



République Algérienne Démocratique et Populaire



Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

Université des Sciences et de la Technologie Houari Boumediene

Faculté d'Informatique
Département IA & SD

Mémoire de Licence

Filière : Informatique

Spécialité : ACAD

Thème

**SEGMENTATION 3D DES NODULES
PULMONAIRES DANS LES IMAGES CT
SCAN**

Sujet Proposé par :

Mme : DAHMANI D.

Soutenu le : 07/06/2023

Devant le jury composé de :

Présenté par :

MEDJKOUNE Ali

Mme OURAHMOUNE A. Présidente

Mme BOUCHAM S. Membre

Binôme : ACAD_15 / 2023

Remerciement

Je tiens tout d'abord à exprimer ma profonde gratitude à Dieu tout puissant, dont la grâce et la guidance ont été essentielles tout au long de ce parcours. Sa bénédiction inébranlable m'a permis de surmonter les obstacles et de persévérer jusqu'à la réalisation de ce mémoire.

J'adresse également mes remerciements sincères à mon encadreur, Mme DAHMANI pour sa précieuse orientation, son soutien et ses conseils éclairés tout au long de mes recherches. Sa patience, son expertise et son engagement envers mon travail ont grandement contribué à la qualité de ce mémoire.

Je tiens également à exprimer ma reconnaissance envers les professeurs de l'Université de Bâb Ezzouar, pour leur enseignement exceptionnel, leur passion pour la recherche et leur dévouement envers leurs étudiants. Leur savoir, leurs discussions stimulantes et leurs commentaires constructifs ont enrichi mon expérience académique et m'ont permis de développer une perspective plus approfondie dans mon domaine d'étude.

Enfin, je souhaite exprimer ma gratitude envers ma famille, mes amis et tous ceux qui m'ont soutenu de près ou de loin dans la réalisation de ce mémoire. Votre soutien moral et votre encouragement ont été d'une importance capitale pour moi, et je vous en suis profondément reconnaissant.

Que Dieu vous bénisse tous et vous comble de réussite dans vos projets futurs.

Ali MEDJKOUNE

Dédicace

Dans le cadre de la réalisation de mon projet de fin d'études, je souhaite dédier ce travail :

À mes parents bien-aimés, je leur exprime ma profonde gratitude pour tous les sacrifices consentis et leurs encouragements constants.

À ma sœur, ainsi qu'à toute ma famille.

À tous mes amis et à toutes les personnes qui ont contribué, de près ou de loin, à la concrétisation de ce projet.

À chaque lecteur, qu'il soit étudiant, enseignant, informaticien ou non.

Que cette dédicace soit le reflet de notre reconnaissance envers ceux qui nous ont soutenus tout au long de notre parcours. Merci infiniment.

Résumé

La détection précoce du cancer permet de sauver des vies humaines. Le cancer de poumon n'échappe à la règle cependant il est très difficile à détecter surtout s'il est à petites cellules.

Or la classification des nodules pulmonaires passe par une étape incontournable qui est la phase de segmentation et de détection du nodule.

Il existe dans la littérature deux de types de segmentation de nodule dans les images CT scan à savoir les méthodes 2D et 3D.

Grace au développement de méthodes de plus en plus efficaces en apprentissage automatique, beaucoup de taches difficiles pour l'homme ont été réalisées efficacement par la machine.

Dans ce sujet PFE nous nous proposons de développer une méthode de segmentation 3d basée sur des architectures d'apprentissage automatique. Le travail réalisé s'inscrit dans une plateforme beaucoup plus complète qui est la conception d'outils d'aide au diagnostic du cancer de poumon.

Mots clés : Détection de nodules pulmonaires, Images CT Scan, apprentissage automatique, segmentation 3d.

Abstract

Early detection of cancer saves human lives. Lung cancer is no exception; however, it is very difficult to detect, especially if it is of small cell type.

The classification of lung nodules involves an essential step, which is the segmentation and detection phase of the nodule.

In the literature, there are two types of nodule segmentation in CT scan images: 2D and 3D methods.

Thanks to the development of increasingly effective machine learning methods, many tasks that were challenging for humans have been efficiently performed by machines.

In this final year project, we aim to develop a 3D segmentation method based on machine learning architectures. The work carried out is part of a much broader platform, which is the design of tools to aid in the diagnosis of lung cancer.

Keywords: Detection of lung nodules, CT scan images, machine learning, 3D segmentation.

المخلص

الكشف المبكر عن السرطان يساهم في إنقاذ حياة البشر. وسرطان الرئة ليس استثناءً، لكنه يعتبر من الصعب جدًا اكتشافه، خاصة إذا كان من نوع الخلايا الصغيرة

تشمل تصنيف الأورام الرئوية خطوة أساسية، وهي مرحلة تقسيم واكتشاف العقدة

في الأدب العلمي، هناك نوعان من تقسيم العقدة في صور الفحص المقطعي المحوسب، وهما الأساليب ثنائية الأبعاد وثلاثية الأبعاد

بفضل تطوير أساليب التعلم الآلي الفعالة، تم تنفيذ العديد من المهام الصعبة التي كانت تحتاج إلى بشر بشكل فعال بواسطة الآلة

في هذا المشروع التخرج، نهدف إلى تطوير طريقة ثلاثية الأبعاد لتقسيم العقدة بناءً على هياكل تعلم آلي. يندرج العمل الذي تم تنفيذه ضمن منصة أوسع بكثير، وهي تصميم أدوات لمساعدة تشخيص سرطان الرئة

. كلمات مفتاحية: كشف العقد الرئوية، صور الفحص المقطعي المحوسب، التعلم الآلي، تقسيم ثلاثي الأبعاد

● Table des matières

Chapitre 1 :	11
I. Introduction :	12
II. Généralité sur le poumon et ses pathologies :	12
1- Le poumon :	12
2- Le cancer des poumons :	14
3- Les diagnostics :	15
4- Les Nodules pulmonaires :	15
5- Les CT scan :	16
III. Analyse des données avancée:	17
1- La data science :	17
2- Les réseaux de neurones :	18
3- Le Deep Learning :	19
4- les Convolutional Neural Network:	20
IV. Travaux connexes :	22
1- DeepEM : ConvNets 3D profonds avec EM pour détection faiblement supervisée de nodules pulmonaires (2018)	22
2- DeepSeed : Réseaux neuronaux convolutifs encodeur-décodeur 3D à compression et excitation pour la détection des nodules pulmonaires (2019)	22
3- DeepLung : Réseaux 3D profonds à double chemin pour la détection et la classification automatisées des nodules pulmonaires (2018)	23
4- Détection des nodules pulmonaires en utilisant UNET (à partir des images CT) et reconstruction 3D (2021)	23
V. Conclusion :	23
Chapitre 2 :	25
I. Introduction :	26
II. Prétraitement des données :	27
1- Création du Masque :	27
2- Extraction des images :	29
III. Création des sous-images et sous-marques :	32
IV. La Segmentation des nodules :	34
1- Architecture du model :	35
V. Création des masques de DSB17 :	36
VI. Conclusion :	37
Chapitre 3 :	38
I. Introduction	39

II. Environnements de travail.....	39
1- Environnement matériel :.....	39
2- Environnement logiciel :.....	39
III. Les bases de données utilisées :.....	44
IV. Présentation de l'application :.....	44
V. Expérimentation et validation :.....	47
1- Critères d'évaluation :.....	47
2-L'évaluation du modèle de la segmentation :.....	49
3- Résultats de la segmentation 3d :.....	49
4- Courbes ROC et précision-rappel du model :.....	50
5- Evaluation du modèle en utilisant une base de données hors apprentissage :.....	51
VI. Conclusion :.....	54
Bibliographie	56

• Liste des Figures

Figure 1 Schéma de la structure des poumons (34).....	13
Figure 2 A-B. Nodule pulmonaire en projection basale droite (flèche noire), C-D. Masse hilare droite (flèches)	14
Figure 3 Image CT de l'abdomen.....	17
Figure 4 Dessin du faisceau en éventail CT (à gauche) et du patient dans un système d'imagerie CT ..	17
Figure 5 Architecture d'un perceptron multicouches avec les nouvelles notations. Il y a ici $L = 3$ couches.....	19
Figure 6 Schéma de relation entre deep learning l'apprentissage automatique l'intelligence artificielle	20
Figure 7 Architecture du modèle CNN	22
Figure 8 Diagramme du Système	26
Figure 9 Formule Nearest Neighbour	29
Figure 10 Image Ct scan et son masque.....	30
Figure 11 Sous-images et leur masques	34
Figure 12 Architecture du modèle Vnet3D	35
Figure 13 Python	40
Figure 14 OpenCV.....	40
Figure 15 SimpleITK	41
Figure 16 TensorFlow	41
Figure 17 Keras	42
Figure 18 Scikit-learn	42
Figure 19 PYQT	43
Figure 20 Visual Studio Code.....	43
Figure 21 Capture de l'écran de l'application page principale.....	45
Figure 22 Capture d'écran de l'application page de sélection de fichier	45
Figure 23 Visualisation du scan.....	46
Figure 24 les métadonnées	46
Figure 26 Résultat de la détection du nodule	47

Figure 27 Quelques courbes théoriques de précision-rappel	48
Figure 28 Illustration du Coefficient de Dice	Error! Bookmark not defined.
Figure 29 Courbes d'accuracy et de loss de l'entraînement	49
Figure 30 Courbes du Teste 1	50
Figure 31 Courbes du Teste 2	51
Figure 32 courbes du Teste 3	51

• Liste des Tableaux

Tableau 1 Spécifications de la machine personnelle.....	39
Tableau 2 Tableau des Résultats de l'entraînement du modèle	49
Tableau 3 Tableau des résultats de la segmentation des images Teste	49
Tableau 4 Tableau des Résultats de l'évaluation du modèle	51
Tableau 5 Tableau des prédictions images et masques des 4 images utilisées	52
Tableau 6 Tableau des Résultats de l'évaluation des images	53

Introduction générale :

Le cancer du poumon est l'une des principales causes de mortalité par cancer dans de nombreux pays industrialisés, et cette tendance alarmante pourrait bientôt se répandre dans les pays en développement. Il occupe la première place parmi les causes de décès par cancer chez les hommes dans de nombreux pays. Les prochaines années pourraient voir d'autres pays s'ajouter à cette liste si les tendances actuelles de la mortalité par cancer du poumon se maintiennent. De plus, on observe une augmentation de l'incidence de ce cancer chez les femmes dans de nombreux pays.

Les technologies avancées de diagnostic et de traitement du cancer du poumon ont eu un impact significatif dans les pays industrialisés. Cependant, leur application à l'échelle mondiale nécessite une évaluation approfondie de leurs avantages et de leur rentabilité. Il est donc crucial de trouver des techniques diagnostiques et thérapeutiques à la fois efficaces et économiquement viables.

Le tabagisme reste la principale cause du cancer du poumon dans les pays industrialisés. Il représente entre 80 et 90 % de tous les cas enregistrés, principalement sous la forme de cigarettes manufacturées. Les effets nocifs du tabac sont bien documentés et des mesures de lutte contre le tabagisme ont été recommandées par l'OMS (1)

Dans le cadre de notre projet de fin d'étude nous sommes amenés à réaliser un système de segmentation de nodules pulmonaires qui permet d'extraire ce dernier. Notre méthode est basée sur l'architecture Vnet 3d. Le travail sera composé d'un nombre d'étapes dont les plus importantes sont le prétraitement des images et la segmentation du nodule.

Le projet sera composé de ces trois chapitres :

- Chapitre 1(État de l'art) : Dans ce chapitre nous présentons en général quelques notions sur le poumon, le cancer et ses types, les Ct Scan, le Deep Learning, ainsi que des travaux connexes sur la segmentation et la classification des nodules pulmonaires.
- Chapitre 2(Conception) : Dans ce chapitre les différents méthodes, outils, et architectures utilisées pour la conception du système sont expliqués.
- Chapitre 3(Implémentation) : Dans ce chapitre nous présenterons notre système et discuterons des résultats obtenus sur notre base de données Luna16 (2) et la base DSB 2017 (3).

Chapitre 1 :

État de l'art

I. Introduction :

Le cancer est une pathologie ubiquitaire caractérisée par la prolifération incontrôlée de cellules anormales résultant de perturbations génétiques ou épigénétiques. Ces cellules altérées ont la capacité de former des masses tumorales, appelées tumeurs malignes, qui ont la particularité d'envahir les tissus adjacents et de disséminer leurs cellules cancéreuses dans d'autres parties du corps via la circulation sanguine ou lymphatique, conduisant ainsi à la formation de métastases. Dans ce contexte, la détection précoce et précise des tumeurs, ainsi que la caractérisation de leur degré de malignité, sont des enjeux majeurs pour la prise en charge des patients atteints de cancer. (4)

Le présent chapitre s'articule autour de trois grandes parties. La première partie abordera la question des cancers du poumon, en fournissant une définition précise de l'organe et de sa pathologie ainsi qu'une présentation succincte des statistiques les plus récentes et de ses diagnostics. La deuxième partie définira la Data Science, le réseau neuronal, le Deep Learning et le CNN (Convolutional Neuronale Network). La troisième partie de ce chapitre porte sur l'utilisation de techniques de vision par ordinateur pour la détection et la classification des nodules pulmonaires. Nous explorerons un léger état de l'art sur la différente recherche effectuée.

II. Généralité sur le poumon et ses pathologies :

1- Le poumon :

Les poumons sont des organes vitaux situés dans la cavité thoracique. Chaque individu possède deux poumons, un dans chaque moitié de la poitrine. (5) À l'intérieur des poumons se trouvent des structures essentielles à la respiration comme :

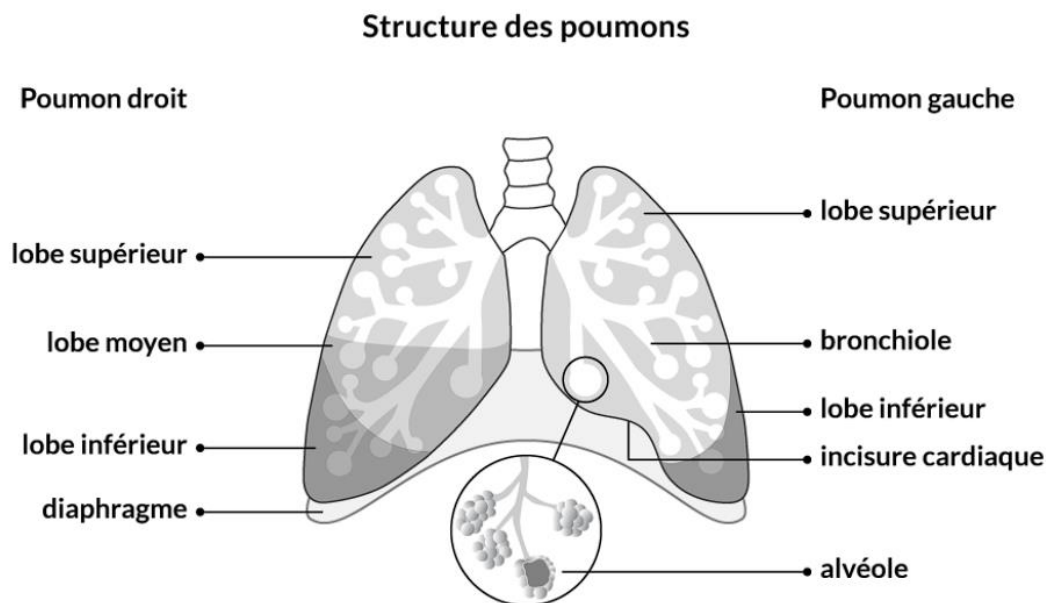
- **L'arbre bronchique** : Il comprend la trachée et les bronches. La trachée fait suite au larynx et se divise en deux bronches souches droite et gauche. Ces dernières se ramifient en bronches lobaires, qui se subdivisent ensuite en bronches segmentaires, sous-segmentaires, bronchioles terminales et canaux alvéolaires, aboutissant aux lobules pulmonaires (6).
- **Les lobes pulmonaires** : Le poumon est divisé en lobes inégaux par des scissures profondes, le droit est divisé en trois lobes (supérieur, moyen et inférieur) par des scissures obliques (la grande scissure) et horizontales (la petite scissure). Le poumon gauche est quant à lui divisé en deux lobes (supérieur et inférieur) par une grande scissure (6).
- **Les segments pulmonaires** : Chaque lobe pulmonaire peut être divisé en segments. Par exemple, le lobe supérieur du poumon droit comprend trois segments, le lobe moyen en compte deux, et le lobe inférieur en possède cinq (quatre formant la pyramide basale et

un segment apical dit de Fowler). De même, le lobe supérieur du poumon gauche comprend cinq segments, trois pour le culmen et deux pour la lingula, et le lobe inférieur comprend cinq segments similaires à ceux du poumon droit (6).

- **La plèvre** : Les poumons sont enveloppés par une membrane séreuse appelée plèvre, constituée de deux feuillets : le feuillet viscéral qui tapisse le poumon et le feuillet pariétal qui tapisse la cavité thoracique, y compris le diaphragme. Entre les deux feuillets se trouve la cavité pleurale, normalement virtuelle, qui rend le poumon solidaire de la paroi thoracique. L'innervation de la plèvre viscérale des poumons provient de sources vagales et sympathiques. Quant à la plèvre pariétale, elle est innervée par des nerfs sympathiques, phréniques et intercostaux. La sensibilité pleurale est très vive.
- **Les vaisseaux et les nerfs** : Les poumons bénéficient d'une double circulation sanguine. La circulation fonctionnelle est assurée par les artères pulmonaires qui transportent le sang veineux du cœur droit vers les poumons, et par les veines pulmonaires qui ramènent le sang oxygéné au cœur gauche. La circulation nourricière est assurée par les artères et les veines bronchiques, qui appartiennent à la circulation systémique et fournissent au tissu pulmonaire les nutriments nécessaires. La circulation pulmonaire se distingue par un débit sanguin important, une vitesse circulatoire plus rapide et une pression plus basse par rapport à la circulation systémique (6).

Les éléments du pédicule, tels que les artères et les veines, pénètrent dans les poumons par la face médiastinale au niveau du hile (6).

En résumé, les poumons sont des organes essentiels à la respiration où se produit l'échange de gaz respiratoires. Ils sont recouverts par la plèvre et sont bien vascularisés pour permettre l'apport en oxygène et l'élimination du dioxyde de carbone. Les poumons sont également innervés par des nerfs d'origine vagale et sympathique, et leur anatomie comprend des scissures et des lobes inégaux.



© Société canadienne du cancer

Figure 1 Schéma de la structure des poumons
(37)

2- Le cancer des poumons :

Le cancer du poumon est une maladie grave qui se caractérise par la croissance anormale de cellules malignes dans les tissus pulmonaires. Il existe différentes causes, types, symptômes associés à cette maladie. Voici un aperçu de ces aspects :

- **Causes** : Le cancer du poumon est principalement causé par l'exposition aux substances cancérogènes présentes dans la fumée de tabac, notamment la nicotine, le goudron et les substances chimiques toxiques. La fumée secondaire, l'exposition à l'amiante, aux radons, aux gaz industriels et à la pollution de l'air peuvent également augmenter le risque de développer un cancer du poumon (7).
- **Types** : Le cancer du poumon peut être classé en deux principaux types : le cancer du poumon à petites cellules (CPPC) et le cancer du poumon non à petites cellules (CPNPC). Le CPPC est moins fréquent mais plus agressif, se propageant rapidement à d'autres parties du corps. Le CPNPC est plus courant et se divise en sous-types tels que l'adénocarcinome, le carcinome épidermoïde et le carcinome à grandes cellules (8).
- **Symptômes** : Les symptômes du cancer du poumon peuvent varier, mais certains signes courants incluent une toux persistante, la présence de sang dans les expectorations, des douleurs thoraciques, une respiration sifflante, une voix enrouée, une perte de poids inexpliquée, une fatigue excessive et des infections pulmonaires récurrentes. Cependant, il est important de noter que certains patients ne présentent aucun symptôme au stade précoce de la maladie (7).
- **Stades** : Le cancer du poumon est généralement classé en stades, qui déterminent l'étendue de la maladie et guident les options de traitement. Les stades vont du stade I (le cancer est limité au poumon) au stade IV (la maladie s'est propagée à d'autres organes). L'évaluation du stade implique des tests d'imagerie, des biopsies et une évaluation de l'état de santé général du patient (8).
- **Statistiques** : Les taux de survie varient en fonction du stade de diagnostic et d'autres facteurs individuels. En général, les taux de survie à cinq ans pour le cancer du poumon sont plus élevés pour les stades précoces (I et II) et plus faibles pour les stades avancés (III et IV). Il est essentiel de souligner que ces statistiques ne prédisent pas le résultat pour un individu spécifique, car chaque cas est unique (9).

En résumé, le cancer du poumon est principalement causé par l'exposition à des substances cancérogènes, en particulier la fumée de tabac. Il existe différents types de cancer du poumon, avec des symptômes tels que la toux persistante, les douleurs thoraciques et la perte de poids inexpliquée. Le stade de la maladie et d'autres facteurs influencent les options de traitement et les taux de survie.

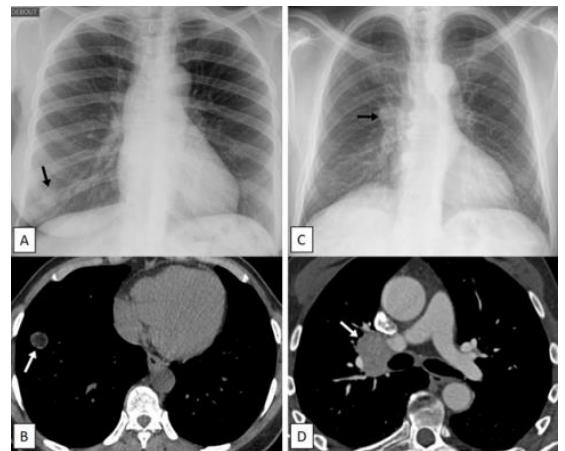


Figure 2 A-B. Nodule pulmonaire en projection basale droite (flèche noire), C-D. Masse hilare droite (flèches) (38)

3- Les diagnostics :

Le diagnostic du cancer du poumon implique plusieurs étapes et techniques. Voici un aperçu des principales méthodes utilisées pour diagnostiquer cette maladie :

- **Imagerie médicale :** Des techniques d'imagerie telles que la radiographie pulmonaire, la tomodensitométrie (TDM) et l'imagerie par résonance magnétique (IRM) peuvent être utilisées pour détecter les anomalies pulmonaires, évaluer la taille et l'emplacement de la tumeur, et déterminer si le cancer s'est propagé à d'autres parties du corps (8).
- **Biopsie :** Une biopsie est réalisée pour obtenir un échantillon de tissu pulmonaire afin de confirmer le diagnostic de cancer du poumon. Différentes méthodes de biopsie peuvent être utilisées, notamment la biopsie à l'aiguille, la bronchoscopie, la médiastinoscopie et la thoracoscopie. L'échantillon de tissu est examiné au microscope pour déterminer la présence de cellules cancéreuses (7).
- **Analyses de laboratoire :** Des analyses de sang peuvent être effectuées pour évaluer les marqueurs tumoraux spécifiques du cancer du poumon, tels que le CYFRA 21-1, le SCC et le CEA. Ces marqueurs peuvent fournir des informations supplémentaires sur la présence et la progression du cancer (7).
- **Évaluation de la fonction pulmonaire :** Des tests de la fonction pulmonaire, tels que la spirométrie, peuvent être réalisés pour évaluer la capacité respiratoire et détecter d'éventuelles obstructions causées par le cancer du poumon (8).

Une fois que le diagnostic de cancer du poumon est établi, des analyses supplémentaires peuvent être réalisées pour déterminer le stade de la maladie, c'est-à-dire l'étendue de la propagation du cancer. Cela peut impliquer des examens supplémentaires, tels que des scans corporels, des tomographies par émission de positons (TEP) ou des biopsies ganglionnaires (7).

4- Les Nodules pulmonaires :

Les nodules pulmonaires sont des petites masses de tissus qui peuvent apparaître sur les poumons. Ces nodules peuvent être bénins ou malins, et ils peuvent être détectés à l'aide d'une tomodensitométrie (TDM) ou d'un scanner thoracique.

Les nodules pulmonaires bénins sont généralement peu préoccupants et ne nécessitent pas de traitement spécifique. Cependant, les nodules pulmonaires malins peuvent être des signes de cancer du poumon et nécessitent une évaluation plus approfondie (10).

Les médecins peuvent déterminer si un nodule pulmonaire est bénin ou malin en utilisant une variété de tests tels que la biopsie, la TEP-CT, ou la surveillance active. Si un nodule pulmonaire est diagnostiqué comme malin, le traitement dépendra de plusieurs facteurs tels que le type, la taille et la localisation de la tumeur, ainsi que de l'état de santé général du patient.

En général, le traitement des nodules pulmonaires malins peut inclure la chirurgie, la radiothérapie, la chimiothérapie, ou une combinaison de ces options. La prise en charge des nodules pulmonaires bénins dépendra de leur taille, de leur type et de leur emplacement, et dans certains cas, une surveillance active peut être recommandée.

5- Les CT scan :

Les tomodensitogrammes (CT scans) jouent un rôle essentiel dans le diagnostic et la surveillance des affections pulmonaires. Voici quelques points importants à connaître sur les CT scans pulmonaires : (11)

- **Définition du CT scan pulmonaire :** Un CT scan pulmonaire est une technique d'imagerie médicale qui utilise des rayons X et un ordinateur pour créer des images détaillées des poumons et des structures avoisinantes. C'est une méthode non invasive et indolore qui permet d'obtenir des informations précises sur les tissus pulmonaires.
- **Objectifs du CT scan pulmonaire :** Les CT scans pulmonaires sont utilisés pour détecter, diagnostiquer et surveiller diverses affections pulmonaires, y compris le cancer du poumon, les infections, les embolies pulmonaires et les maladies pulmonaires obstructives chroniques. Ils peuvent également aider à évaluer l'efficacité du traitement et à planifier des interventions chirurgicales.
- **Préparation pour un CT scan pulmonaire :** Avant l'examen, il peut être nécessaire de jeûner pendant quelques heures, d'éviter la consommation de certains médicaments ou de porter des vêtements spécifiques. Il est important de suivre les instructions fournies par le personnel médical pour garantir un examen précis.
- **Procédure de l'examen :** Pendant l'examen, le patient est allongé sur une table qui se déplace à travers un scanner en forme de donut. Des images en coupe transversale sont prises à des intervalles réguliers, généralement en quelques minutes. Il peut être demandé au patient de retenir sa respiration pendant de brèves périodes pour obtenir des images plus nettes.
- **Utilisation de produits de contraste :** Dans certains cas, un produit de contraste peut être injecté par voie intraveineuse pour améliorer la visibilité des structures pulmonaires. Cela peut aider à détecter des lésions, des tumeurs ou des anomalies plus clairement. Il est important de discuter de toute allergie connue aux produits de contraste avec le médecin avant l'examen.
- **Sécurité et risques :** Les CT scans pulmonaires utilisent des doses de rayonnement relativement faibles, mais il est important de minimiser l'exposition aux rayons X, en particulier chez les femmes enceintes ou les personnes plus sensibles aux radiations. Les avantages diagnostiques de l'examen sont soigneusement évalués par rapport aux risques potentiels.
- **Interprétation des résultats :** Les images obtenues lors d'un CT scan pulmonaire sont interprétées par des radiologues spécialisés qui recherchent des anomalies, des nodules, des masses ou d'autres signes de maladies pulmonaires. Les résultats sont ensuite communiqués au médecin traitant pour établir un diagnostic précis et déterminer le plan de traitement approprié.

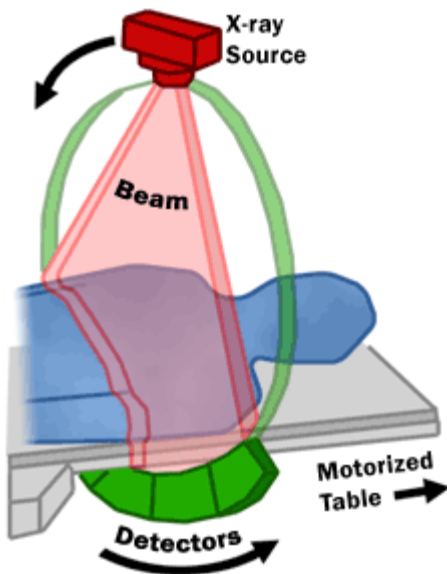


Figure 4 Dessin du faisceau en éventail CT (à gauche) et du patient dans un système d'imagerie CT (39)



Figure 3 Image CT de l'abdomen (39)

III. Analyse des données avancée :

1- La data science :

La data science est un domaine interdisciplinaire situé à l'intersection de l'informatique, de la statistique et des domaines d'application spécifiques (12). Elle repose sur la capacité à capturer, annoter et stocker de vastes quantités de données provenant de sources telles que les réseaux sociaux, les journaux et les capteurs. L'évolution des technologies a rendu cela possible et suscite un intérêt croissant pour la data science (12).

La data science utilise des avancées en informatique pour analyser les données de manière nouvelle et à grande échelle. Les architectures de cloud computing permettent d'accéder à une puissance de calcul considérable, même pour les acteurs moins importants. De plus, les nouvelles approches de l'apprentissage automatique ont permis des avancées remarquables dans des problèmes de longue date tels que la vision par ordinateur et le traitement du langage naturel (12).

L'émergence de grandes entreprises technologiques comme Google et Facebook, ainsi que de fonds spéculatifs quantitatifs tels que Renaissance Technologies et TwoSigma, a démontré le pouvoir de l'analyse de données moderne. Des succès notables dans des domaines aussi divers que la gestion sportive et les prévisions électorales ont permis de populariser la data science (12).

En ce qui concerne les praticiens de la data science, il n'y a pas de définition unique qui les englobe tous. Certains sont des statisticiens, d'autres sont des ingénieurs en logiciel. Certains sont des experts en apprentissage automatique, tandis que d'autres sont moins spécialisés dans ce domaine. Ils peuvent avoir des parcours académiques différents et des domaines d'expertise variés (13). Malgré ces différences, on peut dire que les data scientists sont des personnes

capables d'extraire des informations précieuses à partir de données complexes et désorganisées. Dans notre monde actuel, où les données sont omniprésentes, de nombreuses entreprises et organisations cherchent à transformer ces données en connaissances utiles. Par exemple les réseaux sociaux tels que Facebook analysent les données des utilisateurs pour comprendre les tendances migratoires ou les préférences des fans de sports. Les détaillants comme Target utilisent les données d'achat pour prédire les comportements des clients et mieux cibler leurs campagnes marketing (13).

La data science a également trouvé des applications dans le domaine politique, où elle a été utilisée pour identifier les électeurs nécessitant une attention particulière, optimiser les appels aux dons et les programmes de collecte de fonds, et cibler les efforts de mobilisation des électeurs de manière plus efficace. Les campagnes politiques basées sur les données sont de plus en plus courantes et entraînent une course à l'armement perpétuelle entre les pratiques de la data science et la collecte de données (13).

En définitive et en dernière analyse la data science est un domaine en pleine expansion qui combine l'informatique, la statistique et l'application pratique des données. Elle utilise des technologies avancées pour analyser de vastes quantités de données et extraire des informations significatives. Les data scientists travaillent à partir de données désorganisées pour en tirer des connaissances exploitables dans des domaines tels que les affaires, les sciences, la politique et bien d'autres encore.

2- Les réseaux de neurones :

Les réseaux de neurones, également connus sous le nom de réseaux neuronaux artificiels, sont une composante clé de la data science. Ils sont conçus pour modéliser le fonctionnement du cerveau humain en utilisant des unités de traitement appelées "neurones" interconnectées.

Dans un réseau de neurones, chaque neurone reçoit des entrées, effectue des calculs et transmet les résultats aux neurones suivants. Ces calculs sont effectués à l'aide de fonctions mathématiques appelées "fonctions d'activation", qui introduisent de la non-linéarité dans le modèle.

Les réseaux de neurones sont généralement organisés en couches, avec une couche d'entrée, une ou plusieurs couches cachées et une couche de sortie. La couche d'entrée reçoit les données brutes, tandis que la couche de sortie produit les prédictions ou les classifications finales.

L'apprentissage d'un réseau de neurones se fait par l'ajustement des poids des connexions entre les neurones. Ce processus, appelé "apprentissage par rétropropagation", repose sur l'utilisation d'un algorithme d'optimisation qui minimise une fonction de perte ou d'erreur. Au fil de l'apprentissage, le réseau ajuste les poids pour améliorer progressivement ses prédictions.

Les réseaux de neurones sont utilisés dans de nombreux domaines de la data science, tels que la vision par ordinateur, le traitement du langage naturel, la reconnaissance de la parole, la recommandation de produits et la prédiction de séries temporelles. Leur capacité à modéliser des relations complexes et à trouver des schémas cachés dans les données en fait des outils puissants pour résoudre des problèmes complexes.

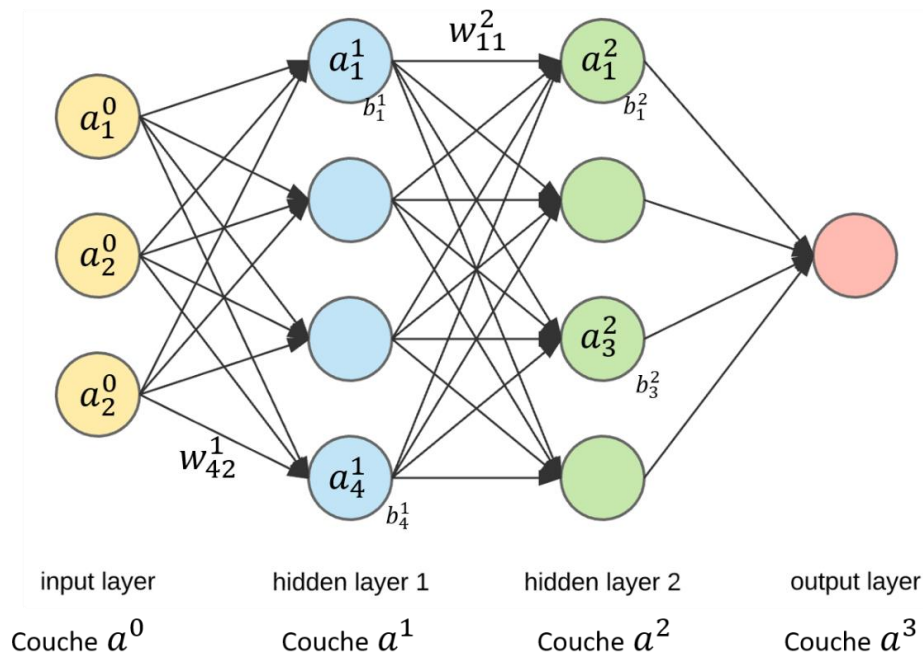


Figure 5 Architecture d'un perceptron multicouches avec les nouvelles notations. Il y a ici $L = 3$ couches (14)

3- Le Deep Learning :

Le Deep Learning, également connu sous le nom d'apprentissage profond, est une branche de l'intelligence artificielle qui utilise des réseaux de neurones artificiels pour résoudre des problèmes complexes de data science. Il s'agit d'une méthode d'apprentissage automatique basée sur l'idée de modéliser et d'abstraire des données à plusieurs niveaux de complexité.

Dans le contexte de la data science, le Deep Learning est particulièrement efficace pour traiter des données non structurées ou de grande dimension, telles que des images, des vidéos, des textes ou des signaux audio. Contrairement aux méthodes traditionnelles d'apprentissage automatique qui nécessitent l'ingénierie manuelle de caractéristiques, le Deep Learning permet au modèle d'apprendre automatiquement des représentations significatives à partir des données brutes.

Les réseaux de neurones profonds, qui sont la base du Deep Learning, sont composés de nombreuses couches de neurones interconnectés. Chaque couche apprend à représenter des caractéristiques abstraites de plus en plus complexes. Les premières couches capturent des caractéristiques simples, telles que des bords ou des textures, tandis que les couches supérieures apprennent des représentations plus abstraites et sémantiques.

L'apprentissage du Deep Learning se fait généralement par l'ajustement des poids des connexions entre les neurones, à l'aide de l'algorithme de rétropropagation de l'erreur. Cela permet d'optimiser les performances du modèle en minimisant la différence entre les prédictions et les valeurs réelles. Le Deep Learning peut également tirer parti de l'apprentissage non supervisé, où le modèle tente de découvrir des structures ou des motifs intrinsèques dans les données sans étiquettes.

Le Deep Learning a révolutionné de nombreux domaines de la data science, tels que la vision par ordinateur avec la détection d'objets et la reconnaissance faciale, le traitement du langage naturel avec la traduction automatique et la génération de texte, ainsi que la recommandation personnalisée et la prédiction dans divers secteurs. Il a obtenu des performances remarquables dans de nombreux défis complexes et a ouvert de nouvelles possibilités dans l'analyse et l'exploitation des données.

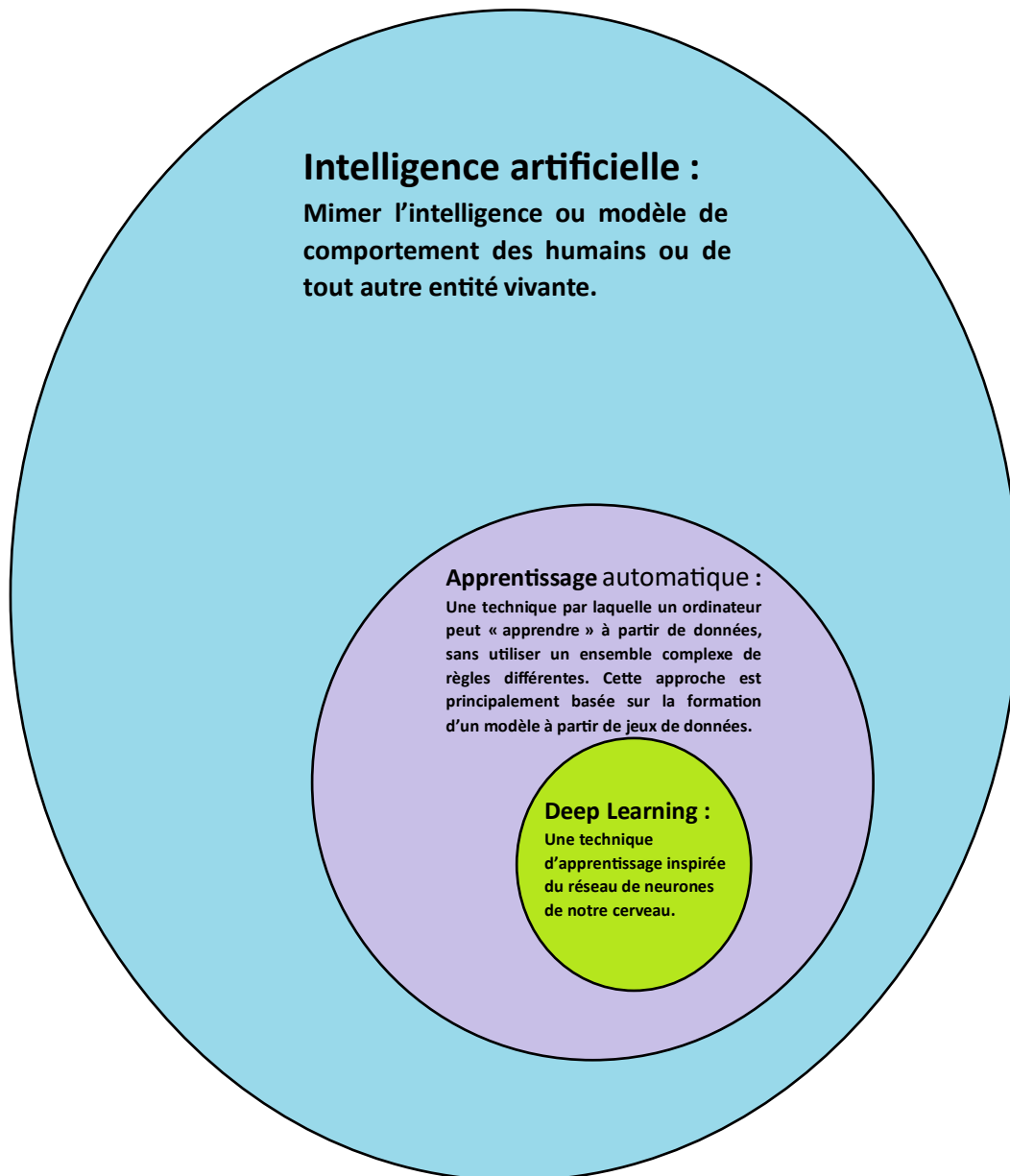


Figure 6 Schéma de relation entre deep learning l'apprentissage automatique l'intelligence artificielle (40)

4- les Convolutional Neural Network: (15) (16)

Un CNN (Convolutional Neural Network) est un type de réseau neuronal profond qui a révolutionné le domaine de la vision par ordinateur et de l'apprentissage automatique. Il est particulièrement adapté à la reconnaissance d'images et à la classification d'objets grâce à sa

capacité à extraire efficacement des caractéristiques visuelles à partir des données d'entrée. Dans ce texte, nous allons explorer la structure d'un CNN tout en abordant ses différents éléments

- **Les couches de convolution** : sont les blocs de construction fondamentaux d'un CNN. Elles appliquent des filtres à la donnée d'entrée pour détecter des motifs et des caractéristiques visuelles. Chaque filtre est appliqué à différentes régions de l'image en effectuant une opération de convolution. Ces filtres apprennent automatiquement à détecter des caractéristiques pertinentes telles que des bords, des textures ou des formes spécifiques. La sortie des couches de convolution est appelée carte d'activation et elle contient des représentations des caractéristiques extraites.
- **Les couches de mise en commun (Pooling Layers)** : sont utilisées pour réduire la dimension spatiale des cartes d'activation générées par les couches de convolution. La mise en commun réduit la résolution spatiale en agrégeant les informations les plus importantes dans chaque région de la carte d'activation. Cela permet de réduire le nombre de paramètres et de calculs nécessaires dans le réseau tout en préservant les caractéristiques essentielles. La mise en commun peut être effectuée de différentes manières, telles que la mise en commun maximale (max pooling) qui sélectionne la valeur maximale dans chaque région, ou la mise en commun moyenne (average pooling) qui prend la moyenne des valeurs.
- **La mise en forme (Flattening)** : est une étape qui convertit les cartes d'activation en un vecteur unidimensionnel, de sorte qu'elles puissent être utilisées comme entrée pour les couches entièrement connectées. Cette étape est nécessaire car les couches entièrement connectées requièrent un vecteur d'entrée à une dimension plutôt qu'une matrice ou un tenseur multidimensionnel.
- **Les couches de mise en commun globale (Global Pooling Layers)** : sont une alternative à la mise en forme. Au lieu de convertir les cartes d'activation en un vecteur, les couches de mise en commun globale effectuent une agrégation globale de toutes les valeurs dans chaque carte d'activation. Cela réduit considérablement la dimensionnalité tout en conservant les informations essentielles. Les couches de mise en commun globale sont couramment utilisées à la fin d'un CNN avant les couches entièrement connectées.
- **La normalisation par lots (Batch Normalization)** : est une technique qui vise à accélérer l'apprentissage d'un CNN en normalisant les activations de chaque couche. Elle réduit les problèmes de covariation interne et de dépendance à l'échelle des activations. Cela permet d'accélérer la convergence et de faciliter l'entraînement du réseau.
- **Le dropout** : est une méthode de régularisation utilisée pour prévenir le surapprentissage (overfitting) dans les réseaux neuronaux. Il consiste à désactiver aléatoirement certains neurones pendant l'entraînement, ce qui oblige le réseau à apprendre des représentations plus robustes et généralisables. Le dropout aide à réduire la dépendance entre les neurones et améliore la capacité de généralisation du modèle.

Ces différents éléments se combinent pour former la structure d'un CNN. Les couches de convolution détectent les caractéristiques visuelles, les couches de mise en commun réduisent la dimension spatiale, la mise en forme prépare les données pour les couches entièrement connectées, les couches de mise en commun globale agrègent globalement les informations, la normalisation par lots accélère l'apprentissage et le dropout prévient le surapprentissage.

En conclusion, un CNN est une architecture de réseau neuronal puissante pour la reconnaissance d'images et la classification d'objets. Les éléments cités précédemment sont clés et permettent au CNN d'atteindre de bonnes performances dans de nombreux problèmes de vision par ordinateur.

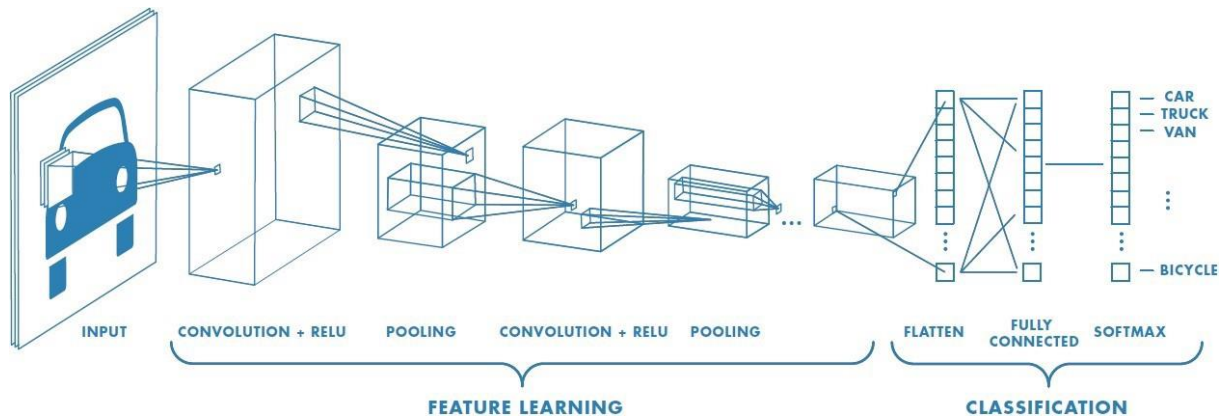


Figure 7 Architecture du modèle CNN (17)

IV. Travaux connexes :

Cette section présentera quelques-unes des études de recherche publiées sur la détection et la classification du cancer du poumon :

1- DeepEM : ConvNets 3D profonds avec EM pour détection faiblement supervisée de nodules pulmonaires (2018) (18)

Le créateur de cette étude a introduit un nouveau cadre appelé DeepEM, qui combine un réseau convolutif 3D profond avec une technique appelée expectation-maximisation (EM), dans le but d'exploiter des annotations faiblement supervisées dans les dossiers médicaux électroniques afin de détecter des nodules pulmonaires. Les résultats expérimentaux ont montré que l'utilisation de DeepEM a entraîné une amélioration moyenne de 1,5% à 3,9% dans les scores FROC (free-response receiver operating characteristic) sur les ensembles de données LUNA16, démontrant ainsi l'efficacité de l'utilisation des informations incomplètes contenues dans les dossiers médicaux électroniques pour améliorer les algorithmes d'apprentissage profond.

2- DeepSeed : Réseaux neuronaux convolutifs encodeur-décodeur 3D à compression et excitation pour la détection des nodules pulmonaires (2019) (19)

Dans cette étude, les auteurs ont créé un nouveau réseau neuronal convolutif 3D profond avec une structure encodeur-décodeur, combinée à un réseau de proposition de région. Ils ont utilisé une perte d'entropie croisée à échelle dynamique pour lutter contre le problème de déséquilibre de l'échantillon et réduire le taux de faux positifs associé à la détection de nodules. Pour améliorer l'apprentissage des caractéristiques d'image, ils ont utilisé la structure "squeeze-and-excitation" et les informations d'interdépendance de différentes cartes de caractéristiques. Les auteurs ont évalué leur méthode en utilisant des tomodensitogrammes accessibles au public avec des données de base étiquetées manuellement provenant des ensembles de données

LIDC/IDRI (20) et LUNA16 (2).avec des tranches plus fines. Les études d'ablation et les résultats expérimentaux ont démontré que leur méthode surpassait largement les méthodes de détection de nodules les plus récentes.

3- DeepLung : Réseaux 3D profonds à double chemin pour la détection et la classification automatisées des nodules pulmonaires (2018) (21)

Le système DeepLung est composé de deux éléments distincts, la détection des nodules et la classification. Le premier élément, la détection des nodules, utilise deux réseaux à double chemin 3D profonds conçus spécifiquement pour cette tâche. Le réseau de neurones convolutifs 3D à régions rapides (R-CNN) est utilisé pour la détection des nodules en utilisant des blocs 3D à double chemin et une structure d'encodage-décodage de type U-net pour apprendre efficacement les caractéristiques des nodules. Le deuxième élément, la classification, utilise une machine d'amplification du gradient (GBM) avec des caractéristiques de réseau à double chemin en 3D. Les auteurs ont validé leur sous-réseau de classification sur un ensemble de données publiques du LIDC-IDRI, obtenant des performances supérieures à celles des méthodes les plus avancées et surpassant les performances des médecins expérimentés pour cette modalité d'image. Dans le système DeepLung, les nodules sont détectés par le sous-réseau de détection des nodules, puis classés par le sous-réseau de classification. Les résultats expérimentaux détaillés ont montré que DeepLung était remarquablement précis et obtenait de bons résultats.

4- Détection des nodules pulmonaires en utilisant UNET (à partir des images CT) et reconstruction 3D (2021) (22)

Les auteurs, qui consiste en une combinaison de détection de nodules et de reconstruction 3D à partir de données de tomodensitométrie pulmonaire. Ils ont utilisé un modèle de réseau de neurones Unet en 2D pour la détection initiale de nodules, puis ont appliqué une méthode de segmentation en 3D pour obtenir une reconstruction tridimensionnelle de la région pulmonaire contenant le nodule.

V.Conclusion :

Dans ce chapitre, nous avons fourni une vue d'ensemble de différents sujets directement liés à notre travail. Nous avons commencé par discuter brièvement du poumon, de ses pathologies et des méthodes utilisées pour les diagnostiquer. Ensuite, nous avons défini les notions de Data Science et de Deep Learning, afin d'expliquer comment ces approches peuvent être appliquées à notre domaine d'étude.

Ensuite, nous avons présenté quelques travaux connexes qui ont été réalisés dans le domaine de l'analyse pulmonaire en utilisant des techniques de Data Science et de Deep Learning. Ces travaux ont démontré l'efficacité de ces approches pour le diagnostic précoce de certaines pathologies pulmonaires, la segmentation des images pulmonaires et la prédiction de résultats cliniques.

Dans le prochain chapitre, nous aborderons les outils de conception qui seront utilisés dans notre étude. Nous présenterons les logiciels, les langages de programmation et les bibliothèques

spécifiques que nous utiliserons pour mettre en œuvre nos modèles d'analyse pulmonaire. Nous discuterons également des considérations liées à l'acquisition et au prétraitement des données, ainsi que des techniques d'évaluation et de validation des modèles.

Chapitre 2 : Conception

I. Introduction :

La détection des nodules pulmonaires peut contribuer à la détection précoce du cancer du poumon, ce qui pourrait améliorer le pronostic des patients atteints de cette maladie et réduire les coûts médicaux associés. Notre plan de travail consiste à construire un système de diagnostique assisté par ordinateur basé sur l'apprentissage profond pour aider à la détection des modules pulmonaire.

En infra le diagramme représentatif de notre système

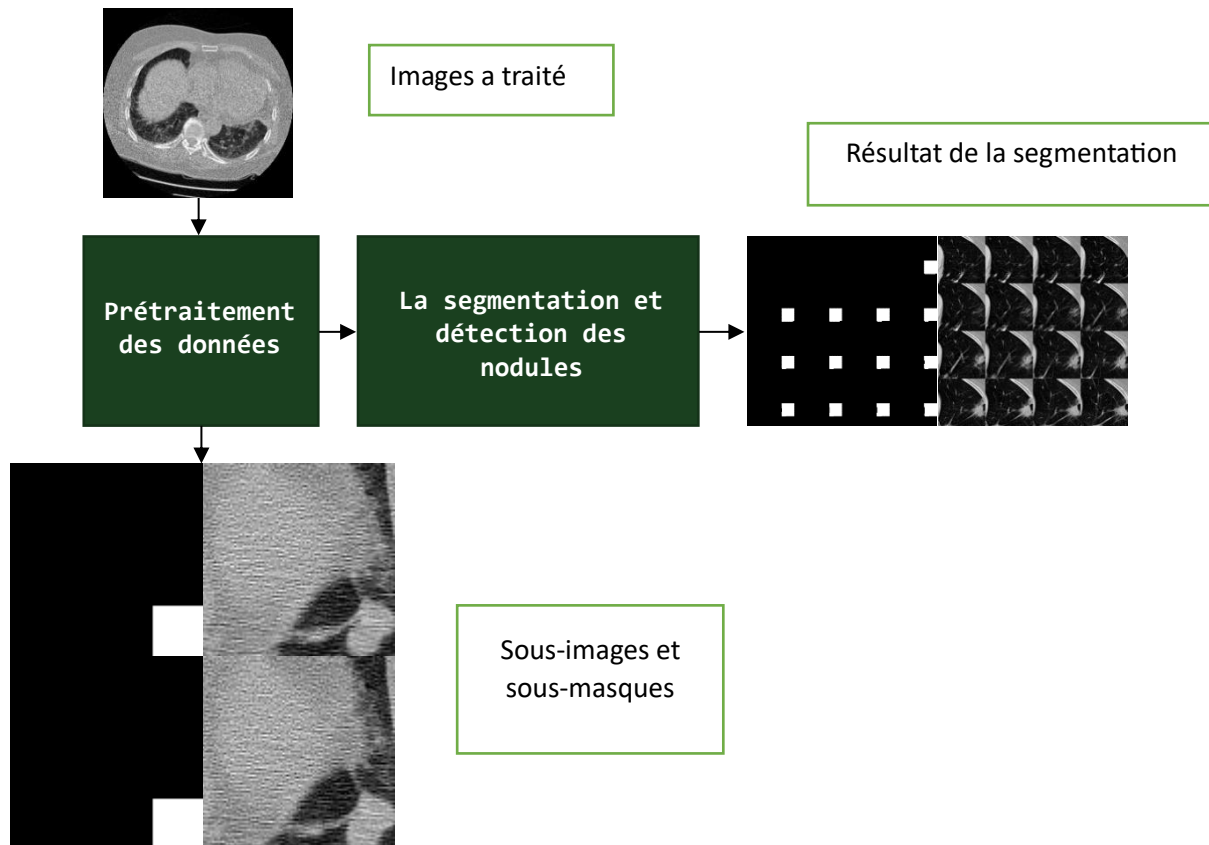


Figure 8. Diagramme du Système

Dans ce chapitre, nous nous concentrerons sur la conception du système de segmentation 3D des nodules pulmonaires dans les images CT scan. Nous commencerons par aborder l'importance de cette détection précoce dans le contexte du cancer du poumon. Ensuite, nous explorerons le prétraitement des images CT scan pour améliorer la qualité des données et faciliter la détection des nodules. Nous poursuivrons en décrivant la modélisation du système de segmentation, mettant en avant l'utilisation de réseaux de neurones convolutifs adaptés aux images médicales. Enfin, nous présenterons la procédure d'entraînement du modèle, en utilisant des ensembles de données annotées et en appliquant des techniques d'augmentation pour optimiser sa performance. L'objectif ultime est d'obtenir une segmentation précise des nodules pulmonaires, ouvrant ainsi la voie à une détection précoce des pathologies pulmonaires et à une prise en charge médicale améliorée pour les patients atteints de cancer du poumon.

II. Prétraitement des données :

Le prétraitement des données revêt une grande importance, notamment dans le domaine de l'apprentissage automatique. Dans notre situation spécifique, le prétraitement d'une image CT implique d'éliminer tous les autres tissus afin de ne conserver que les informations nécessaires concernant les poumons. Il vise également à améliorer la qualité de l'image en réduisant le bruit et en ajustant le contraste de l'image initiale.

1- Création du Masque :

- a. **Extraction des nodules associés à l'image :** On identifie les annotations des nodules qui sont liées à l'image en cours de traitement. Cela permet de sélectionner les informations spécifiques aux nodules dans le jeu de données.
- b. **Chargement de l'image volumique :** L'image volumique (.mhd) est chargée à partir du fichier spécifié. Cela implique la lecture du fichier contenant les données de l'image dans un format approprié pour le traitement ultérieur.
- c. **Prétraitement de l'image :** L'image volumique est prétraitée pour faciliter l'extraction des nodules et la création des masques. Cela comprend la conversion de l'image en un tableau de données, où chaque élément du tableau représente un voxel de l'image volumique. Les dimensions de l'image, telles que le nombre de tranches (z), la hauteur (y) et la largeur (x), et le diamètre sont extraites à partir du fichier csv pour aider à la manipulation spatiale des données.
- d. **Création du masque pour chaque nodule :** Pour chaque nodule associé à l'image, on crée un masque qui représente la région spatiale correspondante dans l'image volumique. Les coordonnées et les dimensions du nodule, ainsi que l'origine et l'espacement des voxels dans le système de coordonnées du monde réel, sont utilisées pour déterminer la position et la forme du masque. Le masque est généralement binaire, avec des valeurs 1 indiquant les voxels faisant partie du nodule et des valeurs 0 pour les voxels en dehors du nodule.
- e. **Conversion du masque en entier 8 bits :** Le masque créé est converti en un tableau d'entiers 8 bits pour une représentation plus compacte et efficace. Les valeurs du masque sont ajustées pour être dans la plage valide des valeurs entières de 0 à 255. Cela garantit que le masque peut être correctement enregistré et affiché par la suite.
- f. **Génération de l'image du masque :** Une nouvelle image est créée à partir du masque converti, en conservant les informations spatiales de l'image volumique d'origine. L'image du masque est généralement une représentation visuelle où les régions correspondant aux nodules sont affichées en contraste avec le fond.
- g. **Sauvegarde de l'image du masque :** L'image du masque est enregistrée dans un répertoire spécifié, généralement au format ".mhd". Les métadonnées de l'image d'origine, telles que l'espacement des voxels et l'origine dans le système de coordonnées du monde réel, sont conservées pour assurer la cohérence spatiale lors de l'utilisation ultérieure du masque. Ce processus est répété pour chaque fichier d'image dans le jeu de données. Chaque image est traitée individuellement, les nodules associés sont extraits, les masques correspondants sont créés et les images de masques résultantes sont sauvegardées.

Algorithme :

Algorithme 1 : Création du masque

Début :

```
Pour subsetindex allant de 0 à 9 faire
    luna_path = chemin image
    luna_subset_path = luna_path + "subset" + convertir_en_chaine(subsetindex) +
    "/"
    output_path = chemin masque
    luna_subset_mask_path = output_path + "subset" + str(subsetindex) + "/"
    Si le chemin luna_subset_mask_path n'existe pas alors
        Créer le répertoire luna_subset_mask_path
    Fin Si
    file_list = glob(luna_subset_path + "*.mhd")
    file_list_path = []
    Pour i allant de 0 à longueur(file_list) faire
        file_list_path.ajouter(file_list[i][0:-4])
    Fin Pour
    df_node = lire_csv(chemin annotation)
    df_node["file"] = df_node["seriesuid"].map(lambda file_name:
    get_filename(file_list_path, file_name))
    df_node = df_node.dropna()
    Pour fcount, img_file dans énumérer(file_list_path) faire
        mini_df = df_node[df_node["file"] == img_file]
        img_file = img_file + ".mhd"
        itk_img = lire_image(img_file)
        img_array = convertir_tableau(itk_img)
        num_z, height, width = dimensions(img_array)
        origin = tableau_vers_array(itk_img.GetOrigin())
        spacing = tableau_vers_array(itk_img.GetSpacing())
        Si mini_df.shape[0] == 0 alors
            mask_itk = créer_tableau(shape=(num_z, height, width),
            type_données=np.float)
        Fin Si
        Si mini_df.shape[0] > 0 alors
            mask_itk = créer_tableau(shape=(num_z, height, width),
            type_données=np.float)
            Pour node_idx, cur_row dans itérer_sur(mini_df) faire
                node_x = cur_row["coordX"]
                node_y = cur_row["coordY"]
                node_z = cur_row["coordZ"]
                diam = cur_row["diameter_mm"]
                center = créer_array([node_x, node_y, node_z])
                v_center = arrondir((center - origin) / spacing)
                v_diam = diam
                échanger_ordre_xyz(v_center)
                faire_mask(mask_itk, v_center, v_diam, spacing)
            Fin Pour
        Fin Pour
```

```

        Fin Si
        mask_itk = convertir_en_uint8(mask_itk * 255.)
        mask_itk = clipper(mask_itk, 0, 255).convertir_en('uint8')
        sitk_maskimg = convertir_tableau_vers_image(mask_itk)
        sitk_maskimg.SetSpacing(spacing)
        sitk_maskimg.SetOrigin(origin)
        sub_img_file = img_file[len(luna_subset_path):-4]
        crée_image(sitk_maskimg, luna_subset_mask_path + sub_img_file +
        "_segmentation.mhd")

    Fin Pour
Fin Pour
Fin ;

```

2- Extraction des images :

- Parcours des fichiers d'images :** Une liste de fichiers est obtenue en utilisant pour récupérer tous les fichiers avec l'extension ".mhd" dans le sous-répertoire correspondant. Une boucle interne itère sur chaque fichier dans la liste.
- Chargement de l'image d'origine :** On charge l'image d'origine à partir du fichier spécifié. La troncature des valeurs des voxels est appliquée pour limiter les valeurs supérieures à 600 à 600 et les valeurs inférieures à -1000 à -1000. L'image est normalisée dans la plage de 0 à 255.
- Chargement du masque associé :** Le masque correspondant à l'image est chargé à partir d'un fichier portant le même nom que l'image. La résolution en z (espacement) du masque est obtenue.
- Rééchantillonnage des images :** Si la résolution en z du masque est supérieure à 1.0, les images d'origine et de masque sont redimensionnées pour avoir une résolution en z de 1.0. Les images rééchantiller en utilisant la méthode `sitkNearestNeighbor`.

$$R = 2\bar{d} \frac{\sqrt{n}}{a}$$

R : le plus proche voisin

\bar{d} : La distance moyenne observée entre les voisins les plus proches

n : le nombre total de points

a : la superficie totale

Figure 9. Formule plus proche voisin (42)

- Extraction des images et des masques :** Les tableaux correspondant aux images d'origine et aux masques sont obtenus à l'aide de la fonction `sitk`.

GetArrayFromImage **(23)** Des répertoires de destination sont créés pour stocker les images d'entraînement et les masques. Le nom des répertoires est basé sur un indice de série.

f. **Pour chaque tranche z dans les images et les masques :** Les valeurs des pixels de l'image sont ajustées pour être dans la plage de 0 à 255. Les images d'entraînement (images d'origine) et les masques (masques du foie) sont enregistrés dans les répertoires correspondants, avec des noms de fichier basés sur le numéro de tranche (z).

g. **Incrémentation de l'indice de série :** L'indice de série est incrémenté pour suivre le nombre total d'images traitées. Ces étapes sont répétées pour chaque fichier d'image dans chaque sous-ensemble de données, ce qui permet de prétraiter les données d'entraînement en effectuant des opérations de rééchantillonnage, de troncature, de normalisation et de découpage des images et des masques.

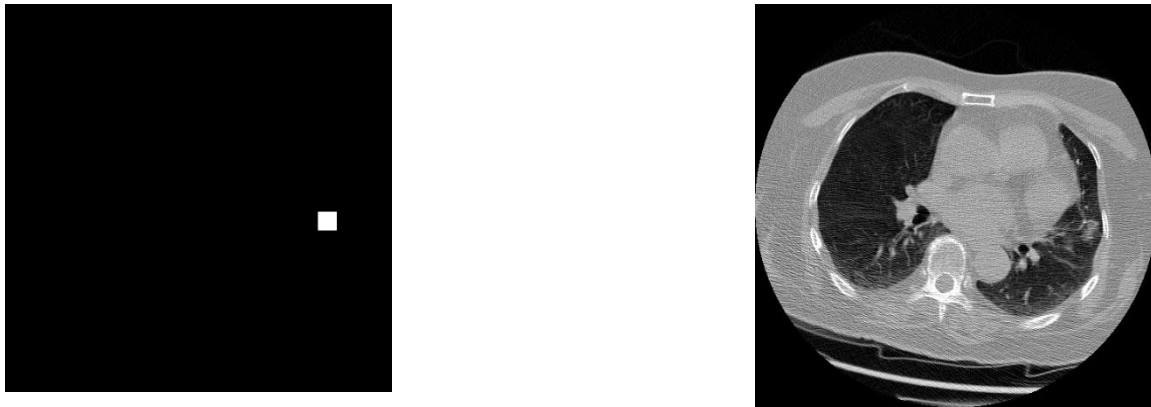


Figure 10. Image Ct scan et son masque

Algorithme :

Algorithme 2 : génération des masques et des images

Début :

```
expandslice = 13
trainImage = chemin des images
trainMask = chemin des masques
seriesindex = 0
Pour subsetindex allant de 0 à 9 faire
    luna_path = chemin image
    luna_subset_path = luna_path + "subset" + convertir_en_chaine(subsetindex) + "/"
    output_path = chemin masque
    luna_subset_mask_path = output_path + "subset" + convertir_en_chaine(subsetindex)
    + "/"
    file_list = glob(luna_subset_path + "*.mhd")
    Pour fcount allant de 0 à longueur(file_list) faire
        src = charger_image_itk_avec_troncation(file_list[fcount], 600, -1000)
        seg = lire_image(luna_subset_mask_path + sub_img_file +
            "_segmentation.mhd", sitk.sitkUInt8)
        segzspace = seg.GetSpacing()[-1]
        Si segzspace > 1.0 alors
            _, seg = redimensionner_image_itk(seg, (seg.GetSpacing()[0],
                seg.GetSpacing()[1], 1.0), resamplemethod=NearestNeighbor)
            _, src = redimensionner_image_itk(src, (src.GetSpacing()[0],
                src.GetSpacing()[1], 1.0), resamplemethod=Linear)
        Fin Si
        segimg = convertir_tableau(seg)
        srcimg = convertir_tableau(src)
        trainimagefile = trainImage + convertir_en_chaine(seriesindex)
        trainMaskfile = trainMask + convertir_en_chaine(seriesindex)
        Si non existe(trainimagefile) alors
            créer_répertoire(trainimagefile)
        Fin Si
        Si non existe(trainMaskfile) alors
            créer_répertoire(trainMaskfile)
        Fin Si
        seg_liverimage = segimg.copy()
        seg_liverimage[segimg > 0] = 255
        startpostion, endpostion = getRangImageDepth(seg_liverimage)
        Si startpostion == endpostion alors
            continuer
        Fin Si
        imagez = dimensions(seg_liverimage)[0]
        startpostion = startpostion - expandslice
        endpostion = endpostion + expandslice
        Si startpostion < 0 alors
            startpostion = 0
        Fin Si
```

```

Si endpostion > imagez alors
    endpostion = imagez
Fin Si
srcimg = srcimg[startpostion:endpostion, :, :]
seg_liverimage = seg_liverimage[startpostion:endpostion, :, :]
Pour z allant de 0 à dimensions(seg_liverimage)[0] faire
    srcimg = clipper(srcimg, 0, 255).convertir_en('uint8')

    Créé_image(srcimg[z], trainimagefile + "\\" + convertir_en_chaine(z) +
".bmp")
    Créé_image(seg_liverimage[z], trainMaskfile + "\\" +
convertir_en_chaine(z) + ".bmp")
Fin Pour
seriesindex += 1
Fin Pour
Fin Pour
Fin ;

```

III. Création des sous-images et sous-marques :

Tout d'abord, les dimensions de l'image sourcent et du bloc de patch sont extraites. Cela permet de déterminer la taille des images et des sous-images qui seront générées.

Ensuite, les décalages nécessaires pour parcourir l'image source sont calculés en fonction du nombre de sous-images souhaitées et des dimensions du bloc de patch. Ces décalages déterminent comment l'image source sera divisée en sous-images. Si les décalages calculés sont suffisamment grands, cela signifie qu'il est possible de générer plusieurs sous-images à partir de l'image source. Dans ce cas, le code passe à l'étape suivante.

Pour chaque combinaison de décalage dans les trois dimensions (largeur, hauteur et tranches), les sous-images correspondantes sont extraites de l'image source. Cela se fait en utilisant les décalages calculés et les dimensions du bloc de patch. Seules les sous-images dont le masque associé dépasse un seuil de pixels non nuls sont conservées. Cela permet de filtrer les sous-images qui ne contiennent pas de nodules d'intérêt. Les sous-images valides, ainsi que leurs masques correspondants, sont stockés dans des listes distinctes. Chaque sous-image est représentée comme un tableau 3D, avec des dimensions correspondant à celles du bloc de patch.

Les listes de sous-images et de masques sont converties en tableaux numpy pour faciliter leur manipulation et leur traitement ultérieur. Les tableaux de masques sont convertis en valeurs flottantes et normalisés entre 0 et 255. Cela permet de représenter les masques sous forme d'images avec une échelle de gris. Pour chaque sous-image dont le masque correspondant contient des pixels de valeur maximale (255), un répertoire est créé pour enregistrer les sous-images et les masques associés. Cela permet d'organiser les données générées de manière structurée.

Chaque tranche des sous-images est enregistrée individuellement en tant qu'image bitmap (.bmp) dans le répertoire correspondant. Ainsi, chaque sous-image est sauvegardée en tant qu'image 2D. Le processus de génération des sous-images se répète pour chaque image source et son masque associé dans une boucle. Cela permet de traiter l'ensemble des images sources et de générer les sous-images correspondantes. Les sous-images et les masques associés sont préparés et enregistrés pour chaque image source, conformément aux paramètres spécifiés. Cela permet de créer un jeu de données complet pour l'entraînement du modèle de détection de nodules. Une fois que toutes les images source ont été traitées, le processus se termine et les sous-images générées sont prêtes à être utilisées pour l'entraînement du modèle.

Algorithme :

<p>Algorithme 3 : génération des sous-images et des sous-masque</p> <p>Entrée : image, masque, patch_block_size, numberxy, numberz</p> <p>Début :</p> <pre> largeur = dimensions(image)[1] hauteur = dimensions(image)[2] imagez = dimensions(image)[0] block_width = dimensions(patch_block_size)[1] block_height = dimensions(patch_block_size)[2] blockz = dimensions(patch_block_size)[0] stridewidth = (largeur - block_width) div numberxy strideheight = (hauteur - block_height) div numberxy stridez = (imagez - blockz) / numberz Si stridez ≥ 1 et stridewidth ≥ 1 et strideheight ≥ 1 alors pas_largeur = largeur - (stridewidth * numberxy + block_width) pas_largeur = largeur - (stridewidth * numberxy + block_width) pas_largeur = pas_largeur div 2 pas_hauteur = hauteur - (strideheight * numberxy + block_height) pas_hauteur = pas_hauteur div 2 pas_z = imagez - (stridez * numberz + blockz) pas_z = pas_z div 2 hr_samples_liste = [] hr_mask_samples_liste = [] Pour z allant de pas_z à numberz * (stridez + 1) + pas_z avec un pas de numberz faire Pour x allant de pas_largeur à numberxy * (stridewidth + 1) + pas_largeur avec un pas de numberxy faire Pour y allant de pas_hauteur à numberxy * (strideheight + 1) + pas_hauteur avec un pas de numberxy faire temp1 = (mask[z:z + blockz, x:x + block_width, y:y + block_height] ≠ 0).somme() temp2 = blockz * block_width * block_height / 20.0 Si temp1 > temp2 alors hr_samples_liste.ajouter(image[z:z + blockz, x:x + block_width, y:y + block_height]) hr_mask_samples_liste.ajouter(mask[z:z + blockz, x:x + block_width, y:y + block_height]) Fin Si Fin Pour Fin Pour hr_samples = convertir_tableau(hr_samples_liste).redimensionner((longueur(hr_samples_liste), blockz, block_width, block_height)) hr_mask_samples = convertir_tableau(hr_mask_samples_liste).redimensionner((longueur(hr_mask_sample s_liste), blockz, block_width, block_height)) Sinon nb_sub_images = 1 * 1 * 1 </pre>
--

```

hr_samples = tableau_zeros((nb_sub_images, blockz, block_width, block_height),
dtype=np.float)
hr_mask_samples = tableau_zeros((nb_sub_images, blockz, block_width,
block_height), dtype=np.float)
rangz = min(imagez, blockz)
rangwidth = min(largeur, block_width)
rangheight = min(hauteur, block_height)
hr_samples[0, 0:rangz, 0:rangwidth, 0:rangheight] = image[0:rangz, 0:rangwidth,
0:rangheight]
hr_mask_samples[0, 0:rangz, 0:rangwidth, 0:rangheight] = mask[0:rangz, 0:rangwidth,
0:rangheight]
Fin si
Fin;
Sortie :hr_samples,hr_mask_samples

```

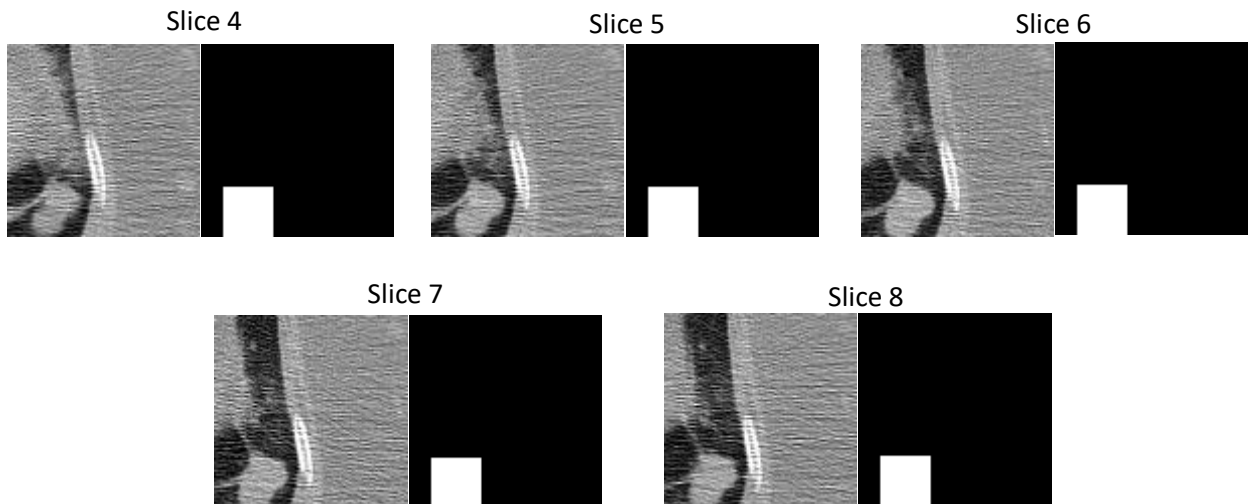


Figure 11 Sous-images et leurs masques

IV. La Segmentation des nodules :

Dans les systèmes de diagnostic assisté pour le cancer du poumon, la segmentation des nodules pulmonaires est importante pour l'analyse caractéristique des nodules sur les images de tomographie par ordinateur (CT). Nous proposons donc pour la segmentation des nodules pulmonaires une architecture m Vnet 3D.

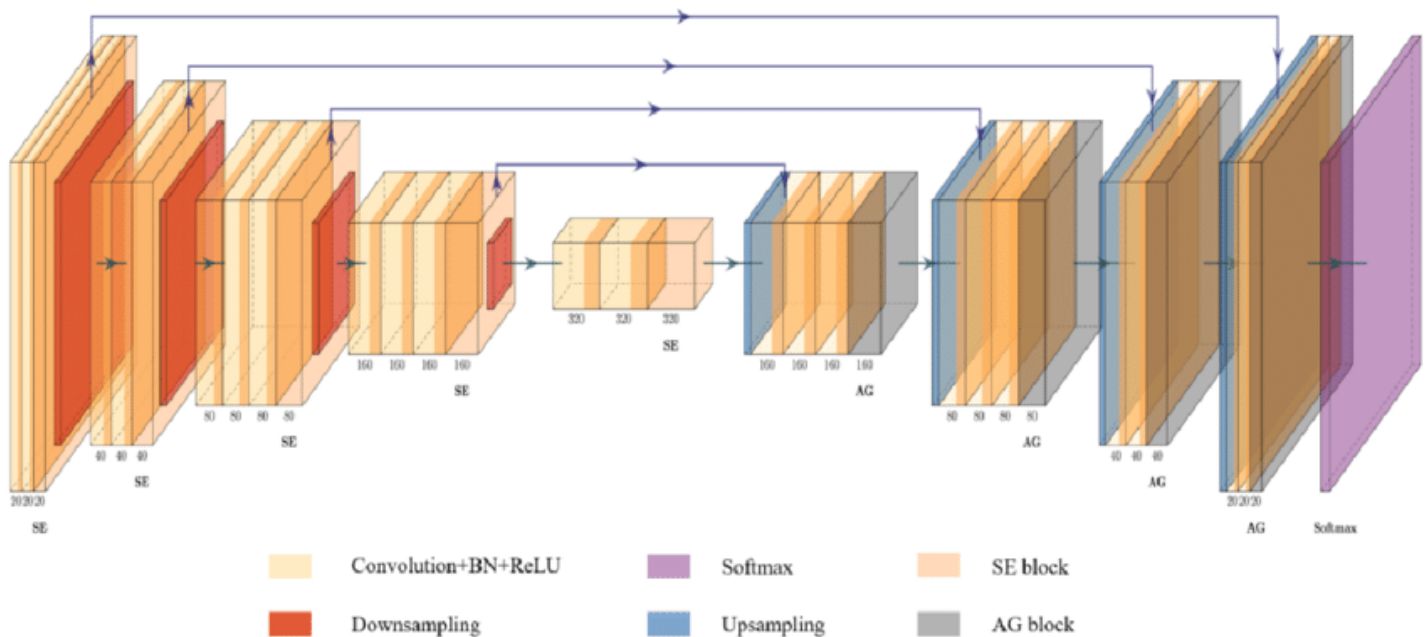


Figure 12 Architecture du modèle Vnet3D (41)

1- Architecture du model :

L'architecture du modèle Vnet3d est conçue spécifiquement pour effectuer la segmentation sémantique sur des volumes médicaux 3D. Voici une explication détaillée des différentes étapes de cette architecture.

- Entrée (Input) :** Le modèle prend en entrée un tenseur représentant un volume médical 3D. Les dimensions du tenseur dépendent des dimensions du volume et sont généralement définies comme suit : (image_z, image_width, image_height, image_channel). Cela signifie que le tenseur contient des informations sur les dimensions spatiales du volume (largeur, hauteur, profondeur) ainsi que le nombre de canaux (par exemple, les différents types d'imagerie médicale).
- Couche de convolution et de normalisation :** Le modèle commence par une couche de convolution 3D, qui applique des filtres pour extraire des caractéristiques à partir des données d'entrée. Cette convolution 3D est suivie d'une normalisation de groupe, qui vise à normaliser les activations afin de faciliter l'apprentissage. Ensuite, une activation Relue est appliquée pour introduire une non-linéarité dans les caractéristiques extraites.
- Répétition de blocs résiduels :** Le modèle utilise une série de blocs résiduels pour capturer les informations contextuelles à différentes échelles. Chaque bloc résiduel est composé de deux couches de convolution 3D, suivies d'une normalisation de groupe et d'une activation ReLU. La sortie de chaque bloc est ajoutée à la sortie du bloc précédent à l'aide de la fonction de connexion résiduelle.

Cette approche permet au modèle d'apprendre des représentations plus profondes et plus riches, tout en facilitant le flux d'informations à travers le réseau.

d. **Échantillonnage spatial descendant** : Le modèle effectue un échantillonnage spatial descendant pour réduire la taille spatiale des caractéristiques extraites. Cela se fait en utilisant une couche de convolution 3D avec un pas de 2, suivie d'une normalisation de groupe et d'une activation Relu. L'échantillonnage spatial descendant permet de réduire la résolution spatiale tout en augmentant le nombre de canaux de caractéristiques, ce qui aide à capturer des informations à différentes échelles.

e. **Répétition de blocs résiduels** : Le processus de répétition des blocs résiduels se poursuit avec des blocs de convolution supplémentaires et des échantillonnages spatiaux descendants pour capturer des informations contextuelles à différentes échelles. Cela permet d'améliorer la représentation des caractéristiques et de capturer des informations pertinentes pour la segmentation sémantique.

f. **Échantillonnage spatial ascendant** : Une opération d'échantillonnage spatial ascendant est effectuée pour augmenter progressivement la résolution spatiale des caractéristiques tout en réduisant le nombre de canaux. Cela se fait à l'aide de couches de déconvolution 3D, qui inversent l'échantillonnage spatial descendant. Les déconvolutions sont suivies d'une activation Relu pour introduire une non-linéarité dans les caractéristiques reconstruites.

g. **Couche de sortie** : La dernière couche du modèle est une couche de convolution 3D suivie d'une activation sigmoïde. Cette couche produit une carte de probabilité de la même taille que le volume d'entrée. Chaque voxel de cette carte représente la probabilité d'appartenance à une classe spécifique, indiquant ainsi la segmentation sémantique du volume médical.

En résumé, le modèle Vnet3d utilise une architecture en plusieurs étapes pour extraire des caractéristiques pertinentes à partir de volumes médicaux 3D et produire une carte de probabilité de segmentation en sortie. Les différentes étapes, telles que les convolutions, les échantillonnages spatiaux et les blocs résiduels, permettent au modèle d'apprendre des représentations profondes et riches en informations pour effectuer la segmentation sémantique.

V. Création des masques de DSB17 :

Pour effectuer la segmentation des poumons à partir d'une image 2D donnée pour la création de masque. Voici les étapes principales réalisées par ce code :

Convertir l'image en une image binaire en comparant chaque pixel à une valeur seuil (604). Les pixels inférieurs à ce seuil deviennent noirs (0) et les pixels supérieurs deviennent blancs (1).

Supprimer les amas de pixels connectés au bord de l'image. Cela élimine les artefacts indésirables qui sont généralement proches des bords.

Étiqueter les différentes régions (amas) dans l'image binaire après avoir éliminé les pixels connectés au bord. Chaque région est attribuée à un identifiant unique.

Garder les deux régions avec les deux plus grandes superficies. Les autres régions sont supprimées en les définissant à zéro dans l'image étiquetée.

Effectuer une opération d'érosion avec un disque de rayon 2. Cette opération vise à séparer les nodules pulmonaires attachés aux vaisseaux sanguins.

Effectuer une opération de fermeture avec un disque de rayon 10. Cette opération vise à conserver les nodules attachés à la paroi pulmonaire.

Remplir les petits trous à l'intérieur du masque binaire des poumons. Cela garantit que le masque est complet et qu'il ne manque aucune partie des poumons.

Superposer le masque binaire sur l'image d'entrée en remplaçant les pixels non pertinents par des zéros.

Enfin, en assignant 0 à tous les pixels ayant une valeur inférieure à 604. En d'autres termes, cela remplace tous les pixels de faible intensité par des zéros, ce qui peut être utilisé pour supprimer le bruit ou les régions indésirables dans l'image segmentée des poumons.

Cela est répété pour chaque image.

VI. Conclusion :

Nous avons présenté dans ce chapitre la structure de notre système en détail. Ensuite nous avons expliqué les méthodes pour le prétraitement des images. Enfin nous avons parlé de l'architecture du modèle utilisée lors de la segmentation des données.

Dans le dernier chapitre nous entamerons la partie application et résultats, où nous présenterons l'application réalisée et l'ensemble des résultats obtenus afin d'indiquer le degré d'efficacité atteint par notre système.

Chapitre 3 :

Implémentations

I. Introduction

Dans le chapitre précédent, nous avons présenté les différentes étapes suivies pour la réalisation de notre système de segmentation et classification des nodules pulmonaires. Dans ce chapitre, nous citerons les outils qui nous ont aidés à implémenter et à présenter notre solution ainsi que les mesures d'évaluation que nous avons choisies pour vérifier l'efficacité des architectures adoptées.

En premier lieu, nous allons spécifier l'environnement matériel et logiciel pour la conception de notre application ainsi que les bases de données utilisées. Ensuite, nous parlerons de l'interface graphique réalisée et de ses différentes fonctionnalités. Nous exposerons par la suite les tests effectués et discuterons à travers des métriques significatives dans le domaine les résultats obtenus.

II. Environnements de travail

Dans cette partie, nous allons présenter l'environnement de travail (matériel et logiciel) qui nous a permis de réaliser application.

1- Environnement matériel :

Afin de mettre en œuvre et d'entraîner le modèle d'apprentissage profond dédié à la segmentation, ainsi que de prétraiter les données et mettre en place l'interface graphique, nous avons utilisé notre propre machine. Le tableau ci-dessous présente en détail les spécifications de cette machine

Tableau 1 Spécifications de la machine personnel

PC	OS	CPU	GPU	RAM
Desktop	Windows 10 64bits	AMD Ryzen 5 3600XT	NVIDIA RTX 2060 Super 8GO	16GO

2- Environnement logiciel :

Pour notre mise en œuvre, nous avons fait usage de plusieurs bibliothèques et outils qui ont grandement facilité notre travail grâce à leurs fonctionnalités variées et leur flexibilité. Dans cette section, nous mentionnerons les outils que nous jugeons les plus importants et indispensables pour notre travail.

- **Python** : Python est un langage de programmation polyvalent, interprété et de haut niveau, largement utilisé pour le développement de sites web, l'analyse de données et l'automatisation. Il s'agit d'un langage à usage général, ce qui signifie qu'il offre une grande flexibilité et peut être utilisé pour une variété de fonctions différentes. En étant

un langage interprété, il n'est pas nécessaire de compiler le code avant de l'exécuter, ce qui facilite le processus de développement. De plus, Python se distingue par sa capacité à abstraire les détails du code, ce qui le rend accessible aux programmeurs novices.

-
- Python se caractérise par sa syntaxe simple et bénéficie d'une vaste communauté de développeurs qui contribuent activement à une large sélection de modules et de bibliothèques logiciels. Son développement initial a été mené par Guido van Rossum à la fin des années 1980. Aujourd'hui, la gestion de Python est assurée par la "Python Software Foundation" (24).



Figure 13 Python

- **OpenCV** : OpenCV est une bibliothèque open-source de grande envergure utilisée pour la vision par ordinateur, l'apprentissage automatique et le traitement d'images. Elle joue un rôle crucial dans les opérations en temps réel, ce qui est essentiel dans les systèmes actuels. En utilisant OpenCV, il est possible de traiter des images et des vidéos afin d'identifier des objets, des visages, voire même de reconnaître l'écriture humaine. Lorsqu'il est combiné avec d'autres bibliothèques telles que NumPy, Python devient capable de manipuler efficacement la structure de tableau fournie par OpenCV pour des analyses plus approfondies. Pour identifier des motifs et extraire les caractéristiques spécifiques d'une image, nous exploitons l'espace vectoriel et effectuons des opérations mathématiques sur ces caractéristiques. (25)



Figure 14 OpenCV

- **SimpleITK** : SimpleITK est une boîte à outils d'analyse d'images qui offre une multitude de composants permettant d'effectuer des opérations courantes telles que le filtrage, la segmentation et l'enregistrement d'images. Il est construit sur l'Insight Segmentation and Registration Toolkit (ITK) dans le but de fournir une interface simplifiée pour ITK.
Bien que SimpleITK soit principalement écrit en C++, il est également disponible pour de nombreux autres langages de programmation, offrant ainsi une flexibilité dans le choix de la langue pour les développeurs (23).



Figure 15 SimpleITK

- **TensorFlow** : TensorFlow est une plateforme open source complète pour l'apprentissage automatique. Elle offre un écosystème flexible comprenant des outils, des bibliothèques et des ressources communautaires, permettant ainsi aux chercheurs d'aller plus loin dans l'avancement de l'état de l'art de l'apprentissage automatique. De plus, elle offre aux développeurs la possibilité de créer et de déployer facilement des applications basées sur l'apprentissage automatique. TensorFlow constitue donc une solution polyvalente pour le développement et l'application de modèles d'apprentissage automatique (26).



Figure 16 TensorFlow

- **Keras :** Keras est une API d'apprentissage profond de haut niveau développée par Google pour faciliter la mise en œuvre de réseaux neuronaux. Écrit en Python, Keras permet une mise en œuvre simplifiée des réseaux neuronaux. Il offre également la possibilité de calculer simultanément plusieurs réseaux neuronaux en arrière-plan. Keras se distingue par sa facilité d'apprentissage et d'utilisation, car il fournit une interface Python avec un haut niveau d'abstraction. De plus, il permet l'utilisation de plusieurs backends pour les calculs. Bien que cela puisse entraîner une légère diminution des performances par rapport à d'autres frameworks d'apprentissage profond, Keras est extrêmement convivial pour les débutants et facilite grandement la mise en œuvre des réseaux neuronaux. (27)

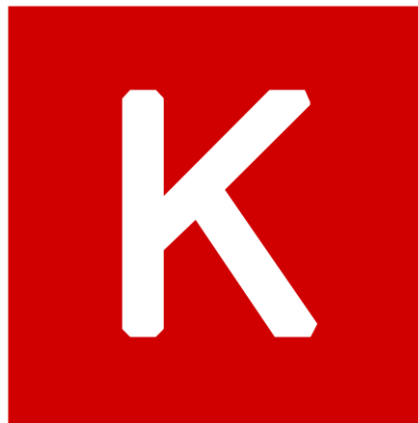


Figure 17 Keras

- **Scikit-learn :** Scikit-learn (Sklarn) est une bibliothèque Python incontournable et robuste pour l'apprentissage automatique. Elle propose une gamme d'outils puissants pour l'apprentissage automatique et la modélisation statistique, incluant la classification, la régression, le regroupement et la réduction de la dimensionnalité. Tout cela est accessible via une interface cohérente en Python. Cette bibliothèque, largement écrite en Python, s'appuie sur d'autres bibliothèques essentielles telles que NumPy, SciPy et Matplotlib. Scikit-learn offre ainsi une combinaison efficace de fonctionnalités pour l'analyse de données et la construction de modèles d'apprentissage automatique, ce qui en fait un outil précieux pour les praticiens et les chercheurs dans ce domaine (28).



Figure 18 Scikit-learn

- **PyQt :** PyQt est une boîte à outils de widgets GUI qui fournit une interface Python pour Qt, l'une des bibliothèques d'interface graphique multiplateforme les plus puissantes et populaires. En combinant le langage de programmation Python et la bibliothèque Qt, PyQt permet de développer des applications graphiques. Ce tutoriel d'introduction vous guidera dans la création d'applications graphiques en utilisant PyQt (29).



Figure 19 PYQT

- **Visual Studio Code :** Visual Studio Code est un éditeur de code source léger mais puissant qui fonctionne sur votre bureau et est disponible pour Windows, macOS et Linux. Il offre une prise en charge intégrée de JavaScript, TypeScript et Node.js et dispose d'un riche écosystème d'extensions pour d'autres langages et moteurs d'exécution (tels que C++, C#, Java, Python, PHP, Go, NET) (30)

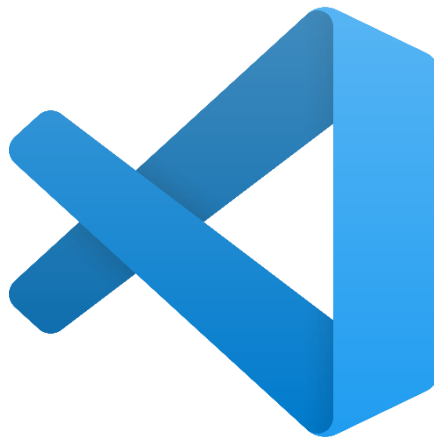


Figure 20 Visual Studio Code

III. Les bases de données utilisées :

Les bases de données utilisées sont essentiellement constituées de scanners pulmonaires en 3D. Chaque scan est une pile d'images 2D triées et déposées à chaque profondeur du poumon. Il existe quelques bases de données publiques, dans notre cas nous en avons utilisé LUNA16 (2).

La raison pour laquelle nous avons choisi ce jeu de données est la disponibilité des annotations pour la segmentation et la classification, contrairement aux autres jeux de données qui sont rarement annotés.

- **LUNA16** : LUNA 16 est l'acronyme de "Lung Nodule Analysis 2016", un concours qui s'est déroulé en 2016. Ce concours fournissait aux participants un ensemble de données à utiliser et à évaluer dans leurs travaux. Cet ensemble de données est considéré comme un sous-ensemble d'un ensemble de données plus vaste, publiquement disponible, appelé LISC/IDRI, qui concerne les nodules pulmonaires (31).
Le jeu de données LUNA16 est spécifique car il exclut les tomodensitogrammes dont l'épaisseur de coupe dépasse 3 mm, les coupes ayant un espacement incohérent, ainsi que les coupes manquantes dans l'ensemble de données LIDC/IDRI. Ces données ont été annotées par des radiologues (32). Environ 888 scans et un total de 477 nodules sont inclus dans le jeu de données LUNA16.
- **DSB 2017** : DSB 17 est l'acronyme de "Data Science Bowl 2017", un autre concours similaire à LUNA avec son jeu de données. Contrairement à LUNA, ce jeu de données annoté pour la classification ne comprend que les annotations binaires par sujet indiquant si celui-ci a été diagnostiqué comme un cancer du poumon.
Le jeu de données DSB comprend 1397, 198, 506 personnes (cas) et contient environ 753 nodules dans son entraînement, sa validation et son évaluation (3).

IV. Présentation de l'application :

1- Écran Principale :

La Figure représente l'écran Principale de notre application. Il est considéré comme l'page de bienvenu de notre application et est composé d'un bouton :

- a. Bouton **Commencer** : il permet de passer vers l'écran 2.



Figure 21 Capture de l'écran de l'application page principale

2- Écran de sélection de fichier :

La figure représente l'écran de sélection de fichier. Elle permet de sélectionner le fichier qu'on souhaite ouvrir et est composé d'un bouton :

- a. Bouton **Ouvrir un fichier** : il permet de choisir un fichier à ouvrir et de passer à l'écran 3.

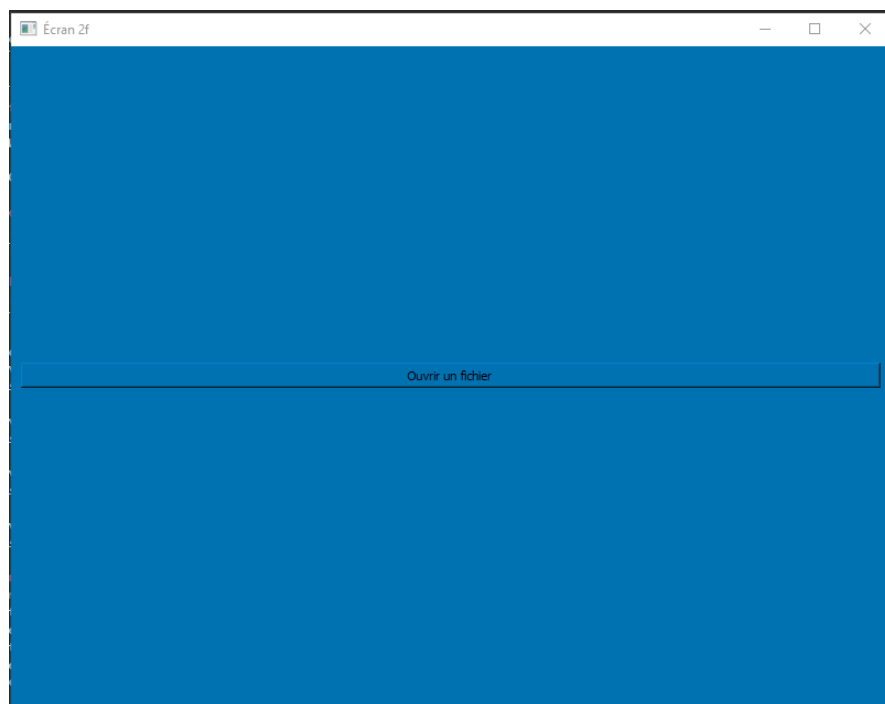


Figure 22 Capture d'écran de l'application page de sélection de fichier

- 3- **Le visualiseur de scan** : l'écran agit comme une visionneuse d'images qui montre chaque tranche du scan. L'utilisateur peut naviguer en utilisant boutons dans la barre d'outils. Il

montre également en bas l'index actuel avec le nombre total de tranches du scan. Les boutons sont :

- 4- Bouton Slice suivante : il permet d'aller vers l'image suivante du scan.
- 5- Bouton Slice précédant : il permet d'aller vers l'image précédant du scan.
- 6- Bouton zoom avant : il permet de faire un zoom avant
- 7- Bouton zoom arrière : il permet de faire un zoom arrière.
- 8- Prédire le masque : il permet de prédire le masque et de générer un résultat qui sera affiché
- 9- Info de l'image : il permet d'afficher les métas données de l'image.

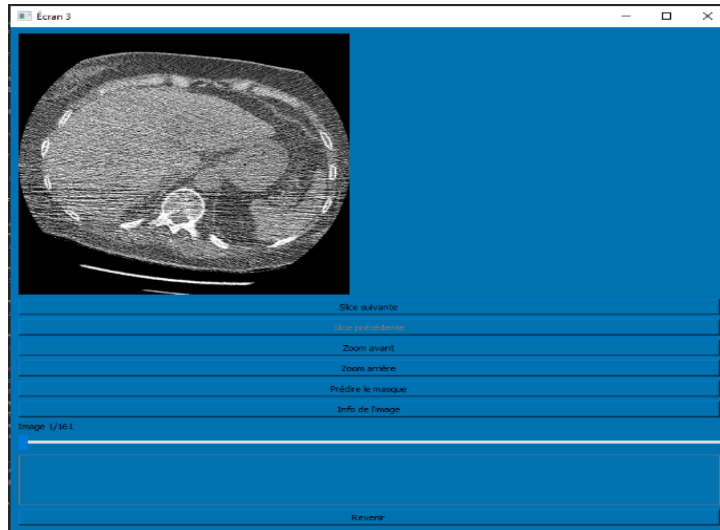


Figure 23 Visualisation du scan

10- La fiche des Métadonnées : Cette fiche contient les informations relatives au scan. Ces données sont incorporées dans le scan lui-même. Elles varient d'un scan à un autre et d'un type de fichier à un autre, mais elles contiennent généralement de nombreuses données importantes qui peuvent être utiles pour analyser le scan. Voici un exemple de cette fiche de métadonnées :

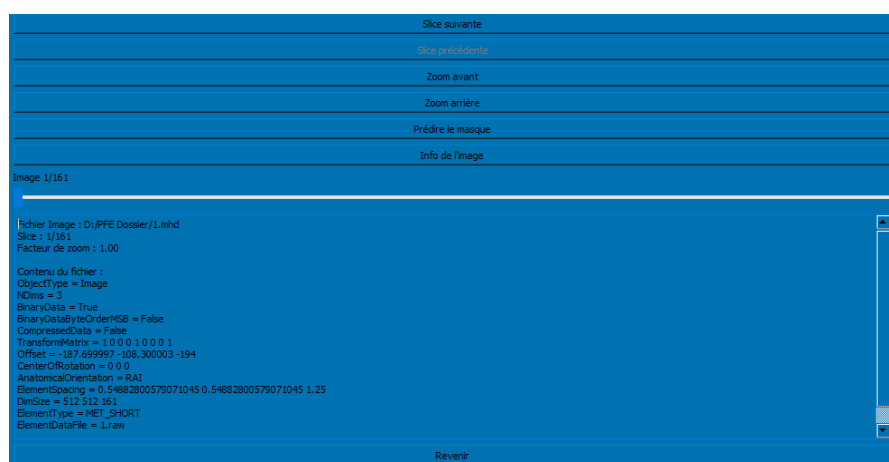


Figure 24 les métadonnées

11- Le résultat final : une fois la phase de détection effectuée, l'écran se modifie pour afficher le résultat la segmentation 3d du nodule le nodule en 3D.

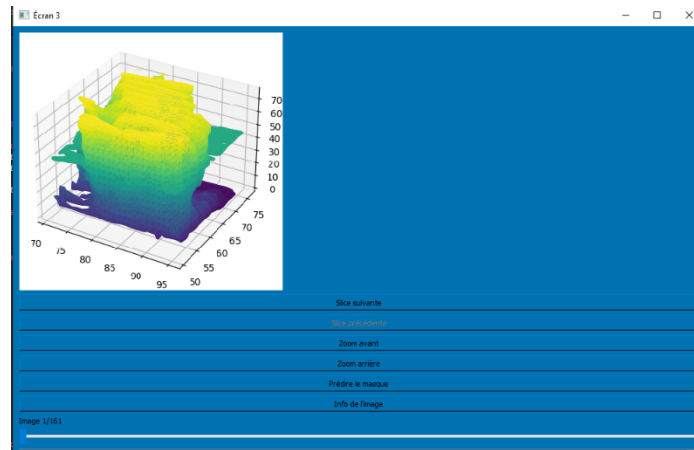


Figure 25. Résultat de la détection du nodule

V. Expérimentation et validation :

Dans cette partie, nous présenterons les différents résultats obtenus lors du test du modèle de segmentation des nodules pulmonaires, ainsi que tous les critères d'évaluation utilisés pour obtenir ces résultats, puis nous montrerons quelques exemples de détection des nodules.

1- Critères d'évaluation :

Les métriques d'évaluation sont utilisées pour mesurer la qualité du modèle statistique ou d'apprentissage automatique. L'évaluation des modèles ou des algorithmes d'apprentissage automatique est essentielle pour tout projet. Il existe de nombreux types de métriques d'évaluation disponibles pour tester un modèle (33). Voici les différentes métriques que nous avons utilisées :

- a. **Accuracy** : qui Représente le taux de segmentations correcte par rapport au nombre total des prédictions effectuées

$$\text{Accuracy} = \frac{\text{Vrais Négatifs} + \text{Vrais Positifs}}{\text{Vrais Positifs} + \text{Faux Positifs} + \text{Vrais Négatifs} + \text{Faux Négatifs}}$$

- b. **Loss** : Le "loss" (ou perte en français) est une mesure utilisée pour évaluer la performance d'un modèle d'apprentissage automatique lors de l'entraînement. Il représente une mesure de l'erreur entre les prédictions du modèle et les valeurs réelles des données d'entraînement. La formule pour calculer le loss dépend du type de modèle et de la tâche spécifique. Par exemple, dans le cas d'un modèle de régression linéaire, le loss peut être calculé à l'aide de la méthode des moindres carrés. Pour les modèles de classification, on utilise souvent la perte de log-vraisemblance (log-likelihood loss) ou la perte d'entropie croisée (cross-entropy loss).

- c. **Courbe de précision-rappel** : La courbe précision-rappel est construite en calculant et en traçant la précision par rapport au rappel pour un classificateur unique à une variété de seuils (34). Une AUC élevée représente à la fois un rappel et une précision élevés et un bon classificateur maintiendra à la fois une précision et un rappel élevés sur le graph. La courbe Precision-Recall est meilleure qu'une courbe ROC pour calibrer le seuil de probabilité dans un scénario de classe déséquilibrée (35).

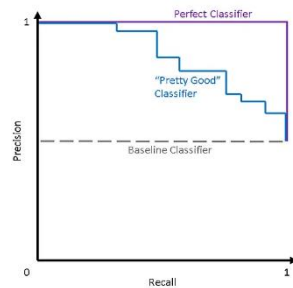


Figure 26 Quelques courbes théoriques de précision-rappel (34)

- d. **Dice Coefficient** : En termes simples, le coefficient Dice est égal à 2 * la zone de chevauchement divisée par le nombre total de pixels dans les deux masques cible et de prédiction (33). Dice coefficient est la métrique la plus utilisée pour valider les segmentations du volume médical.

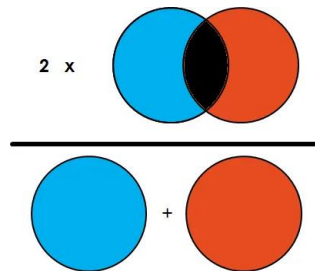


Figure 28 Illustration du Dice Coefficient (33)

- e. **Précision** : La précision est le rapport entre les vrais positifs et le total des positifs prédits :

Métriques de performance – précision (36)

$$0 < P < 1$$

$$\text{Précision} = \frac{\text{Vrais Positifs}}{\text{Vrais Positifs} + \text{Faux Négatifs}}$$

- f. **Sensibilité (Rappel)** : La Sensibilité est essentiellement le ratio des vrais positifs à tous les positifs présents dans la vérité terrain. (36)

$$\text{Sensibilité} = \frac{\text{Vrais Positifs}}{\text{Vrais Positifs} + \text{Faux Négatifs}}$$

2-L'évaluation du modèle de la segmentation :

Après l'entraînement du modèle, les poids finaux sont chargés et utilisés pour l'évaluer sur les ensembles de test, l'évaluation du modèle est représentée sur le tableau suivant :

Tableau 2 Tableau des Résultat de l'entraînement du modèle

	Accuracy	Loss	Dice coef
Vnet 3D	0.95	-0.95	0.12



Figure 27 Courbe d'accuracy et de loss de l'entraînement

Discussions :

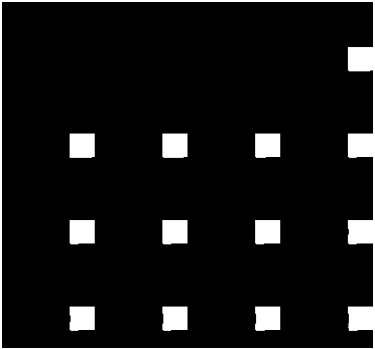
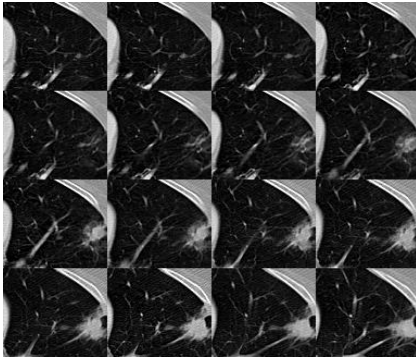
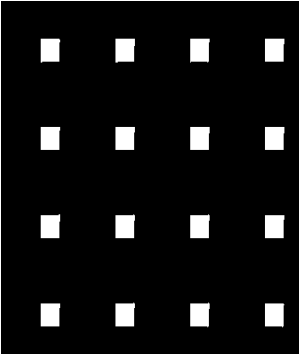
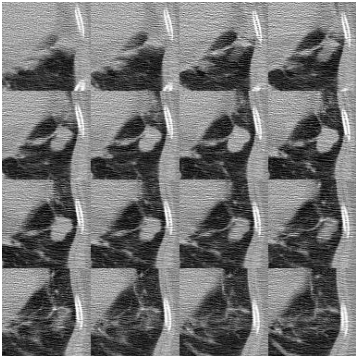
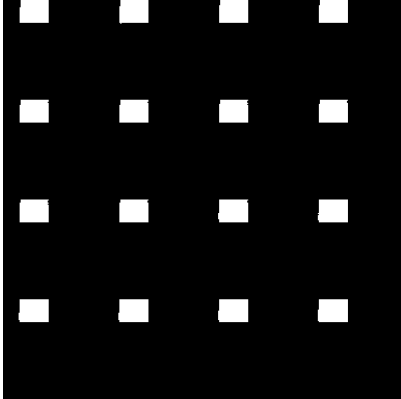
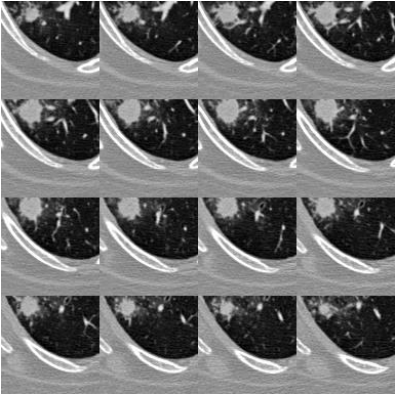
-Le modèle entraîné affiche une précision élevée de 0,95, ce qui signifie qu'il a correctement prédit la majorité des échantillons dans l'ensemble de données d'évaluation. Cependant, la perte affiche une valeur négative de -0,95, ce qui est atypique et peut indiquer des problèmes dans le modèle ou son implémentation. De plus, le faible coefficient Dice de 0,12 indique que le modèle a du mal à effectuer une segmentation précise ou à identifier les régions d'intérêt dans les images. En résumé, bien que la précision soit élevée, la perte négative et le faible coefficient Dice soulignent la nécessité d'améliorer le modèle pour obtenir des performances plus fiables.

3- Résultats de la segmentation 3d :

Les images et les prédictions affichées dans le tableau ci-dessous proviennent de notre nodule talque. Les ensembles 1 à 3 consistent en des sous-images générées en utilisant les coordonnées du nodule extrait de la base de données luna 16. Ces ensembles ont été sélectionnés spécifiquement car ils n'ont pas été utilisés lors de l'apprentissage de notre modèle, ce qui permet de les utiliser pour évaluer sa viabilité :

Tableau 3 Tableau des résultats de la segmentation des images des Ensembles

	Prédiction	Image
--	------------	-------

Ensemble 1		
Ensemble 2		
Ensemble 3		

4- Courbes ROC et précision-rappel du model :

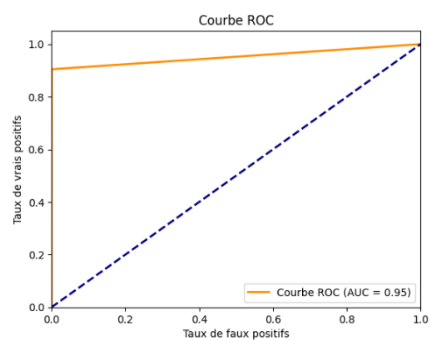
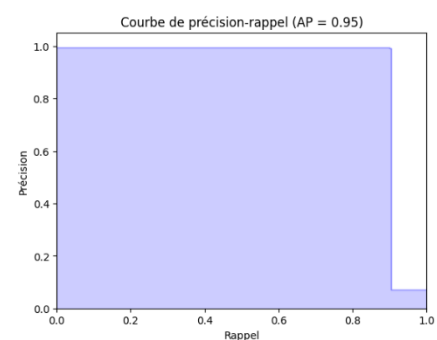


Figure 28 Courbes de l'Ensemble 1



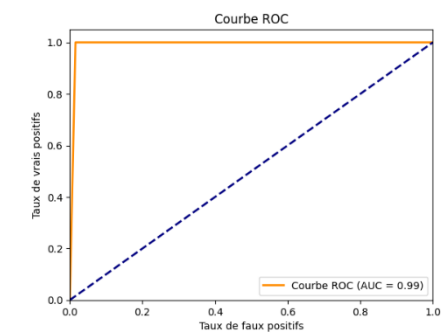


Figure 30 Courbes de l'Ensemble 2

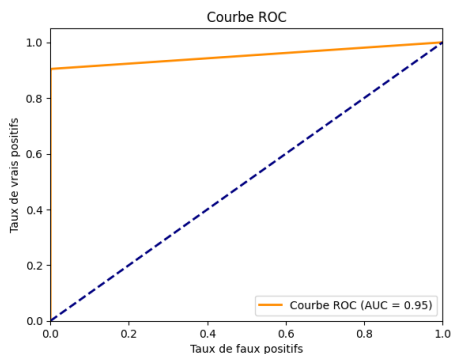
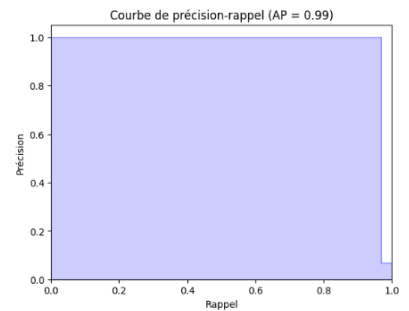


Figure 29 courbes de l'Ensemble 3

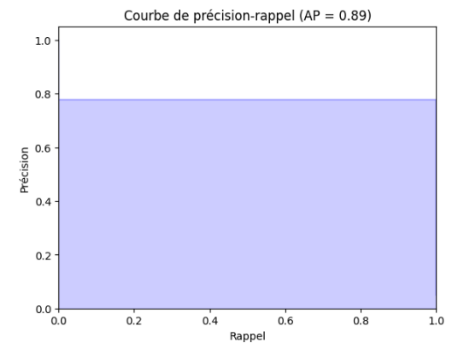


Tableau 4 Tableau des Résultats de l'évaluation du modèle

<i>Ensembles</i>	AUC-ROC	Précision-Rappel
<i>Ensemble 1</i>	0.95	0.95
<i>Ensemble 2</i>	0.95	0.99
<i>Ensemble 3</i>	0.99	0.89

Discussion :

-À partir de ces courbe et des tableaux nous remarquons que le modèle a obtenu de très bon résultat quand mis face à des zones du poumon contenant des nodules qui atteint des scores de près de 0.99 dans la courbe de ROC et Précision-Rappel.

5- Evaluation du modèle en utilisant une base de données hors apprentissage :

Dans cette partie nous allons évaluer notre modèle en utilisons des sous-ensembles la base de données DSB 2017 (3) qui ont été traité pour extraire les masques de la manier suivante :

- Convertir en une image binaire.
- Supprimer les amas de pixels connectés au bord de l'image.
- Effectuer une opération d'érosion avec un disque de rayon 2. Cette opération permet de séparer les nodules pulmonaires attachés aux vaisseaux sanguins.

- Effectuer une opération de fermeture avec un disque de rayon 10. Cette opération permet de conserver les nodules attachés à la paroi pulmonaire.
- Remplir les petits trous à l'intérieur du masque binaire des poumons.

Nous faisons cela dont le but de voir les performances de notre modèle.

Tableau 5 Tableau des prédictions images et masques des 4 images utilisées

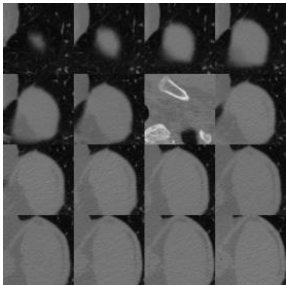
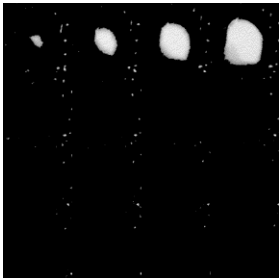
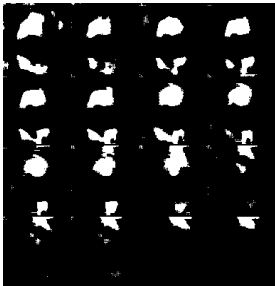
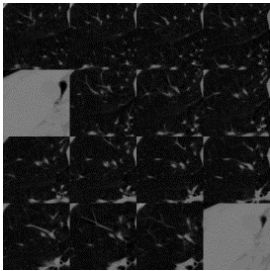

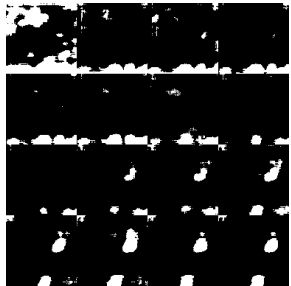
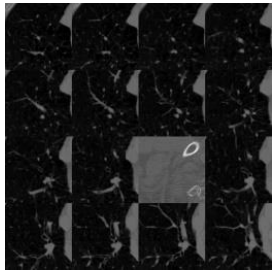
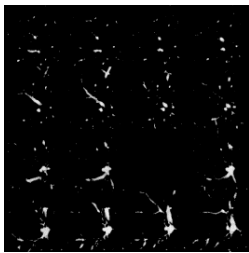
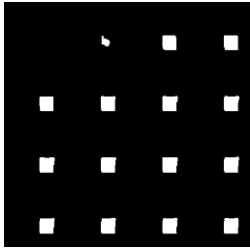
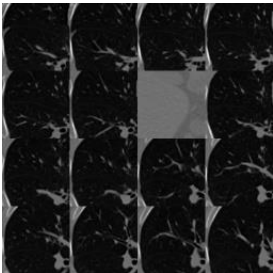
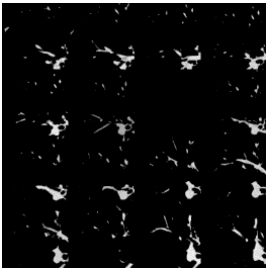
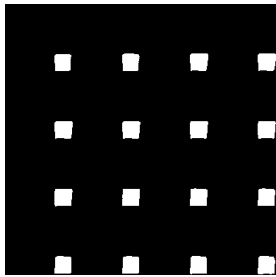
	Images	Masques	Prédictions
Sous-ensemble 1			
Sous-ensemble 2			
Sous-ensemble 3			
Sous-ensemble 4			

Tableau 6 Tableau des Résultat de l'évaluation des images

	Précisions (%)	Accuracy (%)	Sensibilité (%)	Dice coefficient (%)
Sous-ensemble 1	1.1	87	22	15
Sous-ensemble 2	15	88	28	20
Sous-ensemble 3	28	92	26	17
Sous-ensemble 4	51	92	41	45

Discussion des résultats :

Dans le tableau fourni, nous avons les résultats des métriques d'évaluation pour quatre ensembles. Avant d'analyser ces résultats, il est important de noter que chaque image présente des caractéristiques différentes en termes de présence de nodules et de qualité du masque de référence.

Commençons par le sous-ensemble 1. Ce sous-ensemble a été choisi car il ne présente des nodules ou bulle d'air que sur trois des images incluses. Les résultats montrent une précision très faible, ce qui indique de nombreux faux positifs. L'accuracy globale est relativement élevée, mais la sensibilité est faible, ce qui suggère que le modèle a du mal à détecter les nodules. Le coefficient de Dice est également faible, indiquant une mauvaise correspondance avec le masque de référence. Ainsi, la présence limitée de nodules dans cette image conduit à de mauvais résultats de détection.

Passons au sous-ensemble 2. Il a été choisi car le masque est non vide dans la plupart des images, mais il ne s'agit pas de nodules clairs. Les résultats montrent une précision relativement faible, indiquant des faux positifs. L'accuracy globale est légèrement inférieure à celle de l'image 1, mais encore relativement élevée. La sensibilité est plus élevée, indiquant une meilleure capacité à détecter les nodules réels. Cependant, le coefficient de Dice reste faible, ce qui suggère une mauvaise correspondance avec le masque de référence. Ainsi, la présence de régions non nodulaires dans le masque peut entraîner une détection inexacte des nodules.

Passons maintenant au sous-ensemble 3. Il a été choisi car Les nodules sont présents dans certaines images, mais pas dans toutes. Les résultats montrent une précision relativement faible, indiquant des faux positifs. L'accuracy globale est élevée, mais la sensibilité est faible, ce qui suggère que le modèle a du mal à détecter les nodules, même lorsqu'ils sont présents. Le coefficient de Dice est également faible, indiquant une faible correspondance avec le masque de référence. Ainsi, la présence partielle de nodules conduit à des performances mitigées du modèle de détection.

Enfin, examinons le sous-ensemble 4. Il présente une bonne visibilité du nodule et il est détecté dans toutes les images incluses. Les résultats montrent une précision relativement élevée, indiquant moins de faux positifs. L'accuracy globale est également élevée, suggérant une bonne prédiction globale. La sensibilité est raisonnable, indiquant que le modèle parvient à détecter les nodules. Le coefficient de Dice est également relativement élevé, montrant une meilleure correspondance avec le masque de référence. Ainsi, une visibilité adéquate du nodule conduit à de bons résultats de détection.

En somme, les performances variables du modèle sur les quatre tests, impliquant des images provenant de bases de données différentes, soulignent l'importance de tester et d'évaluer la capacité de généralisation du modèle à des situations nouvelles. La capacité du modèle à s'adapter à des données inconnues peut être un élément clé dans son utilité réelle et sa fiabilité dans des scénarios du monde réel.

VI. Conclusion :

Dans ce chapitre, nous avons commencé par décrire l'environnement de travail dans lequel nous avons développé notre application, en présentant des captures d'écran pour illustrer ses différentes fonctionnalités.

Ensuite, nous avons discuté des critères utilisés pour évaluer les résultats de la segmentation obtenus avec notre méthode. Parmi ces critères, nous avons mentionné l'Accuracy, le loss, le Dice Coefficient, les courbes ROC et les courbes Précision-Rappel. Nous avons ensuite procédé à l'évaluation de notre système en testant les résultats de notre modèle 3D pour la segmentation.

Les résultats obtenus nous ont permis de conclure que notre système de détection atteint une performance très satisfaisante dans la détection des nodules pulmonaires extrait d'une zone d'intérêt mais rencontre des problèmes à détecter les zones d'intérêt.

Conclusion générale

L'objet principal de notre travail est de réaliser un système de détection des nodules pulmonaires à partir d'un scanner 3D. Au cours de ce mémoire, Nous avons étudié et implémenté un nombre de méthodes pour aboutir à cet objectif.

Tout d'abord, nous avons collecté les données et compris leur nature et compris leur nature et comment nous pouvons les exploiter. Ensuite, nous avons procédé au prétraitement des données afin de conserver que les détails importants en utilisant les différentes techniques de traitement des images telles que le filtrage, les transformations, etc.

Ensuite, nous avons préparé les données pour qu'elles servent d'entrée à notre modèle de segmentation Vnet 3D afin de détecter et de segmenter uniquement les nodules. Ce modèle a été entraîné plusieurs fois jusqu'à ce qu'il atteigne le meilleur résultat possible après avoir ajusté de nombreux paramètres et techniques de régularisation.

Enfin, nous avons implémenté une interface graphique qui contient toutes les fonctionnalités suivantes avec des visualisations qui aident l'utilisateur à interagir avec et à comprendre les résultats souhaités. En général, notre système a donné des résultats intéressants (mentionnés dans le chapitre 3) et avons globalement atteint les objectifs fixés malgré les limitations du matériels et la disponibilité des données (Très peu de données), car la plupart des modèles d'apprentissage profond et des architectures nécessitent beaucoup de données et utilisent beaucoup de ressources, en particulier celles liées au domaine de la 3D. Le système peut être amélioré sur plusieurs aspects, nous suggérons de :

Améliorer la précision de la détection en augmentant le taux des données d'entrée La façon de le faire est de collaborer avec les cliniques algériennes pour nous fournir des ensembles de données précises si cela est possible.

-La possibilité de donner plus de détails sur le cancer détecté comme le type.

Bibliographie

1. *Le cancer du poumon: situation actuelle en matiere.* OMS. 1983.
2. Luna16 . *Grand Challenge.* [En ligne] <https://luna16.grand-challenge.org/>.
3. Hamilton, Booz Allen. Data Science Bowl 2017. *Kaggle.* [En ligne] <https://www.kaggle.com/c/data-science-bowl-2017>.
4. Morel, Nicole. Généralités sur le cancer. *Formation continue AS concérologie.* s.l. : CHU besançon, 2008. pp. 3,5.
5. Canadian Cancer Society. *What is the lung cancer.* [En ligne] mai 2020. <https://cancer.ca/en/cancer-information/cancer-types/lung/what-is-lung-cancer>.
6. Nassra, DR. Anatomie de l'appareil respiratoire . *Centre Hospitalier Carcassonne .* [En ligne] <https://www.ch-carcassonne.fr/imgfr/files/Anatomie%20cours%20Dr%20Nassra%282%29.pdf>.
7. Cancer du Poumon. *vidal.* [En ligne] <https://www.vidal.fr/maladies/cancers/cancer-poumon.html>.
8. Lung Disease & Respiratory Health Resource Center. *webmd.* [En ligne] <https://www.webmd.com/lung/default.htm>.
9. Lung cancer: Everything you need to know. *medicalnewstoday.* [En ligne] <https://www.medicalnewstoday.com/articles/323701#survival-rates>.
10. Denis, Fabrice. *"Cancer du poumon : Comprendre pour mieux prévenir et guérir.*
11. CT Lung Cancer Screening. *Cedars Sinai.* [Online] <https://www.cedars-sinai.org/programs/imaging-center/exams/ct-scans/lung.html>.
12. Grus, Joel. *Data Science from Scratch.* Sebastopol : O'Reilly Media, Inc., 2015. pp. 1-2.
13. S.Skeirna, Steven. *THE Data Science Design MANUEL.* s.l. : Springer, 2017. pp. 1-2.
14. Réseau de neurones – On va essayer de démystifier un peu tout ça (1) – Architecture neuronale. *aspexit.* [En ligne] <https://www.aspexit.com/reseau-de-neurones-on-va-essayer-de-demystifier-un-peu-tout-ca-1/>.
15. CNN Using Keras . *Kaggle.* [En ligne] <https://www.kaggle.com/code/hudasaleh1/cnn-using-keras>.
16. CNN | Introduction to pooling layer. *geeksforgeeks.* [En ligne] <https://www.geeksforgeeks.org/cnn-introduction-to-pooling-layer/>.
17. A Comprehensive Guide to Convolutional Neural Networks — the ELI5 way. *SaturnCloud.* [En ligne] <https://saturncloud.io/blog/a-comprehensive-guide-to-convolutional-neural-networks-the-eli5-way/>.
18. Wentao Zhu, al. *DeepEM: Deep 3D ConvNets With EM For.* 2018.

19. Yuemeng Li, Yong Fan. *DeepSEED: 3D Squeeze-and-Excitation Encoder-Decoder Convolutional Neural Networks for*. 2019.
20. Data from The Lung Image Database Consortium (LIDC) and Image Database Resource Initiative (IDRI): A completed reference database of lung nodules on CT scans (LIDC-IDRI). *Cancer Imaging Archive*. [En ligne] <https://wiki.cancerimagingarchive.net/pages/viewpage.action?pageId=1966254>.
21. Wentao Zhu, Chaochun Liu, Wei Fan, Xiaohui Xie. *DeepLung: Deep 3D Dual Path Nets for Automated Pulmonary Nodule Detection and Classification*. 2018.
22. BOUABID RYM, JEDDOU MONTASSAR, TRIKI GHAYLEN, BEN SALAH MEHDI ISMAIL. *Détection des nodules pulmonaires en utilisant UNET*.
23. SimpleITK. *pypi*. [En ligne] <https://pypi.org/project/SimpleITK/>.
24. Rouse, Margaret. Python. *techopedia*. [En ligne] 27 juillet 2022. <https://www.techopedia.com/definition/3533/python>.
25. kulhary, ramswarup. OpenCV-Overview. *geeksforgeeks*. [En ligne] Aout 2021. <https://www.geeksforgeeks.org/opencv-overview/>.
26. tensorflow. *tensorflow*. [En ligne] <https://www.tensorflow.org/overview?hl=fr>.
27. What is Keras and Why it so Popular in 2021. *simplilearn*. [En ligne] 1 avril 2023. <https://www.simplilearn.com/tutorials/deep-learning-tutorial/what-is-keras>.
28. Scikit Learn. *tutorialpoint*. [En ligne] https://www.tutorialspoint.com/scikit_learn/scikit_learn_introduction.htm.
29. PyQt Tutorial. *tutorialspoint*. [En ligne] <https://www.tutorialspoint.com/pyqt/>.
30. MICORSOFT. Documentation for visual studio code. *Visual Studio Code* . [En ligne] avril 2023. <https://code.visualstudio.com/docs>.
31. *A Survey on Deep Learning in Medical Image Analysis*. Geert Litjens, al. 26 juillet 2017, Medical Image Analysis, pp. 60,88.
32. *Validation, comparison, and combination of algorithms for automatic*. Arnaud Arindra Adiyoso Setioa, al. 13 juillet 2017, Medical Image Analysis, pp. 1,13.
33. Tiu, Ekin. Metrics to Evaluate your Semantic Segmentation Model. *towardsdatascienc*. [En ligne] 10 Aout 2019. <https://towardsdatascience.com/metrics-to-evaluate-your-semantic-segmentation-model-6bcb99639aa2>.
34. Steen, Doug. Precision-Recall Curves. *medium*. [En ligne] 20 septembre 2020. <https://medium.com/@douglassteen/precision-recall-curves-d32e5b290248>.
35. Batista, David S. Evaluation Metrics, ROC-Curves and imbalanced datasets. *David S Batista* . [En ligne] https://www.davidsbatista.net/blog/2018/08/19/NLP_Metrics/.
36. Baja, Aayush. Performance Metrics un Maching Learning . *neptune.ai*. [En ligne] <https://neptune.ai/blog/performance-metrics-in-machine-learning-complete-guide>.
37. Les poumons. *Société canadienne du cancer*. [En ligne] mai 2020. <https://cancer.ca/fr/cancer-information/cancer-types/lung/what-is-lung-cancer/the-lungs>.

38. Reconnaître une opacité pulmonaire chez l'enfant et l'adulte. *Société d'imagerie Thoracique*. [En ligne] <https://www.sit-radiologie.fr/juniors-0/2eme-cycle-fiche-lisa/reconnaître-une-opacité-pulmonaire-chez-l'enfant-et-l'adulte>.
39. Computed Tomography (CT). *U.S FOOD & DRUG*. [En ligne] 1 mai 2023. <https://www.fda.gov/radiation-emitting-products/medical-x-ray-imaging/computed-tomography-ct>.
40. [En ligne] <https://commons.wikimedia.org/wiki/File:AI-ML-DL.png>.
41. Fig 1 - available via license: Creative Commons Attribution-NonCommercial-NoDerivatives 4.0 International. *ResearchGate*. [En ligne] https://www.researchgate.net/figure/The-overall-architecture-of-the-proposed-3D-AGSE-VNet_fig1_353478396.
42. *Nearest Neighbour Analysis Formula*.