

**Rapport de Projet Recherche et
Innovation :**

**Détection de régions d'intérêts dans les
images histologiques à l'aide de la
technologie de l'IA.**

Professeur encadrant : M. Makris Pascal



Polytech Tours Informatique : 2024 – 2025

Sommaire :

Remerciements.....	3
I/ Présentation du sujet.....	4
II/ Pistes de recherche	5
III/ Présentation de la solution développée	8
Utilisation du Viewer	11
IV/ Mise en place de QuPath.....	13
Mise en place de l'IA.....	16
Apprentissage de l'IA	19
V/ Perspectives d'améliorations	22
Références.....	24

Remerciements :

Tout d'abord, je tiens à remercier l'ensemble des personnes avec qui j'ai eu l'occasion de travailler sur ce projet cette année, à savoir les membres du service d'Anapathologie du CHU de Trousseau, les médecins M. Gonzague du Bouexic de Pinieux et Mme Elodie Standley, ainsi que l'interne en médecine M. Kerman Zyani, pour leur temps, leur expertise et leurs retours réguliers sur l'avancement du projet lors de nos réunions mensuelles.

Je remercie également l'intégralité du groupe de projet collectif de 4^{ème} année de cette année, composée de Mathéo Langlois, Jérémy Yang, Maëlys Daniel Guedj, Antoine Saintagne, Cherif Moulhaye Idriss, Selly Bill-Gate Medewou, pour leurs précieuses contributions au projet ainsi que leur aide sur ma partie. J'ai apprécié travailler avec une équipe aussi soudée, agréable et motivée, et proposant toujours de nouvelles idées pour améliorer le travail en cours.

De plus, je remercie mon professeur encadrant M. Pascal Makris pour sa disponibilité, son temps, son aide et ses retours sur mon travail lors de nos rendez-vous hebdomadaires. Ses connaissances sur le sujet ont permis de bien guider mon projet lorsque je ne savais pas comment avancer.

Finalement, je remercie mes prédécesseurs, le groupe de projet collectif de 4^{ème} année de l'année dernière, ainsi que ceux qui ont travaillé dessus durant leur stage de l'été dernier, Théo Fée et Martin Recher, pour avoir commencé la mise en place de ce projet et pour m'avoir fourni des documentations me permettant de bien comprendre ce qu'ils avaient fait.

Je souhaite un bon courage au projet collectif de 4^{ème} année de cette année qui va reprendre mon travail pour l'améliorer, ainsi qu'aux futurs étudiants qui prendront le relais par la suite. Ce projet a été très enrichissant pour moi d'un point de vue professionnelle, en me demandant beaucoup d'organisation sur mes créneaux de temps libre et le week-end, mais également d'un point de vue personnel puisque la direction d'une équipe était une expérience humaine toute nouvelle pour moi. Le projet était d'assez grande envergure et sur un sujet très sérieux, ce qui a pu me rebuter de prime abord, mais l'ensemble des personnes avec qui j'ai pu collaborer m'ont vraiment motivé et permis d'apprécier de travailler dessus. J'espère que les personnes qui suivront la continuité de ce projet en tireront les mêmes richesses et bénéfices que moi.

I/ Présentation du sujet :

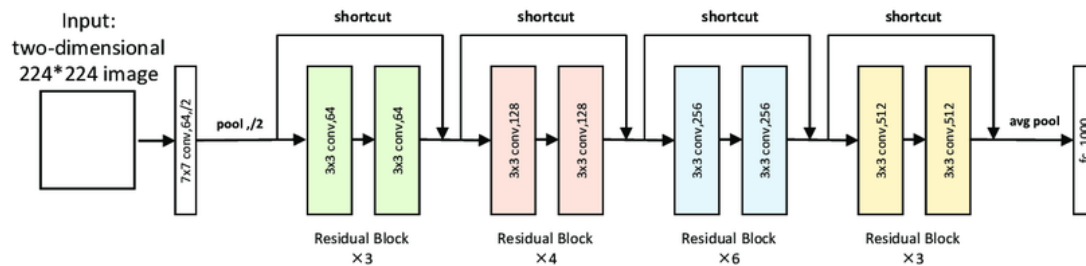
Le sujet de mon PRI cette année est en collaboration avec le CHU Trousseau de Tours et plus particulièrement avec le service d'Anatomie et Cytologie Pathologiques (Anapathologie). Le but de cette collaboration est de faciliter le travail pour les experts du monde médical travaillant sur l'analyse d'image de patients atteints du cancer des os, l'ostéosarcome, afin de déterminer si la chimiothérapie qui leur a été précédemment administrée a fonctionné sur eux ou non (on parle de bons ou mauvais récepteurs). Autrefois, ce travail était réalisé à l'œil nu et à la main par les médecins du laboratoire, directement en calculant les zones tumorales des lamelles depuis leur microscope. Le travail était assez fastidieux, et les résultats n'étaient pas forcément précis ou exacts, puisque ceux-ci se donnaient une marge d'erreur, pour donner un verdict selon si les résultats dépassaient un seuil de 10% de cellules nécrosées ou non.

L'année dernière, les laborantins ont innové dans cette manière de procéder en réalisant des biopsies de fines lamelles d'ossements, qu'ils scannent ensuite numériquement et analysent à l'aide du logiciel QuPath. Leur objectif est toujours de déterminer si les échantillons observés présentent un taux de 10% de cellules nécrosées ou non, pour connaître l'efficacité du traitement sur le patient, mais en recherchant des résultats bien plus précis.

C'est pourquoi un projet collectif a commencé à travailler l'année dernière sur le développement d'une extension QuPath leur permettant de simplifier ce travail, et deux des étudiants y ayant participé, Théo Fée et Martin Recher, ont travaillé l'été dernier pour leur stage sur une intelligence artificielle capable de reconnaître les zones tumorales des biopsies. Après un entretien avec le professeur Gonzague du Bouexic de Pinieux et la docteure Elodie Standley, du service d'Anapathologie au CHU Trousseau de Tours, ceux-ci m'ont déclaré que les résultats fournis par cette intelligence artificielle étaient un bon début, mais qu'ils n'étaient toujours pas exploitables. Le sujet qui m'a alors été proposé pour mon PRI était que je récupère le travail de mes prédécesseurs et que je me focalise sur l'amélioration des résultats de cette IA. C'est pourquoi j'ai cherché à améliorer au maximum les résultats de cette intelligence artificielle pour pouvoir la rendre à terme fonctionnel.

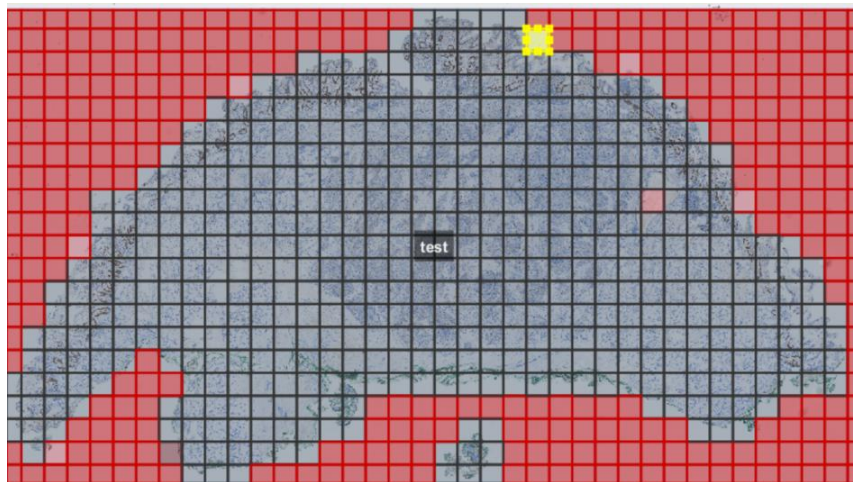
II/ Pistes de recherche :

- Tout d'abord, ma première réflexion a été de me concentrer sur le réseau de neurones en lui-même, en espérant que le remplacer apporterait des changements. Actuellement, le programme de reconnaissance des tuiles utilise le réseau ResNet18, que j'ai donc cherché à remplacer par ResNet34, une architecture à plus de couches.



Architecture d'un réseau de neurones ResNet

Après plusieurs tests, et en jouant également avec différents paramètres de poids, je n'ai observé aucune différence dans ses résultats. Après avoir effectué des recherches sur ce type de réseau de neurones, je me suis rendu compte que celui-ci était largement suffisant pour une détection de ce type, donc j'ai préféré ne plus y toucher. J'ai également essayé de changer la couleur des images en niveaux de gris, mais cela n'apportait rien aux résultats non plus.

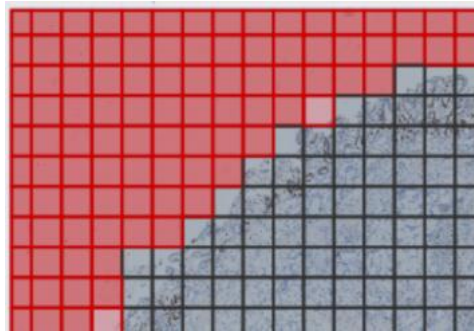


Les résultats obtenus par l'IA avec ce fichier modèle ne varient pas, même en passant l'image en niveaux de gris

- Puis, après une réunion avec M. de Pinieux, je me suis rendu compte que le problème devait plutôt venir du fichier modèle utilisé et donc de la base de données fournie en apprentissage pour le générer. J'ai alors trouvé qu'une méthode de correction de l'IA avait été implémentée par Martin Recher, durant son stage, et permettait de modifier les tuiles erronées à l'aide d'un raccourci clavier « CTRL +

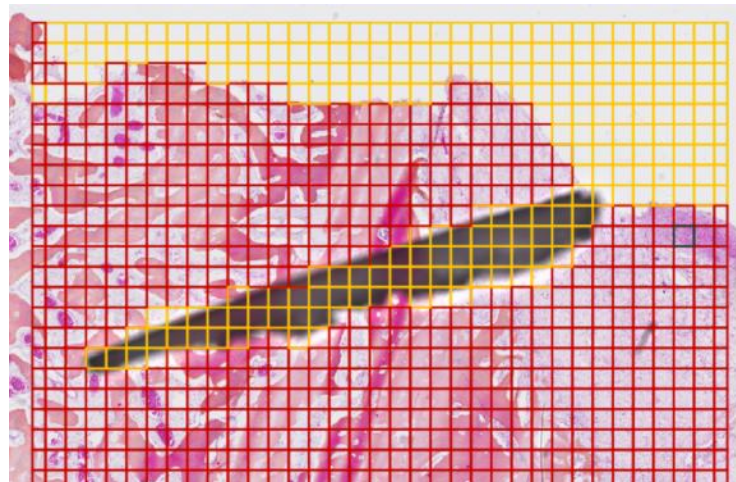
Q ». Cela permet de renvoyer ces tuiles dans la base d'apprentissage pour régénérer un fichier modèle apprenant de cette nouvelle base de données. L'idée était très ingénieuse, mais le problème était que cette méthode n'était pas très pratique et beaucoup trop fastidieuse, notamment lorsqu'on cherche à trier une grande quantité de tuiles en même temps. J'ai donc décidé de développer un outil permettant de faciliter ce tri des tuiles pour entraîner l'IA par-dessus, avec l'aide du projet collectif.

- De plus, un problème posé avec cette détection par l'IA était qu'elle ne gérait pas les tuiles qui n'étaient ni des nécroses ni des tumeurs, comme les tissus viables, ou les artefacts et corps étrangers que l'on peut trouver sur certaines lames. Il y avait d'ailleurs également un problème avec la détection des zones en dehors des morceaux de tissus, la « paraffine », qui ne doit pas être prise en compte dans le calcul d'aire tumorale.



Comme on peut l'observer sur l'image précédente, les tuiles en dehors du tissu sont classées comme nécrose ou tumeur, ce qui n'est pas correct

J'ai donc ajouté une classe autre « Other » qui permet de trier et de reconnaître toutes ces tuiles qui ne sont ni des tumeurs ni des nécroses. Voici un résultat obtenu après entraînement sur cette classe « Other » :



Les tuiles en jaune reconnaissent bien la paraffine aux alentours du tissu et l'artefact comme des tuiles de la classe Autres

- Par ailleurs, un autre problème de ce projet était mon manque de connaissances en cancérologie, ce qui aurait rendu compliqué le tri de tumeur et de nécrose par moi-même, c'est pourquoi il me fallait développer un outil accessible qui permette aux médecins de pouvoir facilement trier toutes ces données. Je me suis donc concentré personnellement sur le tri des données de la classe Autres, pour vérifier si le modèle apprenait bien à reconnaître les artefacts et les zones de paraffine en dehors des tissus. Si cela fonctionnait suffisamment bien pour ces cas d'utilisations, alors il n'aurait normalement pas de problème pour détecter de la même façon des tumeurs et des nécroses.

III/ Présentation de la solution développée :

Comme présenté précédemment, j'ai développé avec les retours réguliers du personnel médical, un outil de « Viewer classifieur » qui permet de trier les tuiles erronées pour les envoyer en apprentissage et générer un meilleur fichier modèle.

Il se compose d'une grille de 6x6 images et d'un panneau de 7 boutons sur la droite :



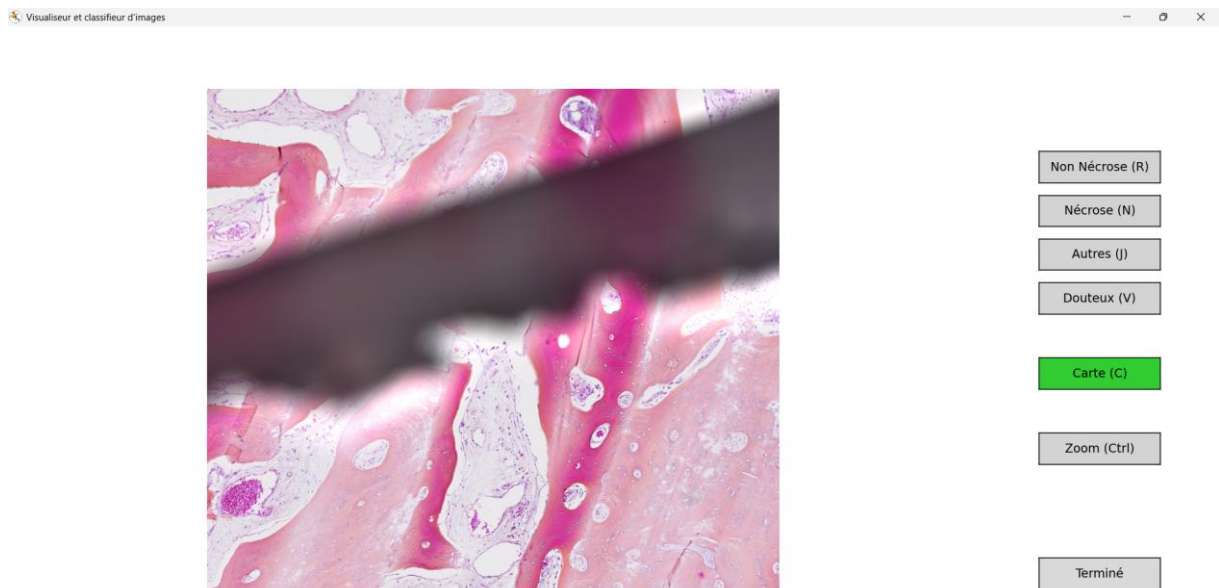
- Tout d'abord, les 4 premiers boutons sont les suivants :



Ils permettent de choisir la classe dans laquelle trier les tuiles. À chaque classe est attribuée une couleur différente, cohérente avec celles de QuPath. Ainsi, les tuiles de classe « Non-Nécrose » seront coloriées en **rouge**, « Nécrose » en **noir**, « Autres » en **jaune**, et « Douteux » en **violet**.

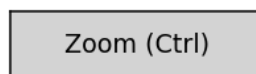
- La classe « Douteux » sert à trier les tuiles que l'on rejette, car elle ne sera pas utilisée dans l'apprentissage. C'est utile pour classer les images ambiguës ou de mauvaises qualités.
- Ensuite, on trouve un bouton « Carte », qui permet d'afficher une carte actuelle de la zone tumorale sur laquelle on travaille actuellement. Pour l'instant, le système ne permet que d'afficher la plus grande image du dataset comme carte, en supposant que la zone « Tumor Area » a été exportée dans le lot.



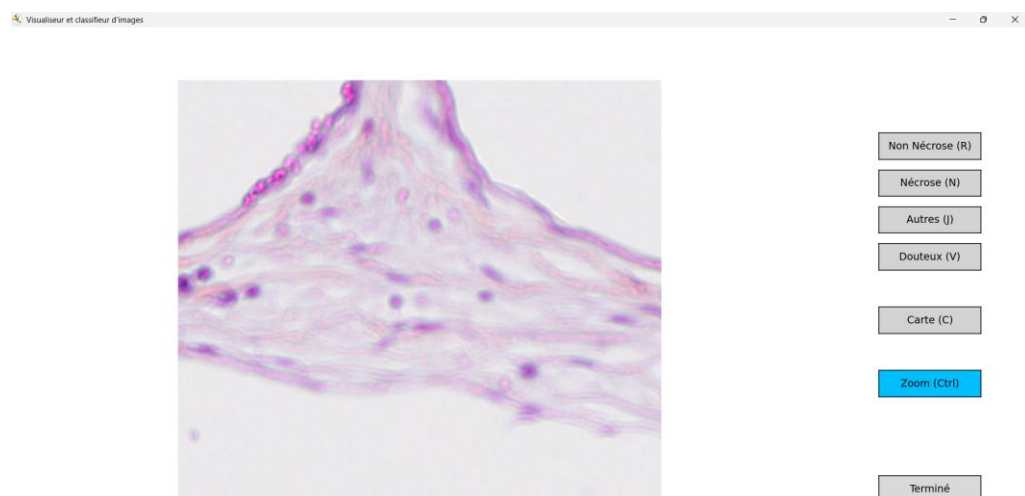
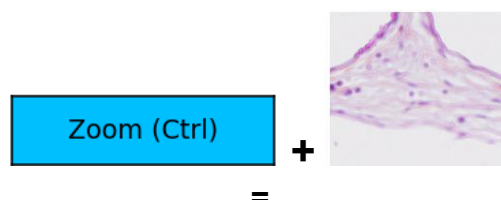


La zone tumorale est affichée lorsqu'on clique sur le bouton Carte. Cela permet de se repérer sur la position des tuiles actuellement affichées.

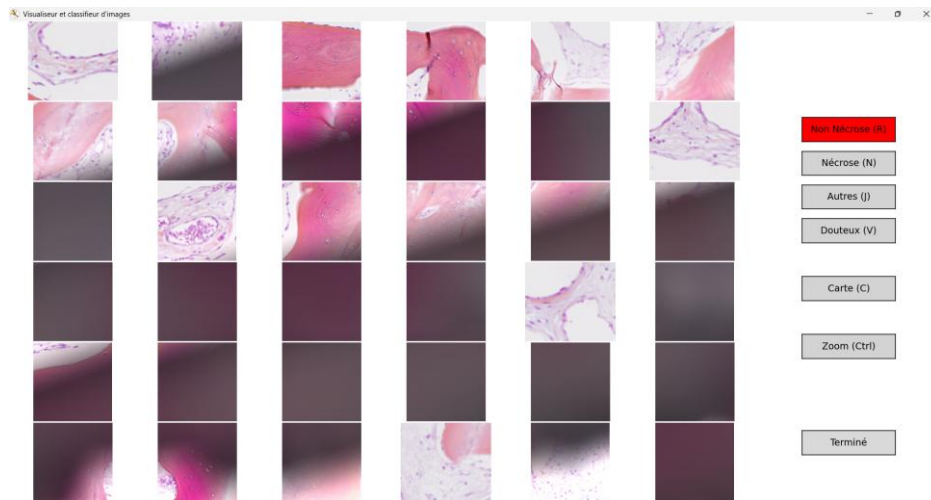
- Un bouton « Zoom » permet d'afficher une image en plus grande :



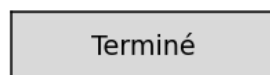
Lorsqu'on clique sur une image après avoir cliqué sur le bouton zoom, celle-ci remplace la grille :



Il faut ensuite cliquer sur n'importe quel bouton, ou sur le bouton zoom, pour sortir de cet affichage :



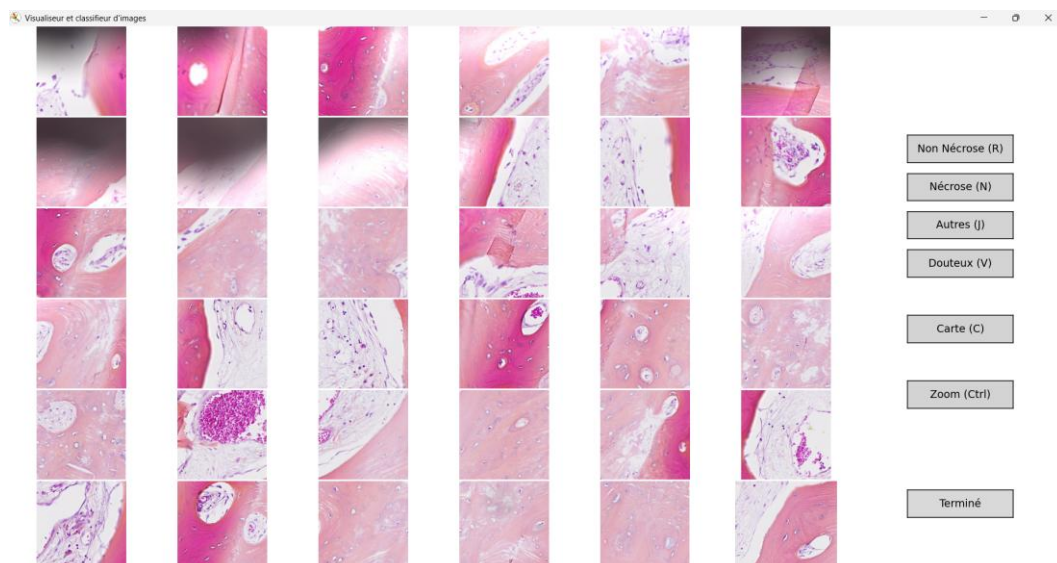
- Enfin, cliquer le bouton « Terminé » permet de trier toutes les tuiles coloriées dans leur dossier respectif :



S'il reste des tuiles à sélectionner, le message d'erreur suivant s'affiche lorsqu'on clique sur Terminé :



Une fois le tri fini et le bouton « Terminé » appuyé, la fenêtre s'affiche à nouveau avec la suite du dataset à trier :



Utilisation du Viewer :

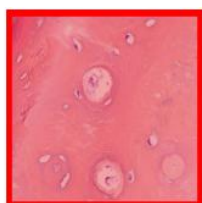
- Cliquez sur le bouton « Non Nécrose » pour sélectionner la classe associée. Vous pouvez également appuyer sur la touche de clavier « R » pour sélectionner ce bouton :

Non Nécrose (R)

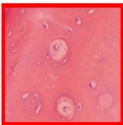
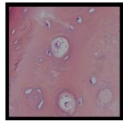
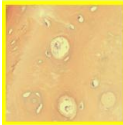
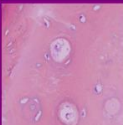
- Lorsque le bouton est sélectionné, un clic gauche sur une tuile permet de lui associer la couleur de la classe choisie :



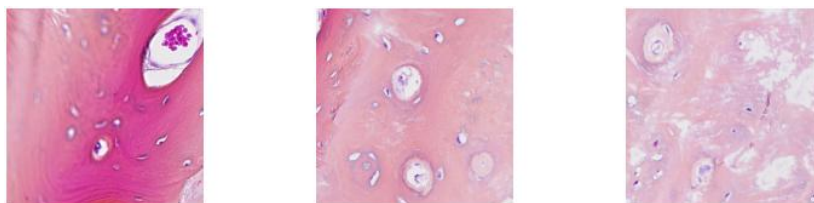
- Vous pouvez sélectionner plusieurs tuiles en même temps en passant dessus avec un clic gauche prolongé :



- Il y a 4 classes de tuiles à associer, chacune possédant sa propre couleur :

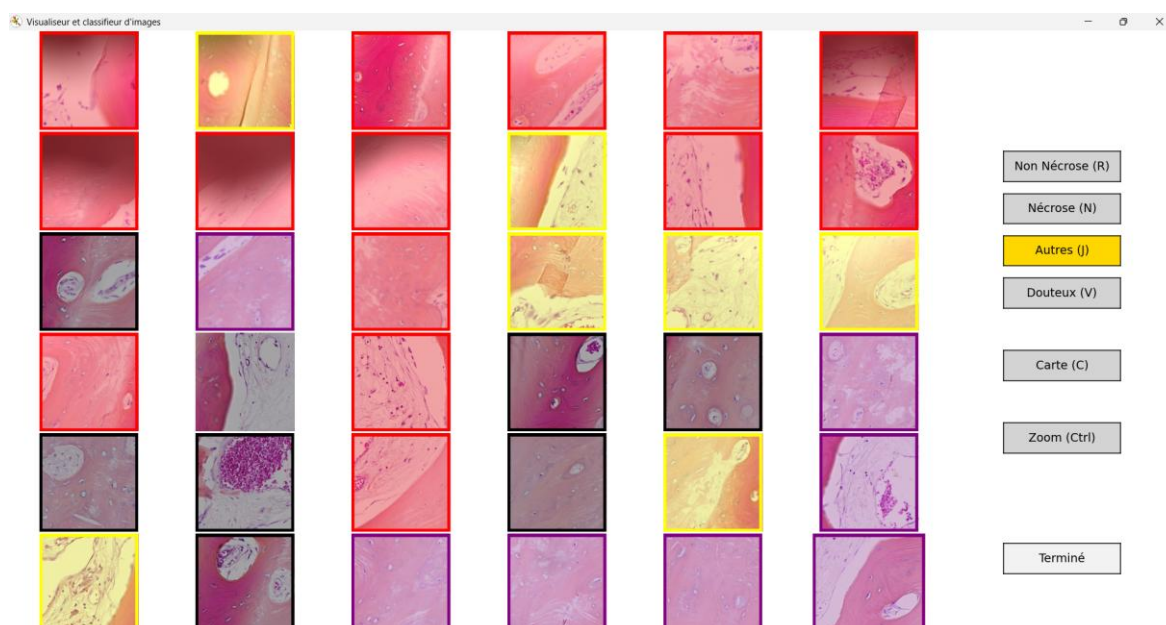
Non Nécrose (R)		Touche R
Nécrose (N)		Touche N
Autres (J)		Touche J
Douteux (V)		Touche V

- Vous pouvez désélectionner une tuile à l'aide d'un clic droit dessus. Un clic droit prolongé permet d'en désélectionner plusieurs à la fois :

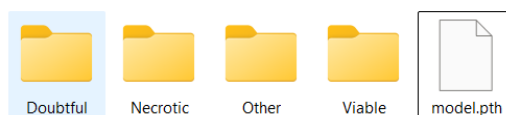


Attention à ne pas oublier de bien les sélectionner ensuite dans une classe pour pouvoir terminer le tri

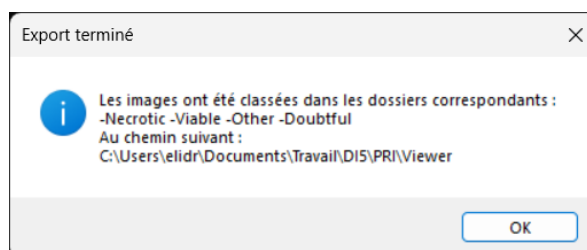
- Vous pouvez activer la carte avec la touche de clavier « C » et le zoom avec la touche « Ctrl ».
- Lorsque toutes les tuiles sont triées, cliquez sur le bouton « Terminé » :



Cela va exporter toutes les images dans les dossiers « Viable », « Necrotic », « Other » et « Doubtful » à la racine du dossier où se trouve votre fichier modèle. Les dossiers sont créés s'ils n'existent pas :



Un message vous indique quand le tri du dataset est complètement terminé. En le validant, la fenêtre se ferme et vous ramène à QuPath :



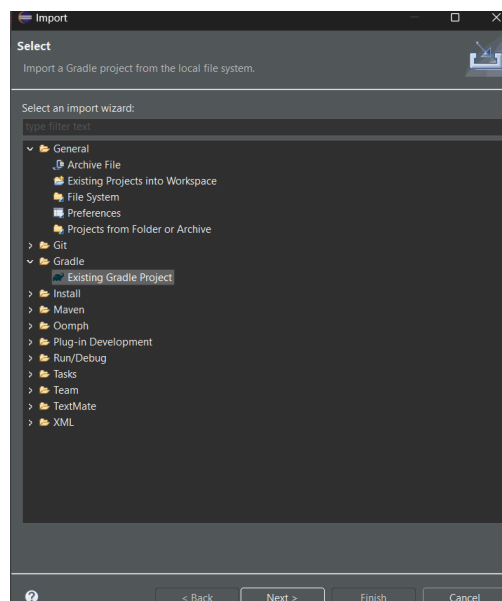
IV/ Mise en place de QuPath :

En premier lieu, il m'a fallu récupérer l'ensemble des éléments suivants pour pouvoir démarrer le projet, à savoir :

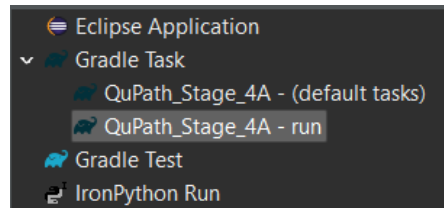
- Le code GitHub de la dernière version modifiée de QuPath. Celui-ci s'ouvre comme un projet Gradle, avec Eclipse par exemple.
<https://github.com/MatteoLanglois/QuPath Stage 4A.git>
- Un fichier modèle « model.pth » généré par mes camarades. On peut désormais le générer soi-même à l'aide d'un script Python que j'ai modifié par la suite. Ce fichier est essentiel pour faire tourner l'intelligence artificielle.
- Le dataset d'entraînement initial, trié par M. de Pinieux et Mme Standley. Il s'agit d'un set de 62 images annotées « NECROSE » ou « VIABLE », qui m'ont permis de générer le fichier modèle « model.pth » initial. Cet ensemble se trouve dans un fichier « ModelTraining.zip ».
- Un set d'images médicales au format Dicom (.dcm) ou au format Ndpi (.ndpi). Il s'agit d'images extrêmement détaillées de lames du laboratoire, ouvrables sur QuPath. Celles-ci prennent beaucoup de places, de 400mo à 1.5Go par fichiers, c'est pourquoi je recommande d'avoir un disque dur externe pour les stocker.
- Les rapports des projets collectifs ainsi que les rapports de stage de mes camarades Théo Fée et Martin Recher, pour comprendre comment cette IA a été implémentée ainsi que son fonctionnement.

Puis, une fois que j'ai récupéré tous ces éléments, j'ai mis en place QuPath de la façon suivante :

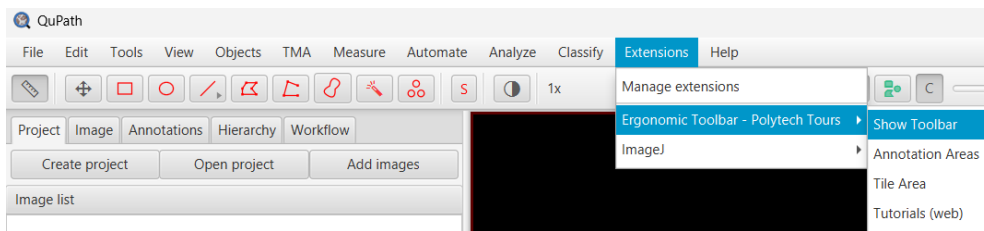
- Tout d'abord, importer le code du repository Github via l'IDE de votre choix, en tant que projet Gradle. Voici comment procéder sous Eclipse : Import Project > Gradle Project > Lien du code du repository GitHub :



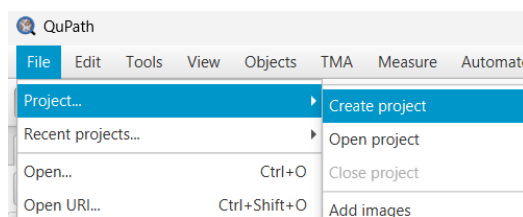
- Ensuite, exécutez le projet comme un « Gradle task » : clic droit sur le projet puis Run As > Run Configurations > Gradle Task :



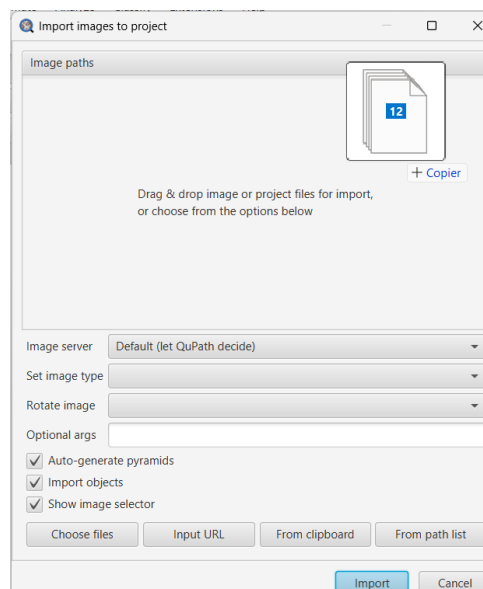
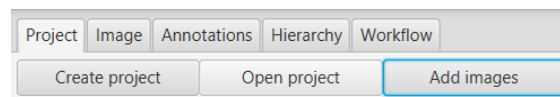
- Vérifiez que vous avez bien l'extension « Ergonomic Toolbar – Polytech Tours » d'installée, sinon suivez les étapes du tutoriel « Installation & Démarrage Extension.pdf » :



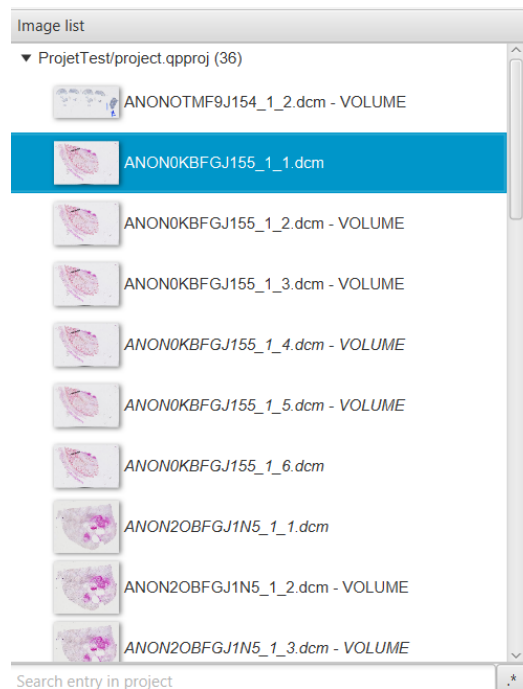
- Créez ensuite un projet avec File > Project > Create project, puis sélectionnez le dossier de votre choix :



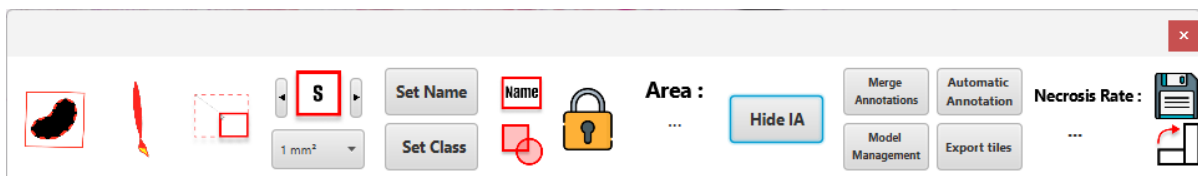
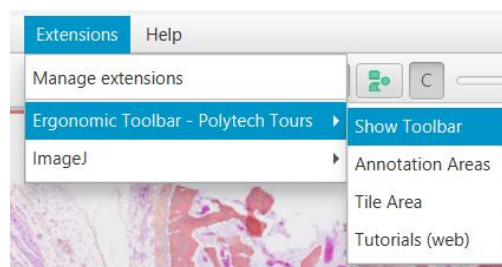
- Importez vos images médicales en cliquant sur « Add Images » puis en déplaçant vos fichiers .dcm et .ndpi sur la surface de Drag & Drop :



- Sélectionnez l'image de votre choix à ouvrir en double-cliquant dessus, puis en sélectionnant le paramètre d'importation par défaut (les copies dont le titre termine de 1_1 à 1_6 sont généralement les mêmes images avec une qualité différente) :



- Une fois l'image ouverte, affichez la toolbar avec Extension > Ergonomic Toolbar > Show Toolbar :



Pour comprendre en détail son utilisation, référez-vous aux rapports des projets collectifs précédents.

- QuPath est maintenant opérationnel et prêt à être utilisé !

Mise en place de l'IA :

Comment générer un fichier modèle initial :

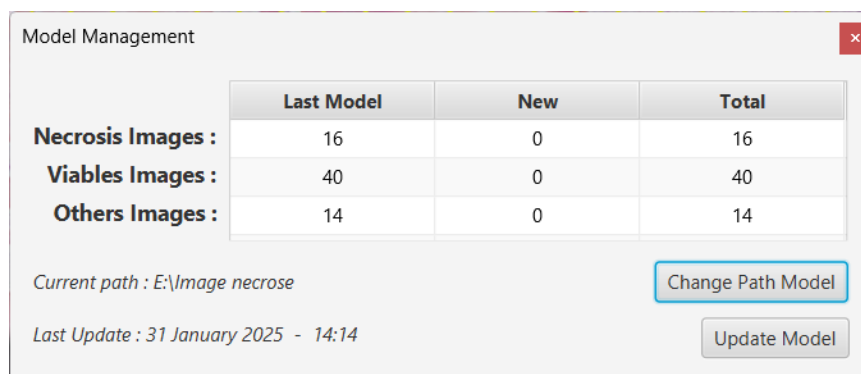
- Tout d'abord, pour fonctionner, le système d'intelligence artificielle a besoin d'un fichier modèle « model.pth » comme présenté précédemment. Assurez-vous d'en avoir un correct avec vous, ou alors suivez les étapes suivantes pour en générer un initial :
 - Extraire le fichier ModelTraining.zip puis ouvrez le dossier ModelTraining extrait.
 - Assurez-vous d'avoir assez de fichiers dans les dossiers « Necrotic » « Other » et « Viable ». Il s'agit des fichiers du dataset d'entraînement, préalablement triés par M. de Pinieux et Mme Standley.
 - Entrez la commande sur un terminal « pip install pillow » si la librairie pillow n'est pas déjà installée.
 - Lancez maintenant le script python « TrainingModel_directlaunch.py ». Si l'entraînement n'échoue pas, vous obtiendrez alors votre fichier modèle. Je recommande fortement de ne plus le changer de place, car QuPath pourra utiliser le même dataset initial auquel s'ajoutera les nouvelles tuiles d'images triées, ce qui améliorera son entraînement.

Comment utiliser l'IA :

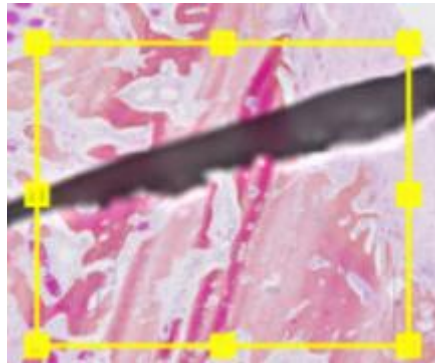
- Ensuite, une fois le fichier modèle en votre possession, ouvrez la toolbar, et sélectionnez le menu « Model Management » puis « Change Path Model » :



- Sélectionnez alors le dossier où se trouve votre fichier modèle, je recommande de sélectionner le dossier « ModelTraining » comme expliqué précédemment. Cela vous affichera la fenêtre suivante, qui indique alors le nombre d'images triées qui se trouvent actuellement dans les dossiers « Necrotic » « Viable » et « Other » :

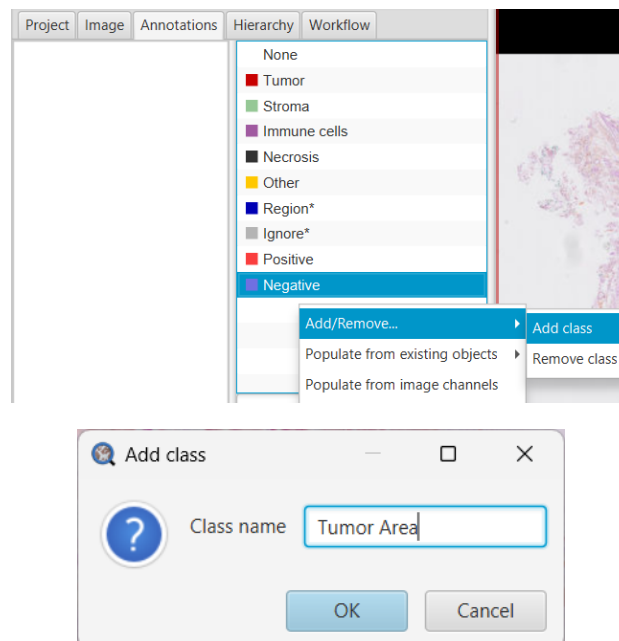


- Vous pouvez désormais utiliser le système d'annotation automatique de la façon suivante :
 - Détourez la zone tumorale à analyser :

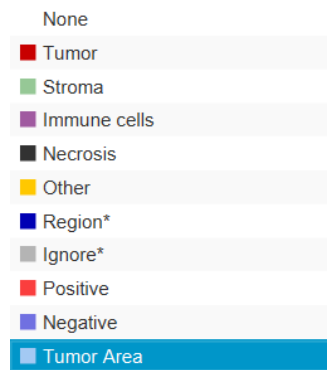


- Entrez un nom pour cette zone et veillez à bien lui assigner la classe « Tumor Area », puis validez en cliquant sur « Create » :

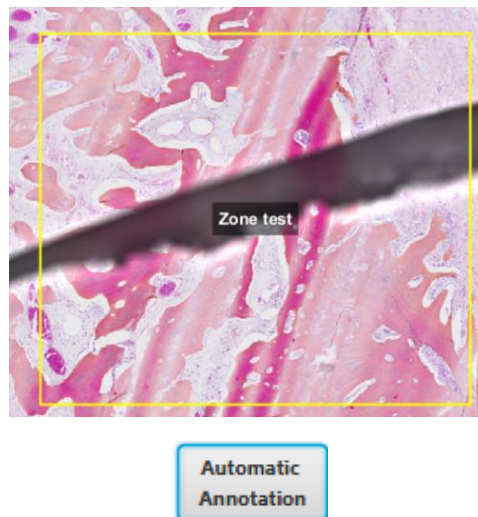
- Si cette classe n'est pas disponible dans le menu « Class », vous pouvez toujours l'ajouter dans Annotations > Clic droit sur une classe existante > Add/Remove > Add class > Entrez « Tumor Area » > OK, comme suivant :



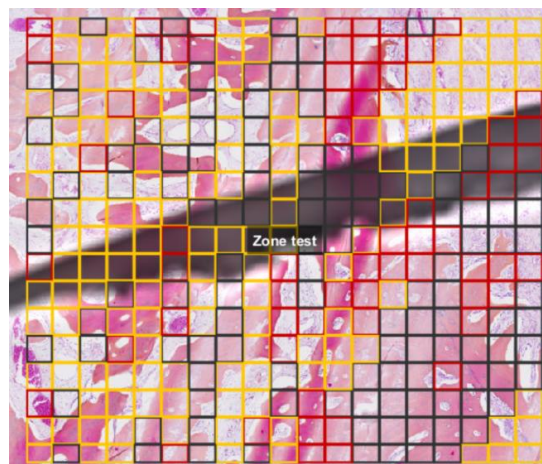
- La classe sera ajoutée à la liste des classes existantes. Vous pouvez alors refaire les étapes précédentes :



- Une fois votre zone tumorale créée, sélectionnez-la puis cliquez sur le bouton « Automatic Annotation » de la toolbar :



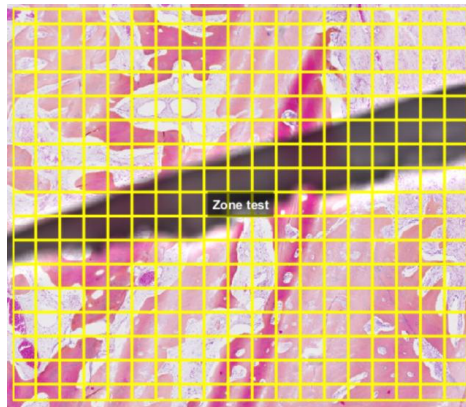
- Vous obtiendrez alors une zone tumorale quadrillée avec des tuiles de couleurs, rouge pour les tumeurs, noir pour les nécroses, et jaune pour les autres (artefacts, zone en dehors du tissu, tissu viable, etc.) :



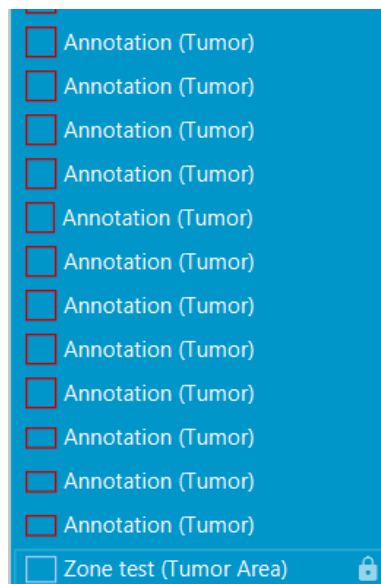
Pour comprendre comment ces résultats sont obtenus, n'hésitez pas à lire en détail les rapports de Théo Fée et Martin Recher.

Apprentissage de l'IA :

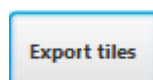
- Une fois l'annotation automatique terminée, les résultats contiennent des erreurs ou imprécisions, et il convient de corriger l'IA pour améliorer ses résultats par la suite :
 - Sélectionnez les tuiles à corriger avec l'outil de votre choix. Pour ma part, je recommande l'outil pinceau pour sa précision et sa rapidité d'utilisation. **N'oubliez pas de sélectionner également votre zone tumorale pour pouvoir l'afficher comme une carte sur l'outil Viewer par la suite :**



- Dans mon exemple, l'intégralité des tuiles est sélectionnée pour pouvoir toutes les trier. Cela me permet d'avoir également la zone tumorale de sélectionnée :



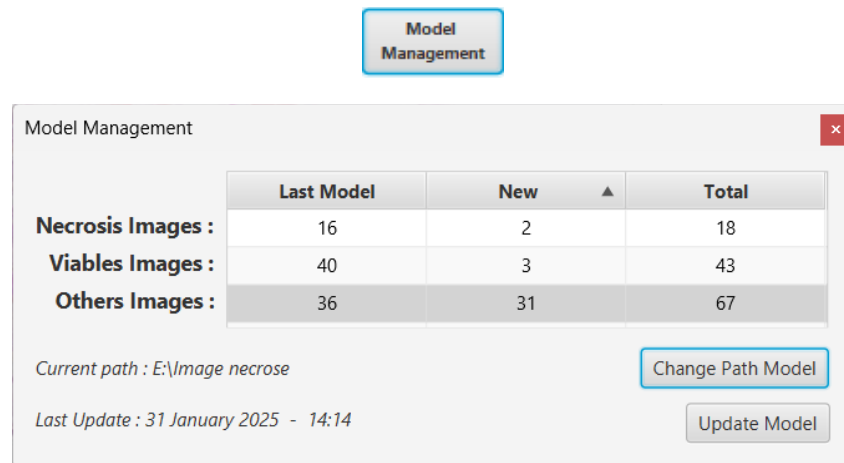
- Une fois la sélection de tuiles terminée, cliquez sur le bouton « Export Tiles » qui se charge d'exporter l'intégralité des tuiles sélectionnées dans le dossier Viewer/dataset puis d'ouvrir le logiciel Viewer.exe :



- Après un petit temps, la fenêtre du Viewer.exe s'ouvre et vous pourrez commencer à trier toutes vos tuiles. Pour plus de détails concernant l'utilisation de cet outil, allez voir la partie « **Utilisation du Viewer** » :

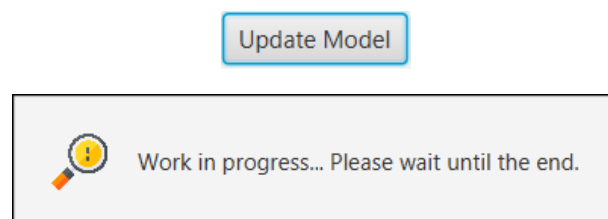


- Lorsque votre tri est terminé, vous pouvez aller vérifier dans « Model Management » l'évolution de votre nouveau dataset :



Les images ajoutées au dataset sont visibles dans la colonne « New »

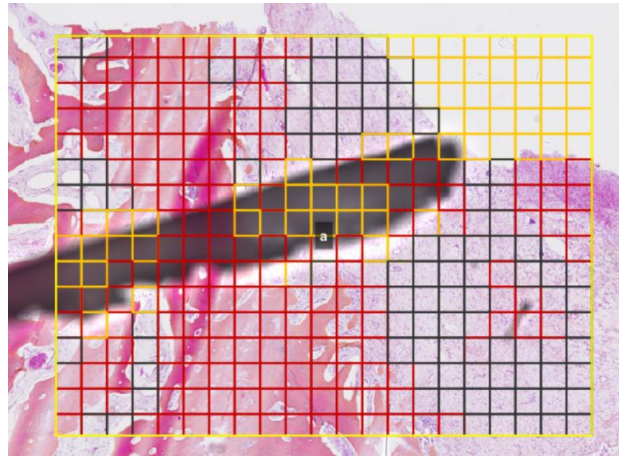
- Pour améliorer le modèle en l'entraînant avec le nouveau dataset, cliquez sur « Update Model », puis attendez la fin de l'entraînement :



- À la fin de l'entraînement, un nouveau fichier modèle est généré à l'aide du dataset :

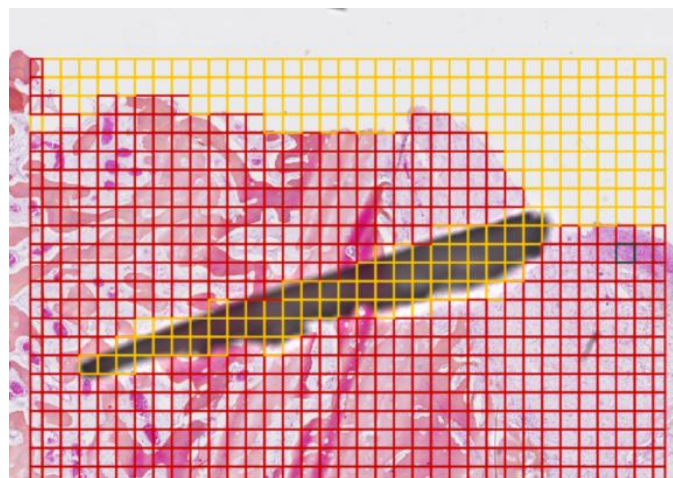
Last Update : 13 February 2025 - 16:07

- Effectuer toutes ces étapes autant de fois que vous le pouvez pour améliorer le plus possible les résultats de votre IA, et qu'elle commette moins d'erreurs à terme !
- Voici un exemple de résultat que j'ai obtenu pour reconnaître un artefact en plein milieu d'une lame :
 - Avant entraînement, le modèle n'arrive pas à bien reconnaître le fragment de corps étranger au centre de l'image :



Le corps étranger devrait être reconnu comme une classe Other, et donc être délimité de tuiles de couleur jaune tout le long

- Après avoir entraîné suffisamment le modèle à reconnaître l'artéfact, celui-ci le reconnaît beaucoup mieux :

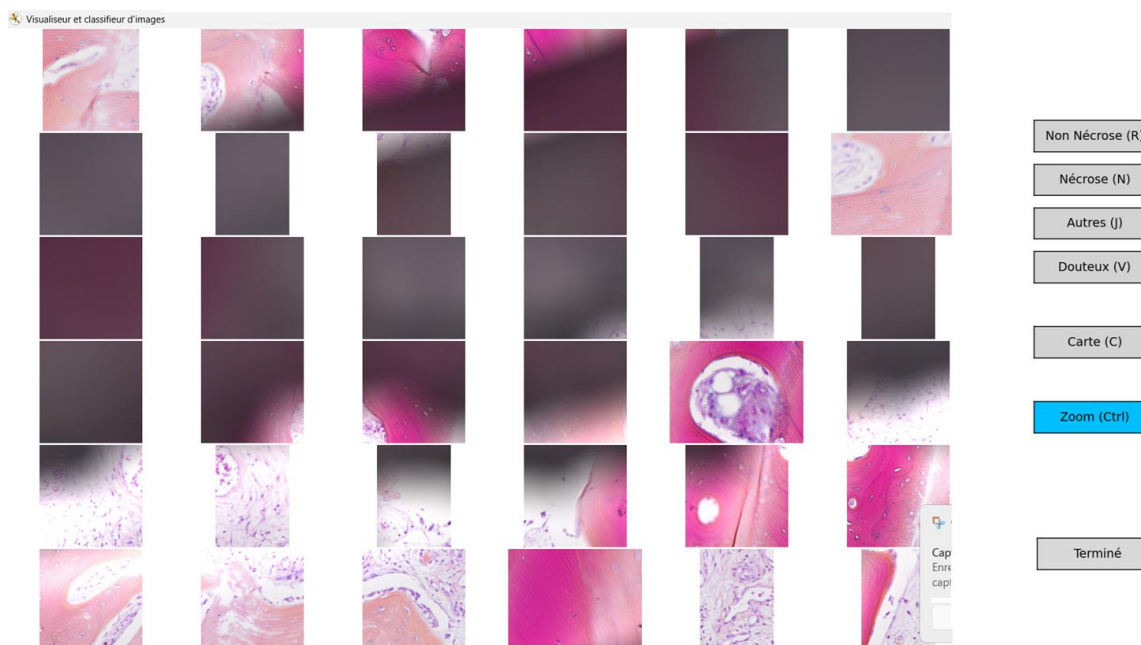


Le corps étranger est presque complètement reconnu comme une classe « Other », même s'il reste de petites imperfections de détection

V/ Perspectives d'améliorations :

Voici les améliorations qui pourront être effectuées à la suite de mon travail :

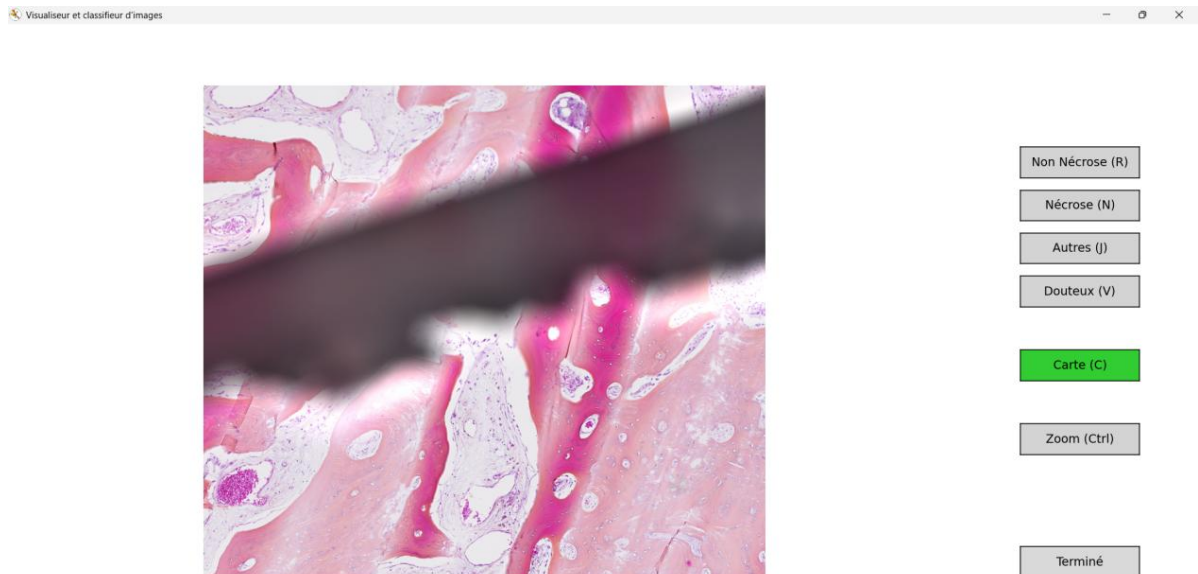
- Mieux disposer les tuiles sur la grille du Viewer. En effet, les tuiles sont actuellement affichées dans le désordre et ne représentent pas l'agencement original. Il faudrait trouver une manière d'afficher les tuiles comme une grille de 6x6 de l'image originale, ce qui améliorera sa clarté :



Les images sont dans le désordre et l'agencement global est difficile à comprendre

Une solution serait donc de travailler sur l'ordre dans lequel les tuiles sont exportées, ou de modifier la manière dont la grille se construit directement dans le code du Viewer. Cela me semble tout de même être une tâche assez compliquée à mettre en place, car elle demande de gérer de nombreux cas.

- Un autre point que je n'ai pas eu le temps de peaufiner concerne la carte de la zone tumorale. Actuellement, cliquer sur le bouton « Carte » n'affiche que l'image la plus grande du dossier dataset, mais cela implique que la grande zone tumorale a bien été sélectionnée dans l'exportation, ce qui n'est pas pratique d'utilisation. De plus, la carte n'affiche pas non plus les coordonnées où nous nous trouvons actuellement sur la zone tumorale, ce qui pourrait s'intégrer via les coordonnées des images récupérées au moment de leur exportation.



Actuellement la carte n'affiche qu'une image. On pourrait dessiner une forme rectangulaire dessus pour représenter la zone en cours de tri

- Concernant le dataset fourni par les docteurs M. de Pinieux et Mme Standley, les images sont de très grandes tailles comparées aux tuiles qui ne sont que de 250x250 pixels, ce qui peut créer des confusions lors de l'apprentissage, à cause de cette trop grande différence de taille entre les éléments fournis à l'algorithme. Découper ces images médicales du dataset en tuiles pourrait probablement améliorer la qualité du fichier modèle généré.
- L'apprentissage du fichier modèle étant très long, il faudrait trouver un moyen d'utiliser le GPU de l'université pour lancer les apprentissages directement depuis QuPath si possible. Actuellement, j'ai trouvé une solution demandant d'envoyer les 3 dossiers « Necrotic » « Viable » et « Other » du dataset, ainsi que le script python « TrainingModel_direct_launch.py » sur le GPU via un transfert TCP depuis les ordinateurs de l'école. Il faut ensuite accéder au GPU et démarrer le script python pour générer le fichier modèle, puis se l'envoyer sur sa machine pour le récupérer. Ce procédé est très fastidieux et demanderait d'être revu pour pouvoir lancer un apprentissage sur le GPU plus facilement, ou directement depuis QuPath si possible.
- Il faudrait également vérifier du côté des « foundations models » s'il n'en existe pas qui serait déjà entraîné pour détecter les cas d'ostéosarcomes. Cette piste a été proposée par M. Zyani Kerman. Le lien est dans la partie « **Références** ».
- Dans un dernier temps, il faudrait essayer d'adapter la méthode actuelle de détection des ostéosarcomes à d'autres types de cancers. En créant un menu, ou une interface qui permette de créer un dataset et un fichier modèle par type de cancer est une piste proposée par M. de Pinieux.

Références :

Pour effectuer ce projet, je me suis appuyé sur les documents et références suivantes :

- La traduction française des études « Deep Learning Osteosarcoma Chemotherapy Response Outcome Prediction » ", publiée dans le American Journal of Pathology, et « Osteosarcoma Viable And Necrotic Tumor Assessment WSI Machine-Learning And Deep-learning Models".
- https://github.com/Theos22/QuPath_Stage_4A Le dépôt Github des anciens stagiaires Théo Fée et Martin Recher, contenant le code de leur extension. L'adresse a été modifiée depuis.
- Les documentations de prise en main du logiciel QuPath et de son extension, des anciens projets collectifs.
- <https://www.innovatiana.com/post/pattern-recognition-in-ai>
- <https://fr.mathworks.com/discovery/image-segmentation.html>
- <https://fr.mathworks.com/discovery/pattern-recognition.html>
- Le Github des foundations models : <https://github.com/georg-wolflein/pathology-foundation-models?tab=readme-ov-file>