

Rapid Cytomine: foundation models for interactive annotation in computational pathology

Auteur : Vanmechelen, Thibaud

Promoteur(s) : Geurts, Pierre; Marée, Raphaël

Faculté : Faculté des Sciences appliquées

Diplôme : Master en ingénieur civil en informatique, à finalité spécialisée en "intelligent systems"

Année académique : 2024-2025

URI/URL : <http://hdl.handle.net/2268.2/23364>

Avertissement à l'attention des usagers :

Tous les documents placés en accès ouvert sur le site le site MatheO sont protégés par le droit d'auteur. Conformément aux principes énoncés par la "Budapest Open Access Initiative"(BOAI, 2002), l'utilisateur du site peut lire, télécharger, copier, transmettre, imprimer, chercher ou faire un lien vers le texte intégral de ces documents, les disséquer pour les indexer, s'en servir de données pour un logiciel, ou s'en servir à toute autre fin légale (ou prévue par la réglementation relative au droit d'auteur). Toute utilisation du document à des fins commerciales est strictement interdite.

Par ailleurs, l'utilisateur s'engage à respecter les droits moraux de l'auteur, principalement le droit à l'intégrité de l'oeuvre et le droit de paternité et ce dans toute utilisation que l'utilisateur entreprend. Ainsi, à titre d'exemple, lorsqu'il reproduira un document par extrait ou dans son intégralité, l'utilisateur citera de manière complète les sources telles que mentionnées ci-dessus. Toute utilisation non explicitement autorisée ci-avant (telle que par exemple, la modification du document ou son résumé) nécessite l'autorisation préalable et expresse des auteurs ou de leurs ayants droit.

MASTER THESIS SUMMARY

Rapid Cytomine: foundation models for interactive annotation in computational pathology

Author:

Thibaud Vanmechelen

Master:

Computer Science and Engineering,
professional focus in Intelligent Systems

Supervisors:

Pierre Geurts
Raphaël Marée

Academic Year: 2024 - 2025

Place: University of Liège - Faculty of
Applied Sciences

This thesis presents the integration of an interactive segmentation tool into the Cytomine platform, based on the Segment Anything Models (SAM and SAM2) published by Meta, in order to simplify the manual annotation process. Cytomine is a collaborative application which is designed for sharing and annotating large biomedical images (with a particular interest for histopathology). It allows users to interact with the large-scale images from digital pathology scanners or other sources, and to annotate as well as analyze them collaboratively. Collecting high-quality annotations in such specialized domains is a significant challenge, as it often requires the involvement of experts (such as researchers or medical professionals), whose time is limited and valuable. Therefore, providing an efficient segmentation tool is extremely important.

To address this challenge, both SAM and SAM2 were first evaluated and compared in a zero-shot setting. A series of fine-tuning experiments under various training configurations were then conducted to assess the performance sensitivity to different parameters, and to eventually identify the best-performing setting. Several post-processing strategies were also explored to enhance the mask quality and usability, and the possible advantages of integrating domain-specific encoders alongside SAM were also investigated.

The best-performing model was integrated into the latest release of Cytomine through new API endpoints as well as a new back-end server. To support future development, a tutorial was also created to guide users and developers through the process of modifying Cytomine to integrate custom API endpoints.