

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA
RECHERCHE SCIENTIFIQUE

Université SAAD DAHLEB BLIDA 1
Faculté des Sciences et technologies
Département d'Electronique



Mémoire de fin d'études en vue de l'obtention du diplôme de Master
Option : instrumentation électronique

Thème

Segmentation des Tumeurs cérébrale par Deep Learning

Présenté par :

M^{lle} THABET fatma el Zohra et M^{lle} MEDJBER FATIMA

INSTRUM 12

Soutenu le 14-06-2025

Devant le jury composé de :

M^{me} CHEGGAGA

Examinatrice

M^{me} AIT MOHAMMED

Examinatrice

M^{me} BOUZOUAD -CHERFA Assia

Promotrice

2024-2025

DEDICACE

﴿وَآخِرُ دَعْوَاهُمْ أَنِ الْحَمْدُ لِلَّهِ رَبِّ الْعَالَمِينَ﴾

إله بذكراه تُحلي اللحظات . باسم خالق النجاح نتجه نحو النهاية . الحمد لله الذي سهل البدايات ويسر لنا الوصول إلى النهاية .
الله الذي لم يتركني وحدي في طريق لا يعرف تفاصيله إلا هو . الحمد لله على عظيم عونه .

À la princesse de ma vie, Sohila

Ma mère bien-aimée, toi qui es la vie elle-même. Toi devant qui les mots s'inclinent par amour et reconnaissance. Toi que mes larmes ont peinée le jour de mon admission à l'université, toi qui as porté mon souci comme si c'était le tien, qui as prié pour moi en secret et à haute voix, dont le sein a été mon refuge quand mon cœur était oppressé. Ma première enseignante.

À celui dont mon nom porte le sceau, Mohamed

Mon cher père : Toi qui as cru en moi et misé sur ma réussite. Tu as été un soutien silencieux, un cœur rempli de fierté. Merci pour toute la confiance, la force et le sentiment de pouvoir franchir chaque obstacle. Tu es la lumière de mes jours.

À ma sœur, Halima et mon frère, Abd el ouadoud

Vous êtes la lumière dans mes journées difficiles. Vos sourires m'ont suffi pour continuer. Vous avez été les premiers à croire en moi, les premiers à m'encourager. Vous avez été mon appui dans les moments de fatigue, ma vraie joie dans les instants de réussite. À chaque étape, vos prières et votre soutien étaient là.

Sans oublier mon binôme, FATMA

Celle qui a partagé chaque pas de ce chemin, adouci ses difficultés. Toi qui as été à mes côtés tout au long de ces années d'études, précieuse amie et fidèle alliée. Merci pour ta belle âme, ta coopération sincère. Cette mémoire restera témoin d'un partenariat honnête et d'une belle amitié

À tous ceux qui ont croisé mon chemin et laissé une trace positive, je dédie ce projet modeste, qui n'aurait jamais vu le jour, après la volonté de Dieu, sans votre soutien et votre amour

FATMA EL ZOHRA

DEDICACE

Une gratitude profonde et infinie envers Dieu, qui m'a guidé et soutenu tout au long de ce parcours. Sa lumière m'a permis de surmonter les défis et d'atteindre cet objectif.

À mes précieux parents,

Il n'existe pas de mots assez forts pour exprimer la reconnaissance que je ressens envers vous, Votre amour inconditionnel, vos sacrifices silencieux et votre soutien indéfectible...

À ma famille,

Vous êtes mon refuge, ma source de réconfort et de motivation. Vos encouragements ont été une lumière dans les jours sombres, et votre présence m'a donné la certitude que je n'étais jamais seul dans ce parcours.

À mes amis,

Compagnons de joie et de peine, vous avez été bien plus que de simples soutiens, Votre amitié a été une bénédiction, un trésor qui m'a porté dans les moments difficiles et magnifié les instants de bonheur.

Et à mon binôme, Fatima zahra

Avec qui j'ai eu le privilège de travailler main dans la main. Ton engagement, ta détermination et cette complicité sans faille ont transformé ce projet en une aventure inoubliable. Ensemble, nous avons bravé les défis, appris, grandi et célébré chaque victoire.

À tous ceux qui ont été là,

Qui ont donné un mot, un geste, une pensée : merci, du fond du cœur.

FATIMA

Remerciements

Au terme de la rédaction de ce mémoire, nous sommes ravis d'exprimer en quelques lignes notre gratitude envers Dieu Tout-Puissant qui nous a accordé le courage et la force de l'accomplir.

*À notre professeure, Madame **CHERFA Assia**, nous sommes très honorés que vous ayez supervisé notre projet de fin d'études. Nous vous remercions sincèrement pour votre rigueur et votre méthodologie qui ont mis en valeur nos idées et fait ressortir le meilleur de nos capacités. Nous vous sommes extrêmement reconnaissants.*

Nous tenons également à remercier les membres du jury pour l'honneur qu'ils nous ont fait en acceptant d'évaluer notre travail.

Il nous semble également approprié de remercier tous les membres de nos familles pour leur aide précieuse, leur soutien et leurs encouragements.

Nous sommes également heureux d'exprimer notre sincère gratitude à tous les enseignants qui nous ont formés, en particulier ceux du département d'électronique.

ملخص

إن الورم الدماغي مشكلة صحية خطيرة يجب علاجها في بدايات ظهورها؛ فبمرور الوقت يتطور إلى ما هو أسوأ، وقد ينتقل إلى أعضاء أخرى. لكن المشكلة تكمن في صعوبة الكشف المبكر عليه بالطرق التقليدية، حيث تتطلب خبرة كبيرة وتحليلاً دقيقاً. لهذا السبب، طُورت عدة طرق للتعرف عليه، ومن أنجحها في السنوات الأخيرة التعلم العميق. يُمكن لهذا النهج تجزئة أورام الدماغ بفعالية. كان هدفنا في مشروعنا النهائي هو تطبيق التعلم العميق على تحليل صور الرنين المغناطيسي الطبية (IRM) للكشف عن سرطان الدماغ. استخدمنا الشبكات العصبية التلافيفية (CNNs) لقدرتها التلقائية في استخراج الخصائص من البيانات، تم الاعتماد على نموذج Unet، المعروف بفعاليته في تجزئة الصور الطبية. اقترحنا بنية CNN تتضمن معالجة صور ثنائية وثلاثية الأبعاد، ووجدنا أن النموذج الخاص بالصور ثلاثية الأبعاد كان الأفضل أداءً، وأظهر نتائج واعدة، مما يُسهل توفير حلول تصوير طبي عالية الدقة للكشف عن الأورام الدماغية.

الكلمات المفتاحية: أورام المخ، تجزئة، التعلم الآلي، التعلم العميق، الرنين المغناطيسي (MRI)، الشبكات العصبية التلافيفية، Unet.

Résumé

La tumeur cérébrale représente un problème de santé grave qui doit être traité dès les premiers stades de son apparition. Avec le temps, elle évolue vers une forme plus agressive et peut se propager à d'autres organes. Cependant, le défi réside dans la difficulté de son diagnostic précoce par les méthodes traditionnelles, qui exigent une grande expertise et une analyse minutieuse. Pour cette raison, plusieurs méthodes ont été développées pour l'identifier, et parmi les plus performantes ces dernières années, on trouve l'apprentissage profond. Cette approche permet de segmenter efficacement les tumeurs cérébrales. Notre objectif dans ce projet final était d'appliquer l'apprentissage profond à l'analyse des images d'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) médicales pour détecter le cancer du cerveau. Nous avons utilisé des réseaux de neurones convolutifs (CNNs) pour leur capacité intrinsèque à extraire des caractéristiques des données. Nous avons notamment employé un modèle Unet, reconnu pour son efficacité dans la segmentation d'images médicales. Nous avons proposé une architecture de CNN intégrant le traitement d'images bidimensionnelles et tridimensionnelles, et avons constaté que le modèle dédié aux images tridimensionnelles offrait la meilleure performance, montrant des résultats prometteurs, ce qui facilite la mise à disposition de solutions d'imagerie médicale de haute précision pour la détection des tumeurs cérébrales.

Mots-clés : Tumeurs cérébrales, segmentation, apprentissage automatique, apprentissage profond, Imagerie par Résonance Magnétique (IRM), réseaux de neurones convolutifs, Unet

Abstract

Brain tumors represent a serious health problem that needs to be treated in its early stages. Over time, they can evolve into a more aggressive form and may spread to other organs. However, the challenge lies in the difficulty of early detection using traditional methods, which require significant expertise and meticulous analysis. For this reason, several methods have been developed to identify them, and among the most successful in recent years is deep learning. This approach allows for the effective segmentation of brain tumors. Our goal in this final project was to apply deep learning to the analysis of medical Magnetic Resonance Imaging (MRI) scans for brain cancer detection. We utilized Convolutional Neural Networks (CNNs) for their inherent ability to automatically extract features from data. Specifically, we employed a Unet model, known for its effectiveness in medical image segmentation. We proposed a CNN architecture that incorporates the processing of both two-dimensional and three-dimensional images. We found that the model optimized for three-dimensional images performed best, showing promising results that facilitate the provision of high-precision medical imaging solutions for the detection of brain tumors.

Keywords: Brain tumors, segmentation, machine learning, deep learning, Magnetic Resonance Imaging (MRI), Convolutional Neural Networks, Unet.

Table des matières

Table des matières

Table des matières

DEDICACE.....	I
Remerciements.....	III
ملخص	IV
Résumé.....	IV
Abstract	V
Table des figures	I
Liste des tableaux.....	III
Introduction Générale.....	1
Chapitre I Contexte Médical	4
I.1.Introduction	5
I.2. Cerveau humain	5
I.2.1 Cerveau antérieur (prosencephale)	6
• Télencéphale	6
• Cortex cérébral.....	6
I.2.2 Cerveau moyen(mésencéphale).....	6
I.2.3 Cerveau postérieur	6
• Cervelet	7
• La moelle épinière	7
I.3. Substances essentielles d'encéphale.....	7
I.4. Tumeurs du cerveau	9
I.4.1 Différents stades et causes de la tumeur cérébrale	9
I.4.2 Recours à l'imagerie radiologique dans la recherche de lésions cérébrales	10
I.4.3 Signes indirects et complexité du diagnostic.....	11
I.5. Systèmes d'acquisition d'images	11
I.5.1. Scanner cérébral.....	11
I.5.2. Imagerie par Résonance Magnétique (IRM)	12
▪ Principe et Composants Essentiels.....	12
▪ Fonctions Clés de la Salle Informatique.....	14
▪ Connexion entre la Machine IRM et la Salle Informatique	15
I.5.3. Différentes Pondérations en Imagerie par Résonance Magnétique (IRM)	15
I.5.4. Artefacts des imageurs par IRM	16
I.6. Exemples d'IRM avec tumeurs cérébrales	18
I.7. Conclusion.....	20
Chapitre II L'état de l'art.....	21

Table des matières

II .1. Introduction	22
II .2. Analyse de l'apparence tumorale sur les séquences d'IRM	22
II.3 Différentes méthodes de segmentation des tumeurs cérébrales	25
II.3.1. Présentation des recherches actuelles	25
II.3.2. Classification des méthodes de segmentation des tumeurs cérébrales	31
II .4 Bases de Données Clés pour la Segmentation des Tumeurs Cérébrales.....	36
II.5 Conclusion	37
Chapitre III Intelligence artificielle pour l'analyse d'images médicales	38
III.1. Introduction	39
III.2. Concepts Fondamentaux de l'Intelligence Artificielle et de l'Apprentissage Automatique	39
III.2.1. Définition de l'Intelligence Artificielle (IA)	39
III.2.2. Définition de l'apprentissage automatique (Machine Learning)	40
• Principe de l'Apprentissage Automatique	41
• Méthodes d'Apprentissage Automatique	41
III.2.3. Bref Historique de l'IA et de l'Apprentissage Automatique	43
III.3. Apprentissage Profond (Deep Learning)	45
III.3.1. Définition du Deep Learning.....	45
III.3.2. Fonctionnement de Deep Learning	45
III.3.3. Apprentissage Profond en Imagerie Médicale	46
III.3.4. Ensemble de données « Dataset »	47
III.4. Réseaux de Neurones	47
III.4.1. Définition des Réseaux Neuronaux.....	47
III.4.2. Neurones biologiques	47
III.4.3. Architecture d'un Réseau Neuronal Simple	48
III.4.4. Architecture d'un Réseau Neuronal Profond	48
III.4.5. Différents types de Réseaux Neuronaux	49
III.5. Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN)	49
III.5.1. Différentes couches du réseau CNN	50
III.5.2. Fonctions d'Activation Courantes dans les CNN	53
III.6. Réseaux de Neurones Récurrents (RNN) et Mémoire à Long Terme (LSTM).....	54
III.7. Réseaux Antagonistes Génératifs (GAN)	55
III.8. Histoire de l'analyse d'images médicales	55
III.9. Architecture U-Net pour la Segmentation d'Images Médicales	56
III.9.1. Présentation de l'Architecture U-Net.....	56
III.9.2. Encodage (Phase de Contraction).....	57

Table des matières

III.9.3. Décodage (Phase d'Expansion)	58
III.9.4. Sauts de connexions (Skip Connections)	58
II.9.5. Les variants de Unet	59
III.10. Défis d'une segmentation appropriée des images médicales	59
III.11. Conclusion	60
Chapitre IV Expériences et résultats	61
IV.1. Introduction	62
IV.2. Bases de données utilisées	62
IV.3. Environnement d'exécution et quelques bibliothèques utilisées	64
IV.3.1. Google Colaboratory	64
IV.3.2. TensorFlow	64
IV.3.3. Keras	64
IV.3.4. PyTorch	65
IV.3.5. Gradio	65
IV.4. Structure des programmes	65
IV.5. Description détaillée de nos applications	66
IV.5.1. Segmentation des tumeurs cérébrales en 2D (Modèle 1)	67
IV.5.2. Segmentation des tumeurs cérébrales en 3D (Modèle 2)	70
IV.6. Résultats et interprétation	74
Modèle 1	74
Modèle 2	76
IV.7. Interfaces de Représentation du Modèle	79
IV.8. Conclusion	80
Conclusion Générale	81
Bibliographie	84

Table des figures

Figure I.1. Anatomie du cerveau humain [9].	7
Figure I.2. Circulation du liquide céphalo-rachidien [10].	8
Figure I.3. Matière grise et matière blanche du cerveau [11].	8
Figure I.4. Tumeurs du cerveau les plus courantes [12].	10
Figure I.5. Scanner cérébrale [15].	12
Figure I.6. Appareil d'imagerie par résonance magnétique (IRM) [13].	13
Figure I.7. Ordinateur de contrôle de salle IRM [13].	14
Figure I.8. Différentes modalités d'IRM	16
Figure I.9. Représentation d'artefact de mouvement pour les images A et B [8].	17
Figure I.10. Représentation d'artefact métallique [8].	17
Figure I.11. Cas d'astrocytome de bas grade [16].	19
Figure I.12. Cas de glioblastome [16].	20
Figure II.1. Exemple de tumeur cérébrale par FLAIR Brats 202113	23
Figure II.2. Exemple de tumeur cérébrale par T1 (Base de données Brats 2021)	23
Figure II.3. Exemple de tumeur cérébrale par T1CE Brats 2021.	24
Figure II.4. Exemple de tumeur cérébrale par T2 Brats 202116	25
Figure III.1. Schéma de décomposition du domaine de l'intelligence artificielle et de ces sous-domaines [64]	40
Figure III.2. Machine Learning [42]	40
Figure III.3. Ensemble de données étiquetées Chaque image d'entrée est associée avec la prédiction voulue [41].	42
Figure III.4. Ensemble de données non-étiquetées Les images d'entrées, extraites de la base de données MNIST Fashion, ne sont pas associées à une sortie cible [41].	42
Figure III.5. Deep Learning [42].	45
Figure III.6. Exemple de fonctionnement du Deep Learning [44].	46
Figure III.7. Représentation d'un neurone biologique [47]	48
Figure III.8. Architecture d'un Réseau Neuronale Profond [46]	49
Figure III.9. Architecture d'un réseau de neurones convolutif [49]	50
Figure III.10. Les couches de CNN [50].	51
Figure III.11. Représentation schématique d'une convolution : noyau 3x3 et pas de 2 [51].	51
Figure III.12. Exemple de principe du Pooling [51]	52
Figure III.13. Opération de Max-pooling et Average-pooling. [62]	52
Figure III.14. Représentation graphique de RelU , Tanh, Sigmoid [61]	53
Figure III.15. Exemple de la fonction Softmax [52].	54
Figure III.16. Architecture d'un réseau neuronal récurrent simple [53].	55
Figure III.17 Architecture d'un antagoniste Génératif [53].	55
Figure III.18. Architecture 2D U-Net de base pour la segmentation [57].	57
Figure III.19. Architecture 3D U-Net de base pour la segmentation [57].	57

Figure IV.1. Exemples d'images et de leurs masques respectifs en 2D issues de la base de données Kaggle.	63
Figure IV.2. Exemple de 2 coupes de BraTS2021, patient ID : BraTS2021_00051	63
Figure IV.3. Organigramme général pour les 2 applications	66
Figure IV.4. Entraînement du modèle 01.....	75
Figure IV.5. Résultats de la phase d'apprentissage "Modèle 2D".	75
Figure IV.6. les indices de Dice et de Jaccard pour chaque image.....	75
Figure IV.7. Exemple d'un résultat de prédiction "Modèle 2D".	76
Figure IV.9. Résultats de la phase d'apprentissage "Modèle 3D".	76
Figure IV.8. L'évaluation du "Modèle 3D".	76
Figure IV.10. Les indices de Dice et de Jaccard "Modèle 3D".	76
Figure IV.11. Exemple d'un résultat de prédiction forme slice "Modèle 3D".	77
Figure IV.12. Exemple d'un résultat de prédiction forme GIF "Modèle .3D".	78
Figure IV.13.1. Interface Graphique développée "modèle 2D "	79
Figure IV.13.2 Interface Graphique développée "modèle 3D"	80

Liste des tableaux

Tableau II.1. Tableau récapitulatif comparatif entre les méthodes de segmentation.....	35
Tableau II.2. Différentes éditions de BraTs challenge d'après Github.....	36
Tableau IV.1. Division de données de première base de données.	68
Tableau IV.2. principaux paramètres de l'Entraînement de modèle 2D.....	69
Tableau IV.3. Division de données de 2èm base	72
Tableau IV.4. Principaux paramètres de l'Entraînement de modèle 3D.	73
Tableau IV.5. Comparatif des deux Modèles réalisés	79

Introduction Générale

Introduction Générale

Les tumeurs cérébrales sont des maladies caractérisées par une prolifération cellulaire anormale, pouvant être bénignes ou malignes. Ces tumeurs représentent un problème de santé grave, responsable de nombreux décès et affectant considérablement la qualité de vie des patients. Par conséquent, leur **détection précoce et précise** joue un rôle crucial pour garantir des interventions thérapeutiques efficaces et opportunes. Le traitement des tumeurs cérébrales est assuré par une équipe spécialisée comprenant des neurochirurgiens, des radiologues oncologues, des oncologues, des neurologues et d'autres spécialistes.

Au fil des ans, les techniques d'imagerie médicale, en particulier l'**imagerie par résonance magnétique (IRM)**, se sont avérées des outils inestimables pour visualiser et diagnostiquer les tumeurs cérébrales. Cependant, le processus de détection manuelle des tumeurs est une tâche ardue et chronophage pour les radiologues, et sujette à l'erreur humaine. Pour relever ces défis et améliorer l'efficacité et la précision de la détection des tumeurs cérébrales, les **méthodes automatisées basées sur les techniques d'apprentissage automatique** ont émergé comme une solution prometteuse et ont suscité un grand intérêt.

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) fournit des images numériques du cerveau, mais le véritable défi réside dans la délimitation précise de la région tumorale, qui comprend la ou les tumeurs ainsi que tout œdème. Dans le cadre de notre projet de fin d'études, nous proposons de développer un algorithme capable de segmenter précisément le cerveau et de localiser la tumeur à l'aide des **réseaux de neurones convolutionnels (CNN)**. Cela aidera l'oncologue à évaluer le diagnostic et à permettre un traitement personnalisé en fonction de la forme, de la taille et de l'emplacement de la tumeur.

Ce mémoire se compose de quatre chapitres :

- **Chapitre I** est dédié à la présentation des différents concepts liés au contexte de notre étude. Premièrement, nous abordons la biologie du cerveau et l'importance de l'imagerie médicale. Ensuite, nous mettons en lumière les différentes techniques utilisées pour détecter les tumeurs cérébrales, en nous concentrant sur l'IRM, une technique avancée, notamment en ce qui concerne les images pondérées différemment dans le diagnostic et le suivi de ces tumeurs.
- **Chapitre II** propose une revue approfondie des dernières techniques de détection des tumeurs cérébrales utilisant l'apprentissage profond au cours des dernières

Introduction Générale

années, l'objectif commun de toutes les méthodes étant la segmentation des images des volumes cérébraux.

- **Chapitre III** se concentre sur les concepts fondamentaux de l'apprentissage profond, y compris les réseaux de neurones convolutionnels (CNN). Nous discutons de leurs architectures, en mettant l'accent sur la détection des tumeurs cérébrales.
- **Chapitre IV** est consacré à la proposition d'une approche de segmentation des images IRM du cerveau, avec une description détaillée de l'architecture des réseaux de neurones convolutionnels spécialement conçue pour notre projet et des métriques d'évaluation de la performance. Enfin, nous présentons et analysons les résultats obtenus, qui seront compilés dans une interface graphique finale.

Chapitre I

Contexte Médical

I.1.Introduction

Le cerveau, cet organe merveilleux, est le centre de contrôle de tout ce que nous faisons, ressentons et pensons. C'est un univers complexe et délicat, et le moindre changement, même insignifiant, peut bouleverser la vie de son propriétaire, comme par exemple les tumeurs. La simple mention de ce mot engendre un ensemble de craintes.

Dans le domaine médical, le diagnostic précis des pathologies est essentiel pour assurer des traitements efficaces. Dans ce chapitre, nous donnerons quelques notions sur l'anatomie du cerveau et nous essaierons de comprendre la nature des tumeurs qui peuvent l'affecter, comment elles se développent, leurs différents types, ainsi que les symptômes qui peuvent apparaître. Comprendre les tumeurs cérébrales est la première étape vers une prise en charge efficace, afin de contribuer à trouver des solutions pour les détecter avant leur évolution.

I.2. Cerveau humain

Le corps humain est composé d'un ensemble d'organes vitaux, et le système nerveux est considéré comme l'un des plus importants de ces systèmes.

Le système nerveux se divise en deux parties principales : le système nerveux central, qui comprend le cerveau et la moelle épinière, et le système nerveux périphérique, **1** constitué des nerfs et des fibres nerveuses qui relient les différentes parties du corps au système nerveux central.

Le système nerveux central est le centre de traitement de l'information, et il constitue le lien entre l'organisme vivant et son environnement. Quant à la moelle épinière, elle représente un prolongement du cerveau et sa fonction est de transmettre les signaux nerveux en provenance et à destination du cerveau via le réseau de nerfs périphériques qui y sont connectés.

Le cerveau est considéré comme l'organe le plus complexe du corps humain et l'un de ses plus volumineux. Cet organe, pesant environ 1,4 kilogramme, est le centre de commande sophistiqué qui renferme nos qualités humaines fondamentales, celles qui nous définissent et nous distinguent des autres formes de vie sur notre planète. Il est logé à l'intérieur d'une structure osseuse protectrice appelée crâne, plus précisément dans sa partie supérieure, et est recouvert d'un liquide céphalo-rachidien qui assure sa protection et son enveloppement. On peut généralement distinguer trois sections principales dans le cerveau : le cerveau antérieur (ou prosencéphale), le cerveau moyen (ou mésencéphale) et le cerveau postérieur (ou rhombencéphale) [1].

I.2.1 Cerveau antérieur (prosencephale)

Le cerveau antérieur, qui constitue la partie la plus volumineuse et la plus évoluée de l'encéphale humain, est principalement composé du télencéphale et du cortex cérébral

- **Télencéphale**

La structure cérébrale majeure chez l'humain est le télencéphale, qui se compose de deux moitiés, les hémisphères droit et gauche, interconnectés par le corps calleux.

- **Cortex cérébral**

Le cortex cérébral (Figure I.1), couche superficielle de l'encéphale et appelée matière grise en raison de sa couleur, donne au cerveau son aspect bosselé. Plus des deux tiers de sa surface sont repliés en circonvolutions, augmentant ainsi sa superficie et le nombre de neurones. Ses fonctions peuvent être étudiées en divisant arbitrairement le cortex en zones, à l'image d'une organisation géographique.

- ✓ Lobe frontal gère l'initiation et la coordination des mouvements, ainsi que les fonctions cognitives supérieures (résolution de problèmes, pensée, planification), et influence la personnalité et les émotions.
- ✓ Lobe pariétal traite les informations sensorielles, l'attention et le langage ; une lésion droite perturbe l'orientation spatiale, tandis qu'une lésion gauche affecte la compréhension du langage.
- ✓ Lobe occipital est dédié au traitement de l'information visuelle (formes, couleurs).
- ✓ Lobe temporal est impliqué dans le traitement auditif, l'intégration sensorielle, la mémoire à court terme et la mémoire émotionnelle [2].

I.2.2 Cerveau moyen(mésencéphale)

Cerveau moyen, il englobe la partie supérieure du tronc cérébral, orchestrant certains réflexes et participant au circuit responsable du contrôle des mouvements oculaires et d'autres mouvements volontaires.

I.2.3 Cerveau postérieur

Le cerveau postérieur comprend la partie supérieure de la moelle épinière (bulbe rachidien) et le tronc cérébral, auxquels s'ajoute une structure tissulaire plissée nommée le cervelet. Ce dernier supervise des fonctions vitales telles que la respiration et le rythme cardiaque.

Le mésencéphale comprend deux paires de petits renflements, les colliculi, qui jouent un rôle majeur dans les réflexes visuels et auditifs et dans le transfert de ces informations au

thalamus. Il contient également des groupes de neurones impliqués dans les mécanismes de récompense et l'humeur.

- **Cervelet**

Le cervelet est une autre composante du rhombencéphale. Il contient également deux hémisphères, et est impliqué dans le contrôle moteur, les processus cognitifs nécessitant une coordination, ainsi que dans les apprentissages pavloviens.

- **La moelle épinière**

La moelle épinière, prolongement du cerveau dans la colonne vertébrale, reçoit les informations sensorielles du reste du corps. Elle génère des réflexes (comme la réponse à la douleur) et transmet ces informations sensorielles au cerveau, notamment au cortex. De plus, elle produit des influx nerveux pour contrôler les muscles et les viscères via des réflexes ou des commandes volontaires de l'encéphale [2].

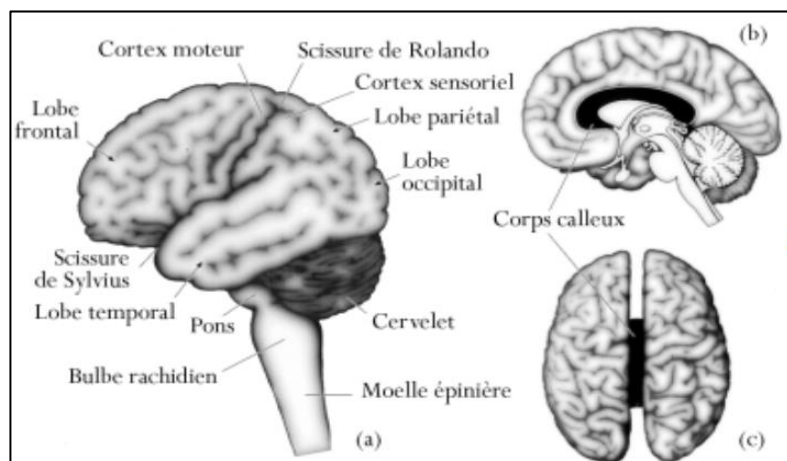


Figure I.1. Anatomie du cerveau humain [9].

I.3. Substances essentielles d'encéphale

L'encéphale, constitué de trois substances fondamentales : le liquide céphalo-rachidien (LCR), la matière grise (MG), et la matière blanche (MB). Chacune de ces substances joue un rôle distinct et crucial dans le fonctionnement du cerveau (Figure I.3).

- **Liquide Céphalo-Rachidien (LCR)**

Il est également désigné sous le nom de liquide cébrospinal, est un fluide biologique clair et incolore qui baigne l'ensemble du système nerveux central, englobant à la fois l'encéphale et la moelle épinière. Sa composition reste relativement stable, et il est continuellement sécrété et résorbé, assurant un renouvellement complet environ trois à quatre fois par jour. Le LCR circule à travers deux systèmes distincts (Figure I.2). Le premier est le

système externe, qui correspond à l'espace sous-arachnoïdien. Cet espace se situe à l'extérieur du système nerveux central, s'étendant le long de la colonne vertébrale et entourant la moelle épinière. Le second est le système interne, ou compartiment intra-encéphalique, qui est constitué des cavités épendymaires, plus communément appelées ventricules cérébraux [3].

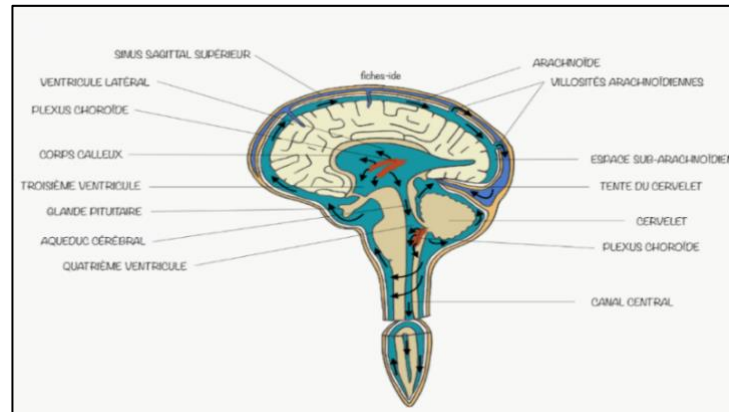


Figure I.2. Circulation du liquide céphalo-rachidien [10].

- **Matière Grise (MG)**

Elle se trouve principalement à la surface externe du cerveau, formant une couche corticale d'une épaisseur variant de 2 à 5 mm. Sa composition est majoritairement constituée des corps cellulaires des neurones. On observe également de plus petites concentrations de matière grise à l'intérieur de l'encéphale, désignées sous le terme de noyaux gris.

- **Matière Blanche (MB)**

Elle est essentiellement composée de fibres nerveuses, qui sont les prolongements des neurones appelés axones. Ces fibres constituent le réseau de "câblage" du cerveau, et ont pour fonction primordiale de transmettre les informations entre les cellules des différentes régions cérébrales. Ces axones sont enveloppés d'une gaine protectrice appelée myéline, qui leur confère leur couleur blanche. La myéline agit comme un isolant, facilitant ainsi la conduction rapide et efficace des signaux le long des fibres nerveuses [3].

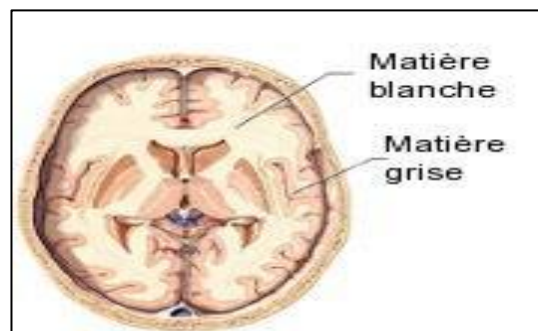


Figure I.3. Matière grise et matière blanche du cerveau [11].

I.4. Tumeurs du cerveau

Le cerveau fonctionne comme le centre de contrôle principal, et toute croissance anormale de ses cellules constitue une menace pour la santé et est appelée tumeur, laquelle peut résulter d'une variété complexe de causes. Ces tumeurs sont classées en deux catégories principales : bénignes, qui sont non cancéreuses (et incluent des types comme les méningiomes et les épendymomes), et malignes, qui sont cancéreuses.

Un cancer primitif du cerveau se développe directement dans cet organe, caractérisé par la formation d'une ou plusieurs tumeurs cancéreuses ou anaplasiques dans diverses régions cérébrales possibles, telles que la moelle épinière ou les ventricules. Cette croissance anormale est due à un dysfonctionnement du développement cellulaire au sein du cerveau lui-même. Il est crucial de distinguer cela des métastases cérébrales, qui sont des cellules cancéreuses ayant migré vers le cerveau, à partir d'un cancer primaire situé dans une autre partie du corps, comme le poumon, le sein ou le côlon-rectum. Dans ce cas, la tumeur cérébrale est dite secondaire ou métastatique, et non primitive.

Il existe une grande diversité de tumeurs cérébrales (Figure I.4), avec plus d'une centaine de types différents. Parmi celles-ci, les tumeurs gliales sont les plus fréquentes. Elles proviennent d'un type spécifique de cellules gliales, qui entourent et soutiennent les neurones. D'autres types de tumeurs cérébrales, qui ne sont pas liées aux cellules gliales, peuvent se développer dans différentes structures du cerveau, comme les nerfs, les méninges (membranes protectrices du cerveau) ou l'hypophyse [4].

I.4.1 Différents stades et causes de la tumeur cérébrale

Initialement, les manifestations d'une tumeur cérébrale peuvent être discrètes et peu caractéristiques, surtout lorsque la tumeur est bénigne et se trouve au stade 1. Cependant, l'évolution de la maladie vers des stades ou grades plus avancés s'accompagne d'une intensification des symptômes : des maux de tête, une fatigue croissante, une perte d'appétit et de poids, ainsi que des perturbations de la mémoire, de la parole et de l'équilibre deviennent plus évidents. Un diagnostic de tumeur cérébrale de stade 4 (grade IV) révèle une tumeur maligne qui a proliféré, se montrant agressive et mettant sérieusement en péril la vie du patient.

Le cancer du cerveau peut survenir de deux manières principales :

Un cancer primitif se développe suite à un dysfonctionnement dans la croissance des cellules cérébrales.

À l'inverse, un cancer secondaire résulte de métastases, c'est-à-dire de la propagation de cellules cancéreuses depuis un autre cancer primaire vers le cerveau. Les causes potentielles de ce cancer comprennent une susceptibilité génétique, l'exposition à des substances comme les pesticides et le plomb, les rayonnements électromagnétiques, l'âge, et l'utilisation du téléphone portable. Néanmoins, les facteurs de risque sont multiples, complexes et encore sujets à investigation [4].

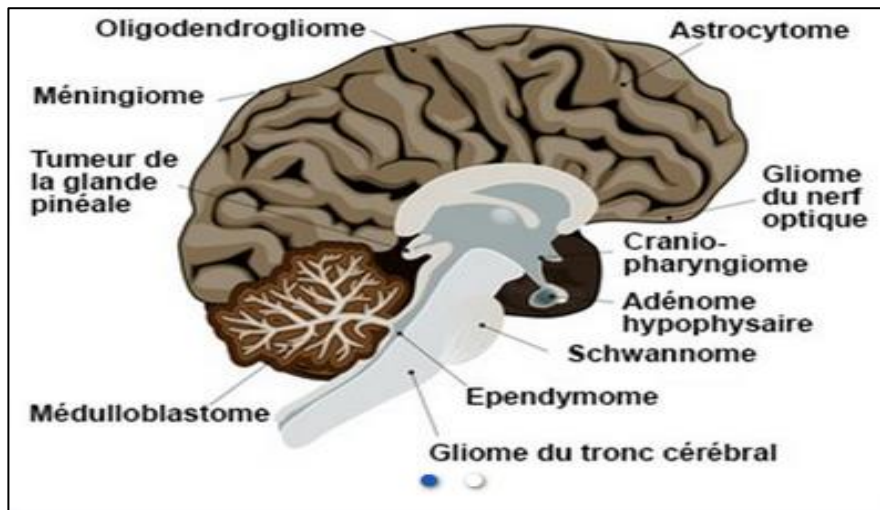


Figure I.4. Tumeurs du cerveau les plus courantes [12].

I.4.2 Recours à l'imagerie radiologique dans la recherche de lésions cérébrales

Face à la manifestation de signes cliniques évocateurs, le médecin est souvent amené à prescrire une série d'exams complémentaires, parmi lesquels figurent les investigations radiologiques. L'objectif principal de ces exams est d'identifier la présence de masses présentant une opacité, une clarté ou une densité anormale, autant de signes pouvant indiquer un processus tumoral.

Une fois une telle anomalie détectée, l'imagerie permet de préciser le nombre de lésions présentes, et leur localisation exacte au sein de l'encéphale. Pour chaque lésion identifiée, une analyse approfondie est menée afin de déterminer différentes caractéristiques essentielles. Cela inclut l'évaluation de sa taille et de sa forme, la distinction entre un caractère infiltrant ou circonscrit, sa position spécifique dans le cerveau et ses relations avec les structures cérébrales avoisinantes. De plus, l'étude de sa composition est cruciale, notamment pour déterminer si la lésion est homogène ou si elle contient des éléments tels que des kystes, du liquide ou des zones de nécrose [14].

I.4.3 Signes indirects et complexité du diagnostic

L'interprétation des clichés radiologiques ne se limite pas à la recherche directe de la tumeur. Différents signes indirects peuvent également être observés, tels que la présence d'un ou plusieurs œdèmes à proximité de la lésion, ou des modifications de la position et du volume des structures anatomiques adjacentes. Ce dernier aspect concerne particulièrement les noyaux gris centraux, la substance blanche et le système ventriculaire. Cette brève description souligne la complexité inhérente au diagnostic d'une lésion cérébrale. Les symptômes cliniques associés aux pathologies cérébrales, ainsi que leur expression, sont complexes et variés, reflétant la diversité histologique des tumeurs cérébrales elles-mêmes [14].

I.5. Systèmes d'acquisition d'images

Les systèmes d'acquisition d'images sont des outils essentiels pour obtenir et analyser des informations visuelles, allant de la photographie courante, à l'imagerie médicale avancée. En intégrant l'optique, l'électronique et le traitement numérique, ils transforment le visuel en données exploitables. Cette capacité est vitale dans de nombreux domaines comme la médecine, l'ingénierie, la surveillance et la robotique, offrant par exemple aux professionnels de santé des moyens pour le diagnostic, la planification et le suivi des traitements grâce à diverses techniques d'imagerie [6].

I.5.1. Scanner cérébral

Le scanner est une procédure d'imagerie médicale qui utilise les rayons X pour générer des images en coupes transversales du cerveau. L'appareil se compose d'une table d'examen sur laquelle le patient est allongé et d'un large anneau à l'intérieur duquel la tête est positionnée (Figure I.5). Durant l'examen, un faisceau de rayons X est projeté à travers le crâne, produisant une multitude de radiographies sous différents angles. Ces données radiographiques sont ensuite transmises à un ordinateur qui les traite pour reconstruire des images tridimensionnelles du cerveau. Afin d'améliorer la visualisation de certaines structures, notamment les vaisseaux sanguins, et de faciliter l'interprétation des images, un produit de contraste à base d'iode est fréquemment injecté, avant ou pendant l'examen. La procédure est rapide, durant environ un quart d'heure, et totalement indolore pour le patient [15].



Figure I.5. Scanner cérébrale [15].

I.5.2. Imagerie par Résonance Magnétique (IRM)

L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) est une technique d'imagerie médicale qui utilise un puissant aimant pour créer des images détaillées de l'intérieur du corps ou des organes. En exploitant la réaction de l'hydrogène présent dans l'eau corporelle au champ magnétique, l'IRM produit de multiples images en coupe qui sont ensuite analysées par un médecin radiologue. Elle peut être utilisée pour visualiser les vaisseaux sanguins (angio-IRM) et est particulièrement utile pour détecter des tumeurs, des infections ou des hémorragies, ainsi que pour caractériser les tumeurs et suivre l'efficacité des traitements. L'injection d'un produit de contraste peut améliorer la visualisation dans certains cas [5, 6].

▪ Principe et Composants Essentiels

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique d'imagerie médicale sophistiquée. Elle repose sur l'utilisation d'un champ magnétique intense et d'ondes radiofréquences pour produire des images très détaillées des organes internes et des tissus mous du corps humain. Cet examen est réalisé à l'aide d'un appareil spécifique, désigné sous le nom d'IRM (Figure I.6), dont la conception intègre deux éléments fondamentaux [6].

➤ Aimant

Le premier composant majeur de l'appareil IRM est un puissant aimant. Généralement de forme tubulaire et de grande taille (approximativement deux mètres de long), cet aimant génère un champ magnétique intense qui enveloppe le patient durant l'examen. C'est ce champ magnétique qui est essentiel au processus d'alignement des noyaux atomiques dans le corps, étape préliminaire à la création des images. La configuration de l'appareil implique que le patient soit introduit et se retrouve temporairement confiné à l'intérieur de ce tunnel magnétique.

➤ **Le signal IRM**

Le corps humain contient un grand nombre d'atomes d'hydrogène. L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) repose sur les propriétés magnétiques de ces atomes. Le noyau de l'atome d'hydrogène est composé d'un unique proton (chargé positivement) qui est en mouvement. Tous ces protons peuvent être considérés comme de petits aimants.

Lorsque le patient est placé à l'intérieur du tunnel où règne un champ magnétique, tous ces protons vont s'aligner. Le système est alors en équilibre. Pour produire des images, il est nécessaire d'introduire un élément perturbateur et excitateur : l'émission d'ondes radio. Quand ces ondes ont une fréquence particulière, les noyaux d'hydrogène sont placés dans un état dit de « résonance ». Cette mise en résonance produit une rotation des petits aimants du patient. Le retour à l'état normal génère une variation du champ magnétique. Dans une antenne correctement placée, cette variation du champ magnétique induit la formation d'un courant électrique : c'est le signal IRM [17].

➤ **Ordinateur et Console de Commande**

Le second élément crucial est constitué d'un ordinateur puissant et d'une console de commande. Cet ensemble informatique joue un rôle central dans le fonctionnement de l'IRM. Il assure le contrôle précis de l'aimant et de l'émission des ondes radiofréquences. De plus, il est responsable du traitement complexe des signaux émis par le corps du patient en réponse à ces stimuli. À partir de ces signaux, l'ordinateur reconstruit des images IRM détaillées, qui peuvent être visualisées en deux ou trois dimensions.



Figure I.6.Appareil d'imagerie par résonance magnétique (IRM) [13].

➤ **Salle Informatique : Centre de Contrôle et de Gestion des Images**

La salle informatique, souvent appelée salle de contrôle, est l'espace dédié à l'hébergement de l'ordinateur et de la console de commande de l'IRM (Figure I.7). Cette salle est

stratégiquement située à proximité immédiate de la machine IRM, afin d'assurer une communication efficace. Un aspect crucial de sa conception, est la protection de l'équipement électronique contre les interférences électromagnétiques (IEM), potentiellement générées par le puissant aimant.



Figure 1.7. Ordinateur de contrôle de salle IRM [13].

▪ Fonctions Clés de la Salle Informatique

La salle informatique remplit plusieurs fonctions essentielles au bon déroulement de l'examen IRM :

- **Contrôle de l'IRM** : l'opérateur manipule la console de commande, pour superviser l'ensemble du processus d'imagerie. Cela inclut le positionnement précis du patient à l'intérieur de l'aimant, le lancement des séquences d'acquisition d'images et l'ajustement des différents paramètres d'examen.
- **Traitement des Images** : l'ordinateur exécute des algorithmes sophistiqués pour transformer les signaux bruts captés par la machine, en images IRM interprétables, qu'elles soient en 2D ou en 3D.
- **Stockage des Images** : les images IRM acquises sont enregistrées sur des supports de stockage numériques, tels que des disques durs ou des serveurs, situés dans la salle informatique. Cet archivage permet une consultation ultérieure par les professionnels de santé et le patient.
- **Réseau** : la salle informatique peut être connectée au réseau informatique de l'établissement de santé. Cette connectivité facilite le transfert sécurisé des images IRM vers d'autres systèmes informatiques, comme les serveurs d'archivage ou les stations de travail des radiologues [6].

▪ Connexion entre la Machine IRM et la Salle Informatique

La communication entre la machine IRM et la salle informatique est assurée par un réseau de câbles spécifiques. Ces câbles sont conçus avec un blindage particulier, afin de minimiser et d'empêcher les interférences électromagnétiques, qui pourraient altérer la qualité des signaux transmis entre les deux composants essentiels du système IRM [5].

I.5.3. Différentes Pondérations en Imagerie par Résonance Magnétique (IRM)

Pour visualiser des structures anatomiques et d'éventuelles, les médecins exploitent une combinaison de différentes pondérations en IRM [7] (Figure I.8).

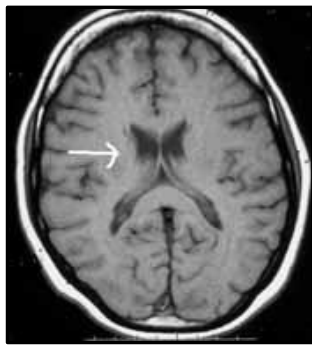
Le temps de répétition (TR) est l'intervalle de temps entre deux excitations.

Le temps d'écho (TE) est l'intervalle de temps entre l'excitation et la survenue du signal IRM.

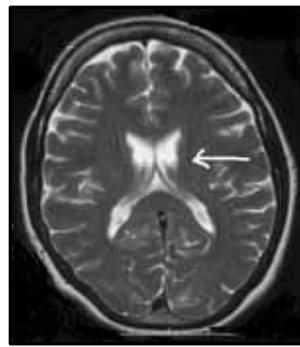
Une séquence IRM est un ensemble d'impulsions excitatrices dont les paramètres (comme le TE et le TR) sont ajustés pour obtenir des images ayant un contraste donné [17]

En général, il existe plusieurs pondérations principales utilisées en imagerie par résonance magnétique (IRM) : (Abordée plus en détail au chapitre II)

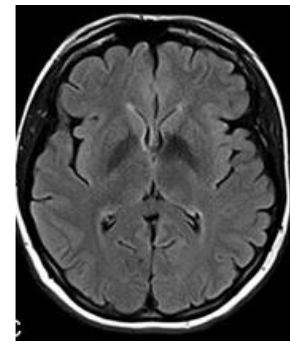
- a. **Pondération T1** : Elle est idéale pour visualiser l'anatomie des tissus mous du cerveau. Sur ces images : La **substance grise (SG)** apparaît grise , La **substance blanche (SB)** est blanche , Le **liquide céphalorachidien (LCS)** est noir. , La **graisse** est blanche. détecter des anomalies qui "prennent" le contraste.
- b. **Pondération T2**: les infections et les inflammations. Le contraste est inversé par rapport au T1 : La **substance grise (SG)** est blanche , La **substance blanche (SB)** est grise , Le **liquide céphalorachidien (LCS)** est blanc , La **graisse** reste blanche.
- c. **Pondération FLAIR : FLAIR (Fluid-Attenuated Inversion Recovery)** : Ces images ressemblent aux images pondérées T2, mais elles suppriment le signal du liquide céphalorachidien (le rendant foncé). Elle est excellente pour distinguer les tissus sains des tissus pathologiques
- d. **Pondération T2*** : Bien que liée à la pondération T2, la T2* est plus sensible aux variations des champs magnétiques locaux et aux hétérogénéités tissulaires, ce qui la rend unique pour la détection de micro-saignements ou de calcifications.
- e. **Pondération DWI (Diffusion-Weighted Imaging)** : Cette technique mesure le mouvement des molécules d'eau et est très utile pour détecter les accidents vasculaires cérébraux (AVC) aigus. [7]



(a) Pondération T1[17]



(b) Pondération T2[17]

(c) Pondération FLAIR
[17]*Figure I.8. Différentes modalités d'IRM*

I.5.4. Artefacts des imageurs par IRM

En imagerie par résonance magnétique (IRM), la présence d'artefacts peut sérieusement altérer la qualité des images obtenues et rendre leur interprétation plus difficile. Ces perturbations sont généralement regroupées en deux catégories principales :

➤ **Artefacts d'origine patient**

Les artefacts imputables au patient sont principalement causés par ses mouvements, qu'ils soient volontaires (par exemple, bouger, parler) ou involontaires (comme la respiration ou les battements cardiaques) (Figure I.9). Ces mouvements, surtout s'ils se produisent à l'intérieur du champ de vision de l'antenne, perturbent le codage de phase durant l'acquisition des signaux. Il en résulte un flou sur l'image, ainsi que l'apparition d'échos ou de traînées indésirables. De plus, tout matériau métallique présent chez le patient, qu'il soit externe (bijoux, piercings) ou implanté (prothèses, clips chirurgicaux), génère des distorsions locales du champ magnétique (Figure I.10). Ces distorsions se traduisent par des déformations de l'image, des zones sombres sans signal, ou un aspect moiré caractéristique, pouvant même empêcher le bon fonctionnement du système d'acquisition. La principale solution consiste à retirer tous les objets métalliques externes. Si la présence de métal implanté est compatible avec l'examen IRM, des séquences d'écho de spin, moins sensibles aux variations du champ magnétique que les séquences d'écho de gradient, sont préférées [8].

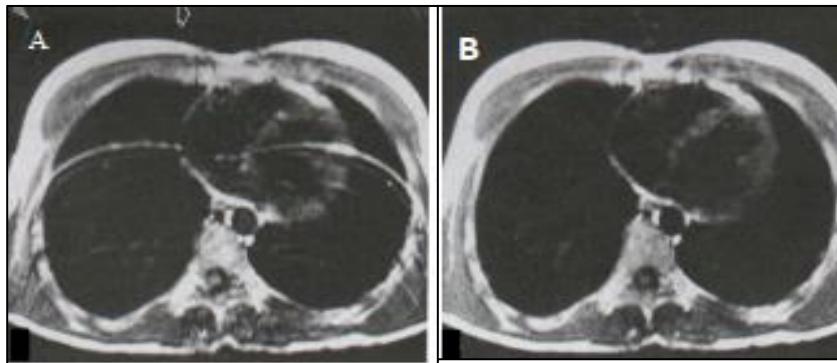


Figure I.9. Représentation d'artefact de mouvement pour les images A et B [8]

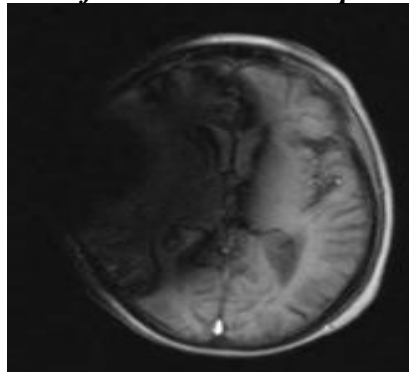


Figure I.10. Représentation d'artefact métallique [8]
IRM cérébrale d'une patiente portant une épingle à cheveux

➤ **Artefacts liés au système d'acquisition**

Les artefacts liés au système d'acquisition des signaux en IRM sont variés.

Les artefacts de déplacement chimique sont dus à la légère différence de fréquence de résonance entre les protons de l'eau et ceux des graisses, entraînant un décalage spatial de leurs représentations sur l'image, un phénomène accentué par l'utilisation de champs magnétiques plus puissants. Pour minimiser cet effet, on utilise des séquences à large bande passante ou des techniques de suppression du signal de la graisse (fat-sat).

Les artefacts de susceptibilité magnétique surviennent aux interfaces entre des tissus ayant des propriétés magnétiques différentes (comme l'eau, l'air et l'os), créant des variations locales du champ et une perte de signal, particulièrement notables avec les séquences d'écho de gradient.

Les artefacts de troncature (ou phénomène de Gibbs) sont la conséquence de changements brusques de signal qui ne peuvent pas être parfaitement échantillonnés avec une gamme de fréquences limitée. Ils se manifestent par des oscillations répétitives le long des bords des tissus. Ces artefacts peuvent être réduits en augmentant la taille de la matrice d'acquisition (ce qui allonge la durée de l'examen) ou en appliquant des filtres (au détriment de la netteté de l'image).

Les artefacts de repliement (ou aliasing) apparaissent lorsque la région anatomique imagée est plus étendue que le champ de vision sélectionné. Les signaux provenant des zones situées en dehors de ce champ se superposent à l'image, donnant l'impression d'un repliement. Les solutions impliquent d'élargir le champ de vision ou d'utiliser des techniques de sur-échantillonnage et des bandes de présaturation pour éliminer les signaux non désirés [8].

I.6. Exemples d'IRM avec tumeurs cérébrales

Cette section présente des exemples concrets de diagnostics de tumeurs cérébrales, issus d'un cédérom éducatif (Un contenu spécifique stocké sur un disque CD-ROM. Il s'agit d'un disque CD-ROM conçu spécifiquement à des fins éducatives) de la Société Européenne de Neuroradiologie [16]. Pour chaque cas, le diagnostic médical final est exposé, accompagné des différentes images radiologiques ayant contribué à son établissement. L'objectif n'est pas une analyse experte des tumeurs, mais plutôt une illustration de la complexité du processus diagnostique, et une familiarisation avec l'imagerie radiologique. On soulignera notamment la supériorité de la précision et de la qualité des images IRM, par rapport au scanner, ainsi que l'intérêt d'utiliser des séquences IRM complémentaires. Il est important de noter, que ces cas ne seront pas étudiés plus en détail ultérieurement, en raison du nombre limité de coupes disponibles.

Cas 1 : Astrocytome de bas grade - Démarche diagnostique et apport de l'IRM

Le premier cas présenté est celui d'un astrocytome de bas grade, une tumeur représentant environ 5% des tumeurs intracrâniennes, caractérisée par une masse hémisphérique infiltrante et non encapsulée, souvent sans œdème, hyperintense en T2 et faiblement à modérément contrastée en T1 (Figure I.11). Le diagnostic complet de cette tumeur a nécessité plusieurs étapes, incluant un examen radiologique (scanner et IRM), une intervention chirurgicale et une analyse histologique. Les images obtenues par scanner ont révélé une masse importante légèrement rehaussée dans la région pariétale, mais leur résolution limitée n'a pas permis un diagnostic précis, ni une localisation claire des limites tumorales. Face à la présence confirmée d'une masse, des images IRM ont été réalisées, apportant des informations cruciales sur la nature et la gravité de la tumeur. L'image en pondération T1 a mis en évidence l'aspect non encapsulé et hétérogène de la tumeur, tandis que l'image en pondération T2 a révélé une masse hyper-intense, suggérant une zone de densité plus importante en son sein. Le diagnostic radiologique a ainsi orienté vers une tumeur hétérogène, infiltrante et mal délimitée, compatible avec un astrocytome. L'examen chirurgical a confirmé des infiltrations importantes vers le corps calleux et le système vasculaire, avec des limites tumorales partiellement bien définies et partiellement floues. Finalement,

l'examen histologique a confirmé le diagnostic d'astrocytome de grade II. Cet exemple illustre le déroulement d'un diagnostic clinique et met en évidence la supériorité de l'IRM par rapport au scanner pour la localisation précise des frontières tumorales.

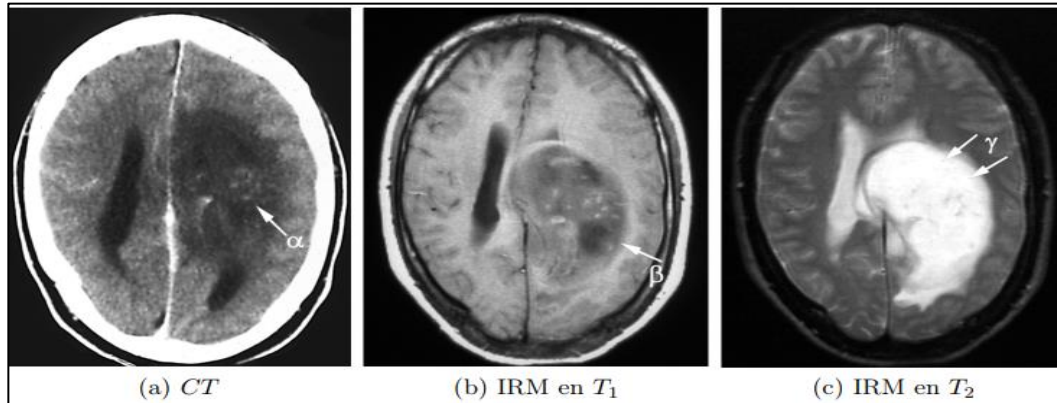


Figure I.11. Cas d'astrocytome de bas grade [16].

Cas 2 : Glioblastome - Utilisation combinée des séquences IRM pour le diagnostic

Ce deuxième cas clinique illustre un glioblastome, une tumeur cérébrale de grade IV relativement fréquente, représentant environ 20% des tumeurs intracrâniennes et touchant principalement les patients âgés de 50 à 70 ans. Les glioblastomes se caractérisent par des masses molles, richement vascularisées, souvent hétérogènes avec des zones de nécrose et fréquemment associées à un œdème.

À l'instar du cas précédent, le diagnostic de ce glioblastome a impliqué l'examen de clichés scanner (confirmant la présence d'une masse), l'analyse d'images IRM (orientant la nature de la tumeur), une intervention chirurgicale et un examen histologique. La description ici se concentre sur l'apport des différentes séquences d'imagerie par résonance magnétique.

Le diagnostic de cette lésion a nécessité l'acquisition d'images pondérées en T2, en T1, et en T1 après injection de gadolinium. L'analyse comparative de ces séquences met en évidence leur complémentarité et certaines redondances. L'image pondérée en T2 révèle une masse solide présentant un signal hyper-intense dans la région frontale inférieure et un signal hypointense dans sa partie supérieure. De plus, un œdème est clairement visible autour de la lésion postérieurement (Figure I.12), exerçant une compression sur le ventricule latéral gauche. L'acquisition en T1 montre une lésion hypo-intense. Cette faible intensité a justifié la réalisation d'images T1 avec injection de gadolinium, lesquelles ont révélé un anneau de rehaussement intense et irrégulier, autour de la tumeur, présentant des projections nécrotiques. La redondance des séquences est manifeste dans la représentation de la lésion cérébrale elle-même, bien que son intensité radiométrique varie selon la pondération, ainsi que dans la visualisation des structures cérébrales

saines, sur chaque image. L'étude de ce cas clinique souligne l'importance cruciale de l'utilisation conjointe de différentes pondérations d'acquisition en IRM, pour caractériser pleinement les tumeurs cérébrales [16].

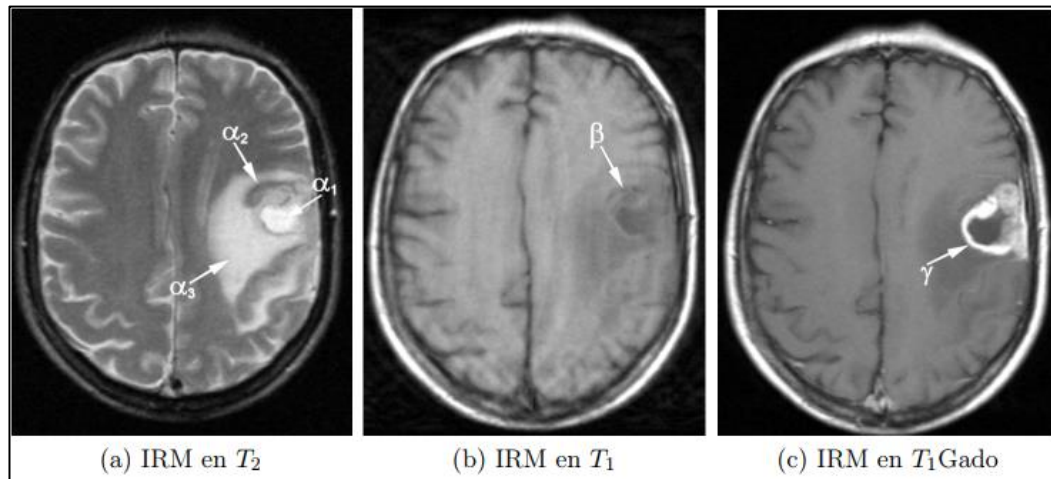


Figure I.12. Cas de glioblastome [16].

I.7. Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons abordé l'anatomie du cerveau humain, examiné les éléments essentiels du tissu cérébral. Ensuite, nous avons introduit le sujet des tumeurs cérébrales, en soulignant leurs causes et l'importance de l'imagerie radiologique, dans la détection des lésions cérébrales. Nous avons inclus le rôle de la tomodensitométrie (scanner) et de l'imagerie par résonance magnétique (IRM), en tant que techniques clés, pour obtenir des images du cerveau. Nous nous sommes concentrés sur les principes de fonctionnement de l'IRM et ses composants essentiels. Nous avons également passé en revue les différents types de pondérations utilisées en IRM et leur importance dans la distinction des tissus. Nous avons discuté du problème des artefacts qui peuvent apparaître sur les images IRM et affecter leur qualité et leur interprétation. Enfin, nous avons présenté deux exemples d'applications de l'IRM dans l'étude des tumeurs cérébrales, illustrant la capacité de cette technique à fournir des informations détaillées qui aident au diagnostic et au suivi.

Cette étude nous permet de mettre en lumière un certain nombre de difficultés inhérentes à notre problème de segmentation des tumeurs cérébrales sur les images IRM



Chapitre II

L'état de l'art

II .1. Introduction

La segmentation précise des tumeurs cérébrales à partir des images d'IRM est d'une importance capitale pour le diagnostic et le traitement. Étant donné que les tumeurs cérébrales diffèrent par leur apparence, leur forme et leur localisation, leur détection et leur délimitation constituent un véritable défi. Bien que la segmentation manuelle effectuée par les experts en radiologie soit considérée comme la norme de référence, elle prend beaucoup de temps et est sujette aux divergences entre les observateurs.

C'est pourquoi le développement de méthodes de segmentation automatisées et fiables est devenu un domaine de recherche majeur en imagerie médicale. Ce chapitre présente un état de l'art sur les techniques utilisées pour la segmentation des tumeurs cérébrales.

II .2. Analyse de l'apparence tumorale sur les séquences d'IRM

Une séquence IRM est une série d'impulsions radiofréquences et un ajustement de gradients qui génèrent un ensemble d'images, affichant une apparence distincte.

Comme expliqué dans le premier chapitre, pour l'exploration des tumeurs cérébrales par IRM, il est courant d'inclure des séquences telles que (FLAIR, T1, T2, T1ce), chacune apportant des informations spécifiques sur la structure et la composition des tissus cérébraux. Afin de mieux comprendre l'apparence d'une tumeur cérébrale sur ces différentes séquences, et d'après des recherches dans radiopaedia [19], voici une description générale pour chacune d'elles :

➤ **FLAIR (Fluid-Attenuated Inversion Recovery)**

Sur cette séquence, les tumeurs apparaissent généralement hyperintenses, c'est-à-dire plus claires par rapport au tissu cérébral normal (Figure II.1). Cette imagerie est particulièrement utile pour identifier l'œdème périlésionnel, qui entoure fréquemment la tumeur et se manifeste également par une intensité lumineuse élevée. Ceci est dû au fait que la séquence FLAIR agit en supprimant le signal du liquide cébrospinal (LCS), ce qui permet de mieux visualiser les anomalies structurelles du cerveau, notamment les régions saturées en eau, comme l'œdème et certaines composantes tumorales.

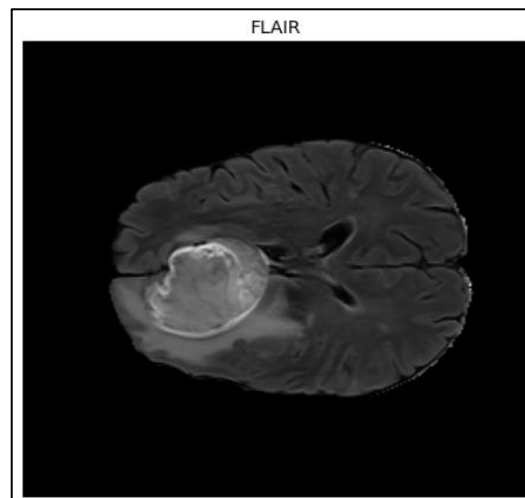


Figure II.1. Exemple de tumeur cérébrale par FLAIR Brats 2021

➤ T1-weighted

La tumeur cérébrale dans T1-weighted peut présenter une apparence différente selon sa cellularité, sa teneur en eau et sa composition. Elle peut être :

- **Hypointense (plus foncée)** par rapport au tissu cérébral normal.
- **Isointense (même intensité que le tissu normal)**, ce qui peut la rendre plus difficile à identifier.
- **Hyperintense (plus claire)** dans certains cas, par exemple en présence de sang, de graisse ou de mélanine dans la tumeur

Car la séquence T1 met en évidence les différences dans les temps de relaxation longitudinale des tissus (Figure II.2). La composition de la tumeur influence son signal sur cette séquence.

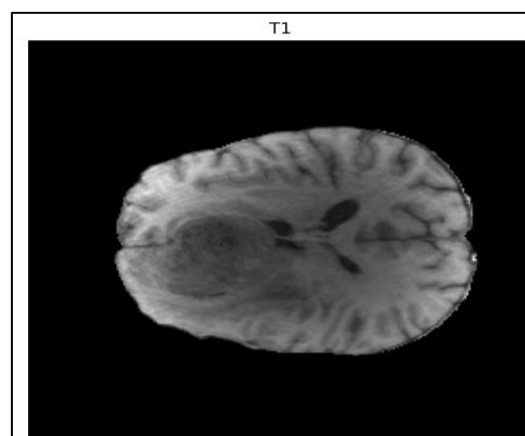


Figure II.2. Exemple de tumeur cérébrale par T1 (Base de données Brats 2021) 13.

➤ **T1 avec injection de contraste (T1ce ou T1 Gadolinium)**

Cette séquence est réalisée après l'injection intraveineuse d'un agent de contraste à base de gadolinium. L'absorption du contraste par la tumeur est un élément clé pour sa caractérisation. Elle peut se présenter comme suit :

- **Absente** : certaines tumeurs ne montrent pas de prise de contraste significative, ce qui reflète une barrière hémato-encéphalique relativement intacte ou une faible vascularisation.
- **Présente** : la tumeur apparaît hyperintense (plus claire) dans les zones où le gadolinium s'est accumulé (Figure II.3). Le schéma de prise de contraste (homogène, hétérogène, annulaire, nodulaire, etc.) est très important pour le diagnostic.

Cela est dû au gadolinium qui s'accumule dans les zones où la BHE (il faut commencer par donner la signification avant de donner l'abréviation) est rompue ou anormale, ce qui est fréquent dans les tumeurs (en particulier les tumeurs malignes et certaines tumeurs bénignes agressives). La prise de contraste reflète la vascularisation de la tumeur et la perméabilité de ses vaisseaux.

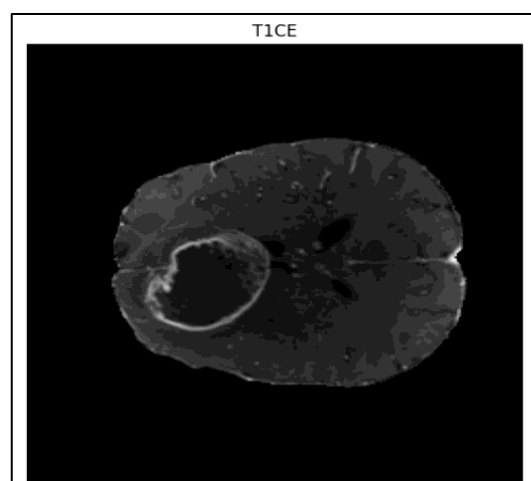


Figure II.3. Exemple de tumeur cérébrale par T1CE Brats 2021.

➤ **T2-weighted**

Le plus souvent, la plupart des tumeurs apparaissent en hyperintense (plus brillantes) sur la séquence T2 (Figure II.4), car celle-ci est à l'affût de la concentration en eau des tissus. Les tumeurs présentent, dans la majorité des cas, une plus grande concentration en eau que le tissu cérébral normal, ce qui correspond à un signe (signal) plus lumineux. L'œdème qui se présente avec la tumeur apparaît hyperintense en T2.

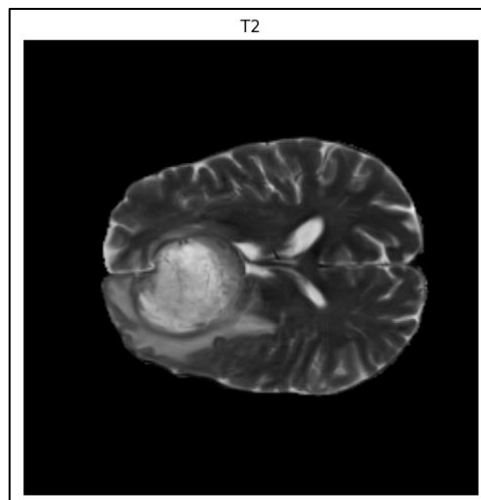


Figure II.4. Exemple de tumeur cérébrale par T2 Brats 2021

II.3 Différentes méthodes de segmentation des tumeurs cérébrales

II.3.1. Présentation des recherches actuelles

Il existe plusieurs recherches académiques et bibliographiques qui montrent l'évolution constante des techniques de segmentation des tumeurs cérébrales, explorant des approches allant des techniques classiques aux méthodes basées sur l'apprentissage profond, des architectures sophistiquées telles que les réseaux de neurones convolutifs (CNN) et les U-Net améliorés.

Cet état de l'art offre ainsi une perspective complète sur les avancées réalisées et aide les futures recherches pour développer des outils plus précis pour le diagnostic et la thérapeutique des patients.

Nous passerons en revue certains travaux, que nous avons répertoriés dans le cadre de notre recherche, lesquelles se sont révélés intéressants et variés en termes de méthodes, de résultats et de précision obtenue.

- **Dubey, R. B., M. Hanmandlu, S. K. Gupta, et S. K. Gupta. 2009 [22]**

Les auteurs proposent une alternative semi-automatique visant à améliorer la reproductibilité et la précision dans la segmentation et l'analyse volumétrique des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM. La méthode de "croissance de région" implique le lancement de la segmentation à partir d'un point de départ (point germe) défini dans l'image, puis l'expansion progressive de la région, basée sur des critères relatifs à l'intensité des pixels, et leur proximité. Cette approche permet ainsi d'extraire la région tumorale de manière plus objective et rapide, à condition que les paramètres de l'algorithme soient correctement choisis.

Les expérimentations menées sur huit coupes IRM provenant de deux patients atteints de tumeurs cérébrales ont démontré que, lorsqu'elle est correctement paramétrée, cette méthode fournit des résultats de segmentation satisfaisants et fiables pour le calcul du volume tumoral. Elle présente ainsi un potentiel intéressant pour standardiser et accélérer l'analyse quantitative des tumeurs en pratique clinique.

- **Gordillo, N., Montseny, E., & Sobrevilla, P. (2010) [20]**

Ce travail présente une méthode utilisant la logique floue pour réaliser une segmentation automatique et non supervisée des tumeurs cérébrales, dans les images IRM. Contrairement à la segmentation binaire classique (qui classe chaque pixel de manière stricte en "tumeur" ou "non-tumeur"), cette approche attribue à chaque pixel un degré d'appartenance, généralement entre 0 et 1, qui représente la probabilité d'être une tumeur. Ce degré reflète la certitude ou la probabilité que le pixel appartienne à une tumeur ou pas. Cette méthode est particulièrement adaptée aux cas où les limites des tissus sont floues et où il peut y avoir du bruit ou des variations d'intensité. Les auteurs ont obtenu de bonnes performances avec des indices de Jaccard moyens de 0.97, 0.83 et 0.76 pour trois bases de données utilisées.

- **Rajendran, A., & Dhanasekaran, R. (2012) [22]**

Leur article présente une approche hybride innovante pour la segmentation des tumeurs cérébrales en IRM, combinant intelligemment deux techniques complémentaires. La première étape utilise un algorithme de regroupement flou (FCM) permettant d'obtenir une segmentation initiale approximative de la tumeur. Cette segmentation grossière fournit un contour préliminaire qui sert ensuite de point de départ à un modèle déformable. Ce dernier, guidé par le champ de gradient de l'image, affine progressivement les contours. L'algorithme FCM, permet de résoudre les difficultés d'initialisation et la convergence problématique dans les zones concaves des contours actifs. Les résultats expérimentaux démontrent que cette combinaison stratégique offre une segmentation plus précise et plus robuste que les méthodes conventionnelles, tout en étant moins sensible aux artefacts et aux variations d'intensité fréquentes dans les images IRM. Cette avancée pourrait significativement améliorer le diagnostic et le suivi des tumeurs cérébrales en clinique. Les résultats sont évalués avec un indice de Dice moyen de 95,3 % et un indice de Jaccard moyen de 82,1 %, ce qui représente de bonnes valeurs.

- **Abbasi, S., et Tajeripour, F. (2017) [23]**

Ce travail présente une méthode automatique de détection des tumeurs cérébrales dans des images IRM 3D. La démarche proposée débute par un prétraitement pour normaliser les images et réduire les variations nuisibles, puis l'extraction des caractéristiques basées sur le "Local Binary Pattern", qui capturent efficacement les informations texturales et structurales, (. Celles-ci sont alors utilisées conjointement avec un classifieur de type forêt aléatoire (random forest) pour segmenter les régions tumorales en 3D. finalement, la région d'intérêt est isolée, afin de séparer la zone tumorale du fond.

Les évaluations expérimentales réalisées sur des images de gliome issues du jeu de données BRATS 2013 montrent que la méthode proposée permet d'obtenir des performances supérieures pour la détection et la segmentation des tumeurs, avec un indice de Dice de $0,8377 \pm 0,105$ pour la tumeur complète, tandis que l'indice de Jaccard est de $0,733 \pm 0,14$. Cette approche démontre ainsi l'efficacité d'une combinaison de méthodes de prétraitement, d'extraction de caractéristiques en 3D et d'apprentissage automatique dans l'amélioration de la segmentation automatique des tumeurs cérébrales.

- **Kamnitsas, Konstantinos, Christian Ledig, Virginia F. J. Newcombe, Joanna P. Simpson, Andrew D. Kane, David K. Menon, Daniel Rueckert, et Ben Glocker. (2017) [24]**

Cet article présente une méthode nouvelle qui combine un réseau de neurones convolutionnels 3D multi-échelle à un champ aléatoire conditionnel entièrement connecté (CRF), pour segmenter avec précision les lésions cérébrales en IRM. L'architecture CNN permet de traiter des volumes complets d'IRM et de capter des informations à différents niveaux de détail, offrant ainsi une analyse globale des lésions. Le CRF intervient ensuite pour affiner la segmentation en améliorant les contours et en corrigeant les erreurs. La méthode montre une bonne précision, surtout pour les petites lésions et les contours complexes. Par exemple, avec BRATS 2015, ils ont obtenu un indice de Dice moyen de 90,1 pour la tumeur complète sur les données d'entraînement, et 84,9 sur 110 cas de test de BRATS 2015. Cette approche ouvre de nouvelles perspectives pour le diagnostic et le suivi des pathologies cérébrales, en fournissant des résultats à la fois fiables et reproductibles.

- **S. Tchoketch Kebir, S. Mekaoui & M. Bouhedda (2018) [28]**

Ce travail présente une méthodologie entièrement automatique pour la détection et la segmentation des tumeurs cérébrales dans les images IRM. L'approche combine des techniques

classiques et avancées, notamment un modèle de mélange gaussien (GMM) pour la classification initiale des pixels, l'algorithme Fuzzy C-Means pour un raffinement de la segmentation, des contours actifs pour une délimitation précise des tumeurs, ainsi que la transformée en ondelettes et une méthode basée sur l'entropie pour optimiser l'analyse texturale. La méthode se déroule en deux étapes clés : une extraction robuste du crâne, validée sur les bases de données IBSR, LPBA40 et OASIS avec d'excellents résultats (indice de Jaccard de 0,913 et coefficient de Dice de 0,954), suivie de la détection et de la segmentation tumorale, évaluée sur la base BRATS avec une précision de 69% et un faible taux de faux positifs.

- **Cahall DE, Rasool G, Bouaynaya NC and Fathallah-Shaykh HM (2019) [26]**

Ce travail met en avant une solution avancée pour relever les défis liés à la segmentation des tumeurs cérébrales, par une nouvelle approche combinant l'architecture U-Net avec des modules Inception. L'intégration de ces modules permet d'extraire des caractéristiques à différentes échelles, améliorant ainsi la capacité du modèle à gérer la variabilité spatiale et d'intensité, présentes dans les images. La méthodologie proposée, testée sur le jeu de données BraTs 2018, repose sur deux modes d'apprentissage : l'un visant à segmenter précisément les structures intra-tumorales (comme le noyau nécrotique, la région non rehaussée, l'œdème péritumoral et la tumeur rehaussée), et l'autre destiné à délimiter les sous-régions du gliome (tumeur globale, noyau tumoral et tumeur rehaussée). Les auteurs ont introduit une fonction de perte et le coefficient de similarité de Dice (DSC) pour optimiser l'apprentissage du modèle. Les résultats montrent un indice de Dice moyen de la tumeur complète de 0,903 pour les structures intra-tumorales, et une valeur de 0,898 pour les sous-régions du gliome. Les résultats expérimentaux montrent que l'ajout des modules Inception à l'U-Net améliore les performances de segmentation pour toutes les sous-régions analysées, confirmant l'efficacité de cette approche, pour une segmentation plus robuste et précise en neuro-oncologie.

- **Ali, M., S. O. Gilani, A. Waris, K. Zafar et M. Jamil (2020).[31]**

Dans cette approche, les auteurs ont mis en œuvre une combinaison de deux réseaux neuronaux, dérivés du U-Net (U-net 3D) et du CNN 3D. Ces modèles ont été entraînés de manière sélective sur l'ensemble d'entraînement BraTS 2019 (335 cas), et évalués sur l'ensemble de validation BraTS 2019 (125 cas). Ensuite, ils ont fusionné intelligemment les cartes de segmentation produites par ces réseaux, pour affiner la prédiction du type de tissu

tumoral. Les scores Dice obtenus par cette méthode sont de 0,750 pour la tumeur rehaussée, 0,906 pour la tumeur entière et 0,846 pour le noyau tumoral.

- **Wang, Yao, Wang, Yan, Guo, Chunjie, Zhang, Shuangquan, Yang, Lili (2021) [32]**

La méthode proposée repose sur une modification du réseau 3D U-Net, largement utilisé en segmentation d'images médicales. Étant donné l'importance des détails de bas niveau, lorsque la taille des ensembles de données est limitée, cette approche ajuste les hyperparamètres de U-Net et introduit des connexions de saut (skip connections). Deux ensembles de données provenant des bases « The Cancer Genome Atlas (TCGA) » et « Brain Tumor Segmentation Challenge (BRATS) 2020 » ont été exploités pour la réalisation des expériences. Le modèle présente une bonne précision, avec indice de dice de 0.937 pour la segmentation.

- **Tampu, Iulian Emil, Neda Haj-Hosseini, and Anders Eklund. (2021) [33]**

Les auteurs ont choisi d'utiliser nnU-Net, construit sur l'architecture 3D U-Net, en raison de sa fiabilité. Le réseau nnU-Net ajuste automatiquement les hyperparamètres du réseau, en fonction des données d'entraînement et des ressources matérielles disponibles, y compris le nombre de couches de convolution, la taille des patchs d'entrée et la taille des lots. L'entraînement a été effectué sur BraTS2020, le nombre d'époques d'entraînement a été fixé automatiquement à 1000 sans stratégie d'arrêt anticipé, les valeurs moyennes des scores de dice dans les régions cibles étaient de 93,22% pour la segmentation.

- **SHUYI LI (2023).[25]**

L'auteur réaliser une approche pour la segmentation des tumeurs cérébrales, basée sur une architecture U-Net améliorée intégrant des mécanismes d'attention. L'étude se concentre sur l'amélioration de l'extraction des caractéristiques sémantiques au sein du réseau U-Net, en combinant des réseaux convolutifs avec des modules d'auto-attention. L'ajout d'un réseau résiduel (ResNet) permet de résoudre les difficultés de surapprentissage pendant l'entraînement, facilitant ainsi la création d'un modèle plus profond, et améliorant la capacité du U-Net à extraire des caractéristiques abstraites. Aussi, les composants d'auto-attention permettent au décodeur de se concentrer sur les informations les plus critiques, ce qui améliore les performances globales.

Testé sur le jeu de données BraTS2021, le modèle atteint de très bons résultats, avec une précision allant jusqu'à 95,54 %.

- **Wisaeng, K., et W. Sa-ngiamvibool. 2023. [27]**

Leur étude propose une méthode de segmentation automatique des tumeurs cérébrales dans les images IRM, combinant l'algorithme morphologique Fuzzy Otsu (FOTM), avec une analyse des asymétries cérébrales. La démarche comprend plusieurs étapes cruciales de prétraitement incluant la normalisation des couleurs, la réduction du bruit et la correction des biais d'intensité, qui permettent d'améliorer significativement la qualité des images avant segmentation. Les résultats expérimentaux démontrent l'efficacité de cette approche avec des taux de précision atteignant 93,77% pour les gliomes, 94,32% pour les méningiomes et 94,37% pour les tumeurs hypophysaires. La méthode se distingue par sa capacité à segmenter automatiquement les différentes régions tumorales sans nécessiter d'intervention manuelle, tout en surmontant les difficultés liées à la variabilité inter-patient concernant la couleur, la luminosité, la forme, la taille et la localisation des tumeurs. Cette approche robuste et performante ouvre des perspectives prometteuses pour le diagnostic assisté par ordinateur en neuro-oncologie, en offrant une solution fiable pour l'analyse des tumeurs cérébrales.

- **Aggarwal, M., Tiwari, A.K., Sarathi, M. et al. (2023).[30]**

L'approche proposée repose sur la stratégie d'ensemble, pour améliorer la robustesse et la précision de la segmentation, des tumeurs cérébrales. Plusieurs modèles de CNN ont été entraînés de manière indépendante, pour extraire différentes caractéristiques des images. Les prédictions issues de ces modèles sont ensuite combinées via la méthode de fusion, qui permet d'atténuer les erreurs individuelles. Les résultats, évalués à l'aide de métriques quantitatives telles que le Dice Score (0.924), le Jaccard (0.658) et l'Accuracy (0.854), pour la base de données BraTS2020, montrent des valeurs élevées, indiquant une segmentation précise des différentes sous-régions tumorales.

- **Rashid, Ahmed Ramzi, Ahmed Sedeeq Baker et Zaydon L. Ali. 2024. [29]**

L'étude explore le développement et l'analyse des algorithmes de segmentation et de classification des tumeurs cérébrales par l'utilisation d'algorithmes d'apprentissage profond tels que 2D et 3D UNet, et présente un ensemble des modèles entraînés avec des hyperparamètres variés, pour minimiser les erreurs et améliorer la précision. Ensuite, il fait une comparaison

avec d'autres modèles tels que Alexnet, PSPNet et autre. Leur résultat démontre que l'architecture UNet 3D utilisés, donne les meilleures performances avec une précision de 97,2 % pour la classification, et un score Dice de 96% pour la segmentation. L'article souligne aussi, l'importance de l'amélioration des stratégies de prétraitement, de l'augmentation des données et de la régularisation, pour optimiser les performances des modèles.

II.3.2. Classification des méthodes de segmentation des tumeurs cérébrales

On peut classer les différentes méthodes de segmentation selon les techniques d'analyse et de traitement d'image utilisées, en quatre types principaux :

❖ **Méthodes Classiques** : ces méthodes reposent sur des principes mathématiques et statistiques. Bien qu'elles soient confrontées aux défis posés par la complexité et l'hétérogénéité inhérentes aux tumeurs cérébrales, ces approches constituent le fondement des techniques plus avancées. Parmi elles, nous pouvons citer :

➤ **Seuillage (Thresholding)** : consiste à diviser les pixels d'une image en différentes régions (généralement deux) en comparant l'intensité de chaque pixel à une ou plusieurs valeurs seuils, permettant de différencier la tumeur, du tissu environnant. L'idée sous-jacente est que les différentes structures d'intérêt (comme la tumeur, le tissu sain, le fond) présentent des gammes d'intensités distinctes dans l'image IRM.

➤ **Région Growing** : cette approche commence par regrouper des pixels voisins qui partagent des propriétés similaires, en commençant à partir d'un ou plusieurs points dans la tumeur, et étendre cette région, en ajoutant des pixels voisins dont les caractéristiques (intensité, texture) sont similaires. Bien qu'efficace dans certaines situations, la méthode peut être très sensible au choix initial des (germes).

➤ **Contours Actifs** : ce sont des courbes dynamiques qui s'ajustent dans une image pour se conformer au contour de la tumeur. Régis par des forces internes (lissage) et externes (attraction sur les bords), ils progressent de plus en plus près de la forme visée. Même si automatisés, ils sont parfois nécessaires avec une prise en main manuelle et des réglages fins, pour une amélioration optimale.

➤ **Segmentation par Clustering** : c'est un processus non supervisé qui est utilisé pour classer les pixels en groupes (clusters) en fonction de leurs caractéristiques (comme l'intensité). L'idée derrière ce processus est que les pixels d'une même structure (de la tumeur) seront semblables, en fonction de

leurs caractéristiques, et donc formeront un cluster différent dans l'espace des caractéristiques.

❖ **Méthodes Basées sur l'Apprentissage Automatique** : plutôt que de définir manuellement les règles ou les seuils, ces techniques reposent sur des algorithmes qui apprennent à identifier et délimiter les régions tumorales, à partir des données d'entraînement. Le modèle est entraîné en lui présentant de nombreuses images déjà segmentées. Ainsi, il apprend à reconnaître les motifs et les caractéristiques spécifiques qui distinguent ces régions, puis utilise ces connaissances pour segmenter de nouvelles images.

➤ **Machines à vecteurs de support (Support Vector Machines : SVM)** : ce sont un ensemble d'algorithmes d'apprentissage supervisé, qui au lieu de traiter chaque pixel comme une instance à classifier en classes variées (tumeur ou non tumeur), ont pour but de déterminer l'hyperplan optimal qui sépare au mieux les pixels.

➤ **Forêts Aléatoires (Random Forests)** : un arbre de décision est une structure en forme d'arbre, qui représente un ensemble de règles de décision, basées sur les caractéristiques d'un objet (pixel), pour prédire sa classe. Pour faire des prédictions des zones tumorales, cette méthode combine de nombreux arbres de décision où l'agrégation des résultats de plusieurs arbres, améliore la robustesse et la généralisation de la segmentation.

➤ **Méthodes basées sur la classification statistique** : la conception principale est de faire des modèles statistiques des propriétés de l'ensemble des classes de pixels (tumeur, tissu normal), et d'employer ces modèles pour classifier chaque pixel dans une nouvelle image, tel qu'il appartient à la classe la plus probable.

❖ **Méthodes d'Apprentissage Profond** : Ces nouvelles méthodes utilisent des réseaux de neurones complexes avec plusieurs couches, ou le modèle apprend automatiquement à segmenter des images complexes, à partir d'une base de données annotées. Ces approches offrent généralement une précision supérieure, mais elles nécessitent une grande quantité de données annotées et des unités de traitement considérables. Parmi ces approches :

➤ **U-Net et ses variantes** : U-Net est un modèle en encodeur-décodeur avec connexions de saut qui permet la récupération des informations globales et des détails fins, afin d'effectuer une segmentation précise pour chaque pixel. Il peut être employé

avec des mécanismes d'intégration d'attention, afin de focaliser le modèle sur les zones d'intérêt (Attention U-Net), ou avec l'amélioration de la connectivité entre l'encodeur et le décodeur, via des connexions redondantes et imbriquées, pour avoir un meilleur raffinement des détails, à plusieurs niveaux de la hiérarchie (U-Net++).

➤ **U-Net avec encodeur pré-entraîné (Transfert Learning)** : où la partie encodeur du U-Net peut être remplacée par un réseau pré-entraîné (VGG16, ResNet, ou EfficientNet) qui sont d'abord entraînés sur une base de données d'images annotées, comme ImageNet. L'idée est de profiter des représentations de bas niveau (bord, texture, etc.) et des caractéristiques plus complexes déjà apprises. Après cette mise en place initiale, le décodeur est constitué, et l'ensemble du réseau est finalement affiné sur une base de données d'IRM. Cette approche permet souvent d'améliorer la convergence et d'optimiser les performances avec une base de données limitée.

➤ **V-Net** : c'est une forme étendue de l'architecture U-Net, adaptée pour traiter des volumes entiers, pour tenir compte de la volumétrie des images IRM. Cette architecture est basée sur des blocs résiduels, pour faciliter l'apprentissage dans les réseaux profonds, et traiter efficacement les volumes d'imagerie médicale. V-Net est souvent entraîné avec des fonctions de coût comme le "Dice loss", qui est particulièrement adaptée, pour traiter les déséquilibres de classes typiques, dans les images médicales.

➤ **Réseaux entièrement convolutifs (FCN)** : ils se distinguent par leur architecture exclusivement composée de couches de convolution, sans aucune couche dense (entièrement connectée). Contrairement aux CNN, qui utilisent des couches entièrement connectées en sortie, pour produire une classification globale, les FCN conservent une structure entièrement convolutive, jusqu'à la dernière couche.

➤ **DeepMedic** : est un modèle de réseau de neurones convolutionnels (CNN), spécialement conçu pour la segmentation 3D des tumeurs cérébrales IRM, qui traite bien le bruit et les artefacts courants, et utilise des convolutions 3D pour capturer autant d'informations spatiales que possible, dans les volumes IRM.

➤ **Réseaux à apprentissage supervisé et semi-supervisé** : la méthode supervisée consiste à apprendre à partir des données entièrement annotées, cette méthode assure des performances élevées, si une grande base de données de qualité est disponible. Alors que la méthode **semi-supervisée** apprend d'un mélange de petites données annotées et de grandes quantités de données non annotées. Elle cherche à réduire la consommation coûteuse des annotations tout en conservant la performance.

❖ **Méthodes Hybrides** : ces techniques de segmentation d'images intègrent au moins deux méthodes distinctes (classiques et méthodes d'apprentissage automatique ou profond), afin de profiter des forces de chaque méthode et de compenser leurs faiblesses respectives, ce qui donne lieu à des résultats de segmentation plus précis et fiables.

➤ **Fusion de techniques classiques et deep learning** : des combinaisons tels que pré-traitement classique avec Deep Learning, ou Deep Learning avec Post-traitement classique, ou extraction de caractéristiques Deep Learning avec classifieur classique, peuvent bien améliorer les résultats.

➤ **Intégration de connaissances médicales** : au lieu de traiter les images comme des simples tableaux de nombres, en incorporant des informations spécifiques au domaine médical (anatomie, physiologie, pathologie), on guide l'algorithme en utilisant ce que l'on sait déjà sur la structure de la structure à étudier, le cerveau dans notre cas, l'apparence typique des tumeurs, leurs localisations probables.

Le tableau de la figure II.1 donne un récapitulatif des différentes méthodes de segmentation ainsi que leurs avantages et inconvénients.

Catégorie	Avantages	Limites et inconvénients	Exemples / références
Méthodes Classiques	• Rapides, légères en calcul. • Pas besoin de données annotées. • Moins coûteuses en temps de calcul.	• Moins précises pour des tumeurs diffuses ou à faible contraste. • Sensibles au bruit et aux artefacts d'IRM. • Moins performantes que l'apprentissage profond	Seuillage , Région Growing, Contours Actifs Clustering(Fuzzy C-Means) ...
Méthodes d' Apprentissage Automatique	• Meilleures performances que les méthodes purement classiques. • Amélioration de la précision par apprentissage à partir de données annotées	• Peut prendre du temps. • Peut être moins robuste aux variations des données d' image que l' apprentissage profond.	, SVM , Forêts Aléatoires ...
Méthodes d' Apprentissage Profond	• Très bonne précision dans les cas de tumeurs complexes. • Moins sensibles aux variations de qualité des images IRM. • Plus la base de données annotées est grande, meilleurs sont les résultats.	• GPU requis pour l'entraînement. • Complexité à comprendre leur processus de décision. • Susceptible de surapprentissage si les données ne sont pas suffisamment importantes et diversifiées.	CNN , U-Net et ses variantes , V-net , DeepMedic, FCN...
Méthodes Hybrides	• Surmonter les limites des méthodes individuelles. • Compenser les limites du DL (par exemple, données limitées). • Améliorer la précision des contours.	• Complexité accrue (pour le réglage des hyperparamètres). • Nécessitent un réglage minutieux.	CRF avec un CNN. GMM avec Fuzzy means. DeepMedic avec Forêts Aléatoires...

Tableau II.1. Tableau récapitulatif comparatif entre les méthodes de segmentation

II.4 Bases de Données Clés pour la Segmentation des Tumeurs Cérébrales

Pour valider leurs travaux et pouvoir comparer leurs résultats, les chercheurs utilisent certaines bases de données bien connues.

- **BraTs (Brain Tumor segmentation)**

BraTs est un challenge initié en 2012 par la communauté MICCAI (Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention Society), et développé chaque année en enrichissant ses ensembles de données et en diversifiant les tâches.

L'édition BraTS21 réunit 8 160 IRM multimodales (T1, T1Gd, T2, T2-FLAIR) de 2 040 patients, avec des annotations précises pour le glioblastome : la tumeur rehaussée (ET), l'œdème péritumoral (ED) et le noyau tumoral nécrotique (NCR), ayant pour objectif de segmenter de façon détaillée les sous-structures tumorales. Toutes les images sont prétraitées (alignement sur un modèle anatomique, redimensionnement à 1 mm³ et découpage du crâne) et réparties en trois ensembles : 1 251 cas pour l'apprentissage (étiquettes publiques), 219 pour la validation (étiquettes privées accessibles via Synapse) et 570 pour le test (données accessibles uniquement via Docker).

Par souci de la qualité, d'abord, certaines images post-opératoires ont été prises entre 2014 et 2016 et ont été ignorées à partir de 2017. L'ensemble public d'images annotées a atteint son pic en 2021, alors que les éditions ultérieures (BraTS22 et BraTS23) n'ont apporté que de nouvelles données de test non publiques, en se gardant en outre d'altérer les ensembles d'apprentissage et de validation de BraTS21[34].

Le tableau II.2 donne une comparaison des données entre les différentes éditions

Année	Apprentissage	Validation	Test	Total	Tâche
2014	200	/	38	238	Segmentation.
2016	200	/	191	391	Segmentation et progression de la maladie.
2020	369	125	166	660	Segmentation et prédiction de la survie.
2021	1251	219	570	2040	Segmentation et Classification.

Tableau II.2. Différentes éditions de BraTs challenge d'après Github

- **The Cancer Imaging Archive (TCIA)**

Depuis 2011, The Cancer Imaging Archive (TCIA) met à la disposition des chercheurs des ensembles d'images radiologiques et histopathologiques dépersonnalisées. Ces ensembles, regroupant les cohortes de patients selon le parcours ou la modalité d'imagerie (IRM,

tomodensitométrie par exemple), incluant également des informations complémentaires, telles que le résultat clinique, les détails des traitements, les données génomiques et les analyses d'experts. Les données sont structurées en « collections », afin de faciliter l'exploration des ensembles de données, grâce à une recherche en texte libre ou à des filtres spécifiques, pour cibler des besoins de recherche spécifiques, en segmentation et analyse des tumeurs cérébrales [35].

Pour la segmentation des tumeurs cérébrales, on trouve par exemple **BraTS-TCGA-LGG** avec 108 images annotées. Cet ensemble de données cible les gliomes de bas grade (LGG). Outre son utilisation dans diverses modalités d'IRM, il comprend également des segmentations précises, offrant ainsi une autre source d'information, pour étudier ces tumeurs moins mortelles, et comparer leur comportement à celui des glioblastomes (GBM).

Cependant, il est important de noter que ces ensembles de données ne sont pas tous annotés, ce qui peut nécessiter des interventions supplémentaires en termes de prétraitement ou d'annotation pour obtenir des segmentations fines et précises.

- **Dataset Brain Tumor d'Ultralytics**

Ultralytics met à disposition un ensemble de données, composé d'images médicales, provenant d'IRM et de tomodensitogrammes, dans lequel chaque image est annotée pour indiquer la présence, l'emplacement et les caractéristiques des tumeurs cérébrales. Ce dataset contient 893 images d'entraînement et 223 images de test, chacune accompagnée de ses annotations, et classées en deux catégories, « Négatif » pour les images sans tumeur, et « Positif » pour les images présentant une tumeur [36].

II.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les recherches actuelles sur la segmentation des tumeurs cérébrales, en détaillant les différentes méthodes et bases de données utilisées. L'objectif est de rester informé des avancées dans ce domaine et de contribuer à l'amélioration de ces recherches.

Dans le prochain chapitre, nous aborderons des concepts fondamentaux et avancés en intelligence artificielle et en apprentissage profond, en nous concentrant sur les réseaux neuronaux et leurs applications pratiques dans le traitement et l'analyse d'images, notamment dans le domaine médical.

**Chapitre III
Intelligence
artificielle pour
l'analyse d'images
médicales**

III.1. Introduction

Au milieu des développements rapides, nous assistons à des bonds qualitatifs dans le monde de la technologie, dont l'ordinateur est le protagoniste. Les capacités de ce dernier ont évolué sous la forme de ce que l'on appelle l'intelligence artificielle, dont les applications se sont étendues à divers domaines, plus particulièrement, le domaine médical. Les méthodes avancées, au premier rang desquelles arrivent l'apprentissage profond, ont montré des résultats prometteurs dans ce domaine vital, notamment dans l'analyse des images médicales. L'imagerie médicale est un pilier essentiel dans le diagnostic et le traitement de diverses maladies, mais l'interprétation précise de ces images nécessite un niveau élevé de compétence et d'expertise spécialisée.

Ce chapitre examine le rôle général de l'intelligence artificielle dans l'imagerie médicale et l'importance de l'analyse d'images dans le diagnostic et le traitement, avant de se spécialiser dans les défis de la segmentation des tumeurs cérébrales. Ensuite, le chapitre explique les fondements de l'analyse d'images par l'intelligence artificielle, à savoir l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond, en se concentrant sur les réseaux neuronaux convolutifs (CNN). Par la suite, le chapitre présente l'architecture U-Net comme une solution spécialisée pour la segmentation des images médicales, en expliquant sa structure unique, ses composants essentiels, ainsi que les outils et les bibliothèques de programmation nécessaires à son application, en particulier Python et les bibliothèques d'apprentissage profond et de traitement d'images.

III.2. Concepts Fondamentaux de l'Intelligence Artificielle et de l'Apprentissage Automatique

III.2.1. Définition de l'Intelligence Artificielle (IA)

L'intelligence artificielle (IA) est un champ scientifique dédié à la conception d'ordinateurs et de systèmes autonomes. Ces entités sont conçues pour simuler des capacités cognitives humaines telles que le raisonnement, l'apprentissage et la prise de décision, en particulier face à des volumes de données complexes et massifs.

L'IA constitue un domaine multidisciplinaire vaste, intégrant des connaissances issues de l'informatique, de l'analyse de données et des statistiques, de l'ingénierie matérielle et logicielle, de la linguistique, des neurosciences, et même de la philosophie et de la psychologie.

Chapitre III Intelligence artificielle pour l'analyse d'images médicales

Dans un contexte opérationnel pour les entreprises, l'IA se manifeste par un ensemble de technologies, s'appuyant principalement sur l'apprentissage automatique (machine learning) et l'apprentissage profond (deep learning) (Figure III.1). Ces technologies sont exploitées pour diverses applications telles que l'analyse de données, l'établissement de prédictions et de prévisions, la classification d'objets, le traitement du langage naturel, la formulation de recommandations, la récupération intelligente d'informations, et bien d'autres [37].

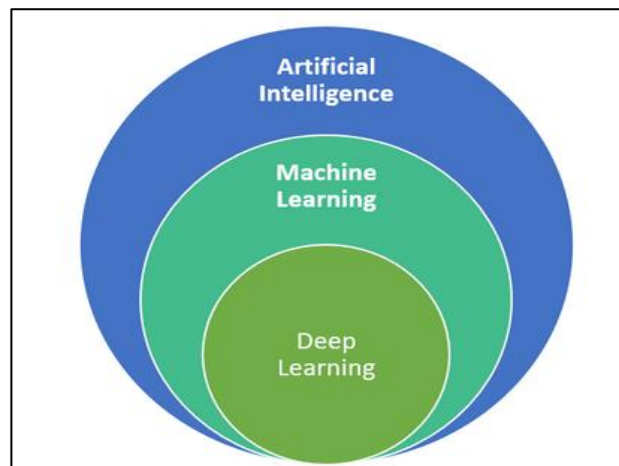


Figure III.1. Schéma de décomposition du domaine de l'intelligence artificielle et de ces sous-domaines [64]

III.2.2. Définition de l'apprentissage automatique (Machine Learning)

Le machine Learning, une branche de l'informatique issue du mouvement de l'intelligence artificielle des années 1950, vise à permettre aux ordinateurs d'apprendre à partir de données sans être explicitement programmés. Son objectif principal est la prédiction et l'optimisation. L'apprentissage se fait par l'amélioration des performances grâce à l'expérience, qui se traduit concrètement par l'ajustement de modèles aux données.[39].

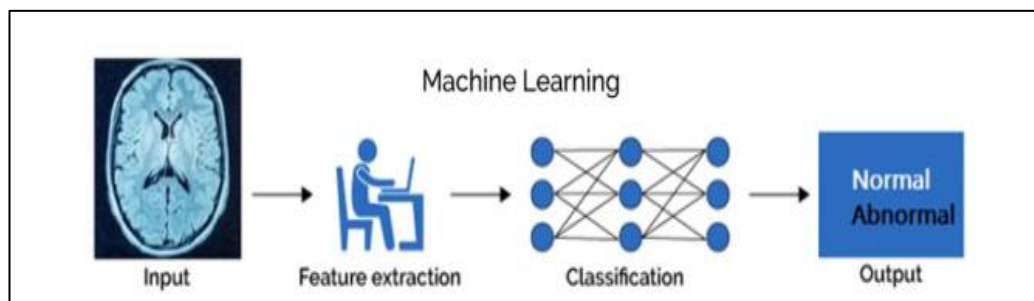


Figure III.2. Machine Learning [42]

• Principe de l'Apprentissage Automatique

Quel que soit le type de tâche, l'entraînement d'un algorithme de machine Learning suit généralement trois étapes principales :

1. **Constitution de la Base de Données** : collecte, sélection et prétraitement des données pertinentes.
2. **Apprentissage** : entraînement du modèle sur les données préparées.
3. **Validation** : évaluation des performances du modèle entraîné.

• Méthodes d'Apprentissage Automatique

Il existe trois types d'apprentissage : supervisé, non supervisé et par renforcement.

♦ Apprentissage Supervisé : Apprendre à partir d'Exemples Étiquetés

L'apprentissage supervisé repose sur l'utilisation de données d'entraînement où chaque entrée (x_i) est associée à une sortie cible connue (y_i). L'ensemble de données est noté $D = \{x_i, y_i\} i \in [1, N]$. L'objectif est d'entraîner un modèle capable de prédire correctement la sortie pour de nouvelles entrées non étiquetées. Ce type d'apprentissage peut être utilisé pour des problèmes de :

- **Régression** : pour prédire une valeur continue (variable réelle).

Exemples : prédiction de consommation électrique, prévision de cours boursiers.

- **Classification** : pour choisir une classe parmi un ensemble de possibilités.

Exemples : reconnaissance de chiffres manuscrits (Figure III.3), classification de tumeurs (bénigne/maligne).

Il existe des modèles intermédiaires entre la régression et la classification, notamment dans le traitement automatique du langage où les mots sont représentés par des vecteurs de haute dimension.

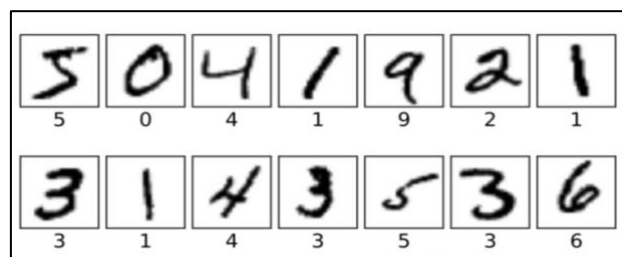


Figure III.3. Ensemble de données étiquetées Chaque image d'entrée est associée avec la prédiction voulue [41].

Les algorithmes basés sur l'apprentissage supervisé les plus courants sont : les k-plus proches voisins, la régression linéaire, la régression logistique, les réseaux de neurones, les arbres de décision, les forêts aléatoires, les machines à vecteurs de support.

♦ Apprentissage Non Supervisé : Découvrir des Structures dans les Données Non Étiquetées

L'apprentissage non supervisé utilise des données d'entraînement sans étiquettes de sortie ($D = \{x_i, y_i\} i \in [1, N]$). Le but est d'identifier des caractéristiques communes et des structures intrinsèques au sein des données.

Le regroupement (clustering) est une tâche principale de l'apprentissage non supervisé. Les algorithmes de clustering visent à séparer les données en groupes homogènes, où les éléments d'un même groupe sont similaires et différents des éléments des autres groupes. Cela permet d'étiqueter automatiquement les données en fonction de leur appartenance à un groupe. Comme exemple, nous pouvons citer le regroupement de patients pour anticiper leurs réactions à des traitements. (Figure III.4)

Les algorithmes basés sur l'apprentissage non supervisé les plus courants sont : les k-moyennes, l'analyse en composantes principales, le DBSCAN, la décomposition en valeurs singulières, certains réseaux de neurones.



Figure III.4. Ensemble de données non-étiquetées Les images d'entrées, extraites de la base de données MNIST Fashion, ne sont pas associées à une sortie cible [41] .

♦ Apprentissage par Renforcement : Apprendre par Interaction et Récompense

L'apprentissage par renforcement consiste à entraîner un modèle (agent) en le faisant interagir avec son environnement. Un système de récompenses et de pénalités guide l'apprentissage en renforçant les bonnes actions et en pénalisant les mauvaises. Le processus est

Chapitre III Intelligence artificielle pour l'analyse d'images médicales

itératif : l'agent effectue une action, reçoit un score, et ses paramètres sont ajustés en conséquence pour améliorer ses performances futures. Le choix des récompenses et des pénalités est crucial pour le succès de l'apprentissage.

Les algorithmes génétiques sont un type d'apprentissage par renforcement basé sur la sélection naturelle et la mutation. Une population d'individus (modèles avec des paramètres différents) est évaluée sur une tâche, les meilleurs sont sélectionnés, et une nouvelle génération est créée par modification de leurs paramètres, conduisant à une amélioration progressive.

L'apprentissage par renforcement a été utilisé avec succès pour entraîner des systèmes complexes comme AlphaGo (jeu de Go) et pour la navigation de voitures autonomes, souvent en combinaison avec l'apprentissage profond (réseaux de neurones). Il est également appliqué à des problèmes d'optimisation sous contraintes, en définissant des récompenses pour les critères d'optimisation, et des pénalités pour la violation des contraintes.

En résumé, l'apprentissage par renforcement permet d'entraîner un agent à atteindre un objectif, dans un environnement (souvent simulé), en apprenant par essais et erreurs, guidé par un système de récompenses, basé sur ses observations et ses actions. [41].

III.2.3. Bref Historique de l'IA et de l'Apprentissage Automatique

Les Origines (Années 1950) : l'Émergence d'une Idée : L'idée d'une intelligence artificielle a germé dès la première moitié du 20^e siècle. En 1950, le mathématicien britannique Alan Turing a posé une question fondamentale dans son article "Computing Machinery and Intelligence" : "Les machines peuvent-elles penser ?". Il y a introduit le concept du "jeu de l'imitation" pour décrire la capacité potentielle des ordinateurs à simuler le raisonnement humain, proposant également le célèbre test de Turing comme critère d'évaluation.

Parallèlement, l'Américain Warren Weaver explorait la traduction automatique des langues, suggérant qu'une machine pourrait imiter l'intelligence humaine dans ce domaine. À la même époque, le neurologue Warren McCulloch a marqué le début de la recherche sur les réseaux de neurones artificiels en modélisant le neurone biologique par un simple circuit électrique. Cependant, les limitations technologiques de l'époque ont freiné l'essor rapide de ces réseaux.

La Naissance d'un Domaine (Année 1956-1960) : l'optimisme Initial : L'intelligence artificielle a été officiellement reconnue comme un champ scientifique en 1956 lors d'une conférence historique au Dartmouth College. L'un des premiers succès notables est survenu en 1959 avec le programme de jeu de dames d'Arthur Samuel. Ce programme était capable

Chapitre III Intelligence artificielle pour l'analyse d'images médicales

d'apprendre de ses parties et a même battu un joueur de niveau national. C'est lors de cette présentation que le terme "apprentissage automatique" (machine learning) a été utilisé pour la première fois.

L'hiver de l'IA (Années 1970) : La Désillusion et le Refroidissement des Investissements : Malgré l'enthousiasme initial des années 1950 et 1960, les avancées concrètes en IA n'ont pas répondu aux attentes. Face à ce manque de résultats immédiats, les gouvernements ont réduit les financements alloués à la recherche en intelligence artificielle, privilégiant des domaines perçus comme plus prometteurs à court terme. Cette période de stagnation est connue sous le nom d'"Hiver de l'IA".

La Renaissance (Années 1990) : Le Rôle Crucial des Données et de la Puissance de Calcul : Le domaine de l'intelligence artificielle a connu un renouveau au début des années 1990, stimulé par l'augmentation significative des performances informatiques et l'essor d'Internet. L'arrivée massive de données (Big Data) a permis d'entraîner les systèmes d'IA avec une précision accrue, ouvrant la voie à des applications plus larges, notamment dans le diagnostic médical. C'est également durant cette période que les premiers algorithmes d'apprentissage profond, en particulier les réseaux de neurones artificiels, ont commencé à se développer sérieusement.

L'Ère de la Domination (Depuis 1997) : Les Succès Médiatiques et l'Intégration Sociétale : Un tournant médiatique majeur s'est produit en 1997 lorsque l'ordinateur Deep Blue d'IBM a vaincu le champion du monde d'échecs Garry Kasparov. Cet événement a marqué une étape importante dans la perception publique de l'IA. Depuis lors, l'intelligence artificielle s'est progressivement intégrée dans notre société, portée par la connectivité informatique mondiale croissante. Les projets de recherche se sont multipliés, devenant plus complexes et explorant de nouveaux domaines tels que la vision par ordinateur et la robotique.

Des initiatives comme ImageNet, le Human Connectome Project et OpenAI ont joué un rôle clé en fournissant des bases de données et des algorithmes fondamentaux, facilitant l'accès aux concepts de l'IA. Le concours ILSVRC (2010-2017) a notamment permis des avancées considérables dans la classification d'images grâce à la création d'immenses jeux de données.

Depuis les années 2010, les réseaux de neurones ont connu un retour en force spectaculaire, propulsés par l'augmentation de la puissance de calcul et la disponibilité de vastes ensembles de données, favorisant l'essor de l'apprentissage profond. Les techniques d'apprentissage profond ont rapidement surpassé les méthodes traditionnelles dans des tâches comme la classification d'images. En 2017, l'ordinateur AlphaGo, basé sur des réseaux de

Chapitre III Intelligence artificielle pour l'analyse d'images médicales

neurones, a battu le champion du monde de jeu de Go, un exploit considéré comme particulièrement difficile. Son successeur, AlphaZero, a ensuite démontré sa capacité à surpasser les meilleurs joueurs humains aux échecs, au Go et au Shogi en apprenant uniquement par lui-même.

L'IA Aujourd'hui : Une Présence Ubiquitaire: Aujourd'hui, l'intelligence artificielle est omniprésente, trouvant des applications dans des domaines extrêmement variés. On la retrouve dans le traitement d'image, le traitement automatique du langage (chatbots, GPT-3...), la reconnaissance vocale (Alexa, Siri, Cortana, Rasa...) et la traduction automatique (autrefois un défi majeur). De nombreux algorithmes sont également utilisés pour la prédiction de l'évolution temporelle de phénomènes complexes, tels que les cours de la bourse et les épidémies. [41]

III.3. Apprentissage Profond (Deep Learning)

III.3.1. Définition du Deep Learning

L'apprentissage profond (AP), un type d'apprentissage automatique (AM), excelle par sa capacité à modéliser le monde à travers une hiérarchie de concepts, allant du simple à l'abstrait. Cette approche apprend progressivement des catégories complexes grâce à ses multiples couches cachées, traitant par exemple des lettres, des mots et des phrases, comme des niveaux d'abstraction croissants, dans le traitement du langage (Figure III.5). En reconnaissance faciale, il identifie d'abord les zones claires et sombres avant de détecter les formes géométriques, chaque nœud contribuant à une représentation globale de l'image. La force de connexion de chaque nœud est pondérée et ajustée durant l'entraînement [42].

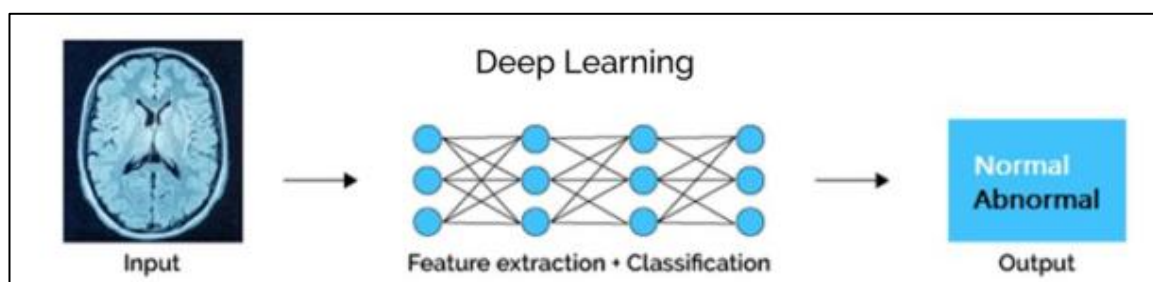


Figure III.5. Deep Learning [42]

III.3.2. Fonctionnement de Deep Learning

L'apprentissage profond fonctionne en s'inspirant du cerveau humain pour analyser des données, via des réseaux de neurones multicouches. Ces réseaux, structurés en couches, traitent

Chapitre III Intelligence artificielle pour l'analyse d'images médicales

l'information comme une série de filtres, allant du général au spécifique, augmentant ainsi la précision des résultats.

À l'instar de notre cerveau qui compare de nouvelles informations à des connaissances existantes, les réseaux de neurones profonds apprennent à identifier des motifs et à classer des données, qu'elles soient étiquetées (pour la classification) ou non (pour le clustering). Ils peuvent réaliser des tâches similaires à l'apprentissage automatique classique, mais avec des capacités uniques, qui leur permettent de résoudre des problèmes plus complexes.

Les avancées majeures en IA ces dernières années (voitures autonomes, chatbots, assistants vocaux, traduction automatique améliorée, systèmes de recommandation) sont directement attribuables à l'apprentissage profond et aux réseaux de neurones. Cette technologie est considérée comme une voie prometteuse vers une intelligence artificielle plus performante.[43]

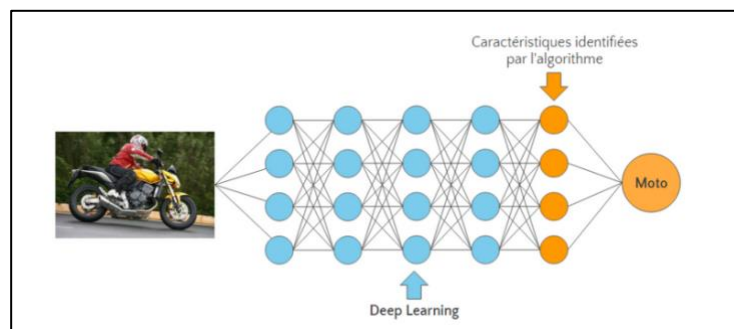


Figure III.6. Exemple de fonctionnement du Deep Learning [44].

III.3.3. Apprentissage Profond en Imagerie Médicale

L'interprétation précise des images médicales est cruciale pour le diagnostic. Bien que l'acquisition d'images (rayons X, scanners, IRM) se soit améliorée, l'interprétation automatisée est en plein essor. La vision par ordinateur, une application de l'apprentissage automatique, s'appuie traditionnellement sur des caractéristiques définies par des experts, nous pouvons donner comme exemple les caractéristiques structurales, pour détecter les tumeurs pulmonaires. Cependant, la variabilité inter-patients rend ces méthodes moins fiables, face à l'analyse de données volumineuses et complexes, domaine où l'apprentissage automatique a progressé.

L'apprentissage profond suscite un intérêt majeur, notamment en analyse d'images médicales, Il s'agit de l'approche d'apprentissage supervisé la plus efficace, utilisant des réseaux neuronaux profonds. Ces modèles, plus avancés que les réseaux neuronaux simples, présentent une analogie plus forte avec le cerveau humain. Le terme "apprentissage profond" désigne l'utilisation de ces réseaux profonds, dont l'unité de base est le neurone, inspiré du cerveau. Un

Chapitre III Intelligence artificielle pour l'analyse d'images médicales

réseau neuronal reçoit des signaux d'entrée, les combine linéairement via des pondérations, puis applique des opérations non linéaires pour générer une sortie [45].

III.3.4. Ensemble de données « Dataset »

Un défi majeur pour l'apprentissage profond en imagerie médicale réside dans la nécessité de disposer d'immenses quantités de données d'entraînement étiquetées pour garantir la précision des modèles. La création de ces vastes ensembles de données d'imagerie médicale est complexe et coûteuse, car l'annotation requiert l'expertise approfondie de professionnels de la santé, souvent avec plusieurs avis nécessaires pour minimiser les erreurs humaines. De plus, l'annotation peut s'avérer impossible, en cas de manque d'experts qualifiés, ou pour les maladies rares où le nombre de cas disponibles est limité. Un autre problème courant est le déséquilibre des données, où les maladies rares sont sous-représentées, entraînant un biais de classe, si cette disparité n'est pas correctement gérée [45].

III.4. Réseaux de Neurones

III.4.1. Définition des Réseaux Neuronaux

Un réseau neuronal est une technique d'intelligence artificielle, qui permet aux ordinateurs d'analyser les données, en s'inspirant du fonctionnement du cerveau humain. C'est une forme d'apprentissage automatique, appelée apprentissage profond, qui utilise des nœuds (ou neurones) interconnectés, dans une architecture à plusieurs couches, rappelant celle du cerveau. Ce système adaptatif permet aux ordinateurs d'apprendre de leurs erreurs et de s'améliorer constamment, afin de résoudre des tâches complexes comme la synthèse de textes ou la reconnaissance faciale avec une plus grande précision.[46]

III.4.2. Neurones biologiques

Le neurone biologique, ou cellule nerveuse, est l'unité fondamentale du système nerveux (Figure III.7). Il traite et transmet l'information par des signaux électriques et chimiques. Malgré leur diversité morphologique, les neurones partagent des composants essentiels

- **Corps cellulaire** (soma ou péricaryon) : c'est le centre du neurone où les signaux sont traités avant d'être envoyés à d'autres neurones auxquels il est connecté.
- **Dendrites** : elles captent les signaux externes et leur intensité, puis les acheminent vers les neurones auxquels elles sont reliées.
- **Synapses** : ce sont les points de connexion entre les différents neurones.
- **Axone** : c'est le canal qui génère et propage le message nerveux d'un neurone vers ses voisins directs [47].

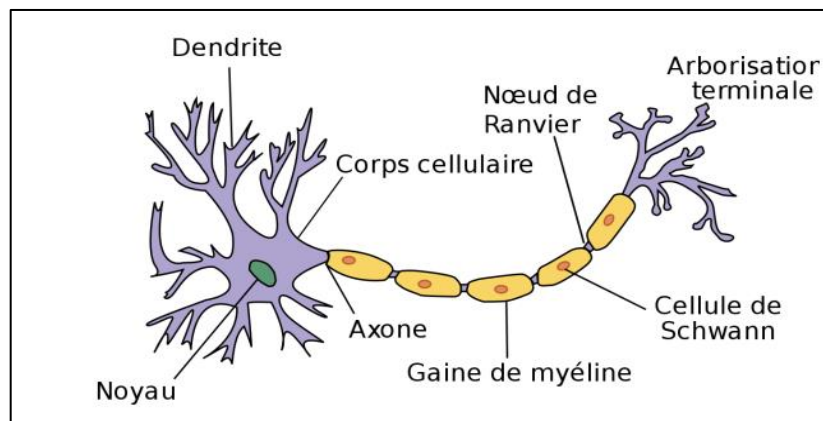


Figure III.7. Représentation d'un neurone biologique [47]

III.4.3. Architecture d'un Réseau Neuronal Simple

L'architecture d'un réseau neuronal simple est typiquement composée de trois couches interconnectées de neurones artificiels :

- ✚ Couche d'entrée : elle reçoit les données brutes du monde extérieur. Les nœuds de cette couche traitent, analysent ou catégorisent ces informations initiales avant de les transmettre à la couche suivante.
- ✚ Couche cachée : située entre la couche d'entrée et la couche de sortie, elle prend en entrée les données de la couche précédente (entrée ou autre couche cachée). Un réseau neuronal peut comporter plusieurs couches cachées, chacune analysant, retravaillant et transmettant l'information à la couche suivante.
- ✚ Couche de sortie : Elle produit le résultat final du traitement effectué par le réseau. Le nombre de nœuds de sortie varie en fonction de la tâche. Pour une classification binaire (oui/non), un seul nœud suffit (avec une sortie 0 ou 1). Pour une classification multi-classes, plusieurs nœuds de sortie sont nécessaires, chacun représentant une classe possible.

III.4.4. Architecture d'un Réseau Neuronal Profond

L'architecture des réseaux neuronaux profonds (Deep Learning) se caractérise par la présence de nombreuses couches cachées, interconnectant des millions de neurones artificiels (Figure III.8). La force de ces connexions est représentée par des poids : positifs pour la stimulation, négatifs pour l'inhibition. Les nœuds avec des poids plus élevés exercent une influence plus importante.

Bien que théoriquement capables de mapper n'importe quelle entrée à n'importe quelle sortie, les réseaux profonds exigent un entraînement beaucoup plus intensif que d'autres

Chapitre III Intelligence artificielle pour l'analyse d'images médicales

méthodes d'apprentissage automatique. Ils nécessitent des millions d'exemples de données d'entraînement, contre quelques centaines ou milliers pour des réseaux plus simples.

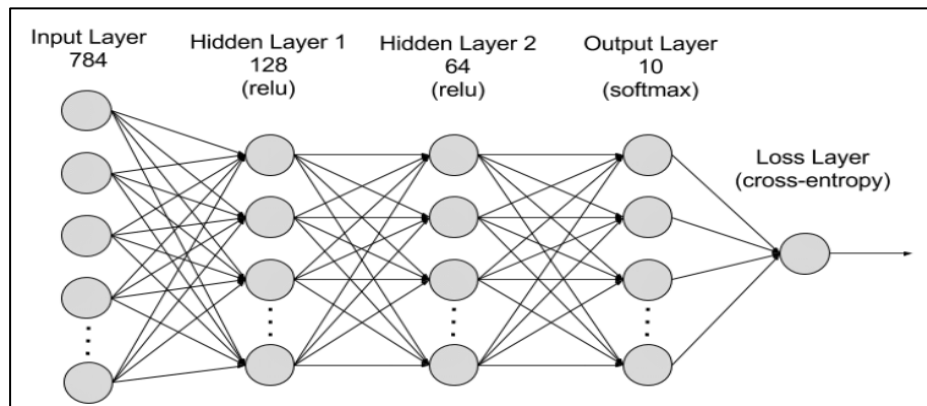


Figure III.8. Architecture d'un Réseau Neuronnel Profond [46]

III.4.5. Différents types de Réseaux Neuraux

On peut classer les réseaux neuronaux artificiels selon la manière dont l'information transite de l'entrée à la sortie. Voici quelques catégories principales :

Réseaux neuronaux à propagation directe (Feedforward) : ces réseaux traitent les données dans un seul sens, de la couche d'entrée à la couche de sortie. Chaque neurone d'une couche est connecté à tous les neurones de la couche suivante. Ils utilisent un processus de rétroaction pour améliorer leurs prédictions au fil du temps, appelé algorithme de rétropropagation du gradient (Backpropagation).

Réseaux neuronaux convolutifs (CNN) : les couches cachées des CNN appliquent des opérations mathématiques spécifiques, telles que la convolution (synthèse ou filtrage). Ils sont particulièrement efficaces pour la classification d'images, car ils peuvent extraire des caractéristiques pertinentes (bords, couleur, profondeur) qui facilitent la reconnaissance et la classification, tout en simplifiant les données sans perdre les informations cruciales pour une prédiction précise. Chaque couche cachée se concentre sur l'extraction et le traitement de différentes caractéristiques de l'image [46].

III.5. Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN)

S'inspirant directement du fonctionnement du cortex visuel des vertébrés [49], les CNN sont des architectures fondamentales en vision par ordinateur, dont l'essor est propulsé par l'apprentissage profond. Ils se distinguent par leur structure qui peut être en deux parties (Figure III.9) :

Chapitre III Intelligence artificielle pour l'analyse d'images médicales

La première, la partie convolutive, est un puissant extracteur de caractéristiques visuelles. Elle transforme les images à travers des filtres, générant des cartes de convolutions qui sont ensuite réduites et transformées en un code CNN.

La seconde partie, composée de couches entièrement connectées, prend ce code en entrée pour effectuer la classification de l'image, fournissant une probabilité pour chaque catégorie possible [48].

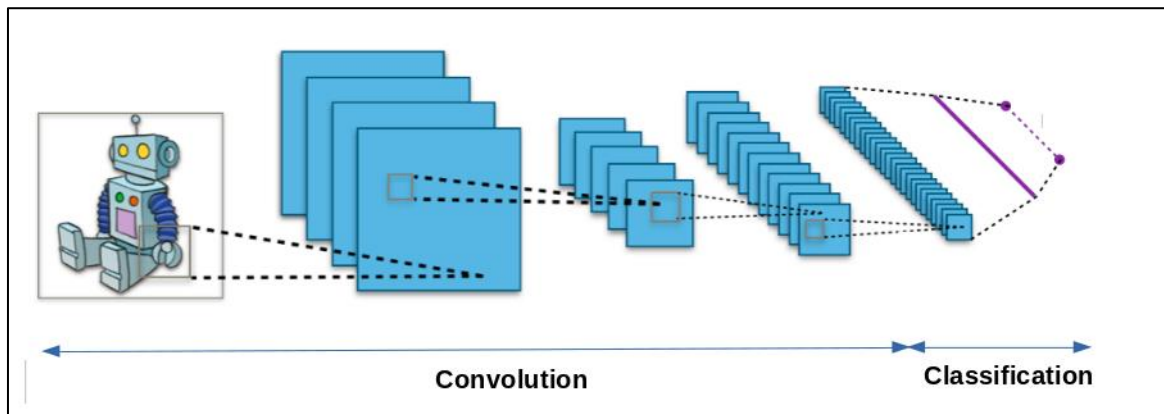


Figure III.9. Architecture d'un réseau de neurones convolutif [49]

Convolution : La convolution est une procédure ordonnée d'entrelacement de deux sources d'information, une opération qui transforme une fonction. Longtemps utilisée, notamment en traitement d'images pour le floutage, la netteté et la détection des contours, la convolution est réalisée à l'aide d'un noyau ou d'un masque, généralement une matrice carrée de taille impaire. Des convolutions 2D et 3D ont été implémentées avec les paramètres suivants : pour une image 2D de 256 x 256 pixels, la taille du noyau était de 5 x 5 ; pour une image d'entrée plus grande de 4 096 x 4 096, la taille du noyau était de 11 x 11. Pour une image 3D de 64 x 64 x 64, le noyau était de 5 x 5 x 5, et pour une taille de 128 x 128 x 128, le noyau était de 7 x 7 x 7.[63,64]

III.5.1. Différentes couches du réseau CNN

Les réseaux CNN, se composent de plusieurs couches (Figure III.10)

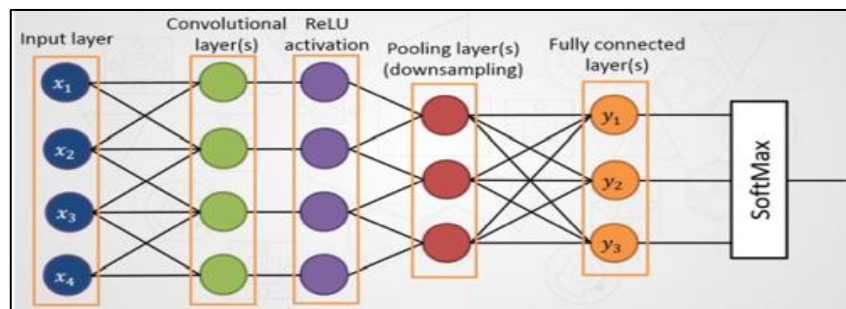


Figure III.10. Les couches de CNN [50]

- **Couche de convolution (CONV)**

La couche de convolution, élément fondamental et cœur des réseaux convolutifs, est en réalité une superposition d'opérations où l'image d'entrée passe à travers une succession de filtres (ou noyaux de convolution). Chaque noyau génère une image, appelée carte de caractéristiques. Ces noyaux sont paramétrés spécifiquement pour détecter des informations particulières dans l'image. Le choix de ces paramètres est crucial et, dans le contexte de l'apprentissage profond, ils sont appris automatiquement par l'algorithme à partir des données d'entraînement. Ce processus d'apprentissage repose sur la rétropropagation du gradient, une technique qui ajuste les paramètres des noyaux en se basant sur la valeur du gradient de la fonction de perte. Cette fonction quantifie l'écart entre la prédiction du réseau et la véritable valeur cible [48,15].

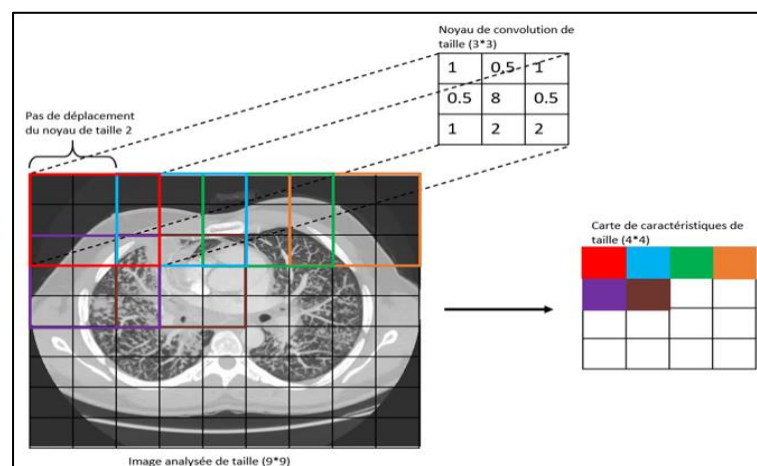


Figure III.11. Représentation schématique d'une convolution : noyau 3x3 et pas de 2 [51].

- **Couche de Regroupement (Pooling Layer)**

La couche de pooling est une technique de sous-échantillonnage insérée fréquemment après les couches d'activation et de convolution. En diminuant la taille des cartes de caractéristiques, elle réduit significativement le nombre de paramètres du réseau (donc sa complexité), ce qui accélère les calculs et limite le risque de surapprentissage. [48,15]

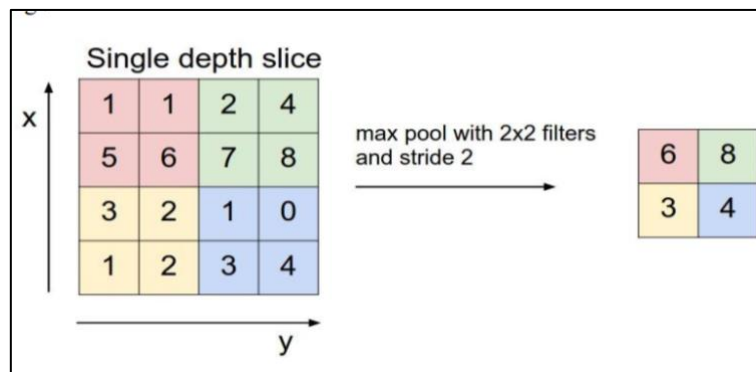


Figure III.118. Exemple de principe du Pooling [51]

Max Pooling : C'est une opération particulière du pooling, une opération clé dans l'U-net et les CNNs, qui sert à réduire la taille des cartes de caractéristiques (l'image en pixel) tout en préservant les informations les plus importantes (Figure III.12). Elle sert à faire :

- ✚ **Opération locale** : l'algorithme parcourt la carte de caractéristiques en appliquant une fenêtre de taille spécifique (généralement 2×2), permettant une analyse locale des pixels.
- ✚ **Sélection du maximum** : à l'intérieur de chaque fenêtre, seule la valeur maximale est conservée, tandis que les autres valeurs sont ignorées (Figure III.12). Ce qui permet de réduire la complexité tout en maintenant les éléments les plus significatifs.
- ✚ **Réduction de la taille** : la carte de caractéristiques est réduite en dimension spatiale. Par exemple, si la taille initiale est de 568×568 (première maxpooling dans la figure III.13) et qu'une fenêtre de 2×2 avec un stride de 2 est utilisée, la nouvelle carte sera de 284×284 . Cela diminue la résolution tout en conservant les informations importantes.
- ✚ **Average-pooling** : il consiste à faire la moyenne des activations dans la fenêtre (Figure III.13)

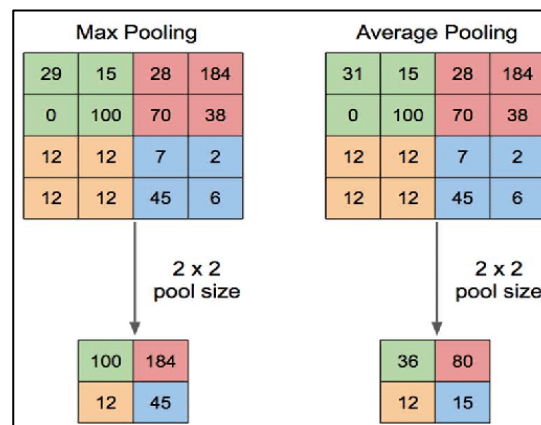


Figure III.13. Opération de Max-pooling et Average-pooling.[62]

• Couche Entièrement Connectée (Fully Connected Layer)

Après l'extraction et la réduction des caractéristiques par les couches de convolution et de max-pooling, le réseau neuronal utilise des couches entièrement connectées pour un raisonnement de haut niveau et la classification finale des images. Situées à la fin du réseau, ces couches prennent en entrée l'ensemble des caractéristiques apprises et attribuent à chaque image une probabilité d'appartenance à chacune des classes possibles. Leur nature "entièrement connectée" signifie que chaque neurone de la couche précédente est connecté à chaque neurone de la couche actuelle, permettant ainsi d'intégrer toutes les informations extraites pour effectuer la classification.

III.5.2. Fonctions d'Activation Courantes dans les CNN

Une fonction d'activation est une fonction mathématique appliquée à la sortie d'un neurone. Elle transforme cette sortie pour l'adapter à un intervalle spécifique tout en préservant autant que possible l'information. Son rôle essentiel est d'introduire la non-linéarité nécessaire aux réseaux de neurones, permettant ainsi de modéliser des relations complexes et d'améliorer la capacité d'apprentissage du modèle.

Les fonctions d'activation non linéaires les plus couramment employées (Figure III.14) incluent [51] :

- ❖ La sigmoïde (ou logistique) : $f(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}}$
- ❖ La tangente hyperbolique (**Tanh**): $f(x) = \frac{1}{1 + e^{-2x}} - 1$
- ❖ L'unité linéaire rectifiée (ReLU) : $f(x) = \begin{cases} 0 & \text{si } x < 0 \\ 1 & \text{si } x > 0 \end{cases}$

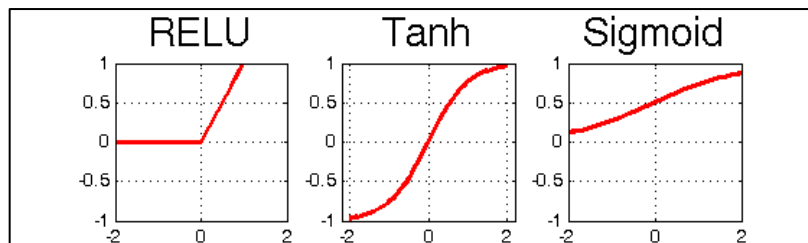


Figure III.14. Représentation graphique de ReLU , Tanh,Sigmoid [61]

• Fonction ReLU(Rectified Linear Unit)

C'est la fonction d'activation la plus couramment utilisée dans le réseau U-Net. Elle applique une fonction non linéaire aux cartes de caractéristiques issues de la couche de convolution. Cette transformation introduit de la non-linéarité dans les données, ce qui permet

d'extraire des caractéristiques complexes qu'un simple modèle linéaire ne pourrait pas identifier. Elle sert également à supprimer les valeurs négatives en les remplaçant par zéro, Cette propriété aide à accélérer l'apprentissage en réduisant le risque de disparition du gradient, et en rendant l'optimisation plus efficace.

- **Fonction SoftMax**

La couche de sortie est la dernière des couches entièrement connectées. Pour la classification binaire, une fonction logistique est généralement utilisée, tandis que pour la classification multi-classes, la fonction Softmax est privilégiée [48].

La fonction Softmax a pour objectif de normaliser les sorties d'un réseau neuronal convolutif (CNN) de manière à ce qu'elles représentent une distribution de probabilités dont la somme est égale à 1. En d'autres termes, elle transforme les scores bruts produits par le réseau en des valeurs interprétables comme la probabilité relative que l'image appartienne à chacune des classes possibles (Figure III.15) [52].

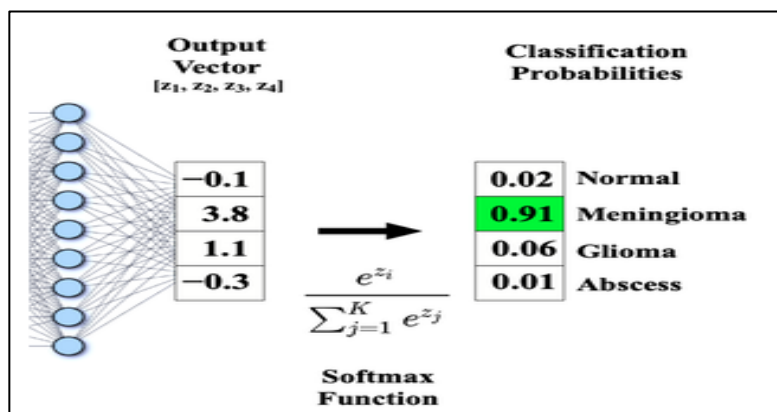


Figure III.15. Exemple de la fonction Softmax [52]

III.6. Réseaux de Neurones Récurrents (RNN) et Mémoire à Long Terme (LSTM)

Les réseaux neuronaux récurrents (RNN) sont couramment utilisés pour traiter des données séquentielles telles que la parole, le texte, les vidéos et les séries temporelles. Comme illustré à la (figure III.16), à chaque pas de temps t , le modèle reçoit l'entrée x_t et l'état caché h_{t-1} de l'étape précédente, puis produit une valeur cible o_t et le prochain état caché h_{t+1} .

Cependant, les RNN classiques rencontrent souvent des difficultés avec les séquences longues, car ils peinent à capturer les dépendances à long terme présentes dans de nombreuses applications réelles, et sont sujets aux problèmes de disparition ou d'explosion du gradient. Néanmoins, une variante de RNN appelée « **Long Short-Term Memory (LSTM)** » a été conçue pour surmonter ces limitations. L'architecture LSTM intègre trois portes (porte d'entrée, porte de

Chapitre III Intelligence artificielle pour l'analyse d'images médicales

sortie et porte d'oubli) qui contrôlent le flux d'informations entrant et sortant d'une cellule mémoire capable de stocker des valeurs sur des intervalles de temps arbitrairement longs. [53].

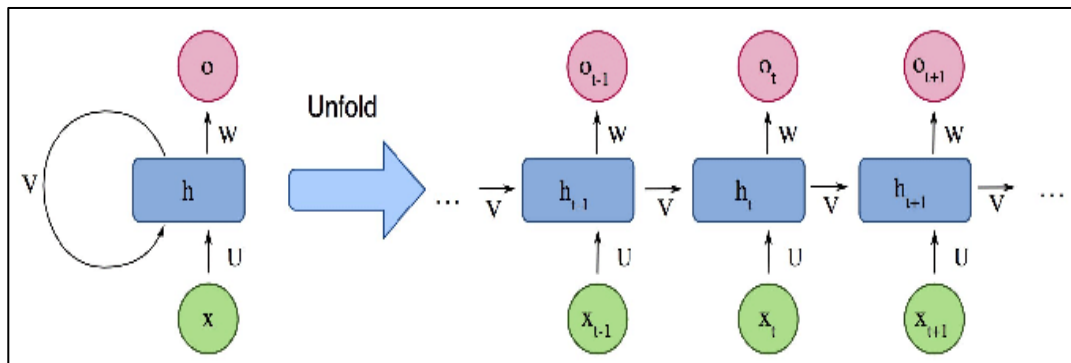


Figure III.16. Architecture d'un réseau neuronal récurrent simple [53].

III.7. Réseaux Antagonistes Génératifs (GAN)

Les GAN, une famille plus récente de modèles d'apprentissage profond, sont constitués de deux réseaux : un générateur et un discriminateur (Figure III.17). Dans un GAN classique, le générateur G apprend à transformer un bruit z (tiré d'une distribution a priori) en une distribution cible y , similaire aux échantillons « réels ». Le discriminateur D tente de distinguer les échantillons « faux » générés des échantillons réels. Un GAN peut être vu comme un jeu minimax entre G et D, où D cherche à minimiser son erreur de classification entre les échantillons faux et réels (maximisant ainsi une fonction de perte), tandis que G essaie de maximiser l'erreur du discriminateur (minimisant ainsi la fonction de perte). Il existe des variantes de GAN telles que les Convolutional-GAN, les conditional-GAN et les Wasserstein-GAN.

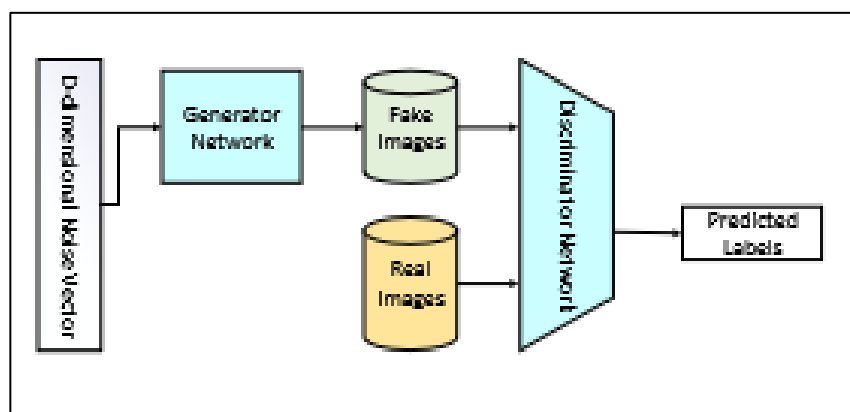


Figure III.17 Architecture d'un antagoniste Génératif [53].

III.8. Histoire de l'analyse d'images médicales

L'analyse d'images médicales a débuté avec l'IA symbolique et les systèmes experts dans les années 1970, avant d'évoluer vers l'extraction manuelle de caractéristiques, puis

Chapitre III Intelligence artificielle pour l'analyse d'images médicales

l'apprentissage supervisé. Entre 2015 et 2017, les réseaux neuronaux convolutifs (CNN) sont devenus l'approche dominante, favorisés par la disponibilité de données étiquetées et les progrès des GPU.

L'idée du neurone artificiel (McCulloch et Pitts, 1943) et du perceptron (Rosenblatt, 1958) a mené aux réseaux neuronaux et aux réseaux profonds. Ces derniers, excellents dans l'apprentissage automatique de caractéristiques, imitent le traitement visuel du cortex humain.

Les CNN, inspirés du Neocognitron (Fukushima, 1982) et formalisés par Lecun et al. (Rétropropagation de l'erreur), ont prouvé leur efficacité dans la reconnaissance d'images (victoire de Krizhevsky et al. à l'ILSVRC 2012). L'introduction de concepts comme ReLU, l'augmentation de données et le dropout a consolidé leur position. Depuis 2015, les CNN surpassent les performances humaines en reconnaissance d'images et dominent la recherche et les applications en analyse d'images médicales [54].

III.9. Architecture U-Net pour la Segmentation d'Images Médicales

III.9.1. Présentation de l'Architecture U-Net

Proposée initialement par Ronneberger et al. en 2015 pour la segmentation d'images biomédicales, et devenue une pierre angulaire des algorithmes de segmentation sémantique, particulièrement dans le domaine de la segmentation des cellules tumorales cérébrales. Réputée pour son efficacité, U-Net demeure l'une des méthodes les plus couramment utilisées pour la classification pixel à pixel dans les tâches de segmentation [55].

U-Net et ses variantes (soit en 2D ou 3D) se distinguent comme des modèles de référence pour la segmentation d'images, souvent cités pour leur efficacité dans la recherche scientifique [56].

L'architecture unique d'Unet : Conçue selon une structure en forme de U (architecture symétrique), comme présentée dans les figures (III.18) et (III.19), elle combine des couches de convolution et de max-pooling, organisées de façon particulière pour le traitement de l'image.

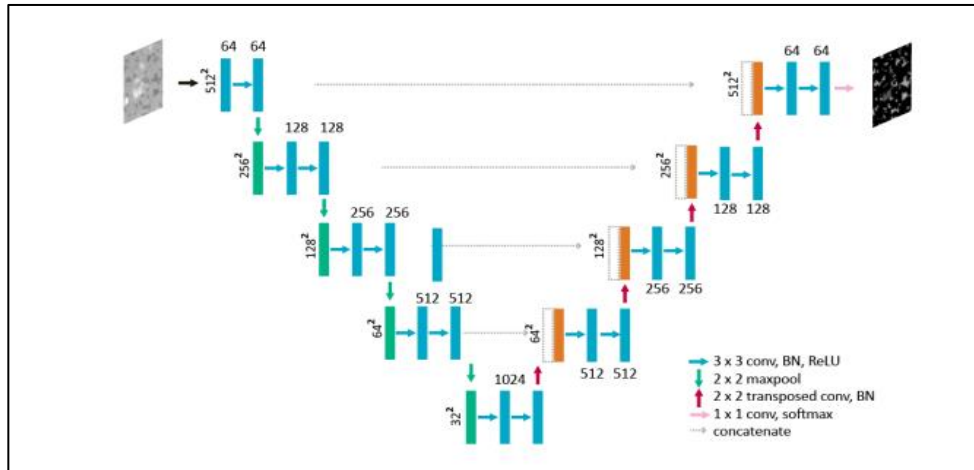


Figure III.18. Architecture 2D U-Net de base pour la segmentation [57].

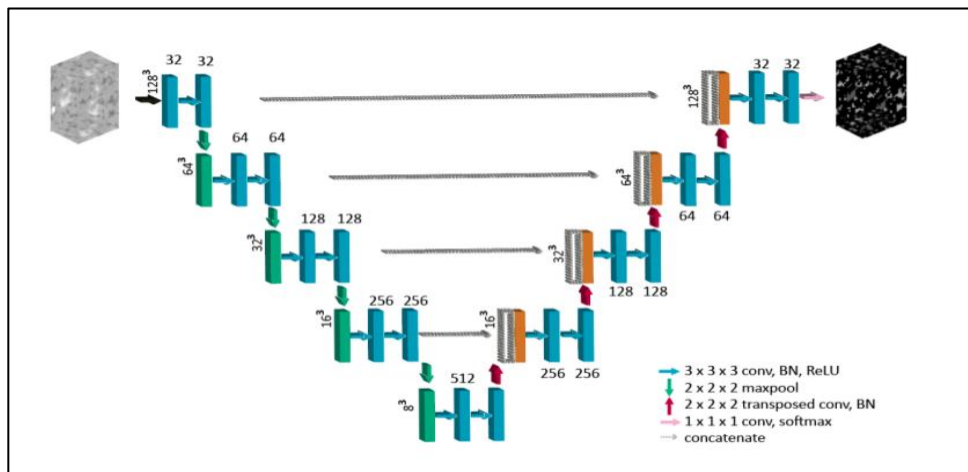


Figure III.19. Architecture 3D U-Net de base pour la segmentation [57].

III.9.2. Encodage (Phase de Contraction)

Il est assuré par l'encodeur, qui correspond à la partie gauche du réseau. L'architecture U-Net prend en entrée une image caractérisée par une résolution spatiale spécifique et un nombre variable de canaux - généralement un canal pour les images en niveaux de gris et de trois canaux (Rouge, Vert, Bleu) pour les images couleur. Le chemin de contraction (Figure III.18), ou encodeur, est constitué d'une série de blocs identiques, chacun comprenant deux couches de convolution 3×3 suivies d'une fonction d'activation ReLU pour introduire de la non-linéarité, puis d'une opération de max pooling 2×2 . Ce processus permet une extraction progressive des caractéristiques. Les premières couches détectent des motifs locaux simples comme les bords et les textures, tandis que les couches plus profondes capturent des informations sémantiques plus complexes. À chaque étape de contraction, la résolution spatiale diminue grâce au max pooling, mais le nombre de filtres double, augmentant ainsi la profondeur des caractéristiques et permettant l'extraction de (caractéristiques) de plus en plus abstraites. Cette structure crée

naturellement une hiérarchie de représentations, où la perte de précision spatiale est compensée par une meilleure compréhension du contexte global de l'image. Au point central de l'U-net se trouve un bloc de convolution unique, distinct des autres par l'absence de max pooling. Ce bloc charnière assure la transition entre les deux parties [58].

III.9.3. Décodage (Phase d'Expansion)

Le décodeur correspond à la partie droite du réseau. Le chemin d'expansion suit une architecture symétrique et progressive permettant la reconstruction précise des caractéristiques spatiales (Figure III.18). Chaque étape de ce processus débute par une opération de sur-échantillonnage de la carte de caractéristiques, immédiatement suivie d'une convolution transposée 2x2 (Ces types de convolutions, également appelés déconvolutions ou convolutions fractionnées, réalisent une convolution normale en inversant sa transformation spatiale [64].) qui réduit de moitié le nombre de canaux de caractéristiques. Une étape cruciale intervient ensuite avec la concaténation de ces caractéristiques avec celles provenant du niveau correspondant dans le chemin de contraction, préservant ainsi les informations de localisation à haute résolution. Le bloc se complète généralement par deux opérations successives de convolution 3x3, chacune suivie d'une fonction d'activation ReLU, permettant un raffinement progressif des caractéristiques. Enfin, la couche de sortie utilise une convolution 1x1 pour transformer les canaux de caractéristiques en probabilités de classes, produisant ainsi la segmentation finale au niveau du pixel. Ce mécanisme ingénieux de reconstruction progressive, combiné aux connexions résiduelles, permet au réseau de générer des segmentations précises tout en conservant les informations contextuelles à différentes échelles [59].

III.9.4. Sauts de connexions (Skip Connections)

Ignorer des connexions : joue un rôle clé dans l'efficacité de U-Net. En fusionnant directement les cartes de caractéristiques du chemin de contraction avec celles du chemin d'expansion, U-Net combine les informations détaillées de bas niveau avec les informations contextuelles de haut niveau à travers ce réseau.

Ces connexions permettent à U-Net de concaténer des caractéristiques à haute résolution issues du chemin de contraction avec les sorties suréchantillonnées du chemin d'expansion. Cela aide à restaurer les hiérarchies spatiales perdues lors des opérations de pooling dans la phase de contraction, et donc améliore la précision de la segmentation en préservant les détails essentiels tout en exploitant les informations globales du réseau [60].

II.9.5. Les variants de Unet

Les architectures U-Net ont évolué grâce à diverses améliorations tout en conservant leur structure encodeur-décodeur originelle. Voici les principales variantes :

U-Net++ : Améliore la transmission d'informations grâce à des connexions denses entre les couches, ce qui permet une segmentation plus précise.

Attention U-Net : Intègre un mécanisme d'attention qui aide le modèle à se focaliser automatiquement sur les zones les plus pertinentes de l'image.

3D U-Net : Une extension tridimensionnelle conçue spécifiquement pour l'analyse des volumes d'imagerie médicale.

ResUNet : Ajoute des blocs résiduels pour faciliter l'apprentissage des caractéristiques dans les réseaux profonds, améliorant ainsi la convergence et la stabilité du modèle.

Ces différentes variantes permettent d'adapter U-Net à des besoins spécifiques tout en conservant ses principes fondamentaux. Chaque version apporte des solutions innovantes pour relever des défis de segmentation toujours plus complexes.

III.10. Défis d'une segmentation appropriée des images médicales

La segmentation d'images médicales présente de nombreux défis :

- **Variabilité des données médicales** : les images issues de différentes modalités (IRM, scanner, échographie) présentent des variations importantes en termes de qualité, de résolution et de caractéristiques, rendant difficile la création d'un modèle universel.
- **Bruit et artefacts** : les artefacts liés aux limites des appareils ou aux mouvements des patients peuvent altérer les données, compliquant ainsi le processus de segmentation.
- **Complexité des structures anatomiques** : les organes et tissus présentent souvent des formes irrégulières et des textures variées, exigeant une précision exceptionnelle des modèles de segmentation.
- **Nécessité d'annotations expertes** : l'annotation des images médicales pour l'entraînement des modèles d'IA est un processus long et coûteux, nécessitant généralement l'expertise de radiologues ou de spécialistes.
- **Difficulté à segmenter les petits objets** : la détection de petites anomalies, comme des lésions, exige des modèles de haute résolution, capables de préserver les détails fins.

Cependant, l'adaptation des modèles aux besoins cliniques spécifiques et aux différents jeux de données reste un défi permanent, pour résoudre en partie ces problèmes par automatisation de la segmentation et en permettant une classification plus précise.

III.11. Conclusion

L'intelligence artificielle (IA) et l'apprentissage profond (Deep Learning) ont introduit une transformation radicale dans de nombreux domaines, et plus particulièrement dans le secteur médical, notamment dans l'analyse des images médicales. En raison de la complexité et de la sensibilité de ce domaine, des efforts constants sont déployés pour améliorer les modèles entraînés existants et même concevoir de nouveaux modèles. L'objectif est de détecter les pathologies dans les images médicales avec une précision qui dépasse parfois les capacités de l'œil humain, réduisant ainsi les erreurs et augmentant l'efficacité du flux de travail, permettant une détection précoce des maladies, la personnalisation des traitements, et bien plus encore.

En conclusion de ce chapitre, nous avons établi les bases théoriques nécessaires à une compréhension approfondie du domaine de l'analyse des images médicales à l'aide des techniques d'intelligence artificielle et d'apprentissage profond. Nous avons parcouru tous les concepts fondamentaux de l'IA et de l'apprentissage automatique, et nous avons approfondi les spécificités de l'apprentissage profond et du fonctionnement des réseaux de neurones.

L'intelligence artificielle et l'apprentissage profond, en particulier l'architecture U-Net, possèdent un potentiel immense pour révolutionner l'analyse des images médicales. Cependant, la réalisation de ce potentiel nécessite de relever les défis liés aux données, à la fiabilité et à la réglementation. Nous avons également abordé l'architecture U-Net.

Chapitre IV

Expériences et résultats

IV.1. Introduction

Dans ce chapitre, nous allons présenter notre implémentation et les outils utilisés, en commençant par les bases de données, ainsi que l'environnement d'exécution et les bibliothèques employées. Nous expliquerons les différentes étapes de l'implémentation et des programmes utilisés. Enfin, nous exposerons les indices adoptés pour évaluer les performances du modèle ainsi que les résultats obtenus.

IV.2. Bases de données utilisées

Dans notre étude, nous avons commencé par une segmentation simple en 2D, utilisant une base de données au format (.png) et une architecture U-Net 2D. Ensuite, nous sommes passées vers une base de données plus riche et complexe (Brats 2021), avec un U-Net adapté à la 3D, afin de répondre aux enjeux réels et actuels du domaine de la segmentation des tumeurs cérébrales.

Donc, nous avons utilisé deux bases de données, qui ont été téléchargées, décompressées et stockées sur notre Google Drive

- **Segmentation des tumeurs cérébrales**

Nous avons utilisé un ensemble de données de segmentation des tumeurs cérébrales, en 2D de format (.png) trouvé sur Kaggle [65]. Cet ensemble de données contient 3064 images (512 x 512) pondérées T1, avec contraste amélioré provenant de 233 patients, répartis en trois types de tumeurs cérébrales :

- Méningiome : 708 coupes
- Gliome : 1426 coupes
- Tumeur hypophysaire : 930 coupes

Chaque image est associée à un masque binaire correspondant pour l'entraînement. L'origine de cet ensemble de données est de Figshare Brain Tumor Dataset[66].

La figure IV.1 représente des exemples d'images et de leur segmentation correspondante dans cette base de données.

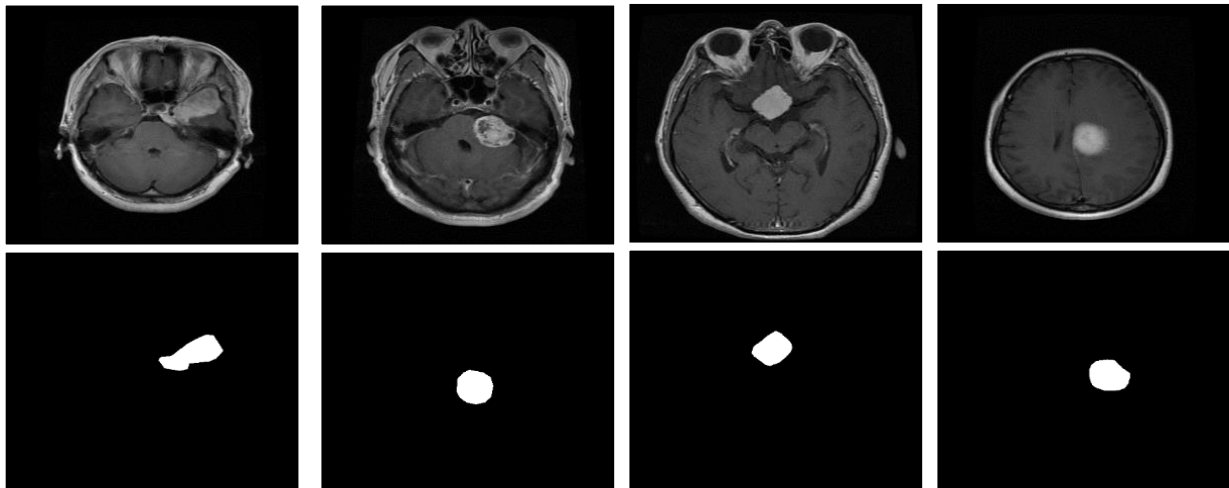


Figure IV.1. Exemples d'images et de leurs masques respectifs en 2D issues de la base de données Kaggle

- **Brats 2021**

Nous avons utilisé l'ensemble de données BraTS 2021 pour l'entraînement. Cet ensemble, contient 1251 patients disponibles sur Kaggle[67]. Toutes les images MRI de BraTS sont disponibles sous forme de fichiers NIfTI (.nii.gz) avec 155 coupes, une résolution de 240x240 pixels pour chaque coupe, et incluent 4 séquences (T1, T1 pondéré, T2, FLAIR), et de leurs segmentations annotées manuellement par un à quatre évaluateurs, suivant le même protocole d'annotation, utilisant une résolution uniforme de 1 mm³/voxel, et suppression du crâne. Leurs annotations ont été validées par des neuroradiologues expérimentés.

Voici un exemple d'images de patient avec ID (BraTS2021_00051), 77 et 78 coupes de différentes séquences (Figure IV.2) :

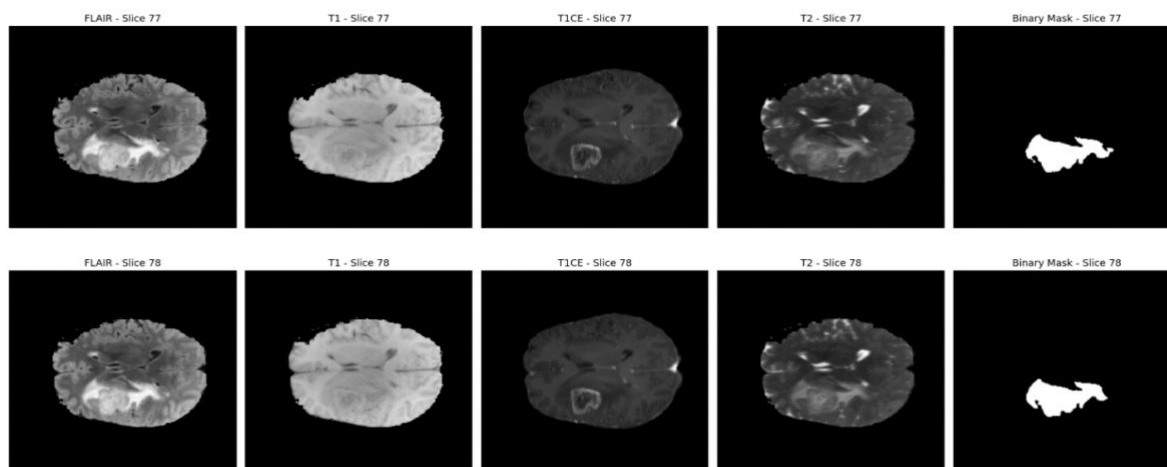


Figure IV.2. Exemple de 2 coupes IRM, issues de la base de données BraTS2021, patient ID : BraTS2021_00051

Remarque

La base de données BraTS 2021 contient des fichiers avec 155 coupes. Cependant, dans notre programme en 3D, et afin d'optimiser la RAM et le temps d'entraînement, nous avons utilisé uniquement les coupes de l'intervalle [60, 100], où les tumeurs apparaissent plus clairement. Ainsi, la segmentation et le calcul du volume ont été effectués sur ces coupes.

IV.3. Environnement d'exécution et quelques bibliothèques utilisées

En raison des limitations de notre PC (stockage et RAM) et de la nécessité d'un GPU performant pour entraîner le modèle sur un large volume de données, nous avons choisi d'utiliser Google Colab pour implémenter notre programme.

IV.3.1. Google Colaboratory

Google Colab est une plateforme cloud gratuite proposée par Google, permettant aux utilisateurs d'écrire et d'exécuter du code Python dans un environnement collaboratif [68]. Elle offre plusieurs avantages tels que :

- ❖ Accès gratuit aux GPU et TPU pour l'entraînement des modèles.
- ❖ Bibliothèques pré-installées, comme Keras, PyTorch et TensorFlow, évitant la configuration locale.
- ❖ Stockage cloud des notebooks, permettant un accès depuis n'importe quel appareil connecté à Internet.

IV.3.2. TensorFlow

TensorFlow est une bibliothèque open-source créée par Google, conçue pour simplifier le développement et l'exécution d'algorithmes d'apprentissage automatique et d'intelligence artificielle. Adapté aux applications à grande échelle, il peut fonctionner sur divers types de matériel, notamment les CPU, GPU et TPU. Son architecture repose sur trois principales parties [69].

- **Prétraitement des données** : préparer et transformer les données avant leur utilisation.
- **Construction du modèle** : concevoir l'architecture du réseau de neurones.
- **Entraînement et évaluation** : optimiser le modèle et mesurer ses performances.

IV.3.3. Keras

Keras est une API d'AI, conçue pour simplifier et accélérer le développement de modèles, compatible avec plusieurs frameworks, dont TensorFlow. Elle prend en charge les réseaux de neurones convolutionnels et récurrents, permettant leur combinaison pour des architectures plus complexes. Son exécution fluide sur CPU et GPU optimise les performances

et accélère les calculs, rendant son utilisation idéale pour divers projets de machine learning [70].

IV.3.4. PyTorch

C'est un framework complet en Python dédié à la création de modèles d'apprentissage profond, couramment employée dans des domaines tels que la reconnaissance d'images et le traitement du langage. Sa syntaxe Python le rend relativement accessible à la plupart des développeurs en machine learning et deep learning. PyTorch se distingue par son excellent support des GPU et son utilisation de l'auto-différenciation en mode inverse, permettant de modifier les graphes de calcul dynamiquement. Ces caractéristiques en font un choix privilégié pour l'expérimentation rapide et le prototypage [71].

IV.3.5. Gradio

Gradio est une bibliothèque Python qui permet de créer facilement des interfaces utilisateur interactives, pour les modèles d'apprentissage automatique et profond. Elle simplifie le partage et le test des modèles, en offrant une interface web intuitive, sans nécessiter de développement complexe. Avec Gradio, les utilisateurs peuvent rapidement générer des démonstrations interactives, pour leurs modèles de machine learning, les partager via un lien web et permettre à d'autres de les tester sans avoir à installer de dépendances. Elle prend en charge divers types d'entrées et de sorties, comme du texte, des images et de l'audio, ce qui la rend polyvalente. Gradio est particulièrement utile pour les chercheurs et les développeurs qui souhaitent rendre leurs modèles accessibles et compréhensibles par un large public [72].

IV.4. Structure des programmes

L'organigramme générale de la méthode que nous avons adoptée pour notre travail est donné par la figure IV.3.

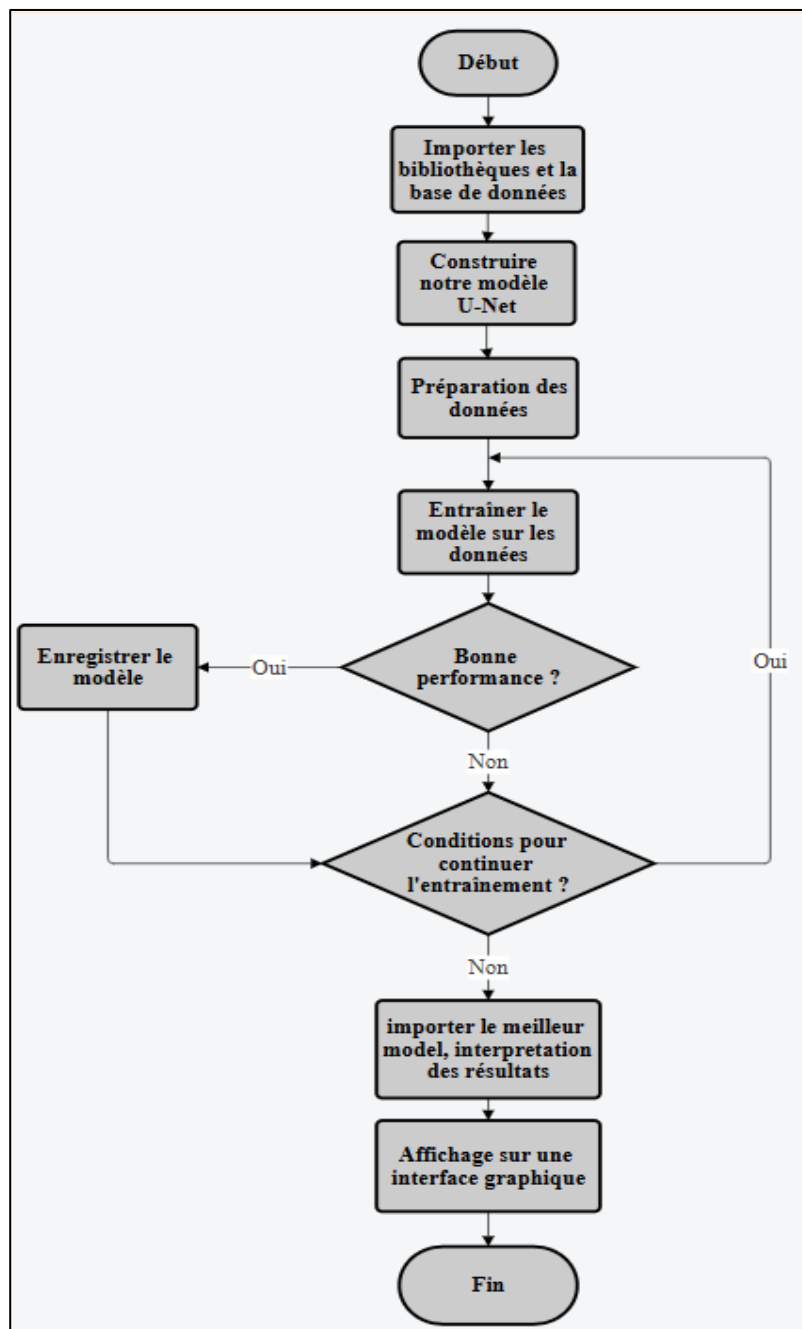


Figure IV.3. Organigramme général pour les 2 applications.

IV.5. Description détaillée de nos applications

Notre étude est conçue pour réaliser une segmentation des tumeurs cérébrales. Le but est de séparer les cellules tumorales des cellules saines. Notre première application consiste à effectuer une segmentation en 2D des images, tandis que la deuxième permet une segmentation en 3D des différentes coupes comprises dans l'intervalle [60, 100], et calculer le volume prédictif de la tumeur apparaissant dans ces coupes.

IV.5.1. Segmentation des tumeurs cérébrales en 2D (Modèle 1)

- **Étape 1 : Préparation de l'environnement d'exécution**

Avant de commencer, il est essentiel d'importer les bibliothèques et la base de données nécessaires. Dans ce modèle, nous utilisons le framework TensorFlow, donc nous devons inclure Keras ainsi que plusieurs bibliothèques complémentaires tels que :

- Keras Models : il permet de définir le modèle du réseau Unet.
- Keras Layers : contient les couches essentielles comme **Conv2D** (extraction des caractéristiques), **BatchNormalization** (stabilisation de l'entraînement), **fonction d'activation** (ReLU, Sigmoid), **MaxPooling2D** (réduction des données), et **Conv2DTranspose** (reconstruction de l'image).
- NumPy: utilisée pour la gestion des calculs et des tableaux multidimensionnels.
- OpenCV : utilisée pour le traitement des images.
- OS : sert à la gestion des fichiers et interactions avec le système d'exploitation.
- Google Colab (drive) : permet de monter Google Drive pour accéder à la base de données et stocker le modèle.
- matplotlib : c'est une bibliothèque qui permet de visualiser les résultats sous forme de graphiques

- **Étape 2 : construire le modèle Unet**

Cette partie met en œuvre un modèle U-Net, où l'encodeur et le décodeur suivent une structure symétrique. Le nombre de filtres augmente dans l'encodeur pour extraire les caractéristiques, et diminue progressivement dans le décodeur pour reconstruire l'image segmentée.

- Image d'entrée de type (256, 256, 3).
- Encodeur : extraction des caractéristiques avec 4 niveaux de convolution utilisant des filtres progressifs dont le nombre est de $64 \rightarrow 128 \rightarrow 256 \rightarrow 512$, et application de MaxPooling (2x2) après chaque bloc pour réduire la taille et conserver les informations essentielles.
- Pont : ou bloc de convolution central avec 1024 filtres, qui relie entre l'encodeur et le décodeur, assurant la capture des caractéristiques profondes avant reconstruction.
- Décodeur : il reconstruit l'image en fusionnant les caractéristiques capturées par la technique de connexion résiduelle, avec celles de l'encodeur. On utilise la fonction

Conv2DTranspose pour augmenter progressivement la résolution : $512 \rightarrow 256 \rightarrow 128 \rightarrow 64$ filtres.

- Couche de Sortie : c'est la couche de convolution finale Conv2D(1, 1), avec pour fonction d'activation la fonction Sigmoid, pour générer une image binaire (0 ou 1), permettant une segmentation précise.
- Création du Modèle U-Net, avec `model_result = Unet_model(input_shape)`.

En définissant ces paramètres, notre architecture est prête à être compilée et entraînée sur les données.

• Étape 3 : Préparation de données

Nous avons préparé les données pour l'entraînement, la validation et le test du modèle par les étapes suivantes :

- Chargement et organisation : toutes les images sont associées à leurs masques correspondants dans la base de données qui contient le dossier d'images (**3064 images**) et le dossier des masques (**3064 masques**), numérotés de la même manière pour assurer une correspondance correcte.
- Division des données : Les images et les masques sont mélangés, puis divisés en trois ensembles à l'aide de `train_test_split()`, avec un ratio de 20% (`splitting_ratio=0.2`) (*Tableau IV.1*).

Tableau IV.1. Taux de division des données de la première base de données pour l'entraînement et le test.

Ensemble	Pourcentage	Nombres d'image et masques
Entraînement	60%	1840
Validation	20%	612
<i>Test</i>	20%	612

- Prétraitement des images et masques : Les images et masques sont chargés en niveaux de gris (grayscale) via OpenCV (`cv2.IMREAD_GRAYSCALE`), et redimensionnés à 256x256 pixels (`cv2.resize`).

• Étape 4 : Entraînement du modèle

Dans cette étape, nous compilons le modèle U-Net préconfiguré (*Tableau IV.2*), et l'entraîner sur `training_dataset`, avec une validation sur `validation_dataset`.

La compilation repose sur la fonction de perte (dice coefficient loss) [73], définie par la formule :

$$L = 1 - DSC(A, B)$$

Mais dans notre cas, nous utilisons la perte logarithmique, pour pénaliser plus fortement les faibles valeurs du DSC , définit par :

$$L = -\log(DSC)$$

DSC est le coefficient de Dice (qui mesure la similarité entre la segmentation prédite et les masques réels). Il est donné par l'expression :

$$DSC = \frac{2TP}{2TP + FP + FN}$$

- **TP (True Positive)** : la prédiction est correcte, l'événement est effectivement présent.
- **FP (False Positive)** : la prédiction est erronée, l'événement est signalé comme présent alors qu'il est absent.
- **TN (True Negative)** : la prédiction est correcte, l'événement est effectivement absent.
- **FN (False Negative)** : la prédiction est erronée, l'événement est signalé à tort comme absent.

Cette fonction de perte favorise une segmentation précise, en améliorant la correspondance entre les prédictions et les véritables contours tumoraux.

Nous avons choisi l'optimiseur Adam, qui :

- Ajuste les poids du réseau neuronal pour minimiser la fonction de perte.
- Ajuste dynamiquement le taux d'apprentissage et accélérer la convergence.

Aussi, nous avons mis en place des fonctions de rappel (callbacks) telles que :

- **ModelCheckpoint** : pour sauvegarder le modèle avec la meilleure performance.
- **CSVLogger** : pour enregistrer l'évolution de l'entraînement dans un fichier CSV (format de fichier utilisé pour stocker des données tabulaires), pour l'analyse.
- **EarlyStopping** : pour arrêter l'entraînement si perte de validation (val_loss) ne s'améliore pas après 20 époques.

Ces outils permettent d'optimiser l'entraînement et d'éviter l'overfitting.

Tableau IV.2. Principaux paramètres de l'entraînement du modèle 2D.

Paramètres	Propriétés
Function de perte	Dice_coefficient_loss
Optimiseur	Adam
Métrique d'évaluation	Coefficient de Dice

Nombre d'époques	50
Batch size	16
Early stopping	20
Validation	Validation-dataset

- **Étape 5 :** interprétation des résultats

Cette partie exécute plusieurs tâches pour évaluer la segmentation du modèle U-Net entraîné, pour les images de test. Elle se base sur le calcul des indices de segmentation :

- L'indice de dice défini précédemment est utilisé durant l'entraînement, plus il est proche de 1, plus la segmentation est bonne.
- L'indice de Jaccard, aussi nommé Intersection-over-Union (IoU), qui évalue le taux de recouvrement entre la prédiction et le masque réel. Il est donné par la formule :

$$IoU = \frac{TP}{TP+FP+FN}.$$

Plus il est proche de 1, plus les prédictions sont précises.

Dans cette étape, on charge et fait appel au meilleur modèle enregistré, puis on effectue la prédiction et le calcul des indices pour chaque image parmi les données de test. Ensuite, la moyenne des valeurs est calculée, afin d'obtenir une évaluation globale, permettant ainsi de juger la qualité générale du modèle sur les données de test.

- **Étape 6 :** affichage sur une interface graphique

Cette partie consiste à mettre en place une interface interactive, utilisant Gradio pour visualiser le masque prédit et le masque réel de nos images de test. L'interface contient un menu déroulant, permettant la sélection d'une image par son index. L'image sélectionnée est ensuite traitée et passée au modèle pour effectuer la prédiction. Enfin, l'image originale, ainsi que le masque prédit et le masque réel sont affichés, afin de comparer les deux.

IV.5.2. Segmentation des tumeurs cérébrales en 3D (Modèle 2)

- **Étape 1 :** préparation de l'environnement d'exécution

Dans ce modèle, nous utilisons le framework PyTorch. En plus des bibliothèques couramment utilisées telles que Google Colab (Drive), os, numpy, opencv, nous exploitons également des bibliothèques telles que :

- torch : c'est une bibliothèque centrale de PyTorch pour les calculs tensoriels.

- torch.nn : c'est un module permettant de définir et gérer les couches de l'Unet 3D .
- torch.optim : contient des algorithmes d'optimisation (Adam) utilisés pour ajuster les poids du modèle.
- torch.utils.data : gère la manipulation des données, notamment la création de Dataset et DataLoader.
- nibabel: c'est une bibliothèque spécialisée pour la lecture et la création d'images médicales, notamment au format NIfTI.

- **Étape 2 : construire le modèle Unet**

L'architecture de ce modèle 3D suit aussi une structure symétrique avec un encodeur et un décodeur, intégrant des connexions résiduelles (skip connections c'est connexions résiduelles en français) pour améliorer la précision.

- Image d'entrée de format (4, 128, 128, 128), où 4 représente les différentes séquences.
- L'encodeur utilise 3 niveaux de convolution avec des filtres progressifs : 16 → 32 → 64 pour les 4 séquences.
- Chaque bloc résiduel applique une Conv3D, une InstanceNorm3D pour stabiliser l'apprentissage, une LeakyReLU pour une meilleure convergence, et un MaxPooling3D (2x2x2).
- Le pont central avec couche de convolution 3D avec 64 filtres, qui relie l'encodeur et le décodeur et capture les détails profonds.
- Le décodeur qui reconstruit l'image segmentée, en fusionnant les caractéristiques des connexions résiduelles) et de l'encodeur, tout en augmentant progressivement la résolution grâce aux convolutions 3D transposées. Il affine les détails via dropout, et termine par une convolution finale pour une segmentation binaire précise.
- Couche de sortie est une Convolution 3D, avec deux canaux de sortie (out_channels=2) pour une segmentation binaire, et Dropout3D (0.3) pour éviter le sur-apprentissage.
- Création du Modèle U-Net pour initialiser l'architecture et l'envoyer sur le GPU avec la fonction :

```
model=ImprovedUNet3D(in_channels=4,out_channels=2,  
                      base_filters=16).to(device)
```

- **Étape 3 : Préparation de données**

Dans cette partie, nous avons **chargé et préparé les données de BraTs21** pour l'entraînement du modèle.

- La classe BraTSDataset : est une structure PyTorch qui gère les données, permet de charger les images IRM multimodales (flair, t1, t1ce, t2) ainsi que leur masque correspond, pour chaque patient. Elle inclut un prétraitement afin de sélectionner uniquement une plage de coupes (slice_range = (60, 100)).
- Division des données : Après le chargement des images et leur répartition aléatoire, la base de données est divisée en trois ensembles (**Tableau IV.3**) : entraînement (70%), validation (20%) et test (10%).

Tableau IV.3. Taux de division de données pour la 2ième base (BraTs21)

Ensemble	Pourcentage	Nombres d'image et masques
Entraînement	70%	875
Validation	20%	250
Test	10%	126

- Création des ensembles de données et des DataLoaders : les datasets (train_dataset, val_dataset, test_dataset) sont construits pour charger les données en mémoire et faciliter leur accès.
- Les DataLoaders permettent de charger les images par batch_size=1.
- Du fait que la base de données est grande, et plus complexe que celle du premier modèle, l'entraînement prend beaucoup de temps. Ainsi, en raison des limitations d'utilisation du TPU dans Colab, et des interruptions de connexion, nous avons sauvegardé les chemins des patients de chaque groupement, après la division des données. Cela permet de reprendre l'entraînement avec les mêmes données, et d'interpréter les résultats des patients du test de manière fiable.

• **Étape 4 : Entraînement du modèle**

Avant de commencer l'entraînement, nous avons configuré le périphérique utilisé, en détectant automatiquement si un GPU est disponible ou pas. S'il y a un GPU (ou TPU, dans notre cas), la mémoire cache est vidée afin d'optimiser l'utilisation des ressources (**Tableau IV.4**).

- L'entraînement est effectué avec le modèle UNet3D préconfiguré, sur train_dataset, avec une validation sur val_dataset.

- Il repose aussi sur la fonction de perte de dice. Il commence par le chargement des anciennes valeurs depuis `metrics_save_path`, obtenues lors des époques (epochs) précédentes, si elles existent. Ensuite, l'entraînement reprend depuis le dernier checkpoint sauvegardé, si disponible, avec une mise à jour automatique du meilleur modèle, basé sur le Dice Score.
- Nous avons choisi AdamW comme optimiseur pour l'ajustement des poids, pour réguler dynamiquement le taux d'apprentissage via Cosine Annealing LR, afin d'améliorer la convergence.
- Afin d'optimiser l'entraînement, on fait une libération de la mémoire TPU (`torch.cuda.empty_cache()`) après chaque époque, et on configure une interruption automatique (EarlyStopping) si `val_loss` ne s'améliore plus après 10 époques,

Cette approche assure une gestion efficace des ressources, tout en garantissant une reprise fluide de l'entraînement et une meilleure performance du modèle.

Tableau IV.4. Principaux paramètres d'entraînement du modèle 3D.

Paramètres	Propriétés
Function de perte	<code>dice_coefficient_loss</code>
Optimiseur	AdamW
Métrique d'évaluation	Coefficient de Dice
Nombre d'époques	100
Batch size	1
Early stopping	10
Validation	<code>val_dataset</code>

- **Étape 5 et 6 : interprétation des résultats et affichage sur une interface graphique**

De la même manière que pour le premier modèle, l'évaluation des résultats est réalisée en calculant les indices de Dice et de Jaccard pour chaque image de test, suivi du calcul de la moyenne globale.

L'affichage des résultats est assuré via une interface interactive Gradio, qui permet de sélectionner une image parmi les images de test, envoyer cette image au modèle qui effectue une prédiction, pour générer un masque de segmentation, ensuite visualiser l'image originale, le masque réel correspondant, et le masque prédictif généré par le modèle.

On fait une visualisation dynamique en GIF regroupant les coupes (slices) pour mieux observer la segmentation en 3D.

On calcule le volume tumoral total, basé sur la prédiction, en multipliant les voxels tumoraux détectés par la taille du voxel ($\text{VOXEL_SIZE} = 1.0 \text{ mm}^3$).

Cette approche améliore considérablement l'interprétation visuelle des résultats et permet une interaction fluide avec les prédictions du modèle.

IV.6. Résultats et interprétation

Après avoir passé en revue les étapes susmentionnées pour obtenir un système de segmentation spécifique, nous passons à l'évaluation et à la discussion des résultats des deux modèles.

Modèle 1

Le modèle, utilisé pour la segmentation tumorale (détermination de la tumeur), a été entraîné sur des images 2D. Après avoir expérimenté plusieurs époques d'entraînement, 50 époques ont donné les meilleurs résultats. La Figure IV.4 illustre les résultats obtenus sur différentes époques.

Les résultats obtenus pour le premier modèle, sont représentés sur la figure IV.5.

- **Ensemble d'entraînement**
 - Perte (Loss): 0.0821
 - Training Dice Scores: 0.9213
- **Ensemble de validation:**
 - Perte (Loss): 0.2166
 - Validation Dice Scores : 0.8058

La Figure IV.5 illustre les graphiques de l'entraînement et de la validation, montrant la performance (Dice Scores) et l'erreur (Loss). Les courbes d'entraînement indiquent que le modèle proposé converge rapidement vers des valeurs optimales, atteignant ainsi d'excellents résultats.

Pour évaluer la performance de notre modèle, celui-ci a été testé sur l'ensemble de test prédéfinie (612 image). Nous avons calculé les indices de Dice et de Jaccard pour chaque image ainsi que leur moyenne. Les résultats obtenus sont présentés dans la figure IV.6.

```
Epoch 49: ReduceLROnPlateau reducing learning rate to 9.999999747378752e-07.
115/115 — 142s 1s/step - dice_coefficient: 0.9401 - loss: 0.0618 - val_dice_coefficient: 0.8039 - val_loss: 0.2196 - learning_rate: 1e-07
Epoch 50/50
115/115 — 0s 873ms/step - dice_coefficient: 0.9420 - loss: 0.0598
Epoch 50: val_loss did not improve from 0.21657
115/115 — 121s 1s/step - dice_coefficient: 0.9420 - loss: 0.0598 - val_dice_coefficient: 0.8047 - val_loss: 0.2186 - learning_rate: 1e-07
<keras.src.callbacks.history.History at 0x7f19800a0190>
```

Figure IV.4. Entraînement du modèle 2D.

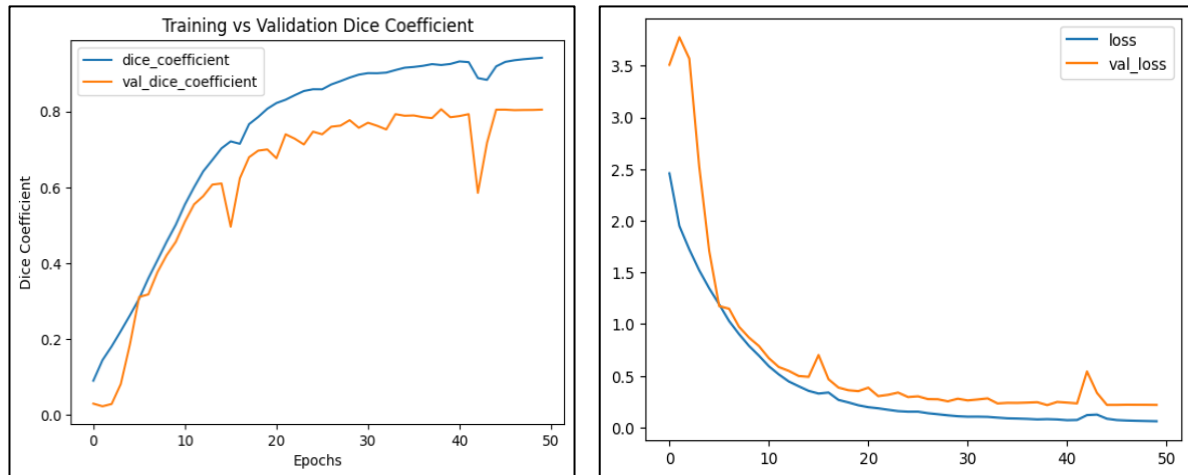


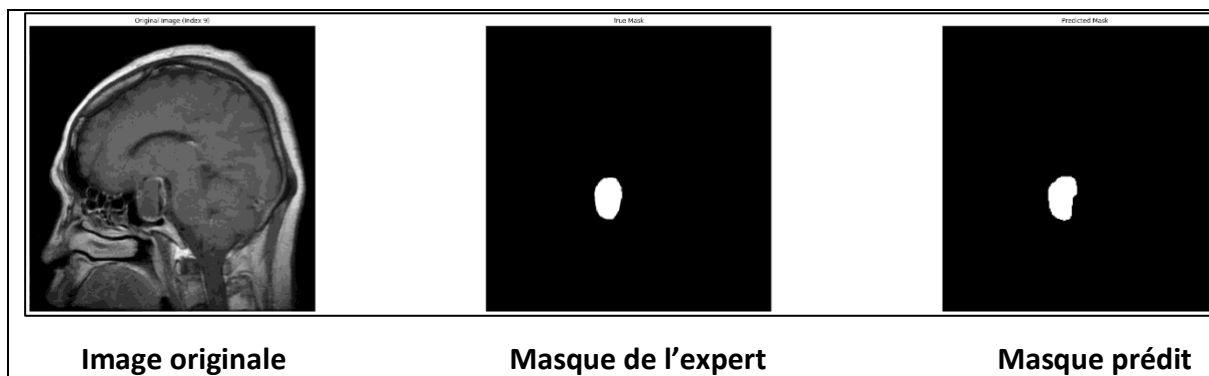
Figure IV.5. Résultats de la phase d'apprentissage pour "Modèle 2D".

```
Index: 611
Image Path: /content/drive/MyDrive/C/Brain Tumor Segmentation/images/367.png
Dice Coefficient: 0.9581
Jaccard Index: 0.9195
-----
Average Metrics for Testing Dataset:
Average Dice Coefficient: 0.7467
Average Jaccard Index: 0.6535
```

Figure IV.6. Indices de Dice et de Jaccard pour chaque image

L'évaluation obtenue était satisfaisante pour la plupart des images, mais nous avons remarqué que pour certaines images, les indices étaient de 0.000, ce qui a entraîné une diminution de la moyenne. Lorsque nous avons visualisé l'une des images concernées (image 2627), nous avons constaté que la prédiction était totalement erronée, peut-être parce que la tumeur n'était pas suffisamment visible et que le modèle n'a pas pu la détecter. Ce problème a été résolu dans le deuxième modèle 3D, où les différents types de tumeurs sont capturés par différentes séquences.

Une image a été sélectionnée aléatoirement via le système. La Figure IV.7 illustre cette image, son masque de vérité terrain, et la prédiction obtenue, confirmant l'exactitude du résultat prédit par rapport au résultat réel.



Modèle 2

Le modèle 2 a été utilisé pour la segmentation, et nous l'avons entraîné cette fois en utilisant une base de données d'images 3D. Pour ce modèle, nous avons utilisé 100 époques (Figure IV.9), ce qui a donné des résultats suivants :

- **Ensemble d'entraînement :**
 - Perte (Loss): 0.0613
 - Training Dice Scores: 0.9284
- **Ensemble de validation:**
 - Perte (Loss): 0.0613
 - Validation Dice Scores : 0.8924

Les résultats obtenus pour les différentes périodes sont illustrés dans la Figure IV.8, tandis que la Figure IV.9 montre les graphiques d'entraînement du modèle proposé, affichant la performance (Dice Scores) et l'erreur (Loss) pour les phases d'entraînement et de validation.

```

--- Previous Training Results ---
Training Losses: [0.5, 0.4, 0.17968781902747494, 0.15838812248195921, 0.14510349055911814, 0.13578939640734877, 0.12880882881581784, 0.11890017391528403,
Validation Losses: [0.6, 0.5, 0.14343594370782375, 0.1365969169586897, 0.12291415138542652, 0.12088157818466425, 0.12509979820251466, 0.14450664537772537,
Training Dice Scores: [0.7, 0.75, 0.8392419272665644, 0.8539741831971525, 0.8619193522632329, 0.8661882848606566, 0.8707333212500473, 0.8766503369235578,
Validation Dice Scores: [0.65, 0.7, 0.8262742076125504, 0.8284222574411085, 0.8439845902340064, 0.8439191892814831, 0.8461532250392749, 0.8130239742626592

```

Figure IV.8. L'évaluation du "Modèle 3D".

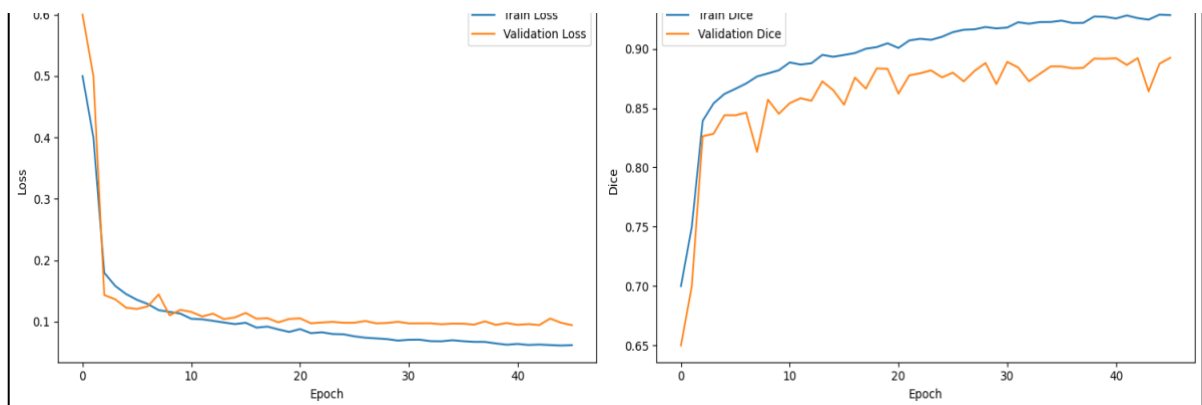


Figure IV.9. Résultats de la phase d'apprentissage "Modèle 3D".

La figure IV.10 montre les indices d'évaluation obtenue sur les images de test (126 cas).

L'ajout dans ce programme réside dans la capacité d'analyser la forme de la tumeur en utilisant différents types de séquences d'IRM (Imagerie par Résonance Magnétique) de chaque patient. L'utilisation de coupes tomographiques (slices) a permis d'assurer une reconstruction précise et complète de la tumeur (Figure IV.11). Cette méthode offre la possibilité de visualiser la tumeur sous de multiples angles et de déterminer ses dimensions avec exactitude, contribuant ainsi de manière efficace, au processus de diagnostic et de traitement.

```

Patient 125: Dice = 0.9603, Jaccard = 0.9237
Patient 126: Dice = 0.8193, Jaccard = 0.6939

Average Dice coefficient: 0.9266
Average Jaccard index: 0.8706

```

Figure IV.10. Indices de Dice et de Jaccard pour "Modèle 3D".

Pour visualiser les résultats, la même méthode que celle employée pour le premier modèle, a été appliquée sur l'ensemble d'images de test, mais chaque image contient une série de (coupes), dont le résultat est ensuite affiché sous forme d'image GIF.

Une image a été sélectionnée aléatoirement depuis le système, et la Figure IV.12 présente cette image ainsi que son masque de vérité terrain obtenu, avec le masque proposé, afin de prouver le résultat.

Certaines mises à jour ont été ajoutées au programme, comme l'ajout d'une mesure de la taille de la tumeur dans le masque réel et proposé.

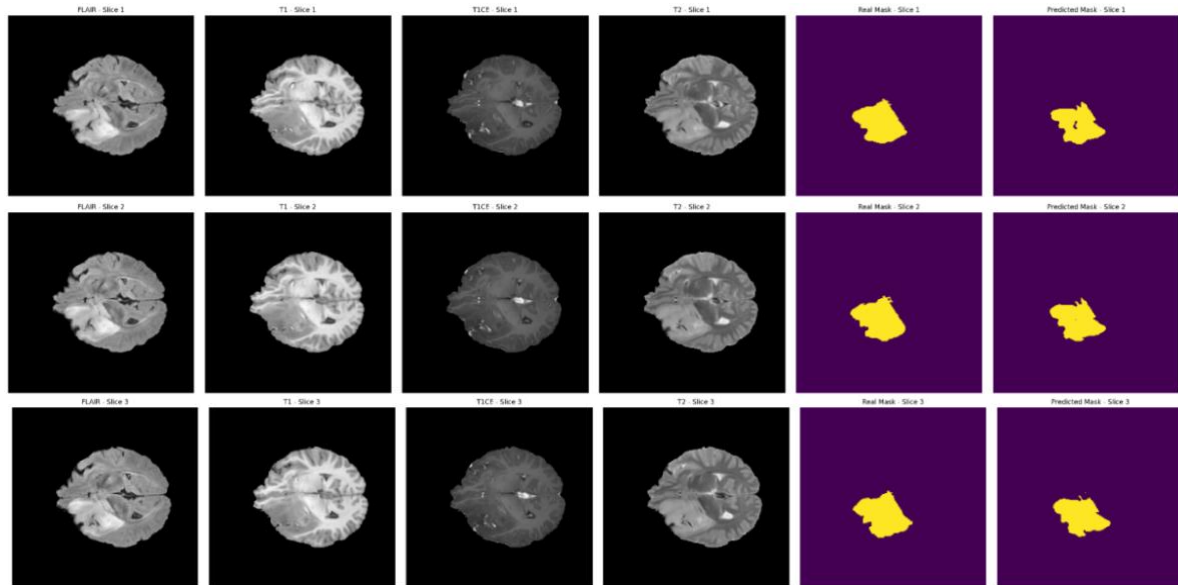


Figure IV.11. Exemple d'un résultat de prédiction forme slice "Modèle 3D".

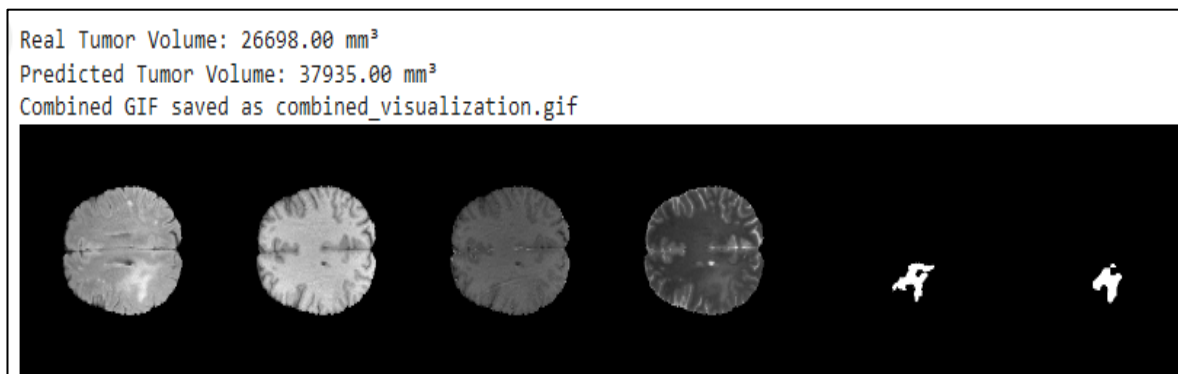


Figure IV.12. Exemple d'un résultat de prédiction sous forme d'image .GIF pour "Modèle 3D".

Après avoir examiné les résultats et pour nous assurer de leur fiabilité, nous avons comparé le masque de la base de données avec le masque proposé, et nous avons constaté une très grande concordance. Cependant, nous remarquons que pour l'ensemble de validation, le réseau Unet 3D, a donné un meilleur résultat.

Tableau IV-5 suivant montre la comparaison entre les deux modèles que nous avons étudiés.

	Base de données	Architecture utilisée	Nombre d'Epoch	DSC validation	DSC de test
<i>Modèle 2D</i>	Brain Tumor Segmentation	Unet 2D	50	0.8058	0.7467
<i>Modèle 3D</i>	BraTs21	Unet 3D	65	0.8924	0.9266

Tableau IV.5. Comparatif des deux Modèles réalisés

IV.7. Interfaces de Représentation du Modèle

Pour permettre à d'autres personnes d'utiliser notre programme, nous avons créé une interface conviviale. Nous avons opté pour un design simple, ce qui en facilite grandement l'utilisation, sans avoir besoin de revenir au code source. Nous avons privilégié une structure claire.

Nous avons développé un programme Python qui transforme le code de Deep Learning. Pour cela, nous avons utilisé la bibliothèque Gradio.

La Figure IV-13 illustre l'interface de notre programme dédiée à la détection des tumeurs cérébrales.

Les figures IV-13.1 et IV-13.2 représentent l'interface développée pour le modèle 2D et le modèle 3D respectivement.

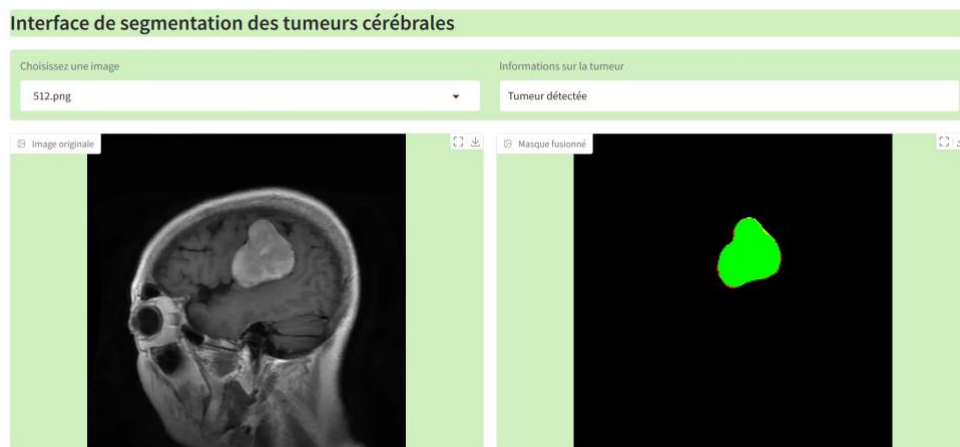


Figure IV.13.1. Interface Graphique développée pour le "modèle 2D "

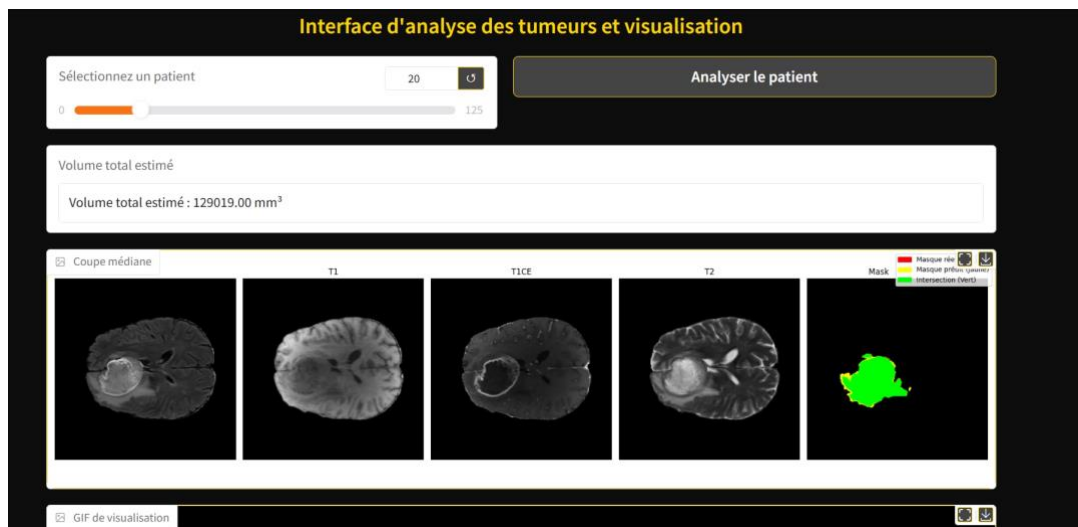


Figure IV.13.2 Interface Graphique développée pour le "modèle 3D"

Accès et Utilisation de l'Interface

Pour utiliser cette interface, il est impératif de partager l'adresse web de notre interface au préalable (cette adresse change à chaque modification apportée au programme).

Après connexion, il est demandé à l'utilisateur de fournir l'index de l'image afin d'afficher l'image souhaitée et la forme du masque proposé.

Disponibilité de l'Application

Pour que cette application reste accessible, nous devons repartager le lien de l'interface régulièrement ; sans cela, sa durée de validité est limitée à une semaine seulement.

IV.8. Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté notre approche et les résultats de notre système de détection des tumeurs cérébrales. Nous avons entraîné différents modèles de segmentation binaire en utilisant des jeux de données spécifiques.

Nous avons proposé la structure du programme utilisé ainsi que sa méthode de mise en œuvre. D'après les résultats, nous avons observé que le Modèle 2 offrait une meilleure précision. De plus, la base de données BRATS est bien annotée et validée au niveau international. Malgré le fait que le Modèle 2D donne de bons résultats sur la majorité des images de test, mais il nécessite davantage d'entraînement et pourrait être amélioré avec d'autres bases de données ou des techniques de data augmentation pour obtenir de meilleurs résultats.

Conclusion Générale

Conclusion Générale

Le cancer demeure l'une des maladies les plus redoutables, et trouver une méthode de détection précise est essentiel compte tenu de sa complexité et de la difficulté à le localiser. C'est pourquoi notre objectif était d'exploiter la puissance de l'intelligence artificielle via l'apprentissage profond pour proposer un modèle de segmentation des images obtenues par imagerie médicale. Pour atteindre cet objectif, nous avons proposé un modèle CNN basé sur U-Net.

Dans ce mémoire, nous avons étudié en détail la détection des **tumeurs cérébrales** sur les images d'imagerie par résonance magnétique (IRM) à l'aide des réseaux de neurones convolutionnels (CNN). Plus précisément, les modèles **U-Net** ont été utilisés, aussi bien en version **2D** que **3D**. Ils sont considérés comme des architectures fondamentales et influentes dans le domaine de la **segmentation d'images**. Notre objectif principal était de développer une méthode précise pour la détection précoce des tumeurs cérébrales.

Tout d'abord, nous avons détaillé l'anatomie cérébrale, ses tumeurs et certaines méthodes d'imagerie, en nous concentrant sur l'importance de l'imagerie médicale. Nous avons ensuite passé en revue les méthodes actuelles les plus récentes pour la détection des tumeurs cérébrales dans le cadre de notre travail, avant d'aborder les fondamentaux et les concepts clés de l'intelligence artificielle. Enfin, nous avons proposé deux architectures basées sur l'apprentissage profond, spécifiquement les réseaux de neurones convolutionnels (CNN), la première utilisant des images bidimensionnelles (2D) et la seconde des images tridimensionnelles (3D).

Nous avons obtenu une précision satisfaisante de **92.13%** Pour le modèle 2D et **92,84%** pour modèle 3D.

Ces modèles se montrent très efficaces pour aider les médecins et les spécialistes, particulièrement en **radiothérapie**, où une précision extrême dans la détermination de la taille de la tumeur est cruciale afin d'éviter d'endommager les cellules saines environnantes.

Cependant, il est essentiel de souligner que ces modèles ne sont que des **outils d'aide** et ne peuvent pas être entièrement fiables. Tous les résultats de **segmentation** doivent impérativement être examinés et validés par un spécialiste médical pour garantir leur exactitude et prévenir toute erreur potentielle qui pourrait résulter du modèle seul.

Nos plans futurs incluent :

Conclusion Générale

- Développer un algorithme capable d'apprendre efficacement à partir de petits ensembles de données.
- Développer des modèles d'apprentissage continu, étant donné que les données médicales évoluent constamment et que de nouveaux types de tumeurs apparaissent. Au lieu de réentraîner entièrement le modèle à chaque fois, le programme nécessitera une mise à jour adaptative.
- Intégrer les résultats de la segmentation 3D avec les systèmes robotiques chirurgicaux, afin de guider les robots avec une plus grande précision lors de l'ablation tumorale et de minimiser les dommages aux tissus sains.

Bibliographie

Bibliographie

Références

- [1] Kamhiya, Dr. Hassan Ahmad. « القشرة الدماغية أسرارها ووظائفها ». In: Centre Arabe pour la Rédaction et la Traduction des Sciences de la Santé, 110 p., 2024.
- [2] France Neurodon. « Anatomie du cerveau et du système nerveux ». <https://www.frcneurodon.org/comprendre-le-cerveau/a-la-decouverte-du-cerveau/anatomie-du-cerveau-et-du-systeme-nerveux/> (Consulté le 19/04/2025).
- [3] MAHLOUL, Ahmed et MECIEB, Seifeddine. « Système d'aide au diagnostic du cancer du cerveau », Mémoire de Master, Spécialité : Génie Logiciel, Université Ibn Khaldoun, 2023.
- [4] Elsan. « Tumeur au cerveau : Définition ». <https://www.elsan.care/fr/pathologie-et-traitement/cancers/tumeur-au-cerveau-definition> (Consulté le 19/04/2025).
- [5] MEDJEROUB, Assala Chaimaa et SALMI, Abdelkader Ramzi. « Classification d'IRM lombaires par Deep Learning pour le diagnostic de la lordose », Mémoire de Master, Spécialité : Réseaux et télécommunications, Université SAAD DAHLAB de BLIDA, 2024.
- [6] Patient, S O R Savoir, and S O R Savoir Patient. « Comprendre l'examen d'imagerie Par Résonance Magnétique (IRM) ». Bulletin Du Cancer 91 (4): 355–57, 2004.
- [7] TCHAGBELE, Abdouhadi et HAMDAD, Sid Ahmed. « Using Deep Learning for MRI Stroke Lesion Segmentation », Mémoire de Master, Spécialité : Électronique des systèmes embarqués, Université SAAD DAHLAB de BLIDA, 2023.
- [8] BOURAHILA, Ouerdia et BANOUEH, Lilia. « Acquisition et formation d'image en IRM », Mémoire de Master, Spécialité : électronique biomédicale, UNIVERSITE MOULOUD MAMMERI DE TIZI-OUZOU, 2017.
- [9] ResearchGate. « Anatomie du cerveau humain ». https://www.researchgate.net/figure/Anatomie-du-cerveau-humain_fig1_372308355 (Consulté le 19/04/2025).
- [10] Fiches IDE. « Circulation du liquide céphalo-rachidien ». <https://www.fiches-ide.fr/circulation-du-liquide-cephalo-rachidien/> (Consulté le 19/04/2025).
- [11] Psychomédia. « Matière grise et matière blanche du cerveau : définitions ». <https://www.psychomedia.qc.ca/neurologie/2009-06-18/matiere-grise-et-matiere-blanche-du-cerveau-definition> (Consulté le 19/04/2025).
- [12] Docteurcllic. « Tumeur cérébrale ». <https://www.docteurcllic.com/maladie/tumeur-cerebrale.aspx> (Consulté le 19/04/2025).
- [13] IM2P. « IRM ». <https://www.im2p.fr/examen/irm/> (Consulté le 19/04/2025).

Bibliographie

- [14] CAPELLE-LAIZÉ, Anne-Sophie. « Segmentation des images IRM multi-échos tridimensionnelles pour la détection des tumeurs cérébrales par la théorie de l'évidence », Thèse de Doctorat, Université de Poitiers, 2003.
- [15] Rachmayani, Asiva Noor. « No 主観的健康感を中心とした在宅高齢者における健康関連指標に関する共分散構造分析Title », 6, 2015.
- [16] Fernandez-maloigne, Christine, and Olivier Colot. « Anne-Sophie Capelle Segmentation d ' Images IRM Multi-Échos Tridimensionnelles Pour La Détection Des Tumeurs Cérébrales Par La Théorie de l ' Évidence », 2002.
- [17] info-radiologie.ch. « Résonance Magnétique ». https://info-radiologie.ch/resonance_magnetique.php (Consulté le 22/05/2025).
- [18] Collège des Enseignants en Neurologie (CEN). « Chapitre 21 : Imagerie par résonance magnétique ». <https://www.cen-neurologie.fr/premier-cycle/les-fondamentaux-de-la-pathologie-neurologique/explorations-paracliniques-en-neurologie/chapitre-21-imagerie-par-resonance-magnetique> (Consulté le 23/05/2025).
- [19] Radiopaedia. « MRI sequences overview ». Disponible sur : <https://radiopaedia.org/articles/mri-sequences-overview?lang=us>.
- [20] Gordillo, Nelly, Eduard Montseny, et Pilar Sobrevilla. « A New Fuzzy Approach to Brain Tumor Segmentation ». In: 2010 IEEE International Conference on Fuzzy Systems, Barcelone, Espagne, 2010. Disponible sur : https://www.researchgate.net/publication/221359041_A_new_fuzzy_approach_to_brain_tumor_segmentation.
- [21] Rajendran, A., et R. Dhanasekaran. « Fuzzy Clustering and Deformable Model for Tumor Segmentation on MRI Brain Image: A Combined Approach ». International Journal of Computer Applications, 2012. Disponible sur : https://www.researchgate.net/publication/278140899_Fuzzy_Clustering_and_Deformable_Model_for_Tumor_Segmentation_on_MRI_Brain_Image_A_Combined_Approach.
- [22] Dubey, R. B., M. Hanmandlu, S. K. Gupta, et S. K. Gupta. « Region Growing for MRI Brain Tumor Volume Analysis ». ResearchGate, 2009. Disponible sur : https://www.researchgate.net/publication/281809258_Region_growing_for_MRI_brain_tumor_volume_analysis.
- [23] Abbasi, Solmaz, et Farshad Tajeripour. « Detection of Brain Tumor in 3D MRI Images using Local Binary Patterns and Histogram Orientation Gradient ». Manuscrit accepté pour publication dans Neurocomputing (Elsevier), 2016. Disponible sur : <https://tarjomefa.com/wp-content/uploads/2017/09/7705-English-TarjomeFa.pdf>.
- [24] Kamnitsas, Konstantinos, Christian Ledig, Virginia F. J. Newcombe, Joanna P. Simpson, Andrew D. Kane, David K. Menon, Daniel Rueckert, et Ben Glocker. « Efficient Multi-Scale 3D CNN with Fully Connected CRF for Accurate Brain Lesion Segmentation ». Medical Image

Bibliographie

- Analysis, 2017. Disponible sur : https://www.researchgate.net/publication/301878860_Efficient_Multi-Scale_3D_CNN_with_fully_connected_CRF_for_Accurate_Brain_Lesion_Segmentation.
- [25] Li, Shuyi. « BRAIN TUMOR SEGMENTATION USING U-NET ENHANCED WITH ATTENTION ». Mémoire de Master (sujet non spécifié), Bishop's University, 2023. Disponible sur : <https://www.ubishops.ca/wp-content/uploads/li20231216.pdf>.
- [26] Cahall DE, Rasool G, Bouaynaya NC et Fathallah-Shaykh HM. « Inception Modules Enhance Brain Tumor Segmentation ». Front. Comput. Neurosci., 2019. Disponible sur : <https://www.frontiersin.org/journals/computational-neuroscience/articles/10.3389/fncom.2019.00044/pdf>.
- [27] Wisaeng, K., et W. Sa-ngiamvibool. « Brain Tumor Segmentation Using Fuzzy Otsu Threshold Morphological Algorithm ». IAENG International Journal of Applied Mathematics, 2023. Disponible sur : https://www.iaeng.org/IJAM/issues_v53/issue_2/IJAM_53_2_17.pdf.
- [28] Tchoketch Kebir, S., S. Mekaoui & M. Bouhedda. « A fully automatic methodology for MRI brain tumour detection and segmentation ». The Imaging Science Journal, 2018. Disponible sur : https://www.academia.edu/86402334/A_fully_automatic_methodology_for_MRI_brain_tumour_detection_and_segmentation.
- [29] Rashid, Ahmed Ramzi, Ahmed Sedeeq Baker et Zaydon L. Ali. « Développement et analyse de la segmentation et classification des tumeurs cérébrales en utilisant des algorithmes d'apprentissage profond ». Journal of Natural and Applied Sciences URAL, 2024. Disponible sur : https://www.academia.edu/128599628/DEVELOPPEMENT_AND_ANALYSIS_OF_BRAIN_TUMOR_SEGMENTATION_AND_CLASSIFICATION_USING_DEEP_LEARNING_ALGORITHMS.
- [30] Aggarwal, M., Tiwari, A.K., Sarathi, M. et al. « An early detection and segmentation of Brain Tumor using Deep Neural Network ». BMC Med Inform Decis Mak 23, 78, 2023. <https://doi.org/10.1186/s12911-023-02174-8>.
- [31] Ali, M., S. O. Gilani, A. Waris, K. Zafar et M. Jamil. « Brain Tumour Image Segmentation Using Deep Networks ». IEEE Access 8, 2020. <https://doi.org/10.1109/ACCESS.2020.3018160>.
- [32] Wang, Yao, Wang, Yan, Guo, Chunjie, Zhang, Shuangquan, Yang, Lili. « SGPNet: A Three-Dimensional Multitask Residual Framework for Segmentation and IDH Genotype Prediction of Gliomas ». Computational Intelligence and Neuroscience, 2021. <https://doi.org/10.1155/2021/5520281>.
- [33] Tampu, Iulian Emil, Neda Haj-Hosseini, et Anders Eklund. « Does Anatomical Contextual Information Improve 3D U-Net-Based Brain Tumor Segmentation ? ». Diagnostics, 2021. <https://doi.org/10.3390/diagnostics11071159>.

Bibliographie

- [34] BraTs 2021 dataset. Disponible sur : <https://github.com/openmedlab/Awesome-Medical-Dataset/blob/main/resources/BraTS2021.md>. [35] TCIA. Disponible sur : <https://www.cancerimagingarchive.net/>.
- [36] Ultralytics. Disponible sur : <https://docs.ultralytics.com/fr/datasets/detect/brain-tumor/#dataset-yaml>.
- [37] Google Cloud. « Qu'est-ce que l'intelligence artificielle (IA) ? ». <https://cloud.google.com/learn/what-is-artificial-intelligence?hl=fr> (Consulté le 22/05/2025).
- [38] Master IESC Angers. « Intelligence artificielle, Machine Learning et Deep Learning : Même contexte, Différents concepts ». <https://master-iesc-angers.com/artificial-intelligence-machine-learning-and-deep-learning-same-context-different-concepts/> (Consulté le 22/05/2025).
- [39] Bi, Qifang, Goodman, Katherine E., Kaminsky, Joshua, et Lessler, Justin. « What is Machine Learning ? A Primer for the Epidemiologist ». In : American Journal of Epidemiology. Vol 188, N°12, pp 2222–2239, 2019.
- [40] Sun, R., Lerousseau, M., Henry, T., Carré, A., Leroy, A., Estienne, T., Niyoteka, S. et al. « Intelligence artificielle en radiothérapie : radiomique, pathomique, et prédiction de la survie et de la réponse aux traitements ». In : Cancer/Radiothérapie. Vol 25, N°6-7, pp 630-637, 2021.
- [41] DE MATTEIS, Ludovic, JANNY, Steeven, NATHAN, Solal, et SHU-QUARTIER, Wenqi. « Introduction à l'apprentissage automatique ». In : Culture Sciences de l'Ingénieur, 2022. https://eduscol.education.fr/sti/si-ens-paris-saclay/ressources_pedagogiques/introduction-a-lapprentissage-automatique (Consulté le 04/05/2025).
- [42] Alzubaidi, Laith, Bai, Jinshuai, Al-Sabaawi, Aiman, Santamaría, Jose, Albahri, Ahmed Shihab, Al-Dabbagh, Bashar Sami Nayyef, Fadhel, Mohammed A. et al. « A survey on deep learning tools dealing with data scarcity : definitions, challenges, solutions, tips, and applications ». In : Journal of Big Data. Vol 10, N°1, p 46, 2023.
- [43] Built In. « What Is Deep Learning and How Does It Work? ». <https://builtin.com/machine-learning/deep-learning> (Consulté le 05/05/2025).
- [44] nuageo.fr. « Deep Learning : Définition, concept, usages ». <https://nuageo.fr/2017/01/deep-learning-definition-concept-usages/> (Consulté le 05/05/2025).
- [45] Razzak, Muhammad Imran, Naz, Saeeda, et Zaib, Ahmad. « Deep learning for medical image processing: Overview, challenges and the future ». In: Classification in BioApps: Automation of Decision Making. Springer, pp 323-350, 2017.
- [46] Amazon Web Services. « Qu'est-ce qu'un réseau neuronal ? ». <https://aws.amazon.com/fr/what-is/neural-network/> (Consulté le 05/05/2025).

Bibliographie

- [47] BALDE, Mody. « État de l'art sur les architectures de Deep Learning: Perceptron, CNN et RNN », Mémoire de Master, Spécialité: Génie Logiciel, Université Assane Seck de Ziguinchor, 2024.
- [48] BELHADJER, Hakim et SAROUER, Brahim. « Classification des images avec les réseaux de neurones Convolutionnels », Mémoire de Master Académique, Option : Système Informatique, Université Mouloud MAMMERI de Tizi-Ouzou, 2018.
- [49] Dejasmin, Julien. « Les réseaux de neurones convolutifs ». <https://www.natural-solutions.eu/blog/la-reconnaissance-dimage-avec-les-reseaux-de-neurones-convolutifs> (Consulté le 05/05/2025).
- [50] Jeveuxetredatascientist. « Convolutional Neural Network (CNN) ». <https://www.jeveuxetredatascientist.fr/convolutional-neural-network/> (Consulté le 05/05/2025).
- [51] imaios. « Classification des images médicales : comprendre le réseau de neurones convolutifs (CNN) ». <https://www.imaios.com/fr/ressources/blog/classification-des-images-medicales-comprendre-le-reseau-de-neurones-convolutifs-cnn> (Consulté le 05/05/2025).
- [52] mriquestions.com. « Softmax CNN ». <https://mriquestions.com/softmax.html> (Consulté le 10/05/2025).
- [53] Minaee, Shervin, Boykov, Yuri, Porikli, Fatih, Plaza, Antonio, Kehtarnavaz, Nasser, et Terzopoulos, Demetri. « Image segmentation using deep learning: A survey ». In: IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence. Vol 44, N°7, pp 3523-3542, 2021.
- [54] Ker, Justin, Wang, Lipo, Rao, Jai, et Lim, Tchoyoson. « Deep learning applications in medical image analysis ». In: Ieee Access. Vol 6, pp 9375-9389, 2017.
- [55] Dawood, Tamara A., Hashim, Ashwaq T., et Nasser, Ahmed R. « Advances in Brain Tumor Segmentation and Skull Stripping: A 3D Residual Attention U-Net Approach ». In: Département de génie des systèmes et du contrôle, Université de Technologie-Iraq, Bagdad, 10001, Iraq, 2023. Disponible en ligne : <https://www.proquest.com/openview/b21393ddab646db114a1363a8c03e2e1/1?cbl=2069443&pq-origsite=gscholar> (Consulté le 16/05/2025).
- [56] Affane, Abir, Vacavant, Antoine, Lebre, Marie-Ange, et Lamy, Jonas. « Une combinaison de filtres de rehaussement des vaisseaux avec des architectures 3D U-Net pour la segmentation des vaisseaux hépatiques ». In: ORASIS 2021. Centre National de la Recherche Scientifique (CNRS). Saint Ferréol, France, septembre 2021. Disponible en ligne : https://hal.science/hal-03339670v1/file/ORASIS_2021_Segmentation_vaisseaux_foie1.pdf (Consulté le 16/05/2025).
- [57] Momin, Ahad. « Image Segmentation Using Deep Learning Tensorflow and Keras Implementation in Python », Professional Research Practicum, The University of Texas at Austin et University of New South Wales Sydney, 2020.

Bibliographie

- [58] Benlahmar. « Architecture U-Net: Une explication détaillée ». <https://datasciencetoday.net/index.php/fr/deep-learning/228-unet> (Consulté le 16/05/2025).
- [59] Adaloglou, Nikolas. " Un aperçu des architectures U-Net pour la segmentation sémantique et la segmentation d'images biomédicales. " 15 avril 2021.
- [60] Viso.ai. « U-Net : Un guide complet sur son architecture et ses applications ». <https://viso.ai/deep-learning/u-net-a-comprehensive-guide-to-its-architecture-and-applications/> (Consulté le 16/05/2025).
- [61] Thaller Dev. « Fonctions d'activation dans les réseaux de neurones ». https://thaller.dev/miscellaneous/activation_func/ (Consulté le 16/05/2025).
- [62] Techaeris. « Convolutional Neural Network : Beginning ». <https://techaeris1.blogspot.com/2020/05/convolutional-neural-network-beginning.html> (Consulté le 16/05/2025).
- [63] Demirović, Damir, Skejić, Emir, et Šerifović–Trbalić, Amira. « Performance of some image processing algorithms in tensorflow ». In: 2018 25th International Conference on Systems, Signals and Image Processing (IWSSIP). IEEE, pp 1-4, 2018.
- [64] Databricks. « Couche de convolution ». <https://www.databricks.com/fr/glossary/convolutional-layer> (Consulté le 16/05/2025).
- [65] Tomar, Nikhil. « Brain Tumor Segmentation Dataset. » Kaggle, 2025. <https://www.kaggle.com/datasets/nikhilroxtomar/brain-tumor-segmentation/data>. (Consulté le 23 mai 2025).
- [66] Cheng, Jun « brain tumor dataset. figshare. Dataset. », 2017. <https://doi.org/10.6084/m9.figshare.1512427.v5> (Consulté le 23 mai 2025).
- [67] Schettler, Darien. « BraTS 2021 Task 1 Dataset. » Kaggle, 2025. https://www.kaggle.com/datasets/dschettler8845/brats-2021-task1?select=BraTS2021_Training_Data.tar. (Consulté le 23 mai 2025).
- [68] Raja, Prabanjan. « Google Colab - Everything you Need to Know. » Scaler Topics. Dernière mise à jour le 11 février 2022. <https://www.scaler.com/topics/what-is-google-colab/>.
- [69] BasuMallick, Chiradeep. « How Does TensorFlow Work and Why is it Vital for AI? » Spiceworks, 27 décembre 2022. <https://www.spiceworks.com/tech/devops/articles/what-is-tensorflow/> (Consulté le 24 mai 2025).
- [70] SaadAhmed-96. « Keras-Python-Deep-Learning-Neural-Network-API. » GitHub, 2025. <https://github.com/SaadAhmed-96/Keras-Python-Deep-Learning-Neural-Network-API>. (Consulté le 24 mai 2025).
- [71] NVIDIA. " PyTorch." NVIDIA, 2025. <https://www.nvidia.com/en-us/glossary/pytorch/>. (Consulté le 24 mai 2025).

Bibliographie

[72] Iyengar, Aditya. « Gradio: A Comprehensive Overview. Empowering Machine Learning with Interactive Web Interfaces. » Medium, 11 octobre 2024. <https://medium.com/@researchgraph/gradio-a-comprehensive-overview-7f9f50e7f977>.

(Consulté le 24 mai 2025).

[73] Sandhu, Armaanjeet Singh. « Calculating the Sørensen-Dice Coefficient: A Simplified Guide. ». Medium, 6 novembre 2023. <https://medium.com/the-research-nest/calculating-the-s%C3%B8rensen-dice-coefficient-a-simplified-guide-3b59a1829a82> (Consulté le 30 mai 2025).

[74] Müller, Dominik, Iñaki Soto-Rey, et Frank Kramer. « Towards a Guideline for Evaluation Metrics in Medical Image Segmentation. ». arXiv preprint arXiv:2202.05273, 2022. <https://arxiv.org/pdf/2202.05273> (Consulté le 28 mai 2025).