



Thème

Mise en place d'un Outil de Diagnostic et de pronostic basé sur la radiomique pour l'aide à la prise en charge clinique

APPLICATION A LA TUMEUR DE LA PROSTATE

Présenter par: Maître de stage: Directeur de mémoire

SAMA E. S. Souvenir Dr APEKE Séna Dr Amir HAJJAM EL

HASSANI

PLAN

Introduction



Validation des résultats



Etat de l'art



03 Résultats de la recherche



Conclusion

Introduction

De nos jours, les cancers constituent l'une des sources de mortalité les plus élevées dans le monde et ceux, malgré les progrès scientifiques et technologiques, les processus de diagnostic et de traitement restent de loin les plus unanimes et uniformes. Plusieurs moyens de diagnostic et de traitement existent, en passant par les plus invasives comme la chirurgie aux moins invasives comme la radiologie. Mais pour une meilleure prise en charge, un cancer doit être détecté le plus précocement possible. Et quoi de mieux que la radiologie pour cette prise en charge rapide et non invasive!

Contexte du sujet

Les images radiologiques sont une source d'information très précieuses qui sont sousexploitées. En effet l'observation apportée par le radiologue étant limitée aux facteurs physiques comme la taille et le volume de la tumeur fait que nous avons toujours besoin de recourir à la biopsie pour en déterminer la texture pour une tumeur donnée. Pour en venir à ce problème un nouveau procédé appelé la radiomics, a été mis sur place consistant à extraire des caractéristiques quantitatives des images afin d'en déterminer leur texture.

C'est en ce sens que ce pose la question

Problematique



Comment grâce à la radiomique, extraire les caractéristiques des images radiologiques afin de déterminer le taux de malignité d'une tumeur sans avoir recourt à la biopsie, une des moyen invasive à éviter de nos jours?

Objectifs

Face au défi, on s'est fixé un certains nombre d'objectifs qui sont

- > Réaliser la segmentation des images radiologique IRM sur la base des réseaux U-Net
- Extraire des caractéristiques ou marqueurs radiomique sur la base des images et de leurs masques de segmentation.
- ➤ Appliquer cela aux images IRM de la prostate pour la prédiction du grade de Gleason de la tumeur de prostate pour un patient quelconque.
- ➤ Intégré le modèle de segmentation et de prédiction de grade à une plateforme d'analyse et de diagnostique des images IRM de la prostate pour la prédiction du grade de Gleason.

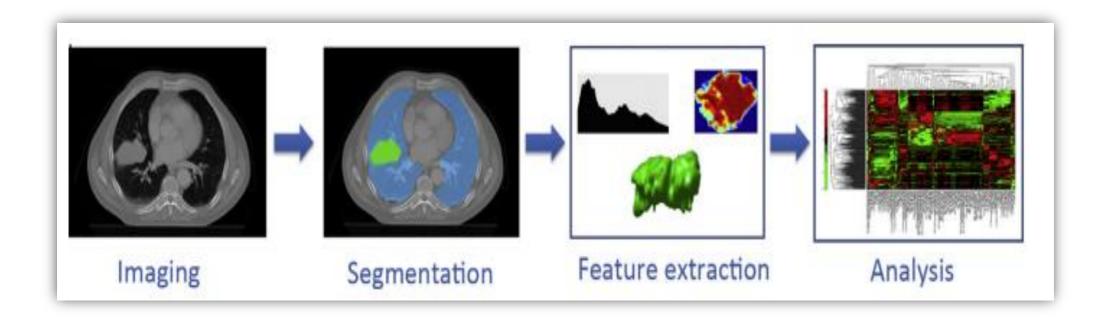
La démarche scientifique

LA RADIOMICS UNE SCIENCE HYPOTHÉTICO-DÉDUCTIVE



Processus radiomique

Constituer principalement de 04 étapes

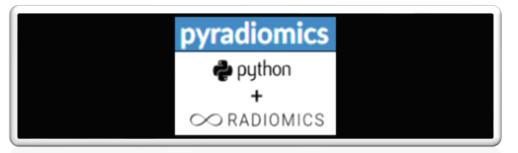


Bibliothèques utilisés











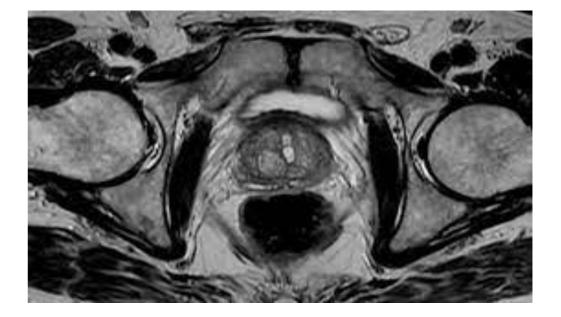
Source des données





y f V in M

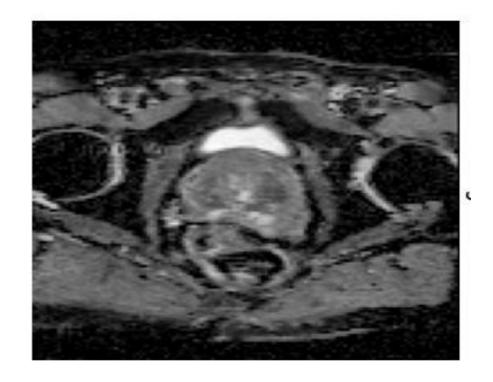




Les données

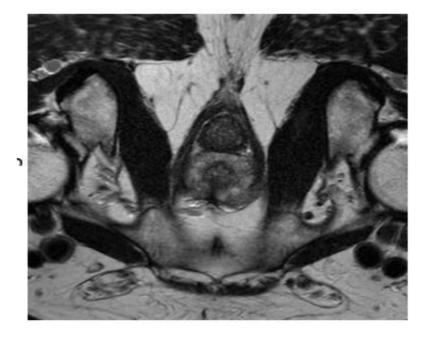
Nos données sont constitués de deux types d'images à savoir:

☐ Données en pondération diffusion ADC

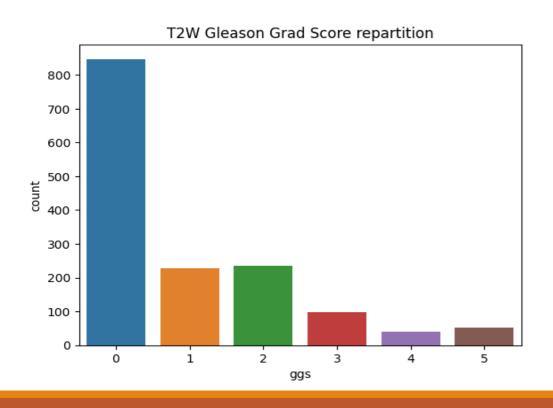


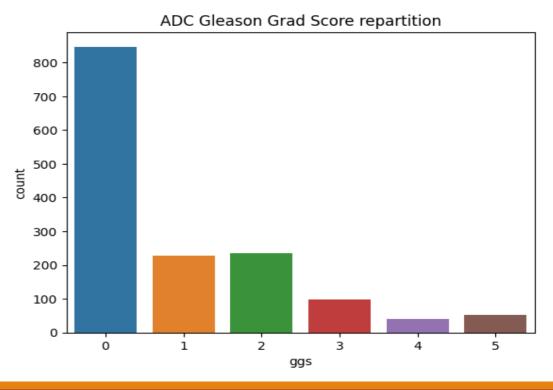
Les données

☐ Données en pondération de diffusion en temps de relaxation T2

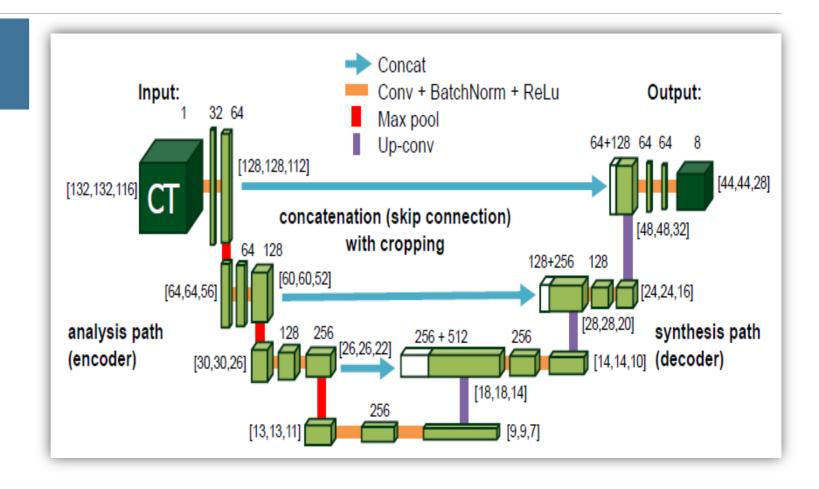


Taille des données



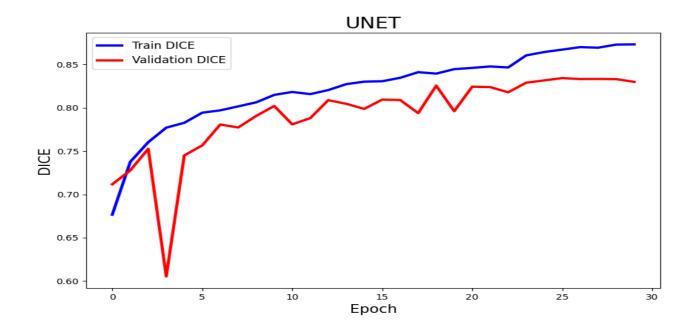


Architecture des réseaux U-Net



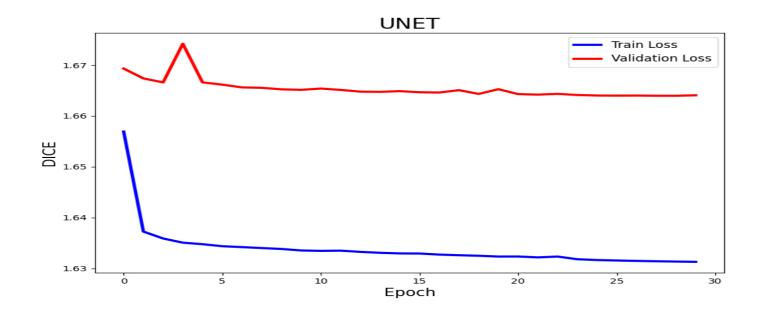
Segmentation des données IRM

Courbe de validation



Segmentation des données IRM

Courbe de fonction de perte

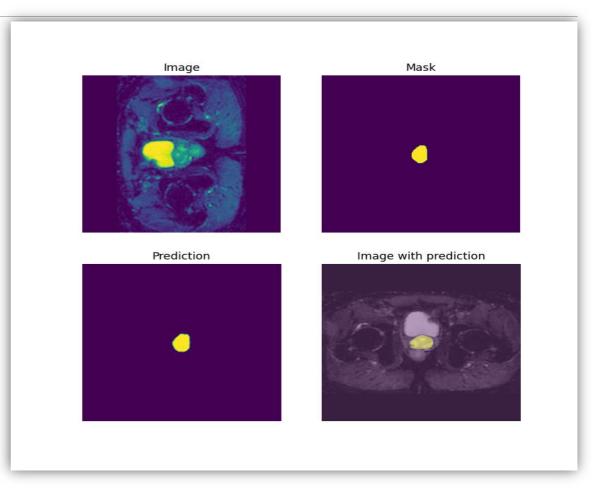


Segmentation des données IRM

Images segmenté à partir du model 3D U-Net

Comme résultat, nous avons au premier et au second diapos, une image et son masque, au troisième diapos, son masque prédit à partir de l'image, et dernière position la localisation du masque dans

l'image. ACC: 0,87



Extraction des caractéristiques radiomique

L'extraction des caractéristique a été fait par le biais de la bibliothèque PyRadiomics et on comptait au total 104 caractéristiques organisé en catégorie tel que:

- ☐ Les caractéristiques de forme (2D et 3D)
- ☐ Les caractéristiques statistique de premier ordre
- ☐ Les caractéristiques de texture (GLCM, GLRLM, GLSZM, NGTDM, GLDM)

Extraction des caractéristiques radiomique

Échantillon des données extraites.

original_shape_Elongation original_sh	nape_Flatness o	original_shape_LeastAxisLength	original_shape_MajorAxisLength	original_shape_Maxim
---------------------------------------	-----------------	--------------------------------	--------------------------------	----------------------

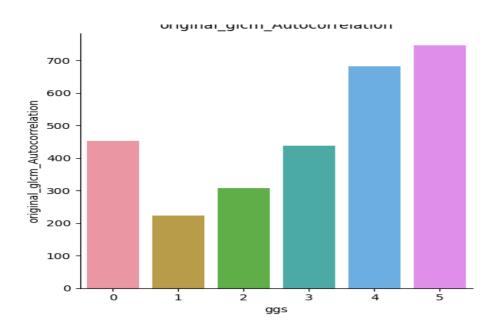
sub					
PI_CAI_10665_Adc	0.788635	0.163558	3.090075	18.892876	
PI_CAI_10806_Adc	0.660957	0.347827	3.443349	9.899609	
PI_CAI_10135_Adc	0.749744	0.426938	2.512995	5.886095	
PI_CAI_10772_Adc	0.534712	0.426840	2.376157	5.566860	
PI_CAI_10393_Adc	0.256485	0.138072	2.742235	19.860968	

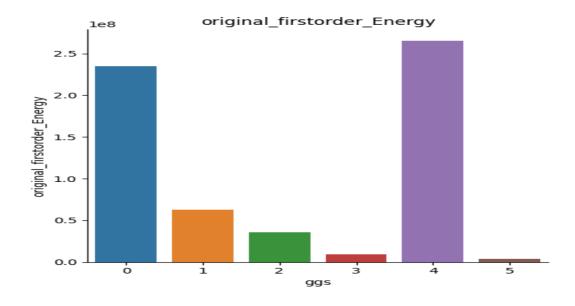
5 rows × 108 columns

Analyse statistique

D'après des méthodes d'analyse statistique et de prédiction, des caractéristique de texture et de premier ordre sont assez significatives dans le processus de classification des tumeurs malignes, des tumeurs bénignes. Parmi ses marqueurs de texture on retrouve le Gray Level Co-occurrence Matrice (GLCM).

Analyse statistique





Prédiction sur les données extraites

Modèle XgBoost

Pondération ADC						
	precision	recall	f1-s	core	support	
0	0.59	0.69	0.6	54	90	
1	0.79	0.71	0.7	75	112	
2	0.77	0.67	0.7	71	108	
3	0.77	0.82	0.7	79	65	
4	0.98	0.94	0.9	96	53	
5	0.70	0.86	0.7	77	37	
accura	acy			0.75	465	
macro a	avg 0.	.77 ().78	0.77	465	
weighted a	ivg 0	.76	0.75	0.7	5 465	
accuracy Score is 74.84%						

Pondération T2w								
	precision recall f1-score support							
0	0.70	0.70	0.70	104				
1	0.65	0.72	0.68	86				
2	0.78	0.82	0.80	114				
3	0.86	0.84	0.85	121				
4	0.98	0.94	0.96	109				
5	0.95	0.87	0.91	114				
accuracy			0.82	648				
macro avg		0.82	0.82	0.82				
weighted avg	0.83	3 0.82	0.82	648				
5 6								
accuracy	accuracy Score is 82.25%							
accuracy		02.20) /U					

Prédiction sur les données extraites

Modèle Random Forest

Pondération ADC								
	precisi	on rec	call f	1-score	support			
0	0.59	0.6	65	0.62	95			
1	0.72	0.6	67	0.70	107			
2	0.68	0.6	54	0.66	100			
3	0.71	0.0	32	0.76	60			
4	0.92	0.0	32	0.87	57			
5	0.85	0.0	35	0.85	46			
accuracy				0.72	465			
macro avg		0.75	0.74	0.74	465			
weighted avg		0.72	0.72	2 0.72	465			
accuracy Score is 71.61%								

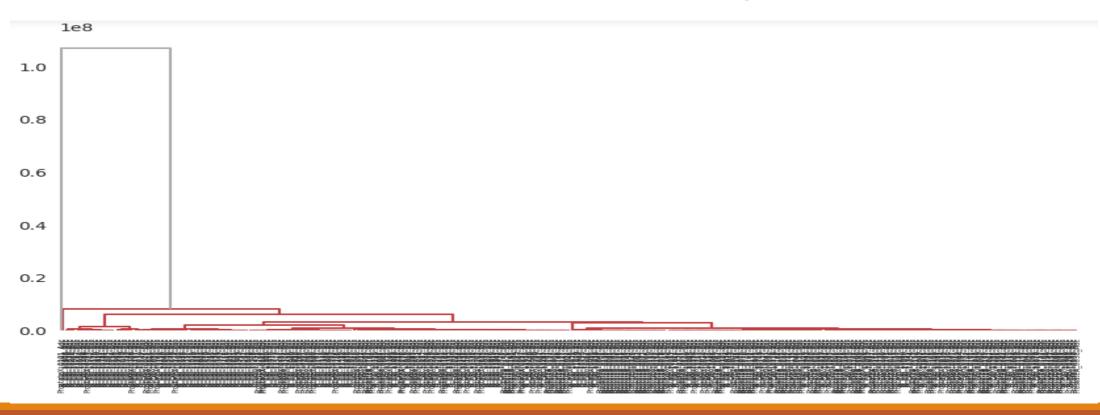
Pondération T2w							
	precision	recal	l f1-sc	ore	supp	ort	
0	0.63	0.7	3 0.0	68	90		
1	0.77	0.7	8 0.	77	95		
2	0.77	0.7	5 0.	76	122		
3	0.89	0.8	8.0	88	120		
4	0.99	0.9	1 0.9	95	114		
5	0.96	0.9	3 0.9	95	107		
accura	acy			0.8	83	648	
macro a	avg (0.83	0.83	0.8	83	648	
weighted	avg	0.84	0.83	0.	84	648	
accuracy Score is 83.49%							

Validation des résultats

La validation consiste à utiliser les données dont on ne connaît pas les labels dont on va faire la prédiction sur la base de nos modèles entraînés et de la méthodes de clusteringmap hiérarchique.

Validation des résultats

CLUSTERMAP HIÉRARCHIQUE



Validation des résultats

RANDOM FORREST

CLUSTERING

17	ProstateX_0007_Adc	2	17	ProstateX_0007_Adc
18	ProstateX_0025_Adc	3	18	ProstateX_0025_Adc
19	ProstateX_0066_Adc	2	19	ProstateX_0066_Adc
20	ProstateX_0151_Adc	1	20	ProstateX_0151_Adc
21	ProstateX_0130_Adc	1	21	ProstateX_0130_Adc
22	ProstateX_0087_Adc	3	22	ProstateX_0087_Adc
23	ProstateX_0010_Adc	1	23	ProstateX_0010_Adc
24	ProstateX_0062_Adc	2	24	ProstateX_0062_Adc
25	ProstateX_0149_Adc	1	25	ProstateX_0149_Adc
26	ProstateX_0020_Adc	2	26	ProstateX_0020_Adc
27	ProstateX_0057_Adc	2	27	ProstateX_0057_Adc
28	ProstateX_0023_Adc	1	28	ProstateX_0023_Adc
29	ProstateX_0100_Adc	3	29	ProstateX_0100_Adc
30	ProstateX_0036_Adc	2	30	ProstateX_0036_Adc
31	ProstateX_0091_Adc	2	31	ProstateX_0091_Adc
32	ProstateX_0003_Adc	1	32	ProstateX_0003_Adc
33	ProstateX_0171_Adc	3	33	ProstateX_0171_Adc
34	ProstateX_0147_Adc	3	34	ProstateX_0147_Adc
35	ProstateX_0140_Adc	2	35	ProstateX_0140_Adc

Validation des résultats (La vraisemblance)

```
from sklearn.metrics import accuracy_score
accuracy = accuracy_score(rf_No_biopsie_Label, CT_No_biopsie_Label
percentage = accuracy * 100
print("Validation des données :", percentage)
```

Validation des données : 65.71428571428571

DEMO

Conclusion

MERCI