

Présentation :

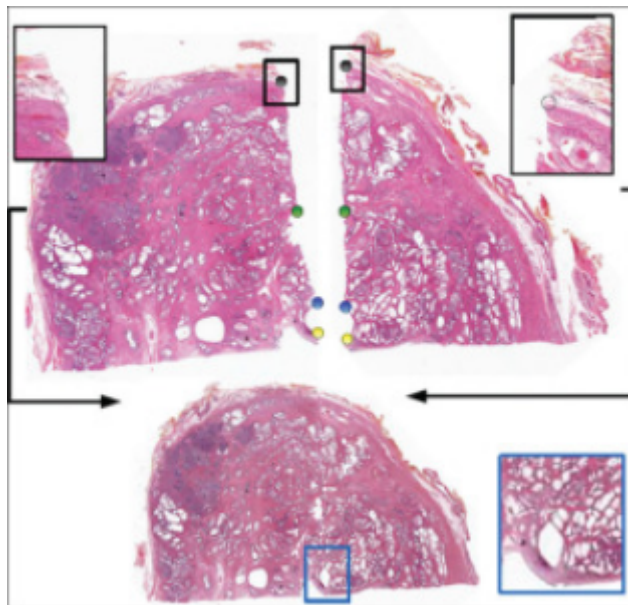
→ **Premier outil : Hististicher**

→ Corriger les inconvénients :

→ Conçue spécifiquement pour les coupes de prostate

→ il nécessite qu'un pathologiste annote les fragments adjacents qui seront utilisés pour calculer les coordonnées de la transformation afin de reconstruire l'intégralité de l'image.

→ Intégré à matlab



→ Deuxième outil :

→ **Pour quelle raison pythostitcher est meilleur que histostitcher?**

→ **100% Automatisé** : Plus de marquage manuel de points ou de fragments.

→ **Gestion de grands jeux de données** : Conçu pour les volumes importants.

→ **Reconstruction Pleine Résolution** : Aucune perte de qualité d'image.

→ 0.25 um - 0.50 um

→ **Open Source et Maintenu** : Code accessible containeriser

→ Les entrées de pythostitcher :

→ **raw_images/** : Votre dossier d'images haute résolution.

→ **raw_masks/** : Votre dossier de masques tissulaires (noms **identiques** aux images).

→ **force_config.txt (Optionnel)** : Pour forcer la position des fragments. Sinon, PythoStitcher les placera automatiquement.

```
data/
├─ patient_ID
│   └─ raw_images
│       ├── image1
│       └─ image2
│   └─ raw_masks
│       ├── image1
│       └─ image2
└─ force_config.txt [OPTIONAL]
```

→ Pourquoi un dossier de masks ? :

Le masque tissulaire permet à PythoStitcher de **savoir précisément où se trouve le tissu** sur chaque fragment. Cela garantit un **assemblage exact et optimisé** des images, en concentrant l'effort sur le tissu réel et en évitant les erreurs liées aux zones vides, assurant ainsi une reconstruction finale en haute résolution et diagnostiquement fiable.

→ Comment les masks sont générées :

→ Ces masques de segmentation tissulaire peuvent être obtenus via des opérations de traitement d'image comme le seuillage d'Otsu

→ ou des méthodes avancées basées sur l'apprentissage profond

→ Dans le cas de pythostitcher c'est un réseau de neurone convolutionnel qui est utilisé pour former les masks

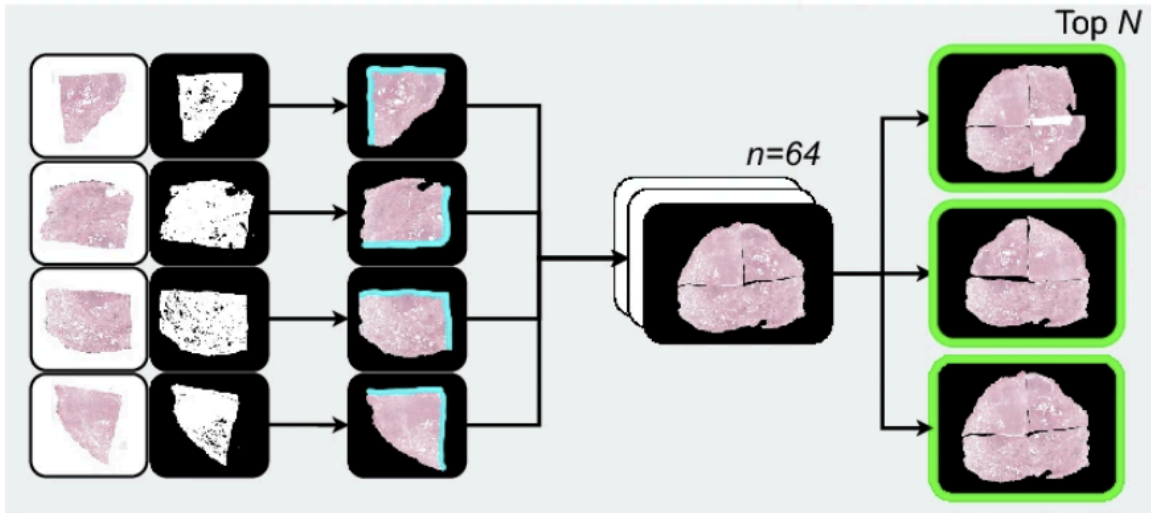
→ Le réseau de neurone en question :

[Resolution-agnostic tissue segmentation in whole-slide histopathology images with convolutional neural networks - PubMed](#)

→Les étapes de pythostitcher :

→Configuration automatique des fragments :

a) Automatic fragment configuration



→Identification des bords d'assemblage (en bleu) : Cette étape est accomplie grâce à un réseau de neurone (EfficientNet-B0) qui permet de classifier l'emplacement exacte des bords d'assemblage

→Puzzle Jigsaw : (JigSaw Net)

→Dans le cas de deux fragments : Cette étape est ignorée (une seule possibilité seulement)

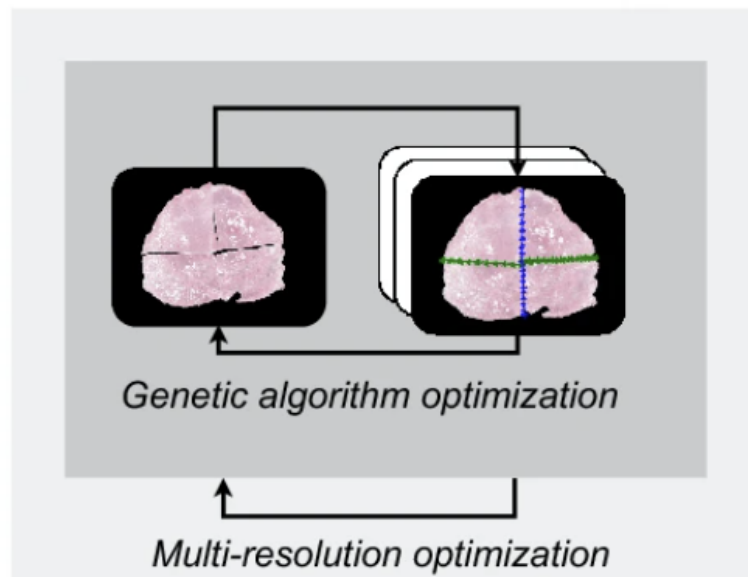
→Dans le cas de 4 fragments : Nombre de possibilité (64):

→Classement basé sur deux contraintes :

→//:TODO

→//:TODO

b) Multi-resolution stitching



→ **Basse résolution** : Elle est d'abord employée pour **rapprocher rapidement** les bords des fragments. Cela permet de "fermer" la majeure partie de l'écart initial de manière efficace.

Hautes résolutions : Ensuite, les résolutions plus élevées sont utilisées pour **affiner précisément l'ajustement** entre les fragments. Cette approche progressive garantit une **diminution constante de l'erreur** de recalage résiduelle, aboutissant à une reconstruction finale très précise.

c) Full resolution WMS generation

