UNIVERSITÉ DU QUÉBEC EN OUTAOUAIS **DÉPARTEMENT D'INFORMATIQUE ET D'INGÉNIERIE**



PROJET DE SESSION

Apprentissage semi-supervisé pour la classification d'images médicales

Par : Yannick Dinel, Mohamed Douaré et Komlan Messan Sessofia

Dans le cadre du cours :

INF6243 - Techniques d'apprentissage

Session: Automne 2019

Travail présenté à

Prof. Allili Mohand Said

Table des matières

Ta	ble d	es figures	ii
Li	ste de	es tableaux	ii
1	Intr	oduction	1
2	État	t de l'art	1
	2.1	L'apprentissage profond	1
		2.1.1 ResNet	2
	2.2	L'apprentissage semi-supervisé	2
	2.3	L'ACP et les MVS	3
3	Mét	hodologie	4
	3.1	ChestX-ray14	4
	3.2	Modèle ResNet pour l'apprentissage par transfert	4
	3.3	L'apprentissage semi-supervisé	5
		3.3.1 L'ACP et les MVS	5
		3.3.2 L'Auto-apprentissage	5
4	Exp	érimentation et interprétations	6
	4.1	L'ACP et les MVS	8
		4.1.1 MVS avec l'auto-apprentissage	9
	4.2	ResNet et AlexNet	10
	4.3	Tableau Récapitulatif	16
5	Con	clusion	17
Ré	éféren	aces	18

Table des figures

1	Images de la base de données ChestX–ray14	6
2	Les cinq premières composantes principales extraites des données	8
3	La reconstruction des images avec l'ACP où on voit, respectivement par rangée, les	
	images d'origine, les images reconstruites centrées et les images reconstruites où l'image	
	moyenne (fig. 4) a été ajoutée	8
4	L'image moyenne de la base de données	9
5	Matrice de Confusion avec AlexNet	12
6	Matrice de Confusion avec ResNet18	13
7	Matrice de Confusion avec ResNet50	14
8	Matrice de Confusion avec ResNet101	15
Liste	des tableaux	
1	Fichier satellite de la base de données ChestX–ray14	7
2	Contenu de la table après la séparation des labels	7
3	Indicateurs de données d'entraînement	7
4	Les 5 premières composantes de l'ACP pour 10 images	9
5	Résultats de différentes méthodes d'apprentissage machine avec MVS	10
6	Score AUC des différents modèles	11
7	Résultats de la moyenne des AUC des différents modèles pour la classification multi-labels	11
8	Tableau comparatif (Score AUC)	

1 Introduction

Dans le domaine de l'imagerie médicale, il peut être difficile pour un médecin d'identifier les différentes maladies dont peut souffrir un patient à partir des images à rayons X. Nous avons alors recours à l'apprentissage machine pour générer des modèles de prédiction, facilitant la tâche de diagnostic des médecins.

Les avancées récentes sur la classification d'images avec l'apprentissage machine nous permettent de classifier avec une bonne précision les images médicales telles que les images à rayon X, les images de plaies, les résultats d'IRM (Imagerie à Résonance Magnétique), etc. Toutefois, due à la nature du monde médical, l'accessibilité aux données pré-classées reste limitée.

Bien que des bases de données ouvertes telles que le « ChestX–ray14 »[16] existent, il faut envisager des méthodes d'apprentissage automatique et d'apprentissage semi-supervisé. En utilisant ces techniques, il serait alors possible de générer automatiquement des données classées pour l'entraînement d'un modèle d'apprentissage machine.

Dans [13], SHEN et SONG explorent une méthode de classement supervisé utilisant les réseaux de neurones profonds complimentée d'un algorithme semi-supervisé basé sur l'analyse des composantes principales (ACP) et les machines à vecteurs de support (MVS). Le but de ce rapport est d'explorer, répliquer et de développer sur les résultats dans le travail de SHEN et SONG.

2 État de l'art

Cette section explore les avancées dans les domaines de l'apprentissage profond et de l'apprentissage semi-supervisé, offrant une revue de la littérature.

2.1 L'apprentissage profond

L'apprentissage profond est une classe d'apprentissage dérivée de l'apprentissage machine basée sur les réseaux de neurones artificiels. Elle utilise plusieurs couches de traitement pour l'extraction et la transformation des caractéristiques.

Le monde de l'apprentissage automatique a été bouleversé par l'apparition de l'apprentissage profond. Ce dernier a permis des progrès importants et rapides dans les domaines de l'imagerie médicale, la reconnaissance faciale ainsi que la reconnaissance vocale.

Dans les travaux de GRENS[4], un nouveau programme développé avec l'apprentissage profond a permis l'analyse cellulaire sans étiquetage. L'apprentissage automatique a permis à COUDRAY et al.[3] d'effectuer la classification et la prévision des mutations à partir d'images d'histopathologie du cancer du poumon.

Dans un article par SRIVASTAVA et al.[14], l'apprentissage profond a été utilisé pour la détection de maladies dans les images de biopsie gastro-intestinale, ce qui a permis de détecter les caractéristiques distinctives dans les tissus affectés par les entéropathies.

Ces différents articles montrent les avantages de l'utilisation de l'apprentissage profond dans le domaine de l'imagerie de diagnostic médical. Ceci s'explique d'une part par la réduction des délais de diagnostic et d'autres part, par l'amélioration des taux de précision par rapport à d'autres techniques d'analyse.

2.1.1 ResNet

ResNet, abréviation de « Residual Networks », est un réseau de neurones de convolution formé sur plus d'un million d'images de la base de données ImageNet. Ce réseau a appris des représentations de fonctions riches pour une large gamme d'images. La percée fondamentale avec ResNet a été de permettre de former avec succès des réseaux neuronaux extrêmement profonds avec plus de 150 couches.

ResNet peut être utilisé comme point de départ pour apprendre une nouvelle tâche dans les applications d'apprentissage profond, une technique nommée l'apprentissage par transfert. Le réglage fin de ResNet avec apprentissage par transfert est généralement beaucoup plus rapide et plus facile que la formation d'un nouveau réseau. Les fonctionnalités apprises peuvent rapidement être transférées vers une nouvelle tâche à l'aide d'un plus petit nombre d'images d'entraînement.

2.2 L'apprentissage semi-supervisé

L'apprentissage semi-supervisé est un type d'apprentissage qui se trouve à mi-chemin entre l'apprentissage supervisé et l'apprentissage non-supervisé. L'apprentissage commence avec un petit nombre de données étiquetées et génère des étiquettes à partir des données non-étiquetées. L'hypothèse se base sur le fait que pour un ensemble d'observations, seul une petite partie se trouve à être étiquetée. Dans l'article de ZEMMAL et al.[17], on observe, avec l'utilisation de techniques de l'apprentissage semi-supervisé,

une amélioration des performances par rapport à l'apprentissage supervisé.

L'apprentissage semi-supervisé est utile dans les situations où il y a un manque de données étiquetées, ce qui est le cas dans le domaine médical. Dans les travaux de JAFARI et al.[7], l'apprentissage semi-supervisée a été utilisé dans une étape clé de l'évaluation de la fonctionnalité cardiaque, étant la segmentation du ventricule gauche, ceci à l'aide de modèles génératifs profonds conditionnels. Dans un article de LI et al.[9], l'utilisation de l'apprentissage semi-supervisée a permis d'atteindre une précision de 88,8% sur des données de test pour la classification de la gastrite à l'aide d'images radiologiques gastriques malgré le petit nombre de données étiquetées disponibles.

Plusieurs techniques ont été développées utilisant l'apprentissage semi-supervisé. On retrouve notamment le modèle génératif [6], l'auto-apprentissage [11], les MVS transductives, la régularisation de l'entropie et les modèles basés sur des graphes.

2.3 L'ACP et les MVS

Dans la littérature, la combinaison de l'analyse des composantes principales avec les machines à vecteurs de support est un concept qui se montre prometteur.

Dans un article par SHAHBAKHTI, TAHERIFAR et ZAREEI[12], l'ACP est utilisée pour extraire des composantes à partir d'une base de données de prononciations ensuite classifiées avec un algorithme MVS, le but étant d'identifier les patients atteints de la maladie de Parkinson à partir de leurs vocalisations. Il y est rapporté un taux de précision de 91.5% en utilisant cette méthode.

Dans un travail par ALAM et al.[1], l'ACP combinée aux MVS est utilisée pour identifier des patients atteint de la maladie d'Alzheimer. L'ACP permet d'effectuer l'extraction de composantes depuis une base de données de résultats d'IRM sur le cerveau de patients avec différents degrés de sévérité de la maladie, incluant des cas normaux. Des taux de précision de 83.33% et 84.17% sont rapportés selon la fonction noyau utilisée dans l'algorithme MVS.

Finalement, dans un article par KAVITHA et al.[8], l'ACP est utilisée comme méthode de réduction de la dimensionalité d'une base de données d'expressions génétiques. Les MVS sont utilisées sur les données réduites afin d'identifier les profils génétiques susceptibles de développer un cancer. L'article démontre que les MVS seuls ne fonctionnent pas sur les données à grande dimensionalité, montrant un taux de précision de 48.61%. Combiné avec l'ACP, le taux augmente à 96.44%.

Ces articles montrent une certaine faiblesse des MVS où les données à grande dimensionalité

s'adaptent mal à ce type d'algorithme d'apprentissage machine. L'ACP permet de réduire le nombre de composantes des données d'apprentissage, améliorant grandement la capacité de généralisation des MVS. Les données dans « ChestX–ray14 », étant des images, présentent nécessairement une grande dimensionalité avant le prétraitement, considérant que chaque pixel représente une composante individuelle. L'utilisation de l'ACP comme méthode de réduction de la dimensionalité devrait améliorer les capacités de traitement et les taux de précisions lors du classement des données.

3 Méthodologie

3.1 ChestX-ray14

La radiographie pulmonaire, étant l'un des examens radiologiques les plus couramment disponible pour le diagnostic des maladies pulmonaires, offre une base de données très large. Ainsi, la base de données utilisée dans ce projet est le « ChestX–ray14 ». Elle représente, de nos jours, la plus grande base de données de radiographie thoracique [5] contenant 112120 images radiologiques en vue frontale de 30805 patients uniques portant les étiquettes de quatorze images de maladie minées avec texte (où chaque image peut avoir plusieurs étiquettes).

Dans le travail de SHEN et SONG[13], 70% des images, choisies de manière aléatoire ont servi à la phase d'entraînement, 10% à la phase de validation et 20% à la phase de test.

3.2 Modèle ResNet pour l'apprentissage par transfert

Afin de classer rapidement les données, l'apprentissage par transfert est utilisé pour récycler le réseau neuronal convolutif ResNet. Les modèles ResNet-18 et ResNet-50, inspirés de [13], ont été choisis.

En effet, ces réseaux pré-entraînés à partir de la base de données de plus d'un million d'images annotées de ImageNet sont utilisés avec l'idée d'apprentissage par transfert. Les trois dernières couches de chaque réseau pré-formées, qui sont configurées pour 1000 classes, sont affinées pour le nouveau problème de classification. Elles sont remplacées par une couche entièrement connectée, une couche « softmax » et une couche de sortie de classification. Les autres couches sont toutes transférées vers la nouvelle tâche de classification.

Chaque réseau composé des couches transférées et des nouvelles couches est ensuite entraîné et testé. Le dataset est organisé en une banque de données d'images classée par étiquette.

3.3 L'apprentissage semi-supervisé

3.3.1 L'ACP et les MVS

Dans la base de données « ChestX–ray14 », les images sont enregistrées sous un format de 1024 par 1024 pixels, ce qui représente une dimensionalité de plus d'un million de composantes. Pour améliorer la capacité de généralisation et la performance des MVS, il est nécessaire de réduire le nombre de composantes.

Dans le travail de SHEN et SONG[13], les images sont tout d'abord réduites à un huitième de leur taille d'origine (128 par 128 pixels) pour un total de 16384 composantes, par la suite réduites davantage à l'aide de l'ACP. Des vecteurs de composantes d'une longueur variant entre 20 et 5000 sont retenus, offrant différents degrés de précision une fois traités par les MVS. En effet, un trop petit nombre de composantes ne permet pas aux MVS de bien séparer les données.

Ce travail discute aussi de l'importance de choisir un bon nombre initial de données classées pour l'apprentissage semi-supervisé. Pour une base de données de 22424 images, un nombre de 2000 données pré-classés avec 2000 composantes de l'ACP offrent la meilleure performance.

Dans la section sur l'expérimentation, il sera question de répliquer et interpréter ces résultats.

3.3.2 L'Auto-apprentissage

Le processus adopté par SHEN et SONG[13] consiste à choisir m_0 étiquettes d'entraînement pour mettre en oeuvre un réseau ResNet et en déterminer un score de confiance S pour les échantillons non étiquetés. Ensuite, sélectionner c échantillons non étiquetés avec les mesures de confiance les plus élevées, notées S_c , et les ajouter à l'ensemble d'entraînement étiqueté avec leurs étiquettes prédites. Ce processus d'apprentissage se poursuit de manière séquentielle au fur et à mesure que le jeu d'étiquettes s'agrandit progressivement, d'où l'auto-apprentissage. L'algorithme de cette approche est présenté a l'algorithme 1.

```
\begin{split} & \text{Initialisation}: X_{label} := X_0; Y_{label} := Y_0; \alpha; c; \\ & \textbf{while} \ iteration \ \textbf{do} \\ & \quad (Y_{predict}, S_{predict}) := ResNet(X_{label}, Y_{label}, \alpha); \\ & \quad (X_c, Y_c, S_c) := findmaxc(S_{predict}); \\ & \quad X_{label} := X_{label} \cup X_c, Y_{label} := Y_{label} \cup Y_c \\ & \textbf{end} \end{split}
```

Algorithme 1: Algorithme d'auto-apprentissage avec ResNet

L'un des paramètres les plus importants, en plus du taux d'apprentissage α , est le paramètre de sélection c, c'est-à-dire le nombre d'étiquettes prédites ajoutées au jeu d'étiquettes d'apprentissage défini à chaque tour.

Après avoir examiné les performances de la méthode d'auto-apprentissage avec c compris dans $\{1,2,3,4,5\}$ et un $\alpha=0.01$, SHEN et SONG[13] ont remarqués que les valeurs 3 et 4 de c donnaient les meilleures performances. Ils en déduisent, suite à plusieurs comparaisons, que l'auto-apprentissage peut être appliqué pour améliorer les performances de classification.

Après avoir appliqué le processus adopté par SHEN et SONG[13], un algorithme d'auto-apprentissage sur les MVS est aussi appliqué pour avoir une comparaison des performances du modèle.

Les résultats de ces expérimentations sont présentés et détaillés dans la section sur les expérimentations et les interprétations.

4 Expérimentation et interprétations

Pour la phase d'expérimentation, la plateforme Matlab[10] a été utilisée. Matlab comporte plusieurs fonctionnalités d'apprentissage machine, facilitant le traitement des données.

Pour commencer, un échantillon aléatoire de 20% de la base de données « ChestX–ray14 » est extrait. Cet échantillon comporte alors 22424 images d'une taille de 1024x1024 pixels chacune. Un exemple des images contenues dans cette base de données est visible à la figure 1.



FIGURE 1 – Images de la base de données ChestX–ray14

Pour réduire les temps d'exécution et améliorer la capacité de généralisation des algorithmes, les images sont réduites à une taille de 128x128 pixels. Cette réduction est d'un facteur de $\frac{1}{64}$, amenant la taille d'orgine de l'ensemble de données de plus de 8 GO à une taille de moins de 250 MO.

La base de données « ChestX–ray14 » comporte un fichier satellite sous format .csv, offrant différentes informations sur les noms des images contenues dans la base de données ainsi que divers informations sur les patients. Un exemple des quelques premières lignes de ce fichier est disponible à la

table 1. Pour l'expérimentation, seules les colonnes « Image Index » et « Finding Labels » sont considérées comme étant pertinentes.

TABLE 1 – Fichier satellite de la base de données ChestX–ray14

Image Index	Finding Labels	Follow-up #	Patient ID	Patient Age	Patient Gender	View Position	Orig Width	Orig Height	Orig X	Orig Y
00000001_000.png	Cardiomegaly	0	1	58	M	PA	2682	2749	0.143	0.143
00000001_001.png	CardiomegalylEmphysema	1	1	58	M	PA	2894	2729	0.143	0.143
00000001_002.png	CardiomegalylEffusion	2	1	58	M	PA	2500	2048	0.168	0.168
00000002_000.png	No Finding	0	2	81	M	PA	2500	2048	0.171	0.171
00000003_000.png	Hernia	0	3	81	F	PA	2582	2991	0.143	0.143
00000003_001.png	Hernia	1	3	74	F	PA	2500	2048	0.168	0.168
00000003_002.png	Hernia	2	3	75	F	PA	2048	2500	0.168	0.168
00000003_003.png	HernialInfiltration	3	3	76	F	PA	2698	2991	0.143	0.143
00000003_004.png	Hernia	4	3	77	F	PA	2500	2048	0.168	0.168

Le contenu de la table 1 est chargé pour les 22424 images sélectionnées de la base de données « ChestX–ray14 ». Le traitement de chaque label se fait de manière indépendante, alors tous les labels sont divisés en plusieurs colonnes de valeurs booléennes, une pour chaque label. Ces colonnes constituent les classes des données. Un exemple de cette séparation est visible à la table 2. Lors de l'application de l'apprentissage machine pour un label donné, il sera alors possible d'utiliser la colonne correspondante en tant que classes pour le modèle.

TABLE 2 – Contenu de la table après la séparation des labels

ImageName	Atelectasis	Cardiomegaly	Effusion	Infiltration	Mass	Nodule	Pneumonia	Pneumothorax	Consolidation	Edema	Emphysema	Fibrosis	Pleural_Thickening	Hernia
00000003_000.png	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
00000003_003.png	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1
00000005_005.png	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
00000005_006.png	0	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
00000006_000.png	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
00000011_000.png	0	0	1	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
00000013_000.png	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0
00000013_004.png	0	0	1	1	0	0	0	1	0	0	1	0	0	0
00000013_008.png	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0	0

Pour la sélection du sous-ensemble d'entraînement et du sous-ensemble de test, le fichier satellite « train_val_list.txt » est utilisé. Ce fichier contient une liste de noms d'images à être utilisés pour l'entraînement. Un indicateur est activé pour chaque image apparaissant dans ce fichier comme visible à la table 3.

TABLE 3 – Indicateurs de données d'entraînement

Image Name	00000003_000.png	00000003_003.png	00000005_005.png	00000005_006.png	00000006_000.png
Is Training?	0	0	1	1	1

4.1 L'ACP et les MVS

Pour l'expérimentation avec l'ACP et les MVS, les images sont traitées avec l'ACP pour obtenir les 2500 composantes principales, offrant une réduction de dimensionalité importante par rapport aux 16384 dimensions d'origine, soit une dimension pour chaque pixel des images. La figure 2 affiche les cinq premières composantes principales extraites de ces images.

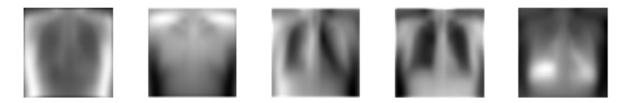


FIGURE 2 – Les cinq premières composantes principales extraites des données

Pour chaque image, les 2500 coefficients qui permettent de reconstruire les images originales sont conservés. À la figure 3, on peut voir le résultat de la reconstruction des images avec ces coefficients. Un exemple de ces coefficients est visible à la table 4.

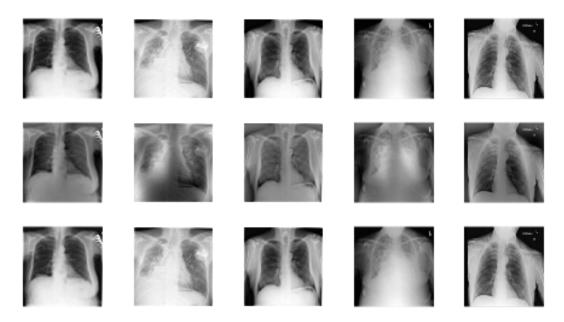


FIGURE 3 – La reconstruction des images avec l'ACP où on voit, respectivement par rangée, les images d'origine, les images reconstruites centrées et les images reconstruites où l'image moyenne (fig. 4) a été ajoutée

Une fois la réduction de la dimensionalité appliquée sur les données, un algorithme MVS simple est lancé sur ces dimensions pour tester leur performance. Pour chaque label, un sous-ensemble équilibré à 50/50 de cas positifs et négatifs est sélectionné, séparé en un ensemble d'entraînement et un ensemble



FIGURE 4 – L'image moyenne de la base de données

TABLE 4 – Les 5 premières composantes de l'ACP pour 10 images

Image Name	PCA 1	PCA 2	PCA 3	PCA 4	PCA 5
00000003_000.png	-0.308268896	-2.716056892	7.898211532	3.634637092	5.725654689
00000003_003.png	8.681626667	-7.589452997	-3.109962297	8.152988611	0.947534236
00000005_005.png	-0.676242269	1.515710151	1.425052693	10.73104019	-1.249139924
00000005_006.png	-21.64602411	2.027377084	2.503360743	4.687623287	1.507852001
00000006_000.png	22.96694686	11.92031834	5.594823802	3.477983054	4.840454049
00000011_000.png	0.291245185	-7.603584318	1.477361866	7.358158235	-0.824256434
00000013_000.png	-4.148145166	4.103808086	2.724331098	-8.773552247	-11.9656477
00000013_004.png	-8.036675215	1.296364197	11.02302354	-8.023839946	-8.130647294
00000013_008.png	0.296202411	8.080303273	6.108532623	-6.99894724	3.619861729
00000013_014.png	-6.324934832	4.590469815	3.58405275	-9.422691232	-7.477662466

de test selon la variable « IsTrain » définie plus tôt. Quelques résultats sont visibles à la table 5 avec la méthode « PCASVM ». Malgré plusieurs essais avec les différents paramètres pour l'algorithme MVS, les résultats obtenus sur les données traitées avec l'ACP restent sous-optimaux.

En effet, les scores AUC (« Area Under Curve ») sont tous près de 0.5, indiquant que les MVS n'arrivent pas à effectuer la séparation des données après avoir été traitées avec l'ACP et appliquent les étiquettes de façon aléatoire. Ceci est intéressant considérant le minimum de succès démontré avec cette méthode dans le travail de SHEN et SONG. Toutefois, sans l'implémentation exacte ayant été employé, il est difficile de reproduire exactement leurs résultats.

4.1.1 MVS avec l'auto-apprentissage

Malgré l'échec des MVS simples sur les 2500 dimensions obtenues de l'ACP, il a quand même été pris en charge d'implémenter l'algorithme d'auto-apprentissage avec MVS. L'algorithme implémenté est très similaire à celui de l'algorithme 1, seulement adapté avec les MVS. Cette algorithme est visible à

l'algorithme 2.

```
Initialisation : X_{label} := X_0; Y_{label} := Y_0; c;
while iteration do
(Y_{predict}, S_{predict}) := fitSVM(X_{label}, Y_{label});
(X_c, Y_c, S_c) := findmaxc(S_{predict});
X_{label} := X_{label} \cup X_c, Y_{label} := Y_{label} \cup Y_c
```

Algorithme 2: Algorithme d'auto-apprentissage avec SVM

Le code s'exécute assez lentement, prenant environ une heure pour exécuter un seul label. Un c de 500 a été utilisé pour garder le temps d'exécution à un niveau raisonnable. Les résultats d'entraînement et de test sont visibles à la table 5 sous les méthodes « PCASVM AA (Train) » et « PCASVM AA (Test) ». On observe dans ces résultats des scores AUC très faibles où, bien que les MVS entraînés arrivent à classer correctement des données utilisées pour l'entraînement, les modèles ne se généralisent pas sur les données de test. Les scores AUC reste près de 0.5, signifiant, encore une fois, une classification aléatoire.

Label	Méthode	VN	VP	FN	FP	Précision	Rappel	F_Score	Erreur	AUC
Atelectasis	PCASVM	397	183	476	125	59.42%	27.77%	37.85%	50.89%	0.5103
Atelectasis	PCASVM AA (Train)	8489	1263	388	7060	15.17%	76.50%	25.33%	43.30%	0.6583
Atelectasis	PCASVM AA (Test)	2257	345	314	2308	13.00%	52.35%	20.83%	50.19%	0.5076
Infiltration	PCASVM	842	4	1246	1	80.00%	0.32%	0.64%	59.58%	0.5364
Infiltration	PCASVM AA (Train)	8095	2064	624	6417	24.34%	76.79%	36.96%	40.94%	0.6446
Infiltration	PCASVM AA (Test)	1777	696	554	2197	24.06%	55.68%	33.60%	52.66%	0.5024
Mass	PCASVM	202	102	270	71	58.96%	27.42%	37.43%	52.87%	0.5188
Mass	PCASVM AA (Train)	6926	679	146	9449	6.70%	82.30%	12.40%	55.78%	0.6595
Mass	PCASVM AA (Test)	1705	222	150	3147	6.59%	59.68%	11.87%	63.11%	0.4713

TABLE 5 – Résultats de différentes méthodes d'apprentissage machine avec MVS

Il faut donc en conclure que les MVS avec l'ACP s'adaptent très mal à l'analyse d'images médicales. Toutefois, les réseaux de neurones pourraient se montrer plus prometteurs.

4.2 ResNet et AlexNet

De l'expérimentation avec les deux réseaux pre-entraîné Resnet18 et Resnet50, une nette amélioration a été observée.

Pour effectuer cette dernière, 100 images de chaque label (au total 14 labels) ont été considérées. L'ensemble de 1400 images (soit 1,25% du dataset) a ensuite été reparti comme suit : 72% pour l'entraî-

nement, 8% pour la validation et 20% pour le test.

En plus d'expérimenter avec ResNet18 et ResNet50, AlexNet et ResNet101 ont été utilisés pour obtenir davantage de données de performance de classification pour la comparaison. Ces comparaisons sont visibles à la table 6, affichant les scores AUC des différentes méthodes, ainsi qu'à la table 7, comparant les moyennes AUC avec le travail de SHEN et SONG.

TABLE 6 – Score AUC des différents modèles

		A	AUC Article [13]			
Label	AlexNet	ResNet18	ResNet50	ResNet101	ResNet18-A	ResNet50-A
Atelectasis	0.77058	0.57808	0.65615	0.65058	0.7273	0.7084
Cardiomegaly	0.55577	0.71	0.65865	0.78481	0.7501	0.7334
Consolidation	0.68654	0.59808	0.50673	0.66596	0.7699	0.7598
Edema	0.77346	0.82308	0.83615	0.83	0.8573	0.8559
Effusion	0.79731	0.86404	0.86808	0.87692	0.8104	0.8118
Emphysema	0.65173	0.69077	0.74192	0.73058	0.7570	0.7789
Fibrosis	0.73885	0.71538	0.78673	0.79712	0.7263	0.7285
Hernia	0.88327	0.85019	0.89788	0.76904	0.8179	0.8145
Infiltration	0.70154	0.61385	0.71135	0.54654	0.6593	0.6500
Mass	0.62635	0.62538	0.64558	0.69769	0.6758	0.6729
Nodule	0.65788	0.68288	0.75692	0.69	0.6511	0.6386
Pleural_Thickening	0.68385	0.64404	0.69904	0.65769	0.6971	0.6982
Pneumonia	0.65	0.63981	0.68038	0.62712	0.6792	0.6711
Pneumothorax	0.80769	0.83596	0.82865	0.83096	0.7803	0.7735

TABLE 7 – Résultats de la moyenne des AUC des différents modèles pour la classification multi-labels

Modèle	Moyenne AUC	Moyenne AUC article [13]				
ResNet18	0,70511	0.7015				
ResNet50	0,73387	0.7052				
ResNet101	0,72536	Non expérimenté				
AlexNet	0,7132	Non expérimenté				

D'après les résultats présentés dans le tableau 6, les performances sont proches ou parfois même supérieures à celles observées dans l'article. La différence entre ces valeurs peut s'expliquer par la différence entre le nombre de données utilisées durant cette étude et le travail de SHEN et SONG. La durée d'exécution est nettement différente et augmente avec le nombre de couches contenues dans le réseau.

Les matrices de confusion générées par les différents modèles sont présentées dans les figures 5, 6, 7 et 8.

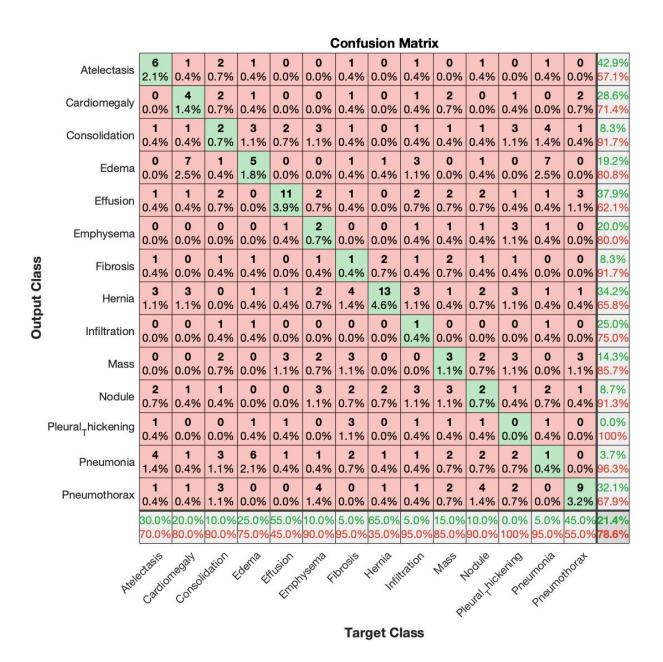


FIGURE 5 – Matrice de Confusion avec AlexNet

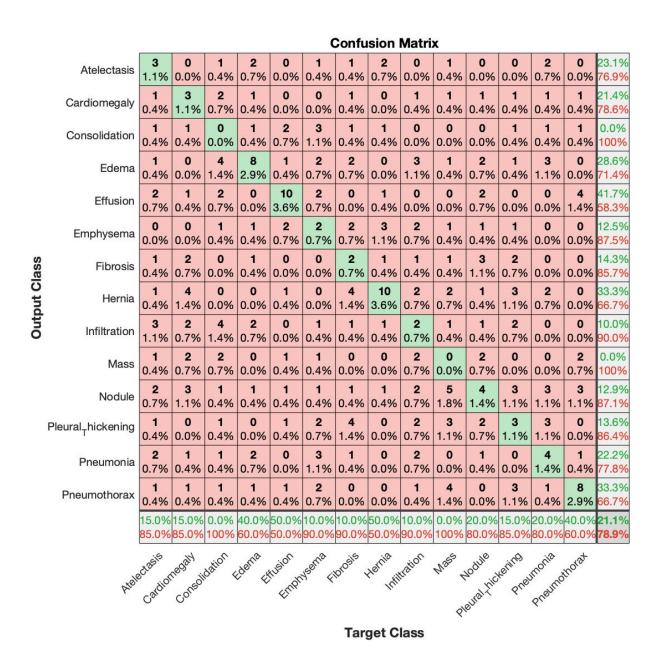


FIGURE 6 - Matrice de Confusion avec ResNet18

FIGURE 7 – Matrice de Confusion avec ResNet50

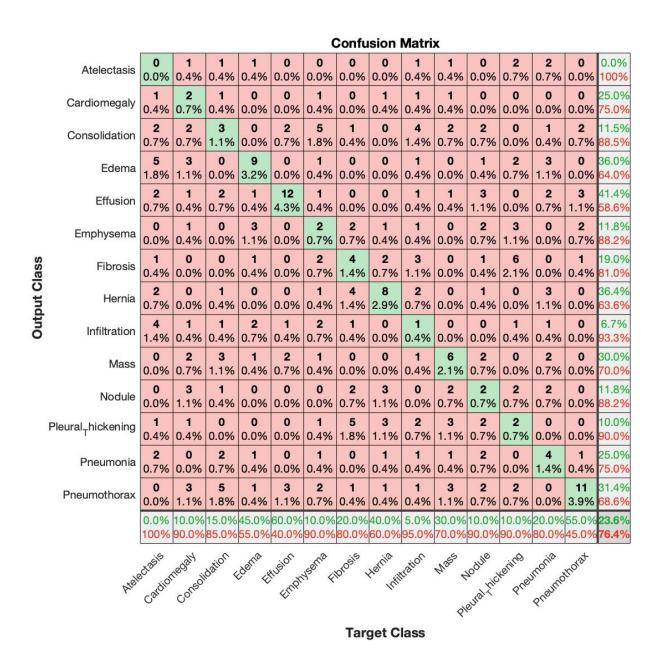


FIGURE 8 - Matrice de Confusion avec ResNet101

4.3 Tableau Récapitulatif

Le tableau 8 présente un récapitulatif des différents résultats obtenus selon l'approche adoptée. À noter que l'indicateur _AA signifie que la méthode utilisée emploie l'auto-apprentissage. Pour la partie PCASVM, les algorithmes ont été exécutés avec le même ensemble de données que celui utilisé avec les méthodes ResNet et AlexNet et 1000 composantes de l'ACP ont été conservées.

TABLE 8 – Tableau comparatif (Score AUC)

				AUC		
Label	AlexNet	ResNet18	ResNet50	ResNet101	PCASVM	PCASVM_AA
Atelectasis	0.77058	0.57808	0.65615	0.65058	0.47022	0.41841
Cardiomegaly	0.55577	0.71	0.65865	0.78481	0.42254	0.56123
Consolidation	0.68654	0.59808	0.50673	0.66596	0.56802	0.42901
Edema	0.77346	0.82308	0.83615	0.83	0.59592	0.52921
Effusion	0.79731	0.86404	0.86808	0.87692	0.44355	0.45682
Emphysema	0.65173	0.69077	0.74192	0.73058	0.42752	0.48702
Fibrosis	0.73885	0.71538	0.78673	0.79712	0.47758	0.52872
Hernia	0.88327	0.85019	0.89788	0.76904	0.55754	0.5226
Infiltration	0.70154	0.61385	0.71135	0.54654	0.58915	0.51499
Mass	0.62635	0.62538	0.64558	0.69769	0.60374	0.58364
Nodule	0.65788	0.68288	0.75692	0.69	0.53424	0.45889
Pleural_Thickening	0.68385	0.64404	0.69904	0.65769	0.45059	0.57217
Pneumonia	0.65	0.63981	0.68038	0.62712	0.41731	0.51223
Pneumothorax	0.80769	0.83596	0.82865	0.83096	0.60082	0.48901

5 Conclusion

Dans ce projet, nous avons étudié le problème de la classification d'images multi-étiquettes basée sur le jeu de données d'images radiographiques « ChestXray14 », traité par SHEN et SONG[13].

Nous avons premièrement étudié une approche basée sur ACP-MVS, en adoptant par la suite l'autoapprentissage. Deuxièmement, nous avons analysé les performances de classification avec les modèles pré-entraînés ResNet (18,50 et 101) et AlexNet en adoptant un apprentissage par transfert.

Les résultats présentés nous permettent de conclure que l'approche basée sur les réseaux de neurones est plus prometteuse pour la classification d'images médicales multi-label. Toutefois, la quantité d'images utilisée pour entraîner les modèles ResNet et AlexNet était relativement peu volumineuse. Il faudrait considérer dans les travaux futurs d'utiliser la totalité de la base de données « ChestX-ray14 » pour obtenir les meilleurs résultats possibles.

Références

- [1] S. ALAM et al. « Performance of classification based on PCA, linear SVM, and Multi-kernel SVM ». Dans: 2016 Eighth International Conference on Ubiquitous and Future Networks (ICUFN). Juil. 2016, p. 987-989. DOI: 10.1109/ICUFN.2016.7536945.
- [2] Afshine AMIDI et Shervine AMIDI. The evolution of image classification explained. Oct. 2017. URL: https://stanford.edu/~shervine/blog/evolution-image-classification-explained#densenet (visité le 15/11/2019).
- [3] Nicolas COUDRAY et al. « Classification and mutation prediction from non–small cell lung cancer histopathology images using deep learning ». Dans: *Nature Medicine* 24.10 (sept. 2018), p. 1559-1567. DOI: 10.1038/s41591-018-0177-5. URL: https://doi.org/10.1038/s41591-018-0177-5.
- [4] Kerry GRENS. « Deep Learning Allows for Cell Analysis Without Labeling ». Dans: the scientist (2018). URL: https://www.the-scientist.com/the-nutshell/deep-learning-allows-for-cell-analysis-without-labeling-30252.
- [5] National Institutes of HEALTH CENTRE CLINIQUE. « NIH X-ray Dataset de 14 catégories de maladies communes du thorax ». Dans: (). URL: https://www.nih.gov/news-events/news-releases/nih-clinical-center-provides-one-largest-publicly-publicly-available-chest-x-ray-datasets-scientific-cientific-community.
- [6] A. HOLUB, M. WELLING et P. PERONA. «Exploiting unlabelled data for hybrid object classification». Dans: *Proc. Neural Infor- mation Processing Systems, Workshop Inter-Class Transfer,* 7 (2005). URL: https://pdfs.semanticscholar.org/d3cb/669a67a09d6fd86a4b216ff6299662f2ed5e.pdf.
- [7] M. H. JAFARI et al. « Semi-Supervised Learning For Cardiac Left Ventricle Segmentation Using Conditional Deep Generative Models as Prior ». Dans: 2019 IEEE 16th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI 2019). Avr. 2019, p. 649-652. DOI: 10.1109/ISBI.2019. 8759292.
- [8] K. R. KAVITHA et al. « PCA-based gene selection for cancer classification ». Dans: 2018 IEEE International Conference on Computational Intelligence and Computing Research (ICCIC). Déc. 2018, p. 1-4. DOI: 10.1109/ICCIC.2018.8782337.
- [9] Z. LI et al. « Semi-Supervised Learning Based on Tri-Training for Gastritis Classification using Gastric X-ray Images ». Dans: 2019 IEEE International Symposium on Circuits and Systems (ISCAS). Mai 2019, p. 1-5. DOI: 10.1109/ISCAS.2019.8702261.

- [10] MathWorks MATLAB and Simulink. URL: https://www.mathworks.com/products/matlab.html.
- [11] C. ROSENBERG, M. HEBERT et H. SCHNEIDERMAN. « Semi-supervised self-training of object detection models ». Dans: (2005). URL: http://citeseerx.ist.psu.edu/viewdoc/download?doi=10.1.1.68.3602&rep=rep1&type=pdf.
- [12] M. SHAHBAKHTI, D. TAHERIFAR et Z. ZAREEI. « Combination of PCA and SVM for diagnosis of Parkinson's disease ». Dans: 2013 2nd International Conference on Advances in Biomedical Engineering. Sept. 2013, p. 137-140. DOI: 10.1109/ICABME.2013.6648866.
- [13] Liyue SHEN et Ruiyang SONG. « Semi-supervised Learning for Multi-label Classification ». 2017. URL: http://cs229.stanford.edu/proj2017/final-reports/5244371.pdf.
- [14] A. SRIVASTAVA et al. « Deep Learning for Detecting Diseases in Gastrointestinal Biopsy Images ». Dans: 2019 Systems and Information Engineering Design Symposium (SIEDS). Avr. 2019, p. 1-4. DOI: 10.1109/SIEDS.2019.8735619.
- [15] F. WANG, R. ZHANG et Q. Wu. « Hyperspectral image classification based on PCA network ». Dans: 2016 8th Workshop on Hyperspectral Image and Signal Processing: Evolution in Remote Sensing (WHISPERS). Août 2016, p. 1-4. DOI: 10.1109/WHISPERS.2016.8071787.
- [16] Xiaosong WANG et al. « ChestX-ray8 : Hospital-scale Chest X-ray Database and Benchmarks on Weakly-Supervised Classification and Localization of Common Thorax Diseases ». Dans : *CoRR* abs/1705.02315 (2017). arXiv : 1705.02315. URL : http://arxiv.org/abs/1705.02315.
- [17] Nawel ZEMMAL et al. « Une approche semi-supervisée pour la classification des images mammographiques ». Dans : Laboratoire de Gestion électronique des Documents (2014). URL : https://www.researchgate.net/publication/267267171_Une_approche_semi-supervise_pour_la_classification_des_images_mammographiques.