



Université  
de Poitiers



UNIVERSITE DE POITIERS  
FACULTE DE MEDECINE ET PHARMACIE

Année 2024

**THESE**

Pour le diplôme d'état de docteur en médecine  
(Décret du 25 novembre 2016)

**Présentée et soutenue par SUERE Joffrey**

Le 09/10/2024

**Développement et évaluation d'une intelligence artificielle basée  
U-Net pour la segmentation 2D automatique de méningiomes en IRM**

Directeur de thèse : Docteur EFTHYMIADIS Nikolaos

COMPOSITION DU JURY :

Président : Monsieur le Professeur GUILLEVIN Rémy

Membres :

Monsieur le Professeur GUILLEVIN Rémy

Monsieur le Professeur PELLERIN Luc

Monsieur le Docteur BEYSSEN Philippe

Monsieur le Docteur EFTHYMIADIS Nikolaos

Monsieur le Docteur NAUDIN Mathieu



UNIVERSITE DE POITIERS  
FACULTE DE MEDECINE ET PHARMACIE

Année 2024

**THESE**

Pour le diplôme d'état de docteur en médecine  
(Décret du 25 novembre 2016)

**Présentée et soutenue par SUERE Joffrey**

Le 09/10/2024

**Développement et évaluation d'une intelligence artificielle basée  
U-Net pour la segmentation 2D automatique de méningiomes en IRM**

Directeur de thèse : Docteur EFTHYMIADIS Nikolaos

COMPOSITION DU JURY :

Président : Monsieur le Professeur GUILLEVIN Rémy

Membres :

Monsieur le Professeur GUILLEVIN Rémy

Monsieur le Professeur PELLERIN Luc

Monsieur le Docteur BEYSSEN Philippe

Monsieur le Docteur EFTHYMIADIS Nikolaos

Monsieur le Docteur NAUDIN Mathieu

**LISTE DES ENSEIGNANTS**

Année universitaire 2023 – 2024

**SECTION MEDECINE**
**Professeurs des Universités-Praticiens Hospitaliers**

- ALBOUY Marion, santé publique – **Référente égalité-diversité**
- BINET Aurélien, chirurgie infantile
- BOISSON Matthieu, anesthésiologie-réanimation et médecine péri-opératoire
- BOULETI Claire, cardiologie
- BOURMEYSTER Nicolas, biochimie et biologie moléculaire
- BRIDOUX Frank, néphrologie
- BURUCOA Christophe, bactériologie-virologie
- CHEZE-LE REST Catherine, biophysique et médecine nucléaire
- CHRISTIAENS Luc, cardiologie
- CORBI Pierre, chirurgie thoracique et cardio-vasculaire
- COUDROY Rémi, médecine intensive-réanimation – **Assesseur 2<sup>nd</sup> cycle**
- DAHYOT-FIZELIER Claire, anesthésiologie-réanimation et médecine péri-opératoire
- DONATINI Gianluca, chirurgie viscérale et digestive
- DROUOT Xavier, physiologie – **Assesseur recherche**
- DUFOUR Xavier, Oto-Rhino-Laryngologie – **Assesseur 2<sup>nd</sup> cycle, stages hospitaliers**
- FAURE Jean-Pierre, anatomie
- FRASCA Denis, anesthésiologie-réanimation
- FRITEL Xavier, gynécologie-obstétrique
- GARCIA Rodrigue, cardiologie
- GERVAIS Elisabeth, rhumatologie
- GICQUEL Ludovic, pédopsychiatrie
- GOMBERT Jean-Marc, immunologie
- GOJJON Jean-Michel, anatomie et cytologie pathologiques
- GUILLEVIN Rémy, radiologie et imagerie médicale
- HAUET Thierry, biochimie et biologie moléculaire
- ISAMBERT Nicolas, cancérologie
- JAAFARI Nematollah, psychiatrie d'adultes
- JABER Mohamed, cytologie et histologie
- JAYLE Christophe, chirurgie thoracique et cardio-vasculaire
- KARAYAN-TAPON Lucie, cancérologie
- KEMOUN Gilles, médecine physique et de réadaptation (*en disponibilité*)
- LECLERE Franck, chirurgie plastique, reconstructrice
- LELEU Xavier, hématologie
- LEVEQUE Nicolas, bactériologie-virologie – **Assesseur 1<sup>er</sup> cycle**
- LEVEZIEL Nicolas, ophtalmologie
- MACCHI Laurent, hématologie
- MCHEIK Jiad, chirurgie infantile
- MEURICE Jean-Claude, pneumologie
- MILLOT Frédéric, pédiatrie, oncologie pédiatrique
- MIMOZ Olivier, médecine d'urgence
- NASR Nathalie, neurologie
- NEAU Jean-Philippe, neurologie – **Assesseur pédagogique médecine**
- ORIOT Denis, pédiatrie
- PACCALIN Marc, gériatrie – **Doyen, Directeur de la section médecine**
- PELLERIN Luc, biologie cellulaire
- PERAULT-POCHAT Marie-Christine, pharmacologie clinique
- PERDRISOT Rémy, biophysique et médecine nucléaire – **Assesseur L.AS et 1<sup>er</sup> cycle**
- PERRAUD CATEAU Estelle, parasitologie et mycologie
- PRIES Pierre, chirurgie orthopédique et traumatologique
- PUYADE Mathieu, médecine interne
- RAMMAERT-PALTRIE Blandine, maladies infectieuses
- RICHER Jean-Pierre, anatomie
- RIGOARD Philippe, neurochirurgie
- ROBLOT France, maladies infectieuses, maladies tropicales
- ROBLOT Pascal, médecine interne
- SAULNIER Pierre-Jean, thérapeutique
- SCHNEIDER Fabrice, chirurgie vasculaire
- SILVAIN Christine, gastro-entérologie, hépatologie – **Assesseur 3<sup>e</sup> cycle**
- TASU Jean-Pierre, radiologie et imagerie médicale
- THIERRY Antoine, néphrologie – **Assesseur 1<sup>er</sup> cycle**
- THILLE Arnaud, médecine intensive-réanimation – **assesseur 1<sup>er</sup> cycle stages hospitaliers**
- TOUGERON David, gastro-entérologie
- WAGER Michel, neurochirurgie
- XAVIER Jean, pédopsychiatrie

**Maîtres de Conférences des Universités-Praticiens Hospitaliers**

- ALLAIN Géraldine, chirurgie thoracique et cardio-vasculaire (*en mission 1 an à/c 01/11/2022*)
- BEN-BRIK Eric, médecine du travail (**en détachement**)
- BILAN Frédéric, génétique
- BRUNET Kévin, parasitologie et mycologie
- CAYSSIALS Emilie, hématologie
- CREMNITER Julie, bactériologie-virologie
- DIAZ Véronique, physiologie – **Référente relations internationales**
- EGLOFF Matthieu, histologie, embryologie et cytogénétique
- EVRARD Camille, cancérologie
- GACHON Bertrand, gynécologie-obstétrique (*en dispo 2 ans à/c du 31/07/2022*)
- GARCIA Magali, bactériologie-virologie (*absente jusqu'au 29/12/2023*)
- GUENEZAN Jérémy, médecine d'urgence
- HARIKA-GERMANEAU Ghina, psychiatrie d'adultes
- JAVAUGUE Vincent, néphrologie
- JUTANT Etienne-Marie, pneumologie
- KERFORNE Thomas, anesthésiologie-réanimation et médecine péri-opératoire (*en mission 1 an à/c 01/11/2022*)
- LAFAY-CHEBASSIER Claire, pharmacologie clinique
- LIUU Evelyne, gériatrie – **assesseur 1<sup>er</sup> cycle stages hospitaliers**
- MARTIN Mickaël, médecine interne – **Assesseur 2<sup>nd</sup> cycle**
- MASSON REGNAULT Marie, dermato-vénérologie
- PALAZZO Paola, neurologie (*en dispo 5 ans à/c du 01/07/2020*)
- PICHON Maxime, bactériologie-virologie
- PIZZOFERRATO Anne-Cécile, gynécologie-obstétrique

- RANDRIAN Violaine, gastro-entérologie, hépatologie
- SAPANET Michel, médecine légale
- THUILLIER Raphaël, biochimie et biologie moléculaire
- VALLEE Maxime, urologie

**Maitre de Conférences des universités de médecine générale**

- MIGNOT Stéphanie

**Professeur associé des universités des disciplines médicales**

- FRAT Jean-Pierre, médecine intensive-réanimation

**Professeur associé des universités des disciplines odontologiques**

- FLORENTIN Franck, réhabilitation orale

**Professeurs associés de médecine générale**

- ARCHAMBAULT Pierrick
- AUDIER Pascal
- BIRAULT François
- BRABANT Yann
- FRECHE Bernard

**Maitres de Conférences associés de médecine générale**

- AUDIER Régis
- BONNET Christophe
- DU BREUILLAC Jean
- FORGEOT Raphaële
- JEDAT Vincent

**Professeurs émérites**

- BINDER Philippe, médecine générale (08/2028)
- DEBIAIS Françoise, rhumatologie (08/2028)
- GIL Roger, neurologie (08/2026)
- GUILHOT-GAUDEFFROY François, hématologie et transfusion (08/2026)
- INGRAND Pierre, biostatistiques, informatique médicale (08/2025)
- LECRON Jean-Claude, biochimie et biologie moléculaire (08/2028)
- MARECHAUD Richard, médecine interne (08/2026)
- RICCO Jean-Baptiste, chirurgie vasculaire (08/2024)
- ROBERT René, médecine intensive-réanimation (30/11/2024)
- SENON Jean-Louis, psychiatrie d'adultes (08/2026)

**Professeurs et Maitres de Conférences honoraires**

- AGIUS Gérard, bactériologie-virologie
- ALCALAY Michel, rhumatologie
- ALLAL Joseph, thérapeutique (ex-émérite)
- ARIES Jacques, anesthésiologie-réanimation
- BABIN Michèle, anatomie et cytologie pathologiques
- BABIN Philippe, anatomie et cytologie pathologiques
- BARRIERE Michel, biochimie et biologie moléculaire
- BECQ-GIRAUDON Bertrand, maladies infectieuses, maladies tropicales (ex-émérite)
- BEGON François, biophysique, médecine nucléaire
- BOINOT Catherine, hématologie – transfusion
- BONTOUX Daniel, rhumatologie (ex-émérite)
- BURIN Pierre, histologie
- CARRETIER Michel, chirurgie viscérale et digestive (ex-émérite)
- CASTEL Olivier, bactériologie-virologie ; hygiène
- CAVELLIER Jean-François, biophysique et médecine nucléaire
- CHANSIGAUD Jean-Pierre, biologie du développement et de la reproduction
- CLARAC Jean-Pierre, chirurgie orthopédique
- DABAN Alain, oncologie radiothérapie (ex-émérite)

- DAGREGORIO Guy, chirurgie plastique et reconstructrice
- DEBAENE Bertrand, anesthésiologie-réanimation et médecine péri-opératoire
- DESMAREST Marie-Cécile, hématologie
- DEMANGE Jean, cardiologie et maladies vasculaires
- DORE Bertrand, urologie (ex-émérite)
- EUGENE Michel, physiologie (ex-émérite)
- FAUCHERE Jean-Louis, bactériologie-virologie (ex-émérite)
- FONTANEL Jean-Pierre, Oto-Rhino Laryngologie (ex-émérite)
- GILBERT-DUSSARDIER Brigitte, génétique
- GOMES DA CUNHA José, médecine générale (ex-émérite)
- GRIGNON Bernadette, bactériologie
- GUILLARD Olivier, biochimie et biologie moléculaire
- GUILLET Gérard, dermatologie
- HERPIN Daniel, cardiologie (ex-émérite)
- JACQUEMIN Jean-Louis, parasitologie et mycologie médicale
- KAMINA Pierre, anatomie (ex-émérite)
- KITZIS Alain, biologie cellulaire (ex-émérite)
- KLOSSEK Jean-Michel, Oto-Rhino-Laryngologie
- KRAIMPS Jean-Louis, chirurgie viscérale et digestive
- LAPIERRE Françoise, neurochirurgie (ex-émérite)
- LARSEN Christian-Jacques, biochimie et biologie moléculaire
- LEVARD Guillaume, chirurgie infantile
- LEVILLAIN Pierre, anatomie et cytologie pathologiques
- MAIN de BOISSIERE Alain, pédiatrie
- MARCELLI Daniel, pédopsychiatrie (ex-émérite)
- MARILLAUD Albert, physiologie
- MAUCO Gérard, biochimie et biologie moléculaire (ex-émérite)
- MENU Paul, chirurgie thoracique et cardio-vasculaire (ex-émérite)
- MORICHAU-BEAUCHANT Michel, hépato-gastro-entérologie
- MORIN Michel, radiologie, imagerie médicale
- PAQUEREAU Joël, physiologie
- POINTREAU Philippe, biochimie
- POURRAT Olivier, médecine interne (ex-émérite)
- REISS Daniel, biochimie
- RIDEAU Yves, anatomie
- RODIER Marie-Hélène, parasitologie et mycologie
- SULTAN Yvette, hématologie et transfusion
- TALLINEAU Claude, biochimie et biologie moléculaire
- TANZER Joseph, hématologie et transfusion (ex-émérite)
- TOUCHARD Guy, néphrologie (ex-émérite)
- TOURANI Jean-Marc, oncologie
- VANDERMARCO Guy, radiologie et imagerie médicale

## SECTION PHARMACIE

### *Professeurs des universités-praticiens hospitaliers*

- DUPUIS Antoine, pharmacie clinique – **Assesseur pédagogique pharmacie**
- FOUCHER Yohann, biostatistiques
- GREGOIRE Nicolas, pharmacologie et pharmacométrie
- MARCHAND Sandrine, pharmacologie, pharmacocinétique
- RAGOT Stéphanie, santé publique

### *Professeurs des universités*

- BODET Charles, microbiologie
- CARATO Pascal, chimie thérapeutique
- FAUCONNEAU Bernard, toxicologie
- FAVOT-LAFORGE Laure, biologie cellulaire et moléculaire
- GUILLARD Jérôme, pharmacochimie
- IMBERT Christine, parasitologie et mycologie médicale
- OLIVIER Jean-Christophe, pharmacie galénique, biopharmacie et pharmacie industrielle – **réfèrent relations internationales**
- PAGE Guylène, biologie cellulaire, biothérapeutiques
- PAIN Stéphanie, toxicologie
- SARROUILHE Denis, physiologie humaine – **Directeur de la section pharmacie**

### *Maîtres de conférences des universités-praticiens hospitaliers*

- BARRA Anne, immuno-hématologie
- BINSON Guillaume, pharmacie clinique – **encadrement stages hospitaliers**
- THEVENOT Sarah, hygiène, hydrologie et environnement – **encadrement stages hospitaliers**

### *Maîtres de conférences*

- BARRIER Laurence, biochimie générale et clinique
- BON Delphine, biophysique
- BRILLAULT Julien, pharmacocinétique, biopharmacie
- BUYCK Julien, microbiologie (HDR)
- CHAUZY Alexia, pharmacologie fondamentale et thérapeutique
- DEBORDE-DELAGE Marie, chimie analytique
- DELAGE Jacques, biomathématiques, biophysique
- GIRARDOT Marion, biologie végétale et pharmacognosie
- INGRAND Sabrina, toxicologie
- MARIVINGT-MOUNIR Cécile, pharmacochimie (HDR)
- PINET Caroline, physiologie, anatomie humaine
- RIOUX-BILAN Agnès, biochimie – **Référente CNAES – Responsable du dispositif COME'in – référente égalité-diversité**
- TEWES Frédéric, chimie et pharmacotechnie (HDR)
- THOREAU Vincent, biologie cellulaire et moléculaire
- WAHL Anne, phytothérapie, herborisation, aromathérapie

### *Maîtres de conférences associés - officine*

- DELOFFRE Clément, pharmacien
- ELIOT Guillaume, pharmacien
- HOUNKANLIN Lydwin, pharmacien

### *A.T.E.R. (attaché temporaire d'enseignement et de recherche)*

- ARANZANA-CLIMENT Vincent, pharmacologie
- KAOUAH Zahyra, bactériologie
- MOLINA PENA Rodolfo, pharmacie galénique

### *Professeur émérite*

- COUET William, pharmacie clinique (08/2028)

### *Professeurs et Maîtres de Conférences honoraires*

- BARTHES Danièle, chimie analytique (directrice honoraire)
- BAUDRY Michel, physiologie (directeur honoraire)
- BOURIANNES Joëlle, physiologie
- BRISSON Anne-Marie, chimie thérapeutique-pharmacocinétique
- COURTOIS Philippe, pharmacie clinique-pharmacodynamie (directeur honoraire)
- DE SCHEEMAEKER Henri, botanique et cryptogamie
- FOURTILLAN Jean-Bernard, pharmacologie et pharmacocinétique
- GIRAUD Jean-Jacques, chimie analytique
- GUERIN René, biophysique
- HERISSE Jacques, biologie moléculaire
- HUSSAIN Didja, pharmacie galénique
- JANVIER Blandine, bactériologie, virologie et parasitologie
- JOUANNETAUD Marie-Paule, chimie thérapeutique (directrice honoraire)
- LEVESQUE Joël, pharmacognosie
- MAISSIAT Renée, biologie cellulaire et moléculaire
- METTEY Yvette, chimie organique
- PARIAT Claudine, pharmacodynamie
- RABOUAN Sylvie, chimie physique, chimie analytique
- SEGUIN François, biophysique, biomathématiques (directeur honoraire)
- VANTELON Nadine, biochimie
- VIOSSAT Bernard, chimie générale et minérale

## CENTRE DE FORMATION UNIVERSITAIRE EN ORTHOPHONIE (C.F.U.O.)

- GICQUEL Ludovic, PU-PH, **directeur du C.F.U.O.**
- VERON-DELOR Lauriane, maître de conférences en psychologie

## ENSEIGNEMENT DE L'ANGLAIS

- DEBAIL Didier, professeur certifié

## CORRESPONDANTS HANDICAP

- Pr PERDRISOT Rémy, section médecine
- Dr RIOUX-BILAN Agnès, section pharmacie

## REMERCIEMENTS

À Monsieur le Professeur Rémy GUILLEVIN, vous me faites l'honneur de présider le jury de cette thèse.

À Monsieur le Docteur Nikolaos EFTHYMIADIS, pour m'avoir encadré dans ce travail de thèse.

À Monsieur le Professeur Luc PELLERIN, vous me faites l'honneur d'être membre de mon jury et je vous en remercie.

À Monsieur le Docteur Mathieu NAUDIN, je te remercie pour tes conseils sur l'élaboration de ce travail de thèse et pour être membre de mon jury.

À Monsieur le Docteur Philippe BEYSSEN, je te remercie pour ton implication dans la formation des internes, pour toutes les connaissances que tu m'as transmises, et pour me faire l'honneur d'être membre de mon jury.

Aux radiologues du CHU de Poitiers, du centre hospitalier d'Angoulême, de La Rochelle, de Monaco, je vous remercie pour votre formation.

Je remercie mes parents pour m'avoir soutenu pendant mes études. Je remercie particulièrement mon père pour m'avoir donné le goût des sciences, sans qui je ne me serais peut-être pas dirigé vers une carrière médicale.

À mon ami, Léo avec qui nous avons partagé nos études de médecine ensemble et pris la décision de devenir radiologues au même moment. Tu m'as soutenu quand j'en avais le plus besoin. À mon amie Aurélie pour nous avoir soutenus et supportés avec Léo durant ces dures années.

À Laurence, ma concubine, pour son amour et son soutien.

À Romain, mon camarade de Master 2, pour m'avoir aidé à la relecture de cette thèse.

Merci à tous mes amis rencontrés durant mon internat à Angoulême puis à La Rochelle.

Merci aux équipes de développeurs des différents outils utilisés dans cette thèse sans qui ce travail n'aurait pas été possible : Python Software Foundation, MONAI, PyTorch, PyTorch Lightning, OpenAI.

# Table des matières

1.	Introduction.....	7
1.1	Généralités sur les méningiomes.....	7
1.2	Diagnostic, suivis et prise en charge des méningiomes.....	8
1.3	La segmentation .....	9
1.4	Les enjeux de la segmentation des méningiomes .....	10
1.5	Objectif de l'étude .....	10
2.	Matériel et méthodes .....	11
2.1	Jeu de données .....	11
2.2	Logiciels et bibliothèques de programmation .....	11
2.3	Matériel informatique .....	12
2.4	Prétraitement des images .....	12
2.5	Modèle U-Net.....	15
2.6	Paramètres du modèle U-Net .....	17
2.7	Subdivision du jeu de données .....	18
2.8	Méthode d'augmentation des données .....	19
2.9	Méthode d'évaluation des performances du modèle.....	21
2.10	Paramètres d'entraînement.....	21
3.	Résultats .....	23
4.	Discussion .....	29
5.	Conclusion.....	32
	Glossaire .....	33
	Bibliographie .....	36
	Table des Illustrations .....	39
	Table des Tableaux.....	40
	Résumé.....	41
	SERMENT.....	42

# 1. Introduction

## 1.1 Généralités sur les méningiomes

Les tumeurs intracrâniennes sont un ensemble de lésions hétérogènes regroupant un très grand nombre d'entités. Une approche de classification de ces tumeurs repose sur leur distinction en lésions intra-axiales et extra-axiales. Parmi l'ensemble des tumeurs intracrâniennes, et plus spécifiquement au sein des lésions extra-axiales, les méningiomes sont les plus fréquentes. Les méningiomes représentent 40,8% de l'ensemble des tumeurs intracrâniennes et parmi elles 56,2 % des tumeurs non malignes sur des données épidémiologiques aux États-Unis. L'incidence est également élevée à 9,73 pour 100 000 personnes. [1]

Ce sont des tumeurs considérées comme un seul type dans la classification WHO CNS5. Il existe cependant 15 sous-types différents. Dans la classification WHO 2021, 3 grades histologiques sont décrits. Le grade I est le plus représenté. [2,3]

Majoritairement bénignes, les tumeurs méningiomateuses ont pour principale conséquence leur effet mécanique sur les structures adjacentes. Les manifestations cliniques chez les patients atteints de méningiomes sont variées et dépendent largement de la localisation tumorale. Les troubles les plus couramment rapportés sont la douleur (céphalées épisodiques ou compressions nerveuses), les troubles visuels, les troubles cognitifs, l'épilepsie, les déficits moteurs, les troubles cérébelleux, les troubles de la parole, l'hypertension intracrânienne. [4]

L'incidence en France des méningiomes opérés est de 4,51 pour 100 000 personnes par an. En France, entre 2008 et 2016, le nombre de chirurgies pratiquées pour enlever des méningiomes a tendance à augmenter. Cette augmentation progressive de l'incidence des méningiomes peut s'expliquer par plusieurs facteurs. L'amélioration des techniques d'imagerie au XXI<sup>e</sup> siècle, couplée à l'accès accru de ces examens a favorisé une détection plus fréquente des méningiomes dans la population. Les tumeurs infracentimétriques sont significativement plus décrites pour cette raison. La découverte incidentale de méningiome dans la population générale concerne entre 0,9 et 1 % des IRM encéphaliques. [5,6]

L'augmentation du nombre de chirurgies pratiquées pour extraire les méningiomes peut également s'expliquer par l'amélioration des techniques de détection, mais aussi

par la découverte récente d'une association entre le traitement prolongé par certains médicaments avec la survenue et la croissance de méningiomes. L'utilisation de médicaments tels que l'acétate de cyprotérone a démontré un effet-dose avec la survenue de méningiomes ce qui a conduit l'ANSM en 2021 à restreindre son utilisation. Depuis, d'autres molécules ont également été incriminées dans la survenue et la croissance des méningiomes dans une moindre mesure tels que la medrogestone, le médroxyprogestérone acétate et la promegestone. [7–9]

L'évolution de la taille des méningiomes au cours du temps est très variable selon les tumeurs. Certaines tumeurs vont conserver un volume constant au cours du temps alors que d'autres auront une croissance linéaire, voire exponentielle. [10,11]

## **1.2 Diagnostic, suivis et prise en charge des méningiomes**

Le diagnostic et le suivi des méningiomes se font par IRM de préférence, car il s'agit du seul examen non irradiant. À défaut, un scanner peut être pratiqué en cas de contre-indication à l'IRM. Les méningiomes apparaissent comme les lésions reliées à la dure-mère, iso-intenses à la substance grise en T1 sans injection de produits de contraste et de rehaussement intense et homogène après injection de chélate de gadolinium en IRM ou de produits de contraste iodés en scanner. Un liseré de liquide céphalorachidien est parfois visible autour de la tumeur. Les calcifications intralésionnelles sont possibles ainsi qu'une hyperostose des os du crâne au contact du lieu de raccordement du méningiome. Les méningiomes peuvent également se développer en intra osseux. En IRM, un œdème périlésionnel en hypersignal T2 FLAIR peut être présent ainsi que des zones de nécrose intratumorale en hyposignal T1. La spectroscopie IRM peut également être utile dans le cadre de diagnostics différentiels. [12]

Pour les tumeurs symptomatiques ou en croissance, la décision chirurgicale est décidée au cas par cas en faisant le pour et le contre de la balance bénéfice-risque de la chirurgie. Le rôle du radiologue est essentiel pour guider cette décision puisque son compte-rendu doit décrire les conséquences de l'effet de masse sur les structures intracrâniennes, mais également la croissance tumorale au cours du temps. [6,13]

### 1.3 La segmentation

La segmentation dans le domaine de l'imagerie médicale consiste à identifier précisément les zones d'intérêt sur un volume ou des images acquises avec une ou plusieurs modalités d'imagerie. Il existe plusieurs méthodes de segmentation dont l'efficacité est variable selon la tâche de segmentation réalisée. Il existe diverses méthodes de segmentation, automatiques et semi-automatiques. [14]

La segmentation basée sur le seuillage est une méthode qui consiste à diviser une image en région en fonction d'un ou de plusieurs seuils d'intensité. Cette méthode est utilisable notamment pour supprimer l'os sur des images de scanner en raison de la très forte différence d'intensité des niveaux de gris entre les tissus mous et les os. [14]

La segmentation basée sur les bords consiste à détecter les changements brusques d'intensité qui délimitent les contours d'une image à segmenter. Cette méthode est utilisable lorsque l'anomalie à segmenter présente une forte différence avec les structures adjacentes normales. [14]

La méthode de croissance de région est une technique de segmentation semi-automatique. Elle consiste par sélectionner un pixel de départ, appelé « pixel graine », puis de réaliser une extension de la région qui incorpore les pixels voisins en fonction d'un certain seuil. La croissance de la région s'arrête lorsque tous les pixels sont assignés à des régions spécifiques. [15]

Les méthodes de segmentation supervisée consistent à segmenter les images selon un nombre de classes définies à l'avance par exemple « zone normale », « zone anormale ». Les images utilisées pour l'entraînement des modèles supervisés sont annotées selon une vérité terrain définie à l'avance. L'objectif des algorithmes de segmentation supervisée consiste à se rapprocher au maximum de la manière de segmenter de la vérité terrain. [16]

L'apprentissage non supervisé, quant à lui, se distingue par l'absence d'étiquettes associées aux données d'entraînement. L'algorithme doit découvrir par lui-même les structures ou les modèles sous-jacents dans les données. Cette méthode est souvent utilisée pour des tâches comme le regroupement (clustering), où l'objectif est de diviser les données en groupes ou clusters qui partagent des caractéristiques similaires. Dans le cas de segmentation de tumeurs, ces algorithmes peuvent apprendre par eux même

à segmenter l'œdème, la nécrose, les lésions à distance sans étiquetage par un expert. [17]

#### **1.4 Les enjeux de la segmentation des méningiomes**

En pratique clinique courante, les mesures de la taille des tumeurs en imagerie et notamment en IRM sont réalisées dans les plans stricts, la plupart du temps en coupe axiale. Généralement, la plus grande dimension de la tumeur est reportée dans le compte-rendu ainsi que sa plus grande dimension perpendiculairement à celle-ci, parfois une troisième mesure dans un autre plan est précisée.

Les mesures reportées dans les comptes-rendus comportent rarement une volumétrie en raison de l'indisponibilité des outils sur les solutions de lecture d'images dans les services de radiologie, mais également par manque de temps. Les mesures rapportées dans les comptes-rendus sont donc souvent sujettes à des variations interindividuelles entre plusieurs radiologues et même intra-individuelles chez un même radiologue au cours du temps. [18]

La croissance tumorale est souvent sous-estimée surtout si cette croissance est lente et que la comparaison aux examens antérieurs n'est faite que sur l'examen le plus récent. Ainsi, des outils de mesure reproductibles ne faisant pas intervenir le caractère subjectif de l'intervention humaine permettraient un suivi plus précis par rapport à l'évolution réelle des méningiomes au cours du temps. [19]

#### **1.5 Objectif de l'étude**

L'objectif de cette étude est d'entraîner un modèle d'apprentissage supervisé capable de segmenter des images IRM T1 injectées avec du gadolinium reformatées en 2D de méningiomes avec des paramètres structurels et des paramètres d'entraînement différents. Les différentes versions du modèle basé sur l'architecture U-Net ont ensuite été testées et comparées.

## 2. Matériel et méthodes

### 2.1 Jeu de données

Le *dataset* utilisé pour l'entraînement et pour tester le modèle provient du site kaggle.com. Les images IRM de ce jeu de donnée ont été recueillies sur une période de 5 ans entre 2005 et 2010 dans deux hôpitaux en Chine : l'hôpital de Nanfang à Guangzhou et à l'hôpital général de l'université médicale de Tianjing. Ce corpus d'images se compose de 708 images 2D de méningiomes d'une dimension de 512x512 pixels. Chaque pixel représente une surface réelle de dimension 0.49x0.49 mm<sup>2</sup> pour une épaisseur de coupe de 6 mm. Le jeu de données ne comporte pas d'image normale ou avec des pathologies autres que des méningiomes. La plupart de ces images sont de bonne qualité et présentent peu des artefacts que l'on rencontre fréquemment en IRM, notamment les artefacts de repliements, les artefacts de mouvement, etc. À chaque image 2D IRM de méningiome, une image 2D correspondante de même dimension en noir est blanc est fournie, délimitant les parties de l'image non tumorale et tumorale respectivement. Ces segmentations ont été réalisées manuellement par des radiologues expérimentés. Ce *dataset* étant dans le domaine public, aucune autorisation n'est nécessaire pour utiliser ces images. [20,21]

### 2.2 Logiciels et bibliothèques de programmation

La bibliothèque MONAI offre de multiples outils pour la manipulation d'images IRM en neuroradiologie, notamment des méthodes de prétraitement des images et des méthodes de modification réaliste d'images IRM. PyTorch Lightning est une bibliothèque Python de haut niveau pour PyTorch conçue pour simplifier le processus de formation de modèles de *deep learning*. Cette bibliothèque a l'avantage d'offrir des outils facilement implantables dans du code Python, mais permet de garder la main sur beaucoup de paramètres. [22,23]

## 2.3 Matériel informatique

L'entraînement des différents modèles a été effectué sur une carte graphique de type laptop NVIDIA RTX 4070 avec 8 Go de mémoire VRAM compatible avec CUDA ce qui permet de nettement accélérer les calculs comparativement à l'utilisation d'un CPU. L'ordinateur utilisé pour l'entraînement était également équipé d'un processeur AMD Ryzen 7 7735HS et de 16 Go de mémoire RAM.

## 2.4 Prétraitement des images

Les images étaient initialement en format numpy Array. Ces images ont été converties dans un format NIFTI (*Neuroimaging Informatics Technology Initiative*) pour être manipulées par les différentes bibliothèques python grâce à la bibliothèque NiBabel. [24]

Afin de rendre les images plus homogènes, plusieurs modifications successives sur les images ont été réalisées. Une étape de normalisation des histogrammes des images a consisté à générer un histogramme typique de l'ensemble des images pour ensuite normaliser chacune des images avec cet histogramme. Ces étapes de normalisation ont pour intérêt de rendre les images provenant de différentes machines IRM plus comparables entre elles en raison du caractère non absolu de l'intensité mesurée dans les voxels des images IRM. [25]

Une seconde normalisation appelée normalisation en Z consiste à centrer et à réduire les intensités des pixels d'une image par rapport à la moyenne et à l'écart-type des intensités de l'image. En d'autres termes, pour chaque pixel de l'image, la transformation soustrait la moyenne des intensités de l'image entière et divise le résultat par l'écart-type de ces intensités.

Enfin, chaque pixel des images a été rapporté sur une échelle de gris allant de -1 à +1 pour homogénéiser les bornes supérieures et inférieures des histogrammes des images.

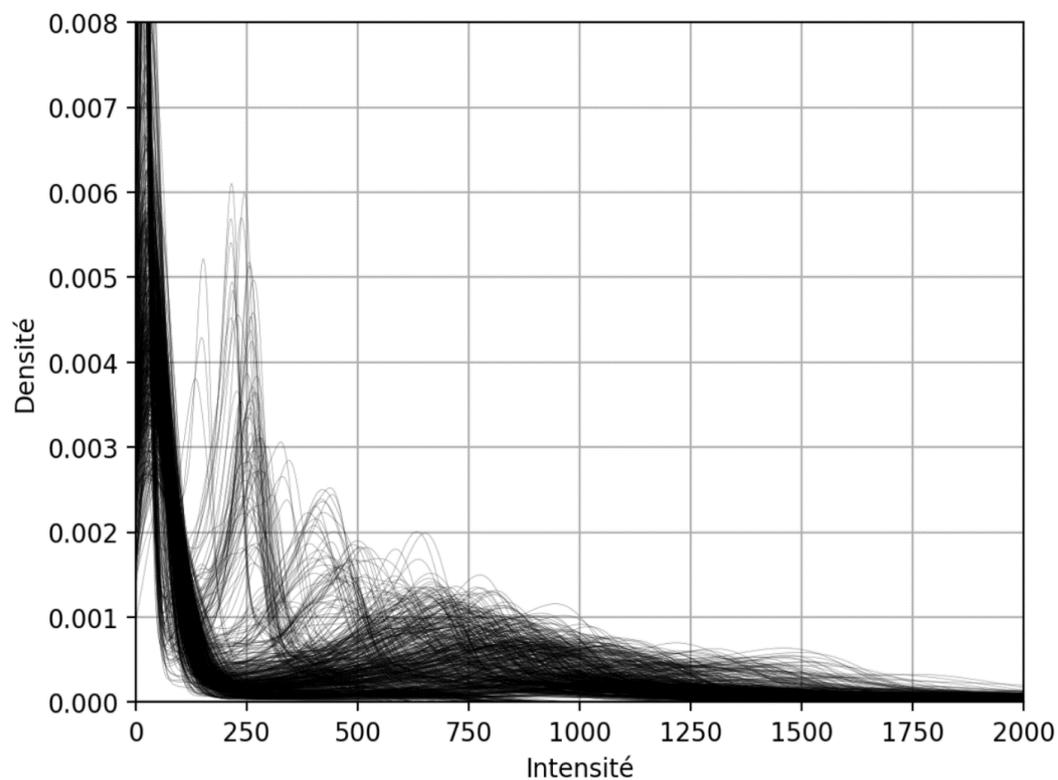


Figure 1 : Histogramme de l'intensité des niveaux de gris des images avant prétraitement

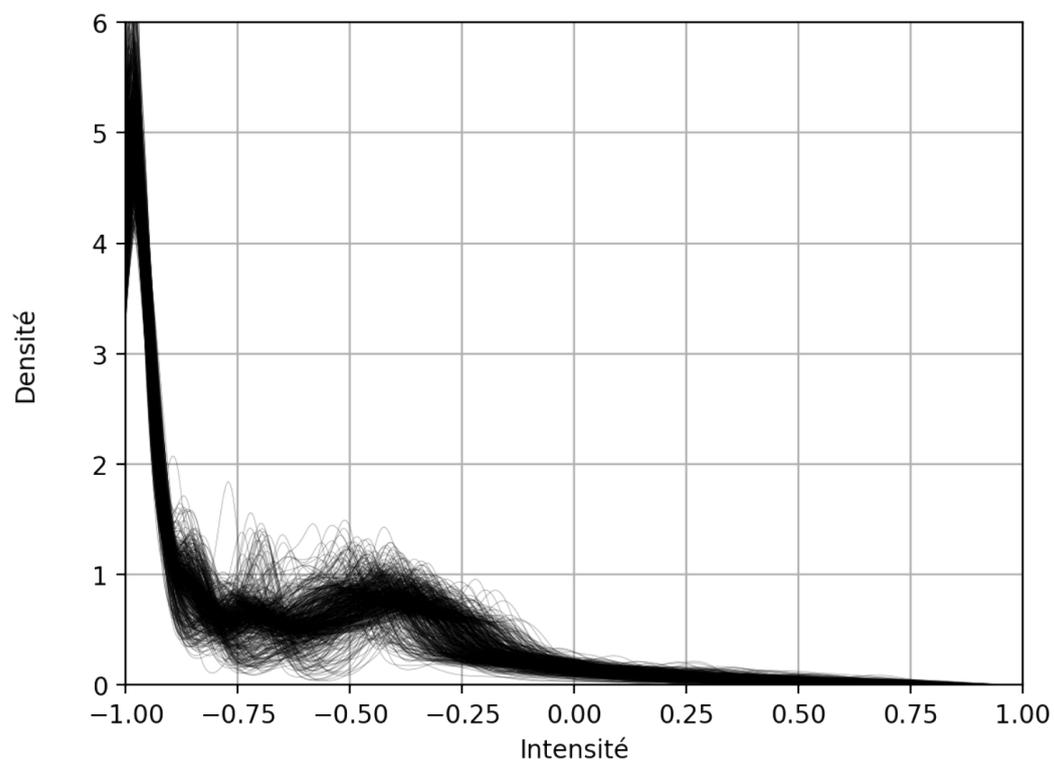
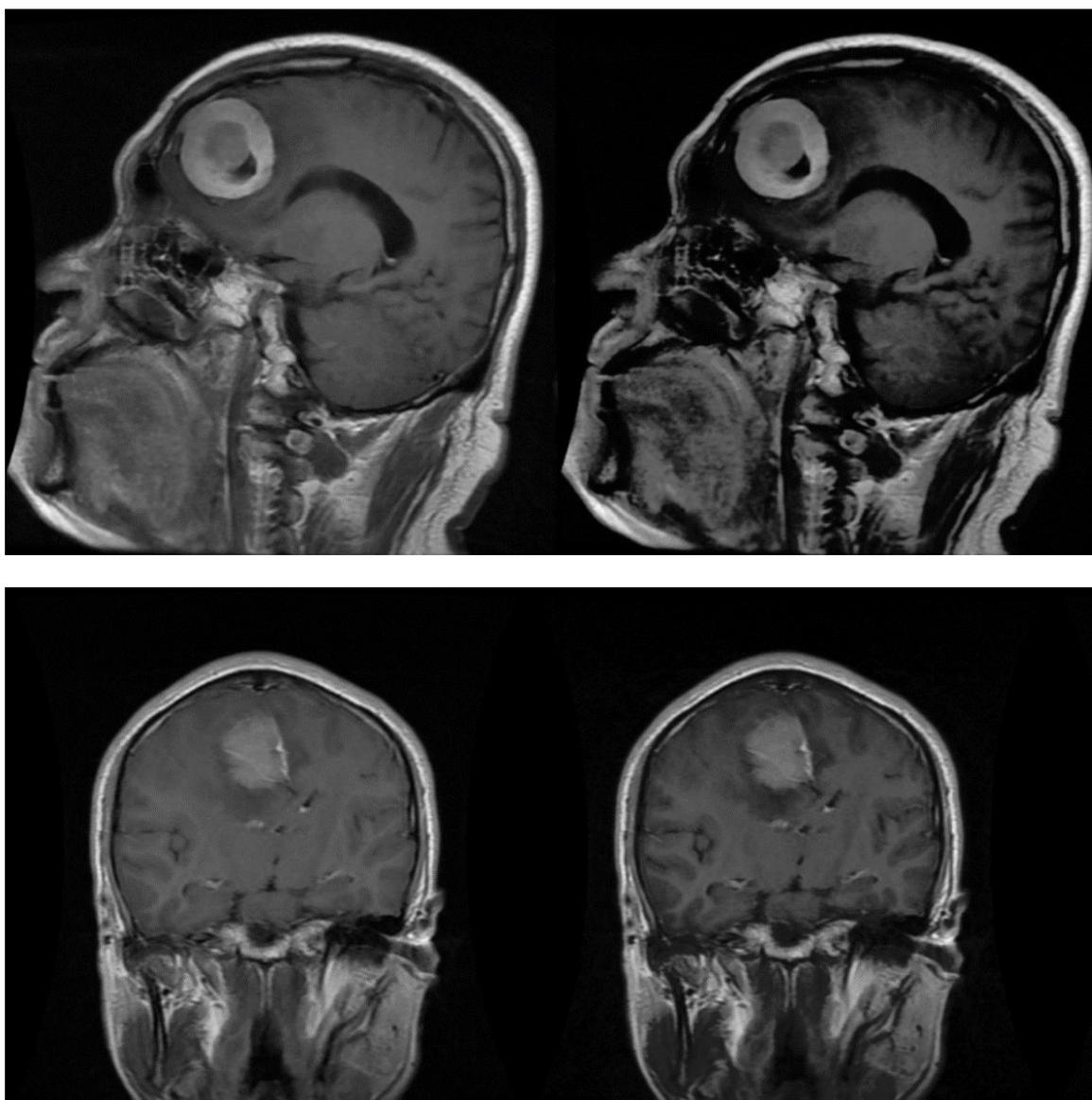


Figure 2: Histogramme de l'intensité des niveaux de gris des images après prétraitement



*Figure 3 : Exemple d'image avant prétraitement à gauche et après prétraitement à droite*

Les images n'ont pas bénéficié d'une extraction de la boîte crânienne lors du prétraitement des images. Les méningiomes étant des tumeurs extras axiales, très proches de la boîte crânienne pour la plupart, la segmentation de cette dernière risquait également d'emporter une partie des tumeurs. La qualité des segmentations finales des méningiomes risquait d'être dépendante de la qualité des segmentations des boîtes crâniennes.

## 2.5 Modèle U-Net

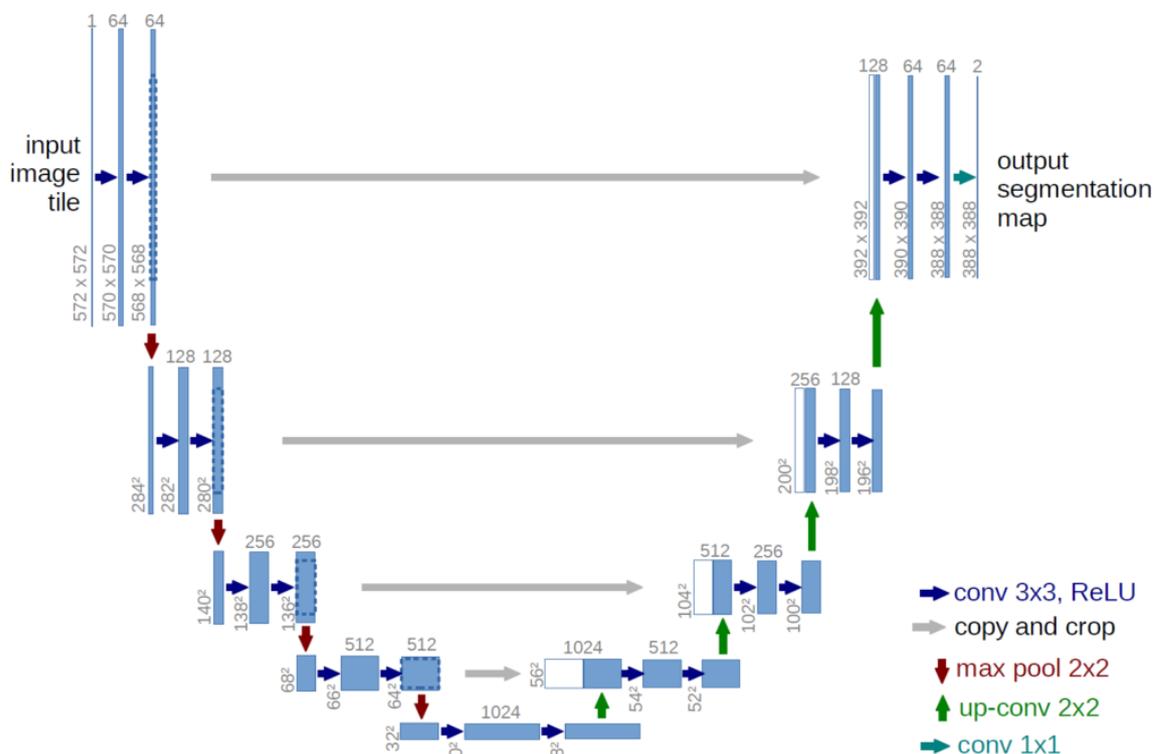


Figure 4 : Architecture du modèle U-Net

Depuis 2015 et la première publication présentant le modèle U-Net, la qualité des segmentations automatiques par intelligence artificielle s'est drastiquement améliorée. Utilisé initialement pour de la segmentation d'image de coupe histologique, le modèle U-Net peut être adapté pour être utilisé avec les différentes modalités en imagerie médicale. De très nombreuses variantes du modèle U-Net ont depuis été créées afin de s'adapter au mieux à la tâche spécifique de segmentation en imagerie médicale. [26–28]

Dans leur structure de base, les modèles U-Net sont composés d'un chemin contractant nommé chemin encodeur et d'un chemin symétrique expansif nommé chemin décodeur. Le chemin contractant réduit progressivement la taille de l'image tout en augmentant le nombre de caractéristiques extraites.

À chaque niveau, des images filtrées vont être produites grâce à des convolutions réalisées à l'aide de kernels convolutifs qui peuvent être de différentes tailles (Figure 5). Les couches de convolution sont couplées avec des couches de *max-pooling* pour extraire les caractéristiques les plus pertinentes des données d'entrée tout en réduisant la résolution spatiale de l'image (Figure 7). Ce processus permet de capturer les structures importantes à différents niveaux de détail, mais au prix d'une diminution

de la taille de l'image, ce qui peut entraîner une perte d'informations spatiales fines.  
[27]

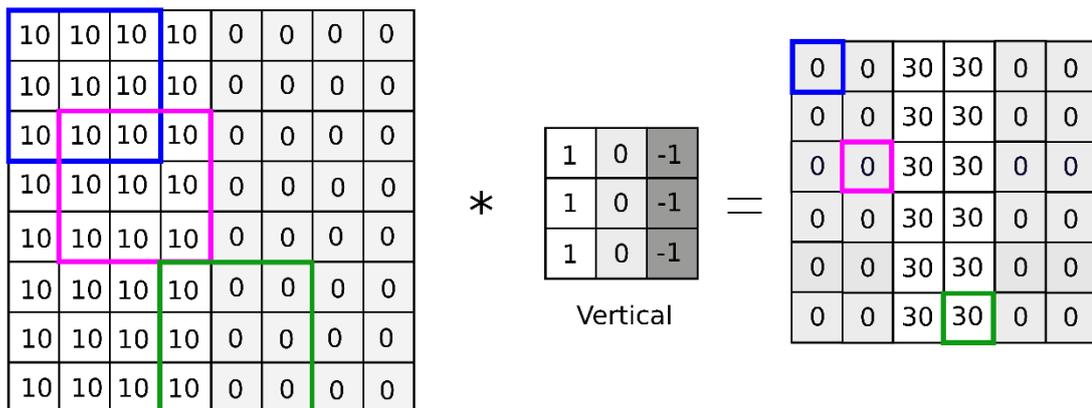


Figure 5 : Illustration du principe de convolution avec un kernel 2D : filtre vertical mettant en évidence les changements d'intensité sur l'axe horizontal

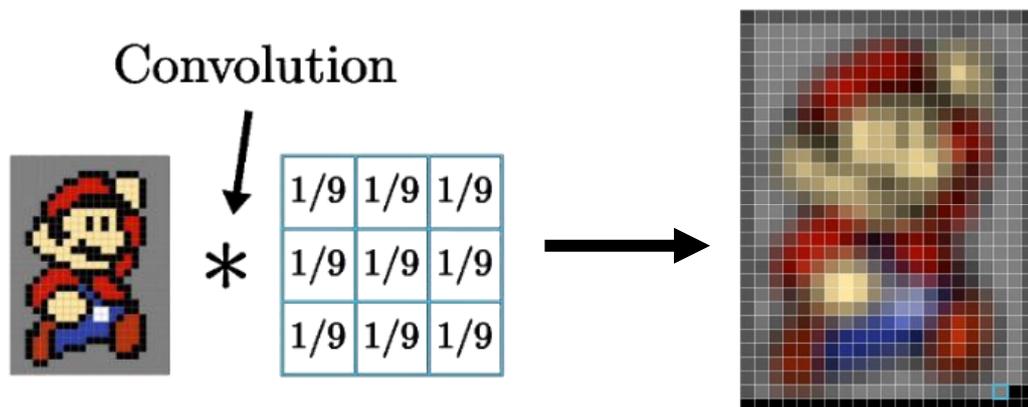


Figure 6 : Illustration du principe de convolution avec un kernel 2D réalisant une moyenne de l'intensité des pixels sur 9 pixels

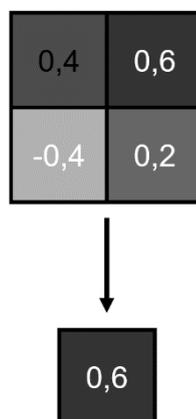


Figure 7 : Illustration du principe de max-pooling

En parallèle, le chemin expansif, ou chemin de décodage a pour rôle de reconstruire progressivement l'image segmentée en augmentant la résolution spatiale à chaque étape. Cette augmentation est réalisée à l'aide de convolutions transposées, qui inversent l'effet de la réduction de la dimension, permettant ainsi de revenir à une résolution proche de celle de l'image d'origine. Cependant, cette reconstruction ne permet pas, à elle seule, de récupérer les données spatiales qui ont été perdues au cours du processus de réduction. [27]

Pour pallier cette perte d'informations, le modèle U-Net introduit des connexions directes, ou "*skip connections*", entre les couches correspondantes du chemin d'encodage et du chemin de décodage. Ces connexions transfèrent directement les informations de haute résolution du chemin d'encodage vers le chemin de décodage. Elles permettent ainsi de récupérer les détails spatiaux perdus lors du *max-pooling*, ce qui améliore la qualité et la précision de la segmentation finale. [27]

## 2.6 Paramètres du modèle U-Net

Dans cette étude, un modèle U-Net de base proposé dans la bibliothèque de MONAI a été utilisé. Les paramètres du modèle ont été choisis afin de correspondre au mieux aux données d'entrée. Le nombre de channels : 16, 32, 64, 128, 256, 512 correspond au nombre d'images filtrées générées à chaque étage du modèle. Une étape de *max pooling* entre chaque niveau permet de réduire la dimension des images par un facteur de 2.

Plusieurs tailles de filtres (*kernels*) ont été utilisées pour entraîner les différents modèles. La taille des filtres correspond à la taille des patchs qui vont être utilisés pour les convolutions sur les images. Des filtres de 3x3, 5x5, 7x7, 9x9 pour entraîner différents modèles ont été utilisés.

Des images 2D sont données en entrée au modèle U-Net. Après prédiction, les modèles renvoient en sortie des images en deux dimensions comprenant deux classes (tumorale et non tumorale).

## 2.7 Subdivision du jeu de données

Afin d'entraîner et de tester le modèle, les images ont été séparées dans plusieurs ensembles. Le premier ensemble, correspondant au set d'entraînement constitué des images qui sont présentées au modèle pour déterminer la valeur de la fonction de coût, c'est-à-dire l'importance de l'erreur que fait le modèle en cours d'entraînement sur les images. Le modèle sera ensuite modifié plus ou moins en fonction de l'importance de l'erreur qu'il commet sur le set d'entraînement via la rétro propagation qui permet de mettre à jour les biais et les poids du modèle.

Le set de validation est utilisé à la fin d'une *epoch*. La fonction de coût moyenne est calculée sur l'ensemble du set de validation permettant ainsi de monitorer les performances du modèle au cours des différentes *epoch*. Les résultats obtenus sur ce set de validation permettent de décider à quel moment il est le plus opportun d'arrêter l'entraînement, car le modèle ne s'améliore plus et pour notamment éviter le surentraînement sur le set d'entraînement.

Le set de test quant à lui est constitué d'images qui n'auront jamais été présentées au modèle pendant la phase d'entraînement. Les images du set de test permettront d'évaluer les performances finales du modèle afin d'estimer ses performances dans la pratique sur des images inédites.

Les images du set de test, correspondant à 15 % des images du *dataset* ont été extraites et mises dans un dossier à part, soit 106 images. Parmi les 602 images restantes, 80 % d'entre elles ont été utilisés dans le set d'entraînement et 20 % d'entre elles dans le set de validation. Le choix de ces proportions a pour avantage de laisser suffisamment d'images dans le set d'entraînement tout en ayant un nombre d'images pour tester le modèle suffisamment grand pour juger de ses performances sur des lésions diverses.

L'entraînement du modèle consiste à présenter les images plusieurs fois à celui-ci au cours de différentes *epoch*. Une *epoch* correspond à la présentation une fois de toutes les images du set d'entraînement.

Set d'entraînement	Set de validation	Set de test
482 images	120 images	106 images
68% du <i>dataset</i>	17 % du <i>dataset</i>	15% du <i>dataset</i>

Tableau 1 : Répartition des images dans les différents sets

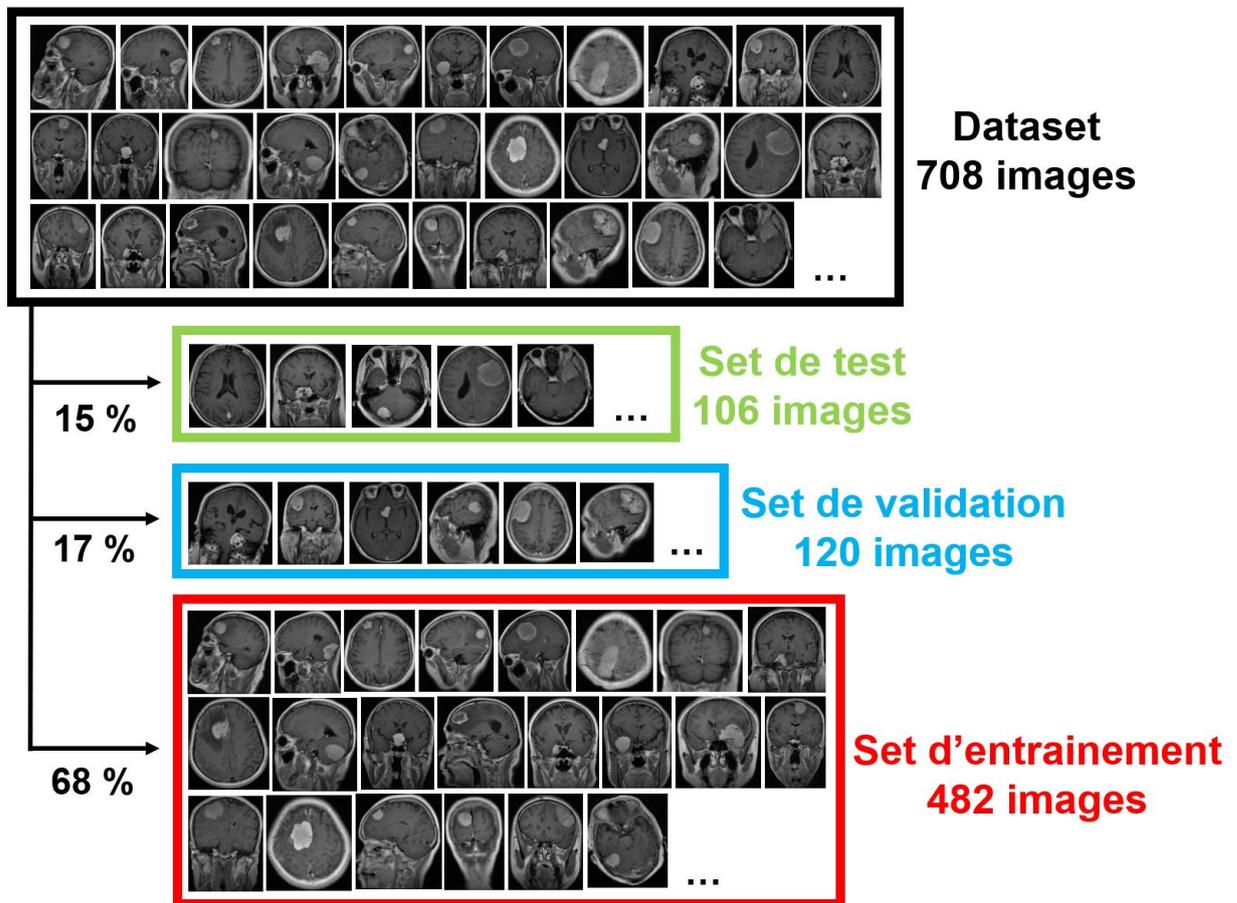


Figure 8 : Illustration de la séparation des images entre le test de test, de validation et d'entraînement

## 2.8 Méthode d'augmentation des données

De manière générale, les performances des algorithmes d'intelligence artificielle sont meilleures lorsque leur entraînement se fait sur un nombre volumineux d'exemples. L'augmentation des données consiste à créer artificiellement des images semblables aux images du *dataset* mais avec une perspective différente. L'objectif de l'augmentation des données est donc d'augmenter artificiellement la diversité du *dataset*.

Chaque image a bénéficié d'une transformation affine associée à une transformation élastique de façon systématique. Une fois sur quatre, du bruit aléatoire a été ajouté à l'image de même qu'une modification de l'intensité des pixels de -30 à +30 %. Du mouvement aléatoire a été ajouté dans 5 % des cas et un biais de champ dans 20 % des cas.

À chaque *epoch* les transformations étaient refaites de façon aléatoire. Pour une même *seed*, les transformations étaient réalisées de manière identique pour une *epoch* donnée.

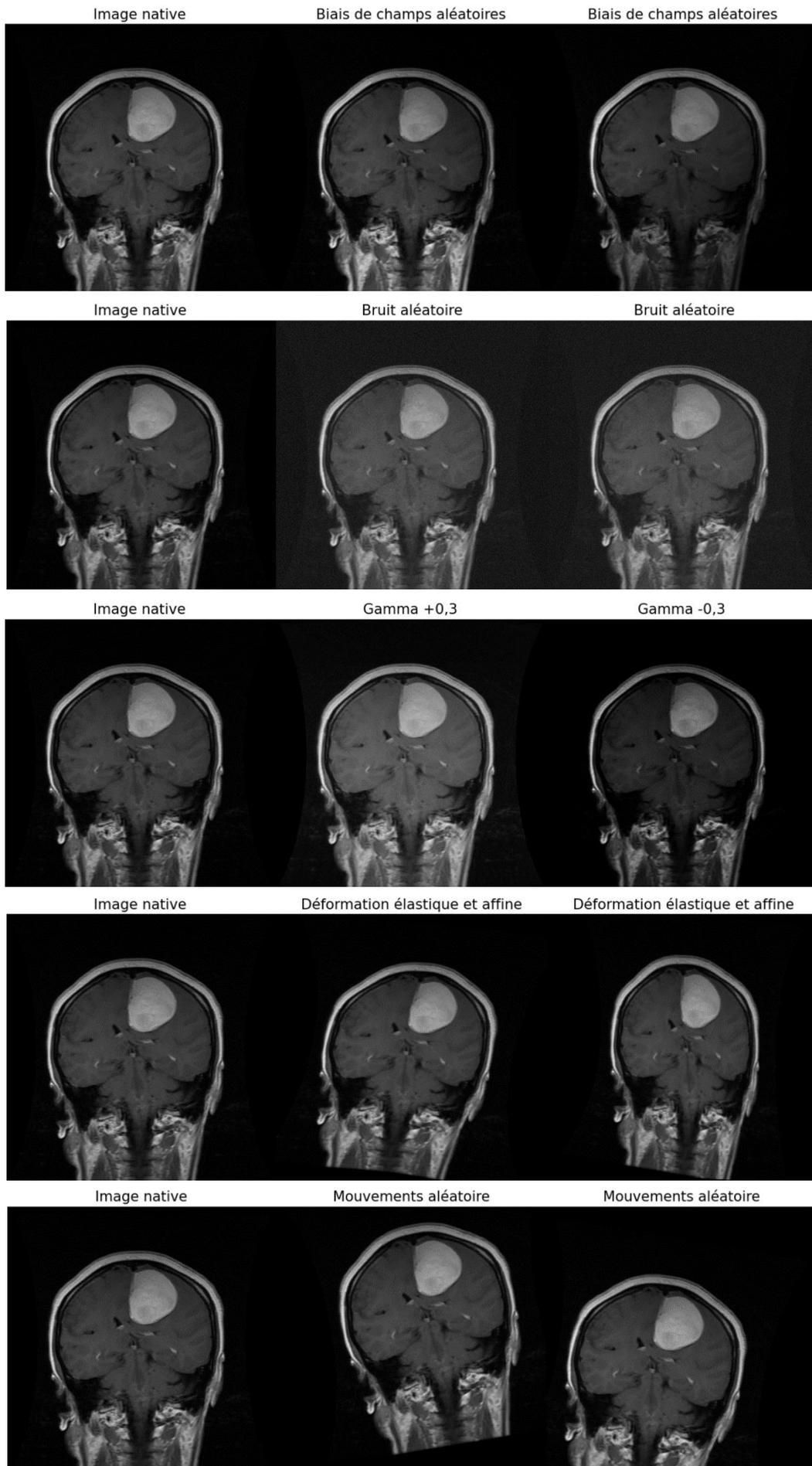


Figure 9 : Exemples d'images transformées dans l'étape d'augmentation des données

## 2.9 Méthode d'évaluation des performances du modèle

Le score de DICE (ou *DICE Score*) est une mesure de la similarité entre deux ensembles qui comparent les segmentations prédites par le modèle aux segmentations fournies par la vérité terrain du *dataset*. Le score de DICE tendra vers 1 lorsque la segmentation prédite se superpose quasiment parfaitement à la segmentation de référence. Le score de DICE tendra vers 0 lorsque la segmentation prédite sera très différente de la segmentation de référence. L'objectif des modèles d'intelligence artificielle de segmentation est de faire converger ce score vers 1.

$$\text{DICE Score} = \frac{2 \times |X \cap Y|}{|X| + |Y|}$$

X : Pixels segmentés par le modèle

Y : Pixels segmentés sur la vérité terrain

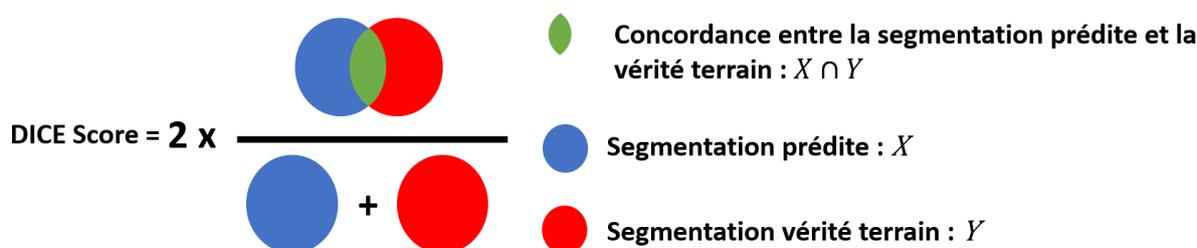


Figure 10 : Formule du score de DICE

Les performances des différents modèles entraînés ont été évaluées sur le set de test. Pour chaque image du set, le modèle a été inféré et le score de DICE a été calculé en prenant comme références les segmentations de vérité terrain. À partir de ces données, plusieurs paramètres ont été calculés, notamment le score de DICE moyen obtenu par chaque modèle ainsi que l'écart type.

L'ensemble des résultats obtenus a été stocké dans un *DataFrame Panda* au cours du processus d'entraînement des différents modèles. Les données ont ensuite été exportées au format « .csv » pour analyse.

## 2.10 Paramètres d'entraînement

L'entraînement de chaque modèle a été fait de façon successive. L'entraînement pour un modèle donné s'arrête lorsqu'à la fin d'une *epoch* le score de DICE moyen calculé sur le set de validation ne s'améliore plus depuis 5 *epochs*, c'est-à-dire que

seul le modèle ayant obtenu le meilleur résultat sur les 5 dernières tentatives d'inférence sur le set de validation a été retenu. Arrêter le modèle lorsque celui-ci ne s'améliore plus sur le set de validation permet d'éviter le phénomène de surentraînement (*overfitting*). L'*overfitting* est un phénomène en *Machines Learning* qui survient lors de l'entraînement lorsque le modèle se spécialise trop sur les données du set d'entraînement. Ce phénomène a pour conséquence une moins bonne performance du modèle sur des données provenant de sources extérieures inédites.

Pour éviter le surentraînement, un *dropout* avec une probabilité de 0,3 a été utilisée pendant les entraînements. Le *dropout* consiste à inactiver de façon aléatoire selon une probabilité définie à l'avance certains chemins neuronaux qui ne seront donc pas utilisés pour calculer la fonction de coût ni modifiés pendant l'étape de propagation inverse. [29]

La fonction de coût *Tversky Loss* a été utilisée pour juger de l'erreur des modèles aux différentes *epochs*. Le but de l'apprentissage du modèle est de réduire autant que possible cette fonction de coût au cours de l'apprentissage. Cette fonction de coût a pour avantage de permettre la modulation de la punition du modèle (l'amplitude de la modification par la propagation inverse) soit en accordant plus d'importance aux zones non segmentées alors qu'elles auraient dû l'être ou aux zones segmentées alors qu'elles n'auraient pas dû l'être. La fonction de coût *Tversky Loss*, variante de la *DICE Score Loss*, a l'avantage de permettre l'ajustement d'un modèle qui serait trop sensible ou trop spécifique notamment lorsque les différentes classes sur une image sont déséquilibrées.

Par exemple, si  $\alpha > \beta$  alors le modèle sera plus pénalisé lorsqu'il fera de faux négatifs, il tendra vers des segmentations plus sensibles. En revanche si  $\beta > \alpha$  alors, alors le modèle sera plus pénalisé lorsqu'il fera de faux positifs, il tendra vers des segmentations plus spécifiques. [30]

$$\text{Tversky Loss} = 1 - \frac{VP}{VP + \alpha \cdot FN + \beta \cdot FP}$$

VP : vrai positif (pixels segmentés sur la vérité terrain et par le modèle)

FN : faux négatifs (pixels segmentés sur la vérité terrain et non segmentés par le modèle)

FP : faux positif (pixels non segmentés sur la vérité terrain et segmentés par le modèle)

$\beta = 1 - \alpha$

Figure 11 : Formule de la fonction de coût Tversky

Plusieurs couples de paramètres  $\alpha$  et  $\beta$  ont été testé dans cette étude : [ $\alpha = 0,1 ; \beta = 0,9$ ], [ $\alpha = 0,2 ; \beta = 0,8$ ], [ $\alpha = 0,3 ; \beta = 0,7$ ], [ $\alpha = 0,4 ; \beta = 0,6$ ], [ $\alpha = 0,5 ; \beta = 0,5$ ], [ $\alpha = 0,6 ; \beta = 0,4$ ], [ $\alpha = 0,7 ; \beta = 0,3$ ], [ $\alpha = 0,2 ; \beta = 0,8$ ], [ $\alpha = 0,9 ; \beta = 0,1$ ].

Dans le cas du couple [ $\alpha = 0,5 ; \beta = 0,5$ ] la fonction de coût *Tversky Loss* devient mathématiquement identique à la fonction de coût du *DICE score*.

Pour chaque valeur de  $\alpha$  dans la fonction de coût et pour chaque valeur de la taille du kernels convolutif, 3 entraînements différents ont été effectués avec 3 *seeds* différentes.

### 3. Résultats

Au total, 108 entraînements ont été réalisés avec 4 kernels différents, 9 valeurs de  $\alpha$  différentes et 3 *seeds* différentes. L'entraînement a duré 2 jours, 11 heures et 30 minutes.

Le nombre de paramètres entraînés pour chaque taille de kernels est affiché dans le Tableau 2.

Taille du kernels	3x3	5x5	7x7	9x9
Nombre de paramètres (en millions)	2,7	7,4	14,4	23,9

*Tableau 2 : Nombre de paramètres entraînés en fonction de la taille des kernels*

Pour chaque entraînement, la valeur de la fonction de coût à chaque *epoch* a été calculée sur le set d'entraînement et le set de validation. La Figure 12 illustre la valeur de la fonction de coût sur le set d'entraînement et le set de validation au cours des différentes *epochs* pour le modèle entraîné avec une taille de kernels de 5x5, un  $\alpha$  de 0,5 et avec la 3<sup>e</sup> *seed* utilisée.



Figure 12 : Fonction de coût sur le set d'entraînement (Train loss) et de validation (Validation loss) au cours de différents epochs pour l'entraînement avec les paramètres suivants : kernel : 5x5,  $\alpha = 0,5$ , seed = 452669

La Figure 13 est un *boxplot* représentant la dispersion des scores de DICE en fonction de la taille des kernels et de la valeur de  $\alpha$  de différents entraînements en agrégeant les scores obtenus avec les différentes *seeds*.

La Figure 14 est un *boxplot* représentant la dispersion des scores de DICE uniquement fonction de la taille des kernels en agrégeant les données obtenues avec les différentes *seeds* et les différentes tailles de *kernels*.

La combinaison d'une taille de kernels de 5x5 et d'un  $\alpha$  de 0,5 a permis d'obtenir le meilleur résultat de score de DICE moyen sur les 3 *seeds* avec un score de DICE de 0,898 et une variance également faible sur les scores obtenus avec les images du set de test.

Les cartes de chaleur de la Figure 15 et de la Figure 16 représentent respectivement la moyenne des scores de DICE et la variance sur les images du set de test des différents entraînements en fonction de la taille des *kernels* et de la valeur de  $\alpha$ .

Les valeurs de  $\alpha$  extrêmes ont obtenu des résultats moins bons qu'avec des valeurs de  $\alpha$  proche de 0,5. Les *kernels* d'une taille de 3x3 et de 5x5 semblent également obtenir de meilleurs résultats que les *kernels* de 7x7 et de 9x9 avec des scores de DICE moyen plus élevés et des variances des scores de DICE sur le set de test plus resserrées.

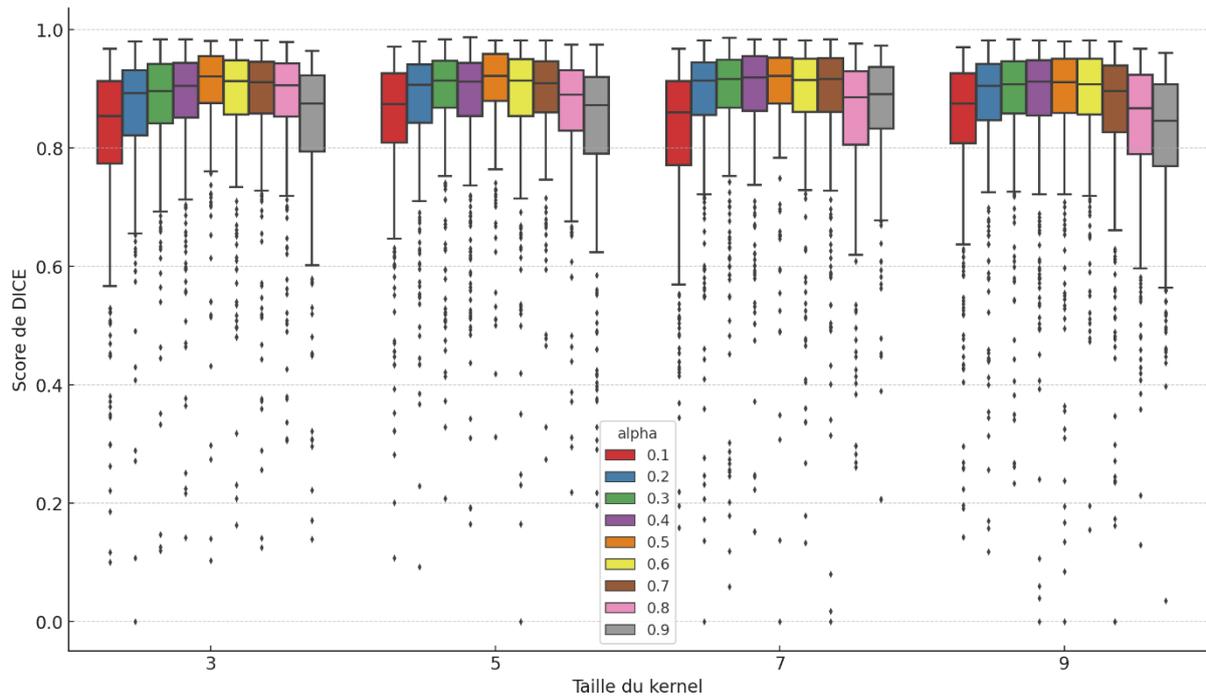


Figure 13 : Boxplot des scores de DICE en fonction de la taille des kernels et de la valeur de  $\alpha$

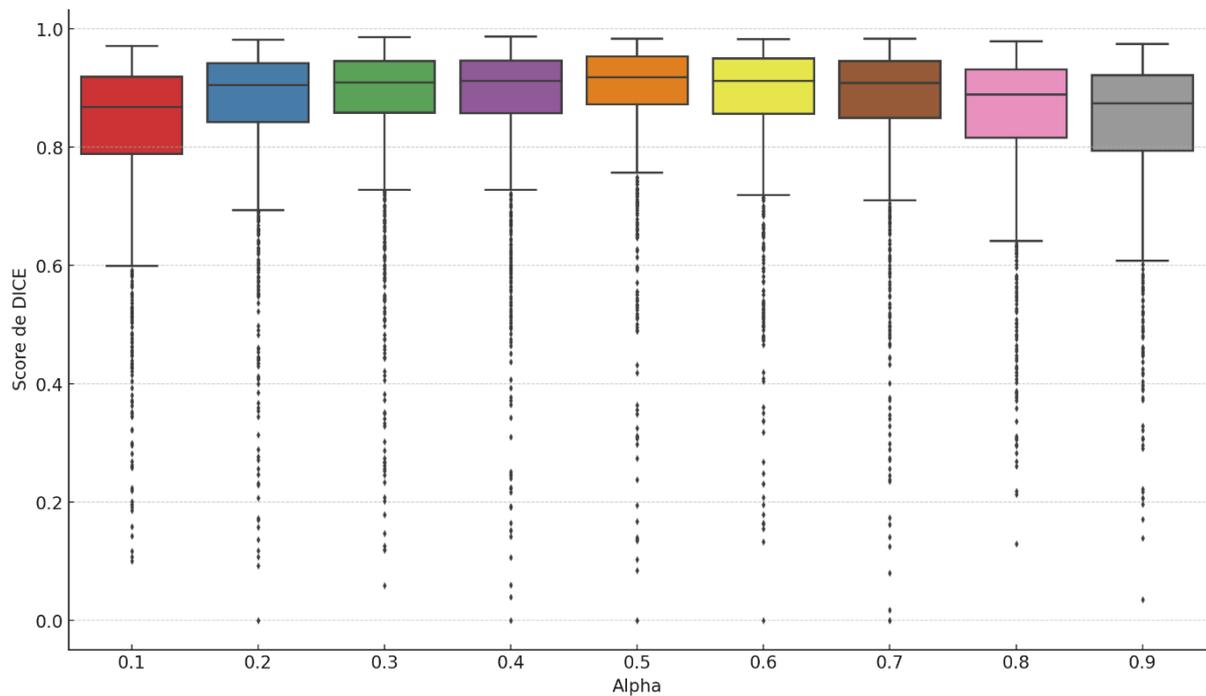


Figure 14 : Boxplot des scores de DICE en fonction de la valeur de  $\alpha$

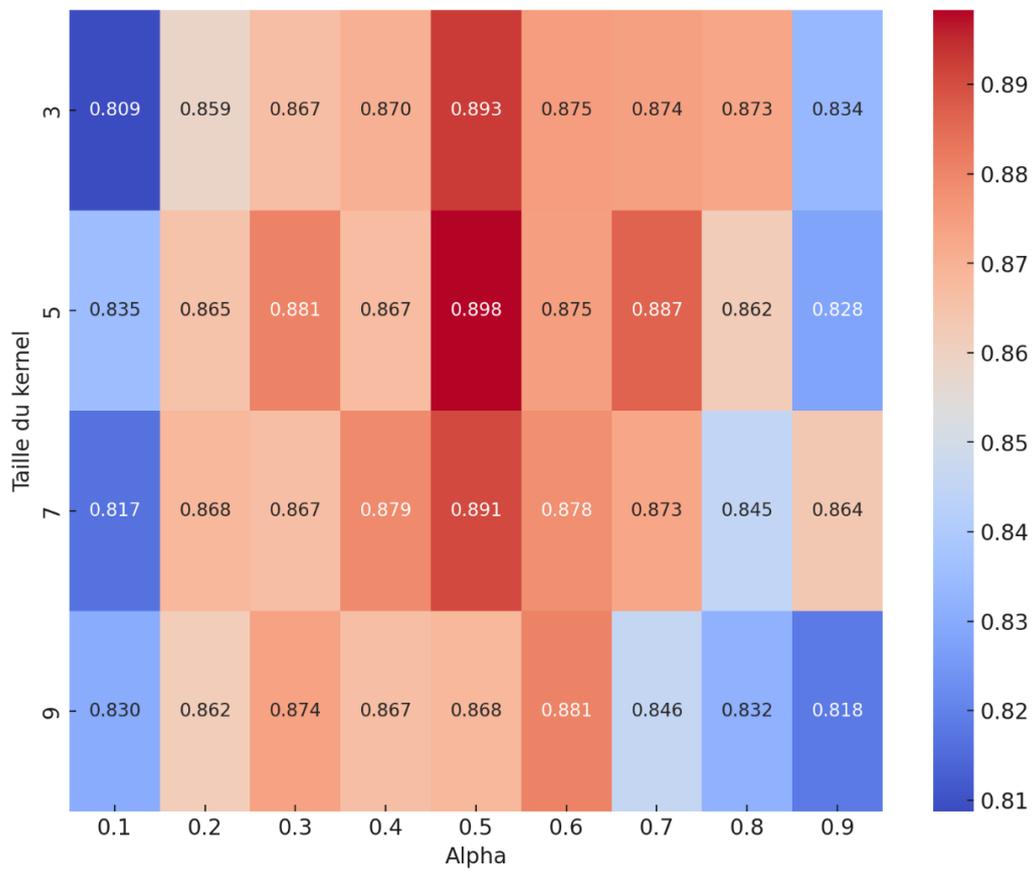


Figure 15 : Carte de chaleur des scores de DICE moyens en fonction de la taille des kernels et de la valeur de  $\alpha$ .

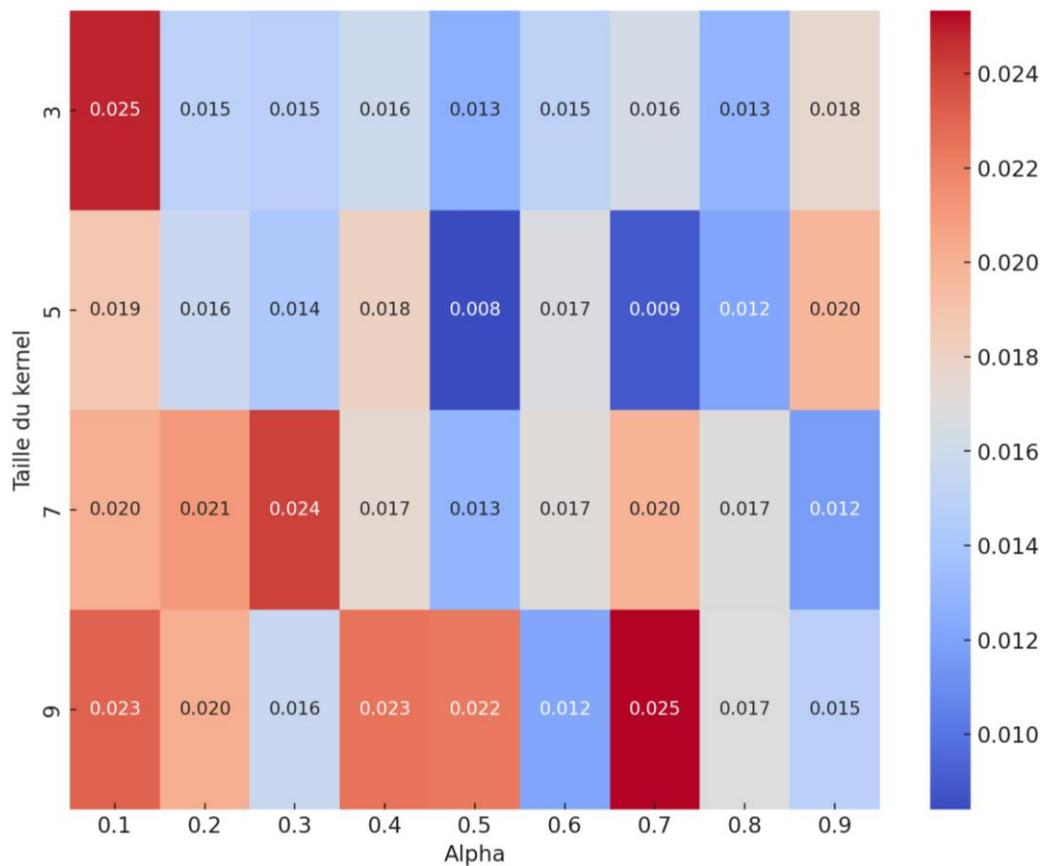


Figure 16 : Carte de chaleur des variances des scores de DICE moyens en fonction de la taille des kernels et de la valeur de  $\alpha$ .

En analysant les différents scores de DICE obtenus pour chaque image selon les paramètres d'entraînement, il est possible d'identifier les images pour lesquelles la segmentation a été globalement réussie par les différents modèles, ainsi que celles où les résultats de segmentation varient entre les modèles entraînés. Figure 17.

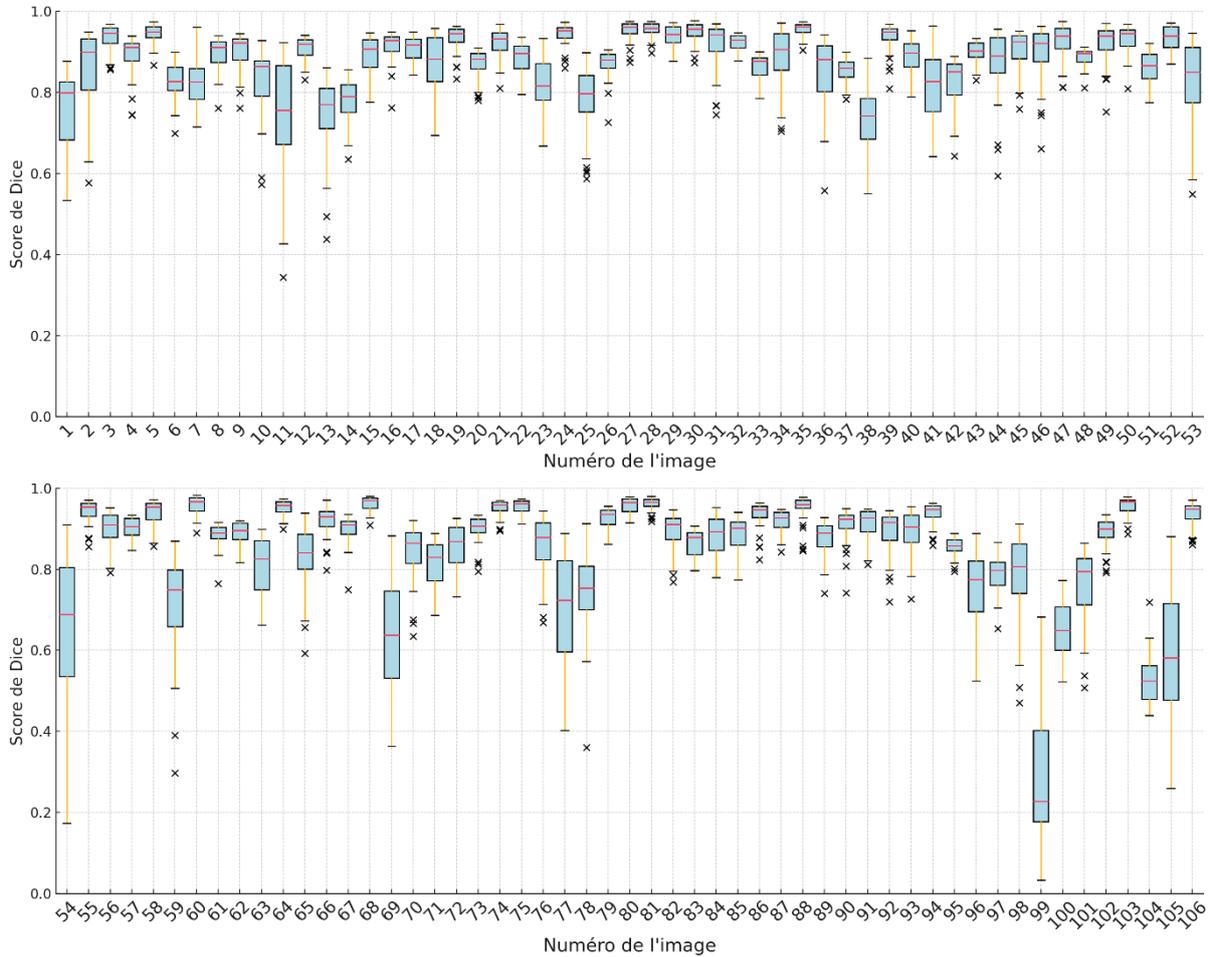


Figure 17 : Boxplot des scores de DICE obtenus par les différents entraînements sur les images de test

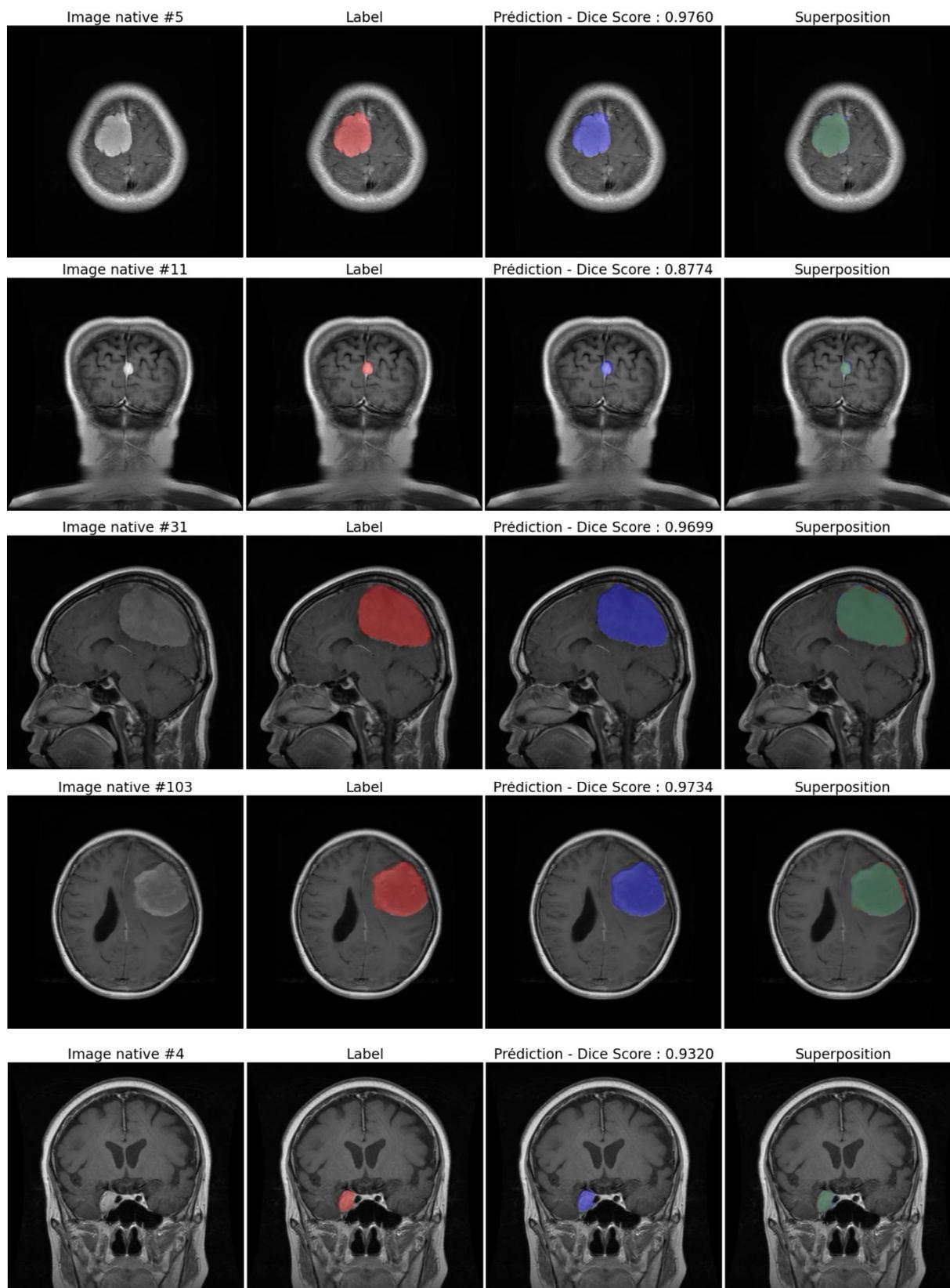


Figure 18 : Segmentations de gauche à droite : selon la vérité terrain, selon le modèle, superposition des deux. Modèle entraîné avec un kernel de 5x5 et  $\alpha = 0,5$

## 4. Discussion

L'utilisation d'une fonction de coût de type Tversky n'a pas apporté d'amélioration sur le score de DICE obtenu sur le set de test comparativement à une fonction de coût de type *DICE Score Loss*. En effet, les entraînements ayant obtenu les meilleurs scores sont ceux avec un facteur  $\alpha$  dans la *Tversky Loss* égale à 0,5 ce qui est l'équivalent d'utiliser une fonction de coût de type *DICE Score Loss*. En moyenne, avec un *kernel* d'une taille de 5x5, une fonction de coût équivalente à la *DICE Score Loss*, le score de DICE moyen obtenu était de 0,898 ce qui est une valeur correcte dans l'évaluation de la taille tumorale. *Chen C et al* ont quant à eux obtenus un score de DICE moyen de  $0,920 \pm 0,009$  dans leur étude sur la segmentation de méningiomes en deux dimensions sur l'entière du volume en utilisant un modèle U-Net modifié. [31]

L'une des principales limites de cette étude réside dans l'utilisation d'images en 2D. En effet, les valeurs du score de DICE obtenues pour les différents modèles ne sont valides que pour une seule coupe. Il est probable que ces valeurs seraient significativement réduites si le modèle était appliqué à l'ensemble des coupes reformatées en 2D d'un volume IRM. L'utilisation d'images 2D ne permet pas de faire de la volumétrie de façon directe contrairement aux modèles utilisant des kernels 3D. L'utilisation de kernels 3D aurait également l'avantage d'apporter plus de contexte au modèle pour réaliser des segmentations plus précises. L'épaisseur des coupes de 6 mm crée une ambiguïté sur le bon étiquetage à attribuer à la fois sur la vérité terrain et sur les segmentations prédites.

L'utilisation de score de DICE pour l'évaluation de la qualité des segmentations est également une limite. En effet, de minimales variations sur la segmentation des contours d'une petite tumeur impliqueront de grandes variations sur le score de DICE alors que ces variations seront peu significatives sur de grosses tumeurs. Il en découle un score de DICE peu élevé pour les petites tumeurs alors que celles-ci sont visuellement correctement segmentées. Figure 19

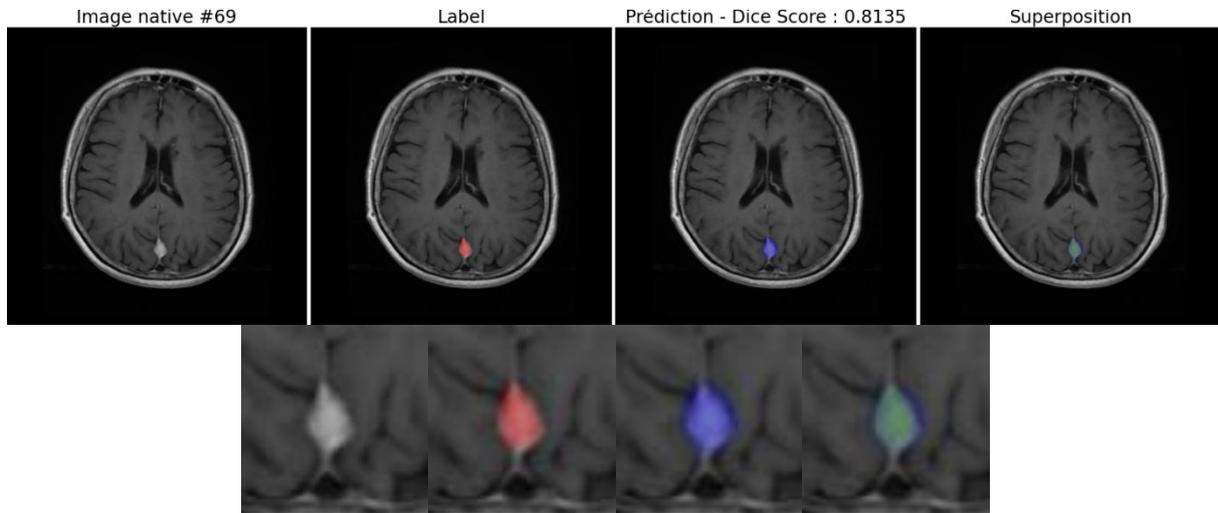


Figure 19 : Exemple d'une petite tumeur visuellement correctement segmentée, mais avec un DICE Score faible

Dans cette étude, la qualité de la segmentation des vérités terrain est aussi discutable pour certaines lésions. En effet, les structures vasculaires ne font pas partie à proprement parler de la tumeur et donc ne sont pas des zones à segmenter. Le radiologue a fait le choix de les inclure dans la segmentation alors que le modèle n'incluait généralement pas les structures vasculaires. D'autres lésions étaient quant à elles segmentées de façon imprécise dans le *dataset* avec des contours rectilignes sans tenir compte des contours arrondis des tumeurs. Figure 20, Figure 21

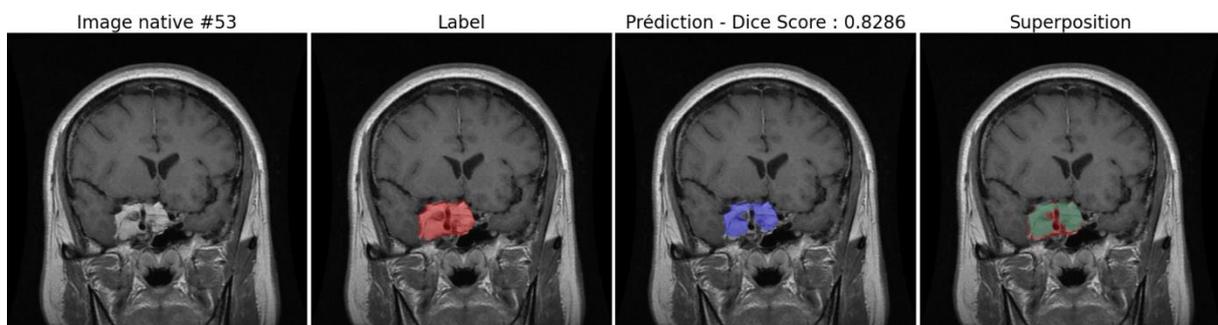


Figure 20 : Segmentation d'un vaisseau sanguin sur la vérité terrain

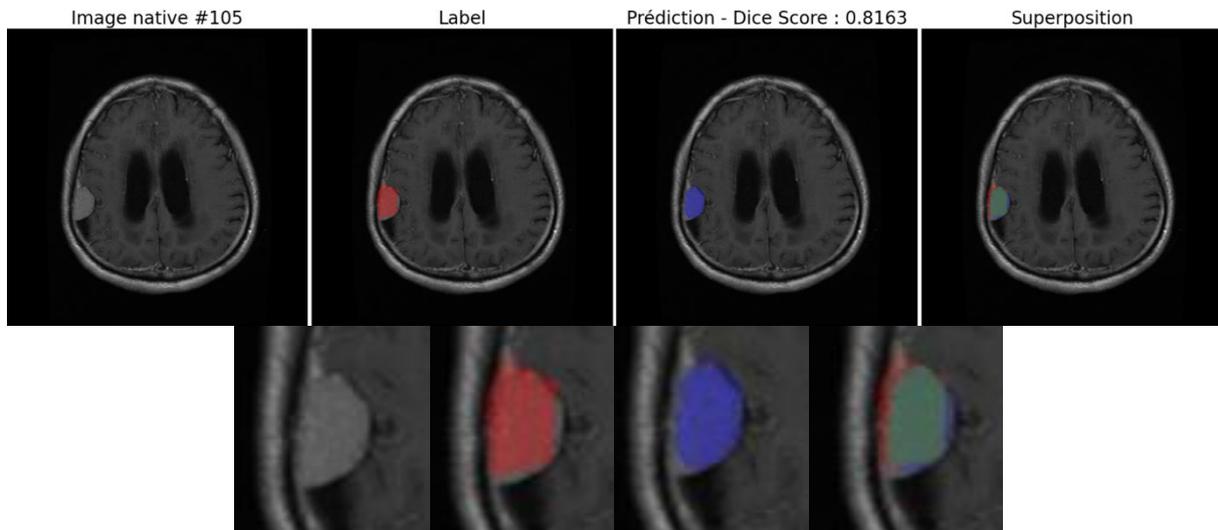


Figure 21 : Segmentation imprecise avec des contours rectilignes sur une vérité terrain

Pour certaines volumineuses lésions nécrotiques, la partie centrale n'a pas correctement été segmentée par le modèle probablement en raison de l'importante différence de l'aspect de la nécrose comparativement à l'aspect de la tumeur normalement rehaussée de façon homogène. Figure 22

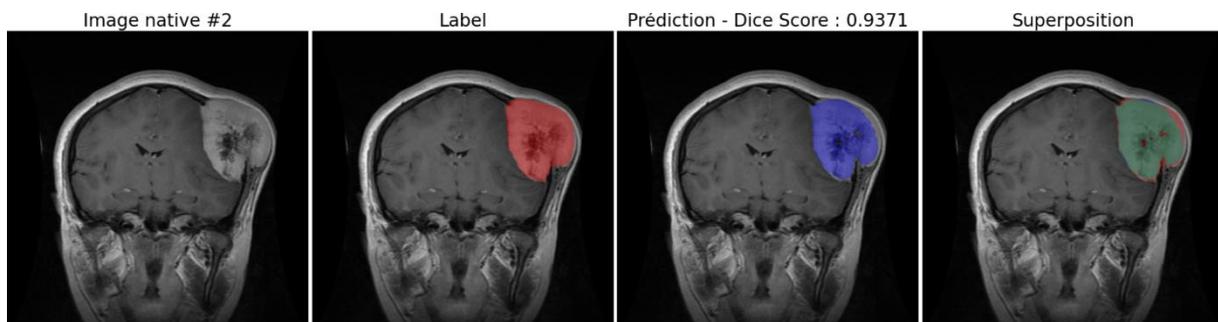


Figure 22 : Défaut de segmentation de la partie nécrotique d'un volumineux méningiome

Par ailleurs, l'entraînement et la phase de test sont réalisés exclusivement sur des images IRM de méningiomes. Les modèles ne sont donc pas évalués sur des images normales ni sur des tumeurs d'une autre nature ou d'autres pathologies.

Dans cette étude, toutes les images étaient pondérées en T1 avec injection de gadolinium. En pratique courante, il est rarement réalisé qu'une seule séquence IRM lors d'un examen. Les segmentations pourraient gagner en précision grâce à l'inclusion des autres séquences. La segmentation de la réaction œdémateuse sur la séquence T2 FLAIR permettrait une meilleure appréciation du retentissement tumoral.

Des modèles plus récents de réseau de neurones dérivés de l'architecture U-Net ont récemment été présentés. Parmi eux, les modèles nn-U-net ont l'avantage d'optimiser de façon automatique les hypers paramètres afin de choisir la meilleure façon d'entraîner les modèles. D'autres variantes telles que les Attention U-Net ont de meilleures capacités de segmentation dans certaines circonstances, notamment lorsqu'il est nécessaire de focaliser l'attention du modèle sur des régions spécifiques de l'image, en améliorant ainsi la précision de la détection des contours et des structures fines, tout en réduisant les erreurs liées aux zones moins pertinentes. [32]

## 5. Conclusion

Cette étude avait pour objectif de développer et de tester un modèle de segmentation automatique de méningiomes sur des images IRM pondérées en T1 injectées avec du gadolinium, en utilisant différentes configurations de l'architecture U-Net. Après avoir entraîné et comparé plusieurs versions du modèle, les résultats obtenus montrent que la combinaison d'un *kernel* de taille 5x5 et d'un paramètre  $\alpha$  de 0,5 dans la fonction de coût *Tversky Loss* a fourni les meilleurs scores de segmentation, avec un score de DICE moyen de 0,898.

L'usage de la fonction de coût Tversky n'a pas montré d'amélioration significative par rapport au *DICE Score Loss* classique. De plus, l'analyse des résultats suggère que les petites tumeurs peuvent avoir un score de DICE plus faible malgré une segmentation visuellement correcte.

En conclusion, la segmentation automatique par des modèles basés U-Net ou leurs variantes est une voie prometteuse pour le suivi des méningiomes en IRM. Ces technologies permettent aux radiologues de gagner un temps précieux en automatisant le processus de segmentation, réduisant ainsi la nécessité d'une intervention manuelle laborieuse. L'élaboration de modèles U-Net modifiés, les approches tridimensionnelles et la multimodalité pourraient contribuer à offrir des outils de diagnostic plus précis et fiables pour les radiologues. Ces avancées permettraient d'améliorer le suivi des patients atteints de méningiomes, notamment en standardisant la mesure de la croissance tumorale et en réduisant les variations interindividuelles dans l'évaluation des images.

## Glossaire

- **WHO** : World Health Organization, organisation internationale spécialisée dans la santé publique, responsable notamment de la classification des tumeurs du système nerveux central.
- **ANSM** : Agence Nationale de Sécurité du Médicament et des produits de santé, autorité française chargée de garantir la sécurité des médicaments et dispositifs médicaux.
- **IRM** : Imagerie par Résonance Magnétique.
- **T2 FLAIR** : T2 FLuid Attenuation Inversion Recovery
- **Vérité Terrain** : Ensemble de données annotées manuellement par des experts (comme des radiologues) qui sert de référence pour entraîner et évaluer la performance des modèles de segmentation automatique.
- **U-Net** : Réseau de neurones convolutifs dédié à la segmentation d'images médicales, composé d'un chemin contractant et d'un chemin expansif, permettant d'analyser et de reconstruire les images segmentées.
- **Dataset** : Ensemble de données utilisées pour entraîner et tester les modèles d'intelligence artificielle. Dans le cadre de la segmentation médicale, il peut s'agir d'images annotées manuellement.
- **MONAI** : Bibliothèque Python spécialisée dans le traitement d'images médicales, utilisée pour la manipulation et l'analyse des données IRM dans le cadre des réseaux de neurones.
- **PyTorch** : Bibliothèque Python open-source utilisée pour le développement de modèles d'apprentissage automatique et de deep learning, particulièrement populaire pour la manipulation de réseaux de neurones convolutifs.
- **PyTorch Lightning** : Framework haut niveau facilitant l'entraînement et le développement de modèles d'apprentissage profond tout en réduisant la complexité du code.
- **VRAM** : Mémoire vidéo dédiée utilisée par les cartes graphiques pour le traitement des images et des calculs graphiques intensifs.

- **RAM** : Mémoire vive (Random Access Memory) d'un ordinateur, utilisée pour stocker temporairement les données en cours de traitement.
- **CUDA** : Plateforme de calcul parallèle développée par NVIDIA pour exploiter les performances des unités de traitement graphique dans des applications de calcul intensif.
- **CPU** : Unité centrale de traitement (Central Processing Unit), le principal processeur d'un ordinateur, responsable de l'exécution des instructions des programmes.
- **NIFTI** : Neuroimaging Informatic Technology Initiative. Format de fichier utilisé pour les données d'imagerie médicale, en particulier les IRM, permettant de stocker les images et leurs métadonnées associées.
- **NiBabel** : Bibliothèque Python permettant de lire et manipuler les formats d'images médicales, notamment le format NIFTI, utilisé pour les IRM
- **Normalisation** : Processus de mise à l'échelle des données ou des images afin de rendre les intensités comparables, souvent utilisé pour homogénéiser des images provenant de différentes machines.
- **Convolution** : Opération mathématique dans les réseaux de neurones convolutifs (CNN) où un filtre (ou kernel) est appliqué sur une image pour extraire des caractéristiques spécifiques comme les bords ou les textures.
- **Max-pooling** : Technique utilisée dans les réseaux de neurones convolutifs pour réduire la dimension des images.
- **Kernel (filtre de convolution)** : Filtre utilisé dans les couches convolutives des réseaux de neurones pour extraire des caractéristiques spécifiques des images, telles que les contours ou les textures.
- **Epoch** : Une itération complète sur l'ensemble des données d'entraînement dans le cadre de l'apprentissage des réseaux de neurones. Un modèle est ajusté à chaque epoch en fonction de ses performances sur les données.
- **Propagation inverse (Backpropagation)** : Algorithme d'optimisation des réseaux de neurones qui ajuste les poids du modèle en fonction de l'erreur commise sur les données d'entraînement, via le calcul du gradient de l'erreur.

- **DICE Score** : Mesure statistique de similarité entre deux ensembles utilisés pour évaluer la performance des algorithmes de segmentation. Le score varie entre 0 (aucune similarité) et 1 (similarité parfaite).
- **DataFrame Panda** : Structure de données bidimensionnelle fournie par la bibliothèque Python Pandas
- **Machine Learning** : Sous-domaine de l'intelligence artificielle qui consiste à entraîner des modèles pour qu'ils puissent faire des prédictions ou prendre des décisions basées sur des données.
- **Overfitting** : Phénomène en apprentissage automatique où un modèle est trop adapté aux données d'entraînement, ce qui le rend moins performant lorsqu'il est confronté à des données nouvelles.
- **Dropout** : Technique de régularisation utilisée en apprentissage automatique qui consiste à désactiver de manière aléatoire certains neurones pendant l'entraînement pour éviter le surapprentissage.
- **Tversky Loss** : Fonction de coût utilisée dans les réseaux de neurones, similaire au DICE score, mais avec des paramètres permettant d'ajuster l'importance relative des faux positifs et des faux négatifs.
- **Seed** : Valeur initiale utilisée pour générer des nombres aléatoires dans les algorithmes d'apprentissage afin d'assurer la reproductibilité des résultats.

## Bibliographie

1. Ostrom QT, Price M, Neff C, Cioffi G, Waite KA, Kruchko C, et al. CBTRUS Statistical Report: Primary Brain and Other Central Nervous System Tumors Diagnosed in the United States in 2016-2020. *Neuro Oncol.* 4 oct 2023;25(12 Suppl 2):iv1-99.
2. Louis DN, Perry A, Wesseling P, Brat DJ, Cree IA, Figarella-Branger D, et al. The 2021 WHO Classification of Tumors of the Central Nervous System: a summary. *Neuro Oncol.* 2 août 2021;23(8):1231-51.
3. Champeaux C, Weller J, Katsahian S. Epidemiology of meningiomas. A nationwide study of surgically treated tumours on French medico-administrative data. *Cancer Epidemiology.* 1 févr 2019;58:63-70.
4. Van Alkemade H, De Leau M, Dieleman EMT, Kardaun JWPF, Van Os R, Vandertop WP, et al. Impaired survival and long-term neurological problems in benign meningioma. *Neuro-Oncology.* mai 2012;14(5):658-66.
5. Champeaux C, Weller J, Katsahian S. Epidemiology of meningiomas. A nationwide study of surgically treated tumours on French medico-administrative data. *Cancer Epidemiol.* févr 2019;58:63-70.
6. Goldbrunner R, Stavrinou P, Jenkinson MD, Sahm F, Mawrin C, Weber DC, et al. EANO guideline on the diagnosis and management of meningiomas. *Neuro Oncol.* 2 nov 2021;23(11):1821-34.
7. Weill A, Cadier B, Nguyen P, Coste J. Exposition prolongée à de fortes doses d'acétate de cyprotérone et risque de méningiome chez la femme [Internet]. 2019. Disponible sur: [https://amavea.org/wp-content/uploads/2019/05/rapport-AC-et-meingiome\\_synthese-longue-v01.pdf](https://amavea.org/wp-content/uploads/2019/05/rapport-AC-et-meingiome_synthese-longue-v01.pdf)
8. Roland N, Neumann A, Hoisnard L, Duranteau L, Froelich S, Zureik M, et al. Use of progestogens and the risk of intracranial meningioma: national case-control study. *BMJ.* 27 mars 2024;384:e078078.
9. Information de sécurité - Restrictions de l'utilisation de l'ac [Internet]. ANSM. [cité 15 août 2024]. Disponible sur: <https://ansm.sante.fr/informations-de-securite/restrictions-de-lutilisation-de-lacetate-de-cyproterone-liees-au-risque-de-meningiome>
10. Hashiba T, Hashimoto N, Izumoto S, Suzuki T, Kagawa N, Maruno M, et al. Serial volumetric assessment of the natural history and growth pattern of incidentally discovered meningiomas. *J Neurosurg.* avr 2009;110(4):675-84.
11. Nakamura M, Roser F, Michel J, Jacobs C, Samii M. The natural history of incidental meningiomas. *Neurosurgery.* juill 2003;53(1):62-70; discussion 70-71.
12. Buerki RA, Horbinski CM, Kruser T, Horowitz PM, James CD, Lukas RV. An overview of meningiomas. *Future Oncol.* sept 2018;14(21):2161-77.

13. Planty-Bonjour A, Aggad M MD, praticien hospitalier, François P MD PhD, professeur des Universités, praticien hospitalier. Méningiomes intracrâniens. *Neurologie*. 1 avr 2023;46(2):1-22.
14. Pham DL, Xu C, Prince JL. Current methods in medical image segmentation. *Annu Rev Biomed Eng*. 2000;2:315-37.
15. Mohammed YMA, El Garouani S, Jellouli I. A survey of methods for brain tumor segmentation-based MRI images. *Journal of Computational Design and Engineering*. 1 févr 2023;10(1):266-93.
16. Ayodele TO. Types of Machine Learning Algorithms. In: *New Advances in Machine Learning [Internet]*. IntechOpen; 2010. Disponible sur: <https://www.intechopen.com/chapters/10694>
17. Juan-Albarracín J, Fuster-Garcia E, Manjón JV, Robles M, Aparici F, Martí-Bonmatí L, et al. Automated Glioblastoma Segmentation Based on a Multiparametric Structured Unsupervised Classification. *PLOS ONE*. 15 mai 2015;10(5):e0125143.
18. Binaghi E, Pedoia V, Balbi S. Collection and fuzzy estimation of truth labels in glial tumour segmentation studies. *Computer Methods in Biomechanics and Biomedical Engineering: Imaging & Visualization*. 3 juill 2016;4(3-4):214-28.
19. Chang V, Narang J, Schultz L, Issawi A, Jain R, Rock J, et al. Computer-aided volumetric analysis as a sensitive tool for the management of incidental meningiomas. *Acta Neurochir*. avr 2012;154(4):589-97.
20. Brain Tumor .npy [Internet]. Disponible sur: <https://www.kaggle.com/datasets/awsaf49/brain-tumor>
21. Cheng J, Huang W, Cao S, Yang R, Yang W, Yun Z, et al. Enhanced Performance of Brain Tumor Classification via Tumor Region Augmentation and Partition. Zhang D, éditeur. *PLoS ONE*. 8 oct 2015;10(10):e0140381.
22. Welcome to PyTorch Lightning — PyTorch Lightning 2.2.5 documentation [Internet]. Disponible sur: <https://lightning.ai/docs/pytorch/stable/>
23. GitHub - Project-MONAI/MONAI: AI Toolkit for Healthcare Imaging [Internet]. Disponible sur: <https://github.com/project-monai/monai>
24. Neuroimaging in Python — NiBabel 5.3.0.dev5+g773e3c40 documentation [Internet]. Disponible sur: <https://nipy.org/nibabel/>
25. Nyul LG, Udupa JK, Zhang X. New variants of a method of MRI scale standardization. *IEEE Transactions on Medical Imaging*. févr 2000;19(2):143-50.
26. Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. In: Navab N, Hornegger J, Wells WM, Frangi AF, éditeurs. *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2015*. Cham: Springer International Publishing; 2015. p. 234-41.
27. Siddique N, Paheding S, Elkin CP, Devabhaktuni V. U-Net and Its Variants for Medical Image Segmentation: A Review of Theory and Applications. *IEEE Access*. 2021;9:82031-57.

28. Azad R, Aghdam EK, Rauland A, Jia Y, Avval AH, Bozorgpour A, et al. Medical Image Segmentation Review: The success of U-Net [Internet]. arXiv; 2022 [cité 1 sept 2024]. Disponible sur: <http://arxiv.org/abs/2211.14830>
29. Srivastava N, Hinton G, Krizhevsky A, Sutskever I, Salakhutdinov R. Dropout: A Simple Way to Prevent Neural Networks from Overfitting. *Journal of Machine Learning Research*. 2014;15(56):1929-58.
30. Salehi SSM, Erdogmus D, Gholipour A. Tversky Loss Function for Image Segmentation Using 3D Fully Convolutional Deep Networks. In: Wang Q, Shi Y, Suk HI, Suzuki K, éditeurs. *Machine Learning in Medical Imaging*. Cham: Springer International Publishing; 2017. p. 379-87.
31. Chen C, Cheng Y, Xu J, Zhang T, Shu X, Huang W, et al. Automatic Meningioma Segmentation and Grading Prediction: A Hybrid Deep-Learning Method. *JPM*. 12 août 2021;11(8):786.
32. Isensee F, Jaeger PF, Kohl SAA, Petersen J, Maier-Hein KH. nnU-Net: a self-configuring method for deep learning-based biomedical image segmentation. *Nat Methods*. févr 2021;18(2):203-11.

## Table des Illustrations

Figure 1 : Histogramme de l'intensité des niveaux de gris des images avant prétraitement .....	13
Figure 2: Histogramme de l'intensité des niveaux de gris des images après prétraitement .....	13
Figure 3 : Exemple d'image avant prétraitement à gauche et après prétraitement à droite .....	14
Figure 4 : Architecture du modèle U-Net .....	15
Figure 5 : Illustration du principe de convolution avec un kernel 2D : filtre vertical mettant en évidence les changements d'intensité sur l'axe horizontal .....	16
Figure 6 : Illustration du principe de convolution avec un kernel 2D réalisant une moyenne de l'intensité des pixels sur 9 pixels .....	16
Figure 7 : Illustration du principe de max-pooling .....	16
Figure 8 : Illustration de la séparation des images entre le test de test, de validation et d'entraînement.....	19
Figure 9 : Exemples d'images transformées dans l'étape d'augmentation des données.....	20
Figure 10 : Formule du score de DICE .....	21
Figure 11 : Formule de la fonction de coût Tversky.....	22
Figure 12 : Fonction de coût sur le set d'entraînement (Train loss) et de validation (Validation loss) au cours de différents epochs pour l'entraînement avec les paramètres suivants : kernel : 5x5, $\alpha = 0,5$ , seed = 452669 .....	24
Figure 13 : Boxplot des scores de DICE en fonction de la taille des kernels et de la valeur de $\alpha$ .....	25
Figure 14 : Boxplot des scores de DICE en fonction de la valeur de $\alpha$ .....	25
Figure 15 : Carte de chaleur des scores de DICE moyens en fonction de la taille des kernels et de la valeur de $\alpha$ . .....	26
Figure 16 : Carte de chaleur des variances des scores de DICE moyens en fonction de la taille des kernels et de la valeur de $\alpha$ .....	26
Figure 17 : Boxplot des scores de DICE obtenus par les différents entraînements sur les images de test.....	27
Figure 18 : Segmentations de gauche à droite : selon la vérité terrain, selon le modèle, superposition des deux. Modèle entraîné avec un kernel de 5x5 et $\alpha = 0,5$	28
Figure 19 : Exemple d'une petite tumeur visuellement correctement segmentée, mais avec un DICE Score faible.....	30
Figure 20 : Segmentation d'un vaisseau sanguin sur la vérité terrain.....	30
Figure 21 : Segmentation imprécise avec des contours rectilignes sur une vérité terrain .....	31
Figure 22 : Défaut de segmentation de la partie nécrotique d'un volumineux méningiome .....	31

## Table des Tableaux

Tableau 1 : Répartition des images dans les différents sets .....	18
Tableau 2 : Nombre de paramètres entraînés en fonction de la taille des kernels ...	23

## Résumé

Les méningiomes sont des tumeurs intracrâniennes majoritairement bénignes, dont le suivi repose principalement sur l'imagerie par résonance magnétique. La segmentation précise de ces tumeurs sur les images IRM est cruciale pour évaluer leur taille et leur évolution. Cependant, les méthodes de segmentation manuelles peuvent être fastidieuses et sujettes à des variations inter-observateurs. Cette thèse propose le développement et l'évaluation d'un modèle de segmentation automatique basé sur l'architecture U-Net pour la délimitation des méningiomes sur des images IRM pondérées en T1 avec injection de gadolinium.

Plusieurs modèles U-Net avec différentes configurations de paramètres structurels et d'entraînement ont été entraînés, en utilisant un jeu de données d'IRM publiques de patients atteints de méningiomes. La performance des modèles a été évaluée à l'aide du score de DICE, comparant les segmentations prédictives du modèle à des segmentations manuelles de référence. Les résultats montrent qu'un modèle U-Net avec un kernel de taille 5x5 et une fonction de coût Tversky Loss paramétrée avec un  $\alpha = 0,5$  a atteint le meilleur score de DICE, avec une moyenne de 0,898.

Cette étude met en évidence le potentiel des modèles U-Net pour la segmentation automatique des méningiomes, malgré certaines limites, notamment l'utilisation d'images 2D qui ne permet pas d'obtenir une volumétrie complète des tumeurs. L'évolution de ces méthodes réside dans l'intégration de techniques de segmentation 3D et l'exploitation de données multimodales, dans le but d'améliorer la précision diagnostique et de standardiser le suivi par imagerie.

Mots clés : Méningiome, IRM, segmentation, U-Net, Tversky Loss

# SERMENT



UNIVERSITE DE POITIERS



## Faculté de Médecine et de Pharmacie



En présence des Maîtres de cette école, de mes chers condisciples et devant l'effigie d'Hippocrate, je promets et je jure d'être fidèle aux lois de l'honneur et de la probité dans l'exercice de la médecine. Je donnerai mes soins gratuits à l'indigent et n'exigerai jamais un salaire au-dessus de mon travail. Admis dans l'intérieur des maisons mes yeux ne verront pas ce qui s'y passe ; ma langue taira les secrets qui me seront confiés, et mon état ne servira pas à corrompre les mœurs ni à favoriser le crime. Respectueux et reconnaissant envers mes Maîtres, je rendrai à leurs enfants l'instruction que j'ai reçue de leurs pères.

Que les hommes m'accordent leur estime si je suis fidèle à mes promesses ! Que je sois couvert d'opprobre et méprisé de mes confrères si j'y manque !



## Résumé

Les méningiomes sont des tumeurs intracrâniennes majoritairement bénignes, dont le suivi repose principalement sur l'imagerie par résonance magnétique. La segmentation précise de ces tumeurs sur les images IRM est cruciale pour évaluer leur taille et leur évolution. Cependant, les méthodes de segmentation manuelles peuvent être fastidieuses et sujettes à des variations inter-observateurs. Cette thèse propose le développement et l'évaluation d'un modèle de segmentation automatique basé sur l'architecture U-Net pour la délimitation des méningiomes sur des images IRM pondérées en T1 avec injection de gadolinium.

Plusieurs modèles U-Net avec différentes configurations de paramètres structurels et d'entraînement ont été entraînés, en utilisant un jeu de données d'IRM publiques de patients atteints de méningiomes. La performance des modèles a été évaluée à l'aide du score de DICE, comparant les segmentations prédictives du modèle à des segmentations manuelles de référence. Les résultats montrent qu'un modèle U-Net avec un kernel de taille 5x5 et une fonction de coût Tversky Loss paramétrée avec un  $\alpha = 0,5$  a atteint le meilleur score de DICE, avec une moyenne de 0,898.

Cette étude met en évidence le potentiel des modèles U-Net pour la segmentation automatique des méningiomes, malgré certaines limites, notamment l'utilisation d'images 2D qui ne permet pas d'obtenir une volumétrie complète des tumeurs. L'évolution de ces méthodes réside dans l'intégration de techniques de segmentation 3D et l'exploitation de données multimodales, dans le but d'améliorer la précision diagnostique et de standardiser le suivi par imagerie.

Mots clés : Méningiome, IRM, segmentation, U-Net, Tversky Loss