République Algérienne Démocratique Et Populaire

Ministère De L'enseignement Supérieur Et De La Recherche Scientifique

Université Echahid Cheikh Larbi Tebessi- Tebessa

Faculté des sciences exactes, sciences de la nature et de la vie

Département d'informatique

Laboratoire de domiciliation : Laboratoire Des Mathématiques, Informatique et Systèmes (LAMIS)

THÈSE

Présentée et Soutenue Publiquement en Vue de l'Obtention du Diplôme de Doctorat en Troisième Cycle

Par:

TOURECHE Amina

Domaine : *mathématiques et informatique* ***Filière :*** *informatique*

Spécialité : *Réseaux et multimédia*

Intitulée

L'APPRENTISSAGE MACHINE POUR AMÉLIORER LE TRAITEMENT AUTOMATIQUE DES IMAGES MÉDICALES

Soutenue le : 15/07/2025

Devant le Jury composé de :

Mr. Abdallah Meraoumia	Prof	Univ. de Tebessa	Président
Mr. Hakim Bendjenna	Prof	Univ. de Tebessa	Encadreur
Mr. Lakhdar Laimeche	Prof	Univ. de Tebessa	Co-encadreur
Mr. Akram Bennour	Prof	Univ. de Tebessa	Examinateur
Mr. Issam Bendib	MCA	Univ. de Tebessa	Examinateur
Mr. Ledmi Makhlouf	MCA	Univ. de Khenchella	Examinateur

Année universitaire : 2024 / 2025

L'APPRENTISSAGE MACHINE POUR AMÉLIORER LE TRAITEMENT AUTOMATIQUE DES IMAGES MÉDICALES

TOURECHE Amina

amina.toureche@univ-tebessa.dz

Laboratoire de Mathématiques, Informatique et Systèmes (LAMIS),
Université Echahid Cheikh Larbi Tebessi - Tébessa,
Algérie.

LAMIS
Laboratoire de Mathématiques,
Informatique et Systèmes


بسم الله الرحمن الرحيم

Remerciements

Le premier remerciement est adressé à Dieu Tout-Puissant qui nous a prodigué ses innombrables bénédictions et nous a permis d'atteindre ce que nous sommes, et tous les remerciements à tous les enseignants et professeurs qui ont eu le mérite d'atteindre cette étape académique de ma vie, ainsi que le généreux Professeur **BENDJENNA Hakim** qui nous a toujours inculqué l'enthousiasme et la persévérance pour achever cette réalisation de notre humble recherche, et tous les remerciements également au Dr. **LAIMECHE Lakhdar** qui a toujours enduré de nombreuses difficultés pour mon orientation académique et m'a aidé à plusieurs moments et stations dans cette recherche.

Je voudrais également remercier le Dr. **MERAOUMIA Abdallah**, qui ne manque jamais de nous fournir des commentaires et des conseils précieux dans notre recherche, et tous ceux qui sont liés à cette thèse de près ou de loin, en particulier mon mari, l'enseignant **Halkoum Noureddine**, mes parents, mes frères et sœurs, et mes enfants.

Enfin, je tiens à remercier mon président de comité et les membres du comité qui ont donné de leur temps pour me guider dans cette soutenance de ma thèse.



Résumé

Les maladies du foie, en particulier le cancer du foie, représentent un problème majeur de santé publique en raison de la complexité de leur détection précoce et de la diversité de leurs causes. Le recours à l'imagerie médicale, notamment la tomodensitométrie, est essentiel pour diagnostiquer et suivre ces pathologies. Toutefois, le diagnostic manuel reste complexe, long et soumis à l'expertise humaine, ce qui a motivé le recours à des outils de diagnostic assisté par ordinateur pour améliorer la rapidité et la précision du processus de détection, notamment des petites tumeurs hépatiques.

Dans cette thèse, nous avons proposé des approches basées sur l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond pour automatiser la segmentation du foie et des tumeurs hépatiques, ainsi que pour classifier les cas entre malades et non-malades. Une base de données a été constituée à partir de 784 images médicales (370 patients, 414 non-patients) et 235 images de tumeurs annotées. Plusieurs techniques de segmentation ont été utilisées, telles que le modèle de Rayleigh, le mélange gaussien et le flux vectoriel de gradient, pour obtenir des masques précis du foie et des lésions cancéreuses.

Deux modèles de deep learning ont été développés : DDA-UNET et ASD-UNET, dérivés du modèle ASU-Net. Ces modèles ont été entraînés et testés sur les bases de données ACC-BATNA2022 et LITS2017. Les résultats obtenus montrent une nette amélioration des performances, avec des taux de précision atteignant jusqu'à 99,45 % pour la segmentation du foie et des tumeurs, dépassant les performances de modèles existants comme UNET, UNET++ et ASU-NET. Ces résultats confirment l'apport significatif des techniques d'apprentissage profond dans l'amélioration du diagnostic assisté du cancer du foie.

Mots clés : cancer du foie, apprentissage machine, apprentissage profond, la segmentation du foie, la segmentation des tumeurs du foie.

Abstract

Liver diseases, especially liver cancer, represent a major global health challenge due to their diverse causes and the difficulty of early diagnosis. Medical imaging—particularly computed tomography (CT)—plays a key role in detecting and monitoring these conditions. However, manual diagnosis remains complex and time-consuming, requiring significant expertise. This has led to the development of computer-aided diagnosis tools to enhance the speed and accuracy of detecting liver abnormalities, especially small tumors.

In this thesis, we proposed several machine learning and deep learning models to automate the segmentation of the liver and liver tumors, as well as to classify cases into diseased and non-diseased categories. A dataset was built consisting of 784 medical images (370 patients and 414 non-patients) and 235 annotated images of liver tumors. Various segmentation techniques were applied, including the Rayleigh model, Gaussian Mixture Model, and Gradient Vector Flow, to extract precise liver and tumor masks.

We developed two improved deep learning models: DDA-UNET and ASD-UNET, both derived from the well-known ASU-Net architecture. These models were trained and evaluated on the ACC-BATNA2022 and LITS2017 datasets. The results showed high accuracy, reaching up to 99.45% for liver and tumor segmentation, outperforming existing models such as UNET, UNET++, and ASU-Net. These outcomes highlight the significant potential of deep learning techniques in enhancing computer-assisted diagnosis of liver cancer.

Key words: liver cancer, machine learning, deep learning, liver segmentation, liver tumor segmentation.

ملخص

تُعد أمراض الكبد، وخاصة سرطان الكبد، من أبرز المشكلات الصحية عالميًا، وذلك بسبب تعدد أسبابها وصعوبة تشخيصها في مراحل مبكرة. يُعتبر التصوير الطبي، خصوصًا التصوير المقطعي المحوسب(CT) ، أداة محورية في تشخيص هذه الأمراض ومتابعة تطورها. غير أن عملية التشخيص اليدوي غالبًا ما تكون معقدة وتتطلب خبرة عالية، مما أدى إلى تطوير أدوات التشخيص بمساعدة الحاسوب، بهدف تحسين سرعة ودقة اكتشاف التغيرات المرضية، لاسيما الأورام الصغيرة.

في هذا العمل، قمنا باقتراح نماذج تعتمد على تقنيات التعلم الآلي والتعلم العميق من أجل تنفيذ عملية التقسيم الآلي للكبد وأورامه، وكذلك تصنيف الحالات إلى مرضى وغير مرضى. أنشأنا قاعدة بيانات مكونة من 784 صورة طبية (370 مريضًا و414 غير مريض)، و235 صورة لأورام كبدية. استخدمنا عدة طرق للتقسيم، منها نموذج رايلي، النموذج الغاوسي المختلط، وتدفق التدرج الشعاعي، للحصول على أقنعة دقيقة للكبد والأورام.

طوّرنا نموذجين جديدين هما DDA-UNET وASD-UNET، وهما نسختان محسنتان من النموذج المعروف ASU-Net.تم اختبار هذه النماذج على قواعد البيانات ACC-BATNA2022 وLITS2017، وحققت دقة عالية وصلت إلى 99.45%في تقسيم الكبد والأورام، متفوقة بذلك على نماذج UNET و ++UNETوASU-NET. هذه النتائج تؤكد الدور الفعال لتقنيات التعلم العميق في تحسين تشخيص سرطان الكبد باستخدام أدوات الذكاء الاصطناعي.

الكلمات المفتاحية: سرطان الكبد، التعلم الآلي، التعلم العميق، تجزئة الكبد، تجزئة أورام الكبد

TABLES DES MATIERES

REMERCIEMENTS **6**

RESUME **7**

ABSTRACT **8**

ملخص **15**

TABLES DES MATIERES **16**

LISTE D'ABREVIATIONS **18**

TABLE DES FIGURES **19**

LISTE DES TABLEAUX **23**

INTRODUCTION GENERALE : **17**

PARTIE 01 : CONCEPTS DE BASE ET ETAT DE L'ART **20**

CHAPITRE 1 : CANCER DU FOIE **21**

1.1 INTRODUCTION 22
1.2 MALADIES DU CANCER DE FOIE 23
1.3 TECHNIQUE D'IMAGERIE MEDICALE POUR LE DIAGNOSTIC DU CANCER DE FOIE 30
1.4 BASE DE DONNEES DU CANCER DE FOIE 37

CHAPITRE 2 : CONCEPTS DE BASE SUR LES APPROCHES DE SEGMENTATION DES IMAGES MEDICALES **38**

2.1 INTRODUCTION 39
2.2 LES APPROCHES DE LA SEGMENTATION DES IMAGES MEDICALE 41
2.2.1 Les approches basées région *41*
2.2.2 Les approches basées contour *42*
2.3 LES MODELES ET LES ALGORITHMES D'APPRENTISSAGE MACHINE 49
2.3.1 L'aspect modélisation d'apprentissage machine *49*
2.3.2 L'aspect algorithmique d'apprentissage machine *49*
2.4 L'APPRENTISSAGE PROFOND POUR LA SEGMENTATION AUTOMATIQUE DES IMAGES MEDICALE 56
2.4.1 CNN *56*
2.4.2 FCNs *58*
2.4.3 UNET *58*
2.4.4 UNET++ *60*
2.4.5 ASU_Net *61*
2.4.6 SSAE *62*
2.5 CONCLUSION 64

PARTIE 02 : CONTRIBUTIONS ET VALIDATION **65**

CHAPITRE 3 : DIAGNOSTIC ASSISTÉ PAR ORDINATEUR DANS LA SEGMENTATION DES TUMEURS HÉPATIQUES **66**

3.1 INTRODUCTION 67
3.3 ACQUISITION DE BASE DE DONNEES PAR LA SEGMENTATION 67
3.4 METHODOLOGIE CAD DANS LA SEGMENTATION DES TUMEURS HEPATIQUES 69

CHAPITRE 4 : LA SEGMENTATION DES TUMEURS HÉPATIQUES PAR LES MÉTHODES DE MACHINE LEARNING **75**

4.1 INTRODUCTION 76
4.2 METHODOLOGIE 77
4.2.1 Introduction *77*

4.2.2 Prétraitement des images médicales du foie *77*
4.3 RESULTATS ET ANALYSE 85
4.3.1 La Segmentation des tumeurs hépatiques avec le seuillage *87*
4.4 CONCLUSION ET DISCUSSION 95

CHAPITRE 5 : LA CLASSIFICATION DES CANCERS TUMORAUX HEPATIQUES À L'AIDE DE RESEAU NEURONAL CONVOLUTIF (CNN) 96

5.1 INTRODUCTION 97
5.2 LA CLASSIFICATION DE LA TUMEUR DE FOIE 97
5.2.1 Méthodes de segmentation *98*
5.2.2 Classification du CNN *99*
5.3 MÉTHODOLOGIE 101
5.4 ENSEMBLE DE DONNÉES 102
5.5 RÉSULTATS DE LA CLASSIFICATION ET DISCUSSION 103
5.6 CONCLUSION 107

CHAPITRE 6 : LA SEGMENTATION AUTOMATIQUE DU CANCER DES TUMEURS HEPATIQUES À L'AIDE DE L'APPRENTISSAGE PROFOND 109

6.1 INTRODUCTION 110
6.2 NOS APPROCHES DE SEGMENTATION DES TUMEURS HEPATIQUES : 110
6.2.1 DDA_UNET *115*
6.2.2 ASD_UNET *117*
6.3 MESURES DE PERFORMANCES 124
6.3.1 Coefficient de Dice : *124*
6.3.2 Intersection sur Union *124*
6.3.3 Erreur quadratique moyenne *125*
6.4 DETAILS DE L'APPRENTISSAGE 125
6.5 RESULTATS ET ANALYSE 127
6.5.1 Résultats de la segmentation du foie et des tumeurs hépatiques de la base de données ACC-BATNA2022 ..... *128*
6.5.2 Résultats de la segmentation du foie et des tumeurs hépatiques de la base de données LITS 2017 ..... *140*
6.6 DISCUSSION 143
6.7 CONCLUSION 147

CONCLUSION GENERALE& PERSPECTIVE 148

CONTRIBUTIONS SCIENTIFIQUES 152

BIBLIOGRAPHIE 153

LISTE D'ABREVIATIONS

CT	Tomographie assistée par ordinateur
IRM	Imagerie par résonnance magnétique
US	Echographie
FNH	Hyperplasie nodulaire focale
CHC	Carcinome Hépato Cellulaire
TEP	Tomographie par Emission de Positions
HPC	Calcul Haute Performance
CAD	Diagnostic Assisté par Ordinateur
GVF	Gradient Vector Flow
FCN	Fully Convolutional Networks
CNN	Réseaux de Neurones Convolutifs
GANs	Générative Adversaire Networks
KNN	K-Nearest Neighbors
SVM	Machine à vecteurs de support
SAEs	Sparse Auto_Encoders
Dicom	Digital Imaging and Communications in Medicine
Nii	The NIFTI file format (Neuroimaging Informatics Technology Initiative)
GMM	Modèle de mélange gaussien
PNG	Portable Network Graphics
BMP	Basic Metabolic Panel
LITS 2017	Liver Tumor Segmentation Challenge 2017
ACC-Batna2022	Anti-Cancer Center of BATNA 2022
ASPP	Atrous Spatial Pyramid Pooling
DenseNet	Dense Convolutional Network
DDA_UNET	Double DenseNet ASPP
ASD_UNET	ASPP DenseNet
API	Application Programming Interface
GAP	Global Average Pooling
IOU	Intersection Over Union
MSE	Mean Square Error
GPU	Graphics Processing Pnit
CPU	Central Processing Unit

TABLE DES FIGURES

Figure 1. 1: Le foie 24
Figure 1. 2: Le développement tumoral et les métastases 24
Figure 1. 3: Les hémangiomes 26
Figure 1. 4: L'hyperplasie nodulaire focale 27
Figure 1. 5: Le carcinome hépatocellulaire (HCC) 27
Figure 1. 6: Le cancer du canal cholédoque (cholangiocarcinome) 29
Figure 1. 7: Les cancers métastatiques 31
Figure 1. 8: CT scan de différents des cancers du foie 36
Figure 1. 9: Le processus de diagnostic à` l'aide d'un scanner CT 33
Figure 1. 10: CAD de la création d'une base de données 37
Figure 2. 1: Les voisins cardinaux et les voisins diagonaux 47
Figure 2. 2: La régression linéaire univariée 50
Figure 2. 3: La méthode de descente de gradient 50
Figure 2. 4: La régression polynomiale 51
Figure 2. 5: La régression logistique 51
Figure 2. 6: l'arbre de décision 52
Figure 2. 7: Forêts aléatoires 52
Figure 2. 8: Machine à vecteurs de support 53
Figure 2. 9: K-Nearest Neighbors 54
Figure 2. 10: K-Moyennes 54
Figure 2. 11: Mean-shift 55
Figure 2. 12: Density Based Spatial Clustering of Application with Noise 55
Figure 2. 13: Mélange Gaussian 56
Figure 2. 14: Architecture CNN 57
Figure 2. 15: Architecture FCN 58
Figure 2. 16: Architecture UNET(Ronneberger et al. 2015) 60
Figure 2. 17: Structure UNET++ (Zhou et al. 2018) 61
Figure 2. 18: Structure ASU-Net++(Gao et Al Mekkawy 2021) 62
Figure 2. 19: Architecture de SSAE 63
Figure 3. 1: Acquisition de la base de données 69
Figure 3. 2: Diagramme de flux du système automatisé de création d'une base de données et de segmentation du cancer du foie et tumeurs hépatiques proposé. 70

Figure 3. 3: Diagramme de flux du système automatisé de segmentation du cancer du foie et tumeurs hépatiques proposé avec la base de données Lits2017. 70
Figure 3. 4: Acquisition des images médicales du foie 71
Figure 3. 5: La segmentation du foie (a) image en niveaux de gris du foie (b) masque du foie 71
Figure 3. 6: La segmentation des tumeurs hépatiques du foie (a) L'image CT du foie (b) L' image en niveaux de gris du foie (c) Les masques des tumeurs hépatiques 72
Figure 3. 7: La Base de données Lits2017(a) Image du foie (b) Masques des tumeurs hépatiques 73
Figure 4. 1: les étapes de segmentation des images médicales du foie 77
Figure 4. 2: L'estimation de la densité de Rayleigh 79
Figure 4. 3: L'estimation d'un histogramme par 12 gaussienne 81
Figure 4. 4: Image Morphologique du CT du foie 82
Figure 4. 5: Image Canny du foie 83
Figure 4. 6: Illustration sur GVF Méthode 85
Figure 4. 7: L'histogramme des images des personne normales 87
Figure 4. 8: L'histogramme des images des personne malades 87
Figure 4. 9: Résultats de segmentation des tumeurs hépatiques du foie par Seuillage et la méthode GVF (a) Image originale (en niveaux de gris) (b) N° gaussienne (c) Morphologique image (d) Filtrage de Canny (e) Résultat de GVF 90
Figure 4. 10: Résultats de segmentation du foie normale par Seuillage et la méthode GVF (a) Image originale (en niveaux de gris) (b) N° gaussienne (c) Morphologique image (d) Filtrage de Canny (e) Résultat de GVF 92
Figure 4. 11: Résultats de bases de données du foie (a) Image CT du foie (b) Masques du foie 93
Figure 4. 12: Résultats de bases de données du Tumeurs hépatiques (a) Image CT du foie (b) Images du foie (c) masques des tumeurs hépatiques 94
Figure 5. 1: Étapes de la technique CNN basée sur le seuil gaussien 102
Figure 5. 2: Résultats de précision et de validation du foie segmenté 105
Figure 5. 3: Résultats de précision et de validation du foie complet 106
Figure 5. 4: Résultats de précision et de validation du foie segmenté 106
Figure 5. 5: Résultats de perte de précision et de validation du foie complet 106
Figure 5. 6: Matrice de confusion pour les résultats CNN du foie segmenté 107
Figure 5. 7: Matrice de confusion pour les résultats CNN foie complet 108

Figure 6. 1: Image CT du foie et les masques du foie et les tumeurs hépatiques de la base de donnees ACC-Batna2022 114
Figure 6. 2: Image de tumeurs hépatiques et leurs masques de la base de données Lits2017 115
Figure 6. 3: Architecture DDA_UNET en utilisant un double DenseNet et ASPP 116
Figure 6. 4 : Architecture ASD_UNET améliorée utilisant un DenseNet et double ASPP ... 117
Figure 6. 5: La structure de DenseNET dans nos modeles 121
Figure 6. 6: Convolution dilatée avec taux de dilatation (rate = (6,12,18)) 122
Figure 6. 7: Saut de connexion DENSE (DDA_UNET) 123
Figure 6. 8: Saut de connexion ASPP (ASD_UNET) 123
Figure 6. 9: Atrous Spatial Pyramid Pooling dans nos modèles 123
Figure 6. 10: Comparaison qualitative entre les modèles, affichant les résultats de segmentation pour les images du foie avec de la base de données ACC-BATNA2022. 130
Figure 6. 11: Graphique de perte et de précision pour les données d'entraînement et de validation pour les images du foie avec de la base de données ACC-BATNA2022 (a) Précision (b) Perte. 132
Figure 6. 12: Comparaison qualitative entre les modèles, affichant les résultats de segmentation pour les images du tumeurs hépatiques avec des images CT complète avec de la base de données ACC-BATNA2022. 134
Figure 6. 13: Graphique de perte et de précision pour les données d'entraînement et de validation pour les images du tumeurs hépatiques avec des images CT complète avec de la base de données ACC-BATNA2022 (a) Précision (b) Perte. 135
Figure 6. 14: Comparaison qualitative entre les modèles, affichant les résultats de segmentation pour les images du tumeurs hépatiques avec des images du foie segmenté avec la base de données ACC-BATNA2022. 138
Figure 6. 15: Graphique de perte et de précision pour les données d'entraînement et de validation pour les images du tumeurs hépatiques avec des images du foie segmenté avec la base de données ACC-BATNA2022 (a) Précision (b) Perte. 139
Figure 6. 16: Comparaison qualitative entre les modèles, affichant les résultats de segmentation du foie et des tumeurs hépatiques avec la base de données LITS2017. 142
Figure 6. 17: Graphique de perte et de précision pour les données d'entraînement et de validation pour la segmentation du foie et des tumeurs hépatiques avec la base de données LITS2017 (a) Précision (b) Perte. 143
Figure 6. 18: Les masques représentent la segmentation anticipée du modèle UNET, Ground_truths et l'image originale sur la base de données LITS2017. 146

Figure 6. 19: Courbe d'apprentissage UNET utilisant l'optimiseur Adam et la base de données LITS 2017, avec l'utilisation des patchs (112, 112), step=112. La ligne jaune représente la précision/perte d'entraînement, tandis que la ligne rouge représente la précision/perte de validation. 146

LISTE DES TABLEAUX

Tableau 4. 1: L'estimation des valeurs Min et Max dans d'algorithme GMM 86
Tableau 6. 1: Spécifications HPC-UB2 127
Tableau 6. 2: Résultats de la segmentation du foie par différentes architectures avec de la base de données ACC-BATNA2022 129
Tableau 6. 3: Résultats de la segmentation du tumeurs hépatiques avec des images CT complète par différentes architectures avec de la base de données ACC-BATNA2022 133
Tableau 6. 4: Résultats de la segmentation du tumeurs hépatiques avec des images du foie segmenté par différentes architectures avec de la base de données ACC-BATNA2022..... 136
Tableau 6. 5: Résultats de la segmentation du foie et tumeurs hépatiques par différentes architectures avec la base de données Lits2017 140

Introduction générale

Introduction générale :

- **Contexte et cadre de recherche**

Ces dernières années, la propagation du cancer sous toutes ses variantes est devenue une préoccupation majeure de la santé humaine. En particulier, le cancer du foie est abordé dans cette thèse. Le cancer du foie est présent dans tous les groupes d'âge, qu'il s'agisse d'hommes ou de femmes, dans des proportions variables et en constante augmentation, comme le confirment plusieurs recherches scientifiques, médicales et statistiques, qui attestent également de sa détection à des étapes tardives.

En Algérie, l'impact des maladies du foie, en particulier le cancer du foie, est assez important en termes de nombre de patients, qui augmente chaque année, et en termes de coût lourd pour le patient, du diagnostic au traitement, ce qui, dans bien des cas, conduit à la mort, soit en raison d'une détection tardive de la maladie, soit à cause d'erreurs de diagnostic.

Pour prévenir les traitements complexes, diminuer les décès et prévenir les erreurs de diagnostic dans le cancer du foie, nous devons détecter la maladie à un stade précoce afin de trouver de meilleures solutions pour son traitement. Parmi les suggestions existantes, on peut citer un examen général du corps après un certain âge et de manière périodique. Quant aux types d'imagerie médicale les plus appropriés pour le cancer du foie, il s'agit de la tomodensitométrie (CT) et de l'imagerie par résonance magnétique (IRM).

La compréhension des images médicales du foie est une tâche très difficile pour les radiologues, car il s'agit d'un examen répétitif qui exige beaucoup de précision et d'attention. La grande variabilité des tumeurs, notamment en termes de forme et de taille, peut entraîner des biopsies et des traitements inutiles, ou la perte d'échantillons dans le cas de tumeurs malignes

Par conséquent, ces dernières années, le développement de méthodes semi-automatiques ou automatiques pour traiter les images médicales du foie afin d'augmenter la précision du diagnostic et de fournir des informations plus utiles au radiologue, ainsi que de diminuer le nombre d'erreurs possibles, a donné lieu à la mise au point de systèmes de détection et de diagnostic assistés par ordinateur, sur lesquels porte notre thèse.

Organisation de la thèse :

La thèse a été organisée en six chapitres. Le premier chapitre présente un concept général

du cancer du foie, ses types, les moyens techniques utilisés pour le découvrir, et les raisons qui nous ont poussés à faire cette thèse.

Dans le deuxième chapitre, nous avons pris connaissance de toutes les études antérieures qui ont réalisé la même étude que la nôtre, mais de manière différente, avec une indication de leurs méthodes et une explication brève, afin de clarifier l'importance de notre étude et de prouver qu'elle est toujours d'actualité.

Quant au troisième chapitre, nous expliquons le diagnostic assisté par ordinateur, que nous avons préparé en détail, à partir de la prise des images par le radiologue jusqu'à l'obtention du résultat final, représenté dans la segmentation automatisée du foie et des tumeurs hépatiques au moyen d'apprentissage profond, en utilisant notre propre base de données ACC-BATNA 2022 et la base de données LITS2017, comme nous l'avons déjà mentionné dans ce chapitre.

Dans le quatrième chapitre, nous discutons des différentes méthodes que nous avons utilisées pour obtenir notre base de données, grâce à des méthodes d'apprentissage machine, après avoir effectué le prétraitement des images.

Dans le cinquième chapitre, nous avons montré comment nous pouvons classifier le foie normal et le cancer du foie par la méthode de classification CNN, avec présentation de tous les résultats.

Dans le sixième chapitre, qui est le fruit de tout notre travail, il s'agit d'une explication du travail que nous avons fait, à savoir la création de deux nouveaux modèles de segmentation des tumeurs du foie par l'apprentissage profond, à savoir DDA_UNET et ASD_UNET. Ensuite, nous les comparons avec plusieurs modèles précédents, tels que UNET, UNET++, ASU_NET, avec les résultats expliqués et bien analysés.

- **Contribution**

Bien que la multiplicité des modèles d'apprentissage profond vise à aider le radiologue à obtenir une grande précision dans la segmentation et la classification — notamment en ce qui concerne les frontières des tumeurs qui ne sont pas visibles à l'œil nu, mais qui apparaissent dans les images CT ultérieures — cela représente un problème pour le patient et le radiologue.

Notre thèse vise à identifier des modèles plus précis dans l'extraction des contours du

foie et des tumeurs hépatiques, dans le but de réduire la charge pesant sur le radiologue, notamment dans les cas où la croissance tumorale n'est pas détectable par l'œil humain.

Nous traitons les images afin de détecter tous les éléments anormaux présents sur les images CT du foie, même les plus petits, ce qui facilite leur segmentation, permet d'en estimer la taille et d'évaluer leur niveau de dangerosité. Il est parfois même possible de déterminer s'il s'agit de tumeurs bénignes ou malignes. Toutefois, dans le cadre de notre thèse, nous avons étudié un sous-ensemble de ces problématiques : la classification, la segmentation et l'extraction des tumeurs du foie, tout en mettant clairement en évidence les limites des approches antérieures.

Partie 01 :

Concepts de base et état de l’art

Chapitre 1 :

CANCER DU FOIE

1.1 Introduction

L'identification précoce du cancer du foie peut considérablement augmenter les probabilités de survie ainsi que le pronostic global du patient. En détectant le cancer à un stade précoce, avant qu'il n'ait eu la possibilité de se propager, les médecins peuvent souvent proposer des options de traitement plus efficaces, voire curatives.

Des dépistages réguliers pour les personnes à haut risque, telles que celles souffrant d'hépatite chronique ou ayant des antécédents familiaux de cancer du foie, sont essentiels pour identifier la maladie à un stade précoce. Par ailleurs, les avancées en matière de traitements, tels que la chirurgie, la chimiothérapie et les thérapies ciblées, ont amélioré la prise en charge et le traitement efficace du cancer du foie lorsqu'il est détecté tôt.

Il est donc important de connaître les facteurs de risque et les symptômes du cancer du foie, et de consulter rapidement un professionnel de santé en cas de doute. En restant informés et proactifs quant à leur santé, les individus peuvent augmenter leurs chances de détection précoce et de traitement réussi.

Il est également essentiel d'adopter un mode de vie sain, notamment en évitant la consommation excessive d'alcool et en maintenant un poids santé, car ces facteurs peuvent contribuer au développement de cette maladie. En prenant ces mesures préventives et en consultant un médecin en cas de besoin, les patients peuvent améliorer leur pronostic, voire espérer une guérison.

En plus des changements dans le mode de vie, les dépistages et examens réguliers jouent un rôle clé dans la détection précoce du cancer du foie. Les individus peuvent ainsi adopter une approche proactive pour protéger leur santé en se tenant informés des facteurs de risque et des symptômes. En somme, en donnant la priorité à la prévention et à l'intervention précoce, il est possible d'augmenter significativement les chances de vaincre le cancer du foie et de mener une vie plus longue et plus saine.

Dans ce chapitre de notre thèse, nous analysons les maladies du foie et la relation étroite entre les radiologues et les systèmes d'apprentissage profond et d'apprentissage automatique, qui visent à faciliter leur travail. Plus précisément, nous abordons la classification et la segmentation des images de tomodensitométrie, en particulier celles liées au foie et aux tumeurs

hépatiques.

Dans notre travail, nous essayons d'identifier des méthodes modernes qui assistent les radiologues et permettent d'atteindre une grande précision dans la classification et la segmentation de ces images médicales. Pour cette raison, ce chapitre commence par une présentation du cancer du foie et des techniques d'imagerie médicale qui lui sont associées.

1.2 Maladies du cancer de foie

De nombreuses maladies se sont propagées parmi la population. Certaines d'entre elles ont un traitement, tandis que d'autres n'ont pas encore trouvé de remède, ou seulement des moyens permettant d'en atténuer la gravité, comme le cancer, qui s'est largement répandu aussi bien chez les femmes que chez les hommes, avec des proportions variables.

Le cancer peut affecter tous les organes du corps, et il en existe de nombreux types. Dans ce chapitre de notre thèse, nous nous concentrons sur le cancer du foie. Pour commencer, il est essentiel de comprendre ce qu'est le cancer.

Le cancer est une prolifération cellulaire anarchique résultant d'une dérégulation des mécanismes de contrôle de la réplication du génome. Pour parler de phénotype cancéreux, il faut observer une prolifération illimitée et une inhibition de l'apoptose, une autonomie vis-à-vis des signaux de prolifération, ainsi qu'une indépendance par rapport aux signaux inhibiteurs de cette prolifération. Il s'accompagne également d'une capacité à induire l'angiogenèse, d'un pouvoir invasif, d'une indépendance d'ancrage, et donc d'une capacité à former des métastases [1].

Le cancer survient lorsque certaines cellules normales de l'organisme se multiplient de manière désordonnée, échappant aux mécanismes de différenciation et de régulation de leur division. Ces cellules deviennent alors capables de pénétrer dans les tissus sains environnants, de les détruire, puis de migrer à distance pour former des métastases [1].

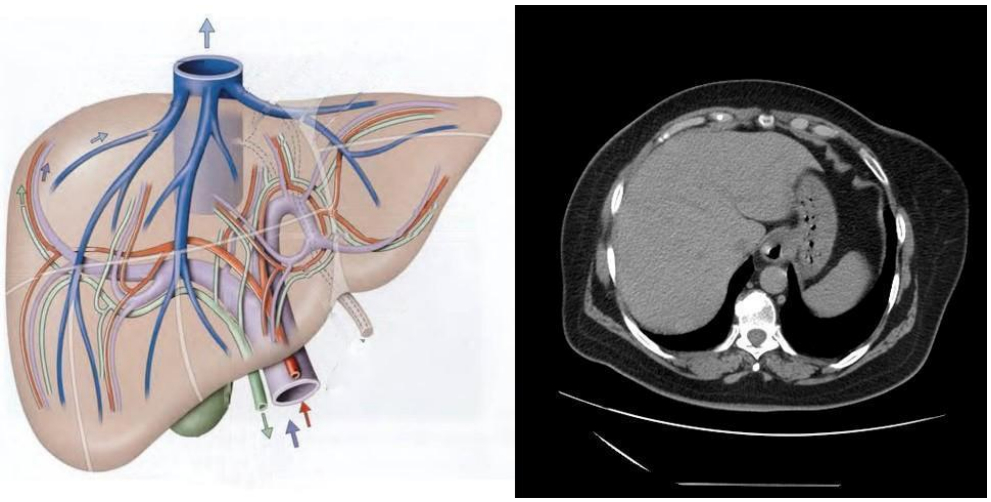


Figure 1. 1: Le foie

La mort de l'hôte porteur peut être causée par des complications graves induites par le cancer (hémorragies, compression cérébrale, dyspnée sévère), par une défaillance progressive des organes vitaux due à la présence massive de métastases (insuffisance respiratoire, insuffisance hépatique), ou encore par une détérioration majeure de l'état général du patient (cachexie) [2].

La prévention repose sur la protection contre les agents cancérogènes initiateurs (tabac, benzène, produits chimiques divers, rayonnements, etc.).

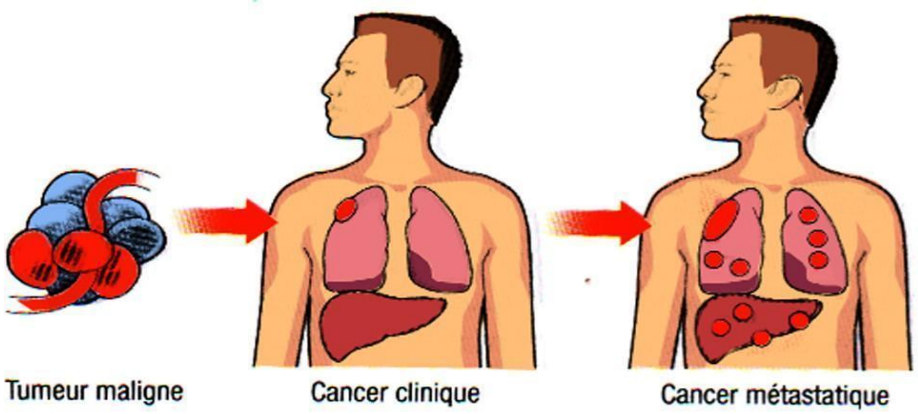


Figure 1. 2: Le développement tumoral et les métastases

Elle découle des connaissances acquises grâce aux études épidémiologiques et aux études expérimentales chez l'animal [2].

- **Le cancer du foie et ses types :**

Parmi les maladies cancéreuses les plus courantes figure le cancer du foie, qui représente une menace sérieuse pour les personnes atteintes. La majorité des patients en meurent, car cette maladie est très dangereuse, présente plusieurs formes et a de nombreuses causes.

Le cancer du foie se divise en deux catégories : le cancer primaire et le cancer secondaire. On peut également le classer en tumeurs bénignes (par exemple : le kyste simple, l'hémangiome hépatique) et tumeurs malignes (par exemple : le carcinome hépatocellulaire - CHC). Dans la plupart des cas, les tumeurs bénignes sont asymptomatiques et nécessitent seulement une surveillance régulière [3].

Dans un foie sain, les fonctions de filtration et de circulation du sang dans le corps sont essentielles. Ces fonctions sont gravement perturbées par les tissus cancéreux. Ces anomalies peuvent être détectées à l'aide de différentes modalités d'imagerie, comme la tomodensitométrie (CT), l'imagerie par résonance magnétique (IRM) et l'échographie, etc.

Dans ce chapitre, nous définirons les tumeurs ainsi que les cancers primitifs et secondaires [3]. Nous commencerons tout d'abord par :

1. Les tumeurs de foie :

(a) Les hémangiomes :

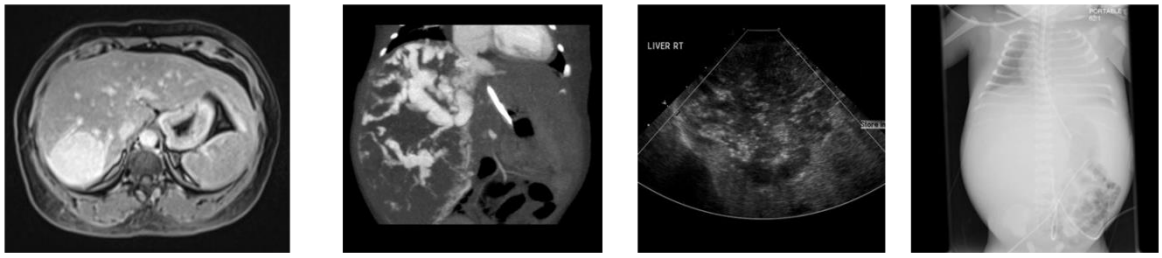
L'hémangiome hépatique est une tumeur bénigne qui se développe à partir des vaisseaux sanguins du foie. Cette tumeur est généralement de petite taille et ne présente aucun symptôme. Cependant, dans certains cas, elle peut devenir plus volumineuse et provoquer des douleurs ou d'autres problèmes.

Le traitement de l'hémangiome hépatique dépend de sa taille et de sa localisation, et peut inclure une simple surveillance, un traitement médicamenteux ou une intervention chirurgicale. Dans de rares situations, l'hémangiome peut se rompre et entraîner des hémorragies internes, voire la mort. C'est pourquoi un suivi régulier par un professionnel de santé est essentiel.

Lorsque des signes cliniques apparaissent, comme des douleurs abdominales ou des nausées, il est primordial de consulter rapidement afin de déterminer le traitement le plus approprié.

En général, l'hémangiome hépatique est une pathologie bénigne et gérable, mais une surveillance attentive et une prise en charge adaptée sont indispensables pour assurer les meilleurs résultats pour les patients.

Grâce à un bon suivi et à des examens d'imagerie réguliers, les personnes atteintes peuvent mener une vie normale tout en surveillant l'évolution de la tumeur. En restant proactif et en collaborant étroitement avec les professionnels de santé, les patients peuvent maîtriser efficacement leur condition et réduire les risques potentiels pour leur santé [3].



IRM Complete Fill in **MIP Projections C+ Portal Venous Phase CT** **ULTRASOUND** **X-RAY Frontal**

Figure 1. 3: Les hémangiomes

(b) **Les adénomes hépatiques :**

La taille et les symptômes de la tumeur peuvent influencer le traitement des adénomes hépatiques, allant d'une simple surveillance à une intervention chirurgicale dans les cas plus sévères.

Une surveillance étroite est essentielle pour éviter toute complication potentiellement dangereuse. L'imagerie médicale, comme l'échographie ou l'IRM, est couramment utilisée pour suivre l'évolution de la tumeur et détecter toute anomalie. Dans certains cas, une biopsie peut être nécessaire pour confirmer le diagnostic.

Si un adénome hépatique devient volumineux ou provoque des symptômes tels que des douleurs abdominales, une chirurgie peut être recommandée afin de prévenir tout risque de rupture ou d'hémorragie.

Une prise en charge adaptée, fondée sur la taille, les caractéristiques de la lésion et l'état clinique du patient, est essentielle pour assurer les meilleurs résultats thérapeutiques [3].

(c) **L'hyperplasie nodulaire focale :**

L'hyperplasie nodulaire focale (FNH) est une lésion bénigne du foie, caractérisée par la présence de multiples nodules d'hépatocytes entourés de tissu fibreux. Ces nodules sont généralement de petite taille, bien circonscrits, et se distinguent d'autres lésions hépatiques comme le carcinome hépatocellulaire ou les adénomes hépatiques.

Le plus souvent asymptomatique, la FNH est découverte fortuitement lors d'examens d'imagerie réalisés pour d'autres raisons.

Dans de rares cas, une intervention chirurgicale peut être envisagée si la lésion devient symptomatique ou montre une croissance progressive. Cependant, en raison de son faible potentiel de malignité, une approche conservatrice est généralement privilégiée.

Il est recommandé aux patients atteints de FNH d'adopter un mode de vie sain et d'éviter les facteurs de risque connus des maladies hépatiques afin de réduire le risque de complications. Globalement, le pronostic est excellent, avec une évolution stable, voire une régression spontanée dans de nombreux cas.

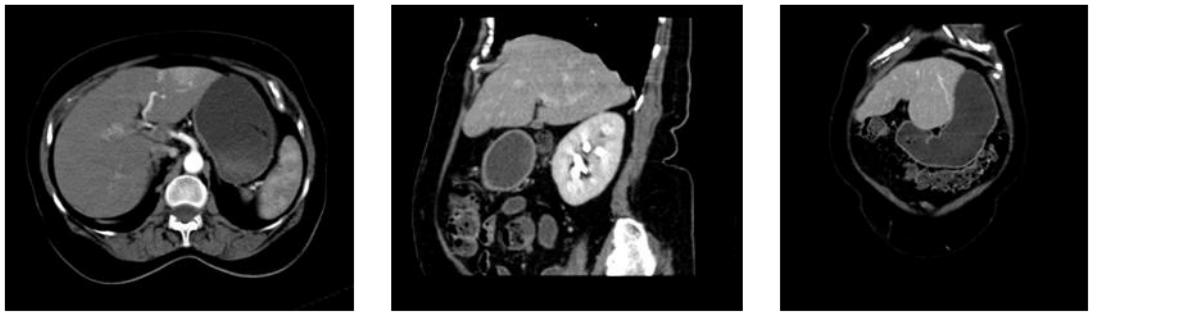


Figure 1. 4: L'hyperplasie nodulaire focale

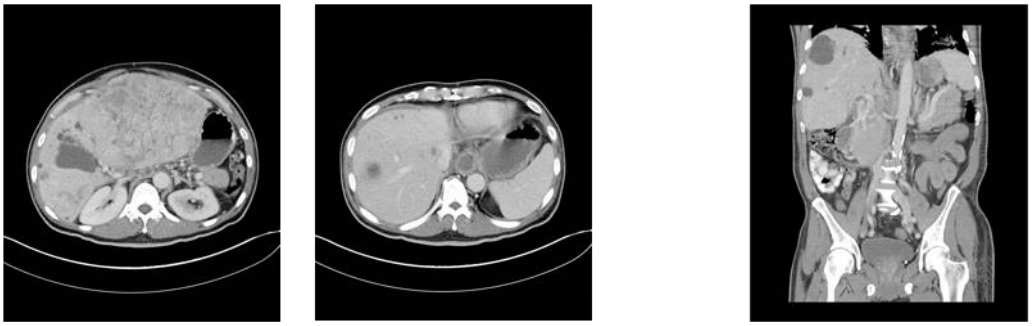
2. Ensuite, on signale également les cancers primitifs comme des tumeurs malignes. Les hépatocytes et les voies biliaires sont à l'origine des cancers du foie. Les types les plus fréquents de cancers primitifs du foie sont :

(a) **Le carcinome hépatocellulaire (CHC) :**

Le carcinome hépatocellulaire (CHC) est une maladie du foie qui se développe dans les

cellules hépatiques. Il s'agit du cancer du foie le plus fréquent et il se manifeste fréquemment chez les patients atteints de maladies chroniques du foie ou de cirrhose. S'il n'est pas détecté et traité à temps, le CHC peut représenter une maladie grave et dangereuse. Il peut s'accompagner de douleurs abdominales, d'une perte de poids inexpliquée, d'une jaunisse et d'une distension abdominale.

Le CHC est généralement détecté par des examens d'imagerie (échographie, scanner, IRM) et par des tests sanguins visant à vérifier les taux élevés de certaines enzymes hépatiques. La chirurgie, la transplantation hépatique, la chimiothérapie et les thérapies ciblées peuvent être utilisées pour traiter le CHC. Il est crucial de le détecter et d'intervenir rapidement afin d'améliorer le pronostic et le taux de survie des patients atteints de CHC.



Axial C+ Portal Venous Phase CT **Coronal C+ Portal Venous Pha**

Figure 1. 5: Le carcinome hépatocellulaire (HCC).

(b) **Carcinome fibrolamellaire :**

Le carcinome fibrolamellaire est une forme rare de cancer du foie qui affecte généralement les jeunes adultes et se caractérise par des masses tumorales importantes avec une apparence histologique unique. Contrairement à d'autres formes de cancer du foie, il n'est pas associé à une maladie hépatique sous-jacente, comme la cirrhose. Cette forme de cancer est souvent accompagnée de symptômes tels que douleurs abdominales, perte de poids et jaunisse. Elle est généralement diagnostiquée par des examens d'imagerie et une biopsie.

Le carcinome fibrolamellaire peut être traité par chirurgie, chimiothérapie et radiothérapie, selon le stade de la maladie et l'état de santé général du patient. Il est essentiel de détecter et de traiter rapidement cette forme rare de cancer du foie. Une prise en charge multidisciplinaire impliquant oncologues, chirurgiens et autres spécialistes est souvent nécessaire pour définir un traitement

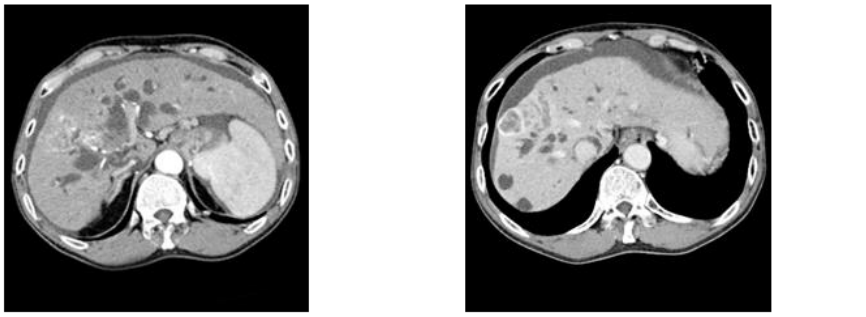
personnalisé.

La chirurgie est généralement la première option thérapeutique, visant à retirer autant de tumeur que possible. La chimiothérapie et la radiothérapie peuvent être administrées avant ou après l'intervention afin de réduire la masse tumorale ou d'éliminer les cellules cancéreuses résiduelles. Les patients atteints de carcinome fibrolamellaire doivent faire l'objet d'un suivi régulier, incluant des examens d'imagerie, pour surveiller les signes de récidive et optimiser les chances de guérison [3].

(c) Le cancer du canal cholédoque (cholangiocarcinome) :

Le cholangiocarcinome est une forme de cancer qui se développe dans les voies biliaires, de petits canaux qui transportent la bile du foie vers l'intestin grêle. Il est souvent difficile à diagnostiquer à un stade précoce et est généralement associé à un mauvais pronostic.

Selon le stade et la localisation du cancer, le traitement du cholangiocarcinome peut inclure la chirurgie, la chimiothérapie et la radiothérapie.



Axial C+ Arterial Phase CT **Axial C+Portal Venous Phase CT**

Figure 1. 6: Le cancer du canal cholédoque (cholangiocarcinome)

Les facteurs de risque du cholangiocarcinome comprennent l'inflammation chronique des voies biliaires, l'infection par certains parasites, ainsi que des affections telles que la cholangite sclérosante primitive. De plus, les personnes ayant des antécédents de maladies hépatiques ou de troubles des voies biliaires peuvent être plus susceptibles de développer un cholangiocarcinome. La détection précoce et la prise en charge rapide des patients atteints de ce cancer agressif sont cruciales pour améliorer leur pronostic. De nouvelles thérapies et des traitements ciblés sont actuellement à l'étude afin d'accroître les chances de survie des patients atteints de cholangiocarcinome [3].

Les cancers secondaires, également appelés cancers métastatiques, sont des tumeurs qui se sont propagées à d'autres parties du corps à partir de leur site d'origine. Par exemple, ils

peuvent provenir d'organes gastro-intestinaux comme le pancréas, l'estomac, etc., et se propager le long du système lymphatique [3].

Ces cancers sont considérés comme plus avancés et sont généralement plus difficiles à traiter que les cancers primitifs. La prise en charge des cancers secondaires se concentre sur le soulagement des symptômes, l'amélioration de la qualité de vie et le ralentissement de la progression de la maladie. Pour les gérer efficacement, il est primordial de détecter et de traiter les cancers secondaires le plus tôt possible.

Pour éviter les cancers secondaires, il est primordial d'effectuer des suivis et des évaluations réguliers, car les symptômes peuvent ne pas apparaître avant que le cancer ne soit déjà avancé. Les cancers métastatiques sont surveillés à l'aide de tests sanguins, d'examens d'imagerie, de biopsies et d'autres analyses. Les cancers secondaires du foie sont fréquemment causés par un cancer primitif du foie, mais aussi par d'autres types de cancers tels que ceux du poumon, du sein, du rein ou du côlon [3]. Ils peuvent être traités par chirurgie, chimiothérapie, radiothérapie, thérapies ciblées ou une combinaison de ces approches.

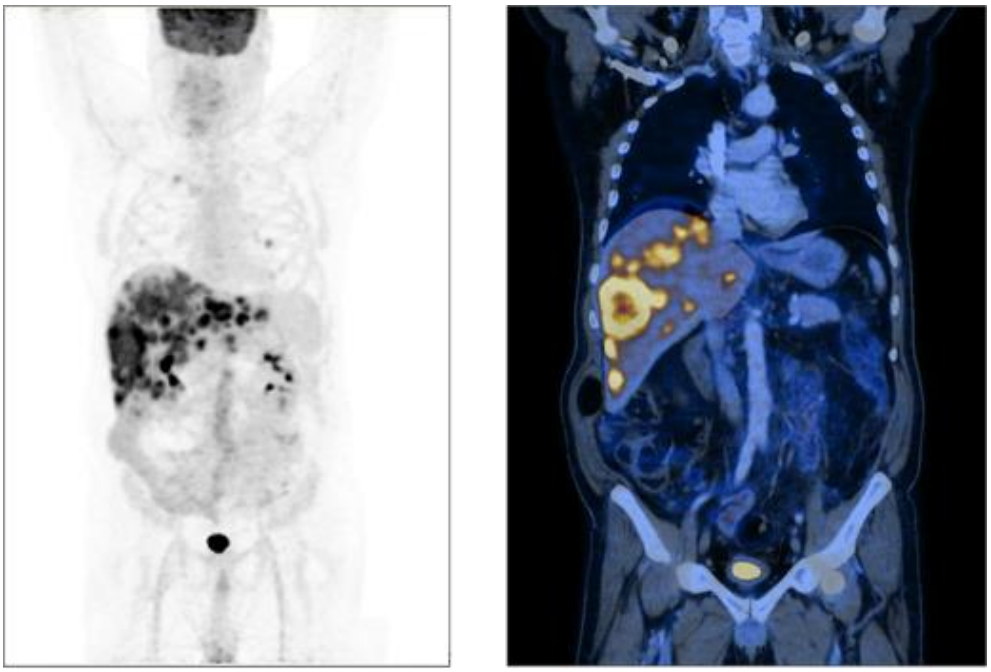
Il est essentiel que les patients collaborent étroitement avec leur équipe médicale afin de mettre en place un traitement personnalisé tenant compte de leur état de santé global et de leurs objectifs thérapeutiques. Les avancées de la recherche et des technologies permettent d'améliorer les résultats cliniques ainsi que la qualité de vie des patients atteints de cancers secondaires.

1.3 Technique d'imagerie médicale pour le diagnostic du cancer de foie

Le cancer du foie, également appelé carcinome hépatocellulaire, est un type de cancer qui se développe dans le foie. Un diagnostic précoce est essentiel pour la réussite du traitement et l'amélioration du pronostic. Les techniques d'imagerie médicale telles que l'échographie, la tomodensitométrie (CT), l'IRM et la TEP sont couramment utilisées pour détecter le cancer du foie et en déterminer le stade. Ces méthodes fournissent des informations précises sur la taille, la localisation et l'étendue de la tumeur, permettant ainsi aux médecins de prendre des décisions éclairées quant aux options thérapeutiques disponibles.

La détection précoce permet de mettre en œuvre des stratégies de traitement plus efficaces, augmentant potentiellement les chances de survie des patients atteints d'un cancer du

foie. Ces techniques d'imagerie jouent également un rôle clé dans le suivi de l'évolution de la maladie et l'évaluation de la réponse au traitement. De plus, elles peuvent aider à identifier d'éventuelles complications ou l'apparition de tumeurs secondaires. Globalement, l'utilisation de l'imagerie médicale dans le diagnostic précoce du cancer du foie est cruciale pour améliorer les résultats cliniques et la qualité de vie des patients [4].



PET-CT

Figure 1. 7: Les cancers métastatiques

1. L'imagerie par ultrasons

L'imagerie par ultrasons est une technique couramment utilisée pour diagnostiquer le cancer du foie en raison de sa nature non invasive et de sa capacité à fournir des images du foie en temps réel. En utilisant des ondes sonores à haute fréquence, l'échographie permet de créer des images détaillées du foie et des tissus environnants, ce qui aide les médecins à identifier toute croissance anormale ou tumeur. Cette méthode est particulièrement utile pour surveiller la taille et la progression du cancer du foie, ainsi que pour guider les biopsies en vue d'une analyse plus approfondie. Globalement, l'imagerie par ultrasons joue un rôle essentiel dans la détection précoce et la prise en charge du cancer du foie, contribuant ainsi à améliorer le pronostic des patients.

Les ultrasons fonctionnent en émettant des ondes sonores qui rebondissent sur les tissus et les organes internes, créant des échos ensuite traduits en image visuelle sur un moniteur. Les ondes sonores à haute fréquence utilisées dans l'échographie sont inoffensives et n'impliquent aucune radiation, ce qui en fait une option d'imagerie sûre pour les patients. Les images en temps réel produites permettent aux médecins d'examiner de près le foie et les structures environnantes, fournissant ainsi des informations précieuses pour le diagnostic et la planification du traitement. Cette technique d'imagerie non invasive a révolutionné la manière dont le cancer du foie est surveillé et pris en charge, contribuant à de meilleurs résultats pour les patients.

La capacité de détecter le cancer du foie à un stade précoce grâce à l'imagerie par ultrasons a considérablement augmenté les chances de réussite du traitement et amélioré les taux de survie des patients. De plus, l'échographie peut être réalisée rapidement et facilement, sans nécessiter de procédures invasives ni de préparation longue. Cela en fait un outil rentable et efficace pour surveiller la santé hépatique et détecter toute anomalie pouvant indiquer la présence d'un cancer. Grâce à son haut niveau de précision et de sécurité, l'échographie est devenue un outil précieux dans la lutte contre le cancer du foie.

Bien que l'échographie soit un outil puissant pour diagnostiquer le cancer du foie, elle présente certaines limites. Par exemple, il n'est pas toujours possible de détecter de très petites tumeurs ou des lésions profondes dans le foie. De plus, des facteurs tels que l'obésité ou une accumulation excessive de gaz dans les intestins peuvent rendre difficile l'obtention d'images claires du foie. Dans de tels cas, d'autres techniques d'imagerie, telles que la tomodensitométrie (CT) ou l'imagerie par résonance magnétique (IRM), peuvent être nécessaires pour fournir une évaluation plus complète du foie et détecter toute croissance cancéreuse potentielle.

2. La tomographie assistée par ordinateur (CT)

La tomodensitométrie permet d'obtenir des images plus détaillées du foie que l'échographie, ce qui en fait un outil précieux pour détecter des tumeurs ou des lésions de petite taille qui auraient pu passer inaperçues lors d'un examen échographique. Cette technique d'imagerie utilise une série de radiographies prises sous différents angles pour générer des images en coupe du foie, offrant ainsi une évaluation plus précise de toute croissance anormale. Elle permet également de déterminer le stade du cancer du foie et d'évaluer s'il s'est propagé

aux organes ou tissus voisins. Globalement, la tomodensitométrie complète efficacement l'échographie dans le diagnostic du cancer du foie et aide les professionnels de santé à élaborer un plan de traitement plus adapté aux besoins du patient.

Au cours de la procédure de tomodensitométrie, le patient est allongé sur une table qui glisse à l'intérieur d'un large anneau circulaire. L'appareil tourne autour du corps, prenant de multiples images radiographiques, ensuite traitées par un ordinateur pour produire des coupes transversales détaillées du foie. Un produit de contraste peut être injecté dans une veine afin de mieux visualiser les anomalies éventuelles sur les images. L'examen est indolore et dure généralement moins de 30 minutes. Après la procédure, les images sont analysées par un radiologue pour fournir une évaluation complète du foie et détecter tout signe potentiel de cancer hépatique.

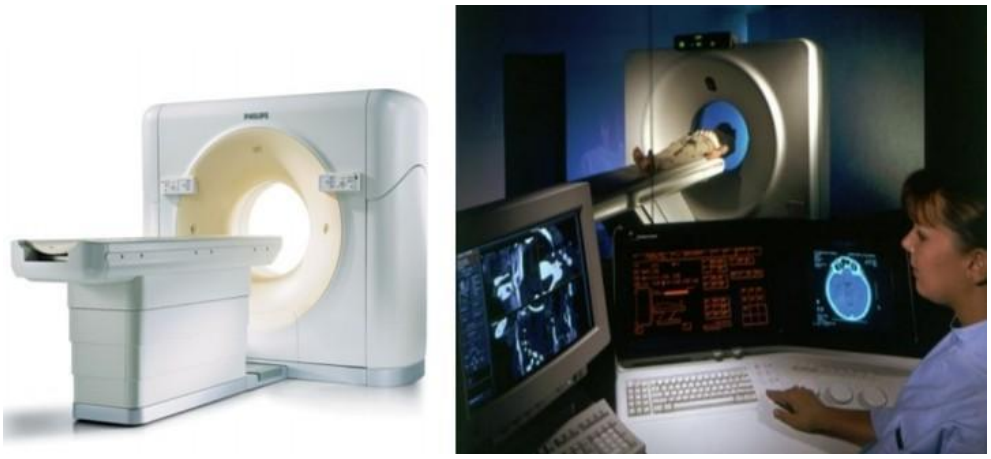


Figure 1. 8: Le processus de diagnostic à l'aide d'un scanner CT

L'un des avantages du scanner pour le diagnostic du cancer du foie est sa capacité à fournir des images très détaillées et précises du foie, ce qui permet une détection précoce de toute anomalie ou signe de cancer. En outre, l'utilisation d'un colorant de contraste peut aider à mettre clairement en évidence toute zone de préoccupation potentielle, ce qui permet aux radiologues d'identifier et d'évaluer plus facilement toute zone suspecte. La nature rapide et non invasive de la procédure en fait également une option pratique pour les patients, les résultats étant généralement disponibles peu de temps après la fin de l'examen. Dans l'ensemble, la tomodensitométrie est un outil précieux pour le diagnostic et le suivi du cancer du foie, car elle fournit des informations cruciales pour la planification et la gestion du traitement.

Les inconvénients de la tomodensitométrie incluent l'exposition aux radiations, les réactions allergiques potentielles au produit de contraste, ainsi que le risque rare de lésions rénales chez les patients souffrant de maladies rénales préexistantes. Avant de réaliser un scanner, il est essentiel que les patients discutent de leurs préoccupations avec leur professionnel de santé afin de s'assurer que les bénéfices de l'examen surpassent les risques potentiels. Dans la grande majorité des cas, les avantages liés à une détection précoce et à un diagnostic précis du cancer du foie l'emportent largement sur les risques minimes associés à la tomodensitométrie.

3. L'imagerie par résonance magnétique (IRM)

Une autre méthode d'imagerie fréquemment utilisée pour le diagnostic et la prise en charge du cancer du foie est l'imagerie par résonance magnétique (IRM). L'IRM utilise un champ magnétique puissant et des ondes radio pour générer des images précises du foie et des tissus adjacents. Il s'agit d'une méthode non invasive et indolore qui fournit des informations précieuses sur la taille, l'emplacement et les caractéristiques des tumeurs hépatiques, tout comme la tomodensitométrie. Contrairement à cette dernière, l'IRM n'expose pas les patients aux radiations ionisantes. Toutefois, elle peut ne pas être adaptée aux personnes porteuses de certains dispositifs médicaux (comme les pacemakers) ou souffrant de certaines affections. Comme pour tout examen d'imagerie, il est essentiel que les patients discutent de toute contre-indication ou préoccupation avec leur professionnel de santé avant de passer une IRM pour l'évaluation du cancer du foie.

L'IRM utilise un champ magnétique puissant et des ondes radio pour générer des images précises du foie et des tissus environnants. Ces images permettent aux médecins d'identifier toute anomalie, telle qu'une tumeur, dans le foie. Contrairement à la tomodensitométrie, l'IRM n'expose pas les patients à des radiations ionisantes, ce qui en fait une option plus sûre pour de nombreux cas. Toutefois, certaines personnes, comme celles portant des dispositifs médicaux implantés (par exemple des stimulateurs cardiaques) ou souffrant de troubles tels que la claustrophobie, peuvent ne pas être éligibles à cet examen. Il est donc essentiel que les patients discutent de toute contre-indication ou préoccupation avec leur médecin avant de réaliser une IRM pour l'évaluation du cancer du foie.

La comparaison de l'IRM avec d'autres techniques d'imagerie dans l'évaluation du

cancer du foie est toujours en cours, mais de nombreuses études ont démontré que l'IRM constitue un outil particulièrement efficace pour détecter ce cancer à un stade précoce. Par rapport à l'échographie ou à la tomodensitométrie, l'IRM offre des images plus nettes et plus détaillées du foie, ce qui permet aux médecins de poser des diagnostics plus précis. De plus, l'IRM peut également être utilisée pour surveiller l'évolution de la maladie ainsi que l'efficacité des traitements au fil du temps. Globalement, l'IRM est une technique d'imagerie précieuse, jouant un rôle central dans la détection précoce et la prise en charge optimale du cancer du foie.

Le coût de l'IRM peut varier en fonction du système de santé et de la localisation géographique. Dans certains cas, l'assurance maladie prend en charge les frais liés à une IRM prescrite pour le diagnostic du cancer du foie, ce qui la rend plus accessible aux patients. Cependant, dans les régions où les ressources sont limitées ou où les appareils d'IRM sont peu disponibles, l'accès à cette technologie peut demeurer restreint. Des efforts sont actuellement déployés pour améliorer la disponibilité de l'IRM dans le cadre du diagnostic du cancer du foie, afin que davantage de patients puissent bénéficier de cet outil d'imagerie essentiel.

Les techniques d'imagerie médicale, telles que l'imagerie par résonance magnétique (IRM), jouent un rôle fondamental dans le diagnostic et la prise en charge du cancer du foie. La disponibilité de l'IRM à des fins diagnostiques peut avoir une influence majeure sur le pronostic des patients, dans la mesure où une détection précoce permet souvent d'accéder à des options thérapeutiques plus efficaces, augmentant ainsi les chances de survie. Il est donc essentiel de poursuivre les efforts visant à améliorer l'accessibilité à cette technologie, afin de garantir à l'ensemble des patients la possibilité de bénéficier d'un diagnostic précoce et d'une prise en charge rapide et appropriée.

Les avancées futures en imagerie médicale pour la détection du cancer du foie pourraient profondément transformer les approches actuelles de diagnostic et de traitement de cette pathologie. La poursuite de la recherche et du développement dans ce domaine permettra d'atteindre une précision accrue dans l'identification du cancer à des stades précoces, ouvrant la voie à des stratégies thérapeutiques plus ciblées et plus efficaces. En demeurant à la pointe de l'innovation en imagerie médicale, il devient possible d'améliorer considérablement les pronostics des patients et, à terme, de sauver davantage de vies.

Les chercheurs ont analysé ces images issues de différentes modalités en utilisant divers

outils de visualisation modernes. Dans les méthodes traditionnelles, l'intervention humaine — notamment celle des radiologues — est indispensable pour détecter les anomalies tumorales au sein du foie.

Cependant, dans cette thèse, nous explorons de nouvelles approches susceptibles d'assister les interventions humaines, notamment celles des radiologues, en améliorant la précision et la rapidité requises pour traiter une grande quantité d'informations — en particulier le nombre de coupes générées lors de chaque processus de tomodensitométrie. L'ensemble des méthodes utilisées dans notre travail sera présenté dans les chapitres suivants, qu'il s'agisse de techniques automatisées issues de l'apprentissage automatique ou de l'apprentissage profond.

Lors de l'extraction et de la segmentation des tumeurs par apprentissage profond ou par apprentissage automatique, en particulier au niveau du foie, nous avons eu recours à la tomodensitométrie (CT) pour plusieurs raisons. Il s'agit en effet d'une technique d'imagerie largement utilisée et relativement peu coûteuse, permettant d'identifier les régions cancéreuses avec une grande précision. La tomodensitométrie offre une excellente résolution spatiale et permet d'examiner l'ensemble du foie en une seule acquisition.

Un scanner peut être utilisé pour détecter des lésions traumatiques, des tumeurs, etc. Il est également employé pour mesurer la densité osseuse dans le cadre de l'évaluation de l'ostéoporose. Par ailleurs, il est appliqué au niveau thoracique pour identifier les tumeurs, les kystes et d'autres types d'infections sur les radiographies du thorax. Les scanners jouent également un rôle essentiel dans l'analyse de l'anatomie abdominale, car ils permettent de visualiser le foie, la rate, les reins, le pancréas, l'aorte, la vésicule biliaire ainsi que les ovaires [4].

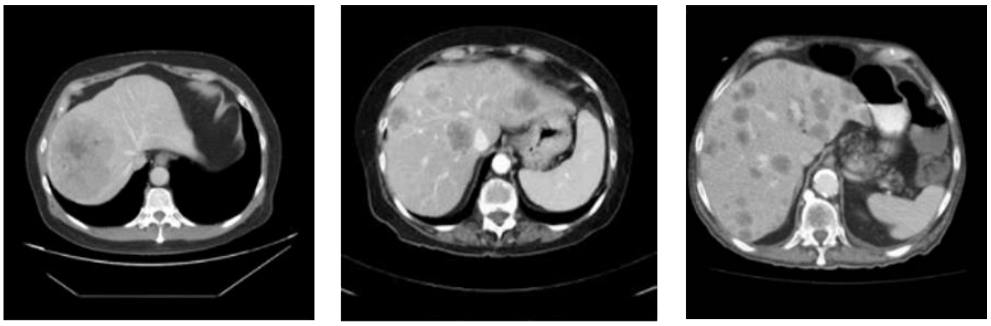


Figure 1. 9: CT scan de différents des cancers du foie

Les scanners de cette zone sont principalement utilisés pour détecter la présence ou l'absence de tumeurs et d'autres anomalies ou infections dans le corps. Cette technique, indolore, fournit une image très précise des structures internes, ce qui aide les radiologues à effectuer divers examens et diagnostics avec une plus grande précision [4].

1.4 Base de données du cancer de foie

Dans cette thèse, deux étapes sont nécessaires pour exploiter la base de données. La première, présentée dans le chapitre quatre, consiste à constituer une base de données à partir du Centre Anti-Cancer de Batna, en Algérie. Elle comprend des images de patients atteints de cancer du foie, de différents âges et présentant divers types de tumeurs, ainsi que des images de personnes non malades. La base est composée de 784 images CT du foie, accompagnées de leurs masques correspondants. Les images sont en haute résolution (512 × 512 pixels) et au format « .dcm » (DICOM).

Notre étude a été implémentée dans les deux cas à l'aide de plusieurs interfaces telles que Kaggle, Google Colab, ainsi que sur un PC local, en utilisant Python 3.8 avec TensorFlow. L'ordinateur utilisé est équipé d'un processeur Intel® Core™ i7, de 8 Go de RAM, et d'une carte graphique NVIDIA GeForce 930 MX. Par la suite, nous avons également utilisé les ressources du centre de calcul haute performance (HPC) de Batna.

Pour constituer une base de données de tumeurs hépatiques, nous avons appliqué les méthodes et techniques décrites dans le chapitre quatre, permettant d'extraire le foie à partir des images CT complètes. Ensuite, les mêmes approches d'apprentissage automatique ont été utilisées pour segmenter les tumeurs hépatiques, ce qui a permis d'obtenir une base de données dédiée aux tumeurs du foie, composée de 235 images accompagnées de leurs masques correspondants.

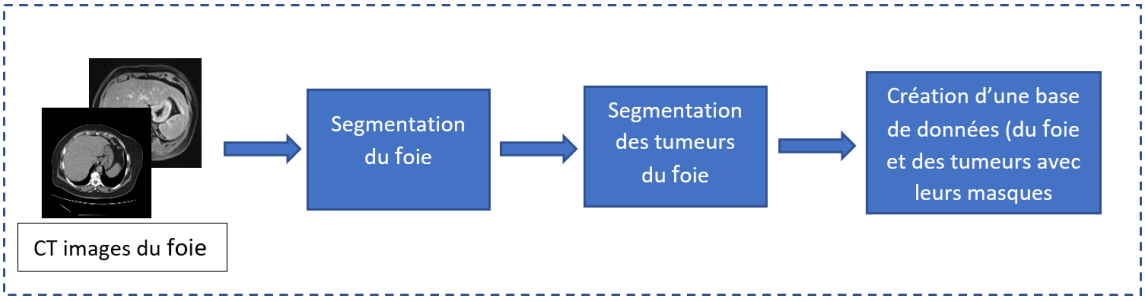


Figure 1. 10: CAD de la création d'une base de données

Chapitre 2 :

CONCEPTS DE BASE SUR LES APPROCHES DE SEGMENTATION DES IMAGES MEDICALES

2.1 Introduction

Une segmentation précise des tumeurs est cruciale pour un diagnostic clinique fiable. Afin d'aider les médecins à interpréter les images médicales, la segmentation automatisée a suscité un intérêt croissant ces dernières années en raison de son efficacité et de sa précision. Les méthodes de calcul traditionnelles utilisées pour la segmentation des objets reposent généralement sur une combinaison d'extraction de caractéristiques et de techniques de classification.

Dans ce chapitre, nous expliquerons le fonctionnement de ces approches ainsi que d'autres méthodes utilisées dans des travaux antérieurs, y compris les méthodes d'apprentissage profond, notamment : UNet, UNet++, ASU-Net. Nous passerons en revue certaines des méthodes liées à la segmentation automatique utilisées dans l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond. Nous commencerons par les techniques de segmentation apparues avant l'émergence de l'apprentissage profond et de l'apprentissage automatique, notamment :

— Les approches basées sur les régions

— Les approches basées sur les contours

— La segmentation par seuillage (thresholding)

La première méthode est celle des approches basées sur les régions, qui consiste à diviser l'image en petites zones, puis à fusionner itérativement les régions voisines satisfaisant un certain critère d'uniformité. Nous expliquerons cette méthode plus en détail dans ce chapitre.

Quant à la deuxième méthode, elle se décline en plusieurs variantes. La version originale, appelée *Snake*, consiste à placer des contours initiaux autour de l'objet à segmenter, lesquels évoluent progressivement pour atteindre les limites de cet objet. La version que nous avons utilisée dans notre étude est le *Gradient Vector Flow* (GVF). Il existe également plusieurs algorithmes de détection associés à cette approche, tels que la transformation de Hough, l'algorithme *Snake*, la transformation des caractéristiques invariantes à l'échelle (SIFT) et la segmentation par *graph cuts*.

On notera qu'un ensemble d'articles sélectionnés dans le cadre de notre sujet porte sur la segmentation des images médicales, notamment celles du foie. Premièrement, Jumaat et al. (2010) ont eu recours aux contours actifs (snakes) pour segmenter les masses mammaires et ont réussi à obtenir une segmentation précise [5]. Selon Khalifa et al. (2005), une méthode de

segmentation basée sur les contours actifs a été utilisée pour localiser le ventricule gauche dans une séquence d'images scintigraphiques du cœur [6]. Par ailleurs, P. Y. Daniau-Clavreul et al. (2005) ont développé une technique permettant d'identifier automatiquement les contours du foie à partir d'images IRM, dans le cadre d'une recherche sur la quantification de la graisse hépatique [7]. Enfin, D. Mounir et al. (2005) ont appliqué la technique des contours actifs pour détecter les bords des thrombus veineux sur des images ultrasonores acquises à l'aide d'une sonde échographique [8].

Selon A. Histace *et al.* (2003), une technique de suivi des déformations intramyocardiques en IRM cardiaque marquée a été proposée. Elle repose sur des contours dynamiques dont l'énergie d'image est générée à l'aide d'un paramétrage de la diffusion anisotrope non linéaire [9]. C. *et al.* (2002) ont, quant à eux, développé une méthode permettant de suivre des cellules biologiques dans un film de microscopie en utilisant des contours actifs paramétriques [10].

A. Fekir *et al.* (2009) ont proposé une technique permettant de détecter et de suivre un objet dans une séquence d'images, en ajustant la fonction d'énergie associée au modèle Snake afin de minimiser le temps de suivi, en remplaçant l'énergie du ballon par une énergie orientée [11]. T. Li *et al.* (2011) ont suggéré une technique paramétrique optimale de contours actifs basée sur les descripteurs de Fourier, permettant d'identifier et de suivre un contour en temps réel dans une séquence d'images [12].

Smeets *et al.* (2010) ont proposé une méthode de segmentation semi-automatique basée sur la technique *Level Set*, reposant sur une initialisation en spirale et un apprentissage supervisé [13]. Li *et al.* (2012) ont utilisé une approche combinant la compétition entre régions et des informations a priori pour la segmentation des tumeurs hépatiques, permettant de générer des cartes de distribution probabilistes [14]. En ce qui concerne l'apprentissage profond, une grande variété de réseaux de segmentation sémantique ont été développés ces dernières années, tels que les réseaux FCN, U-Net, et CNN.

Les architectures CNN, U-Net et Fully Convolutional Networks (FCN) ont été comparées dans l'étude d'Ozturk *et al.* (2020) [15]. L'utilisation des réseaux de neurones convolutifs (CNN) dans le traitement des images constitue l'une des applications les plus courantes de la vision par ordinateur. Un réseau neuronal convolutif se compose généralement de plusieurs couches organisées de manière hiérarchique. Il comprend principalement trois types de couches : les couches convolutives, les couches de regroupement (*pooling*) et les couches entièrement connectées.

Ainsi, le modèle génère une carte de segmentation spatiale plutôt que des scores de classification. Par la suite, plusieurs modèles ont été spécifiquement développés pour la segmentation d'images médicales ou biomédicales, en s'inspirant des FCN et des architectures encodeur-décodeur, notamment U-Net. Ce réseau convolutif, conçu pour une segmentation d'images rapide et précise, se caractérise par une architecture symétrique et l'utilisation de connexions de saut reliant les chemins d'encodage et de décodage. La stratégie de segmentation fondée sur les réseaux entièrement convolutifs (FCN), dans lesquels les couches entièrement connectées sont remplacées par des couches convolutives, a gagné en popularité et constitue désormais une référence pour la segmentation sémantique [15].

De nombreux algorithmes de segmentation d'images ont été développés, tels que U-Net [16], les réseaux de neurones entièrement convolutifs (FCN) [17], ParseNet [18] et SegNet [19]. Ces techniques reposent sur la simulation du processus d'apprentissage décisionnel, sans nécessiter l'écriture de programmes complexes. Récemment, diverses tâches de segmentation d'images, notamment la segmentation d'images biomédicales [16], la détection automatique des tumeurs cérébrales [20], les applications de vision mobile [21] ou encore la modélisation de bâtiments [22], ont enregistré des gains significatifs en termes de précision. Au cours des dernières décennies, les réseaux d'apprentissage profond (deep learning) ont donné naissance à une nouvelle génération de modèles de segmentation d'images, offrant des performances remarquables. Cela a entraîné un changement de paradigme majeur dans le domaine, avec des niveaux de précision parmi les plus élevés sur les benchmarks de référence [23].

Les Generative Adversarial Networks (GANs) permettent de pallier le problème de la faible quantité de données annotées dans le domaine de l'imagerie médicale, en exploitant des ensembles de réseaux antagonistes pour tirer parti des données non annotées. Le modèle Attention U-Net, quant à lui, repose sur une architecture de type U-Net intégrant un mécanisme de porte attentionnelle, capable d'apprendre à se focaliser sur des structures cibles de tailles et de formes variées [24]. Enfin, U²-Net représente une architecture imbriquée de type Nested U-Net, conçue pour améliorer la précision de la segmentation [25].

2.2 Les approches de la segmentation des images médicale

2.2.1 Les approches basées région

L'approche par région repose sur la fusion des pixels et des zones adjacentes partageant des caractéristiques communes, conduisant ainsi à une segmentation de l'image. Parmi les techniques de segmentation fondées sur cette approche, on distingue principalement celles basées sur la croissance

régionale et celles reposant sur la division et la fusion. Ces méthodes consistent à diviser l'image en petites régions, puis à regrouper progressivement les zones voisines répondant à un critère d'uniformité prédéfini.

Les méthodes de segmentation incluent à la fois des techniques simples, basées sur le contrôle de l'intensité moyenne, et des approches plus sophistiquées reposant sur des modèles. En se fondant sur un critère d'uniformité bien défini, le processus de fusion permet de constituer des régions de plus en plus étendues et homogènes. L'objectif de la segmentation par croissance de région est d'agréger les pixels adjacents partageant des caractéristiques similaires (telles que la couleur ou l'intensité), en s'appuyant sur une mesure d'uniformité spécifique. Ce processus débute à partir d'un ensemble de pixels initiaux, appelés « germes », à partir desquels se développe la croissance des régions par l'adjonction progressive de pixels voisins présentant des propriétés analogues.

2.2.2 Les approches basées contour

Ces méthodes se concentrent sur les contours des régions, correspondant aux zones où l'intensité de gris présente une variation significative par rapport aux pixels adjacents. Plusieurs approches peuvent être envisagées pour détecter ces contours, notamment :

On peut atteindre cet objectif en utilisant des techniques de segmentation directement sur l'image, comme les filtres de seuillage, de lissage ou les opérateurs de dérivée. Une autre technique implique de manipuler une forme qui intègre l'objet à extraire et de la déplacer d'un point de départ vers un point final en adéquation avec l'objet visé. Cette méthode est celle des limites actives.

Un contour actif, également appelé « Snake », est une courbe dans l'image capable de se déplacer en réponse aux forces qui l'attirent ou la repoussent vers la forme d'un objet. L'idée consiste à tracer une première ligne de contour autour de l'objet à détecter, puis le processus évolue progressivement, la courbe s'ajustant à chaque étape jusqu'à atteindre sa position finale.

- **Energies :**

Trois énergies associées au modèle Snake sont dérivées des forces impliquées dans le processus [26] :

- Une énergie interne,
- Une énergie externe,
- Une énergie de contexte.

La fonctionnelle d'énergie associée au contour actif est la suivante :

$$E(C) = EInterne + Externe + Contexte \quad (2.1)$$

- – **Une énergie interne,** qui dépend uniquement de la configuration des points du contour. Cette force interne assure la cohérence de la courbe en empêchant les points individuels du contour de trop s'éloigner de leurs voisins [26].

$$\mathrm{E}_{\text{interne}} = \alpha \int_a^b \left| \frac{\partial \mathrm{v}(\mathrm{s},\mathrm{t})}{\partial \mathrm{s}} \, \mathrm{ds} \right|^2 + \beta \int_a^b \left| \frac{\partial^2 \mathrm{v}(\mathrm{s},\mathrm{t})}{\partial \mathrm{s}^2} \, \mathrm{ds} \right|^2 \quad (2.2)$$

- **Une force extérieure,** qui dirige la ligne du Snake vers les lignes authentiques de l'image.
- **L'énergie d'intensité**, qui correspond à la valeur du pixel de l'image convertie en niveaux de gris, fait partie des énergies externes.

$$Einte = Niveaux\ De\ Gris[x][y] \quad (2.3)$$

- Et **l'énergie du gradient** (la première dérivée de l'image), qui est cruciale pour la reconnaissance des courbes.

$$\mathrm{E}_{\mathrm{grad}} = -\mathrm{V} \int_b^b |\nabla \mathrm{I}(\mathrm{v}(\mathrm{s},\mathrm{t}))|^2 \, \mathrm{ds} \quad (2.4)$$

— **Une énergie de contexte,** qui impose une distance minimale ou maximale entre deux points consécutifs du contour actif. Par exemple, l'énergie de ballon.

- **Minimisation de la fonctionnelle d'énergies :**

Pour résoudre le problème de minimisation de la fonction d'énergie E(C)E(C)E(C), trois principales approches sont généralement utilisées :

- La famille des approches variationnelles [27],
- La famille des approches basées sur la programmation dynamique [28],
- L'algorithme **Greedy** [29],
- Ainsi que l'algorithme **Fast Greedy**, proposé par Lam et Yan [30], reconnu pour sa rapidité de traitement.Les approches variationnelles :

La minimisation de l'**énergie totale E** *est* effectuée en utilisant l'équation d'Euler-

Lagrange :

$$E = \alpha \int_a^b \left|\frac{\partial v(s,t)}{\partial s}\, ds\right|^2 + \beta \int_a^b \left|\frac{\partial^2 v(s,t)}{\partial s^2}\, ds\right|^2 - y \int_a^b \left|\nabla I\big(v(s,t)\big)\right|^2 ds \tag{2.5}$$

Le Snake évolue grâce aux forces de l'image ∇I, tout en respectant les contraintes d'élasticité et de rigidité α et β. Cependant, son mouvement est entravé par des forces de friction visqueuse k. Id : symbolise la matrice identité, tandis que K est la matrice de déformation qui repose uniquement sur les pondérations des énergies lissage et rigidité α et β. Elle indique le poids de l'énergie interne (ou poids de déformation) en comparaison avec les autres types d'énergies.

$$\begin{aligned} X(t) &= (kId + K)^{-1}[kX(t-1) + \gamma|\nabla I(v)|^2(t-1)] \\ Y(t) &= (kId + K)^{-1}[kY(t-1) + \gamma|\nabla I(v)|^2(t-1)] \end{aligned} \tag{2.6}$$

1. Programmation dynamique :

La programmation dynamique est une technique classique utilisée pour résoudre des problèmes d'optimisation. Son application au suivi des contours en mouvement constitue une option intéressante pour le calcul de la variabilité [28].

$$\begin{aligned} E &= \int_0^1 E_{ext}(v(s)) + \frac{1}{2}\left(\alpha(s)\,|v_s(s)|^2 + \beta(s)||v_s(s)|^2\right)ds \\ &= \int_0^1 Eext + Eint \end{aligned} \tag{2.7}$$

$$E_{tot} = \sum_{i=0}^{n-1} E_{int}(V_i) E_{ext}(V_i) \tag{2.8}$$

$$E_{int}(v_i) = \frac{1}{2}\left(\alpha_i\,|v_i - v_{i-1}|^2 + \beta_i\,|v_{i+1} - 2v_i + v_{i-1}|^2\right) \tag{2.9}$$

La formulation standard sous forme récurrente de la programmation dynamique peut s'écrire :

$$S_i(v_{i+1}, v_i) = \min_{v_{i-1}} -1 \{S_{i-1}(v_i, v_{i-1}) + \alpha_i |v_i - v_{i-1}|^2 + \beta i |v_i + 1 - 2v_i + v_i - 1|^2 + E_{ext} v_i\} \quad (2.10)$$

$$E_{total}(v_1, v_2, \ldots, v_n) = E_1(v_1, v_2, v_3) + E_2(v_2, v_3, v_4) + \ldots + E_n - 2(v_n - 2, v_n - 1, v_n) \quad (2.11)$$

Chaque itération conduit à un contour optimal, assurant ainsi la minimisation de l'énergie. Toutefois, cette approche reste coûteuse en termes de complexité computationnelle. Elle permet néanmoins l'intégration de diverses contraintes, telles que l'énergie de ballon ou d'autres types d'énergies externes.

2. Algorithme de Greedy :

Il s'agit d'un algorithme itératif qui, en se basant sur un unique point dans sa proximité, crée une nouvelle ligne active. À chaque itération, tous les points sont abordés de manière successive. Pour chaque point Pi du contour actif, on calcule la fonction d'énergie pour tous les points vi situés autour de Pi. On choisit alors le point qui présente la moindre énergie pour substituer Pi si E(vi) < E(Pi). En revanche, le point du contour demeure invariable. On recherche donc la totalité des points où l'énergie est la plus faible possible, et ce processus se poursuit jusqu'à atteindre la convergence [29].

$$E_C = \sum_{i=1}^{n} (\alpha E.continuité(Pi) + \beta E.courbure(Pi) + \gamma E.gradient(Pi) + \kappa E.intensite'(Pi) + \lambda E.ballon(Pi)) \quad (2.12)$$

Pi : i = 1…N, les points du Snake α, β, γ, κ, λ sont des coefficients attribues à chaque énergie

$$\| \frac{dv_i}{ds} \|^2 = \| V_i - V_{i-1} \|^2 = (X_i - X_{i-1})^2 + (Y_i - Y_{i-1})^2 \quad (2.13)$$

$$\| \frac{d^2 v_i}{ds^2} \|^2 = \| V_{i-1} - 2V_i + V_{i+1} \|^2 = (X_{i-1} - 2X_i + X_{i+1})^2 + (Y_{i-1} - 2Y_i + Y_{i+1})^2 \quad (2.14)$$

```
1   while Critère d'arrêt do
2       for tous les points du Snake do
3           for tous les points du Voisinage do
4               Calculer les énergies
5           end
6           for tous les points du Voisinage do
7               Normalisation
8           end
9           Minimiser pour obtenir le nouveau point
10      end
11  end
```

Algorithme 1 : Greedy

- **Les critères d'arrêts :**

Parmi les critères d'arrêt du Snake :

- Moins de x % des points du Snake se sont déplacés entre deux itérations.
- La moyenne des déplacements sur une itération est inférieure à x pixel(s).
- La variation de l'énergie est inférieure à X % sur les six dernières itérations [Rou 04].

- **Normalisation** :

Pour prévenir une dispersion excessive des valeurs des énergies (certaines se situent entre 0 et 500, tandis que d'autres oscillent entre -1 et 0), il est crucial de normaliser ces dernières. Cela implique de répartir la valeur déterminée par la plus grande valeur proche, ce qui donne lieu à des fluctuations variant entre 0 et 1 pour toutes les énergies.

3. Algorithme de Fast Greedy :

L'algorithme de Greedy a subi une optimisation, principalement grâce à l'optimisation de la fenêtre adjacente. Le but est de limiter le champ de recherche en déterminant l'énergie dans des lieux choisis. L'algorithme emploie des fenêtres aux directions alternées, une pour les

voisins du cardinal et une pour ceux du diagonal. L'algorithme de Greedy et l'algorithme de Fast Greedy se distinguent principalement par le nombre de voisins employés pour ajuster la ligne active [30].

1. Calculer l'énergie E(c) pour le point du Snake et ses quatre voisins cardinaux (voir Figure 2.1 b)
2. Normalisation des énergies calculées en 1.
3. Si l'un des quatre voisins cardinaux possède une énergie inférieure ou égale à celle du point du Snake, alors il n'est pas nécessaire d'examiner les quatre voisins qui restent et allez à 6.
4. Calculer l'énergie E(c) pour les voisins diagonaux (voir Figure 2.1 c).
5. Normalisation des énergies calculées en 4.
6. Déplacer le point du Snake vers le voisin qui minimise l'énergie.

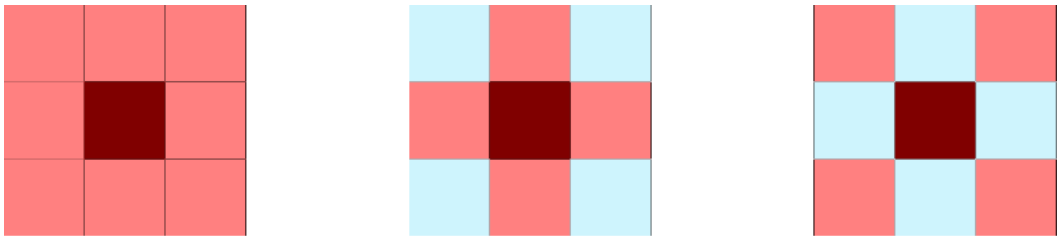


Figure 2. 1: Les voisins cardinaux et les voisins diagonaux

2.2.3 La segmentation par seuillage (Thresholding)

Dans le domaine du traitement et de la segmentation des images médicales, notamment celles du foie, le seuillage constitue une technique simple mais efficace permettant de segmenter les images et d'extraire les caractéristiques essentielles à l'analyse radiologique. Cette méthode repose sur la division de l'image en plusieurs régions distinctes, en fonction de la densité et de l'intensité des pixels, facilitant ainsi l'identification des structures d'intérêt pour le diagnostic médical.

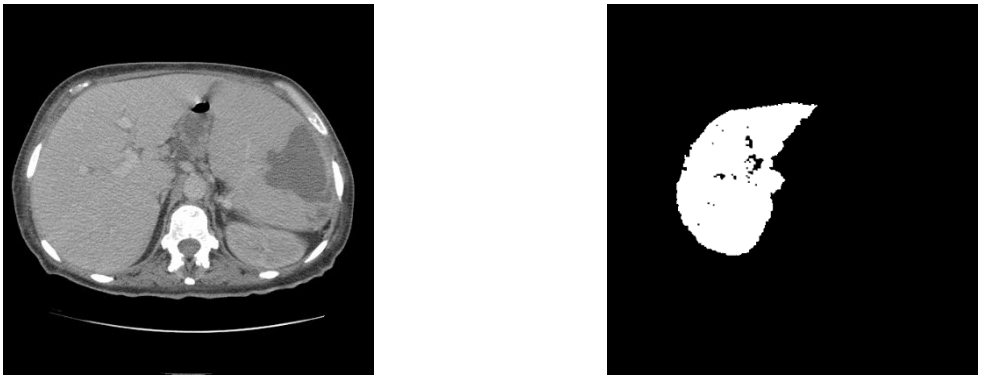
Cette méthode est largement utilisée dans divers domaines, tels que la segmentation d'images médicales, l'analyse d'empreintes digitales et la reconnaissance de caractères. Elle contribue à améliorer l'efficacité des processus d'analyse en renforçant la qualité des images,

notamment par la réduction du bruit et l'amélioration de la clarté visuelle globale.

Chaque technique présente des avantages spécifiques, et le choix de la méthode la plus appropriée dépend de plusieurs critères, tels que la complexité de l'image, le niveau de bruit et les performances attendues. Il est donc essentiel d'analyser avec rigueur les résultats expérimentaux afin de garantir une performance optimale, tant dans le traitement général des images que dans le contexte particulier des images médicales.

Dans le cadre du seuillage, une image peut être divisée en deux régions ou plus en fonction des niveaux d'intensité, en définissant une valeur seuil. Les pixels sont ensuite classés selon qu'ils présentent une intensité supérieure ou inférieure à ce seuil. Par exemple, cette méthode permet de convertir une image en niveaux de gris en une image binaire. Les techniques de seuillage sont largement utilisées dans des domaines tels que l'imagerie médicale, la vision par ordinateur, la télédétection et la reconnaissance des formes, notamment pour distinguer l'objet d'intérêt de l'arrière-plan.

Il existe une technique de seuillage global, qui applique une seule valeur seuil à l'ensemble de l'image. Bien qu'elle soit simple et rapide, cette méthode n'est pas adaptée aux images présentant des variations d'éclairage ou des arrière-plans complexes. Dans de tels cas, il est préférable d'utiliser des techniques plus avancées, comme le seuillage adaptatif, qui ajuste dynamiquement la valeur du seuil en fonction des caractéristiques locales de l'image. Une autre approche couramment utilisée est la méthode automatique d'Otsu, qui détermine le seuil optimal en maximisant la variance interclasse des niveaux de gris, permettant ainsi une séparation efficace des objets et du fond dans l'image.



(a) (b)

Figure 2. 2 : Résultat de seuillage (a) image du CT foie (b) masque du foie obtenu par la méthode du seuillage

2.3 Les modèles et les algorithmes d'apprentissage machine

Le problème d'apprentissage automatique peut être défini comme la recherche d'un moyen d'ajuster un modèle afin qu'il puisse apprendre les caractéristiques d'un système à partir des données. Il s'agit de former et de valider ce modèle de manière à ce qu'il établisse une relation efficace entre les entrées et les sorties du système considéré. Supposons un ensemble de données ainsi que les réponses correspondantes issues d'un système donné.

2.3.1 L'aspect modélisation d'apprentissage machine

2.3.1.1 La régression

Supposons que le domaine ne soit pas (ou ne devrait pas) séparé, nous pouvons se concentrer uniquement sur la tendance des données. Dans ce contexte, nous utilisons la régression comme méthode d'apprentissage machine. Autrement dit, on peut affirmer que cette régression est une représentation de tout le champ des données [31].

2.3.1.2 La classification

Si le domaine peut être divisé (ou si la division du domaine est autorisée), alors la modélisation peut être utilisée pour identifier différents groupes (classes ou types) ainsi que des sous-groupes au sein des données. On peut supposer que les classes sont étiquetées [31].

2.3.1.3 Le regroupement (clustering)

Si le domaine peut être divisé (ou si sa division est permise), la modélisation peut alors être utilisée pour identifier différents groupes (classes ou types) ainsi que des sous-groupes au sein des données. On peut supposer que les catégories sont étiquetées [31].

2.3.2 L'aspect algorithmique d'apprentissage machine

Supposons que le domaine soit subdivisé et que des étiquettes de classe soient disponibles. Dans ce cas, il est possible de générer un modèle de classification et d'ajuster ses **paramètres** de manière optimale. Ce type de processus est désigné par le terme d'apprentissage supervisé. En revanche, lorsqu'un domaine peut être subdivisé sans qu'aucune étiquette de classe ne soit fournie, on parle alors d'apprentissage non supervisé [31].

2.3.2.1 L'apprentissage supervisé

1. La régression linéaire univariée (linear regression) :

Une série d'observations peut être représentée sous forme de nuages de points, dans le but **d'identifier** une droite qui s'ajuste au mieux à l'ensemble de ces points [4].

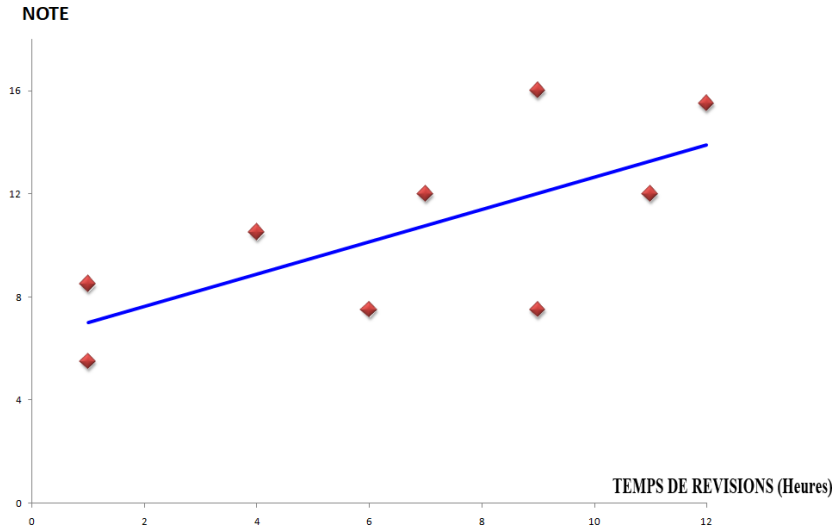


Figure 2. 2: La régression linéaire univariée

2. La méthode de descente de gradient :

Ainsi, l'algorithme du gradient vise à déterminer le minimum global de la fonction de coût (ou erreur) en effectuant des itérations successives [31].

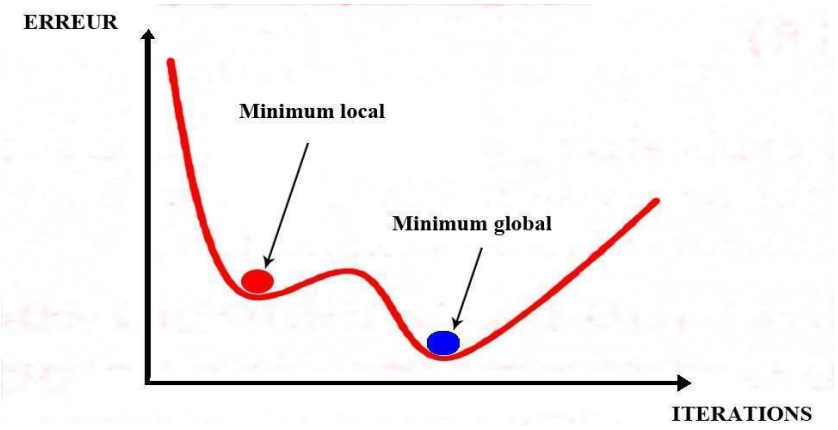


Figure 2. 3: La méthode de descente de gradient

3. La régression polynomiale (polynomial régression) :

Il autorise la régression polynomiale en intégrant des plis dans la courbe grâce à des composants connus sous le nom de polynômes [31].

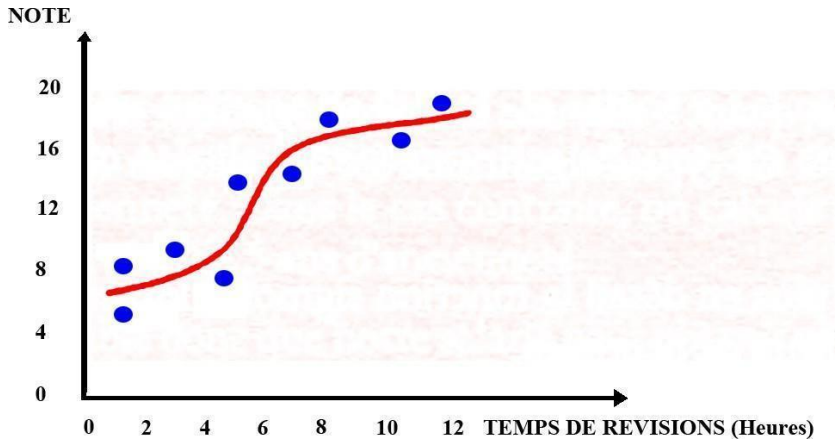


Figure 2. 4: La régression polynomiale

4. La régression logistique :

Une fonction logistique, aussi connue sous le nom de sigmoïde ou courbe en S, est employée dans des problèmes liés à la classification. Il convient de souligner que nous examinerons plus en profondeur la fonction sigmoïde lors du traitement concret des réseaux neuronaux [31].

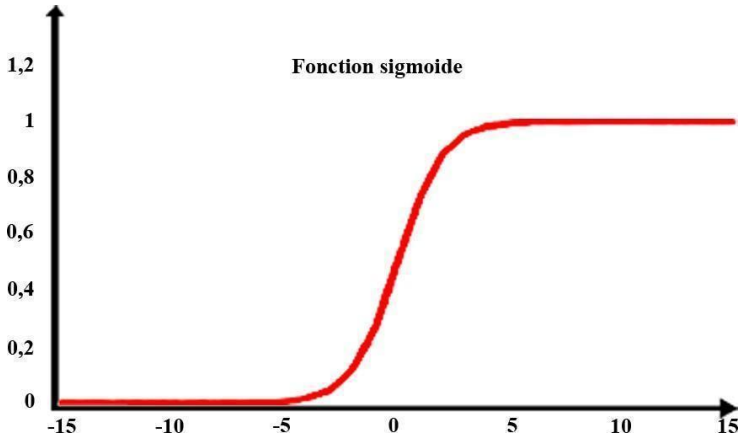


Figure 2. 5: La régression logistique

5. L'arbre de décision (Décision Tree) :

Cet outil d'aide à la décision ou d'exploration de données permet de représenter un ensemble de choix sous la forme graphique d'un arbre. Il s'agit d'une série de tests effectués dans le but de prédire un résultat, avec les décisions se trouvant à chaque extrémité des branches de l'arbre [31].

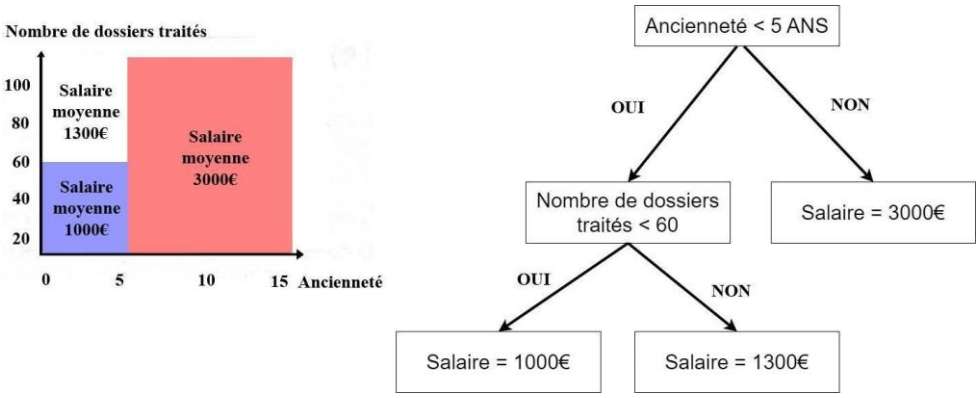


Figure 2. 6: l'arbre de décision

6. Forêts aléatoires (Random Forest) :

Son mécanisme repose sur l'apprentissage simultané sur plusieurs arbres de décision créés au hasard et formés sur des sous-ensembles regroupant des informations variées. Chaque arbre donne ensuite une prédiction, et la prédiction finale se fait en déterminant la moyenne de toutes ces prédictions. Il convient de souligner que cet algorithme est aussi employé dans le contexte de la classification. Dans cette situation, plutôt que de procéder à une moyenne des prévisions, on vote parmi les suggestions de catégorisation [31].

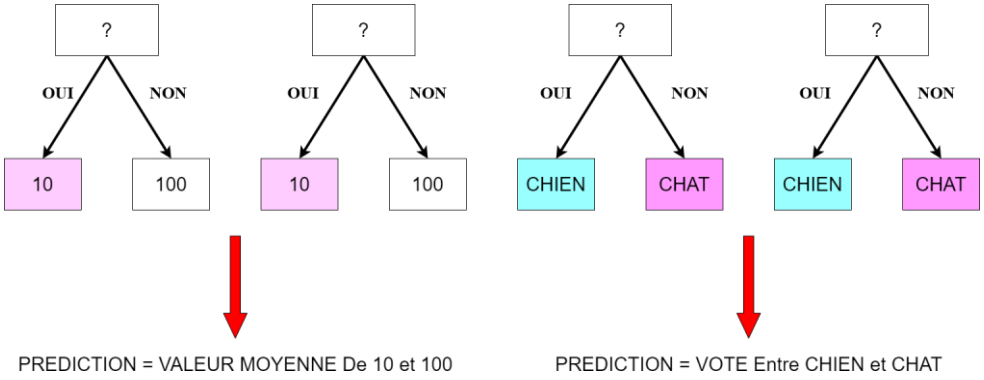


Figure 2. 7: Forêts aléatoires

7. Agrégation de modèle : le bagging, et boosting et le Gradient boosting.

Il s'agit de l'utilisation de plusieurs modèles au sein d'un même algorithme pour réaliser

un apprentissage.

8. Machine à vecteurs de support (SVM) :

L'algorithme SVM (Support Vector Machine) est efficacement employé dans le domaine de la classification et de la régression. Son objectif est de mettre en place une limite de séparation qui différencie les diverses catégories tout en optimisant la distance entre elles. On appelle vecteurs de support les endroits qui se trouvent le plus près de cette frontière [31].

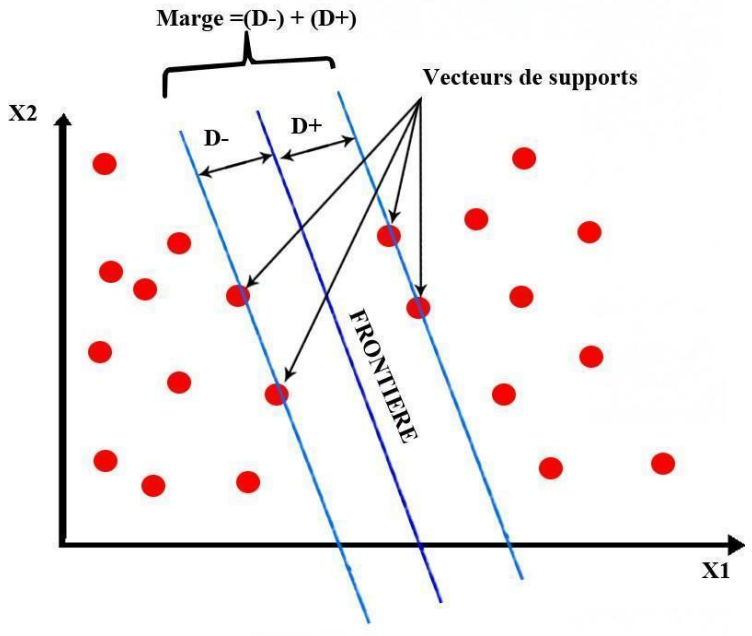


Figure 2. 8: Machine à vecteurs de support

9. KNN (K-Nearest Neighbors) :

L'algorithme k-Nearest Neighbours (k-NN) est un algorithme de classification qui détermine le groupe d'appartenance d'une observation en fonction des groupes d'appartenance de ses K plus proches voisins. Ici, K représente le nombre de voisins à prendre en compte [31].

.

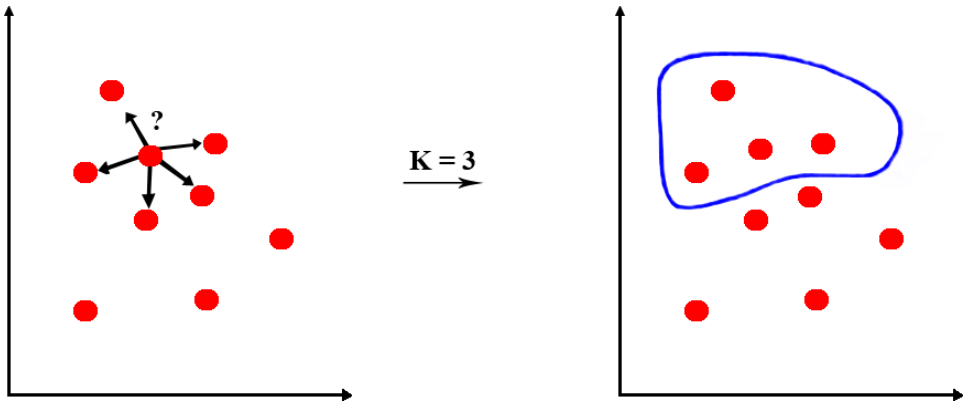


Figure 2. 9: K-Nearest Neighbors

10. Naïve Bayes :

Naïve Bayes est un algorithme de catégorisation fondé sur les probabilités, principalement employé dans des domaines comme la classification textuelle. Il s'appuie sur le concept d'autonomie conditionnelle entre les caractéristiques, rendant les calculs probabilistes plus simples.

2.3.2.2 L'apprentissage non supervisé

1. K-Moyennes (KMeans) :

Il s'agit d'un algorithme de regroupement qui collecte les observations en déterminant la distance entre chaque point et un centre de groupe, nommé centroïde. Ce procédé facilite la classification automatique des observations en divers groupes séparés [31].

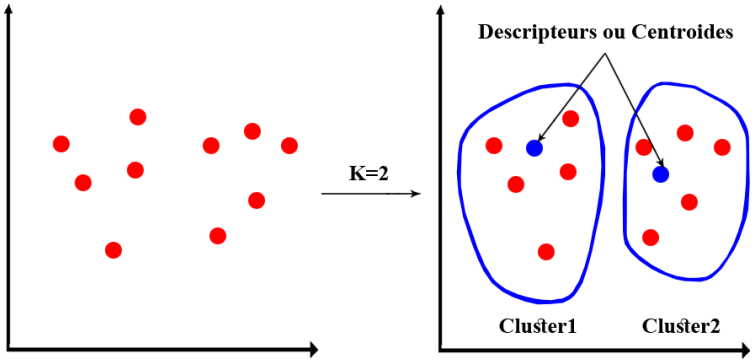


Figure 2. 10: K-Moyennes

2. Mean-shift :

Une fenêtre circulaire est définie, avec pour centre un point choisi aléatoirement et un rayon d'analyse spécifique, appelé Kernel. L'algorithme analyse ensuite les observations dans

ce rayon et déplace la fenêtre vers des régions de densité plus élevée. Ce déplacement se fait en déplaçant le centre de la fenêtre vers la moyenne des points qu'elle contient. Ce processus est répété jusqu'à ce que le nombre d'observations (la densité) dans la fenêtre d'analyse soit stable, ce qui détermine un cluster [31].

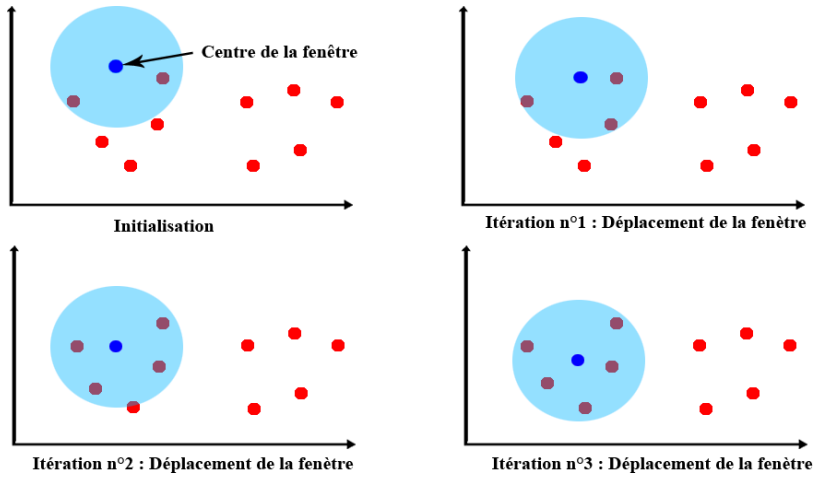


Figure 2. 11: Mean-shift

3. DBSCAN (Density Based Spatial Clustering of Application with Noise):

Tout comme l'algorithme Mean-shift, DBSCAN repose également sur la notion de densité d'observations pour identifier les différents clusters dans un ensemble de données [31].

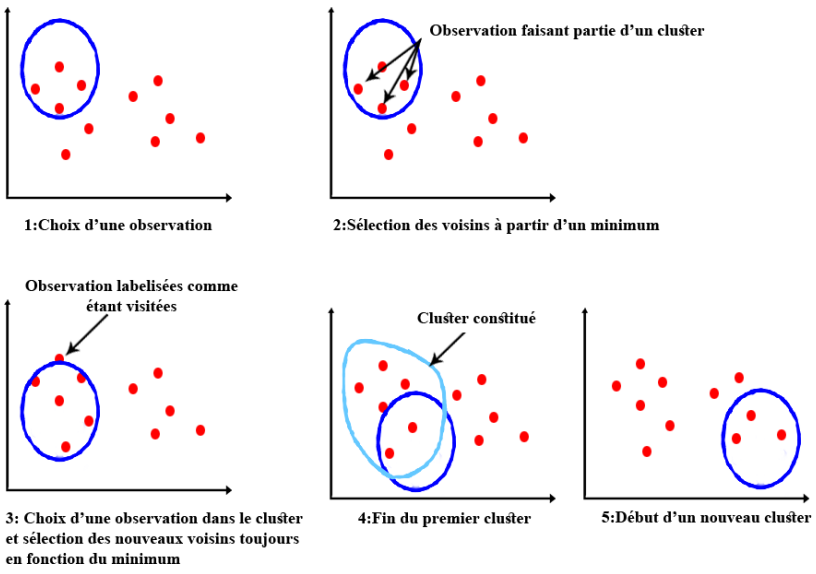


Figure 2. 12: Density Based Spatial Clustering of Application with Noise

4. Mélange gaussien (Gaussien Mixture Models (GMM)) :

L'algorithme GMM (Gaussian Mixture Model) a pour objectif d'attribuer à chaque observation une appartenance à une distribution gaussienne. Chaque distribution gaussienne détectée représente un cluster, et son centroïde correspond à la moyenne de cette distribution [31].

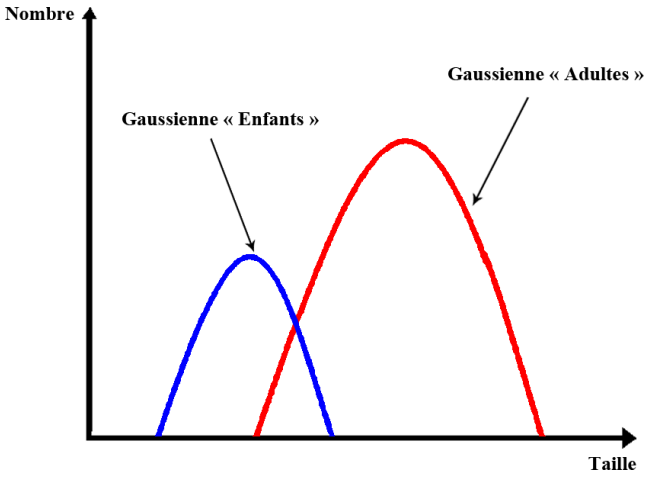


Figure 2. 13: Mélange Gaussian

2.4 L'apprentissage profond pour la segmentation automatique des images médicale

La plupart des modèles d'apprentissage approfondis par l'image qui ont fait leurs preuves ont été conçues sur la base de CNSS, FCNs, UNET++, ASU_Net et SSAE. Cette section présente les concepts de base des SIX architectures.

2.4.1 CNN

Les CNN appartiennent aux réseaux neuronaux à action directe (feed forward), dans lesquels un signal circule à travers le réseau sans former de cycles ou de boucles. Ce qui peut être exprimé par [32]:

$$F(x) = f_N(f_N - 1(\ldots(f_1(x)))) \quad (2.15)$$

Où N désigne le nombre de couches cachées et f_i représente la fonction dans la couche correspondante i. Dans un modèle CNN typique, les principales couches fonctionnelles comprennent :

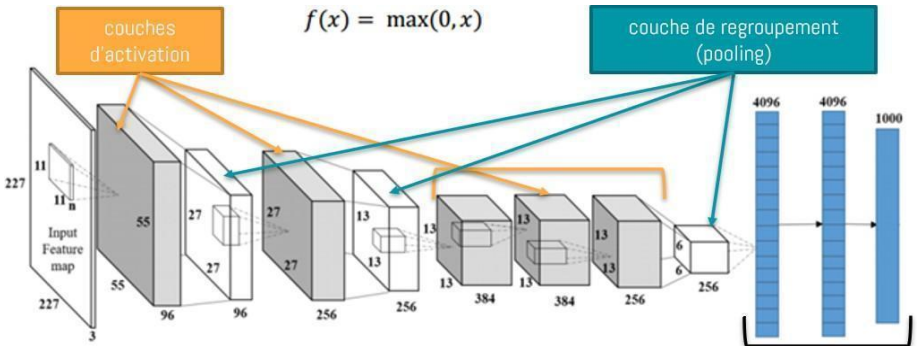


Figure 2. 14: Architecture CNN

- **La couche convolutionnelle (convolutional layer) :**

Il est composé de plusieurs noyaux de convolution, chacun représentant une fonction Softmax linéaire dans le k-^{ième} noyau.

- **La couche d'activation (activation layer) :**

C'est une fonction non linéaire pixel par pixel, c'est-à-dire une unité linéaire redressée (ReLU).

- **La couche de regroupement (pooling layer) :**

C'est une fonction de sous-échantillonnage non linéaire par couche visant à réduire progressivement la taille de la représentation des éléments.

- **La couche entièrement connectée (fully connected layer) :**

C'est une fonction considérée comme un type de couche convolutive dont le noyau convolutif à la taille de 1 * 1.

- **La couche de prédiction (prédiction layer) :**

Cette couche souvent ajoutée à la dernière couche entièrement connectée pour calculer les probabilités d'appartenance de I_i (input) a différentes classes. Un exemple de modèle CNN a pipeline unique est présenté à la figure 2.14. Il est composé de couches convolutionnelles, d'une couche d'activation ReLU, d'une couche de pooling et de couches entièrement connectées. Chaque couche convolutive est suivie d'une couche d'activation ReLU.

Dans le cas de la première, de la deuxième et de la cinquième couche d'activation, elles sont suivies d'une couche de regroupement (pooling). Suite à l'ajout de la dernière couche de pooling, trois

couches entièrement connectées sont ajoutées [32].

2.4.2 FCNs

Les réseaux entièrement connectés (FC) et les réseaux de neurones convolutifs (CNN) se distinguent principalement par le fait que les réseaux entièrement convolutifs (FCN) substituent les couches entièrement connectées par des couches de suréchantillonnage et de déconvolution. Plutôt qu'un score de probabilité soit généré pour chaque classe pour classer l'ensemble de l'image, les FCN génèrent une carte de score de taille égale à celle de l'image d'entrée pour chaque classe, ce qui permet de classifier chaque pixel de l'image.

Les FCN combinent les résultats de la suréchantillonnage des couches précédentes avec les résultats de la déconvolution de la dernière couche (connues également sous le nom de "skip connections") afin d'améliorer encore plus la précision de la prédiction. Grâce à leur capacité à effectuer une classification pixel par pixel, les FCN sont principalement utilisés pour la segmentation d'images [32].

Contrairement au modèle CNN présenté dans la figure 2.14, Une couche de suréchantillonnage et une couche de déconvolution sont supprimées et remplacées par les trois dernières couches entièrement connectées, comme le montre la figure 2.15. Le saut de connexion, représenté par la flèche bleue, est le cas où le tenseur de sortie de la deuxième couche convolutionnelle est combiné avec le tenseur de sortie de la dernière couche convolutionnelle par suréchantillonnage. Le nombre de classes auxquelles chaque pixel peut appartenir est indiqué par ce processus [32].

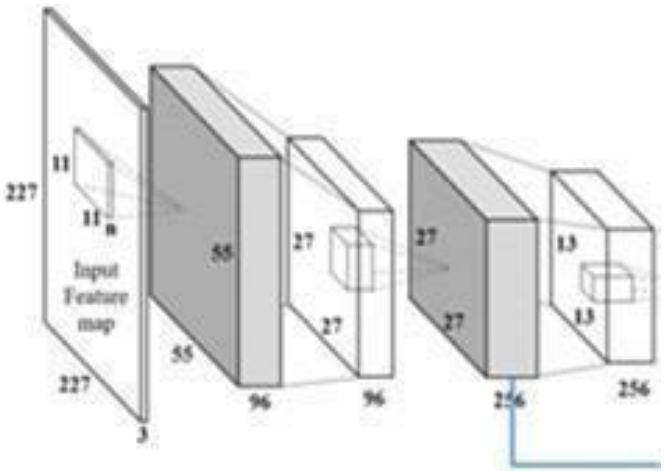


Figure 2. 15: Architecture FCN

2.4.3 UNET

L'idée principale des réseaux de neurones convolutifs (CNN) est d'apprendre une représentation des caractéristiques d'une image. Cette approche s'avère très efficace dans les tâches de classification,

où l'image est transformée en vecteur, puis exploitée pour effectuer la classification. Toutefois, dans le cas de la segmentation d'image, il ne suffit pas de convertir l'image en vecteur : il est également nécessaire de reconstruire l'image à partir de ce vecteur. Il s'agit d'une tâche particulièrement complexe, car la conversion d'un vecteur en image est bien plus difficile que l'inverse. L'architecture U-Net vise à relever ce défi [33].

Les réseaux de neurones CNN traditionnels, tels que U-Net, ont été développés et mis en œuvre pour la première fois en 2015 afin de traiter des images biomédicales. En classifiant chaque pixel, il est en mesure de repérer et de différencier les limites des éléments présents dans une image. Analyserons l'organisation de ce modèle afin de mieux appréhender son fonctionnement et les raisons qui le rendent si précis et adapté à des situations complexes. L'architecture présente une symétrie et se compose de trois parties distinctes : la section de contraction, le goulot d'étranglement et la section d'expansion [33].

Le bloc initial, connu sous le nom d'encodeur, assure la récupération du contexte de l'image. Cet ensemble est constitué de différentes couches de convolution et de couches de max pooling qui enregistrent les propriétés de l'image tout en réduisant sa taille afin de réduire le nombre de paramètres du réseau. Dans ce processus, deux couches de convolution 3x3 sont répétées, chacune étant suivie d'une fonction d'activation ReLU et d'une normalisation par lots. Par la suite, on utilise une méthode de max pooling 2x2 afin de diminuer les dimensions spatiales [33].

Les parties de l'encodeur et du décodeur sont reliées par un goulot d'étranglement, ce qui permet de compléter le flux d'informations. Chaque couche de convolution 3x3 est suivie d'une activation Relue. Le décodeur, qui permet une localisation précise grâce à la convolution transposée, est le deuxième bloc, et il permet de restaurer la taille originale de l'image. Le décodeur débute en échantillonnant une fois de plus la carte des caractéristiques, puis en effectuant une couche de convolution transposée 2x2.

Par la suite, on applique deux couches de convolution 3x3, chaque convolution étant suivie d'une fonction d'activation ReLU. L'activation sigmoïde du dernier décodeur est effectuée à travers une couche de convolution 1x1. Avant de calculer la perte, U-Net utilise une fonction de perte pour chaque pixel de l'image, en appliquant une fonction Softmax à chaque pixel. Cela métamorphose la question de la segmentation en une question de la classification, où chaque pixel doit être répertorié dans l'une des catégories [33].

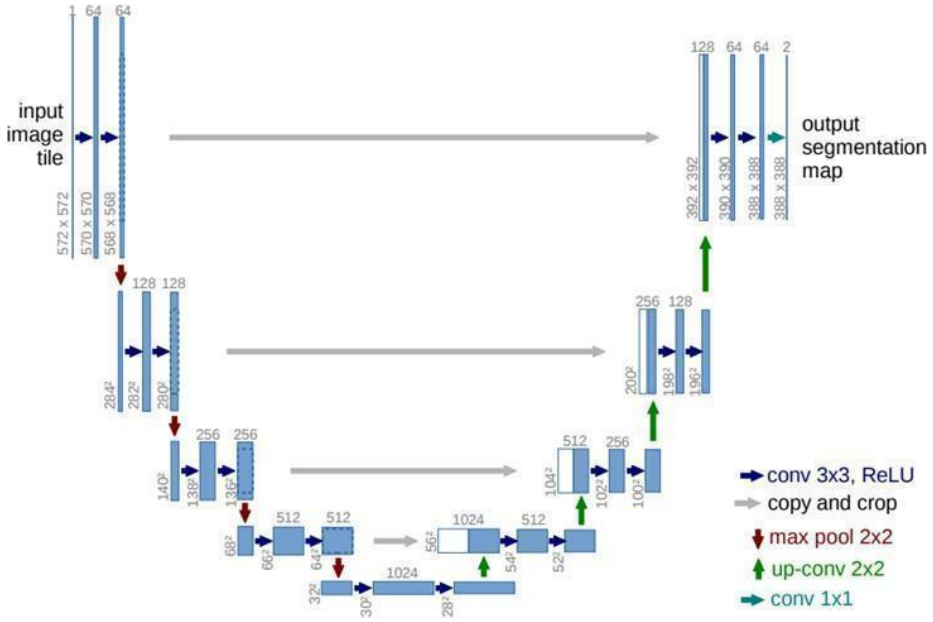


Figure 2. 16: Architecture UNET [16]

2.4.4 UNET++

UNET++ est basé sur l'architecture d'encodage et de décodage [34]. Il s'agit d'une version d'UNET, qui est un modèle de réseau de neurones dédie aux problèmes de segmentation sémantique. Ce modèle présente dans cette figure 2.16 :

$$x^{i,j} = H\left[x^{i-1,j}\right], j = 0$$
$$H\left[\left[x^{i,k}\right]_{k=0}^{j-1}, Up(x^{i+1,j-1})\right], j > 0 \quad (2.16)$$

UNET++ se compose d'un encodeur et d'un décodeur qui sont connectés via une série de blocs convolutionnels denses imbriqués. L'idée principale derrière UNET++ est de combler le fossé sémantique entre les cartes de caractéristiques de l'encodeur et du décodeur avant la fusion. Par exemple, le fossé sémantique entre ($X_{0,0}$, $X_{1,3}$) est comblé à l'aide d'un bloc de convolution dense avec trois couches de convolution [34].

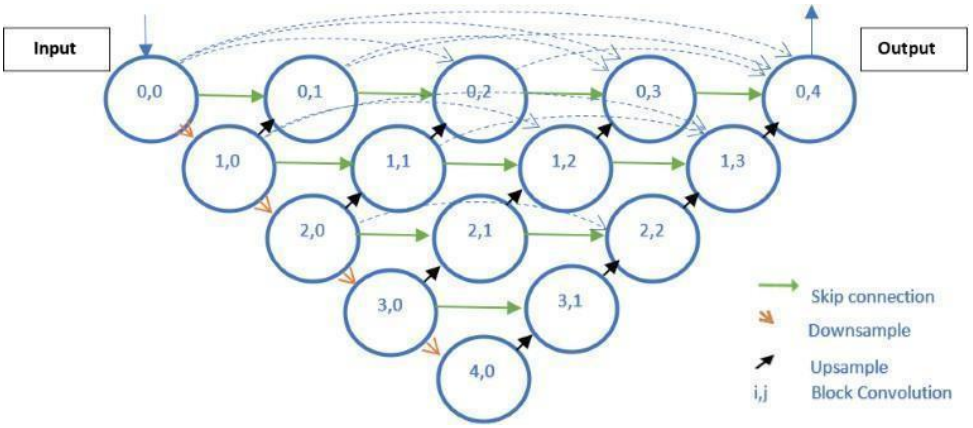


Figure 2. 17: Structure UNET++ [34]

2.4.5 ASU_Net

Dans ce modèle, il y a cinq blocs de convolution de sous-échantillonnage, chacun composé de deux convolutions utilisant des fenêtres coulissantes 3 par 3. Les cartes de caractéristiques restent toujours de taille constante au sein d'une même couche. Tout au long du chemin de convolution, des connexions de saut et de l'ASPP dynamique entre la couche I et la couche IV, la densité des cartes de caractéristiques est maintenue. D'autre part, la couche 5 met en place l'ASPP dynamique, ce qui entraîne une diminution de la densité des cartes de caractéristiques afin de faciliter la régularisation.

Leaky ReLU est utilisé comme fonction d'activation au lieu de ReLU pour empêcher l'évanouissement du gradient. En raison de la régression nulle de l'activation de ReLU, il est possible que ReLU soit bloqué dans un état qui ne peut produire que zéro comme sortie. Ceci est également appelé "mourir ReLU". Il utilise ReLU qui fuit au lieu de ReLU pour éviter un tel problème. La normalisation par lots est également ajoutée dans chaque bloc pour améliorer le flux de gradient, facilitant ainsi la convergence du modèle. Les niveaux du décodeur reproduisent le processus des niveaux d'encodeur et intègrent les niveaux de rééchantillonnage avec les cartes de caractéristiques des encodeurs correspondant aux mêmes niveaux [35].

$$x^{i,j} = H\left[x^{i-1,j}, \mathrm{ASPP}_i\left(x^{i,j}\right)\right], j = 0$$

$$H\left[\left[x^{i,j}\right]_{j=0}^{j-1}, \mathrm{Up}\left(x^{i+1,j-1}\right)\right], j > 0 \quad (2.17)$$

La conception dynamique de l'ASPP est superposée sur la deuxième à cinquième couches des blocs de sous-échantillonnage d'ASU_Net. Les densités des cartes d'entités dynamiques

ASPP sont telles que celles des cartes d'entités des blocs de convolution, sauf pour la cinquième couche, qui est utilisée pour la régularisation. En ajoutant des taux d'expansion supplémentaires en fonction de la profondeur et de la taille des cartes d'entités, nous élargissons progressivement la couverture de l'ASPP.

Il est recommandé d'utiliser la fonction de distorsion animée de Keras pour les étapes de suréchantillonnage plutôt que la fonction de suréchantillonnage traditionnelle. En effet, le flux de gradient est utilisé par la fonction de distorsion animée, ce qui peut augmenter la précision du modèle. L'indice de fuite du ReLU a été établi avec $\alpha = 0{,}1$. La densité de la carte de caractéristiques augmente progressivement à différents niveaux de structure, et les cinq couches renferment 32, 64, 128, 256 et 512 filtres dans chaque convolution. La zone de couverture de chaque ASPP dans les blocs de sous-échantillonnage est également augmentée avec le niveau de réseau, passant d'un taux d'expansion de 6 à 18 [35].

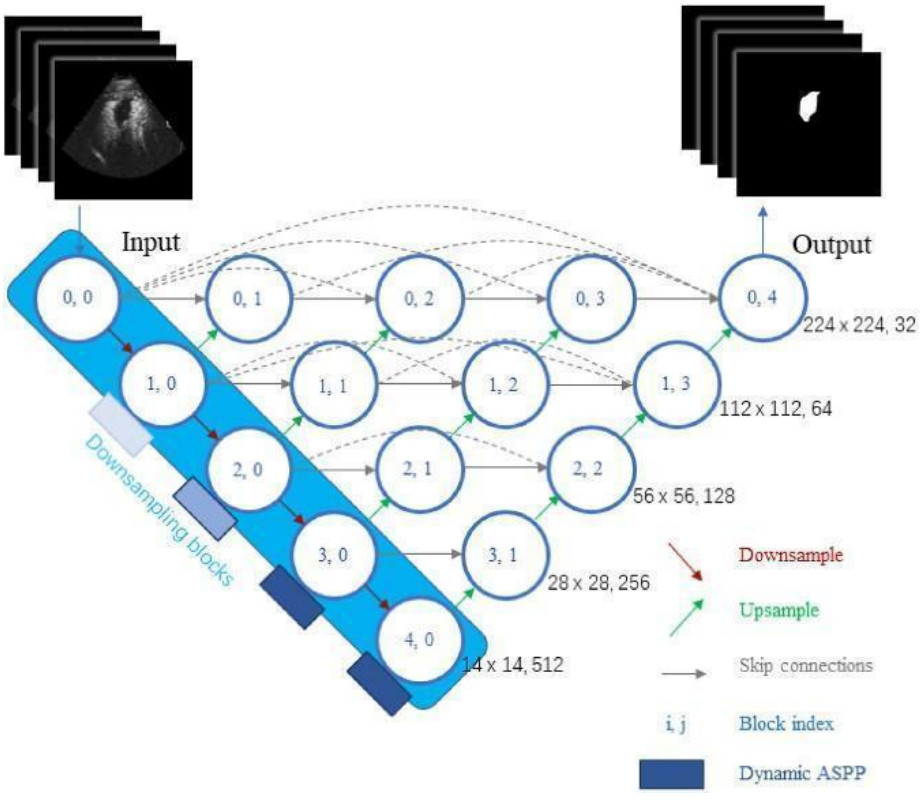


Figure 2. 18: Structure ASU-Net++(Gao et Al Mekkawy 2021)

2.4.6 SSAE

Les auto-codeurs (AE) font partie d'un autre genre de réseaux de neurones qui sont employés dans le domaine de l'apprentissage automatisé. Les auto-codeurs ont pour but principal d'acquérir une représentation d'une caractéristique avec une dimension inférieure à

partir des données d'entrée elles-mêmes. Ils utilisent généralement trois couches : une couche d'entrée, une couche cachée et une couche de sortie.

L'apprentissage des AES comporte souvent deux étapes : une étape d'encodage et une étape de décodage [32]. Lors de l'étape d'encodage, l'entrée x est d'abord encodée en une représentation h par matrice de poids $W_{x,h}$ et biais $b_{x,h}$:

$$h = \sigma(W_{x,h}x + b_{x,h}) \tag{2.18}$$

Ou σ est la fonction d'activation et la fonction sigmoïde est généralement utilisée :

$$\sigma(x) = \frac{1}{1 + \exp(-x)} \tag{2.19}$$

Au l'étape du décodage, la représentation h est décodée pour reconstruire la sortie $\hat{X}$ l'aide d'une nouvelle matrice de poids $W_{h,\hat{x}}$ et d'un nouveau biais $b_{h,\hat{x}}$:

$$\hat{x} = \sigma'(W_{h,\hat{x}}h + b_{h,\hat{x}}) \tag{2.20}$$

Ou∂ est la fonction d'activation. Notez que $W_{h,\hat{x}}$ peut être défini comme la transposition de $W_{x,h}$, ou comme une nouvelle matrice de paramètres pouvant être apprise, selon les différentes applications. Un AE est formé pour minimiser l'erreur suivante [32] :

$$\text{argmin}_{w,b} \| x - \hat{x} \|_2^2 \tag{2.21}$$

Les SAEs, également connus sous le nom d'auto-codeurs clairsemés, sont un type spécifique d'AE où la rareté est introduite dans les unités cachées en augmentant le nombre de nœuds de la couche cachée par rapport à celui de la couche d'entrée [32].

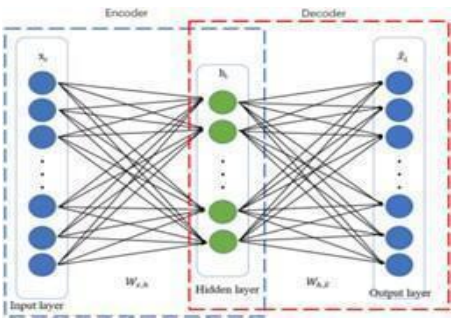


Figure 2. 19: Architecture de SSAE

Une pile de SAEs (stack of SAEs) est une pile de SAEs qui ne contient qu'une seule partie d'encodage. Souvent, ils sont formés de manière gourmande, en formant d'abord la couche cachée séparément, comme une SAE, puis en utilisant la sortie de la couche cachée actuelle comme entrée pour former la couche suivante. Après avoir combiné plusieurs SAEs, ou lorsque les caractéristiques extraites par une SAE de bas niveau sont transmises à une SAE de haut niveau afin d'obtenir des caractéristiques plus profondes, les SAGEs peuvent apprendre la manière dont les données représentent les caractéristiques profondes [32].

2.5 Conclusion

La détection précoce joue un rôle crucial dans le diagnostic du cancer, car elle permet d'améliorer significativement les taux de survie à long terme. L'imagerie médicale constitue une technique essentielle pour la détection et le diagnostic précoces. Toutefois, l'analyse manuelle d'un grand volume d'images médicales peut être fastidieuse et sujette à des erreurs ou à des biais humains. C'est dans ce contexte que, dès les années 1980, les systèmes de diagnostic assisté par ordinateur (CAD – *Computer-Aided Diagnosis*) ont été développés afin d'aider les cliniciens à interpréter les images médicales de manière plus fiable et efficace.

Actuellement, les méthodes d'apprentissage automatique sont largement intégrées dans ces systèmes pour la détection et le diagnostic des cancers à partir d'images médicales. L'extraction de caractéristiques constitue une étape clé dans ce processus. Des études récentes ont mis en évidence les performances prometteuses des réseaux de neurones convolutifs (CNN) et de l'architecture U-Net dans la détection et la classification du cancer, en adaptant les méthodes d'extraction aux différentes modalités d'imagerie et types de tumeurs.

Partie 02 :

Contributions et validation

Chapitre 3 :

DIAGNOSTIC ASSISTÉ PAR ORDINATEUR DANS LA SEGMENTATION DES TUMEURS HÉPATIQUES

3.1 Introduction

Les tumeurs hépatiques, qu'elles soient primaires ou secondaires, représentent l'une des principales causes de mortalité liée au cancer. Leur détection repose essentiellement sur l'imagerie médicale, notamment la tomodensitométrie (CT) et l'imagerie par résonance magnétique (IRM), des techniques qui ont connu un développement considérable ces dernières années, tant en matière de détection précoce que de segmentation des lésions. Ces avancées ont permis d'améliorer le diagnostic des carcinomes hépatocellulaires grâce à l'intégration de méthodes informatiques.

L'objectif principal est de réduire les erreurs médicales liées au diagnostic, tout en accélérant ce processus afin d'en accroître la précision. Pour ce faire, une segmentation automatique des lésions ou des tumeurs est effectuée à l'aide de techniques d'apprentissage automatique et d'apprentissage profond, permettant une estimation précise de la taille, de la forme et du type de la tumeur, et facilitant ainsi un diagnostic fiable. Les images médicales, qu'elles soient en 2D ou en 3D, permettent d'extraire de nombreuses informations pertinentes, telles que la longueur, la largeur et le volume tumoral.

Ce chapitre aborde plusieurs aspects, à commencer par la manière d'obtenir la base de données en collaboration avec les radiologues, à partir d'images de patients atteints d'un cancer du foie. Nous décrivons ensuite la procédure de collecte des images CT constituant notre base de données, laquelle a été construite manuellement en regroupant les coupes montrant l'apparition et la disparition du foie.

Une étape fondamentale de notre travail consiste en la conception d'un système de diagnostic assisté par ordinateur (CAD) appliqué au cancer du foie. Notre étude s'est focalisée sur l'acquisition des images CT, le prétraitement, puis la segmentation automatique du foie et des tumeurs à l'aide d'un ensemble d'algorithmes. Enfin, nous avons évalué et comparé plusieurs modèles d'apprentissage profond appliqués à la segmentation des structures hépatiques, une analyse approfondie qui fera l'objet du chapitre six.

3.2 Acquisition d'images par le radiologue

L'objectif principal est de réduire les erreurs médicales liées au diagnostic et d'en accélérer le processus afin de le rendre plus précis. Pour ce faire, une segmentation automatique des lésions ou tumeurs est réalisée à l'aide de techniques d'apprentissage automatique ou

d’apprentissage profond, permettant d’estimer avec précision la taille, la forme et le type de tumeur, contribuant ainsi à un diagnostic fiable et rigoureux.

L’obtention des images médicales auprès du centre de cancérologie constitue une étape cruciale de cette thèse. Nous avons choisi le Centre Anti-Cancer de Batna, en Algérie, comme source principale de données. Dans le cadre du service de radiologie, des images médicales de nombreux patients nous ont été fournies, ce qui nous a permis de constituer une base de données initiale contenant des images au format « .DICOM » pour chaque patient.

Les images ont ensuite été extraites à partir de chaque fichier DICOM et enregistrées au format PNG, afin de préserver un maximum de caractéristiques et d’informations. Chaque patient dispose d’un nombre variable d’images, couvrant l’ensemble du corps, de la tête aux pieds. Pour les besoins spécifiques de notre étude, seules les images montrant le foie ont été sélectionnées et exploitées.

3.3 Acquisition de base de données par la segmentation

La tomographie informatisée (CT) du patient est utilisée par le radiologue pour prendre des images médicales, qui sont ensuite stockées dans un logiciel spécifique qui diffère selon l'hôpital ou le centre médical. Le rôle principal du radiologue est d'utiliser ces images, de les examiner et de déduire manuellement le diagnostic adéquat pour le patient. Bien que ces programmes aient évolué, ce traitement est extrêmement laborieux car il exige une grande précision et une concentration dans chaque image, et il est essentiel de ne pas négliger aucun détail qui pourrait entraîner des conséquences graves à l'avenir et des problèmes de diagnostic pouvant entraîner la mort.

Après avoir obtenu une base de données préliminaire de fichiers DICOM, nous n'avons extrait que les images PNG spécifiques au foie. Pour obtenir le résultat souhaité, nous avons prétraité les images médicales afin d'obtenir une segmentation des images, soit une segmentation du foie, soit une segmentation de la tumeur du foie.

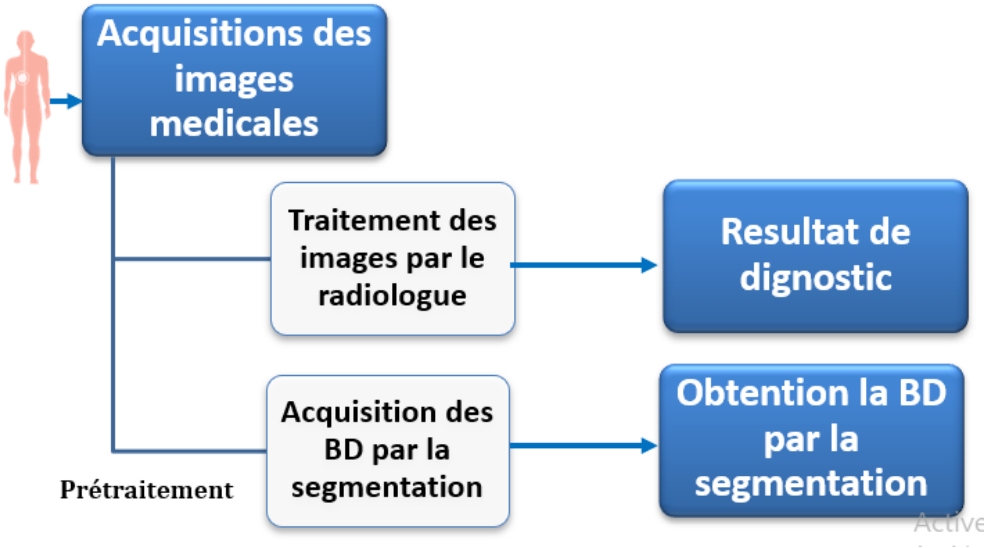


Figure 3. 1: Acquisition de la base de données

Ce prétraitement comprend les méthodes suivantes : Modèle de Rayleigh, Modèle de mélange gaussien (GMM)…, et enfin nous discuterons de toutes ces méthodes dans le chapitre suivant.

3.4 Méthodologie CAD dans la segmentation des tumeurs hépatiques

La méthode du diagnostic assisté par ordinateur a pour objectif général d'obtenir une vision globale du processus de diagnostic, depuis l'acquisition de l'image jusqu'à la segmentation et à la classification dans certains cas. Le diagnostic assisté par ordinateur des maladies tumorales du foie est particulièrement important. Il est difficile pour les radiologues de segmenter le foie en raison de la diversité des tumeurs, de leurs modèles et de leurs formes, notamment les tumeurs petites et irrégulières.

Pour cette raison que les systèmes de diagnostic assistés par ordinateur pour analyser automatiquement les tumeurs du foie par tomodensitométrie (CT) sont efficaces. Nous devons d'abord trouver la zone d'intérêt, c'est-à-dire déterminer le type d'organe impliqué, dans notre cas, nous nous sommes concentrés sur les maladies du foie, donc notre zone d'intérêt est le foie. Nous segmentons ensuite le foie et extrayons les différentes caractéristiques, puis nous les classons en fonction de l'état et le type de la maladie. L'utilisation du diagnostic assisté par ordinateur élimine plusieurs problèmes liés à la méthode traditionnelle de segmentation manuelle, notamment en ce qui concerne la détection des petites tumeurs ou des contours complexes dans les tumeurs du foie.

Il existe de nombreux systèmes de diagnostic assisté par ordinateur spécialisés dans le

domaine du cancer, étant donné que plusieurs recherches ont été menées dans ce domaine pour diagnostiquer les lésions et les tumeurs cancéreuses dans les images médicales, tant au scanner qu'à l'IRM, Le modèle suivant montre les étapes les plus importantes du diagnostic assisté par ordinateur.

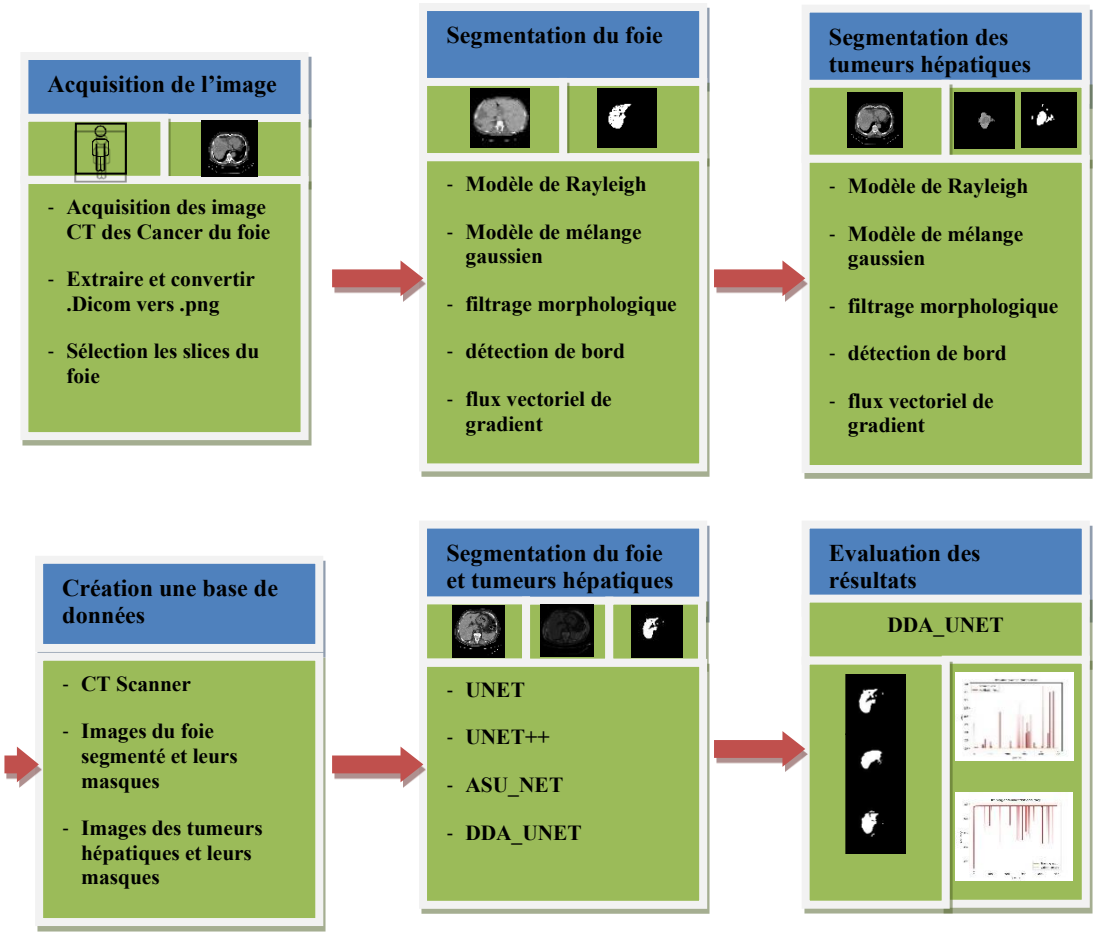


Figure 3. 2: Diagramme de flux du système automatisé de création d'une base de données et de segmentation du cancer du foie et tumeurs hépatiques proposé.

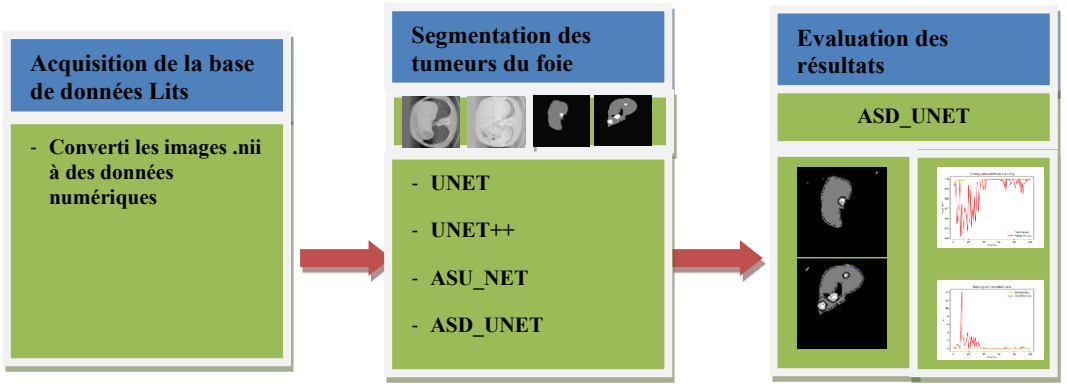


Figure 3. 3: Diagramme de flux du système automatisé de segmentation du cancer du foie et tumeurs hépatiques proposé avec la base de données Lits2017.

- Acquisition d'images :

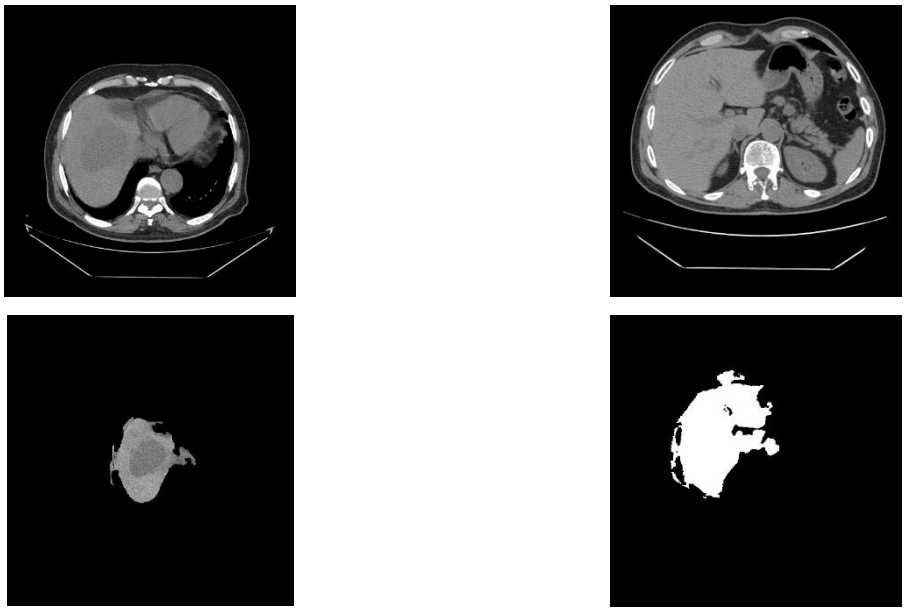
Nous avons utilisé des images médicales en tomodensitométrie (CT) de patients atteints de cancer du foie, collectées au Centre Anti-Cancer de Batna, en Algérie. Ces images ont été validées par un radiologue et initialement enregistrées au format DICOM. Afin de faciliter leur traitement, elles ont ensuite été converties au format PNG. Par la suite, seules les images contenant des coupes du foie ont été sélectionnées, puis un prétraitement a été appliqué afin d'optimiser leur qualité en vue du processus de segmentation.



Figure 3. 4: Acquisition des images médicales du foie

- La segmentation du foie :

Nous avons segmenté le foie de manière automatisée à l'aide de certains algorithmes, notamment en utilisant un modèle de Rayleigh. Cette étape nous a permis d'isoler le foie du reste des structures anatomiques présentes sur les images, et d'obtenir ainsi des masques précis représentant exclusivement le foie.



(a) (b)

Figure 3. 5: La segmentation du foie (a) image en niveaux de gris du foie (b) masque du foie

- La segmentation du carcinome hépatocellulaire :

Nous avons appliqué les mêmes algorithmes pour segmenter les carcinomes hépatocellulaires, en générant des masques permettant de localiser avec précision les zones tumorales.

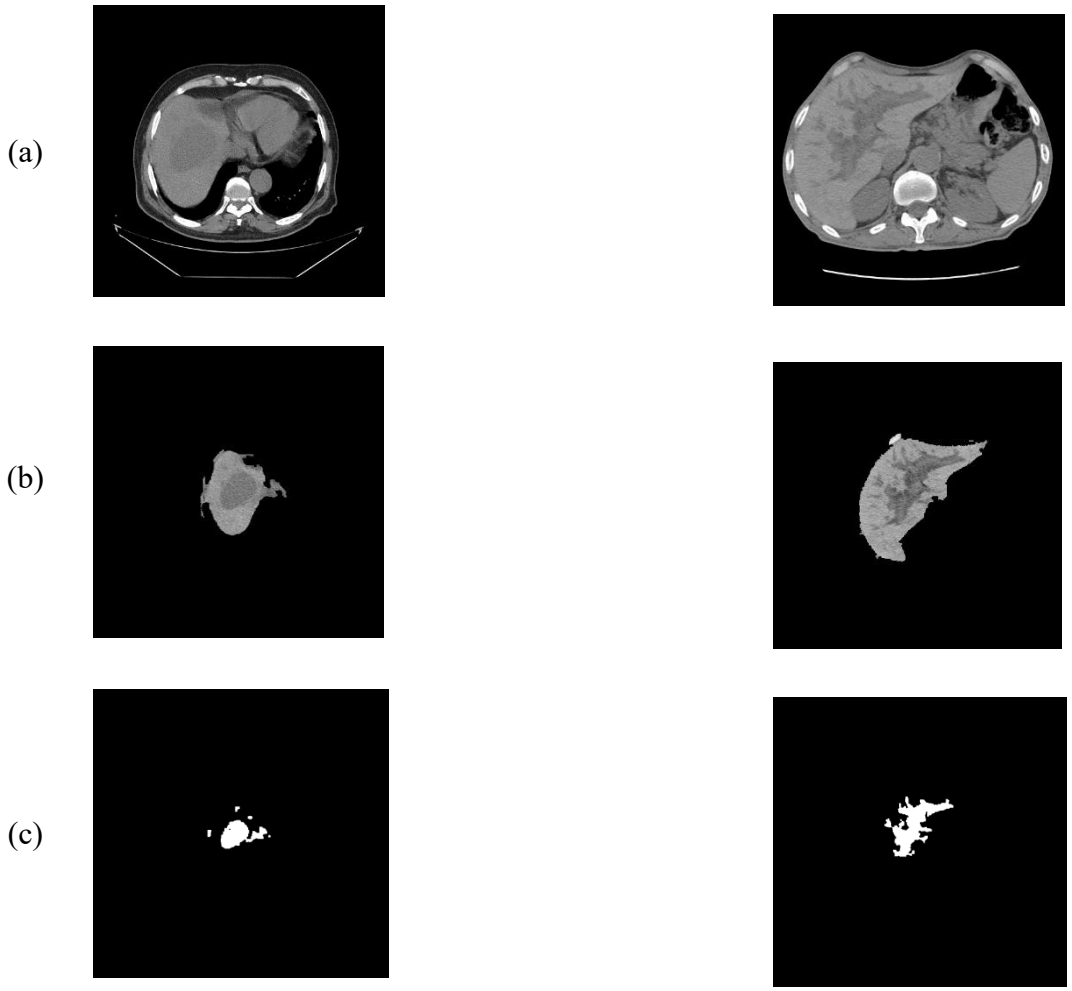


Figure 3. 6: La segmentation des tumeurs hépatiques du foie (a) L'image CT du foie (b) L'image en niveaux de gris du foie (c) Les masques des tumeurs hépatiques

- Création de notre propre base de données :

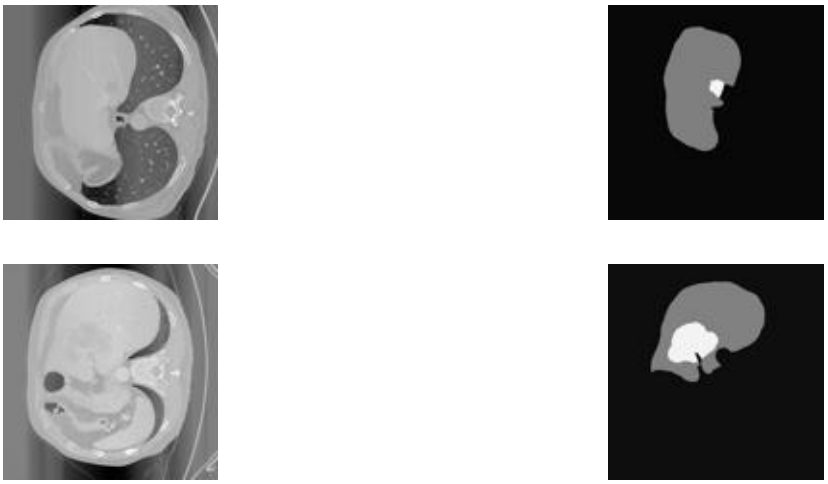
Notre propre base de données a été construite en combinant les résultats de la segmentation du foie et ceux de la segmentation des tumeurs hépatiques, accompagnés de leurs masques respectifs. Dans toutes les étapes précédentes, nous avons eu recours à des méthodes d'apprentissage automatique pour effectuer la segmentation automatique des tumeurs, en générant des masques permettant de localiser avec précision les zones tumorales. Nous utiliserons désormais l'apprentissage profond en nous appuyant sur cette base de données finale.

- La segmentation du foie et les tumeurs du foie :

Nous avons segmenté le foie et les tumeurs hépatiques à l'aide des algorithmes d'apprentissage profond UNet, UNet++, ASU-Net, DDA-UNet et ASD-UNet. Parmi ces modèles, notre modèle DDA-UNet a été privilégié sur la base des résultats obtenus et présentés dans le chapitre correspondant.

En ce qui concerne la seconde base de données, LiTS2017, que nous avons obtenue depuis la plateforme Kaggle, elle contient des fichiers CT de 130 patients, au format « .nii », accompagnés des masques correspondants du foie et des tumeurs hépatiques sur les mêmes images.

Nous avons ensuite procédé à la segmentation du foie et des tumeurs hépatiques en appliquant les algorithmes d'apprentissage profond, et les résultats ont montré que notre modèle ASD-UNet présente un avantage notable, tant en termes de courbes de précision que de mesures d'évaluation.



(a) (b)

Figure 3. 7: La Base de données Lits2017(a) Image du foie (b) Masques des tumeurs hépatiques

3.5 Conclusion

Ce chapitre met en lumière l'importance de notre travail de recherche, ainsi que celle des systèmes de diagnostic assisté par ordinateur (CAD), en soulignant leur impact sur les performances des radiologues, tant en termes de qualité diagnostique que de rapidité dans la prise en charge des patients.

Nous y avons également présenté notre propre système CAD, détaillé le processus d'acquisition de notre base de données, les étapes de son traitement, ainsi que les principaux algorithmes utilisés, aussi bien sur notre base que sur la base de données LiTS 2017.

Chapitre 4 :

LA SEGMENTATION DES TUMEURS HÉPATIQUES PAR LES MÉTHODES DE MACHINE LEARNING

4.1 Introduction

Le foie joue un rôle crucial dans le corps humain en remplissant diverses fonctions essentielles, telles que la filtration, le stockage et la détoxification. Il peut être affecté par plusieurs facteurs, notamment l'alcool, les infections virales, les hépatites, la cirrhose et le cancer.

Le cancer du foie est l'un des cancers les plus répandus dans le monde. En raison de symptômes peu spécifiques et d'un diagnostic souvent tardif, les maladies hépatiques peuvent évoluer progressivement jusqu'à un stade cancéreux, entraînant un taux de survie relativement faible — environ 13 % à cinq ans. De nombreux facteurs influencent l'apparition de ces pathologies, notamment l'état de santé général, l'âge, les facteurs génétiques et l'environnement géographique.

Les personnes présentant des symptômes hépatiques doivent passer par plusieurs examens, tels que l'échographie hépatique, l'imagerie par résonance magnétique (IRM) et surtout la tomodensitométrie (TDM), afin de diagnostiquer un éventuel cancer du foie et d'en analyser la structure interne. Ainsi, la segmentation du foie et la détection des tumeurs hépatiques jouent un rôle fondamental dans le diagnostic précis des maladies du foie, et en particulier du cancer hépatique.

La segmentation hépatique demeure une tâche complexe dans le contexte de l'imagerie médicale. Toutefois, les méthodes de segmentation automatique du foie ont fortement progressé, contribuant à améliorer l'exactitude et la fiabilité du diagnostic établi par les radiologues. On distingue principalement deux grandes approches : la segmentation fondée sur la classification et celle fondée sur la détection des contours.

La méthode par classification regroupe les propriétés similaires au sein des images (pixels, sous-images, etc.) afin de les exploiter, contrairement à l'approche par détection des contours, qui se base sur les différences. Plusieurs techniques de segmentation basées sur la classification utilisent l'histogramme des niveaux de gris issu de la TDM pour mesurer la structure hépatique. Ces approches nécessitent toutefois de spécifier le nombre de classes de niveaux de gris, ainsi qu'un prétraitement adéquat incluant la mesure de la densité et l'utilisation d'un modèle déformable tel que le contour actif.

Les contours actifs représentent une technique de segmentation dynamique qui permet de

générer un contour fermé plus robuste que les méthodes fondées uniquement sur la dérivation. Cette approche est l'une des plus couramment utilisées pour la segmentation hépatique. Dans ce chapitre, nous présentons un modèle amélioré de contours actifs intégrant une initialisation automatique.

L'objectif principal de cette étude est de mettre en œuvre plusieurs techniques pour segmenter des images de tomodensitométrie, en commençant par un prétraitement basé sur le modèle de mélange gaussien, la détection des contours et le filtrage morphologique. La carte des contours obtenue est ensuite utilisée comme entrée dans le champ de flux de gradient (GVF).

4.2 Méthodologie

4.2.1 Introduction

La méthode proposée pour la segmentation du foie, après une phase de prétraitement, est présentée dans ce chapitre. Elle intègre le modèle de Rayleigh, le modèle de mélange gaussien, les opérations de seuillage, la méthode de Canny, les opérations morphologiques ainsi que le modèle GVF (Gradient Vector Flow).

Selon la figure 4.1, le schéma fonctionnel envisagé pour la segmentation du foie se compose de cinq étapes principales :

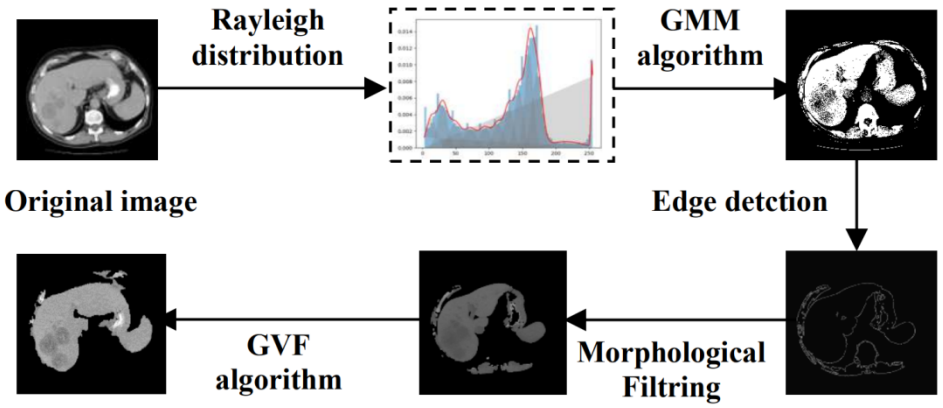


Figure 4. 1: les étapes de segmentation des images médicales du foie

4.2.2 Prétraitement des images médicales du foie

4.2.2.1 Courbe de Rayleigh :

La loi de Rayleigh est une loi de densité de probabilité utilisée en probabilité et en statistique. Elle peut être interprétée comme la norme d'un vecteur gaussien bidimensionnel dont les composantes sont indépendantes, centrées et de même variance. La distance parcourue par une particule par rapport à son point de départ, après une marche aléatoire symétrique dans le plan, suit généralement une loi de Rayleigh.

Cette loi est également fréquemment utilisée dans un tout autre domaine : elle permet de modéliser l'enveloppe d'un processus gaussien à bande étroite [7]. La loi de Rayleigh est une loi de probabilité à densité, dont la forme découle de la norme d'un vecteur gaussien bidimensionnel.

$$R(x) = \quad w * \frac{x}{\sigma^2} * exp\left(\frac{-x^2}{2\sigma^2}\right) \qquad (22)$$

Où σ est le paramètre d'échelle de la distribution de Rayleigh et x ∈ [0, ∞]. Récemment, plusieurs méthodes ont été développées qui utilisent la distribution de Rayleigh pour améliorer le contraste de l'image et la réduction du bruit [7] .

Ce chapitre a pour objectif de supprimer le fond bruité de l'image. Pour ce faire, on estime le premier pic (seuil xs) de l'histogramme en s'appuyant sur la courbe de Rayleigh, laquelle modélise le bruit de fond de l'image, comme illustré dans la Figure 4.2.

Ce seuil permet de masquer et de supprimer l'arrière-plan de l'image. Cette étape constitue une phase clé de notre méthode, dans la mesure où elle permet de déterminer une plage approximative d'intensité correspondant au foie, dépourvue de bruit de fond.

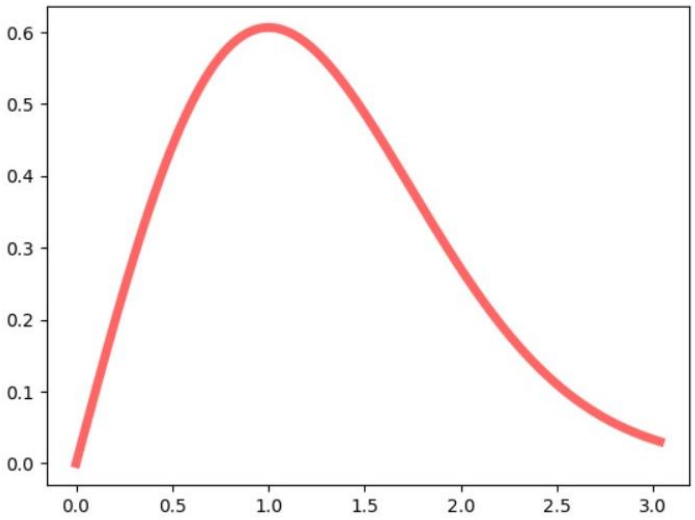


Figure 4. 2: L'estimation de la densité de Rayleigh

4.2.2.1 Modèle de mélange gaussien et seuillage d'images

Le seuillage est l'une des méthodes les plus simples de segmentation d'image, utilisée pour générer une image binaire. Le principal défi de toutes les méthodes de seuillage réside dans le choix du seuil (ou de l'intervalle de seuil).

En effet, un intervalle trop large engendre des faux positifs, c'est-à-dire que l'image segmentée contient des pixels qui ne font pas partie des objets d'intérêt. Il s'agit généralement de bruit ou de structures d'une autre nature, dont le niveau de gris est proche de celui des objets recherchés.

Inversement, un intervalle trop étroit produit des faux négatifs, c'est-à-dire que certains objets d'intérêt n'apparaissent pas, ou seulement partiellement, dans l'image segmentée.

Dans la méthode proposée dans ce chapitre, pour sélectionner le seuil optimal dans les images de tomodensitométrie (TDM), nous avons utilisé un modèle de mélange gaussien (GMM) basé sur la distribution de Rayleigh.

Le GMM (Gaussian Mixture Model) est un modèle probabiliste qui combine plusieurs composantes gaussiennes de manière linéaire. Il est particulièrement utile lorsque les données ne peuvent être modélisées par une seule gaussienne. Autrement dit, lorsque la structure des données présente naturellement plusieurs groupes, il est plus pertinent de les représenter à l'aide d'un modèle de mélange gaussien plutôt qu'avec une distribution gaussienne simple.

Ces modèles sont essentiels dans la modélisation et le traitement des données multimédias (images, vidéos), mais sont également largement utilisés dans le domaine de la reconnaissance audio.

La densité de probabilité d'un mélange contenant MMM composantes est exprimée par la fonction suivante :

$$p(x|\theta) = \sum_{i=0}^{M} w_i f(x) = \sum_{k=0}^{M} \frac{w_i}{(2\pi)^{\frac{d}{2}} |\sum_i|^{-\frac{1}{2}}} exp\left\{\frac{1}{2}(x-\mu_i)^T \sum_{i}^{-1} (x-\mu_i)\right\} \quad (23)$$

Ou $f(x)=(x|\theta_M)$, qui représente le vecteur des paramètres estimes. Où x est un vecteur de données à valeurs continues D-dimensionnel (bidimensionnel) (c'est-à-dire des mesures ou des caractéristiques), dans notre cas x est des données d'images médicales [7].

W_i, i = 0, …, M, sont les poids de mélange, et la probabilité a priori de composantew^{th}.

$f(x)$, i = 0, …, M sont les densités gaussiennes des composants. Chaque densité de composant est une fonction gaussienne D-variée de la forme, avec un vecteur moyen μ_i et une matrice de covariance Σ_i. Les poids de mélange satisfont la contrainte que $\sum_{i=0}^{M} w_i = 1$.

En présence d'observations, c'est-à-dire que la vraisemblance peut être exprimée comme suit :

$$L(\theta) = \prod_{i=1}^{n} p(x_i|\theta) \tag{24}$$

La maximisation de L(o) est difficile à réaliser directement en raison des données incomplètes. L'algorithme de Maximisation d'Esperance (EM) doit donc être utilisé pour maximiser la loi de vraisemblance (likehhood) en présence de données incomplètes en maximisant de manière itérative l'espérance de log vraisemblance complète.

Les matrices de covariance peuvent être soumises à de nombreuses contraintes dans la modélisation de mélange gaussien. Le nombre de paramètres dans le modèle est réduit en raison des contraintes. Ce qui peut réduire surapprentissage (overfitting), mais peut introduise des biais inutiles. La classe GaussianMixture de Scikit.learn implémente quatre contraintes se covariance (full, Tied, Diag, Spherical). Dans notre étude, nous implémentons la contrainte de covariance Full (les covariances ne sont pas contraintes et peuvent varier entre les composants).

- *class* sklearn.mixture.GaussianMixture(n_components=12, *, covariance_type='full', tol =0.001, reg_covar=1e-06, max_iter=100, n_init=1, init_params='kmeans', weights_init=None, means_init=None, precisions_init=None, random_state=0, warm_start=False, verbose=0, verbose_interval=10) ; n_components : le nombre de classe

En analysant l'histogramme de l'image, il est possible de déterminer les paramètres des gaussiennes qui évaluent les différents niveaux de gris présents dans l'image. Il a été observé

que l'histogramme d'une image TDM peut être divisé en 12 classes de niveaux de gris en supprimant le pic de Rayleigh. On peut estimer ces classes en utilisant 12 gaussiennes.

On peut donc représenter l'histogramme en utilisant une somme de gaussiennes qi et mi, qui représentent la variance et la moyenne de chaque N gaussienne. Pour mettre en évidence les pixels représentant les tissus mous (comme le foie), il est possible d'ajuster le pic principal en utilisant l'une des lignes gaussiennes. Pour ajuster une gaussienne, nous estimons les paramètres q et m en utilisant un algorithme EM (Expectation – Maximisation). Ensuite, nous choisir le min qui égal à la moyenne et le max qui est le max de ces valeurs après la suppression du valeur max qui dépend de la couleur de blanche dans l'image TDM.

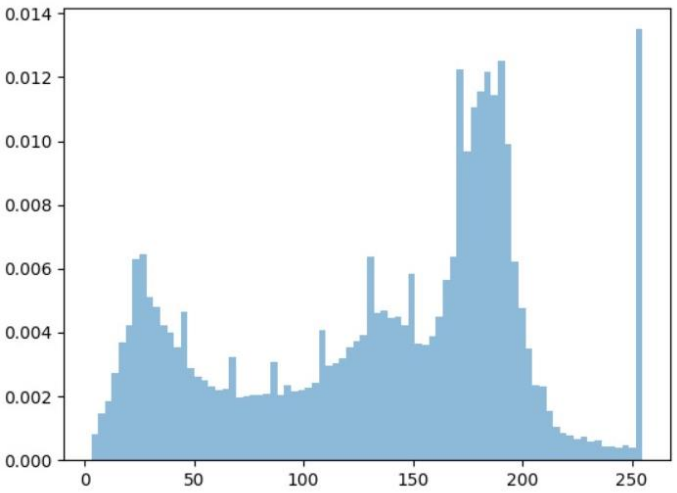


Figure 4. 3: L'estimation d'un histogramme par 12 gaussienne

Pour retrouver les valeurs essentielles dans le seuillage avec ces valeurs (max et min), nous extrairons le seuillage de l'image avec la méthode THRESH BINARY. Ensuite, nous avons extrait et retourné le masque du résultat de seuillage ; le seuillage est une technique de segmentation d'image très basique qui nous aide à séparer les objets d'arrière-plan et d'avant-plan qui nous intéressent. Après avoir appliqué le flou, nous utiliserons la fonction cv2.threshold pour la segmentation d'image. Nous appliquons d'abord la fonction cv2.connectedComponentsWithStats, puis nous décompressons les valeurs qu'elle renvoie dans différentes variables que nous utiliserons dans les étapes suivantes, et nous créons également un nouveau tableau pour stocker tous les composants que nous trouvons. Maintenant que nous avons nos composants et notre analyse, parcourons en boucle chacun des composants et utilisons les statistiques que nous avons obtenues à l'étape précédente pour filtrer les composants utiles.

Par exemple, ici, j'ai utilisé la valeur Area pour filtrer uniquement l'élément de grande taille dans l'image. Après avoir filtré les composants, nous utiliserons la fonction morphologyEx avec l'option MORPH_Close pour fermer les petits trous à l'intérieur des objets de premier plan, ou les petits points noirs sur l'objet, et nous comparerons l'image originale avec le résultat de la méthode morphologique et nous renverrons le résultat du seuillage. Cela semble difficile, mais nous le comprendrons mieux après avoir implémenté le code nous-mêmes.

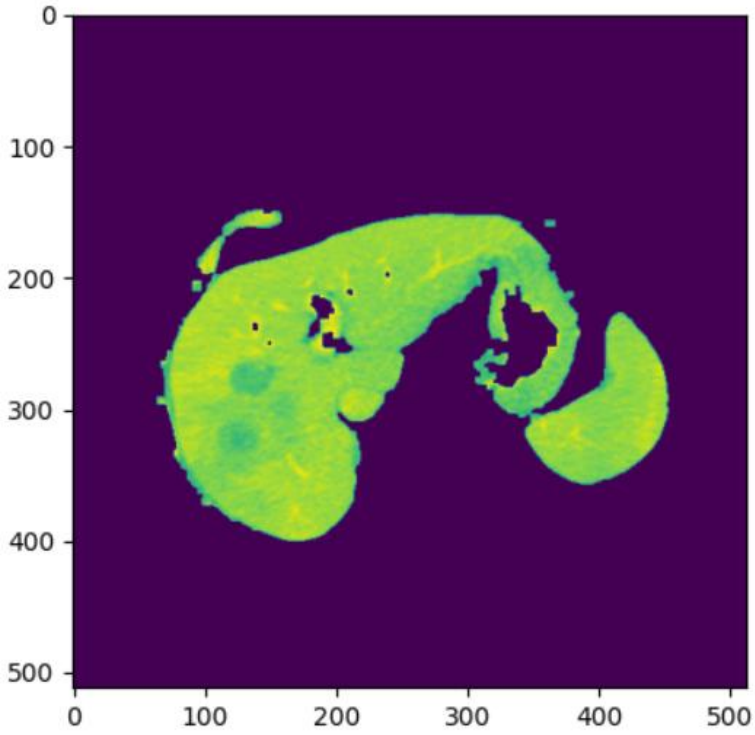


Figure 4. 4: Image Morphologique du CT du foie

Ensuite, applique ces méthodes :

- L'utilisation des techniques Gaussianblur et InRange vise à diminuer le bruit et les détails de l'image, ce qui permet d'améliorer les structures de l'image à diverses échelles.

- Dans le domaine du traitement d'images, on utilise le filtre de Canny (ou détecteur de Canny) pour détecter les contours. L'algorithme a été élaboré afin d'atteindre son maximum en respectant trois critères clairement expliqués :

    - La bonne détection : il y a peu d'erreurs dans la signalisation des contours.
    - Localisation optimale : réduire les distances entre les contours repérés et les contours réels,

- La réponse claire : une seule réponse par contour et il n'y a pas de positifs incorrects.

- L'objectif principal de cette étape consiste à mettre en évidence les points représentant le bord du foie à partir de l'image CT seuillée et en particulier les différents bords mineurs des coupes au sein de l'image CT.

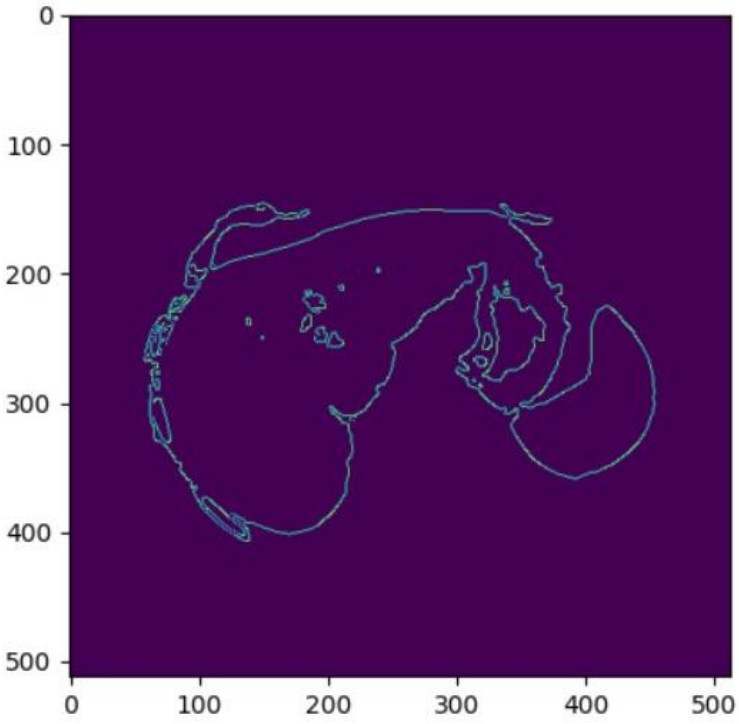


Figure 4. 5: Image Canny du foie

4.2.2.1 Flux vectoriel de gradient (GVF : Gradient Vector Flow)

Dans notre méthode, l'utilisation de l'algorithme GVF est motivée par les limites connues des Snakes conventionnels, telles que l'initialisation et la faible convergence, en particulier dans les régions concaves. La courbe à déformer peut-être obtenue par l'équation C(s) = [x(s), y(s)], où s ϵ [0,1] est la coordonnée axiale courbée.[7]

Il est déformé sous l'influence de forces externes qui tirent le modèle vers les limites de l'objet à détecter et de forces internes qui assurent la continuité du contour pendant la déformation. Le Snake évolue à travers un processus itératif contrôlé par un test de convergence. Pour utiliser l'algorithme GVF, nous commençons par introduire une carte des bords f qui est représentée par un ensemble des points de contour x_p, y_p dont la déformation dépend de la minimisation de la fonction d'énergie (E). Dont nous avons obtenu à partir d'utiliser

la méthode getcontour() pour obtenir les contours du foie. Puis nous avons utilisé ces points de contour pour extraire des masques à partir d'images CT du foie. Cette dernière méthode sera expliquée dans la section suivante. Le but ici est de trouver la position de la courbe qui optimise l'énergie, comme le montre l'équation suivante [7], [36] :

$$E = \int_0^1 \left[E_{int}\big(C(s)\big) + E_{ext}\big(C(s)\big)\right] ds \tag{25}$$

$$E_{int} = E_{lis}\big(C(s)\big) + E_{elas}\big(C(s)\big) \tag{26}$$

$$E_{int} = \frac{1}{2}\left[\alpha(s)\left(\frac{dC}{ds}\right)^2\right] + \frac{1}{2}\left[\beta(s)\left(\frac{d^2C}{ds^2}\right)^2\right] \tag{27}$$

L'énergie interne (E_{int}) est estimée à partir des points de la carte des bords S qui permet au serpent de conserver sa cohérence, grâce à la somme des deux termes, où α(s) et β(s) sont les paramètres d'homogénéisation et d'élasticité. L'énergie externe (E_{ext}) utilise des contraintes externes telles que les caractéristiques de l'image à projeter et les différentes forces d'attraction. Notre modèle déformable s'appuie sur les forces externes suivantes [7] :

– La force image est exprimée à partir de l'image et prend des valeurs optimales au niveau des frontières de celle-ci,

– Xu et Prince en 1997 [36] ont défini la force Gradient Vector Flow (GVF) qui permet de se débarrasser de l'initialisation proche du contour et de faire converger le modèle vers des contours avec des concavités. On détermine la force GVF en utilisant la carte de contours dérivée de l'image f, qui représente les contours importants de l'image. Il est calculé par des équations aux dérivées partielles [7].

Le modèle déformable est obtenu en optimisant l'énergie suivante :

$$E = \int_0^1 \frac{1}{2}\left[\alpha(s)\left(\frac{dC}{ds}\right)^2\right] + \frac{1}{2}\left[\beta(s)\left(\frac{d^2C}{ds^2}\right)^2\right] - \gamma(s)\frac{\nabla \mathrm{I(x,y)}}{|\nabla \mathrm{I(x,y)}|} + k(s)V_{GVF} \tag{28}$$

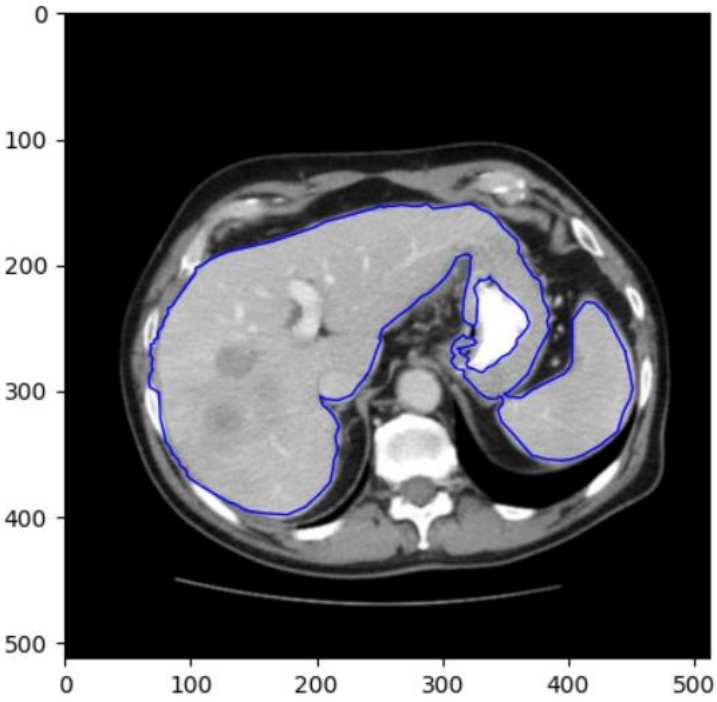


Figure 4. 6: Illustration sur GVF Méthode

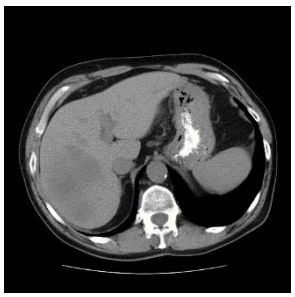
4.3 Résultats et analyse

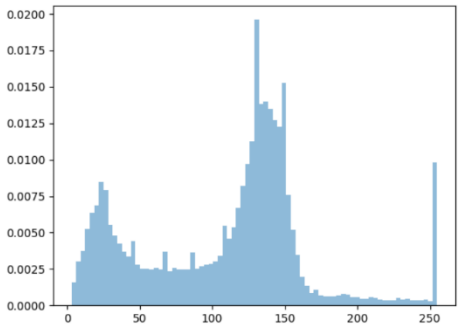
Tout d'abord, nous avons séparé et supprimé l'arrière-plan des parties du corps dans toutes les images médicales du foie, en utilisant un modèle de Rayleigh pour identifier la plage approximative des organes internes, y compris le foie. Ensuite, nous avons extrait automatiquement les seuils adaptatifs pour chaque image en utilisant l'algorithme du modèle de mélange gaussien (GMM), comme nous l'avons expliqué précédemment dans la méthodologie. En supprimant la valeur de l'arrière-plan représentée par les valeurs entre 0 et 3 dans le modèle de Rayleigh, nous avons obtenu le Min, qui est égal à Min des moyennes, puis nous avons supprimé les valeurs de couleur blanche des os et nous avons obtenu le Max, qui est le Max des moyennes, obtenant ainsi les valeurs exclusives et nécessaires pour le processus de seuillage et les résultats sont présentés dans le tableau et les figures suivants :

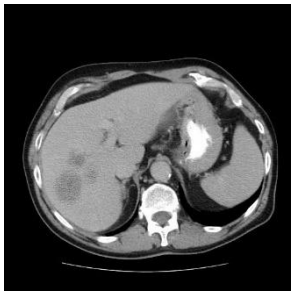
	Nombre de classe	Négatifs		Positifs	
		Min	Max	Min	Max
Image 01	04	121.37469419363923	133	108.74436450468691	136
	08	121.37469419363923	230	108.74436450468691	195

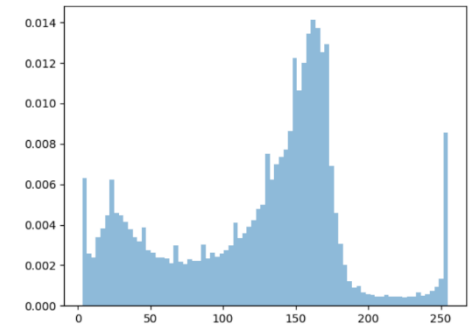
	12	121.37469419363923	231	108.74436450468691	225
	14	121.37469419363923	231	108.74436450468691	231
	18	121.37469419363923	238	108.74436450468691	231
Image 02	04	126.41538017341719	176	123.10707205253702	157
	08	126.41538017341719	185	123.10707205253702	168
	12	126.41538017341719	216	123.10707205253702	240
	14	126.41538017341719	216	123.10707205253702	242
	18	126.41538017341719	216	123.10707205253702	242
Image 03	04	117.48463741802188	147	135.373057550986	183
	08	117.48463741802188	185	135.373057550986	188
	12	117.48463741802188	219	135.373057550986	218
	14	117.48463741802188	223	135.373057550986	242
	18	117.48463741802188	227	135.373057550986	228

Tableau 4. 1: L'estimation des valeurs Min et Max dans l'algorithme GMM









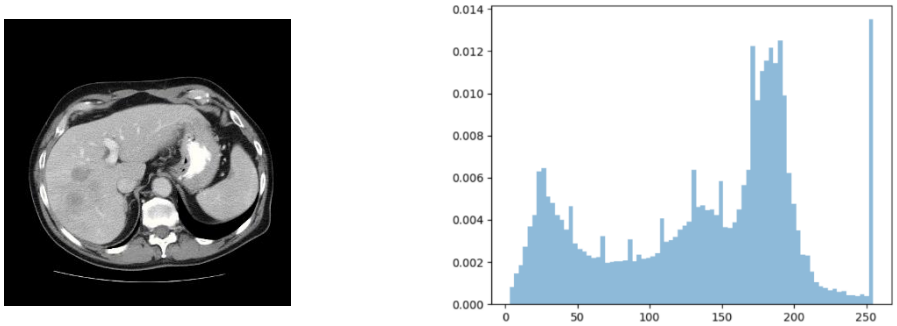


Figure 4. 7: L'histogramme des images des personne normales

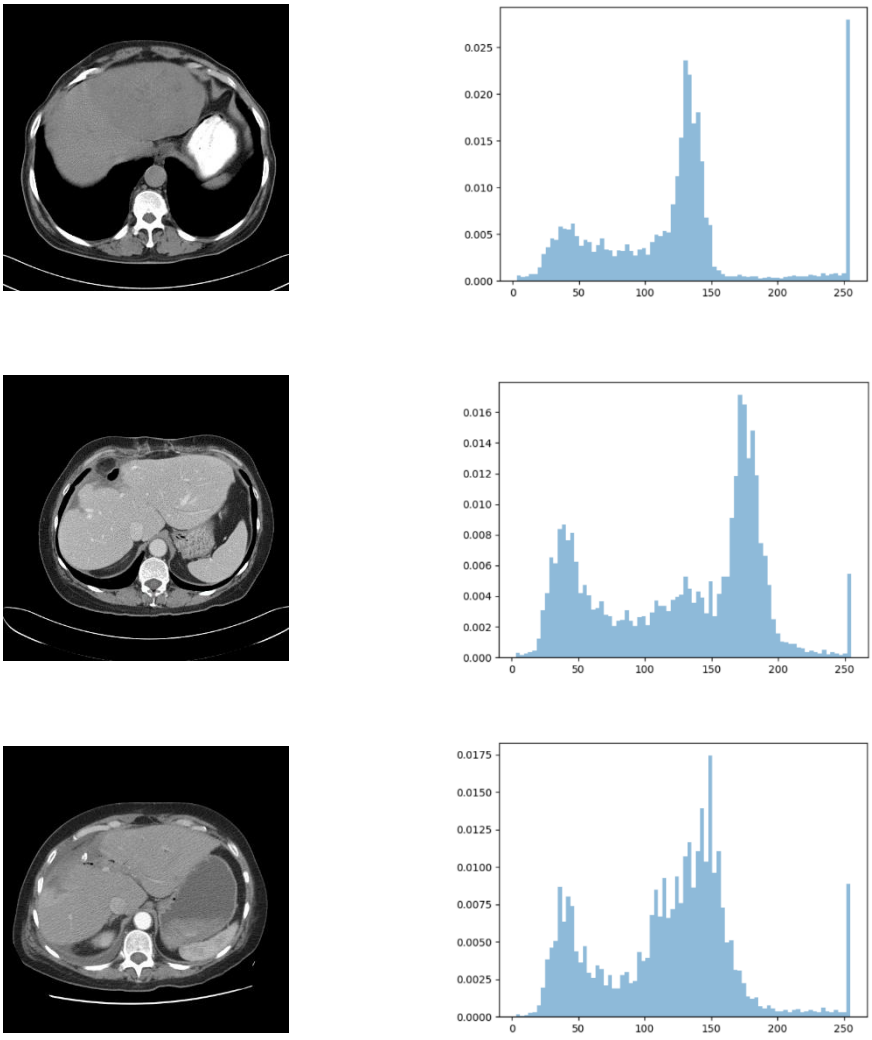
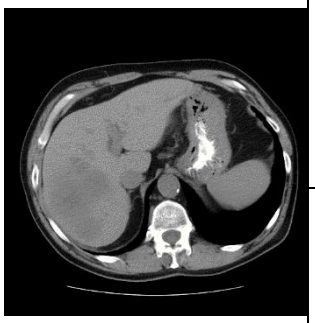
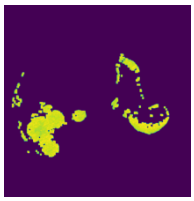
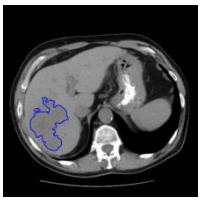
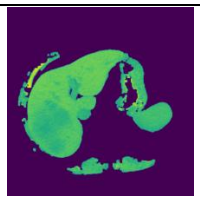
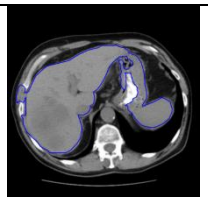
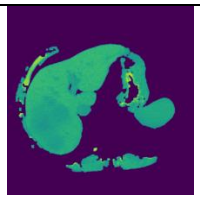
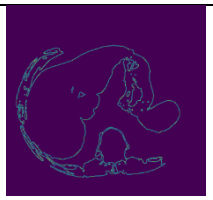
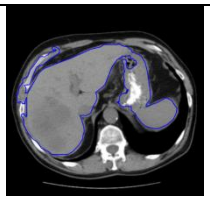
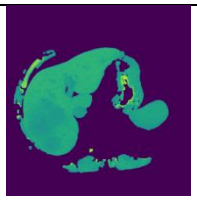
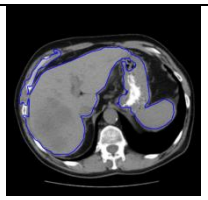
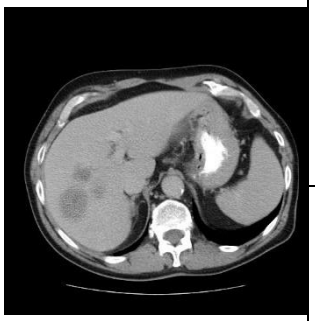
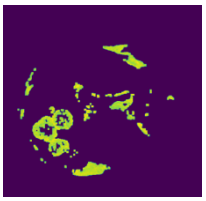
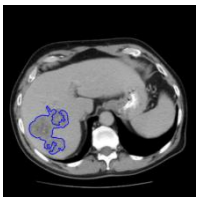
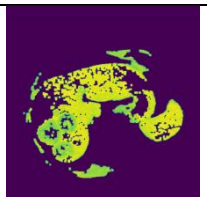
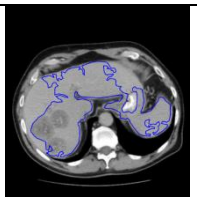
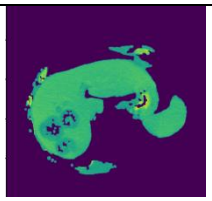
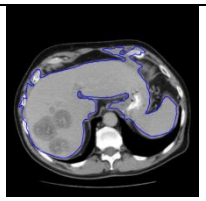
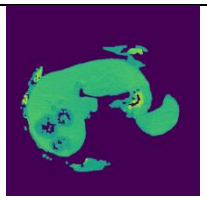
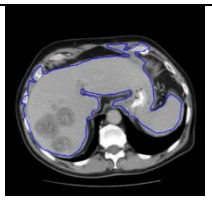


Figure 4. 8: L'histogramme des images des personne malades

4.3.1 La Segmentation des tumeurs hépatiques avec le seuillage

4.3.1.1 Extraction les masques avec Le seuillage

Après les algorithmes précédents, nous utilisons maintenant les seuils obtenus à partir du dernier algorithme GMM dans l'algorithme de seuillage. Ici, nous avons utilisé la méthode de seuillage, notamment parce que nous voulons obtenir des masques pour des images de foie, et que nous avons besoin d'images en niveaux de gris comme entrées ainsi que des seuils minimum et maximum pour limiter les valeurs des pixels des images dont nous voulons obtenir les masques. Pour obtenir les masques spéciaux pour le foie uniquement, nous avons effectué plusieurs prétraitements des images, après l'algorithme de seuillage, nous avons utilisé la fonction ConnectedComponentsWithStats, qui sépare les organes les uns des autres sous forme de composants, puis nous avons sélectionné le plus grand composant "le foie", qui est le plus grand par la fonction Aria avec l'utilisation de MorphologyEx avec MORPH_Close, et pour compléter le traitement de ces images afin d'obtenir des résultats satisfaisant et pour extraire les limites de l'élément à traiter, qui est le foie, nous avons utilisé le filtre de Canny et Dilate afin de déterminer les contours de l'objet à extraire, et après, afin d'améliorer le résultat de la segmentation et de l'extraction du foie, nous avons utilisé la méthode GVF en utilisant les contours définies précédemment, et nous observons les résultats dans les figures suivantes:

	**4**			
	8			
	12			
	14			
	**4**			
	8			
	12			
	14			

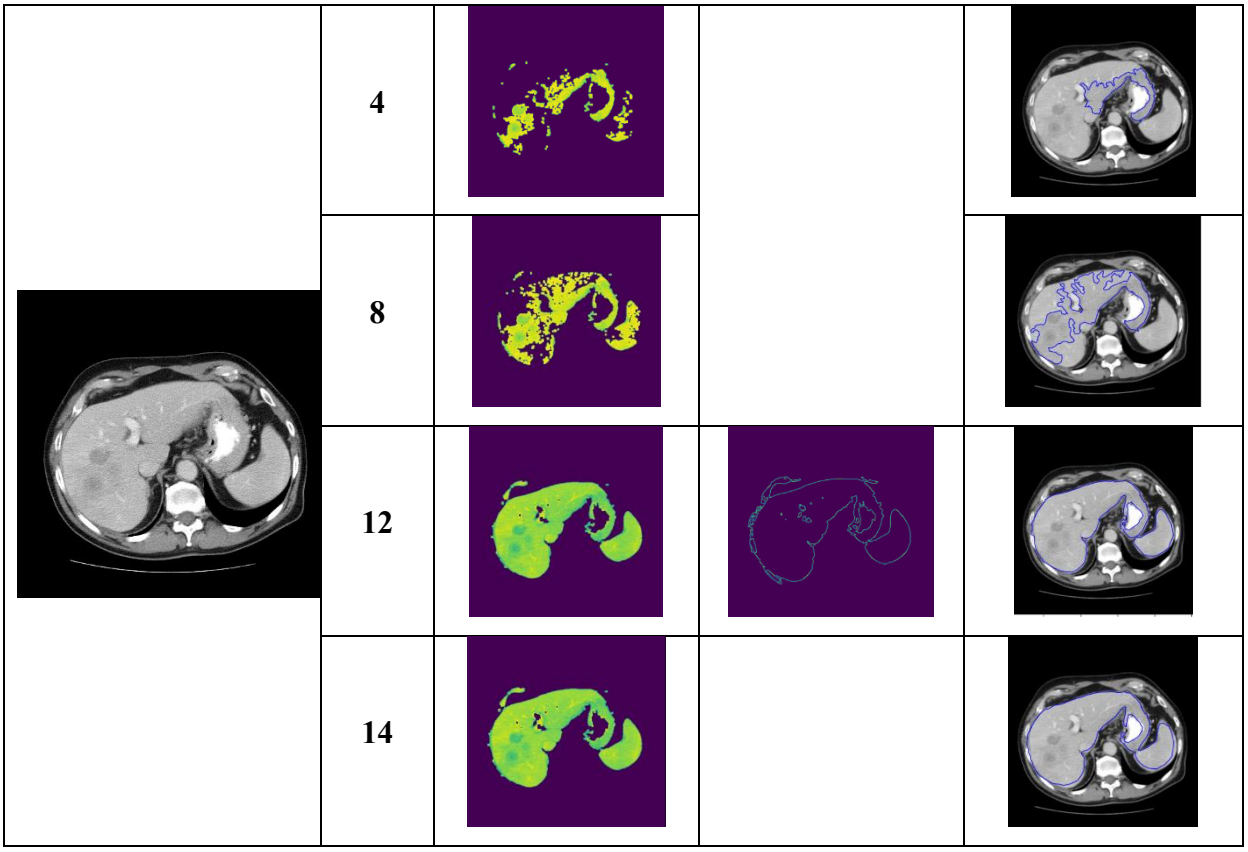
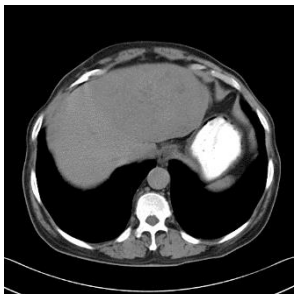
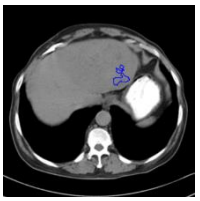
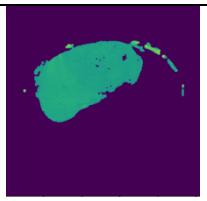
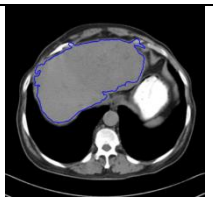
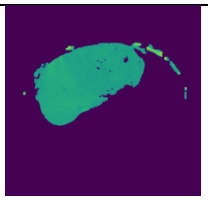
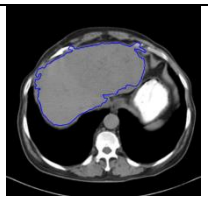
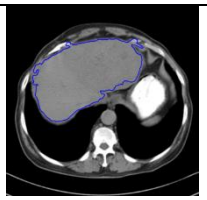
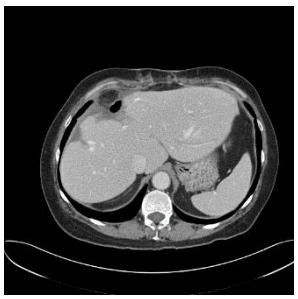
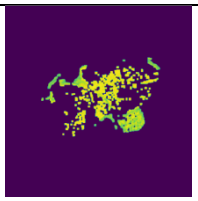
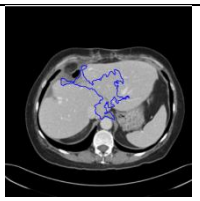
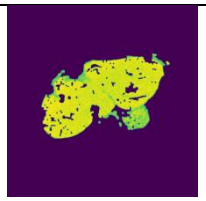
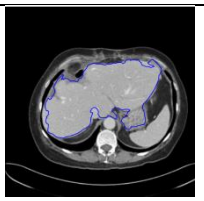
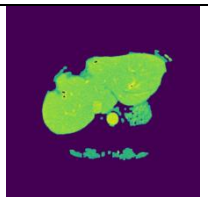
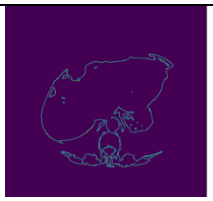
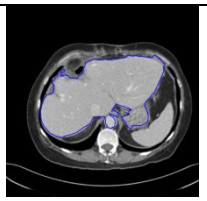
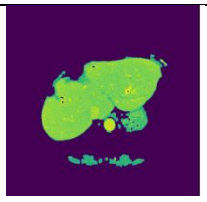
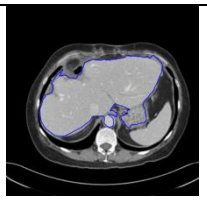


Figure 4. 9: Résultats de segmentation des tumeurs hépatiques du foie par Seuillage et la méthode GVF (a) Image originale (en niveaux de gris) (b) N° gaussienne (c) Morphologique image (d) Filtrage de Canny (e) Résultat de GVF

	**4**			
	8			
	12			
	14			
	**4**			
	8			
	12			
	14			

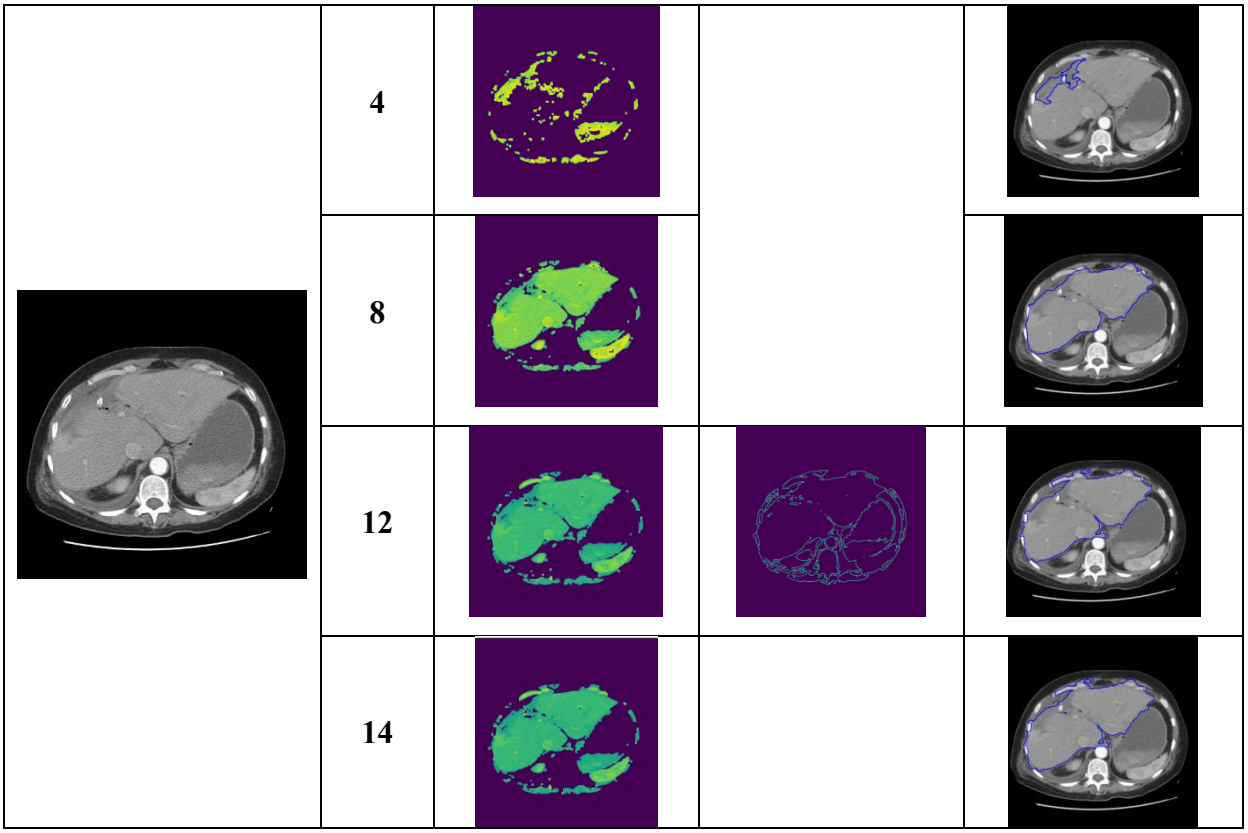


Figure 4. 10: Résultats de segmentation du foie normale par Seuillage et la méthode GVF (a) Image originale (en niveaux de gris) (b) N° gaussienne (c) Image Morphologique (d) Filtrage de Canny (e) Résultat de GVF

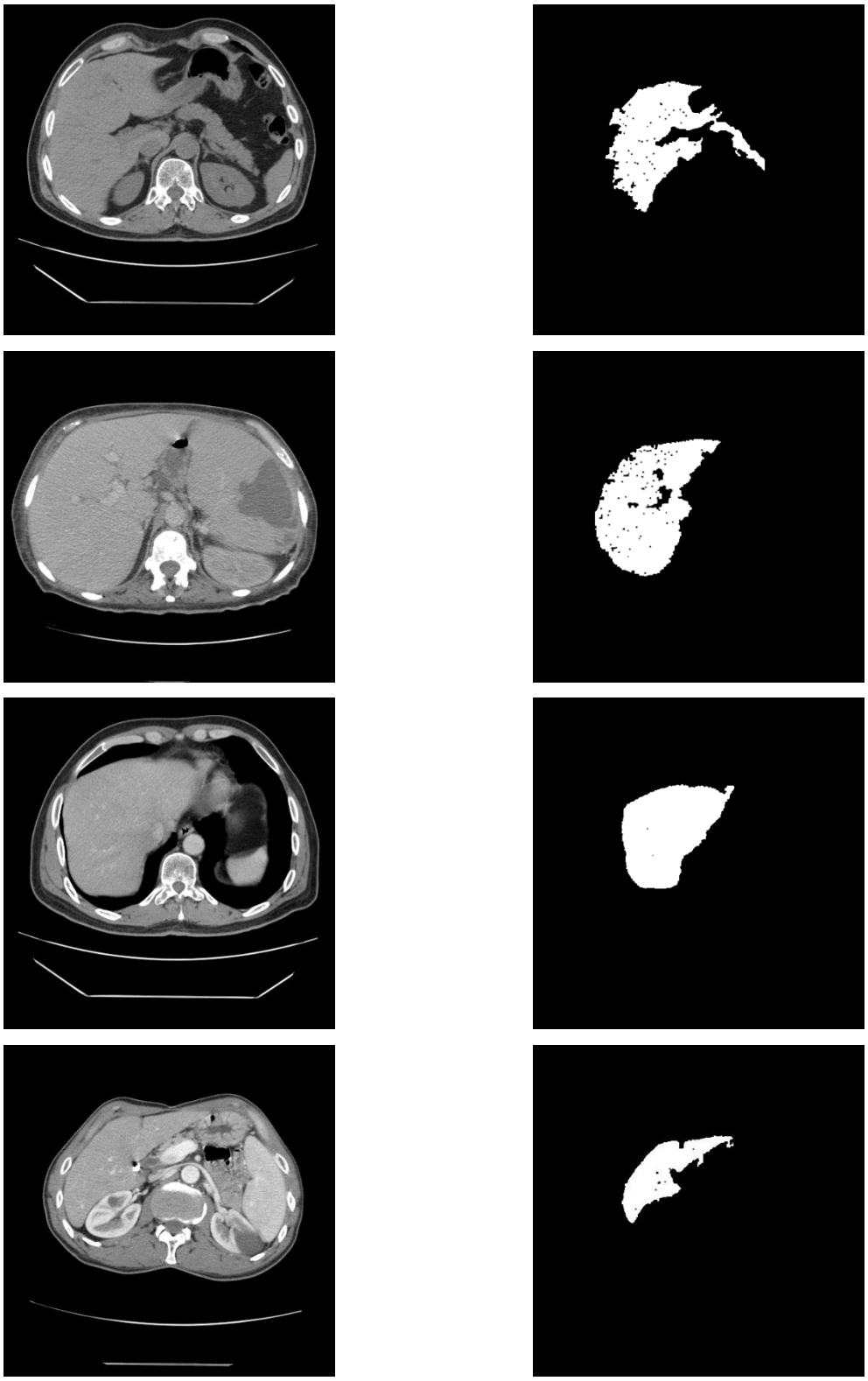
Nous notons ici la différence entre les images morphologiques en fonction du nombre de gaussiennes générées par l'algorithme GMM, et ce que l'on remarque ici c'est la stabilité du résultat de l'image morphologique pour les trois images présentées dans tous les cas dans le nombre de gaussiennes égal à 12, mais pour le nombre de gaussiennes inférieur à 12, on remarque que les images morphologiques ne remplissent pas les conditions nécessaires à l'extraction du foie avec toutes ses spécifications.

Enfin, nous avons obtenu notre base de données, qui sera décrite dans la section suivante pour ce chapitre.

4.3.1.2 Création de la base de données

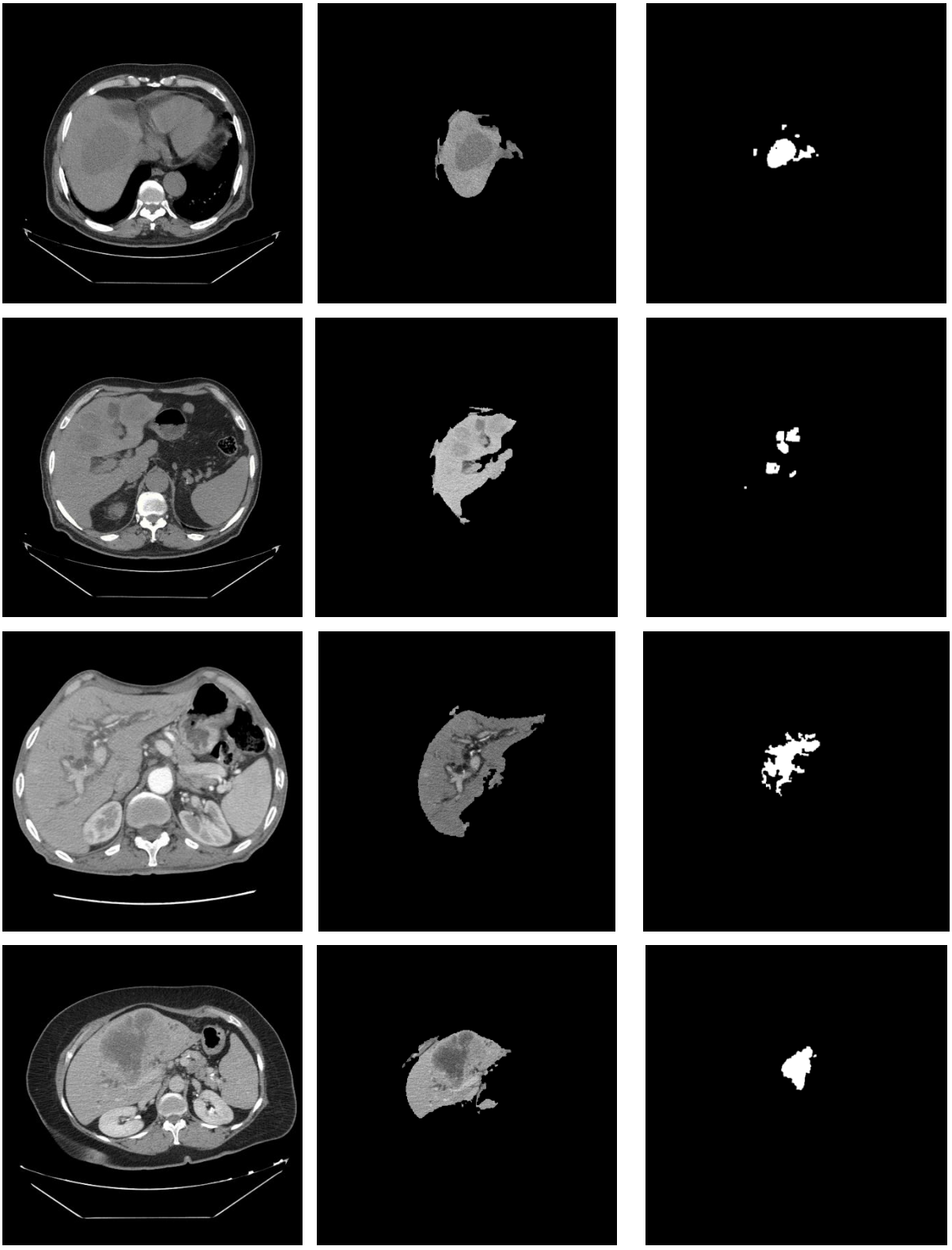
Dans ce chapitre, nous avons utilisé plusieurs algorithmes et méthodes pour parvenir à ce résultat, à savoir la base de données ACC-Batna2022. Nous avons commencé par appliquer le modèle de Rayleigh à l'algorithme GVF. Nous avons appliqué ces algorithmes et méthodes

pour segmenter à la fois le foie et les tumeurs du foie, et nous avons obtenu la base de données susmentionnée. Nous l'illustrons dans la figure 4.11 :



(a) **(b)**

Figure 4. 11: Résultats de bases de données du foie (a) Image CT du foie (b) Masques du foie



(a) **(b)** **(c)**

Figure 4. 12: Résultats de bases de données du Tumeurs hépatiques (a) Image CT du foie (b) Images du foie (c) masques des tumeurs hépatiques

4.4 Conclusion et discussion

La méthodologie proposée nous a permis de traiter efficacement les problématiques liées à la segmentation des images médicales, en particulier celle du foie et des tumeurs hépatiques, en s'appuyant sur plusieurs algorithmes mentionnés précédemment.

Cette étude a été spécifiquement conçue dans le but de constituer notre propre base de données, destinée à être exploitée dans les chapitres suivants de cette recherche. Cette décision a été motivée par le constat d'un manque de bases de données précises et complètes dans le domaine de la segmentation des tumeurs hépatiques, notamment en ce qui concerne la diversité des pathologies et la qualité des segmentations.

Malgré les résultats obtenus, certains défis persistent, en particulier en ce qui concerne la précision de la segmentation et la délimitation des contours du foie dans les images CT, ainsi que la détection des petites tumeurs souvent invisibles à l'œil nu. C'est précisément l'objectif initial de cette étude : réduire les erreurs de diagnostic commises par les radiologues. Pour y parvenir, nous avons exploré des approches basées sur l'apprentissage profond, dans le but d'obtenir des résultats fiables et précis.

Chapitre 5 :

LA CLASSIFICATION DES CANCERS TUMORAUX HEPATIQUES À L'AIDE DE RESEAU NEURONAL CONVOLUTIF (CNN)

5.1 Introduction

Le foie remplit des fonctions vitales essentielles dans le corps humain. Il intervient notamment dans la digestion et l'absorption des graisses, la détoxification du sang, ainsi que dans divers processus métaboliques, tels que la synthèse de certaines protéines. De nombreuses pathologies hépatiques restent asymptomatiques pendant longtemps, ce qui souligne l'importance d'un diagnostic précoce, déterminant pour la prise en charge thérapeutique. Le cancer du foie est l'un des cancers les plus répandus à l'échelle mondiale. Il existe plusieurs techniques d'imagerie médicale permettant de détecter et d'identifier ce type de cancer, notamment l'imagerie par résonance magnétique (IRM), l'échographie et la tomodensitométrie (CT).

L'apprentissage profond (deep learning), qui connaît un essor considérable dans de nombreux domaines, trouve ici une application particulière dans l'imagerie médicale, notamment pour la détection et l'anticipation des maladies hépatiques. Dans ce travail, nous avons utilisé une approche basée sur les réseaux de neurones convolutifs (CNN – Convolutional Neural Networks), reconnus pour leur efficacité dans la détection précoce et le diagnostic des cancers. Les CNN ont déjà démontré leur performance dans divers domaines, y compris celui de l'imagerie médicale, et s'avèrent particulièrement adaptés à la classification des images du foie.

Ces techniques assistent efficacement les radiologues et les cliniciens dans la détection des lésions hépatiques et la prise de décision quant à l'état et à l'évolution du patient. L'intégration de systèmes d'intelligence artificielle, et en particulier de l'apprentissage profond, facilite grandement la classification et le diagnostic automatisés des maladies hépatiques grâce à des algorithmes puissants reposant sur des infrastructures dotées de fortes capacités de calcul (mémoire, processeur, carte graphique…).

Cependant, ces avancées ne diminuent en rien le rôle fondamental du radiologue, qui reste au cœur du processus diagnostique. Les images utilisées comme entrées dans les CNN sont exclusivement des coupes hépatiques extraites automatiquement des examens CT, comme évoqué précédemment. La qualité de ces images d'apprentissage, ainsi que la durée de l'entraînement du modèle, influencent directement la performance du système. Plus l'entraînement est approfondi, plus les résultats en termes de classification sont précis. L'utilisation ciblée d'images focalisées sur le foie s'est révélée plus efficace que l'exploitation

brute de l'ensemble des images CT, comme le démontrent les résultats obtenus.

5.2 La Classification de la tumeur de foie

5.2.1 Méthodes de segmentation

1) Rayleigh :

Nous avons utilisé la courbe de Rayleigh pour séparer l'arrière-plan de l'image. Cette courbe de Rayleigh définit le seuil X_s de l'arrière-plan de l'image [7].

$$\mathrm{R(x)} = w * \frac{x}{\sigma^2} * exp\left(\frac{-x^2}{2\sigma^2}\right) \tag{29}$$

2) GMM (modèles de mélange gaussien) :

Nous avons ensuite utilisé la méthode de classification par modèles de mélange gaussien (GMM) dans le cadre de l'apprentissage automatique, afin d'estimer les seuils d'entrée : à savoir, le seuil inférieur et le seuil supérieur. Les données de l'image sont ainsi réparties en plusieurs classes selon cette approche. La valeur du seuil inférieur correspond à la moyenne des intensités des pixels de l'image, tandis que la valeur du seuil supérieur est déterminée comme étant la plus élevée des moyennes, après exclusion des valeurs osseuses. Ces deux seuils permettent d'extraire la région d'intérêt — ici, le foie — en isolant les pixels dont les valeurs d'intensité se situent dans cet intervalle [7].

Chaque composante a un « poids », w_i : la proportion des données globales qui appartient à cette composante. Par conséquent, la distribution de probabilité combinée, f(x) est de la forme :

$$f(x) = \sum_{k=1}^{k} \frac{w_k}{\frac{d}{(2\pi)^2 |\sum_k|^{-\frac{1}{2}}}} exp\left\{\frac{1}{2}(x-\mu_k)^T \sum_k^{-1} (x-\mu_k)\right\} \tag{30}$$

σ_i et m représentent la variance et la moyenne de chacune des N gaussiennes.

3) GVF (Gradient Vector Flow) :

Pour utiliser l'algorithme **GVF**, nous appliquons cet algorithme en présentant la carte des

bords f qui est représentée par un ensemble de points dont la déformation dépend de la minimisation de la fonction d'énergie (E) comme indiqué dans l'équation suivante [7]:

$$E = \int_0^1 \left[E_{int}(C(s)) + E_{ext}(C(s))\right] ds \tag{31}$$

$$E = \int_0^1 \frac{1}{2}\left[\alpha(s)\left(\frac{dc}{ds}\right)^2\right] + \frac{1}{2}\left[\beta(s)\left(\frac{d^2c}{ds^2}\right)^2\right] - \gamma(s)\frac{\nabla I(x,y)}{|\nabla I(x,y)|} + k(s)V_{GVF} \tag{32}$$

- $\alpha(s)$: paramètre de lissage,
- $\beta(s)$: constante de force de l'image,
- $\gamma(s)$: poids de la force GVF,
- $k(s)$: paramètre d'élasticité.

La GVF améliore le résultat du seuil pour faciliter l'étude de celui-ci dans les étapes suivantes.

5.2.2 Classification du CNN

Il s'agit d'un groupe de couches qui forment un réseau neuronal convolutif, chaque couche étant différente des autres, nous les mentionnons brièvement :

1) La couche convolutive :

Il s'agit d'appliquer un ensemble de filtres sur les images pour extraire les caractéristiques de ces images. Deux des 32 filtres de 3 * 3 pixels, ainsi que deux des 64 filtres de 3 * 3 pixels, sont utilisés ici, ce qui nous donne un ensemble de cartes de caractéristiques. Les filtres utilisés dans la première couche de convolution sont simples : des bords verticaux, horizontaux et diagonaux, ainsi que des petits points ou taches d'une couleur entourés d'une autre [2]. Il y a plusieurs noyaux de convolution dans la couche de convolution (g_1... g_{k-1}, g_k), chaque g_k étant une fonction linéaire dans le noyau k^{-th}, comme la fonction suivante [37] :

$$g^k(x,y) = \sum_{u=-m}^{m} \sum_{v=-n}^{n} \sum_{w=-d}^{d} w_k(u,v,w) I(x-u, y-v, z-w) \quad (33)$$

Où (x, y, z) est la position du pixel dans l'entrée, w_k est le poids pour le k^{-th} kernel, m, n et w est la hauteur, la largeur et la profondeur du filtre [31].

2) La couche d'activation :

Les valeurs négatives de l'image de convolution peuvent être supprimées en les remplaçant par la valeur 0. f est une fonction non linéaire au niveau du pixel, c'est-à-dire une unité linéaire rectifiée (ReLU) [31]:

$$f(x) = \max(0, x) \quad (34)$$

Sans cette activation, les résultats de l'apprentissage profond ne seraient pas satisfaisants [31].

3) La couche de mise en commun :

Afin d'extraire les caractéristiques essentielles de la convolution, il cherche la valeur maximale présente dans les cartes de caractéristiques, et chaque couche de convolution est reliée à une couche de mise en commun [31].

4) La couche entièrement connectée :

Elle prépare les données des images à intégrer dans un réseau neuronal et aplatit ces images en une seule colonne [31].

5) La couche de prédiction :

Il s'agit d'une couche d'apprentissage qui utilise des couches de neurones entièrement connectés pour l'entrée, la couche d'aplatissement précédemment réalisée, et pour la sortie, une prédiction, c'est-à-dire une probabilité par classe (normale et anormale) (0,1).

6) Fonction Softmax :

Nous utilisons la fonction Softmax pour la couche de prédiction, choisir la bonne classe

pour chaque probabilité.

7) Normalisation des lots :

Avec toutes ces couches, nous avons utilisé la normalisation par lots pour normaliser le résultat de chaque couche qui est une entrée pour la couche suivante et le grand rôle de la normalisation de Bach est d'éliminer la grande différence entre les valeurs. Après chaque couche entièrement connectée [31].

8) Dropout :

Nous utilisons le Dropout pour éliminer les valeurs qui ne nous intéressent pas et pour diminuer la charge du réseau neuronal.

9) Optimiseur et perte :

Enfin, nous utilisons l'optimiseur Adam pour entraîner nos réseaux convolutifs et la perte binaire_crossentropy pour 2 classifications.

5.3 MÉTHODOLOGIE

Nous avons proposé un modèle CAD appelé technique CNN à seuil gaussien, qui consiste à segmenter le foie en fonction de l'intensité dans les images de tomodensitométrie. Le seuil proposé et le GMM avec la fonction de Rayleigh pour le processus de segmentation ont été utilisés pour séparer le foie des autres organes de l'abdomen. Les caractéristiques statistiques, texturales et géométriques extraites ont été classées à l'aide d'un classificateur CNN afin de différencier les types de foie normaux et anormaux. Dans le diagramme suivant, nous donnons une explication détaillée de ce que nous avons fait en pratique en utilisant le langage de programmation Python 3.8 avec les sacs TensorFlow 2.4.1, cuda 11.0.3 et cudnn 11.2, keras et OpenCv et d'autres paquets.

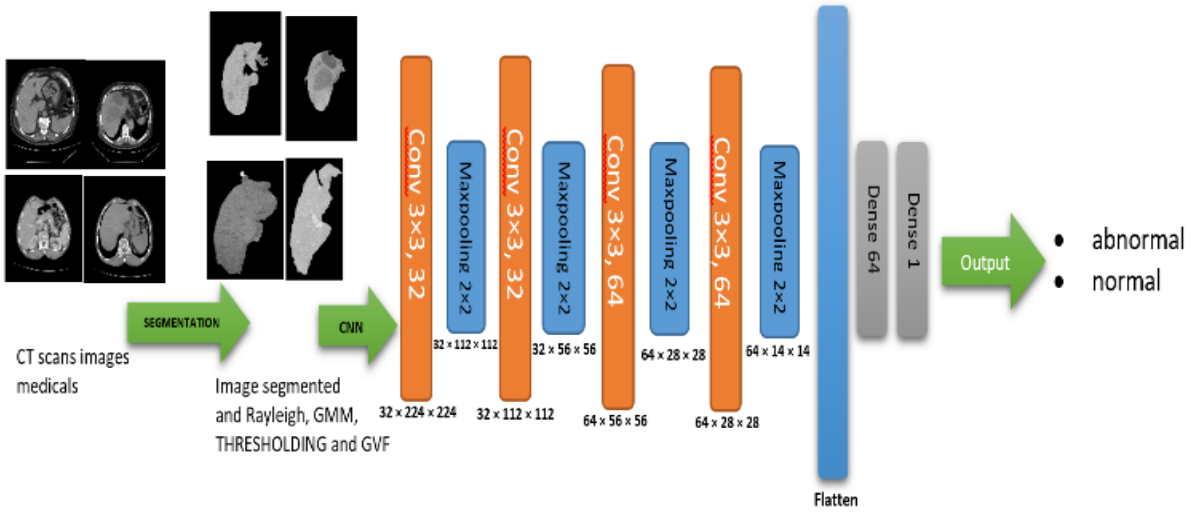


Figure 5. 1: Étapes de la technique CNN basée sur le seuil gaussien

5.4 ENSEMBLE DE DONNÉES

Ces données ont été obtenues auprès de l'institut hospitalier spécialisé, le Centre anticancer (CAC) de Batna, à l'aide de tomodensitogrammes, et nous les avons exploitées pour extraire les images des coupes du foie par tomodensitométrie. Nous avons ensuite extrait automatiquement le foie seul dans toutes les images, puis nous l'avons organisé pour obtenir une base de données en la divisant en trois fichiers, chaque fichier contenant un pourcentage spécifique des images à classer, que nous avons appelé formation, validation et test. Chaque fichier contient deux fichiers pour la classification en foie normal ou anormal. Il en va de même pour les images originales du foie. Toutes les images ont une taille unique de 512 x 512 pixels.

Nous avons utilisé cette base de données comme entrée pour le réseau de neurones convolutionnel (CNN). Ainsi, les images ont été redimensionnées en 224 × 224 pixels afin de pouvoir les utiliser pour l'apprentissage et la classification via un fichier de test. Cette étude s'appuie sur 706 images issues de plusieurs patients : 302 images concernent des personnes atteintes de pathologies hépatiques, tandis que 404 images correspondent à des individus en bonne santé.

Les données des patients ont été divisées en 90 % pour l'entraînement et 10 % pour la validation. L'expérimentation a été réalisée avec Python 3.8, sur un HP ProBook équipé d'un processeur Intel® Core™ i7 de 8e génération, de 8 Go de mémoire RAM et d'un GPU NVIDIA GeForce 930MX pour l'entraînement du modèle.

5.5 RÉSULTATS DE LA CLASSIFICATION ET DISCUSSION

Nos résultats obtenus avec le CNN sont résumés dans le tableau 5.1. Le modèle entraîné à partir des images segmentées du foie a atteint des performances élevées, avec un taux de précision à l'entraînement de 99,84 %, une erreur d'apprentissage de 0,94 %, et une précision au test de 98,61 %, pour une erreur de test de 4,95 %. Il s'agit là de la meilleure performance obtenue parmi toutes les expérimentations menées avec des modèles CNN appliqués à la segmentation du foie à partir de différentes caractéristiques.

À titre de comparaison, un test réalisé avec un CNN similaire mais basé sur les images médicales complètes (sans segmentation préalable du foie) a donné des résultats bien inférieurs : 100 % de précision à l'entraînement (avec une erreur extrêmement faible de $3{,}83\times10^{-5}$ %) mais seulement 26,19 % de précision au test, avec une erreur de test de 83,99 %.

L'architecture du réseau utilisé comprend, après chaque couche convolutive, une couche de mise en commun, suivie d'une couche de flattening, puis de trois couches entièrement connectées en sortie.

Il est important de noter que, bien que la classification des images médicales ait affiché une grande précision, il a été difficile d'identifier un modèle de réseau neuronal capable de fournir une classification correcte et stable dès le départ. Après de nombreuses itérations d'apprentissage et d'évaluation, nous avons pu établir un modèle optimal, qui a permis d'obtenir ces excellents résultats, en s'appuyant exclusivement sur les images médicales collectées auprès du Centre Anti-Cancer de Batna.

Input Data Type (CNN)	**F1-Score**		**Precision**		**Recall**		**Accuracy Overall**
	H	***L***	***H***	***L***	***H***	***L***	
SEG-liver image	0.99	0.98	1	0.97	0.98	1	99%
COMP-liver image	0.42	0.00	0.55	0.00	0.33	0.00	26%

Tableau 5. 1: Tableau des résultats CNN

Nos résultats montrent que le réseau de neurones convolutifs proposé est capable d'obtenir de bonnes performances sur un ensemble de données d'imagerie médicale, grâce à l'utilisation de l'apprentissage profond.

Nous observons que les performances de classification de notre réseau se dégradent dès qu'une couche est supprimée, ce qui souligne l'importance de la profondeur du modèle pour obtenir des résultats fiables.

Jusqu'à présent, nos résultats se sont continuellement améliorés à mesure que nous avons enrichi l'architecture de notre réseau et prolongé la durée de l'apprentissage. Nous privilégions l'utilisation de réseaux convolutifs profonds et larges pour l'analyse des pathologies hépatiques, car un plus grand volume d'images apporte des informations précieuses et améliore la robustesse du modèle.

1) Estimation des performances :

La mesure de validation de la technique CNN basée sur le seuil gaussien se fait dans les termes suivants :

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \tag{35}$$

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \tag{36}$$

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + F} \tag{37}$$

$$F1 = \frac{2}{Recall^{-1} + Precision^{-1}} \tag{38}$$

- TN : True Negative (Vrai négatif) : La valeur réelle était négative et le modèle a prédit une valeur négative. Il a correctement identifié que la personne était normale.
- FP : False Positive (faux positif) : La valeur réelle était négative et le modèle a prédit une valeur positive. Il s'agit également d'une erreur de type I. Le modèle a prédit que la personne était anormale, alors qu'en réalité elle ne l'est pas.
- FN : Faux négatif : La valeur réelle était positive et le modèle a prédit une valeur négative. Il s'agit d'une erreur de type II. Le modèle a prédit que la personne était normale, alors

qu'elle l'est en réalité.

- TP : Vrai positif : La valeur réelle était positive et le modèle a prédit une valeur positive. Il a correctement identifié que la personne était anormale.

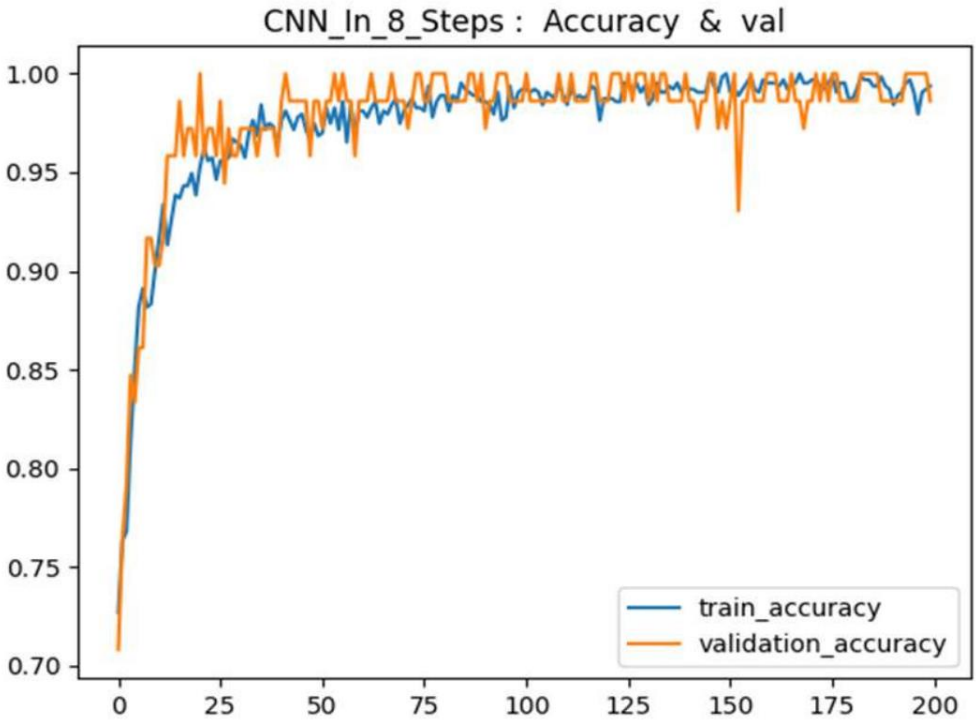


Figure 5. 2: Résultats de précision et de validation du foie segmenté

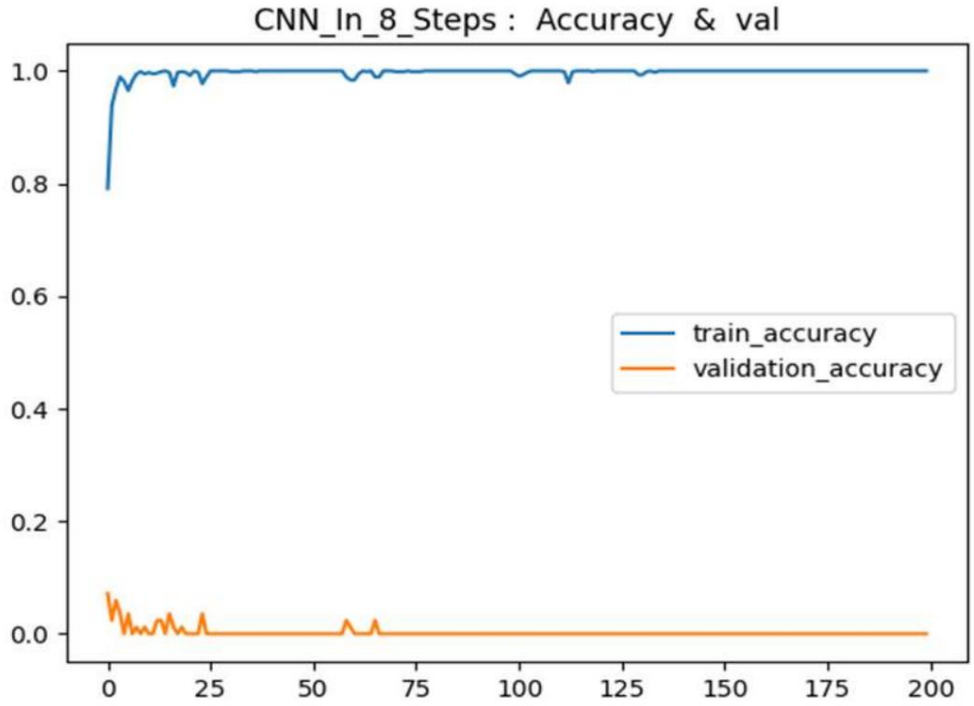


Figure 5. 3: Résultats de précision et de validation du foie complet

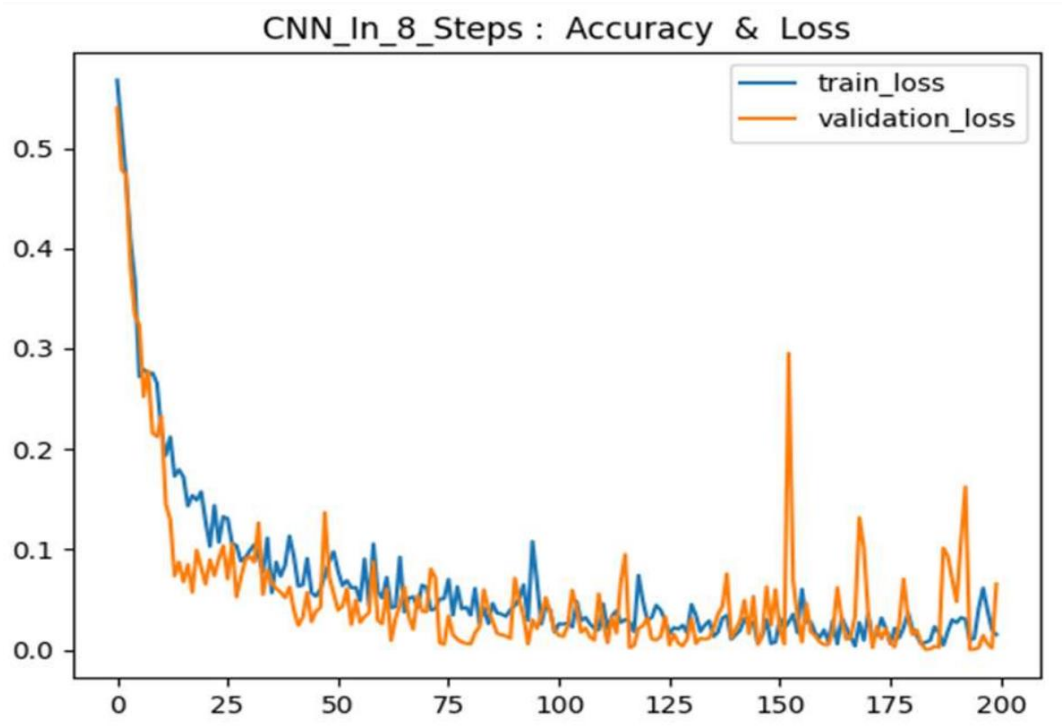


Figure 5. 4: Résultats de perte de précision et de validation du foie segmenté

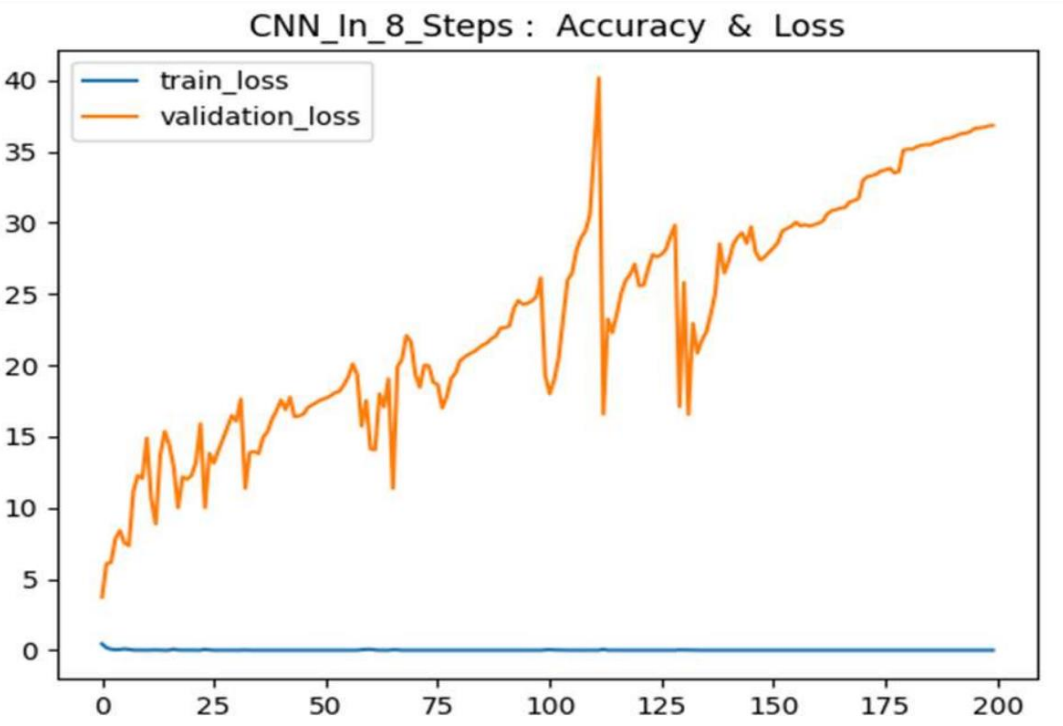


Figure 5. 5: Résultats de perte de précision et de validation du foie complet

5.6 Conclusion

- **RÉSUMÉ DE L'ÉTUDE**

L'entraînement effectué sur notre réseau de neurones convolutifs (CNN) a permis d'obtenir une classification fiable et précise. Le modèle appliqué sur des images de foie segmenté a atteint un taux de précision de 100 % pour les cas de foie sain et de 97 % pour les cas de foie pathologique, avec une précision globale à l'entraînement atteignant jusqu'à 99 %.

En revanche, l'application du modèle sur des images de foie complet a montré des performances beaucoup plus faibles, avec un taux de précision de seulement 55 % pour les foies sains et de 0 % pour les foies malades, et une précision globale à l'entraînement de 26 %.

Les résultats de la matrice de confusion indiquent que les modèles de classification développés visent à prédire l'état de santé hépatique d'un individu — normal (négatif) ou anormal (positif) — en se basant sur plusieurs variables caractéristiques, comme illustré dans la figure ci-dessous.

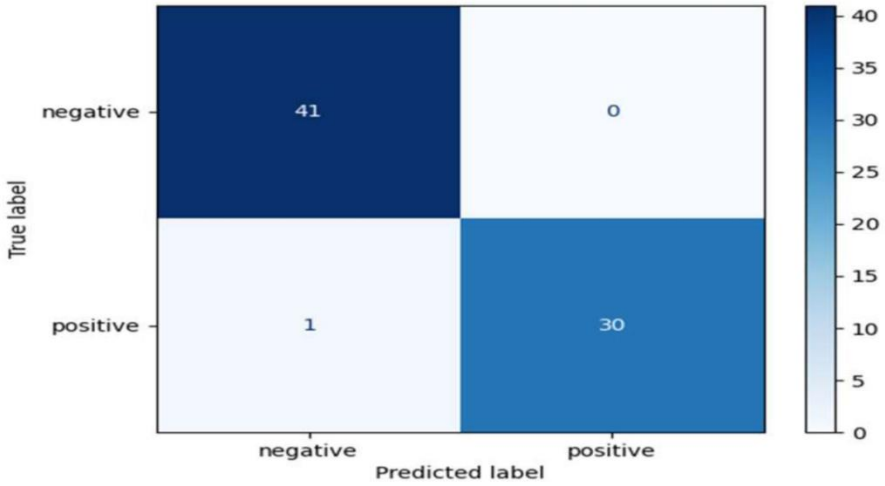


Figure 5. 6: Matrice de confusion pour les résultats CNN du foie segmenté

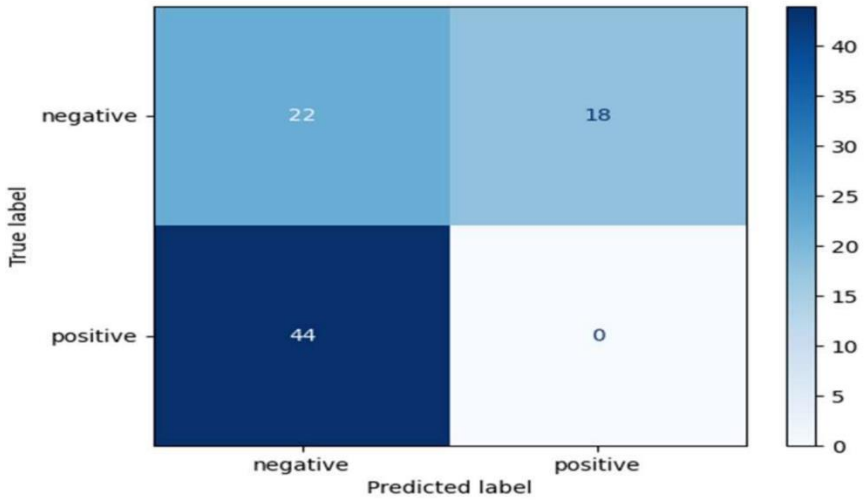


Figure 5. 7: Matrice de confusion pour les résultats CNN foie complet

Chapitre 6 :

LA SEGMENTATION AUTOMATIQUE DU CANCER DES TUMEURS HEPATIQUES À L'AIDE DE L'APPRENTISSAGE PROFOND

6.1 Introduction

Avec le développement de l'intelligence artificielle et sa forte dépendance à l'apprentissage profond, de nombreux domaines, en particulier le secteur médical et l'imagerie médicale, sont devenus incontournables. L'extraction des caractéristiques à partir des images médicales, dans le but d'assister au diagnostic des maladies, constitue aujourd'hui un enjeu majeur. Dans cette recherche, nous nous intéressons spécifiquement aux images médicales des tumeurs hépatiques.

Les maladies et tumeurs du foie ont un impact significatif sur l'augmentation du taux de mortalité dans le monde. Le foie occupe le sixième rang mondial en termes d'incidence tumorale et représente la troisième cause de mortalité liée au cancer. Il s'agit de la sixième pathologie cancéreuse la plus fréquemment diagnostiquée dans le monde. En 2020, plus de 900 000 nouveaux cas de tumeurs hépatiques ont été enregistrés [38].

Selon les données de l'OMS, dans la région d'Afrique du Nord — comprenant l'Algérie, l'Égypte, le Maroc, la Libye et la Tunisie — le taux d'incidence standardisé selon l'âge pour 100 000 personnes en 2020 révèle que l'Algérie a recensé 1 % des nouveaux cas et 1,7 % des décès dus à cette pathologie, se classant au 21^{e} rang des cancers les plus fréquents. La Tunisie, quant à elle, a enregistré un taux d'incidence de 3,3 %, la plaçant au 8^{e} rang. Le Maroc a affiché un taux de 2,2 %, se positionnant au 11^{e} rang, tandis que la Libye a atteint 3,0 %, occupant le 20^{e} rang. L'Égypte, en revanche, a enregistré un taux d'incidence beaucoup plus élevé de 20,1 %, faisant du cancer du foie la pathologie tumorale la plus courante dans la région [38].

La détection précoce des tumeurs hépatiques demeure difficile, car les signes cliniques apparaissent souvent à un stade avancé. Pourtant, un dépistage précoce permet d'augmenter les chances de traitement réussi et de réduire la mortalité. Celui-ci repose sur des examens médicaux standards, notamment l'échographie, la tomodensitométrie (CT) ou l'imagerie par résonance magnétique (IRM), combinés à des examens anatomo-pathologiques.

Cependant, la disponibilité limitée de ces équipements spécialisés ainsi que le manque d'experts constituent des obstacles majeurs. Parmi ces techniques, la tomodensitométrie est l'une des plus simples et des plus utilisées pour la détection des tumeurs hépatiques et l'évaluation de la forme, de la texture et des lésions focales du foie.

Néanmoins, la détection des tumeurs par tomodensitométrie présente plusieurs défis :

Les petites tumeurs, notamment à un stade précoce, sont difficilement visibles sur les images CT.

La densité normale du foie rend complexe la distinction entre les tissus sains et pathologiques, surtout lorsque les tumeurs ont une densité similaire à celle du tissu hépatique environnant. Les tumeurs sont souvent dissimulées dans le parenchyme hépatique sain. La présence d'organes et de structures adjacents dans la région abdominale peut interférer avec la visualisation du foie [39].

L'interprétation des images médicales exige du radiologue une grande précision visuelle. Or, celle-ci est affectée par des facteurs humains tels que la fatigue, les limites de la perception visuelle, la pression temporelle et la qualité des images. La sensibilité moyenne du radiologue pour détecter les tumeurs hépatiques varie généralement entre 70 % et 80 %. Pour pallier cette limitation, certaines pratiques proposent des lectures en double, mais elles augmentent les coûts [40]. C'est dans ce contexte que les méthodes d'intelligence artificielle, notamment l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond, prennent tout leur sens.

Cependant, les modèles d'apprentissage profond présentent certaines limites, notamment en lien avec la qualité des données, la diversité des modalités d'imagerie et la complexité des variations anatomiques. Par ailleurs, ces modèles peuvent être moins efficaces pour des images à très haute résolution ou pour des scénarios multi-classes.

Dans le cadre de notre étude, nous avons constitué une nouvelle base de données de tomodensitogrammes (CT), composée de 1019 images, acquises au Centre Anti-Cancer de Batna (ACC-BATNA2022) en Algérie, annotées par des radiologues expérimentés, avec une localisation précise des tumeurs hépatiques.

Dans ce chapitre, nous présentons deux nouveaux modèles développés en remplaçant les couches d'encodage classiques par des architectures basées sur DenseNet et ASPP, selon deux configurations distinctes. Ces deux modèles ont été testés à la fois sur notre propre base de données et sur une base de données publique de référence, **LiTS2017**. Tous les détails sont exposés dans les sections qui suivent.

6.2 Nos approches de segmentation des tumeurs hépatiques :

U-net++ représente une évolution complexe de la structure U-net, conçue pour exceller dans les tâches de segmentation sémantique en capturant des statistiques contextuelles complexes à plusieurs échelles. Sa structure conserve la structure codeur-décodeur observée dans U-net, mais introduit plusieurs améliorations essentielles.

L'élément central de U-net++ est le concept de voies de passage imbriquées, qui va au-delà de l'ensemble unique conventionnel de connexions de saut. Ces voies imbriquées établissent des connexions entre divers niveaux du codeur et plusieurs niveaux correspondants à l'intérieur du décodeur. Cette préférence architecturale permet de combiner des caractéristiques à de nombreuses résolutions et échelles, en englobant correctement chaque détail de qualité et des données contextuelles plus larges. À l'intérieur de chaque voie de saut, les connexions de saut transfèrent les cartes de caractéristiques en une seule fois du codeur au décodeur, sans modification. En outre, des blocs d'agrégation sont intégrés dans ces voies, ce qui permet à la version de combiner des caractéristiques provenant de connexions de saut spéciales à un niveau identique du décodeur. Les stratégies d'agrégation, y compris la sommation sensible aux détails ou la concaténation convolutive, améliorent la capacité du modèle à capturer et à amalgamer des statistiques multi-échelles. U-net++ comporte souvent une supervision profonde, générant des prédictions de segmentation intermédiaires à plus d'un niveau de décodeur afin de traiter le problème du gradient de disparition pendant l'apprentissage et de promouvoir une convergence stable.

Enfin, une dernière couche convolutive située à l'extrémité du décodeur produit le masque de segmentation, la gamme des canaux de sortie étant alignée sur la gamme des classes à segmenter. La structure UNET++, comme tout autre modèle d'apprentissage profond, a ses limites. Elle peut avoir des difficultés à gérer les variations de la qualité des données, la façon dont les images sont prises ou les variations de l'anatomie humaine, qui peuvent être habituelles dans l'imagerie médicale.

Dans le cadre de cet article, nous présentons deux approches innovantes de segmentation sémantique qui combine DenseNet, ASPP et U-Net++.Nos approches intègrent plusieurs caractéristiques notables :

- Pour améliorer l'extraction des caractéristiques, nous substituons les couches de codage

standard par un DenseNet entièrement modifié. Grâce à cette évolution, Nos modèles peuvent prendre en compte des informations plus précises dans les données d'entrée, ce qui les rend particulièrement utiles pour les tâches qui requièrent une segmentation précise.

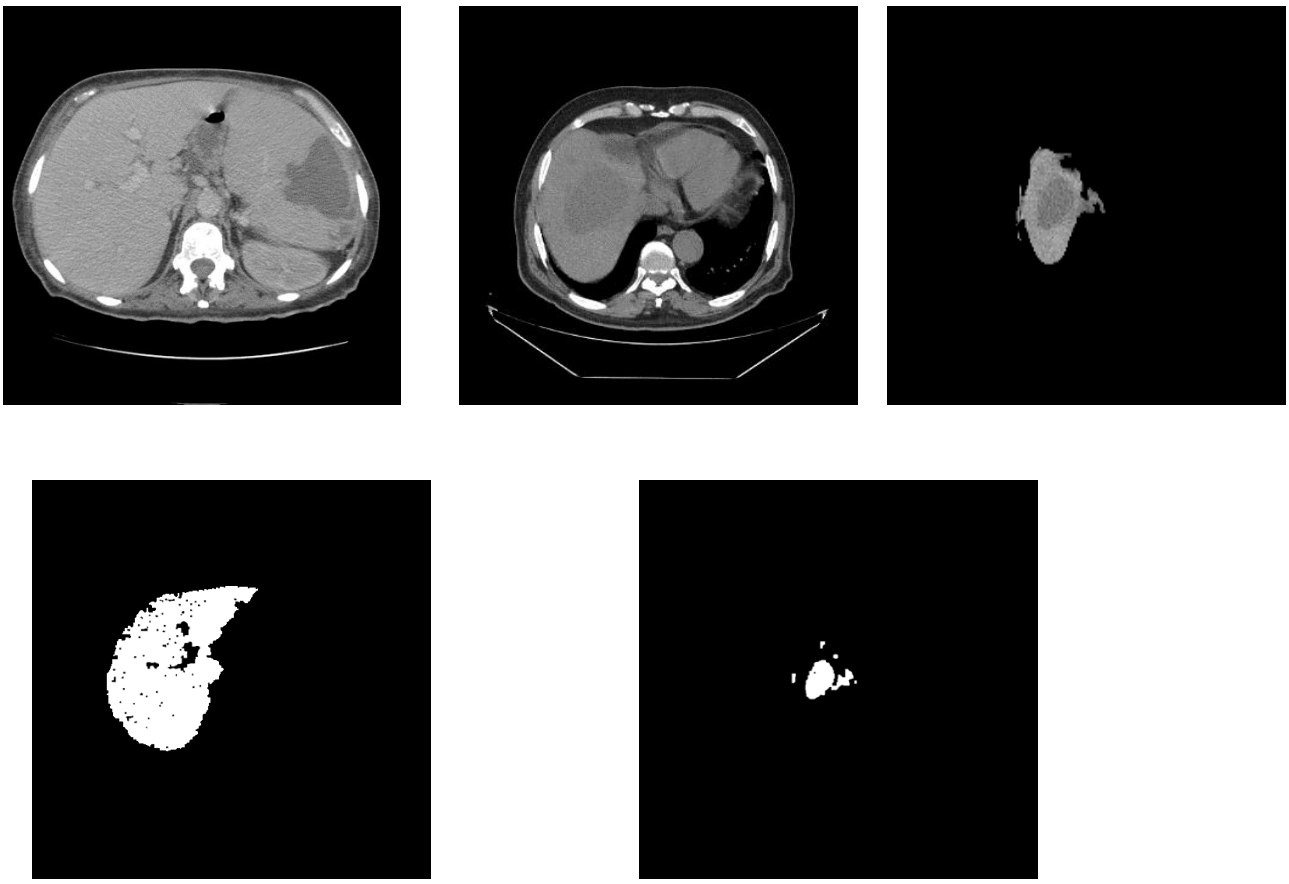
● Capture de détails fins : grâce à l'intégration du DenseNet modifié, nos approches permettent au modèle U-Net++ d'exceller dans la capture des détails les plus infimes des données. Cette capacité est essentielle pour les tâches de segmentation complexes ou très détaillées.

● Évaluation dans le monde réel : pour évaluer l'efficacité de Nos approches dans des scénarios pratiques, nous effectuons une évaluation rigoureuse à l'aide d'une base de données soigneusement assemblées provenant du Centre anticancéreux de Batna, en Algérie, Nous avons également utilisé la base de données propriétaire LITS2017.

Dans notre étude, nous avons utilisé le premier pour effectuer des évaluations en situation réelle des approches que nous proposons, et le second a servi à évaluer la qualité de l'ensemble de données organisé que nous avons constitué et les performances des modèles que nous proposons.

1. La base de données ACC-BATNA2022

Au cours de nos recherches, nous avons soigneusement assemblé une nouvelle base de données d'images de tomodensitométrie que nous avons appelée ACC-BATNA2022 (Anti-Cancer Center of BATNA). La création de cette collection est le résultat d'une collaboration entre deux institutions soignantes : le Centre Anti Cancer de BATNA et le Laboratoire de Mathématiques, d'Informatique et de Systèmes (LAMIS) de l'Université de Larbi Tebessi à Tébessa, en Algérie. Pour obtenir ces images, l'ACC-BATNA utilise les meilleurs équipements (Scanners, ...) sous forme de CT-scan 32/16 diapositives/segments avec interface DICOM. Notre base de données contient des informations sur 12 personnes et chaque patient fournit environ 623 coupes de CT. Ces coupes ont toutes la même épaisseur de 5 mm. Dans notre étude, et nous nous sommes spécifiquement concentrés sur les coupes représentant le tissu hépatique, car elles étaient pertinentes pour nos tâches de segmentation du foie. Après avoir récupéré les données au format DICOM, nous avons incorporé un total de 1019 images de cette base de données dans notre travail. Toutes ces images ont des dimensions de 512 × 512 pixels.



CACLIVER2022 **CACTUMOR2022**

Figure 6. 1: Image CT du foie et les masques du foie et les tumeurs hépatiques de la base de donnees ACC-Batna2022

2. La base de données LITS2017

LITS2017 (Liver Tumor Segmentation Challenge 2017) est une base de données qui regroupe des images médicales en 2D et 3D provenant de la tomodensitométrie (CT). Une des particularités de la base de données LITS2017 réside dans sa description minutieuse réalisée par des spécialistes médicaux. On a obtenu ces données avec soin référencées en repérant avec précision les zones d'intérêt sur les images de tomodensitométrie, y compris le foie et toute tumeur visible.

Les données sont issues de 130 patients, chaque patient fournissant un nombre différent de coupes de tomodensitométrie. Il convient de souligner que le nombre maximal de coupes de tomodensitométrie par patient s'élevait à 623. Pour notre étude, nous avons choisi des images de tomodensitométrie en 2D provenant d'un groupe de 10 patients, chaque image de CT

contenant un nombre différent de coupes. Plus spécifiquement, nous avons étudié les diapositives contenant du tissu hépatique afin de segmenter le foie.

Après analyse des données '.nii', notre étude comprend plus de 5000 images et leurs masques correspondants. Afin de conserver la cohérence de l'ensemble, chaque image est normalisée à 512 par 512 pixels.

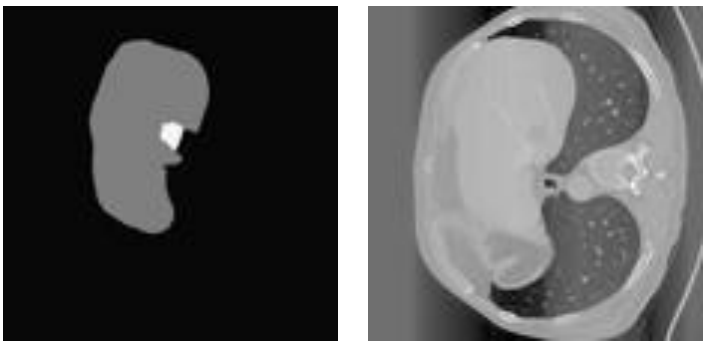


Figure 6. 2: Image de tumeurs hépatiques et leurs masques de la base de données Lits2017

6.2.1 DDA_UNET

Dans notre recherche, nous avons proposé deux approches de segmentation sémantique de haut niveau qui combine trois algorithmes principaux : DenseNet pour l'extraction des caractéristiques, ASPP (Atrous Spatial Pyramid Pooling) pour la détection de données multi-contenus, et l'architecture U-Net++ pour une segmentation précise. Le concept de remplacement des couches de codage par un préapprentissage de double DenseNet et ASPP est à la base de notre approche DDA_UNET, comme illustré dans la figure ci-dessous :

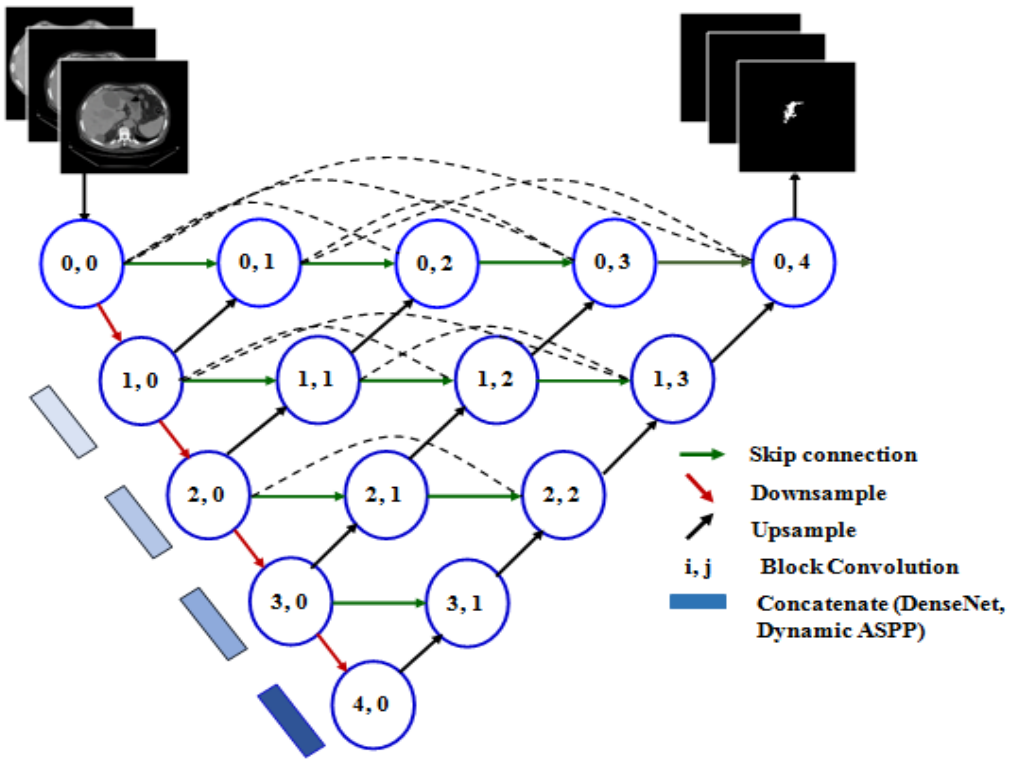


Figure 6. 3: Architecture DDA_UNET en utilisant un double DenseNet et ASPP

La figure 6.3 fournit une représentation visuelle de notre approche. Elle montre le remplacement des couches convolutives conventionnelles par un DenseNet modifié dans les blocs de sous-échantillonnage (du deuxième au cinquième) de notre architecture. Dans chaque bloc de sous-échantillonnage, une couche ASPP dynamique est utilisée pour traiter la carte de caractéristiques d'entrée et la combiner avec la carte de caractéristiques de sortie.

Dans ce modèle, il y a cinq blocs de convolution de sous-échantillonnage, chacun représentant deux convolutions avec des fenêtres coulissantes de 3 par 3. Les cartes de caractéristiques ont les mêmes dimensions au sein d'une même couche. Entre chaque couche, nous avons un dropout (0,1) pour réduire le nombre de neurones inutiles qui contraignent le modèle, puis nous utilisons Maxpooling pour extraire les caractéristiques et réduire la taille.

Ensuite, le résultat est transmis au réseau DenseNET, qui possède à son tour deux sorties, la première étant utilisée comme entrée à l'ASPP, et la seconde étant connectée à la sortie de l'ASPP par concatenate, comme illustré dans la figure 6.7. Les cartes de caractéristiques maintiennent les mêmes densités pour le chemin de convolution, le saut de connexion et le

DenseNet avec l'ASPP dynamique de la couche 1 à la couche 4. Dans la couche 5, il y a un ASPP dynamique qui permet de réduire la densité de la carte des caractéristiques afin de la réguler. Le Leaky ReLU sert de fonction d'activation au lieu du ReLU afin d'éviter la disparition du gradient.

En raison de la régression à zéro de l'activation de ReLU, il est possible que ReLU soit bloqué dans un état qui ne peut produire que zéro en sortie. C'est ce qu'on appelle la « ReLU mourante ». Pour éviter ce problème, on utilise une Leaky ReLU au lieu d'une ReLU. La normalisation des lots est également ajoutée dans chaque bloc pour améliorer le flux du gradient, facilitant ainsi la convergence du modèle. Selon Gao et Almekkawy (2021), les couches du décodeur reproduisent le processus dans les couches du codeur en reliant les couches de suréchantillonnage aux cartes de caractéristiques des codeurs au même niveau.

6.2.2 ASD_UNET

Pour enrichir cette recherche, nous avons proposé une autre approche avec le même concept que la première approche avec quelques différences en termes de composition du saut de connexion, c'est-à-dire l'ordre des algorithmes dans ce modèle : DenseNET, ASPP, et UNET++. La différence réside dans l'extraction des caractéristiques et des images médicales du foie et des tumeurs hépatiques, comme le montrent les figures suivantes :

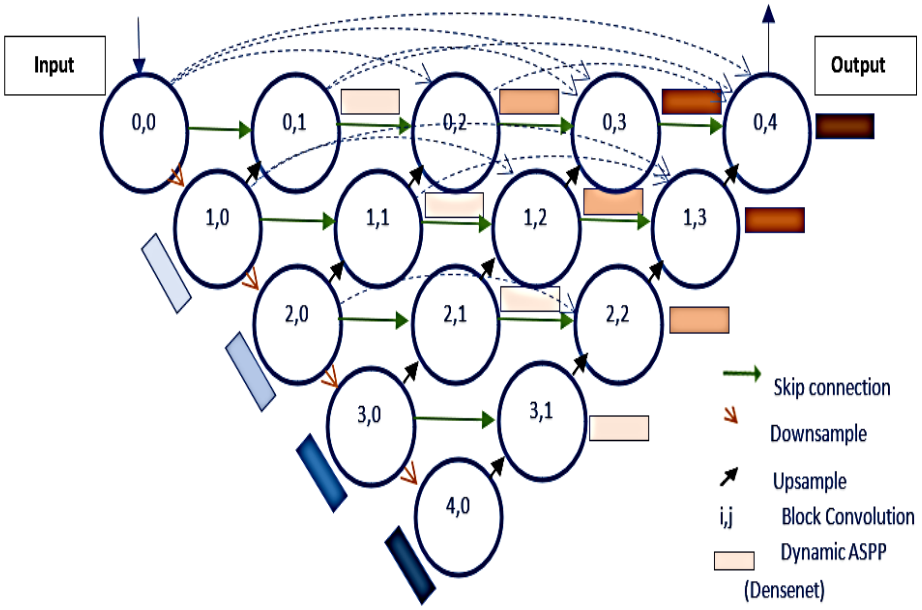


Figure 6. 4 : Architecture ASD_UNET améliorée utilisant un DenseNet et double ASPP

- ASD_UNET : basé sur le double ASPP

Étant donné que chaque bloc contient deux convolutions utilisant des fenêtres glissantes, notre modèle comprend cinq blocs de convolution de réduction à différents niveaux. Nous avons un dropout (0,1) entre chaque convolution pour réduire le nombre de neurones inefficaces limitant le modèle, puis nous utilisons Maxpooling pour extraire les caractéristiques et réduire la taille et nous combinons la sortie du bloc avec la sortie de l'ASPP, dont l'entrée est la sortie de DenseNET pour le même bloc.

Nous avons utilisé la fonction de convolution transposée pour créer la fonction d'échantillonnage ascendant dans Keras pour les étapes d'échantillonnage ascendant. Pour obtenir le meilleur résultat de hachage, nous avons utilisé la fonction suivante pour inverser les processus d'échantillonnage descendant via la convolution : 16, 32, 64, 128, 256. Cette fonction conserve les caractéristiques de l'échantillonnage descendant.

Pour mieux comprendre nos approches, décrivons l'intégration de DenseNet et ASPP dans le cadre UNET++ à travers les étapes suivantes :

1. Sortie du bloc convolutif

Pour clarifier notre incorporation de DenseNet dans le cadre de U-Net ++, dénotons x^{ij} comme la sortie du bloc convolutif, où i signifie la profondeur du bloc convolutif, et j sert d'index le long du chemin de connexion de saut. Nous pouvons exprimer la carte des features extraites à l'aide de la formulation suivante, comme le montrent les équations :

$$x^{i,j} = \begin{cases} H\left[DENSEnet(x^{i-1,j}),\ ASPP_i\left(DENSEnet(x^{ij})\right)\right] & , j = 0 \\ H\left[\left[x^{ij}\right]_{j=0}^{j-1}, Up\left(x^{i+1,j-1}\right)\right] & , j > 0 \end{cases} \quad (39)$$

$$x^{i,j} = \begin{cases} H\left[x^{i-1,j},\ ASPP_i\left(DENSEnet(x^{ij})\right)\right] & , j = 0 \\ H\left[\left[ASPP_i\left(x^{ij}\right)\right]_{j=0}^{j-1}, Up\left(x^{i+1,j-1}\right)\right] & , j > 0 \end{cases} \quad (40)$$

Dans ce contexte, la fonction H représente l'opération de convolution à la fin du bloc convolutif, suivie de l'activation Leaky ReLU. Up signifie la couche de suréchantillonnage, [] désigne l'opération de concaténation, $DENSEnet$ indique après les deux couches de

convolution il y a une couche de DenseNET et $ASPP_i$ indique l'inclusion d'une couche ASPP dynamique, i désignant la profondeur. Il convient de noter que la première couche ne comporte pas de couche ASPP dynamique.

Pour aller plus loin, toutes les couches x^{ij} où j > 0 obtiennent leur carte de caractéristiques en concaténant la carte de caractéristiques suréchantillonnée de $x^{i+1,j-1}$ et les cartes de caractéristiques du même niveau i. D'autre part, les blocs convolutifs à échantillonnage descendant (down-sampling) génèrent leurs cartes de caractéristiques en concaténant la sortie du DenseNET de codeur de niveau inférieur et la caractéristique extraite du module ASPP.

Pour les étapes d'échantillonnage ascendant (up-sampling), dans Keras, nous avons utilisé la fonction de convolution transposée pour fournir la fonction d'échantillonnage ascendant (up-sampling). Cette fonction permet d'inverser les opérations d'échantillonnage descendant par convolution, en conservant les mêmes propriétés pour l'échantillonnage descendant (down-sampling) afin d'obtenir le meilleur résultat de hachage, nous avons utilisé dans chaque bloc pour envelopper successivement : 16,32,64,128,256.

Les modèles proposés ont été entraînés à l'aide de l'optimiseur Adam et de la perte binaire_crossentropy, et nous avons choisi batch_size=2 et epochs=500 dans la base de données ACC-Batna 2022. Les modèles proposés ont été programmé à l'aide de Python 3.8, en particulier l'API Keras avec TensorFlow. L'entraînement a été exécuté avec HPC de l'université de BATNA 2.

Dans la base de données LITS2017, nous avons utilisé batch_size = 2 et epochs = 50 pour entraîner nos modèles proposés à l'aide de l'optimiseur Adam avec une perte binaire_crossentropy. Python 3.8 a été utilisé pour créer les modèles proposés, en particulier l'API Keras et TensorFlow. L'entraînement a été réalisé à l'aide de Kaggle et d'un GPU 100.

2. Encodeur amélioré avec DenseNet

Dans cette phase de notre recherche, nous apportons une amélioration significative à nos modèles en incorporant la variante DenseNet-121 modifiée dans l'encodeur, en remplacement des couches convolutives conventionnelles. Cette amélioration enrichit considérablement nos modèles avec des représentations de caractéristiques très informatives. L'une des principales caractéristiques de DenseNet est sa connectivité dense, où chaque couche bénéficie des entrées

de toutes les couches précédentes. Cette conception favorise la réutilisation des caractéristiques et facilite la création de représentations de caractéristiques exceptionnellement informatives. Mathématiquement, la connectivité dense de DenseNet s'exprime comme suit :

$$X_i = H([X_0, X_1, \dots, X_{i-1}]) \quad (41)$$

Dans cette équation, X_i représente la carte de caractéristiques spécifique à la couche i, et H signifie le bloc convolutif responsable de l'application des activations non linéaires. Pour mettre en œuvre cette stratégie, nous utilisons généralement le modèle DenseNet-121, qui comprend un ensemble de connexions conçues à l'origine pour des tâches de classification. En revanche, nous combinons en douceur les couches du modèle DenseNet dans l'encodeur de l'architecture U-Net++.

Dans notre exploration, nous utilisons une technique qui permet de saisir des caractéristiques de bas niveau telles que les bordures et les textures. L'extraction de caractéristiques permet à nos modèles d'analyser des images à plusieurs échelles et niveaux d'abstraction. Nous intégrons également le processus d'optimisation comme une partie importante de la phase d'entraînement afin d'exploiter le potentiel total de l'encodeur DenseNet-121. L'objectif de cette optimisation est de déterminer le meilleur modèle défini comme θ^*. Ces mesures sont prises en compte pour réduire la fonction de perte à l'avance. L'objectif global de ce processus d'optimisation est de garantir que le modèle de prédiction, désigné par $f_\theta(X_i)$, corresponde étroitement aux masques de segmentation Y_i de la vérité au sol. Mathématiquement, cette optimisation s'exprime comme suit :

$$\theta^* = argmin_{\theta,i}\,(L(f_\theta(X_i), Y_i)) \quad (42)$$

Où $f_\theta(X_i)$ représente la sortie produite par le codeur DenseNet-121 lors de l'entrée de X_i. En outre, cette optimisation affine les paramètres des modèles, garantissant que ses prédictions sont similaires aux vrais masques de segmentation.

DenseNET est un réseau neuronal convolutif dont la tâche principale est d'améliorer les performances malgré le problème auquel vous êtes confronté est d'augmenter la profondeur du réseau (Huang et al. 2017). La caractéristique la plus importante de DenseNET est d'agréger

toutes les entrées avec le résultat de la convolution DenseNET qui consiste en :

- **BN-ReLU-Conv:**
  - **Batch normalization( ) (X)**
  - **Leaky Relu (alpha= 0,1) (x)**
  - **Conv2D (f, 1, 1, same) (x)**
- **Transition Layer :**
  - **Batch normalization( ) (X)**
  - **Leaky Relu (alpha= 0,1) (x)**
  - **Conv2D (f, 1, 1, same) (x)**
  - **AvgPool2D (2, 1, same) (x)**
- **H = 6,12,16,24**
- **Concatenate ([x,tensor])**

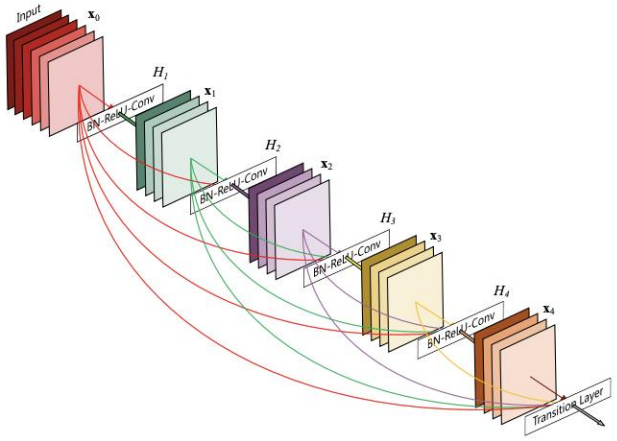


Figure 6. 5: La structure de DenseNET dans nos modèles

3. Intégration du module ASPP

Le module Atrous Spatial Pyramid Pooling (ASPP), réputé pour sa capacité à capturer des données multipoints, est introduit après l'intégration du codeur basé sur DenseNet dans nos modèles, comme indiqué dans l'Eq. (43).

$$Y_i = G([X_i]) \tag{44}$$

Où G contient différentes fonctions du ASPP, telles que des connexions supplémentaires,

et Y_i est la sortie du module ASPP. Voici la procédure d'intégration des modules ASPP dans notre encodeur basé sur DenseNet et la figure ci-dessous :

- L'entrée supplémentaire pour le codeur provient des modules du ASPP, en particulier dans la deuxième au cinquième bloc de sous-échantillonnage. Il est possible d'enregistrer les spécificités de plusieurs opérations avec cette méthode d'arrangement.

- Dans chaque branche du ASPP, nous employons des convolutions dilatées 3 x 3 avec des valeurs de dilatation variées (6, 12 et 18). Cette option de valeur permet au module d'obtenir des données de grande qualité provenant de plusieurs récepteurs.

- Après chaque convolution étendue, nous employons la fonction d'activation non linéaire (Leaky ReLU) afin d'améliorer la capacité de représentation et de normaliser les lots afin d'obtenir une apprentissage stable.

- Dans le module ASPP, la couche de mise en commun des moyennes globales (GAP: Global Average Pooling) a été incluse après mûre réflexion. Ce système fournit des informations pertinentes en combinant les données dans une carte particulière qui intègre le contexte global.

- Pour produire une image plus complète, nous avons combiné les données de toutes les branches du ASPP et des branches associées. Cette fusion de caractéristiques améliore les performances de la segmentation sémantique en capturant un contenu riche à différentes échelles.

Comme pour l'ASPP : Atrous Spatial Pyramid Pooling (Gao et Almekkawy 2021), nous avons utilisé trois couches de convolution 3 * 3 avec un taux (rate) = (6, 12, 18), respectivement, comme le montre la figure 6.6 :

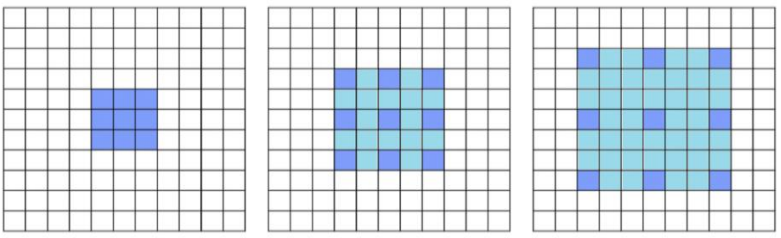


Figure 6. 6: Convolution dilatée avec taux de dilatation (rate = (6, 12, 18))

L'utilisation de l'ASPP vise à extraire les caractéristiques manquantes via Rate, qui sont ignorées dans la Conv normale, puis nous utilisons global average pooling et enfin nous collectons toutes les données avec concatenate, puis nous appliquons Conv2D 1*1 à celles-ci. Nous avons également utilisé différents types de connexion par saut dans nos modèles, comme le montre les figures 6.7 , 6,8:

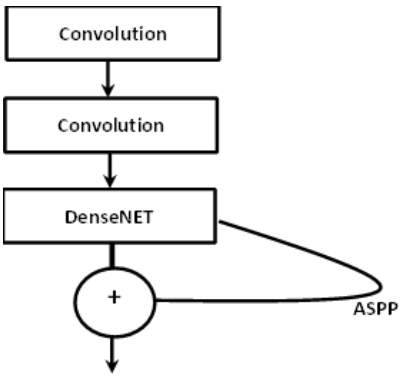


Figure 6. 7: Saut de connexion DENSE (DDA_UNET)

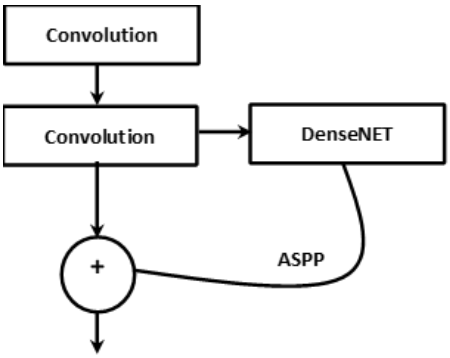


Figure 6. 8: Saut de connexion ASPP (ASD_UNET)

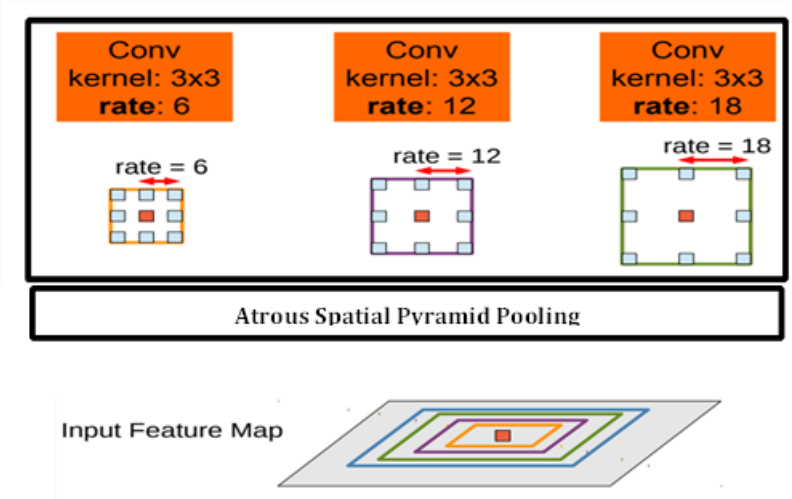


Figure 6. 9: Atrous Spatial Pyramid Pooling dans nos modèles

L'objectif de la création de ces nouveaux modèles est d'obtenir une meilleure segmentation en obtenant des informations plus précises grâce à ces algorithmes DenseNET, ASPP …, ainsi que d'obtenir de meilleurs contours de segmentation pour le foie et les tumeurs

hépatiques par rapport aux modèles précédents.

6.3 Mesures de performances

6.3.1 Coefficient de Dice :

Le score F1 ou coefficient de Dice est une mesure fréquemment employée pour évaluer la précision des tâches de segmentation, notamment dans les domaines de l'imagerie médicale et de la vision par ordinateur [41]. En général, il évalue la similitude ou les similitudes entre deux ensembles, en particulier la segmentation prédite (Y) et la segmentation de vérité fondamentale (X). On calcule le coefficient de Dice en utilisant la formule suivante :

$$Dice\ Coefficient\ (X,Y) = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|} \tag{45}$$

Où, X est la cardinalité de l'ensemble X, c'est-à-dire la totalité de la plage de pixels à l'intérieur de la segmentation de vérité fondamentale, Y est la cardinalité de l'ensemble Y, c'est-à-dire la grande variété complète de pixels à l'intérieur de la segmentation attendue, et X ∩ Y est la cardinalité de l'intersection entre les unités X et Y, c'est-à-dire la grande variété de pixels qui sont bien segmentés à la fois dans la vérité fondamentale et dans les masques prédits.

En pratique, un coefficient de Dice plus élevé suggère une meilleure précision de segmentation, les valeurs plus proches de 1 indiquant des performances globales supérieures.

6.3.2 Intersection sur Union

La méthode de l'Intersection sur Union (IoU) est couramment employée afin d'évaluer la précision des tâches de détection et de segmentation d'objets, notamment dans les domaines de la vision par ordinateur et de l'apprentissage automatique [41].Elle quantifie le chevauchement entre les ensembles, généralement la région prédite (Y) et la zone de vérité fondamentale (X). L'IoU est calculé comme le rapport entre la région d'intersection entre les deux régions et l'emplacement de leur union. La formule de l'IoU est la suivante :

$$IoU\ (X,Y) = \frac{|X \cap Y|}{|X \cup Y|} \tag{46}$$

Où X représente la région de la zone de vérité fondamentale, Y représente la zone de la région prédite, X ∩ Y représente la zone d'intersection entre les deux zones, c'est-à-dire la région qui est détectée ou segmentée avec succès dans chacun des masques de vérité fondamentale et attendu, et X ∪ Y représente l'emplacement de l'union entre les deux zones, c'est-à-dire toute la région recouverte à la fois par les masques de vérité fondamentale ou prédits.

6.3.3 Erreur quadratique moyenne

La mesure de l'erreur quadratique moyenne (MSE) est cruciale pour évaluer la précision des pixels lors de l'évaluation des masques générés par rapport aux masques de vérité fondamentale dans différentes tâches de traitement d'images et de vision par ordinateur [41]. L'MSE quantifie l'erreur entre les pixels correspondants dans ces deux masques, fournissant une mesure de la manière dont ils correspondent étroitement. La définition mathématique de MSE est la suivante :

$$MSE(x,y) = \frac{1}{n}\sum_{i=1}^{n}(X_i - Y_i)^2 \tag{47}$$

Le nombre total de pixels dans le masque est donné par l'équation n, Xi est la valeur de pixel dans les masques de vérité fondamentale à la position i et Yi est la valeur de pixel dans le masque généré à la position i. La MSE évalue la variation quadratique moyenne entre les valeurs de pixel à l'intérieur des masques. Les masques générés présentent une similitude évidente avec les masques de vérité fondamentale, ce qui suggère une meilleure précision dans la tâche de segmentation.

6.4 Détails de l'apprentissage :

Dans le cadre de l'apprentissage de notre version de segmentation sémantique supérieure, nous configurons méticuleusement un ensemble complet de paramètres d'apprentissage. Nous commençons par utiliser la fonction d'activation Leaky ReLU avec une pente de 0,1 de chaque bloc convolutionnel, introduisant une non-linéarité critique pour éviter les neurones inactifs.

En passant à l'encodeur DenseNet-121 modifié, la couche convolutionnelle préliminaire

de l'encodeur est préparée avec 64 filtres. Notre architecture d'encodeur contient cinq blocs denses, chacun composé de 6, 12, 16, 24 couches, respectivement, enrichissant considérablement les caractéristiques extraites. La gamme de filtres dans chaque bloc dense s'étend dynamiquement. Après chaque bloc dense, les couches de transition réduisent le nombre de filtres d'un facteur deux. En conséquence, l'encodeur DenseNet-121 produit des cartes de caractéristiques finales avec des dimensions de 8 x 8 et comprend 512 canaux, fournissant une représentation relativement informative des images saisies.

En passant au module ASPP, nous capitalisons sur les cartes de caractéristiques produites par l'encodeur DenseNet-121, qui mesurent intrinsèquement 8x8 et englobent 512 canaux dans les blocs de densité finaux. Le module ASPP utilise efficacement des convolutions dilatées avec des taux fixés à 6, 12 et 18 pour capturer habilement des informations contextuelles multi-échelles. Ces opérations de convolution dilatées fonctionnent en parallèle sur quatre branches, chacune préparée avec 256 filtres. En concaténant astucieusement les cartes de caractéristiques dérivées de ces branches, nous obtenons une représentation multi-échelle globale mesurant 8x8 avec une profondeur de 256, améliorant considérablement la capacité du modèle à reconnaître des détails d'image complexes.

Au sein du décodeur, nous maintenons méticuleusement la cohérence architecturale avec l'encodeur. Le décodeur intègre des connexions de saut imbriquées et comprend quatre niveaux hiérarchiques. Le nombre de filtres dans les couches du décodeur démarre avec 1024 filtres dans la première couche et diminue progressivement de moitié à chaque couche suivante. Cette conception permet au modèle d'affiner progressivement la carte de segmentation. Au final, la sortie finale du décodeur est une carte de caractéristiques mesurant 512x512 pixels, correspondant parfaitement aux dimensions de l'image d'entrée.

Pour assurer la convergence efficace de notre modèle, nous effectuons environ 500 époques d'apprentissage. Cependant, le nombre précis d'époques requises pour la convergence peut varier considérablement, en fonction de facteurs tels que la taille de l'ensemble de données, la complexité du modèle et le programme de taux d'apprentissage adopté.

Le cluster de calcul haute performance de l'Université de Batna 2 (HPC-UB2) a été utilisé pour exécuter le code d'apprentissage et de test pour la base de données ACC-Batna2022 des modèles proposés, conformément aux spécifications détaillées dans le tableau ci-dessous.

CPU Node Configuration
- Each CPU node consists of 2 Intel Xeon Gold processors
- Each Intel Xeon Gold processor has 14 CPU cores, resulting in a total of 28 CPU cores per node.
- Each node is equipped with 128 GB of DDR4 RAM.
- It includes a 480 GB SSD for high-speed storage.
GPU Node Configuration
- Each GPU node is equipped with an NVIDIA Tesla V100 GPU.
- The GPU features 5,120 CUDA cores for parallel processing.
- It also has 640 Tensor cores, specialized for deep learning workloads.
- The GPU is equipped with 16 GB of High Bandwidth Memory 2 (HBM2) for high-speed data access.
- It boasts a memory bandwidth of 900 GB/s, facilitating quick data transfer.
- The GPU supports NVLink technology, with up to 6 NVLink connections, enabling high-speed communication between GPUs.

Tableau 6. 1: Spécifications HPC-UB2

Comme le montre le tableau ci-dessus, cette configuration représente un cluster HPC typique conçu pour diverses tâches de calcul haute performance, notamment les simulations scientifiques, l'apprentissage profond, l'analyse de données, etc.

Quant à la base de données Lits2017, le code d'apprentissage et de test des modèles proposés a été implémenté sur Kaggle avec d'un GPU 100, une plateforme web interactive qui propose des compétitions d'apprentissage automatique et profond.

6.5 Résultats et analyse

Pour évaluer l'efficacité de nos modèles, nous avons effectué des tests en utilisant les bases de données ACC-BATNA2022 et LITS17 avec trois variantes architecturales pour l'analyse comparative. Le modèle 1 c'est la structure fondamentale d'UNET. Le modèle 2, ASU-Net++, adapte et sélectionne de manière dynamique les connexions de saut sur différentes couches de réseau, capturant efficacement les informations contextuelles à courte et longue portée. Le modèle 3, U-Net++, améliore le cadre U-Net en introduisant des connexions de saut

courtes entre ses couches.

Cette partie expose les études réalisées pour la segmentation du foie et des tumeurs hépatiques à l'aide des bases de données ACC-BATNA2022 et LITS17. Ces résultats incluent différentes mesures comme le coefficient de Dice, l'IoU et l'MSE, qui ont été mesurés dans toutes les expériences de segmentation du foie et des tumeurs hépatiques.

6.5.1 Résultats de la segmentation du foie et des tumeurs hépatiques de la base de données ACC-BATNA2022

6.5.1.1 Résultats de la segmentation du foie

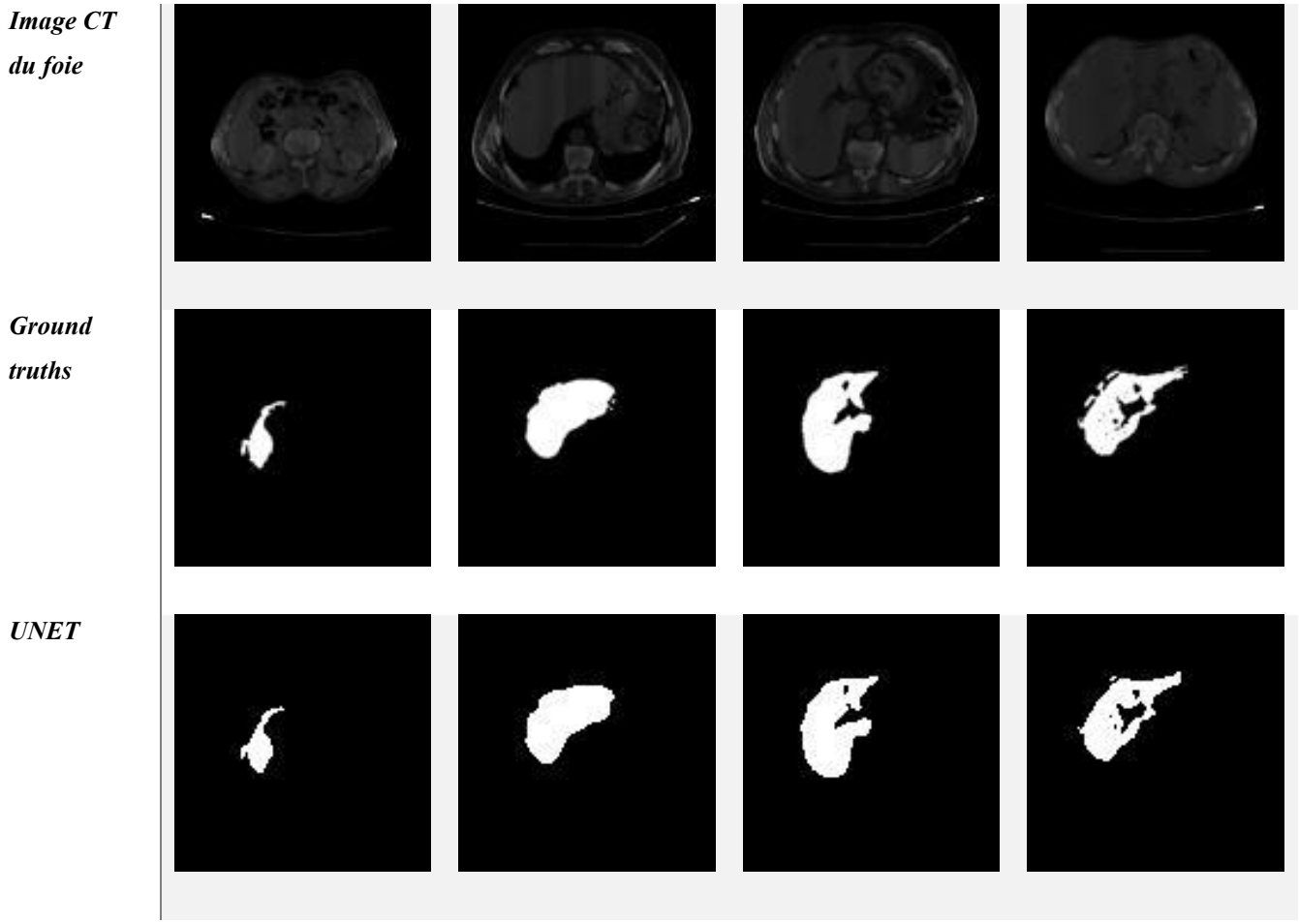
Dans un premier temps, les images médicales utilisées dans la base de données ACC-Batna2022 ont été obtenues auprès du Centre Anti Cancer de Batna, et ce, après de nombreux prétraitements et l'utilisation des plusieurs algorithmes représentés par : Modèle de Rayleigh, GMM, GVF..., afin de séparer le foie à des autres organes du corps, puis les tumeurs hépatiques ont également été séparées en utilisant ces mêmes algorithmes, puis nous avons créé ces deux nos modèles, DDA_UNET et ASD_UNET. Pour prouver leur efficacité, nous les avons comparés à trois architectures différentes, à savoir UNET, UNET++ et ASU_NET++.

Les tableaux, ainsi que les figure, présentent les résultats quantitatifs et qualitatifs de la segmentation des images CT du foie. Les tableaux fournissent une analyse complète de divers modèles en ce qui concerne les mesures de performances du foie. Il convient de noter que nos modèles proposés rivalisent efficacement avec d'autres modèles sur une gamme de mesures, les surpassant légèrement. Lorsque nous le comparons DDA_UNET, ASD_UNET à l'architecture fondamentale d'UNET (modèle 1), nos modèles montrent des améliorations significatives, obtenant une augmentation remarquable de 0,32% et une diminution de 0,19% du coefficient de Dice, une amélioration substantielle de 0,54%et une diminution de 0.31% de l'intersection sur l'union (IoU) et un notable de 6,53% et 7,12% de l'erreur quadratique moyenne (MSE), respectivement. Français De même, comparé à la structure de base ASU-Net++ (modèle 2), nos modèles démontrent des améliorations substantielles, avec une augmentation impressionnante de 0,83%, 0,32% du coefficient de Dice, une augmentation substantielle de 1,39%, 0,54% de l'IoU et une remarquable 7,47%,8,00% du MSE, respectivement. De plus, nos modèles constitue une amélioration majeure par rapport à U-Net++ (modèle 3) avec une augmentation de 62,71%, 62.20% du coefficient de Dice, une augmentation significative de 66,96%, 66,11%

de l'efficacité de l'IoU et une diminution notable de MSE, respectivement. Il montre une amélioration significative, notamment une mieux comprendre les résultats de la segmentation.

	IOU	DICE	MSE	Précision
UNET	0.8285	0.9062	0.4348	97.43 %
UNET++	0.1643	0.2823	4.3067	94.68%
ASU_NET	0.8200	0.9011	0.4260	97.423 %
ASD_UNET	0.8254	0.9043	0.5060	97.418 %
DDA_UNET	0.8339	0.9094	0.5001	97.39 %

Tableau 6. 2: Résultats de la segmentation du foie par différentes architectures avec de la base de données ACC-BATNA2022



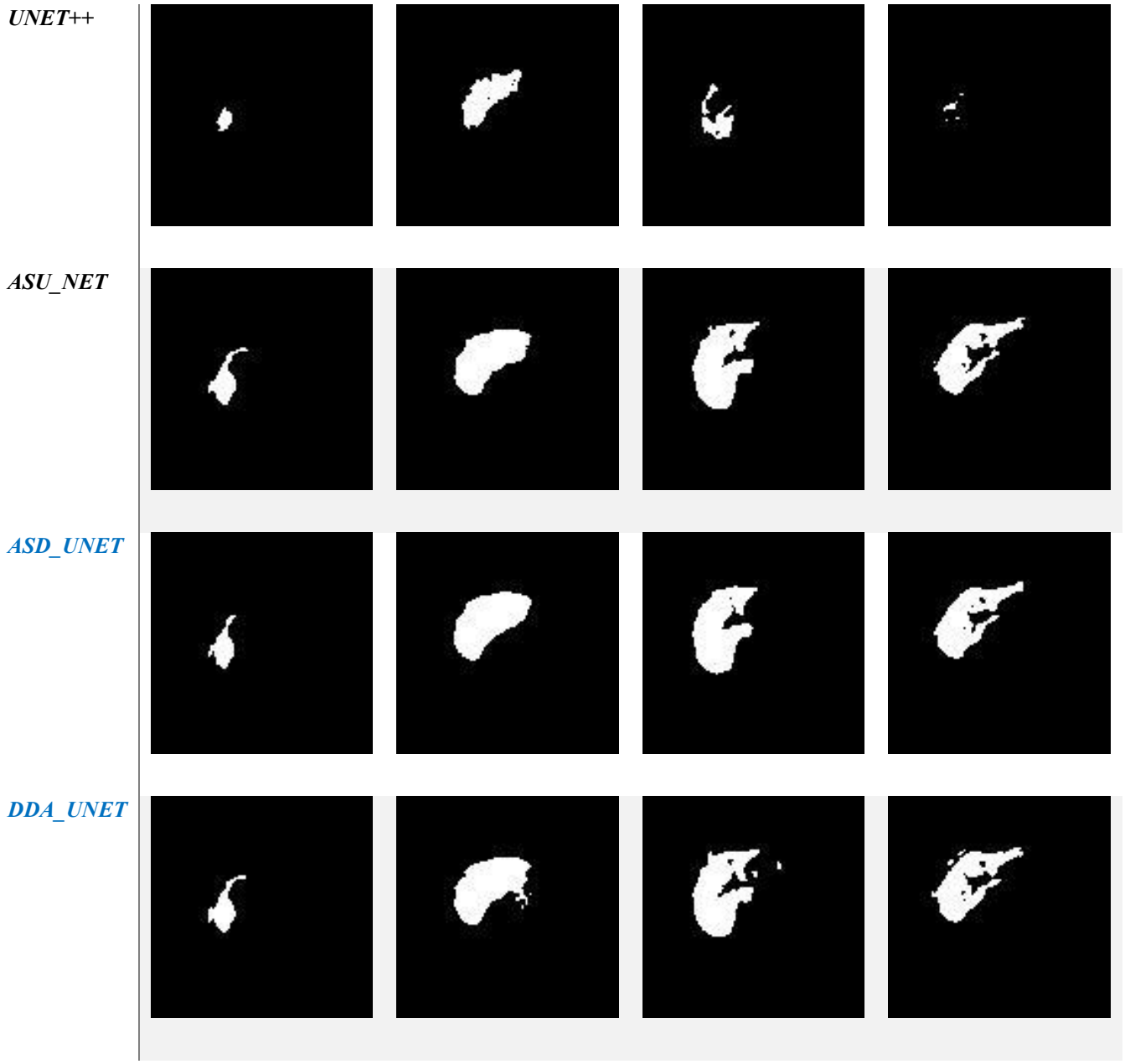
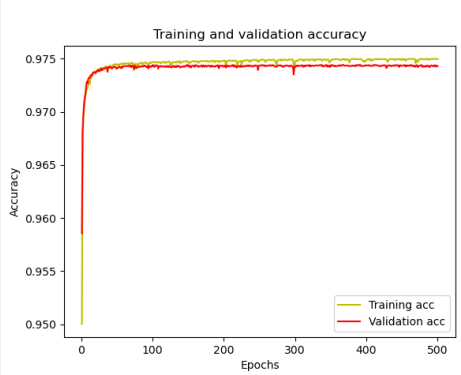
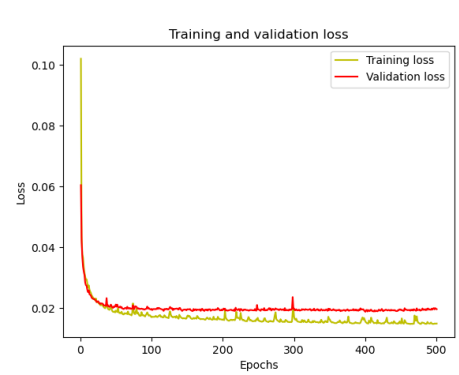


Figure 6. 10: Comparaison qualitative entre les modèles, affichant les résultats de segmentation pour les images du foie avec de la base de données ACC-BATNA2022.

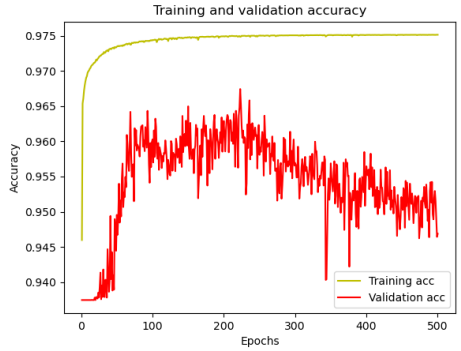
La figure 6.11 montre les courbes de perte de l'entraînement et des tests. À partir de cette figure, nous pouvons voir que la valeur de perte des modèles proposés est plus lisse et converge plus rapidement que celle des autres modèles.

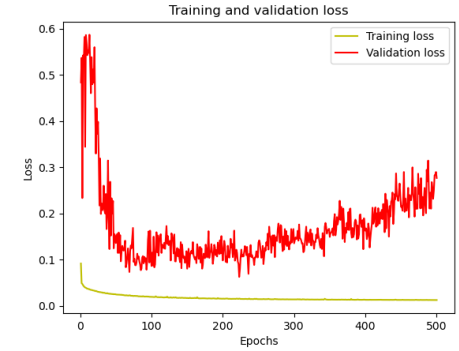
UNET



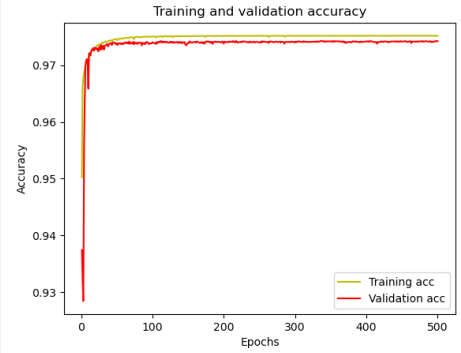


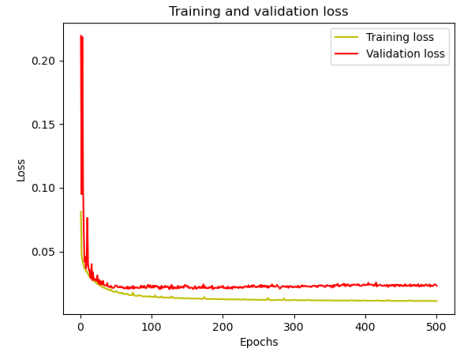
UNET++



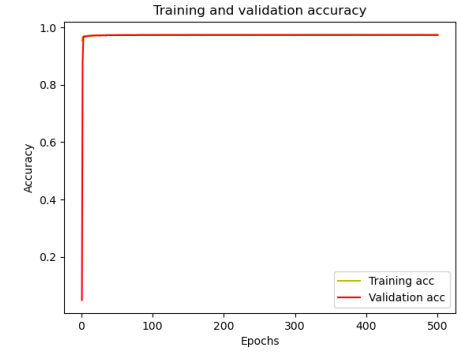


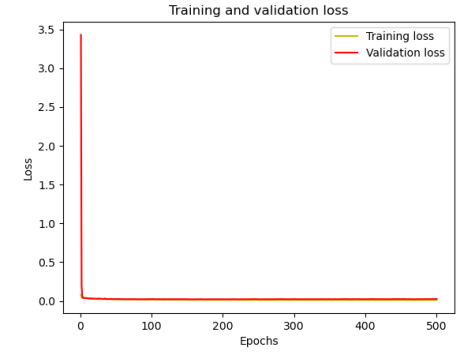
ASU_NET

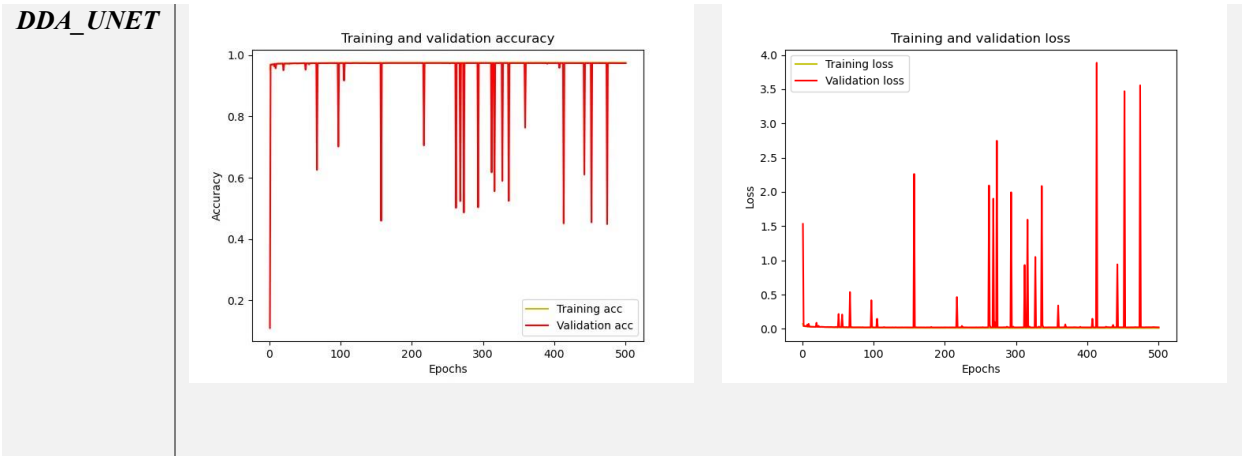




ASD_UNET







(a) (b)

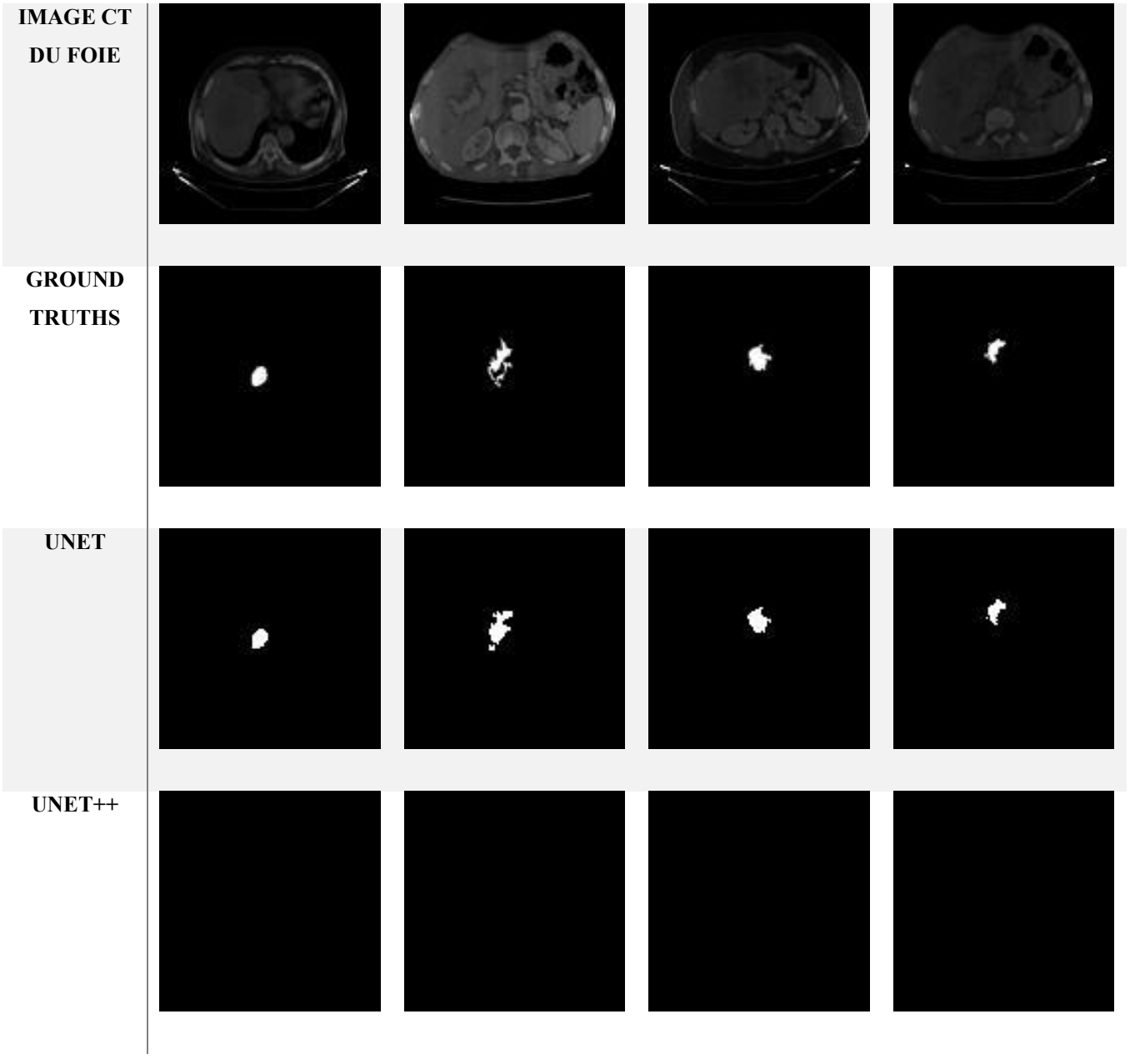
Figure 6. 11: Graphique de perte et de précision pour les données d'entraînement et de validation pour les images du foie avec de la base de données ACC-BATNA2022 (a) Précision (b) Perte.

6.5.1.2 Résultats de la segmentation du tumeurs hépatiques

De la même manière, les résultats quantitatifs et qualitatifs obtenus à partir des segmentations de tomodensitométrie de tumeur hépatique pour les images du foie sont présentés dans le Tableau 6.3 et la Figure 6.12. De même, dans le Tableau 3, nos modèles DDA_UNET, ASD_UNET démontrent des améliorations de performances substantielles par rapport à l'architecture U-Net d'origine. Plus précisément, nous observons une réduction remarquable de 0,99%, 03,38% du coefficient de Dice, une réduction significative de 1,16% ,3,92% de l'intersection sur l'union (IoU) et une réduction substantielle de 0,51%, 5,85% de l'erreur quadratique moyenne (MSE), respectivement. De plus, par rapport à ASU-Net++, nos modèles affichent des améliorations significatives, atteignant un coefficient de Dice inférieur de 8,57%,6,18%, et un IoU de 9,43%,4,53%, et une réduction notable de 0,81%,5.53% de l'MSE, respectivement. De plus, par rapport à U-Net++, nos modèles offrent des améliorations respectables, notamment une augmentation de 69,36%, 66,97% du coefficient de Dice, une augmentation de 53,10%,50,34% de l'IoU et une diminution considérable de 38,37%,33,03% de l'MSE, respectivement.

	IOU	DICE	MSE	Précision
UNET	0.5426	0.7035	0.1515	99.2776 %
UNET++	0.0	0.0	0.5403	99.04 %
ASU_NET	0.4367	0.6079	0.1647	99.2774 %
ASD_UNET	0.5034	0.6697	0.2100	99.25 %
DDA_UNET	0.5310	0.6936	0.1566	99.2738 %

Tableau 6. 3: Résultats de la segmentation du tumeurs hépatiques avec des images CT complète par différentes architectures avec de la base de données ACC-BATNA2022



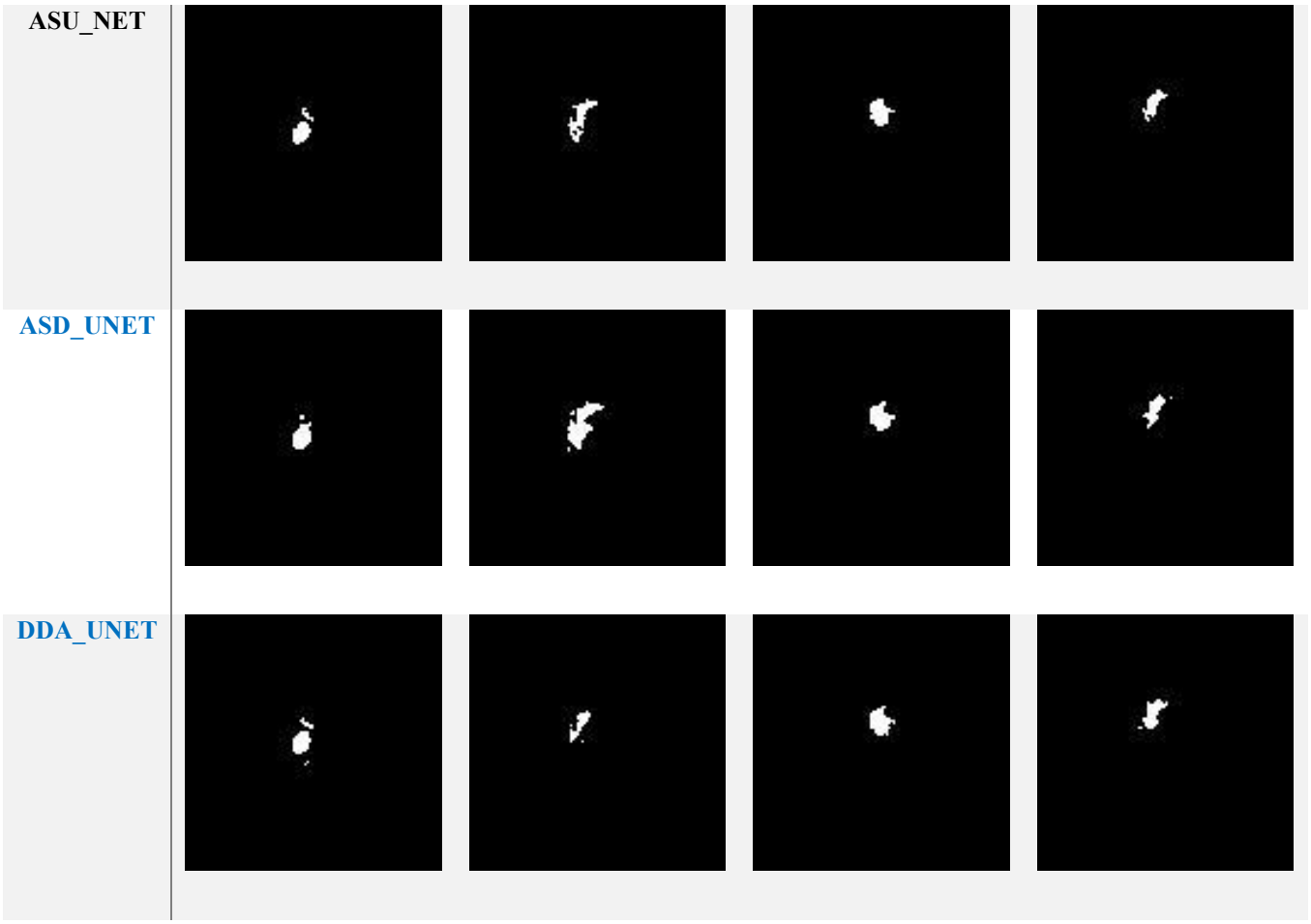
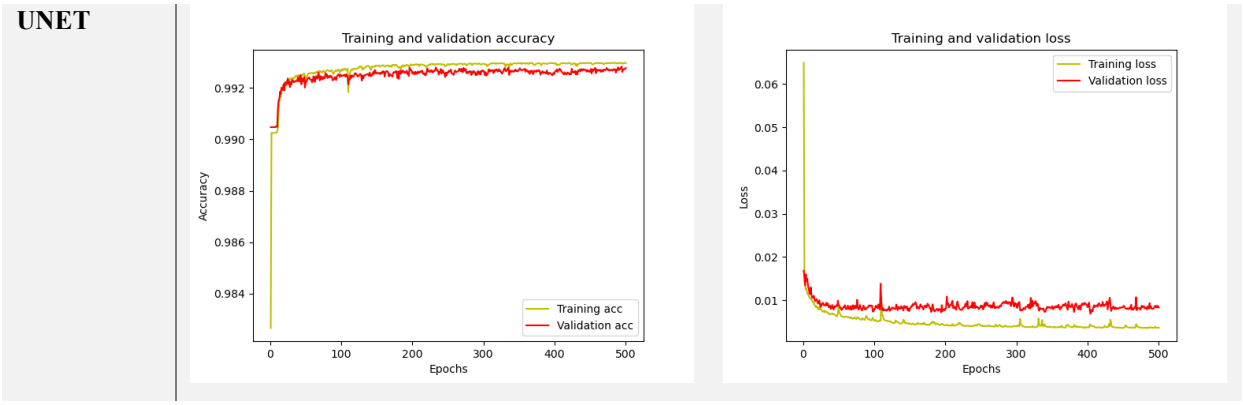


Figure 6. 12: Comparaison qualitative entre les modèles, affichant les résultats de segmentation pour les images du tumeurs hépatiques avec des images CT complète avec de la base de données ACC-BATNA2022.

La figure 6.13 montre les courbes de perte d'apprentissage et de tests. À partir de cette figure, nous pouvons voir que la valeur de perte des modèles proposés est plus lisse et converge plus rapidement que les autres modèles.



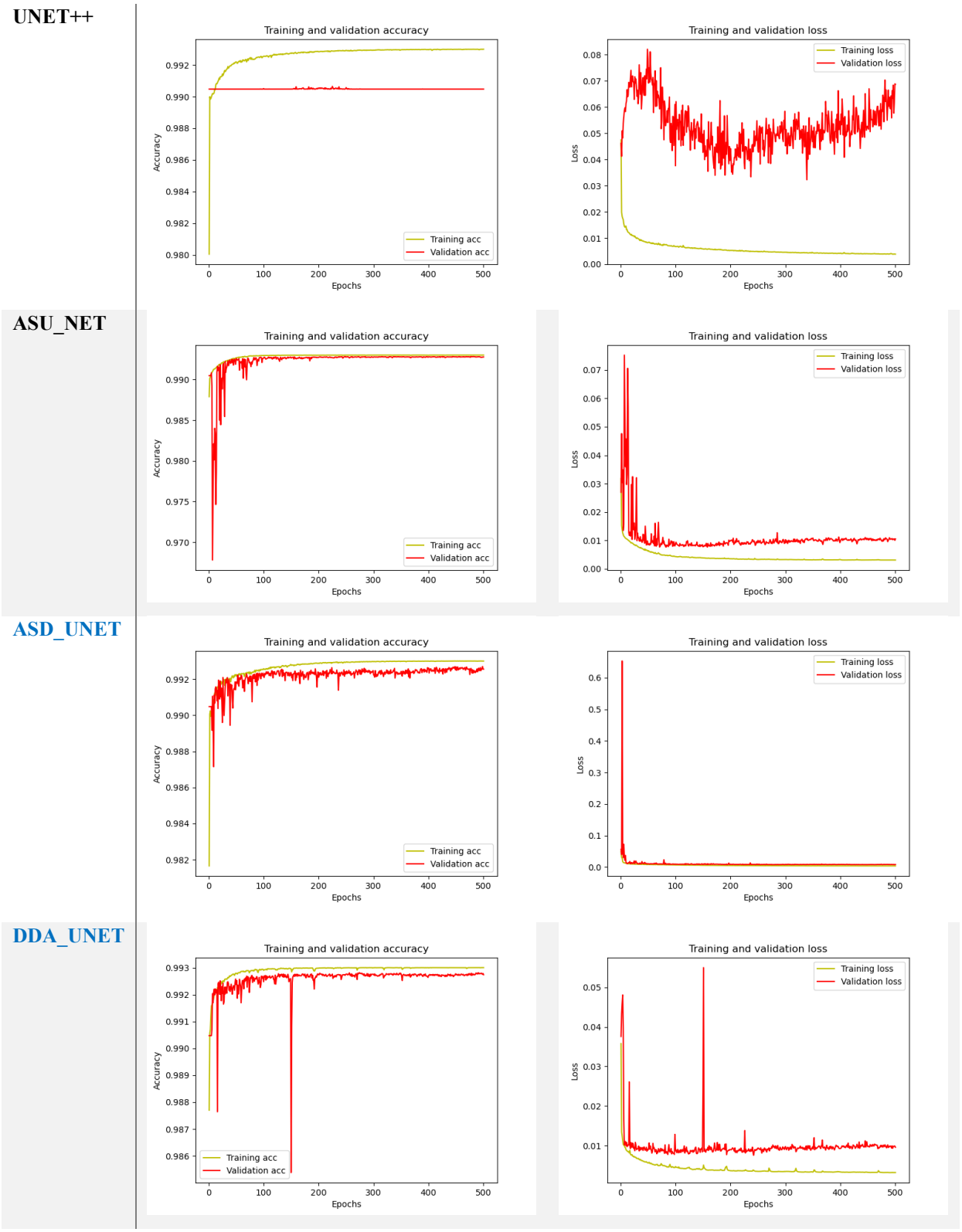


Figure 6. 13: Graphique de perte et de précision pour les données d'entraînement et de validation pour les images du tumeurs hépatiques avec des images CT complète avec de la base de données ACC-BATNA2022 (a) Précision (b) Perte.

De la même manière, nous présentons les résultats de nos expériences concernant la segmentation des tumeurs du foie par tomodensitométrie pour les images de tumeur hépatique, en englobant à la fois les dimensions qualitatives et quantitatives. Ces résultats sont présentés succinctement dans le tableau 6.4 et illustrés par la figure 6.14. Le tableau 6.4 met en évidence les améliorations substantielles des performances de nos modèles par rapport à l'architecture UNET originale. En particulier, une diminution remarquable de 0.94%, 6.77% du coefficient de Dice, respectivement. Une diminution significative de 1,16%, 7.28% de l'IoU et une augmentation de 0,84%, 3,95% du l'MSE, respectivement. En outre, par rapport à ASU-Net++, nos modèles présentent des améliorations significatives, avec un coefficient de Dice supérieur de 0,33%,6,16%, une diminution de 0,36%, 6,59% de l'IoU respectivement, et une réduction notable de 1,96%, 1,15% de l'MSE, respectivement. En outre, nos modèles apportent des améliorations significatives par rapport à U-Net++, notamment une augmentation de 63,75%, 57,92% du coefficient de Dice, respectivement, une légère amélioration de 48,15%, 31,73% de l'IoU et une diminution de 36,31%, 33,2% de la MSE, respectivement. La performance de nos modèles dans l'amélioration de la précision de la segmentation des tumeurs du foie est prouvée par ces résultats. Afin de mieux appréhender les conclusions de la segmentation, nous présentons un exemple illustré à la figure 6.14. Cet exemple montre les performances de nos modèles dans des situations réelles.

	IOU	DICE	MSE	Précision
UNET	0.5031	0.6694	0.1566	99.27 %
UNET++	0.0113	0.0225	0.5281	99.05 %
ASU_NET	0.4962	0.6633	0.1846	99.2640 %
ASD_UNET	0.4303	0.6017	0.1961	99.2670 %
DDA_UNET	0.4926	0.6600	0.1650	99.2692 %

Tableau 6. 4: Résultats de la segmentation du tumeurs hépatiques avec des images du foie segmenté par différentes architectures avec de la base de données ACC-BATNA2022

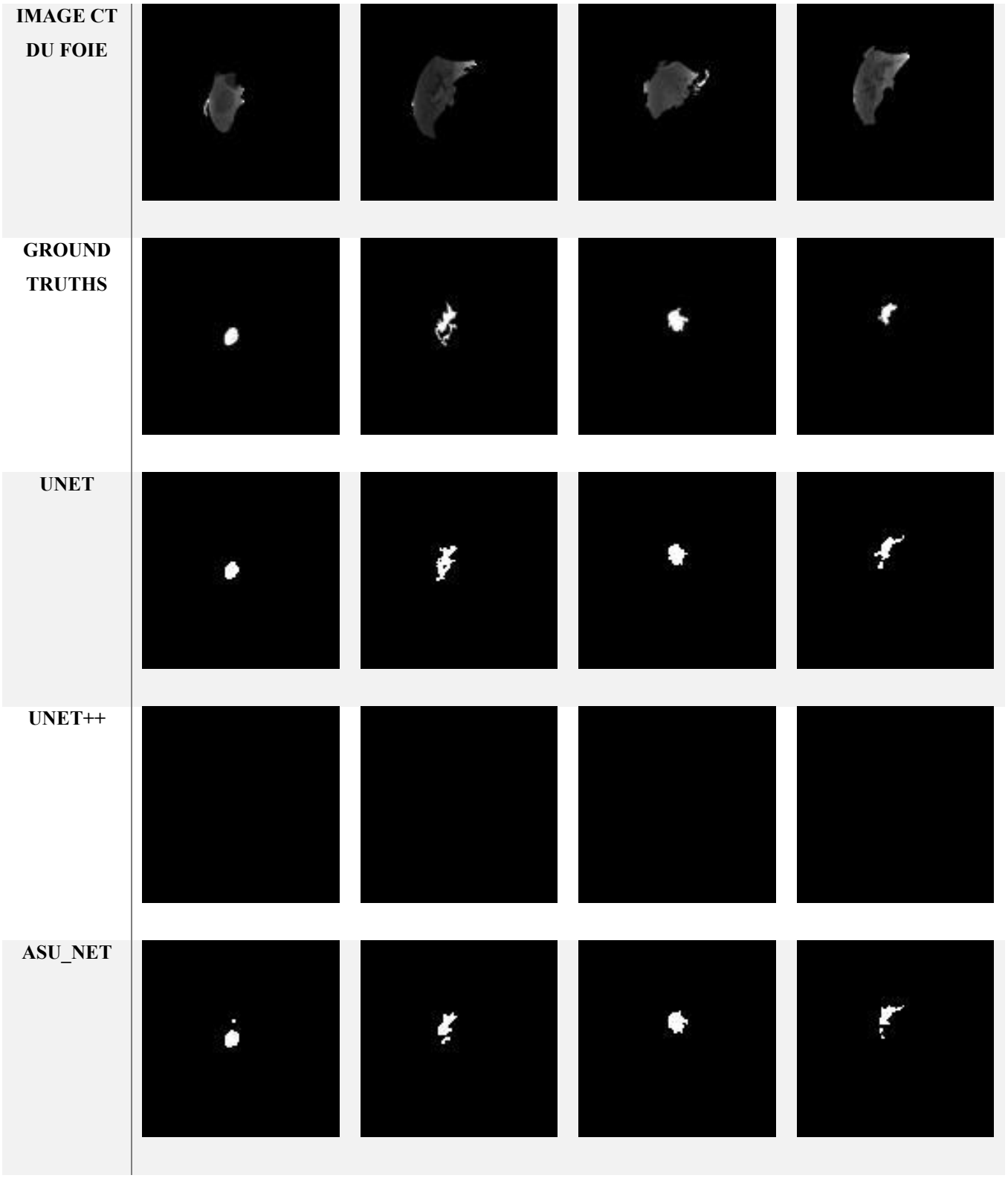
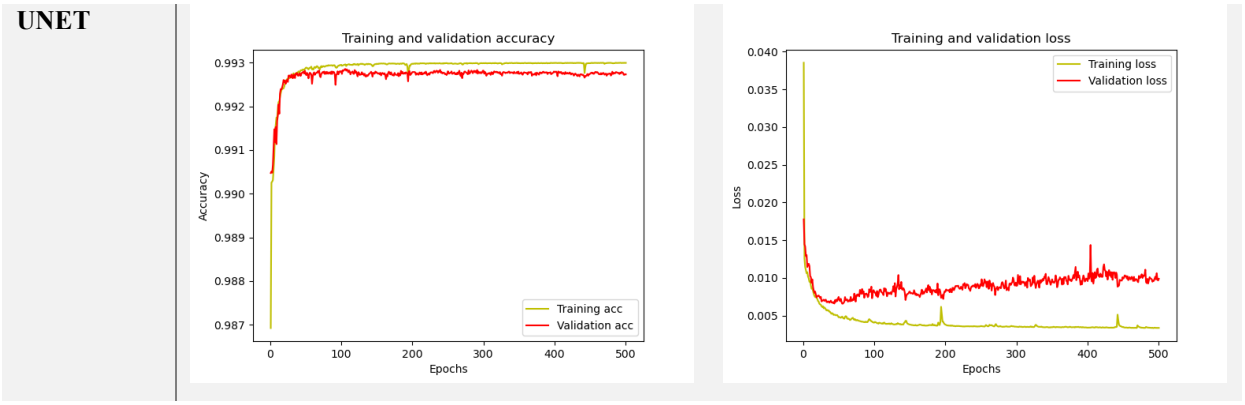

IMAGE CT DU FOIE
GROUND TRUTHS
UNET
UNET++
ASU_NET



Figure 6. 14: Comparaison qualitative entre les modèles, affichant les résultats de segmentation pour les images du tumeurs hépatiques avec des images du foie segmenté avec la base de données ACC-BATNA2022.

La figure 6.15 montre les courbes de perte de l'entraînement et du test. Cette figure montre que la valeur de perte des modèles proposés est plus lisse et converge plus rapidement que les autres modèles.



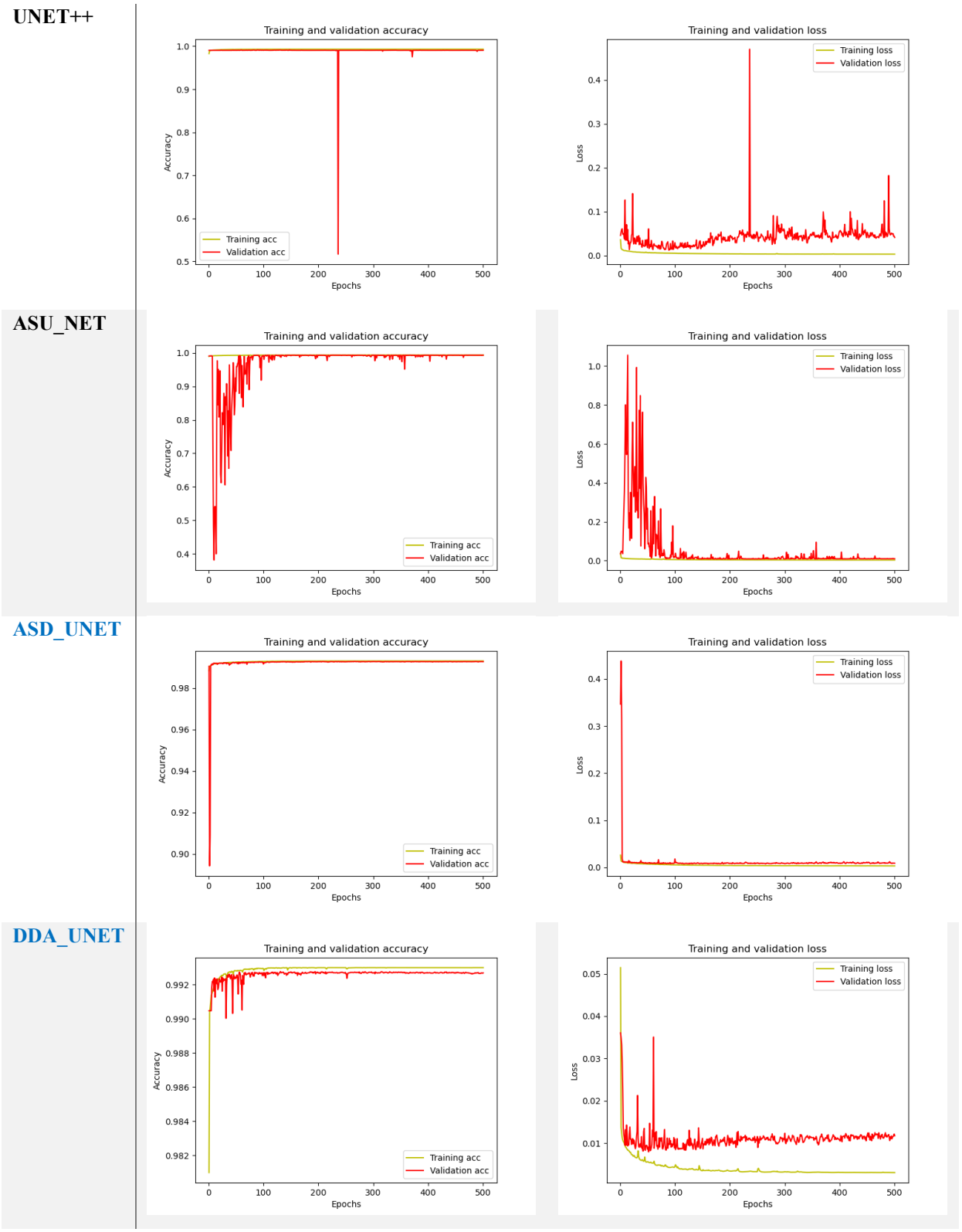


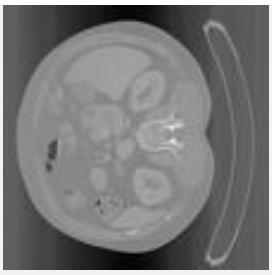
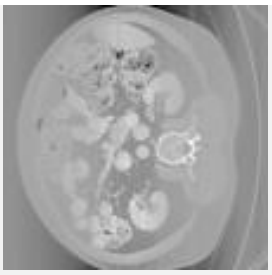
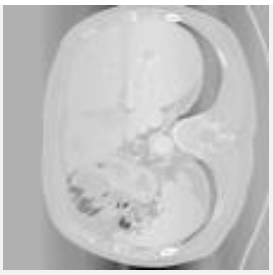
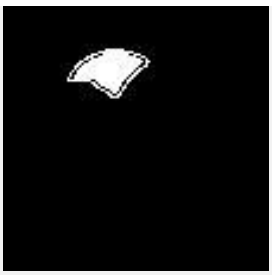
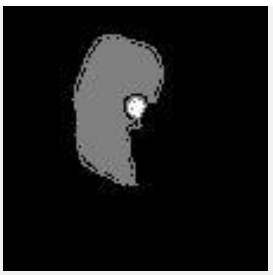
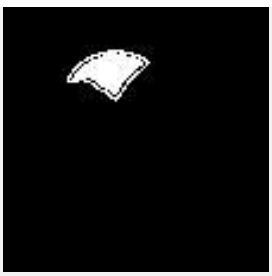
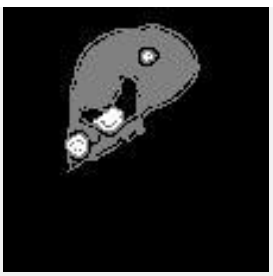
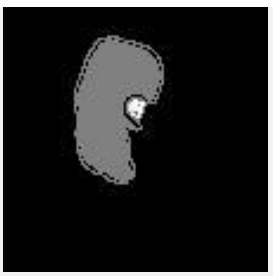
Figure 6. 15: Graphique de perte et de précision pour les données d'entraînement et de validation pour les images du tumeurs hépatiques avec des images du foie segmenté avec la base de données ACC-BATNA2022 (a) Précision (b) Perte.

6.5.2 Résultats de la segmentation du foie et des tumeurs hépatiques de la base de données LITS 2017

Les résultats qualitatifs des segmentations de tumeurs hépatiques par tomodensitométrie pour l'ensemble de données LITS2017 sont présentés dans le tableau 6.5. Ce tableau présente une analyse exhaustive des modèles concernant les critères de segmentation des tumeurs du foie. Il convient de noter que les modèles que nous proposons sont performants en comparaison avec d'autres modèles pour différentes mesures, avec des résultats légèrement plus favorables. Lorsque nous le comparons à l'architecture fondamentale UNET, nos modèles DDA_UNET et ASD_UNET présentent des améliorations substantielles, notamment une réduction impressionnante de 0,32%, et augmentation de 0.45% du coefficient de Dice, respectivement. Une diminution significative de 0,41%, et une augmentation de 0,58% de l'intersection sur l'union (IoU), respectivement et une augmentation remarquable de 0,01%, 0,02% de l'erreur quadratique moyenne (MSE). De même, comparé à la structure ASU-Net++ de base, nos modèles présentent des améliorations substantielles, avec une réduction impressionnante de 0,08%, et une augmentation de 0,69% du coefficient de Dice, respectivement et une réduction substantielle de 0,11 %, et une augmentation de 0,88% de l'IoU et une régularité remarquable de l'erreur quadratique moyenne (MSE). Enfin, nos modèles présentent des améliorations notables par rapport à U-Net++, notamment une augmentation de 6,61%, 7,38% du coefficient de Dice, une augmentation importante de 8,11%, 9,1% de l'IoU et une réduction significative de 2,66%, 2,65% de l'MSE. Pour mieux comprendre les résultats de la segmentation, nous présentons des échantillons visuels à la figure 6.16, qui illustrent efficacement les performances de nos modèles dans des applications pratiques.

	IOU	DICE	MSE	Précision	Moyenne IOU
UNET	0.6112	0.7587	0,0108	99.4144 %	0,8847
UNET++	0,5260	0,6894	0,0375	97,1883 %	0,5450
ASU_NET	0.6082	0,7563	0.0109	99.5215 %	0,9055
ASD_UNET	0.6170	0.7632	0,0110	99.4492 %	0,8576
DDA_UNET	0.6071	0.7555	0.0109	99,4412 %	0,8882

Tableau 6. 5: Résultats de la segmentation du foie et tumeurs hépatiques par différentes architectures avec la base de données Lits2017

IMAGE CT DU FOIE				
GROUND TRUTHS				
UNET				
UNET++				
ASU_NET				

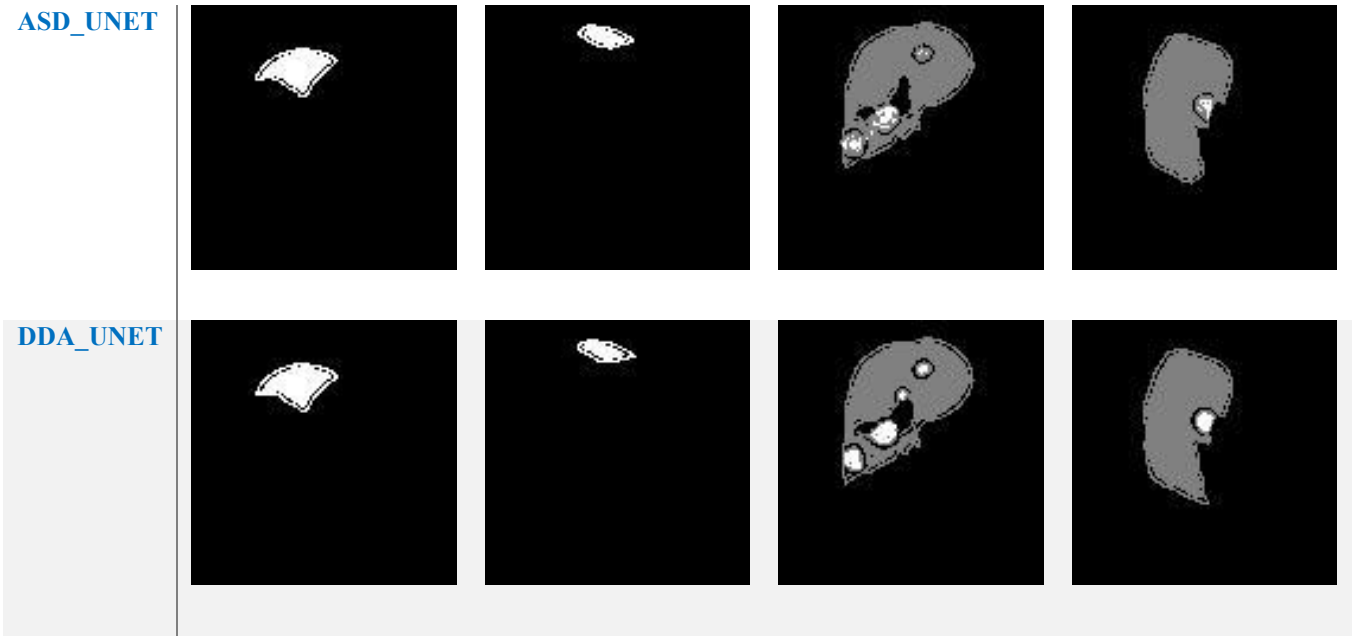
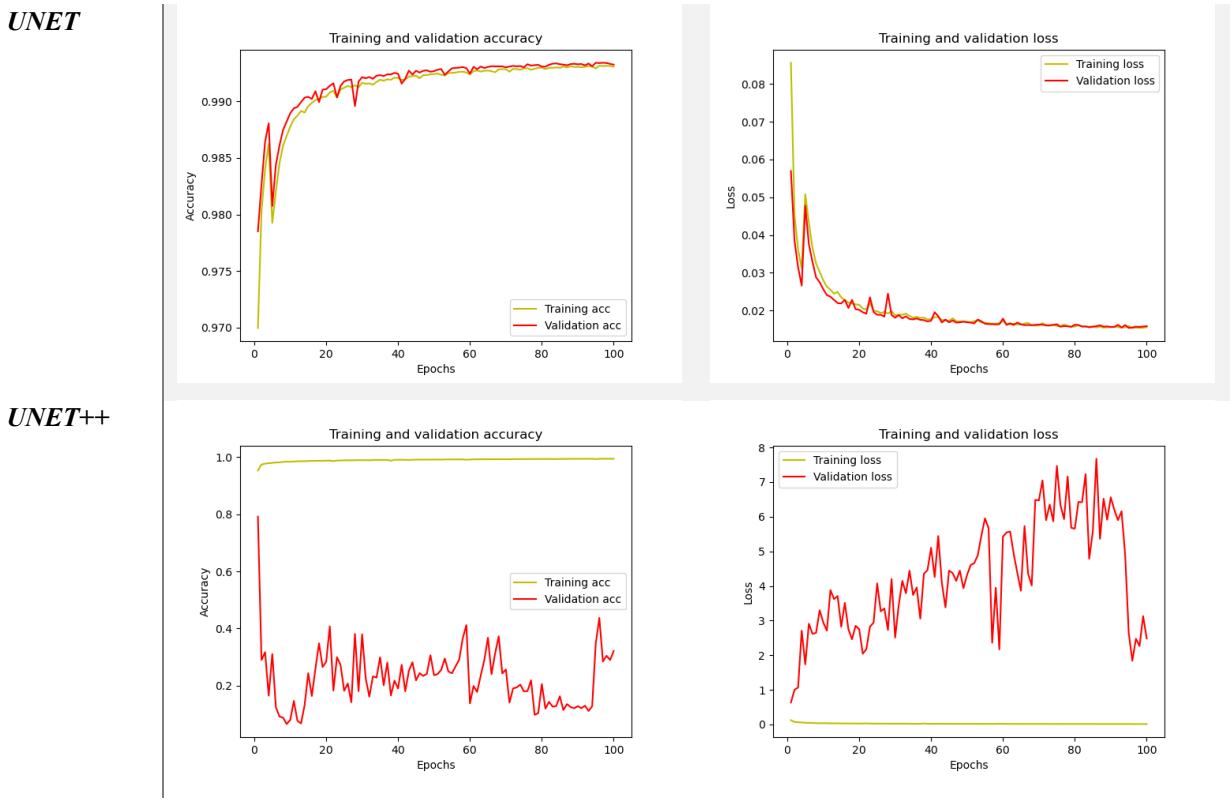


Figure 6. 16: Comparaison qualitative entre les modèles, affichant les résultats de segmentation du foie et des tumeurs hépatiques avec la base de données LITS2017.

La figure 6.17 illustre les courbes de perte d'entraînement et de test. Cette représentation visuelle indique clairement que les modèles que nous proposons présentent une courbe de perte plus lisse et convergent plus rapidement que les autres modèles.



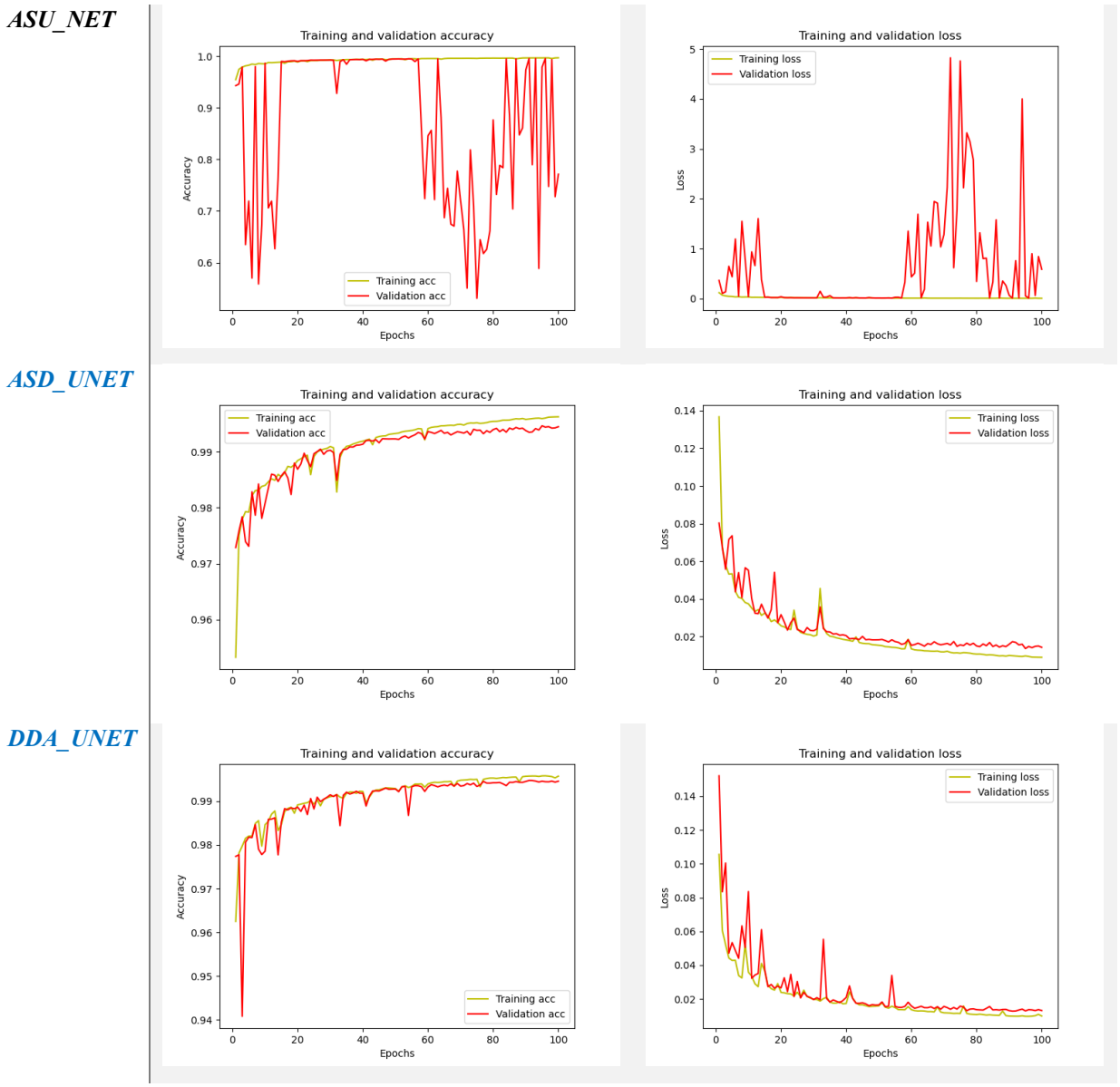


Figure 6. 17: Graphique de perte et de précision pour les données d'entraînement et de validation pour la segmentation du foie et des tumeurs hépatiques avec la base de données LITS2017 (a) Précision (b) Perte.

6.6 Discussion

Le patient peut souffrir d'un diagnostic erroné et les examens radiologiques sont souvent un élément crucial du diagnostic final du patient. Cependant, il existe une grande marge d'erreur et de diversité dans la manière dont ces examens sont interprétés. Trois catégories d'erreurs différentes, à savoir les problèmes de détection, d'interprétation, de communication, de perception et de localisation, peuvent survenir lors de l'analyse d'un examen radiologique.

Lorsqu'une anomalie potentiellement significative n'est pas détectée parce qu'elle se trouve au-delà de la région d'intérêt de l'image ou de la série d'images, on parle d'erreur de localisation

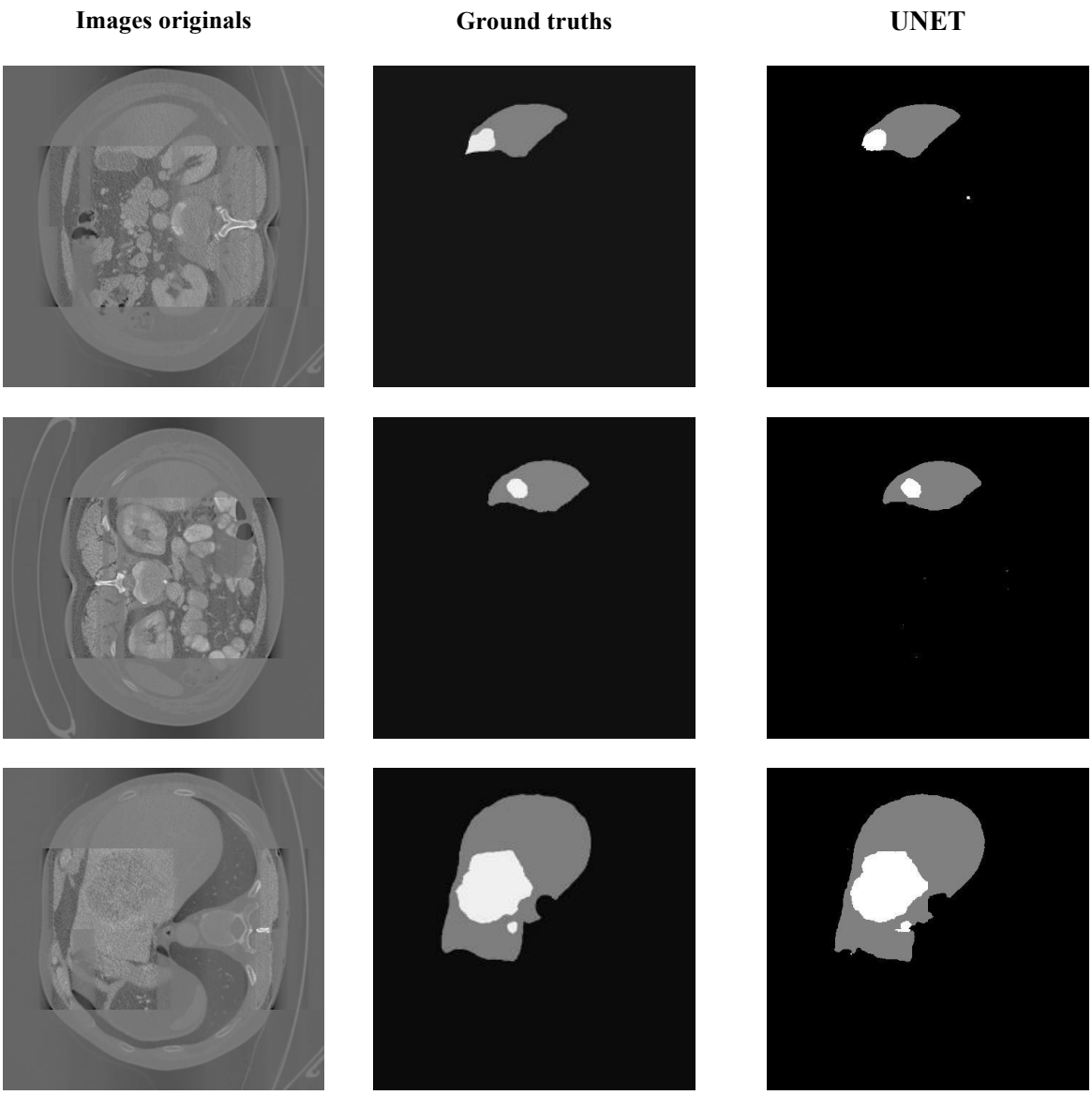
L'une des erreurs de localisation est la cécité d'inattention, qui se produit lorsque l'observateur manque un stimulus inattendu mais clairement apparent parce que son attention est préoccupée par une autre tâche visuelle. L'apprentissage profond a été largement utilisé dans le diagnostic médical pour réduire ces erreurs, en particulier l'identification erronée des cancers, surtout les plus petits. C'est pourquoi de nombreuses recherches et études nous ont aidés à cet égard.

Dans cette étude, nous avons segmenté le foie et la tumeur en utilisant les nouveaux modèles DDA_UNET, ASD_UNET. Nous examinons les modèle proposés, DDA_UNET, ASD_UNET, sur la base des résultats de l'expérience. Nous avons utilisé les bases de données ACC-BATNA2022, LITS2017 et constaté que nos modèles répondent en partie à toutes les exigences de la segmentation d'images médicales.

Nous démontrons également que nous avons dû réduire les images à 112*112 pour les adapter à notre matériel Kaggle GPU100 et que nous avons utilisé batch_size=2, epochs=100 avec la base de données LITS2017, et l'HPC d'université de Batna 2 et que nous avons utilisé batch_size=2, epochs=500avec la base de données ACC-BATNA2022 et l'optimiseur Adam. Nous avons essayé d'utiliser une autre méthode au lieu de réduire les images afin de préserver les caractéristiques particulières de chaque image et d'améliorer le résultat de la segmentation. Cette méthode est appelée patches en utilisant le package patchify, et elle consiste à diviser chaque image en un groupe de petites images. Par exemple, dans notre étude, nous avons divisé chaque image en 16 petites images avec leurs masques.

Nous avons utilisé cette méthode pour préserver les propriétés des images originales, donc nous avons divisé chaque image en 16 petites images, donc au lieu d'avoir 1000 vignettes, nous en aurons 16000 d'une taille de 112 * 112, mais notre mémoire graphique GPU ne peut pas accueillir ce nombre d'images, donc nous allons réduire le nombre total pour les images originales, dans certains modèles prendre deux groupes, c'est-à-dire deux personnes seulement, sur 129 personnes, mais le résultat n'était pas satisfaisant en raison du manque d'informations et de caractéristiques disponibles, par exemple, le modèle UNET est le seul qui nous a donné un résultat légèrement acceptable en principe parce que nous avons utilisé trois groupes, c'est-

à-dire trois personnes, et nous avons remarqué que si nous utilisions plus de trois personnes, par exemple 10 personnes, c'est-à-dire 10 groupes, le résultat serait plus que merveilleux et meilleur que le résultat de la méthode de minimisation des images dont nous avons vu les résultats précédemment, Et nous avons obtenu une précision de 99,31% , Moyenne IOU de 0,9272%, Score IOU de 0,8979%, Score DICE de 0,9462%, MSE de 0,0063. Nous allons donner un exemple de ces résultats en utilisant le modèle UNET, comme dans la figure 6.18 :



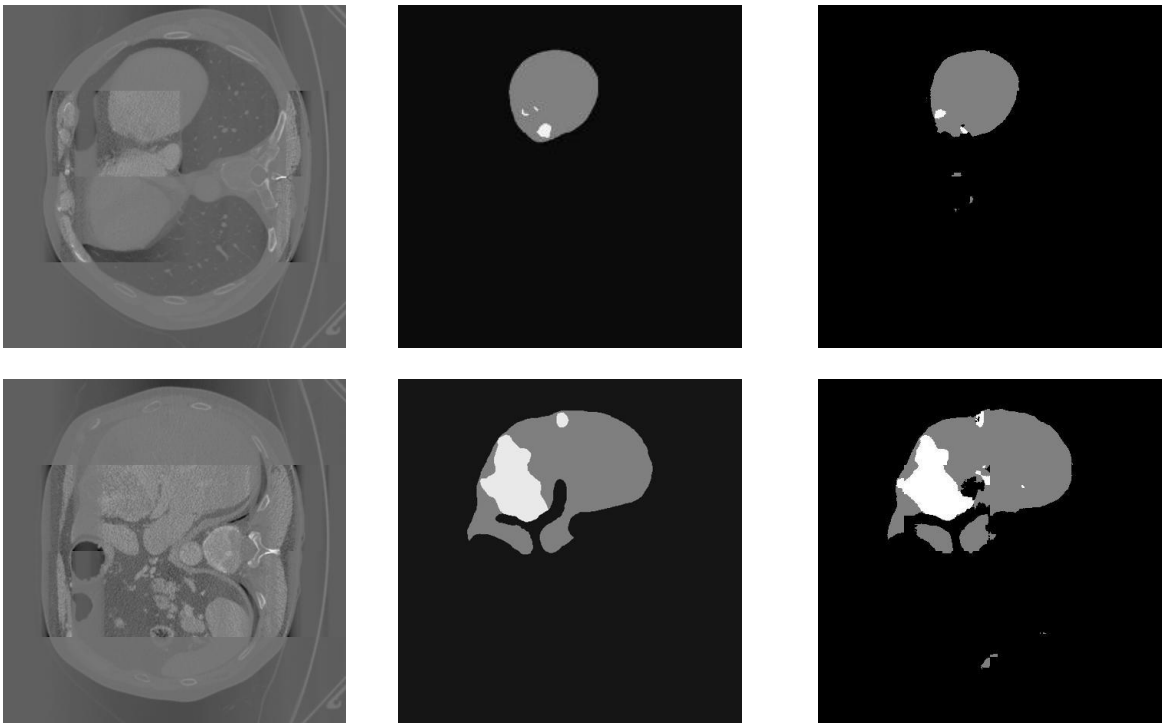


Figure 6. 18: Les masques représentent la segmentation anticipée du modèle UNET, Ground truths et l'image originale sur la base de données LITS2017.

Accuracy Loss

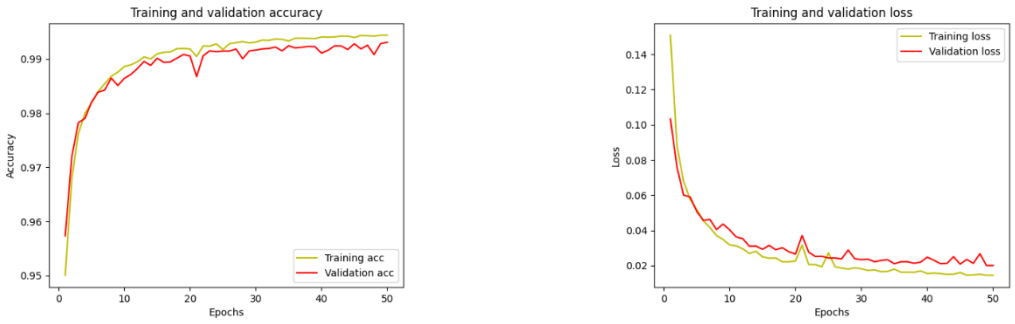


Figure 6. 19: Courbe d'apprentissage UNET utilisant l'optimiseur Adam et la base de données LITS 2017, avec l'utilisation des patchs (112, 112), step=112. La ligne jaune représente la précision/perte d'entraînement, tandis que la ligne rouge représente la précision/perte de validation.

La seule chose qui nous intéresse avec ce modèle est d'obtenir la segmentation la plus précise possible du foie et des tumeurs hépatocellulaires afin d'aider les cliniciens et les spécialistes dans ce domaine à l'avenir.

6.7 Conclusion

Dans cette étude, nous avons développé efficacement une méthode particulière pour la segmentation du foie et des tumeurs. Nos nouvelles méthodes intègrent de manière transparente DenseNet, ASPP (Atrous Spatial Pyramid Pooling) et U-Net++, dans le but d'améliorer l'extraction. Nous y sommes parvenus en remplaçant les couches d'encodage conventionnelles par un DenseNet modifié. Ce changement a permis à nos modèles de capturer des informations plus fines et plus nombreuses dans les données d'entrée, un aspect crucial pour les tâches nécessitant la meilleure précision possible en matière de segmentation.

L'intégration de DenseNet a en outre permis au modèle U-net++ d'exceller dans la capture des détails les plus infimes, une fonctionnalité d'une importance capitale pour les tâches de segmentation compliquées ou particulièrement spécifiques, où la délimitation unique des frontières de l'objet et la capture des caractéristiques diffuses sont essentielles pour obtenir des résultats précis.

Nos modèles ont fait l'objet d'une validation approfondie sur des bases de données de référence, telles que la base de données ACC-BATNA2022 collectée auprès du Centre Anti-Cancer de Batna, en Algérie, et la base de données LiTS17. La supériorité des modèles proposés pour la segmentation du foie dans les images de tomodensitométrie est simplement confirmée par les résultats. Les modèles DDA_UNET et ASD_UNET ont obtenu des taux de précision exceptionnels de 97,418 % et 97,39 % respectivement pour la segmentation du foie, et de 99.25 %, 99.273 % et 99.2670 %, 99.2692 % respectivement pour la segmentation des tumeurs du foie de l'image complète et segmentée, respectivement. Nos versions ont également obtenu des résultats remarquables en ce qui concerne la segmentation des tumeurs hépatiques, avec une précision de nos modèles de 0,8576 et 0,8882% pour la base de données LITS-17. Ces résultats mettent en évidence la solidité et la capacité de nos méthodes, qui se révèlent prometteuses pour améliorer considérablement l'analyse et le diagnostic des images médicales.

Conclusion générale& Perspective

Conclusion générale & Perspective

1. Généralités sur la thèse

La recherche menée dans le cadre de cette thèse vise principalement à présenter quelques méthodes originales permettant de repérer les lésions cancéreuses dans les tomodensitogrammes du foie. Dans notre étude sur la détection et la segmentation des lésions cancéreuses, on a utilisé différentes méthodes pour repérer et segmenter les tumeurs hépatiques, qui peuvent être utilisés pour la diagnostic précoce des maladies. Nous avons développé certaines méthodes automatisées et améliorées pour la détection des tumeurs cancéreuses à l'aide d'images de tomodensitométrie, qui ont été illustrées du chapitre 2 au chapitre 6. L'objectif final de ce travail de recherche est de mettre au point une technique automatique basée sur le diagnostic assisté par ordinateur pour la détection du cancer du foie dans les données de tomodensitométrie.

Des techniques automatiques d'apprentissage profond et l'apprentissage machine ont été développées et testées sur un grand nombre de données et les résultats ont été évalués et analysés. Le travail présenté dans cette thèse a été utilisé de manière significative dans l'analyse d'images médicales pour le diagnostic du cancer du foie à des fins cliniques et de recherche. Dans ce chapitre, les techniques présentées sont passées en revue, leurs limites et les perspectives d'avenir sont proposées.

2. Conclusion

De nos jours, les techniques d'apprentissage automatique sont de plus en plus utilisées dans les diagnostics médicaux. Les images de tomodensitométrie constituent un moyen efficace de détecter les lésions cancéreuses dans le foie. La méthodologie CAD proposée ici se compose de plusieurs étapes : l'acquisition des images médicales, La segmentation du foie et les tumeurs hépatiques par des algorithmes d'apprentissages automatique, la création d'une base de données, la segmentation du foie et tumeurs hépatiques par des méthodes d'apprentissages profond, l'évaluation des résultats avec nos approches. L'objectif principal de cette thèse est de développer des méthodes automatiques basées sur une approche d'apprentissage profond pour la détection précise du cancer du foie afin d'aider les radiologues dans la pratique clinique.

La thèse apporte la contribution principale à la détection automatique et à la classification des lésions cancéreuses du foie pour le diagnostic clinique dans les points suivants.

- Plusieurs méthodes de détection et de segmentation du cancer du foie ont fait l'objet d'une étude approfondie. Ces études suggèrent que le diagnostic du cancer du foie peut être amélioré en augmentant la précision de la détection à l'aide d'un processus automatisé. Il s'agit donc d'une meilleure méthodologie qui inclut différents algorithmes de segmentation et de classification.

- 112 ensembles de tomodensitogrammes du foie de 512 × 512 pixels présentant des tumeurs hépatiques a été collecte du centre anti cancer de Batna, en Algérie. Toutes les images ont été confirmées par des radiologues experts. Les images sont stockées au format DICOM (Digital Imaging and Communication in Médicine). Les fichiers DICOM ont été extraits et des programmes Python ont été développés pour convertir les images DICOM en BMP ou JPG.

- Dans un premier temps, une méthode automatisée basée sur l'algorithme GVF est présentée pour segmenter les tumeurs hépatiques à l'aide des autres algorithmes de prétraitements (GMM, Seuillage, courbe de Rayleigh…). Le résultat de cette segmentation est une base de données du foie et les tumeurs hépatiques avec leurs masques. En va classifier cette base de données en des personnes maladies ou normale avec la classifieur CNN dans le chapitre 5.

- Dans d'autres travaux, deux nouvelles approches d'apprentissage profond ont été proposée. Ils utilisent les méthodes ASPP et DenseNET avec UNET++ pour la segmentation des fois et des tumeurs hépatiques. Ils sont basés sur l'extraire des masques du foie et des tumeurs hépatiques comme le résultat de ces approches. Les modèles ont été testé sur 1019 images de cancers du foie normaux, bénins et malins. Les évaluations des résultats dans le chapitre 6.

- La discussion ci-dessus nous a permis de conclure que les approches proposées est la mieux adaptée à la détection et segmentation du cancer du foie dans les images de tomodensitométrie. Ces approches sera utile pour un diagnostic clinique précis et un processus de prise de décision pour un diagnostic précoce des tumeurs.

3. Limites et travaux futurs

Bien que les modèles proposés aient permis de détecter efficacement les tumeurs

hépatiques dans les images CT du foie, l'étude présente encore certaines limites qui peuvent être surmontées dans le cadre des travaux futurs.

Nous ne sommes pas en mesure de calculer la taille volumétrique de la lésion, ce qui peut être résolu par une structure de maillage tridimensionnelle. Nous n'avons utilisé que la modalité CT, d'autres modalités comme l'IRM, les US peuvent être étendues pour une meilleure détection des lésions. Ces résultats de nos modèles peuvent être améliorer avec meilleur matérielle d'apprentissage profond (spécifiquement le GPU).

Les travaux futurs consisteront à explorer d'autres méthodes possibles pour classifier les tumeurs hépatiques avec leurs types. L'accent sera mis sur la détection de très petites lésions et sur l'utilisation de vastes ensembles de données.

Contributions scientifiques

1. T. Amina, B. Hakim, A semantic segmentation framework for liver and liver tumour segmentation, 2025 International Journal of Innovative Computing and Applications, pp.118-133, doi: 10.1504/IJICA.2025.145036.
2. T. Amina, L. Lakhdar, B. Hakim and M. Abdallah, "Improved Active Contour Model through Automatic Initialisation: Liver Segmentation," 2021 IEEE 1st International Maghreb Meeting of the Conference on Sciences and Techniques of Automatic Control and Computer Engineering MI-STA, Tripoli, Libya, 2021, pp. 771-775, doi: 10.1109/MI-STA52233.2021.9464516.
3. T. Amina, L. Lakhdar, B. Hakim and M. Abdallah, "Convolutional Neural Networks for Segmented Liver Classification," 2021 International Conference on Recent Advances in Mathematics and Informatics (ICRAMI), Tebessa, Algeria, 2021, pp. 1-5, doi: 10.1109/ICRAMI52622.2021.9585986.

Bibliographie

[1] D. Aude, F. B, et V. G, Cancerologie Hematologie, 4e édition. in 50 Dossiers Préparation aux Epreuves. Editions Estem, 2008.

[2] P. Christophe, M. Baptiste, et J. Chantal, Nouveaux dossiers de l'infirmière Processus Tumoraux. MALOINE, 2012. [En ligne]. Disponible sur: https://www.livres-medicaux.com/semestre-5/6162-nouveaux-dossiers-de-l-infirmiere-processus-tumoraux-ue-2-9.html

[3] Das, Amita Rani. s. d. « DOCTOR OF PHILOSOPHY IN ENGINEERING ».

[4] R. B. Kahla, A. Barkaoui, et T. Merzouki, Finite Element Method and Medical Imaging Techniques in Bone Biomechanics, 1re éd. Wiley, 2019. doi: 10.1002/9781119681625.

[5] A. K. Jumaat, W. E. Z. W. A. Rahman, A. Ibrahim, et R. Mahmud, « Segmentation of Masses from Breast Ultrasound Images using Parametric Active Contour Algorithm », Procedia - Soc. Behav. Sci., vol. 8, p. 640-647, 2010, doi: 10.1016/j.sbspro.2010.12.089.

[6] N. Khalifa, A. Malek, et K. Hamrouni, « Segmentation d'images par contours actifs : Application à la détection du ventricule gauche dans les images de scintigraphie cardiaque », 31/03 2005.

[7] P.-Y. Daniau-Clavreul, V. Roullier, et C. Cavaro-Ménard, « Segmentation automatique du foie sur des IRM abdominales ».

[8] M. Dhibi, J. Puentes, L. Bressollette, B. Guias, B. Solaiman. Détection des Contours des Thrombus Veineux dans les Images Echographiques. SETIT: Sciences Electroniques, Technologies de l'Information et des Télécommunications, Mar 2005, Sousse, Tunisie.

[9] M. Menard, V. Courboulay, et C. Cavaro-Ménard, « 196 PUBLICATIONS 2,665 CITATIONS SEE PROFILE ».

[10] C. Zimmer, E. Labruyere, V. Meas-Yedid, N. Guillen, et J. Olivo-Marin, « Segmentation and tracking of migrating cells in videomicroscopy with parametric active contours: a tool for cell-based drug testing », IEEE Trans. Med. Imaging, vol. 21, no 10, p. 1212-1221, oct. 2002, doi: 10.1109/TMI.2002.806292.

[11] Fekir, A., Benamrane, N., & Taleb-Ahmed, A. (2009). Détection et Suivi d'Objets dans une Séquence d'Images par Contours Actifs. In CIIA.

[12] Li, T., Krupa, A., & Collewet, C. (2011). Un contour actif robuste basé sur les descripteurs de Fourier. In ORASIS-Congrès des jeunes chercheurs en vision par ordinateur.

[13] D. Smeets, D. Loeckx, B. Stijnen, B. D. Dobbelaer, D. Vandermeulen, et P. Suetens, « Semi-automatic level set segmentation of liver tumors combining a spiral-scanning technique with supervised fuzzy pixel classification », Med. Image Anal., vol. 14, no 1, p. 13-20, 2010, doi: https://doi.org/10.1016/j.media.2009.09.002.

[14] B. N. Li, C. K. Chui, S. Chang, et S. H. Ong, « A new unified level set method for semi-automatic liver tumor segmentation on contrast-enhanced CT images », Expert Syst. Appl., vol. 39, no 10, p. 9661-9668, août 2012, doi: 10.1016/j.eswa.2012.02.095.

[15] O. Ozturk, B. Saritürk, et D. Z. Seker, « Comparison of Fully Convolutional Networks (FCN) and U-Net for Road Segmentation from High Resolution Imageries », Int. J. Environ. Geoinformatics, vol. 7, no 3, p. 272-279, sept. 2020, doi: 10.30897/ijegeo.737993.

[16] O. Ronneberger, P. Fischer, et T. Brox, « U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation », 18 mai 2015, arXiv: arXiv:1505.04597. Consulté le: 1 novembre 2022. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1505.04597

[17] J. Long, E. Shelhamer, et T. Darrell, « Fully convolutional networks for semantic segmentation », in 2015 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), Boston, MA, USA: IEEE, juin 2015, p. 3431-3440. doi: 10.1109/CVPR.2015.7298965.

[18] Liu, W. (2015). Parsenet: Looking wider to see better. arXiv preprint arXiv:1506.04579.

[19] V. Badrinarayanan, A. Kendall, et R. Cipolla, « SegNet: A Deep Convolutional Encoder-Decoder Architecture for Image Segmentation », IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell., vol. 39, no 12, p. 2481-2495, déc. 2017, doi: 10.1109/TPAMI.2016.2644615.

[20] G. Wang, W. Li, S. Ourselin, et T. Vercauteren, « Automatic Brain Tumor Segmentation using Cascaded Anisotropic Convolutional Neural Networks », vol. 10670, 2018, p. 178-190. doi: 10.1007/978-3-319-75238-9_16.

[21] A. G. Howard et al., « MobileNets: Efficient Convolutional Neural Networks for Mobile Vision Applications », 16 avril 2017, arXiv: arXiv:1704.04861. Consulté le: 15 novembre 2022. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1704.04861

[22] D. Cheng, R. Liao, S. Fidler, et R. Urtasun, « DARNet: Deep Active Ray Network for Building Segmentation », in 2019 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), Long Beach, CA, USA: IEEE, juin 2019, p. 7423-7431. doi: 10.1109/CVPR.2019.00761.

[23] S. Minaee, Y. Boykov, F. Porikli, A. Plaza, N. Kehtarnavaz, et D. Terzopoulos, « Image Segmentation Using Deep Learning: A Survey », 14 novembre 2020, arXiv: arXiv:2001.05566. Consulté le: 15 novembre 2022. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/2001.05566

[24] O. Oktay et al., « Attention U-Net: Learning Where to Look for the Pancreas », 20 mai 2018, arXiv: arXiv:1804.03999. Consulté le: 1 novembre 2022. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1804.03999

[25] X. Qin, Z. Zhang, C. Huang, M. Dehghan, O. R. Zaiane, et M. Jagersand, « U^2-Net: Going Deeper with Nested U-Structure for Salient Object Detection », Pattern Recognit., vol. 106, p. 107404, oct. 2020, doi: 10.1016/j.patcog.2020.107404.

[26] R. Jean-Jacques, « Les contours actifs, une méthode de segmentation. Application à l'imagerie médicale », Thèse de doctorat, Université de François Rabelais de Tours, 2003.

[27] M. Kass, A. Witkin, et D. Terzopoulos, « Snakes: Active contour models », Int. J. Comput. Vis., vol. 1, no 4, p. 321-331, janv. 1988, doi: 10.1007/BF00133570.

[28] A. A. Amini, T. E. Weymouth, et R. C. Jain, « Using dynamic programming for solving variational problems in vision », IEEE Trans. Pattern Anal. Mach. Intell., vol. 12, no 9, p. 855-867, sept. 1990, doi: 10.1109/34.57681.

[29] Williams, D. J., & Shah, M. (1992). A fast algorithm for active contours and curvature estimation. CVGIP: Image understanding, 55(1), 14-26.

[30] Lam, K. M., & Yan, H. (1994). Fast greedy algorithm for active contours. Electronics Letters, 30(1), 21-23.

[31] A. Vannieuwenhuyze, Intelligence artificielle vulgarisée - Le Machine Learning et le Deep Learning par la pratique, Eni Editions. in Ressources Informatiques. 2019. [En ligne]. Disponible sur: https://www.fnac.com/a13707166/Aurelien-Vannieuwenhuyze-Intelligence-artificielle-vulgarisee

[32] Z. Hu, J. Tang, Z. Wang, K. Zhang, L. Zhang, et Q. Sun, « Deep learning for image-based cancer detection and diagnosis − A survey », Pattern Recognit., vol. 83, p. 134-149, nov. 2018, doi: 10.1016/j.patcog.2018.05.014.

[33] Z. Alom, T. M. Taha, et V. K. Asari, « Recurrent Residual Convolutional Neural Network based on U-Net (R2U-Net) for Medical Image Segmentation », p. 12.

[34] Z. Zhou, M. M. Rahman Siddiquee, N. Tajbakhsh, et J. Liang, « UNet++: A Nested U-Net Architecture for Medical Image Segmentation », in Deep Learning in Medical Image Analysis and Multimodal Learning for Clinical Decision Support, vol. 11045, D. Stoyanov, Z. Taylor, G. Carneiro, T. Syeda-Mahmood, A. Martel, L. Maier-Hein, J. M. R. S. Tavares, A. Bradley, J. P. Papa, V. Belagiannis, J. C. Nascimento, Z. Lu, S. Conjeti, M. Moradi, H. Greenspan, et A. Madabhushi, Éd., in Lecture Notes in Computer Science, vol. 11045. , Cham: Springer International Publishing, 2018, p. 3-11. doi: 10.1007/978-3-030-00889-5_1.

[35] Q. Gao et M. Almekkawy, « ASU-Net++: A nested U-Net with adaptive feature extractions for liver tumor segmentation », Comput. Biol. Med., vol. 136, p. 104688, sept. 2021, doi: 10.1016/j.compbiomed.2021.104688.

[36] Chenyang Xu et J. L. Prince, « Gradient vector flow: a new external force for snakes », in Proceedings of IEEE Computer Society Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, San Juan, Puerto Rico: IEEE Comput. Soc, 1997, p. 66-71. doi: 10.1109/CVPR.1997.609299.

[37] Buduma, N., Buduma, N., & Papa, J. (2022). Fundamentals of deep learning. " O'Reilly Media, Inc.".

[38] Bernard, W. S., & Christopher, P. W. (2020). World cancer report 2020. World Health Organization.

[39] M. Moghbel, S. Mashohor, R. Mahmud, et M. I. B. Saripan, « Review of liver

segmentation and computer assisted detection/diagnosis methods in computed tomography », Artif. Intell. Rev., vol. 50, no 4, p. 497-537, déc. 2018, doi: 10.1007/s10462-017-9550-x.

[40] H. D. Cheng, X. J. Shi, R. Min, L. M. Hu, X. P. Cai, et H. N. Du, « Approaches for automated detection and classification of masses in mammograms », Pattern Recognit., vol. 39, no 4, p. 646-668, avr. 2006, doi: 10.1016/j.patcog.2005.07.006.

[41] S. L. S. Abdullah, H. Hambali, et N. Jamil, « Segmentation of Natural Images Using an Improved Thresholding-Based Technique », Procedia Engineering, vol. 41, p. 938-944, 2012, doi: 10.1016/j.proeng.2012.07.266.

[42] K. Abiko, K. Uruma, M. Sugawara, S. Hangai, et T. Hamamoto, « Image Segmentation Based Graph-Cut Approach to Fast Color Image Coding via Graph Fourier Transform », in 2019 IEEE Visual Communications and Image Processing (VCIP), Sydney, Australia: IEEE, déc. 2019, p. 1-4. doi: 10.1109/VCIP47243.2019.8966021.

[43] Md. F. Ahamed et al., « A review on brain tumor segmentation based on deep learning methods with federated learning techniques », Computerized Medical Imaging and Graphics, vol. 110, p. 102313, déc. 2023, doi: 10.1016/j.compmedimag.2023.102313.

[44] W. Al-Faqheri, F. Ibrahim, T. Hwai Gilbert Thio, K. Joseph, M. S. Mohktar, et M. Madou, « Liquid density effect on burst frequency in centrifugal microfluidic platforms », in 2015 37th Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC), Milan: IEEE, août 2015, p. 3221-3224. doi: 10.1109/EMBC.2015.7319078.

[45] F. M. Alshagathrh et M. S. Househ, « Artificial Intelligence for Detecting and Quantifying Fatty Liver in Ultrasound Images: A Systematic Review », Bioengineering, vol. 9, no 12, p. 748, déc. 2022, doi: 10.3390/bioengineering9120748.

[46] G. M. H. Amer et A. M. Abushaala, « Edge detection methods », in 2015 2nd World Symposium on Web Applications and Networking (WSWAN), Sousse, Tunisia: IEEE, mars 2015, p. 1-7. doi: 10.1109/WSWAN.2015.7210349.

[47] T. Amina, L. Lakhdar, B. Hakim, et M. Abdallah, « Improved Active Contour Model through Automatic Initialisation : Liver Segmentation », in 2021 IEEE 1st International Maghreb Meeting of the Conference on Sciences and Techniques of Automatic Control and

Computer Engineering MI-STA, Tripoli, Libya: IEEE, mai 2021, p. 771-775. doi: 10.1109/MI-STA52233.2021.9464516.

[48] T. Amina, L. Lakhdar, B. Hakim, et M. Abdallah, « Convolutional Neural Networks for Segmented Liver Classification », in 2021 International Conference on Recent Advances in Mathematics and Informatics (ICRAMI), Tebessa, Algeria: IEEE, sept. 2021, p. 1-5. doi: 10.1109/ICRAMI52622.2021.9585986.

[49] B. Ashreetha, M. R. Devi, U. P. Kumar, M. K. Mani, D. N. Sahu, et P. C. S. Reddy, « Soft optimization techniques for automatic liver cancer detection in abdominal liver images », ijhs, p. 10820-10831, mai 2022, doi: 10.53730/ijhs.v6nS1.7597.

[50] Z. Bai, H. Jiang, S. Li, et Y.-D. Yao, « Liver Tumor Segmentation Based on Multi-Scale Candidate Generation and Fractal Residual Network », IEEE Access, vol. 7, p. 82122-82133, 2019, doi: 10.1109/ACCESS.2019.2923218.

[51] D. Bardou, « Investigations on the Use of Deep Learning for the Classification of Lung Sounds and Breast Cancer with Comparison against Classical Machine Learning », p. 117.

[52] M. T. Bennai, Z. Guessoum, S. Mazouzi, S. Cormier, et M. Mezghiche, « A stochastic multi-agent approach for medical-image segmentation: Application to tumor segmentation in brain MR images », Artificial Intelligence in Medicine, vol. 110, p. 101980, nov. 2020, doi: 10.1016/j.artmed.2020.101980.

[53] L. Bi, J. Kim, A. Kumar, M. Fulham, et D. Feng, « Stacked fully convolutional networks with multi-channel learning: application to medical image segmentation », Vis Comput, vol. 33, no 6-8, p. 1061-1071, juin 2017, doi: 10.1007/s00371-017-1379-4.

[54] P. Bilic et al., « The Liver Tumor Segmentation Benchmark (LiTS) », Medical Image Analysis, vol. 84, p. 102680, févr. 2023, doi: 10.1016/j.media.2022.102680.

[55] Y. Boykov et G. Funka-Lea, « Graph Cuts and Efficient N-D Image Segmentation », Int J Comput Vision, vol. 70, no 2, p. 109-131, nov. 2006, doi: 10.1007/s11263-006-7934-5.

[56] F. Bray, J. Ferlay, I. Soerjomataram, R. L. Siegel, L. A. Torre, et A. Jemal, « Global cancer statistics 2018: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries », CA A Cancer J Clinicians, vol. 68, no 6, p. 394-424, nov. 2018, doi:

10.3322/caac.21492.

[57] D. Brzakovic, X. M. Luo, et P. Brzakovic, « An approach to automated detection of tumors in mammograms », IEEE Trans. Med. Imaging, vol. 9, no 3, p. 233-241, sept. 1990, doi: 10.1109/42.57760.

[58] L.-C. Chen, G. Papandreou, I. Kokkinos, K. Murphy, et A. L. Yuille, « DeepLab: Semantic Image Segmentation with Deep Convolutional Nets, Atrous Convolution, and Fully Connected CRFs », 12 mai 2017, arXiv: arXiv:1606.00915. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1606.00915

[59] Y. Chen et al., « Channel-Unet: A Spatial Channel-Wise Convolutional Neural Network for Liver and Tumors Segmentation », Front. Genet., vol. 10, p. 1110, nov. 2019, doi: 10.3389/fgene.2019.01110.

[60] G. Chlebus, A. Schenk, J. H. Moltz, B. Van Ginneken, H. K. Hahn, et H. Meine, « Automatic liver tumor segmentation in CT with fully convolutional neural networks and object-based postprocessing », Sci Rep, vol. 8, no 1, p. 15497, oct. 2018, doi: 10.1038/s41598-018-33860-7.

[61] Ö. Çiçek, A. Abdulkadir, S. S. Lienkamp, T. Brox, et O. Ronneberger, « 3D U-Net: Learning Dense Volumetric Segmentation from Sparse Annotation », 21 juin 2016, arXiv: arXiv:1606.06650. Consulté le: 1 novembre 2022. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1606.06650

[62] P. Dempster, N. M. Laird, et D. B. Rubin, « Maximum Likelihood from Incomplete Data Via the EM Algorithm », Journal of the Royal Statistical Society Series B: Statistical Methodology, vol. 39, no 1, p. 1-22, sept. 1977, doi: 10.1111/j.2517-6161.1977.tb01600.x.

[63] C. Duan et N. Xiao, « Parallax-Based Spatial and Channel Attention for Stereo Image Super-Resolution », IEEE Access, vol. 7, p. 183672-183679, 2019, doi: 10.1109/ACCESS.2019.2960561.

[64] R. O. Duda et P. E. Hart, « Use of the Hough transformation to detect lines and curves in pictures », Commun. ACM, vol. 15, no 1, p. 11-15, janv. 1972, doi: 10.1145/361237.361242.

[65] G. Gilanie, U. I. Bajwa, M. M. Waraich, et Z. Habib, « Computer aided diagnosis of

brain abnormalities using texture analysis of MRI images », Int J Imaging Syst Tech, vol. 29, no 3, p. 260-271, sept. 2019, doi: 10.1002/ima.22312.

[66] J. Goodfellow et al., « Generative Adversarial Networks », 10 juin 2014, arXiv: arXiv:1406.2661. Consulté le: 1 novembre 2022. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1406.2661

[67] Goshtasby et M. Satter, « An adaptive window mechanism for image smoothing », Computer Vision and Image Understanding, vol. 111, no 2, p. 155-169, août 2008, doi: 10.1016/j.cviu.2007.09.008.

[68] X. Han, « Automatic Liver Lesion Segmentation Using A Deep Convolutional Neural Network Method », Med. Phys., vol. 44, no 4, p. 1408-1419, avr. 2017, doi: 10.1002/mp.12155.

[69] K. He, X. Zhang, S. Ren, et J. Sun, « Delving Deep into Rectifiers: Surpassing Human-Level Performance on ImageNet Classification », 6 février 2015, arXiv: arXiv:1502.01852. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1502.01852

[70] K. He, X. Zhang, S. Ren, et J. Sun, « Deep Residual Learning for Image Recognition », in 2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), Las Vegas, NV, USA: IEEE, juin 2016, p. 770-778. doi: 10.1109/CVPR.2016.90.

[71] K. He, X. Zhang, S. Ren, et J. Sun, « Identity Mappings in Deep Residual Networks », 25 juillet 2016, arXiv: arXiv:1603.05027. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1603.05027

[72] C.-Y. Hsiao, P.-D. Chen, et K.-W. Huang, « A Prospective Assessment of the Diagnostic Value of Contrast-Enhanced Ultrasound, Dynamic Computed Tomography and Magnetic Resonance Imaging for Patients with Small Liver Tumors », JCM, vol. 8, no 9, p. 1353, sept. 2019, doi: 10.3390/jcm8091353.

[73] P. Hu, F. Wu, J. Peng, P. Liang, et D. Kong, « Automatic 3D liver segmentation based on deep learning and globally optimized surface evolution », Phys. Med. Biol., vol. 61, no 24, p. 8676-8698, déc. 2016, doi: 10.1088/1361-6560/61/24/8676.

[74] G. Huang, Z. Liu, L. Van Der Maaten, et K. Q. Weinberger, « Densely Connected Convolutional Networks », in 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern

Recognition (CVPR), Honolulu, HI: IEEE, juill. 2017, p. 2261-2269. doi: 10.1109/CVPR.2017.243.

[75] Hyunjin Park, P. H. Bland, et C. R. Meyer, « Construction of an abdominal probabilistic atlas and its application in segmentation », IEEE Trans. Med. Imaging, vol. 22, no 4, p. 483-492, avr. 2003, doi: 10.1109/TMI.2003.809139.

[76] F. Isensee, P. F. Jaeger, S. A. A. Kohl, J. Petersen, et K. H. Maier-Hein, « nnU-Net: a self-configuring method for deep learning-based biomedical image segmentation », Nat Methods, vol. 18, no 2, p. 203-211, févr. 2021, doi: 10.1038/s41592-020-01008-z.

[77] M. Y. Jabarulla et H.-N. Lee, « Computer aided diagnostic system for ultrasound liver images: A systematic review », Optik, vol. 140, p. 1114-1126, juill. 2017, doi: 10.1016/j.ijleo.2017.05.013.

[78] S. Jadon, « A survey of loss functions for semantic segmentation », in 2020 IEEE Conference on Computational Intelligence in Bioinformatics and Computational Biology (CIBCB), Via del Mar, Chile: IEEE, oct. 2020, p. 1-7. doi: 10.1109/CIBCB48159.2020.9277638.

[79] J. Ji, X. Lu, M. Luo, M. Yin, Q. Miao, et X. Liu, « Parallel Fully Convolutional Network for Semantic Segmentation », IEEE Access, vol. 9, p. 673-682, 2021, doi: 10.1109/ACCESS.2020.3042254.

[80] X. Jiang, Z. Hu, S. Wang, et Y. Zhang, « Deep Learning for Medical Image-Based Cancer Diagnosis », Cancers, vol. 15, no 14, p. 3608, juill. 2023, doi: 10.3390/cancers15143608.

[81] D. Kainmuller, T. Lange, et H. Lamecker, « Shape Constrained Automatic Segmentation of the Liver based on a Heuristic Intensity Model ».

[82] M. Kamel et A. Campilho, Éd., Image Analysis and Recognition: 8th International Conference, ICIAR 2011, Burnaby, BC, Canada, June 22-24, 2011. Proceedings, Part II, vol. 6754. in Lecture Notes in Computer Science, vol. 6754. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2011. doi: 10.1007/978-3-642-21596-4.

[83] N. S. Keskar, D. Mudigere, J. Nocedal, M. Smelyanskiy, et P. T. P. Tang, « On Large-

Batch Training for Deep Learning: Generalization Gap and Sharp Minima », 9 février 2017, arXiv: arXiv:1609.04836. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1609.04836

[84] D. P. Kingma et J. Ba, « Adam: A Method for Stochastic Optimization », 30 janvier 2017, arXiv: arXiv:1412.6980. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1412.6980

[85] K. Kirimasthong, A. Rodtook, W. Lohitvisate, et S. S. Makhanov, « Automatic initialization of active contours in ultrasound images of breast cancer », Pattern Anal Applic, vol. 21, no 2, p. 491-500, mai 2018, doi: 10.1007/s10044-017-0627-6.

[86] Krizhevsky, I. Sutskever, et G. E. Hinton, « ImageNet classification with deep convolutional neural networks », Commun. ACM, vol. 60, no 6, p. 84-90, mai 2017, doi: 10.1145/3065386.

[87] C.-Y. Lee, S. Xie, P. Gallagher, Z. Zhang, et Z. Tu, « Deeply-Supervised Nets », 25 septembre 2014, arXiv: arXiv:1409.5185. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1409.5185

[88] H. Li, Z. Xu, G. Taylor, C. Studer, et T. Goldstein, « Visualizing the Loss Landscape of Neural Nets », 7 novembre 2018, arXiv: arXiv:1712.09913. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1712.09913

[89] Q. Li et al., « Burden of liver cancer: From epidemiology to prevention », Chinese Journal of Cancer Research, vol. 34, no 3, p. 554-566, 2022, doi: 10.21147/j.issn.1000-9604.2022.06.02.

[90] X. Li, H. Chen, X. Qi, Q. Dou, C.-W. Fu, et P. A. Heng, « H-DenseUNet: Hybrid Densely Connected UNet for Liver and Tumor Segmentation from CT Volumes », 3 juillet 2018, arXiv: arXiv:1709.07330. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1709.07330

[91] M. G. Linguraru et al., « Tumor Burden Analysis on Computed Tomography by Automated Liver and Tumor Segmentation », IEEE Trans. Med. Imaging, vol. 31, no 10, p. 1965-1976, oct. 2012, doi: 10.1109/TMI.2012.2211887.

[92] G. Litjens et al., « A survey on deep learning in medical image analysis », Medical Image Analysis, vol. 42, p. 60-88, déc. 2017, doi: 10.1016/j.media.2017.07.005.

[93] D. G. Lowe, « Object recognition from local scale-invariant features », in Proceedings of the Seventh IEEE International Conference on Computer Vision, Kerkyra, Greece: IEEE, 1999, p. 1150-1157 vol.2. doi: 10.1109/ICCV.1999.790410.

[94] Y. Luo, L. Liu, Q. Huang, et X. Li, « A Novel Segmentation Approach Combining Region- and Edge-Based Information for Ultrasound Images », BioMed Research International, vol. 2017, p. 1-18, 2017, doi: 10.1155/2017/9157341.

[95] L. Massoptier et S. Casciaro, « A new fully automatic and robust algorithm for fast segmentation of liver tissue and tumors from CT scans », Eur Radiol, vol. 18, no 8, p. 1658-1665, août 2008, doi: 10.1007/s00330-008-0924-y.

[96] L. Meng, Y. Tian, et S. Bu, « Liver tumor segmentation based on 3D convolutional neural network with dual scale », J Applied Clin Med Phys, vol. 21, no 1, p. 144-157, janv. 2020, doi: 10.1002/acm2.12784.

[97] L. Meng, Q. Zhang, et S. Bu, « Two-Stage Liver and Tumor Segmentation Algorithm Based on Convolutional Neural Network », Diagnostics, vol. 11, no 10, p. 1806, sept. 2021, doi: 10.3390/diagnostics11101806.

[98] F. Milletari, N. Navab, et S.-A. Ahmadi, « V-Net: Fully Convolutional Neural Networks for Volumetric Medical Image Segmentation », in 2016 Fourth International Conference on 3D Vision (3DV), Stanford, CA, USA: IEEE, oct. 2016, p. 565-571. doi: 10.1109/3DV.2016.79.

[99] M. Moghbel, S. Mashohor, R. Mahmud, et M. I. B. Saripan, « Automatic liver tumor segmentation on computed tomography for patient treatment planning and monitoring », EXCLI Journal; 15:Doc406; ISSN 1611-2156, 2016, doi: 10.17179/EXCLI2016-402.

[100] J. H. Moltz et al., « Advanced Segmentation Techniques for Lung Nodules, Liver Metastases, and Enlarged Lymph Nodes in CT Scans », IEEE J. Sel. Top. Signal Process., vol. 3, no 1, p. 122-134, févr. 2009, doi: 10.1109/JSTSP.2008.2011107.

[101] K. M. Napte, A. Mahajan, et S. Urooj, « Automatic Liver Cancer Detection Using Deep Convolution Neural Network », IEEE Access, vol. 11, p. 94852-94862, 2023, doi:

10.1109/ACCESS.2023.3307640.

[102] K. Nawres, M. Amel, et H. Kamel, « Segmentation d'images par contours actifs : Application à la détection du ventricule gauche dans les images de scintigraphie cardiaque ».

[103] H. Pan, X. Zhu, S. Atici, et A. E. Cetin, « A Hybrid Quantum-Classical Approach based on the Hadamard Transform for the Convolutional Layer », 22 février 2024, arXiv: arXiv:2305.17510. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/2305.17510

[104] N. D. Parikh, A. S. Mehta, A. G. Singal, T. Block, J. A. Marrero, et A. S. Lok, « Biomarkers for the Early Detection of Hepatocellular Carcinoma », Cancer Epidemiology, Biomarkers & Prevention, vol. 29, no 12, p. 2495-2503, déc. 2020, doi: 10.1158/1055-9965.EPI-20-0005.

[105] Qayyum, I. Ahmad, W. Mumtaz, M. O. Alassafi, R. Alghamdi, et M. Mazher, « Automatic Segmentation Using a Hybrid Dense Network Integrated With an 3D-Atrous Spatial Pyramid Pooling Module for Computed Tomography (CT) Imaging », IEEE Access, vol. 8, p. 169794-169803, 2020, doi: 10.1109/ACCESS.2020.3024277.

[106] S. Qiao, Y. Xia, J. Zhi, X. Xie, et Q. Ye, « Automatic liver segmentation method based on improved region growing algorithm », in 2020 IEEE 4th Information Technology, Networking, Electronic and Automation Control Conference (ITNEC), Chongqing, China: IEEE, juin 2020, p. 644-650. doi: 10.1109/ITNEC48623.2020.9085126.

[107] N. Reamaroon, M. W. Sjoding, J. Gryak, B. D. Athey, K. Najarian, et H. Derksen, « Automated detection of acute respiratory distress syndrome from chest X-Rays using Directionality Measure and deep learning features », Computers in Biology and Medicine, vol. 134, p. 104463, juill. 2021, doi: 10.1016/j.compbiomed.2021.104463.

[108] J. T. Ruiz, F. C. Gomez, et L. G. P. Meloni, « Analysis of the implementation of hybrid functions in the current brazilian digital television system », in 2014 IEEE Fourth International Conference on Consumer Electronics Berlin (ICCE-Berlin), Berlin, Germany: IEEE, sept. 2014, p. 210-214. doi: 10.1109/ICCE-Berlin.2014.7034297.

[109] Sarti, C. Corsi, E. Mazzini, et C. Lamberti, « Maximum likelihood segmentation of

ultrasound images with Rayleigh distribution », IEEE Trans. Ultrason., Ferroelect., Freq. Contr., vol. 52, no 6, p. 947-960, juin 2005, doi: 10.1109/TUFFC.2005.1504017.

[110] S. Abrahams. T. Mott. D. Hafner. E. Erwitt. A. Scarpinelli, TensorFlow for Machine Intelligence. Place of publication not identified: Bleeding Edge Press, 2016. Consulté le: 19 novembre 2021. [En ligne]. Disponible sur: https://proquest.safaribooksonline.com/9781939902351

[111] P. Schroeter, J.-M. Vesin, T. Langenberger, et R. Meuli, « Robust parameter estimation of intensity distributions for brain magnetic resonance images », IEEE Trans. Med. Imaging, vol. 17, no 2, p. 172-186, avr. 1998, doi: 10.1109/42.700730.

[112] D. Sengupta, « Deep learning architectures for automated image segmentation », arXiv:1909.10333 [cs, eess, stat], sept. 2019, Consulté le: 6 mars 2022. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1909.10333

[113] P. Slagmolen, A. Elen, D. Seghers, D. Loeckx, F. Maes, et K. Haustermans, « Atlas based liver segmentation using nonrigid registration with a B-spline transformation model ».

[114] P. Soille, Morphological Image Analysis. Berlin, Heidelberg: Springer Berlin Heidelberg, 2004. doi: 10.1007/978-3-662-05088-0.

[115] V. Suárez-Paniagua et I. Segura-Bedmar, « Evaluation of pooling operations in convolutional architectures for drug-drug interaction extraction », BMC Bioinformatics, vol. 19, no S8, p. 209, juin 2018, doi: 10.1186/s12859-018-2195-1.

[116] S. Tomoshige, E. Oost, A. Shimizu, H. Watanabe, et S. Nawano, « A conditional statistical shape model with integrated error estimation of the conditions; Application to liver segmentation in non-contrast CT images », Medical Image Analysis, vol. 18, no 1, p. 130-143, janv. 2014, doi: 10.1016/j.media.2013.10.003.

[117] E. Vorontsov, N. Abi-Jaoudeh, et S. Kadoury, « Metastatic Liver Tumor Segmentation Using Texture-Based Omni-Directional Deformable Surface Models », in Abdominal Imaging. Computational and Clinical Applications, vol. 8676, H. Yoshida, J. J. Näppi, et S. Saini, Éd., in Lecture Notes in Computer Science, vol. 8676. , Cham: Springer International Publishing, 2014, p. 74-83. doi: 10.1007/978-3-319-13692-9_7.

[118] E. Vorontsov, A. Tang, C. Pal, et S. Kadoury, « Liver lesion segmentation informed by joint liver segmentation », 11 août 2018, arXiv: arXiv:1707.07734. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1707.07734

[119] H. Wan, H. Wang, B. Scotney, et J. Liu, « A Novel Gaussian Mixture Model for Classification », in 2019 IEEE International Conference on Systems, Man and Cybernetics (SMC), Bari, Italy: IEEE, oct. 2019, p. 3298-3303. doi: 10.1109/SMC.2019.8914215.

[120] G. Wang, Q. Dong, Z. Pan, X. Zhao, J. Yang, et C. Liu, « Active Contour Model for Ultrasound Images with Rayleigh Distribution », Mathematical Problems in Engineering, vol. 2014, p. 1-12, 2014, doi: 10.1155/2014/295320.

[121] J. Wang, Y. Peng, S. Jing, L. Han, T. Li, et J. Luo, « A deep-learning approach for segmentation of liver tumors in magnetic resonance imaging using UNet++ », BMC Cancer, vol. 23, no 1, p. 1060, nov. 2023, doi: 10.1186/s12885-023-11432-x.

[122] N. Wang, J. Rauh, et H. Massam, « Approximating faces of marginal polytopes in discrete hierarchical models », Ann. Statist., vol. 47, no 3, juin 2019, doi: 10.1214/18-AOS1710.

[123] X. Wang, J. Yang, D. Ai, Y. Zheng, S. Tang, et Y. Wang, « Adaptive Mesh Expansion Model (AMEM) for Liver Segmentation from CT Image », PLoS ONE, vol. 10, no 3, p. e0118064, mars 2015, doi: 10.1371/journal.pone.0118064.

[124] W. Wu, S. Wu, Z. Zhou, R. Zhang, et Y. Zhang, « 3D Liver Tumor Segmentation in CT Images Using Improved Fuzzy C -Means and Graph Cuts », BioMed Research International, vol. 2017, p. 1-11, 2017, doi: 10.1155/2017/5207685.

[125] S. Xie, R. Girshick, P. Dollar, Z. Tu, et K. He, « Aggregated Residual Transformations for Deep Neural Networks », in 2017 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), Honolulu, HI: IEEE, juill. 2017, p. 5987-5995. doi: 10.1109/CVPR.2017.634.

[126] L. Xu, Y. Zhu, Y. Zhang, et H. Yang, « Liver segmentation based on region growing and level set active contour model with new signed pressure force function », Optik, vol. 202, p. 163705, févr. 2020, doi: 10.1016/j.ijleo.2019.163705.

[127] Z. Xu et al., « Efficient multi-atlas abdominal segmentation on clinically acquired CT with SIMPLE context learning », Medical Image Analysis, vol. 24, no 1, p. 18-27, août 2015, doi: 10.1016/j.media.2015.05.009.

[128] F. Yu et V. Koltun, « Multi-Scale Context Aggregation by Dilated Convolutions », 30 avril 2016, arXiv: arXiv:1511.07122. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/1511.07122

[129] X. Zhang, J. Tian, K. Deng, Y. Wu, et X. Li, « Automatic Liver Segmentation Using a Statistical Shape Model With Optimal Surface Detection », IEEE Trans. Biomed. Eng., vol. 57, no 10, p. 2622-2626, oct. 2010, doi: 10.1109/TBME.2010.2056369.

[130] Y. Zhang, L. Yang, J. Chen, M. Fredericksen, D. P. Hughes, et D. Z. Chen, « Deep Adversarial Networks for Biomedical Image Segmentation Utilizing Unannotated Images », in Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention − MICCAI 2017, vol. 10435, M. Descoteaux, L. Maier-Hein, A. Franz, P. Jannin, D. L. Collins, et S. Duchesne, Éd., in Lecture Notes in Computer Science, vol. 10435. , Cham: Springer International Publishing, 2017, p. 408-416. doi: 10.1007/978-3-319-66179-7_47.

[131] R. Zheng et al., « Automatic Liver Tumor Segmentation on Dynamic Contrast Enhanced MRI Using 4D Information: Deep Learning Model Based on 3D Convolution and Convolutional LSTM », IEEE Trans. Med. Imaging, vol. 41, no 10, p. 2965-2976, oct. 2022, doi: 10.1109/TMI.2022.3175461.

[132] B. Zhou, Z. Augenfeld, J. Chapiro, S. K. Zhou, C. Liu, et J. S. Duncan, « Anatomy-guided Multimodal Registration by Learning Segmentation without Ground Truth: Application to Intraprocedural CBCT/MR Liver Segmentation and Registration », 14 avril 2021, arXiv: arXiv:2104.07056. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/2104.07056

[133] J. Zhuang et al., « AdaBelief Optimizer: Adapting Stepsizes by the Belief in Observed Gradients », 20 décembre 2020, arXiv: arXiv:2010.07468. Consulté le: 5 novembre 2024. [En ligne]. Disponible sur: http://arxiv.org/abs/2010.07468

[134] « U-Net : le réseau de neurones populaire en Computer Vision ». Consulté le: 16 novembre 2022. [En ligne]. Disponible sur: https://blent.ai/unet-computer-vision/