



REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique
Université Mohamed Khider – BISKRA

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

Département d'informatique

N° d'ordre : IA4/M2/2021

Mémoire

Présenté pour obtenir le diplôme de master académique en

Informatique

Parcours : Intelligence Artificielle (IA)

Développement d'une architecture CNN pour la prédiction du taux de survie des malades Glioblastome GBM

Par :

AHRIZ AYMEN

SAOULI RACHIDA

Professeure

Encadreur

Année universitaire 2020-2021

Remerciements

En tout premier lieu, je remercie le bon Dieu **ALLAH**, tout puissant, de m'avoir donné la force de dépasser toutes les difficultés.

Ensuite, je remercie mes parents, sans lesquels je n'aurais jamais réussi, Merci pour vos encouragements dans la poursuite de mes études, aussi pour votre aide, compréhension, soutien et patience. je ne pourrais jamais vous remercier assez. De plus, je remercie ma sœur pour sa présence et son amour.

Je tiens aussi à remercier très sincèrement mon superviseur professeur **Saouli Rachida**. Grâce à son savoir, ses idées, sa disponibilité et son soutien, j'ai pu réaliser ce projet. Ma reconnaissance va également à tous mes enseignants durant mes années d'études avec lesquels j'ai beaucoup appris.

A tous ceux que nous aimons et qui nous aiment .. Merci à vous

AHRIZ Aymen

Abstract

GBM Multiforme Glioblastoma is one of the most common and fatal brain tumors in adults with a very low survival rate despite different treatments (chemotherapy, radiotherapy and surgery). Therefore, an accurate prognosis, based on MRI images, is highly desirable as this is a critical area where physicians expect the highest level of accuracy. Nevertheless, the interpretation of the MRI image of patients with GBM is still a major issue for radiologists and oncologists + causes errors in the prediction of the survival rate relative to the complex and heterogeneous characteristics of GBM tumor tissues. For this, we propose in our project a new architecture based on multi-class convolutional neural networks to predict the survival rate according to 3 classes: short survivors (<250 days) survivors with an average survival rate (<250 days> 500 days) and long survivors (> 500 days) The model we propose plus the advantage of predicting survival rates using balanced classes to achieve end-to-end prediction of survival rate. This is why the results obtained are very encouraging compared to those obtained compared to the performances achieved by the work of the literature.

Keywords : *Glioblastoma , overall survival, adéquation des terres, analyse de données, big data, Internet des objets, apprentissage en profondeur, réseau de neurones récurrents, mémoire à long-court terme.*

Résumé

Le Glioblastome Multiformes GBM est l'une des tumeurs cérébrales les plus courantes et mortelles chez les adultes avec un taux de survie très bas en dépit des différents traitements (chimiothérapie, radiothérapie et chirurgie). C'est pourquoi, un pronostic précis, basé sur les images IRMs, est très souhaité car il s'agit d'un secteur critique où les médecins attendent le plus haut niveau de précision. Néanmoins, l'interprétation de l'image IRM des patients atteints de GBM, est toujours un enjeu majeur pour les radiologues et les oncologues+ cause des erreurs de prédiction du taux de survie relatif aux caractéristiques complexes et hétérogènes des tissus de la tumeur GBM. Pour cela, nous proposons dans notre projet une nouvelle architecture basée sur les réseaux de neurones convolutionnels multi-classes pour prédire le taux de survie selon 3 classes : des courts survivants (<250 jours) des survivants avec un taux de survie moyen (<250 jours >500 jours) et des longs survivants (>500 jours). Le modèle que nous proposons a l'avantage de prédire des taux de survie en utilisant des classes équilibrées pour réaliser une prédiction de bout en bout du taux de survie. C'est pourquoi, les résultats obtenus sont très encourageants par rapport + ceux obtenus par rapport aux performances réalisés par les travaux de la littérature.

Mots clés : *Glioblastome, taux de survie , imagerie médicale, Imagerie par Résonance Magnétique (IRM), deep learning, réseaux de neurones convolutionnel.*

List of Figures

1.1	Le Cerveau Humain [30]	4
1.2	(a) IRM simulée normal, (b) IRM simulée avec du bruit	8
1.3	Artéfact de volume partiel	9
1.4	Inhomogénéités RF. (a) image affectée par une inhomogénéité RF, (b) l'artéfact RF isolé, (c) image sans artéfact RF	9
1.5	Artéfact dû à un mouvement de la tête sur une IRM	10
2.1	Réseau de neurones	16
2.2	Neurone biologique	17
2.3	Neurone Artificiel	17
2.4	Un réseau <i>Feedforward</i>	18
2.5	Réseau de neurones profond organisés en couches.	19
2.6	Réseau de neurones récurrent	20
2.7	Architecture CNN.	22
2.8	Architecture ResNet.	22
2.9	Architecture U-Net.	23
2.10	Architecture Auto-Encodeur.	24
3.1	L'Architecture du modèle TS-Net.	27
3.2	Exemple des coupes qui ne représente pas le cerveau.	29
3.3	Coupe informative de séquence T1ce.	31
3.4	L'architecture du TS-Net.	32
3.5	Un graph de l'application de la fonction d'activation Relu.	33

3.6	Un graph de l'application de la fonction d'activation SoftMax.	34
4.1	Architecture Détaillée du CNN TS-Net.	41
4.2	Présentation graphique du modèle de précision	42
4.3	Présentation graphique du modèle de l'erreur.	43
4.4	Les résultats du modèle pour des patients avec un court taux de survie.	44
4.5	Exemple d'images d'entrée pour deux malades avec un court taux de survie	44
4.6	Les résultats du modèle pour des patients avec un taux de survie moyen.	45
4.7	Exemple d'images d'entrée pour deux malades avec un taux de survie moyen. . . .	45
4.8	Les résultats du modèle pour les longs survivants.	45
4.9	Exemple d'images d'entrée pour des malades long survivants.	46
4.10	Capture d'écran de l'interface.	47

List of Tables

2.1	Comparaison des travaux relatifs	25
4.1	Tableau comparatif des travaux connexes	48

Sommaire

Remerciements	i
Abstract	ii
Résumé	iii
Liste des Figures	vii
Liste des Tables	vii
Introduction générale	1
1 Diagnostique des tumeurs cérébrales du Glioblastome Multiforme GBM	3
1.1 Introduction	3
1.2 Présentation des tumeurs GBM	3
1.2.1 Les tumeurs Glioblastome	5
1.3 Présentation des images IRMs	6
1.3.1 Fonctionnement de l'IRM	6
1.3.2 Avantages et inconvénients	6
1.3.3 Qualité des images IRM	7
1.4 Conclusion	11
2 Classification automatique des tumeurs GBM	12
2.1 Introduction	12
2.2 Définition de la segmentation	12
2.3 Approches de la segmentation des images IRM	13
2.3.1 Approches classiques	13
2.3.2 Présentation des réseaux de neurones	16

2.3.3	Approches modernes	18
2.4	Synthèse des travaux relatifs	24
2.5	Conclusion	25
3	Conception du réseau de neurones convolutionnel TS-Net	26
3.1	Introduction	26
3.2	Architecture général	26
3.3	La dévision de la <i>DataSet</i>	28
3.4	L'extraction des slices informatives.	29
3.5	Conception détaillée du réseau TS-Net	32
3.6	Conclusion	34
4	Implémentation du modèle de prédiction TS-Net	35
4.1	Introduction	35
4.2	Environnements et outils de développement	35
4.2.1	Bibliothèques et outils de développement :	36
4.2.2	Environnement de développement	38
4.3	Préparation des données	39
4.4	Les fonctions utilisées	40
4.5	L'implémentation du modèle TS-Net	40
4.6	Les résultats du modèle	41
4.6.1	L'Évaluation du modèle	44
4.7	Présentation de l'interface	46
4.8	Comparaison des résultats	48
4.9	Conclusion	48
	Conclusion générale	49
	References	51

Liste des codes source

4.1	Division de la base de données	39
4.2	Redimensionnement des images	39

Introduction générale

La plus petite unité du corps humain est la cellule ; Néanmoins, la division de ces cellules de manière incontrôlable et leurs croissances entraîne plusieurs types de maladies cancéreuses. La plupart des cellules cancéreuses sont des tumeurs malignes plutôt que bénignes, en particulier des tumeurs cérébrales comme le Glioblastome Multiforme GBM qui reste la cause principale de la mort des patients atteints. En effet, ce type de tumeurs est caractérisé par une hétérogénéité intrinsèque également représenté dans leur phénotype d'imagerie (apparence et forme) et ceci à cause de leurs sous-régions décrites par des profils d'intensité variables disséminés sur des IRM multimodales, reflétant des propriétés biologiques tumorales variables. En raison de cette apparence et de cette forme très hétérogènes, la segmentation des tumeurs cérébrales dans les IRM multimodales est l'une des tâches les plus difficiles de l'analyse d'images médicales. De plus, le GBM représente un type de cancer très agressif avec un taux de survie de cette maladie qui est très bas en dépit des différents traitements (chimiothérapie, radiothérapie et chirurgie). Pour cela, on s'est intéressé dans notre projet à proposer un système automatique pour aider les médecins traitant à prédire de manière efficace le taux de survie des patients atteints de GBM. En effet, ce taux de survie représente généralement 5% sur les 5 ans [29] qui suivent le diagnostic sans pour autant déterminer de manière précise le nombre de jours ou de mois restants dans la vie des patients afin de leur apporter le meilleur suivi thérapeutique. Ainsi, le GBM reste un problème difficile que ce soit au niveau du diagnostic clinique basé sur l'imagerie IRMs ou sur le suivi de l'évolution de cette maladie pour chaque patient. Ce qui a conduit à la création de plusieurs associations et challenges dans le but d'aider les développeurs et les chercheurs à proposer des méthodes automatiques aussi bien pour la détection précise des lésions du GBM que pour la prédiction du taux de survie. C'est le cas du challenge BRATS (Brain Tumor Segmentation) qui se déroule conjointement avec la conférence internationale sur l'informatique et les interventions assistées par ordinateur (MICCAI). Plusieurs méthodes automatiques basées sur les réseaux profonds ont été proposées et qui ont montré leur efficacité pour l'extraction efficace des caractéristiques utiles pour la détection et récemment pour la prédiction du taux de survie.

Dans ce contexte, l'objectif de ce travail est de développer un modèle basé sur l'apprentissage

profond afin de réaliser une prédiction efficace du taux de survie et ceci en développant une nouvelle architecture TS-Net multi-classes basée sur les réseaux convolutionnels avec un équilibrage du nombre de malades de chaque classe.

Organisation du mémoire

Ce mémoire est structuré en deux parties, La première partie est l'état de l'art, elle est divisée en deux chapitres. Le premier commence par la présentation de quelques notions sur l'anatomie du cerveau et les tissus cérébraux, ainsi que les types des tumeurs plus particulièrement le Glioblastome pour ensuite décrire les images IRM et leur principe de fonctionnement. Le deuxième chapitre décrit la définition de la segmentation et les approches classiques utilisées. Ensuite, les approches modernes et les architectures CNN. La deuxième partie est la conception et l'implémentation de l'architecture proposée. La conception de notre contribution est décrite dans Le chapitre 3 qui correspond à une nouvelle architecture appelée TS-Net. Elle est basée sur un réseau de neurones convolutionnel pour la prédiction et la classification du taux de survie pour les malades GBM en utilisant une multi-classification équilibré de bout en bout. L'implémentation est décrite dans le chapitre 4 qui présente notre la réalisation de notre architecture et les outils utilisés dans ce projet ainsi que la démarche détaillée de notre modèle d'apprentissage en profondeur pour la classification et la prédiction du taux de survie. L'évaluation empirique et les résultats sont également présentés dans ce chapitre. En conclusion, nous résumons et passons en revue notre démarche pour réaliser notre projet tout en lançant quelques perspective du travail réalisé.

Chapitre 1

Diagnostic des tumeurs cérébrales du Glioblastome Multiforme GBM

1.1 Introduction

Nous allons présenter dans ce chapitre quelques notions sur l'anatomie du cerveau, ainsi que les types des tumeurs visée dans ce projet (le Glioblastome multiforme) pour ensuite décrire les images IRM et leur principe de fonctionnement qui sont utilisées principalement pour le diagnostic et le suivi de ces maladies.

1.2 Présentation des tumeurs GBM

Le cerveau d'un homme adulte moyen pèse près de 1,5 kilogramme (%75 d'eau) et est l'organe le mieux protégé, Une partie de la raison est qu'il est immergé dans le liquide céphalo-rachidien et d'autre part car il est recouvert par 3 enveloppes : les méninges. [10] avec presque 170 milliards de cellules dont 86 milliards de neurones en moyenne. [16]

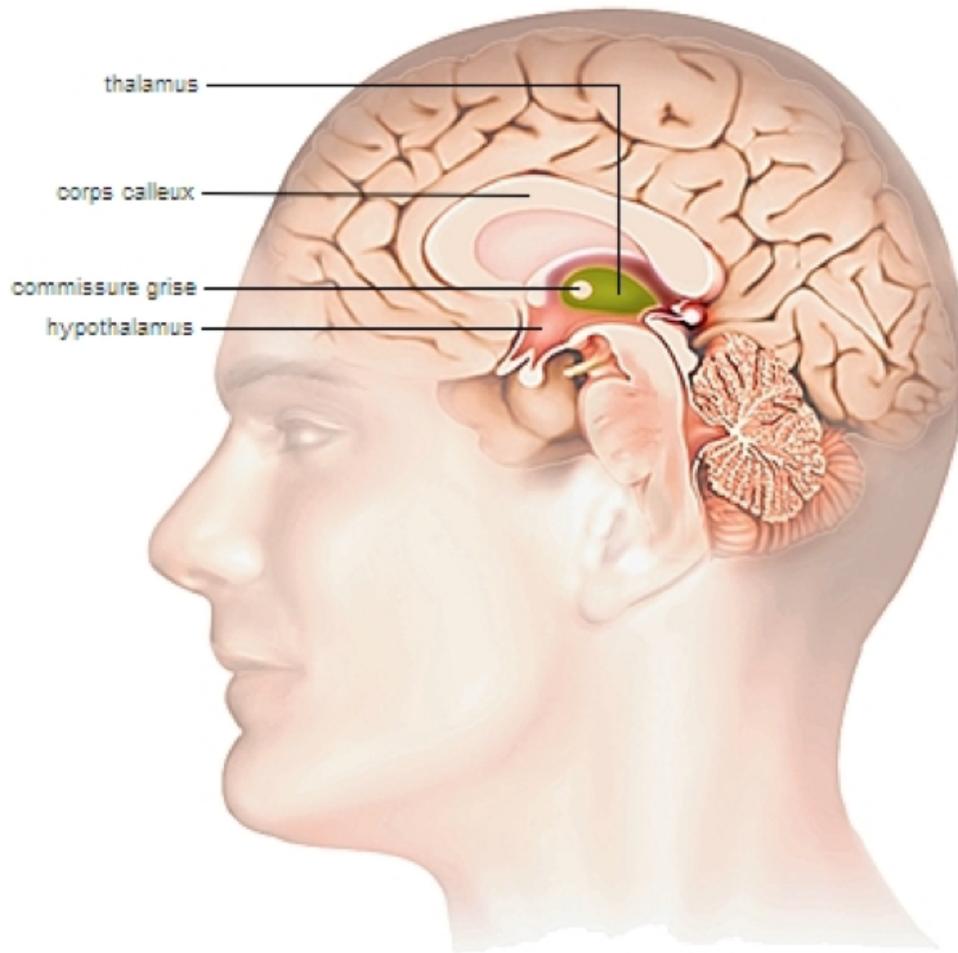


Figure 1.1: Le Cerveau Humain [30]

Une tumeur cérébrale est un grand nombre de cellules anormales, cette anomalie peut se définir comme une augmentation de cellule sans précision de cause appelé lésion tumorale, qui se développent d'une manière incontrôlée dans le cerveau. Il y'a principalement 2 grands types de tumeurs cérébrales selon leur nature cancéreuse :

- **Les tumeurs bénignes (non cancéreuses) :** Le corps peut développer des tumeurs qui ne sont pas cancéreuses. Elles se forment assez lentement et localement restent le plus souvent isolées des tissus cérébraux voisins. Un kyste peut se considérer comme une tumeur bénigne.
- **Les tumeurs malignes (cancéreuses) :** Les cellules de la tumeur cancérogène ont la capacité de se propager à d'autres tissus, à travers des vaisseaux sanguins ou lymphatiques, pour

former de nouvelles tumeurs appelées métastases. Les tumeurs malignes sont mal délimitées et peuvent atteindre un volume très important.

Cette lésion tumorale peut se développer dans le cerveau à des niveaux différents : hémisphères cérébrales, cervelet, tronc cérébral, structures vasculaires (angiomes), parenchyme, méninges, ou glandulaires (adénomes).

1.2.1 Les tumeurs Glioblastome

Les tumeurs Glioblastome sont les tumeurs cérébrales primitives les plus fréquentes chez les adultes et les enfants de plus de 5 ans [23]. Ces tumeurs représentent 81% de toutes les tumeurs cérébrales malignes [25], et 45% de toutes les tumeurs cérébrales primaires [4]. Certains patients atteints de tumeurs gliomes ont un taux de survie compris entre 0,05% et 4,7% [25], ce qui représente avec cela l'une des principales raisons de la mort. Selon la classification de l'OMS [22], les tumeurs cérébrales gliomateuses ont 4 grades (I, II, III, IV) où le Les tumeurs GBM sont le grade IV des tumeurs glioblastome. De plus, au siècle dernier, ils ont découvert sur la base de l'histopathologie et des marqueurs dans les tumeurs, que la cellule d'origine de Les gliomes sont des cellules gliales [20]. Des rapports et des recherches indiquent que les rayonnements ionisants sont le premier facteur de risque qui a été identifié pour les tumeurs gliales [12]. Ils ont constaté que le rayonnement même avec une faible dose (c'est-à-dire moins de 10 Gy) peut augmenter l'incidence de glial par un facteur de 3 à 7 [31]. Les symptômes les plus observés chez les patients exposés aux rayonnements sont: maux de tête, troubles mentaux, résultats neurologiques focaux, crises d'épilepsie tardives, augmentation de la pression intracrânienne, changements du cuir chevelu consistant en une alopécie, une atrophie et des cicatrices de la peau. Cependant, la plupart des patients présentant ces symptômes ont montré une amélioration après la chirurgie [26]. Le diagnostic des patients atteints de tumeurs cérébrales, dont le GBM, nécessite de nombreuses séances de radiothérapie avec souvent une combinaison de chirurgie et de chimiothérapie. Les cliniciens injectent un photosensibilisateur approprié dans la tumeur, avant la chirurgie, pour concentrer toutes les cellules tumorales sur le site de la tumeur.

1.3 Présentation des images IRMs

Il s'agit d'une technique d'imagerie médicale pour obtenir des points de vue en deux, trois ou quatre dimensions de l'intérieur du corps de manière non invasive avec une résolution de contraste relativement élevée. C'est le P. Lauterbur qui a créé la première image de l'IRM en 1973 (tubes à essai), puis en 1976, le P. Mansfield produit la première image d'un doigt en améliorant les techniques de recueil des signaux existées déjà, en intégrant des gradients de champ magnétique pour la formation des images. Dans l'imagerie médicale, l'IRM est principalement dédiée à l'image du système nerveux central, muscles, cœurs et tumeurs. Grâce aux différentes séquences, des informations peuvent être obtenues sur les tissus mous avec des contrastes plus élevés que la tomographie. [18]

1.3.1 Fonctionnement de l'IRM

Le scanner et la radiographie utilisent les rayons X, l'échographie utilise les ultrasons. Contrairement au IRM qui est basé sur un autre aspect physique qui exploite les propriétés magnétique des atomes, au but d'éviter les hautes fréquences qui peuvent causé des problèmes de santé chez l'être humain. En utilisant un aimant très puissant, les protons des atomes d'hydrogène dans le corps peuvent être stimulés en même temps, de sorte que tous les atomes d'hydrogène pointent dans la même direction. Une fois cette première étape terminée, les atomes seront excités par le champ magnétique (radiofréquence) et entreront dans un état de résonance. Une fois la stimulation arrêtée, les atomes libèrent de l'énergie et l'énergie est mesurée et analysée. Étant donné que tous les tissus ne contiennent pas le même nombre d'atomes d'hydrogène, le niveau d'énergie libérée variera en fonction de la composition du tissu. En analysant les données via un ordinateur, des images en 2 et 3 dimensions et trois plans spatiaux peuvent être reconstruites [18].

1.3.2 Avantages et inconvénients

Les images IRM présentent de nombreux avantages. Premièrement, il n'utilise pas les rayonnements ionisants qui sont l'une des causes des tumeurs cérébrales, en particulier gliales, donc, tumeurs GBM. Deuxièmement, les résultats de l'IRM sont précis et reproductibles et applicable à tous les patients atteints de GBM. Habituellement, les radiologues génèrent quatre types d'images

IRM pour chaque patient pour le diagnostic des gliomes [Lsin et al., 2016]: récupération par inversion atténuée par fluide pondérée T2 (T2-Flair), pondérée T1 (T1), pondéré en T1 avec contraste amélioré (T1c) et pondéré en T2 (T2). Dans les images IRM des patients atteints de tumeurs GBM, nous trouvons 4 sous-régions en plus de l'arrière-plan et des tissus sains. En outre, le défi des tumeurs cérébrales Glioma, y compris GBM, c'est qu'ils envahissent les tissus environnants plutôt que de les déplacer, provoquant des limites. De plus, les tumeurs du gliome sur les images IRM ont la même apparence comme Gliose, accident vasculaire cérébral, inflammation, taches de sang [14]. Ces défis qui mentent à la détection des tumeurs cérébrales gliomes les caractéristiques font la mission des radiologues et des oncologues très difficile à diagnostiquer et à évaluer les réponses thérapeutiques de ces tumeurs et surtout prédire le taux de survie.

1.3.3 Qualité des images IRM

Contrairement à d'autres types d'images, il est évident qu'en imagerie médicale, il est nécessaire d'avoir le moins de déformations ou de dégradations sur l'image pour ne pas gêner voire fausser le diagnostic. Les paramètres qui influencent le plus sur la qualité des images IRM sont reliés aux imperfections de l'acquisition. Nous distinguons essentiellement les problèmes de bruit, artefacts de volume partiel, les inhomogénéités de champ et les artefacts de mouvement :

Le bruit

Comme tout dispositif de mesure physique, les données sont entachées de bruit. Il provient à la fois du patient (agitation thermique des protons à l'origine d'émissions parasites) et de la chaîne de mesure (convertisseurs analogique-numérique, antenne...). La perturbation par le bruit est généralement quantifiée par le rapport signal sur bruit (RSB), fonction de l'amplitude du signal observé par rapport à l'importance de la variation du bruit. La figure 2.2 montre la différence entre une IRM simulée normal et une IRM simulée avec bruit.

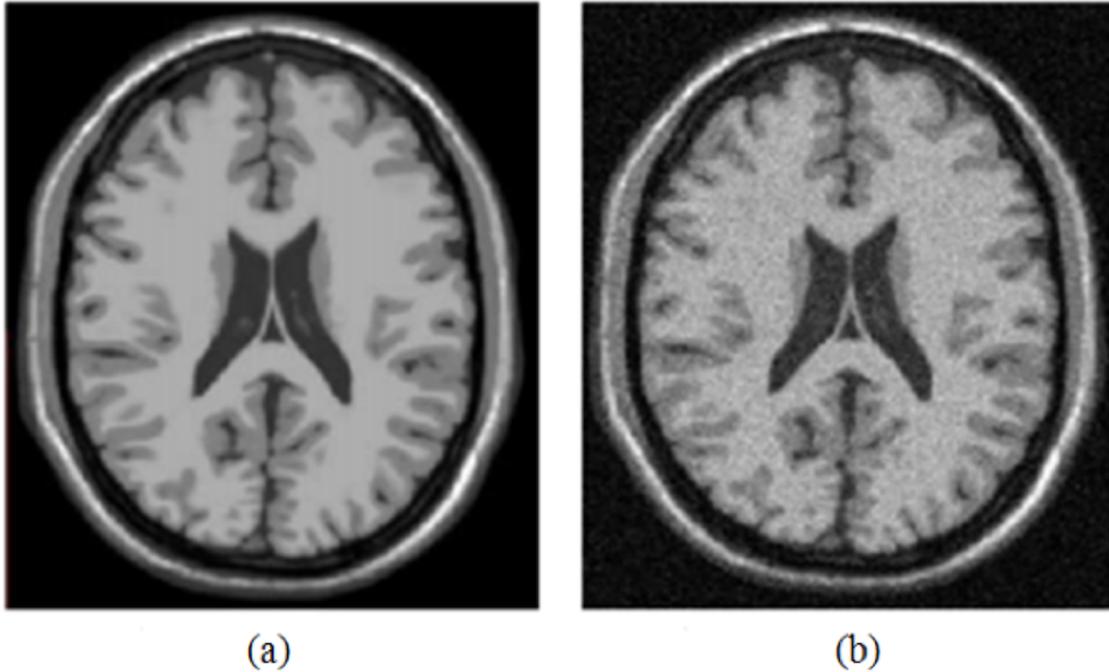


Figure 1.2: (a) IRM simulée normale, (b) IRM simulée avec du bruit

Le volume partiel

Les effets de volume partiel sont directement liés au processus de numérisation du signal. Ainsi, si un pixel intersecte plusieurs objets, son niveau de gris sera une combinaison des niveaux de gris issus de chacun des objets traversés comme l'illustre la figure 1.5. Ce type d'artéfact est lié à la résolution des images, d'où une perte d'information en termes de contraste, et également une perte de la résolution spatiale. Cet effet se manifeste principalement à l'interface entre les matières (MG, MB, LCR, graisse, os) ou lors de la présence de structures, trop fines pour être visibles à la résolution de l'image : vaisseaux sanguins, structures grises fines.

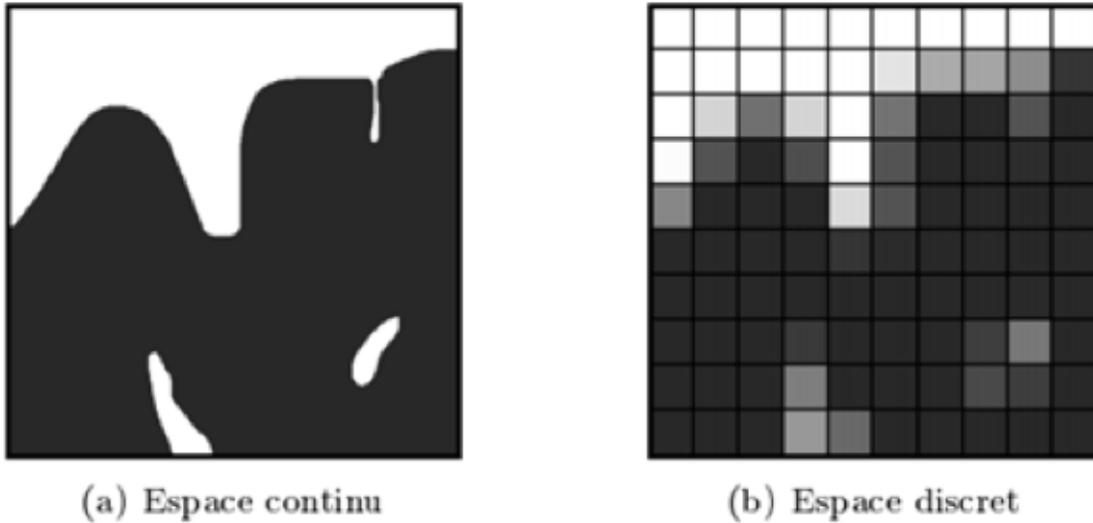


Figure 1.3: Artéfact de volume partiel

Variations du champ magnétique

Les variations ou les inhomogénéités d'intensité du champ magnétique (RF) sont des variations de l'intensité observées pour un même tissu. Ce phénomène est dû au fait que le champ magnétique n'est pas parfaitement homogène spatialement et temporellement pendant une acquisition [13]. Ce type d'artéfact pose des problèmes pour toutes les méthodes de traitement d'image fondées sur les intensités de l'image (segmentation, recalage...).

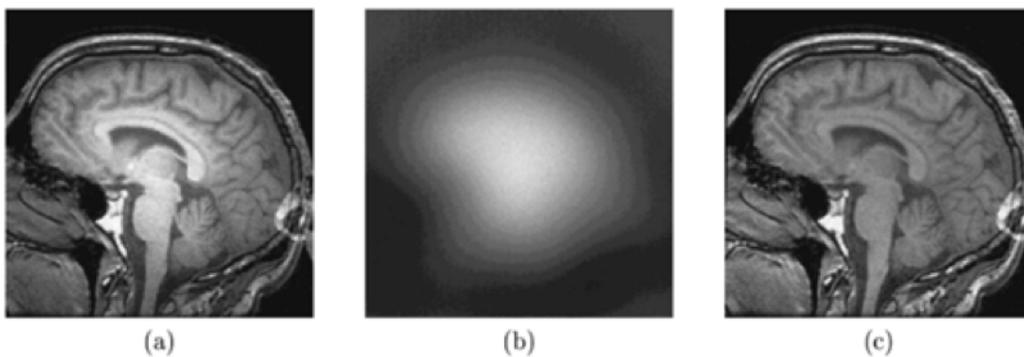


Figure 1.4: Inhomogénéités RF. (a) image affectée par une inhomogénéité RF, (b) l'artéfact RF isolé, (c) image sans artéfact RF

Artéfact de mouvement

L'artéfact de mouvement est un des artéfacts les plus fréquemment rencontrés. Comme son nom l'indique, il se constitue lorsqu'il y a translation dans l'espace du segment étudié au cours de l'acquisition. Il y a deux types de mouvements rencontrés :

- Les mouvements périodiques : Ce sont les mouvements de la respiration, les battements cardiaques et les flux sanguins.
- Les mouvements apériodiques (aléatoires) : Ce sont les mouvements du patient, les mouvements oculaires, le flux du liquide cérébro-spinal ... etc.

Ces artéfacts se traduisent par des phénomènes d'aspects très variables : il s'agit souvent d'apparition d'images fantômes de la structure en mouvement. Ils sont dus au mouvement de la tête comme le montre la flèche sur la figure 2.5. Lorsque ces images fantômes apparaissent superposées aux structures à segmenter, elles perturbent leur niveau de gris ainsi que les gradients de l'image et rendent la segmentation plus difficile.

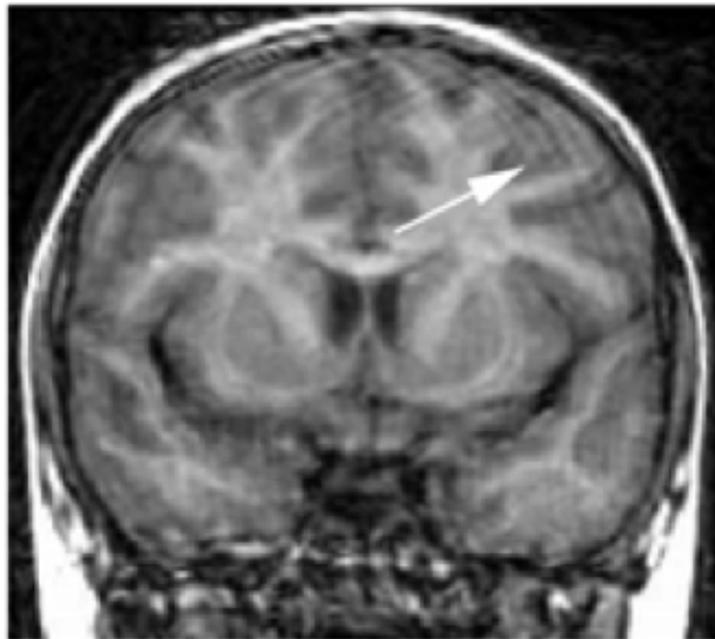


Figure 1.5: Artéfact dû à un mouvement de la tête sur une IRM

1.4 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons présenté ... En fonction de la région anatomique étudiée, de la pathologie recherchée, l'un ou l'autre de ces artefacts sont privilégiés. Certains artefacts peuvent être corrigés, ou du moins minimisés, lors de l'acquisition. Par exemple, les hétérogénéités des champs peuvent être minimisées grâce à une rapide acquisition de calibrage. Mais l'image finale sera toujours perturbée par certains d'entre eux. Il est alors fondamental de faire recourir à des prétraitements surtout si les bases de données sont publiques.

Chapitre 2

Classification automatique des tumeurs

GBM

2.1 Introduction

Dans le domaine de l'analyse des images l'IRM cérébrale, la segmentation constitue une tâche fastidieuse qui permet de mesurer et visualiser les structures anatomiques du cerveau, analyser les changements cérébraux et délimiter les régions pathologiques. Pour cela, diverses techniques de segmentation ont été développées et rapportées dans la littérature. Dans ce chapitre on présente les approches de segmentation Classique, ainsi que les méthodes basées sur l'apprentissage profond. Ces méthodes sont souvent utilisées comme étape préliminaire afin de Déterminer le taux de survie.

2.2 Définition de la segmentation

La segmentation est un traitement de bas niveau qui consiste à créer une partition de l'image A en sous-ensembles R_i [?], appelés régions tels qu'aucune région ne soit pas vide. L'intersection des deux régions soit vide et l'ensemble des régions recouvre toute l'image. Une région est un ensemble de pixels connexes ayant des propriétés communes qui les différencient des pixels des régions voisines. Autrement dit, la segmentation est la fission d'une image en un ensemble de zones qui ne s'emboîtent pas et dont l'union est l'image entière. La nature de l'image, le bruit, les primitives à extraire, le contour et les textures.. sont des facteurs majeurs pour faire le choix d'une

meilleure méthode de segmentation. La segmentation d'images localise des objets pour un objectif principal c'est d'avoir une distinction claire entre l'objet et son arrière-plan.

2.3 Approches de la segmentation des images IRM

Depuis les années 1990, des systèmes basés sur des algorithmes d'apprentissage ont été développés. À cette époque, les recherches utilisent des techniques d'ingénierie des caractéristiques (c'est-à-dire des caractéristiques conçues à la main) pour extraire des caractéristiques discriminantes des images IRM d'entraînement pour représenter et classer chaque image comme par exemple maligne ou bénigne, ou pour détecter chaque objet ou région à l'intérieur de l'image. Le problème de l'ingénierie des fonctionnalités est qu'elle nécessite une connaissance approfondie du domaine de la tâche donnée. Par conséquent, pour chaque tâche, nous avons besoin de personnes ayant des connaissances spécialisées. De plus, dans de nombreux cas, le processus de collecte de données est coûteux, comme les données médicales. L'annotation des données médicales nécessite une collaboration entre différents experts (radiologues, oncologues ... etc). Toutes ces raisons ont contribué et poussé la recherche universitaire et l'industrie à explorer et découvrir des méthodes plus pratiques et moins coûteuses, et c'est ici qu'entre en jeu l'ère de l'apprentissage automatique et de l'apprentissage profond. Ainsi, la recherche est passée de l'ingénierie des fonctionnalités à la conception de réseaux avec plusieurs couches pour extraire des fonctionnalités. Cette perception nous permet de voir l'apprentissage automatique et méthodes d'apprentissage en profondeur comme automatisation de l'ingénierie des fonctionnalités pour faire avancer la recherche et pour réduire le coût de calcul.

2.3.1 Approches classiques

Les premières approches classiques de segmentation d'images IRM sont basées sur :

- **Les seuils** : ces méthodes utilisent un type d'images IRM, généralement une image IRM avec plus de contraste (par exemple, T1 ou T1 post-contraste pondéré). Ils reposent sur un signal de haute intensité comme une valeur seuil dans les images IRM pour extraire le tissu pertinent qui est classé après cela en tant que classe de tumeur ou classe de tissu sain. Ces

méthodes sont itératives, en auquel ils appliquent un seuil global, local ou adaptatif pour distinguer entre tous les tissus différents pour de nombreuses itérations. Ces méthodes sont simples et efficaces en termes de calcul mais ont beaucoup d'inconvénients et généralement, ils échouent dans des applications réelles. Parmi ces inconvénients : ils sont sensibles au bruit et ont besoin d'interactions utilisateur de plus elles s'appliquent généralement aux problèmes de segmentation binaire [11].

- **La region** : Elles sont basées sur la technique de la subdivision ou de la composition d'une image dans des régions homogènes, où chaque région a un ensemble de pixels. Ces méthodes traitent du niveau des pixels et appliquent deux mesures.. Ces méthodes appliquent un algorithme répétitif de composition ou de fractionnement et fusion jusqu'à constituer une région uniforme (par exemple, une région tumorale) [19].
- **Les bords** : la technique de détection des contours est une étape très importante dans le traitement de l'image et champs de vision par ordinateur. De plus, la détection des contours dans une image IRM aide à extraire et réduisent les informations utiles qui à leur tour aident à appliquer l'analyse d'image techniques. Les arêtes correspondent aux limites d'objet ou de région. Au niveau du pixel, le bord est l'endroit où nous pouvons voir un changement significatif entre deux ou plusieurs voisins valeurs de pixel. Nous pouvons regrouper les techniques de détection des bords en deux catégories: méthodes basées sur le gradient et méthodes basées sur la laplacien. La première catégorie repose sur le maximum et le minimum dans le premier dérivé tel que Prewitt, Sobel, Roberts opérateurs alors que la deuxième catégorie repose sur des passages par zéro dans la seconde dérivé [11].
- **L'Atlas** : ces méthodes traitent des informations plus globales extraites d'une image; ils tentent de segmenter une image IRM sans relation bien connue entre régions et intensités des pixels. Habituellement, le processus de segmentation basé sur Atlas les méthodes impliquent de nombreuses étapes, les plus importantes étant l'enregistrement de l'image et Construction de l'Atlas. Atlas fait référence à un modèle où pour chaque application, nous construisons un modèle différent. Certaines applications simples utilisent un seul modèle tandis que dans d'autres, nous devons utiliser plusieurs modèles; pour chaque population d'images, ils construisent un Atlas (par exemple, un Atlas pour une population en bonne santé et un Atlas pour

une population malade) [21].

- **La classification et le regroupement** : ces méthodes font partie des méthodes d'apprentissage automatique (machine learning). Ces méthodes trouvent des schémas naturels dans les données qui génèrent des perspectives et nous aident à prendre de meilleures décisions et prédictions. Ils sont utilisés chaque jour pour prendre des décisions critiques en matière de diagnostic médical. Les méthodes de machine learning sont généralement divisées en algorithmes d'apprentissage supervisés et non supervisés.
 - **L'apprentissage supervisé** : C'est d'apprendre à l'ordinateur de faire quelque chose, puis laissez-le utiliser la nouvelle connaissance trouvée pour le faire. Et c'est quand le model apprend la corrélation entre les étiquettes et les données. toutes les tâches de classification dépendent des ensembles de données étiquetés ex: Détecter les visages, identifier les personnes dans les images, reconnaître les expressions faciales (en colère, joyeuse). Le deep learning est fondé sur l'apprentissage supervisé [5].
 - **L'apprentissage non supervisé** : C'est l'apprentissage sans étiquettes. Plus de données, plus un algorithme peut s'entraîner, plus il sera précis. Par conséquent, l'apprentissage non surveillé peut produire des modèles très précis. Autrement dit. C'est laissez l'ordinateur apprendre comment faire quelque chose, et utiliser ceci pour déterminer la structure et les modèles dans les données. K-mean est l'exemple parfait d'un algorithme non surveillé introductif [5].

La Classification est un algorithme d'apprentissage supervisé tandis que le clustering est un apprentissage non supervisé. Par exemple La méthode SVM de classification est une méthode qui utilise un ensemble de données de formation (images et étiquettes) pour minimiser ou maximiser une fonction objective (fonction de perte) avec noyau de fonction de base radiale qui essaie via une fonction objectif pour maximiser la marge entre deux classes différentes. Ainsi, l'algorithme SVM classe chaque pixel à l'un des nombres de classes prédéfinis [7]. Les méthodes de clustering sont un algorithme itératif qui tente de subdiviser les images d'entraînement en plusieurs images disjointes clusters tels que l'algorithme K-means qui fonctionne en partitionnant une image en un nombre de centres de gravité, où chacun représente le centre du cluster. Ainsi, l'algorithme K-means essaie d'étiqueter chaque pixel

en l'attribuant à un centroïde parmi le nombre prédéfini de centres de gravité, c'est-à-dire que le nombre de centres de gravité est le nombre de classes. [24]

ces méthodes traitent des informations plus globales extraites d'une image; ils tentent de segmenter une image IRM sans relation bien connue entre régions et intensités des pixels. On s'intéresse dans notre projet aux méthodes de classification basée sur les réseaux de neurones qu'on va décrire dans la section ci-dessus.

2.3.2 Présentation des réseaux de neurones

Les réseaux de neurones sont des réseaux parallèles d'éléments de traitement ou de nœuds inspirés du fonctionnement des neurones biologiques. Chaque nœud est capable de réaliser des calculs. L'apprentissage est réalisé par l'adaptation des poids attribués aux raccords entre les nœuds. C'est le plus utilisé dans l'imagerie médicale comme classificateur dans lequel les poids sont déterminés par l'utilisation des données de formation et ensuite sert à la segmentation de données nouvelles. Ils peuvent également être utilisés dans une méthode non surveillée.[2]

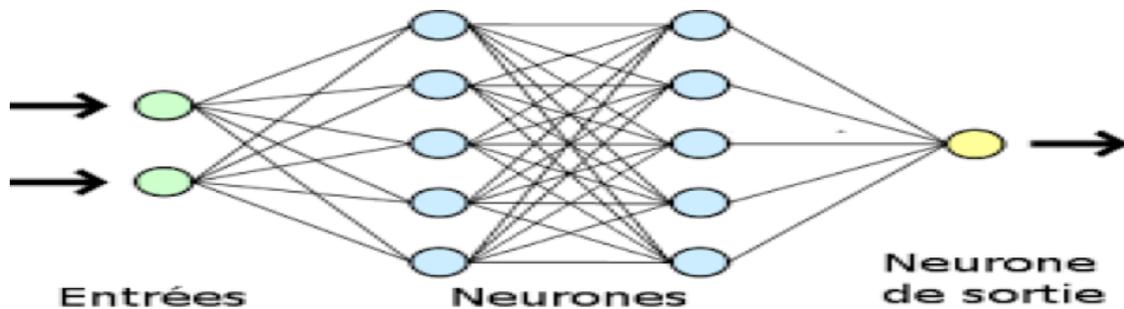


Figure 2.1: Réseau de neurones

Les réseaux neuronaux artificiels fonctionnent à travers les valeurs optimisées du poids. Ils sont atteints par la méthode appelée l'apprentissage.

- Le processus d'apprentissage essaie d'enseigner au réseau comment produire la production lorsque l'input correspondant est présenté.
- Le réseau neuronal formé avec les poids optimaux actualisés devrait pouvoir produire l'output correspondant à l'input dans les conditions voulues.

Les neurones naturels reçoivent des signaux par des synapses situés sur les dendrites du neurone. Lorsque les signaux sont reçus, le neurone sera activé et émet un signal par l'axon. Ce signal pourrait être envoyé à une autre synapse, et pourrait activer d'autres neurones.

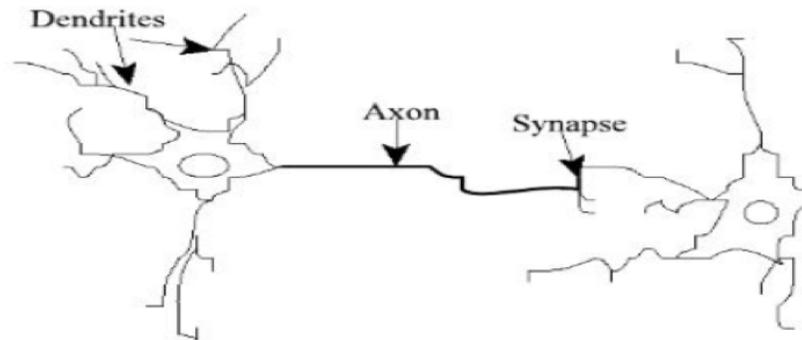


Figure 2.2: Neurone biologique

Lors de la modélisation de ces neurones artificiels. Ces données sont essentiellement constituées d'input (comme des synapses), qui sont multipliés par des poids, puis calculées par un fonctionnement mathématique ce qui active le neurone[2]. Modèle d'un neurone artificiel présenté à la fig.2.3

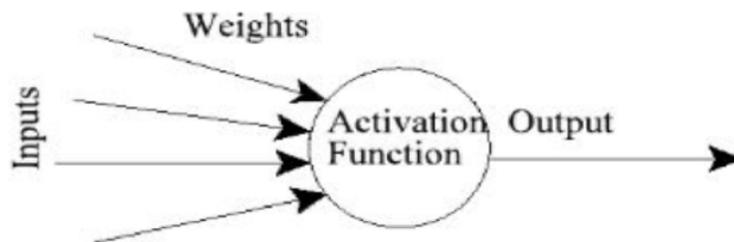


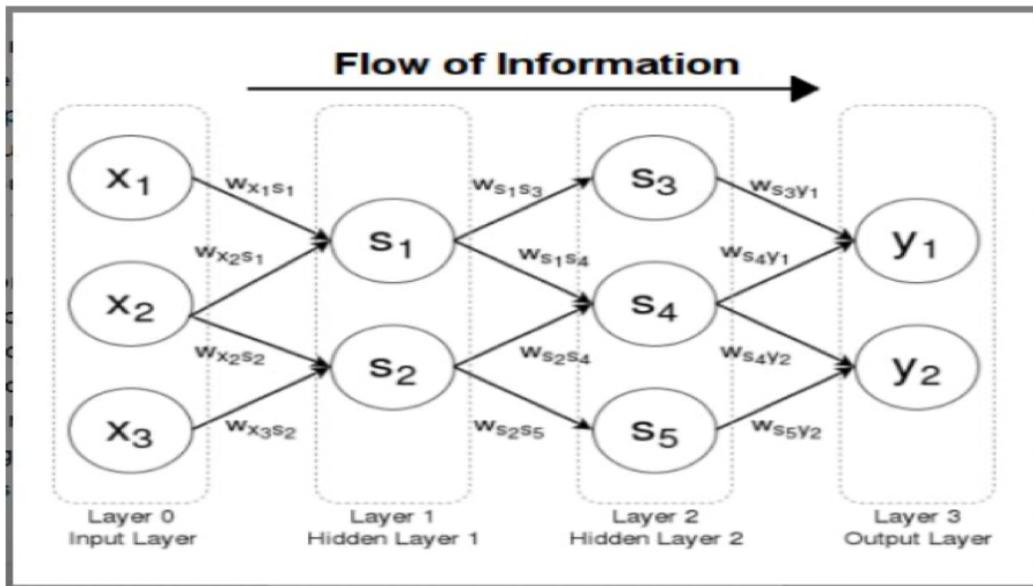
Figure 2.3: Neurone Artificiel

Réseau de neurones *Feedforward*

C'est un réseau de neurones artificiels où les connexions entre les nœuds ne forment pas un cycle [13].

- C'est le premier type de réseau neuronal artificiel inventé.

- Ils sont plus simples que les réseaux neuronaux récurrents.
- C'est un *Feedforward* parce que l'information ne se déplace qu'en avant dans le réseau.
- Pas de boucles à travers les nœuds d'entrées, les nœuds cachés et à travers les nœuds de sorties.
- Principalement utilisé pour l'apprentissage supervisé.

Figure 2.4: Un réseau *Feedforward*

2.3.3 Approches modernes

En 2006, est apparu un nouveau type d'algorithmes d'apprentissage profond appelé *Deep Neural Networks (DNN)* qui utilise un grand nombre de données pour extraire de nombreuses fonctionnalités inférieures telles que des lignes, des arêtes avec orientations différentes puis il les combine de manière hiérarchique pour obtenir un niveau supérieur des caractéristiques telles que des formes, des objets et des visages, ... etc. En 2014, la recherche a commencé à utiliser différentes architectures dans le domaine médical en particulier la segmentation des tumeurs et des lésions cérébrales.

Dans l'apprentissage profond, le modèle apprend à exécuter des tâches de classification directement à partir d'images, de texte ou de son. Il peut obtenir une précision meilleure. Les modèles sont formés en utilisant un grand ensemble de données étiquetées et d'architectures de réseau de neurones avec de nombreuses couches.

Principe de fonctionnement du deep learning

- Les méthodes du deep learning utilisent les architectures du réseau neural.
- Le terme « profond » désigne généralement le nombre de couches cachées dans le réseau neural, où les réseaux neuronaux traditionnels ne contiennent que 2 à 3 couches cachées, tandis que les réseaux profonds peuvent compter jusqu'à 150 couches.
- Les modèles d'apprentissage profond sont formés en utilisant de grands ensembles de données marquées et d'architectures de réseau neural qui apprennent directement les caractéristiques des données sans avoir besoin d'extraction manuelle des fonctionnalités.

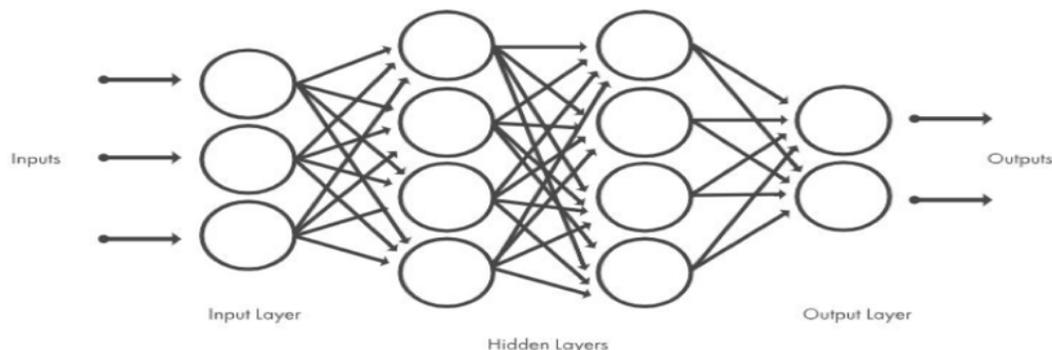


Figure 2.5: Réseau de neurones profond organisés en couches.

La partie «profonde» du deep learning se réfère à la création de réseaux neuronaux profond avec une grande quantité de couches avec l'ajout de poids et de biais. En utilisant de multiples niveaux de réseaux neuronaux dans l'apprentissage profond. Les ordinateurs ont maintenant la capacité de voir et d'apprendre à des situations complexes comme ou meilleures que les humains[3].

Réseau de neurones récurrents

Le RNN est l'une des architectures fondamentales du réseau de neurones dont sont construites d'autres architectures d'apprentissage profond.[6]

- il pourrait avoir des connexions qui se reproduisent dans des couches antérieures ou dans la même couche, qui permettent aux RNN de maintenir la mémoire des inputs précédents et des problèmes de modèle à temps.
- Il peut être déroulé dans le temps et entraîné avec une back-propagation standard ou en utilisant une back-propagation dans le temps.

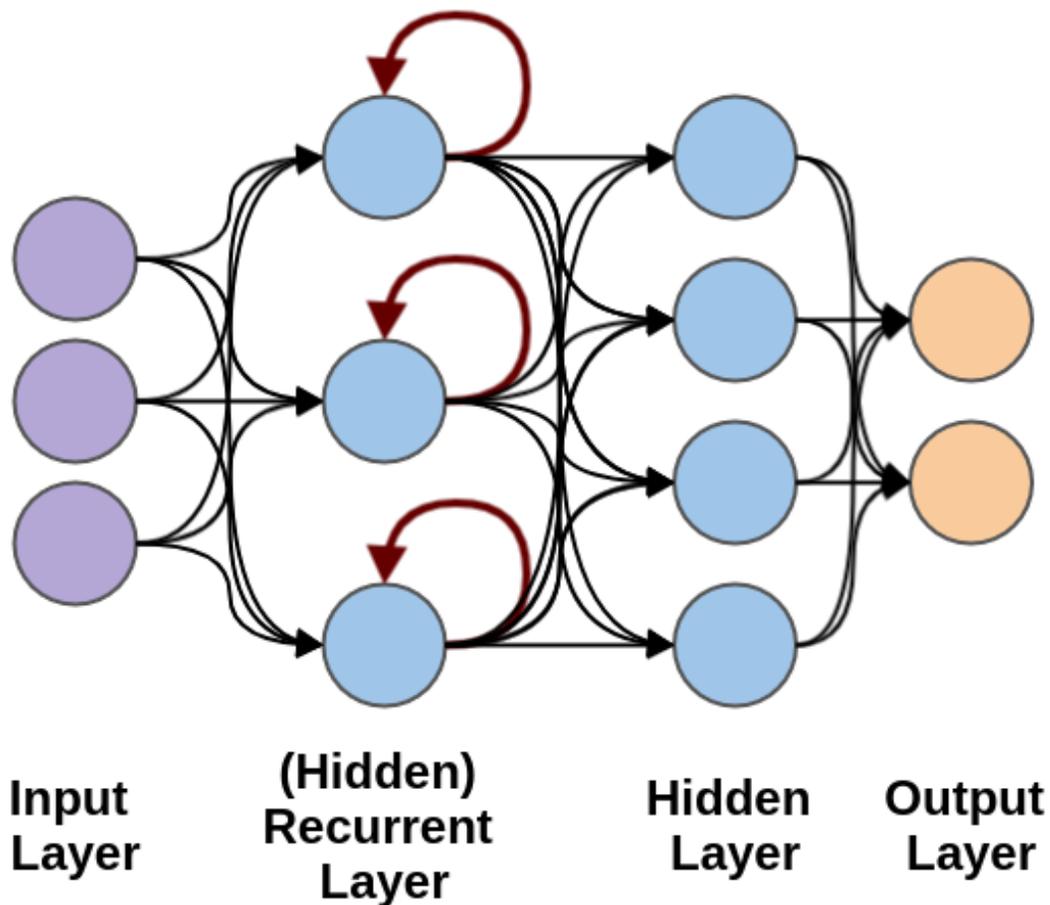


Figure 2.6: Réseau de neurones récurrent

Architectures de Réseaux de Neurones Convolutionnel (CNN) populaires

L'un des types les plus populaires de réseaux neuronaux profonds est connu sous le nom de réseau de neurones convolutifs (CNN) [3].

- Un CNN conjugue les caractéristiques apprises avec des données d'input et utilise des couches 2D de convolution.
- Les CNN éliminent la nécessité d'extraction manuelle des fonctionnalités pour classer les images.
- Le CNN fonctionne en extrayant les fonctionnalités directement à partir d'images.
- Ils apprennent pendant que le réseau s'entraîne sur une collection d'images.
- L'extraction automatisée des fonctionnalités rend les modèles d'apprentissage profond très précis pour les tâches de vision informatique telles que la classification des objets.
- Les couches sont organisées en 3 dimensions: largeur, hauteur et profondeur(trois canaux de couleur R,G,B).
- La dernière sortie sera réduite à un seul vecteur de probabilité de scores.

Les CNN ont deux composantes [1] :

- **La partie cachée d'extraction des caractéristiques :** Dans cette partie, le réseau effectuera une série de convolutions et des opération pooling jusqu'à ce que les fonctionnalités soient détectées ou extraites.
- **La partie Classification :** Ici, les couches entièrement connectées serviront de classification sur ces caractéristiques extraites pour attribuer une probabilité pour l'objet sur l'image, étant ce que l'algorithme prédit.

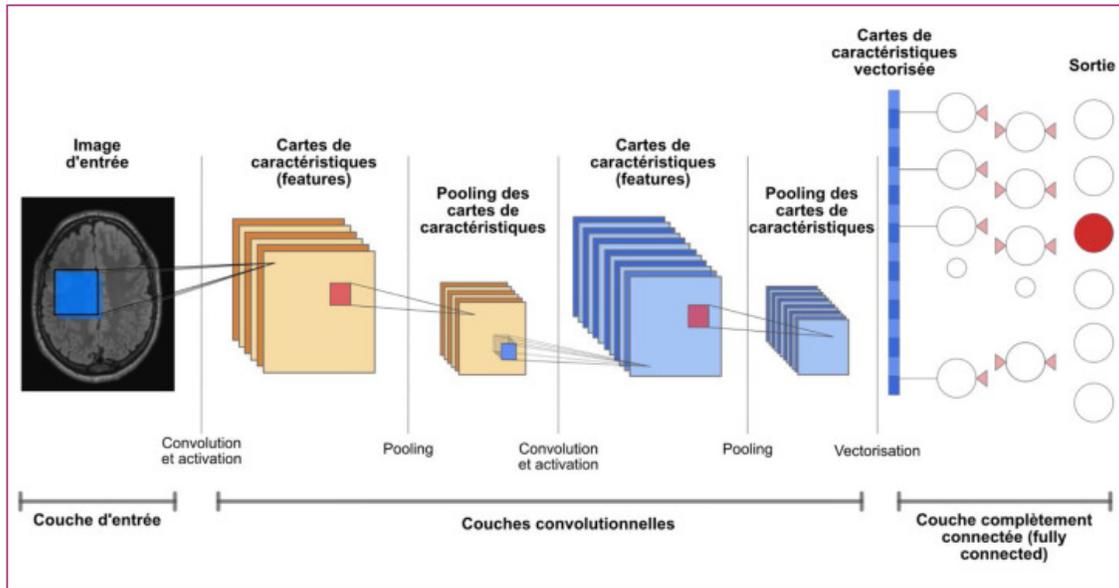


Figure 2.7: Architecture CNN.

Réseaux résiduels profonds (ResNet)

Un ResNet est constitué d'un certain nombre de modules résiduels où chaque module reprend une couche. Chaque couche est constituée d'un ensemble de fonctions à exécuter sur l'entrée. La profondeur d'un ResNet peut varier considérablement [15].

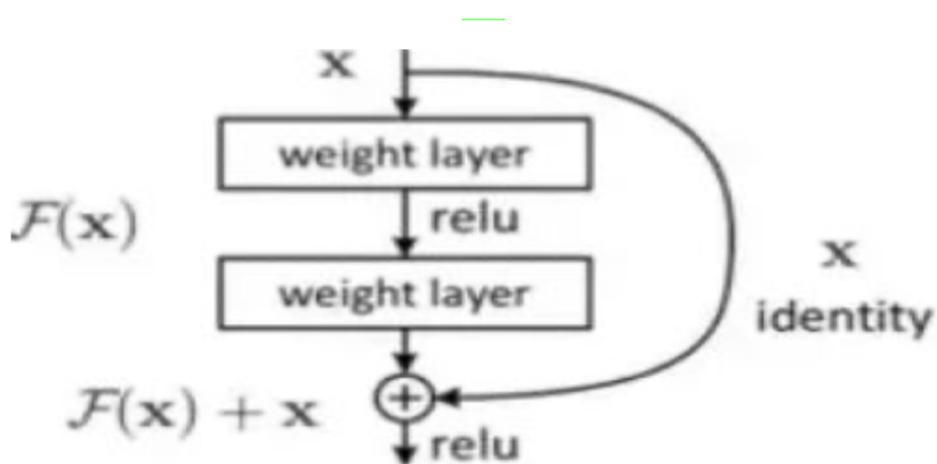


Figure 2.8: Architecture ResNet.

- Les ResNets sont très modulaires. Des centaines et des milliers de couches résiduelles peuvent être ajoutées pour créer un réseau.
- Ils peuvent être conçus pour déterminer à quel point un réseau particulier doit être profond.
- L'utilisation de blocs résiduels entraîne des architectures plus faciles à optimiser et à obtenir de la précision à partir d'une profondeur considérablement accrue.
- Ils Facilitent le flux de back-propagation et améliorent les propriétés de convergence.

U-Net

Le réseau U-Net est l'un des célèbres *Fully Convolutional Networks (FCN)* dans la segmentation d'images biomédicales, considéré comme l'une des architectures standard CNN pour les tâches de classification d'images aux secteurs d'image par classe[8].

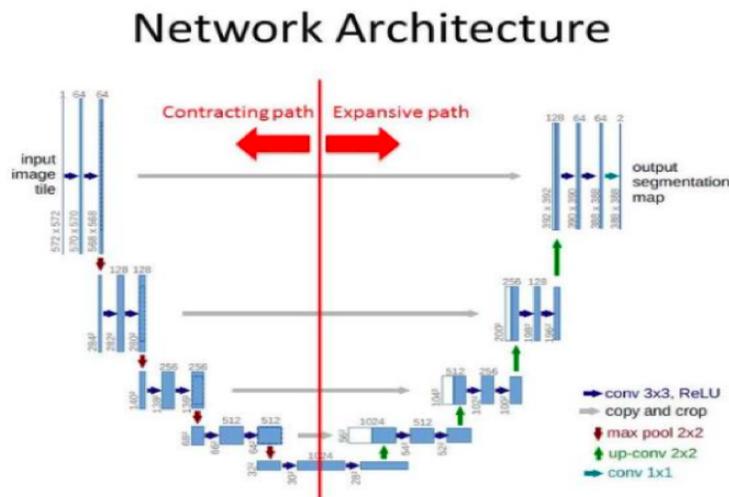


Figure 2.9: Architecture U-Net.

- Cette architecture consiste en un chemin de contrat pour capturer le contexte et un chemin de croissance symétrique qui permet une localisation précise.
- Le réseau est formé end-to-end à partir de très peu d'images.
- La segmentation d'une image 512x512 prend moins d'une seconde sur une GPU moderne.

- L'augmentation des données est utilisée sous forme de déplacement, de rotations, de déformations élastiques et de variations de valeur grise.
- n'utilisent qu'une taille de lot d'une image durant l'entraînement.

auto-encodeur (*autoencoder*)

Les réseaux Auto-encodeurs appliquent le principe de la backpropagation dans un environnement non surveillé. Les autoencodeurs représentent des données par plusieurs couches cachées de sorte que le signal de sortie soit aussi proche du signal d'entrée. L'encodeur et le décodeur c'est les deux parties qui construisent cette architecture[32].

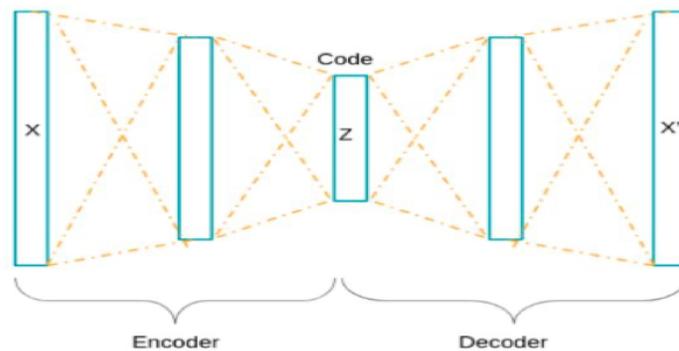


Figure 2.10: Architecture Auto-Encodeur.

2.4 Synthèse des travaux relatifs

[9] : Ce travail a développé une architecture en trois étapes pour la prédiction du taux de survie. La première étape consiste à extraire les caractéristiques radiomiques sur la région d'intérêt (ROI). Les étiquettes de segmentation ont été fournies uniquement pour l'ensemble de données de formation, et ils ont donc segmenté les tumeurs en validation et en série de données d'essai avant d'extraire les caractéristiques radiomiques du ROI segmenté comme première étape. À l'étape 2, des caractéristiques radiomiques ont été extraites, et le modèle de prédiction des fonctionnalités et de l'OS(

taux de survie) a été conçu à l'étape 3. ce modèle a produit une précision de classification de 73% Pour la prédiction du taux de survie en jour.

[27] : Ce travail a proposé un modèle basée sur l'extraction des caractéristiques volumétriques, caractéristiques de la forme et les caractéristiques de la texture de la tumeur, les caractéristiques extraites vont être utilisés pour prédire le groupe du taux de survie. Ils ont divisé leurs patients sur 2 modèle, le premier en 3 classes (<10 mois, 10-15 mois, >15mois), le deuxième en 2 classes (<400 jours, > 400 jours). Ils ont eu une précision de 97,5% pour le premier modèle, et 87,1% pour le deuxième modèle.

[17] : Ce travail a proposé une architecture en 3 étapes pour la prédiction du taux de survie en jour. La première étape est de faire une segmentation de la tumeur. Puis, une extraction des caractéristiques radiomique (volume, intensité et géométrique). Finalement, ils ont utilisé ces caractéristiques dans un modèle de régression pour prédire le nombre de jours du survie. Ce modèle a obtenu une précision de 84,62%.

Dans le tableau, nous avons résumé une étude comparative entre plusieurs architectures de Deep Learning de la section ci-dessus des travaux associés en utilisant 3 critères : taux de survie en class ou en jours et la précision du chaque modèle, en mentionnant la base de données utilisée.

Articles	Taux de survie en class	Taux de survie en jours	DataSet	Précision
[9]	Non	Oui	Brats 2018	73%
[27]	Oui 2-3 classes	Non	Brats 2017	97,5% - 87,1%
[17]	Non	Oui	Brats 2017	84,62%

Table 2.1: Comparaison des travaux relatifs

2.5 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons présenté les approches de segmentation Classique et les methodes basée sur l'apprentissage profond, ainsi, quelques CNN populaires. Pour finir le chapitre avec les traveaux relatifs.

Chapitre 3

Conception du réseau de neurones convolutionnel TS-Net

3.1 Introduction

Dans ce chapitre nous présentons notre architecture de réseau neural profond et les étapes nécessaires pour la construction et la préparation de la base de données. Cette dernière a une grande influence sur la performance des résultats obtenus qu'on va présenter dans le chapitre II de cette partie.

3.2 Architecture général

La figure 3.1 ci-dessous représente l'architecture générale de notre modèle appelé TS-Net (réseau de prédiction du Taux de Survie).

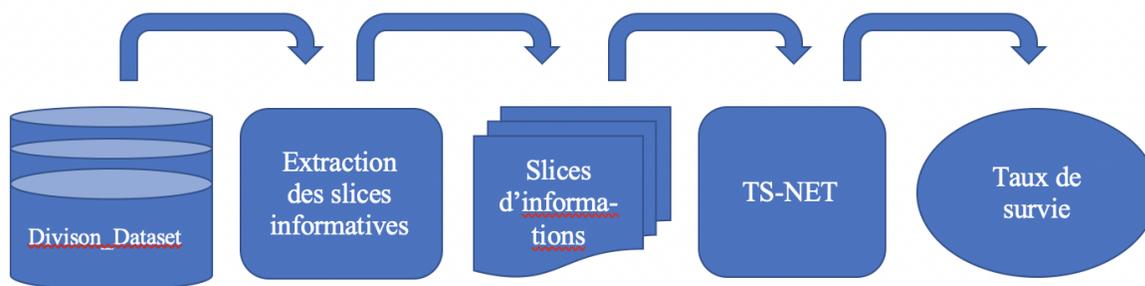


Figure 3.1: L'Architecture du modèle TS-Net.

Le processus de la prédiction du taux de survie à partir d'une image suit des étapes essentielles :

- La division de la base de données (*Divison_DataSet*) en 3 classes selon le nombre de jour de la survie.
- Extraction des slices d'informations à partir de l'image 3D.
- L'enregistrement de ces slices en JPEG pour les fournir au modèle.
- La conception du modèle TS-NET pour l'apprentissage et la classification des données.

Pour développer des modèles d'apprentissage profond pour la prédiction du taux de survie des malades GBM, nous devons utiliser une base de données annotée d'images IRM et validée par les radiologues. Pour cela nous avons utilisé BRATS 2020 DATASET des images cérébrales de chaque patient atteint GBM. Ces images sont composées de 5 séquences IRMs : T1, T1c, T2, FLAIR et une séquence SEG segmenté par l'expert. Ces séquences sont des images 3D où la taille de l'image IRM de chaque patient est de 240 x 240 x 155 (hauteur x largeur x nombre de slices). Aussi, il faut préciser qu'il n'y a pas de cas négatifs, en d'autres termes, toutes les images l'IRM des patients contiennent des tumeurs cérébrales GBM. Néanmoins, sachant que l'efficacité d'un modèle d'apprentissage dépend de l'information précise dans l'image en entrée, nous avons proposé deux contributions correspondantes aux opérations ci-dessous (division de la base en classes et extraction de l'information utile) afin de bien développer notre architecture qui se base sur des tests empiriques.

3.3 La déviation de la *DataSet*

La première étape du processus était la création des classes selon le nombre de jour de survie. Pour cela nous avons implémenté l’algorithme suivant :

Algorithm 1: Classification Des Patients

Résultats : Malades classifiés en 3 groupes $i, j, k = 0$;

```

1 while  $i$  in BratsPatient do
2   code= récupérer code du malade( $i$ ) ;
3   while  $j$  in BratsCsv do
4     if  $ID[j] == code$  then
5       récupérer survival_day du malade( $j$ ) ;
6       ajouter le malade( $j$ ) a sa classe ;
7     end
8   end
9 end
```

Il existe une classification des patients en trois groupes de survie connus de GBM [28]. Cette classification a divisé le taux de survie en 4 groupes de survie : Le premier < 3,1 mois (ce qui correspond 94 jours), le deuxième <4,3 mois (130 jours), le troisième < 7,7 mois (234 jours) et le quatrième < 8,5 mois (258 jours). Cette classification vise à faire une planification précise du traitement et aide les cliniciens à décider si le patient doit être traité de manière massive ou pas. Pour cela, nous avons proposé une autre classification ce qui nous permettra de construire notre modèle multi-classes TS-Net. En effet, on a devisé notre base de données de nos malades en trois groupes de survie où les groupes de survie étaient qualifiés de longs survivants (plus de 500 jours), de courts survivants (moins de 250 jours), et de milieu de survivants (entre les deux intervalles 250-500). Notre proposition permet de réaliser un équilibre de nombre de malades de chaque classe contrairement à la classification proposée dans [28].

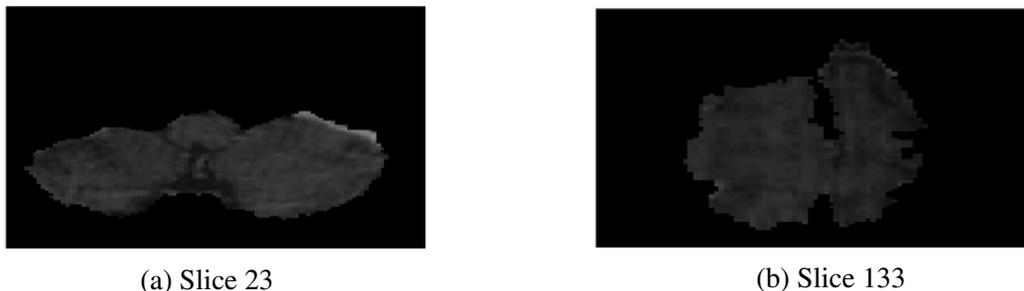


Figure 3.2: Exemple des coupes qui ne représente pas le cerveau.

3.4 L'extraction des slices informatives.

Pour préparer les données à utiliser par notre modèle une opération automatique optimisée d'extraction des slices informatives avec l'orientation du médecin expert en radiologie (Dr : BELABBAS du Centre d'imagerie médicale des Ziban). Nous avons proposé cette étape en s'appuyant sur les caractéristiques de ces slices en remarquant la variété de la position de la tumeur et les slices qui ne contiennent pas d'informations sur la maladie (figure 3.2). Premièrement, L'image 3D contient 155 Slices, les 25 premières et dernières coupes ne représentent même pas le cerveau donc pas la tumeur, Alors ils seront éliminés dès le début.

Après l'élimination des coupes presque vide, on passe aux coupes vide de tumeur d'une façon automatique (des coupes du cerveau et pas la tumeur). Pour compléter cette tâche on a proposé l'algorithme ci-dessous qui comprend la première étape déjà mentionnée.

Algorithm 2: Classification Des Patients

Résultats : Les slices d'informations ;

Entrée : La classe des patients

```

1  i , j , k , nonzeroN, NonzeroMax = 0 ;
2  while i in ClassePatient do
3      code= récupérer code du malade(i) ;
4      for Chaque Slice j tel que 25<J<130 do
5          Charger slice j de sequence Seg ;
6          nonzeroN = Calcul_nbr_pixel_nonZero ;
7          if nonzeroN > nonzeroMax then
8              nonzeroMax = nonzeroN ;
9          end
10     end
11     j = 0 ;
12     for Chaque Slice j tel que 25<J<130 do
13         Charger slice j de sequence Seg ;
14         Charger slice j de sequence T1ce ;
15         nonzeroN = Calcul_nbr_pixel_nonZero ;
16         if nonzeroN > nonzeroMax/2 & k20 then
17             k = k+1 ;
18             convertir le slice en Jpeg et l'enregistrer ;
19         end
20     end
21 end

```

Cet algorithme commence par le parcours des fichiers de chaque classe, à chaque fichier on garde le code du patient (ligne 2 et 3 de l'algorithme) et on charge la séquence (image segmentée) Seg du malade. Puis, on calcule le maximum du nombre de pixels utilisés par le parcourt des coupes sans passer par les 25 premières et dernières. A chaque fois que ce slice a plus de pixels utilisé que

les précédents on garde ce nombre « nonzeroMax » (ligne 4-9). Après avoir eu le maximum de pixels de tous les slices, on charge la séquence T1ce et on parcourt les deux types T1ce et Seg en même temps (ligne 13-14). Le parcours se fait pour satisfaire deux conditions principalement, si le nombre de pixel de la coupe est équivalent ou supérieur à le demi du nombre maximum ($\frac{1}{2}$) et Le nombre de slices qui satisfait cette condition égale ou inférieur à 20, on prend 20 slices informatives dans le but d'augmentation de la base de données. (ligne 16-18). Le type utilisé est T1ce (Figure 3.3) . ce choix a été utilisé principalement pour deux raisons exprimées par le médecin expert :

- Les informations plus compréhensible de ce type, parce que la graisse apparaît hyper-intense (couleur claire) et l'eau hypo-intense.
- La clarté des bordures de la tumeur.

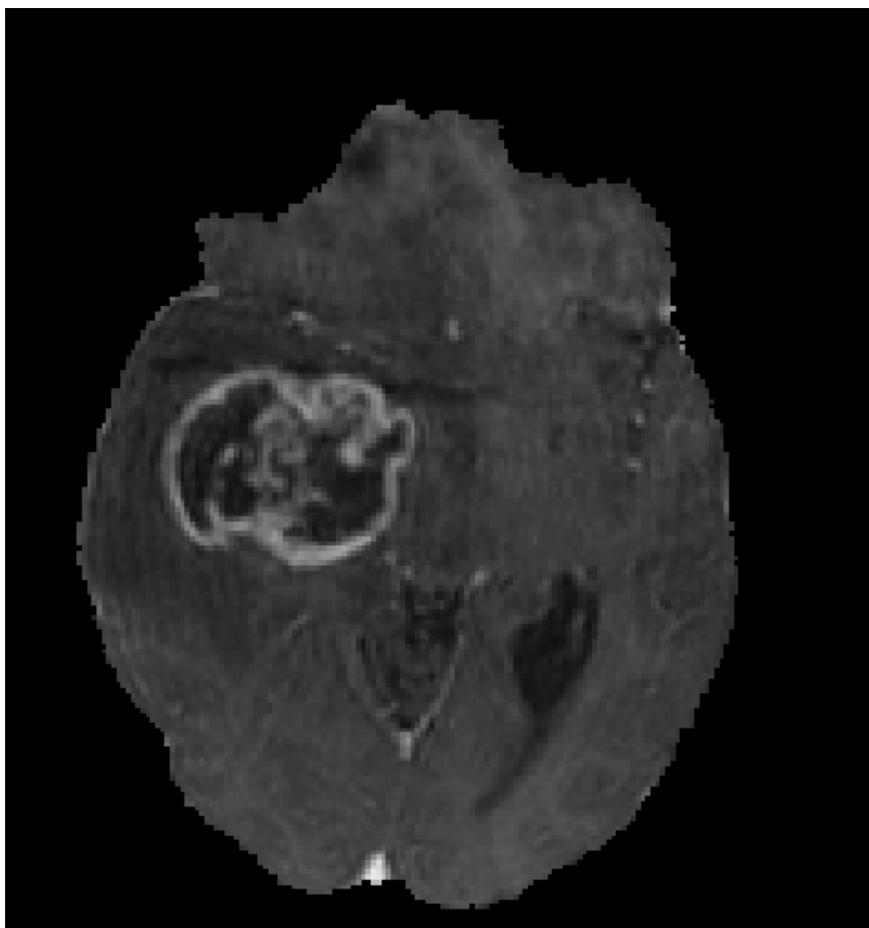


Figure 3.3: Coupe informative de séquence T1ce.

En récupérant les coupes informatives, l'étape de prétraitement de la base de données est finie. Maintenant, on rentre à l'étape la plus importante ce qui est la création du modèle.

3.5 Conception détaillée du réseau TS-Net

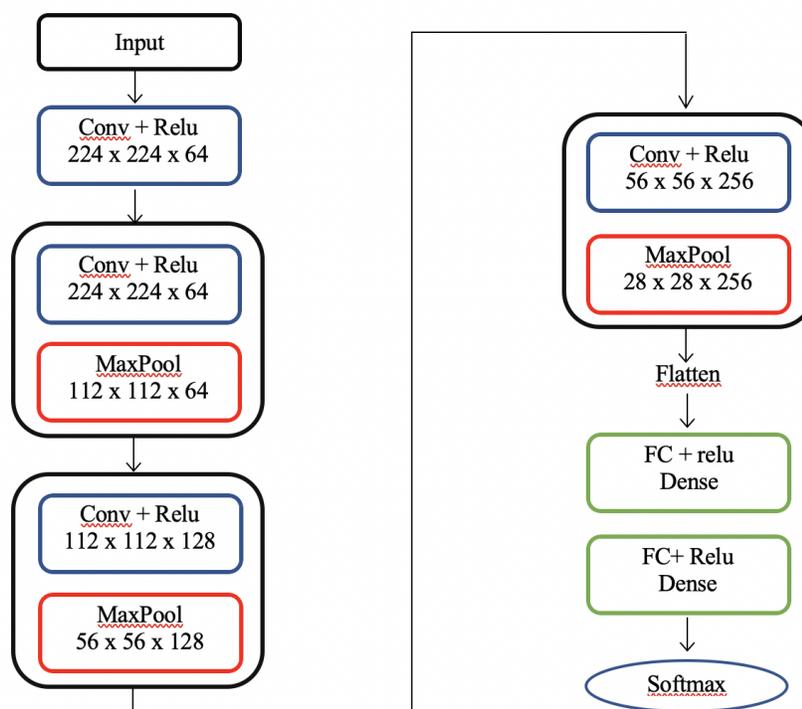


Figure 3.4: L'architecture du TS-Net.

L'architecture proposée est composée :

- D'une couche d'entrée de convolution.
- 3 blocks de convolution.
- 2 couches entièrement connectées.
- 1 couche de sortie avec 3 classes

Nous avons effectué plusieurs tests afin de retenir la meilleure architecture de notre réseau convolutionnel TS-Net en se basant sur sa convergence vers les meilleurs taux de classification.

Nous avons varié le nombre de couches, le nombre et la taille des filtres de convolution. Nous avons retenu le modèle de la figure 3.4. L'image en entrée est de taille 224 x 224 x 3, l'image passe d'abord par la première couche de convolution. Cette couche est composée de 64 filtres de taille 3 x 3, la fonction d'activation ReLU est utilisée pour forcer les neurones à retourner des valeurs positives. Cette convolution produit 64 features maps de taille 224 x 224 chacune. Ensuite, les 64 features maps sont présentées en entrée à la deuxième couche de convolution qui est composée aussi de 64 filtres de taille 3 x 3. Puis on applique un MaxPooling à la deuxième couche de convolutions, simplement pour renvoyer la valeur maximale de toutes les valeurs qu'il voit à une position du masque donnée, dans notre cas c'est 2 x 2. L'application d'un MaxPooling sur une couche de convolution crée un Block de convolution. L'utilisation de ces blocks 3 fois consécutives nous a aidé à augmenter la précision du modèle. Finalement deux couches FC sont appliquées dotés d'une fonction SoftMax pour une probabilité de classe plus sûre.

Nous décrivons ci-dessous les opérations principales qui contrôlent les couches de notre réseau TS-Net que nous avons créé :

- **La Couche de Convolution** : Cette Couche représente la couche d'entrée de notre CNN et la première couche de chaque bloc son rôle est extraire les caractéristiques. Cette couche est composée d'un Kernels avec une taille de 3 x 3. Lorsque nous glissons le Kernel sur l'image d'entrée basées sur les poids du Kernel, nous finissons par calculer les caractéristiques pour différents pixels basés sur leurs valeurs de pixels environnants/voisins.
- **Les Fonctions D'Activation** : la fonction RELU (*Rectified Linear Unit*) (Figure 2.5) est la fonction d'activation la plus utilisée dans presque tous les réseaux neuronaux CNN. Elle active l'entrée juste lorsque l'entrée est plus élevée, alors une certaine quantité.



Figure 3.5: Un graph de l'application de la fonction d'activation Relu.

Nous avons utilisé le SoftMax comme fonction d'activation dans le niveau de sortie parce que

notre problème est un problème de problèmes de classification multi-classes où l'appartenance à la classe est requise sur plus de deux étiquettes de classe.

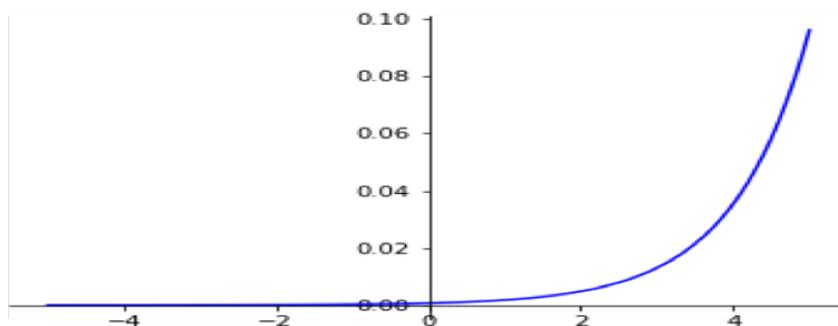


Figure 3.6: Un graph de l'application de la fonction d'activation SoftMax.

- **Le MaxPooling :** Cette couche représente la deuxième couche du bloc de convolution, elle est appliquée pour aider le Sur-apprentissage en fournissant une forme abstraite de représentation. De plus, elle réduit le coût de calcul en réduisant le nombre de paramètres à apprendre et en assurant une invariance de traduction fondamentale à la représentation interne. Dans notre cas on utilise ses avantages pour réduire la dimension des images en réduisant le nombre de pixels dans la sortie de la couche révolutionnaire précédente afin d'extraire des caractéristiques de faible niveau comme les bords, les points.

3.6 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté la conception globale et les modules du notre CNN pour la classification du taux de survie pour les malades glioblastome. Commenant par l'architecture générale du notre modèle. Puis, les algorithmes utilisés. Également, nous avons montré notre contribution qui est l'extraction des coupes informatives d'une façon automatique.

Chapitre 4

Implémentation du modèle de prédiction

TS-Net

4.1 Introduction

Dans ce chapitre, on présente le développement détaillé de notre architecture de réseau de neurones profond pour la prédiction du taux de survie proposé au chapitre 3 de ce mémoire. Cette partie comprend aussi :

- Les Environnements et outils utilisés.
- L'implémentation du modèle.
- L'évaluation et la comparaison des résultats.

4.2 Environnements et outils de développement

Pour mettre en œuvre cette application, les matériaux ayant les caractéristiques suivantes ont été utilisés :

- Processeur : 2,9 GHz Intel Core i5 double cœur.
- RAM : 16 GB.
- Système d'exploitation : MAC OS Catalina 10.15.1

4.2.1 Bibliothèques et outils de développement :

Dans cette section on va présenter les environnements de programmation, et les outils ainsi que les différentes librairies pour la programmation en arrière-plan (*back-end*), exécutable sur plusieurs IDE (environnement)

Python



Python est un langage de programmation interprété, multi-paradigme et multiplateformes. Il favorise la programmation impérative structurée, fonctionnelle et orientée objet. C'est un langage qui peut s'utiliser dans de nombreux contextes et s'adapter à tout type d'utilisation grâce à des bibliothèques spécialisées. Il est cependant particulièrement utilisé comme langage de script pour automatiser des tâches simples mais fastidieuses.

TensorFlow



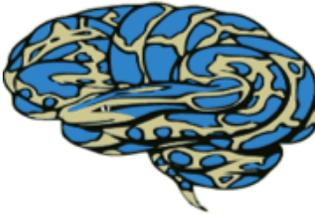
TensorFlow est un outil open source d'apprentissage automatique développé par Google. Le code source a été ouvert le 9 novembre 2015 par Google et publié sous licence Apache. Initiée par Google en 2011, et est doté d'une interface pour Python et Julia. TensorFlow est l'un des outils les plus utilisés en IA dans le domaine de l'apprentissage machine.

Keras



La bibliothèque Keras permet d'interagir avec les algorithmes de réseaux de neurones profonds et d'apprentissage automatique, notamment Tensorflow, Conçue pour permettre une expérimentation rapide avec les réseaux de neurones profonds, elle se concentre sur son ergonomie, sa modularité et ses capacités d'extension. Elle a été développée dans le cadre du projet ONEIROS (Open-ended Neuro-Electronic Intelligent Robot Operating System). Elle a été initialement écrite par François Chollet.

NiBabel



Nibabel est le successeur de PyNIfTI. C'est une bibliothèque écrite pour le langage de programmation Python, Ce paquet fournit l'accès à certains formats de fichiers médicaux et neuro-imaginants communs comme les fichiers Nifti. Elle propose en particulier des différentes classes de format d'image donnent un accès complet ou sélectif à l'information en tête (meta) et l'accès aux données d'image est disponible via les tableaux NumPy.

MatplotLib



Matplotlib est une bibliothèque du langage de programmation Python destinée à tracer et visualiser des données sous formes de graphiques. Elle peut être combinée avec les bibliothèques python de calcul scientifique NumPy et SciPy. Plusieurs points rendent cette bibliothèque intéressante :

- Export possible en de nombreux formats matriciels (PNG, JPEG...) et vectoriels (PDF, SVG...).
- Documentation en ligne en quantité, nombreux exemples disponibles sur internet.
- Forte communauté très active.

NumPy

NumPy est une bibliothèque Python utilisée pour travailler avec des tableaux. Il a également des fonctions pour travailler dans le domaine de l'algèbre linéaire, de la transformée de Fourier et des matrices. NumPy a été créé en 2005 par Travis Oliphant. C'est un projet open source et vous pouvez l'utiliser librement. Nous avons l'utilisé dans notre projet afin de convertir nos slices en matrice au but de profiter des fonctions de cette bibliothèque.

4.2.2 Environnement de développement

Pour ce qui concerne l'environnement de développement on a utilisé L'IDE :

PyCharm



PyCharm est un environnement de développement intégré utilisé pour programmer en Python. Il permet l'analyse du code et contient un débogueur graphique. Il permet également la gestion des tests unitaires, l'intégration de logiciel de gestion de versions, et supporte le développement web avec Django. Développé par l'entreprise tchèque JetBrains, c'est un logiciel multiplateforme qui fonctionne sous Windows, Mac OS X et Linux. Il est décliné en édition professionnelle, diffusé sous licence propriétaire, et en édition communautaire diffusé sous licence Apache.

Google colaboratory



La formation d'un modèle d'apprentissage en profondeur peut nécessiter beaucoup de charge sur le CPU/GPU, c'est pourquoi nous utilisons la plateforme cloud Google Colab pour cette tâche. Colaboratory est un projet de recherche créé par Google pour aider à diffuser l'enseignement et la recherche sur l'apprentissage automatique par offrant des ressources à utiliser à ses utilisateurs. Il s'agit d'un environnement de notebook Jupyter qui peut être utilisé sans aucune configuration. Et il fonctionne entièrement dans le cloud.

4.3 Préparation des données

Après avoir recherché et téléchargé l'ensemble de données, tout d'abord et Avant de passer les images à la couche d'entrée, on a fait la division de la base de données en trois ensembles distincts : training, validation et test, en utilisant une répartition de 70% de training, 20% de validation et 10% test. Le rapport d'échantillons distribués dans chaque ensemble est déterminé par des expériences. Nous avons appliqué la fonction prédéfinie sur python « *split folders.ratio* ».

```
1 import splitfolders
2 input_folder="/content/drive/MyDrive/AutoJpeg"
3 output="/content/datasetout1"
4 splitfolders.ratio(input_folder,output,seed=1337,ratio=(.7,.2,.1))
```

Listing 4.1: Division de la base de données

Et aussi un redimensionnement des images avant le passage par la fonction « *ImageDataGenerator()* ».

```
1 trdata = ImageDataGenerator()
2 traindata = trdata.flow_from_directory(directory="/content/datasetout1/train",
   target_size=(224,224))
3 tsdata = ImageDataGenerator()
4 testdata = tsdata.flow_from_directory(directory="/content/datasetout1/val",
   target_size=(224,224))
```

Listing 4.2: Redimensionnement des images

4.4 Les fonctions utilisées

ImageDataGenerator()

Cette Fonction est utilisée pour charger notre train, valider les ensembles de données en mémoire et générer des lots de Tensor. Et aussi pour faire une augmentation des données en temps réel.

Count NonZero

Cette fonction de la bibliothèque NumPy son rôle principalement est de Calculer le nombre de valeurs non zéro dans le tableau a.

Le mot “non-zéro” est en référence à la méthode Python 2.x intégrée `__nonzero__()` (renommé `__bool__()` dans Python 3.x) qui teste la “vérité”. Par exemple, un nombre est considéré comme véridique s’il est non nul, alors qu’un caractère est considérée comme véridique si elle n’est pas la chaîne vide. Ainsi, cette fonction (récursivement) compte combien d’éléments dans une méthode `__nonzéro__()` ou `__bool__()` évaluée à True. On a utilisé cette fonction dans notre programme pour calculer le maximum du nombre de pixel a fin de trouvé le nombre de slice qui contient la plus grosse forme de la tumeur.

4.5 L’implémentation du modèle TS-Net

Lors de la conception et de la configuration de notre modèle d’apprentissage en profondeur (CNN), nous avons essayé plusieurs configurations en utilisant des tests empiriques. dans la Figure 4.1 nous présentons les paramètres de notre architecture.

```

Model: "sequential_1"

```

Layer (type)	Output Shape	Param #
conv2d_6 (Conv2D)	(None, 224, 224, 64)	1792
conv2d_7 (Conv2D)	(None, 224, 224, 64)	36928
max_pooling2d_3 (MaxPooling2D)	(None, 112, 112, 64)	0
conv2d_8 (Conv2D)	(None, 112, 112, 128)	73856
max_pooling2d_4 (MaxPooling2D)	(None, 56, 56, 128)	0
conv2d_9 (Conv2D)	(None, 56, 56, 256)	295168
max_pooling2d_5 (MaxPooling2D)	(None, 28, 28, 256)	0
flatten_1 (Flatten)	(None, 200704)	0
dense_3 (Dense)	(None, 1024)	205521920
dense_4 (Dense)	(None, 512)	524800
dense_5 (Dense)	(None, 3)	1539

```

Total params: 206,456,003
Trainable params: 206,456,003
Non-trainable params: 0

```

Figure 4.1: Architecture Détaillée du CNN TS-Net.

4.6 Les résultats du modèle

Dans ce que suit nous allons présenter les résultats obtenu pour la classification du taux de survie en utilisant un système de reconnaissance à base CNN.

Présentation graphique de précision du modèle

Ce graph montre la précision « *Accuracy* » du modèle sur l'ensemble de données de formation « *train* » sur les époques d'entraînement, le graph montre aussi la validation du précision « *Val-Accuracy* » sur l'ensemble de données de validation.

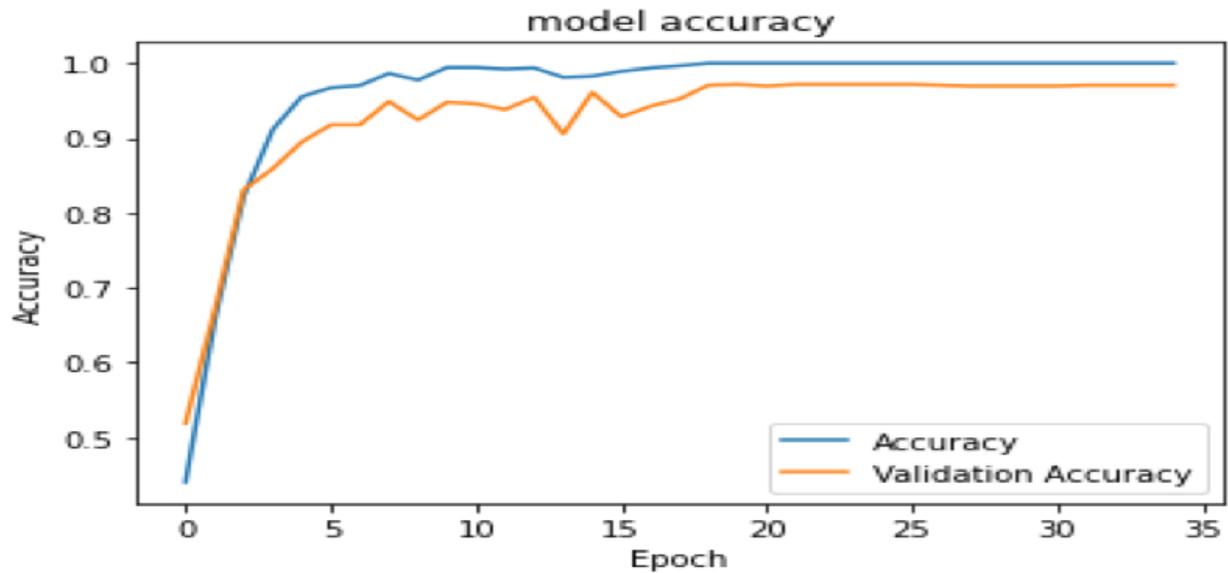


Figure 4.2: Présentation graphique du modèle de précision

Présentation graphique de l'erreur du notre modèle

Ce graph contient montre l'erreur « *Loss* » du modèle sur l'ensemble de données de formation « *Loss* » sur les époques d'entraînement, le graph montre aussi la validation de l'erreur « *Val-Accuracy* » sur les mêmes données.

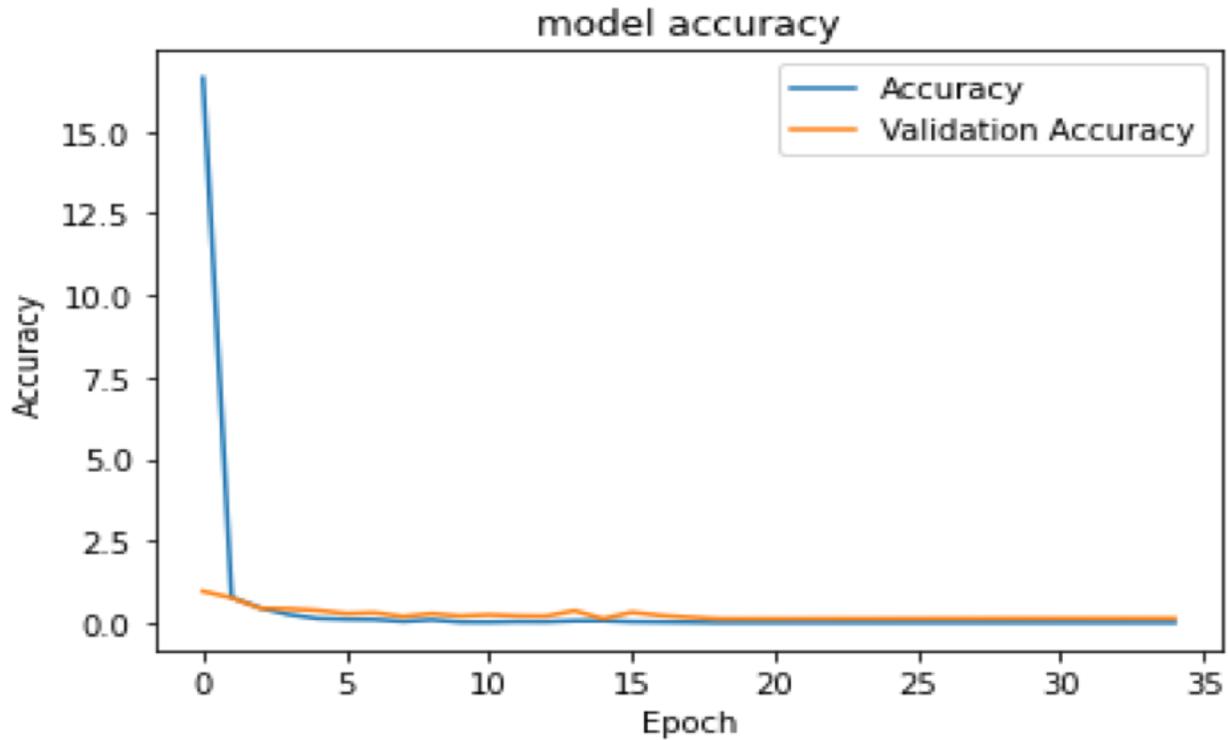


Figure 4.3: Présentation graphique du modèle de l'erreur.

Après l'analyse des résultats obtenus, Nous avons constaté les remarques suivantes :

- D'après la Figure 4.3 La précision de l'apprentissage et de test augmente avec le Nombre d'époque, ceci reflète qu'à chaque époque le modèle apprend plus d'informations.
- De même, l'erreur d'apprentissage et de la validation diminue avec le nombre d'époque.

Notre modèle a obtenu sa meilleure valeur de validation « *accuracy, val-accuracy* » dans l'époque numéro 35. A cette époque, les valeurs sont :

- La Précision à 1,0.
- La validation de la précision à 0,9707%.
- L'erreur à 6,5595e-06.
- La validation de l'erreur à 0,1319%.

4.6.1 L'Évaluation du modèle

Dans La partie d'évaluation, on a évalué le modèle sur des images IRM des patients avec un taux de survie court, moyen et long avec la même classification de notre base de données. On a obtenu les résultats suivants :

```
***** _____ Test Short Survival overall class images _____ *****
total images = 1446
true predictions = 1433
accuracy = 99.10096818810513
Loss = 0.8990318118948792
```

Figure 4.4: Les résultats du modèle pour des patients avec un court taux de survie.

La figure 4.5 Montre un exemple d'image d'entrée du test des courts survivants (images des patients avec un court taux de survie).

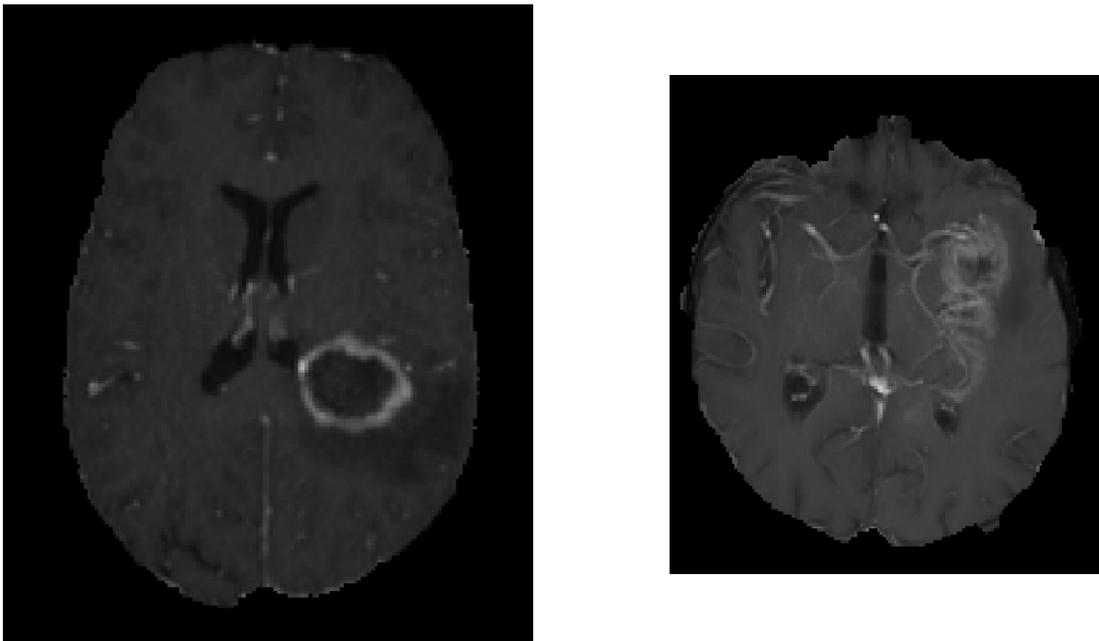


Figure 4.5: Exemple d'images d'entrée pour deux malades avec un court taux de survie .

```
***** _____ Test Medium class images _____ *****
total images = 1696
true predictions = 1687
accuracy = 99.46933962264151
Loss = 0.5306603773584939
```

Figure 4.6: Les résultats du modèle pour des patients avec un taux de survie moyen.

La figure 4.7 Montre un exemple d'image d'entrée du test des moyens survivants (un taux de survie moyen).

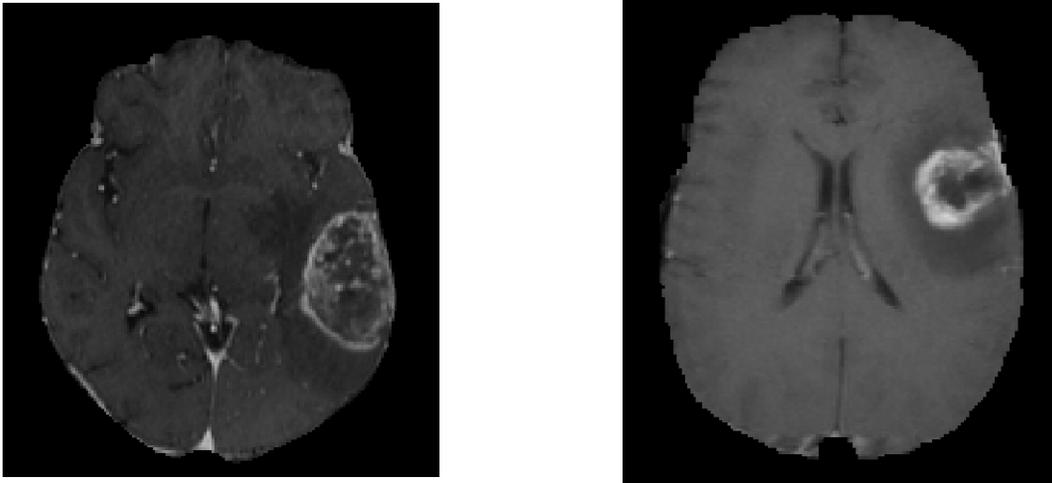


Figure 4.7: Exemple d'images d'entrée pour deux malades avec un taux de survie moyen.

```
***** _____ Test Long Survival overall class images _____ *****
total images = 1474
true predictions = 1462
accuracy = 99.18588873812755
Loss = 0.8141112618724522
```

Figure 4.8: Les résultats du modèle pour les longs survivants.

La figure 4.9 Montre un exemple d'image d'entrée du test des longs survivants.

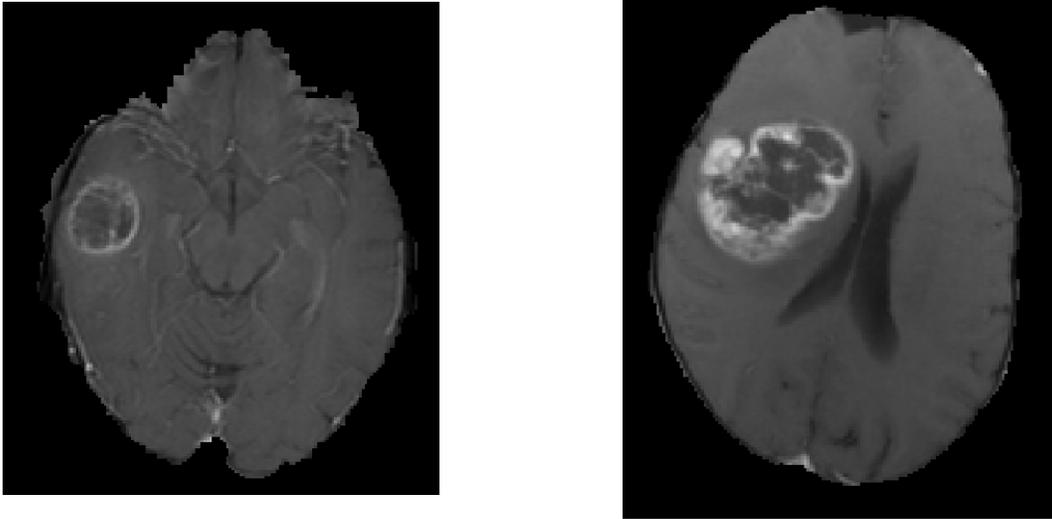


Figure 4.9: Exemple d'images d'entrée pour des malades long survivants.

4.7 Présentation de l'interface

Dans la partie interface du système, nous créons un design simple qui peut être facilement utilisé par le médecin. Afin de compléter cette tâche qui est la création de notre application de bureau, nous avons utilisé pyqt5 pour construire la structure de l'application et le CSS (Cascading Style Sheets) pour le design.

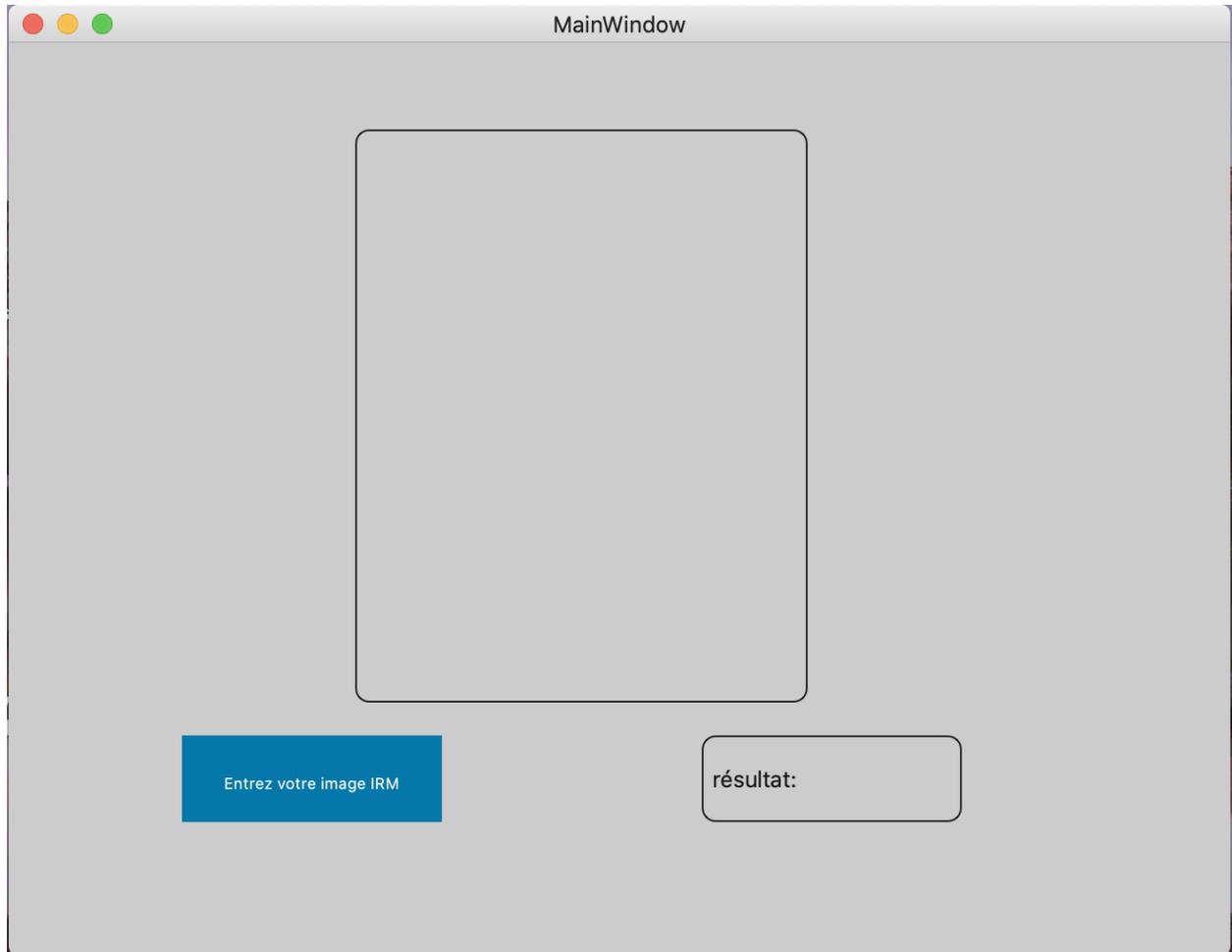


Figure 4.10: Capture d'écran de l'interface.

La figure 4.10 représente l'interface du médecin lors l'utilisation de notre application, le cadre au milieu permet de charger la photo par cliquer sur le bouton bleu. Les résultat vont être affichés dans le cadre a droite.

4.8 Comparaison des résultats

Articles	Taux de survie en class	Taux de survie en jours	DataSet	Précision
[9]	Non	Oui	Brats 2018	73%
[27]	Oui 2-3 classes	Non	Brats 2017	97,5% - 87,1%
[17]	Non	Oui	Brats 2017	84,62%
Ce travail	Oui 3 classes	Non	Brats 2020	97%

Table 4.1: Tableau comparatif des travaux connexes

Comme on observe dans la table 4.1, tous les articles sont des participants au challenge deBrats. Deux des trois articles ont réalisé la prédiction du taux de survie en jours qui a donné des résultats moyens de précision de (73% - 84,6%) et le 3eme a fait deux modèles de multi-classifications, le premier modèle en 2 classes avec une précision élevée (97,5%) et le deuxième modèle avec une précision de 87,1%. Les auteurs se sont basés sur des images segmentées c'est-à-dire sur les caractéristiques extraites des tumeurs pour calculer ensuite la prédiction. Contrairement à notre démarche puisque dans notre travail on a réalisé une prédiction de bout en bout sans passer par la phase des images segmentées qui sans doute fournis des résultats moins précis. Ce qui explique les résultats meilleurs qu'on a obtenus avec une précision (*Accuracy*) de 100% et 97% en validation de précision (*validation accuracy*) pour notre modèle de 3 classes qui classe les malades en : court survivants (<250 jours) survivants moyen (<250 jours >250 jours) et des longs survivants (>500 jours).

4.9 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons décrit les détails de la construction de notre modèle d'architecture CNN appelé TS-Net. Nous avons présenté ensuite, les résultats obtenus avec une discussion de la comparaison des métriques de performance avec les travaux proposés dans la littérature.

Conclusion générale

Le Glioblastome Multiformes GBM est l'une des tumeurs cérébrales les plus fréquentes et agressives rencontrés chez les adultes, les tumeurs cérébrales gliomateuses ont 4 grades (I, II, III, IV) et Les tumeurs GBM sont le grade IV des tumeurs glioblastome. La prédiction exacte du taux de survie de cette maladie est très bas en dépit des différents traitements (chimiothérapie, radiothérapie et chirurgie), cette prédiction pose un véritable problème pour les médecins. malgré que le domaine médical, en particulier l'imagerie médicale ait progressé grâce au développement d'équipements et de la technologie de l'imagerie médicale ainsi que la réalisation des systèmes de données complexes et puissantes. Cette progression a donné l'occasion au développeurs de créer des méthodes automatiques pour la classification et la prédiction pour une prise en charge rapide et efficace des patients.

Dans ce travail nous avons présenté une méthode automatique basée sur l'apprentissage profond CNN pour la prédiction et la classification du taux de survie des malades GBM.

Ce mémoire commence avec une partie qui constitue un état de l'art où on a présenté quelques notions anatomique du cerveau. suivis par les tumeurs cérébrales et spécialement le GBM qui concerne l'interet de ce projet. Puis, les images IRM, leurs fonctionnement et leurs qualité (avantages et inconvénients), nous avons clôturé cette partie avec la segmentation des images médicales en donnant des exemples de techniques et méthodes de classification convolutionnel et de deep learning. La conception et l'implémentation de notre modèle représentent une deuxième partie de ce mémoire.

Donc dans le chapitre 3 nous avons présenté notre contribution concernant une nouvelle architecture de CNN appelé TS-Net qui est une architecture de bout en bout pour une classification équilibrée en proposant une nouvelle déviation des intervalles de taux de survie. Nous avons présenté en détail les étapes nécessaires pour la construction et la préparation de la base de données. Ensuite, la méthode proposée pour extraire les slices d'informations et les algorithmes utilisés. Puis, on a présenté le développement détaillé de notre architecture de réseau de neurones profond dans le chapitre 4 tout en présentant les outils et environnements utilisées lors de développement de ce projet, ainsi que les résultats obtenus en montrant le gain de performance après une compara-

isons avec les travaux de l'état de l'art. On effet, avec notre modèle on a obtenu un résultat de 97% dans la validation de précision sur les données de formation train. Aussi on a fait l'évaluation du modèle avec :

- 1446 images pour la classe des courts survivants, le modèle a réussi dans 1433 images vrai, avec une précision de 99,1%.
- 1696 images pour la classe des survivants avec un taux moyen, le modèle a réussi dans 1687 images, avec une précision de 99,46%.
- 1474 images pour les longs survivants, le modèle a réussi dans 1462 images, avec un pourcentage de 99,18%.

Enfin, nous pouvons lancé quelques perspectives à ce travail a savoir : L'utilisation d'une autre base de données pour évaluer et améliorer le modèle et la participation à la compétition lancé par Brats en 2021.

References

- [1] An intuitive guide to convolutional neural networks. <https://www.freecodecamp.org/news/an-intuitive-guide-to-convolutional-neural-networks-260c2de0a050/>.
- [2] Carlos gershenson. “artificial neural networks for beginners”. [https://datajobs.com/data-science-repo/Neural-Net-\[Carlos-Gershenson\].pdf](https://datajobs.com/data-science-repo/Neural-Net-[Carlos-Gershenson].pdf).
- [3] What is deep learning? <https://www.mathworks.com/discovery/deep-learning.html>.
- [4] Gliomes : DiffÉrents types de tumeurs cÉrÉbrales (gbmstat). <https://www.concilio.com/oncologie-gliome>.
- [5] A beginner’s guide to important topics in ai, machine learning, and deep learning. <http://www.cs.kumamoto-u.ac.jp/epslab/ICinPS/Lecture-2.pdf>.
- [6] M. tim jones. deep learning architectures. <https://developer.ibm.com/articles/cc-machine-learning-deep-learning-architectures/>.
- [7] Support vector machines. <https://analyticsinsights.io/les-svm-support-vector-machine/>.
- [8] Md Zahangir Alom, Chris Yakopcic, Mahmudul Hasan, Tarek M Taha, and Vijayan K Asari. Recurrent residual u-net for medical image segmentation. *Journal of Medical Imaging*, 6(1): 014006, 2019.
- [9] Ujjwal Baid, Swapnil U. Rane, Sanjay Talbar, Sudeep Gupta, Meenakshi H. Thakur, Aliasgar Moiyadi, and Abhishek Mahajan. Overall survival prediction in glioblastoma with radiomic features using machine learning. *Frontiers in Computational Neuroscience*, 14:61, 2020.

- ISSN 1662-5188. doi: 10.3389/fncom.2020.00061. URL <https://www.frontiersin.org/article/10.3389/fncom.2020.00061>.
- [10] D.L. Bihan. *Cerveau de cristal (Le): Ce que nous révèle la neuro-imagerie*. Sciences. Editions Odile Jacob, 2012. ISBN 9782738125279. URL <https://books.google.dz/books?id=uD6pMQEACAAJ>.
- [11] Philippe Bolon, Jean-Marc Chassery, Jean-Pierre Cocquerez, Didier Demigny, Christine Graffigne, Annick Montanvert, Sylvie Philipp, Rachid Zéboudj, Josiane Zerubia, and Henri Maître. *Analyse d'images: filtrage et segmentation*. Masson, 1995.
- [12] Lisa M DeAngelis. Brain tumors. *New England journal of medicine*, 344(2):114–123, 2001.
- [13] Terrence L Fine. *Feedforward neural network methodology*. Springer Science & Business Media, 2006.
- [14] Michael Goetz, Christian Weber, Franciszek Binczyk, Joanna Polanska, Rafal Tarnawski, Barbara Bobek-Billewicz, Ullrich Koethe, Jens Kleesiek, Bram Stieltjes, and Klaus H Maier-Hein. Dalsa: domain adaptation for supervised learning from sparsely annotated mr images. *IEEE transactions on medical imaging*, 35(1):184–196, 2015.
- [15] Kaiming He, Xiangyu Zhang, Shaoqing Ren, and Jian Sun. Deep residual learning for image recognition. In *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pages 770–778, 2016.
- [16] Suzana Herculano-Houzel. The human brain in numbers: a linearly scaled-up primate brain. *Frontiers in Human Neuroscience*, 3:31, 2009. ISSN 1662-5161. doi: 10.3389/neuro.09.031.2009. URL <https://www.frontiersin.org/article/10.3389/neuro.09.031.2009>.
- [17] Mobarakol Islam, V Jeya Maria Jose, and Hongliang Ren. Glioma prognosis: Segmentation of the tumor and survival prediction using shape, geometric and clinical information. In *International MICCAI Brainlesion Workshop*, pages 142–153. Springer, 2018.
- [18] Bruno Kastler, P Anstett, Bruno Kastler, and Daniel Vetter. *Comprendre l'IRM*. Elsevier, 2011.

- [19] E Praveen Kumar, V Manoj Kumar, and MG Sumithra. Tumour detection in brain mri using improved segmentation algorithm. In *2013 Fourth International Conference on Computing, Communications and Networking Technologies (ICCCNT)*, pages 1–7. IEEE, 2013.
- [20] Nanna Lindberg, Marianne Kastemar, T Olofsson, Anja Smits, and Lene Uhrbom. Oligodendrocyte progenitor cells can act as cell of origin for experimental glioma. *Oncogene*, 28(23): 2266–2275, 2009.
- [21] Jyrki MP Lötjönen, Robin Wolz, Juha R Koikkalainen, Lennart Thurfjell, Gunhild Waldemar, Hilkka Soininen, Daniel Rueckert, Alzheimer’s Disease Neuroimaging Initiative, et al. Fast and robust multi-atlas segmentation of brain magnetic resonance images. *Neuroimage*, 49(3): 2352–2365, 2010.
- [22] David N Louis, Caterina Giannini, David Capper, Werner Paulus, Dominique Figarella-Branger, M Beatriz Lopes, Tracy T Batchelor, J Gregory Cairncross, Martin van den Bent, Wolfgang Wick, et al. cimpact-now update 2: diagnostic clarifications for diffuse midline glioma, h3 k27m-mutant and diffuse astrocytoma/anaplastic astrocytoma, idh-mutant. *Acta neuropathologica*, 135(4):639–642, 2018.
- [23] TOUATI Mehdi. Métastase osseuse lombaire d’un glioblastome. *JOURNAL DE NEUROCHIRURGIE*, 14(1):72–76, 2018.
- [24] HP Ng, SH Ong, KWC Foong, Poh-Sun Goh, and WL Nowinski. Medical image segmentation using k-means clustering and improved watershed algorithm. In *2006 IEEE southwest symposium on image analysis and interpretation*, pages 61–65. IEEE, 2006.
- [25] Quinn T Ostrom, David J Cote, Mustafa Ascha, Carol Kruchko, and Jill S Barnholtz-Sloan. Adult glioma incidence and survival by race or ethnicity in the united states from 2000 to 2014. *JAMA oncology*, 4(9):1254–1262, 2018.
- [26] Bruce E Pollock, John C Flickinger, L Dade Lunsford, Ann Maitz, and Douglas Kondziolka. Factors associated with successful arteriovenous malformation radiosurgery. *Neurosurgery*, 42(6):1239–1244, 1998.

- [27] Parita Sanghani, Beng Ti Ang, Nicolas Kon Kam King, and Hongliang Ren. Overall survival prediction in glioblastoma multiforme patients from volumetric, shape and texture features using machine learning. *Surgical oncology*, 27(4):709–714, 2018.
- [28] Jacob G Scott, Luc Bauchet, Tyler J Fraum, Lakshmi Nayak, Anna R Cooper, Samuel T Chao, John H Suh, Michael A Vogelbaum, David M Peereboom, Sonia Zouaoui, et al. Recursive partitioning analysis of prognostic factors for glioblastoma patients aged 70 years or older. *Cancer*, 118(22):5595–5600, 2012.
- [29] Rebecca L Siegel, Kimberly D Miller, and Ahmedin Jemal. Cancer statistics, 2019. *CA: a cancer journal for clinicians*, 69(1):7–34, 2019.
- [30] Jean-Pierre Wainsten. *Le Larousse médical*. Larousse, 2017.
- [31] Stummer Walter, Stocker Susanne, Wagner Simon, Stepp Herbert, Fritsch Clemens, Goetz Claudia, E Goetz Alwin, Kiefmann Rainer, and J Reulen Hans. Intraoperative detection of malignant gliomas by 5-aminolevulinic acid-induced porphyrin fluorescence. *Neurosurgery*, 42(3):518–526, 1998.
- [32] Yasi Wang, Hongxun Yao, and Sicheng Zhao. Auto-encoder based dimensionality reduction. *Neurocomputing*, 184:232–242, 2016.