

## Introduction

- La segmentation automatisée des tumeurs cérébrales à partir d'images de résonance magnétique (IRM) 3D est nécessaire pour le diagnostic et la planification du traitement de la maladie. Les pratiques de délimitation manuelle nécessitent des connaissances anatomiques, sont coûteuses, prennent du temps et peuvent être inexactes en raison d'une erreur humaine[1].
- Nous décrivons notre approche de segmentation sémantique pour la Segmentation 3D des tumeurs cérébrales à partir d'IRM 3D multimodales. Nous suivons l'architecture U-Net de CNN, avec une partie asymétriquement grande pour extraire les caractéristiques profondes de l'image, et une deuxième partie pour reconstruire des masques de segmentation.

## Approche proposée

- Les modalités d'IRM sont combinées pour produire des images multimodales donnant plus d'informations sur les tumeurs de forme irrégulière, difficiles à localiser avec une seule modalité.

Ces modalités comprennent l'IRM pondérée en T1 (T1), l'IRM pondérée en T1 avec amélioration du contraste (T1c), l'IRM pondérée en T2 (T2) et l'IRM pondérée en T2 avec récupération par inversion atténuée par les fluides (T2-Flair). Ces données multimodales contiennent des informations qui peuvent être utilisées pour la segmentation tumorale avec une amélioration significative des performances.

- L'approche proposée élabore sur l'efficacité des réseaux de neurones convolutifs dans la tâche de segmentation des tumeurs cérébrales se compose de deux étapes, à savoir le prétraitement et le CNN.

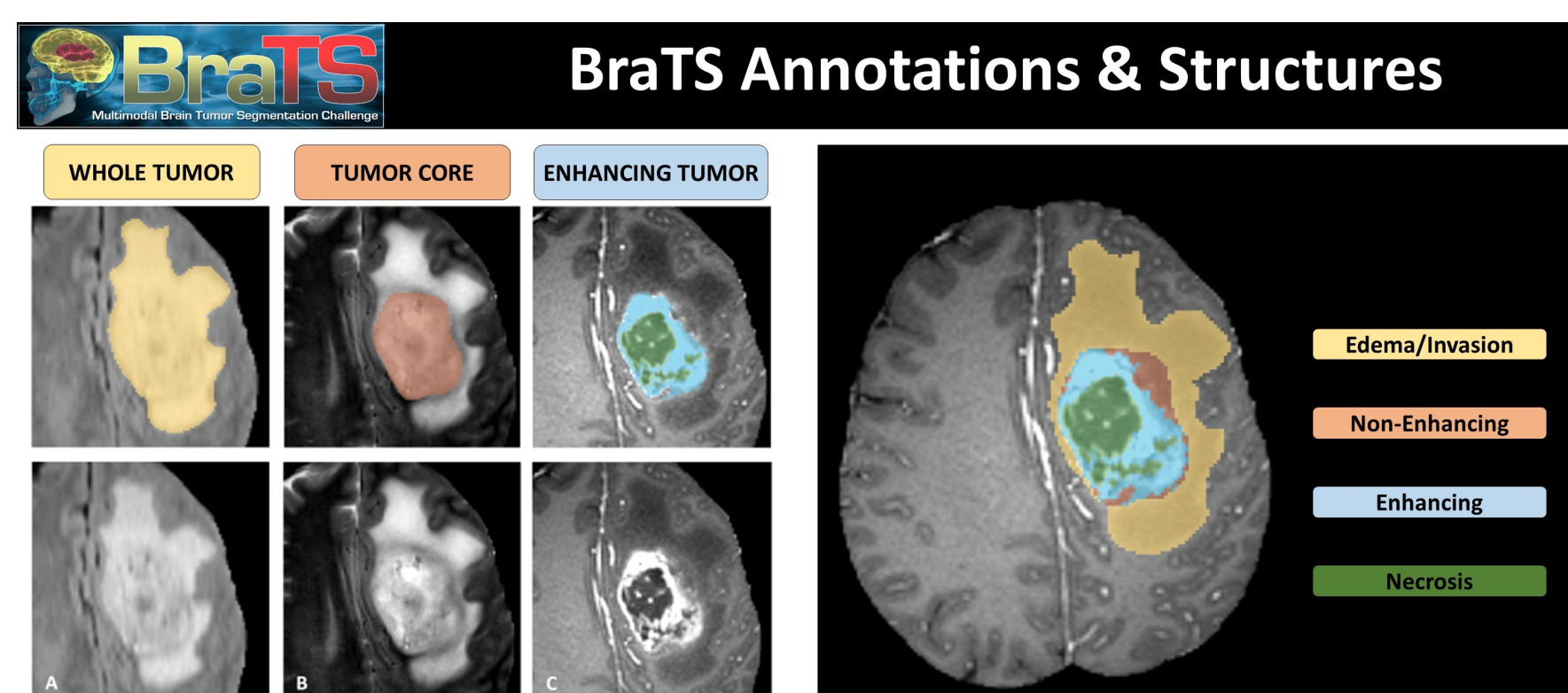


Figure: Segmentation of gliomas in preoperative MRI scans. [1].

- Les tumeurs du gliome sont généralement divisés en quatre grades par l'organisation mondiale de la santé (OMS) [2]. Les tumeurs de grade un et deux font référence aux gliomes de bas grade (LGG), tandis que les grades trois et quatre sont connus sous le nom de gliomes de haut grade (HGG), qui sont des tumeurs sévères avec une espérance de vie d'environ deux ans [2].

## Architecture

### Base de données:

- Les données BraTS 2021 contiennent 2 000 cas (8 000 scans mpMRI) représentent un sur-ensemble des données BraTS 2020 contient 660 cas (2640 scans mpMRI). Toutes les analyses BraTS mpMRI sont disponibles sous forme de fichiers NIFTI (.nii.gz) pour la tâche 1: Segmentation et de fichiers DICOM (.dcm) pour la tâche 2: Classification.
- Les images d'entrée sont prétraitées et divisées en patches. La forme de volume d'origine est (240 240 155), il y a donc 155 tranches axiales. Chaque patch de segment ne contient alors que 4 valeurs (0,1,2,3) où 0 signifie qu'il n'y a pas de tumeur et les autres sont des classes tumorales différentes.

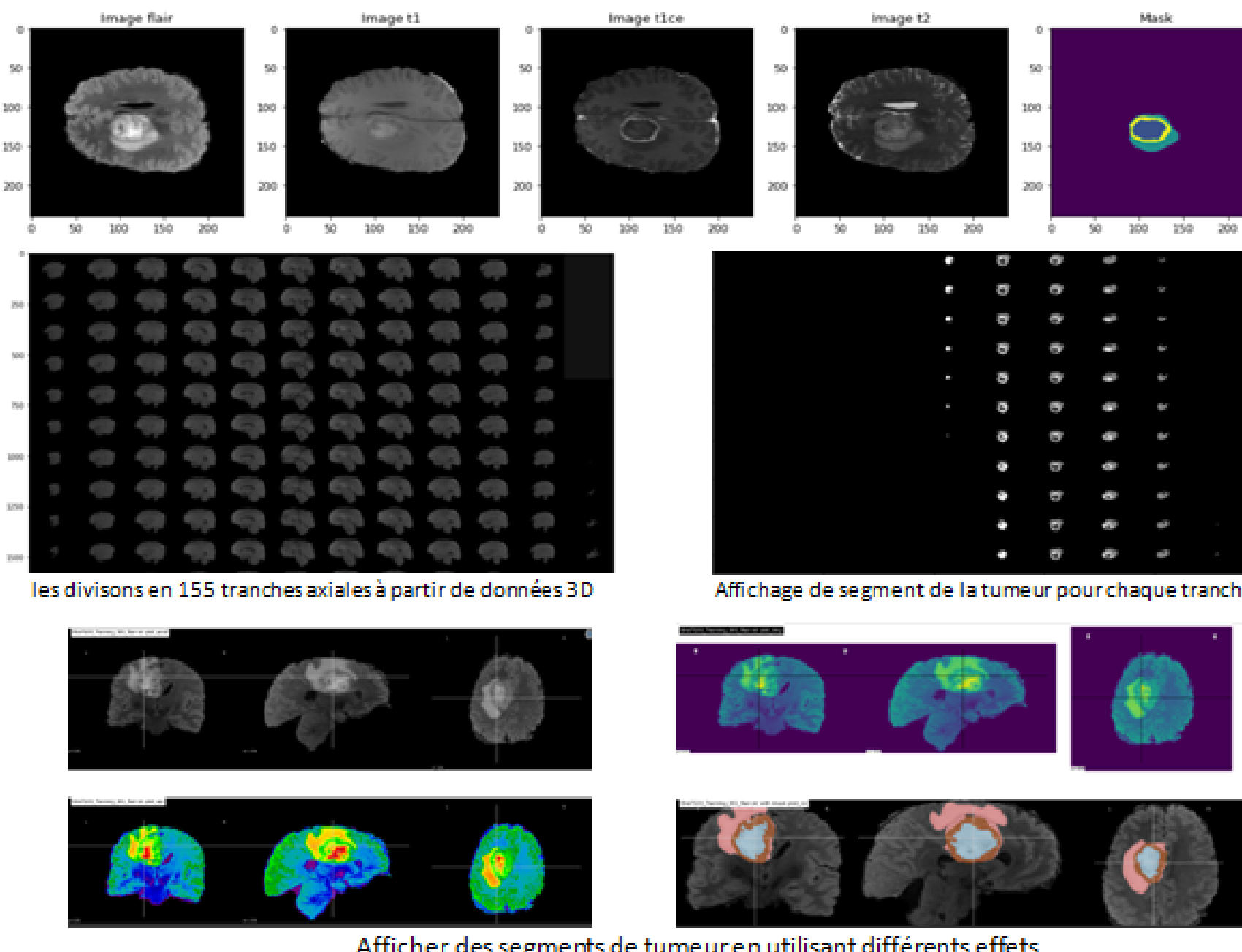


Figure: Description des données

### Modèle:

- Nous suivons la structure du réseau U-Net [3][4] qui est en fait un réseau neuronal convolutif typique avec des cycles successifs de convolutions padded ReLU-activated et de couches de pooling max ReLU-activated.
- Des couches symétriques de suréchantillonnage et de convolution sont utilisées pour ramener la couche de prédiction en pixels aux dimensions d'origine de l'image d'entrée, puis, la reconstruction des masques de segmentation afin de reconstruire des images d'entrée conjointement avec la segmentation.

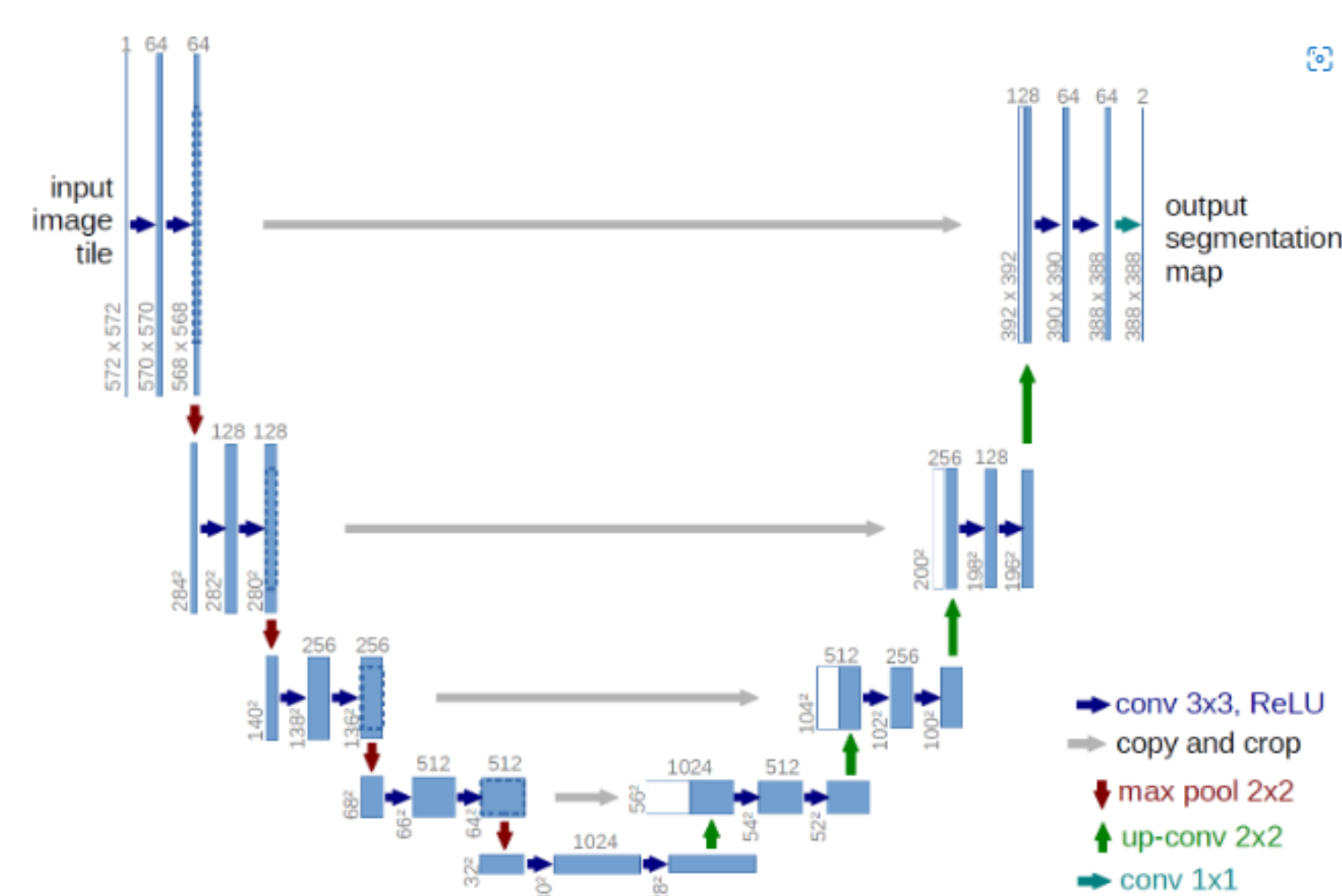


Figure: Architecture du réseau U-Net [3].

## Résultats

- Les résultats de segmentation sont évalués en se basant sur quatre mesures: Perte avec dice similarity coefficient(DSC),Précision,sensibilité et la spécificité.

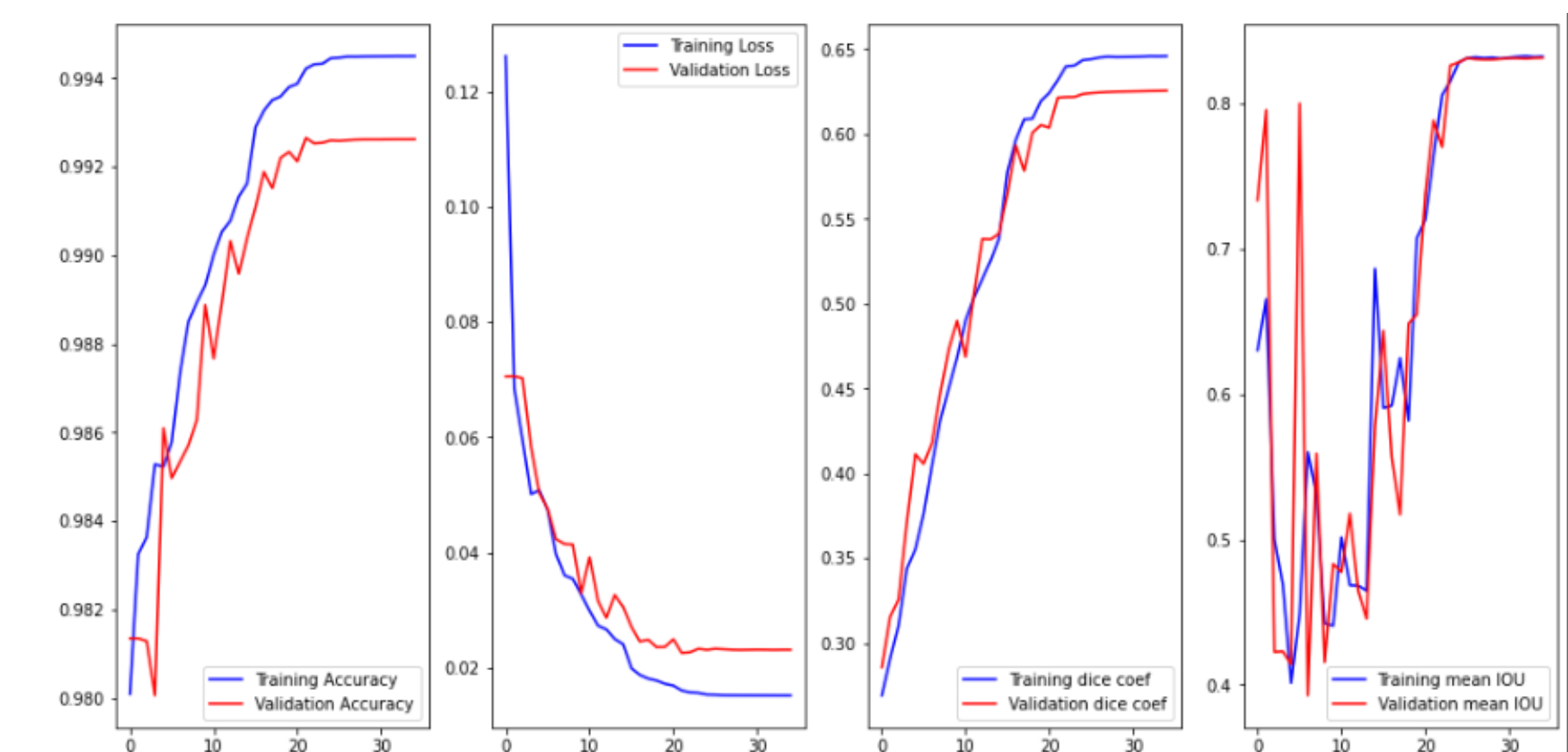


Figure: The training process

- Nous caractérisons les tumeurs à l'aide de caractéristiques basées sur toutes les modalités l'image qui sont calculées sur les masques de segmentation.

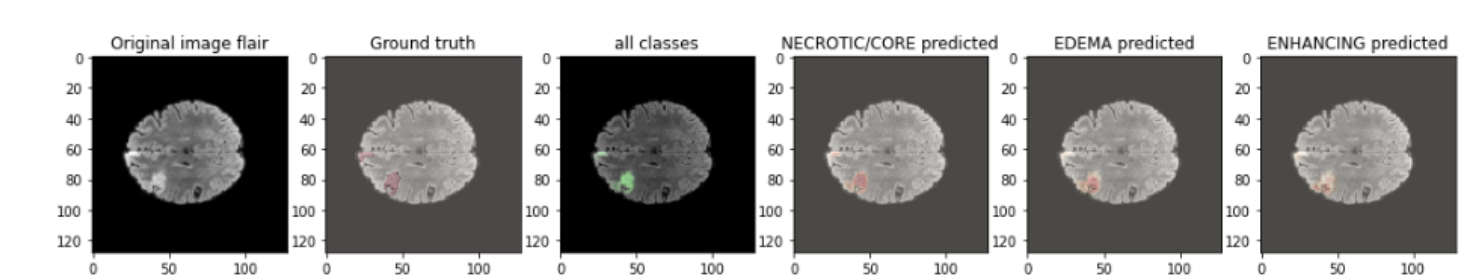


Figure: Différente prédiction

- Exemple de prédiction d'un tumeur

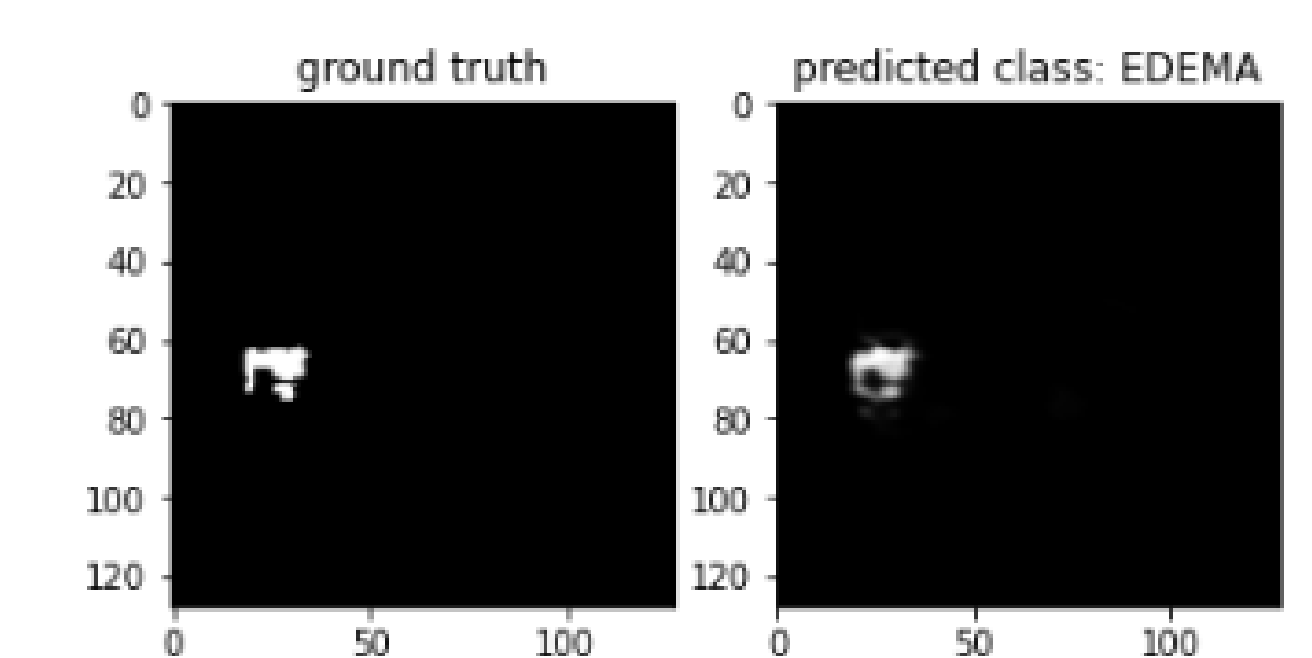


Figure: Exemple de prédiction du tumeur

## Conclusions

- Les méthodes automatisées de segmentation des lésions cérébrales peuvent jouer un rôle vital dans les futures procédures de diagnostic de la tumeur cérébrale.
- Une méthode automatisée de segmentation des tumeurs cérébrales à l'aide de réseaux de neurones à convolution profonde a été présentée sur l'ensembles de données BRATS2021

## Références

- [1] S. Bakas, M. Reyes, A. Jakab, S. Bauer, M. Rempfler, A. Crimi, R. T. Shinohara, C. Berger, S. M. Ha, M. Rozycki et al., *arXiv preprint arXiv:1811.02629*, 2018.
- [2] S. Hussain, S. M. Anwar and M. Majid, *Neuro-computing*, 2018, **282**, 248–261.
- [3] O. Ronneberger, P. Fischer and T. Brox, *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, 2015, pp. 234–241.
- [4] A. Gamal, K. Bedda, N. Ashraf, S. Ayman, M. AbdAllah and M. A. Rushdi, *2021 3rd Novel Intelligent and Leading Emerging Sciences Conference (NILES)*, 2021, 269–272.