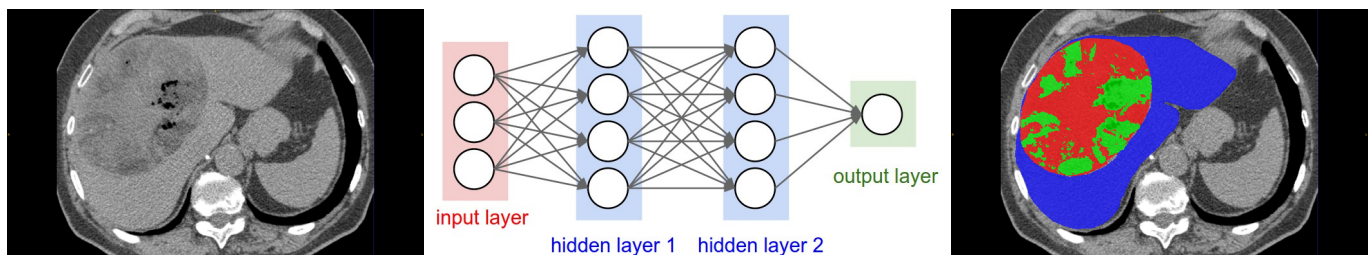


Apprentissage profond pour la segmentation de tumeurs hépatiques en modalités TDM et IRM

Réseaux convolutifs à l'aide des bibliothèques Python lasagne et nolearn

Sujet : Le stage s'inscrit dans le cadre du projet 3D-Surg dont l'un des aspects concerne l'évaluation de l'efficacité de nouvelles thérapies pour le traitement du carcinome hépato-cellulaire (CHC), une forme primitive de cancer du foie [1]. Dans ce contexte, nous souhaitons effectuer une classification dense des tissus actifs et nécrosés constitutifs des tumeurs hépatiques CHC à partir d'images tomo-densitométriques (TDM) et par résonance magnétique (IRM). A terme, l'objectif est d'en déduire un nouveau critère objectif de réponse au traitement basé sur le taux de nécrose.

Les algorithmes de classification multi-classes de tissus tumoraux conçus au sein de l'équipe MIV (Modèles, Images et Vision) du laboratoire ICube s'appuient sur des techniques d'apprentissage d'ensemble (*ensemble learning*) [2, 3]. L'objectif du stage est d'aborder cette même problématique par le biais de l'apprentissage profond (*deep learning*) et plus précisément des réseaux convolutifs (CNN) [4, 5]. La méthode développée reposera sur des implémentations existantes des réseaux convolutifs basées sur les bibliothèques `lasagne` (`Theano`) et `nolearn`. Elle sera appliquée et évaluée sur une base d'images acquises au Nouvel Hôpital Civil (NHC) de Strasbourg pour lesquels nous disposons d'annotations vérités-terrain.



Classification des tissus hépatiques par apprentissage profond : tissus sains (bleu), tissus tumoraux actifs (rouge) et nécrosés (vert).

Il conviendra d'adapter les exemples d'implémentation disponibles¹ aux données d'entrées, de tester l'effet des paramètres de structure du réseau convolutif ainsi que de comparer les performances des approches d'apprentissage d'ensemble et profond à la fois en classification intra et inter-examen. L'ensemble des développements seront réalisés en langage Python.

Durée du stage : 1 mois

Lieu du stage : ICube, Equipe MIV, 300 Bd. Sébastien Brant, CS 10413 67412 Illkirch Cedex

Encadrants de stage : Pierre-Henri Conze, conze@unistra.fr
Vincent Noblet, vincent.noblet@unistra.fr

Références :

- [1] A. Forner, J. M. Llovet, and J. Bruix, "Hepatocellular carcinoma," *The Lancet*, 2012.
- [2] P.-H. Conze, F. Rousseau, V. Noblet, F. Heitz, R. Memeo, and P. Pessaux, "Semi-automatic liver tumor segmentation in dynamic contrast-enhanced CT scans using random forests and supervoxels," in *Machine Learning in Medical Imaging*, vol. 9352, pp. 212–219, 2015.
- [3] P.-H. Conze, V. Noblet, F. Rousseau, F. Heitz, R. Memeo, and P. Pessaux, "Random forests on hierarchical multi-scale supervoxels for liver tumor segmentation in dynamic contrast-enhanced CT scans," in *International Symposium on Biomedical Imaging*, 2016.
- [4] M. Havaei, A. Davy, D. Warde-Farley, A. Biard, A. Courville, Y. Bengio, C. Pal, P.-M. Jodoin, and H. Larochelle, "Brain tumor segmentation with deep neural networks," *arXiv preprint arXiv :1505.03540*, 2015.
- [5] H.-C. Shin, H. R. Roth, M. Gao, L. Lu, Z. Xu, I. Nogues, J. Yao, D. Mollura, and R. M. Summers, "Deep convolutional neural networks for computer-aided detection : CNN architectures, dataset characteristics and transfer learning," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 2016.

1. <http://blog.christianperone.com/2015/08/convolutional-neural-networks-and-feature-extraction-with-python/>