

SLIDE 1 - bonjour

Madame la présidente, messieurs les membres, honorable assistance Bonsoir.

Nous avons l'honneur de vous présenter l'essentiel de notre projet de fin d'études dont l'intitulé est « Les réseaux adverses génératifs pour la segmentation tridimensionnelle en imagerie médicale » spécialement les tumeurs cérébrales à partir d'IRM 3D et le covid-19 à partir de TDM pulmonaires

Ce travail, proposé et encadré par Mr KERMI, a été réalisé au sein de l'équipe de recherche TIIMA du laboratoire LMCS de l'ESI.

SLIDE 2 - PLAN

Notre présentation se déroulera selon le plan suivant :

Nous commencerons par une introduction, dans laquelle nous présenterons brièvement le contexte, la problématique et les objectifs de ce travail.

Par la suite, nous donnerons dans l'état de l'art quelques concepts de base du domaine d'étude qui portent sur les tumeurs cérébrales, COVID-19 et l'apprentissage profond, suivie par l'étude conceptuelle et la réalisation de notre système. Nous enchaînerons par la présentation des différents tests effectués et les résultats obtenus par notre système.

Enfin, nous terminerons notre présentation par une conclusion et quelques perspectives.

SLIDE 4 - CONTEXTE ET PROBLÉMATIQUE

Ce PFE s'inscrit principalement dans les domaines de l'imagerie médicale, de l'intelligence artificielle et de la reconnaissance des formes.

Il rentre dans le cadre de deux projets nationaux de recherche dirigés par Mr Kermi : PRFU (Projet de Recherche de Formation Universitaire) et ATRSS (Agence Thématique de Recherche en Science de la Santé).

ce projet traite le problème difficile de la détection et de la segmentation entièrement automatique et tridimensionnelle en Imagerie Médicale, en particulier la segmentation des tumeurs cérébrales dans des IRM-3D multimodales et la segmentation des lésions pulmonaires causées par la Covid-19 dans des TDM-3D thoraciques.

SLIDE 5 - MOTIVATIONS

Voici quelques points qui ont motivé la réalisation de ce projet.

La covid-19 est une maladie apparue en décembre 2019 en chine, jusqu'à aujourd'hui, cette maladie pulmonaire a fait plus de 6,6 millions de cas de décès à travers le monde

Le cancer du cerveau est une maladie très grave. En effet, selon l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) et l'Institut National de Santé Publique (INSP), chaque année près de 5900 cas de tumeurs cérébrales sont diagnostiqués en Algérie.

La segmentation est une tâche essentiel et vitale, en effet elle permet de savoir le type , l'emplacement et la gravité de la pathologie

SLIDE 6 - Problematiques

Quelles sont les difficultés rencontrées dans l'automatisation de la segmentation?

Nous avons citer ces points essentiels qui représentent un défi dans un tel processus, pour la covid 19 la taille et l'emplacement du virus varie d'une personne à une autre

La distribution du virus dépend de l'âge et de la santé de la personne diagnostiquée.

Notons aussi que lors de l'acquisition des images du poumons, le patient respire et donc ses poumons sont dynamiques ce qui crée une variété d'images TDM en terme de taille d'une personne à une autre et peut causer des bruits dans l'image.

Pour les tumeurs cérébrales, la taille, l'emplacement et la forme de la tumeur dépendent d'une personne à une autre.

Il existe 4 modalité d'image IRM à prendre en considération ce qui rend la tâche plus dure.

Il existe plusieurs types de tumeurs (HGG, LGG) et plusieurs classes au sein d'un même type.

SLIDE 7 - OBJECTIFS

Voici les objectifs de notre projet de fin d'études ;

Nous allons réaliser :

- Etat de l'art actualisé sur la segmentation des images médicales.
- Développement d'une nouvelle méthode de segmentation 3D GANs.
- Implémentation d'un prototype de segmentation automatique en imagerie médicale pathologique.
- Tests expérimentaux et évaluation des résultats obtenus.
- Participation au challenge international « BraTS » 2022 de segmentation automatique des tumeurs cérébrales.

SLIDE 8 - Etat de l'art

Nous entamerons par un état de l'art qui abordera en premier lieu la partie médicale dans laquelle nous parlerons de l'imagerie médicale et des pathologies ciblées par notre travail à savoir, les tumeurs cérébrales et les lésions pulmonaires liées au covid19.

La partie intelligence artificielle et traitement d'image approchera les méthodes de segmentation d'images et le thème de l'apprentissage machine avec les réseaux de neurones artificiels et plus précisément, les réseaux adverses génératifs.

SLIDE 9 - Imagerie médicale

Nous commençons par définir l'imagerie médicale en général

L'imagerie médicale est un domaine de la science qui s'intéresse à la représentation et la restitution d'images du corps humain. Il est utilisé dans la médecine pour élaborer des diagnostics.

Dans ce travail nous parlerons des IRM et des TDM

L'Imagerie par Résonance Magnétique, ou IRM, est une technique qui permet l'obtention des vues 2D, 3D et 3D dans le temps, des différentes parties du corps humain. Elle permet de visualiser, de manière totalement non invasive, l'anatomie du cerveau humain.

Dans une IRM du cerveau 4 séquences d'acquisitions sont utilisées, à savoir la pondération T1, la pondération T2, la séquence Flair et la séquence T1ce.

Ces variations de séquences permettent d'englober différentes visualisations de la graisse, l'eau et la tumeur selon le type d'acquisition utilisé.

Tandis que la tomodensitométrie, ou TDM, est basée sur le principe des rayons X, la procédure consiste à diriger un faisceau de rayons X vers un patient, ceci provoque des réactions sous forme de signaux qui sont ensuite captés et traité par ordinateur afin de générer les images sous formes de coupes qui vont par la suite former une et seule image 3D.

SLIDE 10 – Tumeurs cérébrales

Les tumeurs cérébrales sont divisées en tumeurs bénignes et malignes et sont le résultat de subdivisions anormales de cellules au sein du système cérébrale. Le Gliome est la tumeur la plus connue et la plus répandue.

Les composantes de la tumeur qu'on s'intéresse à segmenter sont : La composante centrale qui est la nécrose représentée en rouge, la partie active autour de la nécrose représentée en jaune et la troisième composante l'œdème qui entoure la section solide représenté en vert.

Il existe 2 types de tumeurs : HGG et LGG

Une tumeur de type HGG est constituée de trois composantes : la nécrose, la tumeur active et l'œdème.

Une tumeur de type LGG est constituée généralement de deux composantes seulement : la nécrose et l'œdème.

SLIDE 11 – Lésions pulmonaires

Une lésion pulmonaire est une zone de changement cellulaire anormal à l'intérieur ou sur le poumon. Les lésions dans les poumons peuvent être causées par un certain nombre de maladies et de facteurs tels que covid19. Voici une image qui montre les lésions causées par le covid19.

SLIDE 12 – Méthodes

Il existe différentes méthodes et d'approches dans le domaine de la segmentation des images médicales, on y trouve des méthodes bidimensionnelles comme tridimensionnelles, elles peuvent être automatiques comme semi-automatiques, avec chacune une approche de segmentation différente.

On parle de méthodes basées sur la région, sur le contour, sur la région et le contour à la fois, et aussi des méthodes de classification basées sur l'apprentissage automatique

Notre solution s'inscrit dans ce dernier type, précisément dans le domaine de l'apprentissage profond.

SLIDE 13 – Apprentissage machine

Définition du Machine Learning :

La machine apprend automatiquement à partir de nos données afin de pouvoir exécuter des tâches les concernant sans avoir à programmer explicitement la solution, tout cela en se basant sur des approches mathématiques et statistiques. Le Machine Learning consiste à laisser l'ordinateur apprendre quel calcul effectuer, plutôt que de lui donner ce calcul.

SLIDE 14 – RNA

Qu'est-ce qu'un réseau de neurones artificiels ?

Un réseau de neurones est un modèle informatique structuré sous forme de couches inspiré par la structure du cerveau, avec des couches de nœuds connectés. Un réseau de neurones décompose les données en couches d'abstraction. Son comportement est défini par la façon dont ses éléments individuels sont reliés et par la solidité (ou poids) de ces liaisons.

SLIDE 15 – GAN

Qu'est-ce qu'un GAN ?

Un réseau adverse génératif (GAN) est une classe de Framework d'apprentissage automatique conçue par Ian Goodfellow et ses collègues en 2014. Deux réseaux de neurones s'affrontent dans un jeu (sous la forme d'un jeu à somme nulle, où le gain d'un agent est la perte d'un autre agent).

Ces deux réseaux sont appelés « générateur » et « discriminateur ». Le générateur est un type de réseau neuronal convolutif dont le rôle est de créer de nouvelles instances d'un objet. De son côté, le discriminateur est un réseau neuronal « déconvolutif » qui détermine l'authenticité de l'objet ou s'il fait ou non partie d'un ensemble de données.

Pendant le processus d'entraînement, ces deux entités sont en compétition et c'est ce qui leur permet d'améliorer leurs comportements respectifs.

Les GANs sont connus par leur capacité de génération d'images d'une très haute résolution et sont utilisés dans de multiples tâches comme le deep fake, la segmentation d'image, traitement vidéo... et présentent un très vaste domaine de recherche.

SLIDE 16 – Convolution

Dans ce type de réseau de neurones, tout se base sur le principe de convolution.

Le principe général de la convolution consiste à recalculer la valeur d'un pixel donné d'une image de départ en se basant sur la valeur du pixel lui-même et sur la valeur des pixels environnants le pixel à recalculer.

La couche de convolution permet d'extraire des caractéristiques propres à l'image en les compressant de façon à réduire leur taille initiale. En résumé, l'image fournie en entrée passe à travers une succession de filtres, créant par la même occasion de nouvelles images appelées cartes de convolutions.

SLIDE 17 - REALISATION

Passons maintenant à la partie conception et réalisation

SLIDE 18 - REALISATION

Maintenant que nous savons que notre travail est de réaliser un GAN 3D pour automatiser la segmentation des tumeurs cerebrales et la covid 19

Voici le schéma général de notre système présenté en couches : nous avons la couche d'accès aux données qui permet de communiquer avec les ensembles d'images, la couche de segmentation automatique qui englobe la segmentation des tumeurs cérébrales a partir d'IRM 3D et segmentation du covid 19 a partir d'image TDM 3D. enfin nous avons une couche de visualisation.

SLIDE 19 - PROCESSUS DE SEGMENTATION

Le processus de la segmentation passe par 4 étapes essentielles. Nous aurons des images IRM ou TDM brutes qui passent par l'étape de préparation

Par la suite nous proposerons une architecture GAN qui sera entraînée sur les images préparés, une fois le gan entraîné nous pouvons lui donner en entrée de nouvelles images non segmentées pour obtenir la segmentation souhaitée.

SLIDE 20 - PRÉTRAITEMENT IRM

La préparation des données IRM passe par les étapes suivantes :

Les Images sont normalisé et recadré et des patchs sont extraites (les patch sont des parties de l'image recadrée, ceci facilitera l'entraînement en gagnant en espace de mémoire), en fin les images sont augmenté (L'augmentation est un ensemble de transformations appliquées sur un certains nombre d'images tel que des rotation ou effet mémoire, le but de l'augmentation et de limiter le sur apprentissage du modèle) une fois les patch augmenté ils sont prêt pour l'étape d'entraînement

SLIDE 21 - PRÉTRAITEMENT IRM

Voici l'étape de normalisation ou mise à l'échelle, nous pouvons voir aussi le recadrage effectué pour ne garder que la partie du cerveau, pour au final extraire des patch de taille Moins réduite que le recadrage

SLIDE 22 - PRÉTRAITEMENT TDM

Les données TDM passent par les mêmes étapes sauf qu'il ya une différence de taille et de type de traitement, les images sont normalisées puis passent par un filtre appelé clahe qui rend l'apprentissage sur les images TDM plus facile pour ensuite être recadré et extraire les patches.

SLIDE 23 - CLAHE

Voici une image TDM avant et après le filtre CLAhe et après le recadrage

SLIDE 24 - ARCHI

Pour former notre architecture nous nous sommes principalement basés sur une architecture qui a déjà fait ses preuves dans le domaine de la segmentation des images médicales appelée U-net.

U-net est un réseau entièrement convolutif de type codeur-décodeur proposé en fin 2015 dans la cadre d'une compétition de segmentation des images.

Afin de réaliser notre GAN nous avons approfondi le UNet et changer les fonctions d'activation et ajouter une couche appelé bottleneck pour l'adapter à notre cas, nous avons remplacé l'opération de Maxpooling par l'opération de convolution avec un pas = 2, le Unet est utilisé comme générateur rappelons que c'est le réseaux capable de générer de nouvelles segmentations à partir d'une image, le modèle que nous avons entraîné englobe 4 couches de convolution de Pas 2, suivie d'une couche de convolution simple avec concatenation appele bottleneck suivie par 4 couches de deconvolution et de concatenation pour au final finir par une couche de classification qui permet d'obtenir la segmentation, ce modél contient plus de 111,610,000 paramètres à entraîner pour le cas Tumeurs cerebrale et plus de 15 710 000 pour la covid 19

Concernant le discriminateur, nous avons opté pour la méthode patch gan qui consiste à laisser le discriminateur décider si l'image généré est réelle ou pas rien qu'on se basant sur les patch et non pas les images toute entière, ce réseau est simple, constitué de couches de convolution et une simple couche de classification

SLIDE 26 - NOUVEAUTES

Contribution :

- Utilisation d'un UNET Classique + Couche bottleneck

- Utilisation de batch normalisation dans le générateur et le discriminateur
- Utilisation ReLU au lieu de Leaky ReLU pour le générateur
- Utilisation d'un taux d'apprentissage élevé et qui diminue selon l'apprentissage de notre cas

SLIDE 27 - ARCHITECTURE

Voici notre architecture exprimée en technologies utilisées

Dans la couche de visualisation nous avons utilisé des API de mango pour la visualisation et du python pour intégrer notre solution

La couche de segmentation utilise la technologie kaggle et python avec les bibliothèques numpy pour le calcul matriciel, et tensorflow et keras pour l'apprentissage profond

Pour la couche accès aux données nous avons utilisé collab et google drive pour gérer l'accès aux images

SLIDE 28 - TESTS & RÉSULTATS

Passons maintenant aux tests et résultats obtenus

SLIDE 29 - DATASETS

Pour les images cérébrales, grâce à mr kermi nous avons pu accéder aux données fournies par BraTS la compétition de segmentation des tumeurs cérébrales, nous avons un ensemble appelé Training dataset qui englobe 1251 cas cliniques et un ensemble Validation set constitué de 219 cas cliniques dont seulement les organisateurs de la compétition disposent de la vérité de terrain

Pour les images TDM nous avons obtenu des images depuis la plateforme Kaggle d'un dataset constituée de 20 cas cliniques

Pour les images irm et tdm nous avons divisé notre ensemble d'entraînement en 80% pour l'apprentissage et 20% de tests

SLIDE 30 - MÉTRIQUES

Les 4 métriques utilisées sont :

1- l'indice Dice ou coefficient de similarité : indique le taux des voxels présents dans la zone d'intersection des volumes segmentés Seg et de référence Ref.

2- Sensibilité : indique le taux de faux négatifs présents dans le volume segmenté.

3- Spécificité : indique le taux de faux positifs.

4- La distance de Hausdorff : permet d'évaluer le contour de la région d'intérêt en calculant la distance qui sépare le contour segmenté et le contour de référence.

Tandis que pour la covid 19 seul le dice nous intéresse

SLIDE 31 - TUMOR

Pour le cas du cerveau

Nous utiliserons dans ce qui suit 3 classes de tumeurs.

ET ou enhanced tumor qui est la tumeur active

TC ou tumor core qui se compose de la tumeur active et la nécrose

WT ou whole tumor représente la nécrose, l'œdème et la partie active

SLIDE 32 - SCENARIOS BRATS

Pour la segmentation des tumeurs cerebrales nous avons effectué énormément de tests

le tableau suivant résume 4 scénario de tests que nous avons jugé nécessaire à évoquer

Le premier test sur l'ensemble de données Brats 2020, l'entraînement a pris 50 heures, c'est le premier test satisfaisant que nous avons effectué sur notre système. Cela nous a permis d'avoir une idée générale sur la performance de l'approche proposée.

Le deuxième scénario été un échec, nous avons remarqué un défaut dans l'approche d'extraction des patchs ce qui a mené à abandonner ce cas de test et s'orienter vers d'autres approches pour nos prochains tests

Le troisième scénario est le plus réussi, nous avons entraîné le gan sur 80% des données de brats 2021 cette fois ci en guise de participer à la compétition brats 2022 qui utilise les même données

En mai 2022 nous avons lancer le 4eme et dernier scénario qui le même que le 3ème mais entraîné sur la totalité des donnée d'entraînement afin de participer à la compétition avec l'ensemble de donnée de validation proposé par les organisateur, l'entraînement a duré 600 h et nous avons obtenu de très bons résultats

SLIDE 33 - SCENARIOS COVID

Pour la covid nous avons effectué beaucoup de scénario, et au final nous avons gardé deux scénarios pour vous les présenter, c'est les test les plus réussi

Le scénario 1 est effectué sur un ensemble de donnée fourni par monsieur kermi, l'entraînement à durée 28 heures

Pour le scénario 2 nous avons changé de stratégie et opter pour un GAN 2D pour regrouper au final le résultat 3D, cette idée a fonctionné et donné de bons résultats, l'entraînement à durée 90 heures

SLIDE 34 - RÉSULTAT QUALITATIF COVID

Voici quelque segmentation obtenus par notre modèle comparé à la vérité de terrain du scénario 2, Nous avons de gauche à droite le scan original du poumon, la vérité du terrain et notre segmentation .nous pouvons remarquer visuellement la ressemblance des segmentation de notre modèle et celle effectué par les expert de santé

SLIDE 37 - RÉSULTAT QUANTITATIFS COVID

Nous montrons maintenant les resultat quantitatifs à travers ces boîtes à moustache

On se base sur tout pour la dice on peut voir une moyenne de 0,68 ,une médiane de 0,76, et un quantile de 0.82

SLIDE 38 - RÉSULTATS QUALITATIFS BRATS

Concernant la segmentation des tumeurs cérébrales voici l'évaluation qualitatifs , Nous avons de gauche à droite la modalité T1,T1ce,T2, flair la vérité de terrain et notre segmentation , nous voyons la segmentation tres precise des différentes partie de la tumeur qui est très similaire à celle effectué par les expert

SLIDE 41 - DICE SEN BRATS

Pour la dice nous avons une moyenne de 0,7739 pour la ET et 0,8295 pour la tumeur corp et 0,907 pour la whole tumor

Pour la sensibilité nous avons une moyenne de 0,7689 pour la ET 0,8077 pour la tumeur corp et 0,8997 pour la whole tumor

SLIDE 42 - SPEC et HAUSD BRATS

Pour la spécificité nous avons une moyenne de 99% pour toute les partie

Au final pour la distance hausdorff nous avons une moyenne de 23,8252 pour la ET 12,1805 pour la tumeur corp et 4,6038 pour la whole tumor

SLIDE 43 - TABLEAU BRATS

Voici un tableau qui résume les valeur discuté nous pouvons voir en terme de moyenne de déviation standard , médiane , et quantiles

SLIDE 44 - COMPARAISON

Et voici une comparaison entre nos résultats et celle de monsieur kermi, bonsiar et reffad pour l'année 2021, et celle de monsieur kermi et mahmoudi en 2018, nous remarquons que notre Gan est bien plus performant que les deux modèles précédents

SLIDE 45 - RESULTS

Voici une capture des résultats envoyée par les organisateurs du challenge organisé à Singapour

SLIDE 46 – Conc Pers

Pour la conclusion et perspective. Nous pouvons dire qu'à la fin de ce projet, nous avons atteint nos objectifs fixés au début.

SLIDE 47 – Conclusion

Nous avons de ce fait conçu et implémenté une méthode entièrement automatique fondée sur les réseaux adverses génératifs pour segmenter les tumeurs cérébrales et des lésions pulmonaires.

Nous avons implémenté une solution pour la visualisation 3D des volumes IRM et TDM.

Notre système a été testé sur une grande base de données en présence des tumeurs cérébrales qui varient considérablement en type, en taille, en position et en forme.

Les mesures d'évaluation obtenues par les différents critères appliqués donnent des résultats très satisfaisants et confirment une grande similitude en notre segmentation et la segmentation de référence.

Nous avons pu également participer à la compétition internationale de segmentation de tumeurs cérébrales BRATS avec un modèle robuste.

Ce qui a conduit à une rédaction et soumission de deux articles de conférences internationales : BrainLes 2022 de BraTS et ISNIB 2022

SLIDE 48 – Perspectives

Les résultats obtenus dans le cadre de ce projet sont encourageants et peuvent être améliorés. Comme perspectives à ce travail, nous pouvons citer :

L'utilisation d'un autre GAN pour la génération de données afin d'enrichir la dataset.

Dans le cas des gliomes cérébrales, effectuer l'entraînement des trois composantes de tumeurs séparément (réaliser 3 GAN's, un pour chaque type de tumeurs) afin de limiter les erreurs de segmentations.

La collecte de plus de données (spécialement pour le cas COVID-19) et faire varier les méthodes de prétraitement.

La Réalisation d'un classifieur de tumeurs cérébrales qui prédit le type de la tumeur (HGG ou LGG) et entraîner les deux types de tumeurs séparément.

L'Utilisation de meilleures ressources matérielles afin d'augmenter le nombre de filtres (dans notre cas, le nombre maximal est 24 filtres tandis que les meilleurs modèles utilisent des GAN à 64 filtres).

SLIDE 49

Cela dit notre présentation s'achève ici, nous vous remercions de votre attention

SLIDE 49 – DEMO

Nous passons maintenant à la démonstration de la solution proposée.

Rappelons que nous avons utilisé Mango pour implémenter nos modèles

- Dès le lancement de Mango, un simple menu s'affiche et offre la possibilité d'ouvrir une image en cliquant sur open puis sur open image
- Nous commençons par sélectionner une image IRM cérébrale de la dataset BraTS 2021.
- Nous choisissons le cas clinique 26 et nous ouvrons une modalité

- Une fois la modalité ouverte nous pouvons ouvrir toutes les modalités en cliquant sur plugins puis sur open all modalities for this image
- Nous pouvons varier les trois axes comme on peut le voir,
- Nous pouvons ne laisser qu'une seule modalité afin de la segmenter, laissons la T1,
- Afin de segmenter nous cliquons sur segment glioma ou segment glioma azure,
- La première option est locale et donc moins performante, le modèle contient 5,236,620 paramètres entraînable, l'exécution prend environ une minute d'exécution, nous attendons à ce que la segmentation soit établie ... la vérité de terrain s'affiche à côté de la segmentation générée.
- La seconde option est une implémentation de notre modèle dans une machine virtuelle azure, l'avantage de celle-ci est qu'elle est beaucoup plus performante car nous avons implémenté le modèle avec lequel nous avons participé à la compétition BraTS, notons que cette solution est payante et nécessite une connexion internet, ce modèle contient 111,610,828 de paramètres entraînable, donc malgré le fait que la machine azure est plus puissante que la nôtre, la segmentation prend beaucoup plus de temps
- Nous allons segmenter maintenant un cas de la validation set, choisissons le cas 174, nous cliquons sur segment Glioma et nous attendons que notre modèle segmente l'image... dans ce cas nous avons pas de statistiques, ceci est dû au fait que la vérité de terrain n'est disponible que chez les organisateurs de la compétition BraTS
- Nous pouvons avoir un rendu 3D en cliquant sur image puis build surface, nous laissons les paramètres par défaut et nous attendons que l'application nous affiche le rendu 3D. Nous pouvons faire une coupe en cliquant sur surface puis all cuts plane
- Passons maintenant au cas covid, nous choisissons le cas 007,
- Nous cliquons sur plugins , script puis sur segment COVID-19.
- Nous attendons que le modèle segmente la lésion pulmonaire, le modèle contient 15,703,826 de paramètres entraînable , donc beaucoup plus que celle des tumeurs cérébrales en local.
- La vérité de terrain s'affiche à côté de la segmentation générée, nous pouvons voir les résultats obtenus.