e-2						
$C_0$	3.33e-2						
$k$	1	1	1	1	1	1	1
$T_{ini}^1$	119	119	119	119	119	119	119
$T_{end}^1$	3000	867	867	867	300	300	300
$T_{ini}^2$	3000	867	867	867	300	300	300
$T_{end}^2$	3000	1700	1298	1700	1700	1700	1700
$\mu_1$	8.33e-3						
$\nu_2$	0.9	0.9	0.99	0.9	0.9	0.9	0.9
$\mu_2$	6.0e-4	6.0e-4	6.6e-4	6.0e-4	6.0e-4	6.0e-4	6.0e-4
$\epsilon_{th}$	1.0e-2						
$\Sigma_{ini}$	0	4e-06	4e-06	2e-06	1	1	0.9
$q_{ini}$	0	0	4.5e-2	1	2e-07	3.0e-2	0.9
$\xi_{ini}$	3.33e-3						
$L, D$	6	6	6	6	6	6	6
$N_x, N_y$	120	120	120	120	120	120	120
$r_1, r_2$	0.62	0.62	0.62	0.62	0.62	0.62	0.62
$e$	0	0	0	0	0	0	0
$\beta$	0	0	0	0	0	0	0

TABLE A.1 – Valeur des paramètres pour les courbes présentées Figure 2.8.





## Schéma mixte volumes finis/éléments finis pour résoudre l'équation de Poisson

**O**N propose ici une méthode mixte volumes finis/éléments finis pour résoudre l'équation de Poisson :

$$\begin{cases} -\nabla \cdot (k\nabla\Pi(\mathbf{x})) = F(\mathbf{x}) & \text{dans } \Omega, \\ \Pi(\mathbf{x}) = 0 & \text{sur } \partial\Omega, \end{cases} \quad (\text{B.1})$$

où  $F(\mathbf{x})$  est une fonction source connue. Pour des raisons pratiques, dans l'ensemble de cette annexe nous noterons  $\Pi_i^j := \Pi(x_i, y_j)$  (pas de confusion possible avec un exposant traduisant un indice temporel, ici il n'y a pas de variations temporelles). Les ordonnées seront de la même manière notées en exposant pour toutes les quantités attachées à une maille  $\mathcal{M}_i^j$ .

### B.1 Description de la méthode

Plaçons nous dans un volume de contrôle  $V_c$ , maille du maillage dual. La formulation volume fini donne alors :

$$\int_{V_c} -\nabla \cdot (k\nabla\Pi(x, y)) \, dx \, dy = \int_{V_c} F(x, y) \, dx \, dy. \quad (\text{B.2})$$

Notons  $\Gamma = \bigcup_{i=1,2,3,4} \Gamma_i$  le bord du volume de contrôle  $V_c$ , comme montré sur la Figure B.1. La formule de Stockes nous permet alors d'écrire :

$$\int_{\Gamma_1} k\partial_y\Pi \, dx - \int_{\Gamma_2} k\partial_x\Pi \, dy - \int_{\Gamma_3} k\partial_y\Pi \, dx + \int_{\Gamma_4} k\partial_x\Pi \, dy = \int_{V_c} F \, dx \, dy. \quad (\text{B.3})$$

Le point  $(x_i, y_j)$  étant le centre du volume de contrôle, le membre de droite est approximer de la manière suivante :

$$\int_{V_c} F \, dx \, dy = \Delta x \Delta y F_i^j \quad \text{dans chaque volume de contrôle } V_c. \quad (\text{B.4})$$

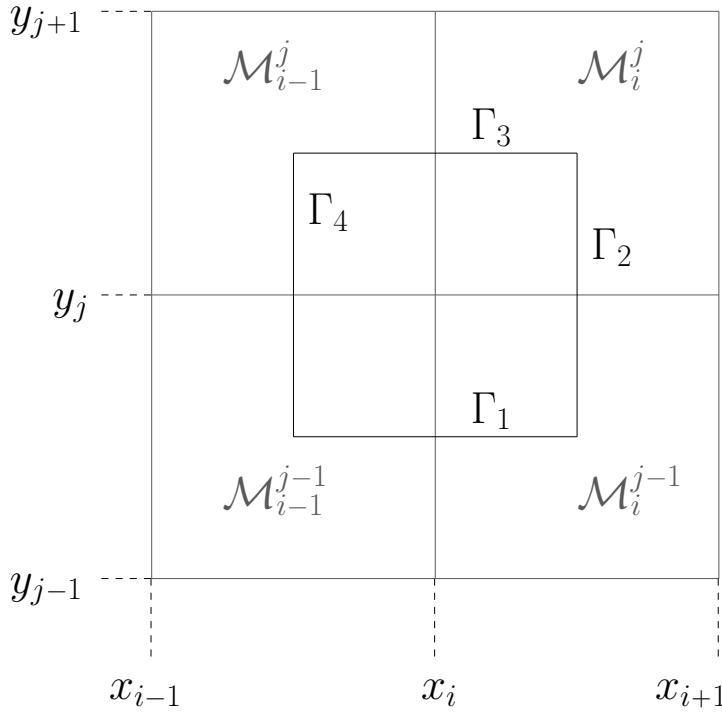


FIGURE B.1 – Méthode mixte éléments finis/volumes finis.

Pour ce qui est du membre de gauche, dans chaque maille  $\mathcal{M}_i^j$  on approxime  $\Pi$  par  $\tilde{\Pi}$  de manière Q1 *i.e.* :

$$\tilde{\Pi}_i^j(x, y) = \delta_i^j + \gamma_i^j x + \beta_i^j y + 2\alpha_i^j xy \quad \forall (x, y) \in \mathcal{M}_i^j. \quad (\text{B.5})$$

## B.2 Calcul des coefficients du polynôme Q1 : inversion de matrice

L'approximation polynomiale  $\tilde{\Pi}$  est telle qu'elle soit exacte en chacun des sommets des mailles. Les coefficients  $\alpha, \beta, \gamma$  et  $\delta$  sont ainsi solution du système suivant :

$$A_i^j \begin{pmatrix} \delta_i^j \\ \gamma_i^j \\ \beta_i^j \\ \alpha_i^j \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} \Pi_i^j \\ \Pi_{i+1}^j \\ \Pi_i^{j+1} \\ \Pi_{i+1}^{j+1} \end{pmatrix} \quad \text{dans chacune des mailles } \mathcal{M}_i^j \quad (\text{B.6})$$

où

$$A_i^j = \begin{pmatrix} 1 & x_i & y_j & 2x_i y_j \\ 1 & x_{i+1} & y_j & 2x_{i+1} y_j \\ 1 & x_i & y_{j+1} & 2x_i y_{j+1} \\ 1 & x_{i+1} & y_{j+1} & 2x_{i+1} y_{j+1} \end{pmatrix} \quad (\text{B.7})$$

Il s'agit donc maintenant d'inverser la matrice  $A$ . Appliquons l'algorithme d'élimination de Gauss-Jordan pour en trouver l'inverse :

$$\left( \begin{array}{cccc|cccc} 1 & x_i & y_j & 2x_iy_j & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 1 & x_{i+1} & y_j & 2x_{i+1}y_j & 0 & 1 & 0 & 0 \\ 1 & x_i & y_{j+1} & 2x_iy_{j+1} & 0 & 0 & 1 & 0 \\ 1 & x_{i+1} & y_{j+1} & 2x_{i+1}y_{j+1} & 0 & 0 & 0 & 1 \end{array} \right) \begin{matrix} L_1 \\ L_2 \\ L_3 \\ L_4 \end{matrix}$$

$$\left( \begin{array}{cccc|cccc} 1 & x_i & y_j & 2x_iy_j & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & \Delta x & 0 & 2y_j\Delta x & -1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 0 & \Delta y & 2x_i\Delta y & -1 & 0 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 2\Delta x\Delta y & 1 & -1 & -1 & 1 \end{array} \right) \begin{matrix} L_1 \\ L_2 \leftarrow L_2 - L_1 \\ L_3 \leftarrow L_3 - L_1 \\ L_4 \leftarrow L_4 + L_1 - L_2 - L_3 \end{matrix}$$

$$\left( \begin{array}{cccc|cccc} 1 & x_i & y_j & 2x_iy_j & 1 & 0 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 0 & 2y_j & -1/\Delta x & 1/\Delta x & 0 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 2x_i & -1/\Delta y & 0 & 1/\Delta y & 0 \\ 0 & 0 & 0 & 2 & \frac{1}{p} & \frac{-1}{p} & \frac{-1}{p} & \frac{1}{p} \end{array} \right) \begin{matrix} L_1 \\ L_2 \leftarrow L_2 / \Delta x \\ L_3 \leftarrow L_3 / \Delta y \\ L_4 \leftarrow L_4 / p \end{matrix}$$

avec  $p = \Delta x \Delta y$ .

$$\left( \begin{array}{cccc|cccc} 1 & 0 & 0 & 0 & 1 + \frac{x_i}{\Delta x} + \frac{y_j}{\Delta y} + \frac{x_i y_j}{p} & -\frac{x_i}{\Delta x} - \frac{x_i y_j}{p} & -\frac{y_j}{\Delta y} - \frac{x_i y_j}{p} & \frac{x_i y_j}{p} \\ 0 & 1 & 0 & 0 & \frac{-1}{\Delta x} - \frac{y_j}{p} & \frac{1}{\Delta x} + \frac{y_j}{p} & \frac{y_j}{\Delta y} & -\frac{y_j}{p} \\ 0 & 0 & 1 & 0 & \frac{-1}{\Delta y} - \frac{x_i}{p} & \frac{x_i}{\Delta y} + \frac{x_i}{p} & \frac{1}{\Delta y} + \frac{x_i}{p} & -\frac{x_i}{p} \\ 0 & 0 & 0 & 1 & \frac{1}{2p} & \frac{-1}{2p} & \frac{-1}{2p} & \frac{1}{2p} \end{array} \right) \begin{matrix} L_1 \leftarrow L_1 - x_i L_2 \\ -y_j L_3 + x_i y_j L_4 \\ L_2 \leftarrow L_2 - y_j L_4 \\ L_3 \leftarrow L_3 - x_i L_4 \\ L_4 \leftarrow L_4 / 2 \end{matrix}$$

En remarquant que :

$$\begin{aligned} \frac{1}{\Delta y} + \frac{x_i}{p} &= \frac{1}{p}(\Delta x + x_i) = \frac{x_{i+1}}{p}, \\ \frac{1}{\Delta x} + \frac{y_j}{p} &= \frac{1}{p}(\Delta y + y_j) = \frac{y_{j+1}}{p}, \\ 1 + \frac{x_i}{\Delta x} + \frac{y_j}{\Delta y} + \frac{x_i y_j}{p} &= \frac{1}{p}(\Delta x \Delta y + \Delta y x_i + \Delta x y_j + x_i y_j) = \frac{1}{p} x_{i+1} y_{j+1}, \end{aligned}$$

on a ainsi :

$$A^{-1} = \frac{1}{p} \begin{pmatrix} x_{i+1} y_{j+1} & -x_i y_{j+1} & -x_{i+1} y_j & x_i y_j \\ -y_{j+1} & y_{j+1} & y_j & -y_j \\ -x_{i+1} & x_i & x_{i+1} & -x_i \\ 1/2 & -1/2 & -1/2 & 1/2 \end{pmatrix}. \quad (\text{B.8})$$

### B.3 Ecriture de la méthode comme un schéma à 9 points.

Chacune des intégrales de bord du problème variationnel B.5 est approximée avec :

$$\int \partial_x \tilde{\Pi}_i^j \, dy = \int (2\alpha_i^j y + \gamma_i^j) \, dy = [\alpha_i^j y^2 + \gamma_i^j y] = \alpha_i^j [y^2] + \gamma_i^j [y].$$

$$\int \partial_y \tilde{\Pi}_i^j \, dx = \int (2\alpha_i^j x + \beta_i^j) \, dx = [\alpha_i^j x^2 + \beta_i^j x] = \alpha_i^j [x^2] + \beta_i^j [x].$$

On découpe alors chacun des bords  $\Gamma_i$  sur les deux mailles qu'il traverse :

$$\begin{aligned} \int_{\Gamma_2 \cap \mathcal{M}_i^j} k \partial_x \tilde{\Pi} \, dy &= k_{i+\frac{1}{2}}^j (\alpha_i^j (y_{j+\frac{1}{2}}^2 - y_j^2) + \gamma_i^j (y_{j+\frac{1}{2}} - y_j)) \\ &= \frac{\Delta y}{2} k_{i+\frac{1}{2}}^j (\alpha_i^j (2y_j + \Delta y/2) + \gamma_i^j) \end{aligned} \quad (\text{B.9})$$

$$\begin{aligned} \int_{\Gamma_2 \cap \mathcal{M}_i^{j-1}} k \partial_x \tilde{\Pi} \, dy &= k_{i+\frac{1}{2}}^j (\alpha_i^{j-1} (y_j^2 - y_{j-\frac{1}{2}}^2) + \gamma_i^{j-1} (y_j - y_{j-\frac{1}{2}})) \\ &= \frac{\Delta y}{2} k_{i+\frac{1}{2}}^j (\alpha_i^{j-1} (2y_j - \Delta y/2) + \gamma_i^{j-1}) \end{aligned} \quad (\text{B.10})$$

$$\begin{aligned} \int_{\Gamma_4 \cap \mathcal{M}_{i-1}^j} k \partial_x \tilde{\Pi} \, dy &= k_{i-\frac{1}{2}}^j (\alpha_{i-1}^j (y_{j+\frac{1}{2}}^2 - y_j^2) + \gamma_{i-1}^j (y_{j+\frac{1}{2}} - y_j)) \\ &= \frac{\Delta y}{2} k_{i-\frac{1}{2}}^j (\alpha_{i-1}^j (2y_j + \Delta y/2) + \gamma_{i-1}^j) \end{aligned} \quad (\text{B.11})$$

$$\begin{aligned} \int_{\Gamma_4 \cap \mathcal{M}_{i-1}^{j-1}} k \partial_x \tilde{\Pi} \, dy &= k_{i-\frac{1}{2}}^j (\alpha_{i-1}^{j-1} (y_j^2 - y_{j-\frac{1}{2}}^2) + \gamma_{i-1}^{j-1} (y_j - y_{j-\frac{1}{2}})) \\ &= \frac{\Delta y}{2} k_{i-\frac{1}{2}}^j (\alpha_{i-1}^{j-1} (2y_j - \Delta y/2) + \gamma_{i-1}^{j-1}) \end{aligned} \quad (\text{B.12})$$

$$\begin{aligned} \int_{\Gamma_1 \cap \mathcal{M}_i^{j-1}} k \partial_y \tilde{\Pi} \, dx &= k_i^{j-\frac{1}{2}} (\alpha_i^{j-1} (x_{i+\frac{1}{2}}^2 - x_i^2) + \beta_i^{j-1} (x_{i+\frac{1}{2}} - x_i)) \\ &= \frac{\Delta x}{2} k_i^{j-\frac{1}{2}} (\alpha_i^{j-1} (2x_i + \Delta x/2) + \beta_i^{j-1}) \end{aligned} \quad (\text{B.13})$$

$$\begin{aligned} \int_{\Gamma_1 \cap \mathcal{M}_{i-1}^{j-1}} k \partial_y \tilde{\Pi} \, dx &= k_i^{j-\frac{1}{2}} (\alpha_{i-1}^{j-1} (x_i^2 - x_{i-\frac{1}{2}}^2) + \beta_{i-1}^{j-1} (x_i - x_{i-\frac{1}{2}})) \\ &= \frac{\Delta x}{2} k_i^{j-\frac{1}{2}} (\alpha_{i-1}^{j-1} (2x_i - \Delta x/2) + \beta_{i-1}^{j-1}) \end{aligned} \quad (\text{B.14})$$

$$\int_{\Gamma_3 \cap \mathcal{M}_i^j} k \partial_y \tilde{\Pi} \, dx = k_i^{j+\frac{1}{2}} (\alpha_i^j (x_{i+\frac{1}{2}}^2 - x_i^2) + \beta_i^j (x_{i+\frac{1}{2}} - x_i))$$

$$= \frac{\Delta x}{2} k_i^{j+\frac{1}{2}} (\alpha_i^j (2x_i + \Delta x/2) + \beta_i^j) \quad (\text{B.15})$$

$$\int_{\Gamma_3 \cap \mathcal{M}_{i-1}^j} k \partial_y \tilde{\Pi} \, dx = k_i^{j+\frac{1}{2}} (\alpha_{i-1}^j (x_i^2 - x_{i-\frac{1}{2}}^2) + \beta_{i-1}^j (x_i - x_{i-\frac{1}{2}})) \\ = \frac{\Delta x}{2} k_i^{j+\frac{1}{2}} (\alpha_{i-1}^j (2x_i - \Delta x/2) + \beta_{i-1}^j) \quad (\text{B.16})$$

L'intégrale sur chacun des bords vaut donc :

$$\int_{\Gamma_1} k \partial_y \tilde{\Pi} \, dx = \frac{\Delta x}{2} k_i^{j-\frac{1}{2}} \left( \frac{\Delta x}{2} (\alpha_i^{j-1} - \alpha_{i-1}^{j-1}) + 2x_i (\alpha_i^{j-1} + \alpha_{i-1}^{j-1}) + \beta_i^{j-1} + \beta_{i-1}^{j-1} \right) \quad (\text{B.17})$$

$$\int_{\Gamma_3} k \partial_y \tilde{\Pi} \, dx = \frac{\Delta x}{2} k_i^{j+\frac{1}{2}} \left( \frac{\Delta x}{2} (\alpha_i^j - \alpha_{i-1}^j) + 2x_i (\alpha_i^j + \alpha_{i-1}^j) + \beta_i^j + \beta_{i-1}^j \right) \quad (\text{B.18})$$

$$\int_{\Gamma_2} k \partial_x \tilde{\Pi} \, dy = \frac{\Delta y}{2} k_{i+\frac{1}{2}}^j \left( \frac{\Delta y}{2} (\alpha_i^j - \alpha_i^{j-1}) + 2y_j (\alpha_i^j + \alpha_i^{j-1}) + \gamma_i^j + \gamma_i^{j-1} \right) \quad (\text{B.19})$$

$$\int_{\Gamma_4} k \partial_x \tilde{\Pi} \, dy = \frac{\Delta y}{2} k_{i-\frac{1}{2}}^j \left( \frac{\Delta y}{2} (\alpha_{i-1}^j - \alpha_{i-1}^{j-1}) + 2y_j (\alpha_{i-1}^j + \alpha_{i-1}^{j-1}) + \gamma_{i-1}^j + \gamma_{i-1}^{j-1} \right) \quad (\text{B.20})$$

Or le calcul de l'inverse de  $A$  nous fournit les coefficients  $\alpha, \beta, \gamma$  et  $\delta$  en fonction de  $\Pi$ . On peut ainsi les substituer dans les équations (B.17)-(B.20).

Pour faciliter la compréhension des calculs, présentons-les dans des tableaux. Les lignes décrivant seulement  $\alpha, \beta$  ou  $\gamma$  ne sont que des réécritures des lignes de  $A^{-1}$ . Les autres lignes sont des combinaisons des précédentes. La première colonne indique la combinaison effectuée.

Bord $\Gamma_2$	$\Pi_i^{j-1}$	$\Pi_{i+1}^{j-1}$	$\Pi_i^j$	$\Pi_{i+1}^j$	$\Pi_i^{j+1}$	$\Pi_{i+1}^{j+1}$
(a)	$\alpha_i^j$			$1/2p$	$-1/2p$	$1/2p$
	$\alpha_i^{j-1}$	$1/2p$	$-1/2p$	$-1/2p$	$1/2p$	
	$\alpha_i^j + \alpha_i^{j-1}$	$1/2p$	$-1/2p$		$-1/2p$	$1/2p$
	$\alpha_i^j - \alpha_i^{j-1}$	$1/2p$	$-1/2p$	$1/p$	$-1/p$	$-1/2p$
(c)	$\gamma_i^j$			$-y_{j+1}/p$	$y_{j+1}/p$	$y_j/p$
	$\gamma_i^{j-1}$	$-y_j/p$	$y_j/p$	$y_{j-1}/p$	$-y_{j-1}/p$	
	$\gamma_i^j + \gamma_i^{j-1}$	$-y_j/p$	$y_j/p$	$-2\Delta y/p$	$2\Delta y/p$	$y_j/p$
	$\frac{2y_j(a)+(c)}{\Delta y(b)+2y_j(a)+(c)}$	$-\frac{\Delta y}{4p}$	$\frac{\Delta y}{4p}$	$-\frac{3}{2} \frac{\Delta y}{p}$	$\frac{3}{2} \frac{\Delta y}{p}$	$-\frac{\Delta y}{4p}$

Ainsi :

$$\int_{\Gamma_2} k \partial_x \tilde{\Pi} dy = \frac{\Delta y^2}{8p} k_{i+\frac{1}{2}}^j \left( -\Pi_i^{j-1} + \Pi_{i+1}^{j-1} - 6\Pi_i^j + 6\Pi_{i+1}^j - \Pi_i^{j+1} + \Pi_{i+1}^{j+1} \right) \quad (\text{B.21})$$

De la même manière (juste en décalant l'indice  $i$  d'un cran) on a :

$$\int_{\Gamma_4} k \partial_x \tilde{\Pi} dy = \frac{\Delta y^2}{8p} k_{i-\frac{1}{2}}^j \left( -\Pi_{i-1}^{j-1} + \Pi_i^{j-1} - 6\Pi_{i-1}^j + 6\Pi_i^j - \Pi_{i-1}^{j+1} + \Pi_i^{j+1} \right) \quad (\text{B.22})$$

Bord $\Gamma_3$	$\Pi_{i-1}^j$	$\Pi_i^j$	$\Pi_{i+1}^j$	$\Pi_{i-1}^{j+1}$	$\Pi_i^{j+1}$	$\Pi_{i+1}^{j+1}$
(a)	$\alpha_i^j$		$1/2p$	$-1/2p$		$-1/2p$
	$\alpha_{i-1}^j$	$1/2p$	$-1/2p$		$-1/2p$	$1/2p$
	$\alpha_i^j + \alpha_{i-1}^j$	$1/2p$		$-1/2p$	$-1/2p$	$1/2p$
(b)	$\alpha_i^j - \alpha_{i-1}^j$	$-1/2p$	$1/p$	$-1/2p$	$1/2p$	$-1/p$
	$\beta_i^j$		$-x_{i+1}/p$	$x_i/p$		$x_{i+1}/p$
	$\beta_{i-1}^j$	$-x_i/p$	$x_{i-1}/p$		$x_i/p$	$-x_{i-1}/p$
(c)	$\beta_i^j + \beta_{i-1}^{j-1}$	$-x_i/p$	$-2\Delta x/p$	$x_i/p$	$x_i/p$	$2\Delta x/p$
	$2x_i(a) + (c)$	$-\frac{\Delta x}{4p}$	$-\frac{3}{2}\frac{\Delta x}{p}$	$-\frac{\Delta x}{4p}$	$\frac{\Delta x}{4p}$	$\frac{3}{2}\frac{\Delta x}{p}$
	$\frac{\Delta x}{2}(b) + 2x_i(a) + (c)$					$\frac{\Delta x}{4p}$

Ainsi :

$$\int_{\Gamma_3} k \partial_y \tilde{\Pi} dx = \frac{\Delta x^2}{8p} k_i^{j+\frac{1}{2}} \left( -\Pi_{i-1}^j - 6\Pi_i^j - \Pi_{i+1}^j + \Pi_{i-1}^{j+1} + 6\Pi_i^{j+1} + \Pi_{i+1}^{j+1} \right) \quad (\text{B.23})$$

Et de la même manière, on a :

$$\int_{\Gamma_1} k \partial_y \tilde{\Pi} dx = \frac{\Delta x^2}{8p} k_i^{j-\frac{1}{2}} \left( -\Pi_{i-1}^{j-1} - 6\Pi_i^{j-1} - \Pi_{i+1}^{j-1} + \Pi_{i-1}^j + 6\Pi_i^j + \Pi_{i+1}^j \right) \quad (\text{B.24})$$

Dans le cas particulier où  $k \equiv 1$  et où  $\Delta x = \Delta y := h$  alors l'opérateur de discréétisation prend une forme plus simple. La formulation variationnel (B.5) devient alors :

$$\begin{aligned} & \frac{1}{8} \left[ \left( -\Pi_{i-1}^{j-1} - 6\Pi_i^{j-1} - \Pi_{i+1}^{j-1} + \Pi_{i-1}^j + 6\Pi_i^j + \Pi_{i+1}^j \right) \right. \\ & \quad - \left( -\Pi_i^{j-1} + \Pi_{i+1}^{j-1} - 6\Pi_i^j + 6\Pi_{i+1}^j - \Pi_i^{j+1} + \Pi_{i+1}^{j+1} \right) \\ & \quad - \left( -\Pi_{i-1}^j - 6\Pi_i^j - \Pi_{i+1}^j + \Pi_{i-1}^{j+1} + 6\Pi_i^{j+1} + \Pi_{i+1}^{j+1} \right) \\ & \quad \left. + \left( -\Pi_{i-1}^{j-1} + \Pi_i^{j-1} - 6\Pi_{i-1}^j + 6\Pi_i^j - \Pi_{i-1}^{j+1} + \Pi_i^{j+1} \right) \right] = h^2 F_i^j \\ \Leftrightarrow & \frac{1}{4h^2} \left[ -\Pi_{i-1}^{j-1} - 2\Pi_i^{j-1} - \Pi_{i+1}^{j-1} - 2\Pi_{i-1}^j + 12\Pi_i^j \right. \\ & \quad \left. - 2\Pi_{i+1}^j - \Pi_{i-1}^{j+1} - 2\Pi_i^{j+1} - \Pi_{i+1}^{j+1} \right] = F_i^j \end{aligned} \quad (\text{B.25})$$

Le schéma présenté ici est donc équivalent à un schéma à 9 points, comme illustré sur la Figure 3.3b.



## Exploration de différentes pénalisations sur la fonction coût utilisée pour optimiser les niveaux de gris.

### C.1 Régularisation de Moreau-Yosida

#### C.1.1 Présentation de la régularisation et propriétés.

**Définition C.1.1.** Soit  $J : \mathbb{R}^n \rightarrow \mathbb{R}$  une fonction. La transformée (ou régularisée) de Moreau-Yosida de  $J$  est définie à l'aide d'un paramètre  $c > 0$  par

$$J_c(u) := \min_{v \in \mathbb{R}^n} \left( J(v) + \frac{1}{2c} \|v - u\|^2 \right). \quad (\text{C.1})$$

En prenant  $v = u$  dans le minimum, on obtiens que :

**Propriété C.1.2.**  $\forall c > 0, \quad \forall u \in \mathbb{R}^n, \quad J_c(u) \leq J(u).$

Si  $J$  est une fonction à minimiser, alors la propriété suivante est utile :

**Propriété C.1.3.** Soit  $a$  le minimum de  $J$ . Soit  $u$  l'un des antécédants de  $a$ . Alors  $u$  minimise aussi  $J_c$  et on a  $J_c(u) = J(u) = a$  quelque soit  $c > 0$ .

*Démonstration.* Notons  $f_u(v) := J(v) + \frac{1}{2c} \|v - u\|^2$ .

$\Rightarrow)$  Soit  $u_0$ , un point en lequel  $J$  atteint son minimum.

On a alors  $f_{u_0}(u_0) = J(u_0) \leq J(u) \leq J(u) + \frac{1}{2c} \|u - u_0\|^2 = f_{u_0}(u), \forall u,$

d'où  $J_c(u_0) = \min_u f_{u_0}(u) = J(u_0)$ . On a donc égalité des fonctions  $J$  et  $J_c$  en  $u_0$ . Reste à montrer que  $u_0$  est bien un point de minimum pour  $J_c$ .

Comme  $u_0$  minimise  $J$ , on a  $J(u_0) \leq J(v), \forall v$ .

d'où  $J(u_0) + \frac{1}{2c} \|v - u\|^2 \leq J(v) + \frac{1}{2c} \|v - u\|^2, \forall u, \forall v$ .

Ainsi  $\min_v (J(u_0) + \frac{1}{2c} \|v - u\|^2) \leq \min_v (J(v) + \frac{1}{2c} \|v - u\|^2) = J_c(u) \forall u$ .

Or  $\min_v (J(u_0) + \frac{1}{2c} \|v - u\|^2) = J(u_0)$  et  $J(u_0) = J_c(u_0)$

donc  $J_c(u_0) \leq J(u), \forall u$ . et ainsi  $u_0$  minimise  $J_c$ .

$\Leftarrow)$  Supposons que  $u_0$  minimise  $J_c$ . On a alors

$$J_c(u_0) \leq J_c(u) = \min_v f_u(v) \leq f_u(u) = J(u) \quad \forall u.$$

Mais  $J_c(u_0) = J(u_0)$ . Ainsi  $J(u_0) \leq J(u)$ ,  $\forall u$  et donc  $u_0$  minimise  $J$ . ■

Ainsi minimiser la fonction  $J$  est équivalent à minimiser la fonction  $J_c$ . L'avantage de la fonction  $J_c$ , c'est qu'elle est construite de sorte à être différentiable aux abords du point de minimum même si  $J$  ne l'est pas ( $J$  peut même être discontinue). Le principal désavantage, c'est que le problème  $\min_u J_c(u)$  est infiniment plus complexe à résoudre que le problème  $\min_u J(u)$  puisque la fonction  $J_c$  nécessite le calcul d'un minimum à chaque évaluation. Qu'à cela ne tienne. Dans notre cas, nous connaissons explicitement  $J$ . La transformée de Moreau-Yosida n'est appliquée que pour gagner en régularité. Ainsi, on peut calculer explicitement  $J_c$ . Avant de fournir un exemple, remarquons que

**Propriété C.1.4.** Si la fonction  $J$  est paire, alors sa régularisée  $J_c$  l'est aussi.

*Démonstration.*

$$\begin{aligned} J_c(-u) &= \min_{v \in \mathbb{R}} \left( J(v) + \frac{1}{2c} \|v + u\|^2 \right) \\ &= \min_{s \in \mathbb{R}} \left( J(-s) + \frac{1}{2c} \|-s + u\|^2 \right) \quad \text{en posant } s = -v \\ &= \min_{s \in \mathbb{R}} \left( J(s) + \frac{1}{2c} \|s - u\|^2 \right) = J_c(u) \quad (\text{car } J \text{ et } \|\cdot\|^2 \text{ sont paires}). \end{aligned}$$
■

Ceci va nous permettre d'alléger les calculs. Regardons en exemple, le calcul de la régularisée d'une fonction créneau.

**Exemple :** Considérons la fonction créneau :

$$J(u) = \begin{cases} 0 & \text{si } u \in [-a; a], \\ 1 & \text{sinon.} \end{cases}$$

On pose  $f_u(v) = J(v) + \|v - u\|^2/2c$ . On a  $f'_u(v) = (v - u)/c$ ,  $\forall u \in \mathbb{R} \setminus \{-a, a\}$ . En  $\pm a$ , la dérivée n'est pas définie.

Puisque  $J$  est paire, nous pouvons limiter l'étude de sa régularisée aux  $u$  positifs. La fonction étant discontinue en  $a$ , il faut distinguer 2 cas :

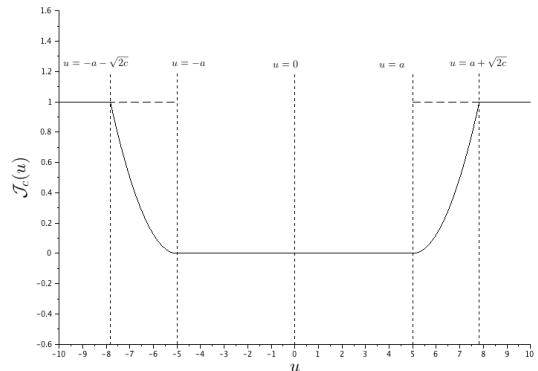


FIGURE C.1 – Régularisation de Moreau-Yosida d'une fonction créneau avec  $c = 4$ .

- Cas 1 :  $a < u$

$v$	0	$a$	$u$	$+\infty$
$f'_u(v)$	—	—	0	+
$f_u(v)$	$u^2/2c$	$1+(a-u)^2/2c$	1	$+\infty$

$\parallel$

$(a-u)^2/2c$

Ici,  $u \leq a \Rightarrow \min_v f_u(v) = \min(1, (a-u)^2/2c)$ . Ainsi  $J_c$  vaut 1 si  $(a-u)^2/2c \geq 1$ , i.e. si  $u \leq a + \sqrt{2c}$ ; si  $u > a + \sqrt{2c}$  alors  $J_c(u) = (a-u)^2/2c$ .

- Cas 2 :  $a \geq u$ . Ici tout les points  $u$  tel que  $0 \leq u \leq a$  minimise  $J$ . Donc  $J_c(u) = J(u) = 0$  sur cet intervalle. On peut s'en rassurer avec le tableau de variation suivant :

$v$	0	$u$	$a$	$+\infty$
$f'_u(v)$	—	0	—	+
$f_u(v)$	$u^2/2c$	0	$(a-u)^2/2c$	$+\infty$

$\parallel$

$1+(a-u)^2/2c$

qui nous donne bien  $J_c(u) = \min_v f_u(v) = 0$ .

Bilan : On a une expression explicite de la régularisée (que l'on complète par parité de la fonction) :

$$J_c(u) = \begin{cases} 1 & \text{si } u \in ]-\infty; -a - \sqrt{2c}] \cup [a + \sqrt{2c}; +\infty[ \\ (a-u)^2/2c & \text{si } u \in ]-a - \sqrt{2c}; -a[ \cup ]a; a + \sqrt{2c}[ \\ 0 & \text{si } u \in [-a; a] \end{cases}$$

L'allure de la fonction créneau  $J$  et de sa régularisée  $J_c$ , sont présentées Figure C.1.

Notons que la fonction n'est régulière qu'aux abords des minimums. La valeur 0 est raccordé de manière dérivable, mais pas de dérivabilité pour le raccord en 1.

Remarquons également que plus le paramètre  $c$  est grand, plus l'intervalle sur lequel agit la régularisation est large.

On pourrait aller beaucoup plus loin dans l'étude des propriétés de cette régularisation. De nombreuses publications ont été faites notamment dans des cas où l'on ne connaît pas analytiquement la fonction  $J$  et où l'on s'intéresse notamment au problème adjoint... Nous ne nous étalerons pas plus sur ce vaste sujet : là n'est pas l'objet de ce manuscrit.

### C.1.2 Régularisation de Moreau-Yosida appliquée à une parabole tronquée.

On considère dans cette section, la parabole tronquée suivante

$$J(u) = [u^2 - a^2]^+ \quad (\text{C.2})$$

où  $a^2$  est le minimum de la parabole d'origine, et où  $[x]^+ = \max(x, 0)$ . De la même manière que dans l'exemple de la section précédente, nous allons construire explicitement la régularisée de cette fonction. On a ici :

$$f_u(v) = [v^2 - a^2]^+ + \frac{1}{2c} \|v - u\|^2. \quad (\text{C.3})$$

De plus, comme la fonction  $J$  est paire, on restreint l'étude à l'ensemble  $\mathbb{R}_+$ . Ainsi la dérivée est caractérisée sur  $\mathbb{R}_+$  par

$$f'_u(v) = \begin{cases} \frac{v-u}{c} & \text{si } v < a, \\ \text{non définie} & \text{si } v = a, \\ 2v + \frac{v-u}{c} & \text{si } v > a. \end{cases} \quad (\text{C.4})$$

Ainsi

$$f'_u(v) = 0 \iff \begin{cases} v = u & \text{si } v < a, \\ v = \frac{u}{2c+1} & \text{si } v > a. \end{cases} \quad (\text{C.5})$$

Les cas suivants sont donc à considérer (remarquer que comme  $c > 0$  et  $u > 0$  on a toujours  $\frac{u}{2c+1} < u$ ) :

- Cas 1 :  $0 < \frac{u}{2c+1} < u \leq a$

Dans ce cas là  $u$  minimise  $J$ . Donc  $J_c(u) = J(u) = 0, \forall u \leq a$ .

- Cas 2 :  $0 < \frac{u}{2c+1} < a < u$

$v$	0	$\frac{u}{2c+1}$	$a$	$u$	$+\infty$
$f'_u(v)$	-	-	+	+	+
$f_u(v)$					

Ici,  $\min_v f_u(v) = f(a) = \frac{1}{2c} \|a - u\|^2, \forall u \in ]a, a(2c+1)[$ .

- Cas 2 :  $0 < a < \frac{u}{2c+1} < u$

$v$	0	$a$	$\frac{u}{2c+1}$	$u$	$+\infty$
$f'_u(v)$	-	-	0	+	+
$f_u(v)$					

$$\begin{aligned} \text{Ici, } \min_v f_u(v) &= f\left(\frac{u}{2c+1}\right) = \left[\left(\frac{u}{2c+1}\right)^2 - a^2\right]^+ + \frac{1}{2c} \left\| \frac{u}{2c+1} - u \right\|^2 \\ &= \left(\frac{u}{2c+1}\right)^2 - a^2 + \frac{1}{2c} \left(\frac{-2cu}{2c+1}\right)^2 \\ &= \frac{u^2}{2c+1} - a^2, \quad \forall u \in ]a(2c+1), +\infty[. \end{aligned}$$

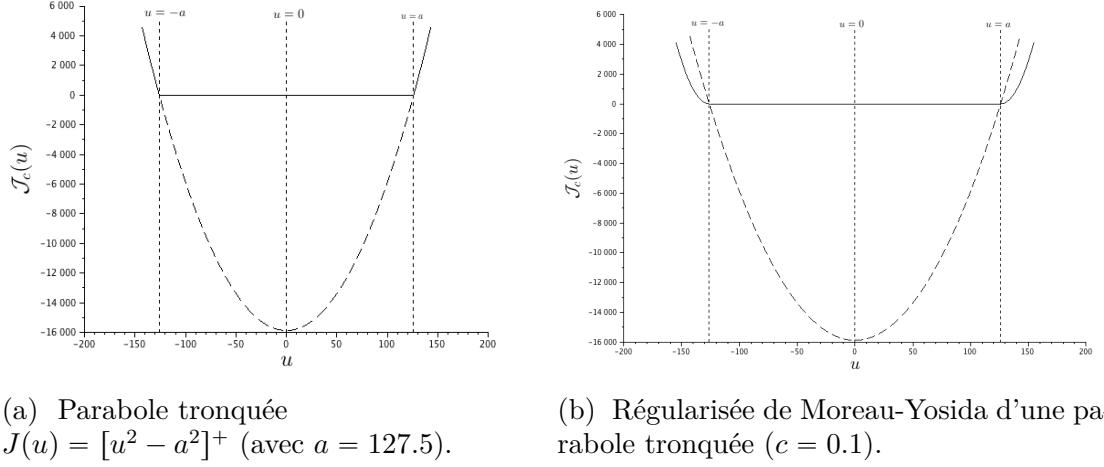


FIGURE C.2 – Exemple d'une régularisation de Moreau-Yosida.

Ainsi l'expression de la régularisée de la parabole tronquée C.2 est donnée par

$$J_c(u) = \begin{cases} \frac{u^2}{1+2c} - a^2 & \text{si } u \in ]-\infty; -a(2c+1)] \cup [a(2c+1); +\infty[ \\ \frac{1}{2c} \|a-u\|^2 & \text{si } u \in ]-a(2c+1); -a[\cup]a; a(2c+1)[ \\ 0 & \text{si } u \in [-a; a], \end{cases} \quad (\text{C.6})$$

et son allure est présentée sur la Figure C.2b.

## C.2 Impact du choix de la pénalisation sur l'optimisation des niveaux de gris

Comme montré dans le chapitre 4 (*cf.* notamment Table 4.2 et surtout dans la Table 4.3), les algorithmes d'optimisations sur les niveaux de gris tendent, dans certaines configurations, vers des jeux de paramètres optimaux qui s'approchent du bord 0 ou du bord 255, voire même qui sont négatifs (*i.e.* non convergence de l'algorithme d'optimisation). Ce phénomène pourrait être dû notamment au fait que la pénalisation en créneau (4.5) présente une discontinuité. Les algorithmes de descente notamment fonctionnant sur une approximation du gradient peuvent ainsi être perturbé par cette discontinuité. Examinons ceci de plus près. Essayons une pénalisation continue : une parabole coupée

$$\mathcal{P}(\tau) = \left[ (E(\tau) - 127.5)^2 - 126^2 \right]^+, \quad (\text{C.7})$$

où  $[.]^+ = \max(0, .)$  désigne la partie positive et où  $E(\tau)$  est la composante de  $\tau$  la plus éloignée du centre de l'intervalle autorisé (127.5 milieu de  $[0; 255]$ ) :

$$E(\tau) = \arg \max_{i=1,2,3} (|\tau_i - 127.5|). \quad (\text{C.8})$$

Scanners choisis pour l'optimisation	Algorithme d'optimisation			
	SLSQP $\tau_N, \tau_P$	GC $\tau_N, \tau_P$	Nelder-Mead $\tau_N, \tau_P$	BFGS $\tau_N, \tau_P$
[2, 3]	25.49, 150.89 Err : 1.9e-02	31.85, 146.9 Err : 1.9e-02	253.5, 7.25 Err : 1.4e-02	243.58, 12.08 Err : 1.6e-02
[2, 3, 4]	23.64, 147.84 Err : 4.4e-02	32.94, 142.01 Err : 4.3e-02	253.5, 3.7 Err : 3.6e-02	251.64, 7.61 Err : 4.0e-02
[2, 3, 5]	22.75, 146.5 Err : 6.9e-02	27.06, 143.79 Err : 6.9e-02	253.3, 1.5 Err : 6.6e-02	223.15, 18.18 Err : 6.7e-02
[2, 3, 4, 5]	21.9, 145.05 Err : 6.5e-02	27.6, 141.48 Err : 6.5e-02	250.96, 1.5 Err : 6.0e-02	240.24, 10.71 Err : 6.3e-02
[2, 5, 7]	15.96, 135.58 Err : 2.0e-01	24.3, 130.33 Err : 2.0e-01	229.3, 1.5 Err : 2.0e-01	235.36, 2.59 Err : 2.0e-01
[1, 7, 11]	1.5, 139.07 Err : 1.1e-01	1.37, 139.29 Err : 3.3e+01	1.5, 139.51 Err : 1.1e-01	6.14, 132.04 Err : 1.2e-01
[1, 9, 11]	31.17, 131.88 Err : 2.7e-01	1.53, 133.91 Err : 2.6e-01	1.5, 134.01 Err : 2.6e-01	2.14, 140.56 Err : 2.7e-01
[1, 2, 7, 11]	28.41, 138.98 Err : 1.3e-01	6.75, 143.27 Err : 1.2e-01	6.3, 143.36 Err : 1.2e-01	6.13, 143.4 Err : 1.2e-01
[1, 3, 7, 11]	27.94, 137.75 Err : 1.2e-01	1.44, 142.73 Err : 1.5e+01	1.5, 142.8 Err : 1.1e-01	1.6, 145.64 Err : 1.1e-01
[3, 5, 7]	13.92, 132.24 Err : 1.9e-01	14.03, 132.18 Err : 1.9e-01	223.42, 1.5 Err : 1.9e-01	13.91, 132.23 Err : 1.9e-01
[1, 3, 5, 7]	23.41, 137.16 Err : 1.4e-01	1.33, 144.12 Err : 4.3e+01	1.5, 144.36 Err : 1.2e-01	3.0, 148.52 Err : 1.3e-01
[2, 3, 5, 7]	18.39, 139.46 Err : 1.7e-01	23.89, 136.02 Err : 1.7e-01	238.19, 1.5 Err : 1.7e-01	235.76, 6.99 Err : 1.7e-01
[1, 2, 5, 7]	24.17, 138.77 Err : 1.4e-01	1.53, 146.1 Err : 1.3e-01	1.5, 146.21 Err : 1.3e-01	2.29, 142.22 Err : 1.4e-01

TABLE C.1 – Tableau récapitulatif des optimisations réalisées sur 2 niveaux de gris,  $\tau_S$  fixé à 197, avec pénalisation quadratique (C.7) (*cf.* Figure C.2a), pour les combinaisons défavorables de la Table 4.3, page 50.

L'aspect de cette pénalisation est présenté sur la Figure C.2a (avec  $a = 126$ ;  $u = E(\tau) - 127.5$ ). Il s'agit d'une parabole dont on ignore la partie négative. Ici la pénalisation intervient sur un intervalle légèrement plus court que  $[0; 255]$ , car de toute façon les valeurs de  $\tau$  n'ont pas à s'approcher de ces bornes (la pénalisation est non nulle en dehors de  $[1.5; 253.5]$ ).

Les résultats des optimisations de niveaux de gris faites avec la pénalisation (C.7) sont présentés dans la Table C.1. Ici plus de valeurs négatives, cependant la borne 1.5 est atteinte à plusieurs reprises. De même les résultats entre les algorithmes sont très variables. Ainsi, ici, il est difficile de dire s'il y a eu une amélioration ou non par rapport à la pénalisation en créneau. La pénalisation considérée ici n'est que  $C^0$  car il y a 2 points anguleux. Peut-être que cette régularité n'est pas suffisante encore.

Scanners choisis pour l'optimisation	Algorithme d'optimisation			
	SLSQP $\tau_N, \tau_P$	GC $\tau_N, \tau_P$	Nelder-Mead $\tau_N, \tau_P$	BFGS $\tau_N, \tau_P$
[2, 3]	25.49, 150.89 Err : 1.9e-02	31.85, 146.9 Err : 1.9e-02	253.5, 7.25 Err : 1.4e-02	250.64, 7.62 Err : 1.6e-02
[2, 3, 4]	23.64, 147.84 Err : 4.4e-02	32.94, 142.01 Err : 4.3e-02	253.5, 3.7 Err : 3.6e-02	219.06, 27.85 Err : 4.0e-02
[2, 3, 5]	22.75, 146.5 Err : 6.9e-02	27.06, 143.79 Err : 6.9e-02	253.3, 1.5 Err : 6.6e-02	223.15, 18.18 Err : 6.7e-02
[2, 3, 4, 5]	21.9, 145.05 Err : 6.5e-02	27.6, 141.48 Err : 6.5e-02	250.96, 1.5 Err : 6.0e-02	218.18, 24.41 Err : 6.3e-02
[2, 5, 7]	15.96, 135.58 Err : 2.0e-01	24.3, 130.33 Err : 2.0e-01	229.3, 1.5 Err : 2.0e-01	220.88, 11.53 Err : 2.0e-01
[1, 7, 11]	1.5, 139.48 Err : 1.1e-01	1.37, 139.29 Err : 1.9e-01	1.5, 139.5 Err : 1.1e-01	6.14, 132.04 Err : 1.2e-01
[1, 9, 11]	31.17, 131.88 Err : 2.7e-01	1.5, 134.0 Err : 2.6e-01	1.5, 134.01 Err : 2.6e-01	2.14, 140.56 Err : 2.7e-01
[1, 2, 7, 11]	28.41, 138.98 Err : 1.3e-01	6.75, 143.27 Err : 1.2e-01	6.3, 143.36 Err : 1.2e-01	6.13, 143.4 Err : 1.2e-01
[1, 3, 7, 11]	27.94, 137.75 Err : 1.2e-01	1.44, 142.73 Err : 1.3e-01	1.5, 142.8 Err : 1.1e-01	1.5, 142.8 Err : 1.1e-01
[3, 5, 7]	13.92, 132.24 Err : 1.9e-01	14.03, 132.18 Err : 1.9e-01	223.42, 1.5 Err : 1.9e-01	13.91, 132.23 Err : 1.9e-01
[1, 3, 5, 7]	23.41, 137.16 Err : 1.4e-01	1.33, 144.12 Err : 2.7e-01	1.5, 144.36 Err : 1.2e-01	3.0, 148.52 Err : 1.3e-01
[2, 3, 5, 7]	18.39, 139.46 Err : 1.7e-01	23.89, 136.02 Err : 1.7e-01	238.19, 1.5 Err : 1.7e-01	216.14, 19.13 Err : 1.7e-01
[1, 2, 5, 7]	24.17, 138.77 Err : 1.4e-01	1.5, 146.2 Err : 1.3e-01	1.5, 146.21 Err : 1.3e-01	1.5, 146.21 Err : 1.3e-01

TABLE C.2 – Tableau récapitulatif des optimisations réalisées sur 2 niveaux de gris,  $\tau_S$  fixé à 197, avec pour pénalisation une parabole tronquée régularisée (*cf.* Figure C.2b), pour les configurations défavorables de la Table 4.3, page 50.

ref fig

Essayons donc une troisième fonction de pénalisation qui soit  $\mathcal{C}^1$ . Considérons la régularisation de Moreau-Yosida de la pénalisation précédente. La courbe de la régularisée d'une parabole tronquée est représentée sur la Figure C.2b (on prend ici  $a = 126$ ;  $u = E(\tau) - 127.5$ ). Les niveaux de gris optimaux obtenus avec cette nouvelle pénalisation plus régulière sont présentés dans la Table C.2.

Visiblement rien ne semble y faire : il y a toujours des valeurs de  $\tau_N$  qui s'approchent des bornes autorisées et les cas où l'on considère les images [2, 5, 7] et [3, 7, 9] par exemple fournissent des résultats très différents selon les algorithmes d'optimisation utilisés, qui de plus font apparaître  $\tau_N \gg \tau_S$  ce qui est aberrant. La régularité de la pénalisation ne semblent donc pas en cause ici. Le problème semble donc venir d'ailleurs (*cf.* fin de la section 4.3 traitant des problèmes de mauvais conditionnement de nos systèmes).



## Analyse de mélanges bi-gaussien

DANS tout ce chapitre dédié à l'analyse d'un mélange bi-gaussien sous toutes les coutures, nous considérerons les mêmes notations que celles utilisées dans le chapitre 5.

### D.1 Propriétés d'une gaussienne

On considère une gaussienne définie selon deux paramètres, son écart-type  $\sigma$  et son centre  $c$  (qui est aussi l'espérance notée plutôt  $\mu$  lorsqu'on fait des statistiques) :

$$f(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} \exp\left(\frac{-1}{2} \left(\frac{x-c}{\sigma}\right)^2\right). \quad (\text{D.1})$$

**Propriété D.1.1.** Les dérivées d'une gaussiennes sont données par :

- pour la dérivée première :  $f'(x) = -\frac{x-c}{\sigma^2} f(x)$ ,
- pour la dérivée seconde :  $f''(x) = \frac{(x-c+\sigma)(x-c-\sigma)}{\sigma^2} f(x)$ .

Une gaussienne étant toujours positive (car l'exponentielle l'est toujours), la propriété ci-dessus permet de mettre en avant le rôle des points d'abscisse  $c - \sigma$  et  $c + \sigma$ , lieu des changements de concavité (annulation de la dérivée seconde).

**Propriété D.1.2.** La gaussienne  $f$  définie ci-dessus par (D.1) est normalisée *i.e.*

$$\int_{-\infty}^{+\infty} f(x) dx = 1. \quad (\text{D.2})$$

*Démonstration.* Cette preuve est divisée en deux étapes.

**Etape 1 :** Montrons dans un premier temps que  $\int_{-\infty}^{+\infty} e^{-x^2} dx = \sqrt{\pi}$ . La fonction  $x \mapsto e^{-x^2}$  étant paire, il suffit de montrer que :

$$\lim_{x \rightarrow +\infty} k(x) = \frac{\sqrt{\pi}}{2} \quad \text{avec } k(x) := \int_0^x e^{-u^2} du.$$

On a :

$$\begin{aligned} (k^2(x))' &= 2k(x)k'(x) = 2e^{-x^2} \int_0^x e^{-u^2} du \stackrel{u=tx}{=} 2e^{-x^2} \int_0^1 e^{-(tx)^2} x dt \\ &= \int_0^1 2xe^{-x^2(1+t^2)} dt = - \int_0^1 \frac{\partial H}{\partial x}(t, x) dx \quad \text{où } H(t, x) := \frac{e^{-x^2(1+t^2)}}{1+t^2}. \end{aligned}$$

Grâce au théorème de Fubini qui nous permet d'intervertir les intégrales, on peut primitiver :

$$\begin{aligned} k^2(x) &= - \int_0^x \int_0^1 \frac{\partial H}{\partial v}(t, v) dt dv = - \int_0^1 \int_0^x \frac{\partial H}{\partial v}(t, v) dv dt = - \int_0^1 [H(t, v)]_{v=0}^{v=x} dt \\ &= - \int_0^1 H(t, x) dt + \int_0^1 H(t, 0) dt. \end{aligned}$$

$$\text{Or } \int_0^1 H(t, 0) dt = \int_0^1 \frac{1}{1+t^2} dt = [\arctan t]_0^1 = \frac{\pi}{4},$$

$$\text{d'où } \frac{\pi}{4} - k^2(x) = \int_0^1 H(t, x) dt. \tag{\star}$$

Or la fonction  $H$  est positive quelquesoient  $t$  et  $x$ . Son intégrale est donc positive. De plus on peut majorer  $H$ , et donc son intégrale :

$$0 \leq \int_0^1 H(t, x) dt \leq \int_0^1 \frac{e^{-x^2}}{1+t^2} dt = e^{-x^2} \int_0^1 \frac{1}{1+t^2} dt = \frac{\pi}{4} e^{-x^2} \quad \forall x \in \mathbb{R}.$$

Par passage à la limite sur l'encadrement ci-dessus, il en découle que

$$\lim_{x \rightarrow +\infty} \int_0^1 H(t, x) dt = 0.$$

Ainsi,  $(\star)$  nous amène à :  $\lim_{x \rightarrow +\infty} k^2(x) = \frac{\pi}{4}$ , ce qui fournit le résultat escompté.

**Etape 2 :** Le résultat de l'étape 1 nous permet de conclure en effectuant le changement de variable  $x = \frac{u-c}{\sigma\sqrt{2}}$  :

$$\int_{-\infty}^{+\infty} \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{-\frac{1}{2}\left(\frac{u-c}{\sigma\sqrt{2}}\right)^2} du = \frac{1}{\sqrt{\pi}} \int_{-\infty}^{+\infty} e^{-\left(\frac{u-c}{\sigma\sqrt{2}}\right)^2} \frac{du}{\sigma\sqrt{2}} = \frac{1}{\sqrt{\pi}} \int_{-\infty}^{+\infty} e^{-x^2} dx = 1.$$

■

ref autre  
preuve

## D.2 Comment s'intersectent deux gaussiennes ?

Dans cette section on ne considère plus une seule et unique gaussienne, mais un mélange bi-gaussien. Il est décrit par la somme de deux gaussiennes pondérées par les poids  $w_1$  et  $w_2$  :

$$g(x) = g_1(x) + g_2(x) \quad \text{où} \quad g_i(x) = w_i f_i(x), \quad w_i \in ]0; 1[ \quad \text{avec} \quad w_1 + w_2 = 1, \quad (\text{D.3})$$

où  $f_1$  et  $f_2$  sont deux gaussiennes définies respectivement en fonction des paramètres  $c_1, \sigma_1$  et  $c_2, \sigma_2$  via la formulation (D.1). Comme la somme des poids est de 1, la Propriété D.1.2 reste valable pour un mélange gaussien.

Comme présenté dans la section 5.4.1, le calcul de l'intersection des deux composantes se résume à :

$$\begin{aligned} g_1(x) = g_2(x) &\iff Ax^2 + 2B'x + C = 0 \\ \text{avec : } A &= \sigma_2^2 - \sigma_1^2, \\ B' &= c_2\sigma_1^2 - c_1\sigma_2^2, \\ C &= c_1^2\sigma_2^2 - c_2^2\sigma_1^2 + 2\sigma_1^2\sigma_2^2 \ln(h_2/h_1). \end{aligned} \quad (\text{D.4})$$

Le discriminant réduit de ce polynôme est donné par :

$$\Delta' := B'^2 - AC = \sigma_1^2\sigma_2^2 [(\Delta c)^2 - 2(\sigma_2^2 - \sigma_1^2) \ln(h_2/h_1)]. \quad (\text{D.5})$$

Le cas particulier  $\sigma_1 = \sigma_2$  ayant déjà traité (*cf.* section 5.4.1 page 62), écartons le. En posant  $\bar{c} = (c_1 + c_2)/2$ ,  $\Delta c = c_2 - c_1$  et  $\sigma_2 = \sigma$  avec  $\sigma_1 = \beta\sigma$  où  $\beta \neq 1$ , on peut ainsi réécrire D.7 :

$$\begin{aligned} g_1(x) = g_2(x) &\iff x^2 + 2B'x + C = 0 \\ \text{avec : } B' &= \frac{\Delta c}{2} \frac{1 + \beta^2}{1 - \beta^2} - \bar{c}, \\ C &= \bar{c}^2 + (\Delta c)^2 - \bar{c}\Delta c \frac{1 + \beta^2}{1 - \beta^2} + 2\frac{\beta^2}{1 - \beta^2}\sigma^2 \ln\left(\frac{1 - w}{w}\beta\right). \end{aligned} \quad (\text{D.6})$$

Le discriminant réduit de ce polynôme est donné par :

$$\Delta' := B'^2 - C = \left( \frac{1 + \beta^2}{1 - \beta^2} \right)^2 \frac{(\Delta c)^2}{4} - (\Delta c)^2 - 2 \frac{\beta^2}{1 - \beta^2} \sigma^2 \ln(h_2/h_1). \quad (\text{D.7})$$

**Définition D.2.1.** On considère un mélange bi-gaussien. Un point d'intersection (entre les composantes du mélange) est qualifié d'*interne* si son abscisse est situé entre les centres des gaussiennes. Il sera qualifié d'*externe* sinon.

**Théorème D.2.2.** Pour un mélange bi-gaussien, il ne peut y avoir qu'un seul et unique point d'intersection interne.

*Démonstration.* Considérons la différence des deux composantes  $d(x) = g_2(x) - g_1(x)$  et supposons sans perte de généralité que  $c_1 < c_2$ . On a alors :

$$d'(x) = \frac{c_2 - x}{\sigma_2^2} g_2(x) - \frac{c_1 - x}{\sigma_1^2} g_1(x) > 0 \quad \forall x \in [c_1; c_2]$$

Ainsi  $d$  est strictement croissante sur  $[c_1; c_2]$ . La fonction  $d$  étant de plus continue, elle ne peut donc s'annuler qu'au plus une fois sur l'intervalle  $[c_1; c_2]$ . ■

Une autre démonstration que nous allons présenter, consiste à considérer la valeur des points d'intersections eux mêmes (on se place dans le cas où ces points existent), donnée via le polynôme (D.4) :

$$x_{\pm} = -B' \pm \sqrt{\Delta'}, \quad (\text{D.8})$$

et à montrer par l'absurde que les deux racines ne peuvent être toutes les deux comprises entre  $c_1$  et  $c_2$ . Tout d'abord commençons par énoncé trois lemmes.

**Lemme D.2.3.** Un point  $x$  appartient à un intervalle  $[c_1; c_2]$  si et seulement si sa distance avec le milieu de l'intervalle est inférieure à la moitié de la longueur de cet intervalle :

$$x \in [c_1; c_2] \iff |x - \bar{c}| \leq \frac{\Delta c}{2} \quad \text{avec} \quad \bar{c} = \frac{c_1 + c_2}{2} \quad \text{et} \quad \Delta c = c_2 - c_1. \quad (\text{D.9})$$

Le même résultat est fourni pour un intervalle ouvert, avec des inégalités strictes.

*Démonstration.*

$$\begin{aligned} |x - \bar{c}| \leq \frac{\Delta c}{2} &\iff \frac{-\Delta c}{2} \leq x - \bar{c} \leq \frac{\Delta c}{2} \iff \frac{-\Delta c}{2} + \bar{c} \leq x \leq \frac{\Delta c}{2} + \bar{c} \\ &\iff c_1 \leq x \leq c_2 \iff x \in [c_1, c_2] \end{aligned}$$

De plus, on peut appliquer exactement le même raisonnement avec des inégalités strictes. ■

**Lemme D.2.4.** Deux quantités  $a$  et  $b$  sont toutes deux négatives si et seulement si leur produit est positif et leur moyenne est négative :

$$(a < 0 \text{ et } b < 0) \iff \left( ab > 0 \text{ et } \frac{a+b}{2} < 0 \right).$$

*Démonstration.* L'implication  $\Rightarrow$  est immédiate. La réciproque est donnée par le fait que  $ab > 0$  implique que  $a$  et  $b$  soit de même signe. S'ils sont tous les deux positifs, alors cela implique que leur moyenne est positif. Ce qui est contradictoire, donc  $a$  et  $b$  sont tous les deux négatifs. ■

**Lemme D.2.5.** Quelquesoit un réel  $\beta$  différent de -1 ou 1 a l'égalité suivante

$$\forall \beta \in \mathbb{R} \setminus \{-1; 1\}, \quad \left| \frac{1 + \beta^2}{1 - \beta^2} \right| \geq 1 \quad (\text{D.10})$$

avec égalité seulement dans le cas  $\beta = 0$ .

*Démonstration.* Il suffit d'analyser la fonction  $t \mapsto f(t) := \frac{1+t^2}{1-t^2}$ .

$t$	$-\infty$	$-1$	$0$	$1$	$+\infty$
$f'(t)$	-	-	0	+	+
$f(t)$	-1 ↓ $-\infty$	$+\infty$ ↓ 1	1 ↓ $+\infty$	$+\infty$ ↓ $-\infty$	-1 ↓ $-\infty$

Ce qui fournit ainsi l'inégalité voulue, avec égalité uniquement dans le cas où  $t = 0$ . ■

*Démonstration du théorème D.2.2.* Montrons par l'absurde qu'on ne peut avoir simultanément  $x_-$  et  $x_+$  à l'intérieur de  $[c_1; c_2]$ . Supposons donc, que  $x_- \in [c_1; c_2]$  et  $x_+ \in [c_1; c_2]$ . Par le lemme D.2.3, ceci revient à considérer que

$$|x_\pm - \bar{c}| \leq \Delta c/2$$

et ainsi, on a :

$$E_\pm := (x_\pm - \bar{c})^2 - (\Delta c)^2/4 \leq 0$$

Par le lemme D.2.4, il en découle que  $E_- E_+ > 0$  et  $(E_- + E_+)/2 < 0$ . Ceci est impossible car :

$$x_\pm - \bar{c} = -B' \pm \sqrt{\Delta'} - \bar{c} = -\frac{\Delta c}{2} \frac{1 + \beta^2}{1 - \beta^2} \pm \sqrt{\Delta'}$$

d'où

$$E_\pm = -\frac{(\Delta c)^2}{4} + \left( \frac{1 + \beta^2}{1 - \beta^2} \right)^2 \frac{(\Delta c)^2}{4} + \Delta' \mp \frac{1 + \beta^2}{1 - \beta^2} \Delta c \sqrt{\Delta'},$$

ce qui conduit à

$$\begin{aligned} \frac{E_- + E_+}{2} &= -\frac{(\Delta c)^2}{4} + \left( \frac{1 + \beta^2}{1 - \beta^2} \right)^2 \frac{(\Delta c)^2}{4} + \Delta' \\ &> \frac{(\Delta c)^2}{4} \left( \left( \frac{1 + \beta^2}{1 - \beta^2} \right)^2 - 1 \right) \quad \text{car } \Delta' > 0 \\ &> 0 \quad \text{par le lemme D.2.5.} \end{aligned}$$

La moyenne de  $E_-$  et de  $E_+$  ne peut donc pas être négative, ce qui clôture la démonstration. ■

Maintenant qu'il a été montré qu'on ne peut qu'avoir un seul et unique point d'intersection interne, exhibons un critère qui nous garantisse son existence (sinon on sera dans le cas aucune racine ou bien 2 racines externes ).

**Théorème D.2.6.** Les composantes d'un mélange bi-gaussien possède un point d'intersection strictement interne si et seulement si

$$(\Delta c)^2 > \max(-2\sigma_1^2 \ln(h_2/h_1), 2\sigma_2^2 \ln(h_2/h_1)).$$

*Démonstration.* On reprend la fonction différence, utilisée pour montrer l'unicité de ce point lorsqu'il existe. On suppose toujours, sans perte de généralités, que  $c_1 < c_2$ . On a existence d'un point d'intersection interne si et seulement si la différence  $d$  s'annule sur l'intervalle  $[c_1; c_2]$ . La fonction  $d$  étant strictement croissante, il faut et il suffit que

$$\begin{aligned} \begin{cases} d(c_1) < 0 \\ d(c_2) > 0 \end{cases} &\iff \begin{cases} h_2 e^{-\frac{1}{2} \frac{(\Delta c)^2}{\sigma_2^2}} - h_1 < 0 \\ h_2 - h_1 e^{-\frac{1}{2} \frac{(\Delta c)^2}{\sigma_1^2}} > 0 \end{cases} \iff \begin{cases} \frac{(\Delta c)^2}{\sigma_2^2} > 2 \ln(h_2/h_1) \\ \frac{(\Delta c)^2}{\sigma_1^2} > -2 \ln(h_2/h_1) \end{cases} \\ &\iff (\Delta c)^2 > \max(-2\sigma_1^2 \ln(h_2/h_1), 2\sigma_2^2 \ln(h_2/h_1)). \end{aligned}$$

■

Sur la Figure D.1, on peut voir l'influence de  $\Delta c$  sur la position des points d'intersections. Le graphique illustre bien le critère donné par le théorème D.2.2. Ce critère est cependant relativement restrictif. On ne peut donc pas compter sur la présence systématique d'un point d'intersection interne pour établir un critère d'hétérogénéité. Peux-t-on au moins espérer avoir toujours 2 points d'intersections ?

Graphique de la condition racine interne ?

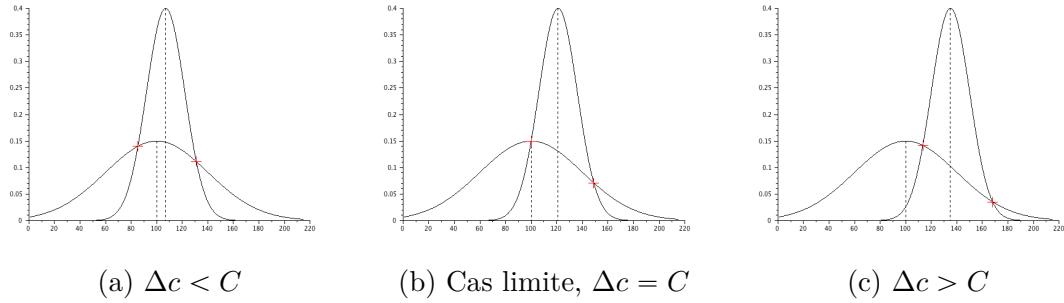


FIGURE D.1 – Influence de  $\Delta c$  sur la position des points d'intersections ( $C = \max(-2\sigma_1^2 \ln(h_2/h_1), 2\sigma_2^2 \ln(h_2/h_1))$ ).

## Analyse du discriminant.

Intéressons nous maintenant de plus près au discriminant (D.7). Pour cela fixons  $\sigma_2 = a$  et posons  $\sigma_1 = \sigma$ . On a donc à étudier :

$$\Delta'(\sigma, w, \Delta c) = a^2 \sigma^2 \left[ (\Delta c)^2 + 2(\sigma^2 - a^2) \ln \left( \frac{(1-w)\sigma}{wa} \right) \right] \quad (\text{D.11})$$

Remarquons que les points d'annulation de ce discriminant correspondent au ligne de niveaux négatives de la fonction

$$f(\sigma, w) := (\sigma^2 - a^2) \ln \left( \frac{(1-w)\sigma}{wa} \right).$$

Etudions donc la fonction  $f(\sigma, w)$ .

**Points critiques de  $f(\sigma, w)$ .** Le gradient de  $f$  est donné par :

$$\nabla f = \begin{pmatrix} \frac{\partial f}{\partial \sigma} \\ \frac{\partial f}{\partial w} \end{pmatrix} = \begin{pmatrix} 2\sigma \ln \left( \frac{(1-w)\sigma}{wa} \right) + \frac{\sigma^2 - a^2}{\sigma} \\ \frac{a^2 - \sigma^2}{w(1-w)} \end{pmatrix}. \quad (\text{D.12})$$

Ainsi, à  $\sigma$  fixé,  $\frac{\partial f}{\partial w}$  est toujours du signe de  $a^2 - \sigma^2$ . Il ne s'annule donc jamais. Il n'y a donc pas de point stationnaire. Pour  $\sigma$  fixé :

- $f$  est croissante si  $\sigma < a$
- $f$  est décroissante si  $a < \sigma$
- $f(\sigma = a, w) \equiv 0$ .

**Lignes de niveaux de  $f(\sigma, w)$ .** Soit  $w_k(\sigma)$  la ligne de niveau correspondant à  $f(\sigma, w) = -k$ , avec  $k = (\Delta c^2)/2$ . On a donc :

$$\begin{aligned} f(\sigma, w) = -k &\Leftrightarrow \ln \left( \left( \frac{1}{w} - 1 \right) \frac{\sigma}{a} \right) = \frac{-k}{\sigma^2 - a^2} \\ &\Leftrightarrow w_k(\sigma) = \left[ \frac{a}{\sigma} \exp \left( \frac{-k}{\sigma^2 - a^2} \right) + 1 \right]^{-1} \end{aligned}$$

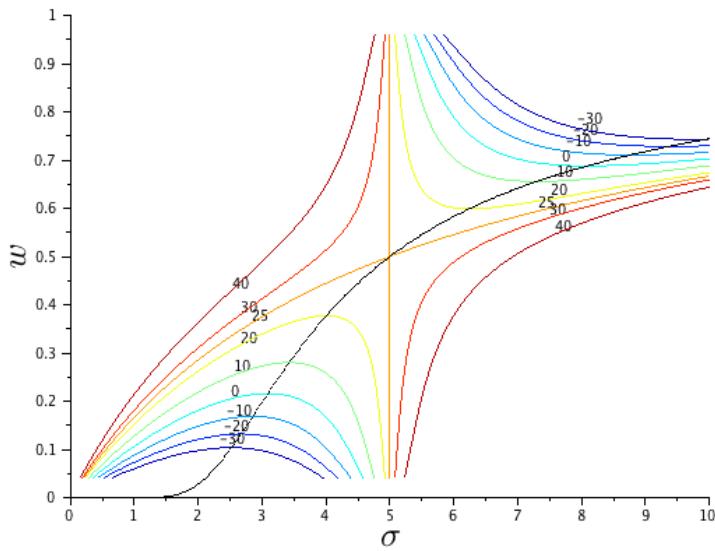


FIGURE D.2 – Courbes de niveaux du discriminant donné par l'équation (D.11) – Ici,  $a = 5$  et  $\Delta c = 5$ .

Une analyse des variations de  $w_k(\sigma)$  permet de tracer l'allure du discriminant, qui est présenté sur la Figure D.2.

Les cas où le discriminant est négatif sont donc minoritaire. Ceci explique en partie, qu'en pratique nous n'avons rencontré aucun cas de gaussienne qui ne s'intersectent pas. Construire un critère d'hétérogénéité basé sur la position de ces 2 points (ou de l'un de ces deux points) n'est donc pas insensé.

## Test

test1

hep

test2

hep

test3

hep

test4

hep

test5

hep

test6

hep

test7

hep

test8

hep

test9

hep

**test10**

**hep**

**test11**

**hep**

**test12**

**hep**

**test13**

**hep**

**test14**

**hep**

## Remerciements

Je tiens à remercier ici l'ensemble des personnes qui m'ont aidées dans mes travaux de thèse et la réalisation de ce mémoire.

En premier lieu, je remercie Thierry Colin, professeur à l'université de Bordeaux. Tout d'abord en tant que directeur de stage de découverte de première année de master. Il m'a initié au développement de modèles mathématiques pour la cancérologie et ce fut une très bonne expérience humaine et scientifique. Ensuite, en tant que directeur de thèse, il m'a guidé dans mon travail et m'a aidé à trouver des solutions pour avancer.

Je remercie aussi Olivier Saut, chargé de recherche CNRS, qui m'a épaulé au cours de ces 3 années. Il m'a particulièrement aidé sur l'aspect numérique, logicielle et informatique de ma thèse. Je lui suis reconnaissant pour sa patience lors de la résolution des différents problèmes informatiques que j'ai pu rencontré.

Je remercie également Clair Poignard, chargé de recherche INRIA, pour ses lectures et relectures minutieuses et ses corrections effectuées sur l'ensemble de mes productions écrites : publications et ce manuscrit en autre.

Je remercie François Cornelis, docteur du CHU de Bordeaux, pour sa collaboration. Merci à lui d'avoir pris le temps de répondre à l'ensemble de mes interrogations d'ordre cliniques et biologiques sur les mécanismes des cancers (et plus particulièrement du GIST et des métastases hépatiques), des traitements et de l'imagerie notamment. Les discussions avec François ont toujours été très enrichissantes pour moi.

Je remercie Hassan Fathallah-Shaykh, professeur de l'université de l'Alabama à Birmingham, pour le temps qu'il m'a consacré. En particulier, sa relecture de ma publication à particulièrement contribuée à l'amélioration de celle-ci.

Je remercie également Patricio Cumsille, chercheur de l'université du Biobío (Chili) et de l'université du Chili (Santiago, Chili), pour sa collaboration. Il a étudié avec moi, lors de sa visite d'un an en France, au sein de notre équipe de recherche, un modèle qui donne suite à celui présenté dans ce manuscrit.

Je remercie aussi, l'ensemble des personnes avec qui j'ai pu tour à tour partager un bureau. Michaël Leguèbe, Julie Joie, Manon Deville et Guillaume

Dechristé notamment, pour l'intérêt porté à mes questions ouvertes et les réponses qu'ils ont apportées.

Je remercie également l'ensemble des doctorants de l'équipe MC2, récemment divisé en 2 nouvelles équipes (MEMPHYS et MONC), qui au fil du temps sont devenus bien plus que de simple collègue, en particulier Hervé Ung, Alexia de Brauer, Thomas Michel, Etienne Baratchart et Alice Raeli. Les diverses débats abordés et expériences partagées avec eux, scientifiques ou non d'ailleurs, ont été une occasion de se cultiver toujours un peu plus.

Je remercie également l'ensemble des bonnes volontés qui ont consacré de leur temps pour relire tout ou partie de mon manuscrit, et d'en avoir déceler les fautes et coquilles en tout genre.