

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

جامعة سعيدة د. مولاي الطاهر

كلية التكنولوجيا

قسم: الإعلام الآلي



Mémoire de Master

Spécialité : Modélisation Informatique des
Connaissances et du Raisonnement

Thème

Deep learning pour la segmentation
automatique en imagerie multi-modale:
application à l'oncologie hépatique

Présenté par :

Boufenik Doua

Aouimeur Miloud.

Dirigé par :

Adjir Noureddine

Remerciements

Nous tenons à exprimer notre profonde gratitude à nos parents pour leur soutien constant, leur encouragement et leur amour inconditionnel tout au long de nos études. Leur soutien indéfectible a été une source de motivation et de force pour nous.

Nous souhaitons également remercier chaleureusement la famille Boufenik et la famille Aouimeur pour leur soutien et leurs encouragements tout au long de ce parcours académique. Leur présence et leur soutien ont été d'une grande importance pour nous.

Nous tenons également à exprimer notre reconnaissance envers monsieur Adjir Noureddine, notre directeur de mémoire, pour ses conseils, son expertise et son soutien tout au long de ce projet. Ses conseils précieux et son encadrement ont grandement contribué à la réussite de ce travail.

Enfin, nous souhaitons remercier tous nos amis et nos proches qui nous ont soutenus et encouragés tout au long de cette aventure. Leur présence et leur soutien ont été d'une grande valeur pour nous.

Nous sommes reconnaissants envers toutes les personnes qui ont contribué de près ou de loin à la réalisation de ce mémoire. Leur soutien et leur encouragement ont été essentiels dans la réussite de ce travail.

Merci infiniment à tous.

Abstract

This memoir focuses on the segmentation in multi-modal imaging. By the use of deep learning, and presents the implementation of the U-Net model. It also describe the dataset used for the challenge CHAOS, which involves abdominal organ segmentation using CT and MRI images. Additionally, it provides an overview of the programming environments, tools, and libraries used for the implementation. The document discusses the different methods of automatic learning, including artificial neural networks.

Keywords : segmentation, multi-modal imaging, machine learning, deep learning, U-Net, CHAOS , artificial neural networks.

Résumé

Ce Mémoire se concentre sur la segmentation en imagerie multi-modale. En utilisant les techniques de l'apprentissage profond, et présente la mise en œuvre des modèle U-Net . Il décrit également l'ensemble de données utilisé pour le défi CHAOS, qui implique la segmentation des organes abdominaux à l'aide d'images de tomodensitométrie (CT) et d'IRM. De plus, il donne un aperçu des environnements de programmation, des outils et des bibliothèques utilisés pour la mise en œuvre. Le document se termine par une discussion sur les différentes méthodes d'apprentissage automatique, y compris les réseaux neuronaux artificiels

Mots-clés : segmentation, imagerie multi-modale, apprentissage automatique, apprentissage profond, U-Net, CHAOS, réseaux neuronaux artificiels.

Table des matières

1	Diagnostic de L'oncologie hépatique	11
1.1	Introduction	11
1.2	Présentation des images IRMs	11
1.2.1	Fonctionnement de l'IRM	12
1.2.2	Avantages et inconvénients	12
1.3	Présentation des images scanner CT	13
1.3.1	Fonctionnement de scanner CT	13
1.3.2	Avantages et inconvénients	13
1.4	caractérisation en images médicales de l'oncologie hépatique .	14
1.4.1	Les kystes hépatiques simples :	14
1.4.2	Les hémangiomes hépatiques :	15
1.4.3	Les carcinomes hépato-cellulaires :	16
1.4.4	Les métastases :	17
1.5	Critères quantitatifs en radiologie pour l'oncologie hépatique .	18
1.5.1	Le critère RECIST	19
1.5.2	L'estimation du volume tumoral	20
1.5.3	LI-RADS	21
1.5.4	La radiomique	21
2	La segmentation en imagerie multi-modale	22
2.1	Introduction	22
2.2	Les problèmes de segmentation d'images médicales	22
2.2.1	La variabilité inter-patient	22
2.2.2	La variabilité intra-patient	23
2.2.3	Bruit et artefacts	23
2.2.4	La complexité de l'anatomie	23
2.2.5	Taille des données	24
2.2.6	Manque de données d'entraînement	24
2.2.7	La validation de la segmentation	24
2.3	Segmentation mono-modale	25
2.4	Segmentation non-appariée	25

2.5	Segmentation appariée recalée	26
2.6	Segmentation appariée non-recalée mono-modale	26
2.7	Segmentation appariée non-recalée multi-modale	27
2.7.1	notre méthode de segmentation multimodale :	28
2.8	L'apprentissage automatique (Machine Learning)	29
2.8.1	Définition	29
2.8.2	Les méthodes de l'apprentissage automatique	29
2.9	L'apprentissage profond (Deep learning)	30
2.9.1	Définition	30
2.9.2	Les types de l'apprentissage profond	30
2.10	La différence entre l'apprentissage automatique et l'apprentis- sage profond	31
2.11	Les approches de la segmentation des images médicales	32
2.11.1	Approches classiques	32
2.11.2	Approches basée sur l'apprentissage en profondeur	34
2.11.3	Conclusion	40
3	Implémentation du modèles U-Net	41
3.1	Introduction	41
3.2	Environnements et outils de développement	41
3.2.1	Description de la machine	41
3.2.2	Environnement de travail	42
3.2.3	Bibliothèques :	43
3.2.4	Description de l'ensemble de données	45
3.3	Préparation des données	45
3.4	Les fonctions utilisées	45
3.5	L'implémentation du modèle Unet	47
3.6	Les résultats obtenus	47
3.7	Conclusion	52
3.8	La conclusion générale	53

Table des figures

1.1	exemple d'image MRI de kystes hépatiques simples[30]	14
1.2	exemple d'image CT de kystes hépatiques simples[42]	15
1.3	exemple de image MRI de hémangiomes hépatiques[30]	15
1.4	exemple de image CT de hémangiomes hépatiques1, rate, rein gauche. 3, aorte. 4, pancréas. 5, foie[7]	16
1.5	exemple de image MRI de carcinomes hépato-cellulaires[30]	16
1.6	exemple de image CT de carcinomes hépato-cellulaires[7]	17
1.7	exemple de image MRI de métastases [30]	18
1.8	exemple de image MRI de métastases[7]	18
1.9	Procédure RECIST[21]	19
1.10	Méthode Estimation de volume tumoral[17]	20
2.1	les principales disciplines de l'apprentissage automatique [29]	29
2.2	le processus d'apprentissage profond [44]	30
2.3	La différences entre l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond [43]	31
2.4	Réseau de neurones [50]	33
2.5	Neurone biologique [49]	33
2.6	Neurone Artificiel[49]	33
2.7	Réseau de neurones Feedforward[8]	34
2.8	Réseau de neurones profond organisés en couches [50]	34
2.9	Réseau de neurones récurrent[50]	35
2.10	Architecture CNN[15]	36
2.11	Architecture ResNet[27]	37
2.12	Architecture U-Net[26]	38
2.13	Architecture Auto-Encodeur[14]	39
3.1	Une capture d'écran de l'étape préparation des données	46
3.2	Architecture Détaillée du CNN unet.	48
3.3	Architecture Détaillée du CNN Unet.	49
3.4	Architecture Détaillée du CNN Unet.	50

TABLE DES FIGURES

3.5	Présentation graphique de précision.	51
3.6	Présentation graphique de l'erreur	52

Liste des tableaux

3.1	Description de la machine	41
3.2	Environnement de travail	42

Introduction générale

L'oncologie hépatique est une branche de la médecine spécialisée dans l'étude et le traitement des tumeurs du foie. La détection et la segmentation précises des tumeurs hépatiques sont des étapes cruciales pour le diagnostic, la planification du traitement et le suivi des patients atteints de cancer du foie. Cependant, la segmentation manuelle des tumeurs hépatiques à partir d'images médicales multi-modales, telles que l'échographie, la tomographie (CT) et l'imagerie par résonance magnétique (IRM), est un processus long, sujet à l'erreur humaine et dépendant de l'expertise du radiologue.

Face à ces défis, le deep learning émerge comme une approche prometteuse pour la segmentation automatique des tumeurs hépatiques en imagerie multi-modale. Le deep learning est une branche de l'intelligence artificielle qui utilise des réseaux de neurones profonds pour apprendre des caractéristiques et des modèles complexes à partir de grandes quantités de données. Il permet d'automatiser la segmentation des tumeurs hépatiques en exploitant les informations contenues dans les différentes modalités d'imagerie.

Le but de ce mémoire de master est d'explorer l'application du deep learning à la segmentation automatique en imagerie multi-modale dans le domaine de l'oncologie hépatique. L'objectif principal est d'améliorer la précision et l'efficacité de la segmentation des tumeurs hépatiques, ce qui pourrait avoir un impact significatif sur le diagnostic et le traitement des patients.

Pour atteindre cet objectif, nous examinerons d'abord les méthodes de segmentation manuelle actuellement utilisées en oncologie hépatique. Nous passerons ensuite en revue les avancées récentes dans le domaine du deep learning appliqué à la segmentation automatique en imagerie médicale, en mettant l'accent sur les applications existantes en oncologie hépatique. Nous décrirons ensuite notre méthodologie, y compris la collecte des données d'imagerie multi-modale, le prétraitement des données, la création du modèle de deep learning et l'évaluation de sa performance. Enfin, nous présenterons les résultats de la segmentation automatique des tumeurs hépatiques, analyserons ces résultats.

Ce mémoire de master vise à contribuer à l'avancement des connaissances dans le domaine de l'oncologie hépatique en explorant l'application du deep learning à la segmentation automatique en imagerie multi-modale. Les résultats de cette recherche pourraient avoir un impact significatif sur la pratique clinique en permettant une détection et une segmentation plus précises des tumeurs hépatiques, ce qui pourrait améliorer les résultats du traitement et la survie des patients.

Chapitre 1

Diagnostique de L'oncologie hépatique

1.1 Introduction

Dans cette première section du présent, nous nous intéressons à l'imagerie médicale et à la caractérisation des lésions hépatiques en radiologie, ainsi qu'aux critères quantitatifs utilisés en oncologie hépatique. Nous débutons par une présentation des techniques d'imagerie par résonance magnétique et tomodensitométrie, ainsi que des différentes lésions fréquentes du foie, en mettant l'accent sur leur caractérisation radiologique. Nous poursuivons en examinant les critères quantitatifs employés en radiologie pour évaluer l'oncologie hépatique.

1.2 Présentation des images IRMs

L'IRM (imagerie par résonance magnétique) est l'une des plus récentes modalités d'imagerie médicale. Cela permet aux organes et aux tissus mous d'être affichés avec une grande précision dans différents plans spatiaux. Cela permet de déterminer l'emplacement précis de lésions autrement invisibles. Ce test est effectué sous la direction d'un radiologue et ne génère pas de rayonnement. Il utilise uniquement les propriétés du champ magnétique[47].

C'est P. Lauterbur qui a créé la première image de l'IRM en 1973 (tubes à essai), puis en 1976, P. Mansfiel produit la première image d'un doigt en améliorant les techniques de recueil des signaux existées déjà, en intégrant des gradients de champ magnétique pour la formation des images[32].

1.2.1 Fonctionnement de l'IRM

Dans la mesure où l'IRM permet une analyse très fine de l'architecture tissulaire, ses champs d'application sont étendus. L'appareil contient des aimants puissants, d'où le terme "magnétique". Cette technique fait vibrer les noyaux d'hydrogène qui composent les tissus du corps. Ces noyaux atomiques contiennent en fait des protons et agissent comme de nombreux petits aimants. Il émet un signal en vibrant, le capte avec une antenne et le convertit en images [47], elles peuvent être acquises selon différentes séquences mettant en évidence différentes propriétés du tissu, montrant différents aspects dans les séquences IRM dites pondérées en T1 et les séquences IRM dites pondérées en T2 , le contraste à base de Gadolinium est utilisé pour différencier ces séquences. On acquiert en général quatre images pour chaque injection de produit de contraste : la première avant l'injection, dite pré-contraste, la seconde lorsque le produit de contraste est dans les artères , qu'on appelle temps artériel (une dizaine de secondes après l'injection), la troisième lorsqu'il est présent dans les veines portales et qu'on appelle temps veineux ou plus couramment temps portal (une minute après l'injection), et la dernière lorsque le produit s'est diffusé plus uniformément et qu'on appelle temps tardif (quelques minutes après l'injection) [30].

Dans la salle d'examen, le patient est allongé sur le lit. Placez ensuite l'antenne sur la zone à inspecter et glissez lentement le canapé dans le tunnel de l'appareil. La durée de l'examen est généralement de 15 à 20 minutes [47].

1.2.2 Avantages et inconvénients

L'IRM est basée sur l'utilisation de différents champs magnétiques sans danger pour la santé et n'utilise pas de rayonnement ionisant, qui est l'une des causes des tumeurs, ce qui en fait un test sûr et non invasif, il peut toutefois être à l'origine de manifestations allergiques sans gravité (urticaire). Les réactions plus graves sont exceptionnelles. Il peut apparaître inconfortable en raison du bruit répétitif produit par l'aimant , Bien que l'équipement utilisé soit bruyant, l'IRM n'est pas un examen douloureux. D'autres inconvénients de l'IRM, l'étroitesse du tunnel, et la durée de la séquence plutôt longue , nécessitent une immobilité complète, peuvent s'avérer problématiques pour les personnes pouvant difficilement rester longtemps immobiles en position allongée [47].

1.3 Présentation des images scanner CT

Le scanner CT, ou tomодensitométrie (TDM), est une technique d'imagerie médicale qui permet de produire des images en coupes transversales du corps humain à l'aide de rayons X. Le scanner CT est souvent utilisé pour détecter des anomalies, des maladies et des lésions dans le corps, notamment dans les poumons, le cerveau, le foie, les os et les tissus mous. Le scanner CT peut également utiliser un produit de contraste pour améliorer la qualité des images. Ce produit de contraste est généralement injecté dans une veine du bras du patient avant l'examen. Le produit de contraste contient un élément qui absorbe les rayons X et qui peut aider à mettre en évidence les zones anormales dans le corps[37].

1.3.1 Fonctionnement de scanner CT

Il utilise un tube à rayons X qui tourne autour du patient et qui envoie des faisceaux de rayons X à travers le corps. Les détecteurs de rayons X mesurent la quantité de rayonnement qui traverse le corps et les données sont traitées par un ordinateur pour produire des images en coupes transversales. Voici les étapes clés du mécanisme de travail du scanner CT [28] :

1. Le patient est placé sur une table qui peut être déplacée dans un grand anneau, appelé gantry, qui contient le tube à rayons X et les détecteurs de rayons X[28].
2. Le tube à rayons X envoie des faisceaux de rayons X à travers le corps du patient, qui sont ensuite détectés par les détecteurs de rayons X situés de l'autre côté de la table[28].
3. Les données collectées par les détecteurs sont envoyées à un ordinateur, qui utilise un algorithme de reconstruction pour produire des images en coupes transversales du corps[28].
4. Le processus de numérisation est répété plusieurs fois à des angles différents, ce qui permet de produire des images en 3D ou en 4D[28].
5. Les images obtenues peuvent être visualisées sur un écran d'ordinateur ou imprimées pour une analyse plus approfondie par un radiologue ou un médecin[28].

1.3.2 Avantages et inconvénients

La tomодensitométrie de référence améliore considérablement la précision pendant la chirurgie. En utilisant des images CT pour guider la procédure,

les chirurgiens peuvent mieux visualiser les structures internes du corps, réduisant ainsi le risque d'erreurs et de complications. D'autre part, le TC équipé de référence présente également des inconvénients. Premièrement, la technique implique une exposition aux radiations, ce qui peut être préoccupant pour certains patients. De plus, la précision du CT de référence dépend de la qualité de l'image CT, ce qui peut limiter la précision dans certaines situations, comme lorsque les tissus sont très proches les uns des autres. Enfin, la tomographie de référence nécessite un équipement et des logiciels spécialisés, ce qui peut rendre la technique moins accessible dans certains domaines ou types de chirurgie.

1.4 caractérisation en images médicales de l'oncologie hépatique

Les lésions hépatiques représentent un groupe hétérogène de pathologies allant de lésions bénignes solitaires à des métastases multiples provenant de diverses tumeurs primaires, L'évaluation des lésions hépatiques tient compte de leur aspect et de leur vascularisation sur diverses modalités d'imagerie :

1.4.1 Les kystes hépatiques simples :

Ces kystes sont des lésions bénignes et sont généralement asymptomatiques. Ils sont ronds ou ovales et mesurent quelques millimètres à quelques centimètres de diamètre. Une image pondérée en T2 montre un kyste hépatique avec un signal très fort. Un signal faible apparaît sur les images T1. Ces kystes ne sont pas des vaisseaux sanguins, leur spécificité ne doit pas être soulignée par le produit par conséquent, il apparaît sombre quel que soit le temps d'injection[30].

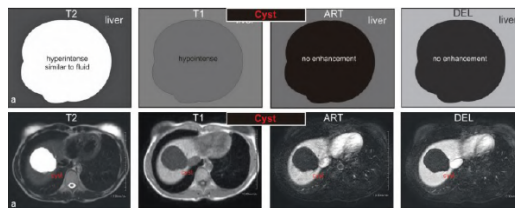


FIGURE 1.1 – exemple d'image MRI de kystes hépatiques simples[30]

Sur les tomographies, les kystes hépatiques sont généralement bien enfermés et présentent une atténuation uniformément faible (atténuation de l'eau). Les parois sont généralement imperceptibles et les kystes ne se

dilatat pas après administration intraveineuse de produits de contraste[51].

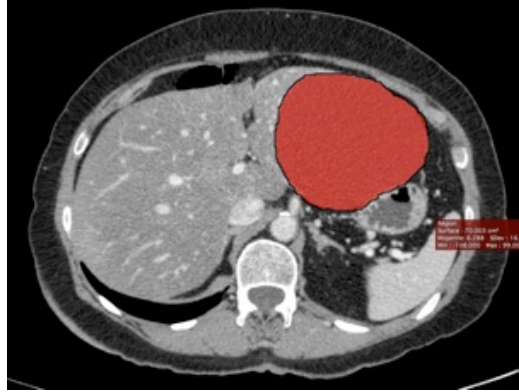


FIGURE 1.2 – exemple d'image CT de kystes hépatiques simples[42]

1.4.2 Les hémangiomes hépatiques :

L'hémangiome hépatique est la lésion vasculaire bénigne la plus fréquente. La plupart des patients sont asymptomatiques et ces lésions sont généralement reconnues soit dit en passant, dans les études d'image. Elle est également importante d'un point de vue radiologique. Pour les distinguer des lésions malignes, en particulier des métastases. Ils apparaissent modérément hyperintenses et hypointenses sur les images pondérées en T2 sur les images pondérées en T1. L'image temporelle artérielle met en évidence les nodules autour de la lésion (qui est coin). Ce signal persiste même dans les stades tardifs et se propage dans toute la lésion, Hypersignal dans toute la lésion. Cette dernière caractéristique permet pour les distinguer des métastases[30]. Sur les tomodensitogrammes, les hémangiomes hépatiques apparaissent géné-

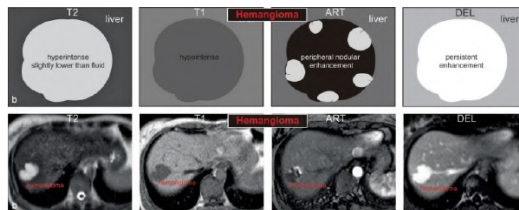


FIGURE 1.3 – exemple de image MRI de hémangiomes hépatiques[30]

ralement comme des lésions bien délimitées dans des coupes sans injection de produit de contraste. Après injection de produit de contraste, il existe

une prise de produit de contraste nodulaire sphérique au temps artériel, localisée uniquement autour de la lésion. Cette dilatation a la même densité que les vaisseaux sanguins artériels. Dès lors, l'expansion lésionnelle devient progressive et concentrique. Les petits hémangiomes peuvent présenter un rehaussement uniforme dès le début[7].



FIGURE 1.4 – exemple de image CT de hémangiomes hépatiques1, rate. 2, rein gauche. 3, aorte. 4, pancréas. 5, foie[7]

1.4.3 Les carcinomes hépato-cellulaires :

C'est la tumeur primitive du foie la plus fréquente. Est fortement lié à Cirrhose, quelle que soit son origine alcoolique ou virale. Le carcinome hépatocellulaire est principalement image pondérée en T2 avec hétérogénéité due à la présence de sous-nœuds affiche des signaux de différentes forces. Cette hétérogénéité est image pondérée en T1 avec présence simultanée de signaux d'hypointensité, d'isointensité et d'hyperintensité dans la phase lésion-artérielle, l'intensité augmente et diminue de manière hétérogène Tardif tout en maintenant une force accrue sur les bords de la tumeur[30]. Sur les to-

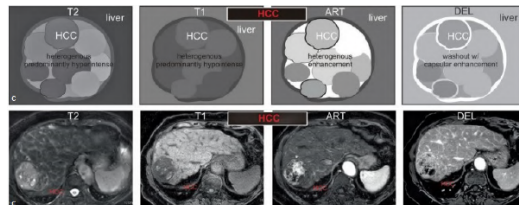


FIGURE 1.5 – exemple de image MRI de carcinomes hépato-cellulaires[30]

modensitogrammes, la plupart des cancers du foie sont généralement des tumeurs hypervasculaires et augmentent de manière significative au cours de la

phase artérielle. En phase sans contraste, des zones de calcification et de nécrose intratumorale peuvent être détectées. Au cours de la phase portale, un «lavage» se produit, entraînant des lésions moins denses par rapport au foie adjacent. La phase permet également de visualiser les thrombus tumoraux dans les branches de la veine porte. Le carcinome hépatocellulaire de stade avancé présente un aspect de faible densité avec un rehaussement annulaire correspondant à la pseudocapsule, si elle est présente[7].



FIGURE 1.6 – exemple de image CT de carcinomes hépato-cellulaires[7]

1.4.4 Les métastases :

Les métastases hépatiques sont 18 à 40 fois plus fréquentes que les tumeurs hépatiques primitives. Ils sont pour la plupart asymptomatiques tant que la charge tumorale est faible. Ils sont principalement cancer primitif du tractus gastro-intestinal via la veine porte, cancer du sein ou poumon. Ils apparaissent légèrement hyperintense sur les images pondérées en T2. Les lésions plus grandes ont moins d'intensité au bord de la tumeur. Image T1 montre légèrement hypointense. Au stade artériel, la force du bord du vaisseau la tumeur se développe de manière irrégulière et cette augmentation d'intensité diminue plus tard[30].

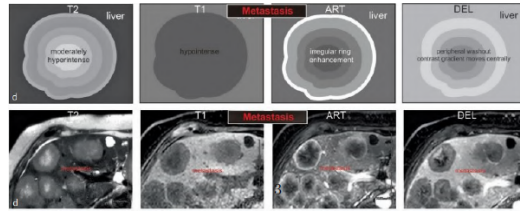


FIGURE 1.7 – exemple de image MRI de métastases [30]

Sur les tomodensitogrammes, les métastases hépatiques sont des nodules distincts, souvent plus visibles après l'injection d'un produit de contraste, avec une densité plus élevée que le tissu hépatique normal. Elles peuvent varier en taille et en forme, mais sont souvent arrondies ou ovales, et peuvent se produire dans différentes parties du foie, avec une préférence pour les lobes droit et gauche. Elles peuvent également présenter des calcifications et comprimer les tissus environnants[7].



FIGURE 1.8 – exemple de image MRI de métastases[7]

1.5 Critères quantitatifs en radiologie pour l'oncologie hépatique

Les outils automatisés de détection et de segmentation en radiologie permettent une évaluation quantitative de la progression de la maladie chez les patients atteints de lésions hépatiques. Les critères généralement utilisés en radiologie pour évaluer l'état du patient au moyen de critères quantitatifs comprennent la recherche médicale.

1.5.1 Le critère RECIST

(Réponse Evaluation Criteria in Solid Tumors) est une méthodologie standard utilisée en radiologie pour évaluer la réponse des tumeurs solides aux traitements anticancéreux. Il s'agit d'un outil largement utilisé dans les essais cliniques et dans la pratique clinique pour mesurer l'efficacité d'un traitement sur une tumeur solide, telle qu'une tumeur cancéreuse[20]. Le critère RECIST repose sur l'évaluation des lésions tumorales mesurées sur des images radiologiques, telles que les scans CT ou les scans IRM. Il fournit des directives claires sur la manière de mesurer les tumeurs et de classer la réponse tumorale en différentes catégories[20]. Le diamètre maximal : il s'agit de la mesure la plus grande de la lésion tumorale dans les images radiologiques. Elle est généralement mesurée en millimètres. Voici quelques exemples d'algorithmes utilisés dans l'application du critère RECIST en radiologie[54] :

1. Segmentation automatisée des tumeurs : Les algorithmes de segmentation automatique peuvent être utilisés pour identifier et délimiter les contours des lésions tumorales dans les images radiologiques. Ces algorithmes utilisent des techniques d'apprentissage automatique pour reconnaître les caractéristiques distinctives des tumeurs et les distinguer des tissus normaux environnants[54].
2. Mesure automatique du diamètre maximal : Une fois que les contours des lésions tumorales sont identifiés, les algorithmes peuvent mesurer automatiquement le diamètre maximal de chaque lésion. Cela permet d'obtenir des mesures plus précises et reproductibles, réduisant ainsi les variations dues à l'interprétation humaine[54].
3. Suivi temporel des lésions : Les algorithmes peuvent également être utilisés pour suivre les lésions tumorales au fil du temps et évaluer leur évolution. Cela permet de détecter les changements de taille et de forme des lésions au cours du traitement, ce qui est essentiel pour déterminer la réponse tumorale selon le critère RECIST[54].

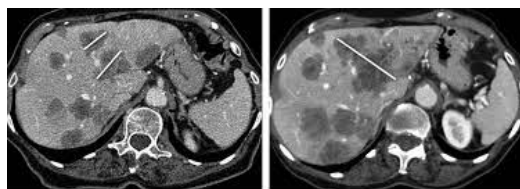


FIGURE 1.9 – Procédure RECIST[21]

1.5.2 L'estimation du volume tumoral

L'estimation du volume tumoral en radiologie est une mesure quantitative de la taille d'une tumeur à partir d'images radiologiques, telles que des scanners CT, des IRM ou des images de tomographie par émission de positons (PET). Cette mesure est importante pour évaluer la progression tumorale, la réponse au traitement et surveiller l'évolution de la maladie chez les patients atteints de cancer[25]. Il existe différentes méthodes pour estimer le volume tumoral en radiologie, et celles-ci peuvent varier en fonction du type d'imagerie utilisé et des logiciels disponibles. Voici quelques-unes des méthodes couramment utilisées [25] :

1. Méthode manuelle : Les radiologues ou les cliniciens tracent manuellement les contours des tumeurs sur chaque coupe d'image à l'aide de logiciels spécialisés. Ensuite, le volume tumoral est calculé en intégrant les aires de chaque coupe et en les multipliant par l'épaisseur de chaque coupe[25].
2. Segmentation semi-automatique : Les logiciels de segmentation d'image peuvent aider à délimiter les contours de la tumeur en utilisant des algorithmes de détection de contours ou d'apprentissage automatique. Le radiologue peut ensuite vérifier et ajuster les contours si nécessaire[25].
3. Segmentation entièrement automatique : Des algorithmes de segmentation avancés, tels que la segmentation par seuillage, la croissance de région ou les réseaux neuronaux convolutifs (CNN), peuvent être utilisés pour segmenter automatiquement les tumeurs sans intervention manuelle[25].
4. Analyse radiomique : La radiomique est une approche qui extrait des caractéristiques quantitatives à partir des images radiologiques, telles que la texture, la forme ou l'intensité, pour caractériser les tumeurs. Certaines de ces caractéristiques peuvent être utilisées pour estimer le volume tumoral[25].

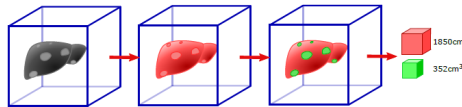


FIGURE 1.10 – Méthode Estimation de volume tumoral[17]

1.5.3 LI-RADS

LI-RADS (Liver Imaging Reporting and Data System) est un système de classification utilisé en radiologie pour l'évaluation des lésions hépatiques, en particulier les nodules hépatiques observés lors d'une imagerie par scanner (CT) ou par (IRM). Le LI-RADS a été développé par l'American College of Radiology (ACR) pour standardiser la terminologie, la classification et le rapport des résultats d'imagerie des nodules hépatiques, en particulier dans le contexte du carcinome hépatocellulaire (CHC), le type de cancer du foie le plus courant. Le LI-RADS fournit des critères d'imagerie spécifiques pour évaluer les caractéristiques des nodules hépatiques, tels que leur taille, leur rehaussement après injection de produit de contraste, leur forme, leur marge, etc. Ces caractéristiques sont utilisées pour attribuer une catégorie LI-RADS à chaque lésion, qui peut indiquer le niveau de suspicion de malignité et fournir des recommandations pour la prise en charge clinique[39].

1.5.4 La radiomique

La radiomique est en effet un domaine de recherche relativement récent en radiologie. Elle a émergé au cours de la dernière décennie en tant qu'approche novatrice pour l'analyse des images médicales. Elle tire parti des avancées technologiques en imagerie médicale, du développement d'algorithmes d'extraction de caractéristiques et de l'apprentissage automatique pour permettre une analyse plus approfondie et quantitative des images radiologiques[34].

La radiomique repose sur le principe que les images médicales contiennent une quantité considérable d'informations cachées dans les propriétés des pixels, des textures et des motifs. En utilisant des techniques d'extraction de caractéristiques, de sélection et de classification, la radiomique vise à extraire ces informations et à les relier à des résultats cliniques, tels que le pronostic, la réponse au traitement et la prédiction de la récurrence.[34].

Réduction de dimensionnalité : Étant donné que les images médicales peuvent contenir un grand nombre de caractéristiques, la réduction de dimensionnalité est souvent nécessaire pour réduire la complexité et améliorer l'efficacité de l'analyse. Des algorithmes tels que l'analyse en composantes principales (ACP), l'analyse discriminante linéaire (LDA), l'analyse des valeurs singulières (SVD) et d'autres méthodes de sélection ou de projection de caractéristiques peuvent être utilisés pour réduire la dimensionnalité des données [34].

Chapitre 2

La segmentation en imagerie multi-modale

2.1 Introduction

Dans ce deuxième chapitre, nous nous concentrons sur la segmentation en imagerie multi-modale, qui est une étape cruciale dans l'analyse d'images médicales. Nous débutons en examinant les problèmes liés à la segmentation d'images médicales et en présentant les différentes modalités, en mettant en évidence leurs avantages et limites respectifs. Nous abordons ensuite les différentes méthodes de segmentation utilisées en imagerie médicale.

2.2 Les problèmes de segmentation d'images médicales

2.2.1 La variabilité inter-patient

est un problème majeur en segmentation d'image médicale, car les images médicales peuvent varier considérablement d'un patient à l'autre en termes de taille, de forme, de texture, de contraste et de résolution spatiale. La segmentation précise des images médicales est cruciale pour de nombreuses applications cliniques, telles que la détection de tumeurs, la planification de la chirurgie et la surveillance de la progression de la maladie. Cependant, la variabilité inter-patient peut rendre difficile la création d'algorithmes de segmentation d'image qui fonctionnent de manière fiable pour un large éventail de patients.

2.2.2 La variabilité intra-patient

est un autre problème important en segmentation d'image médicale. Elle se réfère aux variations des propriétés des images médicales acquises pour un même patient à différents moments. Ces variations peuvent être dues à de nombreux facteurs, tels que les changements de position du patient, les changements de paramètres d'acquisition, les artefacts de mouvement, les différences de contraste et de résolution, ainsi que les changements physiologiques du patient. La variabilité intra-patient peut rendre la segmentation d'image médicale difficile car les variations peuvent entraîner des erreurs de segmentation et affecter la précision et la reproductibilité des résultats de la segmentation. Cela peut avoir des implications importantes pour les applications cliniques telles que la détection de tumeurs, la planification de la radiothérapie, la surveillance de la progression de la maladie et la surveillance postopératoire.

2.2.3 Bruit et artefacts

Le bruit est un phénomène aléatoire qui peut être causé par la quantification du signal, la sensibilité des détecteurs, les fluctuations thermiques, ou les imperfections des composants électroniques. Les artefacts, quant à eux, sont des erreurs de mesure qui peuvent être causées par des facteurs tels que les mouvements involontaires du patient, la présence de matériaux étrangers dans le corps du patient ou des erreurs de calibration de l'équipement. Le bruit et les artefacts peuvent perturber les contours des objets dans l'image et introduire des régions faussement positives ou négatives dans la segmentation. Cela peut entraîner des erreurs dans les analyses et les mesures ultérieures basées sur la segmentation.

2.2.4 La complexité de l'anatomie

est un autre problème important en segmentation d'image médicale. Les images médicales peuvent contenir des structures anatomiques complexes et variables en taille, en forme, en texture et en contraste, qui peuvent rendre difficile la segmentation précise et cohérente. Les structures anatomiques peuvent également varier d'un patient à l'autre en fonction de facteurs tels que l'âge, le sexe, la pathologie et la variabilité anatomique individuelle. Par exemple, la segmentation précise de certaines structures anatomiques telles que le cerveau, le cœur ou les poumons peut être difficile en raison de leur complexité et de leur variabilité inter-patient.

2.2.5 Taille des données

Les images médicales peuvent être volumineuses en termes de taille de fichier et de résolution spatiale, ce qui peut nécessiter des ressources informatiques importantes pour le stockage, le traitement et la segmentation. Par exemple, les images de tomodensitométrie (CT) peuvent atteindre plusieurs centaines de mégaoctets, tandis que les images de résonance magnétique (IRM) peuvent atteindre plusieurs giga-octets. Les images volumineuses peuvent également augmenter les temps de calcul et de traitement, ce qui peut ralentir les workflows de segmentation et d'analyse.

2.2.6 Manque de données d'entraînement

La segmentation d'images médicales est souvent réalisée en utilisant des méthodes d'apprentissage automatique, telles que l'apprentissage profond (Deep Learning) et l'apprentissage par transfert (Transfer Learning). Ces méthodes nécessitent des données d'entraînement pour être efficaces, ce qui peut poser des défis dans certaines situations. Dans certaines pathologies rares ou peu fréquentes, le nombre de données d'entraînement disponibles peut être insuffisant pour former des modèles de segmentation précis. De plus, certaines populations spécifiques peuvent présenter des différences anatomiques ou physiologiques qui peuvent rendre difficile l'utilisation de modèles pré-entraînés ou le transfert de connaissances.

2.2.7 La validation de la segmentation

La validation de la segmentation est effectivement un aspect crucial du processus de segmentation d'image médicale. La validation est nécessaire pour s'assurer que la segmentation produite est précise et fiable, afin de garantir que les décisions cliniques basées sur ces résultats sont correctes. La validation de la segmentation peut être réalisée de différentes manières, mais elle implique généralement une évaluation quantitative de la précision de la segmentation en comparant la segmentation produite par l'algorithme à une segmentation de référence établie par des experts médicaux. Cette évaluation peut être réalisée en utilisant des métriques telles que la sensibilité, la spécificité, la précision et le coefficient de corrélation de Dice. Cependant, la validation de la segmentation peut être difficile et coûteuse en raison de la complexité de l'anatomie et de la variabilité inter-patient. Les différences anatomiques et les variations entre les patients peuvent rendre la segmentation plus complexe et plus difficile à valider. De plus, la validation peut nécessiter l'implication d'experts médicaux pour établir une segmentation de

référence, ce qui peut être coûteux et prendre du temps.

2.3 Segmentation mono-modale

est une méthode de segmentation d'images qui utilise des images provenant d'une seule modalité pour segmenter une structure anatomique ou une région d'intérêt. L'architecture utilisée pour la segmentation mono-modale dépendra de la méthode choisie. Les réseaux de neurones convolutés (CNN) sont largement utilisés pour traiter des images en entrée. Ils utilisent des couches de convolution pour extraire des caractéristiques de l'image, suivies de couches de mise en commun pour réduire la dimensionnalité. L'architecture U-Net utilise un réseau de neurones convolutifs en entonnoir, qui comprend des couches d'encodage et de décodage. Les couches d'encodage sont utilisées pour extraire des caractéristiques de l'image, tandis que les couches de décodage sont utilisées pour reconstruire la segmentation à partir des caractéristiques extraites[46]. La segmentation unimodale souffre de plusieurs problèmes, notamment :

Variabilité intraclasse : Les images d'une même classe peuvent varier considérablement, ce qui peut rendre la segmentation difficile[46].

Variabilité interclasse : Les images de différentes classes peuvent être similaires, ce qui peut rendre la segmentation difficile[46].

Déséquilibre de classes : Les classes peuvent être déséquilibrées dans l'ensemble de données, ce qui peut affecter la performance de la segmentation[46].

2.4 Segmentation non-appariée

La segmentation non-appariée est une méthode de segmentation d'images où il n'y a pas d'appariement direct entre les différentes modalités d'images. Cette méthode est utilisée en imagerie multimodale lorsque l'on souhaite segmenter une structure anatomique à partir d'images provenant de plusieurs modalités, telles que l'IRM, la TDM, la PET, etc. Les méthodes de segmentation non-appariée utilisent des algorithmes de co-enregistrement pour aligner les images avant de procéder à la segmentation[53]. Il existe plusieurs approches pour la segmentation non-appariée en imagerie multimodale. Les méthodes basées sur les caractéristiques utilisent des caractéristiques extraites des images pour effectuer la segmentation et Les méthodes basées sur les modèles utilisent des modèles statistiques pour effectuer la segmentation Cette méthode utilise des modèles de mélange gaussien pour représenter les distributions de pixel de chaque modalité et pour effectuer la segmentation[53]. La

segmentation non-appariée en imagerie multimodale peut être confrontée à plusieurs problèmes, notamment : La complexité de la distribution des données et La difficulté d'alignement des images et La dépendance au choix de méthode, Ces problèmes peuvent compliquer la segmentation non-appariée en imagerie multimodale[53].

2.5 Segmentation appariée recalée

La segmentation appariée recalée est une technique de segmentation d'images médicales multimodales qui utilise des images appariées pour améliorer la précision de la segmentation. Dans cette technique, les images multimodales sont préalablement enregistrées (ou recalées) pour garantir qu'elles soient alignées spatialement avant d'être utilisées pour la segmentation. Le terme "apparié" fait référence à des images provenant de la même zone anatomique, mais acquises à l'aide de modalités d'imagerie différentes[18]. La technique de segmentation appariée recalée peut être mise en œuvre en utilisant différentes méthodes, telles que la fusion d'images, l'apprentissage en profondeur, les cartes de probabilité, les algorithmes de propagation de frontière[18]. La segmentation appariée recalée peut présenter certains défis et problèmes. De ces problèmes L'enregistrement des images multimodales peut être affecté par des mouvements du patient, des artefacts d'imagerie, des différences de résolution ainsi que Les données multimodales peuvent présenter une grande variabilité en termes de qualité, de contraste, de résolution et de dimensions. Cela peut rendre la segmentation difficile et nécessiter des méthodes de pré-traitement et d'optimisation[18]. Ces problèmes peuvent être abordés par des méthodes de pré-traitement, de normalisation, d'optimisation, de validation croisée, de régularisation [18].

2.6 Segmentation appariée non-recalée mono-modale

La segmentation appariée non-recalée mono-modale fait référence à une approche de segmentation d'images médicales qui utilise une seule modalité d'imagerie, mais exploite les informations provenant de différentes régions anatomiques ou de différents plans de coupe au sein de la même modalité.

Dans cette méthode, plutôt que de combiner des informations provenant de modalités d'imagerie différentes, l'accent est mis sur l'utilisation de différentes caractéristiques ou régions d'intérêt spécifiques à la même modalité. Par exemple, dans le contexte de l'imagerie cérébrale par résonance magné-

tique (IRM), différentes parties du cerveau peuvent être segmentées en utilisant des caractéristiques spécifiques telles que l'intensité du signal, la texture, la forme ou la localisation anatomique.

La segmentation appariée non-recalée mono-modale peut être réalisée en utilisant diverses méthodes, y compris des approches basées sur des seuils, des algorithmes de classification supervisée tels que les machines à vecteurs de support (SVM) ou les réseaux de neurones convolutifs (CNN), ou encore des méthodes de fusion de caractéristiques. La segmentation appariée non-recalée mono-modale peut poser certains problèmes et difficultés, notamment : Variabilité intra-modale : Les images acquises avec une seule modalité peuvent présenter une variabilité intrinsèque en termes d'intensité, de contraste, de bruit, de résolution spatiale, etc. Cette variabilité peut rendre la segmentation plus difficile et nécessiter des techniques de normalisation ou de prétraitement pour améliorer la cohérence des données[12] . Généralisation limitée : Étant donné que la segmentation appariée non-recalée mono-modale est spécifique à une seule modalité d'imagerie, les modèles ou algorithmes développés pour une modalité spécifique peuvent ne pas se généraliser efficacement à d'autres modalités ou à des ensembles de données différents. Cela peut limiter l'adaptabilité et l'application de la méthode dans des contextes différents[12] . Variabilité intra-modale : Les images acquises avec une seule modalité peuvent présenter une variabilité intrinsèque en termes d'intensité, de contraste, de bruit, de résolution spatiale, etc. Cette variabilité peut rendre la segmentation plus difficile et nécessiter des techniques de normalisation ou de prétraitement pour améliorer la cohérence des données[12] . Incertitude de la correspondance : Étant donné qu'il n'y a pas d'appariement précis entre différentes modalités, il peut être difficile de trouver une correspondance directe entre les régions anatomiques ou les caractéristiques d'intérêt dans les images. Cela peut entraîner des ambiguïtés lors de la segmentation, en particulier lorsque des structures similaires apparaissent dans des régions différentes de l'image [12] [52].[12]

2.7 Segmentation appariée non-recalée multi-modale

La segmentation appariée non-recalée multi-modale est une méthode de segmentation d'images médicales qui utilise plusieurs modalités d'imagerie sans effectuer de recalage (enregistrement) entre les images. Elle vise à exploiter les informations complémentaires fournies par différentes modalités pour améliorer la précision et la robustesse de la segmentation[35].. Dans

cette approche, les images multimodales sont traitées indépendamment les unes des autres, sans tentative de les aligner spatialement. Chaque modalité est considérée comme une source d'information distincte pour la segmentation, et les caractéristiques ou les propriétés spécifiques à chaque modalité sont utilisées pour délimiter les régions d'intérêt [37] [35].

2.7.1 notre méthode de segmentation multimodale :

1. Données d'entrée : L'utilisation de plusieurs modalités, les scanners CT et les images IRM T1/T2. Ces modalités sont couramment utilisées en imagerie médicale, et leur combinaison est caractéristique de la segmentation multimodale d'images.
2. Prétraitement : Une étape de prétraitement spécifique pour les données et les masques de chaque modalité. Cela indique que la méthode est conçue pour traiter individuellement les différentes modalités avant de les combiner.
3. Combinaison des données et des masques : La méthode concatène les données et les masques prétraités pour toutes les modalités en un seul ensemble de données. Cette étape est nécessaire pour la segmentation multimodale d'images, car elle permet au modèle d'apprendre à partir de l'information combinée des différentes modalités.
4. Architecture du modèle : La méthode utilise l'architecture du modèle U-Net, qui est une architecture bien connue et largement utilisée pour la segmentation d'images. L'architecture U-Net est particulièrement efficace pour les tâches de segmentation multimodale, car elle peut capturer à la fois des caractéristiques locales et globales tout en préservant l'information spatiale.
5. Entraînement : La méthode entraîne le modèle en utilisant les données et les masques multimodaux combinés. Le processus d'entraînement consiste à optimiser une fonction de perte et à utiliser un optimiseur pour mettre à jour itérativement les paramètres du modèle. Cette configuration d'entraînement est couramment utilisée pour les tâches de segmentation automatique d'images.

2.8 L'apprentissage automatique (Machine Learning)

2.8.1 Définition

Le concept d'intelligence artificielle a émergé lors de conférences auxquelles ont participé un grand nombre de participants dans les années 1950[13]. Des scientifiques célèbres en informatique et en mathématiques, dont Alan Turing[13]. Le ML est une forme d'IA qui permet aux applications logicielles de prédire plus précisément les résultats sans être explicitement programmées. Même s'il n'est pas explicitement programmé pour le faire. Les algorithmes d'apprentissage automatique utilisent des données historiques pour prédire de nouvelles valeurs de sortie. Détection des fraudes, filtrage des spams, détection des menaces de logiciels malveillants [13].

Le ML est réapparu dans les années 70 et 80, l'idée derrière ce concept était de développer un algorithme qui pourrait accumuler de l'expérience et des connaissances. Capacité à rassembler de l'expérience et des connaissances à partir de données sans être explicitement programmé pour effectuer une tâche. Vers la fin des années 1980, les réseaux de neurones (fondés par Walter Pitts en 1943) faisaient leur grand retour. (créé par Walter Pitts et Warren McCulloch au début de 1943), inventeur du premier perceptron plus tard appelés neurones artificiels[40]. L'idée était de recréer artificiellement des neurones biologiques à partir du cerveau humain à l'aide d'opérations mathématiques. Malheureusement, cette approche a une résolution de problèmes très limitée.

2.8.2 Les méthodes de l'apprentissage automatique

Ci-dessus les principales disciplines de l'apprentissage automatique :

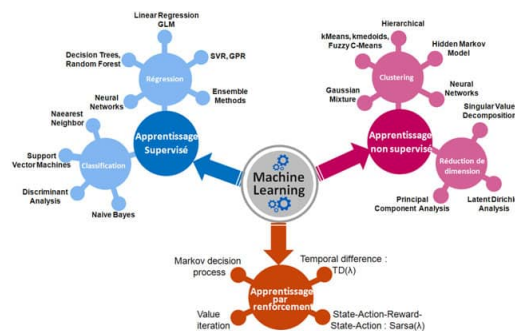


FIGURE 2.1 – les principales disciplines de l'apprentissage automatique [29]

2.9 L'apprentissage profond (Deep learning)

2.9.1 Définition

Le deep learning est un sous-domaine de l'intelligence artificielle axé sur la construction de modèles à grande échelle de réseaux de neurones prenez des décisions précises basées sur des données[19]. L'apprentissage en profondeur est particulièrement bien adapté pour le contextes où les données sont complexes et ou de grands ensembles de données sont disponibles .

deep learning a été développé sur la base de la compréhension des réseaux de neurones. En 2012, L'apprentissage profond doit son introduction à l'informatique de la même manière que l'apprentissage machine doit son arrivée aux données massives. L'apprentissage en profondeur est dû à l'introduction de la puissance de calcul (ainsi qu'aux progrès des algorithmes) qui sont devenus disponibles à faible coût.

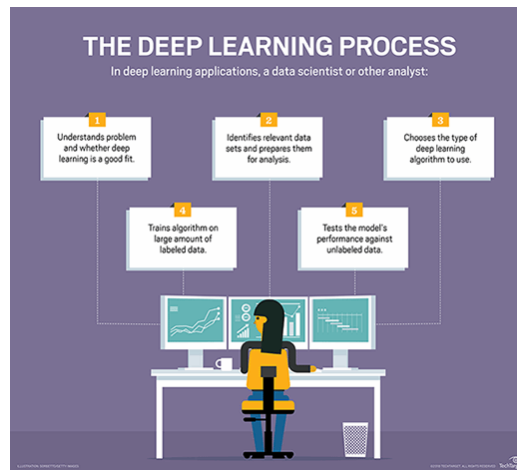


FIGURE 2.2 – le processus d'apprentissage profond [44]

2.9.2 Les types de l'apprentissage profond

Il existe trois types de réseaux de Deep Learning :

1. Les réseaux neuronaux convolutifs.
2. Les auto-encodeurs.
3. La machine de Boltzmann restreinte.

2.10 La différence entre l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond

1. Interaction humaine : l'apprentissage automatique nécessite une intervention humaine plus continue pour produire des résultats, tandis que l'apprentissage en profondeur nécessite une intervention humaine minimale après la configuration initiale.
2. Complexité du programme : les programmes d'apprentissage automatique basés sur le matériel sont généralement moins complexes que les algorithmes d'apprentissage en profondeur et peuvent souvent être exécutés sur des ordinateurs conventionnels. Les systèmes d'apprentissage en profondeur, en revanche, nécessitent un matériel et des ressources plus puissants.

Dans l'ensemble, l'apprentissage automatique est moins compliqué à mettre en place, mais nécessite une implication humaine plus continue. L'apprentissage en profondeur, en revanche, est plus complexe à mettre en place, mais nécessite une intervention post-implémentation minimale. De plus, les systèmes d'apprentissage en profondeur nécessitent un matériel et des ressources plus puissants que les programmes d'apprentissage automatique.

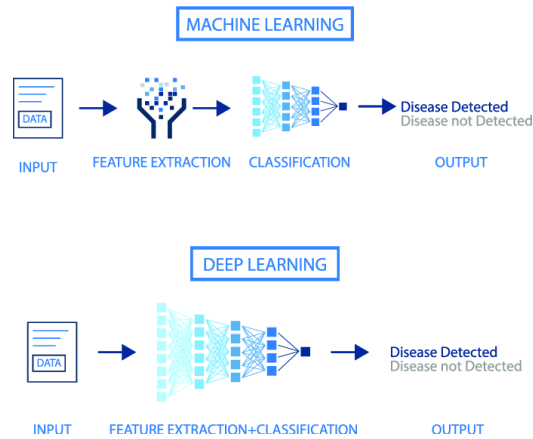


FIGURE 2.3 – La différences entre l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond [43]

2.11 Les approches de la segmentation des images médicales

2.11.1 Approches classiques

Il existe plusieurs approches pour la segmentation des images IRM et CT, qui peuvent être classées en fonction de leur méthode de traitement et de l'utilisation de l'apprentissage automatique.

1. Segmentation basée sur un seuil : cette approche utilise un seuil prédéfini pour séparer les régions d'intérêt des régions d'arrière-plan. Cette méthode est simple et rapide, mais peut être sensible aux changements de contraste et de bruit[11].
2. Segmentation basée sur les contours : cette approche utilise un algorithme de détection des contours pour identifier les frontières entre les régions. Cette méthode est plus robuste que la segmentation à seuil, mais peut être sensible aux variations de texture et de forme[11].
3. Segmentation basée sur la morphologie mathématique : cette approche utilise des opérations mathématiques pour extraire les caractéristiques de forme, de taille et de texture des régions d'intérêt. Cette méthode est utile pour segmenter une anatomie complexe, mais peut être sensible aux artefacts et aux irrégularités.

Présentation des réseaux de neurones

Un réseau de neurones est un réseau parallèle d'éléments de traitement ou les nœuds sont inspirés des Fonctions des neurones biologiques. Chaque nœud peut effectuer des calculs. L'apprentissage est réalisé en ajustant les poids attribués aux liens entre les nœuds. C'est le plus couramment utilisé en imagerie médicale comme classificateur pour déterminer les poids. Segmenter les nouvelles données à l'aide des données d'apprentissage. Les neurones natifs reçoivent des signaux via des synapses situées sur les dendrites du neurone. Lorsqu'un signal est reçu, le neurone est activé et envoie le signal à l'axone. Ce signal Il peut être envoyé à une autre synapse et active d'autres neurones. [24]. Les réseaux de neurones artificiels fonctionnent grâce à des valeurs de poids optimisées. Ils sont atteints grâce à la méthode d'apprentissage.

1. Le processus d'apprentissage essaie d'apprendre au réseau comment produire la sortie. Lorsque l'entrée appropriée est présentée.

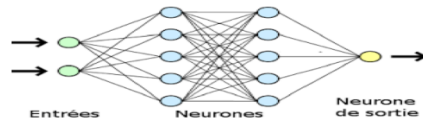


FIGURE 2.4 – Réseau de neurones [50]

2. Un réseau de neurones formé avec les poids optimaux mis à jour devrait être capable de produire des sorties qui correspondent aux entrées dans les conditions souhaitées.

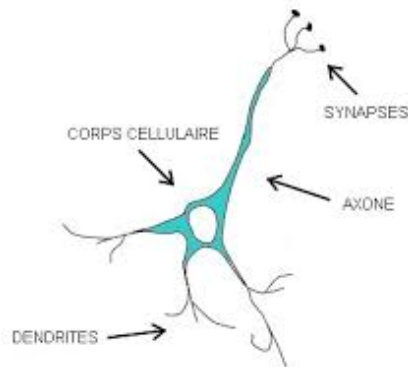


FIGURE 2.5 – Neurone biologique [49]

Lors de la modélisation de ces neurones artificiels. Ces données sont principalement Il se compose d'entrées (telles que des synapses), multipliées par des poids et calculées par des opérations mathématiques qui activent les neurones[24].

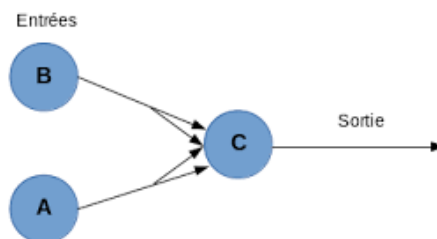


FIGURE 2.6 – Neurone Artificiel[49]

Le réseau de neurones de la figure 2.4 est reseau Feedforward, Un réseau neuronal dans lequel les informations sont transmises de la couche i à la

couche j est simple[8].

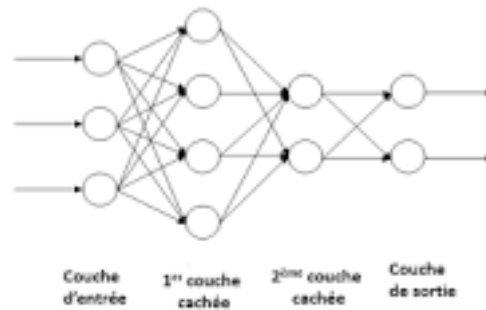


FIGURE 2.7 – Réseau de neurones Feedforward[8]

2.11.2 Approches basée sur l'apprentissage en profondeur

1. Les techniques d'apprentissage en profondeur utilisent des architectures de réseaux de neurones.
2. Le terme « profond » fait généralement référence au nombre de couches cachées dans le réseau neural, les réseaux de neurones traditionnels ne contiennent que quelques couches cachées, les réseaux profonds, en revanche, peuvent s'étendre jusqu'à 150 couches.
3. Les modèles d'apprentissage en profondeur sont formés sur de grands ensembles de données une architecture de réseau neuronal balisé qui apprend directement les propriétés données qui ne nécessitent pas d'extraction manuelle de caractéristiques.

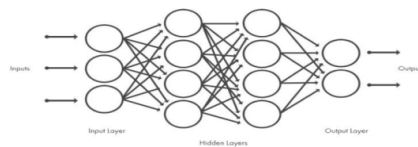


FIGURE 2.8 – Réseau de neurones profond organisés en couches [50]

La partie "profonde" de l'apprentissage en profondeur fait référence à la création d'un réseau de neurones profonds. De nombreuses couches avec des poids et des précharges supplémentaires. Les ordinateurs sont désormais capables d'utiliser plusieurs niveaux de réseaux de neurones en apprentissage

profond pour voir et apprendre de situations aussi complexes, voire plus complexes que les humains. [36].

Réseau de neurones récurrents

Le RNN est l'une des architectures de réseau neuronal de base sur lesquelles d'autres architectures d'apprentissage en profondeur sont construites [31].

1. Il est possible de reproduire certaines connexions dans les couches antérieures du RNN, ce qui permet au modèle de conserver en mémoire les entrées précédentes dans le temps.
2. Choisissez entre le déploiement rapide, la rétropropagation standard ou la rétropropagation dans le temps.

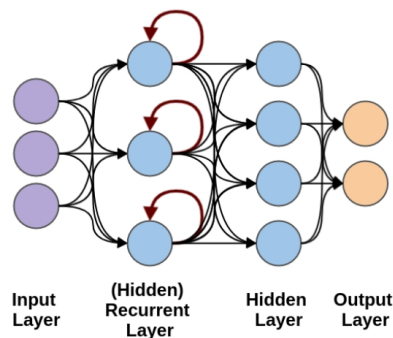


FIGURE 2.9 – Réseau de neurones récurrent[50]

Architectures populaires de Réseaux de Neurones Convolutionnels (CNN)

Un des types les plus réputés de réseaux neuronaux profonds est connu sous le nom de Réseaux de Neurones Convolutionnels (CNN)[36].

1. Un CNN combine des caractéristiques apprises avec des données d'entrée et utilise des couches 2D de convolution.
2. Les CNN éliminent le besoin d'extraire manuellement des fonctionnalités pour classer les images.
3. Le CNN fonctionne en extrayant directement les caractéristiques à partir des images.
4. Ils apprennent pendant que le réseau s'entraîne sur une collection d'images.

5. L'extraction automatisée de fonctionnalités rend les modèles d'apprentissage profond très précis pour les tâches de vision par ordinateur telles que la classification d'objets.
6. Les couches sont organisées en trois dimensions : largeur, hauteur et profondeur (trois canaux de couleur R, G, B).
7. La dernière sortie sera réduite à un seul vecteur de probabilité de scores.

Les CNN ont deux composantes

1. La partie cachée d'extraction de caractéristiques : Dans cette partie, le réseau effectue une série de convolutions et des opérations de regroupement jusqu'à ce que les caractéristiques soient détectées ou extraites[15].
2. La partie Classification : Ici, les couches entièrement connectées sont utilisées pour la classification de ces caractéristiques extraites, attribuant une probabilité pour l'objet sur l'image tel que prédit par l'algorithme[15].

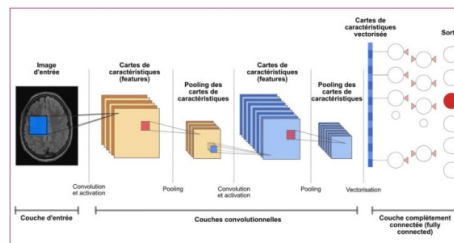


FIGURE 2.10 – Architecture CNN[15]

Réseaux résiduels profonds (ResNet)

Un ResNet est composé de plusieurs modules résiduels, où chaque module contient une couche. Chaque couche est composée d'un ensemble de fonctions à appliquer sur l'entrée. La profondeur d'un ResNet peut varier considérablement[27].

1. Les ResNets sont très modulaires. Des centaines et des milliers de couches résiduelles peuvent être ajoutées pour créer un réseau[27].
2. Ils peuvent être conçus pour déterminer à quel point un réseau particulier doit être profond[27].

3. L'utilisation de blocs résiduels entraîne des architectures plus faciles à optimiser et à obtenir une précision à partir d'une profondeur considérablement accrue[27].
4. Ils facilitent le flux de rétropropagation et améliorent les propriétés de convergence[27].

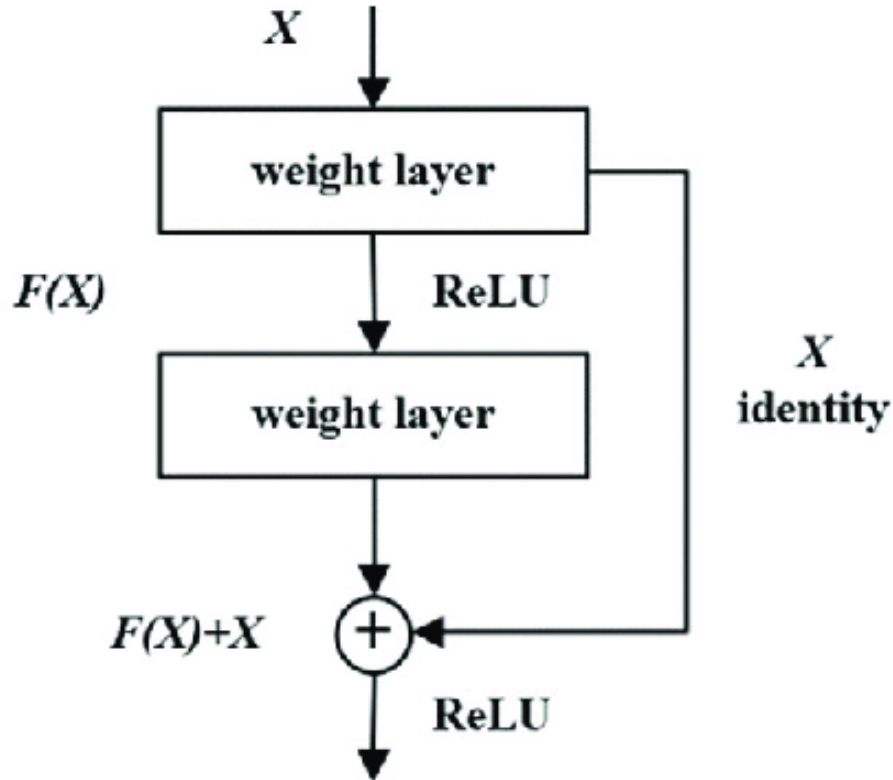


FIGURE 2.11 – Architecture ResNet[27]

Le réseau U-Net

Le réseau U-Net est l'un des célèbres réseaux entièrement convolutionnels pour la segmentation d'images biomédicales, il est considéré comme l'une des architectures standard CNN pour les tâches de classification d'images dans les domaines de l'image par classe.

1. Cette architecture est composée d'un chemin de contraction pour capturer le contexte et d'un chemin de dilatation symétrique qui permet une localisation précise.

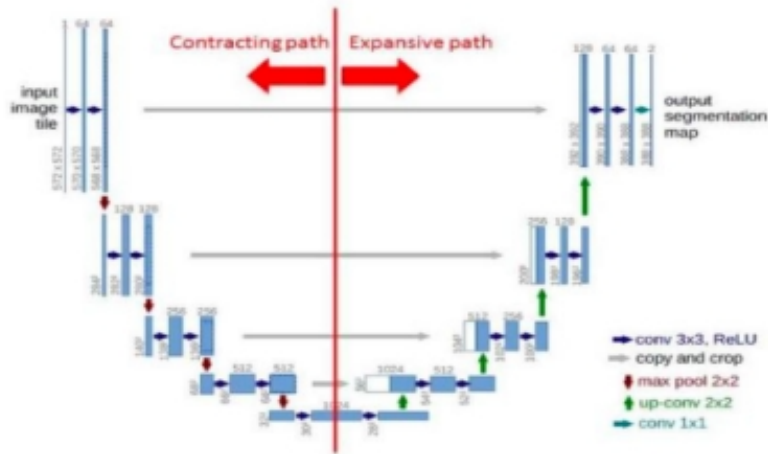


FIGURE 2.12 – Architecture U-Net[26]

2. Le réseau est entraîné de bout en bout à partir d'un petit nombre d'images.
3. La segmentation d'une image de 512x512 prend moins d'une seconde sur une carte graphique moderne.
4. L'augmentation des données est utilisée sous forme de déplacement, de rotations, de déformations élastiques et de variations de valeur grise.
5. Pendant l'entraînement, ils utilisent uniquement une taille de lot d'image.

auto-encodeur (autoencoder)

Les réseaux auto-encodeurs appliquent le principe de la rétropropagation dans un environnement non supervisé. Les autoencodeurs représentent des données par plusieurs couches cachées de sorte que le signal de sortie soit aussi proche du signal d'entrée. L'encodeur et le décodeur sont les deux parties qui construisent cette architecture.

Fonction de perte

La fonction de perte est utilisée pour mesurer l'écart entre la prédiction du modèle et la vérité terrain dans la segmentation des images médicales. La perte de cube est une mesure populaire pour évaluer la similarité entre les masques de prédiction et de référence. Il est défini comme le complément du coefficient de Dice et mesure le chevauchement entre deux masques[38].

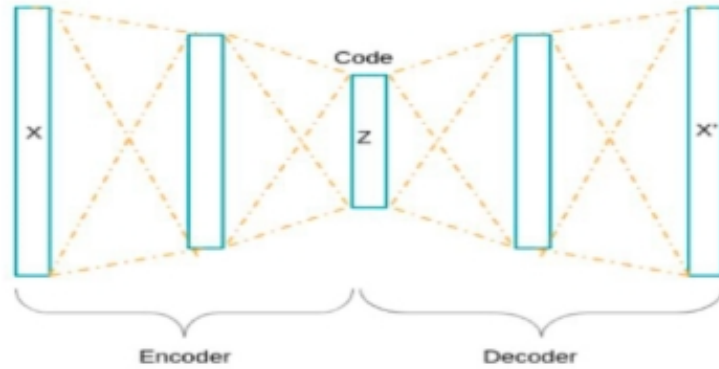


FIGURE 2.13 – Architecture Auto-Encodeur[14]

Fonction d'activation

une fonction d'activation est appliquée à la sortie de la couche de réseau neuronal pour introduire la non-linéarité. La fonction d'activation ReLU (Rectified Linear Unit) est une fonction simple qui remplace les valeurs négatives par zéro et laisse les valeurs positives inchangées. Il est largement utilisé car il est facile à calculer et a pour effet d'atténuer le phénomène de gradient de fuite[41].

Fonction d'activation de la couche de sortie

la fonction d'activation Softmax est largement utilisée pour la classification multiclasse. Transformez la sortie de la dernière couche du réseau en une distribution de probabilité sur différentes classes. La fonction softmax garantit que la somme de toutes les probabilités de classe est égale à 1, ce qui facilite l'interprétation des résultats du modèle[10].

Précision

la précision est une métrique qui mesure les performances d'un modèle de classification. Il représente le rapport entre les instances correctement classées et le nombre total d'instances et est calculé en comparant la désignation de classe prévue à la désignation de classe réelle[48].

2.11.3 Conclusion

En conclusion, ce deuxième chapitre s'est concentré sur la segmentation en imagerie multi-modale. Nous avons discuté des problèmes spécifiques liés à la segmentation d'images médicales, tels que la variabilité inter-patient et la difficulté de validation. Nous avons présenté les différentes approches de segmentation utilisées en imagerie médicale, y compris les approches classiques et celles basées sur l'apprentissage automatique et l'apprentissage en profondeur. Ce chapitre a posé les bases pour les méthodes et les expérimentations qui seront abordées dans les chapitres suivants, visant à améliorer la segmentation en imagerie multi-modale en utilisant des approches basées sur le deep learning.

Chapitre 3

Implémentation du modèles U-Net

3.1 Introduction

Dans ce chapitre, on va présenter la préparation des données, l'architecture de U-net, les étapes nécessaires pour la segmentation en imagerie multi-modale, et on dernier,on va descuter les résultats obtenus.En outre, ce chapitre comprend une partie on va présenter l'environnement et les outils utilisés ainsi que l'implémentation de notre modèle.

3.2 Environnements et outils de développement

3.2.1 Description de la machine

Processeur	Intel(R) Core(TM) i5-6300U CPU @ 2.40GHz
RAM	8.00 GB
Système d'exploitation	Microsoft Windows 10 Pro

TABLE 3.1 – Description de la machine

3.2.2 Environnement de travail

Python	Un langage de programmation de haut niveau interprété, orienté objet, avec une sémantique dynamique. Des structures de données de haut niveau y sont intégrées[5]. Nous avons travaillé avec la version Python 3.11.3 .
Anaconda	Anaconda est une distribution gratuite et open source de Python et R largement utilisée dans la science des données et le calcul scientifique. Elle est conçue pour simplifier la gestion des packages, des environnements virtuels et des dépendances, ce qui en fait un outil populaire pour les développeurs et les chercheurs[9]. Nous avons travaillé avec la version Anaconda 2.4 .
Spider	Spider est un environnement de développement intégré (IDE) conçu spécifiquement pour la programmation en Python. Il offre des fonctionnalités avancées telles que l'édition de code, le débogage, l'exécution interactive, la gestion de projets et la visualisation de données [16]. Nous avons travaillé avec la version Spider 5.2.2.

TABLE 3.2 – Environnement de travail

3.2.3 Bibliothèques :

Dans cette section on va présenter les bibliothèques pour la programmation en arrière-plan (back-end),

TensorFlow	Une bibliothèque logicielle libre et gratuite pour l'apprentissage automatique et l'intelligence artificielle. Elle peut être utilisée pour toute une série de tâches, mais se concentre plus particulièrement sur la formation et l'inférence de "réseaux neuronaux profonds" [6].
Keras	API conçue pour les êtres humains, pas pour les machines. Keras suit les meilleures pratiques pour réduire la charge cognitive : il propose des API cohérentes et simples, il minimise le nombre d'actions de l'utilisateur requises pour les cas d'utilisation courants [1].
Numpy	Le package fondamental pour le calcul scientifique en Python. Il fournit un objet tableau multidimensionnel, divers objets dérivés (tels que les tableaux masqués et les matrices) [3].
Matplotlib	Une bibliothèque de tracés pour le langage de programmation Python et son extension de mathématiques numériques NumPy. Elle fournit une API orientée objet pour l'intégration de tracés dans des applications utilisant des boîtes à outils d'interface graphique générales telles que Tkinter, wxPython, Qt ou GTK [2] .

Glob	<p>La bibliothèque glob est une bibliothèque Python intégrée qui vous permet de rechercher des fichiers correspondant à certains modèles de dénomination, offre la possibilité d'effectuer des recherches de fichiers à l'aide de modèles de caractères génériques tels que les caractères génériques (*) et les caractères de classe ([]), cela facilite la recherche et le traitement des fichiers dans un répertoire particulier[22].</p>
Os	<p>La bibliothèque OS (système d'exploitation) est une bibliothèque Python intégrée qui fournit des fonctionnalités pour interagir avec le système d'exploitation sous-jacent, permet d'accéder aux fonctions du système de fichiers, de modifier les chemins d'accès aux fichiers, de créer, de supprimer, de renommer des fichiers et des répertoires et d'exécuter des commandes système[23].</p>
Pydicom	<p>Pydicom est une bibliothèque Python pour la lecture, l'écriture et la manipulation d'images médicales au format DICOM (Digital Imaging and Communications in Medicine). Offre la possibilité d'extraire des informations spécifiques à partir d'images DICOM. telles que les Métadonnées, données d'image, informations sur le patient[45].</p>
OpenCV	<p>Bibliothèque de fonctions de programmation principalement destinée à la vision par ordinateur en temps réel. A l'origine développé par Intel [4] .</p>

3.2.4 Description de l'ensemble de données

Ces données proviennent de l'ensemble de données Chaos Challenge et en raison de la difficulté de leur utilisation en raison de la présence de dossiers divisés, nous avons fait de grands efforts pour préparer et organiser ces données comme suit : elles contiennent deux fichiers d'entraînement (Train-Sets) d'une taille de 1.67 GB (1,802,397,777 bytes), et de test (Test-Sets) d'une taille de 1.80 GB (1,939,606,470 bytes). À l'intérieur de ces deux fichiers, nous avons placé des images médicales de CT d'une taille de 1.40 GB (1,513,125,862 bytes) et IRM d'une taille de 275 MB (289,271,915 bytes). À l'intérieur d'IRM, nous avons placé T1DUAL et T2SPIR, chacun contenant deux fichiers : le premier est un fichier dicom contenant des images de données de type .dcm, et le fichier Ground contient des masques correspondant aux images. [33].

3.3 Préparation des données

3.4 Les fonctions utilisées

Dans notre implémentation, nous avons défini nos propres fonctions. A titre d'exemple, nous allons présenter quelques une d'entre elles, savoir :

load-files

La fonction load files qui prend deux chemins de fichiers (data-path et Mask-path) comme arguments. Dans la fonction, nous utilisons la bibliothèque 'glob' pour trouver tous les fichiers avec l'extension '.dcm' dans le répertoire 'data-path' et stocker leurs chemins dans une liste appelée 'data-files'. De même, nous cherchons tous les fichiers avec l'extension ".png" dans le répertoire "mask-path" et les stockez dans une liste appelée "mask-files". Enfin les listes "datafiles" et "mask-files" sont retournées.

load-data

Cette fonction prend deux listes en entrée : "data-files" et "mask-files" et charge les données et les masques à partir du fichier spécifié. A l'intérieur de la fonction, deux listes vides appelées "data" et "mask" sont créées. Ensuite, elle parcourt les fichiers dans datafiles. Chaque itération de la boucle charge les données du fichier actuel et les redimensionne à 128x128 pixels. Ces données

sont ajoutées à la liste des données. Si la liste Mask-files n'est pas vide, les fichiers de masque correspondants sont également chargés et redimensionnés. Ces masques sont ajoutés à la liste des masques. Enfin, la fonction renvoie les données modifiées et le tableau de masques.

preprocess-data

La fonction preprocess data effectue certaines étapes de prétraitement sur les données d'image et les masques. Tout d'abord, il vérifie si le tableau d'entrée n'est pas vide. Ensuite, elle normalise l'image et le masque en divisant par leurs valeurs maximales respectives. Enfin, les dimensions du canal sont ajoutées à l'image et au masque pour convertir l'image et le masque en tableaux 2D. Cette fonction renvoie un tableau de données et de masques prétraités.

Name	Type	Size	Value
test_mri_t2spir_data_files	list	26	['C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Test_Sets\MRI\T2SPIR\DICOM_anon\IM ...
test_mri_t2spir_data_path	str	65	C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Test_Sets\MRI\T2SPIR\DICOM_anon
train_ct_data	Array of float64	(2873, 128, 128, 1)	Min: 0.0 Max: 1.0
train_ct_data_files	list	2874	['C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\CT\DICOM_anon\img (1).d ...
train_ct_data_path	str	58	C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\CT\DICOM_anon
train_ct_mask_files	list	2874	['C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\CT\Ground\img (1).png', ...
train_ct_mask_path	str	54	C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\CT\Ground
train_ct_masks	Array of float64	(2873, 128, 128, 1)	Min: 0.0 Max: 1.0
train_mri_data_path	str	48	C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\MRI
train_mri_t1dual_data	Array of float64	(646, 128, 128, 1)	Min: 0.0 Max: 1.0
train_mri_t1dual_data_files	list	647	['C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\MRI\T1DUAL\DICOM_anon\I ...
train_mri_t1dual_data_path	str	74	C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\MRI\T1DUAL\DICOM_anon\InP ...
train_mri_t1dual_mask_files	list	647	['C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\MRI\T1DUAL\Ground\imgIn ...
train_mri_t1dual_mask_path	str	62	C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\MRI\T1DUAL\Ground
train_mri_t1dual_masks	Array of float64	(646, 128, 128, 1)	Min: 0.0 Max: 1.0
train_mri_t2spir_data	Array of float64	(622, 128, 128, 1)	Min: 0.0 Max: 1.0
train_mri_t2spir_data_files	list	623	['C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\MRI\T2SPIR\DICOM_anon\i ...
train_mri_t2spir_data_path	str	66	C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\MRI\T2SPIR\DICOM_anon
train_mri_t2spir_mask_files	list	623	['C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\MRI\T2SPIR\Ground\imgt2 ...
train_mri_t2spir_mask_path	str	62	C:\Users\dell\.spyder-py3\Dataset\Train_Sets\MRI\T2SPIR\Ground
train_mri_t2spir_masks	Array of float64	(622, 128, 128, 1)	Min: 0.0 Max: 1.0

FIGURE 3.1 – Une capture d'écran de l'étape préparation des données

3.5 L'implémentation du modèle Unet

Les Figure 3.2, 3.3 et 3.4 présentent les paramètres de notre architecture moyennant l'instruction : `model.summary()`

3.6 Les résultats obtenus

Présentation graphique de précision du modèle

La figure 3.5 présente les précisions « Accuracy » de la phase apprentissage et aussi de la phase validation notés respectivement par « Accuracy » et "Val-Accuracy".

Présentation graphique de l'erreur du notre modèle

La figure 3.6 présente l'erreur « Loss » de la phase apprentissage et aussi de la phase validation notés respectivement par « loss » et « Val-loss ».

CHAPITRE 3. IMPLÉMENTATION DU MODÈLES U-NET

```

Model: "model"
-----
Layer (type)                Output Shape                Param #    Connected to
-----
input_1 (InputLayer)        [(None, 128, 128, 1 0
                             )]
conv2d (Conv2D)              (None, 128, 128, 64 640    ['input_1[0][0]']
                             )
batch_normalization (BatchNorm (None, 128, 128, 64 256    ['conv2d[0][0]']
alization)                   )
conv2d_1 (Conv2D)            (None, 128, 128, 64 36928  ['batch_normalization[0][0]']
                             )
batch_normalization_1 (BatchNo (None, 128, 128, 64 256    ['conv2d_1[0][0]']
rmalization)                   )
max_pooling2d (MaxPooling2D) (None, 64, 64, 64) 0      ['batch_normalization_1[0][0]']
conv2d_2 (Conv2D)            (None, 64, 64, 128) 73856   ['max_pooling2d[0][0]']
batch_normalization_2 (BatchNo (None, 64, 64, 128) 512     ['conv2d_2[0][0]']
rmalization)                   )
conv2d_3 (Conv2D)            (None, 64, 64, 128) 147584  ['batch_normalization_2[0][0]']
batch_normalization_3 (BatchNo (None, 64, 64, 128) 512     ['conv2d_3[0][0]']
rmalization)                   )
max_pooling2d_1 (MaxPooling2D) (None, 32, 32, 128) 0      ['batch_normalization_3[0][0]']
conv2d_4 (Conv2D)            (None, 32, 32, 256) 295168  ['max_pooling2d_1[0][0]']
batch_normalization_4 (BatchNo (None, 32, 32, 256) 1024    ['conv2d_4[0][0]']
rmalization)                   )
conv2d_5 (Conv2D)            (None, 32, 32, 256) 590080  ['batch_normalization_4[0][0]']
batch_normalization_5 (BatchNo (None, 32, 32, 256) 1024    ['conv2d_5[0][0]']
rmalization)                   )
max_pooling2d_2 (MaxPooling2D) (None, 16, 16, 256) 0      ['batch_normalization_5[0][0]']

```

FIGURE 3.2 – Architecture Détaillée du CNN unet.

conv2d_6 (Conv2D)	(None, 16, 16, 512)	1180160	['max_pooling2d_2[0][0]']
batch_normalization_6 (Batch Normalization)	(None, 16, 16, 512)	2048	['conv2d_6[0][0]']
conv2d_7 (Conv2D)	(None, 16, 16, 512)	2359808	['batch_normalization_6[0][0]']
batch_normalization_7 (Batch Normalization)	(None, 16, 16, 512)	2048	['conv2d_7[0][0]']
up_sampling2d (UpSampling2D)	(None, 32, 32, 512)	0	['batch_normalization_7[0][0]']
concatenate (Concatenate)	(None, 32, 32, 768)	0	['up_sampling2d[0][0]', 'batch_normalization_5[0][0]']
conv2d_8 (Conv2D)	(None, 32, 32, 256)	1769728	['concatenate[0][0]']
batch_normalization_8 (Batch Normalization)	(None, 32, 32, 256)	1024	['conv2d_8[0][0]']
conv2d_9 (Conv2D)	(None, 32, 32, 256)	590080	['batch_normalization_8[0][0]']
batch_normalization_9 (Batch Normalization)	(None, 32, 32, 256)	1024	['conv2d_9[0][0]']
up_sampling2d_1 (UpSampling2D)	(None, 64, 64, 256)	0	['batch_normalization_9[0][0]']
concatenate_1 (Concatenate)	(None, 64, 64, 384)	0	['up_sampling2d_1[0][0]', 'batch_normalization_3[0][0]']
conv2d_10 (Conv2D)	(None, 64, 64, 128)	442496	['concatenate_1[0][0]']
batch_normalization_10 (Batch Normalization)	(None, 64, 64, 128)	512	['conv2d_10[0][0]']

FIGURE 3.3 – Architecture Détaillée du CNN Unet.

```

conv2d_10 (Conv2D)          (None, 64, 64, 128) 442496 ['concatenate_1[0][0]']
batch_normalization_10 (BatchN (None, 64, 64, 128) 512 ['conv2d_10[0][0]']
ormalization)
conv2d_11 (Conv2D)          (None, 64, 64, 128) 147584 ['batch_normalization_10[0][0]']
batch_normalization_11 (BatchN (None, 64, 64, 128) 512 ['conv2d_11[0][0]']
ormalization)
up_sampling2d_2 (UpSampling2D) (None, 128, 128, 12 0 0 ['batch_normalization_11[0][0]']
8)
concatenate_2 (Concatenate) (None, 128, 128, 19 0 0 ['up_sampling2d_2[0][0]',
2) 'batch_normalization_1[0][0]']
conv2d_12 (Conv2D)          (None, 128, 128, 64 110656 ['concatenate_2[0][0]']
)
batch_normalization_12 (BatchN (None, 128, 128, 64 256 ['conv2d_12[0][0]']
ormalization)
conv2d_13 (Conv2D)          (None, 128, 128, 64 36928 ['batch_normalization_12[0][0]']
)
batch_normalization_13 (BatchN (None, 128, 128, 64 256 ['conv2d_13[0][0]']
ormalization)
conv2d_14 (Conv2D)          (None, 128, 128, 1) 65 ['batch_normalization_13[0][0]']

=====
Total params: 7,793,025
Trainable params: 7,787,393
Non-trainable params: 5,632

```

FIGURE 3.4 – Architecture Détaillée du CNN Unet.

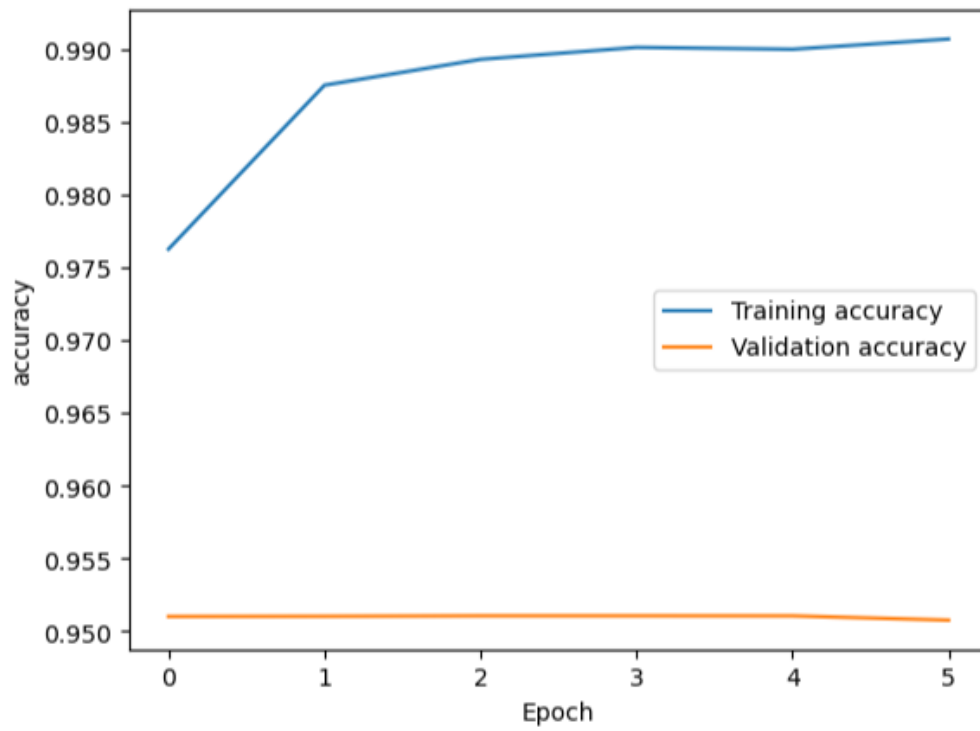


FIGURE 3.5 – Présentation graphique de précision.

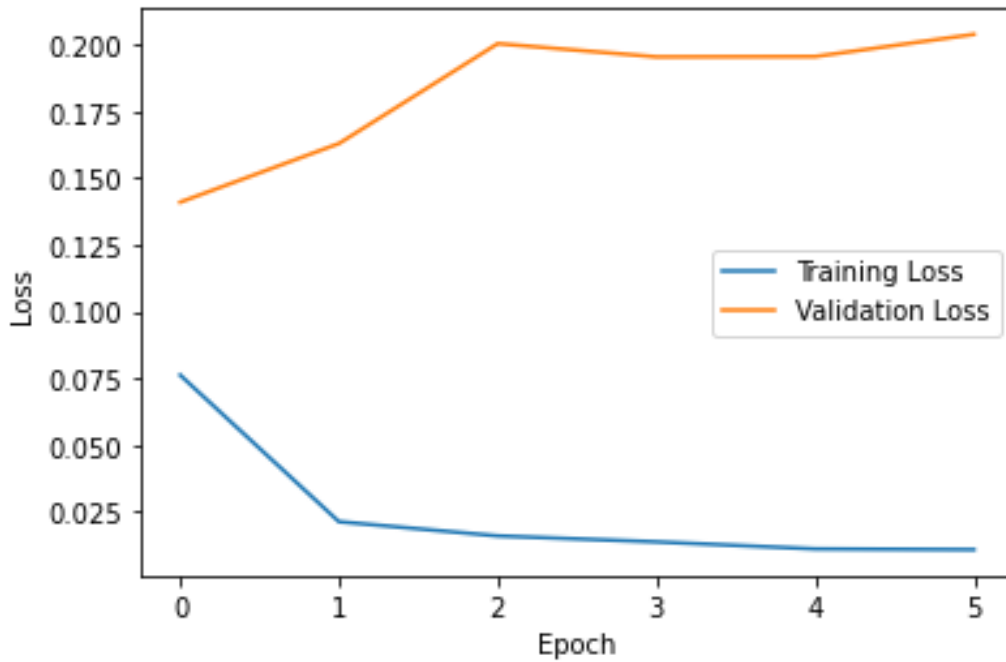


FIGURE 3.6 – Présentation graphique de l’erreur .

3.7 Conclusion

Les résultats actuels du modèle montrent une convergence prématurée et une difficulté à généraliser les données qui ne sont pas incluses dans l’ensemble d’apprentissage. L’exactitude sur l’ensemble de validation atteint rapidement un plateau à environ 95% qui suggère un surajustement du modèle. Pour résoudre ce problème, des techniques de régularisation peuvent être utilisées pour encourager une solution plus simple et réduire l’overfitting. De plus, il peut être nécessaire d’utiliser des techniques d’équilibrage des classes pour traiter les données déséquilibrées et améliorer la capacité de généralisation du modèle. Enfin, l’augmentation des données peut être utile pour exposer le modèle à une plus grande variété d’exemples et améliorer sa performance sur de nouvelles données.

3.8 La conclusion générale

En conclusion, l'application du deep learning à la segmentation automatique des tumeurs hépatiques en imagerie multi-modale représente une avancée prometteuse dans le domaine de l'oncologie hépatique. Malgré les défis liés à la variabilité des caractéristiques des tumeurs, la présence de bruit et d'artefacts, le manque de données d'apprentissage et la convergence prématurée du modèle, des résultats préliminaires encourageants ont été obtenus.

Pour améliorer la performance du modèle, des techniques de régularisation, d'équilibrage des classes et d'augmentation des données peuvent être utilisées. La poursuite de la recherche dans ce domaine pourrait permettre de développer des modèles de deep learning plus robustes et plus précis, améliorant ainsi le diagnostic, la planification du traitement et le suivi des patients atteints de cancer du foie.

En fin de compte, l'utilisation du deep learning dans la segmentation automatique des tumeurs hépatiques en imagerie multi-modale a le potentiel de transformer la pratique clinique, en améliorant les résultats cliniques et la qualité des soins pour les patients atteints de cancer du foie. Il est donc essentiel de continuer à explorer et à développer cette approche afin de maximiser ses avantages et de relever les défis restants.

Bibliographie

- [1] Keras documentation. <https://keras.io/>.
- [2] Matplotlib documentation. <https://matplotlib.org/>.
- [3] Numpy documentation. <https://numpy.org/>.
- [4] Opencv documentation. <https://opencv.org/>.
- [5] Python documentation. <https://docs.python.org/3/>.
- [6] Tensorflow documentation. <https://www.tensorflow.org/>.
- [7] Info-radiologie : Foie. <https://www.info-radiologie.ch/menu1-foie.php>, n.d. Accessed on September 22, 2021.
- [8] Mohamed Abdellaoui. L'application des réseaux de neurone de type feedforward dans le diagnostic statique. *La Revue de l'Electricité et de l'Electronique*, 2014 :34–38, 2014.
- [9] Inc. Anaconda. Anaconda : A python distribution for data science. 2020. Consulté le 15 avril 2022.
- [10] Christopher M. Bishop. *Pattern Recognition and Machine Learning*. Springer, 2006.
- [11] Philippe Bolon, Jean-Marc Chassery, Jean-Pierre Cocquerez, Didier Demigny, Christine Graffigne, Annick Montanvert, Sylvie Philipp, Rachid Z'eboudj, Josiane Zerubia, and Henri Maître. *Analysed'images : filtrageetsegmentation*. Masson, 1995.
- [12] Juliane Britz and Christoph M Michel. Errors can be related to pre-stimulus differences in erp topography and their concomitant sources. *Neuroimage*, 49(3) :2774–2782, 2010.
- [13] Ed Burns. Machine learning. <https://www.techtarget.com/searchenterpriseai/definition/machine-learning-ML>, consulté le 23 avril 2021.
- [14] carrtesy. VAE Theory. <https://carrtesy.github.io/posts/VAE-theory/>, YYYY. Accessed : DD Month YYYY.

-
- [15] Ronald A. Coifman and Anna Y. Kornfilt. An intuitive guide to convolutional neural networks. <https://www.freecodecamp.org/news/an-intuitive-guide-to-convolutional-neural-networks-260c2de0a050/>, 2021. [Online; accessed 12-June-2023].
- [16] Spyder Community. Spyder : The scientific python development environment. *Journal of Open Source Software*, 5(52) :2127, 2020.
- [17] Vincent Couteaux. Apprentissage profond pour la segmentation et la détection automatique en imagerie multi-modale : application à l'oncologie hépatique. *Journal of Medical Imaging*, XX(X) :XXX–XXX, 2021.
- [18] William R Crum, Oscar Camara, and Derek L G Hill. Generalized overlap measures for evaluation and validation in medical image analysis. *IEEE transactions on medical imaging*, 25(11) :1451–1461, 2006.
- [19] Li Deng and Dong Yu. Deep learning : Methods and applications. *Foundations and Trends in Signal Processing*, 7(3-4) :197–387, 2014.
- [20] Elizabeth A Eisenhauer, Patrick Therasse, Jan Bogaerts, Lawrence H Schwartz, Danielle Sargent, Robert Ford, Janet Dancey, S Arbuck, Steve Gwyther, Margaret Mooney, et al. New response evaluation criteria in solid tumours : revised recist guideline (version 1.1). *European journal of cancer*, 45(2) :228–247, 2009.
- [21] Luca Ferretti and Myriam Cohen. Dynamic trade-offs in software architecture design. *Journal of Systems and Software*, 119 :274–284, 2016.
- [22] Python Software Foundation. glob — unix style pathname pattern expansion, 2022. Consulté le 15 avril 2022.
- [23] Python Software Foundation. os — miscellaneous operating system interfaces, 2022. Consulté le 15 avril 2022.
- [24] Carlos Gershenson. Artificial neural networks for beginners. [https://datajobs.com/datascience-repo/Neural-Net-\[Carlos-Gershenson\].pdf](https://datajobs.com/datascience-repo/Neural-Net-[Carlos-Gershenson].pdf), 2012. Accessed : September 15, 2021.
- [25] Jules Gregory, Marco Dioguardi Burgio, Giuseppe Corrias, Valérie Vilgrain, and Maxime Ronot. Evaluation of liver tumour response by imaging. *JHEP Reports*, 2(3) :100100, 2020.
- [26] Data Hacker. Overview of semantic segmentation methods. *Data Hacker*, 2020.
- [27] Kaiming He, Xiangyu Zhang, Shaoqing Ren, and Jian Sun. Deep residual learning for image recognition. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 770–778, 2016.
- [28] Healthline. Ct scan : Purpose, procedure, risks, and results. *Healthline*, 2021.

- [29] Groupe HLI. Machine learning dans l'industrie, 2021. Accessed : September 22, 2021.
- [30] S.M. Hussain and M.F. Sorrell. *Liver MRI : Correlation with Other Imaging Modalities and Histopathology*. Springer International Publishing, 2014.
- [31] M. Tim Jones. Deep learning architectures. *IBM Developer*, 2016.
- [32] B. Kastler, D. Vetter, Z. Patay, and P. Germain. *Comprendre l'IRM : manuel d'auto-apprentissage*. Collection d'imagerie médicale, diagnostic. Masson, 2006.
- [33] Ali Emre Kavur, M. Alper Selver, Oğuz Dicle, Mustafa Barış, and N. Sinem Gezer. CHAOS - Combined (CT-MR) Healthy Abdominal Organ Segmentation Challenge Data, April 2019.
- [34] Philippe Lambin, Ralph TH Leijenaar, Timo M Deist, Jurgen Peerlings, Evelyn EC De Jong, Janita Van Timmeren, Sebastian Sanduleanu, Ruben THM Larue, Aniek JG Even, Arthur Jochems, et al. Radiomics : the bridge between medical imaging and personalized medicine. *Nature reviews Clinical oncology*, 14(12) :749–762, 2017.
- [35] Klaus H Maier-Hein, Matthias Eisenmann, Annika Reinke, Sinan Onogur, Marko Stankovic, Patrick Scholz, et al. Why rankings of biomedical image analysis competitions should be interpreted with care. *Nature communications*, 9(1) :1–3, 2018.
- [36] MathWorks. What is deep learning? <https://www.mathworks.com/discovery/deep-learning.html>, Accessed on October 12, 2021.
- [37] Mayo Clinic Staff. Ct scan. <https://www.mayoclinic.org/tests-procedures/ct-scan/about/pac-20393675?p=1>, 2021. Accessed : September 15, 2021.
- [38] Fausto Milletari, Nassir Navab, and Seyed-Ahmad Ahmadi. V-net : Fully convolutional neural networks for volumetric medical image segmentation. In *International Conference on 3D Vision (3DV)*, pages 565–571. IEEE, 2016.
- [39] Donald G Mitchell, Jordi Bruix, Morris Sherman, and Claude B Sirlin. Li-rads (liver imaging reporting and data system) : summary, discussion, and consensus of the li-rads management working group and future directions. *Hepatology*, 61(3) :1056–1065, 2015.
- [40] Mohamed Mohamed, Mohammad Badruddin Khan, and Elhadi Bashir Mohamed Bashier. *Machine Learning : Algorithms and Applications*. CRC Press, 2016.

-
- [41] Vinod Nair and Geoffrey E. Hinton. Rectified linear units improve restricted boltzmann machines. *Neural Networks*, 27(3) :615–627, 2010.
- [42] Author’s Name. Title of the webpage, samedi 11 avril 2015. Accessed on : Date of access.
- [43] Vinod Narayanan and Vikram Ravi. Machine learning and deep learning approaches for brain disease diagnosis : Principles and recent advances. In *Brain Diseases and Disorders*, pages 231–256. Springer, Cham, 2021.
- [44] David Petersson. Ia, machine learning, deep learning : quelles différences ? <https://www.lemagit.fr/conseil/IA-machine-learning-deep-learning-quelles-differences>, 2020. Accessed : August 28, 2021.
- [45] Pydicom Developers. Pydicom : Digital imaging and communications in medicine (dicom) in python, 2022. Consulté le 15 avril 2022.
- [46] Olaf Ronneberger, Philipp Fischer, and Thomas Brox. U-net : Convolutional networks for biomedical image segmentation. In Nassir Navab, Joachim Hornegger, William M. Wells, and Alejandro F. Frangi, editors, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2015*, pages 234–241, Cham, 2015. Springer International Publishing.
- [47] Futura Sciences. Irm - définition et explications. Available at : <https://www.futura-sciences.com/sante/definitions/medecine-irm-8096/>, 2021. Accessed : August 28, 2021.
- [48] Marina Sokolova and Guy Lapalme. A systematic analysis of performance measures for classification tasks. *Information Processing & Management*, 45(4) :427–437, 2009.
- [49] Natural Solutions. Histoire du deep learning, 07 2021.
- [50] Not specified. Intelligence artificielle et catastrophes naturelles. <https://www.echosciences-grenoble.fr/articles/intelligence-artificielle-et-catastrophes-naturelles>, Not specified.
- [51] Y Weerakkody, D Bell, A Ranchod, and et al. Simple hepatic cyst. <https://radiopaedia.org/articles/17852>, 2023. Accessed on 18 May 2023.
- [52] Jingyun Yang et al. Joint pvl detection and manual ability classification using semi-supervised multi-task learning. In *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention–MICCAI 2021*. Springer, 2021.
- [53] Xinwen Zhang. *Multi-modality Medical Image Segmentation with Unsupervised Domain Adaptation*. PhD thesis, 2022.
- [54] Binsheng Zhao, Yongqiang Tan, Wei-Yann Tsai, Jing Qi, Chuanmiao Xie, Lin Lu, and Lawrence H Schwartz. Reproducibility of radiomics for

deciphering tumor phenotype with imaging. *Scientific reports*, 6(1) :1–7, 2016.