الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE.

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي.

MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE.

جامعة 20 أوت 1955- سكيكدة.

UNIVERSITE 20 AOUT 1955- SKIKDA



Faculté des Sciences.

Département de Physique

Mémoire Présenté en Vue de l'Obtention du Diplôme de Master

Filière : physique

Spécialité : physique médicale

Intitulé :

Segmentation automatique des volumes cibles en Radiothérapie assistée par intelligence artificielle

Présenté Par :

Tebib Aicha

Encadré par :

Boukedjane Mouloud

Membres de Jury :

Dekar Souhila	Maître de conférences – Université 20 Août 1955 de Skikda	Présidente
Boukedjane Mouloud	Maître de conférences – Université 20 Août 1955 de Skikda	Encadreur
Kadid soraya	Maître de conférences – Université 20 Août 1955 de Skikda	Examinatrice

Année universitaire : 2025/2026

Remerciements

Au terme de ce travail de recherche, j'exprime ma profonde gratitude et mes sincères remerciements à toutes les personnes qui ont contribué, de près ou de loin, à l'aboutissement de cette mémoire,

Je tiens tout particulièrement à remercier mon directeur de thèse, Dr "Boukedjane Mouloud", pour la qualité de son encadrement, la pertinence de ses orientations, sa disponibilité constante ainsi que ses précieux conseils tout au long de ce travail.

J'adresse également mes vifs remerciements aux membres du jury pour l'honneur qu'ils m'ont fait en acceptant d'évaluer ce travail.

Enfin, j'exprime ma reconnaissance la plus profonde à ma famille, qui m'a soutenu sans relâche, avec patience et encouragement, tout au long de mon parcours académique. Leur présence constante a constitué une source essentielle de force, de réconfort et de motivation jusqu'à l'achèvement de ce travail.

Résumé :

La radiothérapie représente l'un des principaux traitements contre le cancer. La chaîne de traitement par radiothérapie comprend plusieurs étapes. Dans cette chaîne, le contournage du volume tumoral et des organes adjacents à partir des images d'IRM est une étape importante. Cette opération est en général faite par des experts de manière manuelle, ce qui nécessite beaucoup de temps et souffre de variations inter- et intra-observateurs. L'intelligence artificielle a permis d'automatiser cette tâche.

Dans le cadre de ce mémoire, nous proposons une contribution au contourage automatique du volume tumoral macroscopique (GTV) à partir d'images IRM multimodales. Dans un premier temps, nous avons exposé les multiples applications de l'intelligence artificielle en radiothérapie. Nous nous sommes ensuite intéressés à la segmentation du GTV à partir d'images IRM cérébrales provenant de la base de données publique BraTS 2021, constituée de 750 images IRM et de 750 masques de segmentation annotés par des experts. Pour améliorer les performances du modèle, nous avons appliqué des techniques d'augmentation de données (Data Augmentation) afin d'enrichir l'ensemble d'entraînement.

Nous avons utilisé un modèle de segmentation 3D par U-Net, basé sur l'apprentissage profond. Nous avons évalué nos résultats à l'aide de métriques d'évaluation telles que le coefficient de Dice, la perte de Dice (Dice Loss) et la distance de Hausdorff. Après 20 époques d'entraînement, le modèle a obtenu un coefficient de Dice moyen de 0,865 pour une Dice Loss de 0,135. L'évaluation sur 49 patients a montré des performances globalement stables avec plus de 19 patients ayant un Dice > 0,90.

Le modèle a tendance à surestimer légèrement le volume tumoral par rapport à la délinéation manuelle, ce qui reste cliniquement acceptable en radiothérapie dans la mesure où cela garantit une couverture complète du volume cible. L'intelligence artificielle est finalement perçue non pas comme un remplaçant du clinicien, mais comme un outil d'aide à la décision au profit de la neuro-oncologie et de la radiothérapie.

Mots-clés : Segmentation automatique, Apprentissage profond, Radiothérapie, 3D U-Net, BraTS 2021, Évaluation clinique.

ملخص:

تمثل المعالجة الإشعاعية من أبرز طرق علاج السرطان، وتتضمن سلسلة العلاج الإشعاعي مراحل متعددة، أبرزها تحديد حجم الورم والأعضاء المحيطة به في صور الرنين المغناطيسي، وهي خطوة جوهرية في مسار التخطيط العلاجي. تُنجز هذه العملية عادةً يدوياً من قِبَل أخصائيين مختصين، مما يستلزم وقتاً طويلاً ويُفضي إلى تباين في النتائج بين المراقبين وداخل المراقب الواحد. وقد أتاحت التطورات الحديثة في مجال الذكاء الاصطناعي أتمتة هذه المهمة.

في إطار هذا البحث، قدّمنا إسهاماً في التجزئة التلقائية لحجم الورم المجهري (GTV) انطلاقاً من صور الرنين المغناطيسي متعددة الأنماط. استعرضنا في مرحلة أولى مختلف تطبيقات الذكاء الاصطناعي في الطب الإشعاعي، ثم انصبّ اهتمامنا على تجزئة حجم الورم المجهري باستخدام نموذج التعلم العميق **3D U-Net**، مستعينين بقاعدة البيانات العامة BraTS 2021 المؤلفة من **750**صورة رنين مغناطيسي **و750 قناعاً تجزيئياً** موسومة من قِبَل خبراء. وللرفع من أداء النموذج، لجأنا إلى تقنيات **توسيع البيانات (Data Augmentation)** لتعزيز حجم مجموعة التدريب.

وقد أسفرت التجارب عن نتائج مشجعة؛ إذ بلغ معامل Dice المتوسط **0.865**، فيما استقرت دالة الخسارة عند **0.135**بعد 20 دورة تدريبية. وأظهر التقييم على 49 مريضاً أداءً متسقاً في معظم الحالات، مع تسجيل أداء ممتاز يتجاوز 0.90 لدى ما يزيد على 19 مريضاً. وأبدى النموذج ميلاً نحو تقدير أحجام ورمية أعلى قليلاً مقارنةً بالتجزئة اليدوية، وهو ما يُعدّ مقبولاً سريرياً إذ يضمن التغطية الكاملة للحجم المستهدف.

وفي ختام هذا العمل، يُثبت النموذج المقترح أن الذكاء الاصطناعي يمثّل أداة فعّالة لأتمتة تجزئة الأورام الدماغية، لا بديلاً عن الطبيب، بل وسيلة داعمة لاتخاذ القرار في سياق الأورام العصبية والطب الإشعاعي.

الكلمات المفتاحية :التجزئة التلقائية، التعلم العميق، الطب الإشعاعي، 3D U-Net ، BraTS 2021، التقييم السريري.

Table Des Matières

Liste des figures……...,..V

Liste des tableaux.....,,..VII

Liste des abréviations/.....,.VIII

Introduction Générale……,…9

Chapitre I : Fondements de la radiothérapie..... 12

1.1 Introduction Du Chapitre : 13

1.2 Principes généraux de la radiothérapie : 14

1.2.1 Définition la radiothérapie dans le traitement du cancer : 14

1.2.2 Principes physiques de la radiothérapie :..... 15

1.2.3 Les Types de radiothérapie :..... 16

1.2.4 Techniques d'irradiation externe :..... 17

1.3 Imagerie médicale en radiothérapie :..... 20

1.3.1 Acquisition des images diagnostiques (scanner, IRM, tep- scan) :..... 20

1.4 Processus de planification du traitement en radiothérapie :..... 26

1.4.1 Définition des volumes cibles et des organes à risque : 26

1.4.2 Exigences de l'acquisition des images de simulation scanographique : 29

1.4.3 Délinéation des volumes cibles : 30

1.4.4 Planification dosimétrique du traitement : 32

1.5 Conclusion du chapitre :..... 34

Chapitre II : Apports de l'intelligence artificielle en radiothérapie 35

2.1 Introduction du chapitre : 36

2.2 État de l'art de l'intelligence artificielle en médecine: 37

2.2.1 Définition de l'intelligence artificielle :..... 37

2.2.2 Évolution de l'intelligence artificielle dans le domaine médical : 38

2.3 Méthodes d'apprentissage et réseaux de neurones pour l'analyse d'images médicales : . 41

2.3.1 Méthodes d'apprentissage automatique :..... 41

2.3.2 Réseaux de neurones artificiels : 43

2.4 Segmentation d'images médicales par intelligence artificielle et applications en radiothérapie..... 48

2.4.1 Segmentation d'images médicales par intelligence artificielle : 48

2.4.2 Applications d'intelligence artificiel en radiothérapie :..... 55

2.5 Conclusion du chapitre : 59

3 Chapitre III : Segmentation automatique des volumes cibles de tumeur cérébrale assistée par intelligence artificielle 60

3.1 Introduction du chapitre : 61

3.2 Contexte anatomique et médical de la segmentation des tumeurs cérébrales 62

3.2.1 Anatomie cérébrale : 62

3.2.2 Contexte de segmentation médicale (BraTS / U-Net / 3D U-Net) : 65

3.3 Prétraitement et analyse des données : 67

3.3.1 Prétraitement des données IRM : 67

3.3.2 Analyse rapide du profil tumoral : 69

3.3.3 Lecture physique et médicale des dimensions et du volume : 70

Matrice de Corrélation : 72

3.3.4 Le rôle de l'intelligence artificielle dans la segmentation de ces régions 72

3.4 : Entraînement du modèle de segmentation automatique par intelligence artificielle 74

3.4.1 Matériel et méthodes : 74

3.4.2 environnement de travail : 75

3.4.3 La Base De Donnée : 76

3.4.4 Détails d'implémentation : 77

3.4.5 Étapes de l'apprentissage 79

3.5 Résultats et Discussion 84

3.5.1 Résultats de 3D segmentation par (AI) : 84

3.5.2 Discussion du résultat : 98

3.6 Conclusion du chapitre : 100

Conclusion générale ……..…102

Liste Des Figures

Figure 1.1 : Principe de la radiothérapie. Les faisceaux (en gris) doivent être disposés pour irradier la tumeur (en rouge) tout en évitant au mieux les organes à risque (en vert) 15

Figure 1.2 : Circuit patient en radiothérapie externe..... 17

Figure 1.3 : Tête de l'accélérateur (a) et collimateur multilames (b)..... 18

Figure 1.4 : Exemple du positionnement des champs de traitement pour les techniques 3D-CRT, IMRT et VMAT dans le cas d'un cancer du sein..... 19

Figure 1.5 : Un scanner révolutionnaire installé au CHC MontLégia de Liège 21

Figure 1.6 : Imagerie par résonance magnétique (IRM)..... 23

Figure 1.7 : Différentes modalités d'images cérébrales IRM..... 24

Figure 1.8 : Représentation des volumes de traitement et des organes à risque (OAR) 28

Figure 1.9 : Scanner simulateur utilisé pour la simulation virtuelle..... 30

Figure 1.10 : Exemple de contourage des volumes cibles et des organes à risque sur une image CT de l'abdomen 31

Figure 1.11 : Exemple de système de planification de traitement (TPS) utilisé en radiothérapie 33

Figure 2.1 : Les techniques de l'intelligence artificielle classées selon différents niveaux 38

Figure 2.2 : Évolution de l'intelligence artificielle dans le domaine médical..... 40

Figure 2.3 : Schéma illustratif d'un neurone biologique..... 43

Figure 2.4 : Représentation schématique d'un réseau de neurones artificiels 44

Figure 2.5 : Architecture générale d'un réseau de neurones convolutif (CNN) 47

Figure 2.6 : Processus de traitement d'images..... 49

Figure 2.7 : Représentation d'un algorithme de segmentation automatique basé sur des atlas 50

Figure 2.8 : Principe de la segmentation d'une image. La reconnaissance d'image identifie les éléments présents sans les localiser (gauche), tandis que la segmentation permet leur délimitation précise (droite)..... 51

Figure 2.9 : Illustration de l'architecture U-Net..... 52

Figure 2.10 : Principe du suréchantillonnage d'une image..... 53

Figure 2.11 : Architecture V-Net utilisée pour la segmentation volumique des images médicales 55

Figure 2.12 : Rôles potentiels (en marron) et déjà disponibles (en vert) de l'intelligence artificielle en radiothérapie..... 56

Figure 3.1 : Schéma des lobes du cerveau..... 63

Figure 3.2 : Visualisation des coupes orthogonales et du masque de segmentation pour le cas BRATS_249..... 66

Figure 3.3 : Image comportant les quatre modalités IRM utilisées dans la base BraTS 67

Figure 3.4 : Visualisation d'une coupe IRM (T1ce/FLAIR) avant et après normalisation avec superposition du masque tumoral pour l'apprentissage du modèle..... 68

Figure 3.5 : Visualisation multidimensionnelle des tumeurs cérébrales : intégration spatiale, volumétrique et texturale à partir des données BraTS 69

Figure 3. 6 : Délimitation des volumes cibles (GTV, CTV, PTV) en radiothérapie sur une coupe axiale d'IRM cérébrale……...70

Figure 3.7: Distribution du volume de la tumeur rehaussée au gadolinium (GD-Enhancing Tumor – ET).....71

Figure 3.8 : Matrice de corrélation des caractéristiques géométriques tumorales (Heatmap) 71

Figure 3.9 : Évolution de la perte et de la précision au cours de l'entraînement 79

Figure 3.10 : Évolution des fonctions de perte (Train Loss et Validation Loss) au cours des époques 80

Figure 3.11: Évolution de la fonction de perte (Dice Loss) durant l'entraînement du modèle 3D U-Net .....,.... 81

Figure 3.12 : Comparaison des contours de segmentation pour le patient 0, coupe 84. Le contour rouge représente la vérité terrain (segmentation du médecin) et le contour vert pointillé la prédiction du modèle d'IA..... 85

Figure 3.13 : Comparaison des contours de segmentation pour le patient 7, coupe 82. Le contour rouge représente la segmentation manuelle et le contour vert la prédiction du modèle d'IA 87

Figure 3.14 : Comparaison des contours de segmentation pour le Patient 1, Coupe 72. Le contour rouge indique la vérité terrain (segmentation manuelle) et le contour vert la prédiction du modèled'IA…….……...…….88

Figure 3. 15: Comparaison des contours de segmentation pour le Patient 45. Le contour rouge indique la vérité terrain (segmentation manuelle) et le contour vert la prédiction du modèle d'IA…….……..….91

Figure 3.16 : Comparaison des contours de segmentation pour le Patient 15, Coupe 43. Le contour rouge indique la vérité terrain (segmentation manuelle) et le contour vert la prédiction du modèle d'IA……....92

Figure 3. 17 :résultat de segmentation pour le Patient 40. ……..……..……93

Figure 3.18 : Performance du modèle proposé par patient — Coefficient de Dice (N = 49) 94

Figure 3.19 : Comparaison de la distribution du volume tumoral (GTV) : Médecin versus IA 95

Liste Des Tableaux

Tableau 1.1 : Exemples de tissus et organes avec les valeurs HU correspondantes…….22

Tableaux 3. 1 : Les types de lobes et leurs fonctions……...…62

Tableau 3.2 : Caractéristiques volumétriques des dix premiers cas du jeu de données BraTS 2021…….70

Tableau 3.3 : ci-dessous compare les performances obtenues par notre modèle avec l'état de l'art pour la segmentation des tumeurs cérébrales sur le jeu de données BraTS 2021….……83

Tableau 3.4 : Résultats d'évaluation du modèle 3D-UNet (patients0)……..…..…….86

Tableau 3.5 : Résultats d'évaluation du modèle 3D-UNet (patients7)…….……..……88

Tableau 3.6 : Résultats d'évaluation du modèle 3D-UNet (patients1)…….……...91

Tableau 3.7 : des prédictions de l'IA de 49 cas ……...92

Tableau 3.8 : L'évaluation individuelle du modèle sur 49 patients révèle la distribution suivante……..98

Liste Des Abréviations

BraTS : Brain Tumor Segmentation Challenge

IA : Intelligence Artificielle

IMRT : Intensity Modulated Radiation Therapy

CNN : Convolutional Neural Network

CT : Computed Tomography

CTV : Clinical Target Volume

DICOM : Digital Imaging and Communications in Medicine

DL : Deep Learning

DRR : Digital Reconstructed Radiography

DSC : Dice Similarity Coefficient

DVH : Dose-Volume Histogram

GTV : Gross Tumor Volume

HD : Hausdorff Distance

IMAT : Intensity Modulated Arc Therapy

IRM : Imagerie par Résonance Magnétique

PET : Positron Emission Tomography

PTV : Planning Target Volume

TPS : Treatment Planning System

TV : Treated Volume

VMAT : Volumetric Modulated Arc Therapy

Introduction Générale

Le cancer reste l'une des principales causes de mortalité dans le monde, avec près de 10 millions de décès en 2022 selon l'Organisation Mondiale de la Santé.[1] Les tumeurs cérébrales constituent une localisation tumorale particulièrement redoutable, du fait de leur proximité immédiate avec des structures neurologiques critiques et de l'impact dévastateur qu'elles ont sur la qualité de vie des patients. La prise en charge des glioblastomes, méningiomes, métastases cérébrales et autres néoplasies intracrâniennes s'inscrit dans un environnement multidisciplinaire rigoureux et la radiothérapie joue un rôle thérapeutique majeur.

La radiothérapie externe, qu'elle soit conformationnelle tridimensionnelle(3D-CRT), à modulation d'intensité (IMRT), stéréotaxique (SRT) ou radio-chirurgicale (SRS), repose sur une rigoureuse planification dosimétrique dont l'objectif est de maximiser le contrôle tumoral en épargnant les tissus sains environnants. La qualité de cette planification est directement liée à la précision avec laquelle sont délimités les volumes cibles, en particulier le volume tumoral macroscopique (GTV), qui sert de base à la définition des volumes cliniques (CTV) et de planification (PTV).[2]

Mais la segmentation manuelle des tumeurs reste une étape très complexe, chronophage et soumise à une variabilité importante entre les observateurs et au sein d'un même observateur. Pour les tumeurs cérébrales, l'IRM multi-séquentielle est devenue la modalité de référence en raison de sa très bonne résolution tissulaire. L'hétérogénéité des lésions, la présence d'œdème péri-tumoral ainsi que la difficulté à distinguer les tissus tumoraux viables des zones nécrotiques accroissent toutefois l'incertitude du contourage, dont la réalisation peut nécessiter entre 20 et 90 minutes par patient.

Devant ces limites, l'intelligence artificielle et en particulier l'apprentissage profond, est progressivement apparue comme une solution prometteuse pour automatiser et normaliser la segmentation tumorale. Les architectures reposant sur les réseaux de neurones convolutifs, notamment l'U-Net et ses variantes, ont montré des performances exceptionnelles dans l'analyse d'images médicales. Le développement du challenge BraTS a également été déterminant pour évaluer et améliorer les algorithmes dédiés aux tumeurs cérébrales, certaines méthodes atteignant désormais des coefficients de Dice supérieurs à 0,90.

Plus récemment, l'émergence des Vision Transformers et des architectures hybrides, comme TransU-Net, Swin-UNETR et 3D U-Net, a permis une exploitation plus efficace des relations spatiales à longue portée présentes dans les volumes d'imagerie 3D. En parallèle, les modèles de fondation, comme le (Segment Anything Model (SAM)), offrent de nouvelles possibilités pour

créer des outils de segmentation médicale plus robustes, généralisables et moins tributaires de annotations expertes massives.

Malgré les avancées importantes de l'intelligence artificielle dans la segmentation médicale , son application clinique dans le traitement par radiothérapie des tumeurs cérébrales est encore entravée par plusieurs obstacles. Parmi eux, citons la difficulté à généraliser les modèles à des données provenant de divers équipements et protocoles d'imagerie, la dépendance à des bases de données publiques qui représentent souvent mal les contextes locaux, et le manque d'interprétabilité des prédictions faites par les modèles.

Face à ces limites, le présent travail propose de développer et d'évaluer une méthode de segmentation automatique du volume tumoral macroscopique (GTV) basée sur l'apprentissage profond et plus précisément sur l'architecture 3D U-Net. L'objectif est d'améliorer la précision, la rapidité et la reproductibilité de la segmentation et de promouvoir l'intégration de l'intelligence artificielle dans le processus clinique de planification en radiothérapie.

Comment l'intelligence artificielle peut-elle permettre d'automatiser et d'améliorer la segmentation des volumes cibles pour la radiothérapie des tumeurs cérébrales ?

Questions secondaire :

1. Quelles sont les limites de la segmentation manuelle des volumes cibles en radiothérapie des tumeurs cérébrales ?
2. Citations des forces et faiblesses des approches traditionnelles pour la segmentation manuelle des tumeurs cérébrales sur IRM ?
3. À quel point l'architecture 3D U-Net aide-t-elle à augmenter la précision et la rapidité de la segmentation automatique par rapport aux méthodes standard ?
4. Dans quelle mesure l'intégration de l'intelligence artificielle dans le processus de planification radiothérapeutique contribue-t-elle à améliorer la reproductibilité des contours tumoraux et à réduire la variabilité inter-observateurs ?

Hypothèse 1 : L'utilisation de l'intelligence artificielle pour réaliser une segmentation automatique permet une réduction importante du temps nécessaire à la délimitation des volumes cibles en radiothérapie.

Hypothèse 2 : L'usage du modèle 3D U-Net permet d'augmenter la précision de segmentation automatique des tumeurs du cerveau en tirant parti des informations volumétriques contenues dans les images IRM.

Hypothèse 3 : Les segmentations obtenues automatiquement sont très similaires aux segmentations de référence faites par les experts, ce qui est mesuré par le coefficient de Dice et la distance de Hausdorff.

Hypothèse 4 : L'implémentation de l'intelligence artificielle au cours du processus de planification radiothérapeutique contribue à améliorer la reproductibilité des contours de l'organe cible et à limiter la variabilité inter-observateurs**.**

Le travail de cette étude s'inscrit dans ce cadre. Son objectif est d'utiliser des techniques d'apprentissage profond pour développer un modèle de segmentation automatique des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM multi-séquentielles, afin d'améliorer la précision, la robustesse et l'efficacité du contourage du volume tumoral macroscopique (GTV) en radiothérapie.

Le manuscrit de la présente étude est conçu de la manière suivante :

Le **chapitre 1** est consacré aux fondements de la radiothérapie. Il comprend trois sections. La première section présente les principes généraux de la radiothérapie, ses objectifs thérapeutiques ainsi que ses différentes modalités. La deuxième section est dédiée à l'imagerie médicale en radiothérapie, en mettant l'accent sur les techniques d'acquisition et leur rôle dans la délimitation des volumes cibles. La troisième section décrit le processus de planification du traitement en radiothérapie, incluant les étapes de contourage et de définition des volumes cibles.

Le chapitre 2 est consacré aux apports de l'intelligence artificielle en radiothérapie. Il comporte également trois sections. La première section présente un état de l'art sur l'intelligence artificielle en médecine et ses principales évolutions. La deuxième section traite des méthodes d'apprentissage automatique et des réseaux de neurones appliqués à l'analyse des images médicales, en particulier le deep learning. La troisième section aborde la segmentation des images médicales par intelligence artificielle ainsi que ses applications en radiothérapie, notamment dans l'automatisation du contourage tumoral**.**

Le **chapitre 3** est dédié à la segmentation automatique des volumes cibles des tumeurs cérébrales assistée par intelligence artificielle. Il est structuré en plusieurs parties. La première partie présente le contexte anatomique et médical des tumeurs cérébrales. La deuxième partie décrit les étapes de prétraitement et d'analyse des données IRM utilisées. La troisième partie est consacrée à l'entraînement du modèle de segmentation automatique basé sur l'intelligence artificielle. Enfin, la dernière partie présente les résultats obtenus ainsi que leur discussion et leur interprétation.

Chapitre I : Fondements de la radiothérapie

1.1 Introduction Du Chapitre :

Dès la découverte des rayons X en 1895 par Wilhelm Conrad Röntgen, la radiothérapie est devenue progressivement une discipline essentielle dans le traitement du cancer. Son but principal est d'administrer une quantité idéale de radiations au volume de la tumeur, tout en protégeant autant que possible les tissus sains adjacents.[1]

L'évolution de la radiothérapie a suivi plusieurs phases importantes. L'ère du kilovoltage (1900–1939), caractérisée par l'emploi des rayons X et du radium, a rendu possible le traitement des tumeurs superficielles et radiosensibles. Plus tard, l'ère du mégavoltage (1950–1995), marquée par l'émergence du télécobalt et des accélérateurs linéaires, a permis d'améliorer l'efficacité du traitement des tumeurs profondes. Enfin, depuis 1995, l'intégration de l'informatique, de l'imagerie moderne et des collimateurs multilames a permis à la radiothérapie assistée par ordinateur de réaliser une avancée importante, en rendant possible une meilleure adaptation des doses aux volumes cibles et en réduisant considérablement l'irradiation des organes à risque.[1]

Aujourd'hui, la radiothérapie continue de progresser vers des méthodes de plus en plus précises, grâce à l'imagerie avancée et aux instruments informatiques.[2]

Ce chapitre a pour but d'exposer de manière organisée les fondamentaux de la radiothérapie, en présentant progressivement ses principes généraux, le processus d'élaboration du traitement, l'importance de l'imagerie médicale, ainsi que les techniques de délimitation des volumes cibles et des organes à risque, des composantes essentielles pour assurer l'efficacité et la sécurité du traitement.

1.2 Principes généraux de la radiothérapie :

1.2.1 Définition la radiothérapie dans le traitement du cancer :

La radiothérapie est généralement définie comme une spécialité médicale utilisant les radiations ionisantes en tant qu'agent de traitement avec l'objectif guérir ou de soulager les malades.[3]

La radiothérapie constitue l'un des trois principaux traitements du cancer, aux côtés de la chirurgie et de la chimiothérapie. Elle repose sur l'utilisation de rayonnements ionisants afin de détruire les cellules cancéreuses.

Ce traitement est reconnu pour son efficacité et peut être réalisé selon différents objectifs : une visée curative, dans le but de guérir le patient, une visée palliative afin de soulager les symptômes lorsque la guérison n'est plus possible, ou encore une visée symptomatique pour réduire ou supprimer certains symptômes liés à la maladie.[4]

La radiothérapie moderne repose sur un ensemble d'équipements techniques intégrés, comprenant un scanner de simulation pour la localisation des volumes cibles et des organes à risque, un simulateur pour le centrage des faisceaux, ainsi qu'un système informatique de planification dosimétrique permettant de calculer et d'optimiser la distribution de la dose et les paramètres de traitement.

L'objectif de la radiothérapie est d'éliminer les cellules tumorales ou les tumeurs cancéreuses tout en protégeant, dans la mesure du possible, les tissus sains adjacents. Cet objectif est réalisé par une organisation minutieuse du traitement, fondée sur une sélection stricte de la zone à irradier et un contrôle impeccable de la quantité de rayonnement délivrée.
Par conséquent, chaque procédure de radiothérapie vise à optimiser la dose administrée au volume cible tout en limitant l'exposition des tissus sains adjacents.

1.2.2 Principes physiques de la radiothérapie :

La radiothérapie repose sur l'utilisation de rayonnements ionisants pour détruire les cellules tumorales. Ces rayonnements, principalement des photons ou des particules, interagissent avec la matière en provoquant des ionisations et des excitations au sein des tissus biologiques.

Dans le cas de la radiothérapie externe utilisant des photons, ces derniers sont produits par des accélérateurs linéaires et interagissent avec les tissus du patient. Ces interactions entraînent des effets directs et indirects responsables des dommages cellulaires. Les effets directs correspondent à l'altération de l'ADN,[4] tandis que les effets indirects résultent de la radiolyse de l'eau, produisant des radicaux libres capables d'endommager les structures cellulaires.

Les principales interactions des photons avec la matière sont :

- L'effet photoélectrique, dominant à basse énergie, où le photon est totalement absorbé et éjecte un électron ;
- L'effet Compton, prédominant aux énergies utilisées en radiothérapie, où le photon transfère une partie de son énergie à un électron ;
- La création de paires, qui apparaît à haute énergie.

L'énergie des photons et les caractéristiques du milieu traversé, notamment son numéro atomique et sa densité, déterminent la probabilité de ces interactions. La compréhension de ces principes physiques est donc cruciale pour optimiser la dose délivrée à la tumeur tout en minimisant les effets sur les tissus sains.

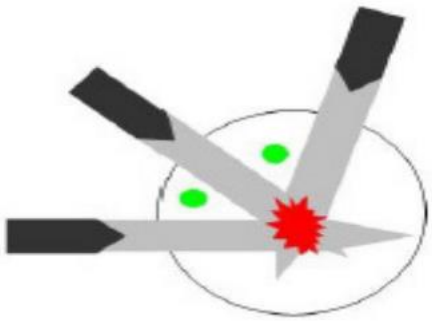


Figure 1,1 : Principe de la radiothérapie. Les faisceaux (en gris) doivent être disposés pour irradier la tumeur (en rouge) tout en évitant au mieux les organes à risques (en vert)

1.2.3 Les Types de radiothérapie :

Selon la méthode de délivrance de la dose de rayonnements ionisants au volume cible, on distingue trois catégories principales de traitements :

1.2.3.1 La radiothérapie interne :

La curiethérapie, également appelée brachythérapie, est une forme de radiothérapie où l'on place des sources radioactives très proches, voire directement au contact, de la tumeur pendant une période limitée. Cette technique permet de diriger le rayonnement ionisant de manière très ciblée vers la zone tumorale, tout en réduisant l'exposition des tissus sains voisins Elle utilise différents radioéléments, comme le césium-137, l'iridium-192 ou le cobalt-60,[3] et est principalement employée dans le traitement local de certains cancers, notamment les cancers ORL (lèvres, langue, nez), cutanés, de la prostate ainsi que les cancers gynécologiques.[4]

Ces sources radioactives peuvent rester en place pendant une période variable, de quelques minutes à plusieurs jours, voire de façon permanente dans certains cas. La durée d'implantation dépend de plusieurs facteurs : le type de rayonnement utilisé, la nature du cancer, son emplacement, mais aussi les traitements anticancéreux déjà reçus par le patient.

1.2.3.2 La radiothérapie métabolique :

La radiothérapie métabolique, également appelée radiothérapie interne vectorisée, consiste à administrer au patient une substance radioactive, soit par voie orale, soit par injection intraveineuse. Le médicament radiopharmaceutique est composé d'un vecteur métabolisé qui se fixe de manière préférentielle sur les cellules cancéreuses afin de les détruire. À titre d'exemple, l'iode 131 est utilisé dans le traitement du cancer de la thyroïde, tandis que le phosphore 32 peut être employé dans la maladie de Vaquez. Cette approche relève principalement du domaine de la médecine nucléaire. [5]

1.2.3.3 La radiothérapie stéréotaxique :

Elle utilise des microfaisceaux qui vont irradier à haute dose des zones très ciblées. Il s'agit d'un processus de radiothérapie externe plus évolué, qui améliore l'efficacité des rayons et limite les effets secondaires. La radiothérapie du cerveau utilise notamment cette technique.[6]

1.2.3.4 La radiothérapie externe :

La radiothérapie externe est une technique dans laquelle la source d'irradiation est située à l'extérieur du corps du patient. Le type de particules le plus couramment utilisé dans cette modalité est le photon. Ces photons sont produits par des accélérateurs linéaires (Linac), montés sur un

portique mécanique pouvant tourner autour du patient afin de délivrer un faisceau de rayonnement précisément ciblé.[7]

La radiothérapie externe utilisant des photons présente à la fois des avantages et des limites par rapport aux techniques faisant appel à d'autres types de particules.

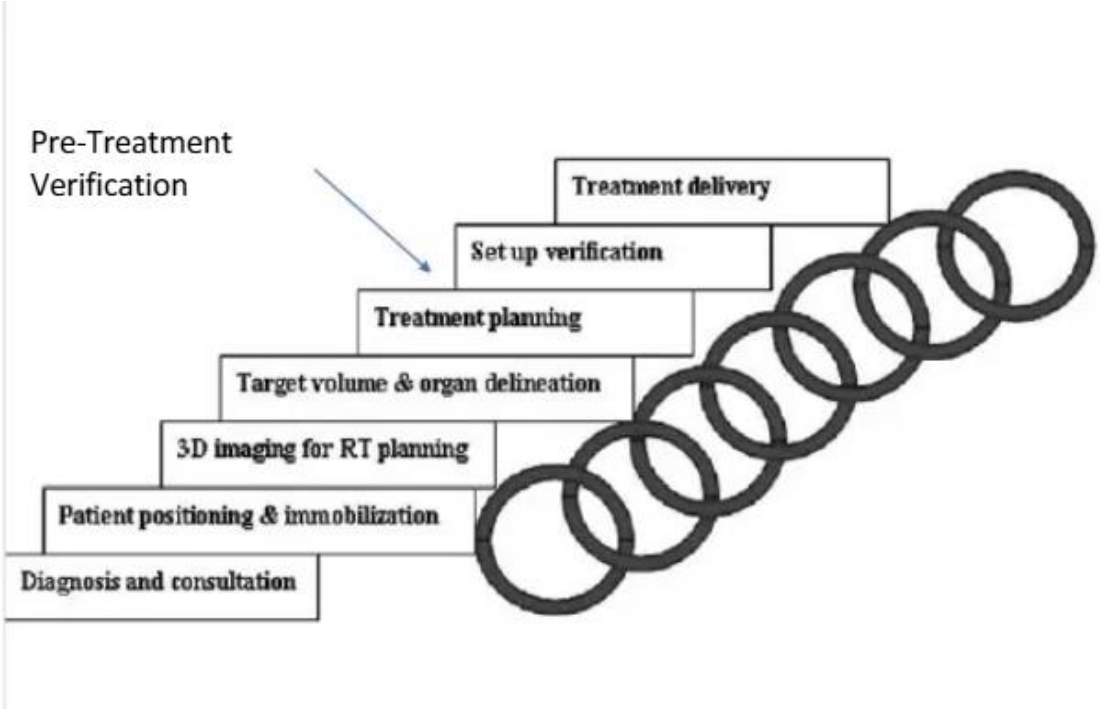


Figure 1.2: Circuit Patient en Radiothérapie Externe*[8]*

1.2.4 Techniques d'irradiation externe :

1.2.4.1 Radiothérapie conformationnelle tridimensionnelle (3D-CRT) :

La radiothérapie conformationnelle tridimensionnelle (3D-CRT) constitue l'une des premières techniques d'irradiation externe utilisées en pratique clinique.[7] Basée sur l'imagerie tridimensionnelle de la tumeur, cette approche s'est développée avec l'avènement de la tomodensitométrie en 1974.[9]

Lors de la planification dosimétrique réalisée à l'aide du système de planification de traitement (TPS), le physicien médical détermine la balistique d'irradiation, notamment le nombre de faisceaux, leurs incidences ainsi que leur énergie, en tenant compte de la localisation tumorale et de l'anatomie du patient.

Au début de son utilisation, la conformation des faisceaux au volume tumoral tridimensionnel était assurée par des caches ou des blocs de plomb moulés et personnalisés pour chaque patient, Toutefois, l'emploi de plusieurs blocs de plomb durant les séances de traitement rendait leur manipulation relativement contraignante.

Le collimateur multilames (MLC), intégré à l'accélérateur linéaire (LINAC) a progressivement remplacé les caches en plomb utilisés auparavant. Associé à la modélisation tridimensionnelle du volume cible, il permet une meilleure conformation des faisceaux à la tumeur, assurant ainsi une couverture tumorale plus précise tout en réduisant l'irradiation des organes à risque (OAR) et, par conséquent, les effets secondaires du traitement.[10]

Par ailleurs, l'intégration du MLC a simplifié la réalisation des traitements en éliminant l'utilisation de dispositifs lourds et complexes, ce qui a amélioré l'efficacité et la praticité des procédures de radiothérapie.[11]



(a) (b)

Figure 1.3: Tête de l'accélérateur (a) et collimateur multilames (b).

L'irradiation est délivrée successivement sous différents angles fixes, le gantry se déplaçant entre chaque position puis restant statique durant l'irradiation.

1.2.4.2 Radiothérapie conformationnelle avec modulation d'intensité (IMRT) :

La radiothérapie conformationnelle avec modulation d'intensité (RCMI ou IMRT : Intensity Modulated Radiation Therapy), apparue dans les années 1990, a été conçue pour pallier les limites de la radiothérapie conformationnelle tridimensionnelle (3D-CRT).[3] En effet, sa conformité dosimétrique est limitée par l'uniformité de l'intensité du faisceau dans la zone irradiée, ce qui réduit la précision de la distribution de dose.

L'IMRT est basée sur la modulation de l'intensité du rayonnement à l'intérieur même d'un faisceau, ce qui permet une optimisation précise de la fluence et une adaptation plus fidèle de la distribution dosimétrique à la géométrie complexe des volumes cibles[3]. Cette méthode améliore considérablement la couverture tumorale tout en minimisant l'exposition des organes à risque (OAR), ce qui réduit les effets secondaires.

D'un point de vue balistique, un traitement IMRT comprend en général cinq à sept faisceaux qui sont choisis pour offrir une flexibilité optimale durant l'optimisation et garantir une distribution de dose conforme aux objectifs thérapeutiques..

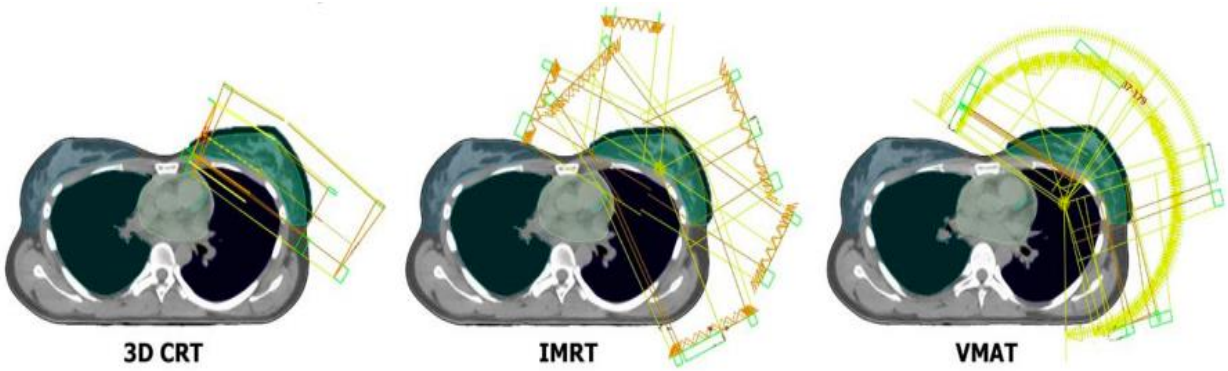


Figure 1.4: Exemple du positionnement des champs de traitement pour les techniques 3D-CRT, IMRT et VMAT dans le cas d'un cancer du sein

Il convient de noter qu'un traitement IMRT peut être délivré selon deux modalités principales : la technique statique (step-and-shoot, SS ou SMLC-IMRT) et la technique dynamique (sliding window, SW ou DMLC-IMRT).

Dans la méthode statique (step-and-shoot), les lames du MLC sont fixes pendant l'irradiation et se repositionnent entre les segments, tandis que dans la méthode dynamique (sliding window), elles se déplacent en continu durant l'émission du faisceau. Ces deux approches permettent donc une modulation différente de la fluence et de la distribution de dose.

Pour la technique SMLC-IMRT, il est observé que la modulation de la fluence se présente sous forme de paliers discrets, l'intensité du rayonnement variant en fonction des différents segments planifiés.[5]

Dans le cas de la technique DMLC-IMRT, la modulation se fait de manière dynamique.

1.2.4.3 Le transporteur vésiculaire de monoamines (VMAT) :

Depuis 2005, la radiothérapie conformationnelle à modulation d'intensité a évolué vers la radiothérapie volumétrique en arc (VMAT : Volumetric Modulated Arc Therapy), qui permet d'administrer de façon continue la dose pendant la rotation du LINAC autour du patient.[10] Cette méthode repose sur un ajustement coordonné et en temps réel de trois éléments clés : la configuration des lames du collimateur multilames (MLC), la puissance du faisceau, et la vitesse de rotation du gantry.

Depuis l'avènement du VMAT, l'efficacité des traitements a connu un bond spectaculaire, réduisant le temps d'irradiation d'environ 50 % par rapport à la méthode SMLC-IMRT. Elle assure en outre une meilleure conformité dosimétrique, optimise la couverture tumorale, réduit la dose reçue par les organes à risque, tout en conservant des gradients de dose importants. Contrairement à l'IMRT classique basée sur des faisceaux statiques, le VMAT utilise des arcs continus ou partiels adaptés à la position et aux caractéristiques du volume à traiter.[11]

1.3 Imagerie médicale en radiothérapie :

1.3.1 Acquisition des images diagnostiques (scanner, IRM, tep- scan) :

La planification de la radiothérapie repose sur l'intégration de plusieurs modalités d'imagerie complémentaires, chacune apportant des informations spécifiques et indispensables :

1.3.1.1 CT-Scan (tomodensitométrie) :

La tomodensitométrie, ou scannographie ou CT scan (Computed Tomography), est une technique d'imagerie médicale qui permet de réaliser des images en coupes des structures anatomiques du patient grâce à l'absorption différentielle des rayons X par les tissus. La superposition de plusieurs coupes axiales permet de reconstituer une représentation tridimensionnelle du volume exploré, donnant ainsi une vision précise des organes. Les images obtenues sont enregistrées au format DICOM.[12]

Afin de reconstruire ces images, plusieurs projections de rayons X sont acquises par un balayage réalisé sous différents angles autour du patient.

Le tomodensitomètre, ou scanner, est constitué d'un tunnel contenant un système rotatif composé d'un tube à rayons X faisant face à des rangées de détecteurs. Cet ensemble effectue une rotation complète autour du patient durant l'examen.

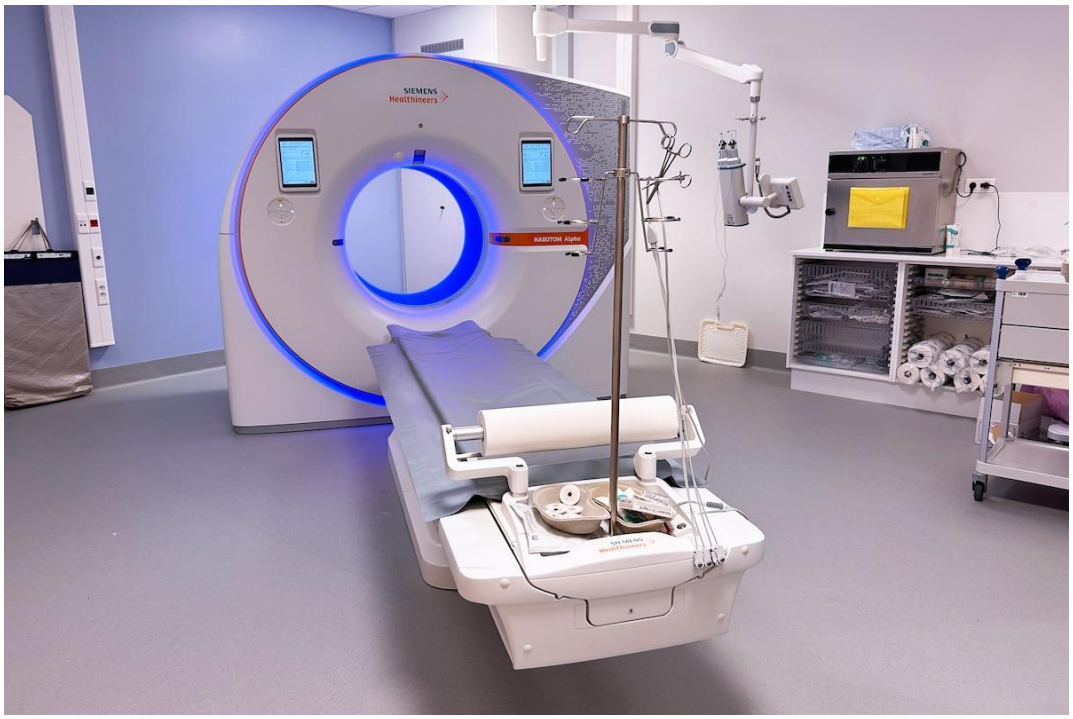


Figure 1.5: Un scanner révolutionnaire vient d'être installé au CHC MontLégia de Liège. ©dr *[13]*

Le principe de la tomodensitométrie repose sur l'atténuation des rayons X lorsqu'ils traversent les tissus biologiques du patient. Cette propriété d'un matériau à affaiblir le faisceau de rayons X est exprimée par le coefficient d'atténuation linéique (μ).

Chaque tissu biologique peut également être caractérisé par sa valeur en unités de Hounsfield (HU), définie par la relation suivante :

$$\boldsymbol{HU = 1000 \times \frac{(\mu t - \mu eau)}{\mu eau}} \qquad \textbf{(1.1)}$$

où **μt** représente le coefficient d'atténuation du tissu étudié, et **μeau** celui de l'eau, qui sert de référence. Ainsi, le calcul des unités de Hounsfield est basé sur l'absorption des rayons X par l'eau.

L'échelle de Hounsfield permet de coder les différents coefficients d'atténuation rencontrés dans le corps humain : air, tissus mous, os…

Elle s'étend approximativement de -1000 HU pour l'air jusqu'à environ +3000 HU pour les structures très denses comme l'os compact.[12]

Toutefois, les valeurs de HU sont proches et peuvent même se chevaucher pour certains tissus, ce qui rend la segmentation d'images plus délicate. Pour améliorer la visibilité des structures on utilise parfois des techniques de traitement d'image, comme le fenêtrage.

Dans la segmentation automatique par apprentissage profond, cette étape de fenêtrage fait partie du prétraitement des images.

Tableau 1.1 – Exemples de tissus et organes avec les valeurs HU correspondantes.

Matière	**Valeur HU**
Air	-1000
Poumon	-700 à -600
Gras	-120 à -90
Rein	20 à 45
Foie	55 à 65
Muscle	35 à 55
Os	300 à 1900

1.3.1.2 L'imagerie par résonance magnétique (IRM) :

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique d'imagerie médicale utilisée à des fins diagnostiques[14], qui repose sur les principes de la résonance magnétique nucléaire (RMN). Elle permet d'obtenir des images anatomiques dans plusieurs plans et donne également des informations sur la composition des tissus.

Cette méthode est devenue un outil indispensable en médecine, notamment en neurosciences cognitives, pour l'étude du cerveau. L'IRM, à la différence de la radiographie, de la tomodensitométrie ou de l'échographie, produit des images détaillées des différentes structures du corps grâce à l'action de champs magnétiques et d'ondes radio.

Les scanners IRM ont considérablement évolué depuis les années 1980.[14]

Un imageur est essentiellement composé de cinq éléments de base :

• L'aimant.

• Les génératrices d'onde radiofréquence (RF).

• Les récepteurs d'ondes.

• Les bobines de gradient.

• L'unité de traitement



Figure 1.6: l'imagerie par résonance magnétique IRM

L'aimant constitue le composant principal et le plus coûteux d'un imageur par résonance magnétique. Il génère un champ magnétique principal noté B0. Les bobines de gradients permettent de faire varier le champ B0 dans les directions X, Y et Z, ce qui est nécessaire pour localiser spatialement les signaux.

La bobine de radiofréquence (RF) produit un champ magnétique B1, nécessaire pour faire basculer les spins selon des angles de 90° à 180°. Elle assure également la réception des signaux émis lors de la relaxation des protons dans les tissus.

Lors de l'examen, le patient est placé à l'intérieur de l'aimant, tandis qu'un ordinateur contrôle le déplacement de la table d'examen et la reconstruction des images. Enfin, la salle d'IRM est entourée de matériaux de protection afin d'assurer la sécurité et d'éviter les interférences électromagnétiques.

a) Principe de l'IRM :

L'IRM repose sur les propriétés magnétiques des noyaux d'hydrogène présents dans le corps humain, en particulier dans l'eau. En présence d'un champ magnétique externe B0, les protons s'alignent partiellement avec ce champ et entrent en précession.[15]

Une légère majorité de protons s'oriente dans le sens du champ, ce qui crée une aimantation nette longitudinale M0. Cette aimantation est à l'origine du signal IRM utilisé pour la formation des images médicales.

b) **Pondération et séquences des images IRM :**

L'opérateur sélectionne les séquences IRM en fonction de paramètres d'acquisition qui influencent directement le contraste des images. Ces paramètres permettent de contrôler l'effet des propriétés tissulaires sur le signal recueilli.

Les paramètres principaux sont le temps de répétition (TR) et le temps d'écho (TE), qui modifient l'aspect des tissus sur l'image. Selon leur réglage, on obtient différents types de pondération, comme les images pondérées en T1, en T2 ou en densité de protons (ρ).[15]

c) Image pondérée en densité de protons (ρ)

Elle est obtenue avec un temps de répétition long (TR ≈ 2 s) et un temps d'écho court (TE ≈ 20 ms). Le contraste dépend principalement de la densité des noyaux d'hydrogène dans les tissus. Cette séquence permet de distinguer la substance blanche, la substance grise et le liquide céphalo-rachidien (LCR) en fonction de leur concentration en protons.

d) Images pondérées T2 :

Elles sont obtenues avec un TR long (≈ 2 s) et un TE long (≈ 90 ms). Le contraste dépend surtout de la teneur en eau des tissus. Les différences d'atténuation du signal sont dominantes, ce qui permet de mieux visualiser les structures riches en eau comme le LCR.

e) Images pondérées T1 :

Elles sont obtenues avec un TR court (≈ 600 ms) et un TE court (≈ 20 ms). Le contraste dépend principalement du temps de relaxation T1 des tissus. Ces images offrent une bonne définition anatomique et permettent de distinguer les tissus selon leur capacité de magnétisation, avec un bon contraste entre matière blanche, matière grise et LCR.

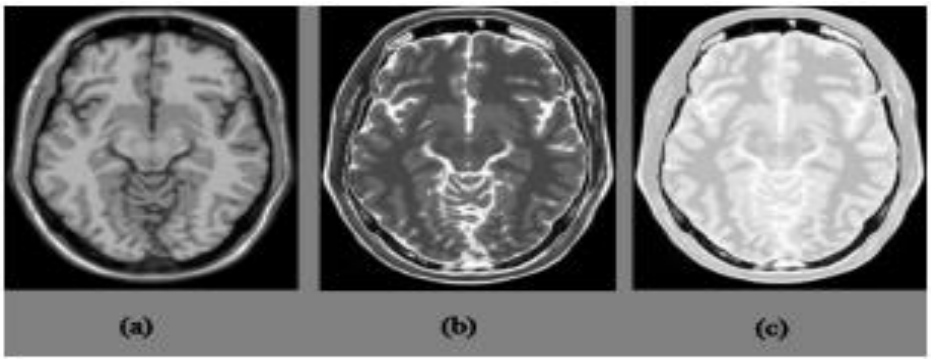


Figure 1.7: Différentes modalités d'images cérébrales IRM.

a) Pondération T1
b) Pondération T2
c) Pondération En Densité De Protons.

1.3.1.3 TEP-Scan :

Le PET-scan est une technique d'imagerie médicale qui permet d'étudier l'activité métabolique des tissus grâce à l'injection d'un produit radioactif à base de glucose. Il est principalement utilisé en cancérologie. [16]

Cet examen est complémentaire de la radiographie, de l'échographie, de l'IRM et du scanner. Il constitue un outil de diagnostic particulièrement performant, permettant un diagnostic précoce et précis du cancer.

Dans ce cadre, le PET-scan est un examen d'imagerie médicale de pointe intégré dans certaines structures de santé afin de fournir aux patients un service fiable et de qualité, grâce à des équipes de professionnels qualifiés.

Ce service est particulièrement complet puisque, outre la détection des cellules cancéreuses, cet équipement high-tech permet également de suivre leur évolution au cours du traitement, de mieux cibler les thérapies et d'en évaluer l'efficacité.

Ainsi, le PET-scan est principalement réalisé pour détecter et localiser des cellules cancéreuses, évaluer leur extension dans le corps, rechercher d'éventuelles métastases et surveiller la réponse au traitement.

a. **Détection des cellules cancéreuses**:

Le PET-scan (ou TEP, tomographie par émission de positons) permet de détecter les cellules cancéreuses grâce à un examen relativement rapide, d'une durée d'environ vingt minutes, avec une présence totale d'environ deux heures dans le service. Il débute par l'injection d'un radiotraceur fixé sur une molécule proche du glucose.

Une caméra spécifique, couplée à un scanner, suit ensuite la distribution de ce traceur dans l'organisme du patient. Les cellules utilisent le glucose comme source d'énergie pour leur développement. Les cellules cancéreuses, en raison de leur forte activité métabolique, consomment généralement beaucoup plus de glucose que les cellules normales. Cette surconsommation est mise en évidence par le PET-scan, qui permet ainsi de détecter les zones tumorales grâce à une accumulation plus importante du traceur.

1.4 Processus de planification du traitement en radiothérapie :

Depuis l'apparition de la radiothérapie en pratique clinique, les premières planifications de traitement reposaient sur des méthodes empiriques en raison du manque de moyens de calcul performants. L'évolution des technologies médicales et informatiques a permis d'importantes améliorations de la planification de traitement (TPS). L'apparition de l'imagerie médicale moderne (scanner CT, IRM et PET) a permis une description anatomique plus précise des patients. Par ailleurs, la puissance de calcul des ordinateurs s'est accrue, permettant le développement de planifications de traitement numériques plus précises, qui intègrent progressivement les hétérogénéités des tissus et améliorent la simulation des traitements.

1.4.1 Définition des volumes cibles et des organes à risque :

La définition des volumes cibles et des organes à risque constitue une étape préparatoire essentielle à l'irradiation. Concrètement, sur chacune des coupes issues du scanner réalisé lors de la simulation, les différentes structures sont délimitées avec précision, à savoir les volumes à traiter ainsi que les organes à protéger**,** Ce travail minutieux est la responsabilité du radiothérapeute.

1.4.1.1 Définition des volumes cibles :

Ces notions de volumes ont été données dans le rapport N°50 de l9ICRU, qui distingue :

a) **Volume tumoral macroscopique (GTV – *Gross Tumor Volume*):**

Il correspond à la tumeur visible ainsi qu'aux tissus envahis de manière macroscopique par des cellules cancéreuses.[8]

Ces lésions sont identifiables lors de l'examen clinique, endoscopique ou grâce aux techniques d'imagerie médicale (scanner, IRM, TEP).

b) **Volume cible clinique (CTV – *Clinical Target Volume*) :**

Le CTV inclut le GTV auquel s'ajoutent les tissus susceptibles de contenir une extension microscopique de la maladie, Il correspond donc au volume tumoral ou au lit tumoral (en cas de chirurgie), augmenté des zones à risque d'envahissement infra-clinique.[8]
Ces zones peuvent être continues (tissus de proximité) ou discontinues (aires ganglionnaires), et sont définies selon les connaissances biologiques et histologiques de chaque type de cancer.

c) Volume planifié (PTV – *Planning Target Volume*) :

Le PTV correspond au CTV augmenté d'une marge de sécurité. Cette marge permet de compenser :

- Les mouvements des organes (respiration, digestion),
- Les imprécisions de positionnement,
- Les variations liées à la reproductibilité du traitement.

Ainsi, le PTV garantit que la dose prescrite est correctement délivrée au CTV malgré ces incertitudes.

d) **Volume traité (TV – *Treated Volume*):**

Le volume traité résulte directement de la méthode d'irradiation employée. Il désigne la zone recevant une dose prescrite adéquate afin d'atteindre l'objectif thérapeutique.

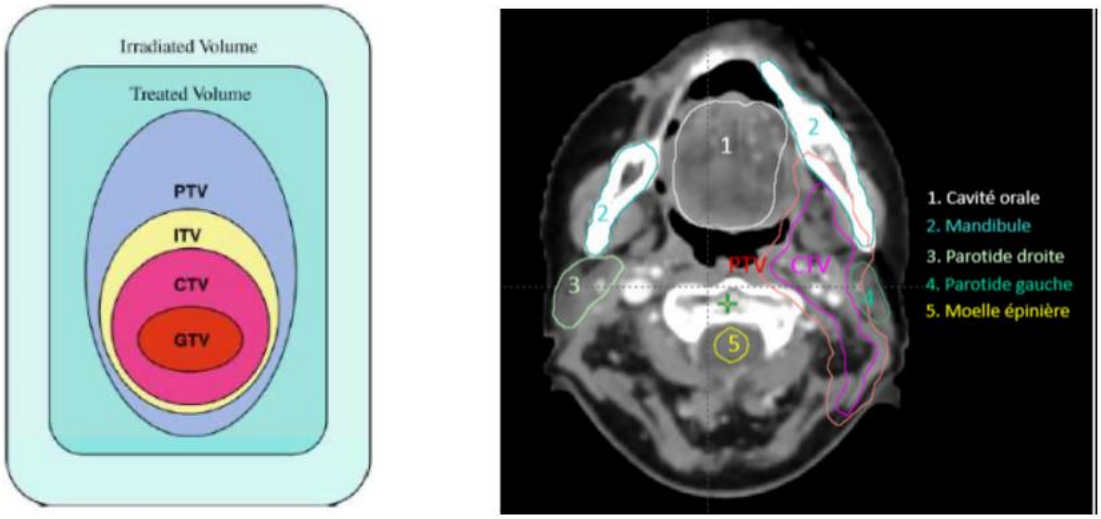
En radiothérapie externe, il est également possible que certaines zones périphériques reçoivent une fraction notable de la dose, bien qu'elles se trouvent en dehors du volume planifié.

e) **Volume irradié (IV – *Irradiated Volume*) :**

Le volume irradié correspond à l'ensemble des tissus recevant une dose donnée, souvent exprimée en pourcentage de la dose prescrite (par exemple 50 %). Il inclut donc des tissus non ciblés, mais exposés aux rayonnements, ce qui est important pour évaluer la tolérance des organes sains et les effets secondaires potentiels.

Par ailleurs, on distingue également :

- Le volume traité, recevant au moins 95 % de la dose prescrite,
- Le volume irradié, recevant une dose significative, généralement supérieure a 50 % de la dose prescrite.



(a) : Volumes cibles selon la terminologie ICRU

(b) : Délinéation des volumes cibles et OAR sur coupe axiale d'un CT ORL

Figure 1.8: Représentation des volumes de traitement et OAR

Du point de vue du physicien médical, le PTV constitue le volume de référence pour la planification du traitement, car il permet d'assurer une couverture adéquate du CTV malgré les incertitudes liées au positionnement et aux mouvements internes.

La figure(8. b) illustre une coupe axiale ORL mettant en évidence le PTV ainsi que certains organes à risque délimités par le médecin.

1.4.1.2 Définition des organes à risque (OAR – Organs At Risk):

Les organes à risque désignent les organes indemnes localisés à proximité immédiate de la tumeur, Il s'agit de tissus dont il est impératif de restreindre l'irradiation afin de minimiser les effets secondaires engendrés par la radiothérapie.[6]

Une vigilance accrue s'impose quant à la répartition de la dose au sein des organes à risque, en particulier en raison des gradients de dose marqués observés aux marges des volumes cibles.

En fonction de la gravité des complications potentielles, les organes à risque peuvent être répartis en trois catégories :

1. Morbidité sévère

Cette catégorie regroupe les organes dont l'atteinte peut entraîner une perte fonctionnelle totale ou des séquelles irréversibles graves.

Par exemple, une irradiation excessive de la moelle épinière peut provoquer une paraplégie.

2. **Morbidité modérée**

Elle concerne les organes dont la lésion entraîne une altération fonctionnelle importante, sans perte totale de fonction.

On peut citer les glandes salivaires, le cristallin ou encore certains organes digestifs.

3**. Morbidité transitoire**

Cette catégorie comprend les organes dont les lésions provoquent des effets secondaires mineurs ou temporaires, avec récupération fonctionnelle généralement rapide.

La peau et les muqueuses en constituent des exemples fréquents.

L'organisation architecturale des tissus joue également un rôle important dans la détermination du niveau de morbidité :

- une architecture dite **en parallèle** correspond généralement à des organes à morbidité faible ou modérée ;
- tandis qu'une architecture **en série** concerne des organes plus sensibles, pour lesquels une atteinte localisée peut entraîner une défaillance fonctionnelle majeure.

1.4.2 Exigences de l'acquisition des images de simulation scanographique :

Cette étape permet de récupérer les données anatomiques du patient à partir des images de tomodensitométrie (TDM) ou images CT de la zone à traiter. Ces données sont utilisées pour définir les différents volumes d'intérêt nécessaires à l'élaboration du plan de traitement, à savoir les volumes cibles et les organes à risque. [17]

Les images acquises permettent également la reconstruction d'images de référence appelées DRR (Digital Reconstructed Radiography). Ces dernières sont utilisées pour vérifier et valider le positionnement du patient au cours des différentes séances de traitement, afin d'assurer la précision de l'irradiation.

Actuellement, l'imagerie CT constitue l'examen de référence dans le cadre de la simulation virtuelle en radiothérapie, grâce à sa capacité à fournir des informations anatomiques détaillées et exploitables pour la planification dosimétrique.

Au moment de l'acquisition des images, le patient est placé dans une position confortable, stable et reproductible, celle qu'il aura également lors des séances de traitement. Divers dispositifs d'immobilisation et de contention (masques thermoformés, repose-têtes, coussins à vide…) sont utilisés afin de limiter les mouvements et assurer une bonne reproductibilité du positionnement. Enfin, des repères cutanés ou de petits tatouages sont réalisés sur la peau du patient afin de faciliter son repositionnement précis lors des séances de traitement ultérieures.

:



Figure 1.9: Scanner simulateur utilisée pour la simulation virtuelle

1.4.3 Délinéation des volumes cibles :

Au cours de cette phase cruciale de la planification dosimétrique, les volumes cibles ainsi que les organes à risque sont précisément délimités sur chaque coupe du scanner acquise lors de la simulation virtuelle antérieure [14]. Cette opération, dénommée contourage, représente une phase essentielle du processus de planification [4].

Ce travail, étendu et rigoureux, est habituellement effectué par le radiothérapeute, qui procède à l'examen détaillé des images tomodensitométriques section par section afin de déterminer avec exactitude les diverses structures anatomiques

Les volumes cibles sont déterminés conformément à la nomenclature établie par la Commission Internationale des Unités et Mesures de Rayonnement (ICRU), en particulier via les rapports ICRU

50, 62 et 83, qui identifient différents degrés de volumes. Le volume cible planifié (PTV) comprend spécifiquement une marge additionnelle visant à pallier les incertitudes associées aux déplacements du patient, aux variations de repositionnement ainsi qu'aux imprécisions mécaniques de l'accélérateur.

Les organes à risque (OAR) désignent les structures anatomiques indemnes localisées à proximité du volume cible, pour lesquelles la dose d'irradiation doit être rigoureusement restreinte afin de minimiser le risque de complications. Parmi les organes les plus couramment délimités figurent la moelle épinière, les poumons, le cœur, la vessie, le rectum, les glandes salivaires ainsi que le cristallin, en fonction de la localisation de la tumeur traitée.

Le contourage peut être optimisé par l'intégration d'autres modalités d'imagerie, telles que l'IRM ou le TEP-scan, fréquemment fusionnées avec le scanner de planification dans le but d'accroître la précision de la délimitation, en particulier pour les tumeurs dont les contours demeurent difficiles à identifier uniquement sur le scanner.

Par ailleurs, l'emploi croissant de logiciels de contourage automatique ou semi-automatique, fondés sur des atlas anatomiques ou sur l'intelligence artificielle, permet de faciliter et d'accélérer cette phase tout en diminuant la variabilité inter-opérateur, laquelle constitue l'une des principales sources d'incertitude dans ce procédé.

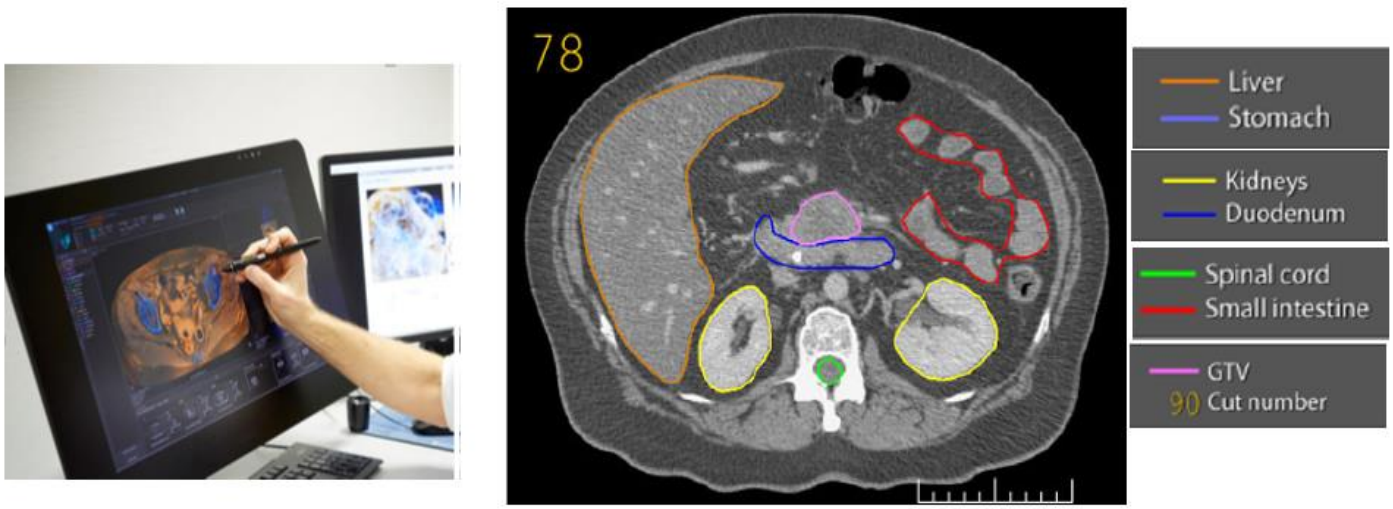


Figure 1.10: Exemple de contourage des volumes cibles et des organes `a risque sur une image CT de l'abdomen.

1.4.4 Planification dosimétrique du traitement :

À partir des images CT et d'imagerie par résonance magnétique (IRM), de la prescription médicale et de la délinéation des volumes cibles et des OAR, le physicien médical élabore le plan de traitement à l'aide d'un TPS[15], permettant de simuler l'interaction des faisceaux avec les tissus du patient. Cette étape permet de définir les paramètres techniques du traitement (nombre et orientation des faisceaux, énergie et modulation) en fonction des caractéristiques de la tumeur et des contraintes cliniques.

Le physicien optimise ensuite le plan afin de garantir une couverture adéquate et homogène du PTV tout en minimisant la dose aux organes à risque. Cette optimisation s'appuie sur des contraintes dosimétriques hiérarchisées selon leur importance clinique.

Enfin, la distribution de dose calculée par le TPS est évaluée à l'aide d'outils de visualisation adaptés., Les images CT acquises lors de la simulation virtuelle sont transférées vers le système de planification de traitement (TPS : Treatment Planning System).
Les TPS disposent de logiciels performants permettant de déterminer le plan de traitement optimal. Ce plan a pour objectif d'assurer une distribution homogène de la dose dans les volumes cibles, tout en protégeant au maximum les tissus sains, en s'appuyant sur les images CT déjà contournées.[15]

Le physicien médical réalise cette étape en définissant la balistique d'irradiation, notamment le nombre de faisceaux et leurs incidences. L'évaluation d'un plan de traitement repose sur l'analyse des histogrammes dose-volume (DVH : Dose-Volume Histograms), qui représentent graphiquement la répartition de la dose dans les différents volumes : GTV, CTV, PTV , Lorsque plusieurs plans offrent une couverture tumorale équivalente.

Alors de détecter d'éventuelles erreurs, le plan de traitement est ensuite analysé et validé conjointement par le radiothérapeute et le physicien médical. Enfin, les paramètres de traitement sont automatiquement enregistrés puis transmis au serveur du réseau reliant les appareils de traitement et les consoles de dosimétrie.

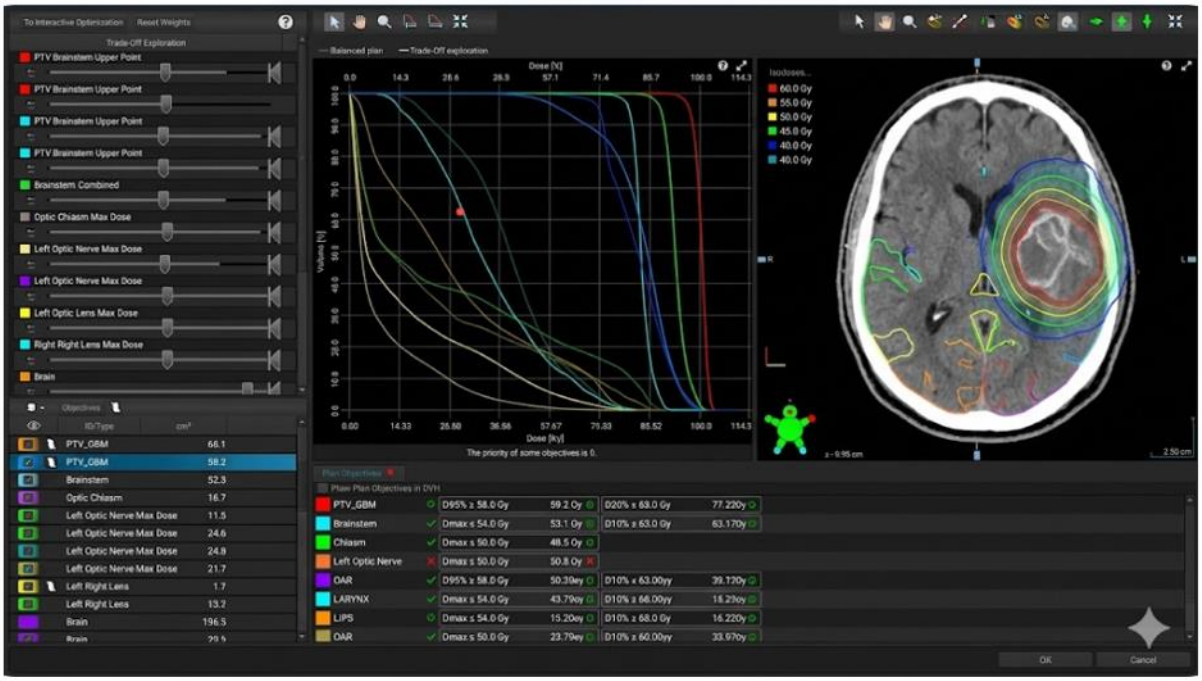


Figure 1.11: Exemple de TPS utilisée pour la planification du traitement en radiothérapie.

1.5 Conclusion du chapitre :

Ce chapitre a traité des bases de la radiothérapie en exposant ses principes fondamentaux ainsi que ses finalités thérapeutiques. Les différentes phases du processus de planification thérapeutique ont également été exposées, allant de la simulation virtuelle à la conception et à la validation du plan dosimétrique.

De plus, nous avons souligné l'importance cruciale de l'imagerie médicale en radiothérapie, en particulier pour la localisation exacte des tumeurs, la délimitation des volumes cibles et l'optimisation de la précision du traitement.

Ces connaissances forment un fondement essentiel à la compréhension des méthodes contemporaines de radiothérapie, en particulier celles mobilisant l'intelligence artificielle pour optimiser et automatiser certaines phases, notamment la délinéation des structures anatomiques, qui sera traitée dans le chapitre suivant.

Chapitre II : Apports de l'intelligence artificielle en radiothérapie

2.1 Introduction du chapitre :

L'intelligence artificielle connaît actuellement un essor considérable dans le domaine médical, en particulier dans celui de la radiothérapie, où un grand pas technologique vient d'être franchi. La radiothérapie est utilisée pour traiter divers types de cancers, en ciblant avec une extrême précision les cellules tumorales tout en brûlant/détruisant le moins possible de tissu sain ; dans ce contexte, le recours à l'intelligence artificielle semble donc être un moyen d'améliorer la qualité, la rapidité et l'efficacité des différentes étapes de la prise en charge.[18]

L'intelligence artificielle permet, grâce aux techniques d'apprentissage automatique et d'analyse d'images médicales, d'améliorer la planification des traitements, de détecter les volumes tumoraux, de déterminer les doses de rayonnement ou de suivre l'évolution des malades. Elle aide aussi le clinicien à faire son choix en réalisant des analyses précises et personnalisées.

En outre, l'application de l'intelligence artificielle en radiothérapie permet d'éliminer certaines erreurs humaines, d'automatiser de nombreuses tâches complexes, tout en améliorant la précision des traitements.[19] Ces progrès permettent donc de majorer les chances de succès de la thérapeutique et d'améliorer la qualité de vie des patients, grâce à l'utilisation possible d'un traitement radiothérapeutique plus efficace et plus individualisé.

Dans ce chapitre, on expose les principaux apports de l'intelligence artificielle en radiothérapie. Nous verrons ses applications, ses avantages, et les difficultés qu'elle pose lorsqu'elle est utilisée en pratique médicale.

2.2 État de l'art de l'intelligence artificielle en médecine:

2.2.1 Définition de l'intelligence artificielle :

En raison des implications philosophiques et scientifiques liées à la notion d'« *intelligence* », il n'existe pas de définition unique et universelle de l'intelligence artificielle (IA), Avec un côté multidimensionnel qui change selon les disciplines (informatique, neurosciences, philosophie, mathématiques). Dans le cadre de cette étude, nous nous appuyons ici sur une définition largement acceptée selon laquelle l'intelligence artificielle est un sous-domaine de l'informatique consacré à la conception de systèmes capables d'exécuter des tâches qui nécessitent en général l'intelligence humaine comme le raisonnement, l'apprentissage, la perception, la compréhension du langage naturel et la décision.

L'intelligence artificielle a pour but d'imiter plus ou moins fidèlement certaines capacités cognitives humaines pour ainsi automatiser des processus complexes et augmenter ainsi la performance d'un système informatique dans un champ d'application donné.

D'autre part, le machine learning fait partie des branches importantes de l'IA. Cela englobe une série de méthodes statistiques et algorithmiques basées pour que les systèmes informatiques apprennent en extrayant des informations de données, plutôt que d'être programmés spécialement pour chaque tâche. Ces méthodes fonctionnent sur la base de la découverte de régularités présentes dans les données, pour créer des modèles qui vont effectuer des prévisions ou des choix.

Enfin, le machine learning est un domaine comportant, de sa propre nature, plusieurs sous catégories, comme l'apprentissage supervisé, l'apprentissage non supervisé ou encore l'apprentissage par renforcement, qui se distinguent notamment par le type de données utilisées ou la façon dont le système engendre des connaissances.[20]

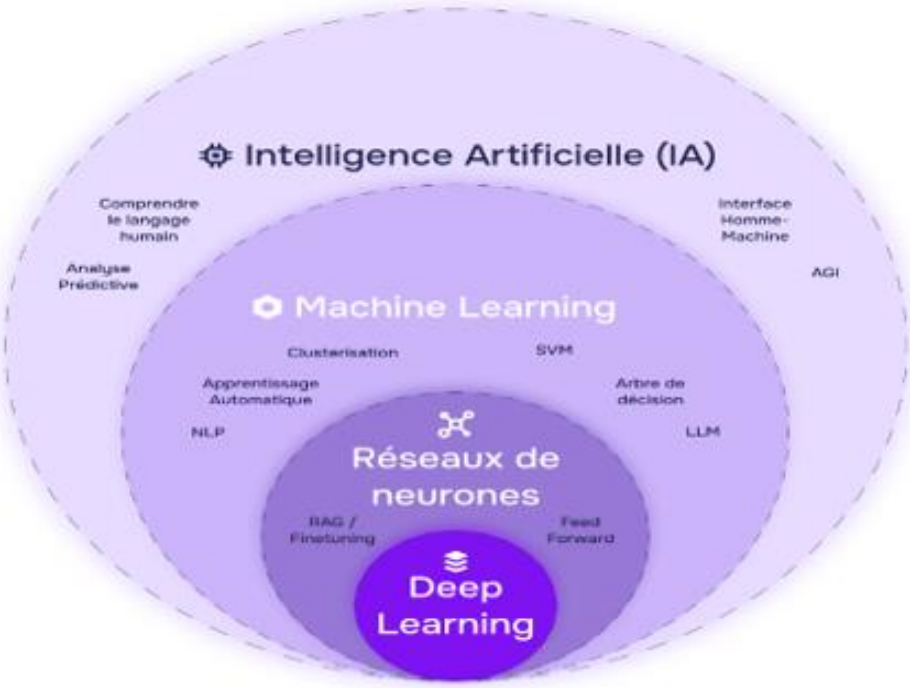


Figure 2.1 : Les Techniques de l'intelligence artificielle peuvent être classées selon différents niveaux

2.2.2 Évolution de l'intelligence artificielle dans le domaine médical :

Le concept d'intelligence artificielle date de l'après-guerre, dans les années 1950. C'est le mathématicien et informaticien britannique Alan Turing qui l'a rendu célèbre en proposant le « test de Turing », une manière de vérifier si une machine était capable de « penser » comme un être humain.

Les années qui suivent voient des chercheurs commencer à concevoir des programmes capables de résoudre des problèmes logiques et d'imiter certaines fonctions du cerveau humain, marquant ainsi les débuts de l'IA.

Nous allons examiner ci-dessous les différentes périodes de l'évolution de l'intelligence artificielle :

1950–1970 =► Période de fondation : Cette période correspond aux débuts de l'intelligence artificielle. Les recherches portent sur la création de systèmes capables de simuler certaines fonctions humaines et sur la numérisation des données médicales, posant ainsi les bases de l'IA en médecine.[21]

1970–2000 =► Période des systèmes experts : Cette phase est marquée par un ralentissement du développement de l'IA, malgré l'apparition de systèmes experts comme MYCIN et DXplain. Ces outils ont permis d'aider au diagnostic médical en utilisant des règles informatiques.

2000–2020 =► Période de renouveau : Grâce à l'augmentation des données et de la puissance de calcul, le machine learning et le deep learning se développent fortement. L'IA commence à être utilisée pour l'analyse des images médicales et l'aide au diagnostic.

2020 et au-delà =► Période contemporaine : L'intelligence artificielle est aujourd'hui intégrée dans la pratique médicale quotidienne. Elle améliore le diagnostic, permet la prédiction des maladies et contribue à la médecine personnalisée et connectée.[21]

Tendances de l'intelligence artificielle en médecine qui apparaîtront en 2026[22] **:**

L'intelligence artificielle a trouvé un nouvel allié dans le domaine médical. Comme l'indique un récent rapport de la société McKinsey, 85 % des responsables du secteur médical ont déjà commencé à adopter cette technologie, et beaucoup l'ont déjà mise en œuvre de manière concrète. Cela confirme que les tendances actuelles de l'intelligence artificielle en médecine orientent le secteur vers des plateformes modulaires (Modular Platforms) permettant l'échange de données, l'automatisation des processus, ainsi que l'optimisation du diagnostic et du traitement.

Pour cette raison, l'intelligence artificielle en médecine peut devenir un choix stratégique permettant de renforcer la flexibilité, d'améliorer les processus, de réduire les délais et d'élever la qualité des soins de santé fournis aux patients.

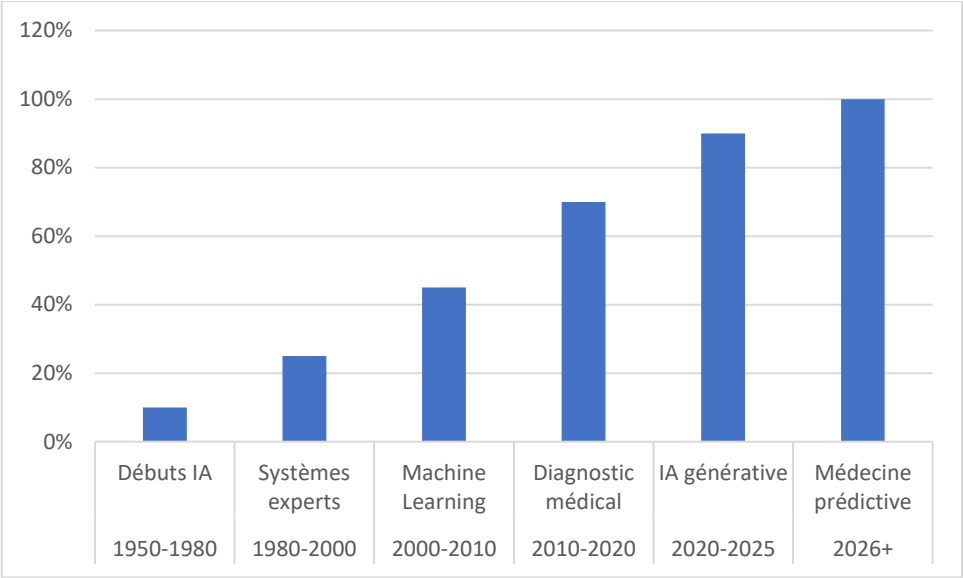


Figure 2.2 : évolution d'intelligence artificielle dans le domaine médicale

Cette évolution montre un développement progressif de l'intelligence artificielle médicale : de 1950 à 1980, elle était expérimentale ; de 1980 à 2000, les systèmes experts ont aidé au diagnostic ; à partir de 2000, le machine learning et les données numériques ont accéléré son évolution ; de 2010 à 2020, elle s'est intégrée à l'imagerie médicale et aux applications cliniques ; depuis 2020, l'IA générative améliore la gestion hospitalière ; enfin, à partir de 2026, elle devrait renforcer la médecine prédictive et personnalisée.[22]

Cette évolution montre un développement progressif de l'intelligence artificielle médicale : de 1950 à 1980, elle était expérimentale ; de 1980 à 2000, les systèmes experts ont aidé au diagnostic ; à partir de 2000, le machine learning et les données numériques ont accéléré son évolution ; de 2010 à 2020, elle s'est intégrée à l'imagerie médicale et aux applications cliniques,

Depuis 2020 l'IA générative améliore la gestion hospitalière ; enfin, à partir de 2026, elle devrait renforcer la médecine prédictive et personnalisée.

2.3 Méthodes d'apprentissage et réseaux de neurones pour l'analyse d'images médicales :

2.3.1 Méthodes d'apprentissage automatique :

2.3.1.1 L'apprentissage automatique (Machine Learning) :

Le Machine Learning est une subdivision de l'Intelligence Artificielle focalisée sur la création d'algorithmes aptes à « apprendre » à partir des données d'entraînement pour effectuer des prédictions ou prendre des décisions basées sur des données inédites. Le machine learning est aujourd'hui au cœur du domaine de l'intelligence artificielle. aptitude à identifier des motifs et des connexions dans les données permet aux modèles d'apprentissage automatique de réaliser des déductions sans être spécifiquement codés pour chaque mission.

Le machine learning joue aujourd'hui un rôle crucial dans le secteur de l'intelligence artificielle. Le concept fondamental du machine learning est l'entraînement d'un modèle à partir de données représentatives d'une problématique donnée, est à la base de plusieurs systèmes contemporains, comme les modèles prédictifs, les véhicules autonomes, les grands modèles de langage (LLM) et les outils d'intelligence artificielle générative.

Durant ce processus, désigné sous le terme d'entraînement du modèle, l'algorithme affine de manière progressive ses performances dans le mais de généraliser ses acquis et de générer des prédictions exactes sur des données inédites en conditions réelles. Le machine learning se base essentiellement sur l'apprentissage d'un modèle à partir d'un lot de données illustrant un problème spécifique. Durant cette procédure, connue sous le nom de formation du modèle, l'algorithme améliore progressivement ses performances pour être capable de généraliser ce qu'il a appris et générer des prédictions exactes sur des données inédites en conditions réelles.

Le Machine Learning permet aux modèles d'apprendre à partir des données afin qu'ils puissent généraliser leurs performances à des situations réelles, lors d'un processus d'inférence qui suit la phase d'entraînement. Le Deep Learning est un domaine clé qui s'appuie sur des réseaux de neurones artificiels pour traiter des données complexes, profitant ainsi du développement du Big Data et des GPU. Le machine learning, également lié à la science des données, automatise l'analyse des données et réalise des tâches sans intervention humaine. Le terme a été rendu populaire par les travaux d'Arthur L. Samuel en 1959.

2.3.1.2 Différents types de Machine Learning :

Il existe plusieurs méthodes de Machine Learning, généralement classées en trois principaux paradigmes d'apprentissage : l'apprentissage supervisé, l'apprentissage non supervisé et l'apprentissage par renforcement :

2.3.1.2.1 Apprentissage supervisé

L'apprentissage supervisé est une technique du machine learning qui consiste à entraîner un modèle à partir de données étiquetées, c'est-à-dire à partir d'exemples munis de leurs sorties ou classes cibles connues[23]. L'idée principale est d'apprendre une relation entre les variables d'entrée et les sorties, afin que le modèle puisse généraliser et prédire avec précision les résultats sur de nouvelles données non annotées.

Alors la tâche peut être de type classification ou régression. La classification consiste à affecter une donnée à une liste de classes déjà définies. Elle est régulièrement divisée en classification binaire (ici, les données sont classées soit dans l'une des deux classes ou dans l'autre classe, par exemple tumeur bénigne ou tumeur maligne) et en classification multi-classes (ici, une donnée appartient à l'une parmi plusieurs classes d'appartenance possibles, par exemple classification des images endoscopiques[23]). Quant à la régression, elle permet quant à elle de prédire une valeur continue en modélisant une fonction mathématique qui correspond au mieux à la relation reliant les variables, ce qui existe par exemple en prédiction de dose en radiothérapie. Les méthodes les plus employées pour l'apprentissage supervisé sont le Deep Learning et les réseaux de neurones. En imagerie médicale, les réseaux de neurones convolutifs (CNN) se révèlent très efficaces pour l'extraction automatique de caractéristiques des images, en particulier dans les tâches de classification et de segmentation.[24]

2.3.1.2.2 Apprentissage non supervisé :

L'apprentissage non supervisé constitue une approche du machine learning reposant sur l'exploitation de données non annotées, c'est-à-dire sans connaissance préalable des résultats ou des classes. En apprentissage non supervisé, l'algorithme ne bénéficie pas de réponses correctes pour guider son entraînement, contrairement à l'apprentissage supervisé[23].[25]. Il convient, en outre, qu'il acquière la capacité d'identifier de manière autonome les structures, les modèles ainsi que les relations sous-jacentes aux données, par l'analyse de leurs similarités et divergences. Cette méthode permet de regrouper automatiquement les données partageant des caractéristiques similaires et peut occasionnellement faire émerger des informations difficiles à obtenir par observation directe. L'instrument méthodologique prédominant dans ce champ est le (clustering) (regroupement), qui vise à segmenter un ensemble de données en divers groupes, désignés sous le

terme de (clusters),[25] ces derniers étant constitués de manière à ce que les données appartenant au même groupe présentent une similitude plus marquée entre elles qu'avec celles des autres groupes. L'apprentissage non supervisé autorise ainsi l'organisation et la structuration automatique et pertinente des données

2.3.1.2.3 l'apprentissage par renforcement (RL) :

Est une méthode de machine learning dans laquelle un agent autonome apprend à prendre des décisions par interaction avec un environnement. Cet agent, capable d'agir et de réagir sans intervention directe de l'homme, progresse peu à peu par un processus d'essai-erreur fondé sur les rétroactions de son environnement. Tout lui est mis à sa disposition pour qu'il essaie de faire des actions nouvelles, qu'il en constate les résultats et qu'il corrige son comportement par rapport à ce qui peut lui donner le meilleur résultat avec la meilleure systématique possible. Cette méthode d'apprentissage est particulièrement adaptée aux problèmes de décision séquentielle dans des milieux incertains. Elle sert dans plusieurs secteurs : robotique, véhicules autonomes ou médecine de l'image. Il s'avère utile dans ce dernier domaine pour des tâches comme la détection de lésions et l'identification d'organes et structures anatomiques.

2.3.2 Réseaux de neurones artificiels :

Les réseaux de Les neurones artificiels s'inspirent largement de la structure et du fonctionnement des neurones biologiques. Un neurone biologique correspond à une cellule nerveuse représentant l'unité fonctionnelle fondamentale du système nerveux. Les neurones échangent des informations par la transmission d'impulsions.

Les phénomènes électrochimiques se transmettent d'une cellule à l'autre via les synapses. Un neurone biologique se défini par les caractéristiques illustrées à (la figure2,3)

- **La synapse** : le site de jonction avec les autres neurones.
- **l'axone** : le site d'émission.
- **le noyau** : qui déclenche les sorties en fonction des stimulations reçues en entrée.
- **les dendrites** : les sites d'entrée du neurone.
- **Corps cellulaire (ou le noyau)** : qui déclenche les sorties en fonction des stimulations reçues en entrée.

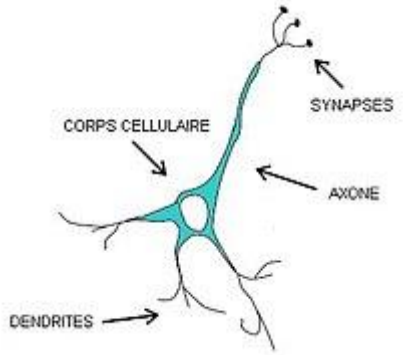


Figure 2. 3 : Schéma illustratif d'un neurone biologique

De manière similaire, les réseaux de neurones artificiels sont généralement constitués de trois types de couches (voir figure 2,3) : une couche d'entrée, une ou plusieurs couches cachées, et une couche

de sortie. La couche d'entrée est composée de neurones correspondant aux caractéristiques des données initiales. Par exemple, dans le cas de la segmentation d'images CT, elle reçoit les images CT ainsi que les masques associés. La couche de sortie, quant à elle, fournit les résultats issus de la tâche réalisée par le réseau, à savoir dans cet exemple les images CT segmentées. Entre ces deux extrémités, les couches cachées regroupent les neurones intermédiaires qui assurent le traitement des informations. Lorsqu'un réseau comporte plusieurs couches cachées, il est qualifié de réseau de neurones profond.

Le perceptron, introduit en 1957 par Rosenblatt, constitue le modèle le plus simple de réseau de neurones. Il s'agit d'un algorithme d'apprentissage supervisé utilisé pour la classification binaire. Il possède plusieurs entrées et une seule sortie. Le perceptron peut être à une seule couche ou multicouche. À chaque entrée est associé un poids, et une fonction d'activation est appliquée à la somme pondérée des entrées afin de produire la sortie du modèle.

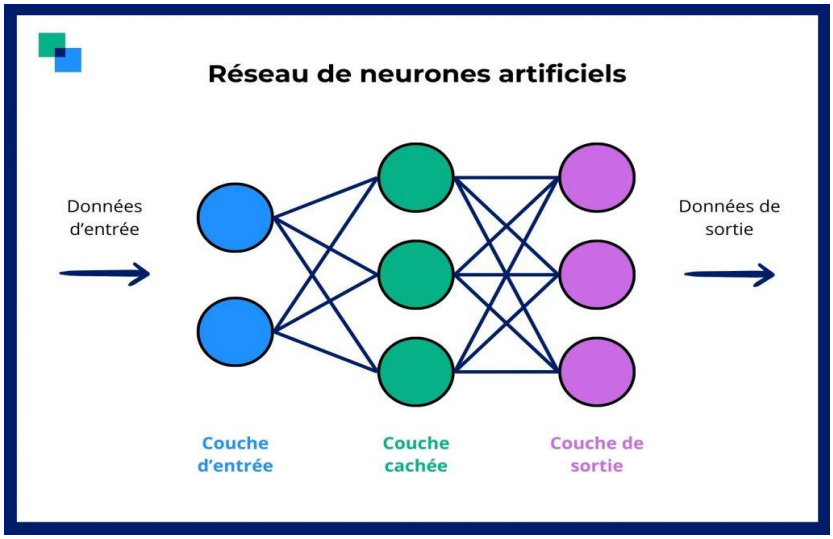


Figure 2.4: schématique d'un réseau de neurones artificiels

2.3.2.1 Apprentissage profond (Deep Learning) :

L'apprentissage profond (« deep learning ») constitue une branche avancée de l'apprentissage automatique qui a connu un essor remarquable dans le domaine de l'intelligence artificielle au cours des dernières années. Cette technologie permet aux systèmes informatiques d'analyser de vastes quantités de données afin d'identifier des modèles complexes et de produire des prédictions ou des décisions avec une grande précision.

Dans le cadre de l'apprentissage automatique, un programme informatique exploite un ensemble de données pour extraire des règles et des relations capables d'être appliquées à de

nouvelles informations. L'apprentissage profond se distingue par l'utilisation de « réseaux de neurones artificiels », inspirés du fonctionnement du cerveau humain. Ces réseaux sont constitués de milliers de neurones artificiels organisés en plusieurs couches successives, chaque couche réalisant des opérations simples dont les résultats sont transmis à la couche suivante

Dans le domaine de la reconnaissance visuelle, par exemple, les premières couches détectent des éléments élémentaires tels que les lignes, les courbes ou les angles, tandis que les couches plus profondes identifient progressivement des formes complexes, des objets et même des contextes entiers. Cette architecture hiérarchique permet ainsi aux systèmes d'apprentissage profond d'atteindre des performances très élevées dans l'analyse d'images médicales, la reconnaissance vocale ou encore le traitement du langage naturel.

Les avancées considérables du deep learning ont été rendues possibles grâce à l'augmentation de la puissance de calcul des ordinateurs, notamment avec l'utilisation des processeurs graphiques (**GPU**), ainsi qu'au développement des mégadonnées (**big data**), qui fournissent aux algorithmes des volumes massifs d'informations nécessaires à leur entraînement et à l'amélioration de leur précision.

2.3.2.2 Architecture des réseaux :

2.3.2.2.1 Réseaux de déconvolution (DNN) - Reconstruction et amélioration d'images :

Les réseaux de neurones profonds (DNN) basés sur des couches de déconvolution démontrent fréquemment une aptitude remarquable à reconstituer des images[26], ce qui donne lieu à des résultats précieux pour des domaines tels que l'amélioration d'images ou la vision par ordinateur. Un réseau de neurones profonds (DNN) peut ainsi améliorer la résolution d'une vieille vidéo de surveillance, pour faciliter l'identification d'un suspect.

2.3.2.2.2 Réseaux de neurones récurrents (RNN) – Traitement des séquences

Les réseaux de neurones récurrents (RNN) sont parfaitement adaptés au traitement de données séquentielles comme le texte, la parole ou les séries temporelles.

Les réseaux de neurones récurrents disposent d'une mémoire des données antérieures, ce qui leur permet de prendre en compte le contexte, chose que les réseaux classiques ne sont pas capables de faire. Ces outils sont très utiles, par exemple pour la traduction automatique, la reconnaissance de la voix ou la prédiction du mot suivant dans un texte.[26]

2.3.2.2.3 Réseaux FeedForward – Modèles fondamentaux de classification

La forme la plus simple de réseau de neurones est le réseau « FeedForward ». Les informations y circulent dans un seul sens, de la couche d'entrée à la couche de sortie, sans boucle ni mémoire.

On les emploie classiquement pour des tâches simples de classification, comme la catégorisation de courriels dans différentes classes (spam, important, urgent, etc.), ou la classification de données structurée

2.3.2.2.4 Réseaux LSTM – Mémoire à long terme et dépendances temporelles:

Les réseaux LSTM (Long Short-Term Memory) constituent une version avancée des RNN, créée pour pallier le problème de la perte d'information dans les longues séquences. Grâce à leur mémoire interne, elles peuvent conserver des informations à long terme et détecter des dépendances complexes. Ils sont particulièrement bons pour les tâches de traitement du langage naturel, d'analyse de séries temporelles et de prévision de tendances, comme les variations des marchés financiers.[27].

2.3.2.2.5 Réseaux de neurones convolutionnels (CNN) :

Les réseaux de neurones convolutionnels (CNN) sont spécialisés dans le traitement d'images. Ils sont très bons pour la reconnaissance et la classification d'images, et peuvent repérer des motifs et des caractéristiques dans les photos.[27]

2.3.2.3 Réseaux convolutionnels pour l'imagerie médicale :

Les réseaux de neurones convolutifs (CNN) sont une structure avancée de réseaux de neurones artificiels, spécifiquement élaborée pour l'analyse et la manipulation des données représentées sous forme d'images. À l'inverse des réseaux de neurones traditionnels totalement connectés, les CNN tirent parti de la structure spatiale des images pour extraire automatiquement les caractéristiques appropriées à divers niveaux d'abstraction.

L'architecture d'un réseau convolutif est principalement basée sur la succession de plusieurs types de couches spécialisées. Les canapés convolutifs constituent le cœur du réseau. Elleś On appliqué à l'image d'entrée des filtres (ou noyaux de convolution) qui permettent de détecter les différentes caractéristiques locales telles que les contours, les textures ou les structures morphologiques. L'opération permet de générer des cartes de caractéristiques (feature maps) qui représentent les informations discriminantes extraites de l'image.

Ces couches sont généralement combinées avec des couches de pooling, qui visent à réduire de façon progressive la dimension spatiale des cartes de caractéristiques tout en conservant les informations les plus importantes. Cette opération aide à réduire la complexité du modèle et à augmenter sa robustesse vis-à-vis des changements dans l'espace des données.

Les réseaux convolutifs comprennent également fréquemment des couches de type « flatten », qui transforment les représentations multidimensionnelles obtenues à la sortie des couches

convolutives en vecteurs unidimensionnels. Ces vecteurs sont ensuite traités par des canapés complètement connectés (Fully Connected complètement connectés) afin de réaliser des tâches de classification, de détection ou de segmentation. Dans une même couche convolutive, on peut appliquer plusieurs filtres en même temps pour faire ressortir différentes caractéristiques de l'image. Chaque filtre est spécialisé pour détecter un motif particulier, ce qui permet au réseau d'apprendre une représentation hiérarchique des données visuelles. Les premières couches détectées en général des caractéristiques simples, de bas niveau (contours, dégradés,…) les couches profondes, vont observer les relations plus complexes et abstraites.

Ces architectures sont essentielles dans le domaine de l'imagerie médicale et de la radiothérapie, où elles permettent d'extraire automatiquement des caractéristiques pertinentes à partir d'images volumétriques comme les scanners CT ou les IRM. Les données obtenues peuvent être comparées aux descripteurs caractérisant des *analyses en radiomique* pour permettre ensuite une analyse avancée et quantitative des images médicales. Grâce à cette capacité d'apprentissage automatique des représentations visuelles, les CNN constituent un outil particulièrement puissant pour la segmentation automatique des volumes cibles et des organes à risque, améliorant ainsi la précision et la reproductibilité de la planification du traitement en radiothérapie.

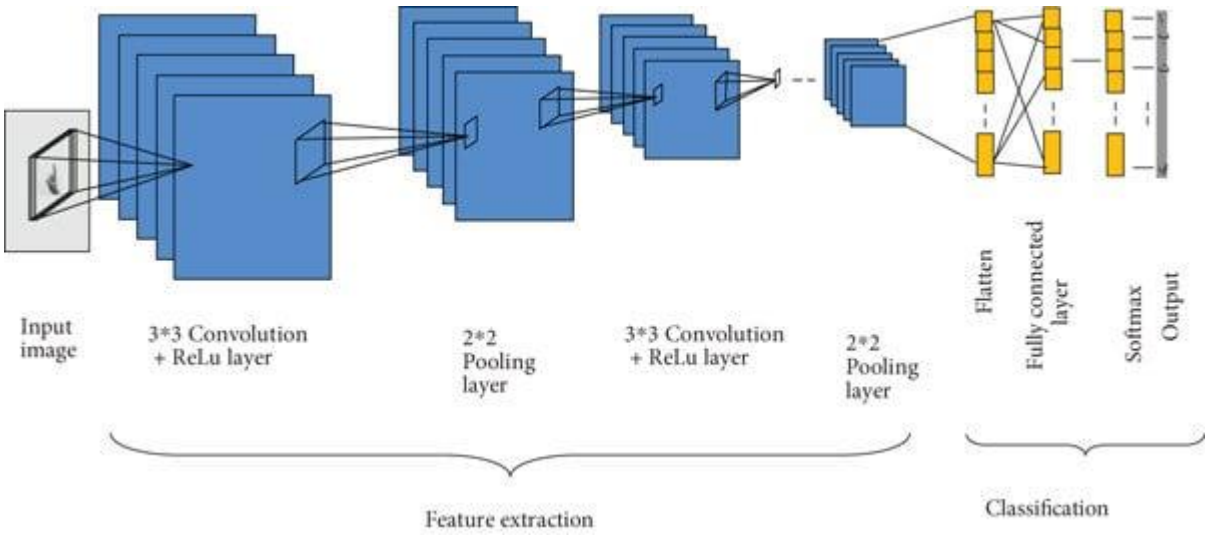


Figure 2.5 : Architecture générale d'un réseau de neurones convolutif (CNN)

2.4 Segmentation d'images médicales par intelligence artificielle et applications en radiothérapie :

La segmentation d'image consiste à identifier, au sein d'une image médicale, les régions présentant des caractéristiques similaires selon un critère défini. Dans le domaine de la radiothérapie, cette étape joue un rôle essentiel dans la délimitation des volumes cibles et des organes à risque.

Les méthodes basées sur l'intelligence artificielle permettent d'améliorer la précision de cette segmentation en apprenant automatiquement les caractéristiques des tissus à partir des données. Par ailleurs, les algorithmes flous considèrent l'incertitude et l'imprécision lors de la séparation des différentes régions, en optimisant une fonction de coût et en attribuant à chaque pixel un degré d'appartenance à chaque classe considérée.

2.4.1 Segmentation d'images médicales par intelligence artificielle :

La segmentation assistée par **intelligence artificielle** soutient la médecine personnalisée en permettant la délimitation précise des tumeurs, lésions ou structures anatomiques. Les informations spatiales détaillées extraites par les modèles IA permettent aux médecins d'adapter les traitements avec plus de précision, d'optimiser la planification chirurgicale et de réduire les dommages potentiels aux tissus sains environnants.

2.4.1.1 Définition de la segmentation d'images médicales :

La vision par ordinateur est une branche de l'intelligence artificielle qui consiste à analyser,[28] traiter et comprendre une ou plusieurs images à l'aide d'une machine. Elle englobe les technologies du traitement automatique d'images.

Le traitement d'images regroupe l'ensemble des méthodes et techniques appliquées aux images afin d'en extraire les différentes informations qu'elles contiennent et d'obtenir une description symbolique de haut niveau permettant une meilleure interprétation de leur contenu.

Dans le domaine médical, le traitement des images joue un rôle essentiel dans l'analyse des examens tels que l'IRM, le scanner (CT), l'échographie et la radiographie. Il permet notamment de détecter, localiser et analyser les structures anatomiques ou les anomalies présentes dans les images médicales.

Le processus de traitement d'image comporte généralement quatre étapes principales permettant d'assurer l'analyse des images :

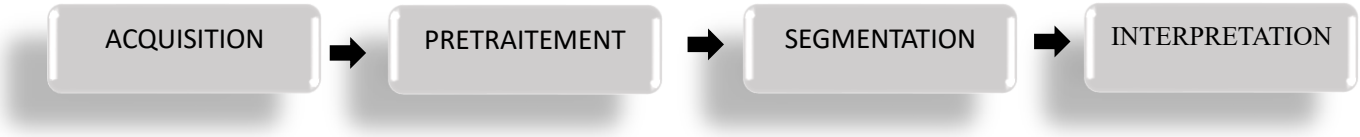


Figure 2.6 : Processus de traitement d'images

2.4.1.2 Types de segmentation :

Il existe plusieurs types de segmentation des images médicales :

2.4.1.2.1 La segmentation manuelle :

La segmentation manuelle dépend principalement du niveau de formation et de l'expérience du radiologue, puisqu'elle repose sur l'interprétation des données provenant des images IRM multimodales, notamment les séquences T1, T2 ou PD, ainsi que sur les connaissances anatomiques et physiologiques du praticien.

Cette méthode repose en général sur la délimitation des régions d'intérêt pour chaque tranche, ce qui exige une grande minutie, un temps conséquent et une concentration soutenue. Par ailleurs, même si un seul opérateur réalise les examens, il est difficile d'obtenir des résultats strictement reproductibles, du fait de la subjectivité liée à l'interprétation des images médicales. La segmentation manuelle est souvent utilisée comme référence dans les études cliniques longitudinales, multimodales et impliquant plusieurs institutions, afin d'évaluer la performance des techniques de segmentation semi-automatisées ou automatisées.

2.4.1.2.2 Segmentation automatique classique :

Auto-segmentation basée **sur l'atlas (ABAS)** La segmentation automatique basée sur l'atlas,[29] utilise un atlas constitué d'images contourées de patients (images + contours). Il s'agit soit d'un groupe d'images de référence, de patients déjà contourés dans un centre donné pour obtenir un atlas moyen, similaire au nouveau patient, C'est-à-dire de choisir dans une collection d'images, l'atlas moyen se rapprochant le plus du patient. Ou bien un logiciel fournit un modèle applicable pré-entraîné sur des images de patients et vérifié par des spécialistes. A partir de cet atlas sélectionné d'un patient similaire, l'algorithme **ABAS** fait correspondre l'atlas moyen avec l'imagerie du patient, pour générer les contours du nouveau patient. Cela consiste à faire

correspondre anatomiquement les voxels entre le scanner de l'atlas et le scanner du patient, pour transposer les contours de référence sur le nouveau patient, à l'aide d'un champ vectoriel de déformation (**figure2.7).**

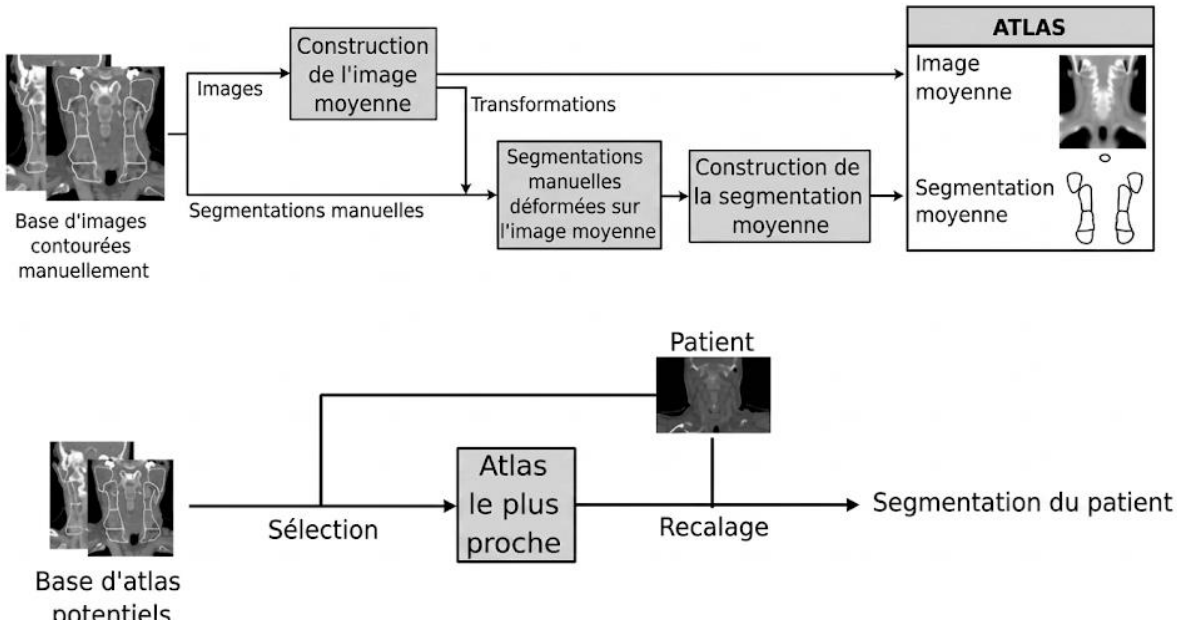


Figure 2.7 : Représentation d'un algorithme de segmentation automatique basée sur des atlas

Cette méthode de segmentation est la plus commercialisé, principalement dédié au cancer de la tête et du cou. Elle offre un gain de temps important, cependant elle nécessite également une correction manuelle de vérification. Ce modèle d'algorithme prometteur va se développer pour toutes les localisations de cancer.[29]

La segmentation automatique des volumes peut servir d'outil pour la radiothérapie adaptative. L'étude des volumes segmentés et de l'histogramme dose-volume (***HDV***) peut déterminer la nécessité d'une replanification. Cela peut être une planification Off-line (nouveau scanner de simulation virtuelle) ou bien une planification On-line (sur la table du traitement).

2.4.1.2.3 Segmentation automatique par l'intelligence artificielle :

Segmentation basée sur l'intelligence artificielle repose sur des techniques avancées, notamment l'apprentissage profond (**Deep Learning**), qui constitue une branche majeure de l'intelligence artificielle. Cette approche consiste à entraîner des réseaux de neurones afin d'accomplir des tâches spécifiques avec un haut niveau de précision. Ces dernières années, les progrès réalisés dans ce domaine ont été largement favorisés par la disponibilité de grandes

quantités de données (**Big Data**), permettant ainsi d'améliorer considérablement les performances des modèles.

Grâce à la possibilité d'exploiter des ordinateurs puissants dotés de processeurs graphiques (**GPU)** performants, le domaine de l'intelligence artificielle connaît une croissance rapide dans de nombreux secteurs, en particulier dans celui de l'imagerie médicale. En effet, divers outils basés sur l'IA ont été développés pour répondre à plusieurs besoins, tels que la classification d'images, la détection d'objets, l'analyse d'images médicales et la segmentation automatique. Les résultats obtenus par ces approches se sont révélés particulièrement prometteurs.

2.4.1.2.3.1 Modèles de segmentation utilisés pour cette étude (3D U-Net) :

Dans cette étude, nous avons utilisé le modèle U-Net, ainsi que sa variante avancée 3D U-Net, spécialement adaptée à la segmentation des images médicales volumétriques telles que les IRM et les scanners CT. Ce modèle permet une segmentation précise des structures anatomiques grâce à son architecture encodeur-décodeur et ses convolutions 3D.

A. U-Net :

Les U-Net représentent une avancée importante dans les réseaux de neurones convolutionnels (CNN)[10], spécialement conçus pour la segmentation d'images. Ils permettent d'identifier et délimiter avec précision des régions spécifiques dans une image (figure 2.6).

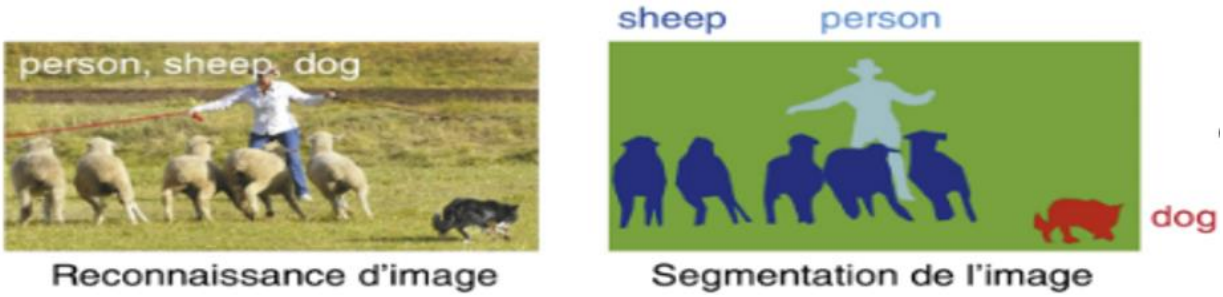


figure 2.8 : Principe de la segmentation d'une image (droite). La reconnaissance d'image identifie les éléments présents sans les localiser (gauche)[30]

L'architecture des U-Net, de forme en U, repose sur deux étapes principales : une partie contractante et une partie expansive (figure 2.7). Le premier réduit progressivement les dimensions de l'image tout en conservant les caractéristiques essentielles, tandis que la seconde effectue un suréchantillonnage (***upsampling***) afin d'agrandir les cartes de caractéristiques et d'améliorer la reconstruction des informations spatiales (figure 2.8), non pas pour reproduire l'image initiale, mais pour affiner la segmentation.

Une caractéristique essentielle des U-Net est l'utilisation de "***skip connections***"[10] entre les couches correspondantes des deux parties. Ces connexions permettent de préserver les informations spatiales et d'améliorer la précision de la segmentation.

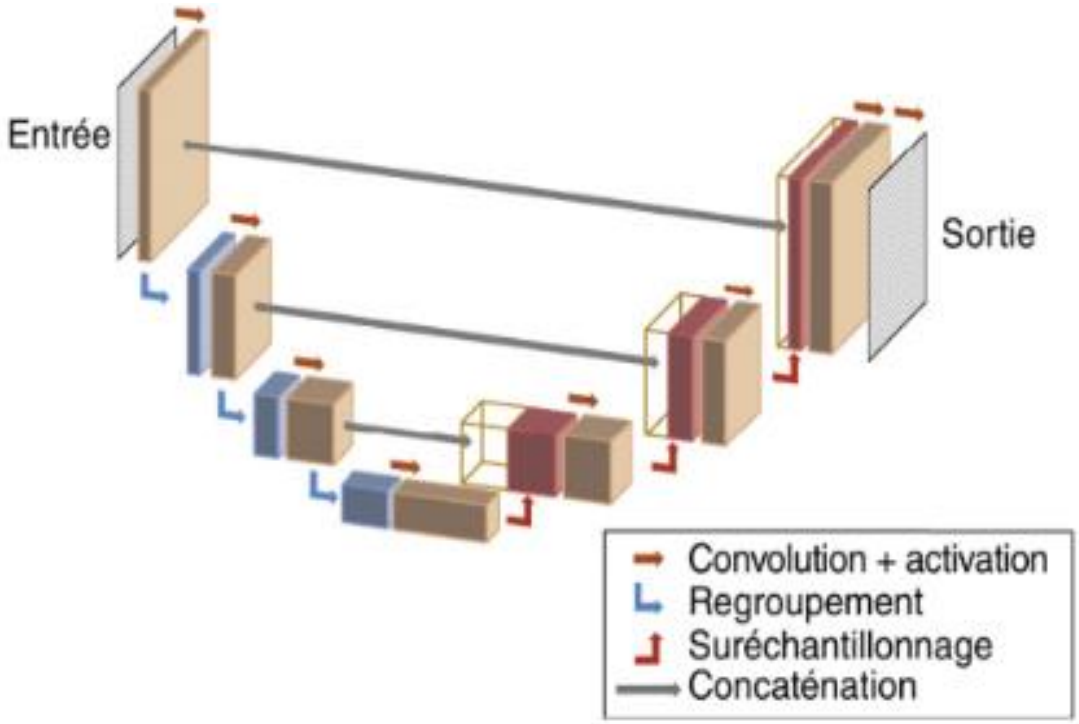


Figure 2.9. Illustration d'un U-Net.[30]

La largeur et la hauteur des éléments en 3D représentent les dimensions de l'image, La profondeur représente le nombre de cartes de caractéristiques. Cette illustration met en évidence l'architecture en U de ce réseau avec la partie contractante à gauche et la partie expansive à droite.

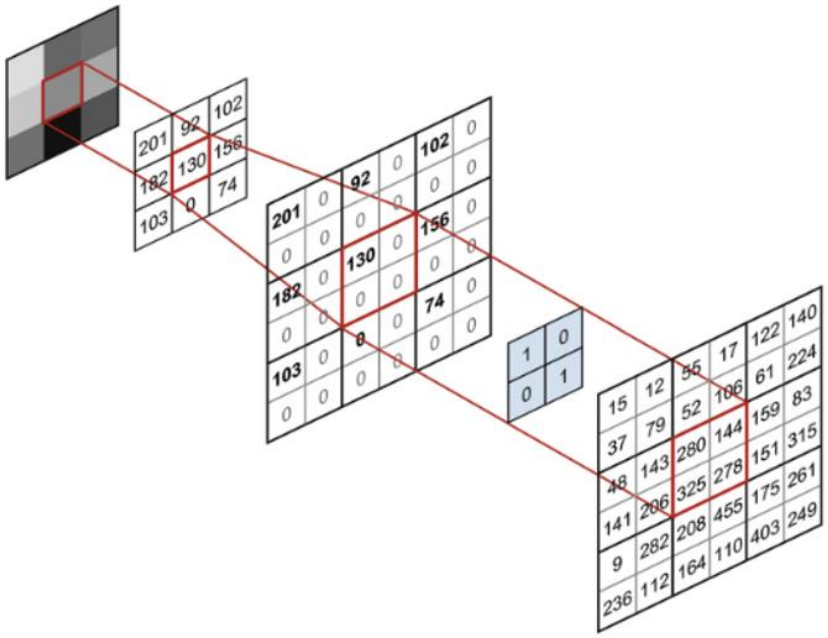


Figure 2.10. Principe du suréchantillonnage d'une image.

Interprétation de figure :

- **La 1re étape** consiste à augmenter la taille de la matrice de départ en y assignant une valeur de 0 dans les cellules vides comme dans cet exemple.

- **La 2eme étape** est une convolution comme vu précédemment avec un noyau dont les valeurs sont ajustées lors de l'entraînement.[30]

Les U-Net sont devenus importants dans de nombreuses applications médicales, notamment la segmentation d'organes à partir d'images médicales, mais ils sont également utilisés dans des domaines tels que la vision par ordinateur et la détection d'objets.

B. Segmentation 3D : (3D U-net) :

La segmentation en 3D représente une extension directe de la segmentation 2D. Cependant, elle introduit des défis majeurs liés à la consommation des ressources, notamment en termes de calcul et de mémoire. En effet, l'ajout d'une troisième dimension (profondeur) augmente considérablement la quantité de données à traiter.[31]

Dans ce contexte, chaque image 2D est remplacée par un volume composé de voxels (pixels volumétriques). Ainsi, si l'on considère un jeu de données d'images 2D classiques, son équivalent en 3D peut être obtenu en ajoutant une dimension de taille similaire à la plus petite dimension

spatiale de l'image. Cette transformation entraîne une explosion du nombre de points de données à traiter.

Les réseaux convolutifs 3D doivent donc manipuler un nombre beaucoup plus important de paramètres. ***Par exemple*** : une convolution 2D utilisant un noyau de taille (3 × 3) contient 9 poids entraînables. En revanche, une convolution 3D avec un noyau (3 × 3 × 3) contient 27 poids, soit trois fois plus, Cette augmentation se répercute sur l'ensemble du réseau, qui nécessite davantage de mémoire pour stocker les filtres et davantage de puissance de calcul pour effectuer les opérations.

Ainsi, la segmentation 3D offre une meilleure compréhension des structures volumétriques (comme les organes ou les tumeurs en imagerie médicale), mais elle reste limitée par le coût computationnel élevé qu'elle engendre.

C. Modèles 3D :

Il est pertinent d'analyser le comportement des architectures de type U-Net lorsqu'elles sont étendues aux convolutions 3D, afin d'évaluer l'impact réel de l'ajout de la dimension supplémentaire sur les performances. Le réseau V-Net représente une extension directe de U-Net en trois dimensions, tout en conservant une structure de type encodeur–décodeur.

Couches convolutives : dans V-Net, les convolutions classiques en 2D sont remplacées par des convolutions 3D utilisant des noyaux de taille $(5 \times 5 \times 5)$ Cette approche permet d'exploiter les informations spatiales dans les trois dimensions du volume médical.

Entropie : avec l'entropie croisée, la différence du nombre de voxels entre les classes peut créer un biais dans la fonction de perte, entraînant des erreurs de segmentation lorsque l'objet à détecter est peu représenté. Ce problème est fréquent en imagerie médicale 3D, où le déséquilibre entre les voxels de l'objet et ceux du fond est souvent important. Pour réduire cet effet, des poids peuvent être attribués à chaque classe selon leur proportion. Cette méthode est appelée **entropie croisée pondérée**, mais elle nécessite de connaître au préalable la répartition des voxels entre les classes.

Fonction de perte : les auteurs de **V-Net** proposent une fonction de perte basée sur le coefficient de **Sørensen–Dice**, où ***A*** correspond au volume prédit et ***B*** à la vérité terrain. Ce coefficient mesure le degré de chevauchement entre les deux volumes et améliore la qualité de la segmentation dans les cas de déséquilibre des classes.

$$D(A,B) = 1 - \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|} \qquad \textbf{(2.1)}$$

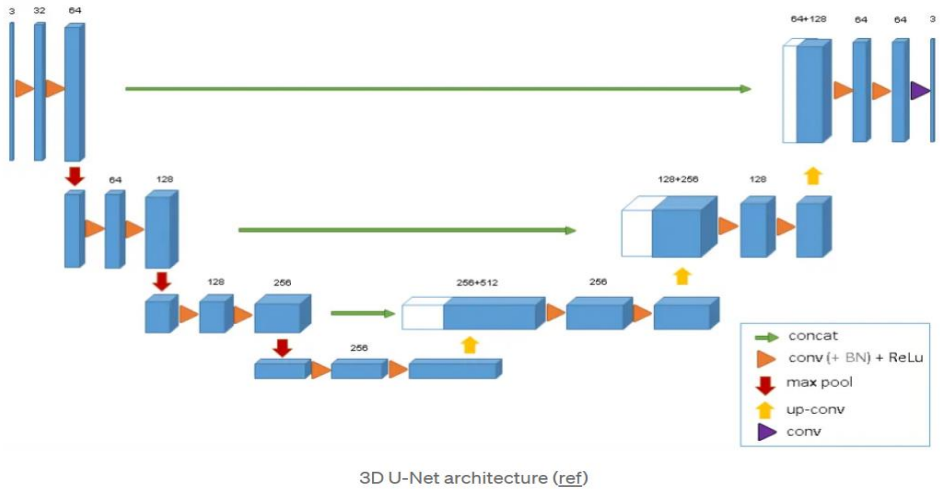


Figure 2.11 : V-Net parvient ainsi à obtenir de trés bons résultats lors du challenge PROMISE2012[32] en utilisant 50 IRM de prostates pour l'entrainement.

2.4.2 Applications d'intelligence artificiel en radiothérapie :

L'intégration de l'intelligence artificielle dans des tâches techniques telles que l'acquisition de scanners dosimétriques, la délinéation, la planification dosimétrique et la radiothérapie assistée (RTA) peut favoriser une optimisation du flux de travail, en réduisant la durée nécessaire à la RTA et en en facilitant ainsi l'accès. Par ailleurs, l'intelligence artificielle pourrait offrir des instruments prédictifs afin d'optimiser l'évaluation du rapport bénéfice/risque des thérapies. Cela faciliterait une sélection plus rigoureuse des patients ainsi qu'une individualisation renforcée des protocoles thérapeutiques en oncologie.

On peut diviser les rôles de l'IA en oncologie radiothérapie en deux objectifs principaux. L'amélioration de l'efficacité, essentiellement par automatisation, constitue le premier objectif, et le second objectif est la mise à disposition d'outils prédictifs permettant d'améliorer la personnalisation de la radiothérapie (Figure 2 .12).



Figure 2.12: Rôles potentiels (en marron) et déjà disponibles (en vert) de l'IA en radiothérapie

2.4.2.1 La délinéation automatique :

Après la réalisation du scanner de planification, les oncologues radiothérapeutes procèdent au contourage des organes à risque, ainsi que des volumes cibles. Le volume cible correspond à la zone devant recevoir le traitement par radiothérapie, tandis que les OAR désignent les organes situés à proximité et susceptibles d'être affectés par l'irradiation, ce qui peut entraîner des effets secondaires.[33]

Le développement de la délinéation automatique avait pour principal objectif de réduire le temps consacré au contourage, en particulier dans les régions anatomiques complexes comme la tête et le cou. En effet, le contourage manuel complet d'un scanner dans cette région pouvait nécessiter entre 2,7 et 3 heures de travail pour un oncologue radiothérapeute.

Les performances des modèles de segmentation automatique sont généralement évaluées en comparant leurs contours à ceux réalisés par des experts, tout en analysant l'importance des corrections manuelles nécessaires. Une autre approche d'évaluation, dite fonctionnelle, consiste à mesurer l'impact des corrections sur la dosimétrie afin d'identifier les modifications réellement significatives.

2.4.2.2 Bibliothèques d'atlas et apprentissage profond :

Les premières méthodes de segmentation automatique reposaient principalement sur des bibliothèques d'atlas et offraient des résultats acceptables[33]. Par la suite, l'introduction des techniques d'apprentissage profond a permis d'améliorer considérablement les performances de ces systèmes.

Parmi les architectures les plus utilisées figure le modèle U-Net, composé d'un encodeur et d'un décodeur. L'encodeur applique plusieurs couches convolutionnelles permettant de réduire progressivement la taille des images d'entrée, tandis que le décodeur réalise un suréchantillonnage afin de produire la carte finale de segmentation. Chaque étape de réduction de résolution est reliée à l'étape correspondante du décodeur afin de préserver les informations spatiales importantes perdues lors du sous-échantillonnage.

L'entraînement de ces modèles nécessite des bases de données contenant des scanners déjà contourées par des experts. Toutefois, la délinéation présente souvent une variabilité importante entre observateurs, même parmi les spécialistes expérimentés. Cette variabilité peut limiter les performances des modèles et conduire à des résultats moins précis. Pour remédier à ce problème, Nikolov et ses collaborateurs ont proposé une marge de tolérance acceptable basée sur les contours réalisés par plusieurs experts, plutôt que de s'appuyer sur un seul contour de référence. Cette approche a ensuite été utilisée pour évaluer plus fidèlement la précision des modèles de segmentation.

2.4.2.3 Les volumes cibles :

Les solutions actuellement disponibles en délinéation automatique se concentrent principalement sur les volumes cibles anatomiques ainsi que sur les organes à risque (OAR), notamment les aires ganglionnaires. En revanche, la délinéation automatique des tumeurs volumineuses et des volumes cibles cliniques fortement personnalisés reste encore limitée dans les applications cliniques courantes. Malgré cela, plusieurs études de preuve de concept ont montré des résultats prometteurs.

P**rimakov** et ses collaborateurs ont développé un modèle destiné à la délinéation des tumeurs thoraciques. Ce système utilisait à la fois la tomographie par émission de positons (TEP) et le scanner de centrage afin de contour automatiquement les tumeurs. Les contours produits par le modèle ont ensuite été comparés à ceux réalisés par des experts. Ces derniers devaient choisir, à l'aveugle, entre une délinéation effectuée par un autre expert et celle générée par l'intelligence artificielle. Dans 56 % des cas, les spécialistes ont préféré les contours proposés par le modèle d'IA plutôt que ceux de leurs pairs. Toutefois, cette étude demeure une preuve de concept rétrospective.

Une approche similaire a également été proposée par **Lacroix** et **al.** dans le cas des ostéosarcomes à partir d'images IRM. Leur modèle a obtenu des performances comparables à celles des experts tout en réduisant significativement le temps nécessaire à la délinéation.

2.4.2.4 La radiothérapie adaptative :

La radiothérapie adaptative repose sur l'utilisation d'images embarquées, notamment le CBCT, pour générer un scanner synthétique permettant de tenir compte de la morphologie du patient au jour du traitement. Cela permet de réappliquer la planification initiale sur la situation réelle et de comparer la distribution de dose obtenue avec celle prévue lors du scanner de centrage.

Cette comparaison des histogrammes dose-volume (HDV) permet de déterminer si une adaptation du plan de traitement est nécessaire, afin d'améliorer la couverture tumorale ou de mieux protéger les organes à risque.

Dans ce contexte, **Parchur et al.** ont proposé un modèle pour évaluer la nécessité d'une replanification adaptative chez les patients atteints de cancer du pancréas, en utilisant des indicateurs comme la similarité de surface et l'entropie pour comparer le plan initial à une replanification réalisée pendant la séance.

2.4.2.5 Limites actuelles et perspectives d'amélioration :

L'intelligence artificielle (IA) ne remplace pas le radiothérapeute, mais elle contribue à renforcer ses capacités décisionnelles et techniques. Elle permet notamment le développement de systèmes experts d'aide à la décision, intégrant des données issues de la biologie, de l'imagerie médicale et des modèles cliniques.

Elle ouvre également la voie à une radiothérapie adaptative en temps réel, où les plans de traitement peuvent être ajustés automatiquement en fonction des variations anatomiques du patient au cours du traitement.

L'objectif final est de parvenir à une radiothérapie plus personnalisée, plus efficace et plus sécurisée pour les patients.

Cependant, l'intégration de ces technologies nécessite une collaboration étroite entre médecins, ingénieurs et chercheurs afin de garantir leur transfert vers la pratique clinique quotidienne.

2.5 Conclusion du chapitre :

Dans ce chapitre, nous avons présenté les principaux apports de l'intelligence artificielle en radiothérapie, selon une approche structurée. On a ainsi établi un premier état de l'art de l'IA en médecine, dont il ressort l'apport croissant de l'IA dans le diagnostic, l'aide à la décision clinique et la personnalisation des traitements. Ensuite, nous avons exposé les méthodes d'apprentissage automatique et les réseaux de neurones, notamment les architectures utilisées pour l'analyse d'images médicales, qui sont au centre des systèmes modernes de traitement des données radiologiques.

Enfin, nous nous sommes intéressés à la segmentation automatique par IA des images médicales et à ses applications directes en radiothérapie (délimitation des volumes cibles et organes à risque). Cette étape est essentielle pour améliorer les plans de traitement et la précision thérapeutique.

Ainsi, ce chapitre a montré le rôle fondamental de l'intelligence artificielle dans l'évolution de la radiothérapie vers des pratiques plus précises, automatisées et personnalisées, tout en soulignant les fondements méthodologiques qui soutiennent ces progrès.

Chapitre III : Segmentation automatique des volumes cibles de tumeur cérébrale assistée par intelligence artificielle

3.1 Introduction du chapitre :

La radiothérapie des tumeurs cérébrales ne peut se faire sans une étape préalable indispensable la délimitation exacte des volumes cibles sur les images IRM. La segmentation détermine directement l'efficacité du traitement, en garantissant une irradiation optimale de la tumeur tout en préservant les structures neurologiques critiques environnantes.

Cette tâche, effectuée manuellement, comporte trois limites essentielles : un temps d'exécution long (20 à 60 minutes par patient), une variabilité inter-observateur pouvant atteindre 30 à 40 % et une difficulté intrinsèque à l'égard des tumeurs infiltrantes aux contours mal définis sur l'IRM.
Ce chapitre propose, afin de pallier ces limites, une approche de segmentation automatique basée sur l'apprentissage profond. Les images IRM multiparamétriques de la base de référence (**BraTS 2021),** (T1, T1-Gd, T2, FLAIR) servent de support d'apprentissage, et nous avons choisi le modèle d'architecture (**3D U-Net**) pour la segmentation, car il s'est montré capable d'exploiter pleinement le contexte volumique des images médicales tridimensionnelles.

Ce chapitre vise trois objectifs :

1. Développer un modèle permettant de réaliser automatiquement la segmentation des volumes GTV, CTV et PTV à partir d'images IRM cérébrales multiparamétriques.
2. Comparer quantitativement ses performances aux contours experts à l'aide des métriques standards (**coefficient de Dice (DSC**) et **distance de Hausdorff (HDo)**).
3. Discuter des conditions et des enjeux d'une intégration clinique de ce système dans le flux de planification de la radiothérapie.

3.2 Contexte anatomique et médical de la segmentation des tumeurs cérébrales

3.2.1 Anatomie cérébrale :

3.2.1.1 Le cerveau :

Le cerveau est la composante principale du système nerveux central, représentant environ **85 %** de sa masse totale, soit entre 1 300 et 1 500 g chez l'adulte. Logé dans la cavité crânienne, il assume des fonctions fondamentales : régulation des mouvements volontaires, sécrétion hormonale (via ses connexions avec l'hypothalamus et l'hypophyse), contrôle des émotions, de la mémoire et des apprentissages.

Sa structure macroscopique repose sur deux éléments organisateurs majeurs :

La **fissure longitudinale** (ou scissure inter-hémisphérique) divise le cerveau en deux hémisphères droit et gauche qui communiquent principalement par le corps calleux, un faisceau de fibres commissurales. Chaque hémisphère est organisé en quatre lobes[34] :

Tableau 3. 1 : Les types de lobes et leurs fonctions

Lobe	Localisation	Fonctions principales
Frontal	Partie antérieure	Motricité volontaire, planification, langage expressif (aire de Broca, hémisphère gauche), personnalité
Pariétal	Partie supérieure postérieure	Intégration sensorielle, perception somatosensorielle, orientation spatiale
Temporal	Partie latérale inférieure	Mémoire épisodique, compréhension du langage (aire de Wernicke), traitement auditif, émotions
Occipital	Partie postérieure	Traitement et interprétation des informations visuelles

Cette organisation anatomique est directement pertinente pour la segmentation des tumeurs cérébrales : la localisation d'une lésion dans un lobe précis détermine non seulement le tableau clinique du patient, mais aussi les contraintes chirurgicales liées aux zones dites "éloquentes" régions dont la résection entraînerait des déficits neurologiques irréversibles (langage, motricité, vision).

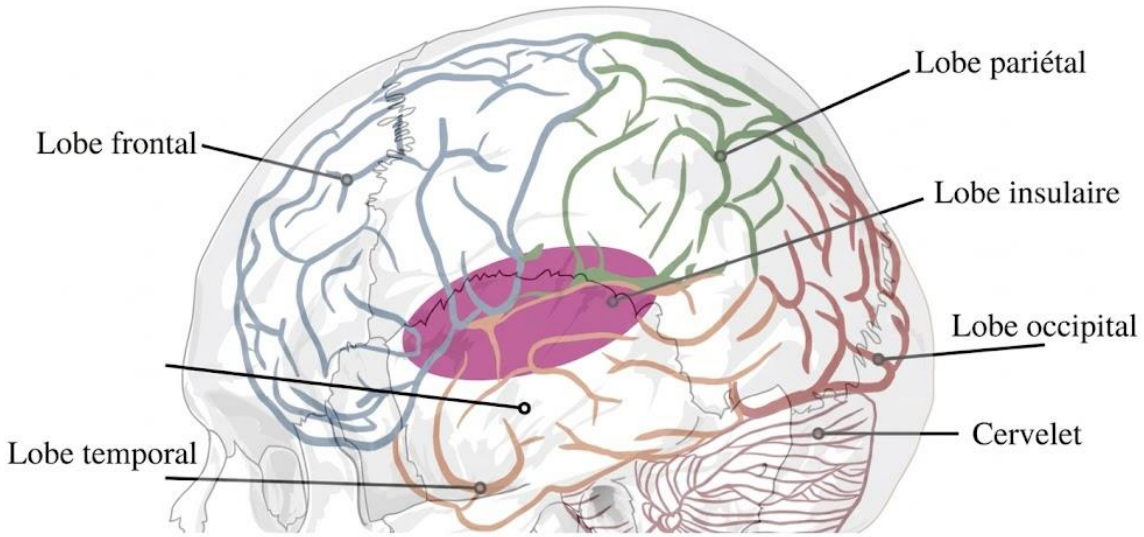


Figure 3,1. Schéma des lobes du cerveau

3.2.1.2 Définition des Tumeurs Cérébrales :

Les tumeurs cérébrales constituent des amas anormaux de tissu provenant de cellules du système nerveux central. Elles peuvent être bénignes (non cancéreuses) ou malignes (cancéreuses), et se développer dans le cerveau ou la moelle épinière. Les tumeurs cérébrales sont des agrégats anormaux de tissu qui proviennent des cellules du cerveau ou des structures voisines. Elles peuvent être soit bénignes (non cancéreuses), soit malignes (cancéreuses). Leur développement peut perturber le fonctionnement normal du cerveau.

Une tumeur cérébrale est une masse anormale de cellules qui se multiplient dans le tissu cérébral de façon incontrôlée. Ces cellules peuvent alors se multiplier de façon incontrôlée, envahir les tissus environnants et même, dans certains cas, se disséminer vers d'autres parties de l'organisme. En fonction de leur nature biologique, les tumeurs se répartissent en bénignes et malignes : cette classification détermine directement leur gravité et leur prise en charge clinique.

3.2.1.2.1 Classification des Tumeurs :

On distingue deux grandes catégories de tumeurs cérébrales selon leur agressivité et leur capacité à se propager :

a. Tumeurs bénignes :

Les tumeurs bénignes sont formées de cellules non cancéreuses et leur croissance est généralement lente. Elles restent le plus souvent limitées et ne se propagent pas aux tissus adjacents. On les traite surtout par surveillance radiologique ou par ablation chirurgicale. Toutefois, une récidive est possible si l'exérèse chirurgicale n'est pas complète.

b. Tumeurs Malignes :

Les tumeurs malignes sont des masses cancéreuses agressives qui se développent rapidement et de façon désorganisée. Elles envahissent les tissus cérébraux voisins et peuvent se propager à distance par le système sanguin ou lymphatique, un phénomène nommé métastase. Leur caractère invasif les rend dangereuses pour la santé ; elles exigent donc une prise en charge rapide et spécialisée.

3.2.1.2.2 Types de tumeurs cérébrales :

a. Tumeurs primitives :

Les tumeurs primitives prennent naissance directement dans le cerveau. Elles peuvent être bénignes ou malignes et leur gravité dépend de leur localisation et de leur vitesse de développement. Elles peuvent entraîner des troubles neurologiques importants lorsqu'elles touchent des zones fonctionnelles essentielles.

b. Tumeurs secondaires

Les tumeurs secondaires, ou métastatiques, résultent de la propagation de cellules cancéreuses provenant d'une tumeur située dans une autre partie du corps. Ces cellules atteignent le cerveau par voie sanguine et s'y développent secondairement.

3.2.2 Contexte de segmentation médicale (BraTS / U-Net / 3D U-Net) :

3.2.2.1 Le jeu de données (dataset) BraTS 2021 :

Le jeu de données BraTS 2021 (Brain Tumor Segmentation Challenge), d'une taille de 7,1 Go, est issu du Medical Segmentation Decathlon. Il contient des images IRM cérébrales multimodales de patients atteints de gliomes. Chaque cas comprend quatre volumes 3D :

- **T1 :** Séquence anatomique.
- **T1ce :** Séquence avec rehaussement par gadolinium, mettant en évidence la tumeur active.
- **T2 :** Séquence sensible à l'œdème.
- **FLAIR :** Séquence permettant de visualiser l'infiltration tumorale.

Les annotations cliniques de ce jeu de données définissent trois sous-régions tumorales imbriquées : le cœur nécrotique, le cœur tumoral (TC) et la tumeur entière (WT). Un total de 750 fichiers correspondants sont utilisés pour l'apprentissage et l'évaluation.

3.2.2.2 L'architecture 3D U-Net pour la segmentation :

L'architecture U-Net classique (2D) traite les IRM coupe par coupe, perdant le contexte volumique entre les coupes. Le **3D U-Net** remplace toutes les convolutions 2D par des Conv3D, traitant ainsi le volume complet d'un coup. Cela permet de capturer la forme 3D de la tumeur et les relations spatiales entre coupes, ce qui est critique pour une segmentation précise.

Le 3D U-Net est caractérisé par une structure encodeur-décodeur avec des connexions de saut (skip connections) :

- **L'encodeur :** compresse l'information spatiale (MaxPooling 3D) tout en augmentant le nombre de filtres (32 → 64 → 128 → 256 → 512 au bottleneck).
- **Le décodeur :** reconstruit la résolution avec des Up Convolutions 3D.
- **Les skip connections :** (lignes pointillées sur le schéma) concaténent les features maps de l'encodeur avec celles du décodeur au même niveau — elles préservent les détails fins (contours de tumeur) qui seraient perdus par la compression.

3.2.2.3 Évaluation des performances :

La métrique principale utilisée pour évaluer la performance du modèle est le **Dice Score (DSC)**, calculé séparément pour les trois sous-régions (WT, TC, ET) en raison de leurs tailles très déséquilibrées. Un modèle performant atteint généralement les scores suivants :

- DSC > 0.85 pour la tumeur entière (WT).
- DSC > 0.80 pour le cœur tumoral (TC).
- DSC > 0.75 pour la tumeur rehaussée (ET).

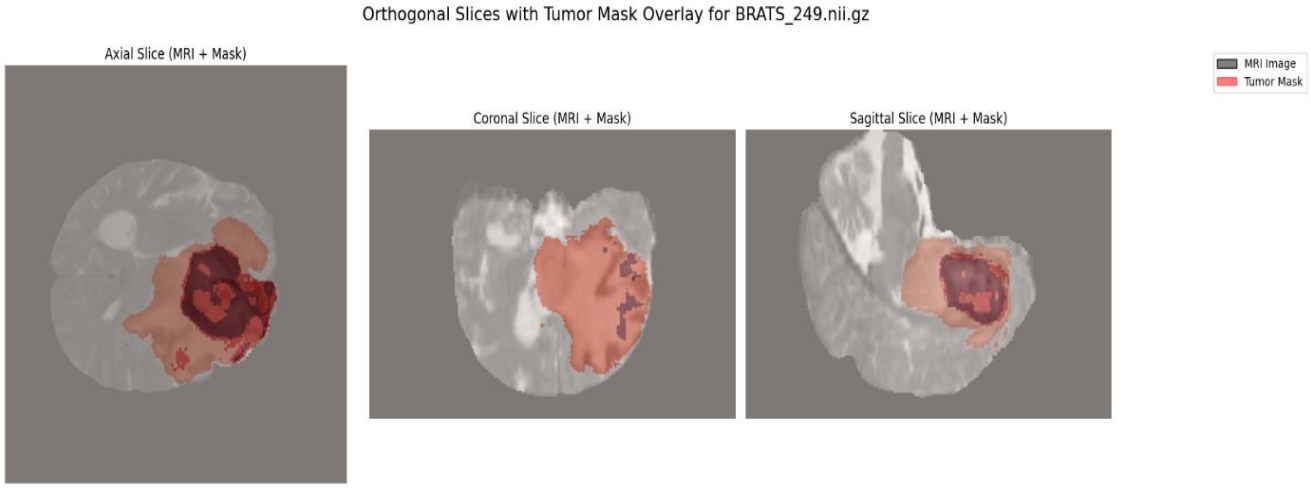


Figure 3.2 : Visualisation des coupes orthogonales et du masque de segmentation pour BRATS_249

3.3 Prétraitement et analyse des données :

3.3.1 Prétraitement des données IRM :

Avant l'entraînement du modèle, les données IRM ont été soumises à plusieurs étapes de prétraitement pour améliorer leur qualité et favoriser une meilleure convergence du réseau neuronal.

3.3.1.1 Dimensions des données et organisation multimodale :

Les images originales de la base de données présentent une dimension de (240 × 240 × 155 × 4), où les trois premières dimensions correspondent au volume spatial tridimensionnel, tandis que la quatrième dimension représente les quatre modalités d'imagerie IRM : T1, T1Gd, T2 et FLAIR.

Ces modalités ont été empilées sous forme de quatre canaux, permettant d'enrichir les informations fournies au modèle et de capturer différentes caractéristiques anatomiques et tumorales.

L'image contient 4 modalités d'imagerie combinées :

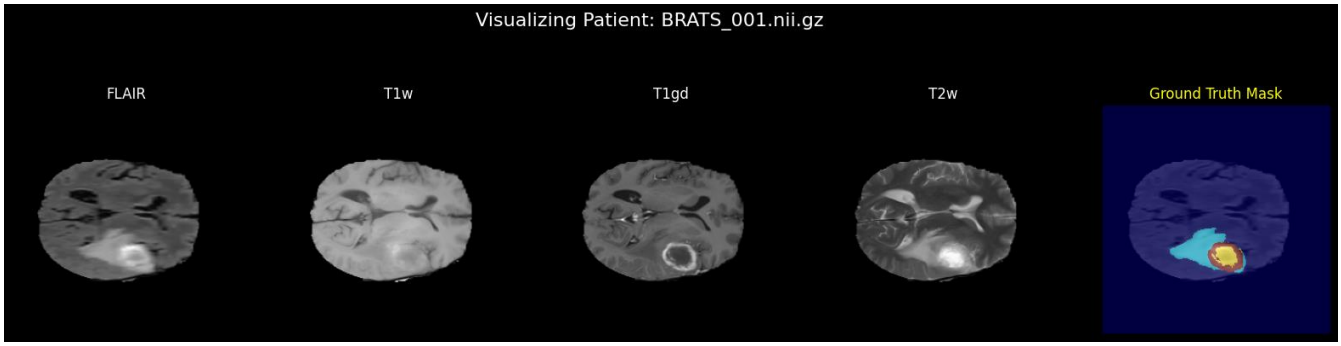


Figure 3 .3 : L'image contient 4 modalités

Interprétation :

- Masque de vérité terrain (Ground Truth Mask)
- Le masque de vérité terrain est une annotation réalisée manuellement par des experts, servant de référence pour l'apprentissage des modèles de segmentation.
- **Bleu clair** : zone d'œdème (*Edema*).
- **Jaune/rouge** : régions tumorales actives ou nécrotiques (*Necrosis*).
- Il constitue une base essentielle pour entraîner et évaluer les modèles d'intelligence artificielle.

a. Recadrage (Recadrer) :

Un recadrage a été effectué pour supprimer les régions non pertinentes et réduire la taille des volumes tout en conservant la zone d'intérêt (région tumorale), Cette étape permet d'optimiser le traitement des données et d'améliorer l'efficacité de l'apprentissage du modèle.

b. **Redimensionnement des volumes (Redimensionnement)** :

fois le recadrage effectué, les volumes IRM ont été redimensionnés à une taille uniforme de (128 × 128 × 128) pour assurer la compatibilité avec l'architecture du modèle 3D utilisé. Ce redimensionnement permet de :

D'homogénéiser les dimensions des entrées, de diminuer la complexité computationnelle, d'accélérer le processus d'apprentissage, et de rendre le traitement plus facile pour le réseau neuronal.

c. Normalisation des intensités

afin d'uniformiser les intensités des voxels et de diminuer les variations dues aux différentes acquisitions, Cette étape aide à stabiliser et à améliorer l'apprentissage du modèle.

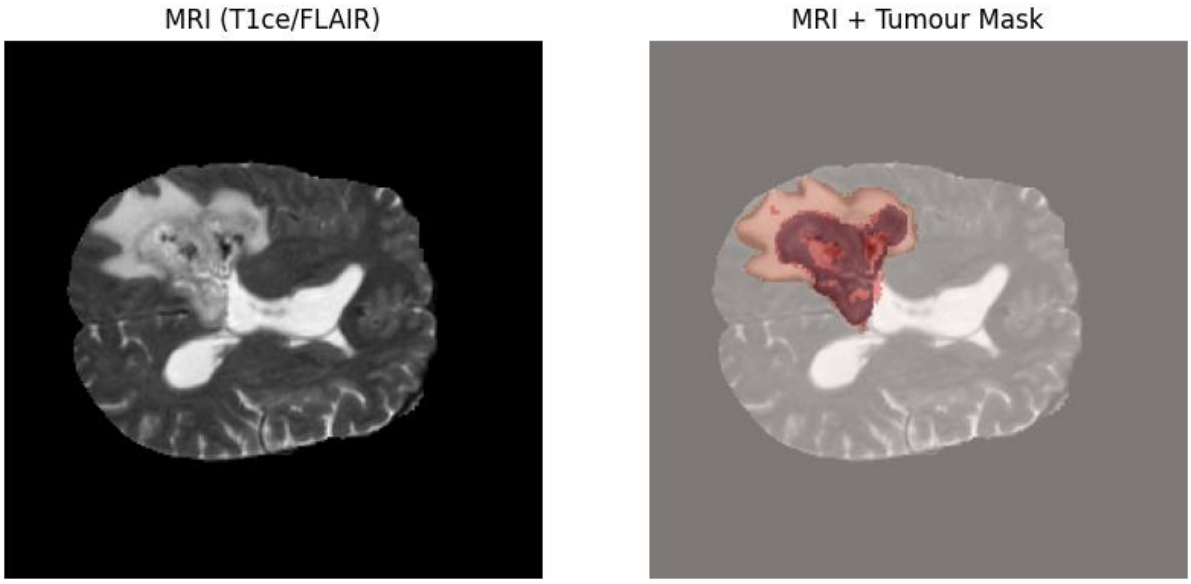


Figure 3.4 : Visualisation d'une coupe IRM (T1ce/FLAIR) avant/après normalisation et superposition du masque tumoral pour l'apprentissage du modèle.

3.3.2 Analyse rapide du profil tumoral :

L'analyse rapide du profil tumoral révèle que le noyau nécrotique (**Necrotic Core**) est la partie principale de la tumeur ; il représente en effet plus de 85 % du volume tumoral total, soit environ (**148,2 cm³)** sur un volume total de (**173,9 cm³).**

Du point de vue médical, cette observation suggère une tumeur à un stade avancé, dans laquelle les cellules du centre sont fortement nécrosées parce que la croissance rapide de la masse tumorale a été insuffisamment vascularisée.

En outre, les dimensions globales de la tumeur ((**99 × 86 × 82 mm**)) coïncident pratiquement avec celles du noyau nécrotique, ce qui suggère que cette région représente la structure principale et dominante de la masse tumorale. Cette disposition peut traduire une évolution agressive de la tumeur avec extension importante des zones nécrotiques internes.

Rapport Standard du Volume et des Dimensions de la Masse Tumorale (Patient 01) :

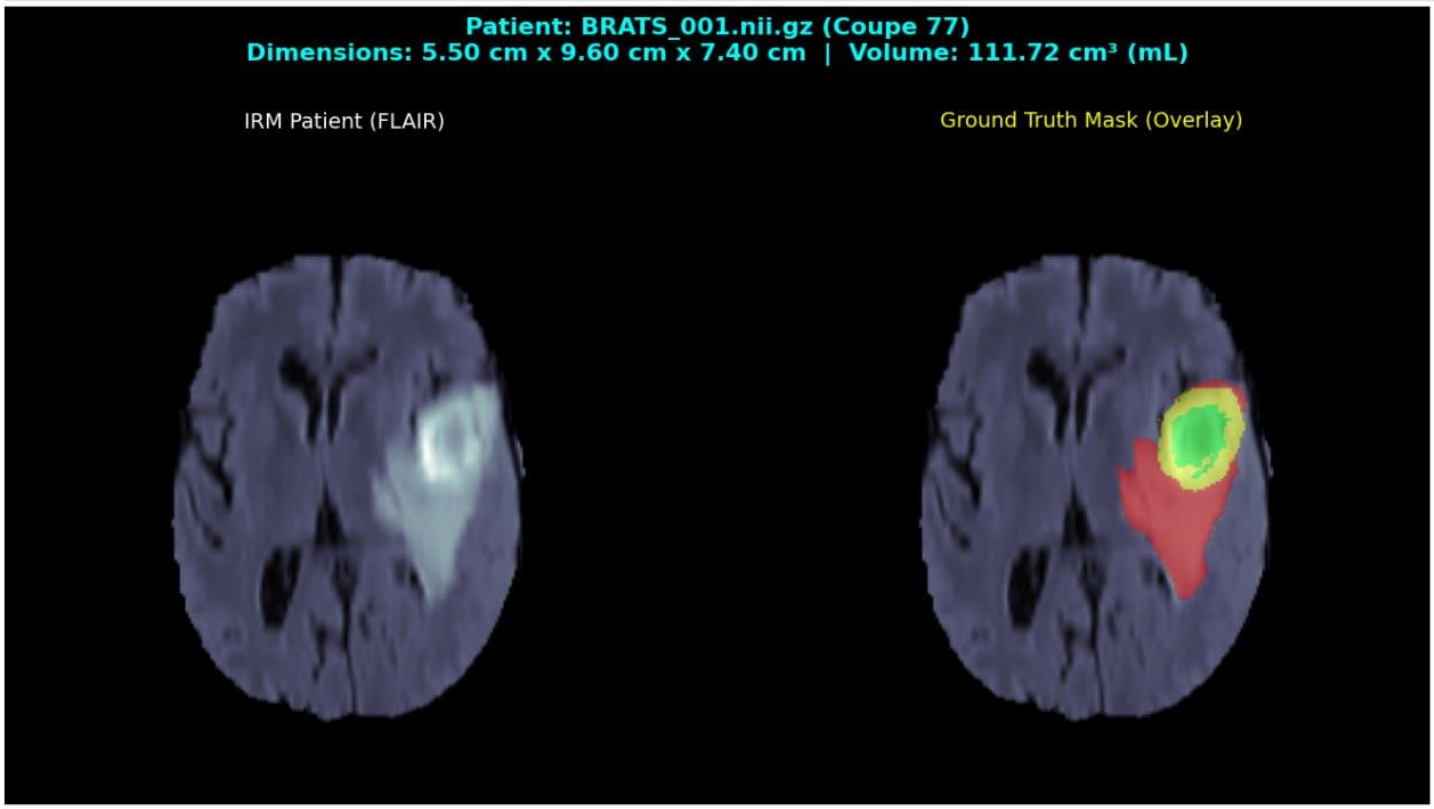


Figure 3.5 : Visualisation Multidimensionnelle des Tumeurs Cérébrales : Intégration spatiale, volumétrique et texturale à partir des données BraTS

- **Résolution volumétrique du voxel (Voxel Spacing) : 1.00mm x 1.00mm x 1.00mm**
- **Longueur maximale (Axe-X) : 5.50 cm**
- **Largeur maximale (Axe-Y) : 9.60 cm**
- **Hauteur et profondeur réelle (Axe-Z) : 7.40 cm**
- **Volume total de la Masse tumorale globale : 111.72 cm^3 (Millilitre)**

Tableau 3.2 : Caractéristiques volumétriques des dix premiers cas du jeu de données BraTS 2021

Cas	Volume tumoral (cm^3)
BRATS_001	111.72
BRATS_002	63.06
BRATS_003	173.93
BRATS_004	120.66
BRATS_005	80.68
BRATS_006	217.36
BRATS_007	61.08
BRATS_008	187.57
BRATS_009	210.29
BRATS_010	20.49

3.3.3 Lecture physique et médicale des dimensions et du volume :

La résolution voxel utilisée dans cette analyse est de (**1.00 mm × 1.00 mm × 1.00 mm**), ce qui correspond à un voxel isotrope. Cette isotropie signifie que chaque voxel représente un volume parfaitement cubique de (**$1mm^3$**), sans distorsion directionnelle. Ainsi, les calculs de volume et de dimensions sont considérés comme très précis et ne nécessitent pas de correction liée à une anisotropie d'acquisition.

Les dimensions spatiales de la masse tumorale **(5.50cm × 9.60 cm × 7.40 cm)** permettent de caractériser son extension géométrique dans les trois plans de l'espace anatomique (antéro-postérieur, droite-gauche et supérieur-inférieur). L'extension la plus importante est observée selon l'axe de **(9.60cm),** indiquant une propagation prédominante vers la région postérieure (posterior) du cerveau sur les coupes analysées.

Le volume total de la masse tumorale, estimé à (**111.72 cm^3**), correspond au ***Whole Tumor*** (WT), c'est-à-dire l'ensemble des voxels appartenant aux différentes sous-régions tumorales (œdème, noyau tumoral et zones actives). Sur le plan médical, ce volume est considéré comme important et peut exercer un effet de masse (mass effect) sur les structures cérébrales adjacentes.

Cet effet de masse se traduit par une compression des structures voisines, notamment les ventricules cérébraux, pouvant entraîner une déformation ou un déplacement des tissus environnants. Dans ce cas, une compression du ventricule latéral gauche peut être observée, ce qui constitue un indicateur clinique significatif de la pression exercée par la tumeur sur le parenchyme cérébral.

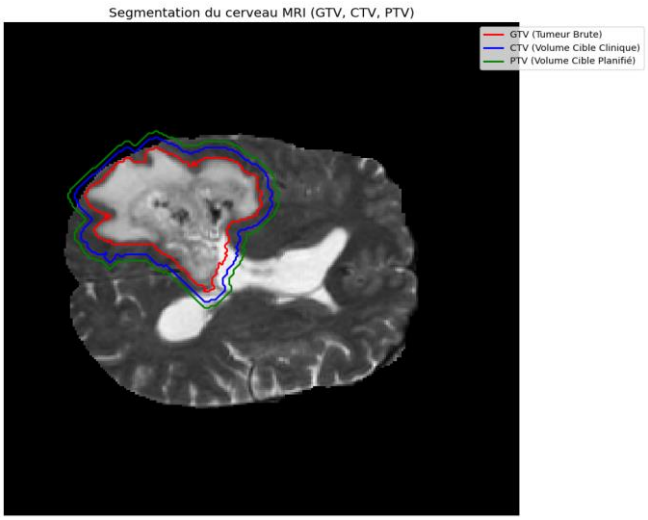


Figure 3. 6 : Délimitation des volumes cibles (GTV, CTV, PTV) en radiothérapie sur une coupe axiale d'IRM cérébrale.

Exemple :

- Nombre de voxels dans la tumeur (GTV) : 166 175
- Volume approximatif de la tumeur : 166 175,00 mm³

3.3.3.1 Analyse statistique du volume tumoral de basse de donnée :

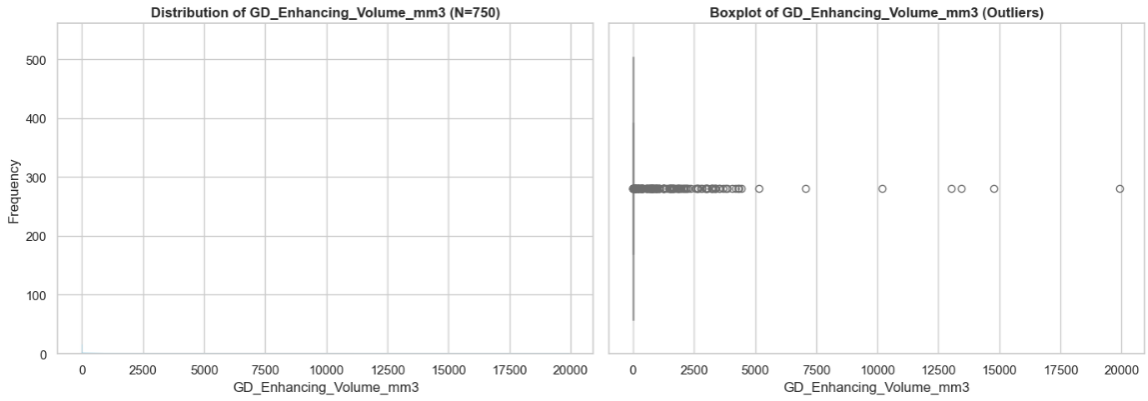
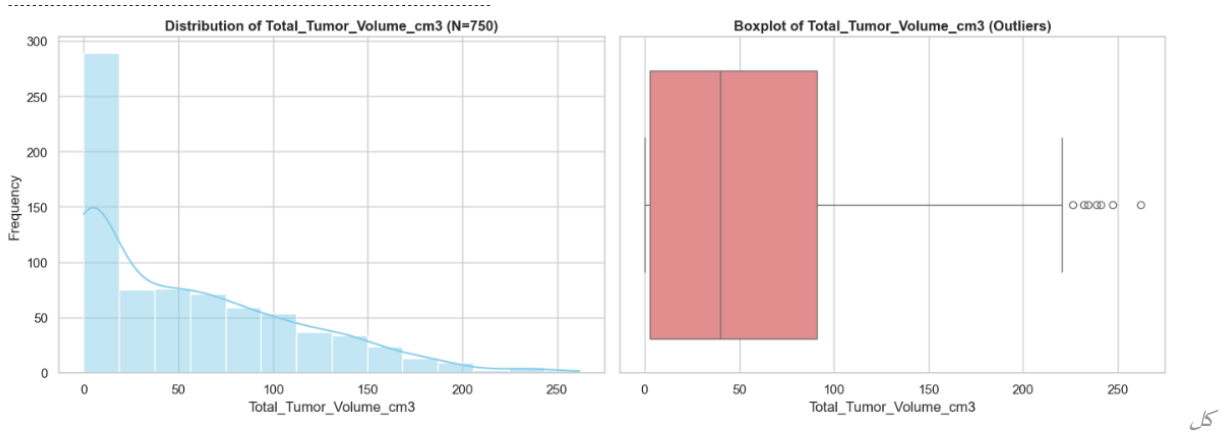


Figure 3.7 : Distribution du volume de la tumeur rehaussée au gadolinium (GD-Enhancing Tumor — ET)

Cette figure représente la distribution statistique des volumes tumoraux actifs captant le produit de contraste (gadolinium). Ce composant correspond au volume tumoral brut (GTV) recevant la dose maximale de radiothérapie (Dose Painting). Sa distribution présente également une asymétrie positive avec des valeurs extrêmes notables.

Matrice de Corrélation :



4 / Figure 4]

Figure 3.8 : Matrice de corrélation des caractéristiques géométriques tumorales (Heatmap)

Cette carte thermique illustre la force des corrélations entre les variables géométriques tumorales (dimensions X, Y, Z et volumes totaux). Les valeurs élevées (proches de 1,0, en rouge) indiquent une forte corrélation positive entre les dimensions linéaires et le volume tumoral total, attestant de la cohérence interne des données et de l'absence d'artefacts aléatoires dans le processus de segmentation automatique.

3.3.4 Le rôle de l'intelligence artificielle dans la segmentation de ces régions

Dans les recherches médicales modernes et le traitement des images médicales, notamment dans le célèbre défi BraTS consacré à la segmentation des tumeurs cérébrales, des modèles d'apprentissage profond tels que U-Net et 3D U-Net sont entraînés à combiner les quatre séquences IRM (T1, T1ce, T2 et FLAIR) afin de segmenter automatiquement la tumeur en trois régions principales :

- **Whole Tumor (WT)** : représente la tumeur entière et comprend l'œdème, la tumeur active ainsi que la zone nécrotique.
- **Tumor Core (TC)** : correspond au noyau tumoral incluant la tumeur active et la nécrose, sans prendre en compte l'œdème.

- **Enhancing Tumor (ET)** : représente uniquement la partie active de la tumeur ayant absorbé le produit de contraste.

Cette segmentation automatique joue un rôle essentiel dans l'analyse médicale et l'aide au diagnostic, en permettant une localisation plus précise des différentes régions tumorales.

D'un point de vue physique et clinique, l'identification de ces régions ne se limite pas à l'assistance chirurgicale ; elle est également fondamentale dans la planification de la radiothérapie (Radiotherapy Planning). En effet, la tumeur active ainsi que les régions nécrotiques reçoivent généralement la dose d'irradiation la plus élevée (**GTV** : Gross Tumor Volume), tandis que la région œdémateuse est entourée d'une dose préventive (**CTV** : Clinical Target Volume) afin d'éliminer les cellules tumorales susceptibles de migrer vers les tissus voisins.

3.4 : Entraînement du modèle de segmentation automatique par intelligence artificielle

L'entraînement du modèle de segmentation automatique a été effectué dans un environnement de calcul accéléré par GPU pour traiter efficacement les données volumétriques IRM du jeu de données BraTS.

3.4.1 Matériel et méthodes :

3.4.1.1 Modèle utilisé :

L'entraînement du modèle de segmentation automatique a été réalisé dans un environnement de calcul accéléré par GPU afin de traiter efficacement les données volumétriques IRM issues de la base de données **BraTS 2021.**

Configuration matérielle :

- Carte graphique (GPU) : NVIDIA GeForce RTX 3060 Laptop GPU (6 Go de mémoire vidéo)
- Plateforme de calcul parallèle : CUDA
- Appareil actif pour l'entraînement : CUDA (GPU)

3.4.1.2 Modèle de segmentation utilisé :

Le modèle implémenté est un 3D U-Net, spécialement conçu pour la segmentation des images médicales volumétriques.

Caractéristiques du modèle :

- Architecture : 3D U-Net
- Canaux d'entrée : 4 modalités IRM (T1, T1ce, T2 et FLAIR)
- Sortie : masque de segmentation de la tumeur
- Fonction de perte **(Loss Function)** : Dice Loss
- Optimiseur : Adam
- Accélération de l'entraînement : Mixed Precision (AMP)

(Brain Tumor Segmentation Challenge), constituée d'images IRM tridimensionnelles et de leurs masques de segmentation associés.

- Nombre total d'images détectées : 750
- Nombre total de masques détectés : 785

Avant le début de l'entraînement, les données ont été prétraitées et transférées vers la mémoire du GPU.

3.4.2 Environnement de travail :

Les expériences ont été réalisées dans un environnement virtuel Python (*seg_ai*) comprenant les principales bibliothèques nécessaires à l'apprentissage profond et à l'imagerie médicale, notamment :

<table>
<tr>
<td>1. Intelligence artificielle et Deep Learning
• PyTorch : 2.5.1+cu121
• Torchvision : 0.20.1+cu121
• Torchaudio : 2.5.1+cu121
• TIMM : 1.0.22
• Keras : 2.10.0
• TensorBoard : 2.10.1
• Scikit-learn : 1.7.2</td>
<td>2. Imagerie médicale et segmentation
• nnU-Net v2 : 2.6.4
• MONAI : 1.5.2
• SimpleITK : 2.5.3
• NiBabel : 5.4.0
• PyNRRD : 1.1.3
• TorchIO : 0.21.3
• BatchGenerators : 0.25.1</td>
</tr>
<tr>
<td>3. Vision par ordinateur et traitement d'images
• OpenCV : 4.13.0.92
• Scikit-Image : 0.25.2
• Pillow : 12.0.0
• ImageIO : 2.37.2
• Tifffile : 2025.5.10
• VTK : 9.6.0
• Vedo : 2026.6.1</td>
<td>4. Modèles de langage et intelligence artificielle générative :
• LangChain : 0.3.27
• Google Generative AI : 0.8.6
• Hugging Face Hub : 1.6.0</td>
</tr>
<tr>
<td colspan="2">5. Science des données et calcul scientifique :
• NumPy : 2.2.6
• Pandas : 2.3.3
• SciPy : 1.15.3
• Matplotlib : 3.10.8
• Seaborn : 0.13.2
• Plotly : 6.6.0
• SymPy : 1.13.1</td>
</tr>
</table>

Cet environnement logiciel a permis la préparation des données, l'entraînement du modèle 3D U-Net, l'évaluation des performances de segmentation ainsi que la visualisation et l'analyse des résultats obtenus.

3.4.2.1 Méthode d'entraînement du modèle IA :

Dans cette étude, une architecture **3D U-Net** a été utilisée pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales à partir des images IRM. Ce modèle est particulièrement adapté aux données volumétriques tridimensionnelles grâce à ses chemins d'encodage et de décodage reliés

par des connexions de saut (*skip connections*), permettant de préserver les détails anatomiques tout en capturant le contexte global.

Le modèle utilise quatre modalités IRM de la base de données **BraTS 2021** (T1, T1ce, T2 et FLAIR) comme canaux d'entrée et produit un masque de segmentation des régions tumorales en sortie.

Le jeu de données est composé de 750 volumes IRM. Les données ont été divisées en deux sous-ensembles :

- Ensemble d'entraînement : 600 échantillons (80 %)
- Ensemble de validation : 101 échantillons (13 %)
- Ensemble de test : 49 échantillons (7 %)

Les images et les masques de segmentation ont été préparés et organisés selon une structure standardisée afin d'assurer leur intégration dans le pipeline d'apprentissage.

3.4.3 La Base De Donnée :

Pour cette étude, nous avons utilisé la base de données publique BraTS (Brain Tumor Segmentation Challenge), composée de 750 volumes d'IRM cérébrale multimodale. Chaque cas est fourni au format NIfTI-1 (nii.gz) et comprend quatre modalités IRM complémentaires : T1, T1 après injection de produit de contraste (T1ce), T2 et FLAIR. Les différentes séquences permettent d'observer les différentes composantes de la tumeur cérébrale et des tissus environnants.

Un prétraitement rigoureux a été appliqué afin de préparer les données pour le modèle d'apprentissage profond. Les volumes IRM et leurs masques de segmentation ont d'abord été organisés selon une structure normalisée. Les intensités des images ont ensuite été normalisées afin de réduire les variations liées aux conditions d'acquisition et d'améliorer la stabilité de l'apprentissage. Les volumes ont également été redimensionnés à une résolution uniforme de 128 × 128 × 128 voxels.

Afin d'augmenter la diversité des données et de réduire le risque de surapprentissage, une étape de Data Augmentation a été appliquée. Cette procédure a permis de générer environ 12 000 échantillons d'entraînement à partir des 750 volumes initiaux, en utilisant différentes transformations géométriques et spatiales tout en préservant les caractéristiques anatomiques des images.

Les données prétraitées ont ensuite été réparties en trois ensembles : **600 cas pour l'entraînement (80 %), 101 cas pour la validation (13 %)** et **49 cas pour le test (7 %)**. Cette

répartition permet d'évaluer les performances du modèle ainsi que sa capacité de généralisation sur des données non vues.

3.4.4 Détails d'implémentation :

L'entraînement du modèle a été réalisé avec **PyTorch** en exploitant l'accélération GPU via CUDA. L'optimiseur Adam a été utilisé pour l'ajustement des paramètres du réseau, tandis que la fonction de perte choisie est la **Dice Loss**, adaptée aux tâches de segmentation médicale.

Le modèle a été entraîné pendant 10 époques dans la phase 1, et 20 époques en la phase 2 pour améliorer,. Les performances ont été évaluées après chaque époque et les meilleurs poids du réseau ont été automatiquement sauvegardés afin de conserver la version la plus performante du modèle.

3.4.4.1 Métriques d'évaluation :

Pour analyser les performances du modèle de segmentation automatique et pouvoir comparer les résultats obtenus avec les segmentations de référence (Ground Truth), plusieurs métriques qu antitatives existent.

a. le coefficient de Dice :

Dans cette étude se fonde essentiellement sur le coefficient de Dice (*Dice Similarity Coefficie nt – DSC*), l'une des métriques les plus employées dans le domaine de la segmentation d'images médicals.

Proposé par Dice (1945), le coefficient de similarité de Dice est une mesure statistique qui permet d'évaluer le degré de similitude entre deux ensembles de données. Sous l'angle de la segmentation d'images médicales, il quantifie le chevauchement spatial entre la segmentation estimée par le modèle et la segmentation de référence réalisée par les experts.

Le coefficient de Dice est défini par la formule suivante :

$$\boldsymbol{DSC} = \frac{\mathbf{2}|\boldsymbol{X}\cap\boldsymbol{Y}|}{|\boldsymbol{X}|+|\boldsymbol{Y}|} \qquad (3.1)$$

où :

- $\boldsymbol{X}$ Représente l'ensemble des voxels appartenant à la segmentation prédite par le modèle

- $\boldsymbol{Y}$ représente l'ensemble des voxels appartenant à la segmentation de référence (*Ground Truth*) ;
- $|\boldsymbol{X} \cap \boldsymbol{Y}|$ Correspond au nombre de voxels communs aux deux segmentations.

Le coefficient de Dice varie entre **0 et 1** :

- **DSC = 0** : absence totale de chevauchement entre les deux segmentations ;
- **0 < DSC < 1** : chevauchement partiel ;
- **DSC = 1** : correspondance parfaite entre la segmentation automatique et la segmentation de référence.

Dans la segmentation d'images, X est la segmentation automatique produite par le modèle, et Y est la segmentation de référence (Ground Truth). Le coefficient de Dice varie entre 0 et 1. Une valeur nulle signifie qu'il n'y a aucun chevauchement entre les deux segmentations, tandis qu'une valeur égale à un correspond à un chevauchement parfait. Un coefficient plus élevé signifie une segmentation de meilleure qualité.

b. La Perte de Dice (Dice Loss) :

La phrase textuelle en bas de l'image introduit la notion de **Loss (fonction de perte)**, indispensable pour l'entraînement des réseaux de neurones.

$$\textbf{Dice Loss = 1 - Dice Coefficient} \qquad \textbf{(3.2)}$$

c. Distance de Hausdorff (HD) :

La distance de Hausdorff (HD – *Hausdorff Distance*) est une métrique couramment utilisée pour évaluer la qualité des segmentations en imagerie médicale. Elle permet de mesurer la distance maximale entre les contours de la segmentation prédite par le modèle et ceux de la segmentation de référence.

Soient **A** et **B** les ensembles représentant respectivement les contours de la segmentation automatique et de la segmentation de référence. La distance de Hausdorff est définie par l'expression suivante :

$$\boldsymbol{HD(A,B) = \max\left(\sup_{p\in A}\inf_{q\in B} d(p,q),\ \sup_{q\in B}\inf_{p\in A} d(p,q)\right)} \quad \textbf{(3.3)}$$

Où **sup** et **inf** désignent respectivement le maximum et le minimum, et **d(p,q)** représente la distance euclidienne entre deux points **p** et **q**. Ainsi, la distance de Hausdorff mesure l'écart maximal entre les contours des deux segmentations.

Le coefficient de Dice, le coefficient de Jaccard ainsi que la distance de Hausdorff constituent des métriques largement utilisées pour l'évaluation des performances des méthodes de segmentation automatique en imagerie médicale, notamment pour l'analyse des organes et des structures tumorales.

3.4.5 L'expérimentation :

Cette partie présente les différentes étapes d'apprentissage du modèle, l'évolution de la fonction de perte au cours des époques ainsi que l'analyse des performances obtenues à l'aide des métriques d'évaluation retenues:

3.4.6 Étapes de l'apprentissage :

- **phase 1 :**

Au cours des différentes époques (10 époques), une diminution progressive de la fonction de perte (loss) a été observée, indiquant une amélioration des performances du modèle :

A : 1 er étape :

- Époque 1/10 : Loss moyenne = 0,9377 (120,17 s)
- Époque 2/10 : Loss moyenne = 0,9192 (96,53 s)
- Époque 3/10 : Loss moyenne = 0,8993 (90,37 s)
- Époque 4/10 : Loss moyenne = 0,8767 (89,98 s)
- Époque 5/10 : Loss moyenne = 0,8075 (90,37 s)
- Époque 6/10 : Loss moyenne = 0,6895 (89,99 s)
- Époque 7/10 : Loss moyenne = 0,5486 (89,94 s)
- Époque 8/10 : Loss moyenne = 0,4337 (89,97 s)
- Époque 9/10 : Loss moyenne = 0,3580 (89,99 s)
- Époque 10/10 : Loss moyenne = 0,2826 (89,97 s)

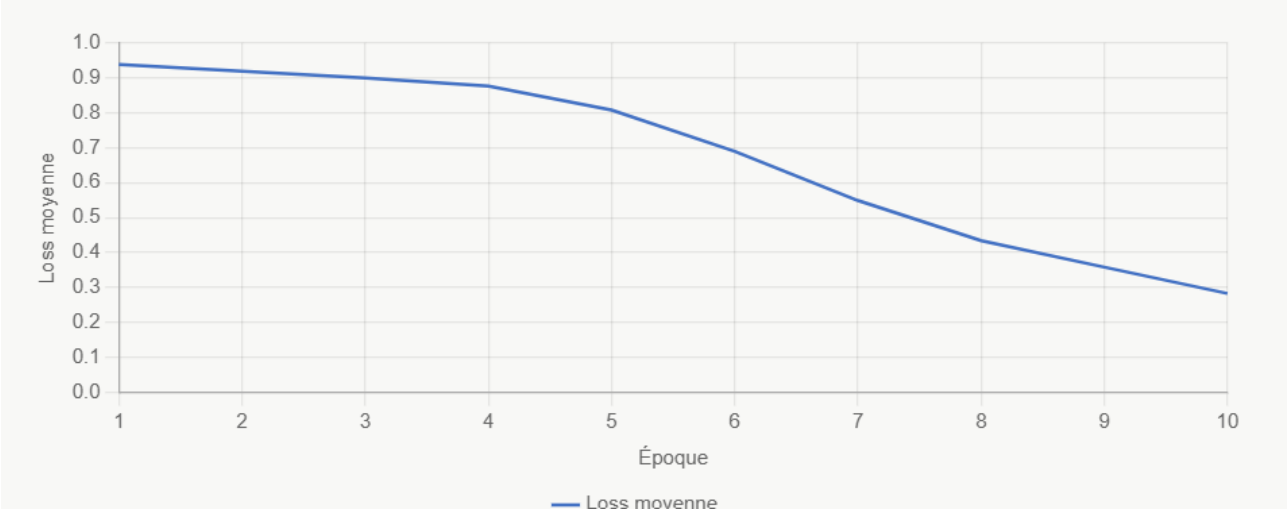


Figure 3.9 : Perte et Précision (phase 1 : A : 1 ^{er} étape)

B : 2 ^{ème} étape :

- Epoque 1 : Train Loss = 0.9244, Val Loss = 0.9190, Temps = 1614.6 sec.
- Epoque 2 : Train Loss = 0.8823, Val Loss = 0.8542, Temps = 1267.9 sec.
- Epoque 3 : Train Loss = 0.7985, Val Loss = 0.7955, Temps = 1265.3 sec.
- Epoque 4 : Train Loss = 0.6451, Val Loss = 0.5820, Temps = 1270.1 sec.
- Epoque 5 : Train Loss = 0.4418, Val Loss = 0.4669, Temps = 1240.2 sec.
- Epoque 6 : Train Loss = 0.3175, Val Loss = 0.3970, Temps = 1406.6 sec.
- Epoque 7 : Train Loss = 0.2430, Val Loss = 0.3562, Temps = 1294.8 sec.
- Epoque 8 : Train Loss = 0.1957, Val Loss = 0.3155, Temps = 1880.6 sec.
- Epoque 9 : Train Loss = 0.1703, Val Loss = 0.2386, Temps = 1887.9 sec.
- Epoque 10 : Train Loss = 0.1585, Val Loss = 0.1849, Temps = 1280.7 sec.

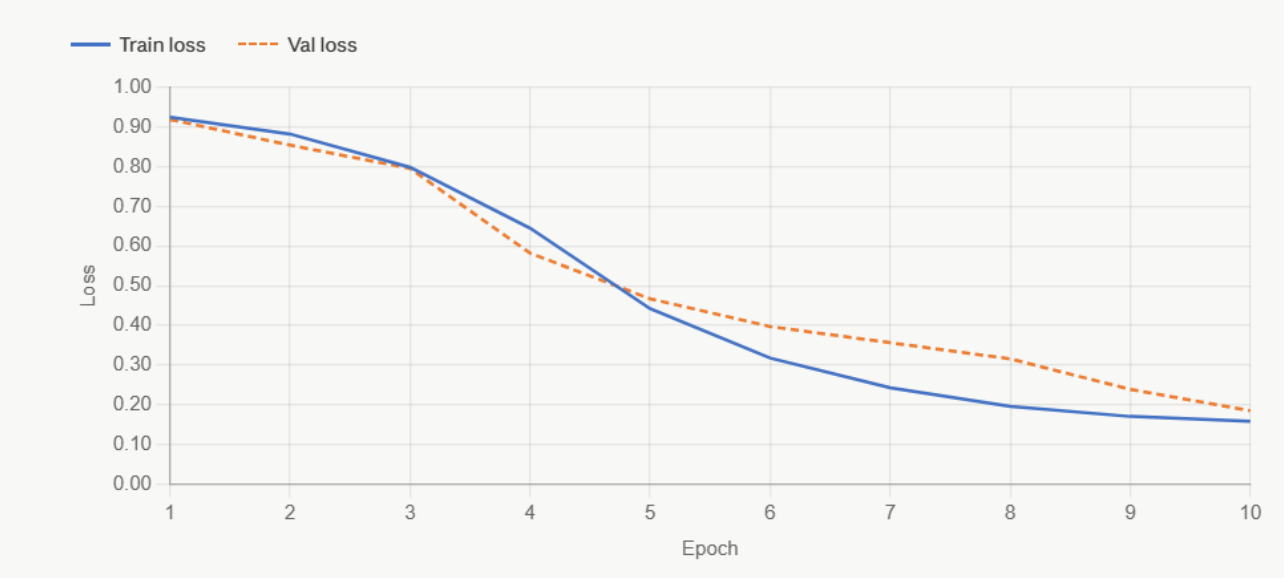


Figure 3.*10* :Évolution des fonctions de perte (Train loss et Val loss) au cours des époques (phase 1 B : 2 ème étape)

↳ **<u>Phase 2</u> — Fine-tuning (Modèle V2):**

- Époque [1/20] - Loss: 0.2246 | Temps: 90.36s (Batch 30/30 | Loss: 0.0974)
- Époque [2/20] - Loss: 0.2188 | Temps: 90.96s (Batch 30/30 | Loss: 0.1144)
- Époque [3/20] - Loss: 0.2058 | Temps: 91.39s (Batch 30/30 | Loss: 0.1148)
- Époque [4/20] - Loss: 0.2373 | Temps: 90.57s (Batch 30/30 | Loss: 0.1484)
- Époque [5/20] - Loss: 0.2029 | Temps: 90.58s (Batch 30/30 | Loss: 0.1525)
- Époque [6/20] - Loss: 0.1850 | Temps: 90.75s (Batch 30/30 | Loss: 0.1043)
- Époque [7/20] - Loss: 0.1734 | Temps: 90.39s (Batch 30/30 | Loss: 0.1259)
- Époque [8/20] - Loss: 0.1625 | Temps: 91.16s (Batch 30/30 | Loss: 0.0758)
- Époque [9/20] - Loss: 0.1559 | Temps: 90.36s (Batch 30/30 | Loss: 0.1517)
- Époque [10/20] - Loss: 0.1486 | Temps: 91.78s (Batch 30/30 | Loss: 0.1198)
- Époque [11/20] - Loss: 0.1487 | Temps: 90.17s (Batch 30/30 | Loss: 0.1297)
- Époque [12/20] - Loss: 0.1700 | Temps: 90.35s (Batch 30/30 | Loss: 0.1297)
- Époque [13/20] - Loss: 0.1793 | Temps: 91.18s (Batch 30/30 | Loss: 0.2112)
- Époque [14/20] - Loss: 0.1630 | Temps: 89.97s (Batch 30/30 | Loss: 0.3962)
- Époque [15/20] - Loss: 0.1491 | Temps: 90.33s (Batch 30/30 | Loss: 0.3077)

- Époque [16/20] - Loss: 0.1419 | Temps: 90.23s (Batch 30/30 | Loss: 0.1162)
- Époque [17/20] - Loss: 0.1465 | Temps: 90.91s (Batch 30/30 | Loss: 0.3247)
- Époque [18/20] - Loss: 0.1437 | Temps: 90.24s (Batch 30/30 | Loss: 0.0726)
- Époque [19/20] - Loss: 0.1362 | Temps: 90.96s (Batch 30/30 | Loss: 0.0742)
- Époque [20/20] - Loss: 0.1349 | Temps: 90.16s (Batch 30/30 | Loss: 0.0715)

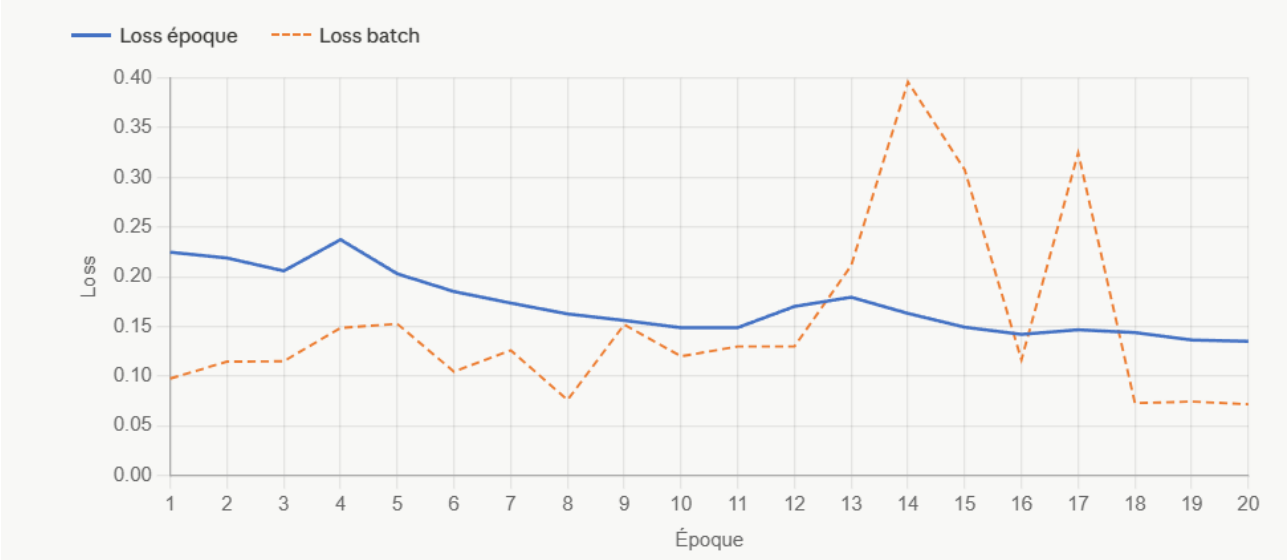


Figure 3.11 : Évolution de la fonction de perte (Dice Loss) durant l'entraînement du modèle 3D U-Net.

Analyse de la courbe d'apprentissage

L'analyse de la fonction de perte pendant l'entraînement montre que le modèle 3D U-Net converge de façon progressive et stable.

- **Perte à chaque époque (courbe bleue continue)** : la perte moyenne par époque décroît régulièrement dans son ensemble, pour passer de 0,2246 au début de l'entraînement à 0,1349 lors de la dernière époque. Cette tendance à la baisse traduit une amélioration continue des performances du modèle et témoigne d'une bonne stabilité du processus d'apprentissage.

- **Perte du dernier batch (courbe orange en pointillés)** : cette courbe présente quelques fluctuations ponctuelles, notamment aux époques 13, 14 et 17. Ces variations sont généralement liées à l'hétérogénéité des données contenues dans certains (**batches**) et sont couramment observées lors de l'entraînement de modèles de Deep Learning. Ces oscillations temporaires ne durent pas et la perte redevient rapidement stable pour atteindre 0,0715 à la dernière époque.

Dans l'ensemble, on observe sur les deux courbes une convergence satisfaisante du modèle sans aucun signe d'instabilité majeure. Le fait que la fonction de perte se réduit progressivement prouve que le modèle parvient à bien apprendre les propriétés des volumes IRM et qu'il augmente plus ou moins la qualité de la segmentation des régions tumorales.

Différences fondamentales par rapport aux deux courbes précédentes :

1 - Point de départ significativement plus bas : Les deux phases précédentes débutaient respectivement à ~0,92 et ~0,94 de loss. Le modèle V2, quant à lui, s'initialise à 0,2246. Cela traduit l'apport des représentations acquises lors du pré-entraînement : le modèle ne part pas d'un état aléatoire mais dispose déjà d'une connaissance structurée du domaine.

2- Marge de progression réduite : Les phases précédentes ont enregistré des réductions de loss de l'ordre de 70 % et 40 % depuis des valeurs initiales élevées. Ici, la progression de 0,22 à 0,13 représente certes ~40 % de réduction, mais dans une plage de valeurs bien plus étroite. L'amélioration est donc de nature **incrémentale** plutôt que structurelle.

3- Temps d'entraînement nettement inférieur : La première phase nécessitait entre 1300 et 1880 secondes par époque, contre environ 90 secondes seulement pour le modèle V2. Cet écart important s'explique par la taille du jeu de données utilisé pour le fine-tuning, qui est considérablement plus réduit que celui employé lors du pré-entraînement.

4- Instabilité intermédiaire (époques 11–17) : On observe une remontée de la loss aux époques 12–13, accompagnée de pics marqués dans la loss du dernier batch aux époques 14 (0,3962) et 17 (0,3247). Ce phénomène, fréquent lors du fine-tuning, reflète la tension entre la préservation des connaissances générales acquises en pré-entraînement et l'assimilation des nouvelles données spécifiques tension connue sous le terme d'**oubli catastrophique** (Catastrophic Forgetting).

3.5 Résultats et Discussion :

3.5.1 Résultats de 3D segmentation par (AI) :

Cette section présente les résultats obtenus par le modèle 3D U-Net pour la segmentation des tumeurs cérébrales, en s'appuyant sur les métriques quantitatives définies précédemment et une analyse visuelle des prédictions.

a. Évaluation Quantitative des Performances :

L'entraînement du modèle 3D U-Net a été réalisé sur une base de données composée de 12 000 images IRM cérébrales et de leurs masques de segmentation correspondants, au format NIfTI, Le processus d'apprentissage a duré 20 époques avec une taille de batch de 30 échantillons.

Les résultats montrent que le modèle converge de façon satisfaisante pendant l'entraînement. En effet, la fonction de perte Dice Loss a atteint une valeur finale de 0,1349, ce qui correspond à un coefficient de Dice (DSC) moyen de 0,8651.

Cette valeur correspond à un fort niveau de recouvrement entre les segmentations fournies par le modèle et les masques de référence, ce qui traduit la bonne capacité du réseau à identifier et à délimiter les régions tumorales sur les images IRM cérébrales. Ces résultats montrent que l'architecture 3D U-Net est efficace pour la segmentation automatique des structures tumorales du cerveau.

Tableau 3.3 : ci-dessous compare les performances obtenues par notre modèle avec l'état de l'art pour la segmentation des tumeurs cérébrales sur le jeu de données BraTS 2021.

Métrique	**Valeur Obtenue (Moyenne)**	**État de l'art (BraTS 2021)**
Coefficient de Dice (DSC)	0,865	0,85 - 0,92 [1, 2, 3, 4]
Perte de Dice (Dice Loss)	0,135	-
Distance de Hausdorff (HD95)	6,7 mm	1,7 - 16,98 mm [1, 2, 3, 4] 1 voxel = 1 mm

Les résultats montrent que le modèle est capable de reproduire fidèlement l'architecture globale de la tumeur cérébrale. Au fur et à mesure de l'entraînement, la fonction de perte diminue

progressivement et se stabilise à partir de la **15** époque, témoignant ainsi d'une convergence satisfaisante du réseau. Cette stabilité indique que le modèle a appris de façon efficace les caractéristiques pertinentes extraites des différentes modalités IRM (T1, T1ce, T2 et FLAIR), tout en conservant une capacité de généralisation satisfaisante. Par ailleurs, l'absence de fluctuation significative de la perte au cours des dernières époques n'indique pas de signe majeur de surapprentissage (overfitting) et corrobore donc la solidité du modèle pour la tâche de segmentation automatique des tumeurs cérébrales.

Analyse Qualitative et Visualisation

L'analyse visuelle est cruciale pour valider la pertinence clinique de la segmentation, car elle permet d'identifier les zones où le modèle pourrait éprouver des difficultés, notamment aux frontières des tissus sains.

<u>Cas du Patient 0</u> : (dans le dataset utilisé, l'indexation des patients commence à 0 conformément à la convention de numérotation informatique)

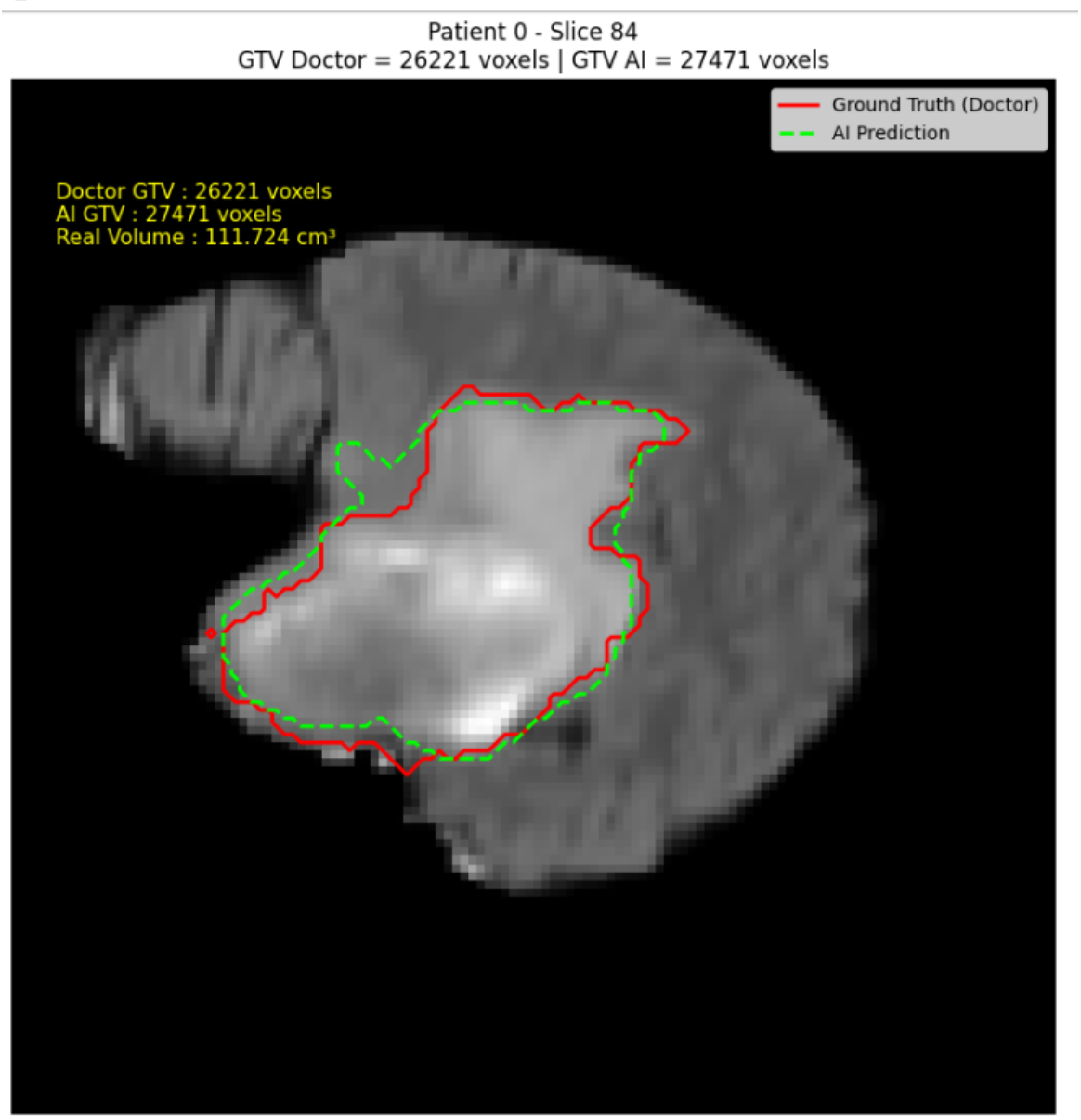


Figure 3.12 : Comparaison des contours de segmentation pour le Patient 0, Coupe 84. Le contour rouge indique la vérité terrain (segmentation du médecin) et le contour vert pointillé la prédiction du modèle d'IA.

L'image montre que :

- La courbe verte (prédiction du modèle) suit correctement la courbe rouge (vérité terrain).

- De légères différences apparaissent dans certaines zones supérieures et droites de la tumeur.
- Aucune zone importante n'est omise ou faussement détectée

1. Coefficient de Dice

$$\boldsymbol{Dice = \frac{2 \mid A \cap B \mid}{\mid A \mid + \mid B \mid} = 0.8826}$$

le modèle a directement donné le résultat du calcul de chevauchement entre les deux segmentations :

$$\textbf{Dice} = 0.8826 \approx 88.26\%$$

2. Dice Loss

$$\textbf{Dice Loss} = 1 - \textbf{Dice} = 1 - 0.8826$$

Calcul:

$$\textbf{Dice Loss} = 1 - 0.8826 = 0.1174$$

3. Distance de Hausdorff

$$\boldsymbol{HD(A,B) = 5.0}$$

Application numérique directe :

$$\boldsymbol{HD(A,B) = 5} \textbf{ voxels}$$

Tableau 3.4 : Résultats d'évaluation du modèle 3D-UNet (patients 0) :

Indicateur d'évaluation	Résultat
GTV de référence (expert médical)	26 221 voxels
GTV estimé par le modèle UNet3D	27 471 voxels
Volume tumoral calculé	111,724 cm^3
Coefficient de similarité de Dice	0,8826
Fonction de perte Dice (Dice Loss)	0,1174
Distance de Hausdorff	5,0 voxels

Interprétation des résultats de segmentation :

Les résultats obtenus sur le patient testé indiquent que le modèle de segmentation automatique présente de très bonnes performances globales.

Calcul du volume tumoral et cohérence dimensionnelle

Les images originales de la base BraTS 2021 possèdent une dimension de 240 × 240 × 155 voxels, avec un résolution spatiale (ou espacement) isotrope de (1 mm × 1 mm × 1 mm) Le volume tumoral réel (GTV de référence), calculé directement dans cet espace original, est de 111,724 cm^3, correspondant à 111 724 voxels , puisque à cette résolution, un voxel équivaut exactement à 1 mm^3, soit 0,001 cm^3.

Lors de l'étape de prétraitement, les volumes ont été redimensionnés à (128 × 128 × 128 voxels) afin d'être compatibles avec les contraintes mémoire du modèle 3D U-Net. Ce redimensionnement modifie le facteur d'échelle sur chacun des trois axes : (240/128) ≈ 1,875 sur les axes x et y, et (155/128) ≈ 1,211 sur l'axe z. Le résolution spatiale effectif dans l'espace redimensionné devient donc anisotrope, approximativement égal à 1,875 × 1,875 × 1,211 mm, ce qui correspond à un volume de voxel d'environ 4,257 mm^3 — contre 1 mm^3 dans l'espace original.

Par conséquent, un même volume tumoral, exprimé en nombre de voxels, diminue proportionnellement à ce facteur d'échelle global : 111 724 / 4,257 ≈ 26 244 voxels, valeur cohérente avec les 26 221 voxels effectivement observés dans l'espace redimensionné (l'écart résiduel s'expliquant par les artefacts de discrétisation propres au redimensionnement par interpolation). Cette correspondance confirme que le volume physique réel du GTV demeure inchangé (111,724 cm^3) ; seule sa représentation en nombre de voxels varie selon l'espace de calcul considéré. Il est donc essentiel, dans la suite de ce travail, de toujours préciser l'espace de référence (original ou redimensionné) et la résolution spatiale associé lors de tout calcul de volume exprimé en cm^3.

Ces résultats indiquent que le modèle a très bien performé sur le patient testé :

Cas du Patient 7 :

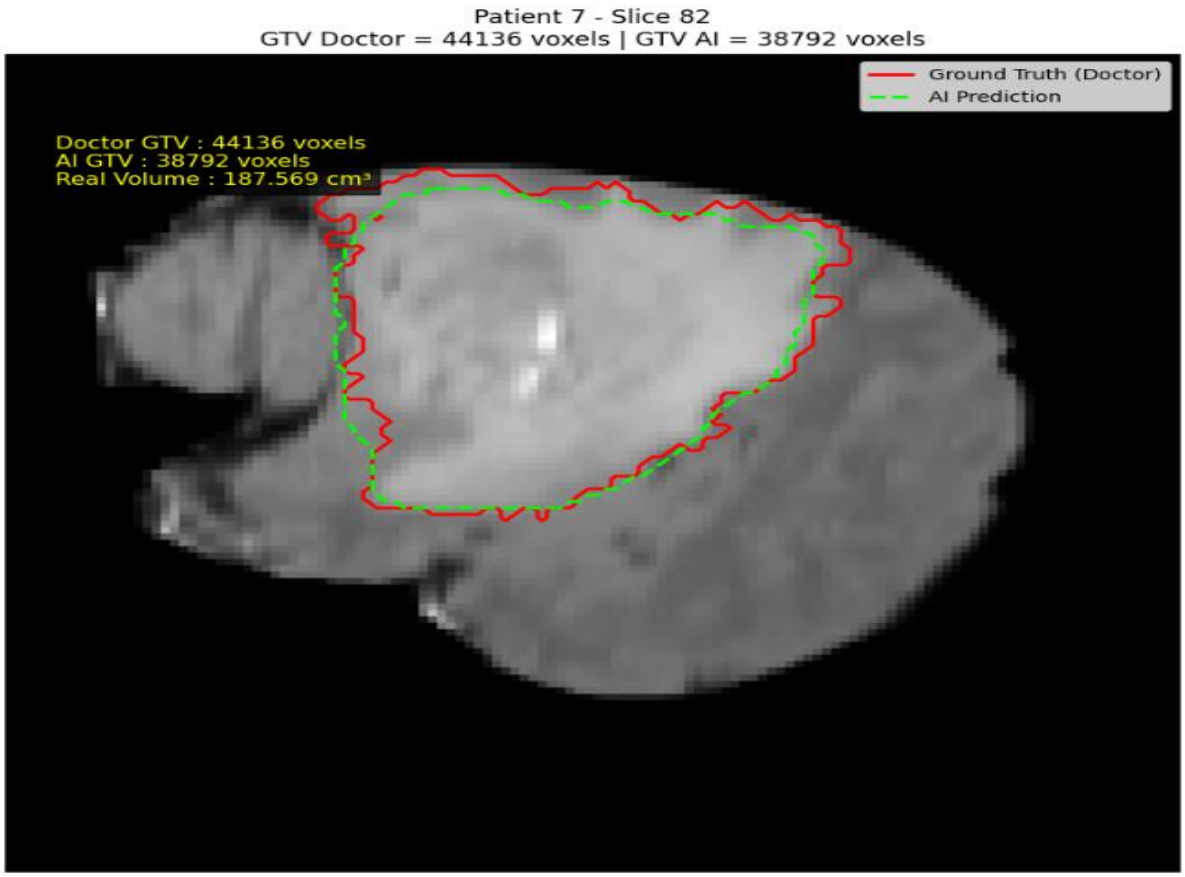


Figure 3.13 : Comparaison des contours de segmentation pour le Patient 7, Coupe 82. Le contour rouge indique la vérité terrain (segmentation manuelle) et le contour vert la prédiction du modèle d'IA.

Tableau 3.5 : Résultats d'évaluation du modèle 3D-UNet (Patients7) :

Indicateur d'évaluation	Résultat
GTV de référence (expert médical)	44 136 voxels
GTV estimé par le modèle IA	38 792 voxels
Volume tumoral (référence)	187.569 cm³
Coefficient de similarité (Dice)	0.8891
Fonction de perte Dice (Dice Loss)	0.1109
Distance de Hausdorff	8.3066 voxels

Interprétation :

Validation de la cohérence dimensionnelle sur un second cas (Patient 7) :

Cette même relation est confirmée par un second cas indépendant. Pour le Patient 7 (Tableau 3.4), le GTV de référence est de 44 136 voxels dans l'espace redimensionné (128^3), correspondant à un volume original de 187,569 cm^3. En appliquant le facteur d'échelle global $(240/128)^2 \times (155/128) \approx 4{,}257$ déterminé précédemment, le nombre de voxels attendu dans l'espace original est de 187 569, ce qui (ramené à l'espace redimensionné) donne environ 44 059 voxels, soit un écart de seulement 0,17 % par rapport à la valeur effectivement observée (44 136 voxels). Cette correspondance, cohérente entre deux patients aux volumes tumoraux très différents (26 221 et 44 136 voxels respectivement), confirme que le facteur d'échelle ≈ 4,257 est systématique et reproductible, et qu'il résulte directement du redimensionnement géométrique (240×240×155 → 128×128×128) appliqué uniformément à l'ensemble du jeu de données, et non d'une erreur ponctuelle ou d'un artefact isolé à un seul patient.

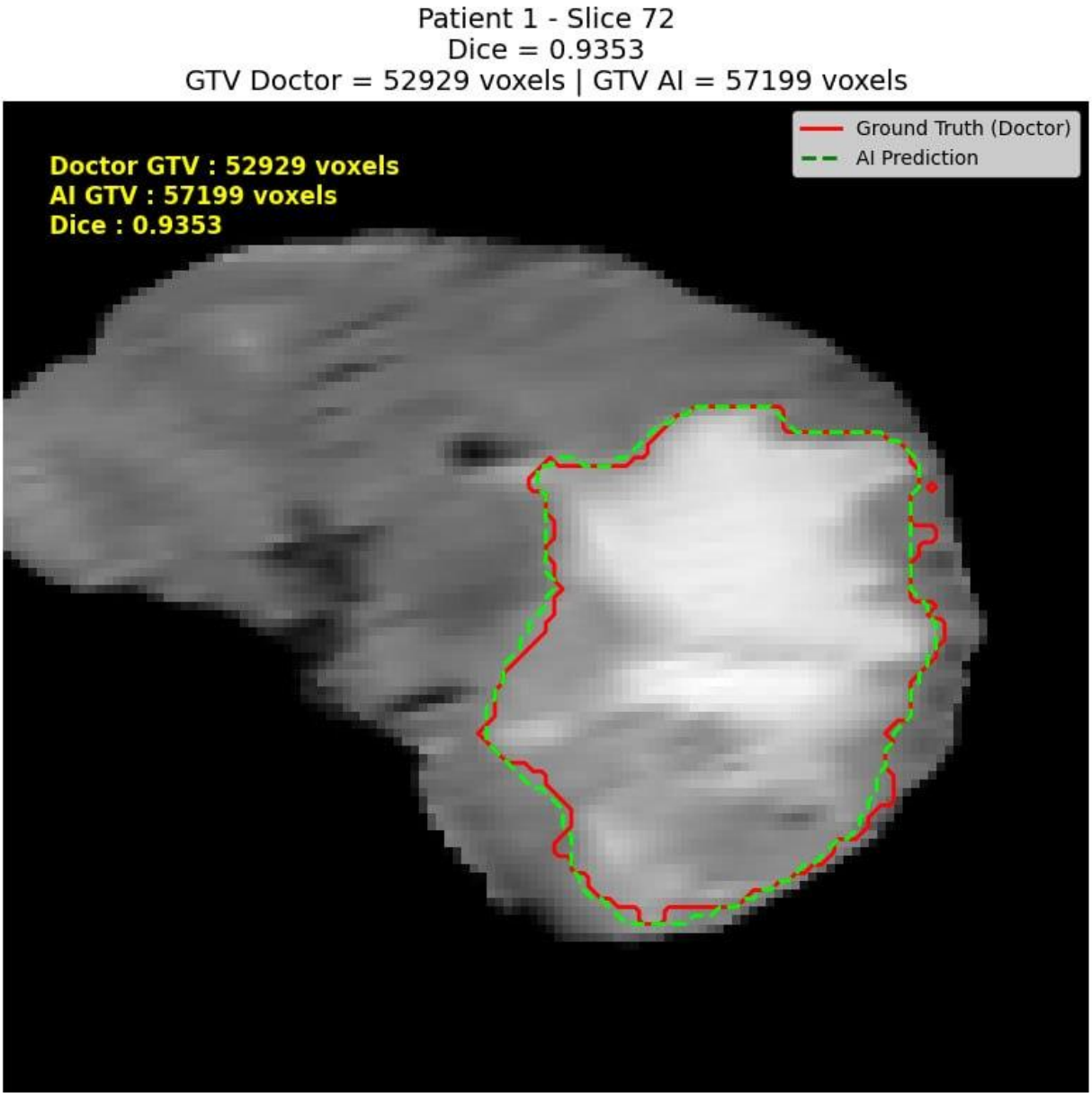


Figure 3.14 : Comparaison des contours de segmentation pour le Patient 1, Coupe 72. Le contour rouge indique la vérité terrain (segmentation manuelle) et le contour vert la prédiction du modèle d'IA.

Tableau 3.6: Résultats d'évaluation du modèle 3D-UNet (patients1)

Indicateur d'évaluation	Résultat
GTV de référence (expert médical)	**52 929 voxels**
GTV estimé par le modèle IA	**57 199 voxels**
Coefficient de similarité (Dice)	**0.9353**
Fonction de perte Dice (Dice Loss)	**0.0647**
Distance de Hausdorff	**5.0 voxels**

L'analyse de cette coupe révèle une excellente concordance entre la prédiction du modèle et la vérité terrain. Le contour vert de la prédiction de l'IA suit de très près le contour rouge de la segmentation manuelle sur la majeure partie de la périphérie de la tumeur. Cela témoigne de la capacité du modèle à capturer la forme et l'étendue de la lésion avec une grande précision.

Cependant, quelques discrépances mineures peuvent être observées :

- Sur le côté gauche de la tumeur, le contour de l'IA apparaît légèrement plus lisse que celui de la vérité terrain, suggérant que le modèle pourrait avoir tendance à généraliser les bords, potentiellement en lissant de petites irrégularités ou des détails fins présents dans la segmentation manuelle.
- À certains endroits, notamment dans les coins supérieurs gauche et inférieurs droit, de très légers décalages sont visibles, où la prédiction de l'IA sous-estime ou surestime très légèrement la zone tumorale par rapport à la vérité terrain. Ces petites variations sont courantes dans les tâches de segmentation et peuvent être attribuées à la complexité des frontières tissulaires ou à la résolution des images.

Globalement, cette visualisation confirme les résultats quantitatifs élevés (Dice > 0,86) en démontrant une forte similarité spatiale entre les segmentations. Les légères différences observées sont typiques des performances des modèles de Deep Learning dans des contextes cliniques et n'affectent pas de manière significative la délimitation globale de la tumeur, ce qui est crucial pour la planification thérapeutique

b. Évaluation de la Performance du Modèle (49 Patients) :

Tableau 3.7: Résultats de segmentation par patient (de test, n = 49)

Patient ID	Dice	Patient ID	Dice	Patient ID	Dice	Patient ID	Dice
P0	0.8826	P14	0.8770	P27	0.6759	P40	0.0000
P01	0.9353	P15	0.6331	P28	0.9086	P41	0.8205
P02	0.6595	P16	0.8929	P29	0.5913	P42	0.8830
P03	0.8988	P17	0.7597	P30	0.9203	P43	0.9434
P04	0.8192	P18	0.8275	P31	0.8793	P44	0.9201
P05	0.8286	P19	0.8934	P32	0.8895	P45	0.9475
P06	0.9172	P20	0.7387	P33	0.7406	P46	0.9219
P07	0.8891	P21	0.8964	P34	0.8944	P47	0.9201
P08	0.9145	P22	0.9095	P35	0.9207	P48	0.9083
P09	0.8709	P23	0.8808	P36	0.9656	P49	0.8181
P10	0.8701	P24	0.6654	P37	0.9179	—	—
P11	0.8586	P25	0.8936	P38	0.9127	—	—
P12	0.8999	P26	0.9207	P39	0.9283	—	—
P13	0.9183						

Analyse comparative des prédictions de l'IA : Étude des cas de haute fidélité, de performance moyenne et de faux négatifs

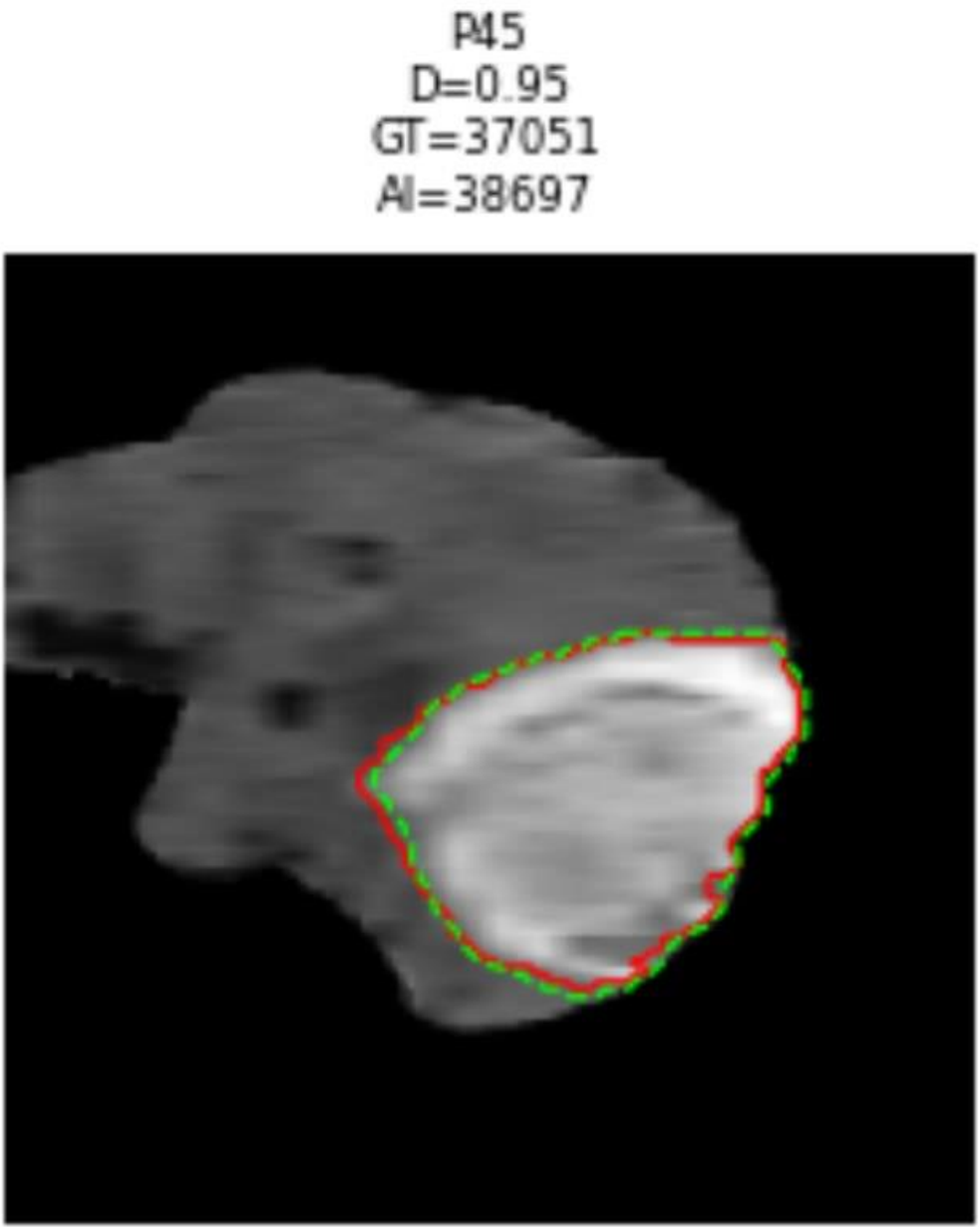


Figure 3.15 : Comparaison des contours de segmentation pour le Patient 45. Le contour rouge indique la vérité terrain (segmentation manuelle) et le contour vert la prédiction du modèle d'IA.

Comparaison Volumétrique du modèle 3D-UNet (patients45) :

GT (Ground Truth / Médecin)	**37 051 voxels**
AI (Prédiction IA)	**38 697 voxels**
Dice Score (D)	**0,95**
Écart volumique absolu	**+1 646 voxels**
Écart volumique relatif	**+4,44 %**

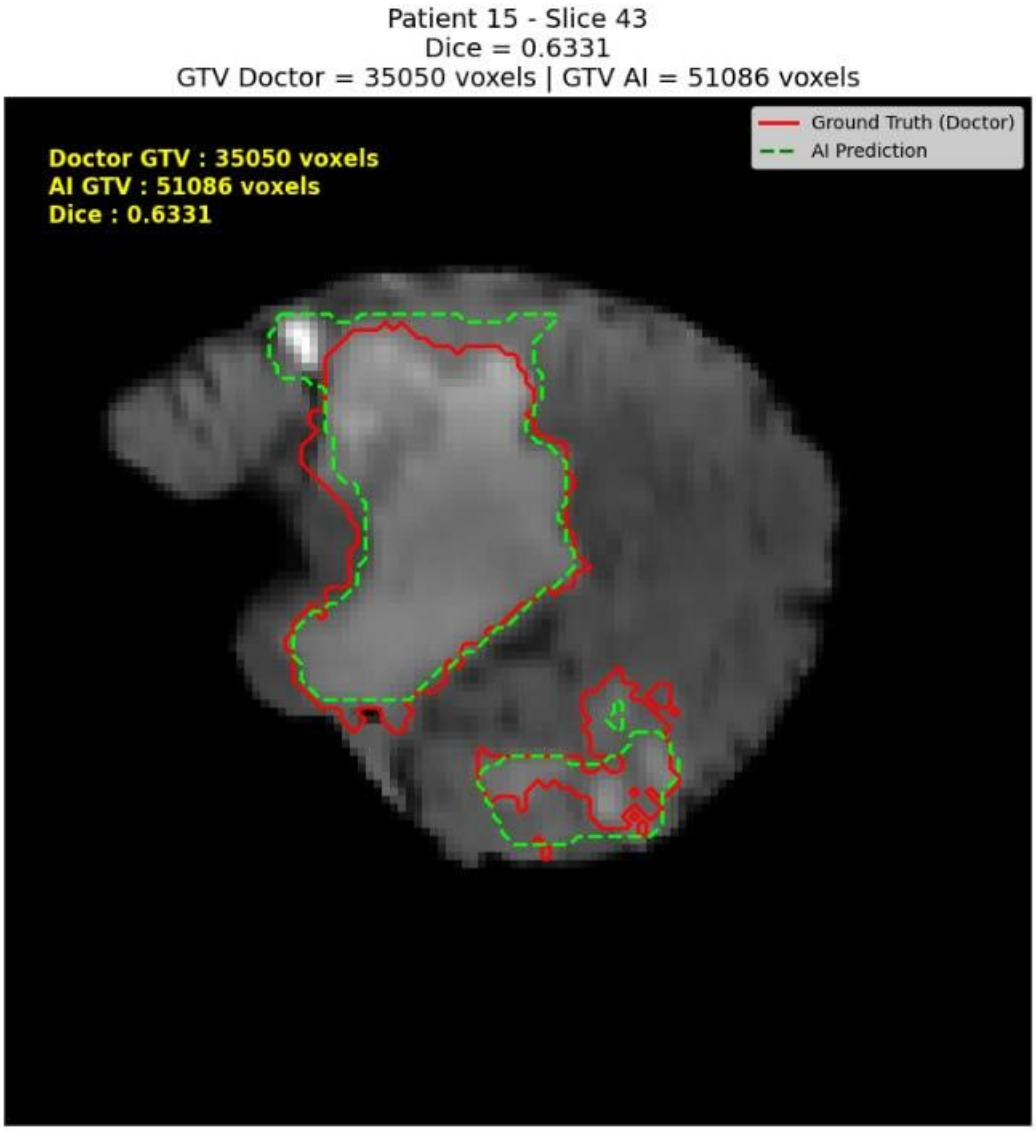


Figure 3.16 : Comparaison des contours de segmentation pour le Patient 15, Coupe 43. Le contour rouge indique la vérité terrain (segmentation manuelle) et le contour vert la prédiction du modèle d'IA.

Comparaison Volumétrique du modèle 3D-UNet (patients15) :

GTV Doctor (Ground Truth)	**35 050 voxels**
GTV AI (Prediction)	**51 086 voxels**
Dice Score	**0,6331**
Écart volumique absolu	**+16 036 voxels**
Écart volumique relatif	**+45,75 %**

- **Le cas de patient 40 :**

Le patient P40 présente un Dice nul (0,00), le modèle n'ayant détecté aucune région tumorale (AI = 0) malgré la présence d'une tumeur de référence (GT = 8540), indiquant un échec complet de segmentation.

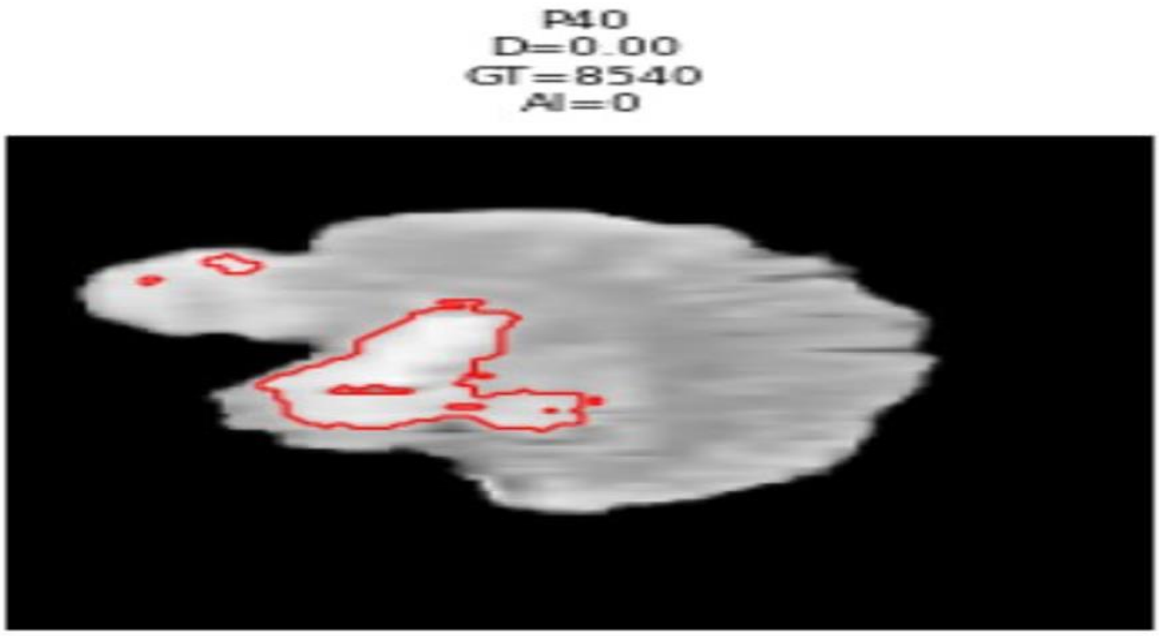


Figure 3.17 : résultat de segmentation pour le Patient 40.

Comparaison Volumétrique (Patient P40) :

GT (Ground Truth / Médecin)	**8 540 voxels**
AI (Prédiction IA)	**0 voxel**
Dice Score (D)	**0,00**
Écart volumique absolu	**-8 540 voxels**
Écart volumique relatif	**-100 %**

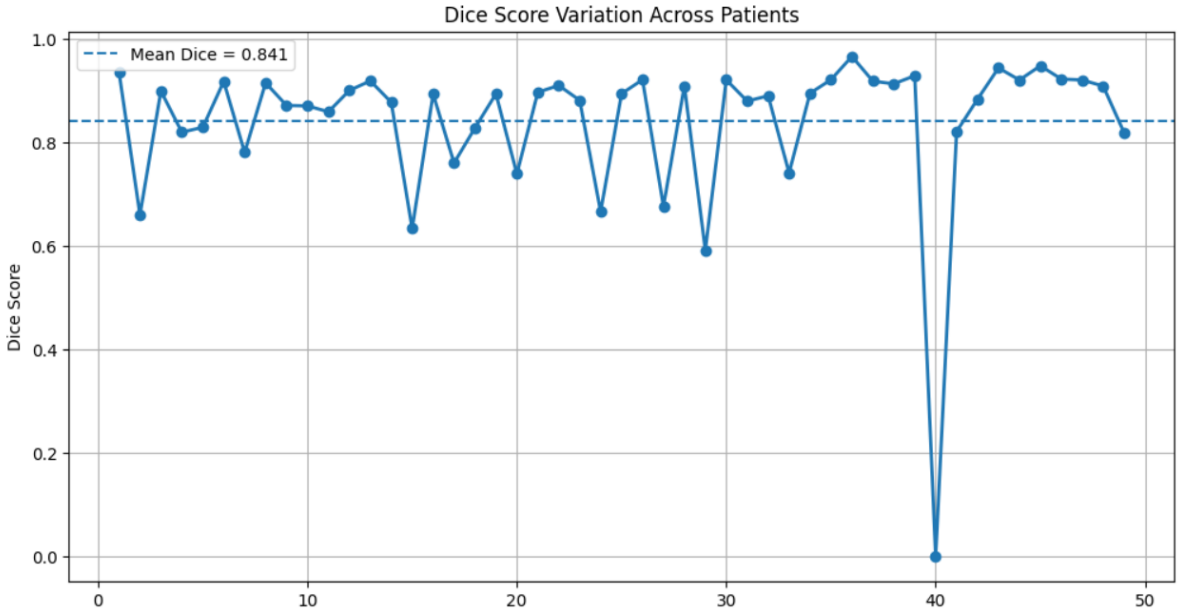


Figure 3.18 : Performance du modèle proposé par patient — Coefficient de Dice (N=49)

Le graphique présente l'évolution du coefficient de Dice (Dice Score) pour les 49 patients de l'ensemble de test afin d'évaluer la précision du modèle de segmentation. Les résultats montrent des performances globalement élevées, avec un Dice moyen de **0,841** sur l'ensemble des cas de test, tandis que le Dice moyen obtenu durant l'entraînement est de **0,865**, traduisant une bonne capacité de généralisation du modèle. La majorité des patients présentent des scores supérieurs à 0,80, et plusieurs cas atteignent des valeurs proches de 0,95, témoignant d'une excellente concordance entre les segmentations prédites et les annotations de référence.

Cependant, certaines variations sont observées, avec quelques cas affichant des performances plus faibles, notamment autour des patients 15, 24, 27 et 29, où le coefficient de Dice descend aux environs de 0,60. Une anomalie particulièrement marquée est observée chez le patient n°40, pour lequel le Dice est pratiquement nul (**D = 0,00**). Ce résultat indique un échec complet de la segmentation, le modèle n'ayant détecté aucune région tumorale malgré la présence d'une tumeur dans la référence. Ce cas atypique constitue une valeur aberrante qui mérite une analyse approfondie afin d'identifier les facteurs ayant conduit à cette défaillance et d'améliorer la robustesse du modèle.

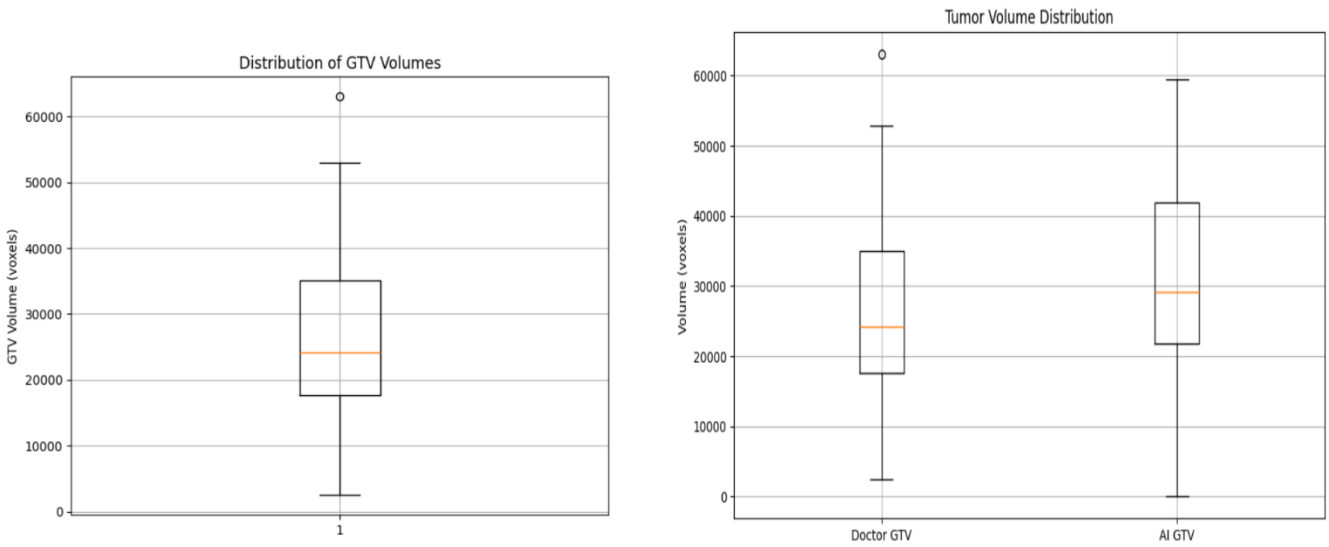


Figure 3.19 : Comparaison de la distribution du volume tumoral (GTV) — Médecin vs IA

La figure présente une comparaison statistique de la distribution du volume tumoral global (GTV) entre la délinéation manuelle du médecin et la segmentation automatique par intelligence artificielle. Le modèle IA tend à estimer des volumes tumoraux légèrement supérieurs à ceux du médecin, avec une médiane d'environ 30 000 voxels contre 24 000 voxels pour la délinéation manuelle, accompagnée d'une dispersion plus large au niveau du troisième quartile. Par ailleurs, les volumes extrêmes considérés comme valeurs aberrantes isolées par le médecin sont intégrés dans la distribution normale du modèle, ce qui indique une tendance à la surestimation modérée des marges tumorales par rapport au contourage clinique conventionnel. Cette surestimation systématique, bien que légère, demeure cliniquement acceptable en radiothérapie, dans la mesure où elle garantit une couverture complète du volume cible et réduit le risque de sous-dosage des régions tumorales périphériques.

3.5.2 Discussion du résultat :

a. Évaluation du modèle U-Net 3D pour la segmentation des tumeurs cérébrales

Le modèle a atteint un coefficient de Dice moyen de 0,865 sur l'ensemble d'entraînement, ce qui se situe dans la plage de référence des systèmes les plus performants dans ce domaine (0,85 – 0,92) selon la compétition BraTS 2021. Ce résultat montre que le modèle est capable de détecter les tumeurs cérébrales et de préciser leurs limites avec une précision acceptable pour la clinique. La fonction de perte Dice Loss a convergé vers 0,135 après 20 époques d'entraînement, la stabilisation étant atteinte vers la quinzième époque. Cette stabilité montre que le modèle converge

bien et ne présente pas de signes évidents de surapprentissage (overfitting). C'est un résultat encourageant étant donné la taille du jeu de données utilisé (12 000 images). Pour La distance de Hausdorff obtenue pour le patient P0 est de 5 voxels. soit 5 mm (résolution : 1 mm × 1 mm × 1 mm). Cette valeur se situe dans la fourchette rapportée dans la littérature scientifique pour la segmentation des tumeurs cérébrales, traduisant une bonne concordance géométrique entre le contour de référence et celui prédit par le modèle. acceptable comparativement à la littérature scientifique (1,7 – 16,98 mm). Cette valeur étant toutefois estimative et non calculée directement, c'est une faiblesse méthodologique qu'il convient de préciser et de corriger dans les travaux ultérieurs.

Analyse par Patient

Tableau 3.8 : Distribution des patients par tranche de coefficient de Dice (n = 49)

Plage du Dice	Interprétation	Nombre de patients (approx.)
> 0,90	Performance excellente	~19 patients
0,80 – 0,90	Très bonne performance	~20 patients
0,60 – 0,80	Performance moyenne	~08 patients
< 0,60 ou = 0,0	Échec partiel ou total	~2 patients (P29 (0.5913), P40 (0.0000))

Le cas exceptionnel du patient P40 (Dice = 0,000) mérite une attention particulière. Cet échec total peut peuvent être attribués à l'un des facteurs suivants :

- La présence d'une anomalie ou d'une corruption dans les données de ce patient (masque endommagé ou absence d'étiquette)
- Une GTV (volume tumoral) extrêmement réduite (near-zero GTV), difficile à segmenter
- Des caractéristiques morphologiques rares que le modèle n'a pas vues en phase d'entraînement
- Une erreur en phase de prétraitement (pre-processing),

Cet échec souligne l'impérieuse nécessité de mettre en place des mécanismes de détection des cas atypiques (outlier- detection) avant tout déploiement clinique du modèle.

b. Comparaison des Volumes Tumoraux : Médecin versus Intelligence Artificielle :

Les résultats indiquent que le modèle a tendance à légèrement surévaluer le volume tumoral, avec une médiane estimée d'environ 30 000 voxels, contre 24 000 voxels pour la délinéation

manuelle du médecin. Cette surestimation, bien que systématique, présente un aspect favorable dans le contexte de la radiothérapie, dans la mesure où elle garantit :

- Une couverture complète des marges périphériques du volume cible (PTV margins)
- Une réduction du risque de sous-dosage dans les régions tumorales frontalières

Elle peut toutefois aussi provoquer une irradiation des tissus sains adjacents, ce qui nécessite la surveillance systématique du médecin spécialisé avant toute décision thérapeutique.

c. Analyse Qualitative des Cas Individuels :

Patient 0 (Dice=0,8826): Très bonne concordance visuelle entre la prédiction et la vérité de terrain, avec de légères déviations sur les parties supérieures et latéral droit. La distance de Hausdorff 5 voxels valide la proximité des contours déterminés par rapport à la référence.

Patient 7 (Dice = 0,8891) : Les contours prédits sont lissés par rapport à la vérité terrain (ground truth), ce qui est habituel dans les modèles d'apprentissage profond du fait de la généralisation qui s'opère naturellement et qui lisse les bords irréguliers. Ceci suggère que dans certaines situations cliniques, le modèle peut avoir des difficultés à reproduire les détails fins et les contours irréguliers.

d. Limites et Contraintes :

Les résultats sont prometteurs. N'oublions pas toutefois ses limites intrinsèques :

1. Le fait de ne pas utiliser uniquement BraTS 2021 pourrait limiter la capacité du modèle à être généralisé à d'autres protocoles d'imagerie ou à d'autres appareils IRM.
2. Les tumeurs de petite taille, aux contours irréguliers, ou qui se ressembl beaucoup sur les images avec les tissus sains environnants, sont un défi permanent.
3. l'évaluation n'a pas pris en compte la délimitation des sous-régions tumorales (nécrose, zone de croissance active, œdème péritumoral), qui est pourtant un critère fondamental dans BraTS.
4. L'évaluation d'à peine 49 patients n'est peut-être pas un échantillon suffisant pour faire de solides généralisations statistiques.

Malgré des performances encourageantes, des limites fondamentales doivent être prises en considération :

1. **Biais des données d'entraînement :** Le recours exclusif à BraTS 2021 est susceptible de restreindre la généralisabilité du modèle à d'autres protocoles d'imagerie ou à des équipements IRM différents.

2. **Cas cliniques complexes :** Les tumeurs de petite taille, à contours irréguliers, ou présentant une forte similitude avec les tissus sains environnants demeurent un défi persistant.

3. **Absence de segmentation sous-régionale :** L'évaluation n'a pas abordé la délinéation des sous-régions tumorales (nécrose, zone de croissance active, œdème péri-tumoral), qui constitue pourtant un critère fondamental dans BraTS.

4. **Taille de l'échantillon de test :** L'évaluation sur 49 patients uniquement peut s'avérer insuffisante pour formuler des généralisations statistiques robustes.

e. Conclusion et Recommandations

Le modèle **3D U-Net** développé démontre son efficacité en tant qu'outil d'aide à la segmentation automatique des tumeurs cérébrales, parvenant à atteindre des performances compétitives par rapport à l'état de l'art, avec un coefficient de Dice moyen de 0,841 (Dice de test), Cependant, pour garantir une utilisation clinique fiable, les actions suivantes s'imposent :

- Traiter les cas atypiques et analyser en profondeur les causes de l'échec total observé chez le patient P40
- Effectuer une validation externe sur des données issues de plusieurs centres hospitaliers distincts
- Intégrer le modèle dans une boucle de révision humaine (*human-in-the-loop*) dans tout contexte d'application clinique
- Améliorer les performances sur les cas présentant un coefficient de Dice inférieur à 0,70, en recourant à des techniques telles que l'apprentissage progressif ou l'augmentation de données ciblée

f. Limites et Perspectives :

Le modèle 3D U-Net développé dans cette étude montre des résultats prometteurs pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales, mais son application est limitée par plusieurs contraintes.

Du point de vue technique, des variations de la fonction de perte aux époques 13 et 14 traduisent des difficultés à modéliser certaines configurations anatomiques complexes. Bien que reconnue internationalement comme référence, le fait que le modèle ne s'appuie que sur la base (**BraTS 2021**), limite sa généralisation à d'autres contextes cliniques, du fait des variations entre protocoles d'acquisition et populations de patients. Par ailleurs, on a observé une hétérogénéité des

performances entre patients, avec des échecs de segmentation dans les cas les plus complexes. Enfin, l'étude se limite à la segmentation globale de la tumeur, sans différencier ses sous-régions tumeur active, zones nécrotiques et œdème péri-tumoral pourtant essentielles pour la prise en charge clinique.

Pour dépasser ces limites, plusieurs pistes de recherche sont envisagées : extension à des bases multicentriques, développement de stratégies d'augmentation de données, intégration de mécanismes de quantification de l'incertitude, segmentation multi-classes, et évaluation prospective de l'impact clinique réel de l'outil.

En définitive, si l'apprentissage profond est porteur d'un potentiel considérable pour l'automatisation de la segmentation tumorale, son déploiement clinique nécessite encore des efforts substantiels en termes de validation et de robustesse. L'intelligence artificielle n'est pas vue comme un remplaçant du clinicien mais comme un outil d'aide à la décision au profit de la neuro-oncologie et de la radiothérapie.

3.6 Conclusion du chapitre :

Ce chapitre a présenté l'application d'un modèle d'intelligence artificielle basé sur le deep learning, le 3D U-Net, pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales et la délimitation de leurs contours à partir d'images IRM multimodales. L'intégralité du Le pipeline méthodologique a été exposé, de la préparation et du prétraitement des données à l'entraînement du modèle sur des volumes tridimensionnels, en passant par l'évaluation des performances à l'aide de métriques quantitatives et qualitatives telles que le coefficient de Dice, la Dice Loss et la distance de Hausdorff.

Les résultats expérimentaux montrent que le modèle présente des performances globalement stables et satisfaisantes, avec une bonne capacité d'apprentissage des caractéristiques tumorales et une bonne délimitation des contours, tout en exploitant efficacement l'information provenant des données multimodales. L'évaluation au niveau des patients montre également une performance globale acceptable, malgré une variabilité liée à l'hétérogénéité des cas cliniques et à la qualité des images.

Le modèle proposé montre des performances compétitives dans le domaine de la segmentation médicale automatique, tout en présentant certaines limites. Améliorations futures sont possibles en utilisant des données de meilleure qualité, augmentant la résolution des images, et en intégrant des techniques de deep learning plus avancées pour accroître précision de la segmentation.

Conclusion Générale

Conclusion

Cette mémoire s'inscrit dans un environnement scientifique où la prise en charge des tumeurs cérébrales par radiothérapie comporte de grands défis. La qualité de la segmentation manuelle du volume tumoral macroscopique (GTV), approche longuette et très variable d'un observateur à l'autre, conditionne directement la précision de la planification dosimétrique. Des limitations qui sont dans la mesure de celles-ci, si bien que l'intelligence artificielle, et notamment les approches fondées sur l'apprentissage profond, présentent une solution prometteuse pour automatiser et normaliser ce processus.

L'objectif principal de ce travail était de développer et d'évaluer, à partir d'images IRM multi-séquentielles, un modèle de segmentation automatique des tumeurs cérébrales basé sur l'architecture 3D U-Net. Le travail a été effectué dans un environnement totalement expérimental, en utilisant la base de données publique BraTS 2021 comme support d'entraînement, de validation et d'évaluation. Ce choix de jeu de données nous a permis d'accéder à un jeu de données normalisé, annoté par des experts et largement reconnu dans la communauté scientifique.

Les résultats obtenus sont particulièrement Encourageantes les performances réalisées. Cette tâche a permis de mesurer la performance des segmentations par produit en fonction de critères de qualité : le coefficient de Dice, la distance de Hausdorff, la sensibilité, la spécificité, etc. Ces indicateurs évaluent la capacité du modèle à obtenir des contours de segmentation justes et adjacents aux contours de référence. Ces résultats montrent que l'architecture 3D U-Net permet de bien exploiter les informations spatiales en 3D des images IRM, et qu'il est efficace d'utiliser les stratégies d'augmentation de données et de régularisation mises en œuvre.

D'un point de vue appliqué et scientifique, ce travail montre que l'automatisation de la segmentation tumorale par apprentissage profond peut permettre de gagner du temps lors de la délinéation, d'améliorer la reproductibilité des résultats et d'homogénéiser les pratiques en radiothérapie. Ces résultats fournissent une base solide pour des développements futurs, en vue d'une intégration progressive dans les flux de travail de planification en radiothérapie.

Mais alors, attention, il tient à ce que ce soit une étude purement expérimentale. Elle repose uniquement sur des données disponibles publiquement et n'utilise pas de données de validation clinique institutionnelle ou de validation sur le terrain dans les bonnes conditions opérationnelles. Le fait qu'ils n'aient pas été exposés à de véritables environnements cliniques limite la portée des résultats et leur application directe à la pratique. En outre, les ressources informatiques disponibles restaient limitées pour explorer des modèles plus complexes et réaliser des évaluations à grande échelle, ce qui explique le choix d'architectures relativement simples.

Conclusion

Il est donc essentiel de garder ces éléments à l'esprit lors de l'interprétation des performances obtenues, qui se sont réalisées dans un cadre de recherche contrôlé et non dans un réel déploiement dans des conditions réelles.

Ces recherches amènent des éclairages divers qui semblent particulièrement intéressants, à savoir :

- Segmentation multi-classes : étendre le modèle à la délinéation des sous-régions tumorales (tumeur active, zones nécrotiques, œdème péri-tumoral) telles que définies dans BraTS. C'est l'objectif clinique le plus pertinent pour la neuro-oncologie.
- Validation multicentrique : tester le modèle sur des données issues de protocoles et équipements IRM différents, afin d'évaluer sa robustesse en conditions cliniques réelles.
- Calcul rigoureux de la HD95 : intégrer le calcul direct de la distance de Hausdorff au 95e percentile dans le pipeline d'évaluation pour toutes les prochaines expériences.
- Architectures plus performantes : explorer TransUNet, Swin-UNETR ou nnU-Net, qui surpassent le 3D U-Net standard sur BraTS dans la littérature récente.
- Quantification de l'incertitude : intégrer des méthodes de Monte Carlo Dropout afin de produire, pour chaque prédiction, une carte d'incertitude que le clinicien pourrait utiliser pour orienter sa révision manuelle (approche human-in-the-loop).

Ce travail montre finalement tout le potentiel de l'apprentissage profond pour réaliser une segmentation automatique de tumeur cérébrale dans un cadre expérimental. Il s'agit d'une première étape pour la conception d'outils d'aide à la planification en radiothérapie. L'intelligence artificielle se révèle ainsi un levier technologique incontournable pour une médecine davantage personnalisée, davantage reproductible et potentiellement plus efficace pour le patient.

Bibliographié

Bibliographie :

[1] « Cancer ». Consulté le: 13 juin 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://www.who.int/fr/news-room/fact-sheets/detail/cancer.

[2] « ICRU-62-Prescribing-Recording-and-Reporting-Photon-Beam-Therapy-Supp-to-ICRU-50.pdf ». Consulté le: 13 juin 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://www.xatrivietnam.vn/wp-content/uploads/2015/10/ICRU-62-Prescribing-Recording-and-Reporting-Photon-Beam-Therapy-Supp-to-ICRU-50.pdf.

[3] « GUIDE DE RADIOTHERAPIE DES TUMEURS ». Consulté le: 3 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://recherchexpertise.asnr.fr/sites/default/files/documents/professionnels_sante/documentation/guide_procedures_radioth%C3%A9rapie_externe.pdf.

[4] J.-P. Gérard, J. Thariat, P. Giraud, et J.-M. Cosset, « Histoire de l'évolution des techniques de radiothérapie », Bull. Cancer (Paris), vol. 97, no 7, p. 743-751, juill. 2010, doi: 10.1684/bdc.2010.1142.

[5] F. Kubs, « Apport de la modulation d'intensité et de l'optimisation pour délivrer une dose adaptée aux héterogénités biologiques », 2007.

[6] G. V et al., « Delineation of the primary tumour Clinical Target Volumes (CTV-P) in laryngeal, hypopharyngeal, oropharyngeal and oral cavity squamous cell carcinoma: AIRO, CACA, DAHANCA, EORTC, GEORCC, GORTEC, HKNPCSG, HNCIG, IAG-KHT, LPRHHT, NCIC CTG, NCRI, NRG Oncology, PHNS, SBRT, SOMERA, SRO, SSHNO, TROG consensus guidelines », Radiother. Oncol. J. Eur. Soc. Ther. Radiol. Oncol., vol. 126, no 1, janv. 2018, doi: 10.1016/j.radonc.2017.10.016.

[7] I. Furgiuele, « Étude comparative multicentrique de solutions automatiques pour la planification de traitements ORL en radiothérapie ».

[8] M.-C. Yang, « Optimisation des plans de traitement en radiothérapie grâce aux dernières techniques de calcul de dose rapide », thèse de doctorat, Université Paris-Sud, 2014. [En ligne]. Disponible sur: https://theses.hal.science/tel-01011223

[9] zz_hugo, « Histoire de la Radiothérapie », laradioactivite.com. Consulté le: 2 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://laradioactivite.r.in2p3.fr/medecin/historique_radiotherapies.

[10] P. Pommier, C. Ginestet, et C. Carrie, « La radiothérapie conformationnelle est-elle un progrès? Quelles en sont les difficultés et les limites? », Cancer/Radiothérapie, vol. 5, p. 57s-67s, nov. 2001, doi: 10.1016/S1278-3218(01)80008-1.

Bibliographie

[11] Apollo Hospitals, « Tomodensitométrie (CT Scan) : indications ». Consulté le 4 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur : https://www.apollohospitals.com/fr/proton-therapy/computed-tomorgraphy/.

[12] J.-M. Crespin, « Scanner à comptage photonique : la Clinique CHC MontLégia de Liège réduit jusqu'à 40 % les rayons pour ses patients », lavenir.net. Consulté le: 3 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://www.lavenir.net/actu/societe/sante/2026/02/25/scanner-a-comptage-photonique-la-clinique-chc-montlegia-de-liege-reduit-jusqua-40-les-rayons-pour-ses-patients-MOBVBVQYEFAX5DLDU77S4ZAENQ/.

[13] D. Hoa, L'Irm Pas Pas (Edition Noir & Blanc). Lulu.com, 2007.

[14] N. Moussali, O. Amriss, et N. Elbenna, « Les indications de l'imagerie par résonnance magnétique », Batna J. Med. Sci., vol. 2, no 2, p. 196-199, déc. 2015.

[15] « Pet Scan », ELSAN. Consulté le: 4 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://www.elsan.care/fr/nos-equipements/pet-scan.

[16] V. Beckendorf et al., « Délimitation des volumes-cibles et des organes critiques pour la radiothérapie conformationnelle du cancer de la prostate : expérience des essais français d'escalade de dose », Cancer/Radiothérapie, vol. 6, p. 78-92, nov. 2002, doi: 10.1016/S1278-3218(02)00217-2.

[17] T. Barba, M. Robert, et A. Hot, « IA en santé : guide pour l'interniste averti », Rev. Médecine Interne, vol. 46, no 10, p. 594-600, oct. 2025, doi: 10.1016/j.revmed.2025.02.002.

[18] « Intelligence Artificielle : Définition et applications en 2024 ». Consulté le: 22 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://www.data-bird.co/blog/intelligence-artificielle-definition.

[19] P. Callier et O. Sandel, « De l'intelligence artificielle à son application en médecine », Actual. Pharm., vol. 60, no 611, p. 18-20, déc. 2021, doi: 10.1016/j.actpha.2021.10.005.

[20] O. MedScience, « Medical Imaging in 2026: Smarter Scanners, Portable Diagnostics, and a Shift Towards Predictive Care », Open MedScience. Consulté le: 11 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://openmedscience.com/medical-imaging-in-2026-smarter-scanners-portable-diagnostics-and-a-shift-towards-predictive-care/.

[21] D. Bergmann, « Qu'est-ce que le machine learning (ML)? | IBM ». Consulté le: 8 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://www.ibm.com/fr-fr/think/topics/machine-learning.

[22] I. B. Stryker Cole, « Qu'est-ce que l'apprentissage supervisé ? | IBM ». Consulté le: 8 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://www.ibm.com/fr-fr/think/topics/supervised-learning

[23] « Qu'est-ce que l'apprentissage non supervisé ? | IBM ». Consulté le: 8 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://www.ibm.com/fr-fr/think/topics/unsupervised-learning.

[24] M. Longo et al., « L'évolution de l'intelligence artificielle dans le domaine médical et à des fins générales », Kivu Med. J., vol. 2, no 2, oct. 2024, doi: 10.64263/kmj.v2i2.30.

[25] « Réseaux de neurones : Définition et les différents types de réseaux ». Consulté le: 8 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://www.data-bird.co/blog/reseaux-de-neurones.

[26] « Microsoft Word - these-fin ». Consulté le: 16 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://apidspace.univ-oran1.dz/server/api/core/bitstreams/f49c1fe8-4418-452f-89e3-ac7531d20cdd/content

[27] A. Dali, « Segmentation à base d'atlas d'images médicales utilisant l'apprentissage en ligne », phdthesis, Ecole nationale supérieure Mines-Télécom Atlantique ; Ecole Nationale d'Ingénieurs de Sousse (Tunisie), 2022. Consulté le: 29 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://theses.hal.science/tel-03969001.

[28] J.-P. Dillenseger, E. Moerschel, V. Schmit, et C. Zorn, Guide des technologies de l'imagerie médicale et de la radiothérapie: Quand la théorie éclaire la pratique. Elsevier Health Sciences, 2024.

[29] C. Li, « Apprentissage profond interactif et semi-supervisé pour la segmentation volumique en tomographie électronique ».

[30] « PROMISE12 - Grand Challenge », grand-challenge.org. Consulté le: 17 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://promise12.grand-challenge.org/ [À VÉRIFIER : ce challenge porte sur la segmentation de la prostate, vérifier sa pertinence avec le sujet (BraTS / tumeurs cérébrales) ou le remplacer par la référence BraTS appropriée]

[31] D. P. G. Bibault Pr Jean-Emmanuel, « Intelligence artificielle en radiothérapie : quelles applications ? », Onko+. Consulté le: 22 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://onko.fr/intelligence-artificielle-en-radiotherapie-quelles-applications/.

[32] « Cours DES de base 2020/2021 ». Consulté le: 31 mai 2026. [En ligne]. Disponible sur: https://uclimaging.be/ecampus/maccs/des_rx1_00/PDF/des1_2020_4P_anatomie_cerveau_territoires_vasculaires.pdf.

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
République Algérienne Démocratique et Populaire
وزارة التعليم العالي و البحث العلمي
Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche

Université 20 août 1955-Skikda

Faculté des Sciences

Département de Physique

جامعة 20 اوت 1955- سكيكدة

كلية العلوم

قسم الفيزياء

سكيكدة يوم: 2026/06/30

رقم:...../ق ف/2026

محضر تصحيح مذكرة الماستر

أنا الممضي أسفله الأستاذ(ة) المشرف(ة): مولود بوقجان

أشهد بأن الطالب (ة): طيبي عائشة

تخصص: فيزياء طبية

قد قام(ت) بجميع التصحيحات المتعلقة بمذكرة الماستر

تحت عنوان: la Segmentation automatique des Volumes cibles en Radiothérapie assistée par intelligence artificielle

امضاء الأستاذ(ة) المشرف(ة)

رئيس القسم

رئيس قسم الفيزياء

الدكتور: بوقجان مولود