



HAL
open science

Apprentissage multi-séquences pour la segmentation des lésions de la sclérose en plaques dans l'IRM de la moelle épinière

Ricky Walsh, Malo Gaubert, Cédric Meurée, Burhan Rashid, Anne Kerbrat,
Romain Casey, Benoit Combès, Francesca Galassi

► **To cite this version:**

Ricky Walsh, Malo Gaubert, Cédric Meurée, Burhan Rashid, Anne Kerbrat, et al.. Apprentissage multi-séquences pour la segmentation des lésions de la sclérose en plaques dans l'IRM de la moelle épinière. Colloque Français d'Intelligence Artificielle en Imagerie Biomédicale (IABM) 2025, Mar 2025, Nice, France. hal-04903628

HAL Id: hal-04903628

<https://hal.science/hal-04903628v1>

Submitted on 21 Jan 2025

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



Distributed under a Creative Commons Attribution 4.0 International License

Apprentissage multi-séquences pour la segmentation des lésions de la sclérose en plaques dans l'IRM de la moelle épinière

Ricky Walsh¹, Malo Gaubert^{1,2}, Cédric Meurée¹, Burhan Rashid Hussein¹, Anne Kerbrat^{1,3}, Romain Casey⁴, Benoit Combès^{1,†}, Francesca Galassi^{1,†}

¹ Univ Rennes, Inria, CNRS, Inserm, IRISA UMR 6074, Empenn, Rennes, France

² Department of Neuroradiology, Rennes University Hospital, Rennes, France

³ Department of Neurology, Rennes University Hospital, Rennes, France

⁴ Univ Lyon, Univ Claude Bernard Lyon 1, Hospices Civils de Lyon, Fondation EDMUS, OFSEP, Centre de Recherche en Neurosciences de Lyon, Lyon, France

† Equal contribution

L'acquisition de plusieurs séquences d'IRM est recommandée pour visualiser les lésions de sclérose en plaques dans la moelle épinière. Cependant, les outils de segmentation automatique développés jusqu'à présent ne permettent pas d'analyser conjointement l'ensemble des séquences acquises pour un sujet donné, limitant la pertinence des analyses. Cette étude est la première à explorer une approche multi-séquence pour la détection de ces lésions. En particulier, nous proposons une méthode pour traiter les problèmes inhérents aux données multi-séquences de la moelle épinière, tels que les champs de vue différents, le décalage inter-acquisitions et l'absence de certaines séquences lors de l'entraînement et l'inférence. En particulier, pour gérer les séquences manquantes, nous examinons une méthode simple consistant à remplacer les features manquantes par la moyenne des features associées aux séquences disponibles. Fig. 1 donne un exemple d'une segmentation. Cette approche permet d'obtenir de meilleurs résultats de segmentation même dans le cas où une seule séquence est disponible à l'inférence, par rapport à un modèle entraîné directement sur cette séquence (cf. Table 1). Des expériences et analyses nous permettent de mieux comprendre ce résultat surprenant. En particulier, nous avons observé que l'encodeur et le décodeur bénéficient tous les deux de la variabilité introduite par le cadre multi-séquence. De plus, en proposant un schéma d'augmentation des features latentes pour reproduire cette variabilité dans le contexte mono-séquence, nous avons observé des améliorations par rapport à un apprentissage classique. Nous avons présenté ce travail à MICCAI en octobre 2024 (https://papers.miccai.org/miccai-2024/paper/3549_paper.pdf).

Table 1. Résumé des performances des différents modèles. Les quatre premières lignes correspondent à des modèles entraînés et testés sur des combinaisons de séquences spécifiques. *Mean Imputation* a été entraîné sur toutes les séquences et évalué sur différentes combinaisons lors de l’inférence. Les ensembles de test \mathcal{D}_A , \mathcal{D}_B et \mathcal{D}_C proviennent de cohortes distinctes, et une entrée vide dans la table indique une combinaison de séquences manquante. Le meilleur résultat pour chaque ensemble de test est affiché en gras.

En général, l’entraînement sur des combinaisons spécifiques de séquences, telles que le T2Sag et le STIR, conduit à un nombre réduit de sujets et donc à des performances moindres par rapport à l’entraînement sur le T2Sag seul. Le *Mean Imputation* surpasse le modèle de référence entraîné sur le T2Sag seul. D’autres séquences lors de l’inférence n’apportent que des améliorations marginales.

Model	Séquences lors de l’Inference						F1 (Lésions)			Dice		
	T2Sag	STIR	T2*	T2Ax	T1	MP2R	\mathcal{D}_A	\mathcal{D}_B	\mathcal{D}_C	\mathcal{D}_A	\mathcal{D}_B	\mathcal{D}_C
Combinaisons Spécifiques	•	○	○	○	○	○	0.593	0.517	0.583	0.452	0.403	0.469
	•	•	○	○	○	○	0.558	0.477	–	0.418	0.355	–
	•	○	•	○	•	○	–	–	0.593	–	–	0.445
	•	○	•	•	○	○	0.550	–	–	0.380	–	–
<i>Mean Imputation</i>	•	○	○	○	○	○	0.641	0.563	0.606	0.466	0.414	0.493
	•	•	○	○	○	○	0.637	0.570	–	0.470	0.432	–
	•	○	•	○	•	○	–	–	0.622	–	–	0.518
	•	○	•	•	○	○	0.650	–	–	0.480	–	–
	•	•	•	•	○	•	0.646	–	–	0.475	–	–

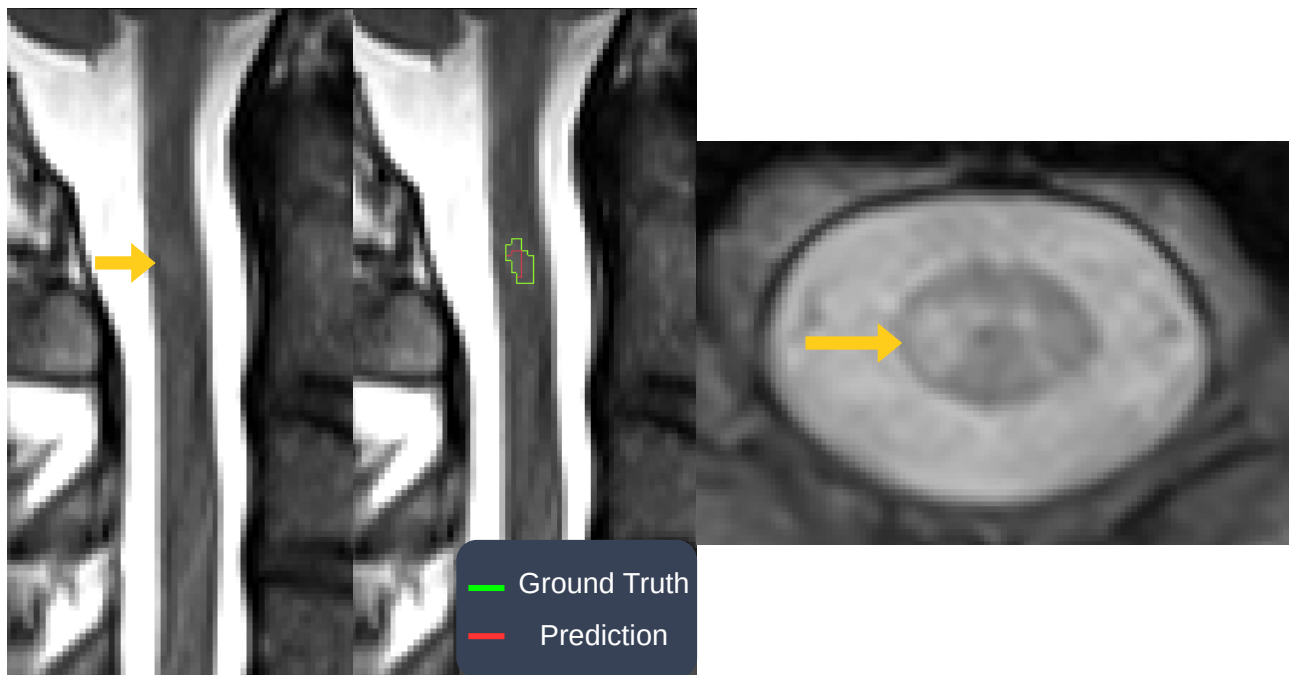


Fig. 1. Exemple d’une lésion dans des images T2-w sagittale (à gauche) et T2*-w axiale (à droite). Aucun modèle n’a détecté cette lésion en utilisant uniquement l’image T2-w sagittale pour l’inférence. Cependant, le modèle *Mean Imputation* avec comme entrées les images T2-w sagittale, T2*-w axiale, et T2-w axiale a détecté la lésion.