



République Algérienne Démocratique et Populaire

Ministère de l'enseignement supérieur et de la recherche scientifique

Université Larbi Tébessi - Tébessa

Faculté des Sciences Exactes et des Sciences de la Nature et de la Vie

Département : Mathématiques et Informatique

Mémoire de fin d'études

Pour l'obtention du diplôme de MASTER

Domaine : Mathématiques et Informatique

Filière : Informatique

Option : Système et Multimedia.

Thème :

**Segmentation des images pathologiques à
l'aide des techniques IA**

Présenté Par :

Nadjahabdelmouiz

Devant le jury :

Mr : Sahraoui Abelatif MCA Université Larbi Tébessi Président

Mr : Gahmous Abelatif MAA Université Larbi Tébessi Examineur

Mr : Gasmi Mohamed MCB Université Larbi Tébessi Encadreur

Mr : Bendib Issam MCA Université Larbi Tébessico Encadreur

Date de soutenance : 14/06/2022



Remerciment

Tout d'abord je tiens à remercier ALLAH, qui m'a donné la force, la santé et la volonté pour pouvoir réaliser ce travail.

Je voudrais exprimer mes plus profonds remerciements à mes encadreurs Dr.Gasmi Mohamed et Dr. BendibIssam pour leur disponibilité et leur aide et conseils pendant toute la préparation de ce travail.

Je remercie mes chers parents qui m'ont toujours soutenu et encouragé, sans eux je n'y serai jamais arrivé.

Je tiens à remercier Mme Ben Mabrouk Yasmine pour son aide et ses conseils dans ce travail.

Je remercie mes frères et mes amis qui ont toujours été à mes côtés. Leur soutien et leurs encouragements ont été d'une grande aide.

DEDICACE

À mes parents, pour leur encouragement, et leur soutien, pour tous les sacrifices qu'ils me consentent, et leur amour infini. Aucune dédicace ne saurait exprimer mes sentiments, que Dieu les préserve et leur procure santé et longue vie.

الملخص

تتطلب أمراض الأورام مثل سرطان الثدي دراسة تشريحية مرضية دقيقة. غالبًا ما يتضمن التشخيص الكشف عن مناطق الورم من صورة نسيجية ضخمة لشريحة كاملة. يزداد هذا الأمر تعقيدًا عندما تقوم أقسام علم الأمراض بتشخيص مئات وآلاف الشرائح كل يوم، والتي يمكن أن تستغرق وقتًا طويلاً وتكون عرضة للخطأ. أصبح تجزئة الصور أحد الأدوات المهمة في المجال الطبي وبشكل أكثر تحديدًا في تحليل الصور المرضية حيث يتم استخدامه لاستخراج منطقة الاهتمام من الأنسجة. في هذا العمل، أهدفنا هي (1) تطوير خوارزمية تسمح بالتعليق التوضيحي التلقائي لأقنعة الصورة و (2) لتقسيم الصور المرضية لسرطان الثدي باستخدام نموذج الشبكات العصبونية الالتفافية، للسماح لأخصائي علم الأمراض بإجراء تشخيص أسرع ودقيق.

الكلمات المفتاحية: الذكاء الاصطناعي، تجزئة الصور، علم التشريح المرضي، سرطان الثدي، الشبكات العصبونية الالتفافية.

ABSTRACT

Oncological diseases such as breast cancer require a precise anatomopathological study. Diagnosis often involves the detection of tumor regions from a huge whole-slide histopathological image. This is further complicated when pathology departments typically diagnose hundreds and thousands of slides each day, which can be time-consuming and error-prone.

Image segmentation is becoming one of the important tools in the medical field and more specifically in the analysis of pathological images where it is used to extract a region of interest from tissues.

In this work, our objectives are (1) to develop an algorithm allowing the automatic annotation of image masks and (2) to segment the histopathological images of breast cancer stained with hematoxylin and eosin using a CNN model, to allow the pathologist to make immediate and accurate diagnoses.

Keywords: segmentation, artificial intelligence, CNN, pathological image, breast cancer.

RESUME

Les maladies oncologiques comme le cancer du sein nécessitent une étude anatomopathologique précise. Le diagnostic implique souvent la détection de régions tumorales à partir d'une énorme image histopathologique de lame entière. Ceci est encore plus compliqué lorsque les services de pathologie diagnostiquent généralement des centaines et des milliers de lames chaque jour, ce qui peut prendre du temps et a lieu des erreurs.

La segmentation d'images devient l'un des outils importants dans le domaine médical et plus précisément dans l'analyse des images pathologique où elle est utilisée pour extraire une région d'intérêt de tissus.

Dans ce travail nos objectifs sont (1) de développer un algorithme permet l'annotation automatique des masques des images et (2) de segmenter les images histopathologique du cancer de sein colorées à l'hématoxyline et à l'éosine à l'aide d'un modèle CNN, afin de permettre au pathologiste de faire des diagnostics immédiates et précis.

Les mots clés : segmentation, intelligence artificielle, CNN, image pathologique, cancer du sein.

LISTE DES FIGURES

Figure 1: composent de sein féminin [4].....	20
Figure 2: tumeur bénigne [5].....	22
Figure 3: tumeur bénigne [5].....	23
Figure 4: Appareil mammographie [6]	24
Figure 5: Appareil d'échographie [7]	24
Figure 6: biopsie[4].....	25
Figure 7: digitalisation de biopsie [4]	28
Figure 8: images anatomie pathologique [4]	29
Figure 9: segmentation sémantique[15].....	33
Figure 10: la segmentation des instances[15].....	34
Figure 11: différentes régions de pixels similaires [13].....	36
Figure 12: segmentation basée sur la classification des pixels[18]	37
Figure 13: histogramme d'image[20]	38
Figure 14: exemple de contours sur image[24]	40
Figure 15 : Architecture des réseaux de neurones convolutionnels[28]	43
Figure 16: Parcours de filtre sur une image d'entrée[29]	44
Figure 17: Max Pooling avec un filtre 2x2[30]	44
Figure 19: Après la couche pooling en tant que couche FC[30]	45
Figure 18: Couche de correction Relu[30].....	46
Figure 20: L'architecture d'un modèle simple d'encodeur-décodeur[28]	47
Figure 21: la déconvolution d'une entrée[32]	48
Figure 22: architecture du SegNet[33].....	49
Figure 23: architecture de l'E-Net[34].....	49
Figure 24: architecture de deeplab[35]	50
Figure 25: architecture d'Unet[36]	51
Figure 26: processus proposé	56
Figure 27: des échantillons d'images de BrekHis maligne[5].....	57
Figure 28: images de BreakHis maligne[5].....	58
Figure 39: détection de couleur	58
Figure 30: les couleurs existent dans l'image et leur pourcentage	59
Figure 31: image et le masque de classe ductale_cancirnoma	60
Figure 32: image et masque de classe papillary_carcinoma.....	60
Figure 33: image et mask de classe lobular_carcinoma	61
Figure 34: image et mask de classe mucinous_carcinoma.....	61
Figure 35: Organisation des images de dataset.....	63
Figure 36: architecture du notre modèle UNet	65
Figure 37: graphe de accuracy et de loss et de IOU, batch_size=16.....	68
Figure 38: graphe de accuracy et de loss et de IOU, batch_size=32.....	69

Figure 39: graphe de accuracy et de loss et de IOU, batch_size=64.....	70
Figure 40: graphe d'accuracy et de loss et d'IOU pour 1000 epochs	71
Figure 41: classe ductal_carcinoma	73
Figure 42: classe lobular_carcinoma	74
Figure 43: classe mucinous_carcinoma	74
Figure 44: classe papillary_carcinoma.....	75

LISTE DES TABLEAUX

Table 1: Algorithme de génération des masques	62
Table 2: Taux d'apprentissage en changeant batch_size et epochs	67
Table 3: Comparaison des resultat.....	72

Liste des abréviations

IA Intelligence Artificiel

ANN Artificiel Neurone Network

CNN Convolution Neurone Network

CAD Computer-AidedDiagnosis

CNN Convolution Neurons Networks

CRF ConditionalRandom Field

PCA Principal Component Analysis

ReLURectifiedLinear Unit

Tableau de matières

Introduction générale	16
Introduction	19
Chapitre 1: Context Médical.....	19
1. L'organe du sein	19
2. L'anatomie et physiologie du sein	20
3. Les pathologies du sein	21
3.1 Les tumeurs bénignes	21
3.2 Les tumeurs malignes	22
4. Les examens effectués sur le sein	23
4.1 La Mammographie	23
4.2 L'échographie du sein	24
4.3 L'examen IRM des seins	25
4.4 La Biopsie.....	25
4.4.1 L'examen anatomo-pathologie.....	26
4.4.2 Le protocole de prélèvement.....	27
5. La digitalisation de données en anatomie pathologique.....	27
6. L'Analyse des images anatomie pathologique.....	28
Conclusion.....	30
Chapitre 2:les approches de la segmentation des images.....	32
Introduction :	32
1. Définition de la segmentation	32
1.1 La segmentation sémantique.....	33
1.2 Segmentation des instances	33
2. Les approches de la segmentation des images :.....	34
2.1 Approches classiques :	34
2.1.1 Approche basée région	35

2.1.2 La segmentation basée sur la classification des pixels	36
2.1.2.1 Clustering.....	37
2.1.2.2 Seuillage d’histogramme	37
2.1.3 La segmentation basée sur l’analyse des caractéristiques spatiales	38
2.1.3.1 La segmentation par croissance de régions.....	38
2.1.3.2 La segmentation par fusion des régions.....	39
2.1.3.3 Segmentation par division des régions	39
2.1.3.4 Segmentation par division/fusion.....	39
2.2 La segmentation basée sur la morphologie mathématique	39
2.3 La segmentation de contour.....	40
3. approches basée intelligence artificielle	41
3.2 Réseaux de neurones à convolution (CNN) :.....	41
3.2.1 Couche de convolution.....	43
3.2.2 Couche de pooling.....	44
3.2.3 Couche entièrement connectée (fully-connected layer).....	45
3.2.4 Les fonctions d'activation.....	45
3.3 Les réseaux convolutionnelles encodeur-décodeur	46
3.3.1 Couches utilisées dans Les réseaux convolutionnelles encodeur-décodeur	47
3.4 Architectures d'apprentissage profond CNN utilisées pour la segmentation :.....	48
4. Les travaux connexes:	51
Conclusion :.....	53
Chapitre 3: Implémentation d’un Modèle de Segmentation d’Image Anapath.....	52
Introduction :	54
1. Environnement de travail:	54
2. Environnement logiciel:	55
3. Processus proposé:	55
4. Data set utilisée :.....	56
5. génération des masques :.....	57
5.1 Détection de couleur	57
5.2 Annotation des masques:	59
6. L’algorithme utilisé pour Le prétraitement :	62

7. Organisation des images :.....	63
8. Le modèle de segmentation :.....	63
10. Les résultats du modèle.....	66
10.1. Les métriques d'évaluation.....	66
11. résultats et discussion:.....	72
12. Prédiction automatique de masque.....	73
Conclusion :.....	75
Conclusion générale.....	76

Introduction générale

Le cancer constitue un problème majeur de santé publique dans le monde, présentant des taux de mortalité élevés surtout dans la population féminine, le cancer du sein constitue l'affection tumorale maligne la plus répandue chez la femme et la plus meurtrière [1]. La stratégie thérapeutique de cette maladie est basée sur des facteurs pronostiques et prédictifs. Elle est guidée par l'utilisation de la classification clinique et anatomopathologique.

L'étude anatomo-pathologique des cancers du sein est restée longtemps limitée à leur étude morphologique classique à l'œil (macroscopie) et au microscope. En règle générale, les pathologistes examinent les lames pour les régions tissulaires pertinentes sur la maladie diagnostiquée, appelées régions d'intérêt (ROI), puis examinent ces régions sur les tissus d'apparence anormale.

Les images des lames de pathologie sont très grandes et la recherche visuelle peut être épuisante. Ceci est encore plus compliqué lorsque les services de pathologie diagnostiquent généralement des centaines et des milliers de lames chaque jour, et la précision du diagnostic souffre lorsque les pathologistes sont fatigués.

Actuellement, l'imagerie médicale et la pathologie numérique montrent un intérêt croissant pour le deep learning comme le démontrent diverses études. Les CNNs, qui sont une forme d'apprentissage profond, sont bien adaptés aux données médicales et ont été intégrés avec succès dans différentes tâches de vision par ordinateur[2]. La segmentation d'images est l'une des tâches les plus élémentaires de la vision par ordinateur. Elle devient l'un des outils importants dans le domaine médical et plus précisément dans l'analyse des images pathologique où elle est utilisée pour extraire une région d'intérêt de tissus.

Notre but dans ce projet est de segmenter les régions de pertinence (ROI) des images histopathologique du cancer de sein, colorées à l'hématoxyline et à l'éosine, afin de permettre au pathologiste de réduire le temps de diagnostic et d'améliorer sa précision pour les patients.

Dans notre travail nous avons utilisé l'apprentissage profond pour créer un modèle de segmentation dédié aux lames anapaths des tissus mammaires cancéreux qui sont traités par

l'hématoxyline et à l'éosine. Le problème que nous avons constaté, est le manque des images de masques. Alors nous avons développé un algorithme permet la génération des masques

C'est pour cela que nous avons divisé notre mémoire en trois chapitres :

- le premier chapitre a consacré le domaine d'application, pour donner des explications générales sur cancer du sein, son diagnostic, le traitement ainsi que l'étude anatomo-pathologique.

- Le deuxième chapitre a été consacré à la segmentation des images. Nous avons parlé de différentes techniques de segmentation, ainsi que de quelques travaux connexes.

- Dans le troisième chapitre, nous avons montré la partie expérimentale de notre travail. Nous avons détaillé les techniques, les paramètres choisis et les différents résultats obtenus.

CHAPITRE 01

Contexte médicale

Introduction

Aujourd'hui, le cancer du sein est l'un des types de cancer les plus répandus dans le monde où l'Organisation mondiale de la santé enregistre 1,7 million de nouveaux cas de cancer du sein dans le monde chez les femmes chaque année, c'est très rare chez les hommes, cette pathologie peut survenir à tout âge. Ces pourcentages diffèrent d'un pays à l'autre [1].

Les stratégies de traitement pour cette maladie sont développées sur la base de facteurs pronostiques et de prédicteurs de la réponse au traitement. Ils ont été guidés en utilisant la classification clinique et pathologique. L'utilisation d'outils de diagnostic permet de détecter ces cancers.

L'identification de ces lésions a été faite par une étude histologique avec examen macroscopique et microscopique correspondant des prélèvements (biopsie, mastectomie, tumorectomie). Des études histochimiques immunitaires sont nécessaires pour fournir des informations complémentaires et plus précises sur la nature de la lésion. Dans ce premier chapitre, nous expliquerons brièvement le cancer du sein, son diagnostic et son traitement, ainsi que sa physiopathologie.

1. L'organe du sein

Le sein (en anglais breast) est un organe glandulaire, et il est classé parmi les parties intimes du corps des femmes, mais sa fonction pour les femmes est plus profonde et plus large car leur glande mammaire contient des canaux galactophores et est responsable de l'allaitement [3].

Il est aussi, un organe spécial situé à l'avant de la cage thoracique, qui est plus développée chez les femmes que chez les hommes afin qu'il puisse remplir sa fonction principale de

production de lait. Les glandes mammaires se drainent à travers de nombreux canaux dans le mamelon, qui sont entourés d'une couche circulaire noire autour du mamelon appelée aréole [3].

2. L'anatomie et physiologie du sein

La fonction biologique du sein est de produire du lait pour nourrir le nourrisson, chaque sein contient des tissus de soutien contenant des vaisseaux et une glande mammaire, des fibres et de la graisse [3].

Le sein est l'une des parties les plus importantes du corps pour les hommes et les femmes, mais sa forme diffère grandement entre eux. Il contient plusieurs parties et a des fonctions très importantes. Quant aux parties qui composent le sein féminin, nous allons l'expliquer dans la figure (1) suivante:

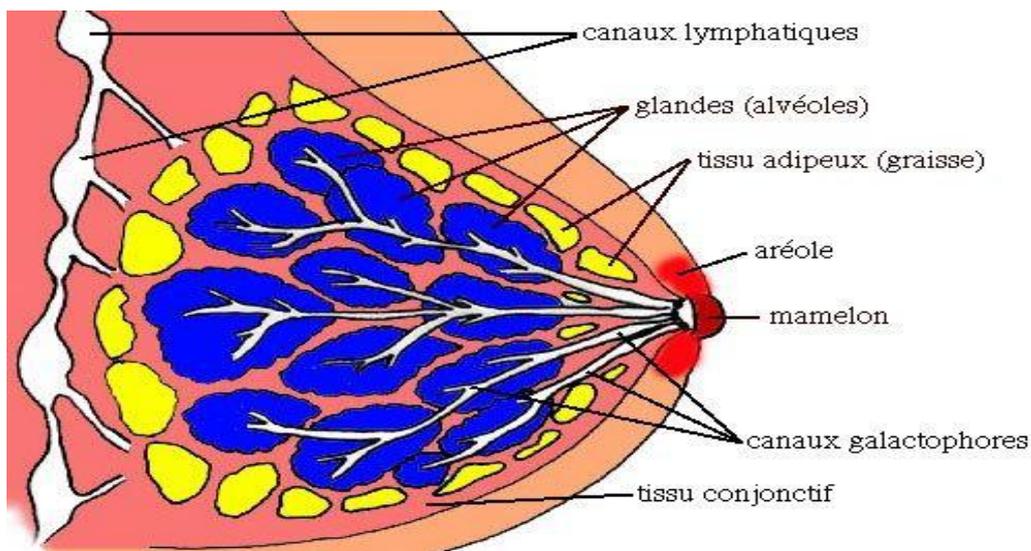


Figure 1: composent de sein féminin [4]

selon[4] :

- **les lobules** : regroupant des glandes qui produisent le lait maternel lors d'une grossesse. On compte entre 15 et 25.
- **les canaux** : véhiculant le lait depuis les lobules jusqu'au mamelon

- **le mamelon** : composé de fibres musculaires pouvant se contracter et durcir, est situé au centre de l'aréole, partie la plus pigmentée du sein. Le mamelon permet d'évacuer le lait maternel
- **l'aréole** : région qui entoure le mamelon, est la partie la plus pigmentée du sein et peut être brunâtre ou rosée. Formant un cercle, elle contient des glandes sébacées appelées glandes aréolaires
- **Les ligaments** : permettant la fixation et le soutien des seins aux muscles du thorax, composés de tissu conjonctif

3. Les pathologies du sein

Il existe un certain nombre de facteurs qui jouent un rôle important dans les métabolismes du fonctionnement du sein chez la femme comme : les changements hormonaux, l'âge et la prise de certains types de médicaments. Et certains changements mammaires et symptômes, tels que : une grosseur dans le sein, ou une douleur peut y apparaître, ou en remarquant des sécrétions, ou une irritation de la peau. En raison de la présence de causes graves, de sorte qu'il est difficile de les distinguer des autres causes parce que les symptômes de différents problèmes mammaires sont semblables [4].

Ces changements mammaires sont considérés comme diverses maladies, à la fois bénignes et malignes, et nous en discuterons en détail dans ce qui suit :

3.1 Les tumeurs bénignes

Les tumeurs bénignes (Figure 2) du sein désignent une croissance tissulaire anormale dans le sein, formant une ou plusieurs masses dans un ou les deux seins. Chez certaines femmes, les tumeurs bénignes commencent généralement pendant la puberté et sont plus susceptibles d'apparaître chez les jeunes filles [3].

Il est également possible de développer ce type de tumeur à tout âge, et les hommes peuvent aussi le développer, mais c'est rare. Il n'y a pas de raison particulière à l'apparition des tumeurs bénignes du sein, les spécialistes pensent que des masses bénignes apparaissent et se développent à la suite d'un changement des niveaux d'œstrogène dans le corps [3].

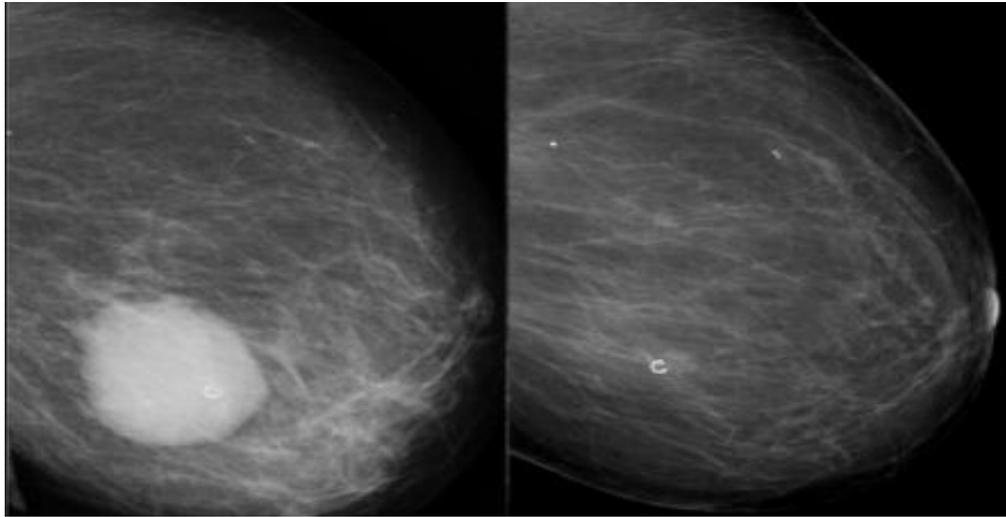


Figure 2: tumeur bénigne[5]

3.2 Les tumeurs malignes

En général, les tumeurs malignes du sein (Figure 3) résultent de la multiplication d'une cellule unique à partir d'un composant normal du sein et deviennent malignes. Ces cellules cancéreuses proviennent d'un canal (cancer de type canalaire) ou d'un lobule (cancer de type lobulaire). La position habituelle du cancer du sein est le quadrant externe dans environ 40% des cas, les autres quadrants sont moins souvent touchés. Cette topographie s'explique par la quantité de tissu glandulaire qui est de plus en plus présent dans les parties centrale et externe [3].

Par rapport aux tumeurs bénignes, les cancers se présentent comme une masse mal circonscrite avec des extensions. C'est cette caractéristique qui est à l'origine du nom « cancer » qui signifie « crabe » en latin. Avant tout, le cancer se distingue par son évolution, il se développe plus rapidement qu'une tumeur bénigne. Non traité, le cancer se propage aux ganglions lymphatiques, aux organes voisins ainsi qu'aux organes distants [3].

La figure suivante présente un exemple d'image de pathologie maligne :

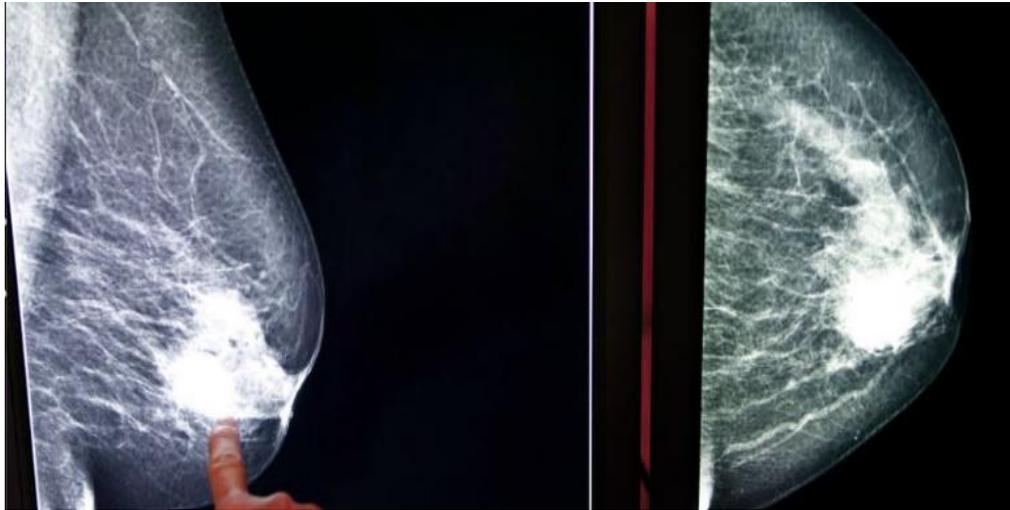


Figure 3: tumeur bénigne [5]

4. Les examens effectués sur le sein

Les scientifiques, les médecins et les techniciens ont trouvé des moyens simples d'examiner le sein et de diagnostiquer le cancer du sein à ses débuts. En effet, auparavant les femmes n'étaient pas suffisamment conscientes de la gravité du cancer du sein et la nécessité du diagnostic précoce de ce problème [6].

Il existe plusieurs façons de faire un examen des seins, dont nous citons dans les sections suivantes les plus importantes.

4.1 La Mammographie

La mammographie est un appareil médical qui utilise une radiographie spéciale pour vérifier la croissance anormale ou les changements dans le tissu mammaire et est conçu avec des films spéciaux de tissu mammaire [6]. La mammographie est réalisée comme une procédure de routine dans l'examen pour donner des connaissances de base pour toute comparaison future ou pour évaluer tout changement dans le sein. Il aide également le médecin à déterminer la présence d'une grosseur, d'une croissance ou d'un changement dans le sein qui nécessite d'autres examens plus profonds. Il montre également la présence de très petites sections ou lésions qui ne sont pas

apparents à l'examen physique, la mammographie détecte la maladie à ses débuts, comme la recherche a confirmé que la mammographie a une forte association avec des chances accrues de survie [6]. La figure suivante montre l'appareil de mammographie.



Figure 4: Appareil mammographie [6]

4.2 L'échographie du sein

L'échographie utilise des ondes sonores pour produire des images de structures situées au plus profond du corps. L'échographie peut être utilisée pour déterminer si une nouvelle masse mammaire est une masse solide ou des lésions anormales dans le tissu du sein [7]. La figure 5 suivante montre l'échographe



Figure 5: Appareil d'échographie [7]

4.3 L'examen IRM des seins

Le dispositif d'IRM utilise des ondes magnétiques et radio pour créer des images de l'intérieur du sein. Généralement, ce test n'est pas utilisé pour faire la distinction entre les tumeurs bénignes et malignes, Il est également inapproprié pour l'évaluation des masses ou pour le suivi des masses mammaires au fil du temps avec cet examen, Bien que cet examen puisse révéler la présence de tumeurs dans les tissus profonds du sein mais elle n'est pas utilisée dans les protocoles de cette pathologie[7] .

4.4 La Biopsie

La biopsie (figure 6) est la seule façon définitive de diagnostiquer le cancer du sein. Lors de la biopsie, le médecin utilise une aiguille spéciale guidée par une radiographie ou un autre test d'imagerie pour extraire un groupe de tissus de la zone suspecte. Souvent, une petite étiquette en métal est laissée sur le site à l'intérieur de la poitrine afin que la zone puisse être facilement identifiée lors de futurs tests d'imagerie[8].

Les échantillons de biopsie sont envoyés à un laboratoire pour analyse, où des experts déterminent si les cellules sont cancéreuses. L'échantillon de biopsie est également analysé pour déterminer le type de cellules présentes dans le cancer du sein, la gravité (grade) du cancer et si les cellules cancéreuses contiennent des hormones ou d'autres récepteurs susceptibles d'affecter les protocoles de traitement proposé [8].



Figure 6: biopsie[4]

4.4.1 L'examen anatomo-pathologie

L'anatomopathologie est une discipline essentielle pour mieux comprendre une maladie et aider les équipes médicales à apporter la meilleure prise en charge possible aux patients. Elle fait appel à des techniques analytiques sophistiquées et apporte des informations précieuses pour caractériser notamment les pathologies cancéreuses [9]. L'anatomopathologie est une discipline médicale qui inclut l'étude des différentes lésions qui apparaissent chez les personnes atteintes d'une maladie. Il est basé sur l'analyse à grande échelle d'échantillons d'organes ou de tissus.

Ils utilisent différents types de matériel (microscopes optiques ou électroniques). Les experts qui mènent ces investigations, les pathologistes, le font en comparant les tissus malades aux tissus sains. Elle dispose de techniques de biologie moléculaire spécifiques pour détecter et quantifier certains composés présents dans les tissus [9].

L'examen anatomopathologique comprend l'analyse, principalement au microscope, de petits échantillons. On parle d'examen cytologique (ou cytologique) lorsque l'analyse porte sur des cellules isolées de frottis, d'exsudats ou de ponctions tissulaires et d'examen histopathologie (ou étude tissulaire) lors de l'examen de biopsies ou de prélèvements chirurgicaux...

Lorsqu'une anomalie est détectée, un échantillon doit être prélevé sur cette anomalie afin qu'elle puisse être analysée au microscope et qu'un diagnostic puisse être établi [10]. Dans le cas d'un diagnostic de cancer, l'examen des cellules et tissus prélevés vise également à préciser le type de cancer en cause et détermine l'étendue de la croissance des cellules cancéreuses. Cela donne la première indication de l'étendue de la maladie et permet de déterminer le stade du cancer. Le type et le stade du cancer sont des critères pronostiques du cancer [9].

En effet, les caractéristiques d'une cellule donnée, comme la présence de récepteurs hormonaux sur les cellules cancéreuses ou la présence du gène HER2 permette de trouver les prédicteurs de la réponse au traitement. Ces prédicteurs de la réponse au traitement ET les critères pronostiques du cancer sont essentiels liés aux protocoles de traitements [9].

4.4.2 Le protocole de prélèvement

En effet, il existe des protocoles standardisés pour le prélèvement des tissus de l'organe du sein[11], les différents étapes de ce protocole sont les suivants :

1. Réception du prélèvement avec feuille d'identification
2. Enregistrement des prélèvements
3. Examen macroscopique à l'état frais (pas pour biopsie) – Photos
4. Fixation : Etape cruciale, irréversible, indispensable
5. Mesures et choix des coupes = actes médicaux
6. Mise en cassettes numérotées par le technicien
7. Inclusion en paraffine : Déshydrater le tissu (bains d'alcool) puis toluène ou xylène et paraffine liquide chaude \diamond blocs de paraffine par réfrigération
8. Coupe au microtome (5 μ) étalée sur lame, déparaffinée puis réhydratée
9. Coloration (HES+++)
Hématéine (hématoxyline) : noyaux en bleu
Eosine : cytoplasme en rose
Safran : tissu conjonctif et collagène en jaune
10. Examen microscopique et compte-rendu.
11. Conservation d'archives pour analyses ultérieures

5. La digitalisation de données en anatomie pathologique

L'étude des tissus et des cellules pathologiques est l'un des mécanismes par lesquels la numérisation culminera dans les années à venir, entraînant des changements drastiques dans les différentes procédures médicales. Améliorante ainsi la qualité et la fiabilité des diagnostics. Il facilite également le partage des avis en temps réel entre tous les groupes. La promesse d'un bel avenir pour cette nouvelle technologie. A l'heure où l'e-santé(Figure 7) est devenue un élément essentiel de la médecine moderne, les lames virtuelles sont devenues un élément clé de l'anatomie pathologique. Le microscope virtuel comprend des lames numérisées à fort grossissement[12].

En conséquence, les pathologistes peuvent visualiser ces lames numérisées sur un ordinateur distant à très haute résolution, comme ils le feraient avec un microscope [12].



Figure 7: digitalisation de biopsie [4]

6. L'Analyse des images anatomie pathologique

L'analyse d'images d'anatomie pathologique (Figure 8) basée sur l'œil nu et observation microscopique des changements structuraux auxquels les tissus sont exposés à la suite de processus pathologiques. Il est appliqué sur un cadavre (autopsie) ou sur des échantillons prélevés sur un patient lors d'une intervention chirurgicale ou par biopsie [12].

La figure 8 présentée un échantillon d'images d'anatomie pathologique

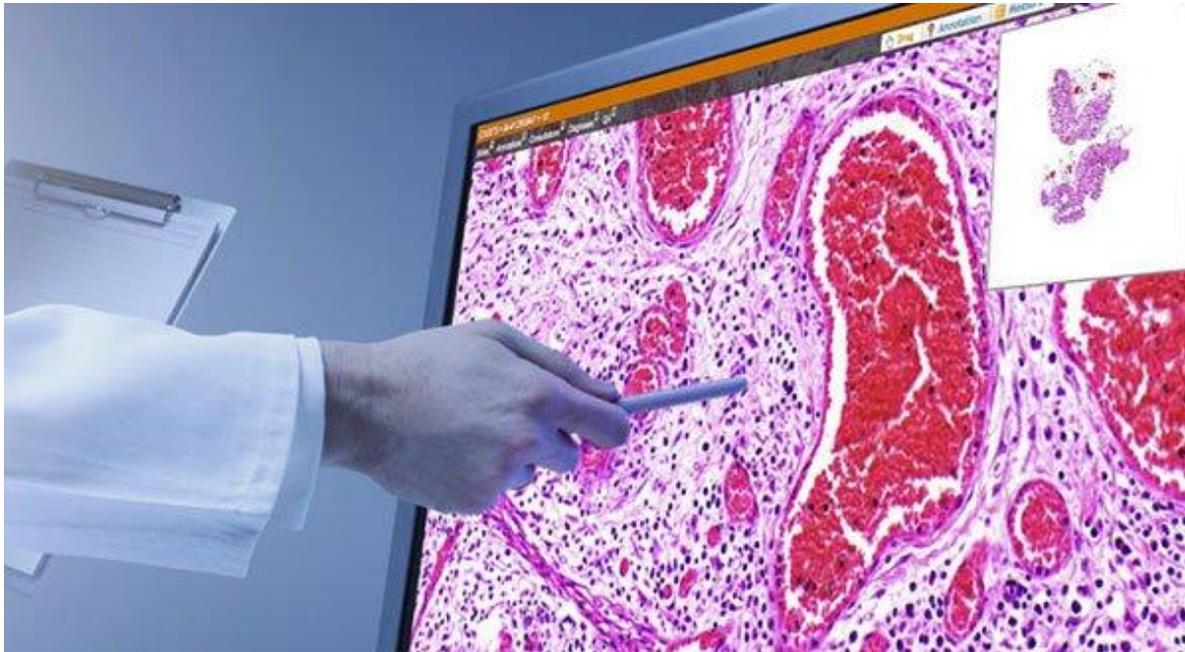


Figure 8: images anatomie pathologique [4]

Cet analyse consiste à examiner des échantillons de la tumeur pour déduire le maximum d'informations possible, il permet donc de :

- ✓ Classer la tumeur.
- ✓ Déterminer son agressivité.
- ✓ Choisir le traitement le mieux adapté.
- ✓ L'Analyse des images pathologique de recueillir certaines informations importantes pour l'évaluation du pronostic vital du patient, c'est-à-dire :
 - Le potentiel évolutif de la tumeur.
 - La localisation exacte de la tumeur par rapport aux tissus normaux.
 - Sa taille.
 - Sa limitation.
 - La présence de nécrose.
 - s'il s'agit d'une tumeur ou non.

- s'il s'agit d'une tumeur maligne (cancer) ou non.
- de classer cette tumeur maligne.
- de classer le type de sarcome selon la classification internationale de l'OMS 2002[10].

Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons tenté de clarifier les concepts d'histopathologies, et nous sommes allés un peu plus loin dans ces concepts pour comprendre comment les protocoles de diagnostic du cancer du sein. Nous avons essayé de représenter certains concepts comme les examens anatomo-pathologie qui sont des techniques critiques qui permet aux pathologistes de déterminer leurs diagnostics convenablement. Ce qui permet aux personnels médicales de proposer les protocoles de traitement les plus adéquats aux patients.

CHAPITRE 02

Les approches de la segmentation des images

Introduction :

Avec le développement rapide de la technologie de numérisation d'image et des logiciels de visualisation, l'imagerie de lame entière (WSI) devient une méthode de diagnostic de routine. Accélérer le diagnostic clinique à partir d'images pathologiques et automatiser l'analyse d'images de manière efficace et précise reste un défi majeur.

La segmentation d'image est considérée comme le processus d'imagerie médicale le plus important car elle extrait les régions d'intérêt (ROI) par des processus semi-automatiques ou automatiques. Ce dernier divise l'image en régions spécifiques selon la description, telles que la segmentation des tissus et des organes, la segmentation tumorale, la détection de la qualité, etc

1. Définition de la segmentation

La segmentation d'image est un sous-domaine de la vision par ordinateur et du traitement d'image qui tente de regrouper des régions ou des segments comparables d'une image sous leurs étiquettes de classe correspondantes. La segmentation d'images est une extension de la classification d'images dans laquelle, en plus de la classification, nous effectuons une localisation[13].

En effet, l'homme sait naturellement séparer les objets d'une image, c'est grâce à une connaissance approfondie (compréhension des objets et des scènes). Le développement d'algorithmes de segmentation de haut niveau (chaque région est un objet sémantique) reste l'un des thèmes de recherche très sollicités dans le traitement des images [13].

Il existe deux principaux types de la segmentation d'images :

1.1 La segmentation sémantique

La segmentation sémantique (la figure 9) classe chaque pixel dans un ensemble fixe de catégories qui ne font pas de distinction entre les instances d'objet. Autrement dit, la segmentation sémantique est l'identification/classification d'éléments identiques en une seule classe au niveau du pixel. Elle est parfois appelée segmentation d'arrière-plan car elle isole le contenu de l'image de l'arrière-plan[14].



Figure 9: segmentation sémantique[15]

1.2 Segmentation des instances

La segmentation des instances (figure10), ou reconnaissance d'objets, gère la détection précise de tous les objets d'une image tout en segmentant correctement chaque objet. Par conséquent, il s'agit d'une combinaison de détection d'objet et de classification d'objet. En d'autres termes, ce type de segmentation va plus loin en distinguant clairement chaque objet classé comme instances similaires[16].

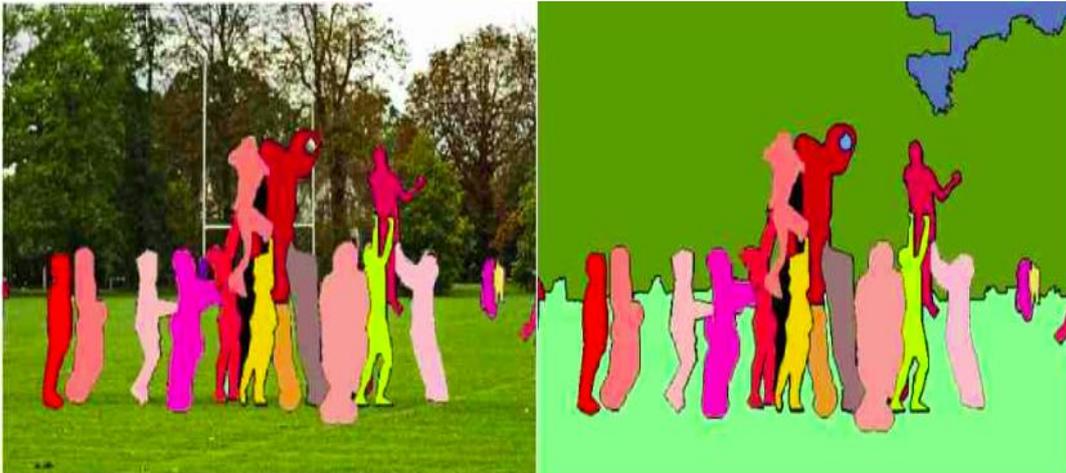


Figure 10: la segmentation des instances[15]

2. Les approches de la segmentation des images :

Le principal objectif de segmentation des images est de fusionner des pixels à des emplacements comparables à l'aide d'une technique d'extraction de caractéristiques.

Le processus de segmentation peut être effectué en utilisant deux approches :

- **approches classiques** : telles que le Clustering, approche basée sur les régions, approches basé sur les bords... etc
- **approches basée intelligence artificielle** : basées sur l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond qui relèvent de l'intelligence artificielle.

2.1 Approchesclassiques :

La segmentation d'images est née du traitement numérique des images et des méthodes d'optimisation. Ces algorithmes de base utilisaient des méthodes telles que la croissance de région, dans lesquelles ils créaient des zones de départ et l'algorithme comparait les valeurs de pixel pour déterminer la carte de segment.

Ces méthodes ont pris une vue locale des caractéristiques d'une image et se sont concentrées sur les différences locales et les gradients de pixels. Les algorithmes qui ont une vue globale de l'image d'entrée sont venus beaucoup plus tard avec des méthodes telles que le seuillage adaptatif,

l'algorithme d'Otsu et les algorithmes de clustering proposés parmi les méthodes de traitement d'image classiques.

2.1.1 Approche basée région

Les approches régions divisent l'image en régions distinctes en recherchant non plus des seuils pour définir les classes, mais la similarité du niveau de gris des pixels en fonction d'un ou plusieurs attributs[13]. Les pixels qui ne sont pas identiques à leurs voisins formeront des bords entre la région du pixel et la région du pixel voisin.

Pour les images en noir et blanc, ce processus peut entraîner le regroupement de pixels inférieurs à 128 d'un côté et de pixels supérieurs à 128 de l'autre.

Pour les images couleur(figure 11), le principe est différent car chaque pixel à 3 composantes (Rouge, Vert, Bleu). Il existe 2 méthodes qui peuvent effectuer une segmentation de région sur des images couleur :

- Méthode de balayage : Nous déterminons d'abord que tous les pixels voisins avec les mêmes 3 composantes de couleur formeront la même région. Des balayages sont ensuite effectués de haut en bas et de droite à gauche pour regrouper les régions présentant des caractéristiques similaires [17].
- Méthode de l'indice de similarité : Semblable à la méthode de balayage, nous regroupons d'abord les pixels de la même couleur. Ensuite, au lieu de scanner l'image, nous regroupons différents pixels avec à peu près les mêmes indices[17].



Figure 11: différentes régions de pixels similaires [13]

2.1.2 La segmentation basée sur la classification des pixels

Les pixels sont les blocs de construction individuels de chaque image numérique, le mot "pixel" a été inventé en combinant le mot "pictureelement". Les cellules de pixels d'une image numérique sont considérées comme des carrés de couleur, l'image affichée à l'écran contient généralement des centaines de milliers de pixels. Lorsqu'un nombre suffisant de ces carrés colorés sont placés côte à côte et affichés, l'image devient continue plutôt qu'un seul pixel [18].

La segmentation basée sur la classification des pixels (figure 12) est basée sur le principe d'utiliser une fenêtre mobile qui calcule la valeur moyenne des pixels pour déterminer quels pixels doivent être inclus dans chaque segment. Au fur et à mesure que la fenêtre se déplace dans l'image, elle recalcule itérativement la valeur pour s'assurer que chaque segment correspond. Il en résulte un groupe de pixels d'image sous la forme d'un segment caractérisé par la couleur moyenne [18].

Les caractéristiques de la segmentation d'image dépendent de trois paramètres : le détail spectral, le détail spatial et la taille minimale du segment[18].

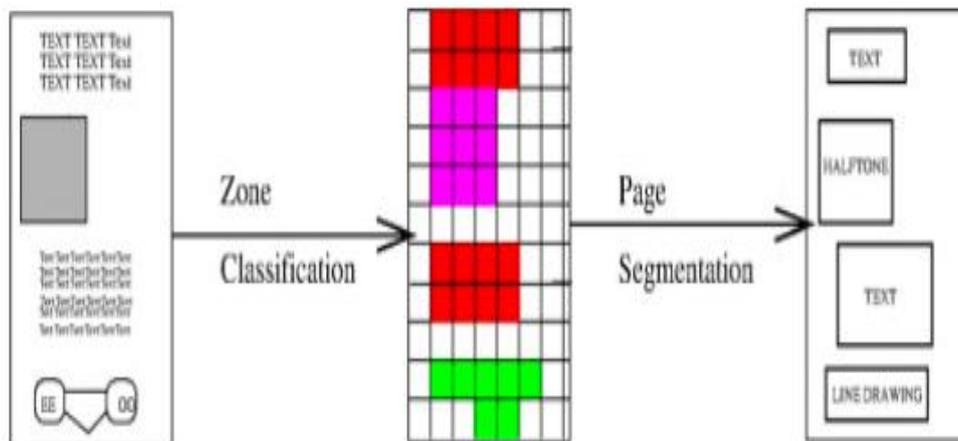


Figure 12: segmentation basée sur la classification des pixels[18]

2.1.2.1 Clustering

Les techniques basées sur les clusters sont des moyens de segmenter une image en clusters qui incluent des pixels avec des attributs similaires. Le clustering est utilisé pour diviser des éléments de données en clusters afin que les mêmes éléments de cluster soient plus similaires les uns aux autres qu'aux autres[19].

Les méthodes non supervisées, telles que les algorithmes de clustering K-means, fonctionnent en regroupant les pixels ayant des propriétés similaires comme appartenant au même segment .

Le clustering K-means, par exemple, considère tous les pixels et les regroupe en "k" classes. Contrairement aux approches de croissance de région, les méthodes basées sur le clustering ne nécessitent pas de point de départ pour commencer la segmentation

2.1.2.2 Seuillage d'histogramme

L'objectif du seuillage est de segmenter l'image en plusieurs couches en utilisant uniquement l'histogramme. On suppose donc que seules les informations liées à l'image permettent une segmentation, c'est-à-dire une classe caractérisée par sa répartition en niveaux de gris. Chaque sommet du graphe est associé à une couche [20].

Il existe de nombreuses méthodes pour seuiller les histogrammes (Figure 13). La plupart de ces méthodes s'appliquent correctement si l'histogramme contient réellement des pics distincts. De plus, ces méthodes sont souvent développées pour traiter le cas particulier de la segmentation bicouche (c'est-à-dire la conversion en images binaires) [20].

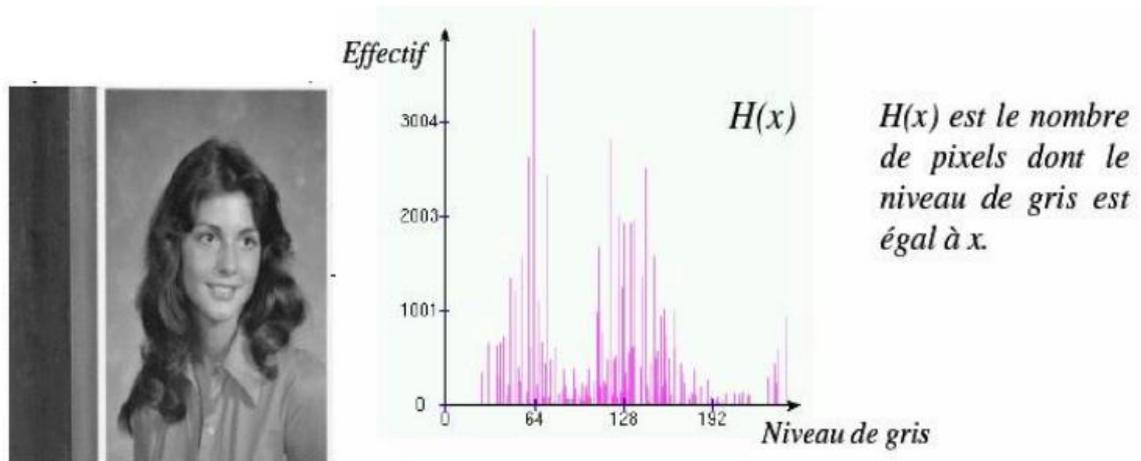


Figure 13: histogramme d'image[20]

2.1.3 La segmentation basée sur l'analyse des caractéristiques spatiales

Cette technique est basée sur une évaluation quantitative de la distribution des niveaux de couleur qui définissent la texture. Il divise l'image en régions distinctes en recherchant non pas des seuils pour définir des catégories, mais la Parmi les techniques de segmentation en régions, on distingue généralement quatre techniques:

2.1.3.1 La segmentation par croissance de régions

C'est une méthode localement récursive dont le principe est de faire croître une région avant de passer à la suivante, sans parcours particulier prédéfini (méthode par agrégation libre de pixels). dont la croissance suit le même critère jusqu'à ce que le critère d'arrêt soit atteint [21].

2.1.3.2 La segmentation par fusion des régions

La segmentation par fusion de régions permet d'obtenir une partition en fusionnant successivement des voisinages répondant aux mêmes critères. Le point de départ de l'algorithme de segmentation par fusion de régions est une image segmentée inverse, c'est-à-dire une image à régions multiples. Généralement la partition utilisée à cet effet comprend une région pour chaque élément de l'image. L'algorithme procède alors en fusionnant successivement les voisinages. Si deux régions répondent aux critères de fusion, elles sont fusionnées. Le partitionnement final est réalisé lorsqu'il n'est plus possible de fusionner des régions, c'est-à-dire qu'il n'y a plus deux régions pour lesquelles la fusion est conforme aux critères[22].

2.1.3.3 Segmentation par division des régions

Également connue sous le nom d'agrégation de pixels, cette méthode consiste à choisir initialement un ensemble de pixels comme graine ou noyau de régions à partir desquelles la croissance des régions aura lieu. La croissance des régions se fait en agrégeant de nouveaux pixels dans ceux d'origine. Il consiste en une fusion successive dans des régions de pixels voisins similaires à condition que les régions fusionnées continuent à respecter le critère d'homogénéité. Par exemple, un critère d'homogénéité ou uniformité est défini par la variance des niveaux de gris[23].

2.1.3.4 Segmentation par division/fusion

La segmentation par division/fusion regroupe les deux types d'approches précédentes. Elle permet de produire automatiquement une partition initiale de l'image en petites régions, qui vont ensuite, se croître en se fusionnant. La partition initiale (Split) est réalisée en divisant récursivement l'image en région de taille identique si un certain critère d'homogénéité n'est pas vérifié. La phase de regroupement (Merge) consiste à regrouper les régions ainsi produites en région plus importantes et qui satisfont un autre critère d'homogénéité [22]

2.2 La segmentation basée sur la morphologie mathématique

La morphologie mathématique est une théorie du traitement non linéaire de l'information et largement utilisée aujourd'hui en analyse d'images (filtrage, segmentation, mesure, analyse de

texture...) et fournie en outils de reconnaissance de formes. La morphologie mathématique, développée à l'origine pour étudier les matériaux poreux, est aujourd'hui utilisée dans de nombreux domaines du traitement d'images, aussi bien 2D que 3 D, en biomédical image, image satellitaire, en robotique et vision par ordinateur, en contrôle industriel , recherche de documents et d'œuvres d'art, analyse de données .

La segmentation d'images par morphologie mathématique est une méthodologie basée sur les concepts de ligne de partage des eaux et de modification de symétrie. Ces deux outils se construisent à partir des transformations morphologiques primaires. Ces transformations initiales sont des transformations morphologiques sur des images en niveaux de gris, notamment des processus d'amincissement et d'épaississement, ainsi que des transformations géodésiques. Ces outils basiques permettent de développer des transformations plus complexes. Parmi eux, le gradient morphologique et sa régulation sont des facteurs importants dans la segmentation des images en niveaux de gris et de la ligne de partage des eaux [23].

2.3Lasegmentation de contour

L'approche de segmentation de contour (figure 14), concerne les contours des objets dans l'image. La plupart des algorithmes qui lui sont associés sont locaux, c'est-à-dire qu'ils opèrent au niveau du pixel. Des filtres de détection des contours sont appliqués à l'image et donnent généralement des résultats difficiles à exploiter à moins que l'image ne soit très contrastée. Les contours extraits sont fragmentés et peu précis la plupart du temps, alors qu'il est nécessaire d'utiliser des techniques pour reconstruire les contours par interpolation ou connaître à l'avance la forme de l'objet recherché[24].

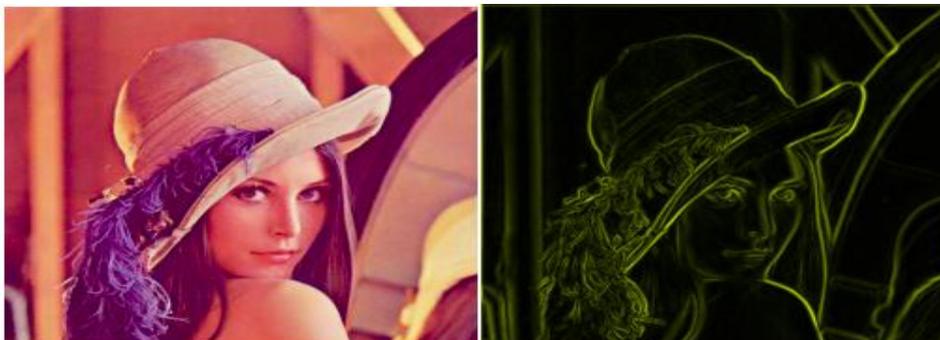


Figure 14: exemple de contours sur image[24]

3. Approches basée intelligence artificielle

La technique moderne de vision par ordinateur, basée sur l'IA et les méthodes d'apprentissage profond, a considérablement évolué au cours de la dernière décennie. Elle est aujourd'hui utilisée pour des applications telles que la classification d'images, la reconnaissance faciale, la reconnaissance d'objets dans les images, le traitement d'images dans les robots et les véhicules autonomes ainsi que l'imagerie médicale[25].

De nombreuses tâches de vision par ordinateur nécessitent une segmentation intelligente de l'image, pour comprendre ce qu'il y a dans l'image et permettre une analyse plus facile de chaque partie. Les techniques de segmentation d'images d'aujourd'hui utilisent des modèles d'apprentissage profond pour la vision par ordinateur afin de comprendre[25].

L'apprentissage profond peut apprendre des modèles avec une entrée visuelle pour prédire les classes d'entités qui composent une image. La principale architecture d'apprentissage en profond la plus couramment utilisée pour la segmentation d'images est le réseau de neurones convolutifs (CNN).

3.1 Réseaux de neurones artificiels(ANN)

Les réseaux neuronaux sont une simulation d'apprentissage multi-couches, l'entrée devrait être une grande quantité de variations d'entrée d'images ou de texte..., à partir de laquelle des règles d'interprétation peuvent être déduites et appliquées pour prédire l'entrée d'une nouvelle image. L'apprentissage profond est un groupe de technologies issues d'un réseau neuronal artificiel (ANN), qui est un sous-domaine de l'apprentissage automatique. Les ANN sont modélés sur le cerveau humain, qui a de multiples nœuds liés et peut transmettre de l'information à l'intérieur d'eux en utilisant des liens[26].

3.2 Réseaux de neurones à convolution (CNN) :

Un réseau de neurones convolutionnels (figure 15) est un type spécifique de réseau de neurones artificiels, un algorithme d'unité d'apprentissage automatique, pour l'apprentissage supervisé. Les CNNs s'appliquent au traitement de l'image, au traitement du langage naturel et à d'autres

types de tâches. Les réseaux de neurones convolutionnels sont conçus pour compléter les lacunes des ANNs, car ces derniers ne parviennent pas à résoudre les tâches de vision par ordinateur lorsqu'il y a de grandes différences dans les images[26].

Le réseau est formé en créant des couches connectées, où La première couche applique la détection des bords, qui se réfère à la détection des bords et de construire des modèles. Les couches suivantes utilisent ces modèles pour la base, prennent des formes plus simples de l'image, et forment plus de modèles qui comprennent différentes échelles d'objets, de positions ou d'illuminations. Les dernières couches font correspondre les images d'entrée avec tous les modèles, et la sortie finale est une somme pondérée de toutes les sorties. Cela permet de gérer les variations complexes des images avec une plus grande précision [26].

Les couches CNN sont délimitées en 3 dimensions : hauteur, largeur et profondeur. Les neurones d'une couche cachée se connectent uniquement à une série partielle de neurones de l'autre couche et ne se connectent pas à tous les neurones. En outre, la sortie est réduite à un seul vecteur de scores de probabilité, organisé le long de la dimension de profondeur. Les couches cachées aident à l'extraction des fonctionnalités ; ceci est fait par les couches de convolution et de regroupement, et la classification finale est faite par la couche entièrement connectée[27]

Les CNN ont trois types de couches :

- Couche de convolution.
- Couche de pooling.
- Couche entièrement connectée.

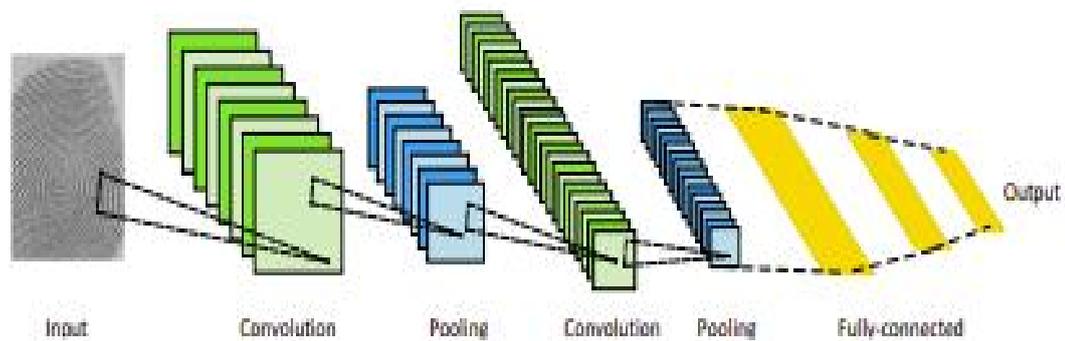


Figure 15 : Architecture des réseaux de neurones convolutionnels[28]

3.2.1 Couche de convolution

Le but de cette couche est d'identifier un ensemble de caractéristiques (features) d'une image en entrée. On nous effectuons un filtrage par convolution: dans le principe est de "faire glisser" la fenêtre représentant le filtre sur l'image et de calculer le produit de convolution entre le filtre et chaque partie de l'image balayée. Donc cette couche reçoit plusieurs images en entrée et utilise chaque filtre pour calculer la convolution de chaque image. Les filtres correspondent exactement aux caractéristiques que nous voulons trouver dans l'image. Pour chaque paire (image, filtre), nous obtenons une carte d'activation « featuremap(output array) » (comme la figure 16), qui nous indique où le caractéristique se trouve dans l'image.[27]

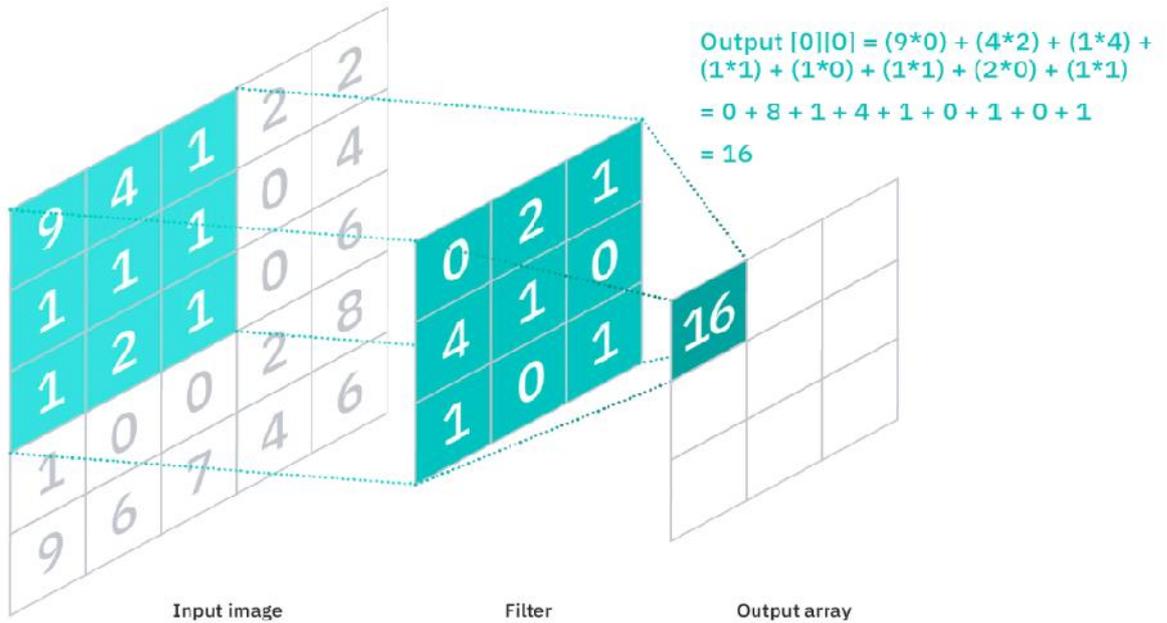


Figure 16: Parcours de filtre sur une image d'entrée[29]

3.2.2 Couche de pooling

Une couche de pooling est ajoutée après la couche de convolution. Cette couche commun est responsable de la réduction de la dimensionnalité et donc de la réduction du nombre de paramètres pour contrôler le temps d'entraînement et éviter le sur-apprentissage. Une technique de Max-Pooling(figure 17), est la technique la plus couramment appliquée. Elle prend la valeur maximale dans chaque fenêtre. Cela permet d'optimiser la taille de la carte des fonctionnalités, garantissant que les informations clés sur l'image sont conservées[26].

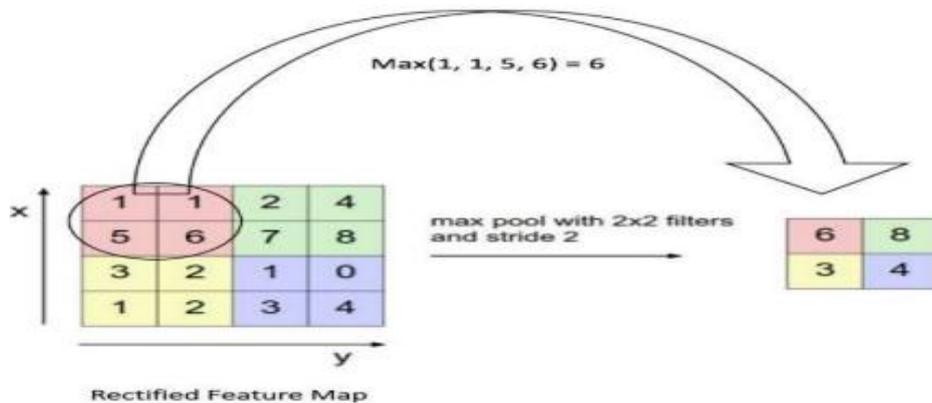


Figure 17: Max Pooling avec un filtre 2x2[30]

3.2.3 Couche entièrement connectée (fully-connected layer)

Après la convolution et le pooling, la carte de caractéristiques finale utilisée pour la tâche de « classification » est exécutée par la couche entièrement connectée. Ces couches entièrement connectées ne peuvent accepter que des données unidimensionnelles. Par conséquent, les données 3D doivent être converties en 1D. Pour cela, les fonctions d'aplatissement Python standard peuvent être utilisées. Les neurones de la couche entièrement connectée ont des connexions complètes à toutes les activations de la couche précédente, et ils fonctionnent exactement comme le font les réseaux de neurones normaux[26].

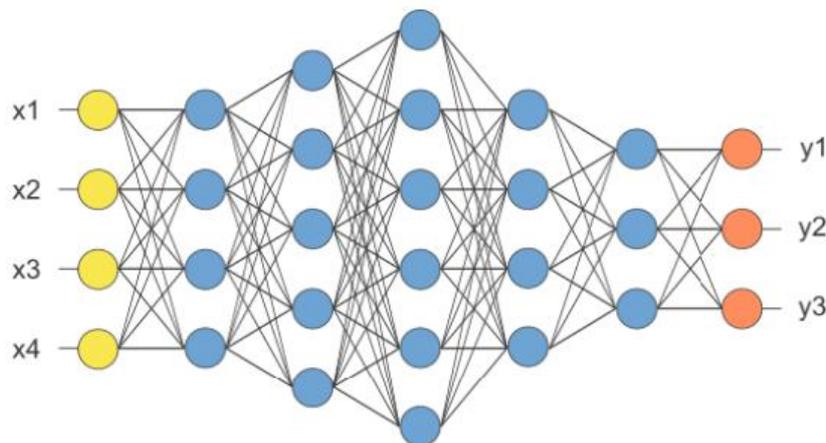


Figure 18: Après la couche pooling en tant que couche FC[30]

3.2.4 Les couches d'activation

Une fonction (couche) d'activation signifie transformer l'entrée en utilisant une somme pondérée vers la sortie. Il utilise un seul nœud ou plus pour le réseau afin de générer la prédiction. Vous pouvez également désigner la fonction d'activation en tant que fonction de transfert. Les fonctions d'activation peuvent également être non linéaires et cela est appelé non linéarité de conception de réseau. Quelle que soit la fonctionnalité d'activation que vous choisissiez, elle aura un impact significatif sur les performances et les fonctionnalités des différentes parties du modèle d'apprentissage automatique.[30]

Comme la fonction Relu, elle remplace toutes les valeurs négatives dans les entrées par des zéros. (Figure 19). Il agit comme une fonction d'activation. $\text{ReLU}(x) = \text{Max}(0, x)$ [30]

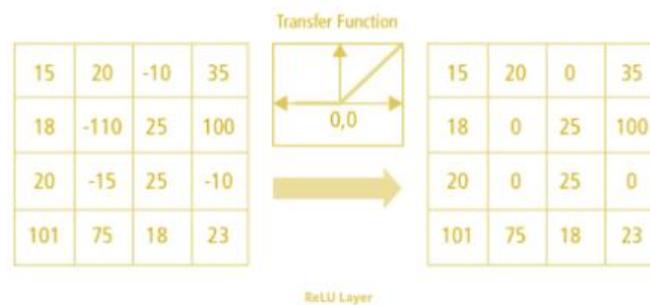


Figure 19: Couche de correction Relu[30]

3.3 Les réseaux convolutionnelles encodeur-décodeur

Un réseau d'encodeurs-décodeurs convolutionnels est un réseau standard basé sur Les CNNs utilisé pour les tâches nécessitant des prédictions denses dans le sens des pixels, comme la segmentation sémantique, le calcul du flux optique et des cartes de disparité, et la détection des contours[31].Le réseau a la capacité de modéliser des caractéristiques comme la forme ou l'apparence de différentes classes et de modéliser les relations spatiales à longue portée.

Il existe de nombreux modèles encodeur-décodeur (Unet, deeplab, Enet...), l'ingénierie de ces modèles repose sur le même principe (encodeur-décodeur). L'encodeur calcule progressivement des caractéristiques abstraites de niveau supérieur à mesure que les champs réceptifs dans l'encodeur augmentent avec la profondeur de l'encodeur (comprime l'entrée dans un espace latent). La résolution spatiale des cartes de caractéristiques est progressivement réduite par une opération d'échantillonnage descendant. Le décodeur calcule des cartes caractéristiques d'augmentation progressive de la résolution via une décompression ou un échantillonnage ascendant (vise à prédire la sortie de la représentation de l'espace latent).[31], [28]

Ces modèles sont habituellement formés en minimisant la perte de reconstruction $L(y, \hat{y})$, qui mesure les différences entre la sortie sol-vérité y et la reconstruction subséquente \hat{y} . Le résultat ici pourrait être une version améliorée de l'image (comme dans l'image de flou, ou super-résolution), ou une carte de segmentation [28].

La figure 20 illustre le schéma fonctionnel d'un modèle simple d'encodeur-décodeur.

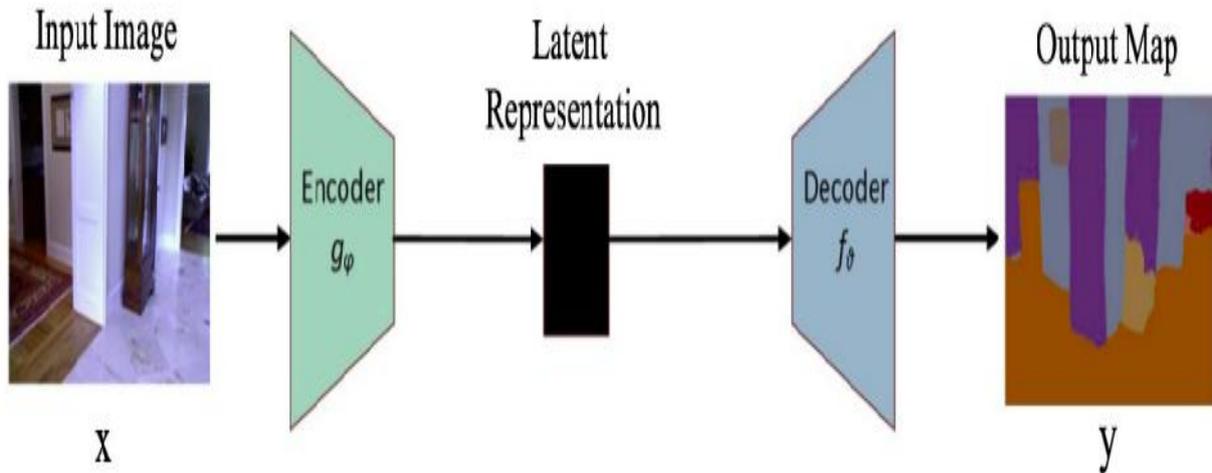


Figure 20: L'architecture d'un modèle simple d'encodeur-décodeur[28]

3.3.1 Couches utilisées dans Les réseaux convolutionnelles encodeur-décodeur

Les couches de réseau encodeur-décodeursont les mêmes que les couches CNN, sauf que la couche de déconvolution. Est également connu sous le nom de La couche convolutionnelle transposée. Une couche déconvolutionnelle inverse le fonctionnement d'une couche convolutionnelle. (Si la sortie générée par une couche convolutionnelle, avec l'application déconvolutionnelle, vous récupérez l'entrée originale).[32]

Une couche convolutionnelle transposée, est généralement effectuée pour le suréchantillonnage. Pour générer une carte des caractéristiques de sortie dont la dimension spatiale est supérieure à celle de la carte des caractéristiques d'entrée. La couche convolutive transposée est également définie par le padding et stride. Ces valeurs de padding et de stride sont celles qui ont été hypothétiquement réalisées sur la sortie pour générer l'entrée. Si vous prenez la sortie, et effectuez une convolution standard avec stride et padding définis, il va générer la dimension spatiale même que celle de l'entrée.[32]

La figure ci-dessous présente la déconvolution d'une entrée :

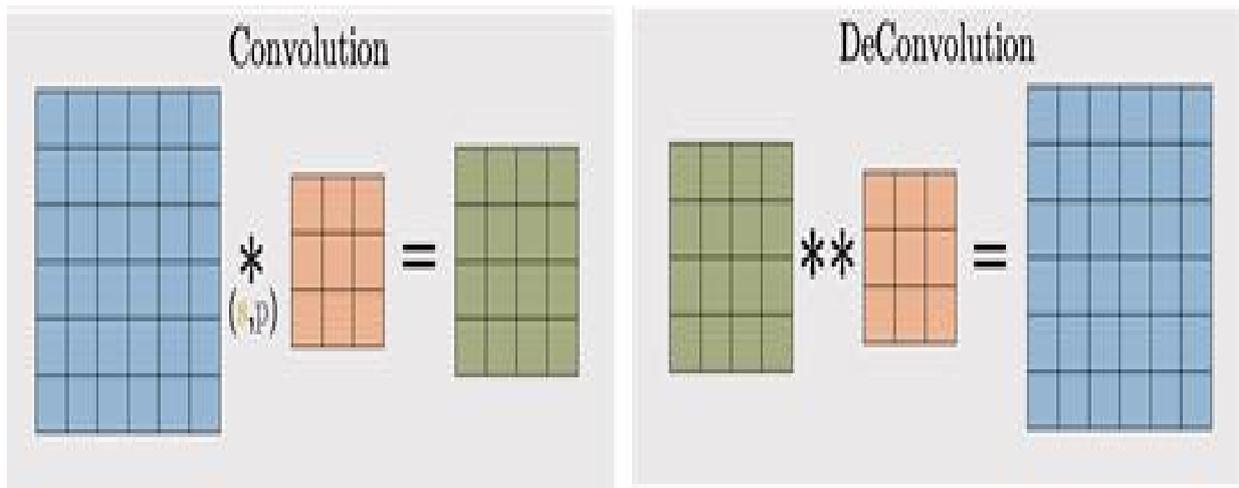


Figure 21: la déconvolution d'une entrée[32]

3.4 Architectures d'apprentissage profond CNN utilisées pour la segmentation :

- SegNet

Est un modèle de segmentation sémantique. Cette architecture de segmentation de base entraînable se compose d'un réseau de codeurs et d'un réseau de décodeurs correspondant suivi d'une couche de classification pixel par pixel. Le rôle du réseau de décodeurs est de mapper les cartes de caractéristiques du codeur à basse résolution sur des cartes de caractéristiques à pleine résolution d'entrée pour une classification pixel par pixel. La nouveauté de SegNet réside dans la manière dont le décodeur sur échantillonne ses cartes de caractéristiques d'entrée de résolution inférieure. Spécifiquement, le décodeur utilise des indices de regroupement calculés à l'étape de regroupement maximal du codeur correspondant pour effectuer un suréchantillonnage non linéaire[33].

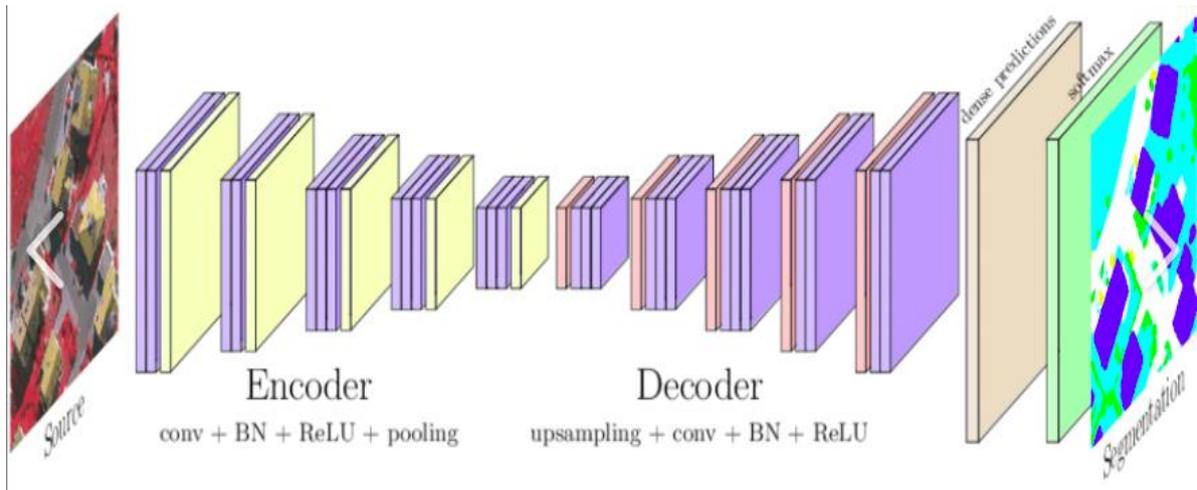


Figure 22: architecture du SegNet[33]

• ENet

(Efficient Neural Network) nous donne la possibilité d'effectuer une segmentation sémantique par pixel en temps réel. ENet est jusqu'à 18 fois plus rapide, nécessite 75 fois moins de FLOP, à 79 fois moins de paramètres et offre une résolution comparable ou meilleure aux modèles actuels, à l'exception des images médicales pathologiques[34].

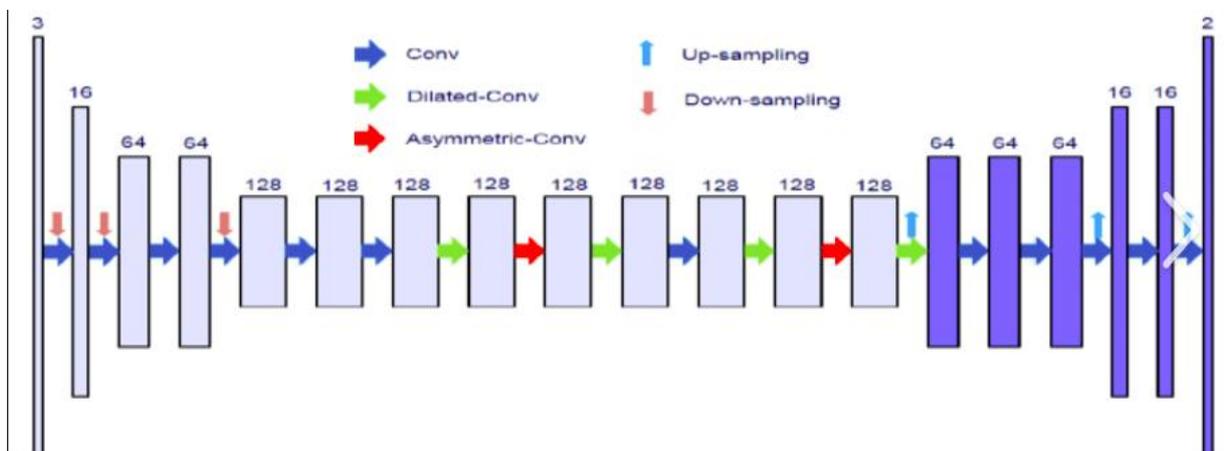


Figure 23: architecture de l'E-Net[34]

• DeepLab

Est une architecture de segmentation sémantique. Tout d'abord, l'image d'entrée passe par le réseau à l'aide de convolutions dilatées, ensuite, la sortie du réseau est interpolée de manière

bilinéaire et passe par le CRF entièrement connecté pour affiner le résultat, nous obtenons les prédictions finales [35].

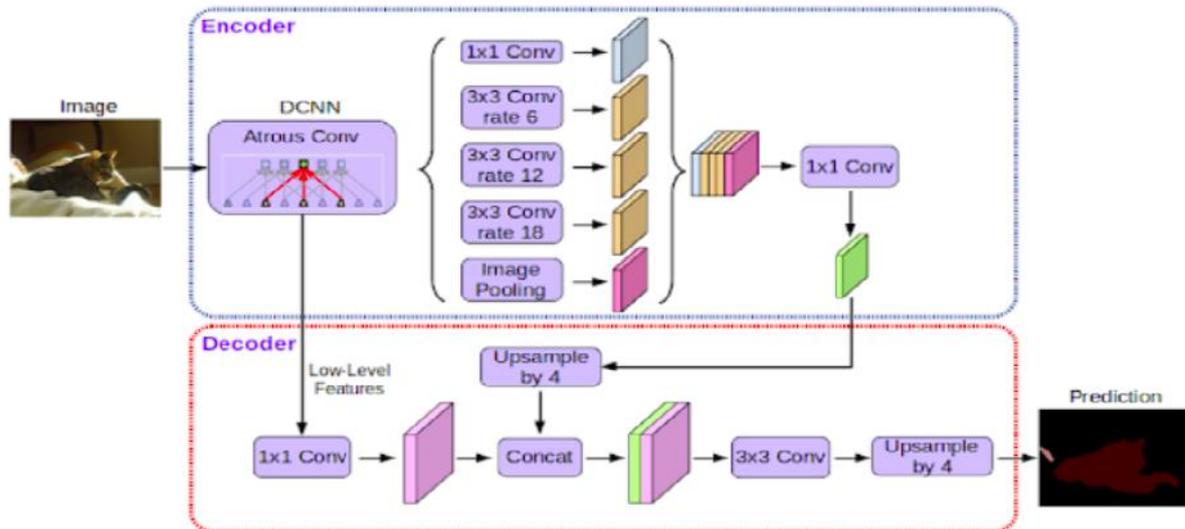


Figure 24: architecture de deeplab[35]

- UNet

Est une architecture plus élégante, dite "réseau entièrement intégré", son idée principale est de compléter un réseau contractuel par couches successives, les opérations de mutualisation sont remplacées par des opérations mathématiques de suréchantillonnage. Ainsi, ces couches augmentent la résolution de la sortie. Alternativement, une couche de convolution successive peut alors apprendre à assembler une sortie exacte à partir de ces informations[36].

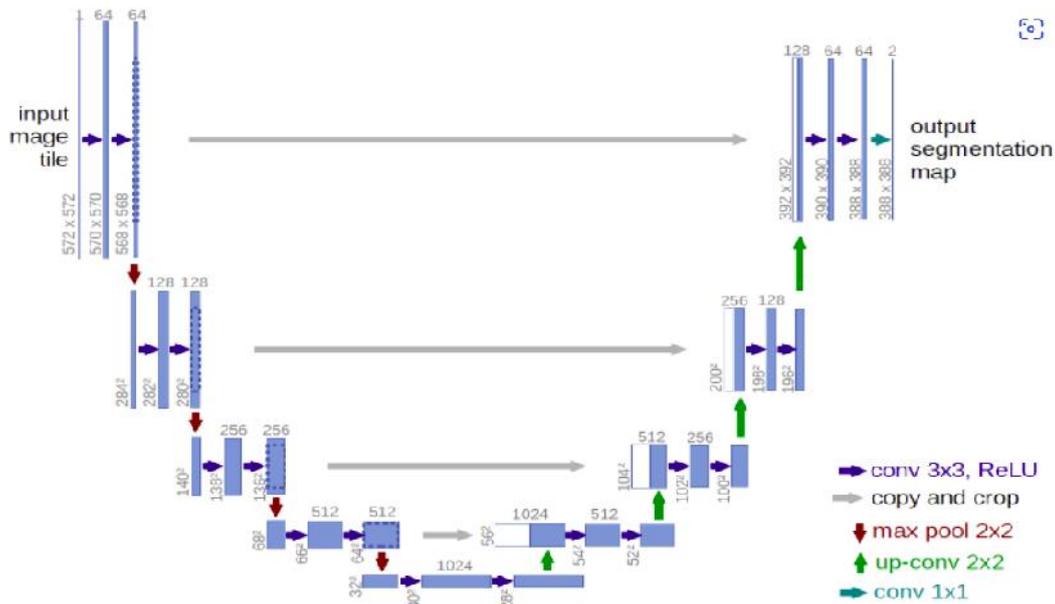


Figure 25: architecture d'Unet[36]

4. Les travaux connexes :

La segmentation des images pathologiques est un problème fondamental en vision par ordinateur depuis le début du domaine. Ces dernières années, de nombreuses recherches ont été menées pour segmenter les images histologiques du cancer du sein.

Dans ce contexte nous parlerons des modernes méthodes utilisant des approches apprentissage profond, où les variantes CNN sont appliquées pour la segmentation :

Les auteurs dans[37], ont proposé un pipeline de traitement pour la segmentation automatique des images de cancer du sein colorées présentant différents types de motifs histopathologies, la précision de segmentation estimée et l'intersection pondérée en fréquence sur l'union (F-IoU) étaient de 95,62 %, 92,52 %. Et dans[38], ils ont proposé un schéma de segmentation ROI utilisant un réseau de neurones à convolution profond à balayage rapide (fCNN), ils adoptent une méthode de classification par pixel. Un réseau de propagation vers l'avant optimisé est utilisé pour la classification. Les résultats de leur méthode atteignent une précision de 91%, un rappel de 81 %, un score F1 de 85 %.

Les chercheurs dans [39], ont travaillé avec Mask RCNN, ce modèle bénéficie des propositions de région générées par le biais du réseau de proposition de région (RPN). Après la

génération des propositions de région, l'extraction des caractéristiques est effectuée à l'aide de Faster RCNN. Leur modèle offre une précision de 98,16 % en matière de classification des images histologiques du cancer du sein, ce qui est plus élevé qu'avec les modèles sans segmentation. Selon [40], les chercheurs présentent un cadre basé sur l'apprentissage profond pour une segmentation efficace et robuste des métastases des ganglions lymphatiques dans des images histopathologies de diapositives entières (WSI) couramment utilisées. Les résultats de leur méthode atteignent une précision de 89,6 %, un rappel de 83,8 %, un score F1 de 84,4 % et un IoU de 74,9 %.

Les auteurs dans [41], présentent deux algorithmes informatiques, l'un conçu pour la segmentation des noyaux et l'autre pour la classification d'images de tissus sur lame entière. L'algorithme de segmentation met en œuvre un réseau d'agrégation résiduelle profond à plusieurs échelles pour segmenter avec précision la matière nucléaire, puis séparer les noyaux agglutinés en noyaux individuels. L'algorithme de classification effectue initialement une classification au niveau du patch via une méthode d'apprentissage profond, puis les caractéristiques statistiques et morphologiques au niveau du patch sont utilisées comme entrées dans un modèle de régression de forêt aléatoire pour la classification d'images de diapositives entières. L'algorithme de segmentation a obtenu un score de précision de 0,78 et un score de classification de 0,81.

Les chercheurs dans [37], ont proposé le développement d'une méthode de segmentation des noyaux cellulaires basée sur des techniques d'apprentissage profond, pour l'extraction de certaines caractéristiques morphométriques, colorimétriques et texturales de noyaux segmentés individuels, sur la base des caractéristiques extraites, construction de classificateurs efficaces pour détecter les cas malignes ou bénignes. Les méthodes de segmentation utilisées dans leur travail sont basées sur des réseaux de neurones entièrement convolutionnels et l'algorithme de bassin versant contrôlé par marqueurs. Des différentes méthodes ont été utilisées Pour la classification. La segmentation des noyaux cellulaires atteint une précision de 90 % pour les noyaux bénignes et de 86 % pour les noyaux malignes selon le score F. La précision maximale de la classification atteint 80,2% à 92,4%, selon le type (maligne ou bénigne) des noyaux cellulaires.

Conclusion :

Dans ce chapitre nous avons parlé de la segmentation, sa définition, ses types et cas d'utilisation, après cela nous avons évoqué la segmentation basée sur l'apprentissage profond en montrant quelques architectures. Et dans la dernière partie du chapitre, certains des travaux connexes ont été montrés.

CHAPITRE 03

Implémentation d'un modèle de segmentation d'image anapath

Introduction :

À l'heure actuelle, la segmentation automatique des images pathologiques du cancer du sein à base des réseaux de neurones convolutionnels reste un problème de recherche très important. Avoir un taux de précision très élevé nécessite la conception d'un modèle très approfondi et un bon prétraitement.

Pour obtenir un bon résultat précis plusieurs architectures sont réalisées, Parmi eux le modèle U-Net choisis dans notre travail. Ce modèle a pu atteindre un résultat satisfaisant dans les images médical.

Nous commençons ce chapitre par quelque définition, une présentation du DataSet utilisé et son prétraitement que nous lui appliquons, ainsi que l'architecture du modèle et les résultats obtenus.

1. Environnement de travail:

Nous avons utilisé dans notre travail Google Colab (Colaboratory) qui permet d'écrire et d'exécuter du code Python dans le navigateur avec aucune configuration requise et accès gratuit temporel aux GPU[42].

2. Environnement logiciel:

- **Python :**

Python est un langage de programmation interprété, multi-paradigmes et multiplateformes. Ce langage s'est positionné à la pointe de la gestion d'infrastructure, de l'analyse de données ou dans le domaine du développement de logiciels et l'intelligence artificielle[43].

- **Open CV :**

Open CV (Open Computer Vision) est une bibliothèque graphique gratuite, développée à l'origine par Intel, spécialisée dans le traitement d'images en temps réel[44].

Il fournit la plupart de l'opération standard de traitement d'image de bas niveau

- lecture, écriture et affichage d'une image.
- Calcule l'histogramme des niveaux de gris ou l'histogramme des couleurs.
- Lissage, filtrage.
- Seuillage d'image.
- Utilisation des couleurs
- La segmentation.
- Morphologie mathématique.



3. Processus proposé:

Dans ce travail, afin de segmenter les images histopathologiques du cancer du sein, nous avons suivi l'approche décrite dans la figure ci-dessous. En commençant par un prétraitement sur les images du dataset utilisées pour générer les masques. Ensuite les diviser en trois ensembles : train, test et validation pour entraîner et tester le modèle de segmentation.

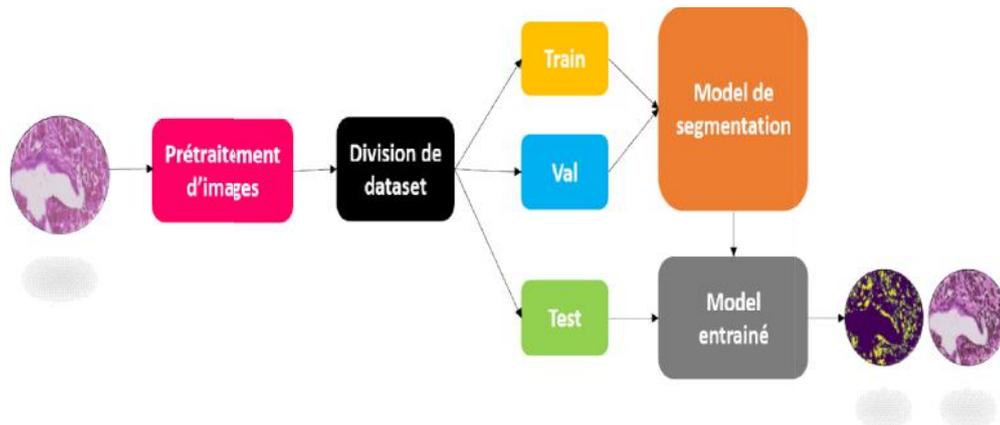


Figure 26: processus proposé

4.Data set utilisée :

Dans notre travail, nous avons utilisé un ensemble de données des images histopathologies du cancer du sein appelée « BreaKHis » [5], qui ont été recueillies auprès de 82 patientes en utilisant différents facteurs d'agrandissement: 40, 100, 200 et 400, Colorées à l'hématoxyline-éosine (HE), Cette base de données a été construite en collaboration avec le P&D - Anatomie Pathologique et Cytopathologie, Paraná, Brésil.

Les images sont divisées en tumeurs bénignes et malignes, dans notre travail nous avons utilisé les images malignes avec le facteur d'agrandissement « 200X ». Les images malignes présentant quatre types de tumeur, dans la figure suivante ont été cités une image de chaque type :

- A. ductal_carcinoma
- B. lobular_carcinoma
- C. mucinous_carcinoma
- D. papillary_carcinoma

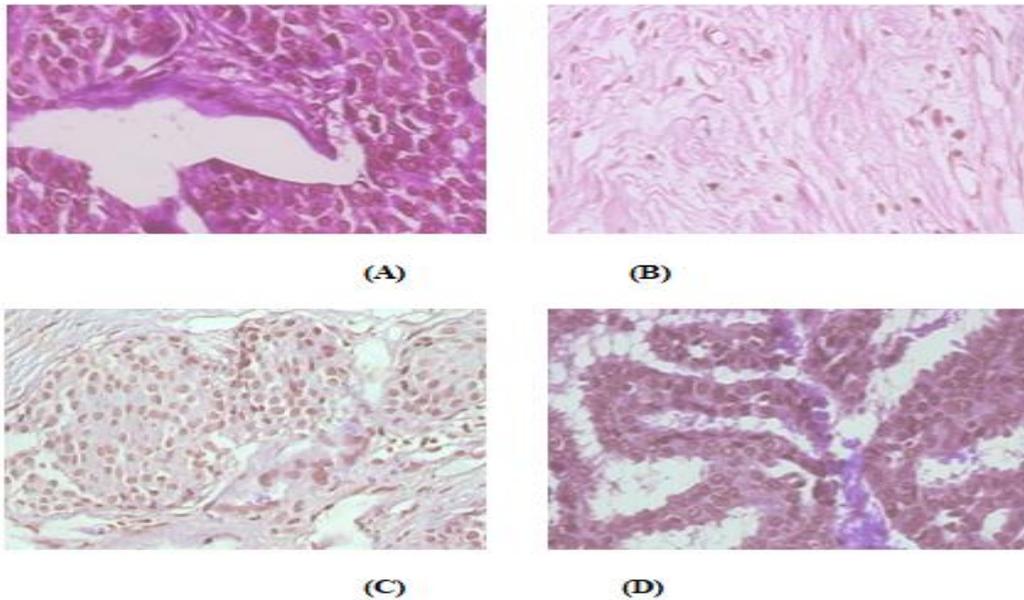


Figure 27: des échantillons d'images de BrekHis maligne[5]

5. Génération des masques :

Afin d'accomplir notre objectif, nous effectuons différentes opérations sur les images avant leur utilisation dans notre réseau CNN :

5.1 Détection de couleur

La détection des couleurs est le processus de détection du nom de n'importe quelle couleur. Pour les humains, c'est une tâche extrêmement facile, mais pour les ordinateurs, ce n'est pas simple. Les yeux et le cerveau humains travaillent ensemble pour traduire la lumière en couleur. Les récepteurs de lumière présents dans nos yeux transmettent le signal au cerveau. Notre cerveau reconnaît alors la couleur.

Le rouge, le vert et le bleu sont les trois couleurs primaires qui composent toute couleur disponible. Chaque valeur de couleur dans un ordinateur est définie comme un nombre compris entre 0 et 255.

Un groupe de chercheurs a développé la bibliothèque de détection de couleurs « *colordetect* », qui est une bibliothèque graphique gratuite qui vous permet d'extraire les couleurs directement de l'image et calculer le pourcentage de chaque couleur[45].

Les étapes d'extraction de couleur :

Les figures suivantes présentent un processus simple d'extraction des couleurs d'une image donnée. La figure 28 montre une image extraite du dataset "BreakHis" sur lequel nous allons appliquer notre travail, la figure suivante (figure 29) représente les instructions d'importation du package, sélection de l'image et application de la fonction souhaitée "*user_image.get_color_count()*".

La figure 30 affiche le résultat de la fonction que nous avons appelé : la couleur et leur pourcentage dans l'image.

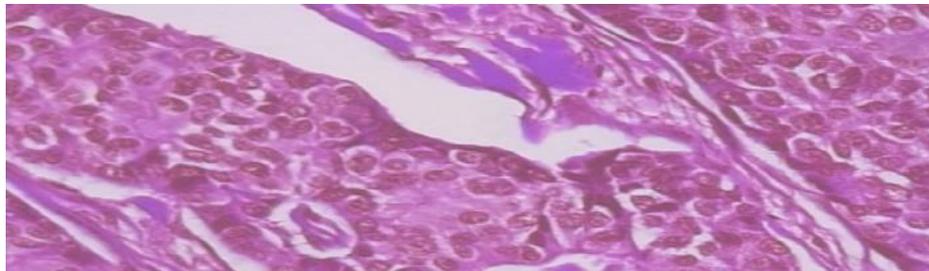


Figure 28: images de BreakHis maligne[5]

```
from colordetect import ColorDetect

user_image = ColorDetect('media/random_balls.jpg')

colors = user_image.get_color_count()

print(colors)
```

Figure 29: détection de couleur

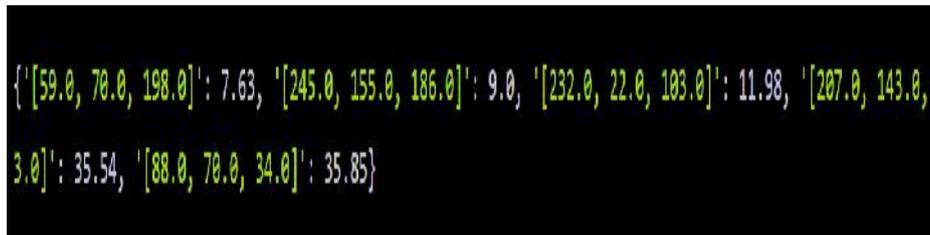


Figure 30: les couleurs existant dans l'image et leur pourcentage

5.2 Annotation des masques:

Après l'extraction des couleurs des cellules cancéreuses de chaque type de la tumeur. Nous avons établi les étapes suivantes pour obtenir le masque représentant les régions cancéreuses du tissu de chaque image :

- Chercher la couleur trouvée précédemment en utilisant un intervalle proche de la couleur principale.
- Séparation des espaces colorés par l'intervalle de couleur choisi par rapport à l'image globale.
- Générer un masque de deux classes, représentant la tumeur et l'autre le reste d'image (background).

Dans les figures suivantes nous présentons quelques masques nous avons obtenu :

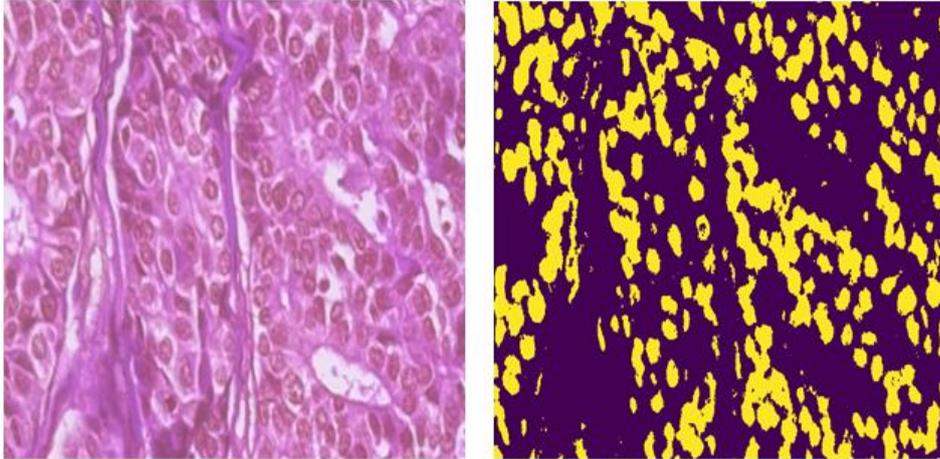


Figure 31: image et le masque de classe ductale_cancirnoma

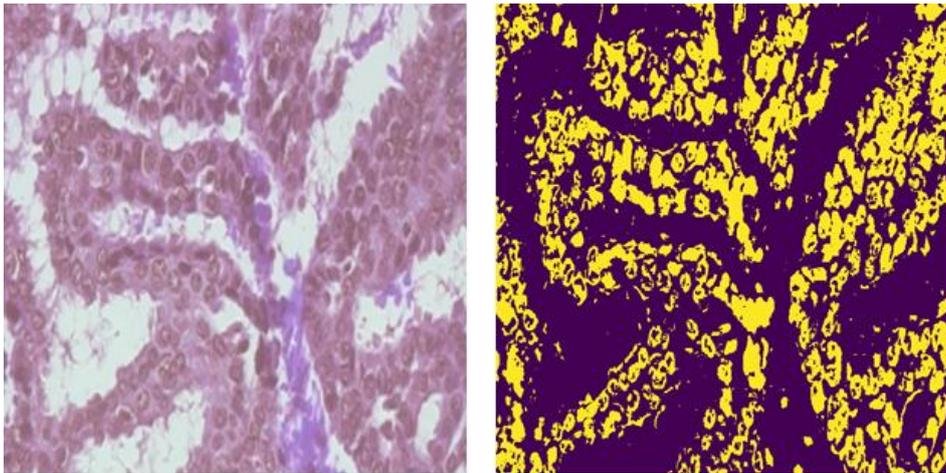


Figure 32: image et masque de classe papillary_carcinoma

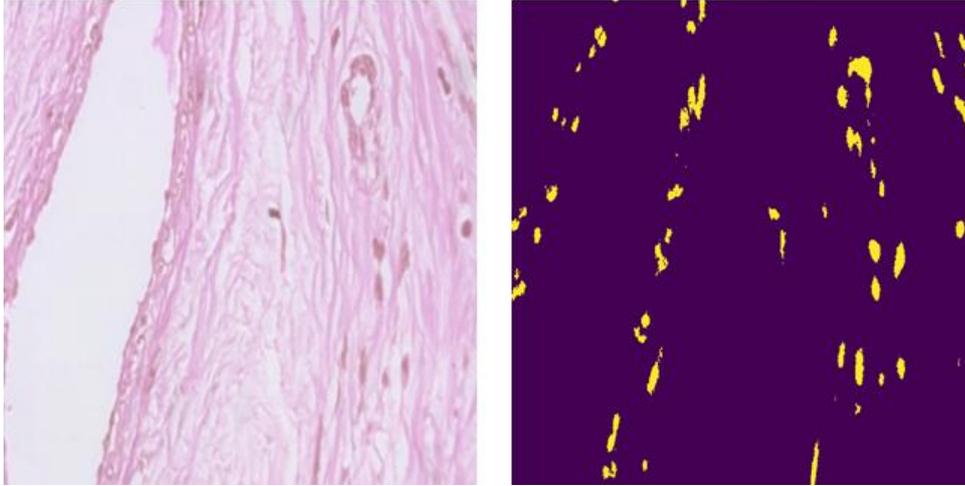


Figure 33: image et mask de classe lobular_carcinoma

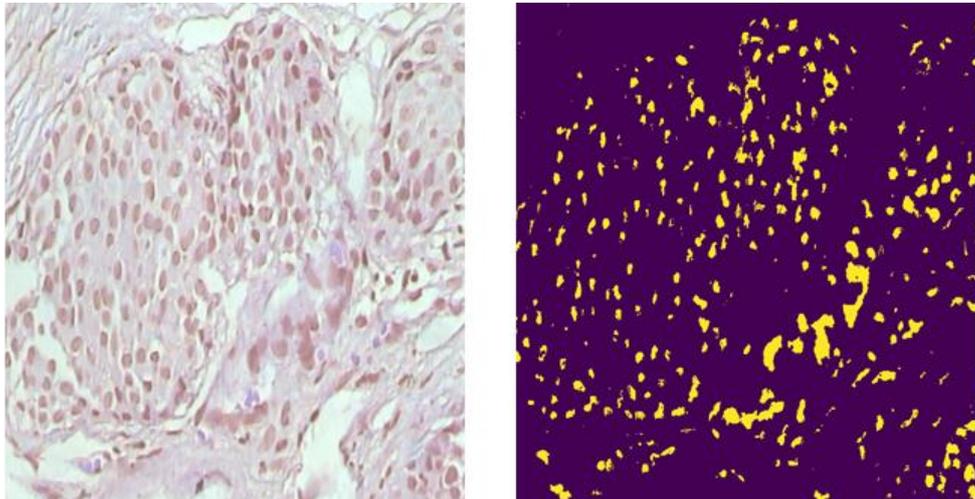


Figure 34: image et mask de classe mucinous_carcinoma

6. L'algorithme utilisé pour Le prétraitement :

Algorithme de génération des masques

```
Liste_type = Lire [Chemin]
Liste_Cap = lire [Chemin]
N= len (liste Liste_type)
Masques = []
Pour I de 0 a N faire:
Liste_img = Lire (list_type [i])

List_Cap = [List_cap [i]]
    X = len (list cap)
List_color = []

Pour J de 0 a X faire :
    Cap = Lire list cap [J]

Color = color detect (cap)

List_color. Append (color)
    Fin pour.
Lower = min.Liste_color
Upper = max.Liste_color
Image = CV2 .RGB 2 HSV (Liste_img [i])
mask = CV2. In range (Image, Lower, Upper)
Masques.append(mask)
Fin pour.
```

Table 1: Algorithme de génération des masques

7. Organisation des images de dataset :

Notre modèle nécessite des images d'entrée de taille 256 x 256 x 3, mais les images utilisées ont des tailles différentes. Nous devons donc redimensionner les images pour l'apprentissage. Ensuite nous avons divisé les données en trois parties : données d'apprentissage, données de test et données de validation (figure 35).

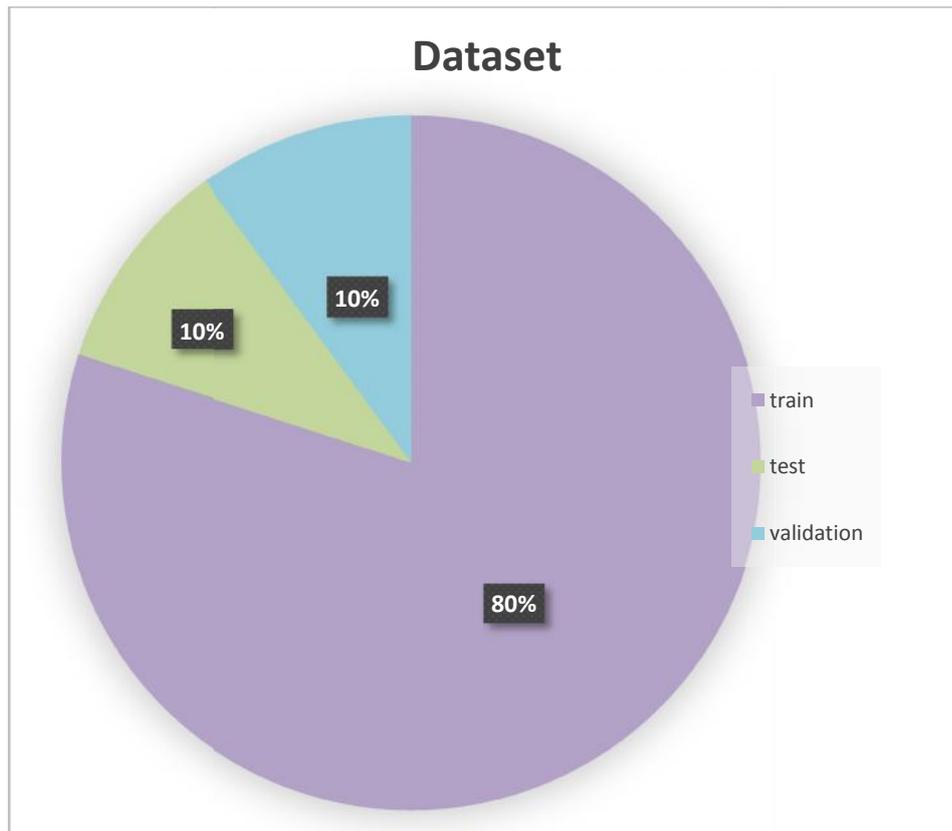


Figure 35: Organisation des images de dataset

8. Le modèle de segmentation :

Dans notre étude, on a utilisé le modèle UNet, est l'un des réseaux de neurones les plus utilisés pour la segmentation sémantique d'image, développé pour la segmentation d'images médicales.

Visuellement, U-Net(Figure 35) a une forme en « U » et composé de trois sections : La contraction, le goulot d'étranglement et la section d'expansion.

- **La première section (encodeur) :** utilisée pour récupérer le contexte d'une image. Ce bloc constitue d'une combinaison de couches de convolution et de max pooling permettant de collecter les caractéristiques d'une image et de diminuer le nombre de paramètres du réseau. Cela consiste de deux couches de convolution 3x3 répétitives. Chaque couche est suivie d'une fonction d'activation ReLU et d'une couche dropout (0.2) qui aide à prévenir le sur-ajustement (overfitting). Ensuite, une couche de max pooling 2x2 est appliquée pour réduire les dimensions spatiales.
- **Le goulot d'étranglement :** relie l'encodeur et le réseau de décodeurs et complète le flux d'informations. Il se compose de deux couches de convolutions 3x3, où chaque couche est suivie d'une fonction d'activation ReLU et une couche dropout (0.2).
- **Le deuxième bloc :** (décodeur) permet la localisation précise grâce à la convolution transposée et permet également de retrouver la taille initiale de l'image. Le décodeur commence par un sur-échantillonnage (*upsampling*) de la carte des caractéristiques (featuremap) suivie d'une couche de convolution 2x2 transposée. Après, deux couches de convolutions 3x3 sont utilisées, où chaque convolution est suivie d'une fonction d'activation ReLU et dropout (0.2). La sortie du dernier décodeur passe par une couche de convolution 1x1 avec une fonction d'activation softmax.

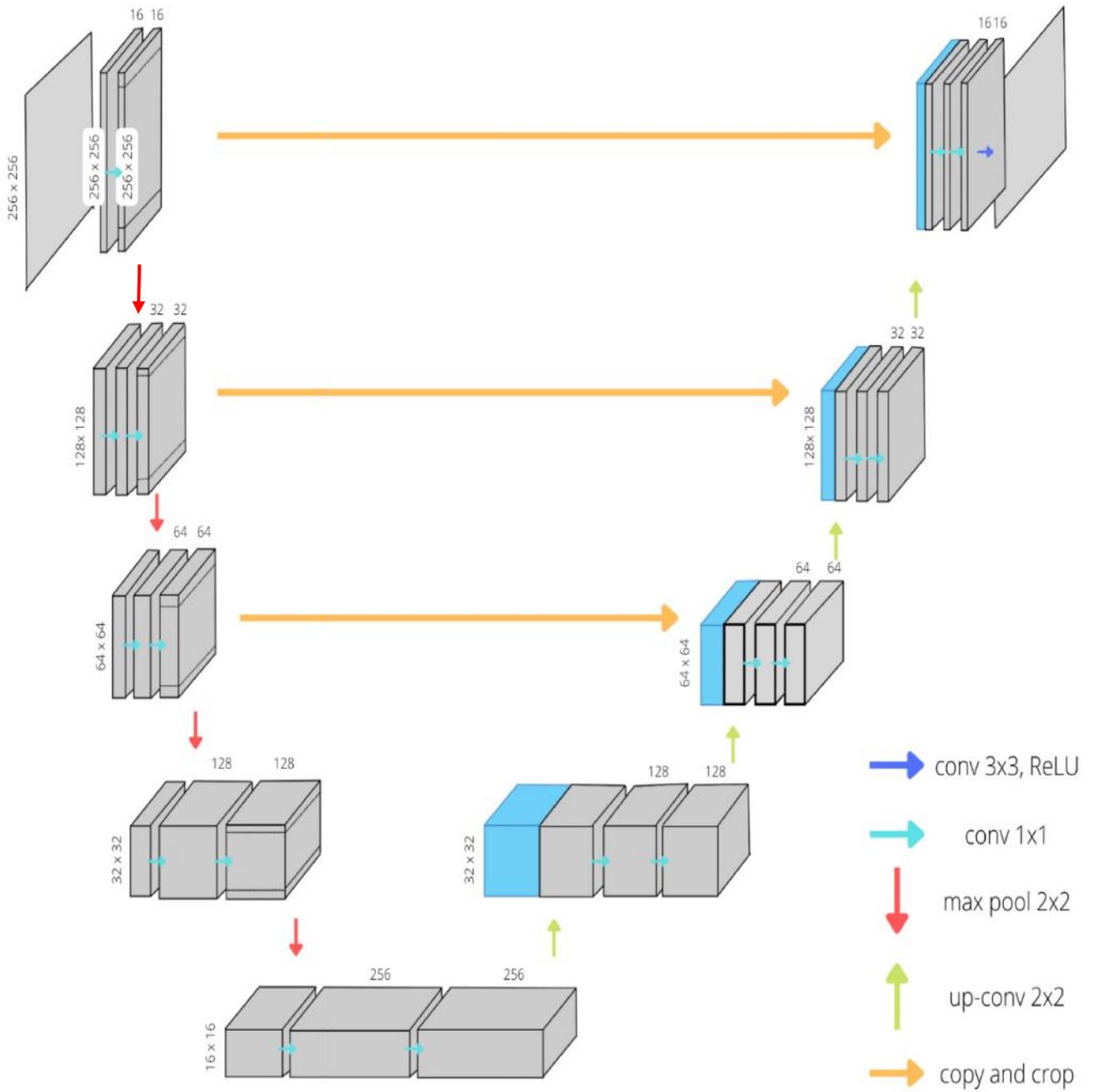


Figure 36: architecture du notre modèle UNet

10. L'entraînement du modèle

10.1. Les métriques d'évaluation

Premièrement nous verrons d'abord une définition pour les méthodes d'évaluations utilisé dans ce modèle, on a quatre méthodes mentionné dans cette suite :

- Accuracy :

La précision est une mesure qui décrit généralement les performances du modèle dans toutes les classes. Il est utile lorsque toutes les classes sont d'égale importance. Il est calculé comme le rapport entre le nombre de prédictions correctes et le nombre total de prédictions.

$$\text{Accuracy} = \frac{True_{positive} + True_{negative}}{True_{positive} + True_{negative} + False_{positive} + False_{negative}}$$

- Précision

La précision est calculée comme le rapport entre le nombre d'échantillons positifs correctement classés et le nombre total d'échantillons classés comme positifs (correctement ou incorrectement). La précision mesure l'exactitude du modèle à classer un échantillon comme positif.

$$\text{Précision} = \frac{True_{positive}}{True_{positive} + False_{positive}}$$

- Recall

Le rappel est calculé comme le rapport entre le nombre d'échantillons positifs correctement classés comme positifs et le nombre total d'échantillons positifs. Le rappel mesure la capacité du modèle à détecter les échantillons positifs. Plus le rappel est élevé, plus les échantillons positifs détectés sont nombreux.

$$\text{Recall} = \frac{True_{positive}}{True_{positive} + False_{negative}}$$

- IoU (Intersection over Union)

Est une métrique utilisée pour évaluer la précision de tout modèle entraîné pour un ensemble de données particulier. C'est l'une des métriques d'évaluation couramment utilisées pour la segmentation sémantique des images. IoU est généralement utilisé pour les détecteurs d'objets CNN qui sont essentiellement des algorithmes qui peuvent avoir des cadres de délimitation prédits pour l'évaluation des performances.

IoU comme son nom l'indique comme la représentation de la formule comme suit :

$$\text{IoU} = (\text{Intersection}) / (\text{Union}) = (\text{Area of overlapped region}) / (\text{Area of union region})$$

Les valeurs de sortie attendues encodées sont appelées y_{true} et les valeurs de sortie softmax prédites sont appelées y_{pred} .

$$\text{Intersection} = y_{\text{true}} * y_{\text{pred}}$$

$$\text{Union} = y_{\text{true}} + y_{\text{pred}} - \text{Intersection}$$

Pour entraîner notre modèle nous avons joué les paramètres suivant :

- Ñ **Batch size** : est un hyper-paramètre de descente de gradient qui contrôle le nombre d'échantillons d'entraînement à traiter avant la mise à jour des paramètres internes du modèle.
- Ñ **Epoch** : Le nombre d'époques est un hyper paramètre de descente de gradient qui contrôle le nombre de passages complets dans l'ensemble de données d'apprentissage.

Alors nous avons lancé l'apprentissage du model par plusieurs valeurs du batch-size et différent nombre d'épochs. Voici les résultats obtenu après la modification des valeurs de ces options :

Taux d'apprentissage			
	batch_size=16 epochs= 100	batch_size=32 epochs= 100	batch_size=64 epochs= 100
Accuracy	95%	95%	94%
Loss	10%	10%	12%
IOU	95%	95%	94%

Table 2: Taux d'apprentissage en changeant batch_size et epochs

Les graphes suivants (figure 13, 14,15) présentent accuracy, loss et IoU du modèle pour les différentes valeurs de batch-size :

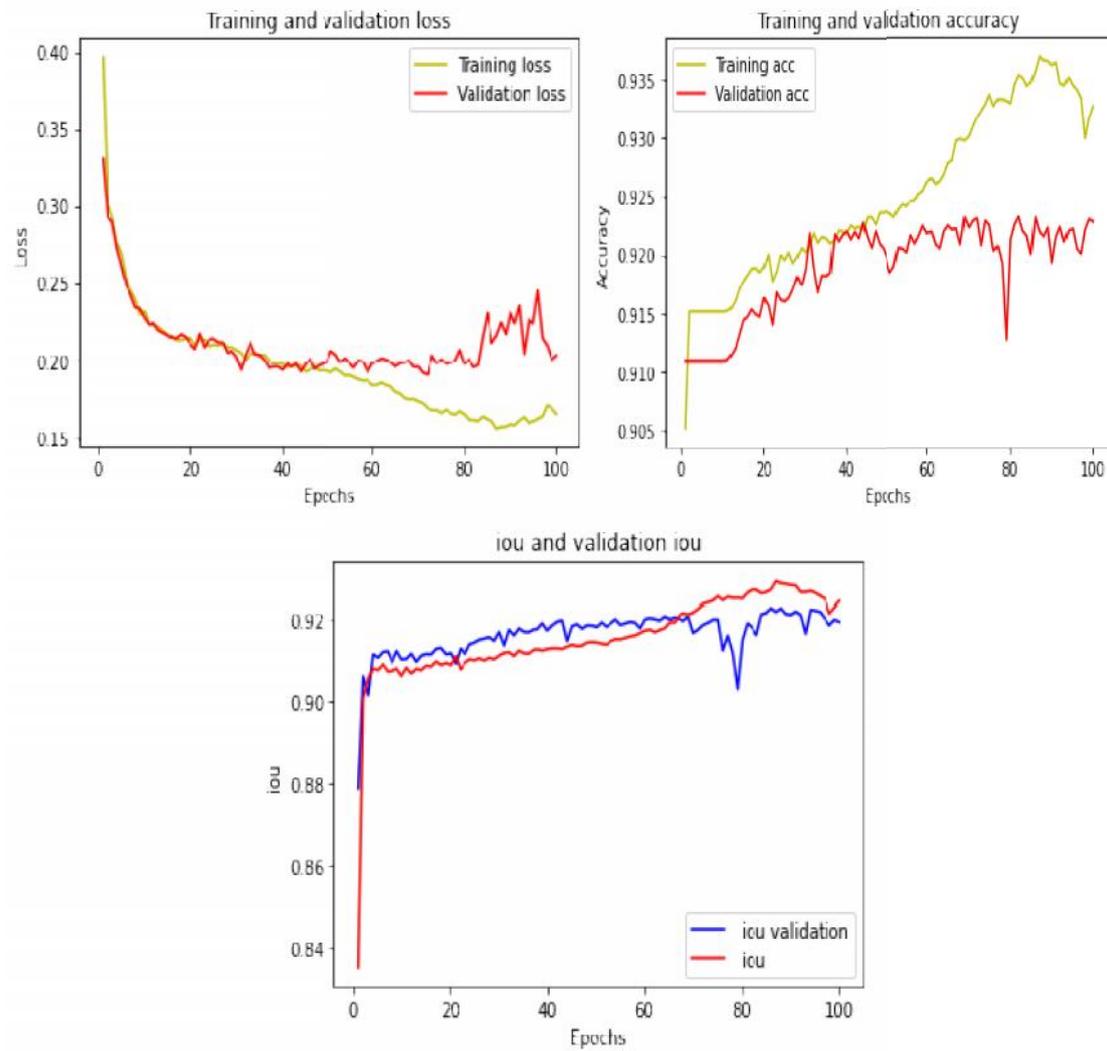


Figure 37: graphe de accuracy et de loss et de IOU, batch_size=16

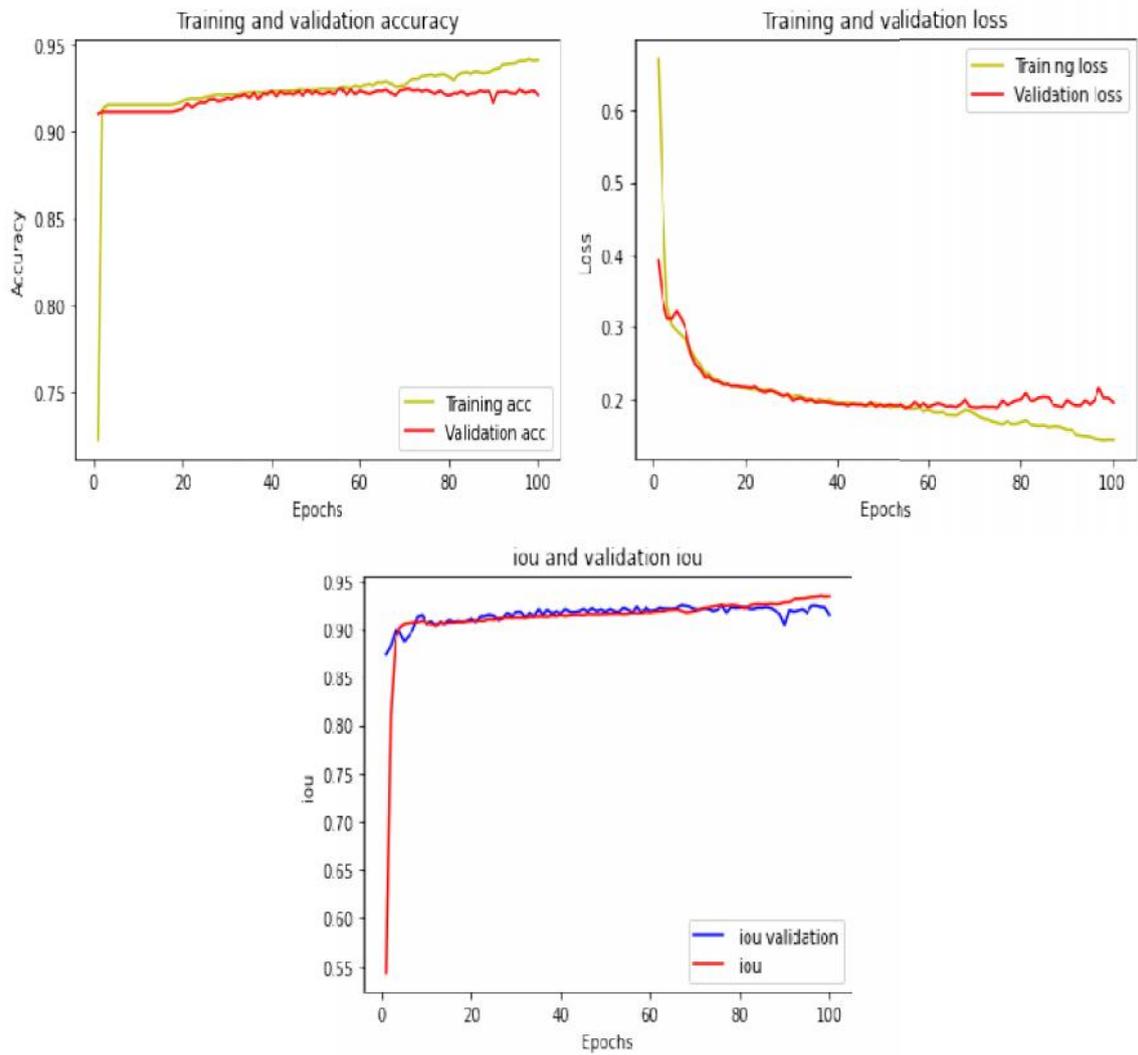


Figure 38: graphe de accuracy et de loss et de IOU, batch_size=32.

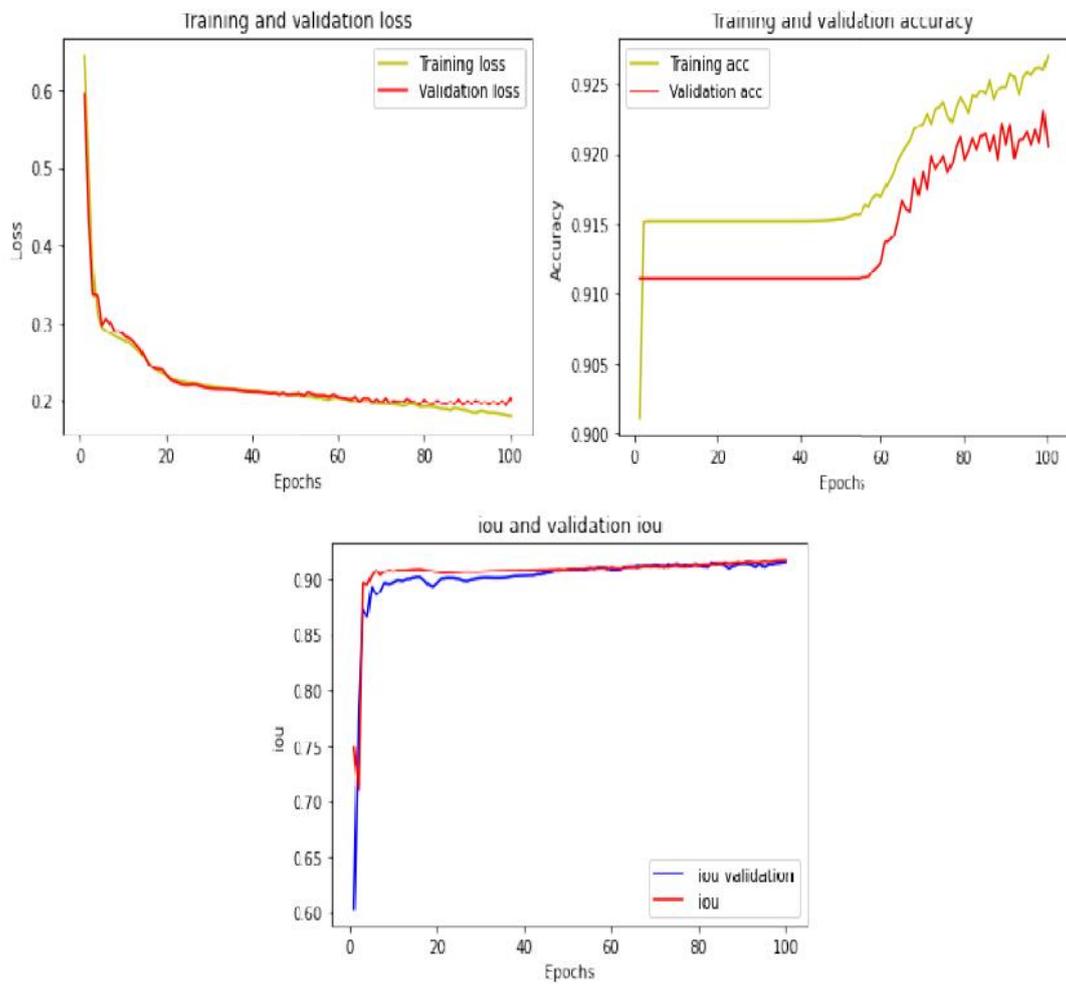


Figure 39: graphe de accuracy et de loss et de IOU, batch_size=64

D'après les graphes ci-dessus, nous pouvons voir que la précision d'apprentissage augmente avec le nombre de « epochs » ceci indique qu'après chaque « epoch » le modèle

apprend de plus en plus. C'est pour cela que nous avons lancé l'apprentissage du modèle pour 1000 epochs. La figure 35 montre les graphes obtenus.

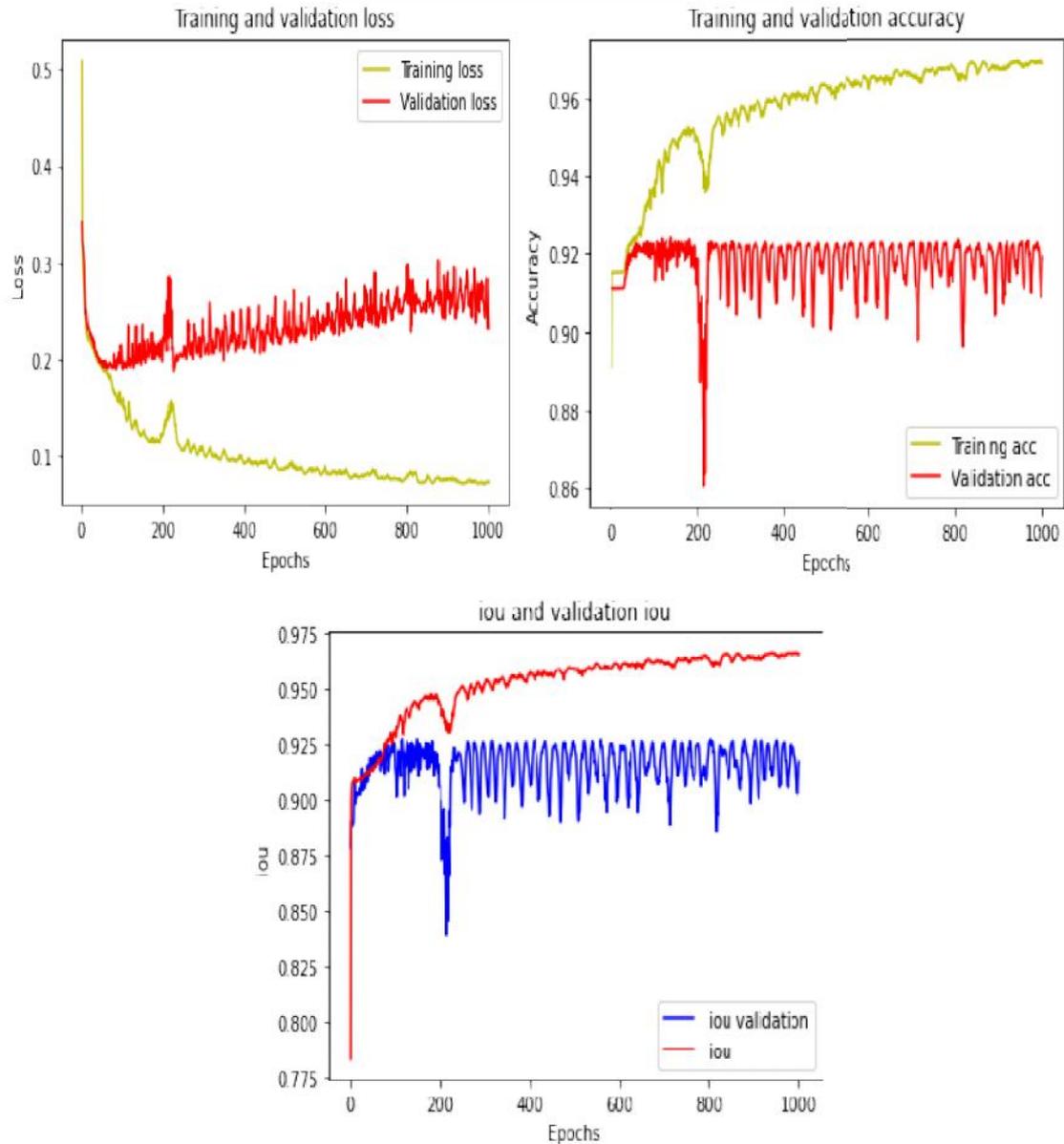


Figure 40: graphe d'accuracy et de loss et d'IOU pour 1000 epochs

11. Résultats et discussion :

Le tableau ci-dessous compare notre solution proposée avec les travaux de recherche existants. Nous pouvons également voir que notre solution proposée est meilleure en termes de f1-score (91%) et d'IoU (95%) qui est une métrique très importante pour évaluer un modèle de segmentation

		Les métriques d'évaluations					
Auteur	Modele	Accuracy	Loss	Precision	Recall	f1-score	Iou
Blanca[22]	/	/	/	95%	/	/	92%
Hai Su[23]	Resnet	/	/	91%	80%	85	/
Fawad [24]	MaskR-Cnn	/	11%	98%	/	/	/
Muhammad[25]	/	/	/	89%	83%	84%	74%
QuocDang[26]	/	/	/	78%	/	/	/
MAREK [27]	U-NET	/	/	96%	86%	/	/
Notre modèle	U-NET	96%	8%	94%	89%	91%	95%

Table 3: Comparaison des resultat

12. Prédiction automatique de masque

Afin de valider notre modèle, nous avons opté pour faire une prédiction sur des nouvelles images à l'aide d'un expert du domaine médicale.

Donc nous avons chargé l'image et la redimensionner à la taille utiliser lors de l'entraînement et le test de 256×256 pixels. Ensuite, nous avons chargé le modèle et lancé la prédiction de masque grâce à l'appel de la fonction « *Predict* ».

Ci-dessous, Les figures illustrent des exemples de masques générées, le résultat de segmentation d'images par notre modèle ainsi que l'évaluation proposée par des spécialistes.

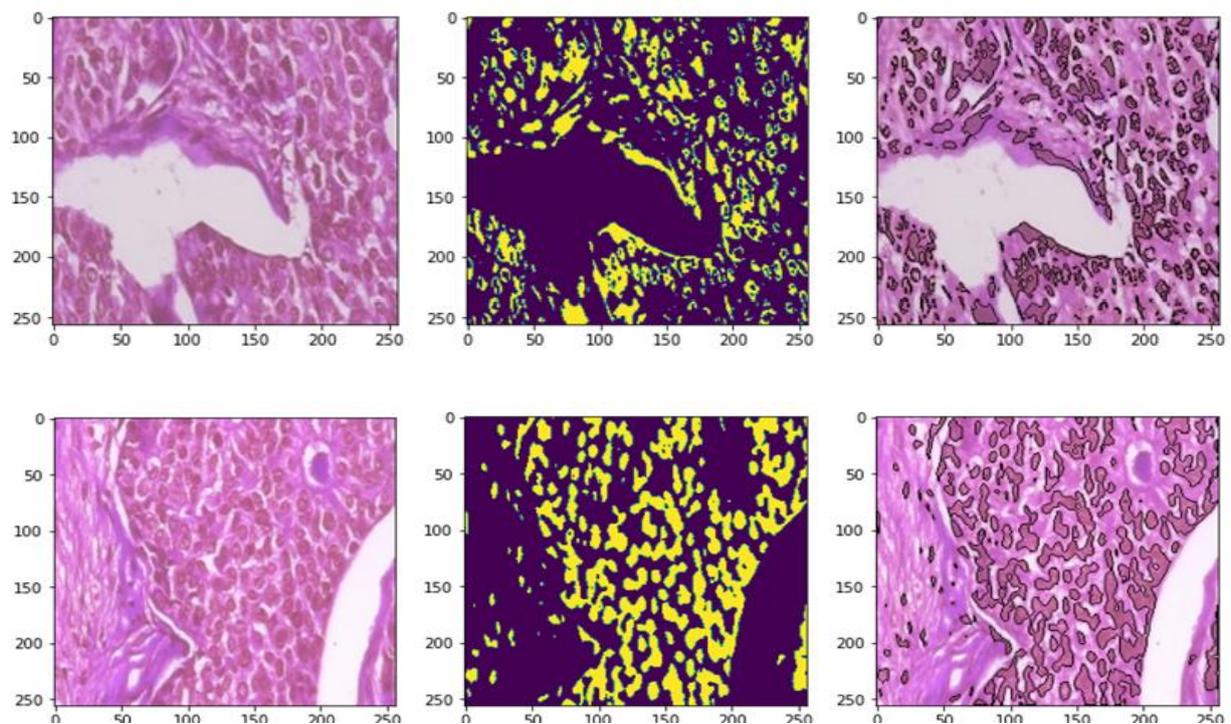


Figure 41: classe ductal_carcernoma(évaluation = 10/10)

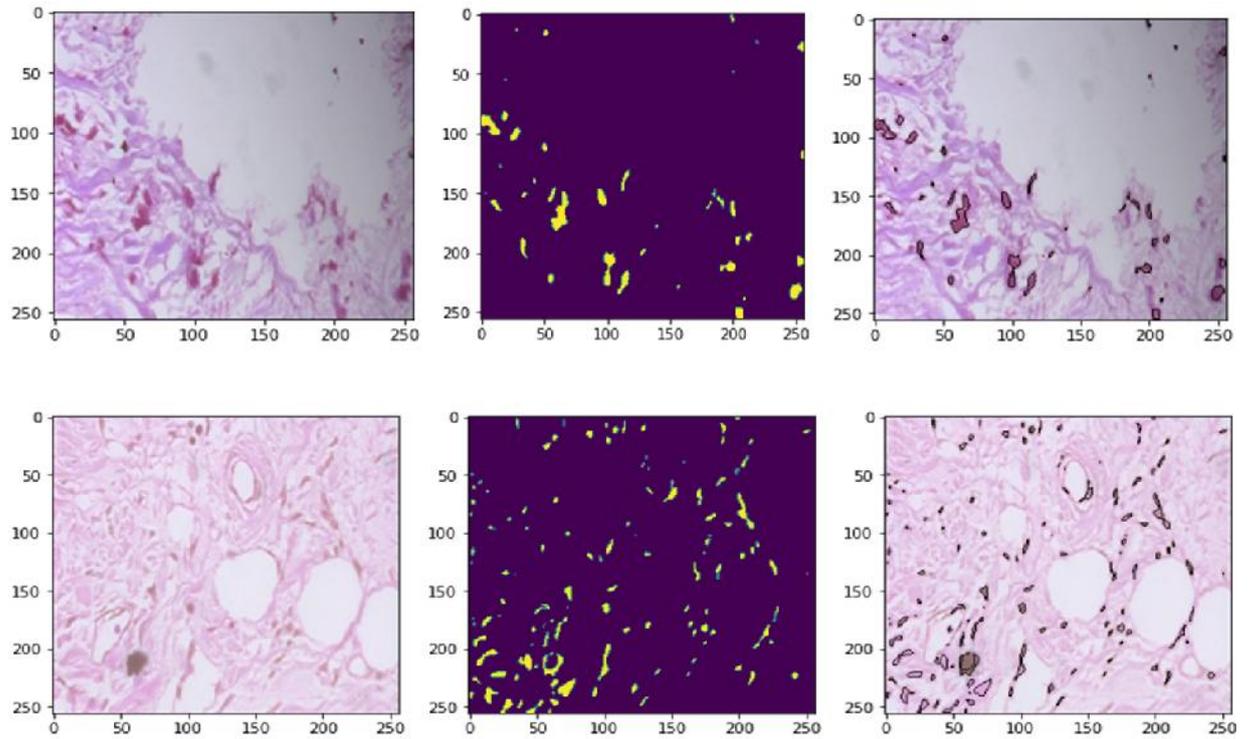


Figure 42: classe lobular_carcinoma(évaluation = 9/10, 8.5/10)

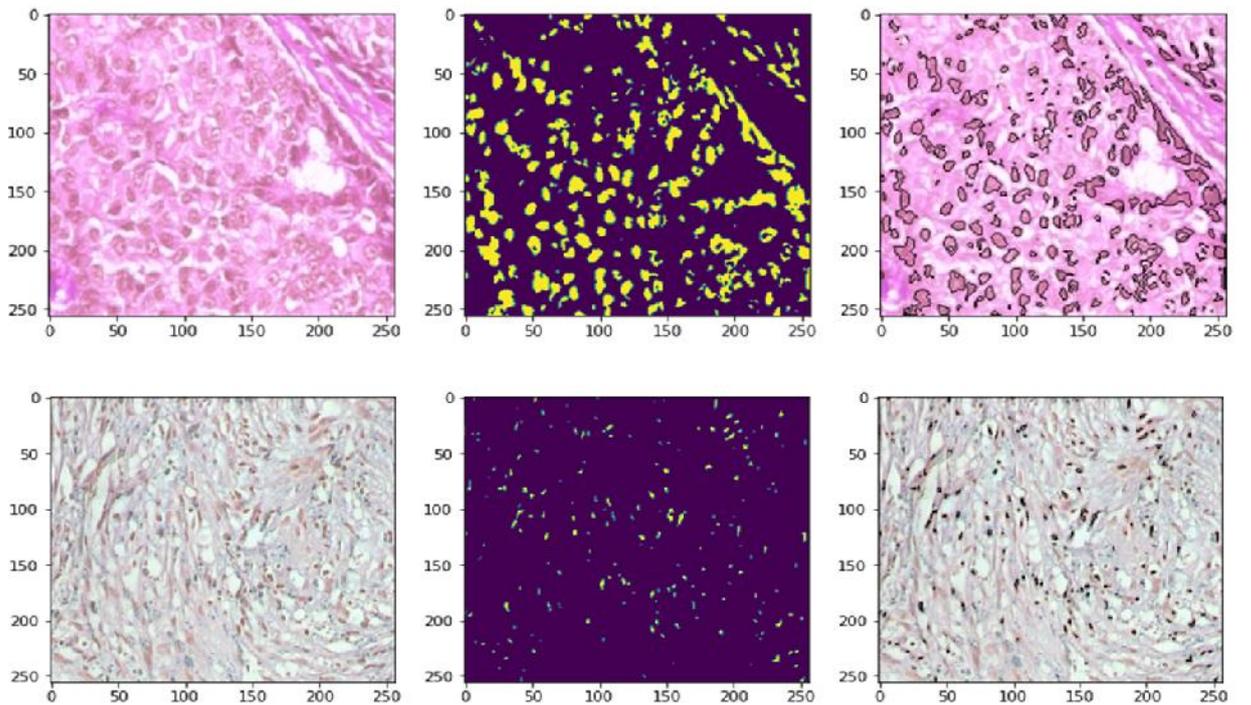


Figure 43: classe mucinous_carcinoma(évaluation = 10/10, 8/10)

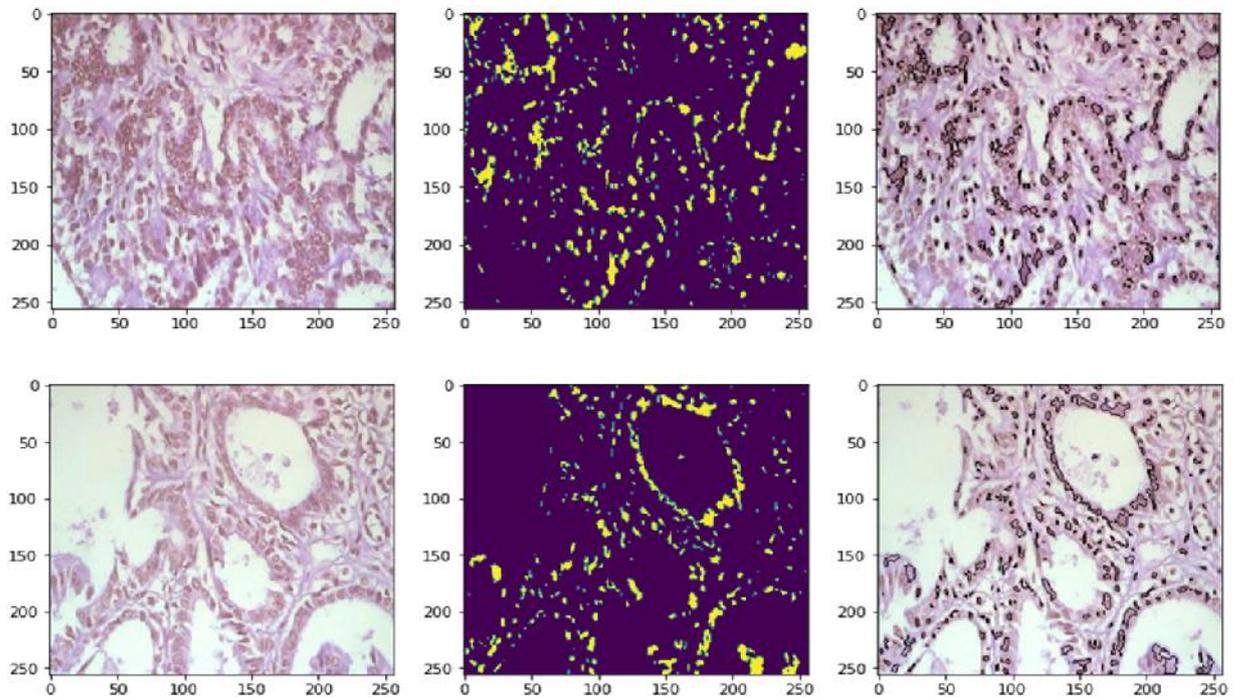


Figure 44: classe papillary_carcinoma(évaluation = 8.75/10, 7.5/10)

Conclusion :

Dans ce chapitre, nous avons décrit la démarche à suivre afin d'obtenir le modèle de segmentation le plus précis possible pour segmenter les images de lames traitées par H&E. Nous avons créé un algorithme pour la création des masques des images. Nous entraînons le modèle UNet qui a une performance importante dans la segmentation des images médicale.

Après plusieurs tests, nous avons obtenu de bons résultats d'IoU de 95%, f1-score de 91%, précision et recall de 94% et 89% respectivement.

Conclusion générale

L'étude anatomo-pathologique des cancers du sein est restée longtemps limitée à leur étude morphologique classique à l'œil (macroscopie) et au microscope. Le diagnostic implique souvent la détection de régions tumorales à partir d'une énorme image histopathologique de lame entière (WSI), ce qui peut être extrêmement long et sujet à des erreurs.

C'est dans ce cadre que s'inscrit notre travail, qui a pour objectif de segmenter les régions de pertinence (ROI) des images histopathologique colorées à l'hématoxyline et à l'éosine, afin de permettre au pathologiste de réduire le temps du diagnostic et d'améliorer sa précision pour les patients

Pour réaliser notre travail de segmentation on a utilisé le deeplearning et nous avons choisi le réseau convolutionnelUNet qui met en évidence un grand succès dans la segmentation des images médicale.

L'entraînement d'un modèle de segmentation nécessite un ensemble d'images avec leurs masques correspondant, pour répondre à leur manque nous avons opté à l'utilisation d'un algorithme proposé pour permettre de créer les masques correspondant à chaque images. Les résultats de segmentation obtenus sont très satisfaisants que ce soit sur le taux de précision ou on a atteint un taux de 96% avec IoU de 95%.

Les perspectives de notre travail sont d'améliorer le modèle de segmentation en développant l'algorithme de génération des masques, et l'utilisation d'autre modèle de segmentation.

BIBLIOGRAPHIE

- [1] S. Pilleron *et al.*, « Global cancer incidence in older adults, 2012 and 2035: A population-based study », *Int. J. Cancer*, vol. 144, n° 1, p. 49–58, janv. 2019, doi: 10.1002/ijc.31664.
- [2] « Kainz et al. - 2017 - Segmentation and classification of colon glands wi.pdf ». PeerJ.2017 Oct 3.doi: 10.7717/peerj.3874. eCollection 2017.
- [3] « Les cancers - Patients et proches - informations cancer ». <https://www.e-cancer.fr/Patients-et-proches/Les-cancers>.
- [4] « Cancérologue Spécialiste du Cancer du Sein Paris| Dr Eric Sebban », *Docteur Sebban*. <https://www.docteur-eric-sebban.fr/>.
- [5] F. A. Spanhol, L. S. Oliveira, C. Petitjean, et L. Heutte, « A Dataset for Breast Cancer Histopathological Image Classification », *IEEE Trans. Biomed. Eng.*, vol. 63, n° 7, p. 1455–1462, juill. 2016, doi: 10.1109/TBME.2015.2496264.
- [6] S. Lee, « Cancer du sein », *Société canadienne du cancer*. <https://cancer.ca/fr/cancer-information/cancer-types/breast>.
- [7] L. LORNIAC, « Pourquoi passer une échographie mammaire Comment ça se passe », *chimio-pratique.com*, 7 septembre 2018. <https://www.chimio-pratique.com/echographie-sein/>.
- [8] S. Khadse *et al.*, « BIOPSY AS A DIAGNOSTIC TOOL: A REVIEW INTRODUCTION », vol. 5, mars 2013.
- [9] Denis Bouchard, Ordre professionnel des technologistes médicaux du Québec, *T.M.: guide d'anatomopathologie*. Montr et al: Ordre professionnel des technologistes médicaux du Québec, 2014.
- [10] « Biopsie et anatomopathologie - LeCancer.fr ». <https://lecancer.fr/dossiers/le-cancer-ce-qu-il-faut-savoir/prevention-depistage-examens/biopsie-anatomopathologie/>.
- [11] C. de Rouen, « CONSIGNES DE PRISE EN CHARGE DES PRELEVEMENTS », p. 1.
- [12] « [French] Les pathologistes à l'ère du digital : du diagnostic à l'exploitation des data », *Healthcare Data Institute*, 14 mars 2017. <https://healthcaredatainstitute.com/2017/03/14/frenchles-pathologistes-a-lere-du-digital-du-diagnostic-a-lexploitation-des-data/>.
- [13] P. Bolon *et al.*, *Analyse d'images : Filtrage et segmentation*. MASSON, 1995. Disponible sur: <https://hal.archives-ouvertes.fr/hal-00706168>

- [14] S. Hao, Y. Zhou, et Y. Guo, « A Brief Survey on Semantic Segmentation with Deep Learning », *Neurocomputing*, vol. 406, p. 302–321, sept. 2020, doi: 10.1016/j.neucom.2019.11.118.
- [15] « Segmentation sémantique des images d'apprentissage profond ». <https://chowdera.com/2021/12/202112291308246764.html>.
- [16] A. M. Hafiz et G. M. Bhat, « A survey on instance segmentation: state of the art », *Int. J. Multimed. Inf. Retr.*, vol. 9, n° 3, p. 171–189, sept. 2020, doi: 10.1007/s13735-020-00195-x.
- [17] P. Arbeláez, B. Hariharan, C. Gu, S. Gupta, L. Bourdev, et J. Malik, « Semantic segmentation using regions and parts », in *2012 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, juin 2012, p. 3378–3385. doi: 10.1109/CVPR.2012.6248077.
- [18] « Pixel Classification - an overview | ScienceDirect Topics ». <https://www.sciencedirect.com/topics/computer-science/pixel-classification>.
- [19] S. Thilagamani et S. Moorthi, « A Survey on Image Segmentation Through Clustering », *Int. J. Res. Rev. Inf. Sci.*, vol. 1, janv. 2011.
- [20] P. Revollon, P. Foucher, et R. Boumaza, « Étude comparée de trois techniques de segmentation d'images de végétaux : seuillage d'histogramme, analyse discriminante et réseaux de neurones », in *XXXIIIe Journées de Statistiques, ENITIAA*, Nantes, France, mai 2001, p. 795–798. Disponible sur: <https://halarchives-ouvertes.fr/hal-00845244>
- [21] Rafidison M.A.1, Randriamitantsoa A.A.2, Randriamitantsoa P.A.3
« Contribution_a_l_amelioration_de_la_segmentation_d_images_par_croissance_region », Laboratoire de Recherche en Télécommunication, Automatique, Signal et Images (LR-TASI)
- [22] Alexandre DUPAS « Opérations et Algorithmes pour la Segmentation Topologique d'Images 3D ». Faculté des Sciences Fondamentales et Appliquées. Disponible sur: <https://tel.archives-ouvertes.fr/tel-00466706/document>
- [23] S. Beucher, « Segmentation d'images et morphologie mathématique », phdthesis, École Nationale Supérieure des Mines de Paris, 1990. Consulté le: 10 juin 2022. [En ligne]. Disponible sur: <https://pastel.archives-ouvertes.fr/tel-00108290>
- [24] R. Raveaux, « Segmentation par approche contours », p. 44.
- [25] V. Couteaux, « Apprentissage profond pour la segmentation et la détection automatique en imagerie multi-modale: application à l'oncologie hépatique », p. 149.
- [26] S. Gollapudi, *Learn Computer Vision Using OpenCV: With Deep Learning CNNs and RNNs*. Berkeley, CA: Apress, 2019. doi: 10.1007/978-1-4842-4261-2.

- [27] P. K. Mallick, P. Meher, A. Majumder, et S. K. Das, Éd., *Electronic Systems and Intelligent Computing: Proceedings of ESIC 2020*, vol. 686. Singapore: Springer Singapore, 2020. doi: 10.1007/978-981-15-7031-5.
- [28] S. Minaee, Y. Boykov, F. Porikli, A. Plaza, N. Kehtarnavaz, et D. Terzopoulos, « Image Segmentation Using Deep Learning: A Survey ». arXiv, 14 novembre 2020. Disponible sur: <http://arxiv.org/abs/2001.05566>
- [29] « What are Convolutional Neural Networks », 6 janvier 2021. <https://www.ibm.com/cloud/learn/convolutional-neural-networks>.
- [30] Prabhu, « Understanding of Convolutional Neural Network (CNN) — Deep Learning », *Medium*, 21 novembre 2019. <https://medium.com/@RaghavPrabhu/understanding-of-convolutional-neural-network-cnn-deep-learning-99760835f148>.
- [31] S. P. Adhikari, H. Yang, et H. Kim, « Learning Semantic Graphics Using Convolutional Encoder–Decoder Network for Autonomous Weeding in Paddy », *Front. Plant Sci.*, vol. 10, p. 1404, oct. 2019, doi: 10.3389/fpls.2019.01404.
- [32] A. Anwar, « What is Transposed Convolutional Layer? », *Medium*, 16 avril 2021. <https://towardsdatascience.com/what-is-transposed-convolutional-layer-40e5e6e31c11>.
- [33] V. Badrinarayanan, A. Kendall, et R. Cipolla, « SegNet: A Deep Convolutional Encoder-Decoder Architecture for Image Segmentation », arXiv, arXiv:1511.00561, oct. 2016. doi: 10.48550/arXiv.1511.00561.
- [34] H. Li, « Image semantic segmentation method based on GAN network and ENet model », *J. Eng.*, vol. 2021, n° 10, p. 594–604, oct. 2021, doi: 10.1049/tje2.12067.
- [35] L.-C. Chen, G. Papandreou, I. Kokkinos, K. Murphy, et A. L. Yuille, « Semantic Image Segmentation with Deep Convolutional Nets and Fully Connected CRFs », arXiv, arXiv:1412.7062, juin 2016. doi: 10.48550/arXiv.1412.7062.
- [36] O. Ronneberger, P. Fischer, et T. Brox, « U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation », arXiv, arXiv:1505.04597, mai 2015. doi: 10.48550/arXiv.1505.04597.
- [37] B. M. Priego-Torres, D. Sanchez-Morillo, M. A. Fernandez-Granero, et M. Garcia-Rojo, « Automatic segmentation of whole-slide H&E stained breast histopathology images using a deep convolutional neural network architecture », *Expert Syst. Appl.*, vol. 151, p. 113387, août 2020, doi: 10.1016/j.eswa.2020.113387.
- [38] H. Su, F. Liu, Y. Xie, F. Xing, S. Meyyappan, et L. Yang, « Region segmentation in histopathological breast cancer images using deep convolutional neural network », in *2015 IEEE 12th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI)*, avr. 2015, p. 55–58. doi: 10.1109/ISBI.2015.7163815.

[39] F. S. Khan, M. N. H. Mohd, M. D. Khan, et S. Bagchi, « Breast Cancer Histological Images Nuclei Segmentation using Mask Regional Convolutional Neural Network », in *2020 IEEE Student Conference on Research and Development (SCOReD)*, sept. 2020, p. 1–6. doi: 10.1109/SCOReD50371.2020.9383186.

[40] M.-A. Khalil, Y.-C. Lee, H.-C. Lien, Y.-M. Jeng, et C.-W. Wang, « Fast Segmentation of Metastatic Foci in H&E Whole-Slide Images for Breast Cancer Diagnosis », *Diagnostics*, vol. 12, n° 4, p. 990, avr. 2022, doi: 10.3390/diagnostics12040990.

[41] Q. D. Vu *et al.*, « Methods for Segmentation and Classification of Digital Microscopy Tissue Images », *Front. Bioeng. Biotechnol.*, vol. 7, p. 53, avr. 2019, doi: 10.3389/fbioe.2019.00053.

[42] « Google Colaboratory ». <https://colab.research.google.com/?hl=fr>.

[43] « Welcome to Python.org ». <https://www.python.org/>.

[44] « Home - OpenCV ». <https://opencv.org/>.

[45] « ColorDetection Module: Python Color Detection Algorithms | HackerNoon ». <https://hackernoon.com/colordetection-module-python-color-detection-algorithms-st233wuc>.