

## Thèse : Caractérisation tissulaire par apprentissage profond sur imagerie ultrasonore

Mots clés : Caractérisation tissulaire, speckle, apprentissage profond, interprétabilité

Lieu : CREATIS, Villeurbanne, France

Sujet :



Exemples d'images ultrasonores pour différents grades de fibroses [6].

**Contexte clinique.** L'histopathologie est actuellement la technique de référence pour la caractérisation des tissus. Elle est utilisée pour un large éventail de pathologies (cancer, fibrose, stéatose, etc.). Elle permet d'identifier et d'évaluer le stade de la pathologie, et donc de mettre en place un traitement approprié. Néanmoins, il s'agit d'une méthode invasive, longue et coûteuse : un échantillon de tissu doit être prélevé, préparé et observé au microscope. En outre, les résultats dépendent fortement de l'échantillon choisi et ne fournissent pas une vue d'ensemble de l'organe affecté. La caractérisation des tissus par l'imagerie permettrait une évaluation globale de l'organe sans invasivité ni coût supplémentaire. L'imagerie par ultrasons est utilisée pour de nombreux organes. Ces images

comportent du « speckle », lié à la diffusion des ondes acoustiques par des petites structures à l'intérieur du tissu. Ce dernier porte donc des informations sur les propriétés acoustiques et notamment la microstructure des tissus imagés.

**L'apprentissage profond** a quant à lui révolutionné l'analyse d'images médicales en aidant le praticien dans son diagnostic. Néanmoins, son manque d'interprétabilité freine sa diffusion en clinique malgré des performances remarquables et des résultats en temps réel. Il est donc nécessaire de proposer des méthodes interprétables utilisant des éléments pertinents d'un point de vue clinique tout en limitant l'utilisation de biais, par exemple en utilisant les propriétés acoustiques des tissus observés sur les images ultrasonores.

**L'objectif de la thèse** est de proposer une méthode d'apprentissage profond pour la caractérisation tissulaire à partir de données échographiques (image B-mode, signaux RF) en se basant sur la signature du « speckle ». La méthode proposée permettra de caractériser le tissu de manière locale sur la globalité de l'organe imagé. En se basant sur les propriétés de diffusion des tissus à travers le speckle, nous nous assurons que notre méthode se base sur des caractéristiques pertinentes. La méthode sera appliquée à la stéatose hépatique non-alcoolique qui concerne 25 % de la population mondiale, ce qui en fait la première cause de pathologie chronique du foie.

**Plus précisément**, nous chercherons à :

- Séparer l'information liée au speckle du reste dans les données échographiques de manière automatique grâce à un réseau de neurones et des techniques de démantèlement de l'espace latent. Des modèles génératifs (notamment VAE et modèles de diffusion) seront utilisés [1, 2].
- Prédire une carte donnant le grade de la pathologie de manière locale avec uniquement une information globale lors de l'entraînement du réseau de neurones en se basant sur des techniques d'apprentissage multi-instances et faiblement supervisé.
- Proposer une méthode explicable en donnant à la fois les zones d'intérêt pour la décision du réseau de neurones en utilisant des méthodes d'attribution et des descripteurs de l'image (texture, forme, etc) par le biais de prototypes [3, 4, 5]

Les expériences seront conduites à la fois sur des données synthétiques, des données pré-cliniques ex-vivo et des données cliniques [6]. Un objectif supplémentaire sera de :

- Générer de données ultrasonores réalistes pour la stéatose, notamment à partir d'images histologiques. Des modèles computationnels et d'apprentissage profond guidés par la physique de propagation des ondes seront considérés [7, 8].

Profil recherché : Master ou diplôme en informatique/apprentissage profond/sciences des données avec de bonnes compétences en programmation (python, idéalement Pytorch).

## Candidature :

Envoyer un CV et les relevés de notes de master à :

- Valentine Wargnier-Dauchelle, [valentine.wargnier@creatis.insa-lyon.fr](mailto:valentine.wargnier@creatis.insa-lyon.fr)
- Pauline Muleki-Seya, [pauline.muleki-seya@creatis.insa-lyon.fr](mailto:pauline.muleki-seya@creatis.insa-lyon.fr)
- Michaël Sdika, [michael.sdika@creatis.insa-lyon.fr](mailto:michael.sdika@creatis.insa-lyon.fr)

## References:

[1] WANG, Xin, CHEN, Hong, WU, Zihao, et al. Disentangled representation learning. IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence, 2024.

[2] HO, Jonathan, JAIN, Ajay, et ABBEEL, Pieter. Denoising diffusion probabilistic models. Advances in neural information processing systems, 2020, vol. 33, p. 6840-6851.

[3] ERION, Gabriel, JANIZEK, Joseph D., STURMFELS, Pascal, et al. Improving performance of deep learning models with axiomatic attribution priors and expected gradients. Nature machine intelligence, 2021, vol. 3, no 7, p. 620-631.

[4] GALLÉE, Luisa, BEER, Meinrad, et GÖTZ, Michael. Interpretable medical image classification using prototype learning and privileged information. In : International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. Cham : Springer Nature Switzerland, 2023. p. 435-445.

[5] DJOUMESSI, Kerol, BAH, Bubacarr, KÜHLEWEIN, Laura, et al. This actually looks like that: Proto-BagNets for local and global interpretability-by-design. In : International Conference on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention. Cham : Springer Nature Switzerland, 2024. p. 718-728.

[6] JOO, Yunsang, PARK, Hyun-Cheol, LEE, O.-Joun, et al. Classification of liver fibrosis from heterogeneous ultrasound image. IEEE Access, 2023, vol. 11, p. 9920-9930 (<https://www.kaggle.com/datasets/vibhingupta028/liver-histopathology-fibrosis-ultrasound-images/data>).

[7] GARCIA, Damien. SIMUS: an open-source simulator for medical ultrasound imaging. Part I: theory & examples. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2022, vol. 218, p. 106726.

[8] CIGIER, Amanda, VARRAY, François, et GARCIA, Damien. SIMUS: an open-source simulator for medical ultrasound imaging. Part II: comparison with four simulators. Computer Methods and Programs in Biomedicine, 2022, vol. 220, p. 106774.