

Sujet de stage Master 2/Ingénieur - Laboratoire GREYC & CHU de Caen Normandie - 2024

# Deep learning faiblement supervisé pour l'aide au diagnostic du lymphome

**Mots clés** : IA, Deep learning, Aide au diagnostic, Pathologie Digitale.

**Laboratoires** : Laboratoire GREYC (UMR CNRS 6072), CHU de Normandie

**Encadrants** : Marie-Laure Quintyn-Ranty (Praticien Hospitalier CHU Caen Normandie), Olivier Lézoray (PR UNICAEN), Alexis Lechervy (MC UNICAEN).

**Adresses email** : quintyn-ml@chu-caen.fr, {olivier.lezoray,alexis.lechervy}@unicaen.fr

**Stage** : Durée de 5-6 mois, à Caen, au Campus 2, ENSICAEN, Bâtiment F.

**Contexte** : Le lymphome est une pathologie cancéreuse caractérisée par la prolifération de cellules du système lymphatique. Il s'agit en réalité plus « des lymphomes » que « du lymphome » de par la variété des différentes cellules qui peuvent proliférer et des variétés de la gravité des différents lymphomes. Le diagnostic se fait en anatomie et cytologie pathologiques à partir de prélèvements dans le ganglion. A partir de ces prélèvements, on réalise – entre autres – une lame de cytologie par apposition : les cellules du ganglion sont déposées sur une lame de verre et colorées pour en observer les caractéristiques. Or, en dehors de certaines situations évidentes, les cellules de la plupart des différents types de lymphomes ont des caractéristiques morphologiques difficiles à discriminer avec l'œil humain. Il serait donc intéressant d'entraîner un programme d'intelligence artificielle à identifier (ou non) ces caractéristiques à partir d'une banque de lames de cytologie d'empreintes ganglionnaires lymphatiques, dont le diagnostic de lymphome (et de son type) est établi.

**Sujet** : La pathologie computationnelle est un domaine en plein essor qui s'avère très prometteur pour améliorer l'accès aux soins de santé. En particulier, l'aide au diagnostic a fortement évolué ces dernières années avec l'utilisation d'approches de deep learning. Si ces méthodes permettent d'extraire des caractéristiques plus discriminantes à des fins de diagnostic, elles sont très coûteuses en volume de données nécessaires. En effet, cela demande aux pathologistes de réaliser des annotations au niveau pixel de scans de grande taille de lames (au niveau du gigapixel) afin que les modèles puissent effectuer leur apprentissage supervisé. Pour surmonter cette limitation en pathologie digitale, des approches faiblement supervisées sont apparues. Cette fois la lame scannée reçoit une unique annotation avec des caractéristiques provenant des tuiles de la lame scannée. Pour l'apprentissage, les tuiles peuvent toutes hériter du label de la lame ou bien des sacs de tuiles héritent du label (apprentissage à instances multiples). La prédiction médicale se fait alors au niveau de la lame entière : une lame est positive si elle contient au moins une tuile tumorale. Ces approches sont très prometteuses [1] et nous souhaitons les explorer pour l'aide au diagnostic de lames d'empreintes ganglionnaires lymphatiques dans un contexte de suspicion de lymphome.

## Plan de travail :

- Bibliographie sur les méthodes faiblement supervisées en deep learning pour la pathologie digitale,
- Implémentation de méthodes de l'état de l'art,
- Tests sur la base de données d'images du CHU Caen Normandie.

## Profil recherché :

- Etudiant.e en Master 2 Recherche ou en dernière année d'école d'ingénieur, spécialisé en informatique, image et/ou intelligence artificielle .

- Une formation en machine et deep learning est indispensable.
- Des connaissances et expériences en apprentissage profond et programmation (Python, TensorFlow/PyTorch) sont nécessaires.
- Autonomie et curiosité pour la recherche scientifique.

**Candidature :** Pour postuler, envoyer par email aux encadrants un dossier avec CV, lettre de motivation, relevés de notes des deux dernières années de formation, ainsi que toute pièce susceptible de renforcer la candidature (lettre de recommandation, etc.).

## Références

- [1] Narmin Ghaffari Laleh, Hannah Sophie Muti, Chiara Maria Lavinia Loeffler, Amelie Echle, Oliver Lester Saldanha, Faisal Mahmood, Ming Y. Lu, Christian Trautwein, Rupert Langer, Bastian Dislich, Roman D. Buelow, Heike Irmgard Grabsch, Hermann Brenner, Jenny Chang-Claude, Elizabeth Alwers, Titus J. Brinker, Firas Khader, Daniel Truhn, Nadine T. Gaisa, Peter Boor, Michael Hoffmeister, Volkmar Schulz, and Jakob Nikolas Kather, "Benchmarking weakly-supervised deep learning pipelines for whole slide classification in computational pathology," *Medical Image Analysis*, vol. 79, pp. 102474, 2022.