

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE
UNIVERSITÉ FERHAT ABBAS SÉTIF 1



FACULTÉ DES SCIENCES, DÉPARTEMENT DE PHYSIQUE

THÈSE
PRÉSENTÉE POUR OBTENIR LE TITRE DE DOCTEUR EN PHYSIQUE
SPÉCIALITÉ : PHYSIQUE APPLIQUÉE

CONTRIBUTION À L'AMÉLIORATION DU CONTOURAGE DE L'IMAGE MÉDICALE EN RADIOTHÉRAPIE

KHALAL DOREA MARIA

Présentée le 15/05/2025, devant le jury composé de :

KHARFI FAYÇAL	Professeur, Université Ferhat Abbas Sétif 1, Sétif	Président
AZIZI HACENE	Professeur, Université Ferhat Abbas Sétif 1, Sétif	Directeur de thèse
MAALEJ NABIL	Professeur, Université Khalifa, Émirats Arabes Unis	Co-Directeur de thèse
ZAIDI HABIB	Professeur, Hôpitaux Universitaires de Genève, Suisse	Examineur
BELKHIAI DJAMEL	Professeur, Université Ferhat Abbas Sétif 1, Sétif	Examineur
EDDINE CHOUAIB		
TAYEB CHEIKH	Professeur, Hôpital Central de l'Armée (HCA), Alger	Invité

À mes chers parents,

Remerciements

Au terme de ce travail de thèse, je tiens à exprimer ma profonde gratitude à toutes les personnes qui ont contribué, de près ou de loin, à sa réalisation.

Tout d'abord, je remercie mon directeur de thèse, Professeur Azizi Hacene, pour sa confiance et son accompagnement bienveillant, ainsi que ses conseils précieux tout au long de cette thèse.

Je tiens également à remercier mon co-directeur de thèse, Professeur Maalej Nabil, pour sa disponibilité et ses suggestions constructives, qui ont considérablement enrichi ce travail.

Je remercie les membres du jury : Pr Kharfi Fayçal, Pr Zaidi Habib, Pr Belkhiat Djamel Eddine et Pr Tayeb Cheikh pour avoir accepté d'évaluer ce travail.

J'adresse aussi mes remerciements au directeur du laboratoire Dosage, Analyse et Caractérisation en haute résolution (DAC), Professeur Kharfi Fayçal, pour m'avoir accueillie avec bienveillance au sein de son laboratoire et de m'avoir soutenue tout au long de mon parcours.

Je tiens à remercier chaleureusement mon amie Kidar Saadia Halima pour son soutien constant, ses encouragements et sa présence, qui ont été une source de force et de motivation durant ce travail.

Enfin, j'adresse mes plus sincères remerciements à ma famille pour leur soutien et leur patience. Leur présence à mes côtés a été une source de réconfort et de motivation tout au long de ce parcours.

Abstract

Radiation therapy is one of the main cancer treatments. Contouring of the tumor and the surrounding organs in computed tomography (CT) images constitutes an essential step in the radiotherapy workflow. This operation is generally performed manually by the oncologist. Therefore, manual segmentation takes a long time and suffers from inter and intra-observer variations.

Recently, the contribution of artificial intelligence (AI) and particularly Deep Learning (DL) techniques became very important in this field. Successful results have been obtained with automatic segmentation for different imaging modalities (CT, MRI, PET scan). In this thesis, we presented a contribution to the automatic segmentation of clinical target volumes (CTVs) and organs at risk (OARs) in CT images. First, different applications of artificial intelligence in radiotherapy were presented. Subsequently, we presented a study of the segmentation of CTV target volume, heart and lungs in CT images taken from a public database. We used three segmentation models based on Deep Learning. Using evaluation metrics, we compared and evaluated the results obtained with the three models.

Besides, we considered another public database (abdominal CT images). We performed kidney segmentation using the U-Net model. Evaluation of this segmentation was carried out using several evaluation metrics. Furthermore, we compared our results to those obtained by other authors.

Finally, we used a publicly available dataset to segment the liver and the brain using the U-Net model. The segmentation performance was evaluated through geometric metrics. Additionally, three clinicians qualitatively assessed the segmentations for clinical relevance, and correlations between geometric metrics and clinical evaluations were analyzed.

Keywords : Automatic segmentation, Deep learning, Radiotherapy, U-Net, Clinical evaluation.

Résumé

La radiothérapie représente l'un des principaux traitements contre le cancer. La chaîne de traitement par radiothérapie comporte différentes étapes. Le contournage de la tumeur et des organes avoisinants dans des images de tomodensitométrie CT, constitue une étape importante de cette chaîne. Cette opération est généralement réalisée par des experts (radiothérapeutes) de façon manuelle. Elle nécessite ainsi beaucoup de temps et elle souffre également de variations inter et intra-observateurs. Grâce aux avancées de l'intelligence artificielle dans de multiples domaines, cette tâche a pu être automatisée. En effet, il existe actuellement des outils de l'intelligence artificielle qui permettent de segmenter des images médicales provenant de différentes modalités d'imagerie (CT, IRM, PET scan).

Dans le cadre de cette thèse, nous avons présenté une contribution au contournage automatique des volumes cibles cliniques et des organes à risque sur des images CT. Dans une première partie, nous avons présenté les différentes applications de l'intelligence artificielle en radiothérapie.

Par la suite, nous nous sommes intéressés à la segmentation du volume cible CTV, du cœur et des poumons dans des images CT d'une base de données publique. Nous avons utilisé trois modèles de segmentation basés sur le Deep Learning. En utilisant des métriques d'évaluation, nous avons comparé et évalué les résultats obtenus avec les trois modèles.

Par ailleurs, nous avons considéré une autre base de données publique (images CT abdominales). Nous avons effectué la segmentation des reins en utilisant le modèle U-Net. L'évaluation de cette segmentation a été effectuée en utilisant plusieurs métriques d'évaluation. D'autre part, nos résultats ont été comparés à ceux obtenus par d'autres auteurs.

Enfin, nous avons utilisé une base de données publique pour segmenter le foie et le cerveau à l'aide du modèle U-Net. La performance de la segmentation a été évaluée à l'aide de métriques géométriques. De plus, trois cliniciens ont évalué qualitativement les segmentations pour en déterminer la pertinence clinique, et les corrélations entre les métriques géométriques et les évaluations cliniques ont été analysées.

Mots clés : Segmentation automatique, Apprentissage profond, Radiothérapie, U-Net, Évaluation clinique.

Liste des travaux scientifiques

Publications scientifiques :

1. *Applications of Artificial Intelligence in Radiation Therapy*. Dorea Maria Khalal et Hacene Azizi. Proceedings of the 1st International Conference and School on Radiation Imaging (ICSRI-2021). 2021.
2. *Automatic segmentation of thoracic CT images using three deep learning models*. Dorea Maria Khalal, Abderaouf Behouch, Hacene Azizi et Nabil Maalej. Cancer/Radiothérapie, 26(8). 2022. [doi:10.1016/j.canrad.2022.02.001](https://doi.org/10.1016/j.canrad.2022.02.001)
3. *Automatic segmentation of kidneys in computed tomography images using U-Net*. Dorea Maria Khalal, Hacene Azizi et Nabil Maalej. Cancer/Radiothérapie, 27(2). 2023. [doi:10.1016/j.canrad.2022.08.004](https://doi.org/10.1016/j.canrad.2022.08.004)
4. *Qualitative evaluation of automatic liver segmentation in CT images for clinical use in radiation therapy*. Dorea Maria Khalal, Slimani S., Bouraoui Z. et Hacene Azizi. Cancer/Radiothérapie, 27(2). 2025. [doi:10.1016/j.canrad.2025.104648](https://doi.org/10.1016/j.canrad.2025.104648)

Communications scientifiques :

1. *Applications of Artificial Intelligence in Radiation Therapy*. Dorea Maria Khalal, Hacene Azizi et Nabil Maalej. Communication orale à la 1st International Conference and School on Radiation Imaging (ICSRI-2021), 26–30 septembre 2021, Sétif, Algérie.
2. *Automatic segmentation of liver in CT images using U-Net*. Dorea Maria Khalal, Hacene Azizi et Nabil Maalej. Communication orale à la 1st International Conference and School on Radiation Imaging (ICSRI-2021), 26–30 septembre 2021, Sétif, Algérie.
3. *Deep Learning Based automatic segmentation of lungs in CT Images*. Dorea Maria Khalal, Hacene Azizi et Nabil Maalej (Poster). Second International Conference and School on Radiation Imaging (ICSRI-2023), 11–15 juin 2023, Sétif, Algérie.
4. *Contribution of Artificial Intelligence in Medical Physics : Case of Radiotherapy*. Dorea Maria Khalal, Hacene Azizi et Nabil Maalej (Poster). 24^{es} Journées Scientifiques et Pédagogiques de la Faculté de Physique (JSP 24), 25–26 avril 2023, Université des Sciences et Technologies Houari Boumediene (USTHB), Alger, Algérie.
5. *Segmentation automatique des reins sur des images CT par Deep Learning*. Dorea Maria Khalal, Hacène Azizi et Nabil Maalej (Poster). Première Conférence Nationale sur les Applications des Techniques Nucléaires : Tendances et Enjeux Socio-économiques, 1–3 octobre 2024, Centre de Recherche Nucléaire d'Alger, Algérie.

Table des matières

Liste des figures	i
Liste des tableaux	vi
Liste des abréviations	viii
Introduction	1
1 Segmentation d'images et Intelligence Artificielle	3
1.1 Introduction	3
1.2 Imagerie tomodensitométrique	3
1.2.1 L'image numérique	3
1.2.2 Le format de stockage DICOM	5
1.2.3 Acquisition des images tomodensitométriques	5
1.3 Segmentation d'images médicales	7
1.3.1 Approches de la segmentation	10
1.4 Intelligence artificielle	11
1.4.1 Machine Learning	12
1.4.2 Différents types de Machine Learning	12
1.4.3 Les réseaux de neurones	14
1.4.4 Deep Learning	15
1.4.5 Différentes architectures des réseaux de neurones	15
1.4.6 Exemples de modèles CNN	18
1.5 Principales architectures de Deep Learning pour la segmentation d'images médicales	20
2 Applications de l'intelligence artificielle en radiothérapie	24
2.1 Introduction	24
2.2 La radiothérapie	24
2.2.1 Introduction	24
2.2.2 Définitions	27
2.2.3 Différents types de radiothérapie	30
2.2.4 Techniques d'irradiation en radiothérapie externe	31
2.2.5 Chaîne de traitement en radiothérapie externe	35
2.3 Applications de l'intelligence artificielle en radiothérapie	39
2.3.1 Introduction	39
2.3.2 Diagnostic assisté par ordinateur	41

2.3.3	Evaluation clinique du patient	42
2.3.4	Prescription de la dose	43
2.3.5	Recalage d'images	44
2.3.6	Contourage d'images médicales	45
2.3.7	Planification du traitement	48
2.3.8	Assurance qualité	49
2.3.9	Traitement	50
2.3.10	Conclusion	51
3	Segmentation automatique d'images CT thoraciques à l'aide de trois modèles de Deep Learning	53
3.1	Introduction	53
3.2	Matériels et Méthodes	54
3.2.1	Description des données	54
3.2.2	Préparation des données	55
3.2.3	Modèles d'apprentissage profond utilisés	56
3.2.4	Métriques d'évaluation	61
3.2.5	Expérimentation	63
3.2.6	Résultats	63
3.3	Discussion	69
3.3.1	Segmentation des poumons	69
3.3.2	Segmentation du cœur	70
3.3.3	Segmentation du CTV	71
3.4	Conclusion	71
4	Segmentation automatique des reins sur des images CT	72
4.1	Introduction	72
4.2	Matériels et méthodes	73
4.2.1	Base de données	73
4.3	Préparation des données	74
4.3.1	Architecture U-Net	76
4.3.2	Détails d'implémentation	76
4.3.3	Métriques d'évaluation	76
4.4	Résultats	78
4.5	Discussion	83
4.6	Conclusion	84
5	Évaluation qualitative de la segmentation automatique d'organes dans des images CT pour un usage clinique	85
5.1	Introduction	85

5.2	Matériels et méthodes	86
5.2.1	Base de données et préparation des données	86
5.2.2	Architecture	87
5.2.3	Détails d'implémentation	87
5.2.4	Métriques d'évaluation	87
5.2.5	Évaluation clinique	87
5.2.6	Résultats	88
5.3	Discussion	93
5.4	Conclusion	95
	Conclusions et Perspectives	96
	Bibliographie	98

Liste des figures

1.1	Image 6×6 pixels en noir et blanc.	4
1.2	Image 6×6 pixels en nuances de gris.	4
1.3	Image 6×6 pixels en couleurs.	4
1.4	Schéma d'un tomodensitomètre [1].	5
1.5	Exemple d'une image CT (image cérébrale).	7
1.6	Exemples de segmentation : segmentation d'une image test (a) et segmentation d'une image IRM cérébrale (b).	8
1.7	Segmentation manuelle d'une image médicale.	8
1.8	Exemples de la segmentation automatique de l'ostéosarcome dans les images CT : La colonne (a) correspond aux différentes images considérées pour la segmentation, la colonne (b) correspond à la segmentation de référence et la colonne de droite (c) à la segmentation automatique [7].	9
1.9	Illustration des différentes méthodes de la segmentation d'images [8].	10
1.10	L'intelligence artificielle, le Machine Learning et le Deep Learning [14].	11
1.11	Illustration d'un réseau de neurones biologiques [21].	14
1.12	Illustration schématique d'un réseau de neurones artificiels.	15
1.13	Exemple d'un filtre de max Pooling.	17
1.14	Architecture VGG [33].	18
1.15	Architecture FCN pour la segmentation d'images [34] (a) et résultat de la segmentation comparé à la segmentation de référence [34] (b).	19
1.16	Architecture du réseau U-Net [41].	20
1.17	Chronologie des architectures de Deep Learning les plus populaires pour la segmentation d'images médicales [42].	21
2.1	Représentation du nombre estimé de nouveaux cas de cancer dans le monde (a) et en Algérie (b) en 2020 [54].	25
2.2	Représentation du nombre de décès causés par le cancer en 2020 [54].	26
2.3	Irradiation d'une tumeur à l'aide de deux faisceaux [59].	27
2.4	Représentation graphique des différents volumes d'intérêt tels que définis dans les rapports ICRU 50 et 62 [63].	29
2.5	Contours des volumes d'intérêt GTV, CTV et PTV ainsi que des OARs (vessie et rectum) sur une image CT pour un plan de traitement de la prostate [63].	29
2.6	Accélérateur linéaire (a) et appareil de radiothérapie au cobalt-60 (b) utilisés en radiothérapie externe.	30

2.7	Projecteur de sources utilisé en curiethérapie (a) et sources utilisées pour le traitement par curiethérapie (b).	31
2.8	Tête de l'accélérateur (a) et le collimateur multilame (b).	32
2.9	Champ d'irradiation de forme complexe obtenu grâce au collimateur multilame [64].	32
2.10	Représentation tridimensionnelle de champs d'irradiation homogène (a) et modulé (b) [65].	33
2.11	Tomothérapie hélicoïdale : Hi Art System® (HI-ART II) (Tomotherapy Inc. Madison, WI, USA) (a) et représentation schématique (b).	34
2.12	Appareils de radiothérapie stéréotaxique : Cyberknife, Accuray, USA (a) et Novalis, Brainlab, Germany (b).	35
2.13	Chaîne de traitement en radiothérapie externe.	35
2.14	Scanner simulateur utilisé pour la simulation virtuelle.	36
2.15	Accessoires de contention utilisés en radiothérapie externe.	37
2.16	Exemple de contournage des volumes cibles et des organes à risque sur une image CT de l'abdomen.	37
2.17	Exemple de TPS utilisé pour la planification du traitement en radiothérapie.	38
2.18	Nombre d'articles publiés annuellement et correspondant aux applications de ML et DL en radiothérapie, jusqu'en août 2023.	40
2.19	Données générées au cours la chaîne de traitement par radiothérapie et qui sont utilisées pour entraîner différents modèles de l'IA. ROI : région d'intérêt (Region Of Interest) ; QA : assurance qualité (Quality Assurance) et RT : radiothérapie (Radiotherapy) [68].	41
2.20	Illustration visuelle d'un nodule (cas A) et de non-nodules (cas B-D) sur des images CT thoraciques [72].	42
2.21	Représentation des contours d'entrée, de la distribution de dose réelle, de la distribution de dose prédite par le modèle ainsi que la différence entre les deux distributions pour un patient [76].	43
2.22	Exemple de segmentation du contour de l'estomac/duodénum (SD) dans un cas où le volume de l'estomac a subi une forte augmentation entre le CT de planification et le CBCT de traitement. Représentation des vues axiale, sagittale et coronale de (a) : plan CT avec contours de référence faits par le médecin (vert), (b) : CBCT avec référence dessinée par le médecin (vert) et contours MMFF (jaune), (c) : CBCT avec contours LDDMM (jaune) et (d) : CBCT avec contours DL (jaune). Le contour en rouge représente le volume d'intérêt (VOI) contenant le volume cible de planification à faible dose avec une expansion de la marge de 1cm [81].	45

2.23	Segmentations effectuées par un expert (en clair) et en utilisant un modèle d'IA (en foncé) de la vessie (bleu), la prostate (rouge), la vésicule séminale (jaune) et le rectum (marron) sur un scan CBCT [90].	46
2.24	Exemples d'images PET utilisées pour entraîner le modèle (à gauche), segmentations manuelles de référence (milieu) et segmentations obtenues à l'aide du modèle (à droite) [91].	47
2.25	Imagerie IRM : segmentations des OARs obtenues avec un modèle d'IA (contours) et segmentations cliniques (contours remplis) en vue transversale (à gauche), coronale (au centre) et sagittale (à droite) pour un patient en test [92].	47
2.26	Cas du cancer de l'endomètre : Comparaison des distributions de dose obtenues à partir de plans de traitement manuel et automatique, dans les plans axial, sagittal et coronal pour un patient représentatif. Les courbes d'isodoses sont présentées de 30 Gy à 60 Gy par pas de 5 Gy. Les volumes cibles PTV1 et PTV2 sont représentés par des contours rouges et bleus respectivement [95].	49
2.27	Différence entre les valeurs GPR mesurées et prédites dans chaque cas. La figure (a) montre les résultats des 40 cas de l'ensemble de validation, et la figure (b) montre les résultats des 20 cas de l'ensemble de test.	50
2.28	Représentation des signaux respiratoires réels (en noir) et prédits (en magenta) d'un patient. Le tracé de l'erreur est également représenté [103].	51
3.1	Exemples d'images CT provenant de la base de données considérée dans cette étude (à gauche) [112]. Les images de droite représentent les masques correspondants (masques de segmentation) ; de bas en haut : poumon droit, poumon gauche, cœur et CTV.	54
3.2	Exemple d'une image CT (a) avec le masque correspondant (b) du poumon droit après une rotation.	55
3.3	Répartition des images CT en trois groupes : set d'entraînement (70%), set de validation (15%) et set de test (15%).	56
3.4	Représentation de l'architecture U-Net proposée par O. Ronneberger et al. [41].	57
3.5	Représentation de l'architecture TernaUSNet proposée par V. Iglovikov et A. Shvets [114].	58
3.6	Représentation de l'architecture ResUNet++ proposée par D. Jha et al [117].	59
3.7	Le coefficient de similarité de Dice représentant le chevauchement spatial et la reproductibilité entre deux échantillons X et Y.	62

3.8	Boîtes à moustaches des valeurs obtenues du coefficient de Dice DSC en utilisant les trois modèles : U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour (a) le CTV, (b) le cœur, (c) le poumon droit et (d) le poumon gauche. Les valeurs médianes et les valeurs moyennes sont représentées par une ligne et un triangle plein respectivement.	64
3.9	Boîtes à moustaches des valeurs obtenues du coefficient de Jaccard en utilisant les trois modèles : U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour (a) le CTV, (b) le cœur, (c) le poumon droit et (d) le poumon gauche. Les valeurs médianes et les valeurs moyennes sont représentées par une ligne et un triangle plein respectivement.	65
3.10	Boîtes à moustaches des valeurs obtenues de la distance de Hausdorff (en pixels) en utilisant les trois modèles : U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour (a) le CTV, (b) le cœur, (c) le poumon droit et (d) le poumon gauche. Les valeurs médianes et les valeurs moyennes sont représentées par une ligne et un triangle plein respectivement.	66
3.11	Exemples de segmentations automatiques (en rouge) et de segmentations de référence (en bleu) pour le CTV, le cœur et les poumons dans des images CT. Les segmentations automatiques sont obtenues avec U-Net (colonne de gauche), TernaUSNet (colonne du milieu) et ResUNet++ (colonne de droite).	68
4.1	Représentation d’une image CT axiale avant (a) et après le fenêtrage (b).	74
4.2	Représentation d’images CT (a) et des masques correspondants au rein gauche (b).	75
4.3	Définition des grandeurs TP, FN, FP et TN en considérant une segmentation manuelle (de référence) et une segmentation automatique [131].	77
4.4	Boîtes à moustaches des valeurs obtenues pour le DSC, le MCC, la sensibilité et la spécificité pour la segmentation du rein gauche. Les valeurs médianes et moyennes sont représentées par une ligne et un triangle plein respectivement.	79
4.5	Boîtes à moustaches des valeurs obtenues pour le DSC, le MCC, la sensibilité et la spécificité pour la segmentation du rein droit. Les valeurs médianes et moyennes sont représentées par une ligne et un triangle plein respectivement.	79
4.6	Exemples de segmentation automatique (en rouge) et des segmentations de référence (en bleu) des images CT du rein gauche.	81
4.7	Exemples de segmentation automatique (en rouge) et des segmentations de référence (en bleu) des images CT du rein droit.	82
5.1	Résultats par catégorie de l’évaluation qualitative des segmentations du foie et du cerveau.	88

5.2	Boîtes à moustaches des valeurs du coefficient de Dice (a) et de la distance de Hausdorff (b) pour les catégories A, B, C, D et l'ensemble des catégories pour la segmentation du foie. Les valeurs médianes sont représentées par une ligne à l'intérieur de chaque boîte	89
5.3	Boîtes à moustaches des valeurs du coefficient de Dice (a) et de la distance de Hausdorff (b) pour les catégories A, B, C, D et l'ensemble des catégories pour la segmentation du cerveau. Les valeurs médianes sont représentées par une ligne à l'intérieur de chaque boîte.	90
5.4	Valeurs de la distance de Hausdorff en fonction du coefficient Dice pour les différentes catégories A, B, C et D pour l'évaluation qualitative de la segmentation du foie.	92
5.5	Valeurs de la distance de Hausdorff en fonction du coefficient Dice pour les différentes catégories A, B, C et D pour l'évaluation qualitative de la segmentation du cerveau.	92

Liste des tableaux

1.1	Exemples de tissus et organes avec les valeurs HU correspondantes.	6
1.2	Comparaison entre les principales architectures pour la segmentation des images médicales [47].	22
3.1	Paramètres d’entraînement des trois architectures U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour le CTV.	60
3.2	Paramètres d’entraînement des trois architectures U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour le cœur.	60
3.3	Paramètres d’entraînement des trois architectures U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour le poumon gauche.	60
3.4	Paramètres d’entraînement des des trois architectures U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour le poumon droit.	60
3.5	Répartition des paramètres par architecture	61
3.6	Valeurs du coefficient de Dice ainsi que les valeurs de l’écart type, obtenues avec les trois modèles de DL : U-Net, TernaUSNet et ResUNet ++ pour le CTV, le cœur et les poumons.	67
3.7	Valeurs du coefficient de Jaccard ainsi que les valeurs de l’écart type, obtenues avec les trois modèles de DL : U-Net, TernaUSNet et ResUNet ++ pour le CTV, le cœur et les poumons droit et gauche.	67
3.8	Valeurs de la distance de Hausdorff ainsi que les valeurs de l’écart type, obtenues avec les trois modèles de DL : U-Net, TernaUSNet et ResUNet ++ pour le CTV, le cœur et les poumons droit et gauche.	67
4.1	Informations détaillées sur la base de données 3D-IRCADb1 [130].	73
4.2	Paramètres d’entraînement de l’architecture U-Net	76
4.3	Valeurs médianes et écarts types du DSC, du MCC, de la HD (en pixels), de la sensibilité et de la spécificité pour la segmentation des reins gauche et droit.	80
4.4	Comparaison des valeurs du DSC pour la segmentation des reins.	84
5.1	Nombre d’images pour chaque catégorie d’évaluation qualitative pour les segmentations du foie et du cerveau, telles qu’évaluées par les cliniciens. . .	88
5.2	Valeurs médianes et écarts-types du coefficient Dice (DSC) pour les catégories A, B, C, D et l’ensemble des catégories pour les segmentations du foie et du cerveau.	91

5.3	Valeurs médianes et écarts-types de la distance de Hausdorff (en pixels) pour les catégories A, B, C, D et l'ensemble des catégories pour les segmentations du foie et du cerveau.	91
-----	--	----

Liste des abreviations

ADN	Acide DésoxyriboNucléique
CBCT	Cone Beam Computed Tomography
CNN	Convolutional Neural Network
CT	Computed Tomography
CTV	Clinical Target Volume
DICOM	Digital Imaging and Communications in Medicine
DL	Deep Learning
DRR	Digital Reconstructed Radiography
DSC	Dice Similarity Coefficient
DVH	Dose-Volume Histogram
FCN	Fully Convolutional Network
FN	False Negative
FP	False Postive
GTV	Gross Tumor Volume
HD	Hausdorff Distance
HIFU	High Intensity Focused Ultrasound
HU	Hounsfield Unit
IA	Intelligence Artificielle
ICRU	International Commission on Radiation Units and Measurements

IMAT	Intensity Modulated Arc Therapy
IMRT	Intensity Modulated Radiation Therapy
IRM	Imagerie par Résonance Magnétique
J	Jaccard coefficient
ML	Machine Learning
MLC	MultiLeaf Collimator
MCC	Matthews Correlation Coefficient
MRI	Magnetic Resonance Imaging
OAR	Organs At Risk
OMS	Organisation Mondiale de la Santé
ORL	Oto-Rhino-Laryngologie
PET	Positron Emission Tomography
PTV	Planning Target Volume
QA	Quality Assurance
RCMI	Radiothérapie Conformationnelle avec Modulation d’Intensité
ROI	Region Of Interest
RT	Radiotherapy
RTC3D	RadioThérapie Conformationnelle à 3 Dimensions
TDM	TomoDensitoMétrie
TN	True Negative
TP	True Positive
TPS	Treatment Planning System
TV	Treated Volume
VMAT	Volumetric Modulated Arc Therapy

Introduction

La radiothérapie (RT) représente l'un des principaux traitements contre le cancer. Il s'agit d'un traitement locorégional qui utilise des rayonnements ionisants pour détruire les cellules cancéreuses. Une des étapes principales de la radiothérapie consiste à segmenter sur les images CT (Computed Tomography) du patient les volumes à irradier ainsi que les organes sains avoisinants à protéger des rayonnements. Cette étape, réalisée manuellement par un spécialiste, reste une tâche chronophage et fastidieuse.

Parallèlement à cela, et depuis quelques années, l'Intelligence Artificielle (IA) est devenue une spécialité qui suscite un grand intérêt dans différents domaines y compris dans le domaine médical et en particulier l'imagerie médicale. Le but de l'IA est d'automatiser des tâches généralement réalisées par des humains. Ces avancées ont pu voir le jour grâce à l'évolution des moyens informatiques avec une importante puissance de calcul ainsi qu'à l'augmentation de la quantité de données médicales disponibles. L'IA a donné des résultats très prometteurs dans le domaine du traitement tels que la classification, qui a pour but d'assigner une étiquette à une image, la détection d'objets où l'on cherche à localiser les objets sur les images et finalement la segmentation des images qui consiste à classer les pixels de l'image en plusieurs groupes. Il a donc été naturel pour les experts de penser à automatiser l'étape de la segmentation en radiothérapie en utilisant les différents outils de l'intelligence artificielle.

Le travail de cette thèse s'inscrit dans ce cadre. Son objectif est d'utiliser des modèles d'intelligence artificielle, plus précisément de Deep Learning, pour la segmentation des organes et des volumes cibles sur des images CT des régions thoracique et abdominale. Des bases de données publiques ont été utilisées pour ces travaux.

Le manuscrit de la présente thèse est conçu de la manière suivante :

Le [chapitre 1](#) comprend deux parties. La première partie est consacrée à un état de l'art concernant la segmentation des images. Nous présenterons des généralités sur les images, le format DICOM et le processus d'acquisition des images CT en radiothérapie. Nous aborderons également les différentes méthodes de segmentation d'images médicales. Dans la seconde partie, nous présenterons l'Intelligence Artificielle avec ses deux principales composantes "Machine Learning" et "Deep Learning" ainsi que les architectures utilisées dans le domaine de l'imagerie médicale.

Le [chapitre 2](#) est composé de deux parties. Dans la première partie, nous présenterons des généralités sur la radiothérapie, son principe et ses différents types ainsi que ses différentes techniques. Dans la deuxième partie de ce chapitre, nous décrirons les différentes applications de l'intelligence artificielle dans la chaîne de traitement en radiothérapie.

Le [chapitre 3](#) sera consacré à la présentation de nos résultats obtenus en utilisant trois

modèles de segmentation basés sur le Deep Learning. Nous avons considéré pour cela des images CT thoraciques provenant d'une base de données publique. L'évaluation et la comparaison de ces modèles ont été effectuées en utilisant les métriques suivantes : le coefficient de similarité de Dice (DSC), le coefficient de Jaccard ainsi que la distance de Hausdorff. La discussion de ces résultats ainsi qu'une conclusion seront également données à la fin de ce chapitre.

Dans le [chapitre 4](#), nous présenterons nos résultats relatifs à la segmentation des reins dans des images CT abdominales en utilisant le modèle U-Net. L'évaluation de cette segmentation, qui est basée sur l'utilisation de plusieurs métriques, sera présentée également. Dans la discussion, nous présenterons aussi la comparaison de nos résultats à d'autres résultats de la littérature.

Dans le [chapitre 5](#), une base de données publique a été utilisée pour segmenter le foie et le cerveau à l'aide du modèle U-Net. La performance de la segmentation a été évaluée à l'aide de métriques géométriques. Par ailleurs, trois cliniciens ont procédé à une évaluation qualitative des segmentations afin d'en déterminer la pertinence clinique. Les corrélations entre les métriques géométriques et les évaluations cliniques ont été analysées.

Chapitre 1

Segmentation d'images et Intelligence Artificielle

1.1 Introduction

Dans cette thèse, nous nous sommes intéressés à la segmentation d'images médicales tomodensitométriques (TDM), appelées également images CT (Computed Tomography), en utilisant des modèles basés sur l'Intelligence Artificielle (IA) et en particulier sur l'apprentissage profond. Ainsi, dans ce chapitre, nous allons commencer par présenter l'imagerie CT (format de stockage d'images médicales et acquisition d'images CT). Nous présenterons aussi la segmentation d'images avec les principales méthodes utilisées dans ce but. Nous allons introduire par la suite l'intelligence artificielle avec ses composantes : apprentissage machine et apprentissage profond. Nous allons présenter également, et de façon générale, les principales architectures utilisées pour la segmentation d'images médicales et qui sont basées sur l'apprentissage profond.

1.2 Imagerie tomodensitométrique

1.2.1 L'image numérique

Une image est un ensemble de pixels (abréviation de Picture Element). Chaque pixel a une valeur et est représenté par une couleur. Lorsque l'image est en noir et blanc uniquement, un pixel sera représenté par un bit : la valeur "zéro" (0) correspond à la couleur noire et la valeur "un" (1) correspond à la couleur blanche ([figure 1.1](#)). Si l'image est en niveaux de gris, elle sera codée sur un octet (un octet est composé de 8 bits) dont les valeurs varient entre 0 et 255 ($2^8 = 256$ valeurs) ([figure 1.2](#)). Par convention, la valeur "zéro" représente la couleur noire (intensité lumineuse nulle) et la valeur 255 représente la couleur blanche (intensité lumineuse maximale). Une image en couleurs correspond à l'espace RVB (pour Rouge, Vert et Bleu). Le codage est alors réalisé sur trois octets. Chaque octet représente la valeur de l'une des trois composantes des couleurs allant également de 0 à 255 et permettant ainsi de représenter plus de 16 millions de couleurs différentes ([figure 1.3](#)). Une image numérique en nuances de gris peut être représentée par un tableau (ou une matrice) de L lignes et H colonnes ($L \times H$). Quant à une image numérique en couleurs,

elle sera représentée par une matrice de taille $3 \times H \times L$ pour les 3 canaux RVB. La qualité de l'image numérique peut être quantifiée par sa définition et sa résolution. La définition d'une image correspond au nombre de pixels présents sur l'image. Elle est donnée par le produit du nombre de pixels sur la hauteur H de l'image par le nombre de pixels sur sa largeur L ($H \times L$). La résolution représente le nombre de pixels contenus dans l'image par unité de longueur. Elle s'exprime en ppi (point par inch) ou en dpi (dots per inch). La résolution définit le degré de détail de l'image.

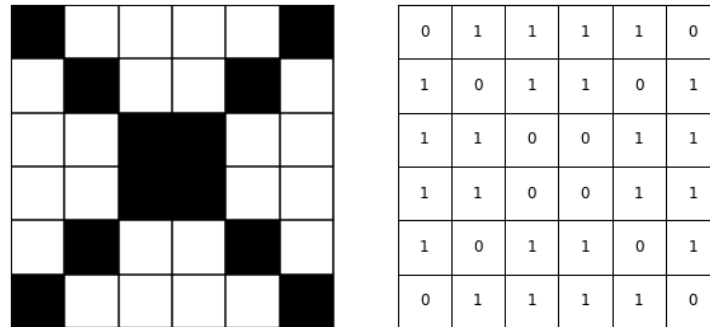


Figure 1.1 – Image 6×6 pixels en noir et blanc.

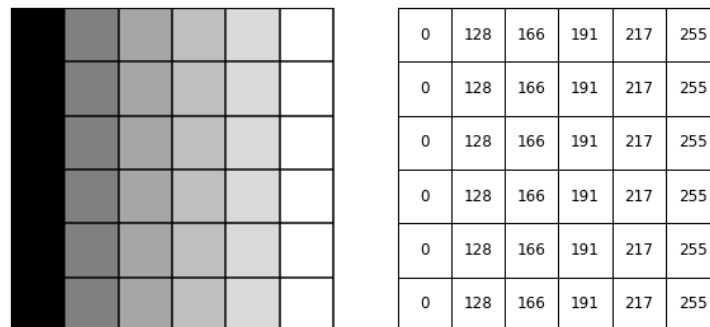


Figure 1.2 – Image 6×6 pixels en nuances de gris.

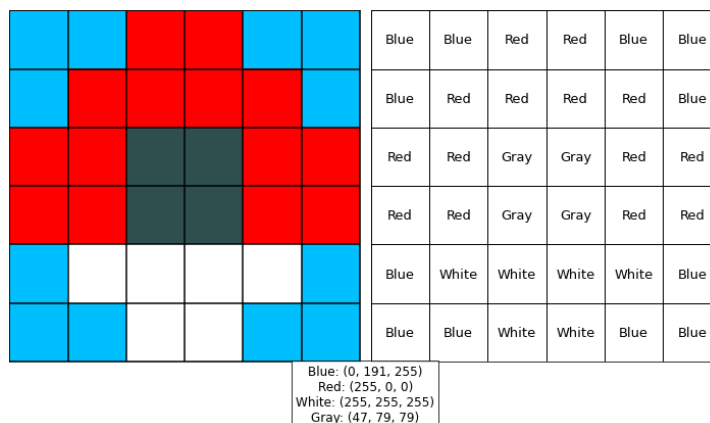


Figure 1.3 – Image 6×6 pixels en couleurs.

1.2.2 Le format de stockage DICOM

Les images médicales issues de différentes modalités d'imagerie (appareils d'acquisition comme le scanner) sont enregistrées sous un format appelé DICOM (Digital Imaging Communication in Medicine). Il a été créé en 1985 par l'ACR (American College of Radiology) et la NEMA (National Electric Manufacturers Association) dans le but de standardiser les données transmises entre les différents appareils de radiologie. Ce format contient, en plus des images, des informations concernant l'acquisition de ces dernières, à savoir des données concernant le patient (nom, prénom, date de naissance...), ainsi que des informations relatives aux images telles que la date, le temps et les paramètres d'acquisition, le type ou le modèle de l'appareil utilisé...

1.2.3 Acquisition des images tomодensitométriques

L'imagerie tomодensitométrique, aussi appelée scannographie ou CT scan (Computerized Tomography scan), est une technique d'imagerie médicale qui permet d'obtenir des images en coupes des structures anatomiques du patient à partir de l'absorption des rayons X dans différents tissus. L'assemblage de plusieurs coupes axiales permet ainsi d'obtenir une visualisation 3D du volume exploré. Les images sont stockées sous format DICOM. Afin de pouvoir reconstruire les images axiales, il est nécessaire d'obtenir plusieurs projections de rayons X réalisées par balayage selon différentes incidences autour du patient.

Le tomодensitomètre, plus communément appelé "scanner", est constitué d'un tunnel dans lequel se trouve un ensemble rotatif composé d'un tube à rayons X faisant face à des rangées de détecteurs [1]. Cet ensemble tourne autour du patient (figure 1.4).

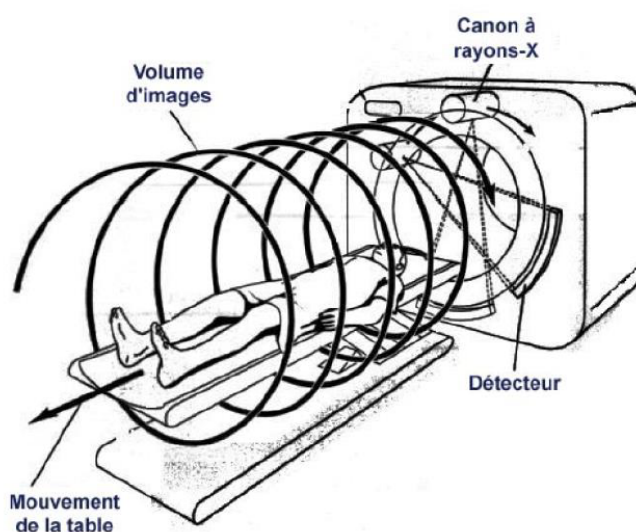


Figure 1.4 – Schéma d'un tomодensitomètre [1].

Le principe de la tomodensitométrie est basé sur le phénomène d'atténuation des rayons X dans les tissus biologiques du patient. Cette capacité d'un milieu à atténuer les rayons X est représentée par la valeur du coefficient d'atténuation linéique μ . Par ailleurs, un tissu biologique t peut être également caractérisé par sa valeur Hounsfield (HU :Hounsfield Unit) qui est définie comme suit :

$$HU = 1000 \times \frac{(\mu_t - \mu_{\text{eau}})}{\mu_{\text{eau}}} \quad (1.1)$$

Où μ_t et μ_{eau} sont les coefficients d'atténuation des rayons X dans le tissu t considéré et dans l'eau respectivement. Le calcul des valeurs Hounsfield prend pour référence l'absorption des rayons X dans l'eau. L'échelle des unités de Hounsfield répartit les coefficients d'atténuation (μ) susceptibles d'être présents dans le corps humain (os, tissus mous, air). Elle s'étend de -1000 HU pour l'air à 3000 HU, en passant par la valeur de 1000 HU qui correspond à l'os compact. Le [tableau 1.1](#) donne quelques exemples des valeurs HU pour différents tissus et organes.

Nous pouvons constater que pour certains tissus, les intervalles des valeurs HU sont proches et parfois se chevauchent, rendant l'étape de la segmentation des images un peu délicate. C'est pour cela qu'il est parfois nécessaire d'avoir recours à des opérations de traitement d'images pour obtenir une meilleure visualisation des structures comme le fenêtrage. Dans la segmentation automatique par apprentissage profond, cette opération est intégrée à l'étape du prétraitement des images.

TABLEAU 1.1 – Exemples de tissus et organes avec les valeurs HU correspondantes.

Matière	Valeur HU
Air	-1000
Poumon	-700 à -600
Gras	-120 à -90
Rein	20 à 45
Foie	55 à 65
Muscle	35 à 55
Os	300 à 1900

Un exemple d'une image CT est donné dans la [figure 1.5](#).

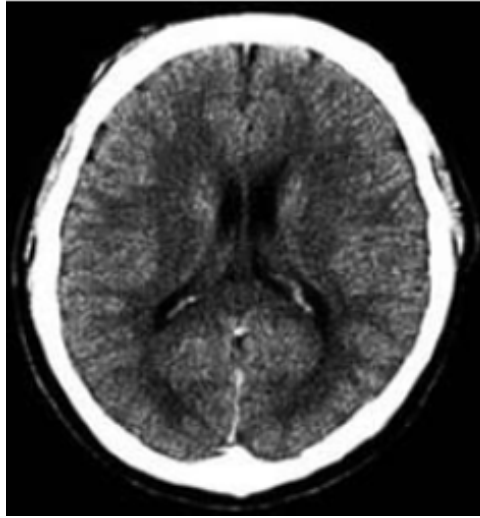


Figure 1.5 – Exemple d'une image CT (image cérébrale).

1.3 Segmentation d'images médicales

La segmentation d'images a fait l'objet de plusieurs études et ce, depuis plusieurs années [2, 3]. La segmentation d'images consiste à séparer les pixels qui constituent cette image selon des critères caractéristiques tels que la texture ou le niveau de gris, formant ainsi plusieurs zones ou régions distinctes. Des exemples de segmentation sont donnés dans la [figure 1.6](#) : segmentation d'une image test et d'une image IRM (Imagerie par Résonance Magnétique) cérébrale [4]. De ce fait, les pixels de la même région se verront attribuer la même étiquette (label). Le but du processus de segmentation est d'obtenir une image segmentée, plus significative, ce qui permet d'extraire des informations sur les structures contenues dans l'image.

Il existe plusieurs types de segmentation d'images [5]. La segmentation peut, en effet, être manuelle, c'est-à-dire que les contours des structures à segmenter sont pointés manuellement à l'aide de dispositifs de pointage (souris). Plus le nombre de points est important, meilleure est la segmentation ([figure 1.7](#)). Il s'agit d'une tâche minutieuse, fastidieuse et qui nécessite beaucoup de temps, mais reste toutefois l'une des méthodes de segmentation les plus utilisées en routine clinique.

La segmentation peut, également, être réalisée de façon automatique, c'est-à-dire qu'elle est effectuée à l'aide de logiciels dédiés. La segmentation automatique d'organes ou de tumeurs sur des images médicales reste aujourd'hui un sujet de recherche majeur. Plusieurs méthodes ont été développées avec plus ou moins de succès, qui concernent aujourd'hui toutes les localisations anatomiques et toutes les modalités d'imagerie. Il existe également quelques logiciels de segmentation commerciaux dédiés à la radiothérapie,

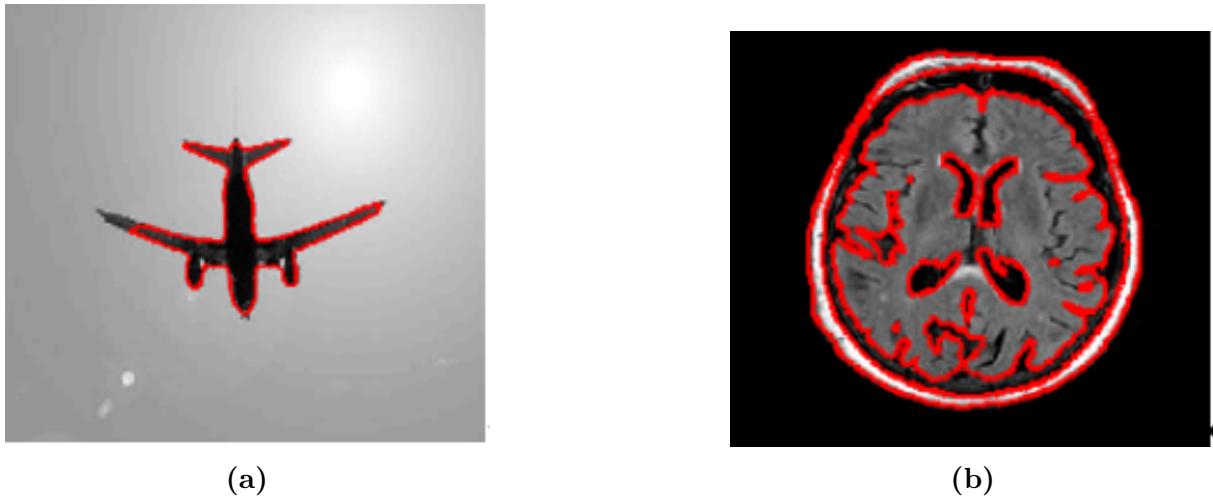


Figure 1.6 – Exemples de segmentation : segmentation d'une image test (a) et segmentation d'une image IRM cérébrale (b).



Figure 1.7 – Segmentation manuelle d'une image médicale.

intégrés ou non au TPS (Treatment Planning System) comme Raystation [6]. L'une des méthodes automatiques les plus fructueuses est la segmentation automatique par apprentissage profond (Deep Learning). De nombreux travaux ont été effectués dans ce domaine et ce, en utilisant plusieurs architectures de réseaux de neurones, pour différentes modalités d'imagerie et en explorant toutes les parties du corps humain. La [figure 1.8](#) présente plusieurs exemples de la segmentation automatique de l'ostéosarcome dans des images CT : la colonne de gauche correspond aux différentes images considérées pour la segmentation, la colonne du milieu correspond à la segmentation de référence (segmentation manuelle) et la colonne de droite correspond à la segmentation automatique [7]. Enfin, la segmentation peut être un mélange des deux, ou semi-automatique. L'intervention humaine est moins présente que pour la segmentation manuelle. Il existe des outils de détection des contours qui permettent de reconnaître les contours des structures

présentes sur une image et ainsi de les conserver. Ces différents outils peuvent être utilisés en même temps pour chercher les contours avec la meilleure efficacité. La segmentation semi-automatique se fait en définissant une région d'intérêt. Ensuite, l'algorithme fait la segmentation en se basant sur des paramètres qu'un spécialiste a mis en place. Si la segmentation est erronée, le spécialiste pourra refaire le processus en changeant quelques paramètres et corriger les éventuelles erreurs.

Même s'il existe une grande variété de méthodes de segmentation, aucune ne fonctionnera parfaitement pour toutes les modalités d'imagerie. Les techniques de segmentation sont souvent optimisées pour une modalité d'imagerie spécifique telle que l'IRM ou la CT.

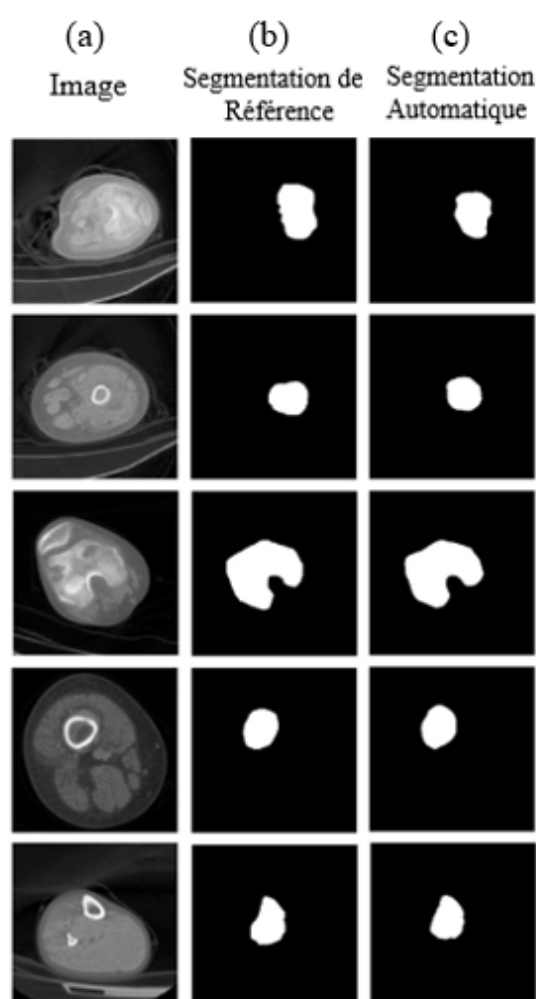


Figure 1.8 – Exemples de la segmentation automatique de l'ostéosarcome dans les images CT : La colonne (a) correspond aux différentes images considérées pour la segmentation, la colonne (b) correspond à la segmentation de référence et la colonne de droite (c) à la segmentation automatique [7].

1.3.1 Approches de la segmentation

Les approches de la segmentation peuvent être classées, comme suit, en plusieurs classes [5, 8] (figure 1.9) :

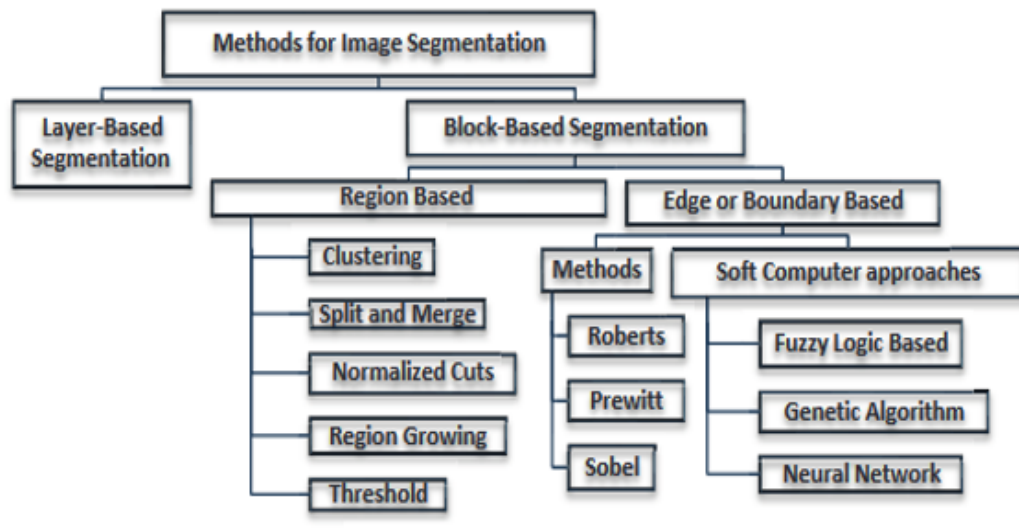


Figure 1.9 – Illustration des différentes méthodes de la segmentation d'images [8].

1.3.1.1 Méthodes basées sur les contours

Ces méthodes consistent à reconnaître ou détecter les zones de transition et les frontières entre les régions voisines et ce, grâce à la différence de niveaux de gris. Le résultat se présente en général sous la forme d'un enchaînement de pixels. Des opérations de traitement d'images additionnelles sont souvent nécessaires pour associer les contours aux objets d'intérêt.

1.3.1.2 Méthodes basées sur les régions

L'approche "région" de la segmentation consiste à diviser l'image en plusieurs régions qui partagent des caractéristiques communes en utilisant des techniques d'identification et de détermination des zones. Dans cette approche, on trouve les méthodes de segmentation suivantes : segmentation par seuillage (Threshold), segmentation par l'algorithme des K-Moyennes (K-Means), segmentation avec la méthode de "Division et Fusion" (Split and Merge) et segmentation par réseaux de neurones.

1.3.1.3 Segmentation par Intelligence Artificielle

L'apprentissage profond (ou Deep Learning) est une catégorie de l'intelligence artificielle. Il consiste à entraîner des réseaux de neurones dans le but de réaliser une tâche particulière. Depuis quelques années, et grâce à la disponibilité de données massives (Big data) ainsi

que la possibilité d'utiliser des ordinateurs puissants avec des GPU (Graphics Processing Unit) performants, la sphère de l'intelligence artificielle est en pleine expansion dans divers domaines, y compris celui de l'imagerie médicale. En effet, plusieurs outils d'IA ont été développés pour différents objectifs, à savoir la classification d'images, la détection d'objets, l'analyse d'images médicales ainsi que la segmentation automatique d'images [9, 10, 11, 12]. Ces outils ont donné des résultats très encourageants.

1.4 Intelligence artificielle

L'intelligence artificielle comprend un ensemble de technologies et de concepts qui permettent de simuler l'intelligence humaine grâce à des machines. Les concepts utilisés en IA sont basés sur la neurobiologie computationnelle (particulièrement les réseaux neuronaux), les mathématiques et l'informatique. Les premières traces de l'IA remontent à 1950, dans un article intitulé "Computing Machinery and Intelligence" d'Alan Turing [13] où il introduit le "test de Turing". Ce dernier permet d'évaluer si une machine, sous certaines conditions, est capable d'imiter ou de reproduire une conversation humaine.

l'IA comporte deux familles d'algorithmes : l'apprentissage automatique ou apprentissage machine (ML : Machine Learning) et l'apprentissage profond (DL : Deep Learning). Ces algorithmes sont couramment utilisés dans le domaine de l'imagerie médicale, en particulier pour la segmentation des images (figure 1.10).

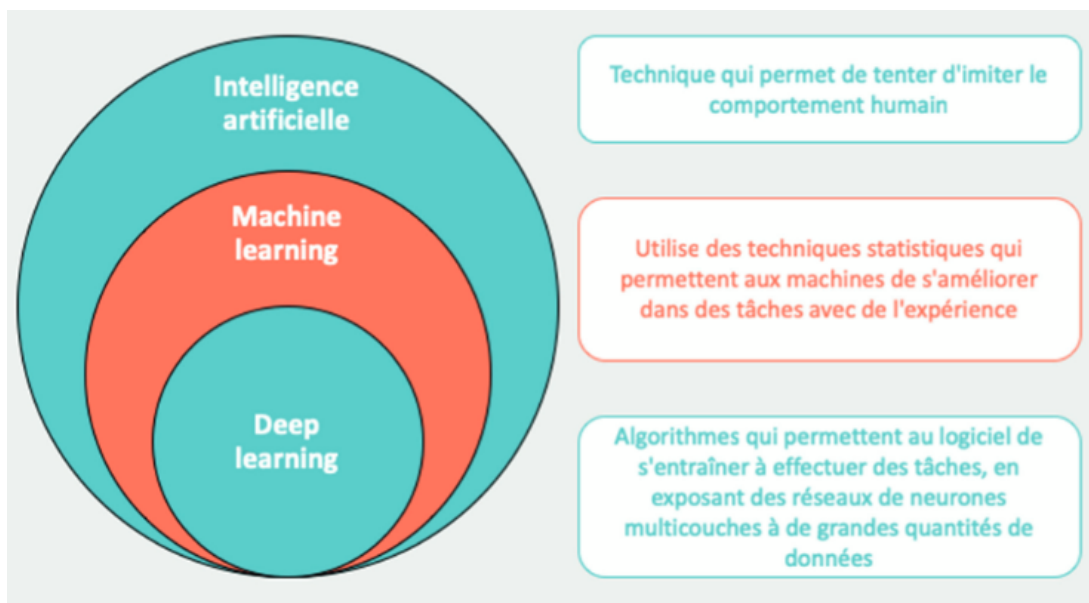


Figure 1.10 – L'intelligence artificielle, le Machine Learning et le Deep Learning [14].

1.4.1 Machine Learning

Le machine Learning, appelé également apprentissage machine, ou encore apprentissage automatique a été décrit par Arthur Samuel comme étant un domaine qui permet à une machine d'avoir des connaissances sans être formellement programmée ou sans intervention humaine [15]. Dans son livre, Tom Mitchell [16] explique que pour définir un apprentissage, il faut préciser trois paramètres : la tâche T à effectuer, la mesure de la performance P à améliorer et la source de l'expérience E . On peut dire qu'un algorithme apprend à effectuer une tâche T à partir d'une expérience E , si ses performances mesurées P dans la tâche T s'améliorent avec l'expérience. En d'autres termes, il s'agit d'un ensemble de méthodes ou de modèles prédictifs qui sont capables d'apprendre à partir de données existantes afin de prédire des comportements futurs. Par exemple, dans le cas de la segmentation automatique des images, la tâche T consiste à délimiter un ou plusieurs organes sur des images. La performance P est le nombre de pixels segmentés de la même façon qu'une segmentation réalisée par un humain et enfin l'expérience E représente la base de données avec les organes segmentés par des humains. L'objectif de la segmentation au final est d'attribuer une étiquette à chaque pixel composant l'image. Le résultat est la visualisation des étiquettes, qui ont été attribuées à chacun des pixels. Le Machine Learning compte plusieurs algorithmes[17], les plus connus étant :

- Arbre de décision (Decision Tree).
- Méthode des k plus proches voisins (KNN).
- Régression logistique (Logistic regression).
- Réseaux de neurones artificiels (ANN : Artificial Neural Networks).

1.4.2 Différents types de Machine Learning

Il existe plusieurs types d'apprentissage automatique, à savoir l'apprentissage supervisé, l'apprentissage non supervisé et l'apprentissage par renforcement. Il y a des applications au traitement d'images pour chacune de ces catégories. Cependant, la majorité des méthodes d'intelligence artificielle utilisées sont basées principalement sur l'apprentissage supervisé et l'apprentissage non supervisé.

1.4.2.1 Apprentissage supervisé

Dans l'apprentissage supervisé, on crée un ensemble de données en associant un label (étiquette) ou une classe cible qui décrit sa classe d'appartenance. Ces données serviront à entraîner un modèle pour qu'il soit capable de prédire cette cible sur de nouvelles données non annotées. La cible peut être discrète (classification) ou continue (régression) [17].

La classification consiste à dire à quelle classe appartiennent des données d'entrée en se basant sur un algorithme entraîné avec des données classées. En général, il existe

deux types de classification : la classification binaire et la classification multi-classe. Dans le cas d'une classification binaire, les données peuvent être classées en deux classes différentes (par exemple : tumeur bénigne ou maligne). Une classification multi-classe essaie de prédire la classe de données à partir d'un certain nombre de classes (par exemple : la classification des images endoscopiques [18]). Le principe de la régression quant à elle, est de trouver une fonction mathématique décrivant une courbe qui passe aussi près que possible de tous les points des données. Il s'agit généralement d'un problème d'approximation ou d'interpolation de fonction pour déterminer une valeur parmi plusieurs valeurs que nous connaissons. Il faut donc trouver ici une valeur concrète. Par exemple, la prédiction de dose pour les patients en radiothérapie [19]. Les méthodes les plus utilisées dans le type d'apprentissage supervisé sont le Deep Learning (apprentissage profond) et les réseaux de neurones. En imagerie, les réseaux de neurones convolutifs (Convolutional Neural Network ou CNN) sont très utilisés pour extraire les caractéristiques des images pour la segmentation [9].

1.4.2.2 Apprentissage non supervisé

Contrairement à l'apprentissage supervisé, les données ne possèdent pas d'étiquettes dans le cas de l'apprentissage non supervisé. C'est donc à l'algorithme d'entraînement d'analyser et d'extraire seul les similarités et distinctions dans l'ensemble de données, et de regrouper ensemble celles qui partagent des caractéristiques communes. Cette méthode nous permet donc de ne pas avoir recours à une expertise humaine pour étiqueter les données. De plus, l'algorithme peut potentiellement trouver une information inaccessible à l'œil humain. Le regroupement ou Clustering est la technique la plus utilisée pour résoudre les problèmes d'apprentissage non supervisé. La mise en cluster consiste à diviser un ensemble de données en un certain nombre de groupes, de sorte que les ensembles de données appartenant aux mêmes groupes se ressemblent davantage que ceux d'autres groupes. En termes simples, l'objectif est de séparer les groupes ayant des traits similaires et de les assigner en grappes.

1.4.2.3 Apprentissage par renforcement

L'apprentissage par renforcement consiste à apprendre à un agent (machine), à prendre les meilleures décisions possibles à partir d'expériences successives. Autrement dit, l'agent essaie plusieurs solutions, observe la réaction de l'environnement et adapte ainsi son comportement pour trouver la meilleure stratégie. Parmi les exemples des applications abordées dans l'imagerie médicale, nous pouvons citer la détection des lésions ainsi que des organes et des structures [20].

1.4.3 Les réseaux de neurones

Les réseaux de neurones artificiels s'inspirent grandement des neurones biologiques. Un neurone biologique est une cellule nerveuse qui constitue l'unité fonctionnelle de la base du système nerveux. Les neurones communiquent entre eux en transmettant des impulsions électrochimiques d'une cellule à l'autre à travers les synapses [21]. Un neurone biologique est caractérisé par (figure 1.11) :

- le synapse : le point de connexion avec les autres neurones.
- les dendrites : les points d'entrée du neurone.
- l'axone : le point de sortie.
- le noyau : qui active les sorties en fonction des stimulations en entrée.

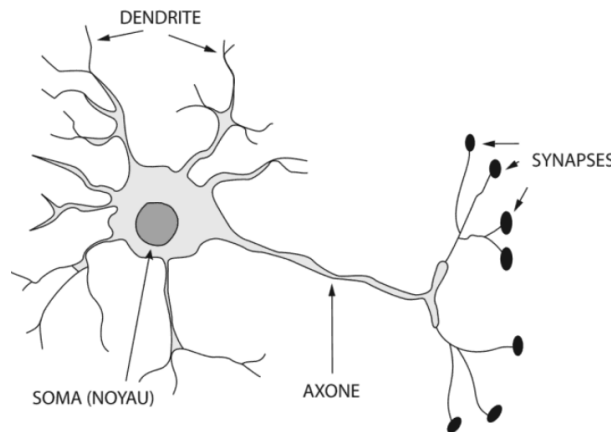


Figure 1.11 – Illustration d'un réseau de neurones biologiques [21].

De façon similaire, les réseaux de neurones artificiels sont généralement composés de trois types de couches (figure 1.12) : la couche d'entrée, la (les) couche(s) cachée(s) et la couche de sortie. La couche d'entrée est composée de neurones qui correspondent aux caractéristiques des données d'entrée. Dans le cas de la segmentation des images CT par exemple, la couche d'entrée comprend les images CT avec leurs masques correspondants. La couche de sortie représente les résultats de la tâche assignée au réseau. Dans le cas de l'exemple précédent, cette couche comprend les images CT segmentées. Les neurones non contenus dans la couche d'entrée ou de sortie sont contenus dans des couches cachées. Lorsqu'il y a plusieurs couches cachées, on parle de réseau de neurones profond.

Le perceptron, introduit en 1957 par Rosenblatt, peut être considéré comme le réseau de neurones le plus simple [22]. Il s'agit d'un algorithme d'apprentissage supervisé de classifieurs binaires. Il possède plusieurs entrées et une sortie. Le perceptron peut être mono-couche ou multi-couche. On associe à chaque entrée du perceptron un poids. Une fonction qu'on appelle fonction d'activation est appliquée à la somme pondérée des entrées

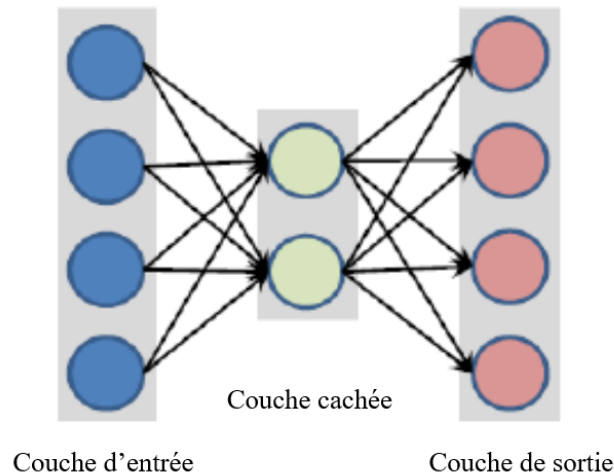


Figure 1.12 – Illustration schématique d'un réseau de neurones artificiels.

par les poids respectifs pour créer une sortie. Les poids sont appelés paramètres du perceptron.

1.4.4 Deep Learning

Le Machine Learning comprend plusieurs méthodes et techniques dont l'apprentissage profond ou le Deep Learning. Le DL utilise les réseaux de neurones et comprend un ensemble de modèles de calcul composés de multiples couches de traitement de données, qui permettent d'apprendre en représentant ces données par plusieurs niveaux d'abstraction [23]. À partir d'un grand nombre de données d'entraînement, ces modèles découvrent des structures récurrentes en affinant automatiquement leurs paramètres internes via un algorithme. Chaque couche du réseau transforme le signal de façon non linéaire dans le but d'augmenter la sélectivité et l'invariance de la représentation. Avec un nombre de couches suffisant, le réseau peut générer une hiérarchie de représentations qui rendront le modèle à la fois sensible à de très petits détails et insensible à de grosses variations. Le Deep Learning est très utilisé en imagerie médicale, spécialement pour la classification d'images, la détection d'objets et la segmentation. Litjens et al. [9] ont publié un état de l'art sur tous les travaux existants dans le domaine de l'analyse d'images médicales.

1.4.5 Différentes architectures des réseaux de neurones

Dans la littérature, on peut trouver plusieurs architectures des réseaux de neurones. Ces architectures dépendent de la tâche et du type de données [9]. Nous pouvons citer les architectures suivantes :

1.4.5.1 Réseau de neurones récurrent

Un réseau de neurones récurrent (RNN : Recurrent Neural Network) permet de traiter des séquences temporelles. Il est utilisé principalement pour le traitement des vidéos, la reconnaissance automatique de la parole et du langage ou encore pour la reconnaissance de l'écriture manuscrite. Contrairement à d'autres types de réseaux de neurones, un réseau RNN va conserver la mémoire des données du passé pour prédire des séquences de données dans le futur proche. Il existe trois grands types de réseaux de neurones récurrents : le RNN simple, le LSTM (Long Short-Term Memory) et le GRU (Gated Recurrent Unit). En imagerie médicale, nous pouvons citer le cas de Rajeev et al. qui ont mis au point un RNN avec LSTM pour le débruitage des images CT [24].

1.4.5.2 Auto-encodeur

L'auto-encodeur (AE : Auto-Encoder) est un réseau de neurones artificiels utilisé pour l'apprentissage non supervisé. L'architecture de l'auto-encodeur ressemble au perceptron multi-couches c'est-à-dire qu'il a une couche d'entrée, une couche de sortie ainsi qu'une ou plusieurs couches cachées. La forme la plus simple d'un auto-encodeur est un réseau de neurones non récurrent qui se propage vers l'avant, très semblable au perceptron multi-couches. He et al. ont utilisé une architecture auto-encodeur pour l'analyse des images médicales [25].

1.4.5.3 Machine de Boltzmann

La machine de Boltzmann est également une architecture de réseau de neurones artificiels pour l'apprentissage non supervisé. Comme l'auto-encodeur, elle a pour but d'extraire des représentations mais elle se base sur un autre modèle statistique. Une machine de Boltzmann peut être standard, ou restreinte (Restricted Boltzmann Machine). Jeyaraj et al. ont utilisé une machine de Boltzmann pour classer les régions cancérigènes sur des images hyper spectrales [26].

1.4.5.4 Réseaux antagonistes génératifs

L'architecture basée sur les réseaux antagonistes génératifs (GAN : Generative Adversarial Networks) est une classe d'algorithmes d'apprentissage non-supervisé. Elle peut être utilisée dans différents domaines (traitement d'images, de texte, de sons, ...). Les réseaux GAN sont très utilisés en imagerie médicale [27], notamment pour la segmentation [28, 29], la classification [30], la détection (de lésions par exemple) et pour le recalage d'images [31].

1.4.5.5 Réseaux de neurones convolutifs

Un réseau de neurones convolutif (CNN : Convolutional Neural Network) est un type de réseau de neurones artificiels très utilisé pour le traitement des images. Comme leur nom l'indique, ils sont caractérisés par des opérations de convolution. Ils contiennent également d'autres couches successives de traitement des données à savoir des couches de Pooling, des couches de correction et des couches d'activation. Ces opérations ont pour but de trouver les caractéristiques de l'image. Chaque couche (à l'exception de la première couche) reçoit en entrée les résultats de la couche précédente. D'une façon générale, on trouve dans un CNN les couches suivantes :

- Couche de convolution (Convolutional layer) :

La couche de convolution représente l'une des couches les plus importantes d'un CNN. L'opération de convolution consiste à appliquer un filtre, qu'on appelle communément kernel, sur l'image. Lorsque le filtre a parcouru la totalité de l'image, les valeurs obtenues de sortie forment l'image convoluée et elles sont appelées cartes de caractéristiques (features map). Chaque couche de convolution produit une ou plusieurs cartes de caractéristiques à partir du résultat de la couche précédente (ou de l'image d'origine pour la première couche) jusqu'à la sortie finale du réseau CNN.

- Couche de Pooling (Pooling layer) :

Cette couche consiste à réaliser un sous-échantillonnage d'une image. Cela permet de réduire la taille spatiale d'une image intermédiaire, réduisant ainsi la quantité de paramètres et de calcul et ce, en conservant les informations les plus importantes dans le réseau CNN. Il existe différents types de Pooling : max Pooling (figure 1.13) et mean Pooling.

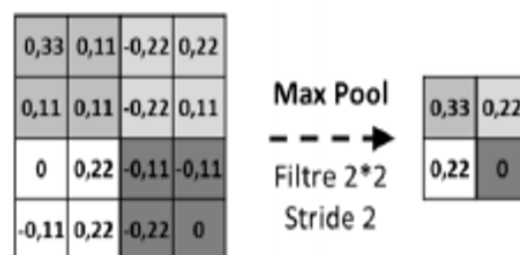


Figure 1.13 – Exemple d'un filtre de max Pooling.

- Couche entièrement connectée (Fully-connected layer) :

Les couches entièrement connectées servent à connecter les couches entre elles dans le réseau CNN, c'est-à-dire qu'elles relient chaque neurone de la couche précédente au neurone de la couche suivante.

- Couches de correction :

Il est possible d'améliorer l'efficacité du CNN en rajoutant entre les couches une couche qui va opérer une fonction mathématique (fonction d'activation) sur les signaux de sortie. Les fonctions les plus utilisées sont la fonction ReLU et Sigmoidale.

1.4.6 Exemples de modèles CNN

A ce jour, de nombreux CNN ont été développés, où l'architecture varie en fonction du type de couches utilisées et de leur ordre. On trouve ainsi dans la littérature de multiples travaux décrivant l'architecture de ces CNN. Nous pouvons citer par exemple, l'architecture AlexNet [32]. Cette architecture a été conçue par Alex Krizhevsky et al.. Elle a gagné la compétition ImageNet Large Scale Visual Recognition Challenge (ILSVRC) en 2012. Elle est utilisée pour la classification d'images 2D et est composée de cinq couches de convolution, des couches de Pooling et de trois couches entièrement connectées en sortie. Elle utilise la fonction d'activation ReLU.

Nous pouvons citer aussi l'architecture VGG (Visual Geometry Group) [33]. Cette architecture a gagné la compétition ILSVR (Imagenet competition) en 2014. Elle est caractérisée par sa profondeur importante. En effet, elle est composée de plusieurs couches de convolution, de couches de Max Pooling et de couches Fully connected (figure 1.14). Cette architecture est utilisée pour la segmentation des images, la classification et la détection.

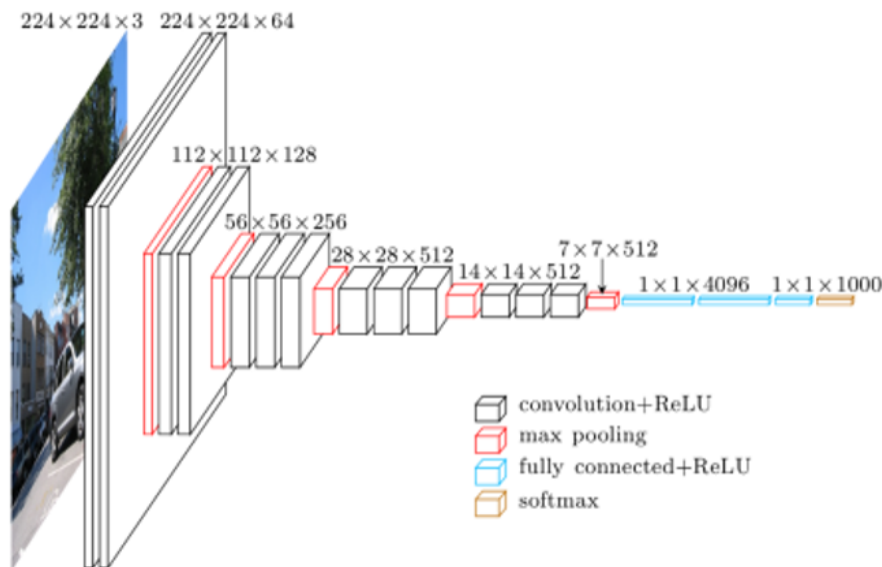
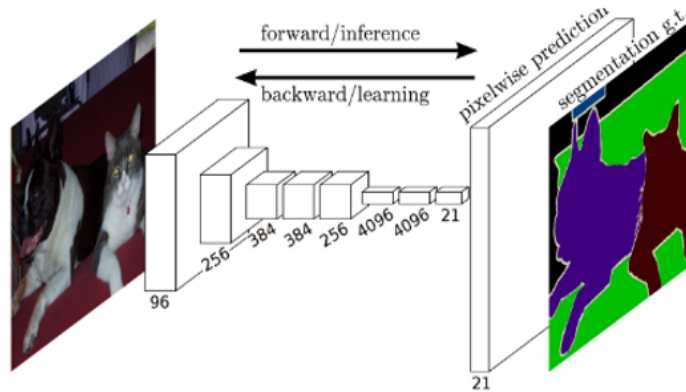
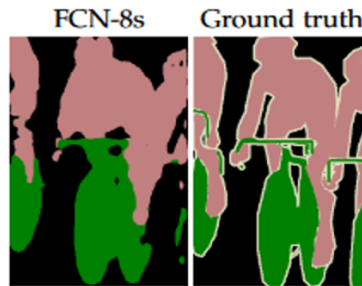


Figure 1.14 – Architecture VGG [33].

Il y a également l'architecture "Fully Convolutional Network" (FCN) qui a été développée par Evan Shelhamer, Jonathan Long et Trevor Darrell [34]. C'est l'un des premiers réseaux de neurones créés pour la segmentation des images. L'architecture FCN est un CNN dont les couches Fully Connected ont été remplacées par des couches de convolution. L'architecture FCN est composée de 2 principales parties : une partie de sous échantillonnage et une partie de sur-échantillonnage. Un exemple des résultats de segmentation obtenus à l'aide de ces réseaux est illustré dans la [figure 1.15](#).



(a)



(b)

Figure 1.15 – Architecture FCN pour la segmentation d'images [34] (a) et résultat de la segmentation comparé à la segmentation de référence [34] (b).

D'autres modèles peuvent être cités comme Inception-V1 (GoogLeNet) [35], Inception-V3 [36], SegNet [37], DeepLab [38], DeepLabv3+ [39] et DeepMedic [40].

L'une des architectures les plus populaires pour la segmentation des images médicales reste le U-net [41]. C'est une architecture qui a été créée en 2015 par Olaf Ronneberger. Il est constitué d'une partie convolutive (voie d'encodage) et d'une partie déconvolutive (voie de décodage). Nous décrivons son fonctionnement dans le chapitre suivant (figure 1.16).

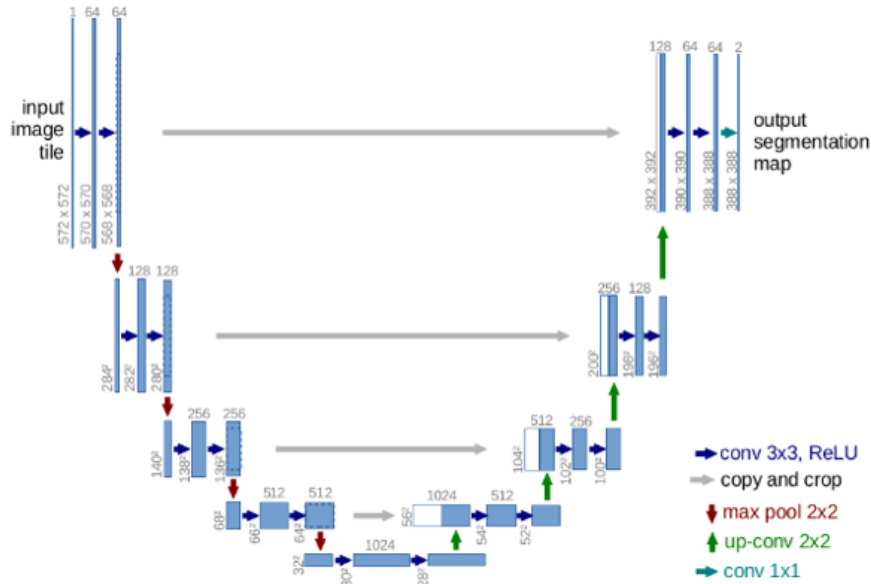


Figure 1.16 – Architecture du réseau U-Net [41].

1.5 Principales architectures de Deep Learning pour la segmentation d'images médicales

Dans la figure 1.17, Rayed et al. [42] présentent les principales architectures de Deep Learning appliquées à la segmentation d'images médicales entre 1965 et 2024. Avant 2021, les modèles de segmentation d'images médicales reposaient principalement sur des architectures CNN dérivées du U-Net (V-Net [43], U-Net++ [44], Attention-U-Net [45], nnU-Net [46], etc.).

Bien qu'ils aient démontré des résultats prometteurs, les architectures CNN sont limitées par leur focalisation sur les caractéristiques locales.

Les Transformers, quant à eux, se distinguent par leur capacité à capturer des interactions à longue portée et ont démontré leur efficacité en NLP (Natural Language Processing) [42]. Suite aux performances convaincantes du Vision Transformer (ViT) [42] sur des images naturelles, son application à la segmentation d'images médicales a donné des résultats

comparables, voire supérieurs à ceux des réseaux CNN.

Cependant, la disponibilité limitée des bases de données d'images médicales restreint l'exploitation du plein potentiel des Transformers, incitant à utiliser des architectures hybrides combinant Transformer et CNN.

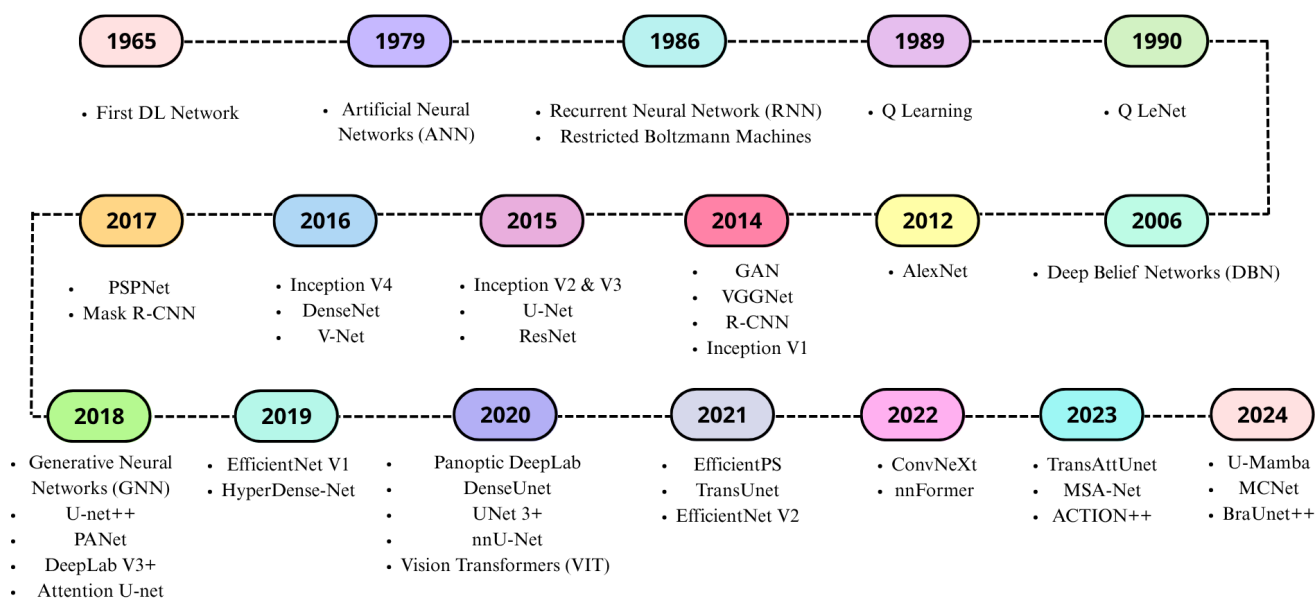


Figure 1.17 – Chronologie des architectures de Deep Learning les plus populaires pour la segmentation d'images médicales [42].

Le [tableau 1.2](#) présente les avantages et les limitations de quelques architectures utilisées pour la segmentation des images médicales [47].

TABLEAU 1.2 – Comparaison entre les principales architectures pour la segmentation des images médicales [47].

Architecture	Avantages	Inconvénients
CNN [35]	• Bonne capacité à extraire les caractéristiques locales. • Entraînement relativement rapide. • Adapté pour les petites images.	• Limité pour extraire les informations globales. • Nécessite des bases de données de grande taille. • Demande des ressources de calcul importantes.
FCN [34]	• Conservation des informations spatiales. • Conservation de la résolution spatiale. • Traitement d'images de tailles variables.	• Difficulté d'entraînement pour des performances optimales. • Performance dépendante de la base de données. • Usage de mémoire important.
GAN [48]	• Génération de segmentations de haute qualité.	• Entraînement complexe et instable. • Nécessite de vastes bases de données.
U-Net [41]	• Bonnes performances avec des données limitées. • Efficace pour les images médicales. • Capture les détails subtils via skip connections.	• Nécessite des ressources de calcul importantes. • Exigence en mémoire GPU élevée.
V-Net [43]	• Conçu pour la segmentation 3D médicale. • Traitement efficace des données volumétriques.	• Convolutions 3D gourmandes en mémoire GPU. • Temps de calcul élevé en haute résolution.

Architecture	Avantages	Inconvénients
U-Net++ [44]	• Segmentation précise des structures complexes. • Skip-connections imbriqués (nested skips).	• Ressources de calcul très importantes.
DeepLab v1 [49]	• Extraction précise des détails fins grâce au CRF (Conditional Random Fields).	• Ralentissement dû aux CRF.
DeepLab v2 [50]	• Segmentation multi-échelle (ASPP). • Robustesse pour objets de différentes tailles.	• Difficultés avec bordures de structures fines.
DeepLab v3 [51]	• Segmentation plus nette des structures.	• Affinement supplémentaire nécessaire pour contours.
DeepLab v3+ [52]	• Performances supérieures à DeepLab v3. • Module décodeur pour raffinement des contours.	• Demande mémoire GPU importante.
Transformers [53]	• Représentation contextuelle globale améliorée. • Fusion des caractéristiques locales/globales.	• Adaptation nécessaire aux images 3D. • Complexité computationnelle élevée.

Chapitre 2

Applications de l'intelligence artificielle en radiothérapie

2.1 Introduction

L'intégration croissante de l'intelligence artificielle (IA) dans divers domaines de la science et de la médecine a ouvert la voie à de nouvelles perspectives et avancées significatives. En particulier, le domaine de la radiothérapie a rapidement adopté les techniques de l'IA pour améliorer la précision, l'efficacité et les résultats des traitements. L'IA, en tant que branche de l'informatique qui simule la capacité humaine à apprendre et prendre des décisions, a montré un potentiel considérable pour transformer la manière dont la radiothérapie est planifiée, administrée et évaluée.

Au cours des dernières décennies, la radiothérapie a évolué pour devenir l'une des approches les plus efficaces dans le traitement des affections cancéreuses. Cependant, le défi persistant de maximiser la dose de rayonnement administrée à la tumeur tout en minimisant les effets nocifs sur les tissus sains environnants a conduit à l'exploration de nouvelles technologies. C'est dans ce contexte que l'intelligence artificielle émerge comme une solution prometteuse.

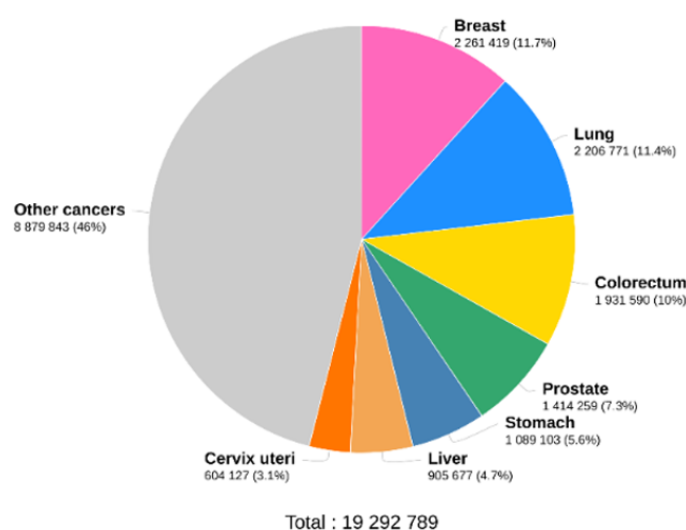
Ce chapitre présente les diverses facettes des applications de l'IA en radiothérapie, explorant comment elle a transformé chaque étape du processus, de la phase diagnostique à l'administration du traitement. Il examine comment les techniques d'apprentissage automatique et de traitement d'images peuvent être adaptées pour améliorer la précision du ciblage, optimiser la planification des traitements et personnaliser les protocoles de traitement en fonction des caractéristiques spécifiques de chaque patient.

2.2 La radiothérapie

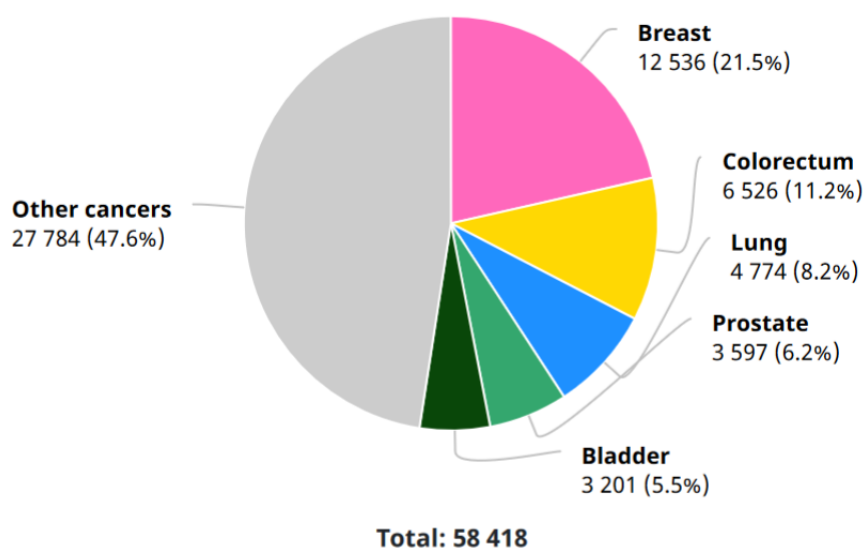
2.2.1 Introduction

En 2020, près de 10 millions de décès par cancer ont été enregistrés dans le monde d'après l'organisation mondiale de la santé (OMS) [54]. Au cours de cette année, les cancers du poumon, du sein et du colorectal étaient les causes les plus fréquentes de décès par cancer. Selon les statistiques, le nombre des autres cancers augmente également chaque année. En

effet, plus de 400 000 nouveaux cas de cancer du rein sont diagnostiqués chaque année. En 2020, le nombre de patients décédés d'un cancer du rein représentaient environ 1.8 % des décès par cancer [55]. Ce taux de mortalité risque d'augmenter encore avec la croissance du pourcentage des personnes âgées dans la population. Le cancer est ainsi considéré comme l'une des principales causes de décès dans le monde. La [figure 2.1](#) représente le nombre estimé des nouveaux cas de cancer dans le monde et en Algérie. La [figure 2.2](#) représente le nombre de décès dans le monde durant l'année 2020 [54].



(a)



(b)

Figure 2.1 – Représentation du nombre estimé de nouveaux cas de cancer dans le monde (a) et en Algérie (b) en 2020 [54].

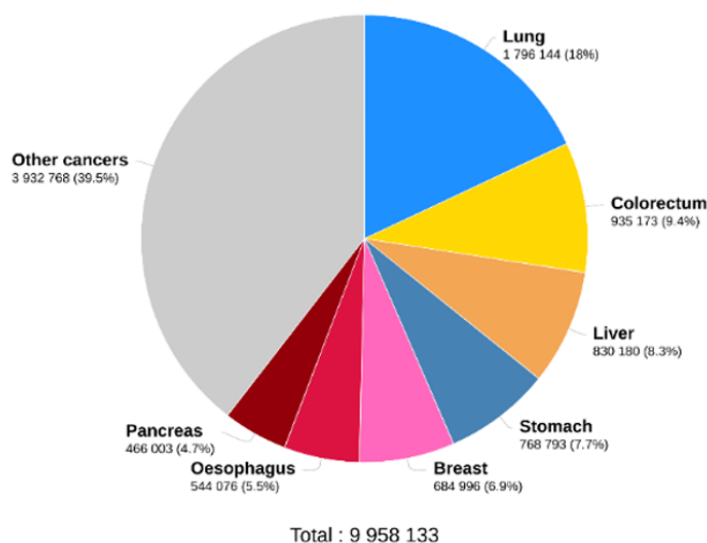


Figure 2.2 – Représentation du nombre de décès causés par le cancer en 2020 [54].

Les différentes cellules qui composent le corps humain sont programmées pour se développer et se multiplier un certain nombre de fois et de façon contrôlée. Cependant, des modifications peuvent toucher le patrimoine génétique de ces cellules suite à l'altération ou à l'endommagement des molécules d'ADN (acide désoxyribonucléique). Dans ce cas, les cellules vont se multiplier à l'infini et de façon anarchique. Elles sont capables de former des vaisseaux sanguins afin d'assurer leur croissance. Elles peuvent ainsi former une masse appelée tumeur qui va envahir les tissus voisins et les détruire. De plus, les cellules cancéreuses peuvent migrer à travers les vaisseaux sanguins et les vaisseaux lymphatiques pour former d'autres tumeurs secondaires (métastases). La détection de la présence éventuelle d'un cancer, avant même l'apparition des symptômes, est possible grâce à des tests de dépistage. En cas de suspicion de la présence d'un cancer chez un malade, des tests de diagnostics doivent être effectués. Lorsque le diagnostic est posé, une prise en charge médicale est alors proposée. Ce traitement nécessite un protocole spécifique à chaque type de cancer et qui comprend une ou plusieurs modalités de traitement comme la chirurgie, la chimiothérapie et la radiothérapie. La tumeur peut être retirée par chirurgie et les ganglions, qui lui sont proches, seront analysés. Par ailleurs, le but de la chimiothérapie est d'arrêter la croissance des cellules cancéreuses en injectant au malade des substances chimiques. La radiothérapie peut également être utilisée pour détruire les cellules cancéreuses. Cette technique occupe, en effet, une place importante dans l'arsenal thérapeutique en oncologie. Afin d'augmenter l'efficacité de la prise en charge médicale, le traitement peut comporter plus d'une de ces modalités. Ainsi, après la chirurgie, on peut recourir à des séances de radiothérapie pour détruire les cellules cancéreuses résiduelles. L'hormonothérapie est un traitement qui peut être proposé aux patients atteints d'un

cancer. Certains cancers sont, en effet, hormonodépendants car ils ont besoin d'hormones produites naturellement par l'organisme pour se développer. L'hormonothérapie consiste à arrêter la production des hormones ou bloquer leur action sur les cellules cancéreuses. Les cancers du sein et de la prostate sont particulièrement sensibles aux effets des hormones [56]. Par ailleurs, dans le cas du cancer de la prostate, il est possible d'utiliser les ultrasons focalisés de haute intensité (HIFU : High intensity focused ultrasound) [57] ou la cryothérapie [58] pour détruire les cellules cancéreuses par élévation de la température ou par congélation du tissu tumoral.

2.2.2 Définitions

2.2.2.1 La radiothérapie

La radiothérapie est un traitement locorégional couramment utilisé dans la prise en charge des cancers. Elle utilise des rayonnements ionisants pour détruire, par effet direct ou indirect, les cellules cancéreuses. Le but étant de délivrer une certaine dose à la tumeur tout en minimisant la dose délivrée aux tissus sains environnants (figure 2.3). La radiothérapie reste un élément important dans la lutte contre le cancer puisqu'elle est prescrite pour plus de la moitié des malades. Elle peut être indiquée de manière exclusive ou associée à la chirurgie et/ou à la chimiothérapie.

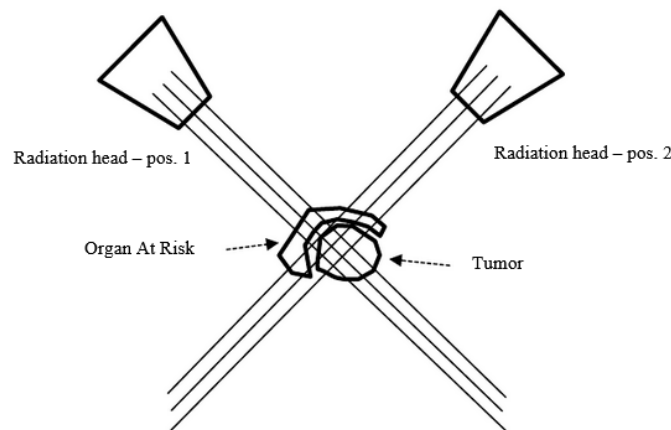


Figure 2.3 – Irradiation d'une tumeur à l'aide de deux faisceaux [59].

2.2.2.2 Les rayonnements ionisants

Le rayonnement ionisant est un rayonnement électromagnétique ou corpusculaire qui possède suffisamment d'énergie pour arracher des électrons aux atomes ou aux molécules de la matière qu'il traverse. Les rayonnements ionisants peuvent être directement ou indirectement ionisants. Les particules chargées, comme les électrons, les protons et les ions lourds, sont directement ionisantes. Les photons et les neutrons, qui produisent des

ionisations par l'intermédiaire des particules chargées qu'elles mettent en mouvement au sein du milieu, sont indirectement ionisants [60]. Le rayonnement ionisant est ainsi capable d'endommager de façon permanente la molécule d'ADN du tissu tumoral ce qui va conduire à la mort des cellules cancéreuses.

2.2.2.3 Volumes définis en radiothérapie

Afin de préparer un plan de traitement de radiothérapie, où la dose doit être déposée au niveau de la tumeur tout en épargnant les tissus sains voisins, l'ICRU (International Commission on Radiation Units and Measurements) a défini de façon précise les volumes pour la prescription des doses. Les définitions de ces volumes de structure cible et critique sont clairement détaillées dans les rapports ICRU 50 [61] et 62 [62]. La [figure 2.4](#) représente une illustration schématique de ces différents volumes définis pour le traitement par radiothérapie externe [63].

- Volume tumoral macroscopique (Gross Tumor Volume ou GTV) : Il correspond à l'étendue palpable ou visible de la tumeur sur l'image. Il peut comprendre la tumeur primaire, des nodules métastatiques régionaux ou d'autres métastases. D'une façon générale, il correspond aux parties ayant une densité de cellules tumorales très élevée. Les différentes modalités d'imageries (CT, IRM) permettent de déterminer la taille, la forme et l'emplacement du GTV. L'identification du GTV est très importante, car la dose doit être délivrée au GTV entier. De plus, cette identification permet le suivi de la réponse de la tumeur au traitement.
- Volume cible clinique (Clinical Target Volume ou CTV) : Il comprend le GTV ainsi que le volume qui entoure la tumeur macroscopique. La délimitation du CTV reste encore du domaine du "subjectif" pour plusieurs localisations. Pour atteindre l'objectif thérapeutique, le CTV doit être irradié de manière adéquate à une dose spécifiée.

Il est à noter que le GTV et le CTV sont définis à partir de principes oncologiques généraux. Ainsi, ils ne sont pas limités à la radiothérapie externe, mais peuvent être utilisés en chirurgie ou en brachythérapie. Dans le cas de la radiothérapie externe, des sources d'incertitudes sont présentes. Elles sont dues au mouvement du patient pendant la séance de traitement ou à des imperfections de l'appareillage. Il est donc nécessaire de définir des marges de sécurité autour des volumes définis précédemment.

Des volumes supplémentaires sont définis, comme suit :

- Volume cible planifié (Planning Target Volume ou PTV) : Il comprend le CTV avec une marge de sécurité pour tenir compte des incertitudes de positionnement, des mouvements éventuels des organes du patient ainsi que des incertitudes de réalisation du traitement. C'est donc un volume plus large qui va tenir compte de toutes les incertitudes.

- Volume traité (Treated Volume ou TV) : C'est le volume contenu dans une surface isodose spécifiée par le radiothérapeute. Elle correspond à la dose minimale permettant de traiter la maladie. Ce volume correspond au PTV dans les conditions idéales.
- Les organes à risque (Organs At Risk ou OAR) : Ce sont tous les organes qui ne doivent pas recevoir une dose supérieure à une certaine dose.

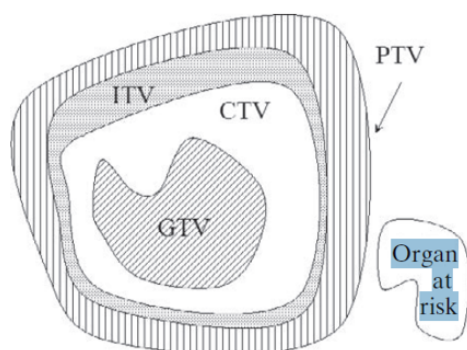


Figure 2.4 – Représentation graphique des différents volumes d'intérêt tels que définis dans les rapports ICRU 50 et 62 [63].

Un exemple clinique est présenté dans la [figure 2.5](#) où les contours des différents volumes d'intérêt GTV, CTV et PTV ainsi que des OARs (vessie et rectum), sont visibles sur l'image CT pour un plan de traitement du cancer de la prostate [63].

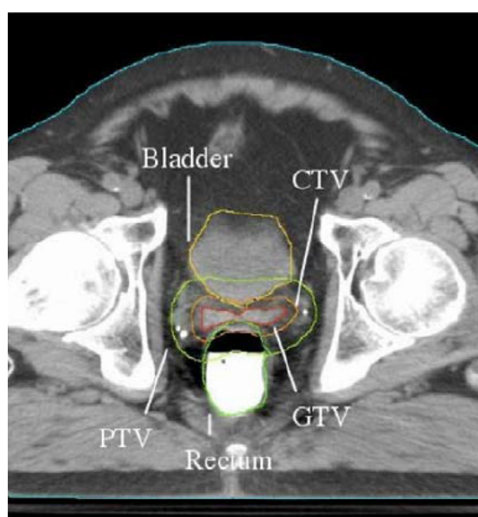


Figure 2.5 – Contours des volumes d'intérêt GTV, CTV et PTV ainsi que des OARs (vessie et rectum) sur une image CT pour un plan de traitement de la prostate [63].

2.2.3 Différents types de radiothérapie

Selon le mode de délivrance de la dose de rayonnement ionisant, on distingue trois types de traitements en radiothérapie :

2.2.3.1 La radiothérapie externe

C'est la forme de radiothérapie la plus courante. Dans ce cas, les rayonnements utilisés pour irradier le tissu tumoral, proviennent d'une source qui est située à l'extérieur du corps du patient. Ces faisceaux de rayonnements sont produits par des accélérateurs linéaires ou plus rarement par des appareils de radiothérapie au cobalt ([figure 2.6](#)).



(a)



(b)

Figure 2.6 – Accélérateur linéaire (a) et appareil de radiothérapie au cobalt-60 (b) utilisés en radiothérapie externe.

2.2.3.2 La curiethérapie

La curiethérapie, appelée également brachythérapie, est une technique d'irradiation qui consiste à placer des sources radioactives à proximité des tumeurs, souvent à l'intérieur du corps, ou en contact direct avec celles-ci et ce, pendant une durée limitée ([figure 2.7](#)). De cette manière, le rayonnement ionisant est dirigé de façon optimale et précise vers la tumeur en préservant les tissus sains situés à proximité. Des radioéléments (tels que le césium 137, l'iridium 192 et le cobalt 60) sont utilisés pour le traitement local des cancers ORL (lèvre, langue, nez), de la peau, de la prostate et des cancers gynécologiques.

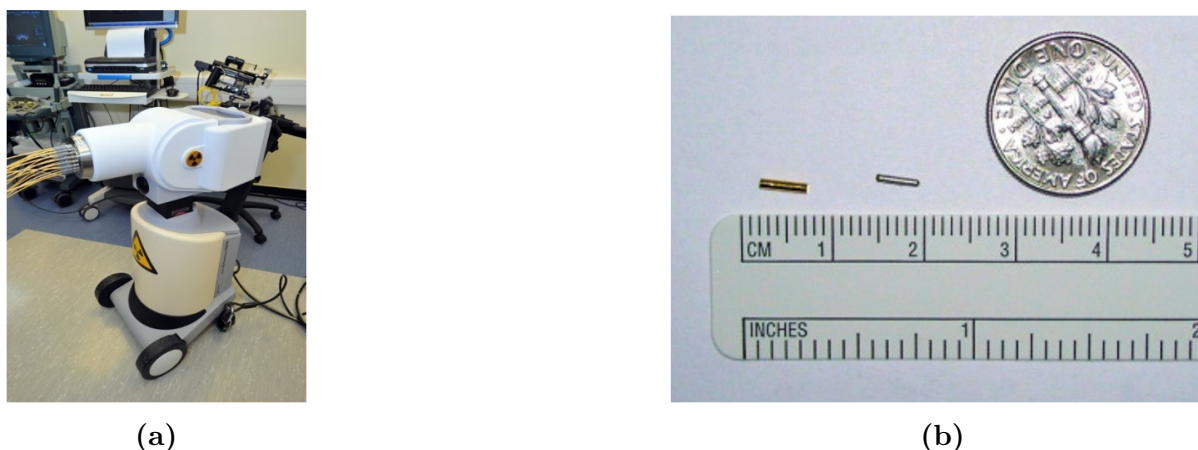


Figure 2.7 – Projecteur de sources utilisé en curiethérapie (a) et sources utilisées pour le traitement par curiethérapie (b).

2.2.3.3 La radiothérapie métabolique

Dans le cas de la radiothérapie métabolique, appelée également radiothérapie interne vectorisée, une substance radioactive est administrée, par voie orale ou par injection intraveineuse, au patient. Le radiopharmaceutique utilisé est constitué d'un vecteur métabolisé qui va se fixer préférentiellement sur les cellules cancéreuses pour les détruire (exemples : l'iode 131 pour le traitement du cancer de la thyroïde et le phosphore 32 pour la maladie de Vaquez). Cette technique est plus du ressort de la médecine nucléaire.

2.2.4 Techniques d'irradiation en radiothérapie externe

Les techniques d'irradiation en radiothérapie externe ont connu de nombreux développements grâce aux importants progrès technologiques dans les domaines de l'informatique et de la robotique ainsi qu'aux récentes avancées des différentes modalités d'acquisition des données anatomiques du patient (comme le scanner et l'imagerie par résonance magnétique). Le principal objectif est de cibler au mieux le tissu tumoral en épargnant les tissus sains. Dans ce qui suit, les principales techniques de radiothérapie externe sont présentées.

2.2.4.1 La radiothérapie conformationnelle à 3 dimensions (RTC3D)

Cette technique est la plus utilisée. Elle est basée sur l'analyse des images CT du patient. Un collimateur multilame (MLC, pour MultiLeaf Collimator) est utilisé pour collimater le faisceau d'irradiation afin de mieux l'adapter à la forme du volume à traiter (figure 2.8). Il est fixé à la tête de l'accélérateur et il est composé de lamelles de tungstène parallèles pouvant se déplacer les unes par rapport aux autres pour obtenir des champs de formes complexes (figure 2.9) [64]. Cela est possible grâce à l'analyse des images prises du patient (CT, IRM).



Figure 2.8 – Tête de l'accélérateur (a) et le collimateur multilame (b).

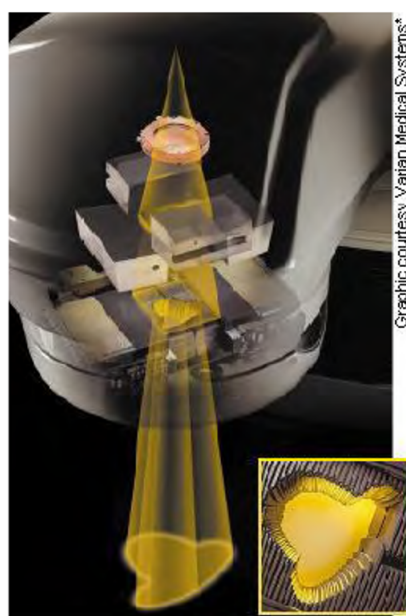


Figure 2.9 – Champ d'irradiation de forme complexe obtenu grâce au collimateur multilame [64].

2.2.4.2 La radiothérapie conformationnelle avec modulation d'intensité (RCMI)

Cette technique est appelée également IMRT (Intensity Modulated Radiation Therapy). Son but est d'améliorer l'efficacité thérapeutique par la modulation de l'intensité de la fluence énergétique et d'orienter l'essentiel de la dose vers la tumeur en épargnant les organes sains voisins. Cette technique est donc caractérisée non seulement par une bonne conformation des faisceaux mais aussi par la possibilité de moduler l'intensité des faisceaux de radiation au cours de la séance de radiothérapie (figure 2.10).

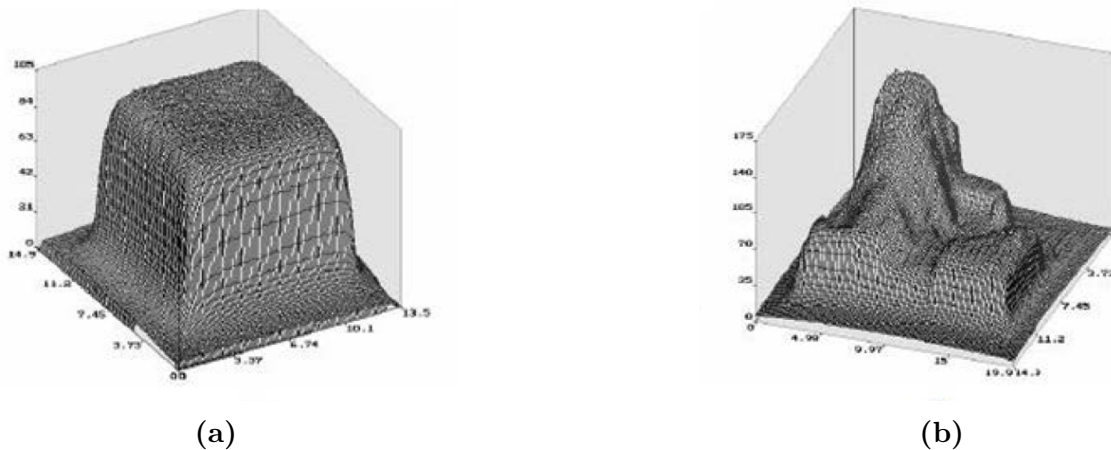


Figure 2.10 – Représentation tridimensionnelle de champs d'irradiation homogène (a) et modulé (b) [65].

Il est important de noter que la planification du traitement de la RCMI est différente de celle appliquée en RTC3D. En RTC3D, cette planification est dite directe (forward planning), car la distribution de dose est calculée après la définition des faisceaux de rayonnement (nombre et direction des faisceaux, ouverture du MLC, taille des champs...). Dans le cas de la RCMI, la planification est inverse (inverse planning). Ce sont les objectifs et les contraintes de dose qui sont d'abord définis. En utilisant des algorithmes d'optimisation, la géométrie des faisceaux est ensuite obtenue.

Il existe deux catégories d'IMRT : la première est caractérisée par des faisceaux stationnaires alors que la seconde, appelée aussi arcthérapie, a des faisceaux mobiles. Dans le cas des faisceaux stationnaires, plusieurs segments composent le faisceau d'irradiation et contribuent ainsi à la fluence totale. Le collimateur possède une ouverture correspondant à chaque segment. Dans ce cas, deux modes d'irradiation sont possibles. Le mode statique (step and shoot) correspond à la situation où l'irradiation s'arrête pendant que les lames du collimateur se déplacent pour adopter la forme prévue correspondant à la forme de la tumeur. Lorsque cette forme est atteinte, l'irradiation reprend. Le deuxième mode est appelé mode continu (sliding window) durant lequel l'irradiation est effectuée pendant le déplacement des lames du collimateur. L'arcthérapie, appelée également IMAT (Intensity Modulated Arc Therapy), est caractérisée par la rotation continue du bras de l'accélérateur (rotation sur 360°) avec le mouvement continu des lames du collimateur. Dans la nouvelle technique appelée arcthérapie volumétrique modulée ou VMAT (Volumetric Modulated Arc Therapy), le mouvement continu des lames du collimateur est effectué avec une variation du débit de dose et une variation de la vitesse de rotation du bras de l'accélérateur.

2.2.4.3 La tomothérapie

C'est une technique d'IMRT qui est basée sur l'utilisation d'un appareil qui regroupe deux équipements en même temps : un accélérateur linéaire pour le traitement des patients et un scanner intégré dédié à l'imagerie.

Dans le cas de la tomothérapie en série, la table se déplace par tranche. Pour chaque position de la table, le bras de l'accélérateur va tourner autour du patient placé sur la table. L'intensité du faisceau de rayonnement peut varier grâce à la présence d'un collimateur binaire.

A la fin de la rotation, la table va avancer d'une autre tranche. La tomothérapie hélicoïdale correspond à la rotation simultanée du bras de l'accélérateur avec le déplacement de la table ([figure 2.11](#)).



Figure 2.11 – Tomothérapie hélicoïdale : Hi Art System® (HI-ART II) (Tomotherapy Inc. Madison, WI, USA) (a) et représentation schématisée (b).

2.2.4.4 La radiothérapie en conditions stéréotaxiques

Dans cette technique de radiothérapie de haute précision, plusieurs microfaisceaux sont utilisés pour le traitement. Il est ainsi possible de délivrer une dose importante à la tumeur en un nombre très réduit de séances. Initialement, cette technique était réservée pour le traitement des tumeurs de petite taille (du cerveau ou des poumons) et qui n'étaient pas accessibles par chirurgie. Actuellement, elle est indiquée pour de nombreuses localisations. Plusieurs appareils de radiothérapie peuvent être utilisés dans ce cadre, telles que les machines dédiées (Cyberknife) ou hybrides (Novalis) ([figure 2.12](#)).



Figure 2.12 – Appareils de radiothérapie stéréotaxique : Cyberknife, Accuray, USA (a) et Novalis, Brainlab, Germany (b).

2.2.5 Chaîne de traitement en radiothérapie externe

Les différentes étapes d'un traitement par radiothérapie externe constituent ce que l'on appelle "chaîne de traitement" (figure 2.13). Ce traitement exige une bonne collaboration entre médecins, physiciens médicaux et manipulateurs. Dans ce qui suit, nous allons décrire ces étapes.

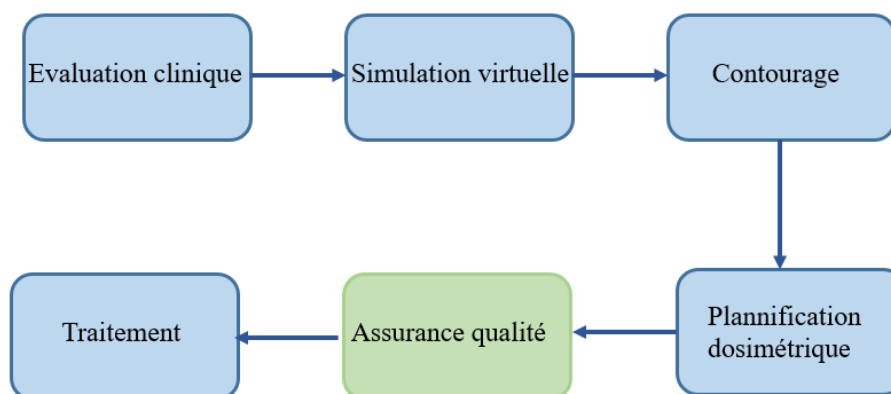


Figure 2.13 – Chaîne de traitement en radiothérapie externe.

2.2.5.1 Evaluation clinique du patient

Lorsque le diagnostic est posé après une série de tests, une prise en charge médicale est proposée au patient. Si le traitement comprend une radiothérapie, l'oncologue radiothérapeute va déterminer les conditions d'irradiation. Ceci va dépendre du nombre de tumeurs à irradier (les différents volumes d'intérêt sont définis : GTV, CTV, PTV et les OARs) ainsi que de l'objectif de l'irradiation (à visée curative ou palliative).

C'est ainsi que le médecin va déterminer la dose totale, l'étalement (la durée du traitement), le nombre de séances et l'optimisation de la procédure technique.

2.2.5.2 Simulation virtuelle du traitement ou scanner de planification

Cette étape consiste à collecter les données anatomiques à partir des images tomodensitométrique (TDM), appelées également images CT, de la région à traiter dans le patient (figure 2.14). Ces données sont nécessaires pour la définition des différents volumes d'intérêt pour la préparation du plan de traitement.

Ces images permettent également la construction des images de référence (DRR : Digital Reconstructed Radiography) qui seront utilisées pour la validation de la position du patient durant les séances de traitement.

Actuellement, c'est l'imagerie CT qui est l'examen de référence pour la simulation virtuelle. Par ailleurs, il est à noter que pendant l'acquisition, le patient est positionné de façon confortable et reproductible lors des séances de traitement. Il est immobilisé dans cette position à l'aide de moyens et d'accessoires de contention (masques thermoformés, repose têtes, coussins à vide ...) (figure 2.15). Des tatouages sont marqués sur la peau du patient pour faciliter son repositionnement.



Figure 2.14 – Scanner simulateur utilisé pour la simulation virtuelle.



Figure 2.15 – Accessoires de contention utilisés en radiothérapie externe.

2.2.5.3 Contourage ou délinéation des volumes cibles et des organes à risque

Dans cette étape, les volumes cibles ainsi que les organes à risque sont délimités sur chacune des coupes du scanner acquises lors de l'étape précédente de la simulation virtuelle. Cette opération est appelée également "contourage".

C'est un travail fastidieux qui est effectué manuellement par le radiothérapeute qui doit considérer les images CT coupe par coupe (figure 2.16).

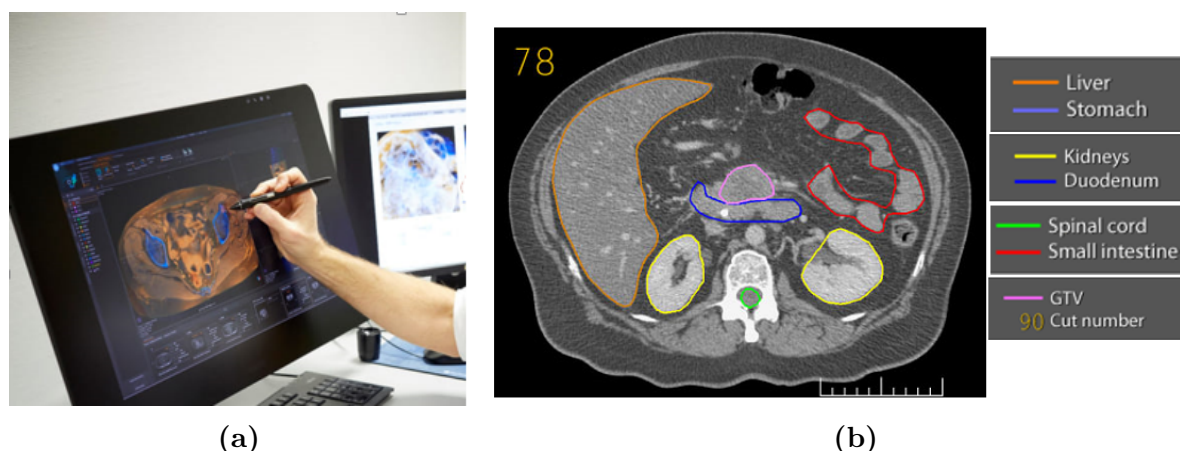


Figure 2.16 – Exemple de contourage des volumes cibles et des organes à risque sur une image CT de l'abdomen.

2.2.5.4 Planification du traitement

Les images CT, obtenues lors de l'étape de simulation virtuelle, sont transférées vers le système de planification du traitement (TPS : Treatment Planning System).

Les TPS sont dotés de puissants logiciels qui permettent de trouver le plan de traitement optimal (figure 2.17). Ce plan doit veiller à ce que la dose prescrite soit délivrée de façon homogène dans les volumes cibles tout en épargnant les tissus sains et ce en tenant compte des images CT déjà contournées.

Le physicien médical, qui effectue cette étape, va finalement trouver la balistique

d'irradiation (nombre de faisceaux et leurs incidences). Un plan de traitement peut être évalué à partir de ses histogrammes dose-volumes (DVH : Dose-Volume Histograms). Un histogramme DVH est une représentation graphique de la distribution de la dose au niveau des différents tissus cibles GTV, CTV, PTV et OARs [66].

Lorsque plusieurs options de traitement assurent le même degré de couverture tumorale, le choix se fait en faveur du plan qui épargne au mieux les OARs.

Afin de trouver d'éventuelles erreurs, ce plan de traitement doit être étudié puis validé par le radiothérapeute en présence du physicien médical. Les paramètres de traitement sont saisis automatiquement puis transmis vers le serveur du réseau qui relie les appareils de traitement et les consoles de dosimétrie [67].

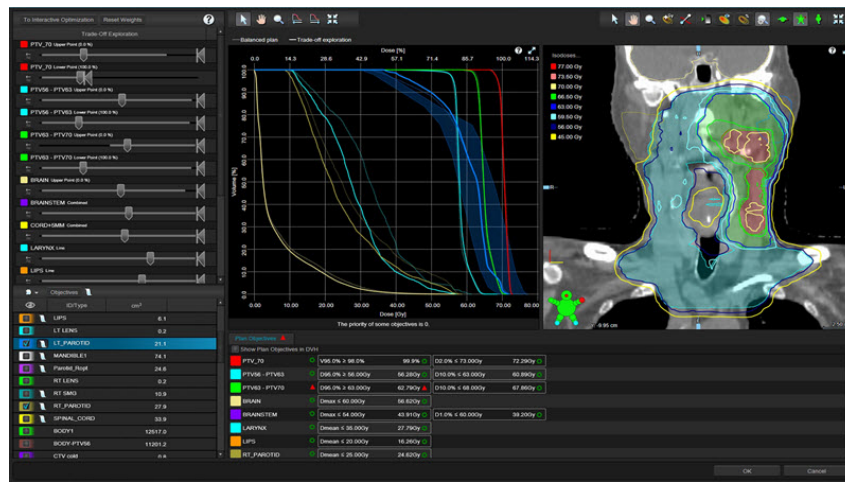


Figure 2.17 – Exemple de TPS utilisé pour la planification du traitement en radiothérapie.

2.2.5.5 Traitement

Pour commencer le traitement de radiothérapie, le patient est placé sous l'appareil de traitement. Il doit être installé dans la même position qu'il avait lors de la simulation virtuelle en utilisant les mêmes accessoires de contention. Le contrôle de la géométrie de l'irradiation est également effectué par imagerie portale et embarquée de haute et basse énergie. Durant le traitement, le contrôle de repositionnement est réalisé une fois par semaine. On doit procéder aussi à la vérification de la dose délivrée. La dosimétrie in vivo est recommandée en début de traitement [67]. Généralement, les séances d'irradiation durent quelques minutes.

2.3 Applications de l'intelligence artificielle en radiothérapie

2.3.1 Introduction

L'intelligence artificielle est une branche de l'informatique qui a connu ces dernières années de très importantes avancées. Actuellement, les machines intelligentes sont capables d'effectuer des tâches nécessitant généralement une intelligence humaine : prise de décision, résolution de problèmes... Les applications de l'IA ne cessent de se développer dans différents domaines, grâce à l'utilisation d'algorithmes avancés et d'ordinateurs puissants ainsi qu'à la disponibilité de plus en plus de données. Les applications des outils de l'IA dans le domaine médical sont devenues très nombreuses. Ceci est facilité, d'un côté, par la disponibilité de beaucoup de données relatives aux malades. D'un autre côté, les apports de l'IA dans ce domaine ont été favorablement accueillis au sein de la communauté scientifique.

La radiothérapie, qui est considérée comme un traitement local important pour le cancer, a bénéficié également des outils de l'IA. Le but étant d'assurer une dose suffisante et homogène tout en protégeant les organes sains voisins.

Le nombre des travaux scientifiques relatifs aux applications de l'IA en radiothérapie est en constante augmentation. Nous avons ainsi effectué une recherche sur la bibliothèque PubMed, en utilisant les expressions de recherche suivantes : "Machine Learning" et ("radiation oncology" ou radiotherapy) et "Deep Learning" et ("radiation oncology" ou radiotherapy). Les résultats obtenus correspondant à la période allant jusqu'au mois d'août 2023, sont présentés dans la [figure 2.18](#). Cette figure montre clairement l'augmentation rapide du nombre de publications correspondantes au fil du temps. A titre d'exemple, le nombre de ces publications a été multiplié par un facteur F, où $F=7.07$ correspond à ML et $F=33.41$ à DL sur la période (2017-2022).

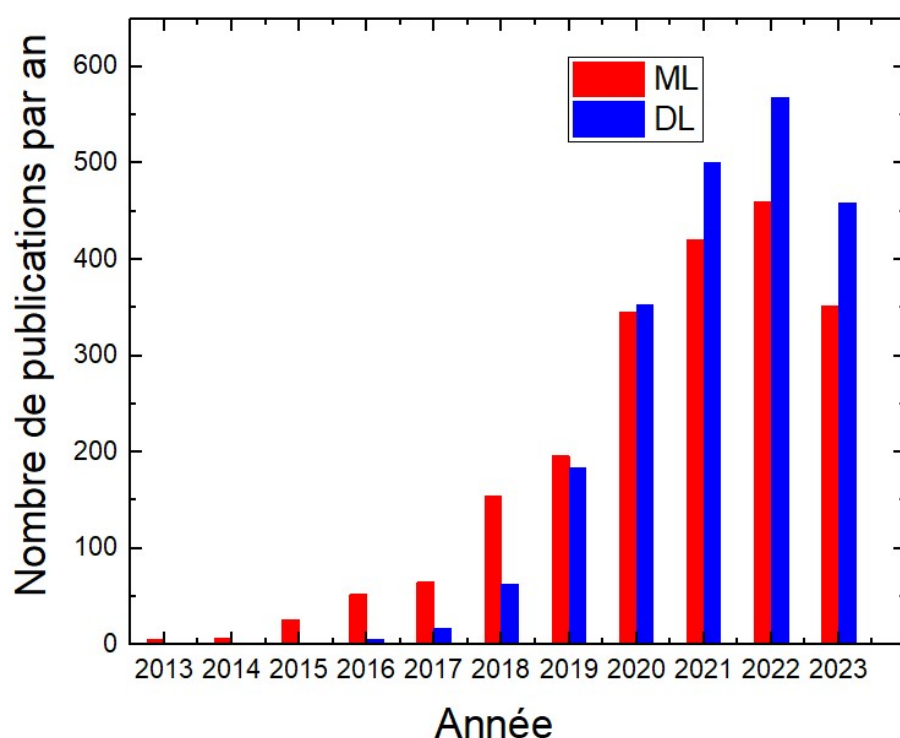


Figure 2.18 – Nombre d’articles publiés annuellement et correspondant aux applications de ML et DL en radiothérapie, jusqu’en août 2023.

Les modèles de ML et de DL permettent l’automatisation et l’optimisation des différentes étapes constituant la chaîne de traitement en radiothérapie. La [figure 2.13](#) représente ces étapes : évaluation clinique du patient, simulation virtuelle et contourage, planification du traitement, assurance qualité et administration du traitement. Par ailleurs, les données générées au cours de la chaîne de traitement par radiothérapie servent à entraîner les modèles d’IA qui seront utilisés par la suite pour effectuer différentes tâches ([figure 2.19](#)) [\[68\]](#).

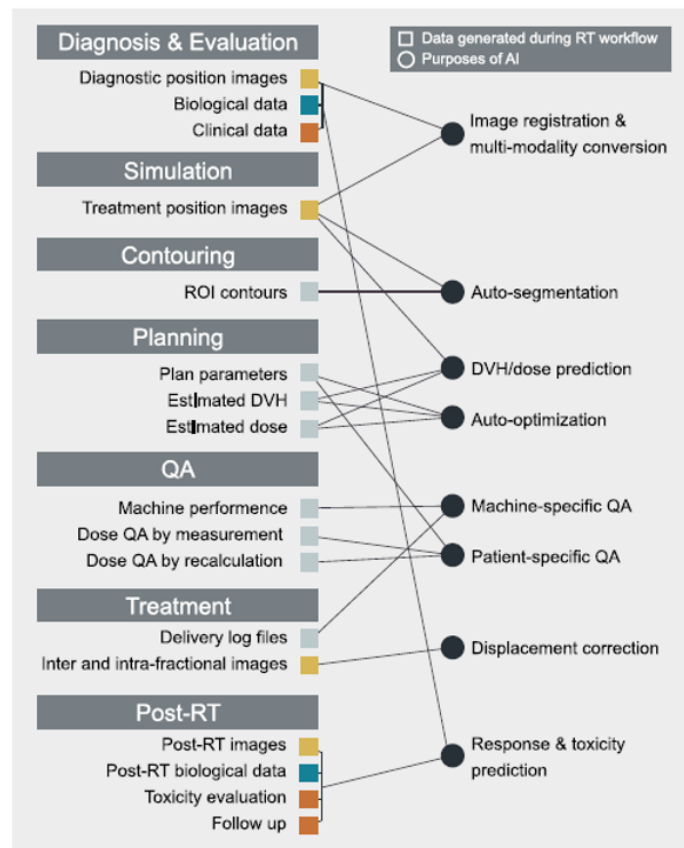


Figure 2.19 – Données générées au cours la chaîne de traitement par radiothérapie et qui sont utilisées pour entraîner différents modèles de l'IA. ROI : région d'intérêt (Region Of Interest) ; QA : assurance qualité (Quality Assurance) et RT : radiothérapie (Radiotherapy) [68].

Dans ce qui suit, nous allons présenter les différentes applications de l'IA en radiothérapie [69].

2.3.2 Diagnostic assisté par ordinateur

Il fait l'objet de nombreux travaux consacrés soit aux problèmes théoriques de cette discipline, soit à des expériences d'application dans de nombreux domaines médicaux. Pour la radiothérapie, pouvoir différencier une tumeur maligne d'une tumeur bénigne sur des images médicales est une tâche fastidieuse. C'est dans ce cadre que de nombreux outils d'IA ont été mis en place. A titre d'exemple, nous citons le LungX Challenge [70] qui était dédié à la classification informatisée des nodules pulmonaires comme bénins ou malins, sur les images CT, et de rapporter la performance de ces méthodes présentées par les participants ainsi que celles de six radiologues qui devaient effectuer la même tâche sur les mêmes données. L'étude menée par Hua et al. [71] applique l'apprentissage profond pour la classification des nodules pulmonaires sur des images CT. Depuis, plusieurs auteurs ont développé d'autres algorithmes de DL dans ce but. L'objectif de l'étude réalisée par

Ali et al. [72] était de développer un modèle d'apprentissage par renforcement basé sur des réseaux de neurones artificiels profonds pour détecter, de façon précoce, les nodules pulmonaires dans les images CT thoraciques. La figure 2.20 illustre des exemples de nodules et de non-nodules sur des images CT thoraciques [72].

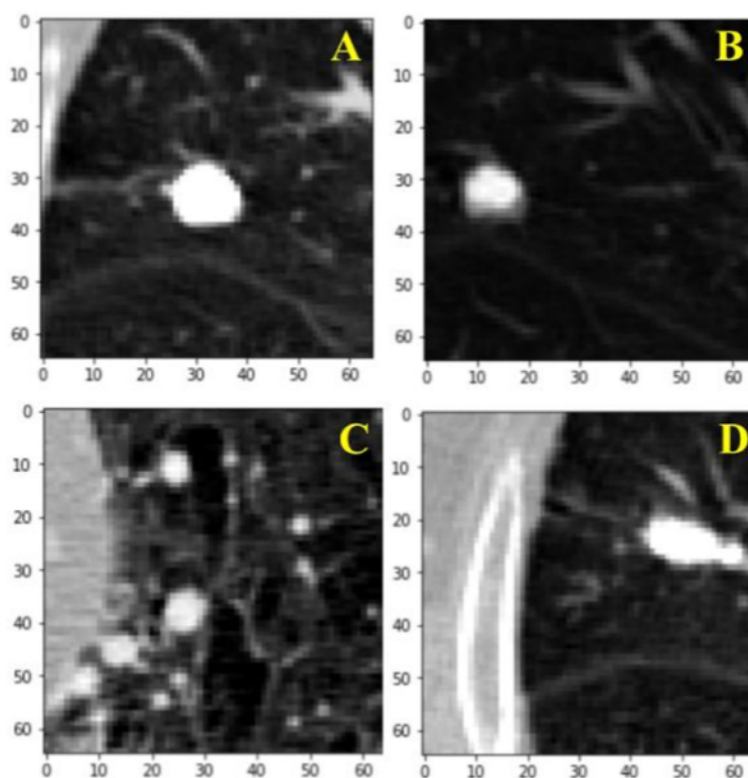


Figure 2.20 – Illustration visuelle d'un nodule (cas A) et de non-nodules (cas B-D) sur des images CT thoraciques [72].

2.3.3 Evaluation clinique du patient

La première étape de la chaîne de traitement par radiothérapie correspond à l'évaluation clinique du patient par l'oncologue. Au cours de cette étape, un examen du patient est effectué en prenant en considération ses antécédents médicaux. Un plan de traitement, qui prend en compte toutes ces données, est alors proposé au patient. Cette étape peut être considérablement simplifiée grâce à l'utilisation d'algorithmes d'IA. En effet, l'extraction et l'analyse des données peuvent être effectuées avec des outils d'IA qui peuvent constituer une aide à la décision importante pour les médecins [73]. Les outils d'IA sont également très utiles pour automatiser la gestion des dossiers de santé électroniques des patients [74].

2.3.4 Prescription de la dose

Avant le début du traitement, la dose administrée au patient doit être prescrite par le radio-oncologue. Ce dernier tient compte de la forme de la tumeur et des organes sains environnants. Grâce aux outils de l'IA, il est possible de proposer un traitement personnalisé pour chaque patient avec une prescription de dose optimale en fonction des informations anatomiques de chaque patient [75].

D. Nguyen et al. [76] ont développé un modèle pour la prédiction de la dose pour des patients atteints du cancer de la prostate. Ce modèle peut, en effet, déterminer les contours d'un patient prostatique puis prédire une distribution de dose. A titre d'exemple de prédiction typique de ce modèle, la [figure 2.21](#) montre les contours d'entrée, la distribution de dose réelle, la distribution de dose prédite par le modèle ainsi que la différence entre les deux distributions pour un patient. On peut remarquer visuellement que les détails de la distribution de dose ont été prédits avec une précision relativement élevée. L'objectif de ces auteurs est de développer ce modèle puis de l'intégrer dans un planificateur de traitement de radiothérapie [76].

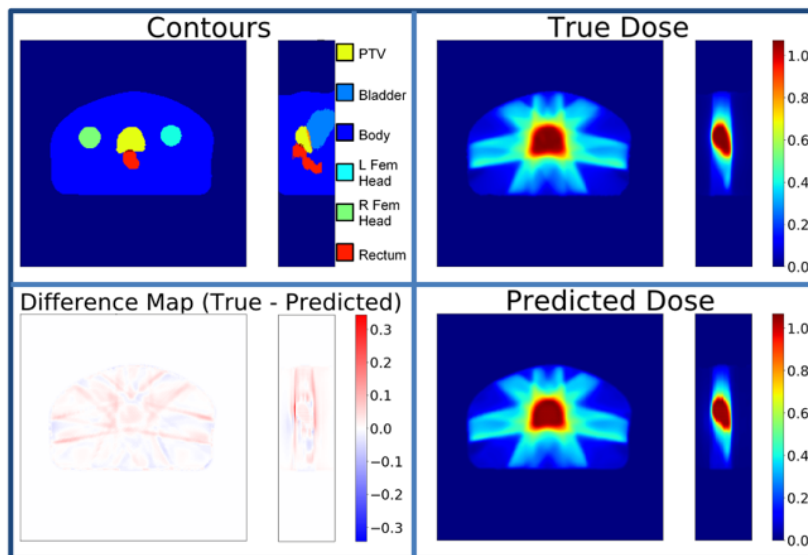


Figure 2.21 – Représentation des contours d'entrée, de la distribution de dose réelle, de la distribution de dose prédite par le modèle ainsi que la différence entre les deux distributions pour un patient [76].

2.3.5 Recalage d'images

Le recalage consiste à superposer des images médicales, de la même région anatomique, qui ont été prises à partir de différentes modalités d'imagerie (par exemple une image CT et une image IRM) dans le but de comparer ou combiner leurs informations respectives. Cette opération peut améliorer significativement la précision du diagnostic en fournissant des informations supplémentaires sur l'anatomie de la région explorée du patient [77]. Le recalage d'images effectué avec une grande précision permet également une délinéation claire des volumes cibles de planification (GTV, CTV, PTV) et des organes à risque. Ainsi, Le recalage d'images constitue une étape importante dans la chaîne de traitement en radiothérapie.

Il existe des algorithmes mathématiques commerciaux qui permettent de réaliser cette tâche, mais ils sont uniquement utilisés dans des cas particuliers en fonction de la modalité d'imagerie utilisée. De plus, les résultats obtenus avec ces algorithmes peuvent être erronés à cause des artefacts présents sur les images. Il a été montré que le recalage effectué à l'aide d'algorithmes d'IA donne de meilleurs résultats [78]. Ces algorithmes peuvent être appliqués pour différentes modalités d'imagerie [78, 79] et ils semblent atténuer les effets des artefacts [80]. Han et al. ont développé un modèle basé sur le Deep Learning pour le recalage déformable des images CT avec des images CBCT (Cone Beam Computed Tomography) de patients atteints du cancer du pancréas [81]. Cette opération permet de prédire les segmentations des OARs sur les images CBCT dérivées des segmentations sur les images CT de planification. En effectuant la comparaison de leurs résultats à ceux obtenus avec d'autres algorithmes de recalage (MMFF : multimodality free-form et LDDMM : large deformation diffeomorphic metric mapping), ces auteurs ont montré que le modèle de DL proposé améliorerait la précision de la segmentation par rapport aux autres modèles avec une réduction sensible du temps de traitement. Un exemple est donné dans la figure 2.22. Il concerne la comparaison de la performance des trois modèles de recalage : MMFF, LDDMM et DL (modèle DL proposé par Han et al.). Il s'agit dans ce cas de la segmentation du contour de l'estomac/duodénum (SD : stomach/duodenum) sur les images CBCT dérivées des images CT prises pour la planification. La comparaison est donnée pour les vues : axiale, sagittale et coronale. Dans ce cas, le volume de l'estomac/duodénum a augmenté entre l'image CT de planification et l'image CBCT de traitement. Ce volume est passé de 111 cm^3 à 193 cm^3 , soit une augmentation de 82 cm^3 . Ce changement de volume a été sous-estimé par les modèles MMFF et LDDMM. Ils ont prédit une diminution de 32 cm^3 et une augmentation de 5.7 cm^3 respectivement. Cependant, le modèle de DL a donné une prédiction plus précise (augmentation de 46 cm^3) [81].

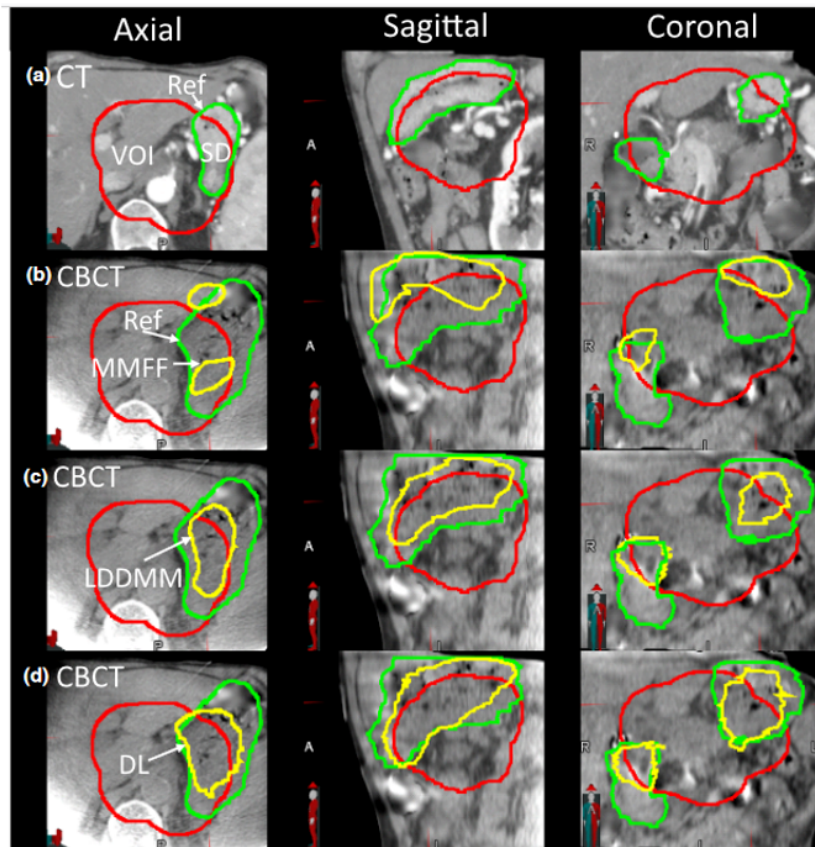


Figure 2.22 – Exemple de segmentation du contour de l'estomac/duodénum (SD) dans un cas où le volume de l'estomac a subi une forte augmentation entre le CT de planification et le CBCT de traitement. Représentation des vues axiale, sagittale et coronale de (a) : plan CT avec contours de référence faits par le médecin (vert), (b) : CBCT avec référence dessinée par le médecin (vert) et contours MMFF (jaune), (c) : CBCT avec contours LDDMM (jaune) et (d) : CBCT avec contours DL (jaune). Le contour en rouge représente le volume d'intérêt (VOI) contenant le volume cible de planification à faible dose avec une expansion de la marge de 1cm [81].

Par ailleurs, afin de valider les méthodes de recalage, il est important de faire une estimation des erreurs dans le recalage d'images médicales. Koen Eppenhof et Josien Pluim [82] ont proposé une méthode supervisée, basée sur un réseau de neurones convolutif 3D, pour estimer les erreurs de recalage dans le cas du recalage d'images 3D. Il a été montré que cette méthode peut être utilisée pour estimer de manière robuste les erreurs de recalage.

2.3.6 Contourage d'images médicales

Avant de préparer le plan de traitement par radiothérapie, le radiothérapeute va procéder à la segmentation (ou délinéation) avec précision des volumes cibles (TV) et des OARs. Cette opération est une étape importante dans la chaîne de traitement en radiothérapie. Généralement, cette tâche est réalisée manuellement ; c'est donc l'une des tâches de la chaîne qui consomme le plus de temps. La précision de la segmentation des volumes cibles

et des OARs a un impact sur la qualité du traitement de radiothérapie. En effet, une segmentation des volumes cibles et/ou des OARs incorrecte ou imprécise peut causer un sous-dosage ou un surdosage, ce qui est dangereux pour le patient.

Par ailleurs, la segmentation des organes est sujette à des variations inter-observateurs [83, 84]. Il est possible qu'un même radiothérapeute ne puisse pas reproduire exactement sa propre segmentation [85, 86, 87] ; d'où la nécessité de développer des outils de segmentation automatique des images médicales.

Dans une première étape, des méthodes semi-automatiques, basées essentiellement sur des "Atlas" ont été proposées [88]. Ces méthodes consistent à faire correspondre l'image à segmenter à l'une des images des données de l'Atlas. Cette opération utilise le recalage d'image. Cependant, il a été montré que les méthodes basées sur Atlas sont sensibles au choix des données de l'Atlas [89] ainsi qu'aux techniques de recalage utilisées.

À l'heure actuelle, plusieurs chercheurs utilisent des modèles d'IA pour délimiter les OARs et les volumes cibles pour différents cas tels que les tumeurs de la région tête et cou, ainsi que les cancers du poumon et du sein. Il a été montré que les algorithmes de segmentation automatique basés sur l'IA améliorent considérablement l'opération de contourage pour différentes modalités d'imagerie : CT, CBCT (figure 2.23) [90], PET (Positron Emission Tomography) (figure 2.24) [91] et IRM (figure 2.25) [92].

Nous pouvons citer à titre d'exemple les travaux de Chan et al. qui ont présenté un algorithme appelé LL-CNN (Lifelong Learning-based Convolutional Neural Network). Ce dernier a été utilisé pour la segmentation automatique des organes à risque de la tête et du cou où de bons résultats ont été obtenus [93]. Dans une autre étude, un nouveau réseau DL, appelé BibNet, a été utilisé pour segmenter la vessie, la prostate, le rectum et les vésicules séminales à partir de scans CT et CBCT. Ce modèle a obtenu un résultat aussi bon (pour la prostate et les vésicules séminales) ou meilleur (pour la vessie et le rectum) que les structures issues de la pratique clinique courante [90].

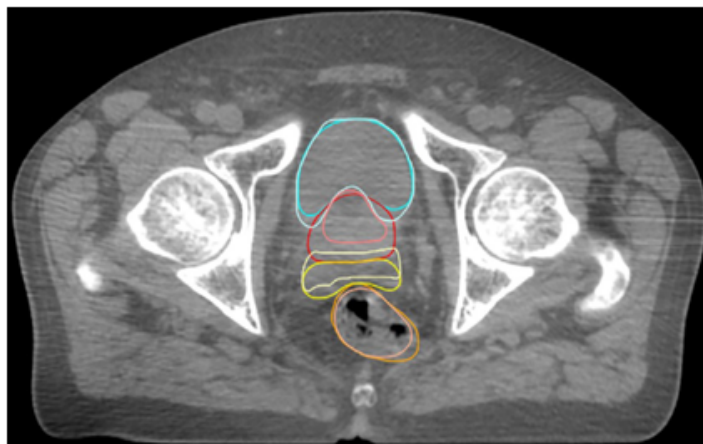


Figure 2.23 – Segmentations effectuées par un expert (en clair) et en utilisant un modèle d'IA (en foncé) de la vessie (bleu), la prostate (rouge), la vésicule séminale (jaune) et le rectum (marron) sur un scan CBCT [90].

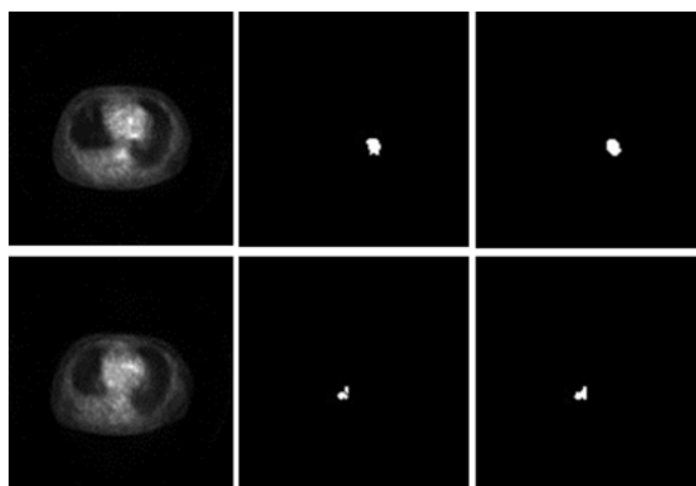


Figure 2.24 – Exemples d’images PET utilisées pour entraîner le modèle (à gauche), segmentations manuelles de référence (milieu) et segmentations obtenues à l’aide du modèle (à droite) [91].

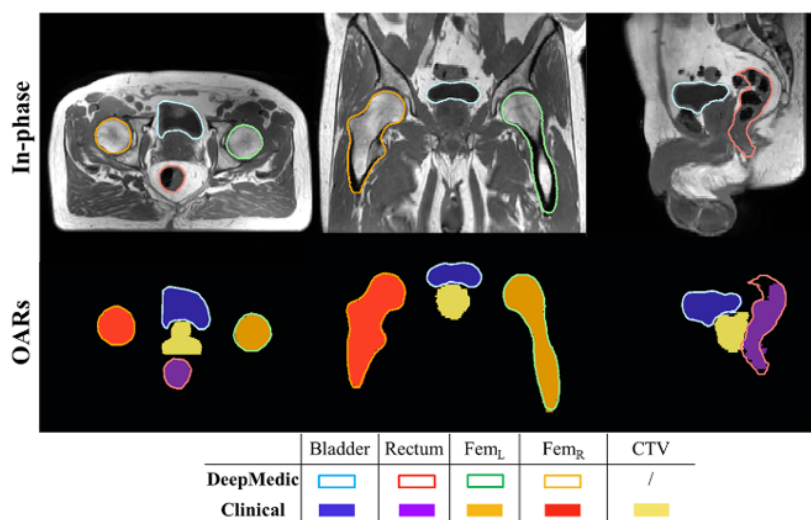


Figure 2.25 – Imagerie IRM : segmentations des OARs obtenues avec un modèle d’IA (contours) et segmentations cliniques (contours remplis) en vue transversale (à gauche), coronale (au centre) et sagittale (à droite) pour un patient en test [92].

2.3.7 Planification du traitement

Après la segmentation des volumes cibles et des OARs et la prescription de la dose, un plan de traitement doit être réalisé pour le patient. Comme décrit précédemment, l'étape de la planification de traitement en radiothérapie consiste à déterminer les paramètres d'irradiation optimaux (nombre de faisceaux, angulations, arcs, conformation, ...). Le but est d'obtenir une couverture dosimétrique optimale des volumes cibles et de limiter la dose aux OARs.

Cette planification est effectuée par le physicien médical en utilisant un logiciel dédié (TPS). Cependant, des méthodes de planification entièrement automatisées ont été développées depuis quelques années afin de réduire le temps de planification tout en améliorant la qualité des plans de traitement. Ces méthodes utilisent principalement les outils de Machine Learning et de Deep Learning entraînés sur les plans de traitement existants.

Fan et al. ont montré que leur modèle de DL peut prédire des distributions de dose cliniquement acceptables [94]. Il n'y a pas eu de différence statistiquement significative entre la prédiction faite par le modèle de DL et le plan clinique réel selon les histogrammes dose-volume DVH à l'exception du tronc cérébral, du cristallin droit et du cristallin gauche. Cette méthode basée sur le DL constitue une approche prometteuse pour la planification automatique de traitement à l'avenir.

Par ailleurs, une comparaison a été effectuée entre des plans générés automatiquement (AP : AutoPlanning) et des plans générés manuellement (MP : Manual Planning) pour les localisations suivantes : cancer tête-cou, cancer de la prostate et cancer de l'endomètre [95]. Les plans AP ont été jugés de qualité égale ou supérieure aux plans MP dans plus de 90% des évaluations en se basant sur les résultats dosimétriques (voir la [figure 2.26](#) pour les cas du cancer de l'endomètre). En tenant compte des avantages dosimétriques et cliniques, cette méthode de planification automatique peut générer des plans de traitement de haute qualité pour la radiothérapie à arc volumétrique VMAT (arcthérapie volumétrique modulée).

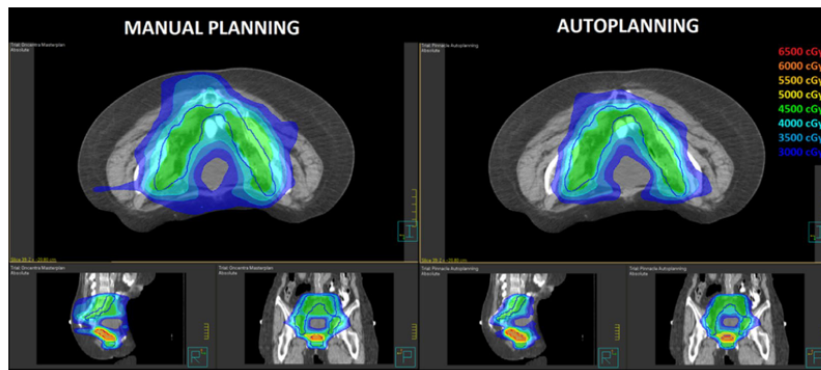


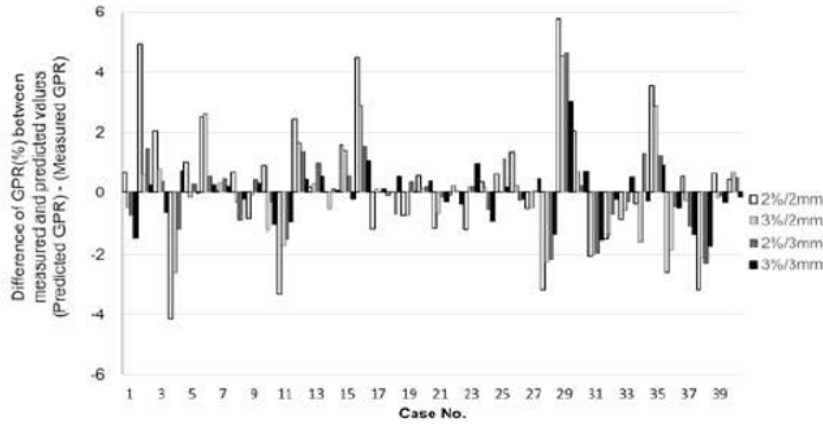
Figure 2.26 – Cas du cancer de l’endomètre : Comparaison des distributions de dose obtenues à partir de plans de traitement manuel et automatique, dans les plans axial, sagittal et coronal pour un patient représentatif. Les courbes d’isodoses sont présentées de 30 Gy à 60 Gy par pas de 5 Gy. Les volumes cibles PTV1 et PTV2 sont représentés par des contours rouges et bleus respectivement [95].

2.3.8 Assurance qualité

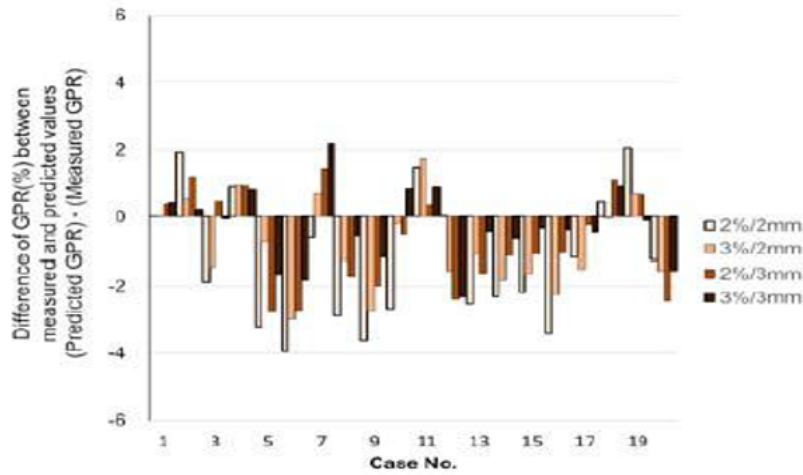
Afin de mettre en œuvre un traitement de radiothérapie efficace, un programme complet d’assurance qualité est imposé. Par exemple, pour vérifier l’exactitude du calcul de la dose pour la radiothérapie à modulation d’intensité (IMRT) et la radiothérapie à arc volumétrique (VMAT), il est important d’effectuer une assurance qualité spécifique au patient avant d’administrer la dose calculée. Récemment, des algorithmes de ML et DL ont été développés afin de prédire les résultats d’assurance qualité spécifiques au patient [96, 97, 98].

Le programme d’assurance qualité consiste typiquement à comparer les distributions de dose calculée et mesurée en utilisant l’évaluation Gamma [99]. Cette forme d’évaluation est devenue le pilier de l’assurance qualité spécifique au patient dans le cas de l’IMRT et le VMAT [97]. Au cours de la comparaison des distributions de dose, la concordance en pourcentage des points de dose est appelée taux de passage gamma (GPR : Gamma Passing Rate). La figure 2.27 représente la différence entre les valeurs GPR mesurées et prédites pour chaque cas de l’ensemble de validation (a) (40 cas en tout) et de test (b) (20 cas en tout). Les auteurs de cette étude, relative au cas du cancer de la prostate, ont trouvé des corrélations fortes ou modérées entre les valeurs GPR mesurées et prédites. Ils suggèrent que ce modèle de DL peut être appliqué pour prédire des distributions de dose QA spécifiques au patient dans le traitement du cancer de la prostate [97].

De plus, de nombreux modèles ont été développés également pour détecter les erreurs telles que les erreurs de positionnement du collimateur multilame dans le cas de la dosimétrie IMRT à faisceau statique [100]. Dans une étude récente, un modèle de DL a été utilisé pour détecter les erreurs de transmission du MLC et la taille effective de la source pour la dosimétrie IMRT [101].



(a)



(b)

Figure 2.27 – Différence entre les valeurs GPR mesurées et prédites dans chaque cas. La figure (a) montre les résultats des 40 cas de l'ensemble de validation, et la figure (b) montre les résultats des 20 cas de l'ensemble de test.

2.3.9 Traitement

Les patients traités par radiothérapie doivent se présenter plusieurs fois au service de radiothérapie et parfois, ils doivent attendre longtemps avant de pouvoir recevoir leur traitement. Ces longs délais d'attente peuvent affecter négativement les patients. De ce fait, des outils d'IA peuvent être utilisés afin d'organiser les différentes étapes du traitement, ce qui pourrait optimiser davantage la prise de rendez-vous [75].

Par ailleurs, l'imagerie CBCT a été mise en place pour vérifier le positionnement du patient sur la table de traitement avant la séance d'irradiation. Cependant, les images fournies par CBCT ont une qualité bien inférieure à celle des images CT de planification.

Afin d'assurer un positionnement plus précis des patients pour le traitement, des outils d'IA ont été utilisés pour améliorer la qualité de l'image CBCT [102]. De plus, dans le cas de la RT guidée par l'image (IGRT), il est possible d'incorporer des techniques d'imagerie comme l'IRM embarquée. Les mouvements du patient pendant le traitement (respiration et/ou digestion) doivent être pris en compte dans la prédiction de la dose de rayonnement à délivrer au patient. Dans une étude de Hui Lin [103], un modèle de DL a été développé pour la prédiction du signal respiratoire externe pour le traitement de RT. La figure 2.28 représente un exemple des signaux respiratoires réels et prédits d'un patient. Le tracé de l'erreur est également donné [103]. Cette étude a montré le potentiel de cet algorithme de DL pour prédire le signal respiratoire.

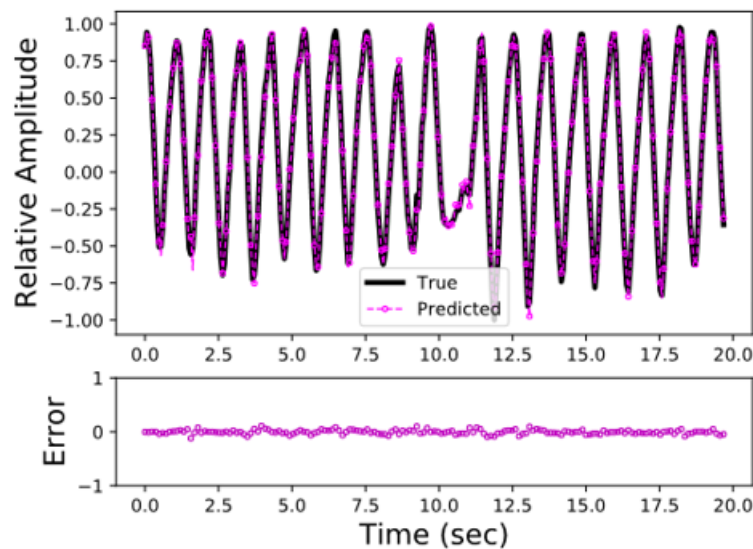


Figure 2.28 – Représentation des signaux respiratoires réels (en noir) et prédits (en magenta) d'un patient. Le tracé de l'erreur est également représenté [103].

2.3.10 Conclusion

L'utilisation de machines de calcul plus puissantes, le développement d'algorithmes de calcul ainsi que la disponibilité et l'augmentation de la taille des données, ont encouragé l'utilisation de l'intelligence artificielle dans différents domaines tels que l'industrie, la médecine, la robotique et les médias sociaux. En effet, l'IA devient de plus en plus présente dans notre quotidien. L'apprentissage automatique est une sous-unité de l'IA qui permet aux machines d'apprendre à partir de données passées pour fournir des résultats précis. L'apprentissage en profondeur est une forme de ML qui entraîne un modèle à effectuer des tâches de type humain telles que la reconnaissance vocale et l'identification d'images. De nombreuses applications de ML et DL sont présentes dans le domaine de la radiothérapie. Les algorithmes d'IA permettent l'optimisation et l'automatisation de la chaîne de traitement de radiothérapie. L'impact des outils d'IA est important en termes

d'efficacité et de cohérence dans le traitement avec une réduction du temps.

Cependant, il reste encore de nombreux défis à relever et un réel besoin d'améliorer encore les différentes étapes constituant la chaîne de traitement afin de personnaliser le traitement pour chaque patient.

Chapitre 3

Segmentation automatique d'images CT thoraciques à l'aide de trois modèles de Deep Learning

3.1 Introduction

Un diagnostic précoce du cancer permet au traitement d'être généralement plus efficace, moins complexe et ainsi de sauver des vies. Les traitements prescrits en cas de cancer comprennent la radiothérapie, la chimiothérapie et/ou la chirurgie. Pour réaliser une radiothérapie efficace, la tumeur, ainsi que les tissus sains environnants, doivent être segmentés avec précision dans les images CT. En effet, lorsque ces organes et tissus sont bien délimités, la tumeur recevra une dose de rayonnement suffisante pour la détruire et les tissus sains seront protégés contre les radiations. Cependant, il est bien connu que la segmentation manuelle des volumes cibles et organes à risque prend du temps et souffre de variabilité inter- et intra-observateur [104, 105].

Grâce au développement de l'intelligence artificielle ces dernières années, des études ont été réalisées sur la possibilité d'automatiser cette étape. La segmentation automatique est donc devenue une solution prometteuse pour éviter ces inconvénients [106, 107]. Récemment, différents modèles, basés sur le machine learning et le deep learning, ont été proposés pour délimiter avec précision les images médicales [108, 109]. L'architecture la plus utilisée pour la segmentation des images médicales est l'architecture U-Net [41].

Par ailleurs, T. Nemoto et al. [110] ont montré qu'il n'y avait pas de différence entre les résultats de la segmentation des poumons obtenus avec des modèles U-Net 2D et 3D. Des résultats analogues devraient être observés pour d'autres organes ayant une forme similaire. De plus, contrairement à un modèle U-Net 3D, un modèle U-Net 2D ne nécessite pas de ressources informatiques très performantes.

Dans ce chapitre, nous présentons une étude sur la segmentation automatique d'organes de la région thoracique (les poumons, le cœur et le CTV), dans des images thoraciques CT. Nous avons utilisé pour cela trois modèles 2D basés sur l'apprentissage profond [111].

Dans une première étape, nous présentons la base de données ainsi que les architectures des trois modèles utilisés dans notre étude. L'évaluation des performances de ces modèles est effectuée en utilisant trois métriques. Nous discuterons, par la suite, les performances de ces trois modèles sur la base des résultats obtenus.

3.2 Matériels et Méthodes

3.2.1 Description des données

Les données utilisées dans cette étude proviennent du projet "CT-Scan processing and analysis in patient with breast cancer after radiotherapy" de Rezaei et al. [112]. Cette base de données publique comprend 52 patients atteints du cancer du sein. Ces derniers ont entre 34 et 71 ans. Ils ont été traités par radiothérapie entre les mois de Février et Août 2015 au centre Mahdiah à Hamedan en Iran, en utilisant un accélérateur linéaire Primus Siemens. Tous les patients ont suivi préalablement un traitement de chimiothérapie avant la radiothérapie.

Les images CT des patients ont été obtenues en utilisant un scanner Sensation Siemens avec une épaisseur de coupe de 8 mm. Le nombre d'images varie entre 42 et 57 images pour chaque patient avec une taille de 512×512 pixels. La base de données contient également les contours (segmentations) du CTV, du cœur, du poumon gauche et du poumon droit qu'on nommera "masques de segmentation" dans le reste du chapitre. La [figure 3.1](#) représente quelques exemples d'images CT provenant de cette base de données. Chaque image CT est accompagnée du masque d'un organe de la région thoracique.

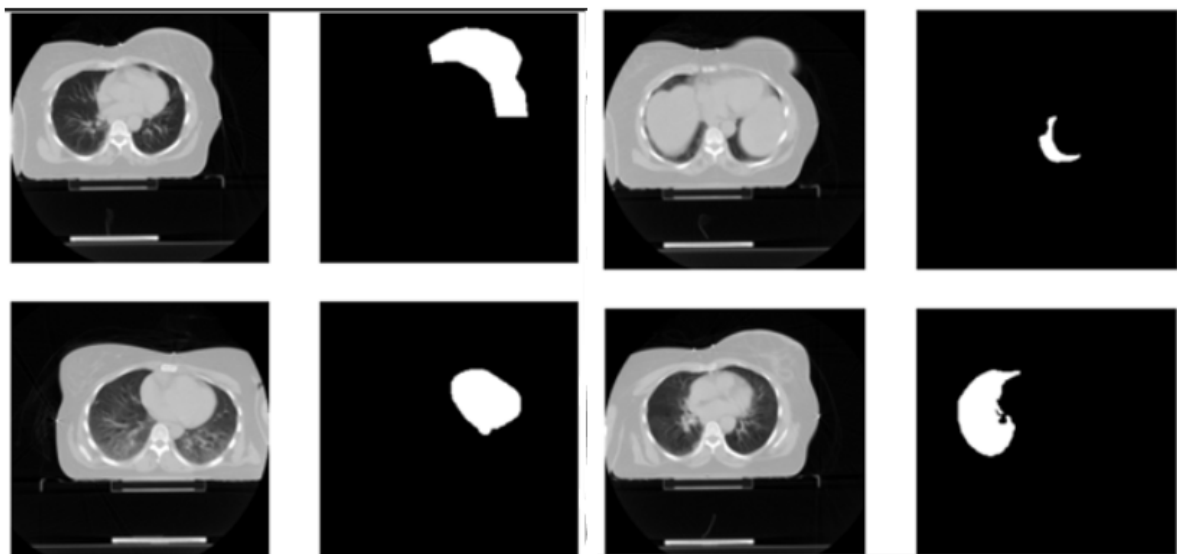


Figure 3.1 – Exemples d'images CT provenant de la base de données considérée dans cette étude (à gauche) [112]. Les images de droite représentent les masques correspondants (masques de segmentation) ; de bas en haut : poumon droit, poumon gauche, cœur et CTV.

3.2.2 Préparation des données

Les images CT ont été importées sous format DICOM. Les données relatives à deux patients appartenant à cette base de données n'ont pas été considérées car elles n'étaient pas exploitables. Le nombre total d'images utilisées est de 1189, 1249, 1247 et 907 pour le CTV, le poumon droit, le poumon gauche et le cœur respectivement. Les valeurs des pixels de ces images qui variaient entre -1024 HU et 400 HU ont été normalisées entre 0 et 1. Les images ont également été redimensionnées passant ainsi de 512×512 pixels à 256×256 pixels à cause des limitations des moyens de calculs utilisés dans notre étude.

Nous avons également modifié les masques de segmentation de telle sorte à ce qu'ils soient binaires : la valeur 1 est ainsi assignée aux organes segmentés (couleur blanche) et la valeur 0 est assignée au reste de l'image (couleur noire).

Pour améliorer la performance du modèle, nous avons augmenté le nombre d'images et ce, à partir des données initiales en effectuant des rotations aléatoires (20%), des zooms (20%) et des shifts (20%) des images. Un exemple de rotation d'une image CT est donné dans la [figure 3.2](#).

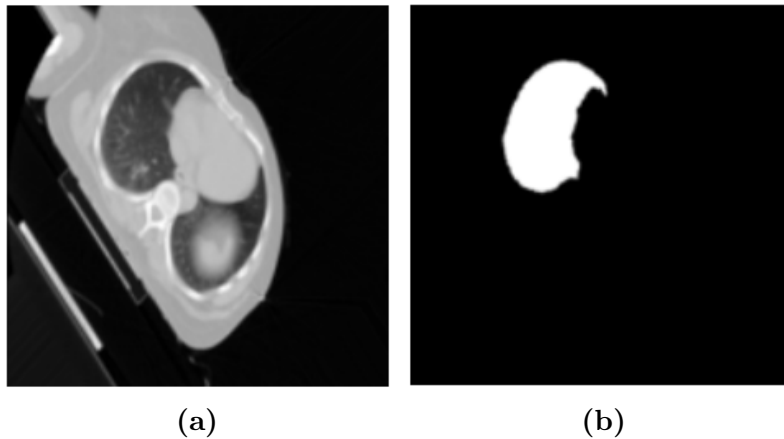


Figure 3.2 – Exemple d'une image CT (a) avec le masque correspondant (b) du poumon droit après une rotation.

La base de données est ensuite divisée en trois parties pour chaque localisation : 70% d'images sont utilisées pour l'entraînement, 15% pour la validation et 15% pour le test ([figure 3.3](#)).

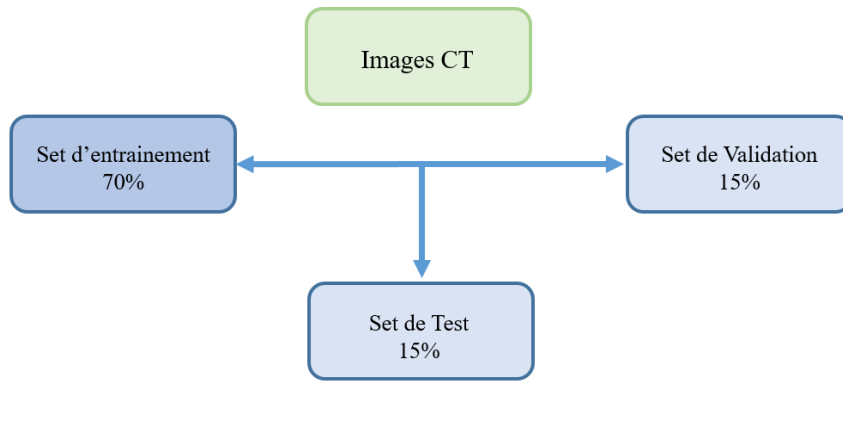


Figure 3.3 – Répartition des images CT en trois groupes : set d'entraînement (70%), set de validation (15%) et set de test (15%).

3.2.3 Modèles d'apprentissage profond utilisés

Dans cette étude, nous avons utilisé et comparé trois architectures 2D pour la segmentation du CTV, des poumons et du cœur. Dans ce qui suit, nous allons présenter ces trois modèles.

3.2.3.1 Architecture U-Net

Le premier modèle utilisé dans cette étude est le modèle U-Net proposé par Ronneberger et al. [41]. Il s'agit de l'un des réseaux de neurones convolutionnels les plus utilisés pour la segmentation d'images médicales. Il est basé sur le réseau FCN (Fully Convolutional Network) et reste efficace même avec un ensemble de données limité [41].

L'architecture U-Net est composée de deux parties : une partie de contraction (appelée encodeur) et une partie d'expansion (décodeur), d'où le nom "U-Net" qui est associé à la forme en "U" (figure 3.4).

La partie contractive (encodeur) est constituée de plusieurs blocs successifs. Chaque bloc comprend deux couches de convolution 3×3 , chacune suivie d'une fonction d'activation ReLU (Rectified Linear Unit) et avec une couche de dropout après la première convolution. À la sortie de chaque bloc (à l'exception du dernier niveau), une opération de max-pooling 2×2 est appliquée afin de réduire la résolution spatiale des cartes de caractéristiques.

La partie expansive (décodeur) commence par un suréchantillonnage réalisé via des convolutions transposées réduisant progressivement le nombre de filtres (128, 64, 32 et 16), suivi de connexions par concaténation avec les cartes de caractéristiques correspondantes de l'encodeur. Chaque bloc de décodage comprend alors deux couches de convolution 3×3 avec activation ReLU, séparées par une couche de dropout.

Enfin, une dernière couche de convolution 1×1 permet de ramener la sortie à un canal

unique, représentant la carte de segmentation binaire de l'image d'entrée. Cette couche est suivie d'une activation sigmoïde.

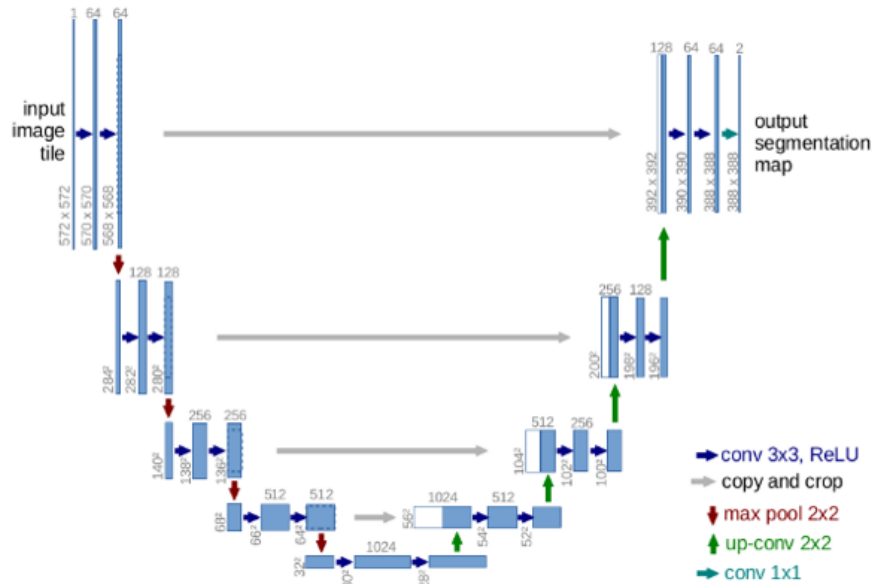


Figure 3.4 – Représentation de l'architecture U-Net proposée par O. Ronneberger et al. [41].

3.2.3.2 Architecture TernaUSNet

Il a déjà été montré que l'architecture U-Net permet une segmentation précise des images, en particulier pour les images médicales [113]. Cependant, V. Iglovikov et A. Shvets [114] ont proposé une méthode qui donne une meilleure performance. Ils ont montré qu'au lieu d'utiliser une architecture U-Net entraînée sur une petite base de données, il serait préférable de considérer un réseau de neurones initialisé avec des poids provenant d'un réseau pré-entraîné sur un grand ensemble de données comme la base de données d'images ImageNet [115]. Ainsi, l'architecture U-Net a été modifiée pour utiliser un réseau de neurones convolutif simple de la famille des VGG (Visual Geometry Group) qui est le nom d'un réseau CNN pré-entraîné (VGG11) développé par Simonyan and Zisserman [33] du groupe Visual Geometry de l'université d'Oxford. Ce modèle a été utilisé avec succès dans la compétition de segmentation d'images Kaggle Carnava (figure 3.5) [116].

Une couche initiale de convolution 3×3 adapte l'entrée monocanal. La partie contractive (encodeur) comporte cinq blocs successifs : les deux premiers blocs incluent deux couches de convolution 3×3, tandis que les blocs restants en comprennent trois. Chaque convolution est suivie d'une activation ReLU, et chaque bloc se termine par un max-pooling 2×2, réduisant progressivement la résolution spatiale.

La partie expansive (décodeur) utilise un suréchantillonnage par UpSampling2D suivi de deux convolutions 3×3 avec activations ReLU. Le nombre de filtres diminue progressivement. Les caractéristiques sont fusionnées via des connexions skip par concaténation avec les sorties correspondantes de l'encodeur. En sortie, une convolution 3×3 avec activation ReLU précède une convolution 1×1 et d'une activation sigmoïde produisant la carte de segmentation binaire.

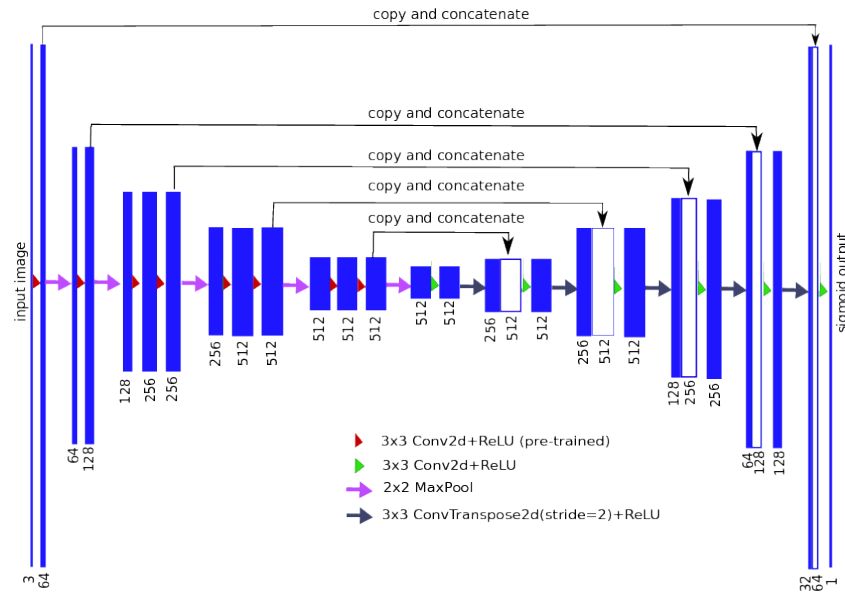


Figure 3.5 – Représentation de l'architecture TeraNet proposée par V. Iglovikov et A. Shvets [114].

3.2.3.3 Architecture ResUNet++

ResUNet++ est un modèle qui a été utilisé pour la segmentation des images coloscopiques [117]. Il s'agit d'une version améliorée du modèle ResUnet [118] pour la segmentation automatique des polypes du colon. D. Jha et al. ont considéré plusieurs bases de données pour la segmentation des polypes colorectaux. Ainsi, ils ont montré que le modèle ResUNet++ est plus efficace que le modèle U-Net et le modèle ResUnet [117].

L'architecture utilisée est basée sur des unités résiduelles, unités de compression et d'excitation (SE : Squeeze and Excite), Atrous Spatial Pyramidal Pooling (ASPP) et unités d'attention (figure 3.6).

L'encodeur, organisé en 4 étages, intègre pour chaque niveau : des convolutions 3×3 avec Batch Normalisation et activation ReLU, suivies d'une réduction spatiale (par convolution ou MaxPooling2D). Un bloc SE adaptatif, positionné avant la réduction spatiale, recalibre dynamiquement les canaux caractéristiques via Global Average Pooling et couches denses, tout en doublant le nombre de filtres à chaque étage. Le bottleneck comprend quatre branches parallèles de convolutions 3×3 suivies de Batch Normalisation, fusionnées par addition. Le résultat est traité par une convolution 1×1 , puis combiné avec une

branche latérale (convolution 3×3 + max-pooling) via addition. Un mécanisme d'attention par multiplication est enfin appliqué entre cette fusion et la sortie de la convolution 1×1 . Le décodeur combine un UpSampling2D (ré-échantillonnage), la concaténation avec la carte correspondante de l'encodeur (skip connection) et un bloc résiduel SE à chaque palier, raffinant progressivement les filtres. Le module de sortie effectue d'abord quatre convolutions 3×3 sur 16 canaux en parallèle, fusionnées par addition, puis deux convolutions 1×1 et une activation sigmoïde pour produire la carte de segmentation binaire.

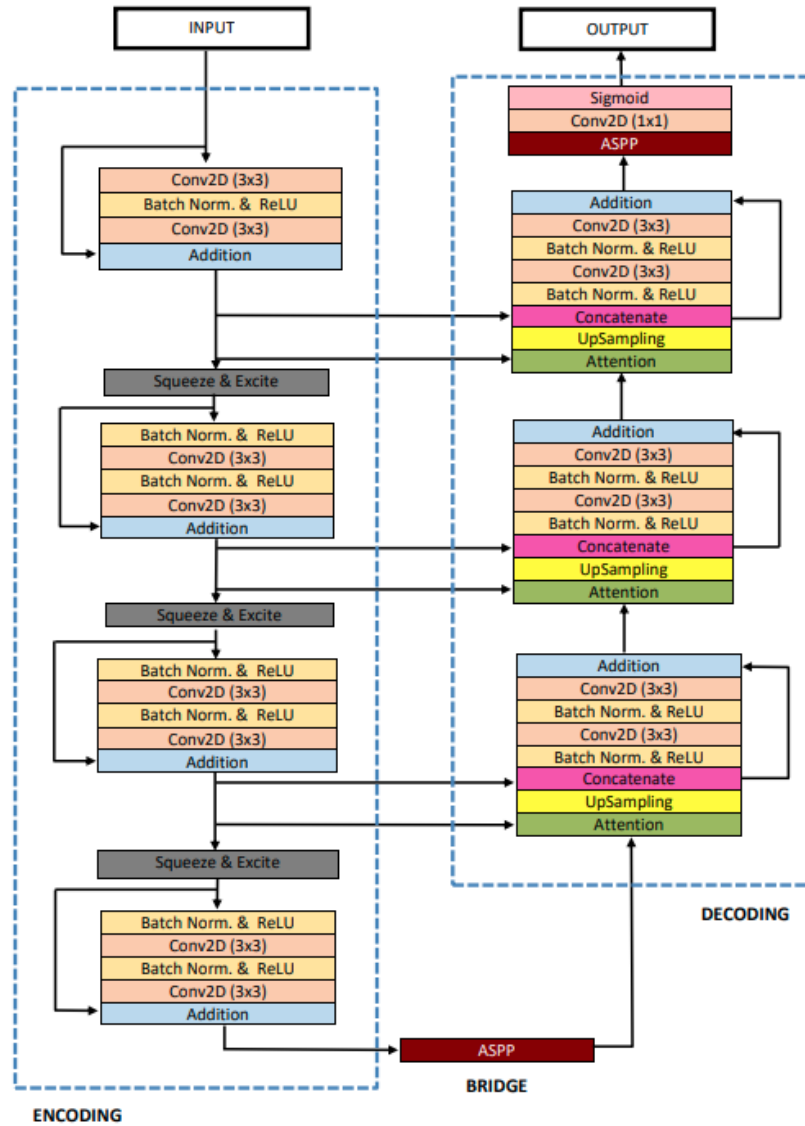


Figure 3.6 – Représentation de l'architecture ResUNet++ proposée par D. Jha et al [117].

Les tableaux 3.1, 3.2, 3.3 et 3.4 résument les paramètres relatifs aux trois architectures U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour le CTV, le cœur, le poumon gauche et le poumon droit respectivement.

TABLEAU 3.1 – Paramètres d'entraînement des trois architectures U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour le CTV.

Architecture	Fonction de perte	Optimiseur	Nombre d'épochs	Durée par epoch (s)
U-Net	Binary cross-entropy	Adam	50	46
TernaUSNet	Binary cross-entropy	Adam	30	179
ResUNet++	Binary cross-entropy	Adam	50	133

TABLEAU 3.2 – Paramètres d'entraînement des trois architectures U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour le cœur.

Architecture	Fonction de perte	Optimiseur	Nombre d'épochs	Durée par epoch (s)
U-Net	Binary cross-entropy	Adam	50	23
TernaUSNet	Binary cross-entropy	Adam	30	177
ResUNet++	Binary cross-entropy	Adam	50	131

TABLEAU 3.3 – Paramètres d'entraînement des trois architectures U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour le poumon gauche.

Architecture	Fonction de perte	Optimiseur	Nombre d'épochs	Durée par epoch (s)
U-Net	Binary cross-entropy	Adam	50	47
TernaUSNet	Binary cross-entropy	Adam	30	181
ResUNet++	Binary cross-entropy	Adam	30	242

TABLEAU 3.4 – Paramètres d'entraînement des des trois architectures U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour le poumon droit.

Architecture	Fonction de perte	Optimiseur	Nombre d'épochs	Durée par epoch (s)
U-Net	Binary cross-entropy	Adam	50	47
TernaUSNet	Binary cross-entropy	Adam	30	181
ResUNet++	Binary cross-entropy	Adam	30	247

Le [tableau 3.5](#) présente la répartition des paramètres entraîna- bles et non entraîna- bles des trois architectures U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour le CTV, le cœur, le poumon gauche et le poumon droit.

TABLEAU 3.5 – Répartition des paramètres par architecture

Architecture	paramètres entraînables	paramètres non entraînables
U-Net	1 940 817	0
TernausNet	2 8467 719	0
ResUNet++	4 062 673	7 392

3.2.4 Métriques d’évaluation

Plusieurs métriques peuvent être utilisées pour évaluer les résultats des segmentations automatiques en les comparant aux segmentations de référence. Dans notre étude, afin d’évaluer et de comparer les segmentations réalisées avec les trois modèles, nous avons utilisé les métriques suivantes :

3.2.4.1 Coefficient de Dice

Le coefficient de similarité de Dice (DSC : Dice Similarity Coefficient) était initialement proposé par Dice [119]. C’est un coefficient utilisé en statistique pour déterminer la similarité entre deux échantillons ou ensembles de données X et Y. Il mesure le chevauchement spatial entre la segmentation de référence et la segmentation automatique. Le coefficient de Dice est défini par l’expression suivante :

$$\text{DSC} = \frac{2|X \cap Y|}{|X| + |Y|} \quad (3.1)$$

Dans le contexte de la segmentation d’images, X représente la segmentation automatique générée par le modèle de DL et Y représente la segmentation de référence. Ce coefficient est compris entre 0 et 1. En cas de non-chevauchement, DSC=0. Idéalement, lorsque les deux segmentations se chevauchent parfaitement, l’indice de Dice est égal à 1 (figure 3.7).

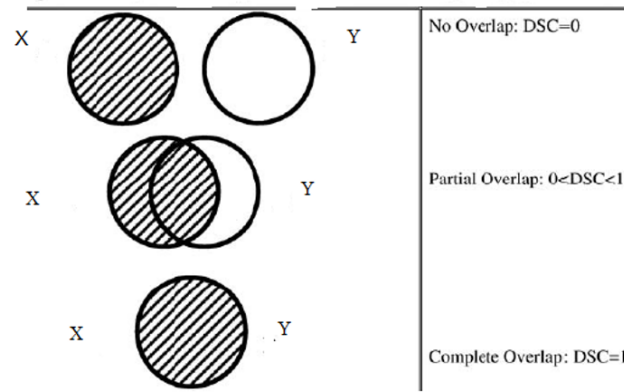


Figure 3.7 – Le coefficient de similarité de Dice représentant le chevauchement spatial et la reproductibilité entre deux échantillons X et Y.

3.2.4.2 Coefficient de Jaccard

Pour évaluer la qualité de la segmentation des organes, nous pouvons utiliser le coefficient de Jaccard qui mesure la similarité entre le résultat de la segmentation (X) et la référence (Y). Ce coefficient est défini par :

$$J = \frac{|X \cap Y|}{|X \cup Y|} \quad (3.2)$$

La valeur de ce coefficient varie entre 0 (indiquant qu'il n'y a aucun chevauchement entre X et Y) et 1 (chevauchement complet et donc une très bonne segmentation).

3.2.4.3 Distance de Hausdorff

La distance de Hausdorff (HD : Hausdorff distance) est une autre métrique utilisée pour évaluer la segmentation en imagerie médicale. Il s'agit de la distance maximale d'un point d'un sous-ensemble au point le plus proche de l'autre sous-ensemble. Soient A et B deux bords (limites) de la segmentation générée par le modèle de DL et de la segmentation de référence, respectivement. La distance de Hausdorff est donnée par l'expression suivante :

$$HD(A, B) = \max \left(\sup_{p \in A} \inf_{q \in B} d(p, q), \sup_{q \in B} \inf_{p \in A} d(p, q) \right) \quad (3.3)$$

où sup et inf représentent respectivement le maximum et le minimum. d est la distance euclidienne. HD représente la distance maximale entre les deux contours considérés.

Le coefficient de similarité de Dice, le coefficient de Jaccard et la distance de Hausdorff sont des métriques qui sont encore largement utilisées pour évaluer les segmentations automatiques des organes dans des images médicales [120, 121].

3.2.5 Expérimentation

Dans cette étude, nous avons utilisé les trois modèles : U-Net, TernausNet et ResUNet++ pour segmenter les poumons, le cœur et le CTV sur des images CT de la région thoracique. Ces modèles ont été implémentés à l'aide du package open source Keras en Python. L'implémentation et le calcul ont été effectués sur la plateforme Google Colaboratory [122] (GPU NVIDIA Tesla T4 16 Go GDDR6) pour accélérer l'entraînement des trois modèles de DL. Les images CT et leurs masques correspondants ont été utilisés pour entraîner chaque modèle pendant la phase d'entraînement. Dans la phase de test, une image CT est donnée en entrée et le masque est ensuite généré par le modèle en sortie.

3.2.6 Résultats

Dans cette partie, nous allons présenter les résultats obtenus de la segmentation automatique du CTV, du cœur et des poumons en utilisant les trois modèles de DL décrits précédemment. Les performances de ces modèles ont été évaluées en utilisant les métriques suivantes : le coefficient de similarité de Dice, le coefficient de Jaccard et la distance de Hausdorff. Les figures 3.8, 3.9 et 3.10 représentent les boîtes à moustaches des valeurs du coefficient de Dice DSC, du coefficient de Jaccard J et de la distance de Hausdorff HD respectivement. Ces valeurs ont été calculées pour la partie de test de la base de données.

Les valeurs moyennes ainsi que les valeurs de l'écart type obtenues pour le coefficient de Dice DSC, le coefficient de Jaccard J et la distance de Hausdorff HD, sont présentées dans les tableaux 3.6, 3.7 et 3.8 respectivement. Les valeurs de HD sont exprimées en pixels, la taille des pixels étant comprise entre 0.7285 mm et 0.9765 mm dans notre étude.

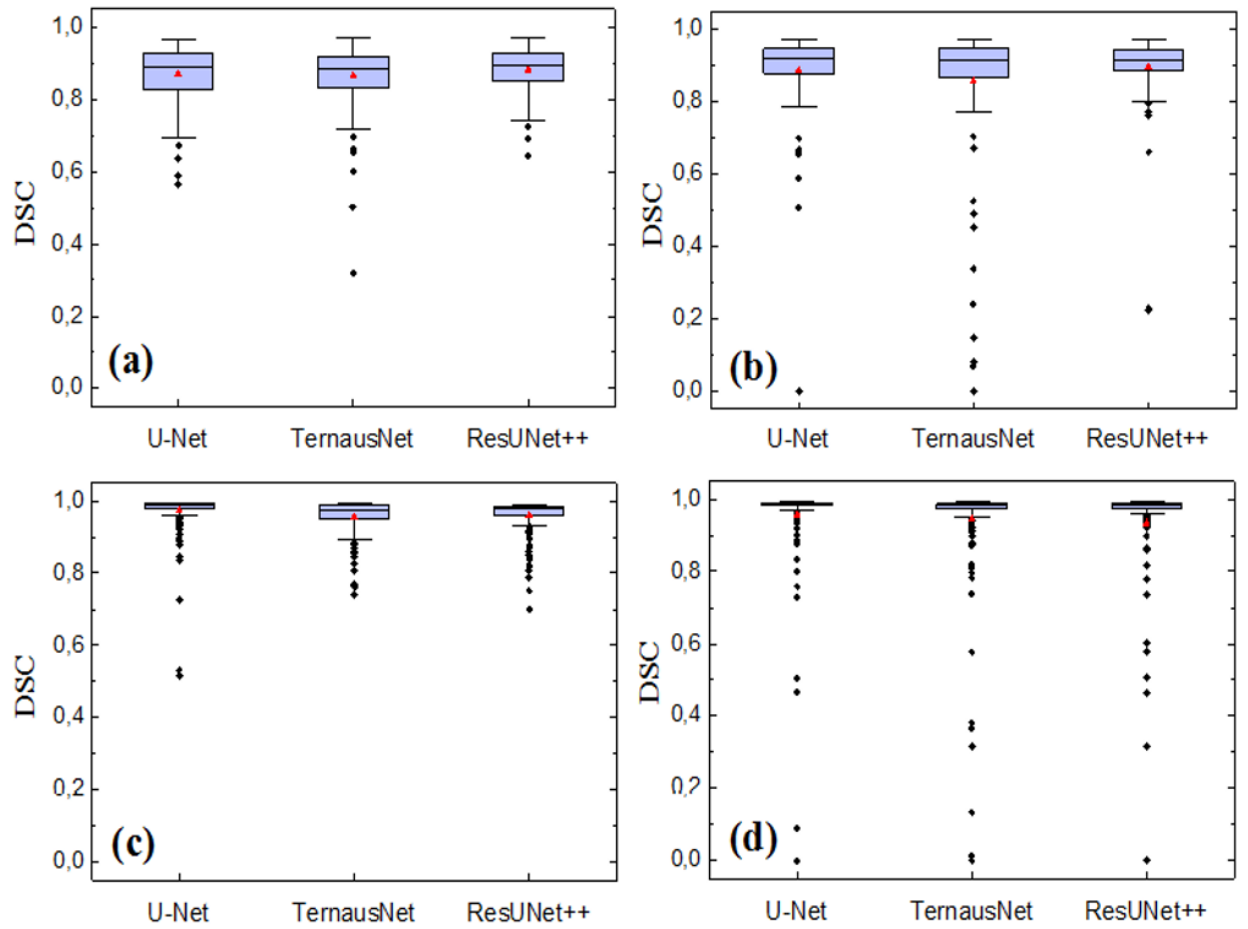


Figure 3.8 – Boîtes à moustaches des valeurs obtenues du coefficient de Dice DSC en utilisant les trois modèles : U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour (a) le CTV, (b) le cœur, (c) le poumon droit et (d) le poumon gauche. Les valeurs médianes et les valeurs moyennes sont représentées par une ligne et un triangle plein respectivement.

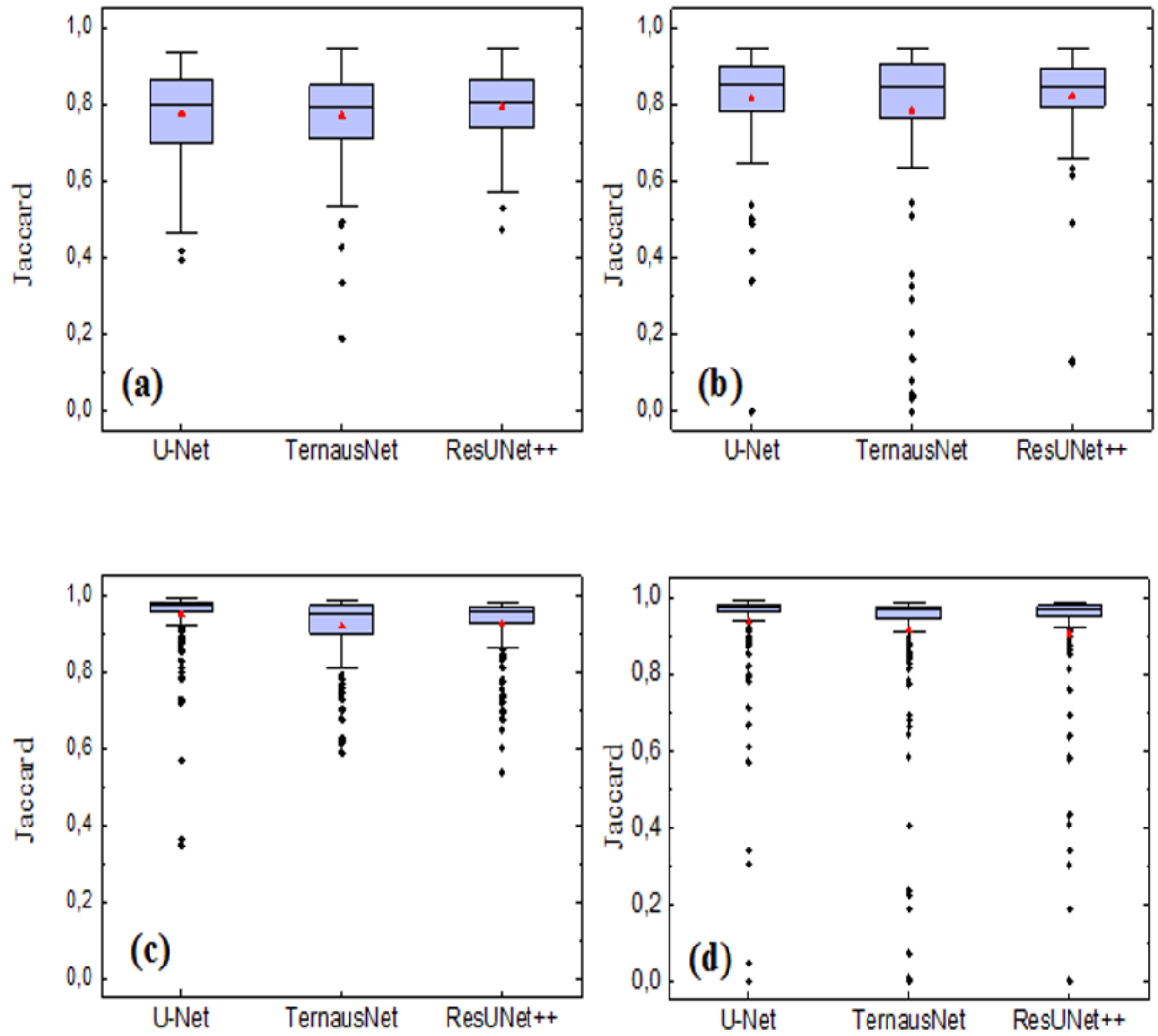


Figure 3.9 – Boîtes à moustaches des valeurs obtenues du coefficient de Jaccard en utilisant les trois modèles : U-Net, TerausNet et ResUNet++ pour (a) le CTV, (b) le cœur, (c) le poumon droit et (d) le poumon gauche. Les valeurs médianes et les valeurs moyennes sont représentées par une ligne et un triangle plein respectivement.

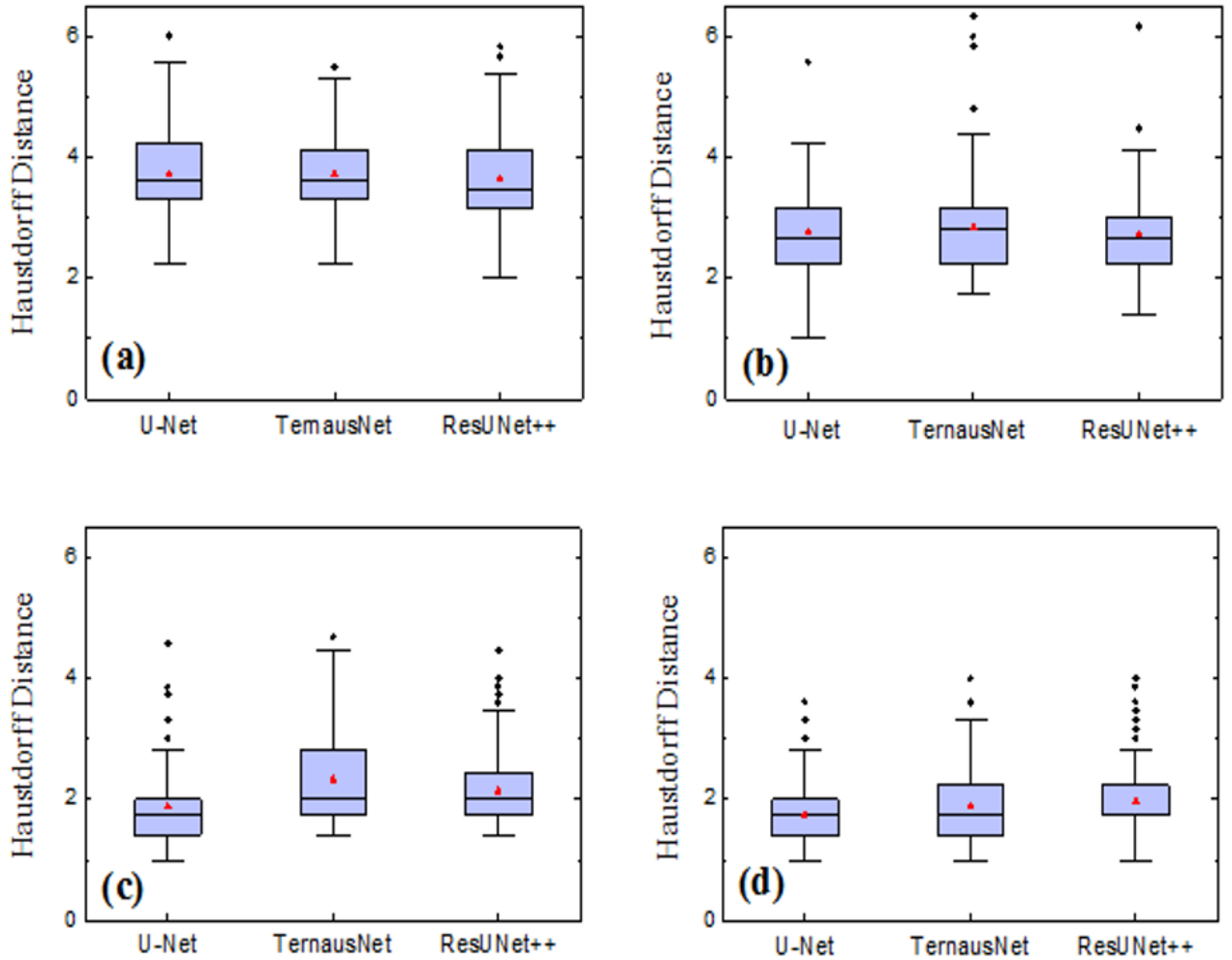


Figure 3.10 – Boîtes à moustaches des valeurs obtenues de la distance de Hausdorff (en pixels) en utilisant les trois modèles : U-Net, TernaUSNet et ResUNet++ pour (a) le CTV, (b) le cœur, (c) le poumon droit et (d) le poumon gauche. Les valeurs médianes et les valeurs moyennes sont représentées par une ligne et un triangle plein respectivement.

TABLEAU 3.6 – Valeurs du coefficient de Dice ainsi que les valeurs de l'écart type, obtenues avec les trois modèles de DL : U-Net, TernaousNet et ResUNet ++ pour le CTV, le cœur et les poumons.

	U-Net	TernaousNet	ResUNet++
CTV	0.887 ± 0.078	0.882 ± 0.082	0.898 ± 0.059
Cœur	0.915 ± 0.131	0.908 ± 0.193	0.915 ± 0.097
Poumon droit	0.986 ± 0.056	0.970 ± 0.051	0.974 ± 0.046
Poumon gauche	0.985 ± 0.133	0.977 ± 0.146	0.978 ± 0.179

TABLEAU 3.7 – Valeurs du coefficient de Jaccard ainsi que les valeurs de l'écart type, obtenues avec les trois modèles de DL : U-Net, TernaousNet et ResUNet ++ pour le CTV, le cœur et les poumons droit et gauche.

	U-Net	TernaousNet	ResUNet++
CTV	0.797 ± 0.114	0.789 ± 0.112	0.814 ± 0.090
Cœur	0.843 ± 0.146	0.832 ± 0.204	0.843 ± 0.118
Poumon droit	0.973 ± 0.081	0.941 ± 0.084	0.949 ± 0.076
Poumon gauche	0.971 ± 0.146	0.955 ± 0.164	0.957 ± 0.195

TABLEAU 3.8 – Valeurs de la distance de Hausdorff ainsi que les valeurs de l'écart type, obtenues avec les trois modèles de DL : U-Net, TernaousNet et ResUNet ++ pour le CTV, le cœur et les poumons droit et gauche.

	U-Net	TernaousNet	ResUNet++
CTV	3.73 ± 0.67	3.73 ± 0.65	3.65 ± 0.75
Cœur	2.76 ± 0.66	2.84 ± 0.782	2.72 ± 0.65
Poumon droit	1.89 ± 0.50	2.32 ± 0.75	2.14 ± 0.57
Poumon gauche	1.75 ± 0.43	1.89 ± 0.47	1.97 ± 0.55

Nous présentons également quelques exemples de segmentations automatiques obtenues avec les trois modèles (en rouge), pour le CTV, le cœur et les poumons dans la [figure 3.11](#). Les segmentations de référence sont données en bleu.

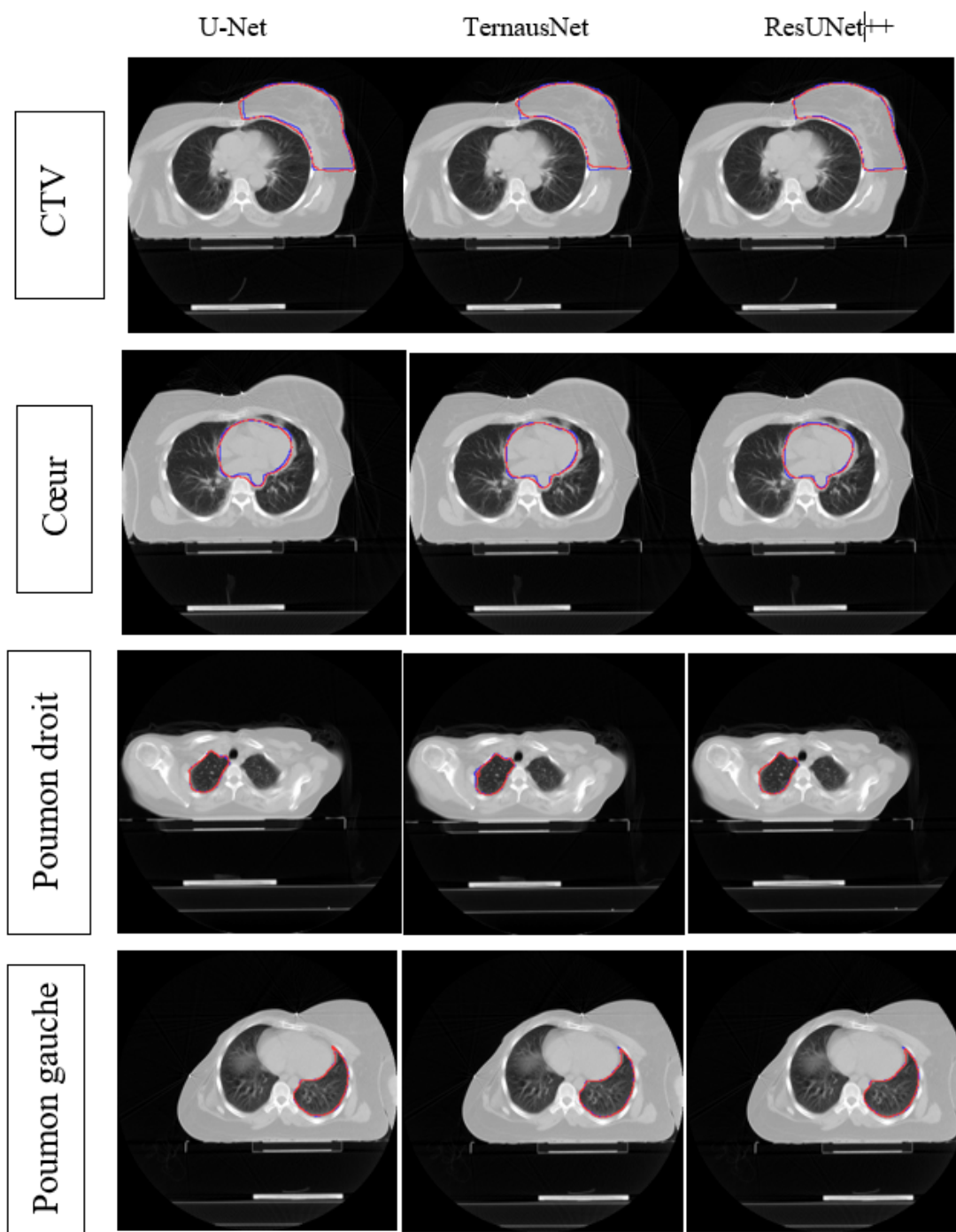


Figure 3.11 – Exemples de segmentations automatiques (en rouge) et de segmentations de référence (en bleu) pour le CTV, le cœur et les poumons dans des images CT. Les segmentations automatiques sont obtenues avec U-Net (colonne de gauche), TernausNet (colonne du milieu) et ResUNet++ (colonne de droite).

3.3 Discussion

La délinéation des régions d’intérêts (ROIs) est une étape importante dans la chaîne de traitement en radiothérapie. Dans ce qui suit, nous allons discuter les résultats des segmentations automatiques obtenues en utilisant les trois modèles 2D de Deep Learning suivants : U-Net, TernaUSNet et ResUNet++.

3.3.1 Segmentation des poumons

Les figures 3.8, 3.9 et 3.10 montrent clairement une bonne délinéation des poumons droit et gauche par les trois modèles. Les valeurs du coefficient de Dice sont très proches de 1 avec des écarts types faibles, ce qui montre une très faible dispersion. Cette bonne segmentation est également visible dans la figure 3.11 pour les trois modèles. Seules des corrections mineures sont à apporter aux segmentations automatiques.

Par ailleurs, les valeurs de DSC, J et HD obtenues avec les trois modèles sont très similaires (les valeurs des rapports obtenues sont très proches de 1, voir les tableaux 3.6, 3.7 et 3.8). Ceci est également vrai pour les valeurs correspondantes des écarts types. Nous pouvons donc conclure que les trois modèles ont des performances similaires ; seule une délinéation légèrement meilleure est obtenue avec U-Net par rapport à celles réalisées avec ResUNet++ et TernaUSNet.

Par ailleurs, la figure 3.8(d) montre que les trois modèles donnent plus d’images segmentées avec une valeur du coefficient de Dice inférieure à 0.6 pour le poumon gauche que pour le poumon droit (figure 3.8(c)). Cependant, le nombre de ces images est faible comparé au nombre total d’images segmentées. En fait, ces images CT sont caractérisées par une surface à segmenter qui est très petite et nous avons plus d’images de ce type dans l’ensemble de test pour le poumon gauche que pour le poumon droit. Ainsi, la différence observée entre la segmentation du poumon gauche et du poumon droit ne peut être attribuée aux performances des trois modèles.

En utilisant un CNN 3D, Liang Zhao [123] a obtenu une valeur du coefficient de Dice (0.972) similaire à celle obtenue dans notre travail pour la segmentation automatique pulmonaire. Qinhua Hu et al. [124] ont utilisé une nouvelle méthode basée sur Mask R-CNN avec des modèles d’apprentissage automatique supervisés et non supervisés pour délimiter les poumons dans les images CT. La valeur de DSC obtenue par ces auteurs (0.9733 ± 0.0324) est proche des valeurs de DSC obtenues dans notre étude avec les trois modèles.

3.3.2 Segmentation du cœur

D’après les figures 3.8, 3.9 et 3.10, nous pouvons dire que nous avons obtenu de bonnes segmentations du cœur avec les trois modèles. Seules quelques corrections mineures sont à apporter aux images segmentées par les modèles de DL. La figure 3.11 montre des exemples de segmentations automatiques du cœur comparées aux segmentations de référence. Cependant, en comparant les résultats obtenus pour le cœur à ceux des poumons (figures 3.8, 3.9 et 3.10), nous notons que les segmentations du cœur sont légèrement moins bonnes que celles réalisées pour les poumons. Les valeurs obtenues du coefficient de Dice et du coefficient de Jaccard sont en effet légèrement plus faibles pour le cœur que pour les poumons. De plus, les écarts types sont plus importants pour le cœur.

Ces résultats peuvent être expliqués par le fait que le nombre total d’images CT pour le cœur (907) est plus petit que le nombre total d’images pour le poumon droit (1249) ou le poumon gauche (1247). En effet, les performances d’un modèle dépendent fortement de la taille de la base de données utilisée pour l’entraînement.

De plus, comme observé pour les poumons, les valeurs du coefficient de DSC, du coefficient de Jaccard et de la distance de Hausdorff obtenues sont très similaires pour les trois modèles (tableaux 3.6, 3.7 et 3.8). Ainsi, les segmentations du cœur avec les modèles U-Net, Ternaunet et le ResUNet++ sont comparables. De légères meilleures délimitations sont observées pour les modèles U-Net et ResUNet++.

Il est important de noter également que le nombre d’images utilisées dans la phase du test pour le cœur est inférieur au nombre d’images de test pour les poumons et le CTV. L’utilisation d’un plus grand nombre d’images pour faire le test devrait donner une comparaison plus précise des performances des trois modèles.

R. Trullo et al. [125] ont proposé une structure basée sur le Deep Learning pour la segmentation des OARs sur des images CT de la région thoracique. Ils ont considéré les organes suivants : le cœur, l’œsophage, la trachée et l’aorte. La valeur moyenne du coefficient de Dice pour la segmentation du cœur a été de (0.90 ± 0.01) . Ce résultat est très similaire aux valeurs obtenues dans notre étude. Par ailleurs, Jan Schreier et al. [126] ont proposé une nouvelle architecture d’un réseau de neurones appelée BibNet, pour segmenter les seins et le cœur. La valeur du DSC obtenue pour la segmentation du cœur en utilisant cette architecture était de 0.967. Cette valeur est plus grande que les valeurs que nous avons obtenues avec les trois modèles. R. El Jurdi et al. [127] ont également segmenté le cœur en utilisant un nouveau modèle BB-UNet (Bounding Box U-Net) qui est basé sur l’architecture U-Net. Ces auteurs ont ainsi obtenu une valeur du DSC de 0.9832 qui est meilleure que nos valeurs obtenues avec les trois modèles.

3.3.3 Segmentation du CTV

En ce qui concerne la segmentation du CTV, nous remarquons que les trois modèles donnent des résultats pratiquement similaires, comme c’est le cas pour les poumons et le cœur, avec une délinéation légèrement meilleure pour le ResUNet++ (figures 3.8, 3.9, 3.10 et tableaux 3.6, 3.7, 3.8). Ces figures montrent également que la segmentation du CTV n’a pas la même qualité que celle obtenue pour les poumons. À titre d’exemple, le coefficient de Dice pour le CTV est plus faible par rapport à ceux des poumons. Même si le nombre total d’images pour le CTV est supérieur au nombre d’images total pour le cœur, la segmentation du CTV demeure une tâche difficile. Cela est dû aux contours irréguliers du CTV sur les images CT (figure 3.11).

Kuo Men et al. [128] ont utilisé un réseau profond (DD-ResNet) pour segmenter automatiquement le CTV dans le cadre de la radiothérapie du cancer du sein. Ils ont obtenu la même valeur pour le coefficient de Dice (0.91) pour les seins droit et gauche. Cette valeur est légèrement supérieure à celle obtenue dans notre étude.

D’une façon générale, nous pouvons dire que les trois modèles donnent des résultats de segmentation assez satisfaisants et proches des résultats obtenus par d’autres auteurs, en particulier pour les poumons. Par ailleurs, en utilisant un ensemble de données de test plus important, nous pouvons améliorer la segmentation et réduire la dispersion des résultats obtenus pour le cœur. Ainsi, une comparaison plus précise des trois modèles devrait également être obtenue pour ce cas.

Comme perspectives à ce travail, il serait très intéressant d’utiliser d’autres bases de données plus importantes et de considérer d’autres organes à segmenter. Nous pourrions nous intéresser aussi à la segmentation automatique des tumeurs dans les organes. Nous pourrions également utiliser d’autres modèles de segmentation (autres que ceux basés sur U-Net) et considérer d’autres modalités d’imagerie.

3.4 Conclusion

Une délinéation précise des images CT est une étape très importante dans la chaîne de traitement par radiothérapie externe. Dans ce chapitre, nous avons présenté une étude sur la segmentation automatique des images CT de la région thoracique. Les performances de trois modèles basés sur DL ont été évaluées et comparées pour la segmentation des poumons, du cœur et du CTV. Les résultats obtenus dans cette étude montrent clairement que ces modèles 2D basés sur l’architecture U-Net peuvent être utilisés pour segmenter les organes dans les images CT avec une bonne performance. D’une façon générale, les trois modèles donnent des résultats similaires. En utilisant un ensemble de données avec plus d’images CT qui permettraient un meilleur entraînement des trois modèles, on devrait obtenir de meilleurs résultats de segmentation et avec des dispersions plus faibles.

Chapitre 4

Segmentation automatique des reins sur des images CT

4.1 Introduction

La segmentation des volumes cibles et des organes à risque dans des images de tomodensitométrie (images CT) est essentielle pour la préparation des plans de traitement en radiothérapie. La segmentation est souvent effectuée manuellement, ce qui prend beaucoup de temps. De plus, elle est biaisée par l'expérience du clinicien et sujette à la variabilité inter-observateur. Ainsi, et du fait du développement des outils de l'intelligence artificielle et notamment des algorithmes d'apprentissage profond, la segmentation automatique a été proposée comme une alternative.

Dans le chapitre précédent, nous avons comparé les performances de trois modèles d'apprentissage profond pour la segmentation des images CT de la région thoracique. Nous avons constaté que le U-Net avait donné de bons résultats et ce, malgré un nombre limité d'images dans la base de données utilisée.

Dans ce chapitre, nous présenterons une étude de la segmentation automatique des reins dans des images CT de la région abdominale provenant d'une base de données publique [129]. Nous avons utilisé dans cette étude le modèle U-Net 2D. Cette segmentation reste fastidieuse du fait de son faible contraste tissulaire avec les organes environnants à cause des inhomogénéités des reins.

Plusieurs métriques ont été utilisées pour évaluer la segmentation telles que le coefficient de similarité de Dice (DSC), le coefficient de corrélation de Matthews (MCC), la distance de Hausdorff (HD), la sensibilité et la spécificité.

4.2 Matériels et méthodes

4.2.1 Base de données

Dans cette étude, nous avons utilisé la base de données publique 3D-IRCADb1 [130]. Elle contient les images CT de 20 patients (10 femmes et 10 hommes). 75% de ces patients étaient atteints de tumeurs hépatiques. La base de données contient également les délinéations des organes qui ont été réalisées par des experts. Les images CT et les masques de segmentation sont sous le format DICOM. Chaque image a une taille de 512×512 pixels et le nombre total d'images CT varie entre 74 et 260 images par patient. L'épaisseur de coupe des images varie entre 1.25 et 4 mm. Le [tableau 4.1](#) donne plus d'informations sur cette base de données.

TABLEAU 4.1 – Informations détaillées sur la base de données 3D-IRCADb1 [130].

N°	Genre	Année de naissance	Nombre d'images
1	F	1944	129
2	F	1987	172
3	M	1956	200
4	M	1942	91
5	M	1957	139
6	M	1929	135
7	M	1946	151
8	F	1970	124
9	M	1949	111
10	F	1954	122
11	M	1966	132
12	F	1973	260
13	M	1951	122
14	F	1970	113
15	F	1946	125
16	M	1950	155
17	M	1942	119
18	F	1958	74
19	F	1970	124
20	F	1949	225

4.3 Préparation des données

Pour réaliser une segmentation précise à l'aide d'un modèle de DL, les images CT et les masques doivent être bien préparés. Dans notre étude, le prétraitement des images CT et des masques s'est fait en trois étapes. La première étape correspond au fenêtrage. Son but est d'ajuster l'échelle des unités Hounsfield en fonction de la zone d'intérêt que l'on souhaite visualiser (les reins dans notre cas). Le fenêtrage est caractérisé par deux valeurs : la largeur de fenêtre (Window Width : WW) et le niveau (ou le centre) de la fenêtre (Window Level : WL). La largeur de la fenêtre correspond à l'intervalle des unités Hounsfield niveaux de gris qui sera sélectionné. Quant au niveau de la fenêtre, il s'agit du centre de la largeur de la fenêtre. Ainsi, le contraste des organes à segmenter (les reins) et des autres organes peut être ajusté via la largeur de fenêtre et la luminosité via le niveau de la fenêtre.

Dans notre étude, nous avons sélectionné la largeur de fenêtre $[-90, 210]$ pour toutes les images CT de la base de données. Après le fenêtrage, la région rénale devient visible de façon plus claire ([figure 4.1](#)). La [figure 4.2](#) représente des exemples d'images CT après le fenêtrage avec leurs masques des reins droit et gauche respectivement.

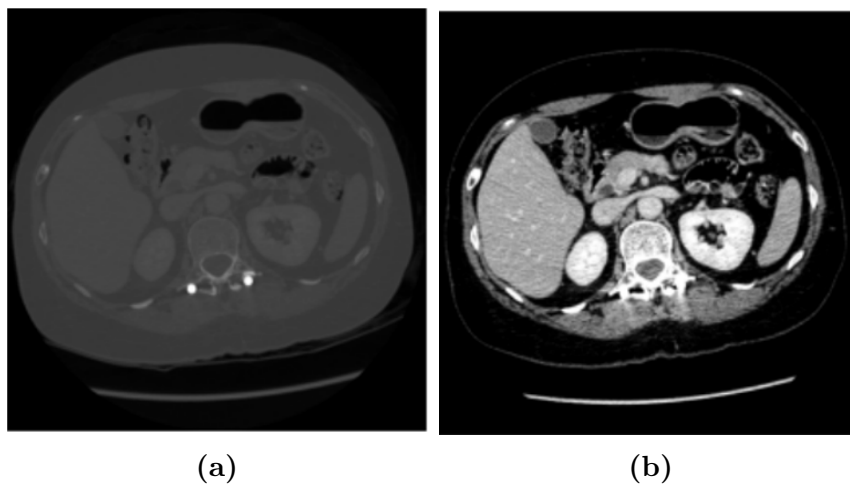


Figure 4.1 – Représentation d'une image CT axiale avant (a) et après le fenêtrage (b).

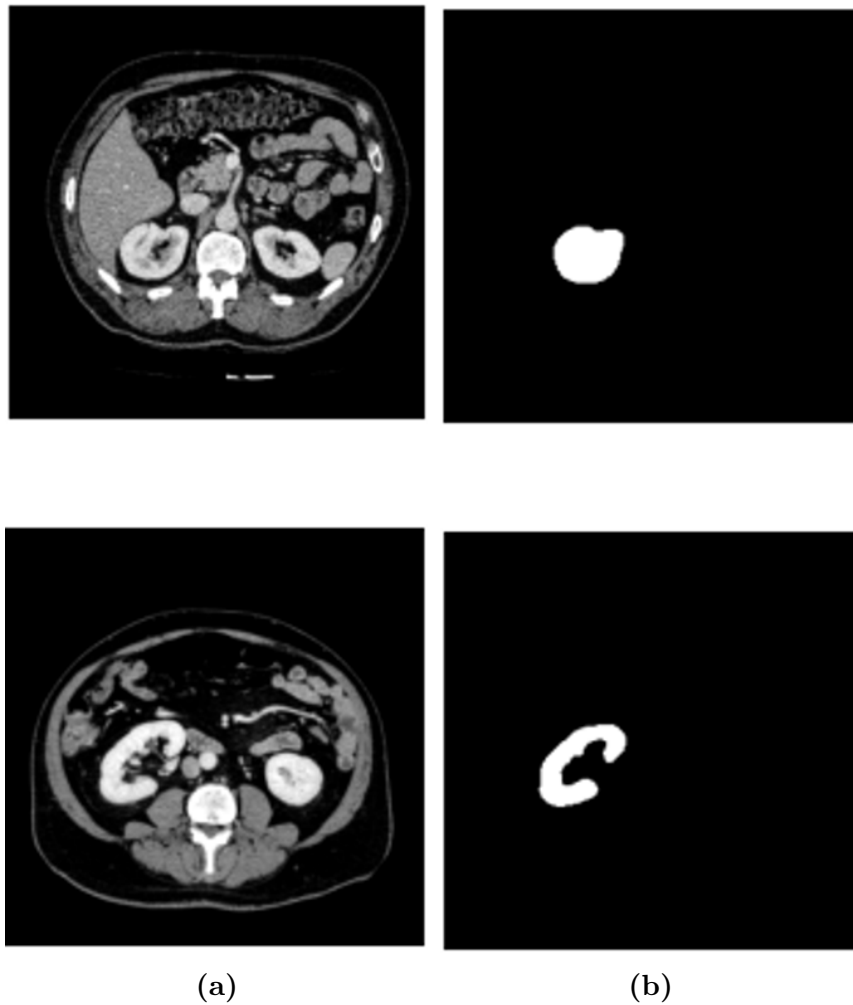


Figure 4.2 – Représentation d’images CT (a) et des masques correspondants au rein gauche (b).

La deuxième étape du prétraitement a consisté à redimensionner toutes les images et les masques de 512×512 à 256×256 pixels à cause des limitations des moyens de calcul que nous avons utilisés pour la segmentation.

Lors de la troisième étape, nous avons effectué une normalisation des valeurs des pixels des images CT ainsi que des images des masques correspondants. Les nouvelles valeurs obtenues sont comprises entre 0 et 1.

Après la réalisation de ces trois étapes, nous avons divisé les images CT et les masques prétraités en 3 parties : une partie pour l’entraînement (set d’entraînement), une partie pour la validation (set de validation) et une partie pour le test (set de test). Par ailleurs, afin d’améliorer la performance du modèle de DL, nous avons procédé à l’augmentation du nombre d’images d’entraînement et ce, en effectuant des rotations aléatoires, des zooms et des shifts d’images. Il est à noter que cette base de données contient plus d’images pour le rein gauche que pour le rein droit.

4.3.1 Architecture U-Net

Dans cette étude, nous avons utilisé l'architecture U-Net pour la segmentation des images CT. Cette architecture a déjà été décrite dans le chapitre précédent.

4.3.2 Détails d'implémentation

Comme nous l'avons déjà fait pour la segmentation des images CT thoraciques ([chapitre 3](#)), dans cette étude, l'architecture U-Net a été implémentée sur la plateforme Google Colaboratory [122] en utilisant un GPU NVIDIA Tesla T4 (16 Go GDDR6).

Le [tableau 4.2](#) résume les paramètres relatifs à l'architecture U-Net utilisée pour la segmentation du rein gauche et du rein droit respectivement.

TABLEAU 4.2 – Paramètres d'entraînement de l'architecture U-Net

Organe	Perte	Optimiseur	Épochs	Durée/epoch (s)
Rein gauche	Binary cross-entropy	Adam	45	19
Rein droit	Binary cross-entropy	Adam	45	20

Paramètres entraînaables : 1 940 817

Paramètres non entraînaables : 0

4.3.3 Métriques d'évaluation

Pour évaluer les performances du modèle utilisé pour la segmentation des reins dans des images CT abdominales, nous avons utilisé les métriques suivantes :

4.3.3.1 Le coefficient de Dice

Le coefficient de similarité de Dice (DSC : Dice similarity coefficient) a déjà été défini et utilisé dans le [chapitre 3](#).

4.3.3.2 Le coefficient de corrélation de Matthews

Le coefficient de corrélation de Matthews (MCC : Matthews Correlation Coefficient) est une métrique utilisée pour l'évaluation de la segmentation d'images. Ce coefficient est défini par :

$$MCC = \frac{TP \times TN - FN \times FP}{\sqrt{(TP + FP)(TP + FN)(TN + FP)(TN + FN)}} \quad (4.1)$$

TP (True Positive, ou Vrais Positifs) représente le nombre de pixels qui ont été identifiés comme positifs correctement. FN (False Negative, ou Faux Négatifs) représente le nombre de pixels qui ont été identifiés comme négatifs à tort. FP (False Positive ou Faux Positifs)

représente le nombre de pixels qui ont été identifiés comme positifs à tort et TN (True Negative ou Vrais Négatifs) représente le nombre de pixels qui ont été identifiés comme négatifs correctement. La [figure 3.4](#) illustre la définition des grandeurs TP, FN, FP et TN en considérant une segmentation manuelle (de référence) et une segmentation automatique [\[131\]](#). Ce coefficient peut prendre des valeurs comprises entre -1 et +1. La meilleure valeur que le MCC puisse atteindre est +1, qui correspond à une délimitation parfaite.

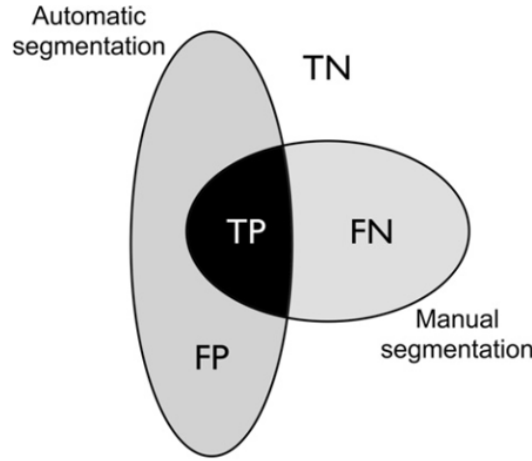


Figure 4.3 – Définition des grandeurs TP, FN, FP et TN en considérant une segmentation manuelle (de référence) et une segmentation automatique [\[131\]](#).

4.3.3.3 La distance de Hausdorff

Nous avons défini la distance de Hausdorff (HD) dans le [chapitre 3](#).

4.3.3.4 La sensibilité

Elle mesure la capacité à donner un résultat positif lorsqu’une hypothèse est vérifiée. Elle est donnée par l’expression suivante :

$$\text{Sensibilité} = \frac{|X \cap Y|}{|X|} = \frac{TP}{TP + FN} \quad (4.2)$$

Dans le contexte de la segmentation d’images et comme nous les avons définis dans le [chapitre 3](#), X représente la segmentation générée par le modèle de DL et Y représente la segmentation de référence.

4.3.3.5 La spécificité

Elle mesure la capacité à donner un résultat négatif lorsque l'hypothèse n'est pas vérifiée. Elle est donnée par l'expression suivante :

$$\text{Spécificité} = \frac{|\overline{X} \cap \overline{Y}|}{|\overline{X}|} = \frac{TN}{TN + FP} \quad (4.3)$$

Où $\overline{X}$ et $\overline{Y}$ correspondent aux volumes présents à l'extérieur des contours du masque de référence et des contours de la segmentation prédite par le modèle respectivement.

4.4 Résultats

Dans cette section, nous présentons les résultats obtenus de la segmentation des reins dans les images CT de la base de données 3D-IRCADb1 en utilisant le modèle U-Net. L'évaluation de cette segmentation est effectuée en utilisant les métriques d'évaluation présentées précédemment.

Les résultats obtenus dans cette étude sont également comparés à d'autres résultats obtenus par d'autres auteurs au cours de travaux récents.

Les figures 4.4 et 4.5 représentent les boîtes à moustaches des valeurs du DSC, du MCC, de la sensibilité et de la spécificité obtenues lors de la segmentation des reins gauche et droit respectivement. Ces résultats ont été obtenus sur le set de test.

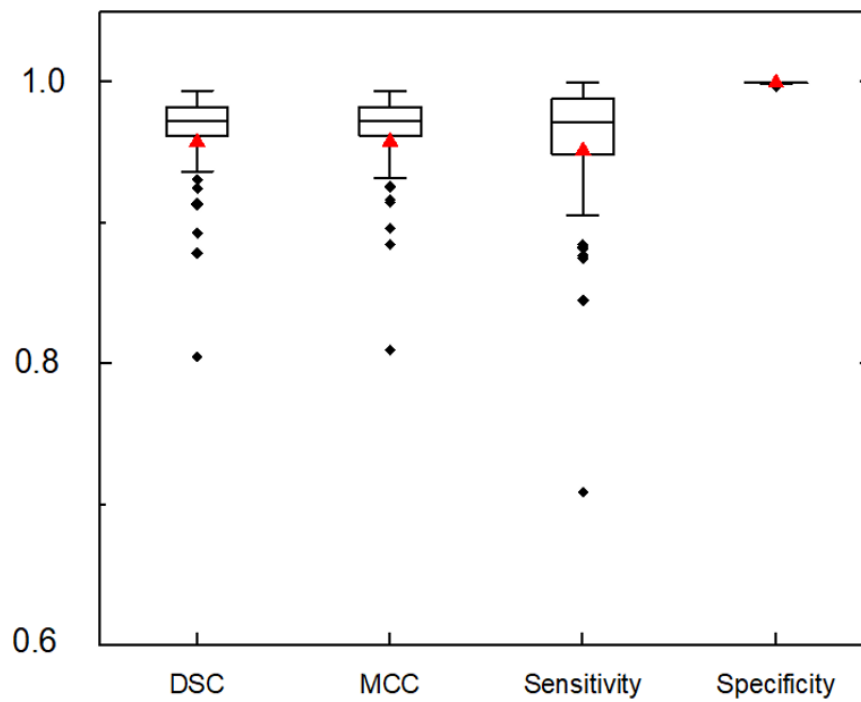


Figure 4.4 – Boîtes à moustaches des valeurs obtenues pour le DSC, le MCC, la sensibilité et la spécificité pour la segmentation du rein gauche. Les valeurs médianes et moyennes sont représentées par une ligne et un triangle plein respectivement.

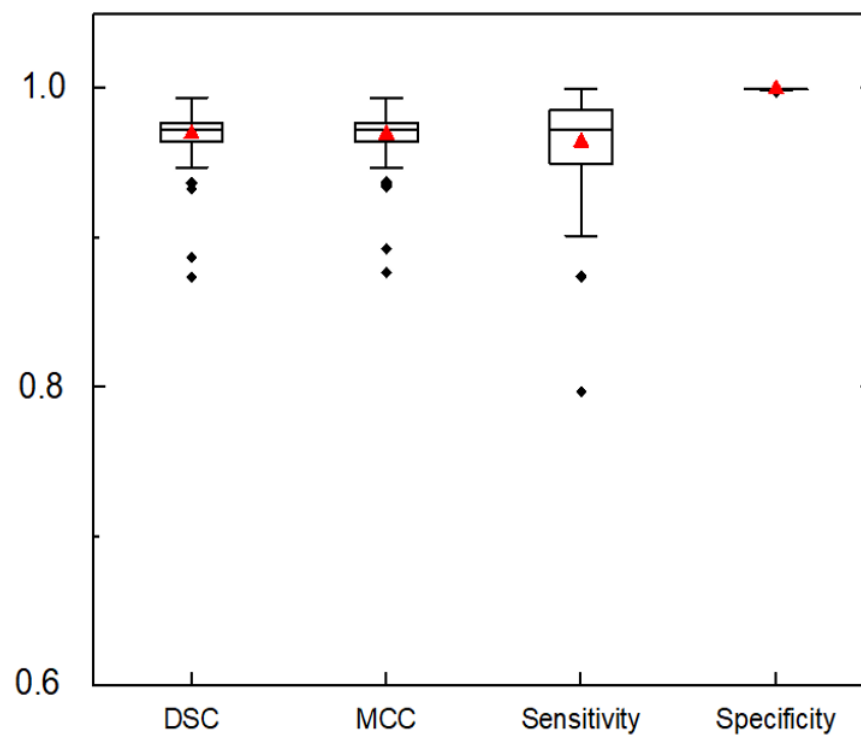


Figure 4.5 – Boîtes à moustaches des valeurs obtenues pour le DSC, le MCC, la sensibilité et la spécificité pour la segmentation du rein droit. Les valeurs médianes et moyennes sont représentées par une ligne et un triangle plein respectivement.

Les valeurs du DSC, du MCC, de la HD (en pixels), de la sensibilité et de la spécificité obtenues pour la segmentation des reins gauche et droit sont résumées dans le [tableau 4.3](#)

TABLEAU 4.3 – Valeurs médianes et écarts types du DSC, du MCC, de la HD (en pixels), de la sensibilité et de la spécificité pour la segmentation des reins gauche et droit.

Métrique	Rein gauche	Rein droit
DSC	0.9692 ± 0.0997	0.9703 ± 0.0175
MCC	0.9726 ± 0.1000	0.9720 ± 0.0172
HD	2.00 ± 0.57	2.00 ± 0.52
Sensitivity	0.9633 ± 0.1043	0.9650 ± 0.0295
Specificity	0.9997 ± 0.0003	0.9995 ± 0.0004

Quelques exemples de segmentation automatique des reins sont présentés en rouge dans la [figure 4.6](#) (rein gauche) et dans la [figure 4.7](#) (rein droit). La segmentation de référence est également représentée en bleu dans les deux figures.

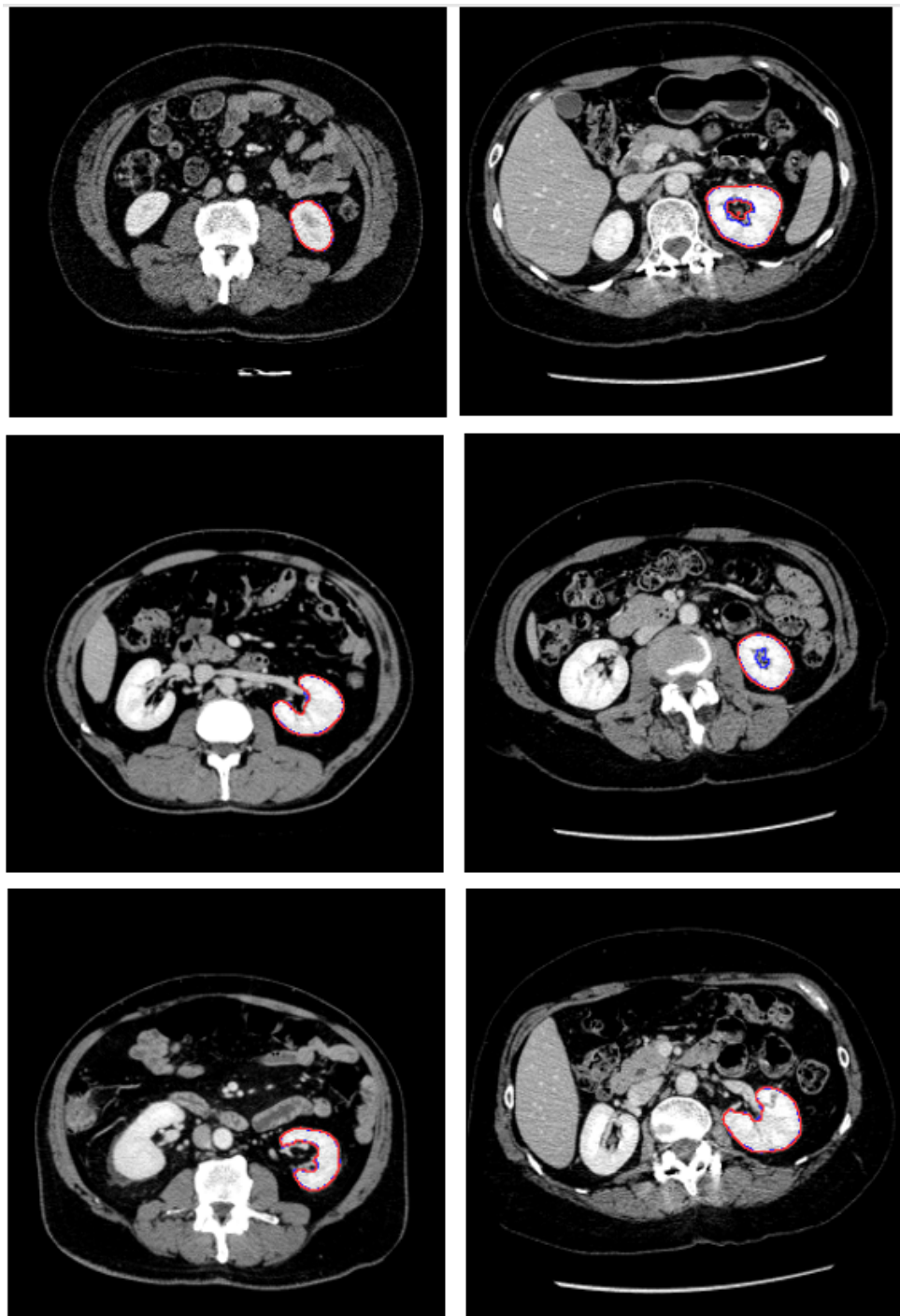


Figure 4.6 – Exemples de segmentation automatique (en rouge) et des segmentations de référence (en bleu) des images CT du rein gauche.

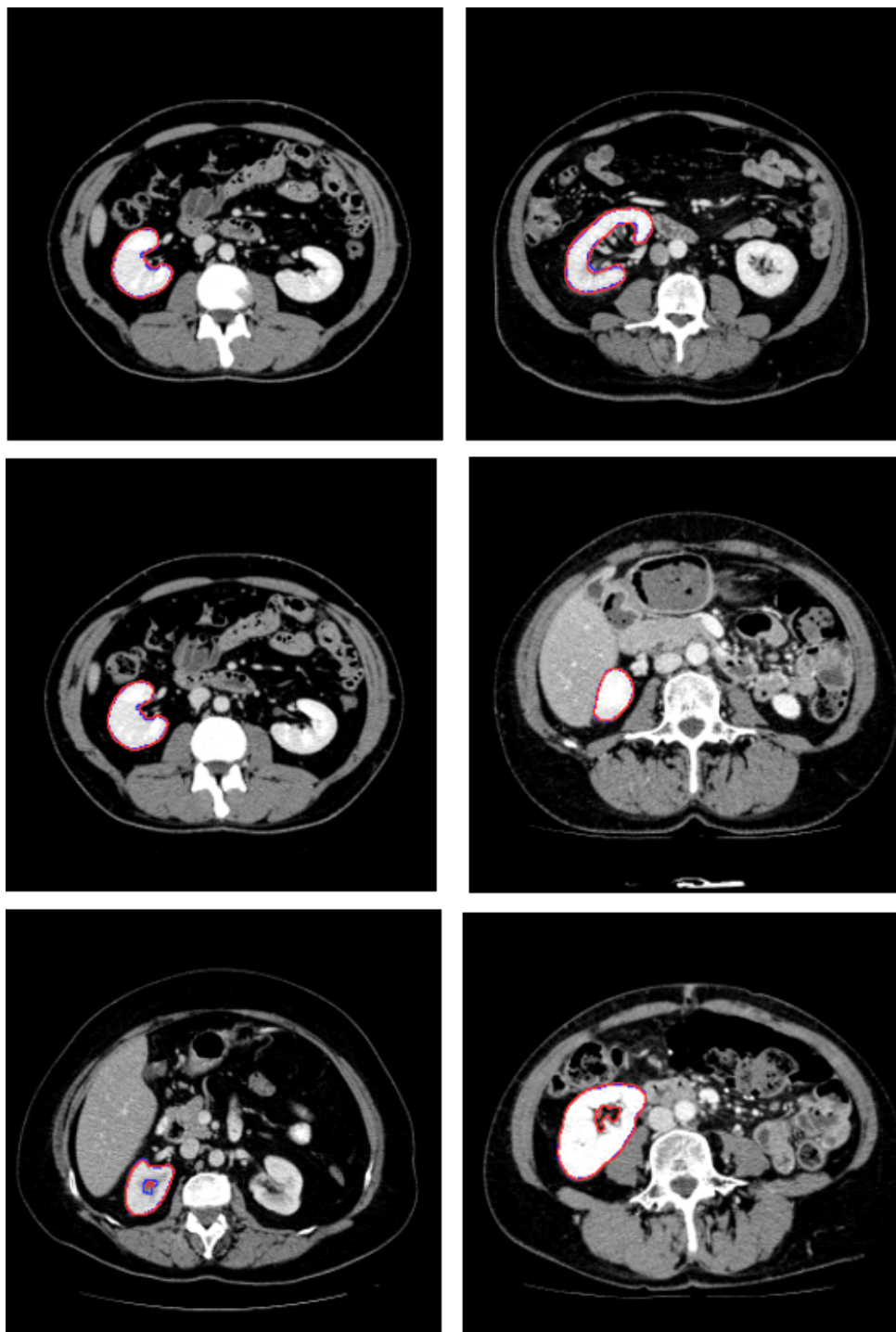


Figure 4.7 – Exemples de segmentation automatique (en rouge) et des segmentations de référence (en bleu) des images CT du rein droit.

4.5 Discussion

Les valeurs moyennes obtenues du DSC pour la segmentation des reins gauche et droit sont de 0.9575 ± 0.1002 et 0.9695 ± 0.0177 respectivement. Ces valeurs indiquent une bonne segmentation des reins dans les images CT. Les valeurs obtenues des autres métriques d'évaluation indiquent également une bonne correspondance entre notre segmentation et les segmentations de référence. Les valeurs moyennes du MCC, de la sensibilité, de la spécificité et de la HD, pour la segmentation des reins gauche et droit sont de 0.9577 ± 0.1000 et 0.9694 ± 0.0172 ; 0.9514 ± 0.1048 et 0.9642 ± 0.0297 ; $0.9997 \pm 4 \cdot 10^{-4}$ et $0.9997 \pm 4.36 \cdot 10^{-4}$; 2.165 ± 0.5718 et 2.0776 ± 0.5161 respectivement.

Par ailleurs, nous pouvons également constater une très bonne segmentation sur les images CT avec une bonne délimitation des reins dans les figures 4.6 et 4.7, où seules de légères corrections sont requises.

De nombreux auteurs se sont intéressés à la segmentation automatique des reins avec différents modèles de segmentation et en considérant des bases de données différentes. F. Khalifa et al. ont proposé une approche pour la segmentation 3D des reins sur des images CT dynamiques [132]. Ils ont utilisé une base de données collectée à partir de 20 sujets et ils ont obtenu une valeur du DSC de 0.9727 ± 0.0083 . Dans une autre étude, un modèle basé sur un CNN 3D, a été développé par Jackson et al. pour détecter les contours des reins sur des images CT [133]. Ils ont utilisé les images de 84 patients qu'ils ont augmentées pour l'entraînement et les images de 24 patients pour le test du modèle. Ils ont obtenu de bons résultats avec des valeurs du DSC de 0.91 ± 0.05 et 0.86 ± 0.18 pour les reins droit et gauche respectivement.

Dans une étude similaire, X. Xie et al. ont proposé un modèle SEResNeXT U-Net (SERU) pour la segmentation 2D des reins sur des images CT [134]. Ils ont utilisé la base de données proposée par le challenge KiTS19 [135] (210 cas pour l'entraînement et 90 cas pour le test). Ces auteurs ont obtenu des résultats intéressants avec une valeur du DSC de 0.9677 pour la segmentation des deux reins. Dans une étude récente, le modèle MSS U-Net a été présenté pour segmenter les reins ainsi que les tumeurs rénales sur des images CT [123]. Ce modèle a été testé sur les images du challenge KiTS19 donnant un DSC de 0.969, une sensibilité de 0.968 pour la segmentation des reins. F. Türk et al. ont développé un nouveau modèle hybride à partir du modèle déjà existant V-Net en améliorant les phases encodeur et décodeur [136]. Ils ont utilisé la base de données KiTS19. Le modèle proposé a donné des résultats prometteurs avec une valeur du DSC de 0.977. A. Dhere et al. ont également utilisé un modèle pour la segmentation des reins en utilisant la base de données du challenge KiTS19 [137]. Ces auteurs ont obtenu des valeurs du DSC de 0.93 pour la validation et 0.88 pour le test.

D'après le tableau 4.4, nous remarquons que les valeurs du DSC obtenues dans notre étude pour la segmentation des reins sont comparables aux valeurs obtenues récemment

dans la littérature en utilisant une autre base de données que la 3D-IRCADb1 et d'autres architectures pour la segmentation.

Ces résultats montrent qu'un modèle U-Net 2D peut être utilisé pour la segmentation des reins dans des images CT avec une bonne précision.

TABLEAU 4.4 – Comparaison des valeurs du DSC pour la segmentation des reins.

Auteurs	Année	DSC
F. Khalifa et al. [132]	2017	0.9727 ± 0.0083
P. Jackson et al. [133]	2018	0.9100 ± 0.0500 (Rein droit) 0.8600 ± 0.1800 (Rein gauche)
X. Xie et al. [134]	2020	0.9677
W. Zhao et al. [123]	2020	0.9690
Türk F et al. [136]	2020	0.9770
Dhere et al. [137]	2021	0.9310 (validation) 0.8800 (test)
Notre étude	2022	0.9575 ± 0.1002 (Rein gauche) 0.9695 ± 0.0177 (Rein droit))

4.6 Conclusion

Une délimitation précise des OARs est indispensable pour préparer un bon plan de traitement de radiothérapie externe. Dans ce chapitre, nous avons présenté une étude de la segmentation automatique des reins dans des images CT en utilisant un modèle 2D de Deep Learning. Nous avons décrit la base de données ainsi que les métriques d'évaluation que nous avons utilisées. Les résultats obtenus ont clairement montré que les reins peuvent être segmentés de façon précise sur des images CT avec un modèle U-Net 2D. Seules quelques corrections sont nécessaires. Ces résultats peuvent être améliorés avec l'utilisation d'une base de données plus importante pour l'entraînement.

Chapitre 5

Évaluation qualitative de la segmentation automatique d'organes dans des images CT pour un usage clinique

5.1 Introduction

La planification du traitement par radiothérapie nécessite une segmentation précise des volumes cibles cliniques (CTV) et des organes à risque (OAR). Cette étape est cruciale pour garantir que la dose prescrite soit correctement délivrée aux CTV tout en épargnant les OAR. Cependant, la délinéation des images de tomodensitométrie (CT) est souvent réalisée manuellement, ce qui la rend longue et fastidieuse [138, 139]. De plus, la délinéation manuelle est sujette à des variations inter- et intra-observateurs [104, 140]. Ces dernières années, divers algorithmes de contourage, basés sur l'intelligence artificielle (IA), ont été développés. Des résultats très prometteurs ont été obtenus pour la segmentation automatique des images médicales, en particulier grâce aux méthodes d'apprentissage profond (DL : Deep Learning) [109, 141, 142]. Cela a considérablement réduit le temps de contourage ainsi que la variabilité inter- et intra-observateurs [138, 143, 144].

Des métriques géométriques sont souvent utilisées pour évaluer les modèles de segmentation et comparer les résultats de délinéation obtenus (évaluation quantitative). Ces métriques reposent sur le chevauchement géométrique avec une segmentation de référence. Garcia et Domínguez ont passé en revue 17 métriques utilisées pour évaluer la segmentation d'images médicales [145], en soulignant leurs avantages et limites. Taha et Hanbury ont également présenté une étude autour de 20 métriques utilisées pour l'évaluation de la segmentation d'images médicales 3D. Ces auteurs ont fourni des recommandations pour choisir les métriques adaptées aux données et tâches spécifiques [146]. Plus récemment, Maier-Hein et al. ont discuté des défis liés à l'analyse d'images biomédicales, notamment la segmentation et l'enregistrement [147]. Leur étude a évalué 97 métriques, avec une moyenne de trois métriques par tâche. Ces auteurs ont noté que les classements dans les compétitions de segmentation dépendaient du choix des métriques et que les métriques les plus couramment utilisées étaient le coefficient de similarité de Dice

(DSC) et la distance de Hausdorff (HD). Avant leur mise en œuvre clinique dans le flux de travail en radiothérapie, les segmentations automatiques doivent être rigoureusement évaluées pour garantir leur fiabilité sur des données cliniques [148, 149, 150]. Diverses méthodes ont été proposées pour cette évaluation [151], incluant l'analyse dosimétrique sur les plans de traitement [152, 153], la mesure du temps de contourage [154, 155] et les évaluations qualitatives effectuées par des cliniciens [156, 157].

Dans cette étude, nous avons présenté une segmentation automatique de deux organes (foie et cerveau) sur des images CT à l'aide d'un modèle d'apprentissage profond [158]. Pour évaluer la performance du modèle, nous avons utilisé deux métriques géométriques couramment employées : le coefficient de similarité de Dice et la distance de Hausdorff. Une évaluation qualitative des segmentations a également été réalisée par trois cliniciens. Notre étude vise à examiner les corrélations entre ces métriques géométriques et les évaluations cliniques.

5.2 Matériels et méthodes

5.2.1 Base de données et préparation des données

Dans cette étude, nous avons utilisé la base de données publique CT-ORG [159], qui comprend 140 images CT, dont 9 images provenant d'examens PET-CT et 131 images CT dédiées. Sur ces images, les poumons, les os, le foie, les reins, la vessie et le cerveau sont segmentés. Les images sont sous le format NIfTI-1 et ont une résolution de 512×512 pixels. Pour préparer les données destinées au modèle d'apprentissage profond, un prétraitement rigoureux a été mis en place. Bien que le jeu de données initial contienne des images et des segmentations pour six organes, notre étude s'est concentrée sur la segmentation de deux organes : le foie et le cerveau. Dans un premier temps, le contraste des images CT a été ajusté afin d'améliorer la visibilité des organes cibles. Ensuite, les images et leurs segmentations correspondantes ont été normalisées entre 0 et 1 puis redimensionnées à une résolution de 256×256 pixels, en raison des limitations des ressources de calculs. De plus, compte tenu du nombre limité d'images du cerveau, une augmentation des données a été effectuée à l'aide de diverses transformations, incluant des rotations, des zooms et des translations. Enfin, les données prétraitées ont été divisées en trois ensembles : entraînement, validation et test.

5.2.2 Architecture

Dans cette étude, nous avons utilisé l'architecture U-Net pour la segmentation des images CT. Cette architecture, connue pour son efficacité dans les tâches de segmentation d'images médicales, a été décrite en détail dans le [chapitre 3](#).

5.2.3 Détails d'implémentation

Dans cette étude et comme cela a été fait pour la segmentation des images CT thoraciques ([chapitre 3](#)) et des images CT abdominales ([chapitre 4](#)), l'architecture U-Net a été implémentée sur la plateforme Google Colaboratory [122].

5.2.4 Métriques d'évaluation

Les métriques utilisées dans cette étude sont le coefficient de Dice et la distance de Hausdorff (HD), définies au [chapitre 3](#).

5.2.5 Évaluation clinique

Pour évaluer la pertinence et la précision des images segmentées par notre modèle d'apprentissage profond, des images CT ont été sélectionnées aléatoirement et ont été présentées à deux physiciens médicaux expérimentés. Ces derniers ont soigneusement évalué chaque image segmentée selon les critères suivants :

- **A** : Accepter le contour ; il est très précis.
- **B** : Accepter le contour ; il y a de petites erreurs, mais elles sont cliniquement insignifiantes.
- **C** : Ajuster le contour ; il y a des erreurs mineures qui nécessitent des ajustements.
- **D** : Ajuster le contour ; il y a des erreurs évidentes et significatives.

Chaque image a reçu deux évaluations. Les images ayant reçu des évaluations différentes par les deux physiciens médicaux, ont été présentées à un médecin radiothérapeute expérimenté qui a donné l'évaluation finale. Les segmentations classées dans les catégories A ou B ont été jugées cliniquement acceptables, tandis que celles des catégories C ou D ont été considérées comme nécessitant des ajustements avant d'être adaptées à une application clinique.

5.2.6 Résultats

Dans cette section, nous présentons les résultats des évaluations quantitatives et qualitatives de la segmentation automatique de deux organes sur des images CT. L'objectif de notre étude était d'examiner les corrélations entre ces évaluations. Pour chaque organe (foie et cerveau), le modèle U-Net a été entraîné et utilisé pour délimiter les organes sur les images CT. Les valeurs du coefficient de Dice et de la distance de Hausdorff ont ensuite été calculées. De plus, une évaluation qualitative de la segmentation a été réalisée par les cliniciens, comme indiqué dans le paragraphe précédent. Dans le [tableau 5.1](#), nous présentons le nombre d'images dans chaque catégorie : N(A), N(B), N(C) et N(D) et pour chaque organe étudié. Ces résultats sont également visualisés dans la [figure 5.1](#) sous forme de pourcentages relatifs au nombre total d'images évaluées pour chaque organe.

Organes	N(A)	N(B)	N(C)	N(D)	Total
Foie	147	31	8	4	190
Cerveau	37	9	17	8	71

TABLEAU 5.1 – Nombre d'images pour chaque catégorie d'évaluation qualitative pour les segmentations du foie et du cerveau, telles qu'évaluées par les cliniciens.

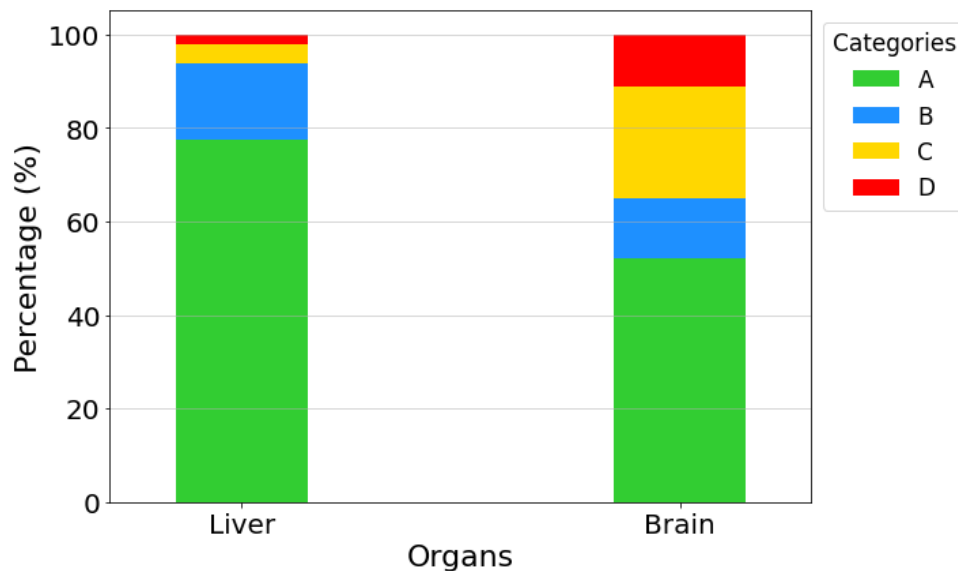


Figure 5.1 – Résultats par catégorie de l'évaluation qualitative des segmentations du foie et du cerveau.

Les figures 5.2 et 5.3 représentent les boîtes à moustaches du coefficient de Dice et de la distance de Hausdorff (en pixels) pour chaque catégorie, correspondant respectivement aux segmentations du foie et du cerveau. Les valeurs médianes et les écarts-types du DSC et de la HD (en pixels) pour les catégories A, B, C, D et l'ensemble des catégories sont fournies dans les tableaux 5.2 et 5.3, respectivement pour les segmentations du foie et du cerveau.

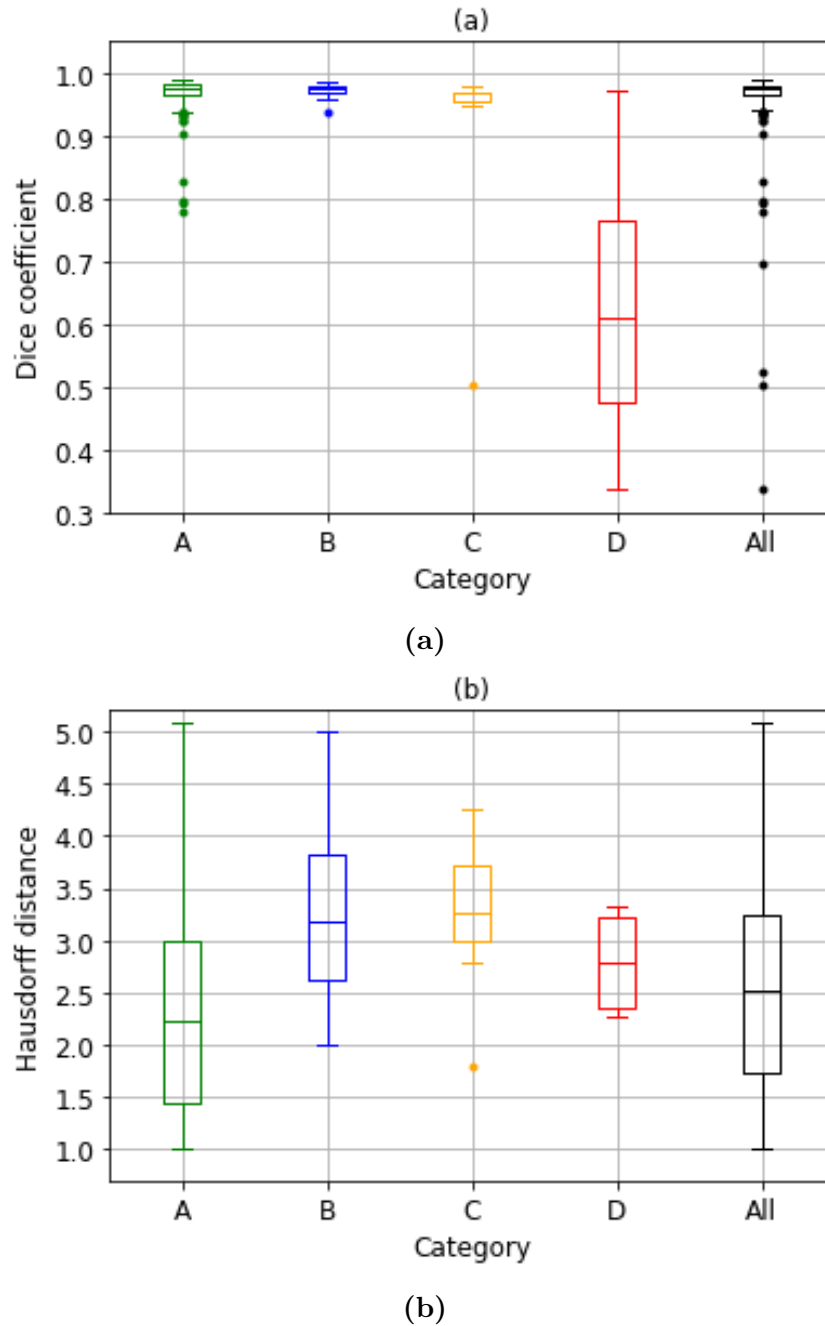


Figure 5.2 – Boîtes à moustaches des valeurs du coefficient de Dice (a) et de la distance de Hausdorff (b) pour les catégories A, B, C, D et l'ensemble des catégories pour la segmentation du foie. Les valeurs médianes sont représentées par une ligne à l'intérieur de chaque boîte

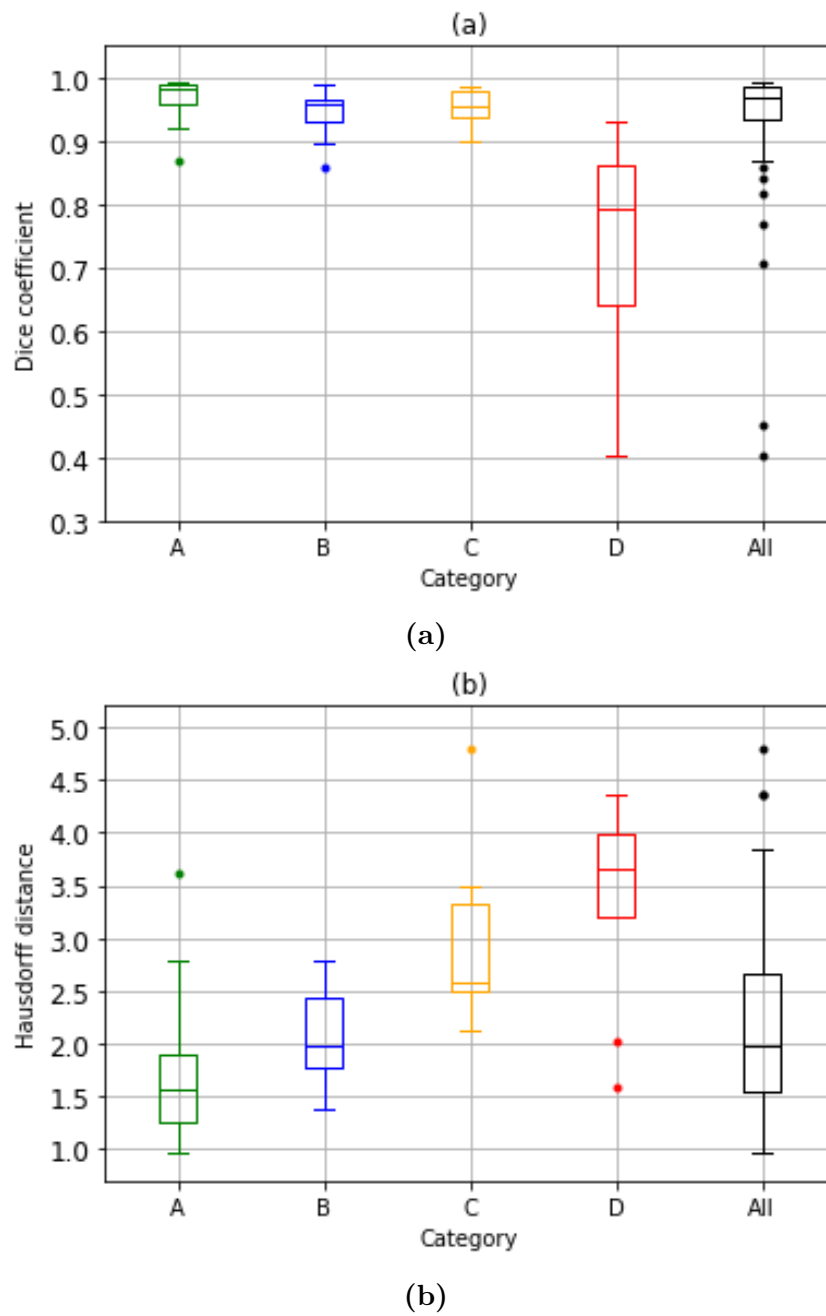


Figure 5.3 – Boîtes à moustaches des valeurs du coefficient de Dice (a) et de la distance de Hausdorff (b) pour les catégories A, B, C, D et l'ensemble des catégories pour la segmentation du cerveau. Les valeurs médianes sont représentées par une ligne à l'intérieur de chaque boîte.

Organes	A	B	C	D	Toutes les catégories
Foie	0.976 ± 0.032	0.975 ± 0.010	0.967 ± 0.163	0.608 ± 0.270	0.974 ± 0.073
Cerveau	0.982 ± 0.027	0.958 ± 0.042	0.956 ± 0.029	0.793 ± 0.202	0.967 ± 0.102

TABLEAU 5.2 – Valeurs médianes et écarts-types du coefficient Dice (DSC) pour les catégories A, B, C, D et l'ensemble des catégories pour les segmentations du foie et du cerveau.

Organes	A	B	C	D	Toutes les catégories
Foie	2.222 ± 1.003	3.182 ± 0.808	3.263 ± 0.755	2.777 ± 0.538	2.519 ± 1.017
Cerveau	1.561 ± 0.558	1.984 ± 0.485	2.574 ± 0.658	3.649 ± 1.032	1.984 ± 0.917

TABLEAU 5.3 – Valeurs médianes et écarts-types de la distance de Hausdorff (en pixels) pour les catégories A, B, C, D et l'ensemble des catégories pour les segmentations du foie et du cerveau.

Les figures 5.4 et 5.5 représentent les valeurs de la distance de Hausdorff (en pixels) en fonction du coefficient de Dice pour les différentes catégories A, B, C et D issues de l'évaluation qualitative des segmentations du foie et du cerveau, respectivement.

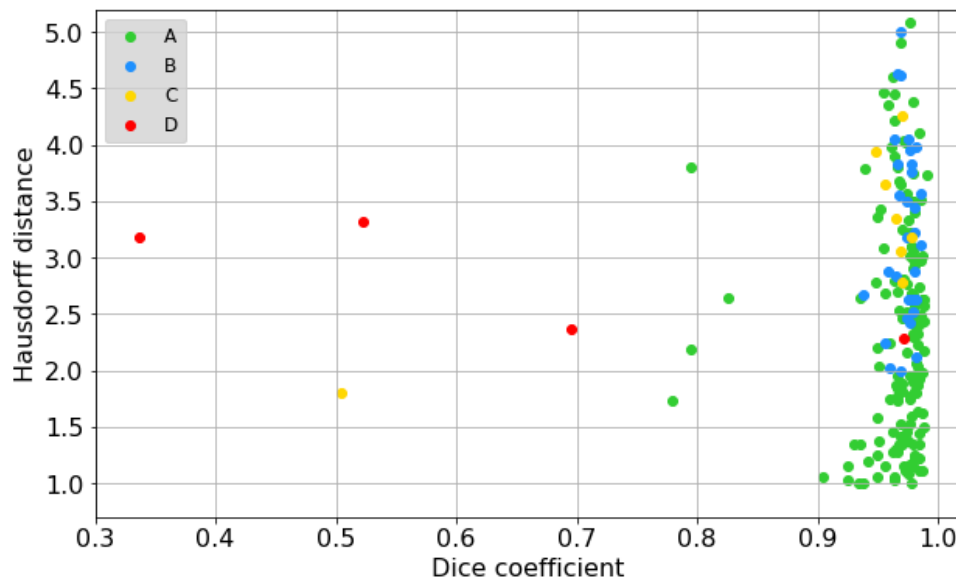


Figure 5.4 – Valeurs de la distance de Hausdorff en fonction du coefficient Dice pour les différentes catégories A, B, C et D pour l'évaluation qualitative de la segmentation du foie.

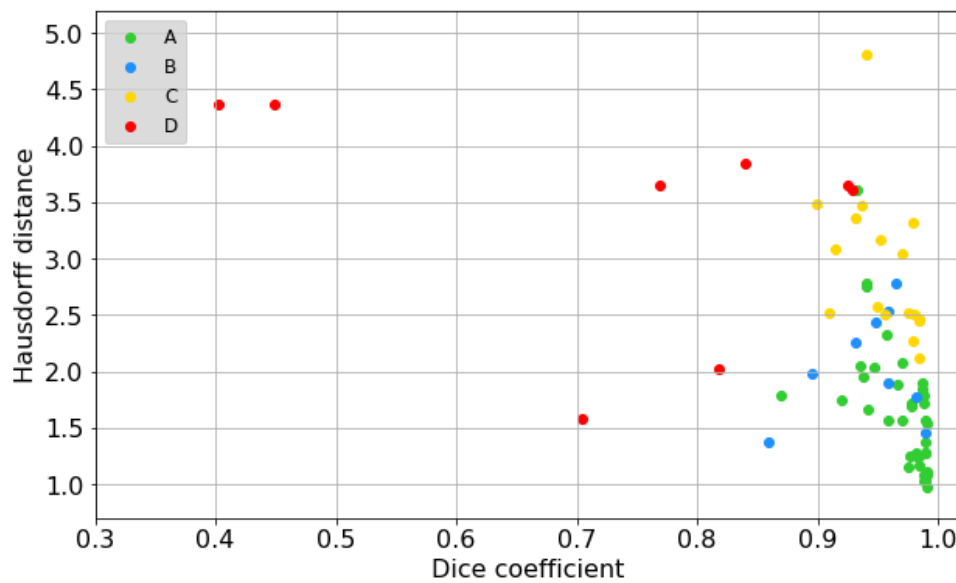


Figure 5.5 – Valeurs de la distance de Hausdorff en fonction du coefficient Dice pour les différentes catégories A, B, C et D pour l'évaluation qualitative de la segmentation du cerveau.

5.3 Discussion

Les résultats de l'évaluation qualitative réalisée par les cliniciens pour les segmentations du foie et du cerveau sont présentés par catégorie dans le 5.1 et la 5.1. Le nombre d'images appartenant aux catégories A et B (c'est-à-dire celles qui ont été bien segmentées ou nécessitant de petites corrections avant une utilisation clinique) est $N(A)+N(B)=178$ pour le foie, ce qui correspond à un taux de 93.68 %. Cela illustre l'efficacité du modèle U-Net pour la délimitation du foie sur les images CT. Des résultats similaires ont été obtenus par Cardenas et al. pour l'évaluation qualitative de la segmentation des volumes cibles (CTV) chez les patients atteints de cancers de la tête et du cou [160]. Des évaluations qualitatives par des cliniciens ont également montré que la segmentation d'organes du pelvis masculin dans des images cone-beam CT et CT à l'aide de modèles d'apprentissage profond était cliniquement acceptable [90]. Cependant, le taux pour le cerveau est de 64.79 %. Cette valeur s'explique par le nombre relativement réduit d'images CT du cerveau dans l'ensemble de données par rapport aux autres organes. Il est bien connu qu'un nombre suffisant d'images est essentiel pour l'entraînement du modèle afin d'assurer une bonne délimitation des organes. Bien que l'augmentation des données ait été appliquée aux images du cerveau dans notre étude, cela a probablement été insuffisant pour entraîner pleinement le modèle U-Net.

Les boîtes à moustaches des valeurs du coefficient de Dice et de la distance de Hausdorff (HD) pour chaque catégorie sont présentées dans les figures 5.2 et 5.3 pour le foie et le cerveau, respectivement. Les valeurs médianes et les écarts-types correspondants sont fournis dans les tableaux 5.2 et 5.3. Pour tous les organes, la valeur médiane du Dice diminue progressivement en passant de la catégorie A à B, puis à C. Pour la catégorie D, cette réduction est plus marquée. Cette tendance a également été rapportée par d'autres auteurs [156]. De même, la valeur médiane de la HD augmente de la catégorie A à C. La valeur de HD pour la catégorie D était plus élevée que celle de la catégorie C pour le cerveau, mais elle était plus faible pour le foie.

La variation des valeurs de la distance de Hausdorff (en pixels) en fonction du coefficient de Dice pour les différentes catégories (A, B, C et D) sont présentés dans les figures 5.4 et 5.5 pour les segmentations du foie et du cerveau, respectivement. Pour les deux organes, on peut observer qu'un sous-ensemble d'images tomodensitométriques de la catégorie A est constitué de cas présentant des valeurs élevées du Dice, généralement comprises entre 0.9 et 1. Pour la catégorie A, les valeurs de HD tendent à être inférieures à celles des autres catégories. En outre, la valeur de HD augmente à mesure que le rang de la catégorie passe de A à B, puis à C. Une valeur de HD plus élevée correspond généralement à une moins bonne segmentation, même si la valeur du Dice reste proche

de la médiane (figures 5.4 et 5.5). Il est clair que certaines images CT segmentées ont des valeurs du Dice très proches de 1 mais appartiennent à des catégories de segmentation moins bien classées telles que C ou D. Dans de tels cas, la valeur de HD est le facteur clé qui détermine la catégorie de l'organe segmenté. Par conséquent, la valeur du Dice seule est insuffisante pour déterminer la catégorie d'une image CT. Par exemple, les images avec des scores du Dice de 0.978 ou 0.970 (pour le foie) et de 0.985 ou 0.980 (pour le cerveau) appartiennent à la catégorie C. Inversement, certaines images CT segmentées avec des valeurs du Dice proches de 1 mais avec des valeurs HD élevées (supérieures à la valeur médiane) appartiennent à la catégorie A (par exemple, valeurs HD du foie entre 4 et 5 pixels, valeurs HD du cerveau supérieures à 2.33 pixels).

De plus, il n'y a pas de séparation nette entre les images segmentées des catégories A, B et C dans les figures 5.4 et 5.5. Certaines images segmentées ont des valeurs du Dice et de HD très similaires mais appartiennent à des catégories différentes : A, B ou C. Pour le foie, cela correspond, par exemple, à des images caractérisées par : (Dice = 0.977; HD = 3.221, catégorie A), (Dice = 0.980; HD = 3.221, catégorie B) et (Dice = 0.978; HD=3.182, catégorie C). Pour le cerveau, cela correspond à des images caractérisées par : (Dice = 0.957; HD = 2.332, catégorie A), (Dice=0.958; HD=2.537, catégorie B) et (Dice = 0.956; HD = 2.500, catégorie C). Ainsi, sur la base de ces résultats, il est clair que dans certains cas, les métriques Dice et HD ne permettent pas de déterminer de manière fiable la catégorie de l'organe segmenté telle qu'elle est déterminée par les cliniciens.

En général, les images classées dans la catégorie D sont caractérisées soit par une faible valeur du Dice par rapport à la médiane, soit par un bon score du Dice associé à une valeur de HD élevée. Cela suggère que, dans certains cas, les métriques du Dice et de HD restent de bons indicateurs pour évaluer la qualité de la segmentation. Cependant, comme le montrent nos résultats, se baser uniquement sur ces métriques peut être insuffisant dans des cas limites. Des résultats similaires ont été obtenus dans des études précédentes [151, 152, 153, 154]. Ces auteurs ont montré que les métriques d'évaluation géométrique ne sont pas toujours bien corrélées avec l'applicabilité clinique. Dans [156], van den Oever et al. ont présenté une étude sur la segmentation automatique des coupes cardiaques CT, où cinq métriques ont été évaluées qualitativement par trois radiologues. Les auteurs ont suggéré que les valeurs moyennes des métriques (comme le coefficient de Dice) pourraient ne pas prédire avec précision l'utilité clinique.

5.4 Conclusion

Dans cette étude, nous avons utilisé un modèle d'apprentissage profond pour segmenter deux organes (foie et cerveau) sur des images CT. Afin d'évaluer la performance du modèle, nous avons utilisé deux métriques couramment employées : le coefficient de similarité de Dice et la distance de Hausdorff. De plus, nous avons réalisé une évaluation qualitative des segmentations automatiques, au cours de laquelle trois cliniciens ont évalué l'acceptabilité clinique des résultats du modèle. Notre objectif était d'examiner les corrélations entre ces métriques géométriques et les résultats des évaluations cliniques.

Malgré le nombre limité d'images segmentées et évaluées qualitativement, nous avons constaté que les métriques de Dice et de HD sont généralement des indicateurs fiables de l'utilité clinique, car la majorité des images classées en catégorie A (organes bien segmentés) présentaient de bons scores du Dice et de faibles valeurs de HD. Cependant, certains cas ont montré que des segmentations avec de bons scores du Dice et de HD nécessitaient tout de même des corrections avant une utilisation clinique, ce qui implique que ces métriques seules ne sont pas toujours suffisantes pour capturer pleinement les erreurs cliniquement pertinentes.

Dans les travaux futurs, il serait intéressant d'élargir cette étude en incluant davantage d'images et d'organes pour l'évaluation qualitative. Il serait également important d'impliquer plusieurs cliniciens dans l'évaluation des segmentations automatiques et de s'assurer que les cliniciens réalisant les évaluations sont les mêmes que ceux ayant réalisé les segmentations utilisées lors de l'entraînement du modèle. Enfin, explorer d'autres métriques d'évaluation au-delà du Dice et de la HD pourrait fournir une évaluation plus complète.

Nos résultats soulignent la nécessité de développer des méthodes d'évaluation plus pertinentes sur le plan clinique. Comme mentionné dans l'étude de K.Mackay et al. [161], des méthodologies de validation standardisées pour les systèmes de contourage automatique sont essentielles et devraient constituer une priorité dans les recherches futures afin de garantir des modèles de segmentation robustes et applicables en clinique.

Conclusions et Perspectives

La segmentation des volumes cibles et des organes à risque, dans les images CT, représente une étape fondamentale pour le bon déroulement d'un traitement de radiothérapie. Durant cette étape, ces volumes sont délimités sur les images anatomiques du patient. Cette opération est réalisée manuellement par des experts et est donc très chronophage et peut également souffrir de variations inter-observateurs.

Durant ces dernières années, des outils de l'intelligence artificielle ont vu le jour grâce au développement des moyens de calcul ainsi qu'à la disponibilité d'un grand nombre de données cliniques. Ces modèles d'IA ont donné des résultats concluants pour la segmentation des images médicales.

Dans cette thèse, nous avons présenté les différentes méthodes qui permettent la segmentation des images y compris les méthodes basées sur l'intelligence artificielle. Nous avons également présenté les applications de l'intelligence artificielle dans les différentes étapes de la radiothérapie.

Les travaux présentés dans cette thèse concernent, dans un premier temps, la segmentation du volume cible CTV, du cœur et des poumons sur des images CT d'une base de données publique en utilisant trois modèles différents de Deep Learning. Nous avons procédé à la comparaison et à l'évaluation de ces modèles en se basant sur des métriques d'évaluation. Par ailleurs, nous avons effectué la segmentation des reins sur des images CT d'une autre base de données publique. Nous avons évalué ces segmentations en utilisant plusieurs métriques et nous avons effectué une comparaison de nos résultats à ceux obtenus par d'autres auteurs.

Dans la dernière partie de cette thèse, nous avons utilisé le U-Net pour segmenter le foie et le cerveau sur des images CT d'une base de données publique. L'évaluation de la segmentation a été effectuée en utilisant le coefficient de Dice et la distance de Hausdorff. De plus, une évaluation qualitative a été effectuée par des cliniciens afin d'évaluer l'acceptabilité clinique des résultats de la segmentation automatique et d'étudier les corrélations entre les métriques géométriques et les évaluations cliniques.

Il convient de souligner les limitations méthodologiques de ce travail : l'étude s'est appuyée exclusivement sur des bases de données publiques, sans accès à des données cliniques institutionnelles pour validation en conditions réelles. Par ailleurs, les moyens de calcul disponibles ont limité l'exploration de modèles plus complexes et l'évaluation à grande échelle, contraignant l'utilisation d'architectures simples.

Ces travaux offrent différentes perspectives qui nous paraissent très intéressantes, à savoir :

- Segmenter des images d'autres modalités d'imagerie (IRM, PET scan ...).
- Segmenter des organes plus petits (tâche plus délicate).
- Utiliser d'autres modèles de Deep Learning.
- Implémenter ces modèles de DL dans des services de radiothérapie.

Bibliographie

- [1] Geoffroy Rivet-Sabourin. Méthodes de segmentation d'images médicales basées sur la fusion d'information clinique : application à l'ouverture de la valve aortique et à la réalisation des contours de la prostate. 2009.
- [2] Dzung Pham, Chenyang Xu, and Jerry Prince. A survey of current methods in medical image segmentation. *Annual review of biomedical engineering*, 2 :315–37, 2000.
- [3] Neeraj Sharma and Lalit Aggarwal. Automated medical image segmentation techniques. *Journal of medical physics/ Association of Medical Physicists of India*, 35 :3–14, 2010.
- [4] Zom Goldstein, Xavier Bresson, and Stanley Osher. Geometric applications of the split bregman method : Segmentation and surface reconstruction. *J. Sci. Comput.*, 45 :272–293, 2010.
- [5] Maedeh Fasihi and Wasfy Mikhael. Overview of current biomedical image segmentation methods. pages 803–808, 2016.
- [6] Gregory Sharp, Karl Fritscher, Vladimir Pekar, Marta Peroni, Nadya Shusharina, Harini Veeraraghavan, and Jinzhong Yang. Vision 20/20 : Perspectives on automated image segmentation for radiotherapy. *Medical physics*, 41 :050902, 2014.
- [7] Limei Shuai, Wei Zou, Nan Hu, Xin Gao, and JiaJun Wang. An advanced w-shaped network with adaptive multi-scale supervision for osteosarcoma segmentation. *Biomedical Signal Processing and Control*, 80 :104243, 2023.
- [8] Nida Zaitoun and Musbah Aqel. Survey on image segmentation techniques. *Procedia Computer Science*, 65 :797–806, 2015.
- [9] Geert Litjens, Thijs Kooi, Babak Ehteshami Bejnordi, Arnaud Arindra Adiyoso Setio, Francesco Ciompi, Mohsen Ghafoorian, Jeroen A.W.M. van der Laak, Bram van Ginneken, and Clara I. Sánchez. A survey on deep learning in medical image analysis. *Medical Image Analysis*, 42 :60–88, 2017.
- [10] Muhammad Imran Razzak, Saeeda Naz, and Ahmad Zaib. *Deep learning for medical image processing : Overview, challenges and the future*. Springer, 2017.
- [11] Andreas Maier, Christopher Syben, Tobias Lasser, and Christian Riess. A gentle introduction to deep learning in medical image processing. *Zeitschrift für Medizinische Physik*, 29(2) :86–101, 2019.

-
- [12] Lei Cai, Jingyang Gao, and Di Zhao. A review of the application of deep learning in medical image classification and segmentation. *Annals of Translational Medicine*, 8 :713–713, 2020.
- [13] Alan Turing. *Computing Machinery and Intelligence*, volume LIX, pages 433–460. 1950.
- [14] Laurent Bocker, Claire Fazilleau, and David Naudin. L’intelligence artificielle en médecine : intérêts et limites. *Oxymag*, 32 :8–13, 2019.
- [15] Arthur Samuel. Some studies in machine learning using the game of checkers. ii—recent progress. *IBM Journal of Research and Development*, 3 :206 – 226, 2000.
- [16] Tom M Mitchell. *Machine learning*, volume 1. McGraw-hill New York, 1997.
- [17] Stephen Marsland. *Machine Learning : An Algorithmic Perspective*. 2014.
- [18] Hang Wu, Li Tong, and May D. Wang. Improving multi-class classification for endomicroscopic images by semi-supervised learning. In *2017 IEEE EMBS International Conference on Biomedical Health Informatics (BHI)*, pages 5–8, 2017.
- [19] Xinyuan Chen, Kuo Men, Yexiong Li, Junlin Yi, and Jianrong Dai. A feasibility study on an automated method to generate patient-specific dose distributions for radiotherapy using deep learning. *Medical Physics*, 46(1) :56–64, 2019.
- [20] Mingzhe Hu, Jiahan Zhang, Luke Matkovic, Tian Liu, and Xiaofeng Yang. Reinforcement learning in medical image analysis : Concepts, applications, challenges, and future directions. *Journal of Applied Clinical Medical Physics*, 24(2) :e13898, 2023.
- [21] M. Mermillod. *Réseaux de neurones biologiques et artificiels : Vers l’émergence de systèmes artificiels conscients ?* Neurosciences et cognition. De Boeck supérieur, 2016.
- [22] Frank Rosenblatt. The perceptron : A probabilistic model for information storage and organization in the brain. *Psychol. Review*, 65 :386 – 408, 1958.
- [23] Ian Goodfellow, Yoshua Bengio, and Aaron Courville. *Deep Learning*. MIT Press, 2016. <http://www.deeplearningbook.org>.
- [24] R. Rajeev, J. A. Samath, and N. K. Karthikeyan. An intelligent recurrent neural network with long short-term memory (lstm) based batch normalization for medical image denoising. *Journal of Medical Systems*, 43 :234, 2019.

-
- [25] Yufan He, Aaron Carass, Lianrui Zuo, Blake E. Dewey, and Jerry L. Prince. Autoencoder based self-supervised test-time adaptation for medical image analysis. *Medical Image Analysis*, 72 :102136, 2021.
- [26] Jiwoong J. Jeong, Amara Tariq, Tobiloba Adejumo, Hari Trivedi, Judy W. Gichoya, and Imon Banerjee. Systematic review of generative adversarial networks (gans) for medical image classification and segmentation. *Journal of Digital Imaging*, 35(2) :137–152, 2022.
- [27] Xin Yi, Ekta Walia, and Paul Babyn. Generative adversarial network in medical imaging : A review. *Medical Image Analysis*, 58 :101552, 2019.
- [28] Siyi Xun, Dengwang Li, Hui Zhu, Min Chen, Jianbo Wang, Jie Li, Meirong Chen, Bing Wu, Hua Zhang, Xiangfei Chai, Zekun Jiang, Yan Zhang, and Pu Huang. Generative adversarial networks in medical image segmentation : A review. *Computers in Biology and Medicine*, 140 :105063, 2022.
- [29] Baiying Lei, Zaimin Xia, Feng Jiang, Xudong Jiang, Zongyuan Ge, Yanwu Xu, Jing Qin, Siping Chen, Tianfu Wang, and Shuqiang Wang. Skin lesion segmentation via generative adversarial networks with dual discriminators. *Medical Image Analysis*, 64 :101716, 2020.
- [30] Jiwoong Jeong, Amara Tariq, Tobiloba Adejumo, Hari Trivedi, Judy Gichoya, and Imon Banerjee. Systematic review of generative adversarial networks (gans) for medical image classification and segmentation. *Journal of Digital Imaging*, 35, 2022.
- [31] Dwarikanath Mahapatra, Bhavna Josephine Antony, Suman Sedai, and Rahil Garnavi. Deformable medical image registration using generative adversarial networks. *2018 IEEE 15th International Symposium on Biomedical Imaging (ISBI 2018)*, pages 1449–1453, 2018.
- [32] Alex Krizhevsky, Ilya Sutskever, and Geoffrey E Hinton. Imagenet classification with deep convolutional neural networks. In F. Pereira, C.J. Burges, L. Bottou, and K.Q. Weinberger, editors, *Advances in Neural Information Processing Systems*, volume 25. Curran Associates, Inc., 2012.
- [33] K Simonyan and A Zisserman. Very deep convolutional networks for large-scale image recognition. *3rd International Conference on Learning Representations (ICLR 2015)*, pages 1–14, 2015.
- [34] Jonathan Long, Evan Shelhamer, and Trevor Darrell. Fully convolutional networks for semantic segmentation. *CoRR*, abs/1411.4038, 2014.

-
- [35] Christian Szegedy, Wei Liu, Yangqing Jia, Pierre Sermanet, Scott E. Reed, Dragomir Anguelov, Dumitru Erhan, Vincent Vanhoucke, and Andrew Rabinovich. Going deeper with convolutions. *CoRR*, abs/1409.4842, 2014.
 - [36] Christian Szegedy, Vincent Vanhoucke, Sergey Ioffe, Jon Shlens, and Zbigniew Wojna. Rethinking the inception architecture for computer vision. In *2016 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, pages 2818–2826, 2016.
 - [37] Vijay Badrinarayanan, Alex Kendall, and Roberto Cipolla. Segnet : A deep convolutional encoder-decoder architecture for image segmentation. *CoRR*, abs/1511.00561, 2015.
 - [38] Liang-Chieh Chen, George Papandreou, Iasonas Kokkinos, Kevin Murphy, and Alan L. Yuille. Deeplab : Semantic image segmentation with deep convolutional nets, atrous convolution, and fully connected crfs. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 40(4) :834–848, 2018.
 - [39] Liang-Chieh Chen, Yukun Zhu, George Papandreou, Florian Schroff, and Hartwig Adam. Encoder-decoder with atrous separable convolution for semantic image segmentation. *CoRR*, abs/1802.02611, 2018.
 - [40] Konstantinos Kamnitsas, Enzo Ferrante, Sarah Parisot, Christian Ledig, Aditya Nori, Antonio Criminisi, Daniel Rueckert, and Ben Glocker. Deepmedic for brain tumor segmentation. pages 138–149, 2016.
 - [41] Olaf Ronneberger, Philipp Fischer, and Thomas Brox. U-net : Convolutional networks for biomedical image segmentation. *CoRR*, abs/1505.04597, 2015.
 - [42] Md. Eshmam Rayed, S.M. Sajibul Islam, Sadia Islam Niha, Jamin Rahman Jim, Md Mohsin Kabir, and M.F. Mridha. Deep learning for medical image segmentation : State-of-the-art advancements and challenges. *Informatics in Medicine Unlocked*, 47 :101504, 2024.
 - [43] Fausto Milletari, Nassir Navab, and Seyed-Ahmad Ahmadi. V-net : Fully convolutional neural networks for volumetric medical image segmentation. *CoRR*, abs/1606.04797, 2016.
 - [44] Zongwei Zhou, Md Mahfuzur Rahman Siddiquee, Nima Tajbakhsh, and Jianming Liang. Unet++ : A nested u-net architecture for medical image segmentation. *CoRR*, abs/1807.10165, 2018.
 - [45] Ozan Oktay, Jo Schlemper, Loïc Le Folgoc, Matthew C. H. Lee, Mattias P. Heinrich, Kazunari Misawa, Kensaku Mori, Steven G. McDonagh, Nils Y. Hammerla,

- Bernhard Kainz, Ben Glocker, and Daniel Rueckert. Attention u-net : Learning where to look for the pancreas. *CoRR*, abs/1804.03999, 2018.
- [46] Fabian Isensee, Jens Petersen, André Klein, David Zimmerer, Paul F. Jaeger, Simon Kohl, Jakob Wasserthal, Gregor Köhler, Tobias Norajitra, Sebastian J. Wirkert, and Klaus H. Maier-Hein. nnu-net : Self-adapting framework for u-net-based medical image segmentation. *CoRR*, abs/1809.10486, 2018.
- [47] Aida Hussein, Walaa Abd-Elhafiez, Elnomery Zanaty, and Mohamed Hussein. Medical image segmentation using deep learning : Review. *Aswan University Journal of Sciences and Technology*, 3 :87–108, 2023.
- [48] Ian J. Goodfellow, Jean Pouget-Abadie, Mehdi Mirza, Bing Xu, David Warde-Farley, Sherjil Ozair, Aaron Courville, and Yoshua Bengio. Generative adversarial networks, 2014.
- [49] Liang-Chieh Chen, George Papandreou, Iasonas Kokkinos, Kevin Murphy, and Alan L. Yuille. Semantic image segmentation with deep convolutional nets and fully connected crfs, 2016.
- [50] Liang-Chieh Chen, George Papandreou, Florian Schroff, and Hartwig Adam. Rethinking atrous convolution for semantic image segmentation. *CoRR*, abs/1706.05587, 2017.
- [51] Liang-Chieh Chen, George Papandreou, Florian Schroff, and Hartwig Adam. Rethinking atrous convolution for semantic image segmentation. 2017.
- [52] Liang-Chieh Chen, Yukun Zhu, George Papandreou, Florian Schroff, and Hartwig Adam. Encoder-decoder with atrous separable convolution for semantic image segmentation. 2018.
- [53] Jieneng Chen, Yongyi Lu, Qihang Yu, Xiangde Luo, Ehsan Adeli, Yan Wang, Le Lu, Alan L Yuille, and Yuyin Zhou. Transunet : Transformers make strong encoders for medical image segmentation. *arXiv preprint arXiv :2102.04306*, 2021.
- [54] Organisation mondiale de la Santé, 2020. <https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/cancer>.
- [55] Global Cancer Observatory, Cancer today, 2023. Accessed on 20 July 2022 <https://gco.iarc.fr/today/home>.
- [56] Katherine Virgo, Robert Nam, Mark Somerfield, Edgar Ben-Josef, David Mendelson, Richard Middleton, Stewart Sharp, Thomas Smith, James Talcott, Maryellen Taplin, Nicholas Vogelzang, James Wade, Charles Bennett, and Howard

- Scher. Initial hormonal management of androgen-sensitive metastatic, recurrent, or progressive prostate cancer : 2007 update of an american society of clinical oncology practice guideline. *Journal of clinical oncology : official journal of the American Society of Clinical Oncology*, 25 :1596–605, 2007.
- [57] Ernesto Cordeiro, Xavier Cathelineau, Stefan Thueroff, Michael Marberger, Sebastien Crouzet, and Jean Rosette. High-intensity focused ultrasound (hifu) for definitive treatment of prostate cancer. *BJU international*, 110 :1228–42, 2012.
- [58] Taimur Shah, Hashim U. Ahmed, Abi Kanthabalan, Benjamin Lau, Maneesh Ghei, Barry Maraj, and Manit Arya. Focal cryotherapy of localized prostate cancer : A systematic review of the literature. *Expert review of anticancer therapy*, 14 :1337–47, 2014.
- [59] Ignacy Kaliszewski and Janusz Miroforidis. Evolutionary multiobjective optimization for intensity modulated radiation therapy. 10 :82–92, 2015.
- [60] Maurice Tubiana. *Radiobiologie*. Hermann, Paris, 2008.
- [61] International Commission on Radiation Units and Measurements. *Prescribing, Recording, and Reporting Photon Beam Therapy*. Number 50. ICRU, 1993.
- [62] International Commission on Radiation Units and Measurements. *Prescribing, Recording, and Reporting Photon-Beam Intensity-Modulated Radiation Therapy (IMRT)*. Number 62. ICRU, 1999.
- [63] Ervin Podgorsak. Radiation oncology physics : A handbook for teachers and students. *Medical Physics*, 33 :1920–, 2006.
- [64] Nadia Octave. *La radiothérapie adaptative et guidée par imagerie avec la technologie Cone-Beam CT : mise en oeuvre en vue du traitement de la prostate*. PhD thesis, 2015. Thèse de doctorat dirigée par Berry, Isabelle et Duthil, Christine Radio-physique et imagerie médicale Toulouse 3 2015.
- [65] Ingrid Chauvet. *Contrôle de qualité et mise en oeuvre d’un logiciel de planification inversé pour la radiothérapie conformationnelle avec modulation d’intensité*. PhD thesis, 2004. Thèse de doctorat dirigée par Rosenwald, Jean-Claude Physique radiologique et médicale Toulouse 3 2004.
- [66] Eric LENNERTS and Philippe COUCKE. La radiothérapie : le parcours du patient, de l’information au traitement. *Revue Médicale de Liège*, 69(Supp 1) :3–8, 2014.
- [67] Société Française de Radiothérapie Oncologique. *Guide des procédures de radiothérapie externe 2007*. Société Française de Radiothérapie Oncologique, 2007.

-
- [68] Guangqi Li, Xin Wu, and Xuelei Ma. Artificial intelligence in radiotherapy. *Seminars in Cancer Biology*, 86, 2022.
- [69] Dorea Maria Khalal and Hacene Azizi. Applications of artificial intelligence in radiation therapy. In *Proceedings of the 1st International Conference and School on Radiation Imaging (ICSRI-2021)*, pages 20–24, 2021.
- [70] Samuel Armato III, Karen Drukker, Feng Li, Lubomir Hadjiiski, Georgia Tourassi, Roger Engelmann, Maryellen Giger, George Redmond, Keyvan Farahani, Justin Kirby, and Laurence Clarke. Lungx challenge for computerized lung nodule classification. *Journal of medical imaging (Bellingham, Wash.)*, 3 :044506, 2016.
- [71] Kai-Lung Hua, Che-Hao Hsu, Shintami Hidayati, Wen-Huang Cheng, and Yu-Jen Chen. Computer-aided classification of lung nodules on computed tomography images via deep learning technique. *OncoTargets and therapy*, 8 :2015–22, 2015.
- [72] Issa Ali, Gregory R. Hart, Gowthaman Gunabushanam, Ying Liang, Wazir Muhammad, Bradley Nartowt, Michael Kane, Xiaomei Ma, and Jun Deng. Lung nodule detection via deep reinforcement learning. *Frontiers in Oncology*, 8, 2018.
- [73] Mary Feng, Gilmer Valdes, Nayha Dixit, and Timothy Solberg. Machine learning in radiation oncology : Opportunities, requirements, and needs. *Frontiers in Oncology*, 8, 2018.
- [74] Fei Jiang, Yong Jiang, Hui Zhi, Yi Dong, Hao Li, Sufeng Ma, Yilong Wang, Qiang Dong, Haipeng Shen, and Yongjun Wang. Artificial intelligence in healthcare : past, present and future. *Stroke and Vascular Neurology*, 2(4) :230–243, 2017.
- [75] Elizabeth Huynh, Ahmed Hosny, Christian Guthier, Danielle Bitterman, Steven Petit, Daphne Haas-Kogan, Benjamin Kann, Hugo Aerts, and Raymond Mak. Artificial intelligence in radiation oncology. *Nature Reviews Clinical Oncology*, 17 :1–11, 2020.
- [76] Dan Nguyen, Troy Long, Xun Jia, Weiguo Lu, Xuejun Gu, Zohaib Iqbal, and Steve Jiang. A feasibility study for predicting optimal radiation therapy dose distributions of prostate cancer patients from patient anatomy using deep learning. *Scientific Reports*, 9 :1076, 2019.
- [77] Paweł Czajkowski and Tomasz Piotrowski. Registration methods in radiotherapy. *Reports of Practical Oncology and Radiotherapy*, 24 :28–34, 2018.
- [78] Rui Liao, Shun Miao, Pierre Tournemire, Sasa Grbic, Ali Kamen, Tommaso Mansi, and Dorin Comaniciu. An artificial agent for robust image registration. *Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence*, 31, 2016.

-
- [79] Guorong Wu, Minjeong Kim, Qian Wang, Brent Munsell, and Dinggang Shen. Scalable high performance image registration framework by unsupervised deep feature representations learning. *IEEE Transactions on Biomedical Engineering*, 63 :1–1, 2015.
- [80] Benjamin Hou, Bishesh Khanal, Amir Alansary, Steven McDonagh, Alice Davidson, Mary Rutherford, Jo Hajnal, Daniel Rueckert, Ben Glocker, and Bernhard Kainz. 3-d reconstruction in canonical co-ordinate space from arbitrarily oriented 2-d images. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, PP, 2017.
- [81] Xu Han, Jun Hong, Marsha Reyngold, Christopher Crane, John Cuaron, Carla Hajj, Justin Mann, Melissa Zinovoy, Hastings Greer, Ellen Yorke, Gig Mageras, and Marc Niethammer. Deep-learning-based image registration and automatic segmentation of organs-at-risk in cone-beam ct scans from high-dose radiation treatment of pancreatic cancer. *Medical Physics*, 48, 2021.
- [82] Koen Eppenhof and Josien Pluim. Error estimation of deformable image registration of pulmonary ct scans using convolutional neural networks. *Journal of Medical Imaging*, 5 :1, 2018.
- [83] Jan Steene, Nadine Linthout, Johan De Mey, Vincent Vinh-Hung, Cornelia Claassens, Arjan Bel, and Guy Storme. Definition of gross tumor volume in lung cancer : Inter-observer variability. *Radiotherapy and oncology : journal of the European Society for Therapeutic Radiology and Oncology*, 62 :37–49, 2002.
- [84] Yunfeng Cui, Wenzhou Chen, feng-ming Kong, Lindsey Olsen, Ronald Beatty, Peter Maxim, Timothy Ritter, Jason Sohn, Jane Higgins, James Galvin, and Ying Xiao. Contouring variations and the role of atlas in non-small cell lung cancer radiation therapy : Analysis of a multi-institutional preclinical trial planning study. *Practical Radiation Oncology*, 5, 2014.
- [85] Jinhan Zhu, Yimei Liu, Jun Zhang, Yixuan Wang, and Chen Lixin. Preliminary clinical study of the differences between interobserver evaluation and deep convolutional neural network-based segmentation of multiple organs at risk in ct images of lung cancer. *Frontiers in Oncology*, 9, 2019.
- [86] Li Lin, Qi Dou, Yue-Ming Jin, Guan-Qun Zhou, Yi-Qiang Tang, Wei-Lin Chen, Bao-An Su, Feng Liu, Chang-Juan Tao, Ning Jiang, Jun-Yun Li, Ling-Long Tang, Chuan-Miao Xie, Shao-Min Huang, Pheng-Ann Heng, Joseph Wee, Melvin Chua, Hao Chen, and Y. Sun. Deep learning for automated contouring of primary tumor volumes by mri for nasopharyngeal carcinoma. *Radiology*, 291 :182012, 2019.

-
- [87] Christopher Kelly. Rapid advances in auto-segmentation of organs at risk and target volumes in head and neck cancer. *Radiotherapy and Oncology*, 135, 2019.
- [88] Mariano Cabezas, Arnau Oliver, Xavier Llado, Jordi Freixenet, and Meritxell Bach Cuadra. A review of atlas-based segmentation for magnetic resonance brain images. *Computer methods and programs in biomedicine*, 104 :e158–77, 2011.
- [89] Devis Peressutti, Bas Schipaanboord, J Soest, T Lustberg, W Elmpt, Timor Kadir, André Dekker, and M Gooding. Tu-ab-202-10 : How effective are current atlas selection methods for atlas-based auto-contouring in radiotherapy planning ? *Medical Physics*, 43 :3738–3739, 2016.
- [90] Jan Schreier2020, Angelo Genghi, Hannu Laaksonen, Tomasz Morgas, and Benjamin Haas. Clinical evaluation of a full-image deep segmentation algorithm for the male pelvis on cone-beam ct and ct. *Radiotherapy and oncology : journal of the European Society for Therapeutic Radiology and Oncology*, 145 :1–6, 2019.
- [91] Yongzhou Lu, Jinqiu Lin, Sheng Chen, Hui He, and Yuantao Cai. Automatic tumor segmentation by means of deep convolutional u-net with pre-trained encoder in pet images. *IEEE Access*, PP :1–1, 2020.
- [92] Mark Savenije, Matteo Maspero, Gonda Sikkes, Jochem Zyp, Alexis Kotte, Gijsbert Bol, and Cornelis Berg. Clinical implementation of mri-based organs-at-risk auto-segmentation with convolutional networks for prostate radiotherapy. *Radiation Oncology*, 15, 2020.
- [93] Jason Chan, Vasant Kearney, Samuel Haaf, Susan Wu, Madeleine Bogdanov, Mariah Reddick, Nayha Dixit, Atchar Sudhyadhom, Jiangfei Chen, Sue Yom, and Timothy Solberg. A convolutional neural network algorithm for automatic segmentation of head and neck organs-at-risk using deep lifelong learning. *Medical Physics*, 46, 2019.
- [94] Jiawei Fan, Jiazhou Wang, Zhi Chen, Chaosu Hu, Zhen Zhang, and Weigang Hu. Automatic treatment planning based on three-dimensional dose distribution predicted from deep learning technique. *Medical Physics*, 46, 2018.
- [95] Savino Cilla, Anna Ianaro, Carmela Romano, Francesco Deodato, Gabriella Macchia, Milly Buwenge, Nicola Dinapoli, Luca Boldrini, Alessio Morganti, and Vincenzo Valentini. Template-based automation of treatment planning in advanced radiotherapy : a comprehensive dosimetric and clinical evaluation. *Scientific Reports*, 10 :423, 2020.
- [96] Gilmer Valdes, R. Scheuermann, C. Hung, A. Olszanski, Marc Bellerive, and T. Solberg. A mathematical framework for virtual imrt qa using machine learning. *Medical Physics*, 43 :4323–4334, 2016.

-
- [97] Seiji Tomori, Noriyuki Kadoya, Yoshiki Takayama, Tomohiro Kajikawa, Katsumi Shima, Kakutarou Narazaki, and Keiichi Jingu. A deep learning-based prediction model for gamma evaluation in patient-specific quality assurance. *Medical Physics*, 45, 2018.
- [98] Alexander Osman and Nabil Maalej. Applications of machine and deep learning to patient- specific imrt/vmat quality assurance. *Journal of Applied Clinical Medical Physics*, 22 :1–17, 2021.
- [99] Daniel Low, William Harms, Sasa Mutic, and James Purdy. A technique for the quantitative evaluation of dose distributions. *Medical physics*, 25 :656–61, 1998.
- [100] Landon Wootton, Matthew Nyflot, Wanpracha Chaovalitwongse, and Eric Ford. Error detection in imrt quality assurance using radiomic analysis of gamma distributions. *International Journal of Radiation Oncology*Biological*Physics*, 102, 2018.
- [101] Nicholas Potter, Karl Mund, Jacqueline Andreozzi, Jonathan Li, Chihray Liu, and Guoqiang Yan. Error detection and classification in patient-specific imrt qa with dual neural networks. *Medical Physics*, 47, 2020.
- [102] Satoshi Kida, Takahiro Nakamoto, Masahiro Nakano, Kanabu Nawa, Akihiro Haga, Jun’ichi Kotoku, Hideomi Yamashita, and Keiichi Nakagawa. Cone beam computed tomography image quality improvement using a deep convolutional neural network. *Cureus*, 10, 2018.
- [103] Hui Lin, Chengyu Shi, Brian Wang, Maria Chan, Xiaoli Tang, and Wei Ji. Towards real-time respiratory motion prediction based on long short-term memory neural networks. *Physics in Medicine and Biology*, 64, 2019.
- [104] Leo Joskowicz, D. Cohen, N. Caplan, and Jacob Sosna. Inter-observer variability of manual contour delineation of structures in ct. *European Radiology*, 29, 2018.
- [105] X Li, An Tai, Douglas Arthur, Thomas Buchholz, Shannon Macdonald, Lawrence Marks, Jean Moran, Lori Pierce, Rachel Rabinovitch, Alphonse Taghian, Frank Vicini, Wendy Woodward, and Julia White. Variability of target and normal structure delineation for breast cancer radiotherapy : An rtog multi-institutional and multiobserver study. *International journal of radiation oncology, biology, physics*, 73 :944–51, 2009.
- [106] David Pasquier, Laurent Peyrodie, Fabrice Denis, Y. Pointreau, G. Béra, and Eric Lartigau. Segmentation automatique des images pour la planification dosimétrique en radiothérapie. *Cancer Radiotherapie - CANCER RADIOTHER*, 14, 2010.
- [107] J. Mazurier, Gwenaëlle Sidorski, Baptiste Pichon, B. Pinel, G. Jimenez, O. Gallocher, Jérémy Camilleri, N. Mathy, D. Marre, D. Zarate, Y. Marty, V. Connord, and Igor Latorzeff. Apport d’algorithmes de délination et de planification basés sur l’intelligence

- artificielle pour la radiothérapie du cancer de la prostate. *Cancer/Radiothérapie*, 24 :781, 2020.
- [108] Min Seo Choi, Byeong Choi, Seung Chung, Kim Nalee, Jaehee Chun, Yong Kim, Jee Suk Chang, and Jin Kim. Clinical evaluation of atlas- and deep learning-based automatic segmentation of multiple organs and clinical target volumes for breast cancer. *Radiotherapy and oncology : journal of the European Society for Therapeutic Radiology and Oncology*, 153, 2020.
- [109] Seung Chung, Jee Suk Chang, Min Seo Choi, Yongjin Chang, Byong Choi, Jaehee Chun, Ki Keum, Jin Kim, and Yong Kim. Clinical feasibility of deep learning-based auto-segmentation of target volumes and organs-at-risk in breast cancer patients after breast-conserving surgery. *Radiation Oncology*, 16, 2021.
- [110] Takafumi Nemoto, Natsumi Futakami, Masamichi Yagi, Atsuhiko Kumabe, Atsuya Takeda, Etsuo Kunieda, and Naoyuki Shigematsu. Efficacy evaluation of 2d, 3d u-net semantic segmentation and atlas-based segmentation of normal lungs excluding the trachea and main bronchi. *Journal of radiation research*, 61, 2020.
- [111] Dorea Maria Khalal, Abderaouf Behouch, Nabil Maalej, and Hacene Azizi. Automatic segmentation of thoracic ct images using three deep learning models. *Cancer/Radiothérapie*, 26, 2022.
- [112] Mohammad Rezaei, Ahmad Mohammadbeigi, Karim Khoshgard, and Abbas Haghparast. Ct images and radiotherapy treatment planning of patients with breast cancer : A dataset. *Data in Brief*, 13, 2017.
- [113] Liangliang Liu, Jianhong Cheng, Quan Quan, Fang-Xiang Wu, Yu-Ping Wang, and Jianxin Wang. A survey on u-shaped networks in medical image segmentations. *Neurocomputing*, 409, 2020.
- [114] Vladimir Iglovikov and Alexey Shvets. Terausnet : U-net with vgg11 encoder pre-trained on imagenet for image segmentation. 2018.
- [115] Jia Deng, Wei Dong, Richard Socher, Li-Jia Li, Kai Li, and Li Fei-Fei. Imagenet : A large-scale hierarchical image database. In *2009 IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*, pages 248–255, 2009.
- [116] Carvana image masking challenge. <https://www.kaggle.com/c/carvana-image-masking-challenge>.
- [117] Debesh Jha, Pia Smedsrud, Michael Riegler, Dag Johansen, Thomas de Lange, Pål Halvorsen, Håvard Dagenborg, and Simulamet. Resunet++ : An advanced architecture for medical image segmentation. 2019.

-
- [118] Zhengxin Zhang and Qingjie Liu. Road extraction by deep residual u-net. *IEEE Geoscience and Remote Sensing Letters*, PP, 2017.
 - [119] L.R. Dice. Dice, l.r. : Measures of the amount of ecologic association between species. *ecology* 26(3), 297-302. *Ecology*, 26, 1944.
 - [120] Jiahao Wang, Yuanyuan Chen, Hongling Xie, Lumeng Luo, and Qiu Tang. Evaluation of auto-segmentation for ebrt planning structures using deep learning-based workflow on cervical cancer. *Scientific Reports*, 12, 2022.
 - [121] Haiqun Xing, Xin Zhang, Yingbin Nie, Sicong Wang, Tong Wang, Hongli Jing, and Fang Li. A deep learning-based post-processing method for automated pulmonary lobe and airway trees segmentation using chest ct images in pet/ct. *Quantitative Imaging in Medicine and Surgery*, 12, 2022.
 - [122] Tiago Pessoa, Raul Medeiros, Thiago Nepomuceno, Gui-Bin Bian, V.H.C. Albuquerque, and Pedro Pedrosa Filho. Performance analysis of google colab as a tool for accelerating deep learning applications. *IEEE Access*, PP :1–1, 2018.
 - [123] Liang Zhao. 3d densely connected convolution neural networks for pulmonary parenchyma segmentation from ct images. *Journal of Physics : Conference Series*, 1631 :012049, 2020.
 - [124] Qinhua Hu, Luís Souza, Gabriel Holanda, Shara Alves, Francisco Silva, Tao Han, and Pedro Pedrosa Filho. An effective approach for ct lung segmentation using mask region-based convolutional neural networks. *Artificial Intelligence in Medicine*, 103 :101792, 2020.
 - [125] Roger Trullo, Caroline Petitjean, Su Ruan, Bernard Dubray, D. Nie, and D. Shen. Segmentation of organs at risk in thoracic ct images using a sharpmask architecture and conditional random fields. volume 2017, pages 1003–1006, 2017.
 - [126] Jan Schreier, Francesca Attanasi, and Hannu Laaksonen. A full-image deep segmenter for ct images in breast cancer radiotherapy treatment. *Frontiers in Oncology*, 9, 2019.
 - [127] Rosana el Jurdi, Caroline Petitjean, Paul Honeine, and Fahed Abdallah. Bb-unet : U-net with bounding box prior. *IEEE Journal of Selected Topics in Signal Processing*, PP :1–1, 2020.
 - [128] Kuo Men, Tao Zhang, Xinyuan Chen, Bo Chen, Yu Tang, Shulian Wang, Yexiong Li, and Jianrong Dai. Fully automatic and robust segmentation of the clinical target volume for radiotherapy of breast cancer using big data and deep learning. *Physica Medica*, 50 :13–19, 2018.
 - [129] Dorea Maria Khalal, Nabil Maalej, and Hacene Azizi. Automatic segmentation of kidneys in computed tomography images using u-net. *Cancer/Radiothérapie*, 27(2) :109–114, 2023.

-
- [130] IRCAD Research Center. 3d ircadb liver tumor segmentation dataset. <https://www.ircad.fr/research/data-sets/liver-segmentation-3d-ircadb-01/>.
- [131] Aurelie Isambert, Frédéric Dhermain, François Bidault, Olivier Commowick, Pierre-Yves Bondiau, Grégoire Malandain, and Dimitri Lefkopoulos. Evaluation of an atlas-based automatic segmentation software for the delineation of brain organs at risk in a radiation therapy clinical context. *Radiotherapy and oncology : journal of the European Society for Therapeutic Radiology and Oncology*, 87 :93–9, 2008.
- [132] Fahmi Khalifa, Ahmed Soliman, Adel Elmaghraby, Georgy Gimel’farb, and Ayman El-Baz. 3d kidney segmentation from abdominal images using spatial-appearance models. *Computational and Mathematical Methods in Medicine*, 2017 :1–10, 2017.
- [133] Price Jackson, Nicholas Hardcastle, Noel Dawe, Tomas Kron, Michael Hofman, and Rodney Hicks. Deep learning renal segmentation for fully automated radiation dose estimation in unsealed source therapy. *Frontiers in Oncology*, 8 :215, 2018.
- [134] Xiuzhen Xie, Lei Li, Sheng Lian, Shaohao Chen, and Zhiming Luo. Seru : A cascaded se-resnext u-net for kidney and tumor segmentation : Na. *Concurrency and Computation : Practice and Experience*, 32 :e5738, 2020.
- [135] KITS19 Organizing Committee. Kits19 kidney tumor segmentation dataset. <https://kits19.grandchallenge.org/data/>.
- [136] Fuat Türk, Murat Lüy, and Necaattin Barışçı. Kidney and renal tumor segmentation using a hybrid v-net-based model. *Mathematics*, 8 :1772, 2020.
- [137] Abhinav Dhere and Jayanthi Sivaswamy. Self-supervised learning for segmentation. *CoRR*, abs/2101.05456, 2021.
- [138] Tim Lustberg, Johan van Soest, Mark Gooding, Devis Peressutti, Paul Aljabar, Judith van der Stoep, Wouter van Elmpt, and Andre Dekker. Clinical evaluation of atlas and deep learning based automatic contouring for lung cancer. *Radiotherapy and Oncology*, 126(2) :312–317, 2018.
- [139] J. van der Veen, S. Willems, S. Deschuymer, D. Robben, W. Crijs, F. Maes, and S. Nuyts. Benefits of deep learning for delineation of organs at risk in head and neck cancer. *Radiotherapy and Oncology*, 138 :68–74, 2019.
- [140] Gloria P Mazzara, Robert P Velthuisen, James L Pearlman, Harvey M Greenberg, and Henry Wagner. Brain tumor target volume determination for radiation treatment planning through automated mri segmentation. *International Journal of Radiation Oncology*Biophysics*, 59(1) :300–312, 2004.

- [141] Carlos E. Cardenas, Jinzhong Yang, Brian M. Anderson, Laurence E. Court, and Kristy B. Brock. Advances in auto-segmentation. *Seminars in Radiation Oncology*, 29(3) :185–197, 2019. Adaptive Radiotherapy and Automation.
- [142] Sheng-Yao Huang, Wen-Lin Hsu, Ren-Jun Hsu, and Dai-Wei Liu. Fully convolutional network for the semantic segmentation of medical images : A survey. *Diagnostics*, 12 :2765, 2022.
- [143] Reza Kalantar, Gigin Lin, Jessica Winfield, Christina Messiou, Susan Lalondrelle, Matthew Blackledge, and Dow-Mu Koh. Automatic segmentation of pelvic cancers using deep learning : State-of-the-art approaches and challenges. *Diagnostics*, 11 :1964, 2021.
- [144] Gabriele Palazzo, Paola Mangili, Chiara Deantoni, Andrei Fodor, Sara Broggi, Roberta Castriconi, Maria Ubeira-Gabellini, Antonella Vecchio, Nadia Di Muzio, and Claudio Fiorino. Real-world validation of artificial intelligence-based computed tomography auto-contouring for prostate cancer radiotherapy planning. *Physics and Imaging in Radiation Oncology*, 28 :100501, 2023.
- [145] Vicente García, Humberto Ochoa, and Boris Mederos. Analysis of discrepancy metrics used in medical image segmentation. *IEEE Latin America Transactions*, 13 :235–240, 2015.
- [146] Abdel Aziz Taha and Allan Hanbury. Metrics for evaluating 3d medical image segmentation : Analysis, selection, and tool. *BMC Medical Imaging*, 15, 2015.
- [147] Lena Maier-Hein, Matthias Eisenmann, Annika Reinke, Sinan Onogur, Marko Stankovic, Patrick Scholz, Tal Arbel, Hrvoje Bogunović, Andrew Bradley, Aaron Carass, Carolin Feldmann, Alejandro Frangi, Peter Full, Bram Ginneken, Allan Hanbury, Katrin Honauer, Michal Kozubek, Bennett Landman, Keno März, and Annette Kopp-Schneider. Why rankings of biomedical image analysis competitions should be interpreted with care. *Nature Communications*, 9, 2018.
- [148] Vincenzo Valentini, Luca Boldrini, Andrea Damiani, and Ludvig Muren. Recommendations on how to establish evidence from auto-segmentation software in radiotherapy. *Radiotherapy and Oncology*, 112, 2014.
- [149] Vandewinckele Liesbeth, Claessens Michaël, Anna Dinkla, Charlotte Brouwer, Crijns Wouter, Verellen Dirk, and van Wouter. Overview of artificial intelligence-based applications in radiotherapy : Recommendations for implementation and quality assurance. *Radiotherapy and oncology : journal of the European Society for Therapeutic Radiology and Oncology*, 153, 2020.

- [150] Jan Schreier, Angelo Genghi, Hannu Laaksonen, Tomasz Morgas, and Benjamin Haas. Clinical evaluation of a full-image deep segmentation algorithm for the male pelvis on cone-beam ct and ct. *Radiotherapy and oncology : journal of the European Society for Therapeutic Radiology and Oncology*, 145 :1–6, 2019.
- [151] Michael Sherer, Diana Lin, Sharif Elguindi, Simon Duke, Li Tee Tan, Jon Cacicedo, Max Dahele, and Erin Gillespie. Metrics to evaluate the performance of auto-segmentation for radiation treatment planning : A critical review. *Radiotherapy and Oncology*, 160, 2021.
- [152] Femke Vaassen, Colien Hazelaar, Richard Canters, Stephanie Peeters, Steven Petit, and Wouter Elmpt. The impact of organ-at-risk contour variations on automatically generated treatment plans for nsclc. *Radiotherapy and Oncology*, 163, 2021.
- [153] Noémie Johnston, Jeffrey Rycke, Yolande Lievens, Marc Eijkeren, Jan Aelterman, Eva Vandersmissen, Stephan Ponte, and Barbara Vanderstraeten. Dosimetric evaluation of convolutional neural network-based auto-segmentation of thoracic organs at risk. *Physics and Imaging in Radiation Oncology*, 23, 2022.
- [154] Elaine Cha, Sharif Elguindi, Ifeanyirochukwu Onochie, Daniel Gorovets, Joseph Deasy, Michael Zelefsky, and Erin Gillespie. Clinical implementation of deep learning contour autosegmentation for prostate radiotherapy. *Radiotherapy and Oncology*, 159, 2021.
- [155] Femke Vaassen, Colien Hazelaar, Ana Vaniqui, Mark Gooding, Brent Van der Heyden, Richard Canters, and Wouter Elmpt. Evaluation of measures for assessing time-saving of automatic organ-at-risk segmentation in radiotherapy. *Physics and Imaging in Radiation Oncology*, 13 :1–6, 2020.
- [156] Leonardus van den Oever, Willemina van Veldhuizen, L. Cornelissen, D. Spoor, T. Willems, G. Kramer, T. Stigter, M. Rook, A. Crijs, M. Oudkerk, Raymond Veldhuis, G. Bock, and P. Ooijen. Qualitative evaluation of common quantitative metrics for clinical acceptance of automatic segmentation : a case study on heart contouring from ct images by deep learning algorithms. *Journal of Digital Imaging*, 35, 2022.
- [157] Miguel Fernandes, Johan Bussink, Barbara Stam, Robin Wijsman, Dominic Schinagl, Jonas Teuwen, and René Monshouwer. Deep learning model for automatic contouring of cardiovascular substructures on radiotherapy planning ct images : Dosimetric validation and reader study based clinical acceptability testing. *Radiotherapy and Oncology*, 165, 2021.
- [158] Dorea Maria Khalal, Souleyman Slimani, Zine Eddine Bouraoui, and Hacene Azizi. Qualitative evaluation of automatic liver segmentation in computed tomography images for clinical use in radiation therapy. *Cancer radiotherapie : journal de la Societe francaise de radiotherapie oncologique*, 29, 2025.

- [159] Blaine Rister, Darvin Yi, Kaushik Shivakumar, Tomomi Nobashi, and Daniel Rubin. Ct-org, a new dataset for multiple organ segmentation in computed tomography. *Scientific Data*, 7, 2020.
- [160] Carlos Cardenas, Beth Beadle, Adam Garden, Heath Skinner, Juncheng Yang, Dong Rhee, Rachel McCarroll, Tucker Netherton, Skylar Gay, Lifei Zhang, and Laurence Court. Generating high-quality lymph node clinical target volumes for head and neck cancer radiotherapy using a fully automated deep learning-based approach. *International Journal of Radiation Oncology*Biophysics*, 109, 2020.
- [161] Katherine Mackay, David Bernstein, B. Glocker, Konstantinos Kamnitsas, and Alexandra Taylor. A review of the metrics used to assess auto-contouring systems in radiotherapy. 2023.

ملخص

العلاج الإشعاعي هو أحد العلاجات الرئيسية للسرطان. تتكون سلسلة العلاج الإشعاعي من مراحل مختلفة. يعد تحديد الورم والأعضاء المحيطة به في الصور المقطعية CT خطوة مهمة في هذه السلسلة. بشكل عام، يتم إجراء هذه العملية من طرف أطباء مختصين يدويًا. لذلك يستغرق وقتًا طويلاً ويعاني أيضًا من اختلافات بين المختصين. بفضل التقدم في الذكاء الاصطناعي في مجالات متعددة، أصبحت هذه العملية تتجزأ بطريقة أوتوماتيكية. في هذه الأطروحة ، قدمنا التطبيقات المختلفة للذكاء الاصطناعي في العلاج الإشعاعي. بعد ذلك ، كنا قمنا بتحديد الحجم المستهدف CTV والقلب والرئتين في صور التصوير المقطعي CT. استخدمنا ثلاثة نماذج تحديد تستند على التعلم العميق. باستخدام مقاييس التقييم ، قمنا بمقارنة وتقييم النتائج التي تم الحصول عليها من خلال النماذج الثلاثة. بالإضافة إلى ذلك ، درسنا قاعدة بيانات أخرى (صور التصوير المقطعي CT). قمنا بتحديد الكلى باستخدام نموذج U-Net. تم إجراء تقييم هذا التقسيم باستخدام العديد من مقاييس التقييم. من ناحية أخرى ، تمت مقارنة نتائجنا مع تلك التي حصل عليها مؤلفون آخرون

الكلمات المفتاحية: التجزئة التلقائية ، التعلم العميق ، العلاج الإشعاعي ، الأعضاء المعرضة للخطر ، حجم الهدف

