

Deadline : Dimanche 21 Novembre 2021

Dimanche 21 Novembre 2021

- ☐ **Définir le contexte et le périmètre du projet : en l'occurrence j'attends que vous preniez vraiment le temps de bien comprendre le projet et à la limite de vous renseigner au mieux sur les notions que celui-ci va introduire.**

[Fiche Projet](#)

[Site officiel de la compétition](#)

Problématique :

Le cancer du rein, qui occupe le 6e rang des tumeurs solides malignes, est l'une des tumeurs malignes les plus courantes chez les adultes dans le monde. Heureusement, la plupart des tumeurs rénales sont découvertes tôt, de façon fortuite dans 70 à 80% des cas, lorsqu'elles sont encore localisées et opérables. Cependant, il existe des questions importantes concernant la gestion des tumeurs rénales localisées restant sans réponse.

Près de 70 à 80 % des tumeurs du rein sont des tumeurs malignes.

L'âge médian au diagnostic est de 69 ans et le sex-ratio est de deux hommes pour une femme. Un tiers des patients est diagnostiqué au stade métastatique et, parmi les patients présentant une forme localisée, environ 30 % vont développer des métastases.

Son incidence a augmenté de 126 % depuis 1950. Le taux d'incidence est de 17,1 cas chez l'homme et de 7,1 cas chez la femme pour 100 000 personnes. (rapport hommes/femmes 2,4).

Les facteurs de risque de cancer du rein sont : le tabac, l'obésité, le sexe masculin, l'hypertension artérielle, l'insuffisance rénale, la transplantation rénale, l'exposition environnementale (trichloréthylène), les prédispositions génétiques dont des formes familiales (la principale est la maladie de Von Hippel-Lindau).

Il existe deux types de lésions : les lésions kystiques (creuses) et les tumeurs (lésions pleines bénignes ou malignes).

Tumeurs rénales bénignes

Les deux plus importantes sont l'oncocytome et l'angiomyolipome.

- l'oncocytome (aussi appelé adénome oncocytaire) : plus fréquent chez la femme, il peut parfois avoir une cicatrice stellaire centrale visible sur les examens d'imagerie
- l'angiomyolipome (AML): tumeur rare (0,1 à 0,2 % de la population), plus fréquente chez la femme qui associe trois composantes (adipeuse, musculaire et vasculaire). C'est la seule tumeur bénigne dont on peut évoquer le diagnostic lorsqu'il y a une plage graisseuse (densité négative) à la tomодensitométrie, tumeur en général petite et isolée, parfois volumineux et multiple et il faut alors évoquer une sclérose tubéreuse de Bourneville (le risque principal de cette tumeur est un saignement qui peut justifier un traitement préventif lorsque la taille tumorale est supérieure à 4 cm)

La TDM est la technique de choix pour l'identification des AML car elle détecte les îlots macroscopiques de graisse (densité < -20 UH). Les AML sans graisse macroscopique peuvent présenter une hyperdensité spontanée modérée (densité > 45 UH) et un rehaussement homogène.

Tumeur kystique : 5 à 10 % des tumeurs du rein, très fréquentes à partir de 50 ans, ils sont bénins. Un kyste simple est constitué d'une paroi très fine et a un contenu hydrique.

[Sources : [Uro France](#) ; [Info Cancer](#)]

Les tumeurs rénales sont connues pour leur apparition remarquable dans l'imagerie par tomодensitométrie (TDM), ce qui a permis aux radiologues et aux chirurgiens d'étudier la relation entre la taille, la forme et l'apparence de la tumeur et ses perspectives de traitement. C'est pourtant un travail laborieux et il repose sur des appréciations souvent subjectives et imprécises.

La segmentation automatique des tumeurs rénales est un outil prometteur pour remédier à ces limitations : les évaluations basées sur la segmentation sont objectives et nécessairement bien définies, et l'automatisation élimine tout effort, à l'exception d'un simple clic sur un bouton.

Description des données :

Ceci est une version abrégée du [manuscrit de description complète des données](#).

[PDF](#)

Cohorte

La cohorte KiTS21 comprend des patients qui ont subi une néphrectomie partielle ou radicale pour suspicion de malignité rénale entre 2010 et 2020 dans un centre médical [M Health Fairview](#) ou [Cleveland Clinic](#). Une revue rétrospective de ces cas a été menée pour identifier tous les patients qui avaient subi une tomodensitométrie préopératoire avec injection de contraste qui comprenait l'intégralité de tous les reins.

Format des données

L'imagerie ainsi que les Ground Truth ont été fournies dans un format NIFTI anonymisé avec une forme (num_slices, hauteur, largeur). Ici, num_slices correspond à une vue axiale et progresse de supérieur à inférieur à mesure que l'indice de coupe augmente. Dans tous les cas, le patient était en décubitus dorsal lors de la collecte d'images, et les origines hauteur-largeur se situent donc à la partie antérieure gauche des patients. Lorsqu'il y avait plusieurs séries de qualification pour un cas particulier, celle avec la plus petite slice thickness a été choisie, mais les slice thickness vont de 1 mm à 5 mm.

Ground Truth

Le scanner préopératoire cortico-médullaire le plus récent de chaque cas a été segmenté indépendamment trois fois pour chaque instance des classes sémantiques suivantes.

1. **Rein** : Défini de la même manière que la classe rein de KiTS19
2. **Tumeur** : Défini de la même manière que la classe de tumeur de KiTS19
3. **Kyste** : Masses rénales radiologiquement (ou pathologiquement, si disponibles) déterminées comme des kystes.

La procédure d'annotation était la suivante :

1. Les première et dernière tranches contenant du tissu rénal ou tumoral ont été enregistrées. Nous les appelons respectivement *pre* et *post*.
2. Les première et dernière tranches contenant un hile rénal pour chaque rein ont été enregistrées. Nous les appelons *lhb*, *lhe*, *rhb* et *rhe* pour le début du hile gauche, la fin du hile gauche, le début du hile droit et la fin du hile droit respectivement.

3. Des tranches régulièrement espacées ont été sélectionnées pour l'annotation (aussi peu que 1 sur 5) de sorte que le plus grand nombre de tranches sélectionnées entre le pré et le post soit inférieur à 50 si possible.
4. Pour chaque tranche sélectionnée, l'annotateur a tracé un ou plusieurs contours de telle sorte que tous les tissus représentés à l'intérieur des contours étaient des reins, des tumeurs ou de la graisse. Nous les appelons *contours des reins*.
5. Dans les coupes où le hile rénal était présent, l'annotateur a exclu une partie du sinus et du système collecteur de leurs contours de telle sorte que la plus grande concavité de leur contour commence et se termine à l'entrée du hile.
6. L'annotateur a ensuite dessiné une nouvelle série de contours de telle sorte que le seul tissu représenté à l'intérieur était une tumeur ou non un rein. Nous les appelons *contours tumoraux*.

La Ground Truth finale a été calculée à partir de ces annotations comme suit :

1. Les contours des reins pour les tranches non annotées ont été interpolés à partir de leurs tranches annotées les plus proches de chaque côté. Cela a été fait par simple morphing linéaire.
2. Pour chaque tranche entre pré et post, un simple flou gaussien 3x3 a été effectué, et les pixels à l'intérieur des contours des reins en dessous d'une valeur d'unité Hounsfield floue de -30 ont été exclus comme probablement de la graisse.
3. Pour chaque contour contenant un hile, une ligne a été tracée de telle sorte que la plus grande déficience de convexité soit comblée, et les pixels à l'intérieur de cette déficience au-dessus du seuil HU ci-dessus ont été inclus.
4. Les contours de la tumeur ont également été interpolés avec une simple morphologie.
5. Pour chaque contour tumoral, un AND au niveau des pixels a été effectué entre ses pixels intérieurs et le rein seuillé. Les pixels restants sont considérés comme des tumeurs.

Cette procédure a fonctionné pour la grande majorité des cas, mais il y avait parfois d'autres concavités plus grandes que celle du hile. Dans ces cas, les extrémités des lignes hiles ont été choisies manuellement.

Les annotateurs avaient accès à la conclusion du radiologue traitant de chaque cas, ainsi qu'à la conclusion de la pathologie chirurgicale, ce qui a contribué à faciliter la localisation précise des tumeurs et l'exclusion des kystes. Tous les cas ont ensuite été revus dans les plans axial et coronal. Les corrections ont été apportées par Nicholas Heller sous la direction des Drs. Christopher Weight et Niranjana Sathianathan si nécessaire.

Attentes de la compétition et objectifs :

En termes simples, le modèle qui produit les "meilleures" segmentations de reins, de tumeurs et de kystes pour les patients de l'ensemble de tests sera déclaré vainqueur. Malheureusement, « meilleur » peut être difficile à définir.

Avant de discuter des mesures, nous devons discuter des régions auxquelles elles seront appliquées. Un choix courant dans la segmentation multiclasse consiste simplement à calculer la métrique pour chaque classe sémantique et à prendre la moyenne. Pour ce défi, nous ne pensons pas que ce soit la meilleure approche. Pour illustrer pourquoi, considérons un cas dans l'ensemble de tests où un seul rein contient à la fois une tumeur et un kyste. Si une soumission a une segmentation rénale de très haute qualité, mais a du mal à différencier les voxels rénaux de ceux appartenant aux masses, nous pensons que cela mérite un score élevé pour la région rénale, mais des scores faibles pour chaque masse. De même, supposons que les masses aient été bien segmentées, mais que le système confond le kyste avec la tumeur. Nous ne pensons pas qu'il soit idéal de pénaliser deux fois la soumission ici (une pour la région tumorale, une fois pour la région du kyste) alors qu'en fait, il a fait un très bon travail de segmentation des masses. Pour résoudre ce problème, nous utilisons ce que nous appelons des « classes d'évaluation hiérarchique » (HEC). Dans un HEC, les classes qui sont considérées comme des sous-ensembles d'une autre classe sont combinées avec cette classe dans le but de calculer une métrique pour le sur-ensemble. Pour KiTS21, les HEC suivants seront utilisés.

- **Rein et Masses** : Rein + Tumeur + Kyste
- **Masse rénale** : Tumeur + Kyste
- **Tumeur** : Tumeur seulement

En 2019, nous avons utilisé un simple classement Sørensen-Dice avec les HEC « Rein et Tumeur » et « Tumeur ». La décision d'utiliser Dice seul a été prise pour privilégier la simplicité et la facilité d'interprétation. Nous pensons toujours que ces choses sont importantes, mais nous reconnaissons également que les scores de Dice ont leurs limites. Une limitation était l'influence démesurée que les petites tumeurs avaient sur les classements. En effet, les erreurs de segmentation se situent majoritairement aux frontières des régions, et les petites régions ont un ratio plus élevé de voxels de bordure par rapport aux voxels intérieurs, ce qui entraîne des valeurs plus faibles pour les scores de chevauchement volumétrique comme Dice.

Afin de résoudre ce problème, nous avons initialement prévu d'utiliser des « scores mesurés », qui prennent en compte l'accord interobservateur sur un cas et redimensionnent la métrique en conséquence. Cependant, après quelques expériences internes, nous avons réalisé que cette approche était mal adaptée à cette tâche de segmentation particulière. La raison principale était que notre « accord interobservateur » était gonflé en raison des « points de guidage » partagés que les annotateurs utilisaient comme références. Cela a abouti à des scores évalués qui suggéraient des performances extrêmement médiocres par rapport aux humains, alors qu'en fait, les prédictions semblaient souvent (qualitativement) aussi bonnes sinon meilleures.

De plus, nous avons initialement proposé d'utiliser les métriques basées sur la distance de surface de RMSD et ASSD pour chacun de nos HEC, puis d'agréger leurs valeurs mesurées avec celles des scores de chevauchement volumétrique via une moyenne. Nous avons décidé que cela aussi est mal adapté à notre problème

car ceux-ci pénalisent les prédictions fausses positives/négatives par leur *distance* plutôt que par leur *existence*. Bien que cette propriété soit utile pour la segmentation des organes, elle n'est pas souhaitée pour la segmentation des tumeurs où les lésions peuvent se propager dans tout l'organe affecté et n'ont donc pas de localisation spatiale attendue.

Compte tenu de cela, nous avons décidé de n'utiliser que deux métriques cette année :

1. Sørensen-Dice
2. Dés de surface, comme décrit dans [[10](#)]

Ceux-ci seront calculés pour chaque HEC de chaque cas de l'ensemble de test sur un échantillon aléatoire de segmentations agrégées créées à l'aide de la logique implémentée dans [/kits21/annotation/sample_segmentations.py](#).

Les métriques seront moyennées sur chaque HEC, puis les équipes seront classées en fonction des deux métriques moyennes. La place finale dans le classement sera déterminée en faisant la moyenne des places dans le classement entre les deux classements, parfois appelée « **rank-then-aggregate** ». En cas d'égalité, la valeur moyenne de Sørensen-Dice sur le HEC "Tumeur" sera utilisée comme bris d'égalité.

Une implémentation de ces métriques et de la procédure de classement est disponible sur [/kits21/evaluation/](#).

Format de soumission (A CONFIRMER) :

CF consignes Data Scientist

Les prédictions doivent être soumises sous forme de predictions.zip archive zip () de .nii.gz fichiers nommés prediction_00210.nii.gz, ..., prediction_00299.nii.gz correspondant à la liste ordonnée de 90 cas de test. C'est-à-dire que vous devez générer chacun de ces fichiers de prédiction dans un répertoire particulier, puis à partir de ce répertoire, exécutez la commande suivante :

```
zip predictions.zip prediction_*.nii.gz
```

Tout comme les étiquettes d'apprentissage, les valeurs de 0 seront considérées comme le fond, 1 représente le rein et 2 représente la tumeur. Les cas manquants dans l'archive zip seront considérés comme entièrement en arrière-plan. Les valeurs en dehors de 0, 1 et 2 seront également considérées comme un arrière-plan.

Docker ?

Ressources :

[State of art](#)

[UNet](#)

[UNet TDS](#)

Librairies :

[NiBabel](#)

[TensorFlow](#)

[Keras](#)

[Scikit Image](#)

SciPy

Les autres librairies classiques de Data Science (Numpy, Pandas, Matplotlib, & more...)

In case of ... :

[Papers submission](#)

Hypothèses :

En cours... CF Étape 1

- ☐ **Donnez un nom plutôt créatif à votre projet (contenant 'Py' en référence à Python par exemple) ! Une fois fait, je pourrai instancier un repo Github qui vous sera indispensable pour les dernières étapes du projet.**

Propositions de noms :

KidneyPYng or Kidney Spears

Kidney-sPy-rz

Py-Angel Bean

Py-Angel Kidney

Py-Angel MedicalScan

Py-ScanAssist
Py-Angel
Kidneypppyng
Py-Angel Kidney
Py-Angel MedicalScan
Py-ScanAssist
Py-Angel
pytumsegkidney
py_save_kidney
PyscanKidney

NOM CHOISI :

Version **0.1b**

Damien Vannetzel, Samuel Foyou, Valenzuela Gladis

Chef projet : Thomas Boehler