

TP Segmentation d'images CT de foie en 2D

Saâd Aziz Alaoui, Yassine Jamoud, Samy Haffoudhi

18 mars 2022

Introduction

Lors de ce TP, nous allons travailler sur la segmentation d'images CT de foie. Pour ce faire, nous allons commencer par une analyse des données afin d'appréhender notamment la variabilité des données. Nous implémenterons ensuite un modèle U-NET afin de réaliser la segmentation. Enfin nous testerons le modèle et commenterons les résultats obtenus.

1 Analyse des données

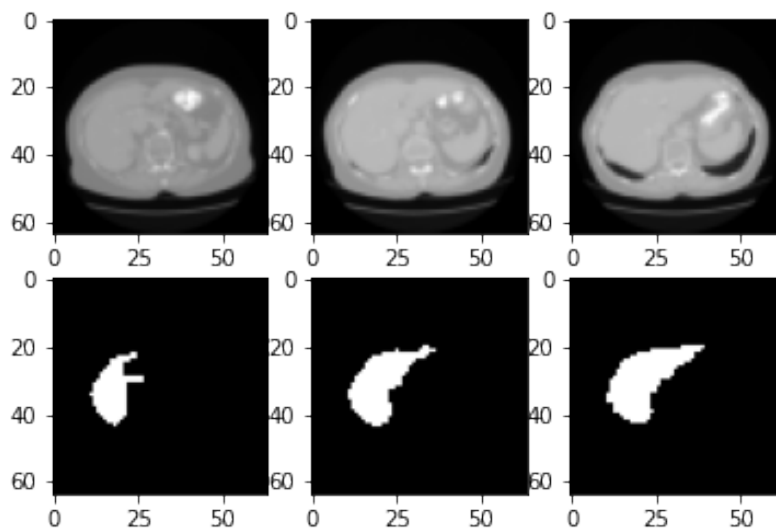
1.1 Les données

La base de données est constituée en tout de 131 images CT. Pour chaque image CT, nous disposons d'un nombre différent de coupes, toutes de taille 64x64. En pratique, on travaille sur les données 3D avec des coupes de taille 512x512, ces restrictions nous permettent d'accélérer la vitesse d'entraînement pour le TP.

On s'intéresse à la partie centrale des coupes. En effet, hors de cette section, on aurait trop de variabilité et notre modèle sera incapable d'apprendre correctement.

Affichons un exemple de tranches (indice z minimal, centré et maximal) et les masques correspondants.

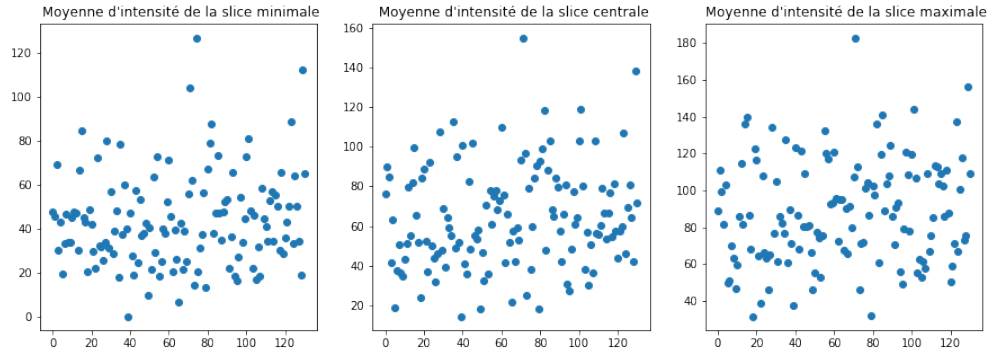
FIGURE 1 – 3 tranches et les masques correspondants



1.2 La variabilité des données

Afin d'appréhender la variabilité des données, affichons les intensités moyennes pour les 131 images CT pour les trois tranches :

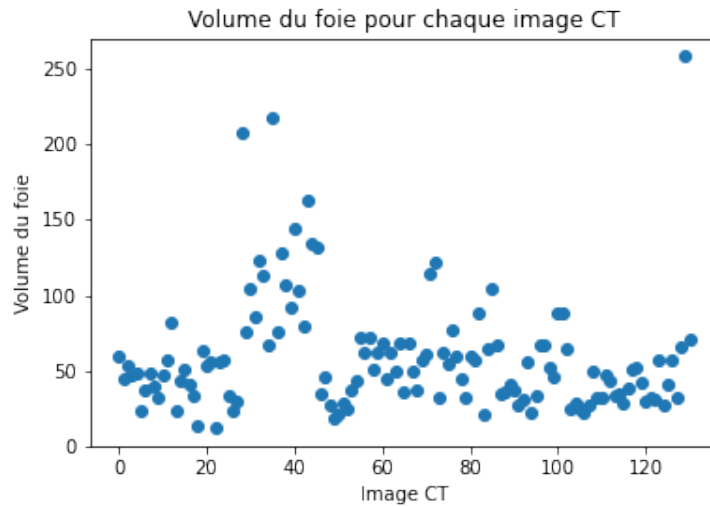
FIGURE 2 – Intensités moyennes



Ainsi que les volume du foie :

features variance machine learning

FIGURE 3 – Volume des foies



features variance machine learning

Ainsi, on observe bien des variations entre les différentes images CT, ce qui est souhaitable pour l'entraînement du modèle.

2 Le modèle

2.1 Les données

Pour construire les données X et les masques Y , on concatène les tranches centrales de chaque image CT ainsi que les masques correspondants.

Pour réaliser le découpage entre données d'entraînement et de test, on choisit de se baser sur le nombre d'images CT plutôt que le nombre de tranches pour éviter le cas où on aurait trop de tranches similaires dans un des deux ensembles ou des images trop similaires entre les ensembles.

2.2 Le modèle

Nous nous intéressons ici à l'architecture **U-Net** qui permet justement d'effectuer des tâches de segmentation sémantique. Le U-net est un réseau de neurones à convolution entièrement convolutionnel. L'idée principale derrière cette architecture est de remplacer les opérations de pooling par des opérateurs de suréchantillonnage ce qui implique l'augmentation de la résolution de la sortie. Nous verrons lors de ce TP les différents atouts et défauts que comporte cette architecture en l'appliquant à des images biomédicales.

Le modèle u-net est composé d'une couche d'entrée, un encodeur et un décodeur. L'encodeur et le décodeur ont une structure en blocs similaires mais des dimensions différentes. Chaque bloc de l'encodeur est composé de deux couches de convolution de mêmes dimensions, d'une couche de pooling et d'une fonction d'activation. Pour compenser la baisse de la dimension de l'image, le nombre de filtres augmente. Enfin, le modèle dispose également d'une liste de connexions entre l'encodeur et le décodeur.

Une visualisation de l'architecture est disponible en annexe A. On observe bien la forme en U.