
Développement d'outils semi-automatiques pour la détermination du temps de résidence : impact sur le calcul dosimétrique en préclinique

Sarah Jedidi^{*†1}, Alan Courteau^{1,2}, Pierre-Simon Bellaye¹, Bertrand Collin², and Jean-Marc Vrigneaud^{2,3}

¹Plateforme d'imagerie préclinique [Centre Georges-François Leclerc] – Centre Régional de Lutte contre le cancer Georges-François Leclerc [Dijon] – France

²Institut de Chimie Moléculaire de l'Université de Bourgogne [Dijon] – Université de Bourgogne – France

³Service de Médecine Nucléaire, Centre Georges-François Leclerc [Dijon] – Centre Régional de Lutte contre le cancer Georges-François Leclerc [Dijon] – France

Résumé

Introduction : L'évaluation dosimétrique à partir de l'image nécessite la réalisation de multiples étapes de calcul. Nous proposons une méthode visant à automatiser ces étapes, facilitant la comparaison de l'impact dosimétrique induit par différentes stratégies de traitement des données. La méthode est appliquée à une étude de biodistribution (¹¹¹In/DOTAGA/Cetuximab) dans le cadre d'un modèle de cancer de sein chez le petit animal.

Matériel et méthodes : Les souris ont été imagées par micro-TEMP (Tomographie par Émission MonoPhotonique) à 3h, 6h, 24h, 48h et 72h post-injection. La quantification et la segmentation des organes (foie, reins, vessie, tumeur) ont été réalisées sur VivoQuant™ (Invivo, MA, Etats-Unis). Pour automatiser le calcul du temps de résidence, un outil Python a été développé : il formate les données d'entrée comme les activités injectées, les images DICOM et les quantifications sur l'image en les structurant selon l'ID des animaux. Les courbes activité-temps sont ensuite tracées et intégrées selon différentes méthodes (trapèze, intégration exponentielle) et différents types d'extrapolation avant la première acquisition ($A_0=0$ Bq; $A_0=A_1$). Une approche multi-modèle ($n=4$), guidée par le Critère d'Information d'Akaike (AIC), sélectionne le modèle exponentiel optimal. Les temps de résidence obtenus sont introduits dans le logiciel OLINDA/EXM 2.0 (Hermes Medical Solutions, Stockholm, Suède) pour le calcul dosimétrique à l'échelle de l'organe de l'animal (fantôme MOBY). Le calcul des doses absorbées à l'échelle de l'humain est également réalisé via les logiciels MIRDcalc v1.21 (SNMMI, VA, Etats Unis) et IDAC-DOSE 2.1 (Umeå University, Umeå, Suède).

Résultats : L'approche multi-modèle assure une convergence totale des ajustements avec un R^2 moyen de 0,9 sur tous les contours étudiés. Les modèles bi-exponentiels sont généralement privilégiés avec l'extrapolation $A_0=0$ Bq, tandis que le modèle mono-exponentiel est majoritairement sélectionné avec l'extrapolation $A_0=A_1$. En moyenne, l'extrapolation $A_0=0$ Bq réduit les temps de résidence d'environ 6 % par rapport à l'hypothèse $A_0=A_1$. L'intégration

*Intervenant

†Auteur correspondant: sjedidi@cgfl.fr

trapézoïdale donne des temps de résidence plus conservatifs (environ 33 % en moyenne sur tous les organes) qui se répercutent directement sur les résultats dosimétriques (doses absorbées moyennes environ 32 % supérieures avec la méthode des trapèzes dans le modèle animal). Pour la dosimétrie à l'échelle de l'humain, les écarts sont d'au plus 17 % entre MIRDcalc et IDAC-DOSE pour tous les organes étudiés.

Conclusions : Les outils développés dans ce travail permettent de choisir la stratégie la plus pertinente en termes d'intégration, d'extrapolation ou d'ajustement des données en fonction de la pharmacocinétique propre à chaque organe. Dans un contexte préclinique, leur mise en place permet également de familiariser les utilisateurs à la rigueur nécessaire à chaque étape du processus pour obtenir une quantification juste par l'image.

Mots-Clés: Médecine nucléaire, préclinique, RIV, Dosimétrie