



Université Cadi Ayyad
Faculté des Sciences Semlalia
Marrakech



**Rapport de projet :Analyse d'image
Médicale pour la détection Précoce de
Maladies**

Réalisé par :

EL MASSAFI NISRYNE

2023/2024

Abstract:

Dans le domaine de l'imagerie médicale, la segmentation précise des images est cruciale pour la détection précoce des maladies et la planification du traitement. Ce rapport présente une étude approfondie de l'application de l'algorithme U-Net pour la segmentation des images d'IRM cérébrales, soulignant son potentiel dans l'identification des anomalies et des structures pathologiques. L'algorithme U-Net, reconnu pour son architecture efficace en matière de segmentation sémantique, a été entraîné, validé et testé sur un ensemble de données d'images d'IRM, démontrant une performance remarquable dans la segmentation précise des régions d'intérêt. Les résultats obtenus mettent en évidence non seulement la haute précision de l'algorithme U-Net mais aussi sa capacité à s'adapter aux nuances complexes inhérentes aux données médicales. En adoptant une approche méthodique et en évaluant quantitativement la performance du modèle, ce projet confirme l'importance de l'intelligence artificielle en tant qu'outil d'assistance pour les diagnostics médicaux et ouvre de nouvelles perspectives pour des interventions médicales plus rapides et plus précises.

Introduction	
I. Description du dataset.....	3
II. Visualization du dataset.....	4
III. Créer une data frame et diviser les données en train set, validation set and test set:.....	5
V. Définir la fonction de perte et les métriques.....	6
VI. Définir Unet.....	7
VII. Entraînement.....	8
VIII. Analyse des Métriques de Performance du Modèle U-Net.....	8
IX. Résultat.....	10
Conclusion	

Introduction

Le domaine de la santé connaît une révolution numérique, et au cœur de cette transformation se trouve l'analyse d'images médicales. Ce rapport se concentre sur l'utilisation innovante de techniques d'analyse d'image pour la détection précoce des maladies, un sujet qui gagne en importance à mesure que la technologie médicale évolue.

L'analyse d'image médicale, qui englobe diverses méthodes et technologies, telles que l'imagerie par résonance magnétique (IRM), la tomodensitométrie (TDM), et la radiographie, joue un rôle crucial dans le diagnostic précoce et la gestion des maladies. En détectant les anomalies à un stade initial, ces technologies offrent une fenêtre d'opportunité pour des interventions thérapeutiques efficaces, potentiellement salvatrices.

Ce rapport aborde plusieurs aspects clés du projet. Premièrement, nous explorons les fondements technologiques de l'analyse d'images médicales, en soulignant comment les avancées récentes dans ce domaine contribuent à améliorer la précision et l'efficacité du diagnostic. Deuxièmement, nous examinons les applications pratiques de ces technologies dans la détection précoce de diverses maladies, en mettant en lumière des études de cas et des exemples concrets. Enfin, nous discutons des défis et des opportunités futurs, en tenant compte des implications éthiques, de la sécurité des données et de l'accessibilité de ces technologies à divers groupes de patients.

En somme, ce rapport vise à fournir une vue d'ensemble complète et approfondie de l'état actuel et du potentiel futur de l'analyse d'image médicale dans la détection précoce des maladies, un domaine qui promet de transformer la manière dont nous abordons la santé et le traitement des maladies.

I. Description du dataset

Mateusz Buda, AshirbaniSaha, Maciej A. Mazurowski "Association de sous-types génomiques de gliomes de bas grade avec des caractéristiques de forme automatiquement extraites par un algorithme d'apprentissage en profondeur." Ordinateurs en biologie et médecine, 2019. Cet ensemble de données contient des images IRM cérébrales ainsi que des masques de segmentation manuels des anomalies FLAIR.

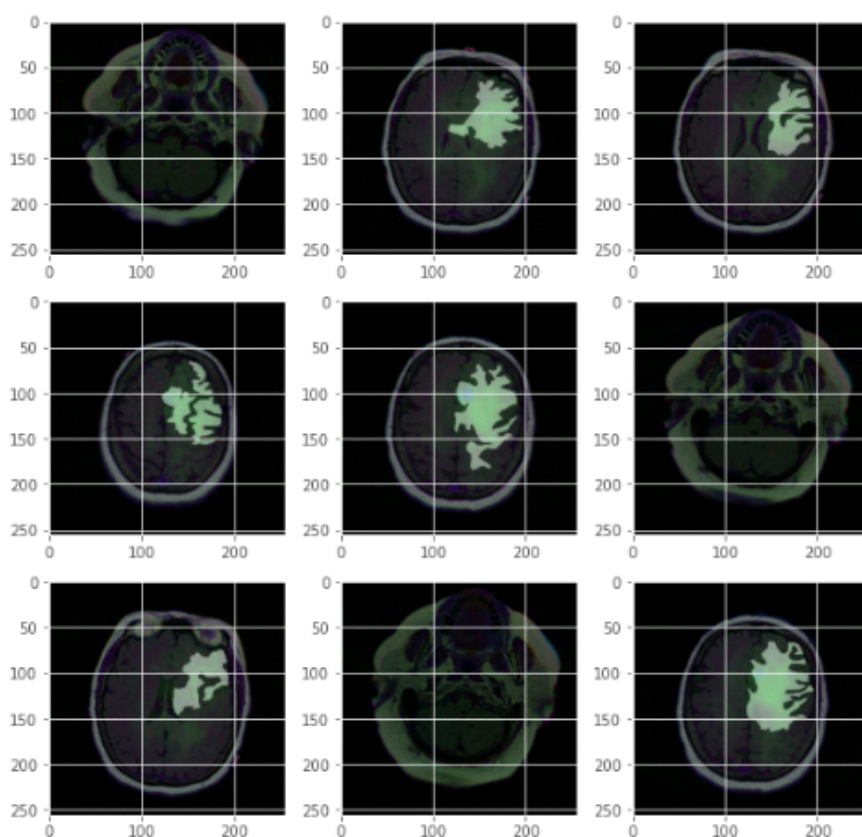
Les images ont été obtenues auprès de The Cancer Imaging Archive (TCIA).

Ils correspondent à 110 patients inclus dans la collection de gliomes de bas grade du Cancer Genome Atlas (TCGA) avec au moins une séquence de récupération par inversion atténuée par les fluides (FLAIR) et des données de cluster génomique disponibles.

Les clusters génomiques tumoraux et les données des patients sont fournis dans le fichier data.csv. cette dataset se trouve à Kaggle.

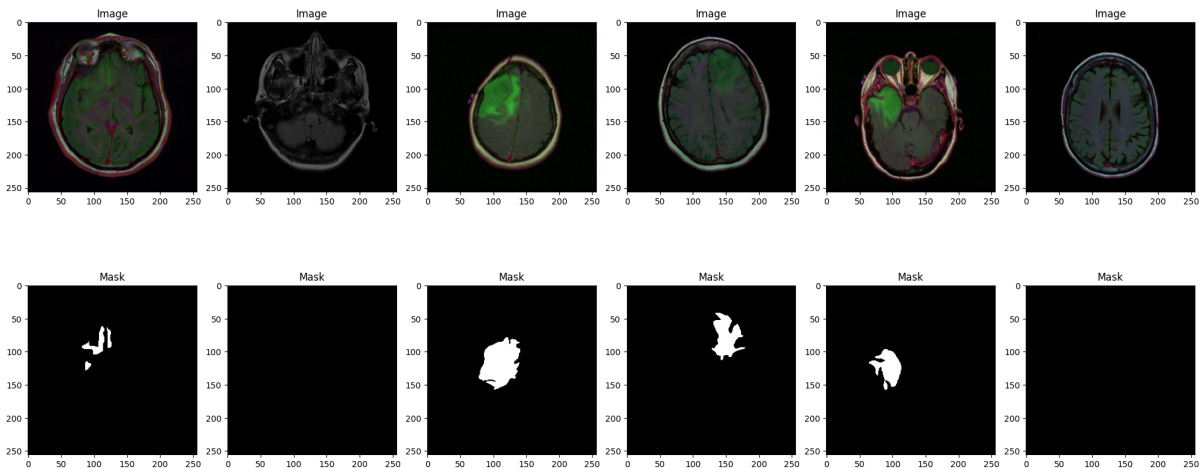
II. Visualization du dataset

Dans cette section de l'analyse, nous présentons une inspection visuelle de l'ensemble de données, en nous concentrant à la fois sur les images originales et leurs masques correspondants.



Visualisation d'exemples d'images avec les masques correspondants

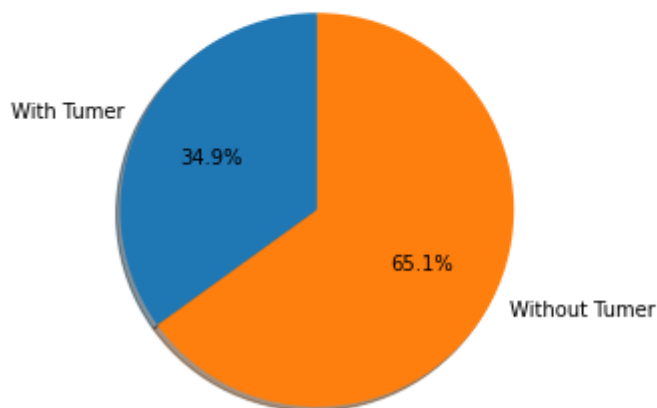
Data Sample



Le diagramme circulaire illustre la répartition de deux catégories Tumeur et non-tumeur au sein de notre ensemble de données, une catégorie occupant 65,1 % et l'autre 34,9 % du total. Cette visualisation joue un rôle déterminant dans la compréhension de la relation proportionnelle entre les deux segments.

Aussi on a afficher le nombre totale d'images dans notre dataset ,le masque ,les images tumeur et non tumeur

```
Total MRI images: 3929
Total mask images: 3929
Total images with tumer: 1373
Total images without tumer: 2556
```



1. Créer une data frame et diviser les données en train set, validation set and test set:

Nous avons utilisé la fonction `train_test_split` de la bibliothèque Scikit-learn. Dans un premier temps, nous séparons 10 % des données pour constituer l'ensemble de test (`df_test`). Le reste (90 %) est ensuite divisé une seconde fois, où 20 % sont alloués à l'ensemble de validation (`df_val`) et les 80 % restants forment l'ensemble d'entraînement (`df_train`).

Après la séparation, nous obtenons les tailles respectives des ensembles :

- l'ensemble d'entraînement contient 2828 échantillons,
- l'ensemble de validation 708 échantillons
- l'ensemble de tests de 393 échantillons.

Chaque échantillon dans ces ensembles comprend un chemin de fichier d'image et un chemin de fichier de masque correspondant, essentiels pour la tâche de segmentation d'images que nous prévoyons de réaliser.

```
(2828, 2)
(708, 2)
(393, 2)
```

III. *Générateur, augmentation et ajustement des données*

La classe `train_generator` de fonctions `ImageDataGenerator` de Keras pour augmenter les données d'image à la volée et les fournir au modèle pendant la formation. L'augmentation fait référence au processus de création de variations des données pour améliorer les capacités de généralisation du modèle.

IV. *Définir la fonction de perte et les métriques*

Le coefficient de Dice et l'Intersection sur Union (IoU) sont des métriques clés qui permettent d'évaluer la précision des prédictions du modèle par rapport aux vérités terrain. Leur utilisation dans les fonctions de perte, telles que la perte du coefficient de Dice et la distance de Jaccard, guide le modèle pour maximiser la correspondance entre ses prédictions et les données réelles.

Ces métriques et fonctions de perte sont fondamentales pour affiner les modèles d'apprentissage profond, assurant ainsi des prédictions plus précises et fiables dans des applications de segmentation d'images.

```
def dice_coef(y_true, y_pred):
    y_truef=K.flatten(y_true)
    y_predf=K.flatten(y_pred)
    And=K.sum(y_truef* y_predf)
    return((2* And + smooth) / (K.sum(y_truef) + K.sum(y_predf) + smooth))

def dice_coef_loss(y_true, y_pred):
    return -dice_coef(y_true, y_pred)
```

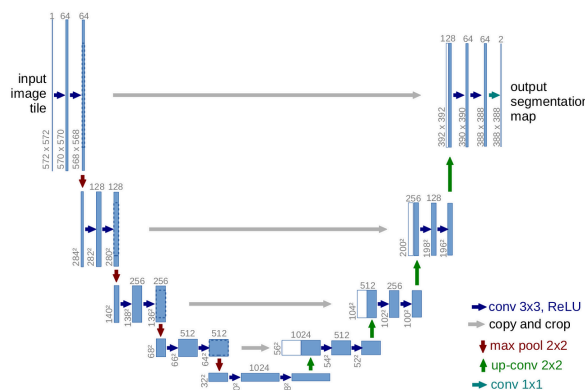
V. *Définir Unet*

U-Net est un type de réseau neuronal convolutif (CNN) développé principalement pour les tâches de segmentation d'images biomédicales. Il a été introduit pour la première fois par Olaf Ronneberger, Philipp Fischer et Thomas Brox dans leur article "U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation" en 2015. Les caractéristiques clés de U-Net comprennent :

Architecture : L'architecture de U-Net a une forme distinctive en "U", d'où son nom. Elle se compose de deux parties principales :

Encodeur (Chemin Contractant) : Cette partie capture le contexte de l'image. Il s'agit d'un réseau convolutif typique qui consiste en l'application répétée de convolutions, suivie d'une unité linéaire rectifiée (ReLU) et d'un max pooling pour le sous-échantillonnage.

Décodeur (Chemin Expansif) : Cette partie permet une localisation précise à l'aide de convolutions transposées. Elle se compose de up-convolutions et de concaténations avec des caractéristiques de haute résolution provenant du chemin contractant.



Objectif : U-Net a été spécialement conçu pour segmenter efficacement des images biomédicales, même avec une petite quantité de données d'entraînement. Il est largement utilisé dans l'analyse d'images médicales pour des tâches telles que la segmentation d'organes, la détection de tumeurs et le suivi cellulaire.

- ★ Pour notre projet, nous avons choisi d'utiliser l'algorithme **U-Net**. Cette décision s'appuie sur les performances exceptionnelles de U-Net dans la segmentation d'images, en particulier dans les domaines biomédicaux et médicaux. Sa capacité à traiter efficacement des images avec une quantité limitée de données d'entraînement, ainsi que sa structure unique en forme de "U" avec des connexions directes, le rendent idéal pour notre objectif de segmentation précise et détaillée.

Voici un résumé utile du modèle:

```
Total params: 31,152,833
Trainable params: 31,146,753
Non-trainable params: 6,080
```


VI. *Entraînement*

Pour l'entraînement de notre modèle de segmentation d'images, nous avons établi un processus structuré et robuste. Nous avons choisi de former le modèle sur

- ❖ 50 époques
- ❖ une taille de lot de 32,
- ❖ un taux d'apprentissage initial fixé à $1e-4$.

```
EPOCHS = 50  
BATCH_SIZE = 32  
learning_rate = 1e-4
```

Le modèle choisi est un U-Net, adapté aux dimensions de nos images. Pour l'optimisation, nous utilisons l'algorithme **Adam** avec un taux de déclin du taux d'apprentissage basé sur le nombre d'époques, afin d'ajuster finement le processus d'apprentissage au fil du temps.

```
opt = Adam(lr=learning_rate, beta_1=0.9, beta_2=0.999, epsilon=None, decay=  
decay_rate, amsgrad=False)
```

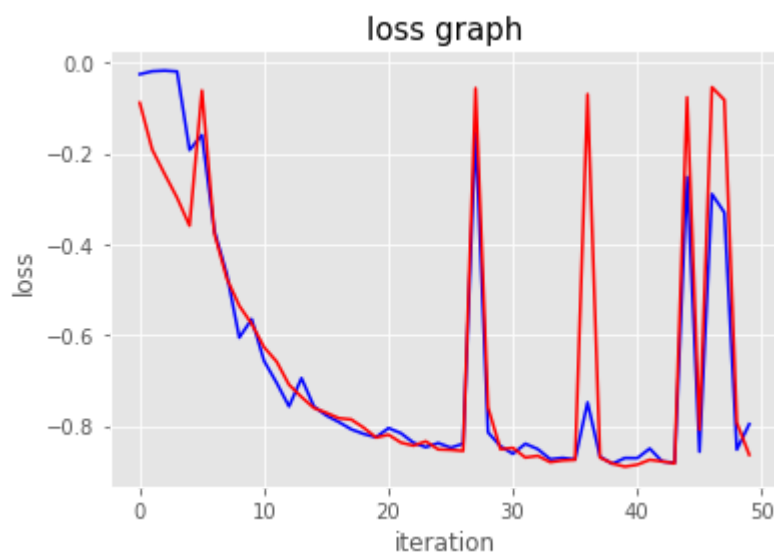
```
model = unet(input_size=(im_height, im_width, 3))
```

Enfin, le modèle est entraîné en utilisant **train_gen**, avec un nombre de pas par époque déterminé par la taille de l'ensemble d'entraînement et la taille du lot. La validation se fait par **test_gener** avec un nombre de pas basé sur l'ensemble de validation. Ce processus vise à créer un modèle précis et fiable pour la segmentation d'images médicales.

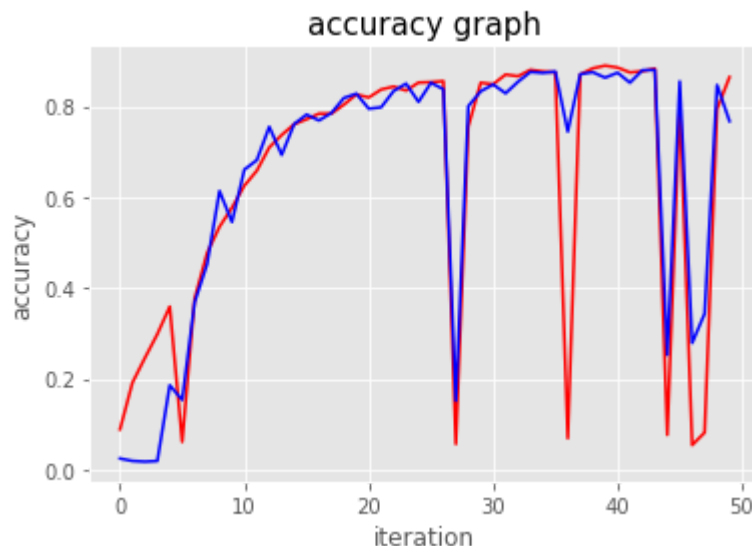
iou: 0.7681 - dice_coef: 0.8642 - val_loss: -0.7961 -

val_binary_accuracy: 0.9954 - val_iou: 0.6444 - val_dice_coef: 0.7673

VII. *Analyse des Métriques de Performance du Modèle U-Net*



Dans le premier graphique, la fonction de perte pour les ensembles d'entraînement (rouge) et de validation (bleu) diminue significativement au fil des itérations, ce qui indique que le modèle s'améliore en prédisant les masques de segmentation avec une précision accrue.



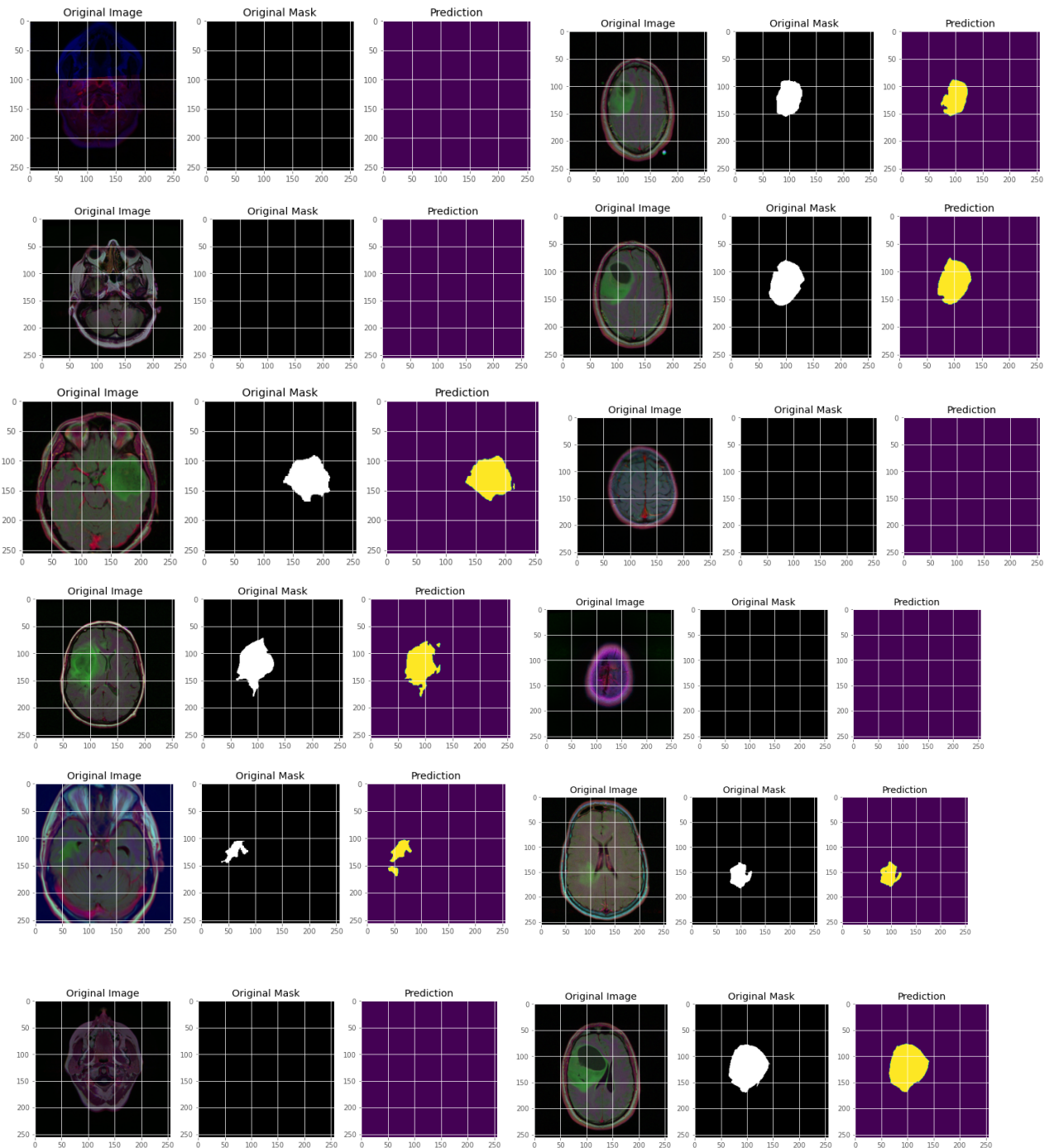
- Le deuxième graphique montre l'augmentation de la précision, mesurée par le coefficient Dice, qui est une métrique couramment utilisée pour évaluer la performance des modèles de segmentation d'images. Un coefficient Dice plus élevé signifie une plus grande similitude entre les prédictions de segmentation du modèle et les vérités terrain.

En conclusion, ces graphiques révèlent que le modèle apprend et s'améliore au fil du temps, mais les fluctuations dans les métriques de validation suggèrent qu'il peut y avoir place à l'amélioration soit dans la régularisation du modèle, soit dans le traitement des données de validation pour minimiser le surajustement et améliorer la généralisation du modèle.

```
Found 393 validated image filenames.
Found 393 validated image filenames.
13/12 [=====] - 6s 457ms/step - loss: -0.8627 - binary_accuracy: 0.997
5 - iou: 0.7630 - dice_coef: 0.8635
Test lost: -0.8627347350120544
Test IOU: 0.997461199760437
Test Dice Coefficient: 0.7629554271697998
```

VIII. *Résultat*

Le modèle prend une image d'entrée, effectue une série de transformations et de filtrages pour extraire les caractéristiques, et prédit ensuite quelle partie de l'image appartient à la région d'intérêt. La prédiction est ensuite comparée au masque original pour évaluer la précision du modèle. Les prédictions sont binarisées (par exemple, en utilisant un seuil de 0.5) pour décider si un pixel appartient à la région d'intérêt ou non.



le modèle assez bien performant, capturant la majorité de la région d'intérêt (comme indiqué par les masques originaux) dans ses prédictions. Toutefois, il y a des variations dans la précision et la forme des prédictions comparées aux masques originaux, ce qui est commun dans les tâches de segmentation, surtout dans les cas médicaux où la variation entre les cas patients peut être significative.

conclusion

En conclusion, ce projet d'analyse d'image médicale pour la détection précoce de maladies a démontré l'efficacité de l'algorithme U-Net dans la tâche complexe de segmentation d'images d'IRM . Les résultats obtenus indiquent que le modèle U-Net, grâce à sa capacité à apprendre des représentations profondes et à effectuer une segmentation précise pixel par pixel, peut être un outil puissant dans le diagnostic et la détection précoce de conditions pathologiques.

L'analyse des images et la comparaison entre les masques originaux et les prédictions du modèle montrent que l'algorithme U-Net peut identifier avec succès les zones d'intérêt clinique. Ce succès ouvre la voie à des applications plus larges de l'U-Net dans le domaine médical, promettant d'améliorer la précision du diagnostic, de réduire le temps nécessaire pour l'analyse d'image, et finalement, de contribuer à un meilleur pronostic pour les patients grâce à une détection précoce et précise des maladies.