

RÉPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique



Université 20 Août 1955-Skikda

Faculté des Sciences

Département d'Informatique

Mémoire de Fin d'Etude En Vue de l'Obtention du Diplôme

De Master en Informatique

Spécialité : Systèmes Informatiques (SI)

**Technique d'Apprentissage Automatique de la  
Segmentation d'Image Médicale IRM Cérébrale  
Tumorale**

Réalisé par :

Encadré par : Professeur Mazouzi Smaine

**Khalfaoui Chahrazed**

**Bacha Farouk**

# Année Universitaire 2024/2025

## *Dédicace*

À mes **très chers parents**

Pour tout leur amour et toute leur tendresse

Je prie ALLAH pour les protéger

À Mon mari : **Issam** qui m'a aidé, encouragé et été un

Soutien pour moi

À mes chers garçons : **Mouatassim & Kassaï & laït**

À ma chère sœur et mon Frère,

À mes respectés enseignants, qui m'ont apporté le savoir,

L'orientation et la sagesse tout au long de ce voyage éducatif,

À tous mes camarades d'étude et de travail qui ont

Partagé avec moi des jours remplis de défis et de

Réussites.

Avec lesquelles j'ai partagé d'agréables moments.

À tous ceux qui sont chères, proches de mon cœur, et à

Tous ceux qui m'aiment et qui aurait voulu

Partager ma joie

**Chahrazed**

## ***Dédicace***

À la mémoire de mes chers parents.

Qu'Allah leur accorde sa miséricorde et les accueille dans Son vaste  
Paradis.

Leur amour, leurs prières et leurs sacrifices continuent de m'éclairer.

À ma femme, source inépuisable de soutien et de fierté.

À mon fils **Abdelmoumen** et à mes filles **Chourouk El Amal, Chahd,**

**Besmala et Hibet Errahman :**

Que vos sourires continuent d'illuminer ma vie.

À mes frères et sœurs, pour leur présence fidèle et leurs  
encouragements constants.

À mes enseignants, pour la transmission du savoir et l'inspiration  
qu'ils ont su semer.

À mes collègues et amis, pour les partages sincères et les efforts  
communs.

À toutes les personnes bienveillantes croisées sur mon chemin :  
merci.

**Farouk**

# ***Remerciement***

Nous remercions Allah, le tout puissant et miséricordieux, qui nous a donné la force et la patience d'accomplir ce modeste travail.

Nous adressons notre reconnaissance, notre gratitude à notre

Enseignant et Encadreur et Vice-Recteur le professeur **M. Mazouzi Smaine**

Nous tenons, tout particulièrement et très sincèrement, à lui remercier de nous avoir proposé le sujet et de nous avoir encadré, son suivi, ses encouragements et ses orientations et son aide précieuse, qu'il nous soit permis d'exprimer nos plus vifs remerciements de nous avoir fait bénéficier de ses compétences, ses qualités humaines et de sa disponibilité non seulement pour la réalisation de ce mémoire mais aussi durant tout le parcours de notre formation.

Ainsi qu'à la réussite de cette formidable Cycle de Master.

Nos remerciements s'adressent également aux membres de Jury pour l'honneur qu'ils nous font d'avoir bien voulu lire ce Travail et de le juger.

Nous n'oublions pas d'adresser un grand merci au corps professoral et administratif du département d'informatique, pour la richesse et la qualité de leur enseignement et pour les grands efforts pour assurer à leurs étudiants une formation actualisée.

Nous souhaitons adresser nos remerciements les plus sincères aux personnes qui nous ont apporté leur aide et qui ont contribué à l'élaboration de ce mémoire.

# MERCI à tous

ملخص

تلعب الذكاء الاصطناعي، من خلال نماذجه وتقنياته المختلفة، دورًا محوريًا في تحسين التشخيص الطبي في مختلف التخصصات. وتُعد الصور الطبية أداة لا غنى عنها في أيدي الأطباء والأخصائيين في الأشعة، حيث تساعدهم على دقة التشخيص ووضع الاستراتيجيات العلاجية المناسبة. إن التعرف على الشذوذات المرضية في الصور الطبية باستخدام تقنيات التعلم الآلي، سواء التقليدية أو الحديثة، يشهد تطورًا كبيرًا في الطب الحديث.

كأحد أساليب التعلم غير المراقب لتقسيم صور **k-means** في هذا العمل، نقترح استخدام خوارزمية يتمثل الابتكار في تطبيق تقسيم موضعي للصورة، بحيث يتم تقسيم الرنين المغناطيسي للدماغ على كل منطقة على حدة، ليتم بعد ذلك تجميع **k-means** الصورة إلى مناطق متعددة ثم تطبيق النتائج للحصول على تقسيم شامل. الهدف الأساسي هو تحديد ورسم حدود الآفات مثل الأورام الدماغية بدقة أكبر.

قبل تقديم المنهجية المقترحة، قمنا بعرض موجز لمجال التصوير الطبي، مع التركيز على صور الرنين المغناطيسي، بالإضافة إلى مراجعة لأهم تقنيات التعلم الآلي المستخدمة في هذا السياق.

**الكلمات المفتاحية**

تقسيم الصور **k-means** الرنين المغناطيسي، التعلم الآلي، التقسيم الموضعي

## Résumé

L'intelligence artificielle, à travers ses divers paradigmes et techniques, joue aujourd'hui un rôle central dans l'amélioration du diagnostic médical, toutes spécialités confondues. L'imagerie médicale constitue un outil indispensable pour les cliniciens et radiologues, en l'aidant à affiner les diagnostics et à définir les stratégies thérapeutiques appropriées. La reconnaissance des anomalies pathologiques dans les images médicales, notamment par l'apprentissage automatique – qu'il soit classique ou moderne – connaît un essor significatif en médecine contemporaine.

Dans le cadre de ce mémoire de master, nous explorons une technique d'apprentissage automatique non supervisée : l'algorithme de clustering **k-means**. Notre contribution consiste à proposer une approche **de segmentation localisée**, dans laquelle les images IRM cérébrales sont d'abord divisées en régions, puis segmentées localement à l'aide de k-means, avant d'agréger les résultats partiels pour obtenir une segmentation globale. L'objectif principal est d'identifier et de délimiter des lésions cérébrales, telles que les tumeurs, de manière plus précise.

Avant d'aborder la méthode proposée, nous présentons un aperçu du domaine de l'imagerie médicale, en mettant l'accent sur l'IRM, ainsi qu'une synthèse des principales techniques d'apprentissage automatique utilisées en traitement d'images médicales

**Mots-clés** : Segmentation d'image, IRM, Apprentissage automatique, k-means, segmentation localisée.

## **Abstract**

Artificial intelligence, through its various paradigms and techniques, plays a central role in enhancing medical diagnosis across all specialties. Medical imaging is an indispensable tool for physicians and radiologists, helping them refine diagnoses and define effective treatment strategies. The detection of pathological abnormalities in medical images using machine learning—both traditional and modern—is rapidly evolving in contemporary medicine.

In this master's thesis, we explore the use of the **k-means clustering algorithm**, an unsupervised learning technique, for segmenting **brain MRI images**. Our contribution lies in implementing a **localized segmentation** approach: the image is first divided into multiple regions, then segmented locally using k-means, with the partial results subsequently aggregated to produce a global segmentation. The main objective is to accurately delineate lesions such as brain tumors.

Before presenting the proposed method, we provide an overview of the field of medical imaging, focusing on MRI, and a review of the main machine learning techniques applied in medical image analysis.

**Keywords:** Image segmentation, MRI, Machine learning, k-means, Localized segmentation.

## Table des matières

ملخص

Résumé

Abstract

Sommaire

Table de Figures

Liste des tales

Introduction Générale..... 2

### **Chapitre1 : Segmentation D'images Médicale**

Introduction ..... 5

Partie1 : Imagerie médicales..... 6

1-Introduction ..... 6

2-Notion générale sur les images..... 7

2-1 Définition d'images..... 7

a-Images analogique ..... 7

b-Images numérique ..... 8

2-2 Types d'images..... 9

1-Images matricielle(bitmap)..... 9

2-Images vectorielle..... 10

Caractéristique d'une images numérique ..... 11

1-Pixel ..... 11

2-Bruit ..... 12

3-Dimension ..... 12

4-Leconstruct..... 12

5-Résolution ..... 13

6-Extension ..... 13

7-la luminance..... 13

3-L'imagerie Médicale..... 14

3-1-Technique de l'image médicale..... 14

3-1-1Scanographie ..... 14

3-1-2Scintigraphie (Médecine Nucléaire) ..... 14

3-1-3Echographies..... 15

3-1-4Radiographie ..... 16

3-1-5Imagerie par Résonance Magnétique..... 16

3-2- Acquisition des images IRM..... 17

**Partie2 : Segmentation d'image..... 18**

1-Définition de la segmentation..... 18

2-Les différentes méthodes de segmentation ..... 19

2-1-Approche frontière (contour) ..... 19

2-1-1Les méthodes dérivatives ..... 19

2-1-2Méthodes déformables .....	20
2-2Approche Région .....	21
2-2-1Croissance de région (région growing).....	23
2-2-2Segmentation par fusion de région Merge).....	23
2-2-3Segmentation par division par région (split).....	24
2-2-4Segmentation par division –fusion (split and Merge).....	24
2-3Segmentation par classification .....	25
2-3-1Méthodes non Supervisées.....	25
2-2-2Méthode supervisées.....	26
2-2-3Méthode d’ensemble de classifieurs.....	26
3-Quelque difficultés de la segmentation des images médicale.....	26
Conclusion .....	27
<b>Chapitre2 : Apprentissage Automatique</b>	
1-Introduction .....	29
2-L’Apprentissage automatique .....	29
2-1Définition .....	29
2-2Modélisation .....	30
3Domaines de l’apprentissage automatique .....	31
3-1la fouille de données et ses méthodes .....	31
3-2L’intelligence artificielle.....	32
4Types de l’apprentissage automatique .....	33
4-1Apprentissage supervisé.....	34
4-2Apprentissage non supervisé.....	35
4-3Apprentissage semi –supervisé.....	36
4-4Apprentissage par renforcement .....	37
5 les principaux algorithmes d’apprentissage automatique .....	38
5-1Méthodes non paramétrique .....	38
5-1-1les k plus proches voisins .....	38
5-1-2les arbres de décision .....	39
5-2Méthodes paramétrique.....	40
5-2-1Classification naïve bayésienne .....	40
6-Méthodes d’agrégation :Boosting et Bagging.....	41
6-1Boosting (dont Adaboost).....	41
6-2Bagging (dont Random Forest).....	42
7-Introduction aux réseaux de neurones.....	43
7-1Principe et architecture d’un neurone artificiel.....	43
7-2Réseaux de neurones multicouches (MLP).....	45
7-3 fonctionnement :propagation avant et rétro propagation	46
8-L’Apprentissage profond (Deep Learning).....	47
8-1Différence entre réseaux classaique et profonds .....	48
8-2Avantages du Deep learning .....	49
9-Réseaux de neurone convolutifs (CNN).....	49
9-1Motivation et application dans l’imagerie.....	49
9-2Architecture typique de CNN.....	51
9-3Couches :convolution ,pooling ,fully connected.....	51
Conclusion	53

## Chapitre 3 : Moyennes mobiles locales pour la Segmentation d'IRM

### Cérébrales

1-Introduction.....	55
2-Problématique .....	55
3-Algorithmes de k-means .....	56
3-1Définition .....	56
3-2Objectif de k-means .....	57
3-3Principe de la méthode des k-means .....	57
3-4Détails de l'algorithme .....	59
3-5Organigramme de l'algorithme de K-means .....	59
3-6 Cas d'utilisation k-means.....	60
3-7Les avantages.....	61
3-8les inconvénients.....	61
3-9Amélioration possible de k-means et variantes .....	62
3-9-1k-means ++.....	62
3-9-2 Fuzzy c-means (FCM).....	63
3-9-3Autre variantes prometteuses.....	63
3-9-4 Synthèse .....	64
4-Application k-means sur IRM .....	64
4-1 Prétraitement .....	64
4-2Paramétrage et implémentation de k-means.....	64
4-3Résultat de segmentation globale .....	65
5-Application k-means par partie .....	66
5-1Motivation d'une segmentation locale .....	66
5-2Méthodologie et résultats.....	66
6-Evaluation de la qualité de la segmentation.....	67
6-1Méthodes de mesure :Dice ,Jaccard ,etc.....	67
Conclusion .....	68

### Chapitre 4 : Implémentation et Testes

1-Introduction .....	70
2-Le langage Python .....	70
2-1A propos du langage .....	70
2-2Bibliothèque .....	71
2-3Principe bibliothèque utilisées .....	71
3-Environnement de développement .....	72
3-1Matériel utilisé .....	72
3-2Outils de développement.....	72
3-2-1Google colab.....	72
3-2-2Les offres de Google colab.....	72
4-Creation de projet de l'exploitation de l'interface .....	73
4-1Extraits du code .....	75
4-2Chargement, filtrage et affichage IRM .....	76
4-3Chargement de données d'apprentissage .....	79
4-4Initialisation des données d'apprentissage et sélection de sous images .....	80
4-5k-means locale et copie des résultats .....	81
4-6Affichage des résultats globales.....	82
4-7Exemple de matrice de confusion .....	83

4-8Exemple de métrique d'évaluation .....	83
4-9Exemple de résultat de k –means locaux .....	84
4-10Résultat globale .....	85
Conclusion .....	85
Conclusion Générales .....	86
Bibliographie	

## LISTE DES FIGURES

Figure 1 -1 : Structure d'une image numérique (X × Y pixels).....	9
Figure1- 2 : Image matricielle.....	10
Figure1- 3 : Image vectorielle.....	11
Figure1-4 : Exemple d'image 12x12 pixels.....	12
Figure 1-5 : Exemple d'image de rayons X.....	14
Figure 1-6 : Exemple d'image Scintigraphies (Médecine Nucléaire).....	15
Figure 1-7 : Echographie.....	15
Figure 1-8 : Radiographie.....	16
Figure 1- 9 : Principe de la formation d'IRM.....	17
Figure 1- 10 : Les 3 vues IRM selon les 3 principaux axes.....	18
Figure 1-11 – Détection de contours.....	20
Figure 1-12 : Exemple de l'approche contour déformable.....	21
Figure 1.13– Exemples d'histogrammes.....	23
Figure 2. 1 : Schéma de la modélisation d'une machine d'apprentissage.....	30
Figure 2.2 : Techniques issues de l'IA et de la fouille de données pour la modélisation des données.....	31
Figure 2. 3 : Les différents types d'apprentissage automatique.....	34
Figure 2. 4 : Schéma d'un modèle supervisé.....	35
Figure2. 5 : Schéma d'un modèle non supervisé.....	36
Figure2. 6 : Schéma d'un modèle semi-supervisé.....	37
Figure2. 7 : Schéma d'un modèle par renforcement.....	37
Figure 2.8 : Fonctionnement des k plus proches voisins.....	39
Figure 2.9 : Réseau de neurones.....	43
Figure2.10 : Neurone artificiel.....	45
Figure2. 11 : Architecture CNN.....	51
Figure2.12 : Exemple simple de moyen pooling.....	52
Figure3.1 : k–means-clustering-algorithme.....	56
Figure 3.2 : Exemple d'initialisation du k-means avec clusters.....	57
Figure 3.3 : Mise à jour des centres après une itération de K-means.....	58
Figure3. 4 : Organigramme de l'algorithme K-Means.....	60
Figure4-1 : Extraction de code python illustrant la simplicité de syntaxe .....	71
Figure 4 .2: Interface de Google Colab annotée.....	73
Figure 4. 3 : Partie droite de l'interface.....	75
Figure 4.4 : Authentification et montage du Google Drive.....	77
Figure 4.5 : Tranche axial d'un volume FLAIR .....	77
Figure 4.6 : Visualisation on de la segmentation manuelle.....	78
Figure 4.7 : Chargement et dimension des images.....	80

Figure 4.8 : Extraction des patches 3D.....	80
Figure 4.9 : Résultats de k-means locale.....	81
Figure 4.10 : Comparaison FLAIR vs k-means pour un patch.....	82
Figure 4.11 : Matrice de confusion <i>k</i> -means.....	83
Figure 4.12 : Métrique : Dice,Jaccard,Accuracy.....	83
Figure 4.13 : Visualisation n de plusieurs patches segmentés.....	84
Figure 4.14 : Comparaison FLAIR segmentation réel et <i>k</i> -means.....	85

## Liste des Tableaux

Tableau 4 .1 Bibliothèques utilisées.....	71
Tableau 4 .2 Comparatif des options Google Colab.....	73
Tableau 4.3 Rôles des bibliothèques.....	76
Tableau 4.4 Métriques locales par patch (extrait). Données complètes annexe A....	81

# **Introduction Général**

## Introduction Générale

L'interprétation des images médicales, notamment les radiographies numériques, constitue un véritable défi pour les professionnels de santé, qu'il s'agisse de médecins généralistes ou de radiologues. En effet, comme toute image numérique, l'image médicale est sujette à des imperfections et des distorsions dues à plusieurs facteurs techniques. Parmi les problèmes fréquemment rencontrés, on retrouve les artéfacts liés à l'acquisition, le bruit présent dans les images, ainsi que l'effet de volume partiel, où un seul pixel ou voxel peut contenir des informations provenant de plusieurs tissus adjacents. Ces limitations compromettent la lisibilité et la fiabilité des images, rendant difficile la détection précise des structures pathologiques.

Depuis plusieurs décennies, de nombreuses méthodes de traitement d'images ont été développées dans le but de mieux comprendre le contenu des images médicales, tout en tentant de corriger ou d'atténuer les défauts liés à leur acquisition. Les premières approches reposaient sur des modèles explicites décrivant les données à analyser. Ces approches dites « basées modèles » ont progressivement été complétées, voire remplacées, par des techniques plus souples issues de l'intelligence artificielle, notamment l'apprentissage automatique.

Parmi les techniques émergentes, les méthodes de classification et de clustering se sont imposées comme des outils puissants pour la segmentation des images, en particulier en contexte médical. Des algorithmes tels que les **k-means**, les **k plus proches voisins** (k-NN) ou encore les **réseaux de neurones** ont permis d'améliorer significativement la qualité de la segmentation, en facilitant l'identification des structures d'intérêt comme les lésions ou les tumeurs.

Dans cette continuité, notre mémoire de master s'intéresse à l'application de l'algorithme **k-means**, reconnu pour sa simplicité et son efficacité en tant que méthode non supervisée de clustering, pour la segmentation des **images IRM cérébrales**. Plus précisément, nous proposons une nouvelle approche basée sur la **segmentation localisée**, consistant à diviser l'image en régions distinctes, à appliquer l'algorithme k-means localement sur chaque région, puis à agréger les résultats partiels pour obtenir une segmentation globale. Cette stratégie vise à surmonter certaines limites de la segmentation globale classique, notamment en adaptant le traitement à la variabilité locale du contenu anatomique.

La structure de ce mémoire est organisée comme suit :

**Le chapitre 1** est consacré au domaine d'intérêt à savoir l'imagerie médicale, où elles sont présentées les principales modalités, et les techniques de traitement dont la segmentation

**Au chapitre 2**, nous présentons le paradigme auquel nous avons opté dans notre étude. Il s'agit de l'apprentissage automatique, en présentant ces différentes familles de techniques.

**Le chapitre 3** est réservé à la présentation de la technique adoptée, et comment elle est réutilisée localement pour assurer une meilleure segmentation locale, puis globale par fusion des résultats partiels.

**Le dernier chapitre (4)** présente les outils auxquels nous avons fait recours, l'implémentation de la méthode, et quelques résultats expérimentaux.

**Une conclusion générale** permet de résumer ce qui a été fait, et souligne les éventuelles perspectives.

# **Chapitre 1 : Segmentation d'Images Médicales**

## 1 -Introduction

L'imagerie médicale constitue un pilier fondamental du diagnostic médical moderne. En permettant la visualisation non invasive des structures anatomiques internes, elle offre aux cliniciens des outils précieux pour l'identification des pathologies, l'évaluation des lésions tissulaires et le suivi thérapeutique. Parmi les modalités les plus répandues, on distingue notamment :

- La radiographie (imagerie par rayons X).
- L'échographie (imagerie ultrasonore).
- L'IRM (Imagerie par Résonance Magnétique).
- La TDM (Tomodensitométrie).
- La scintigraphie (imagerie nucléaire).

Chacune de ces techniques présente des spécificités en termes de résolution, contraste et domaines d'application, conduisant fréquemment à leur utilisation complémentaire pour un diagnostic exhaustif.

La segmentation d'images médicales représente une étape critique dans l'analyse quantitative des données biomédicales. Ce processus consiste à partitionner les images en régions homogènes correspondant à des structures anatomiques (organes, tissus) ou à des anomalies pathologiques (lésions, tumeurs). Ses applications couvrent divers champs :

- Quantification volumétrique d'organes.
- Planification chirurgicale assistée.
- Suivi longitudinal de pathologies.
- Assistance au diagnostic assisté par ordinateur.

L'objectif de ce chapitre est triple :

- Présenter les fondamentaux de l'imagerie médicale et ses caractéristiques.

--Exposer les principes théoriques de la segmentation d'images.

-Analyser les méthodes spécifiques à la segmentation IRM et leurs défis.

Nous aborderons dans un premier temps les concepts généraux relatifs aux images médicales, avant de nous focaliser sur les approches de segmentation - opération centrale dans les systèmes de traitement d'images. Une typologie des méthodes appliquées aux IRM sera systématisée, suivie d'une analyse critique des limitations actuelles et des problèmes ouverts en segmentation médicale.

Cette version propose :

-Une structure logique plus claire.

-Une énumération visuelle des techniques.

-Une anticipation explicite du plan du chapitre.

-Un ton plus formel et technique.

-Des connecteurs logiques pour fluidifier la lecture.

Dans ce chapitre, La première partie, nous présentons une notion générale sur les images et l'imagerie médicale. La deuxième partie, est consacrée pour la segmentation d'images qui se considère parmi les opérations les plus importantes dans un système de traitement d'images.

IRM, et à la fin de ce chapitre on discutera sur les différents problèmes de segmentation.

## **Partie 1 : Imagerie Médicale**

### **1-Introduction :**

L'imagerie médicale est un outil essentiel de la médecine moderne, permettant d'explorer le corps humain avec une précision révolutionnaire. Grâce à des technologies comme la radiographie, l'échographie ou l'IRM, elle aide au diagnostic, au traitement et même à la prévention des maladies. Mais au-delà de son aspect technique, elle incarne aussi une avancée humaine : chaque image représente un patient, une histoire, et un espoir de guérison.

Aujourd'hui, nous allons découvrir comment l'imagerie médicale allie science et compassion pour sauver des vies.

## 2- Notion générale sur les images :

**2-1 Définition d'image :** L'image est une reproduction significative d'ensemble d'information Structuré caractérisant un univers composé d'entités : objets figurant dans une scène réelle, la sculpture, le dessin, la photographie, le film, ... etc.

C'est aussi un ensemble structuré d'informations qui a une signification pour l'œil humain, après l'affichage sur l'écran [1].

On peut être décrite l'image sous deux formes qui sont :

- Image numérique
- Image analogique

### a. Image analogique :

Une image analogique est représentée par une fonction continue  $I(X, Y)$ , où  $X$  et  $Y$  sont les coordonnées spatiales d'un point de l'image, et la fonction définit l'intensité lumineuse et la couleur en chaque point. Cependant, cette forme continue n'est pas directement exploitable par un ordinateur, qui fonctionne en langage binaire. Il est donc nécessaire de convertir cette image en format numérique.

La numérisation d'une image

La numérisation consiste à transformer une image analogique (représentée par une distribution continue de luminosité et de couleurs) en une image numérique, stockée sous forme d'une matrice bidimensionnelle de valeurs numériques  $I(x, y)$ , où :

**$X, y$**  : Coordonnées cartésiennes d'un pixel dans l'image.

**$I(x, y)$**  : Niveau de gris (ou de couleur) associé à ce pixel.

Cette opération de numérisation se décompose en trois étapes principales :

## **1 -Échantillonnage :**

L'image est découpée en petites surfaces carrées ou rectangulaires, formant une grille.

Chaque élément de cette grille est appelé pixel (de l'anglais Picture Cell) et est repéré par ses coordonnées  $(x, y)$ .

## **2-Quantification :**

Chaque pixel est analysé pour mesurer son intensité lumineuse. Si le pixel contient des variations de couleur ou de luminosité, une valeur moyenne est attribuée, ce qui peut entraîner une perte de détails.

## **3-Codage :**

Les valeurs obtenues pour chaque pixel sont ensuite converties en une représentation binaire, permettant leur stockage et leur traitement par un ordinateur [2].

### **a. Image numérique :**

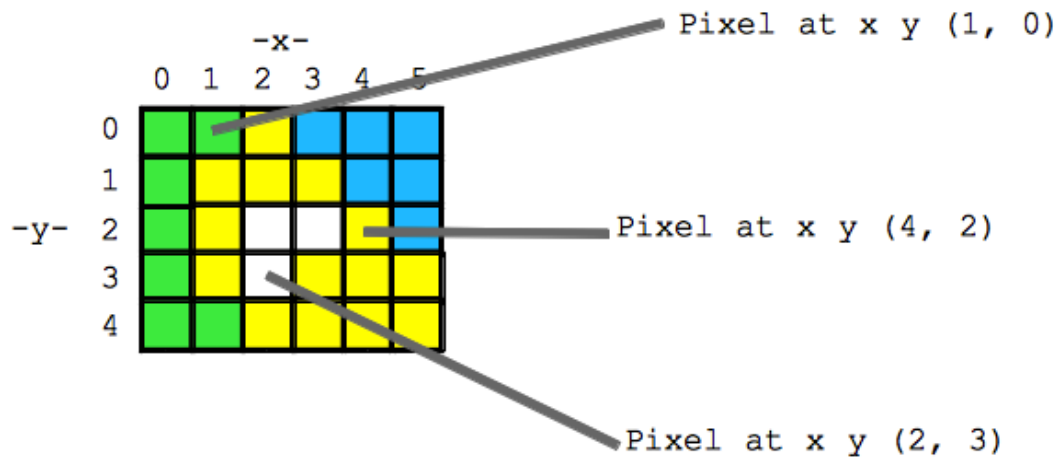
Une image numérique est une représentation d'une image réelle sous forme de données informatiques. Elle est composée d'une grille de petits éléments carrés appelés pixels (pour Picture éléments), chacun portant une valeur de couleur correspondant à une partie de l'image originale.

La couleur d'un pixel peut être codée de deux manières principales :

**En couleurs (RVB) :** Chaque pixel est défini par trois octets représentant les intensités de rouge, vert et bleu (RVB), permettant des millions de nuances.

**En niveaux de gris :** Un seul octet suffit pour indiquer l'intensité lumineuse, du noir au blanc.

Mathématiquement, on peut modéliser une image comme une fonction  $I(x, y)$ , où  $(x, y)$  sont les coordonnées spatiales d'un pixel dans l'image, comme illustré dans la figure 1 [3].



**Figure 1 -1 : Structure d'une image numérique (X × Y pixels)**

## 2-2-Types d'images :

### 1-Images matricielle (bitmap) :

Une image matricielle, aussi appelée image bitmap, est une image numérique composée d'une mosaïque de petits points élémentaires : les pixels (contraction de picture elements).

Comment ça fonctionne ?

L'image est découpée en une grille régulière de pixels.

Chaque pixel possède :

- ✓ des coordonnées spatiales (x,y) pour sa position.
- ✓ une valeur de couleur (en niveaux de gris ou RVB).

Plus il y a de pixels, plus l'image est détaillée

C'est le système de codage le plus répandu pour représenter des images numériques, car il permet de décrire précisément chaque point de l'image [4].

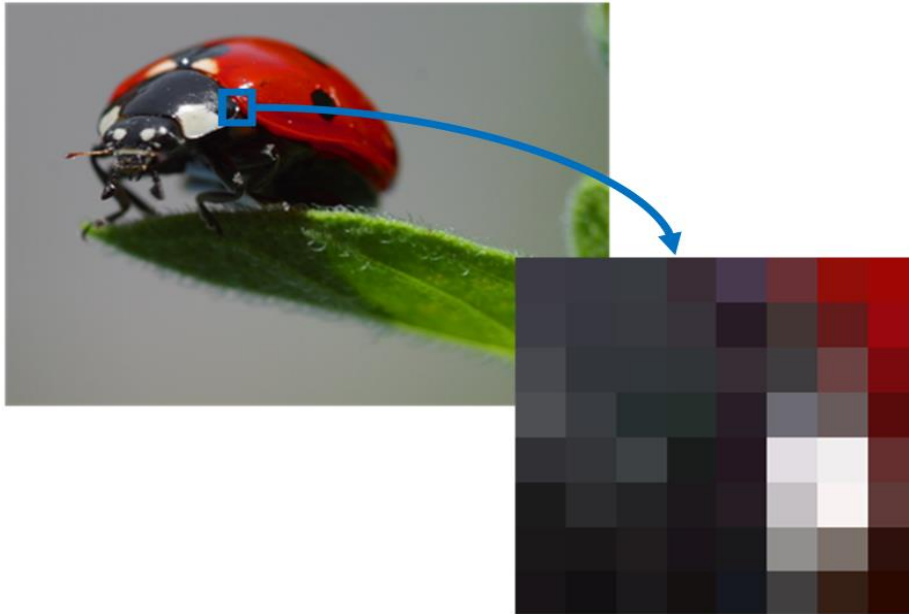


Figure 1- 2 : Image matricielle

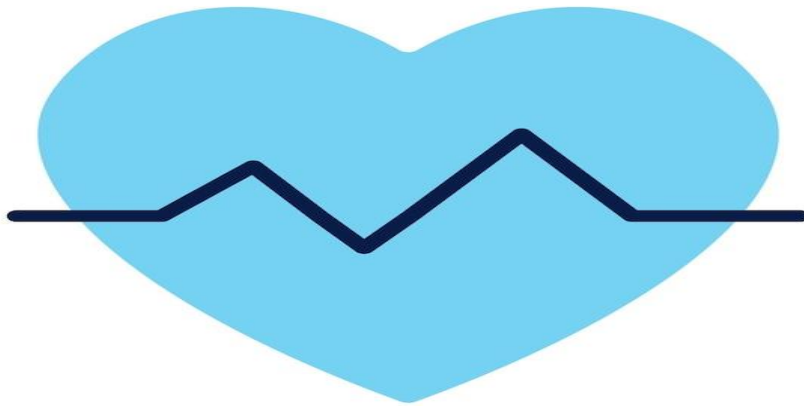
## 2-Images vectorielle :

Dans une image vectorielle, les éléments graphiques sont représentés par des formes géométriques simples (lignes, courbes, polygones, etc.), décrites mathématiquement. Contrairement aux images matricielles (composées de pixels), une image vectorielle stocke des instructions de tracé plutôt qu'une grille de points.

Cette approche offre deux principaux avantages :

**Taille réduite** : Les fichiers sont généralement plus légers, car ils contiennent des formules plutôt qu'une multitude de pixels.

**Sans perte de qualité** : L'image peut être agrandie ou réduite sans altération, car les formes sont recalculées à chaque redimensionnement [4].



**Figure 1- 3 : Image vectorielle**

**Caractéristique d'une image numérique :**

L'image est un ensemble structuré d'informations caractérisé par les paramètres suivants :

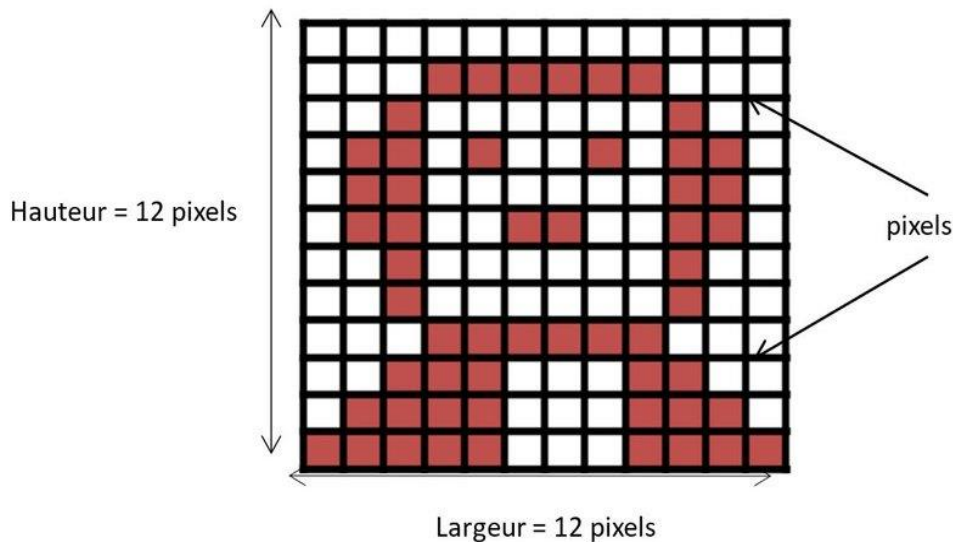
**1. Pixel :**

Une image est constituée d'un ensemble de points appelés pixels, contraction de l'expression anglaise « Picture éléments » éléments d'image. Le pixel représente ainsi le plus

Petit élément constitutif d'une image numérique, c'est une entité calculable qui peut recevoir une structure et une quantification. L'ensemble de ces pixels est contenu dans un tableau à deux dimensions constituant l'image.

La quantité d'information que véhicule chaque pixel donne des nuances entre les images

Monochromes et les images couleurs. Dans les images monochromes, chaque pixel est codé sur un octet. Et dans une image couleur (R, V, B), un pixel peut être représenté sur trois octets, un octet pour chacune des couleurs : rouge(R), vert(V), bleu (B)



**Figure1-4 : Exemple d'image 12x12 pixels**

## **2-Bruit :**

Le bruit est très souvent présent sur les images de documents, car il peut apparaître à différents endroits de la chaîne de numérisation : à l'impression, pendant la vie du document et à la numérisation.

Des traitements classiques tels que les filtres médians sont utilisés pour filtrer des pixels isolés sur l'image. Les opérateurs de morphologie mathématique sont également très souvent utilisés pour corriger de légers défauts sur les images comme "recoller" des morceaux de caractères.

## **3-Dimension :**

La dimension est la taille de l'image, se présentée sous forme de matrice dont les éléments sont des valeurs numériques représentative des intensités lumineuses (pixel), le nombre de lignes de cette matrice multipliée par le nombre de colonnes nous donne le nombre total de pixels dans une image.

## **4. Le contraste :**

C'est l'opposition marquée entre deux régions d'une image, plus précisément entre les régions sombres et les régions claires de cette image. Le contraste est défini en fonction des luminances de deux zones d'images.

Si L1 et L2 sont les degrés de luminosité respectivement de deux zones voisines A1 et A2 d'une image, le contraste C est défini par le rapport suivant :

#### **5-Résolution :**

La résolution d'une image correspond à sa taille en pixels. Elle indique le nombre total de pixels affichables horizontalement ou verticalement. Plus ce nombre est élevé, meilleure est la résolution [1].

#### **6. Extension :**

L'extension d'un fichier est la suite de lettres (généralement trois ou quatre) précédée d'un point et située après son nom. Elle permet d'identifier le type de fichier (application, document texte, page web, image, etc.). Pour connaître l'extension d'un fichier, il suffit de faire un clic droit sur celui-ci et consulter ses propriétés [1].

#### **Exemples d'extensions :**

Word.exe → Application

Document.txt → Document texte

Index.htm → Page web

Image.jpg (.GIF) → Image

#### **7. Luminance :**

La luminance correspond à la perception visuelle de la lumière. Parmi toutes les caractéristiques lumineuses, c'est celle qui impacte le plus notre vision, que ce soit en cas de faible éclairage (pénombre gênante) ou d'éblouissement (phare trop intense) [1].

Plusieurs facteurs influencent la luminance :

L'intensité lumineuse de la source.

La réflexion de la lumière par une surface éclairée.

La couleur de la source lumineuse [1].

### 3-L'imagerie Médicale :

#### 3-1-Techniques de l'imagerie médicale :

##### 3-1-1 –Scanographie :

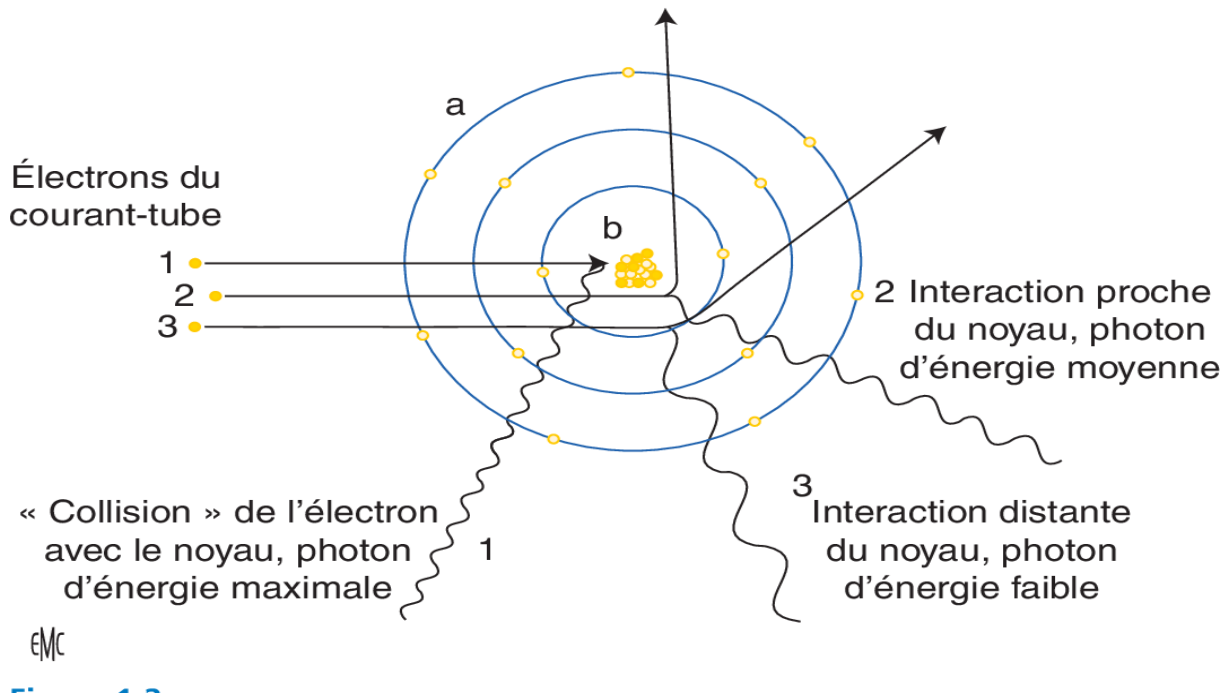
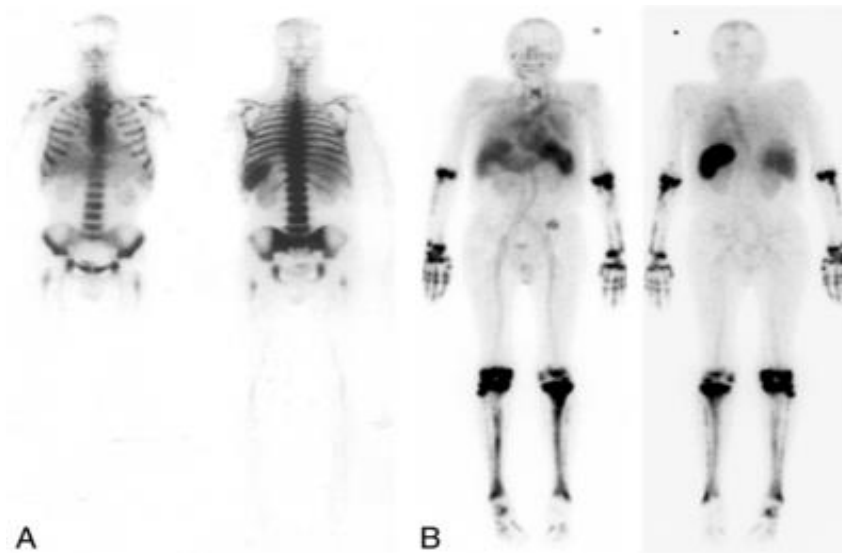


Figure 1-5 : Exemple d'image de rayons X

##### 3-1-2 Scintigraphie (Médicale Nucléaire) :

La scintigraphie ou tomographie est une technique d'imagerie qui fait intervenir la médecine nucléaire. Un médicament radio pharmaceutique (isotopes radioactifs d'une molécule) est administré et les rayonnements sont analysés. Cette technique permet d'obtenir une image fonctionnelle des organes ainsi que la présence d'éléments anormaux.



**Figure 1-6 : Exemple d'image Scintigraphies (Médecine Nucléaire)**

### **3-1-3Echographie :**

L'échographie est une technique d'imagerie qui utilise des ondes ultrasonores de haute fréquence, produites et reçues par l'appareil qui est déplacé sur la peau en glissant au moyen d'un gel. Les Ultrasons reçus sont convertis en images par un ordinateur. L'échographie n'analyse que la région explorée et non l'ensemble du corps.



**Figure 1-7 – Echographie**

### 3-1-4 Radiographie :

La radiographie a révolutionné la médecine en permettant de voir les structures situées à l'intérieur du corps humain. Les radiographies ainsi que tous les autres examens d'imagerie médicale permettent aux spécialistes de la santé de poser un diagnostic précis ou de les aider lors de la pratique d'une intervention chirurgicale



**Figure1-8 – Radiographie**

Découverte il y a plus d'un siècle, la radiographie utilise les rayons X. Passant à travers une certaine partie du corps, ils impressionnent un film radiographique, plus ou moins noirci en fonction de l'organe traversé. La radio ressemble ainsi à une ombre chinoise, où les os apparaissent en blanc et les structures moins denses (comme les poumons) en noir.

### 3-1-5 Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) :

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique qui permet d'obtenir des images dans n'importe quel plan de l'espace. Les images que fournit l'IRM sont « natives » dans le sens qu'elles ne sont pas produites, à partir de coupes axiales, par des manipulations mathématiques de données. L'imagerie par résonance magnétique (IRM) permet donc une localisation précise des lésions.

### 3-2 Acquisition des images IRM

La formation d'images (données) IRM résulte de l'enregistrement de la résonance des atomes d'hydrogènes, contenus dans l'eau abondante dans le corps humain, et qui entre dans la composition des tissus des organes cibles [6]. De ce fait, plus la concentration de l'eau est élevée dans les tissus, plus la qualité de l'IRM obtenue est la meilleure. Le procédé technologique permettant d'obtenir une IRM consiste à faire appliquer sur l'organisme un champ magnétique puissant, ce qui induit l'unification de la polarisation des molécules d'eau, qui se dirigent toutes dans la direction du champ, Le retour à l'état initial des molécules d'eau engendre un signal qui sera reçu et traité par un dispositif informatique pour former le volume de données IRM.

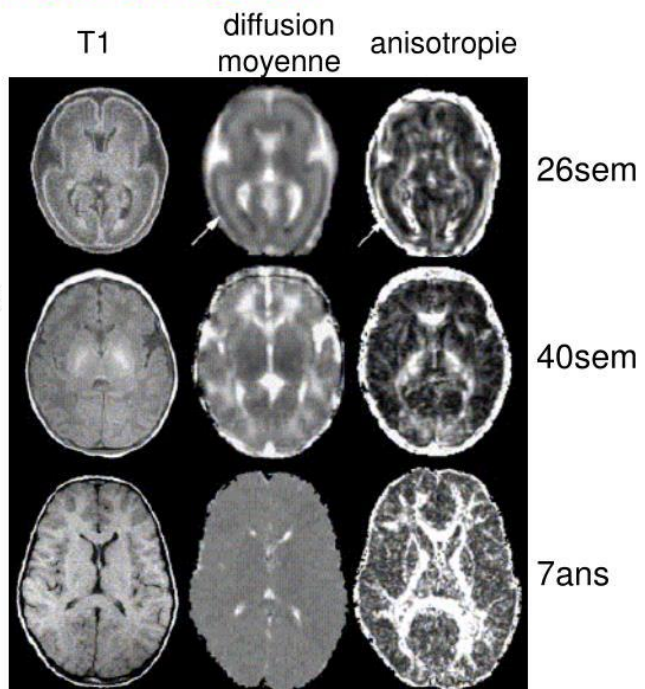
Étude du développement cérébral par IRM



## Étude en IRM de diffusion

- Sensibilité à l'anisotropie initiale du cortex
- Sensibilité au processus de myélinisation des fibres de matière blanche
- Sensibilité à l'orientation des faisceaux de fibres avant la fin de la myélinisation

Neil et al., NMR Biomed. 2002



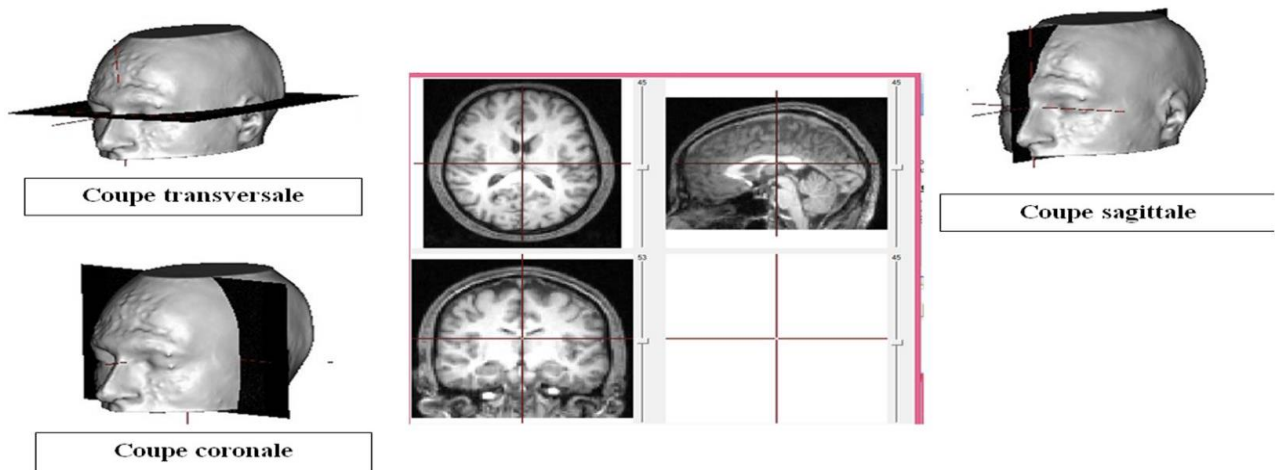
JJC. 2 décembre 2003. J. Dubois

Figure 1- 9 : Principe de la formation d'IRM

La technique IRM permet donc la visualisation des tissus mous de l'organisme

Contenant de l'eau. Ces tissus émettent des signaux d'intensités différentes ce qui permet d'avoir des écarts de contraste après leur représentation. Le principe de l'IRM diffère de celui

du scanner, car cette dernière technique est basée sur l'absorption des tissus des rayons 'X' qui traversent l'organisme. Etant donné que la masse de données obtenue par une IRM est un volume tridimensionnel de forme rectangulaire 3D, il est possible de la visualiser selon les 3 principaux axes qui forment le référentiel 3D. On obtient trois vues nommées respectivement coronale, axiale et sagittale



**Figure 1- 10 : Les 3 vues IRM selon les 3 principaux axes**

## **Partie2 : Segmentation d'Image**

Dans le domaine de l'imagerie cérébrale, la segmentation joue un rôle clé. Cette tâche, bien que longue et minutieuse, permet d'étudier avec précision les structures anatomiques du cerveau, d'observer ses évolutions et d'identifier d'éventuelles anomalies. Face à son importance, de nombreuses méthodes de segmentation ont été développées au fil des années. Dans ce chapitre, nous explorons les techniques traditionnelles, ainsi que les avancées récentes permises par l'apprentissage profond.

### **1-Définition de la segmentation :**

Une technique de traitement de base appelée segmentation divise l'image A en petits groupes, ou régions, en s'assurant qu'aucune région n'est laissée vide. L'intersection des deux régions doit être vide et l'image entière doit être visible dans toutes les régions. Une région est un groupe de pixels connectés qui partagent des caractéristiques qui les distinguent des pixels des régions voisines. En d'autres termes, la segmentation est la division d'une image en un certain nombre de zones distinctes qui ne fusionnent pas pour former l'image complète.

Les caractéristiques de l'image, telles que le bruit, les primitives étrangères, le contour et les textures, sont des considérations importantes pour choisir la meilleure technique de segmentation [5].

## **2- Les différentes méthodes de segmentation :**

Les concepts fondamentaux de différence et de similitude vus par le système visuel humain sont référencés par segmentation. C'est en effet une étape cruciale dans le traitement des photos puisqu'elle conditionne leur interprétation. Ainsi, de nombreux algorithmes ont été proposés au cours de la dernière décennie [6]. Ils reposent généralement sur de nombreux principes sous-jacents. Dans cette section, nous proposons une étude non exhaustive des nombreuses méthodologies qui ont été présentées. Dans ce travail, nous nous concentrerons sur les trois catégories énumérées ci-dessous :

- Approches basées contour.
- Approches basées région.
- Approches basées classification.

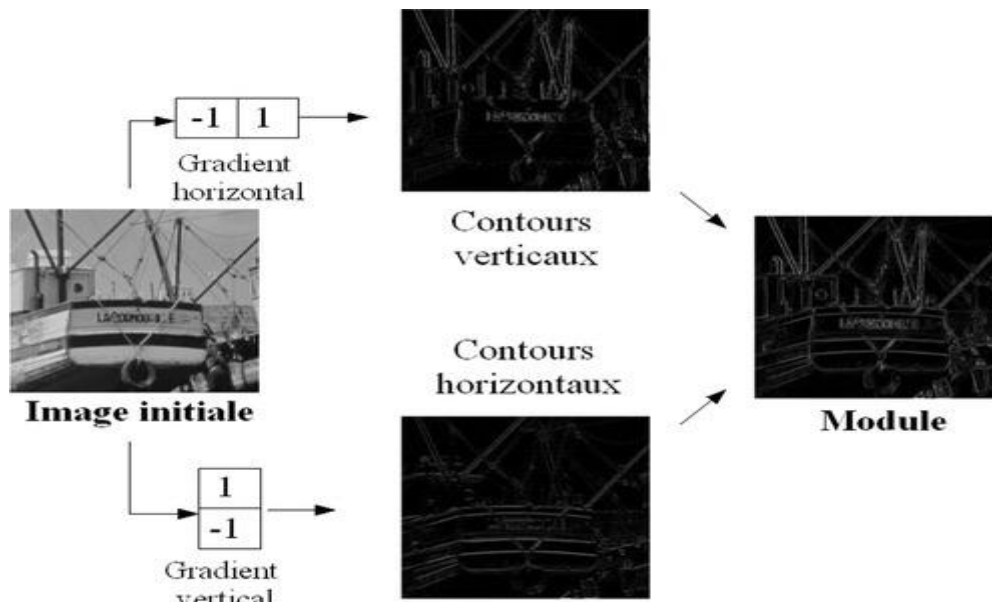
### **2-1 Approche frontière (contour) :**

Les changements d'intensité, de couleur ou de texture, et c. des images correspondent à des ajustements apportés aux propriétés physiques ou géométriques de la scène ou d'un objet. Dans de nombreuses situations, les opérations de segmentation bénéficient de la connaissance de l'évolution de ces propriétés. En raison des discontinuités de profondeur et de réflectivité de la scène observée, les contours sont des régions de transition qui divisent deux régions homogènes. Ils définissent les limites des régions qui correspondent aux bords ou aux groupes des éléments de scène [7]. Ces techniques existent depuis un certain temps et elles ont été les premières à utiliser la géométrie. Ils ont été développés au milieu des années 1980. Les contours extraits ne sont typiquement pas fermés ni même continus, il est donc fréquemment nécessaire de les combiner avec une méthode de fermeture ou de suivi en fonction du résultat calculé.

#### **2-1-1 Les méthodes dérivatives :**

La technique la plus populaire pour détecter les changements d'intensité par différenciation numérique est appelée méthode dérivée, qui fonctionne en détectant les changements dans un signal en fonction de sa dérivation. Dans ce cas, on peut pointer vers les opérateurs les plus

courants du premier ordre : Robert [8], de Prewit [9], de Sobel [10]. Les opérateurs de deuxième ordre, le laplacien-gaussien, dans le cas de filtrage, on peut citer le filtre de Canny [11].



**FIGURE 1-11 – Détection de contours**

Un opérateur de dérivation avec filtrage optimal est apparu afin d'améliorer la qualité des contours et pallier les problèmes de précision, de localisation et d'efficacité de détection. Le filtre idéal est un différenciateur qui détecte les contours tout en respectant les critères de Canny[11]. Celles-ci se résument comme suit :

1. Une bonne détection : l'opérateur donne une réponse au voisinage d'un contour ;
2. Une bonne localisation : optimisation de la précision avec laquelle le contour est détecté ;
3. Unicité de la réponse : le contour doit provoquer une réponse unique de l'opérateur.

### **2-1-2- Méthodes déformables :**

Les modèles déformables sont aussi connus sous les noms de « snakes » ou « contours actifs ». L'intérêt principal des contours actifs est de détecter des objets dans une image en utilisant les techniques d'évolution de courbes. L'idée est de partir d'une courbe initiale, généralement un carré ou un cercle, et de la déformer jusqu'à obtenir le contour de l'objet. En effet, celui-ci présente quelques inconvénients tels que la sensibilité à l'initialisation, au bruit, et le réglage difficile de ses différents paramètres.

Les contours actifs tirent leur origine des modèles élastiques, mais la communauté s'accorde à les attribuer à l'équipe Kass, Witkin et Terzopoulos [12], qui introduisirent les Snakes ou courbes minimisantes. Les snakes tiennent leur nom de leur aptitude à se déformer comme des serpents.

- Les principales limites des méthodes de détection de contour sont les suivantes [13] :

-Les techniques de détection de contour dépendent de l'information contenue dans le voisinage local de l'image. Il n'y a pas d'information globale.

-Après l'extraction des points de contours, ces derniers sont reliés afin de déterminer les frontières. Le processus de fermeture des contours peut parfois conduire à des discontinuités et des lacunes dans l'image.

- Il est souvent difficile d'identifier et de classer les contours parasites.

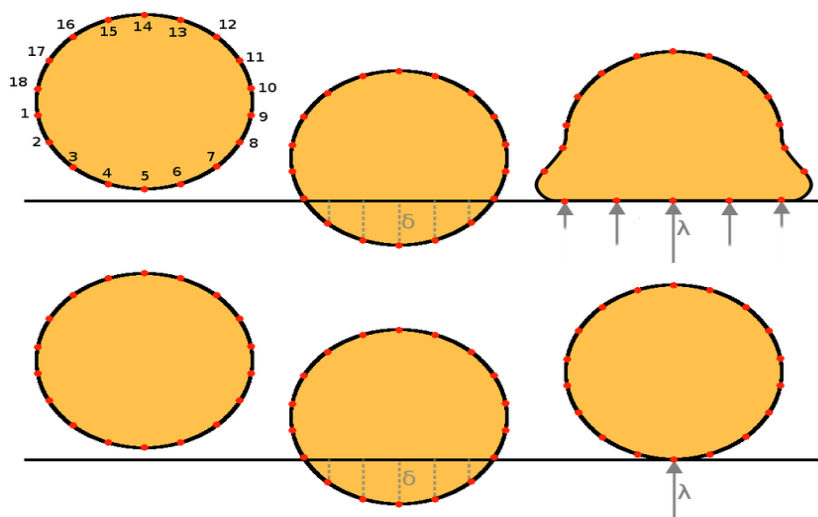


Figure 1-12 : Exemple de l'approche contour déformable

## 2-2- Approche Région :

La segmentation par région est une méthode particulière dans laquelle on essaie de construire une surface en regroupant des pixels adjacents selon un critère d'homogénéité. la segmentation par région crée un ensemble de régions qui ont les propriétés suivantes [14] :

- la réunion de toutes les régions donne l'image entière.
- les régions sont connexes c'est à dire que tous les pixels d'une même région sont jointifs.

- tous les pixels d'une même région sont homogènes entre eux.
- les pixels de deux régions adjacentes ne sont pas homogènes entre eux.

Ce type de méthodes de segmentation intègre automatiquement des informations spatiales dans le processus de segmentation en plus du niveau d'information de gris [15] [16] [17].

Cette approche se distingue par exemple des segmentations par contours ou seuillage dans lesquelles les régions créées ne possèdent pas toutes ces propriétés seuillage

La technique de segmentation la plus avancée pour extraire des objets du fond d'une image est le seuillage [18]. C'est l'opérateur qui attribue une classe de luminosité spécifique à chaque point de l'image. Le seuillage est réalisé après comparaison de la luminosité à un ou plusieurs seuils.

La façon la plus courante de déterminer les seuils à l'aide de ces analyses est de les appliquer localement ou globalement à l'image ou au volume. Cette technique tente de déterminer les classes de pixels en utilisant l'analyse d'histogrammes monodimensionnels [18]. Lorsqu'une image comporte une ou plusieurs régions de même nature et un fond visuellement distinct, l'histogramme est bimodal et il est possible de diviser les régions du fond à l'aide d'un simple seuil qui se positionne dans la vallée entre les deux modes. L'histogramme de l'image est multimodal s'il est constitué de régions aux caractéristiques diverses, chaque mode correspondant à une région différente. La difficulté à déterminer le minimum entre deux modes voisins, ou vallées, est ainsi qualifiée de problème de seuillage. La même région est alors affectée aux pixels avec des niveaux de gris au milieu de deux vallées.

En général, il existe deux manières différentes de choisir les critères de sélection de l'histogramme. Contrairement au second, où le seuil est calculé localement sur la base d'une petite fenêtre de configuration, le premier détermine le seuil globalement pour chaque point de l'image. Croissance de région

Une méthode simple de segmentation d'une image basée sur une région est appelée croissance de région. Parce qu'elle implique de choisir des points de départ éinitiaux, elle est également classée comme une méthode de segmentation d'image basée sur les pixels. Cette ap- proche de segmentation examine les pixels entourant les points de départ initiaux et dterminesi ces pixels doivent être ajoutés à la région. De manière similaire aux algorithmes

généraux de regroupement de données, la procédure est itérée. Un aperçu général de l'algorithme de croissance régionale est fourni ci-dessous sous le titre région en croissance.

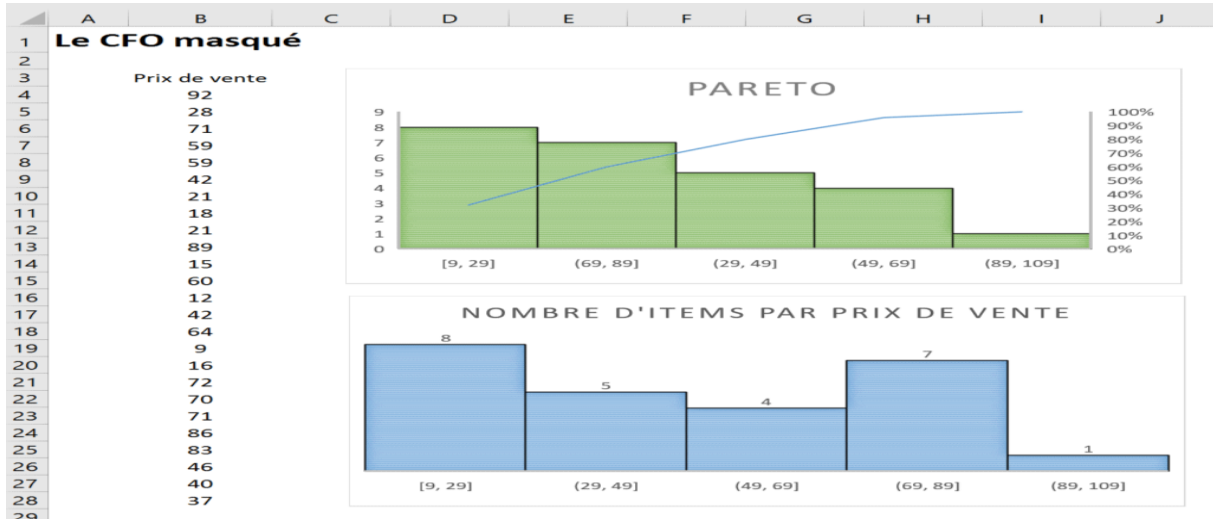


Figure 1.13– Exemples d'histogrammes

### 2-2-1 Croissance de région (region growing) :

Cette technique consiste à faire progressivement accroître les régions autour de leur point de départ. L'initialisation de cette méthode consiste à considérer chaque pixel comme une région. On va essayer de les regrouper entre elles avec un double critère de similarité des niveaux de gris et d'adjacence. Le critère de similarité peut par exemple être : la variance des niveaux de gris de la région R est inférieure à un seuil.

Le principe de l'agrégation de pixel est le suivant : on choisit un germe (Le point de départ est le choix d'un ensemble de pixels appelés « germes ») et on fait croître ce germe tant que des pixels de son voisinage vérifient le test d'homogénéité. Lorsqu'il n'y a plus de pixels candidats dans le voisinage, on choisit un nouveau germe et on itère le processus [19]

### 2-2-2-Segmentation par fusion de région (merge) :

Les techniques de réunion (regionmerging) sont des méthodes ascendantes où tous les pixels sont visités. Pour chaque voisinage de pixel, un prédicat P est testé. S'il est vérifié les pixels correspondants sont regroupés dans une région [19].

Les inconvénients de cette méthode se situent à deux niveaux :

- Cette méthode dépend du critère de fusion qui peut influencer sur le résultat final de la segmentation.
- Elle peut introduire l'effet de sous- segmentation

### **2-2-3-Segmentation par division de région (split) :**

La division consiste à partitionner l'image en régions homogènes selon un critère donné.

Le principe de cette technique est de considérer l'image elle-même comme région initiale, qui par la suite est divisée en régions. Le processus de division est réitéré sur chaque nouvelle région (issue de la division) jusqu'à l'obtention de classes homogènes [20].

Cette méthode présente un inconvénient majeur qui est la sur-segmentation. Toutefois, ce problème peut être résolu en utilisant la méthode de division-fusion que nous présentons dans ce qui suit.

### **2-2-4-Segmentation par division –fusion (split and merge) :**

Ces méthodes combinent les deux méthodes décrites précédemment, la division de l'image en de petites régions homogènes, puis la fusion des régions connexes et similaires en une région. Deux régions seront fusionnées si elles répondent aux critères de similarité des niveaux de gris et d'adjacence de régions. On s'arrête quand le critère de fusion n'est plus vérifié [22].

Les inconvénients de la segmentation par région se situent à trois niveaux :

Les régions obtenues ne correspondent pas, dans tous les cas, aux objets représentés dans l'image.

Les limites des régions obtenues sont habituellement imprécises et ne coïncident pas exactement aux limites des objets de l'image.

La difficulté d'identifier les critères pour agréger les pixels ou pour fusionner et diviser les régions.

### **2-3-Segmentation par classification :**

Les méthodes de classification permettent de regrouper des éléments similaires dans des catégories distinctes. Imaginez un tri intelligent où chaque objet trouve sa place parmi d'autres qui lui ressemblent, tout en restant clairement séparé des groupes différents.

On distingue deux grandes approches :

### **2-3-1-Méthodes non supervisées :**

C'est l'apprentissage sans étiquettes. Plus un algorithme peut générer de données, plus il sera précis. Par conséquent, l'apprentissage non supervisé peut aboutir à des modèles extrêmement précis. Autrement dit. Il permet aux ordinateurs d'acquérir de nouvelles compétences et utilise ces compétences pour rechercher dans les données des modèles

Classification automatique des tumeurs et segmentation et des structures. L'exemple idéal d'un algorithme d'introduction non supervisée est K- mean.

Alors que le regroupement est un processus d'apprentissage non supervisé, la classification est une méthode d'apprentissage guidé. A titre d'exemple Afin de minimiser ou de maximiser une fonction objectif (fonction de perte), la méthode de classification SVM utilise une collection de données d'entraînement (images et étiquettes) ainsi qu'un nez de fonction de base radiale qui tente de maximiser la distance entre deux classes différentes. En conséquence, l'algorithme SVM affecte chaque pixel à l'une des classes prédéfinies [22]. Les algorithmes utilisés dans le clustering tentent de diviser les images d'entrée en un certain nombre de clusters séparés et disjoints. Un exemple d'une telle technique est K-means, qui divise une image en un certain nombre de centres gravitationnels, dont chacun sert de centre du cluster. En conséquence, l'algorithme K-means tente de classer chaque pixel en l'attribuant à l'un des nombres prédéfinis de centres gravitationnels, ce qui signifie que le nombre de classes est égal au nombre de centres gravitationnels [23].

Ces techniques traitent des informations plus complètes extraites d'une image ; ils tentent de segmenter un IRM sans relation claire entre les régions de pixels et les intensités. Dans notre projet, nous nous intéressons particulièrement à la classification des méthodes basées sur les réseaux de neurones que nous décrirons plus haut.

### **2-3-2-Méthodes supervisées :**

## L'apprentissage supervisé

Est l'apprentissage à l'ordinateur à faire quelque chose, C'est alors que le modèle commence à comprendre la corrélation entre les données et les étiquettes. Toutes les tâches de classification reposent sur des ensembles de données étiquetées, telles que celles utilisées pour la détection des visages, la reconnaissance des personnes sur les photos et la reconnaissance des expressions faciales (telles que la joie ou la surprise). La base de l'apprentissage en profondeur est l'apprentissage guidé.

### **2-3-3-Méthode d'ensemble de classifieurs :**

### **3- Quelques difficultés de la segmentation des images médicales :**

#### **Bruit :**

Le bruit d'image caractérise la présence d'informations parasites qui s'ajoutent de façon aléatoire aux détails dans les images acquises. Il est plus particulièrement visible dans les zones peu éclairées, où le rapport signal/bruit est faible. Il a pour conséquence la perte de netteté dans les détails [24].

#### **Inhomogénéités du signal dans le volume :**

Il est techniquement très difficile de maintenir un champ magnétique spatialement constant. Le champ magnétique radiofréquence  $B_1$  d'intensité  $B_1$  est en réalité sujet à de lentes variations spatiales. Ces variations contribuent à la variabilité de l'intensité du signal au sein d'un même tissu au-delà de sa variabilité naturelle.

C'est un problème majeur car il perturbe la lecture de l'image pour le radiologue mais modifie aussi localement les statistiques de signal sur lesquelles sont basées les algorithmes de segmentation cérébrale, l'hypothèse sous-jacente de ces algorithmes est qu'un tissu est représenté par des intensités similaires dans l'image.

L'inhomogénéité du champ  $B_1$  varie en fonction des machines et augmente avec la fréquence et donc l'intensité du champ magnétique. C'est donc un problème central étant donné l'accroissement régulier de l'intensité du champ magnétique utilisé en IRM [25].

#### **Effets de volume partiel :**

En IRM, le signal obtenu est discrétisé spatialement, c'est-à-dire que l'objet d'intérêt est imagé à travers une grille bi ou tridimensionnelle lors de l'encodage spatial. L'élément unitaire d'une image est appelée pixel ou voxel selon que l'image soit 2D ou 3D. À chaque

voxel est associée une unique valeur du signal. Cependant, un voxel peut être situé à la frontière entre deux tissus et le signal associé à cette position reflète alors les phénomènes de résonance magnétique nucléaire de deux entités aux propriétés tissulaires différentes.

Ce phénomène est appelé "effet du volume partiel" et est un artefact inhérent aux systèmes d'imagerie numérique. La majeure partie des algorithmes de traitement d'images IRM prend en compte ces effets [25].

### **Artéfact de mouvement**

L'artéfact de mouvement est un des artéfacts les plus fréquemment rencontré. Il se constitue lorsqu'il y a translation dans l'espace du segment étudié au cours de l'acquisition. Il y a deux types de mouvements rencontrés [24]:

**Les mouvements périodiques** : Ce sont les mouvements de la respiration, les battements cardiaques et les flux sanguins.

**Les mouvements apériodiques** : Ce sont les mouvements du patient, les mouvements oculaires, la déglutition, le péristaltisme digestif et le flux du liquide cérébro-spinal.

Ils ont pour conséquence la dispersion du signal : image floue de la structure en mouvement

### **Conclusion :**

Grâce à l'imagerie médicale et à des techniques de segmentation avancées, les médecins et les chercheurs peuvent mieux comprendre les maladies, adapter les traitements à chaque patient et ainsi améliorer leur prise en charge. Traditionnellement, la segmentation des images médicales était réalisée manuellement par des experts, mais aujourd'hui, des algorithmes intelligents permettent d'automatiser une partie du processus. Cela rend les analyses plus rapides, plus précises et accessibles au plus grand nombre.

## **Chapitre 2 : Apprentissage Automatique**

## **1. Introduction**

Dans un monde où les volumes de données explosent chaque jour, il devient essentiel de disposer d'outils capables d'extraire de l'information utile à partir de cette masse toujours croissante. Face à ce défi, l'apprentissage automatique (Machine Learning) s'impose comme une réponse incontournable, ouvrant la voie à une nouvelle ère dans le traitement et l'exploitation intelligente des données.

Ce chapitre propose un aperçu global de l'apprentissage automatique : nous commencerons par en définir les fondements, ses domaines d'application ainsi que les différents types d'apprentissage existants (supervisé, non supervisé, semi-supervisé et par renforcement). Ensuite, nous explorerons les principaux algorithmes de classification, qu'ils soient paramétriques ou non paramétriques, sans oublier les approches non supervisées comme k-means.

Nous présenterons également les méthodes d'agrégation telles que le Boosting et le Bagging, avant d'aborder l'univers des réseaux de neurones, en particulier les architectures profondes et les réseaux de neurones convolutifs (CNN), très utilisés aujourd'hui dans des domaines tels que l'analyse et la segmentation d'images médicales. Enfin, nous concluons par une synthèse des apports de ces approches dans le contexte général du traitement de données complexes.

## **2. L'apprentissage automatique**

### **2.1. Définition**

Le Machine Learning (ou « apprentissage automatique ») est un domaine en plein essor au sein de l'intelligence artificielle. On l'appelle aussi parfois « apprentissage statistique », car il repose sur des méthodes permettant aux machines d'apprendre à partir de données, sans être explicitement programmées pour chaque tâche.

Concrètement, il s'agit de développer des systèmes capables d'analyser des informations, d'en tirer des enseignements, et même de prédire des résultats. Par exemple, une machine

peut apprendre à reconnaître des motifs dans des données, établir des liens entre différents phénomènes, ou prendre des décisions de plus en plus précises au fil du temps [26].

L'objectif ? Permettre à un ordinateur de résoudre des problèmes complexes en traitant des volumes massifs de données, bien au-delà de ce qu'un humain pourrait analyser manuellement.

## 2.2. Modélisation de l'apprentissage

Pour qu'une machine apprenne efficacement, trois éléments sont essentiels :

- **Une tâche (T)** : L'action que la machine doit accomplir (ex. : traduire un texte, recommander un produit).
- **Une expérience (E)** : Les données ou situations passées qui servent de base d'apprentissage.
- **Une performance (P)** : Le critère qui mesure l'efficacité de la machine (ex. : précision, rapidité).

En résumé, le Machine Learning consiste à améliorer progressivement la performance (P) d'une machine sur une tâche (T), grâce à l'expérience (E) qu'elle accumule [27].

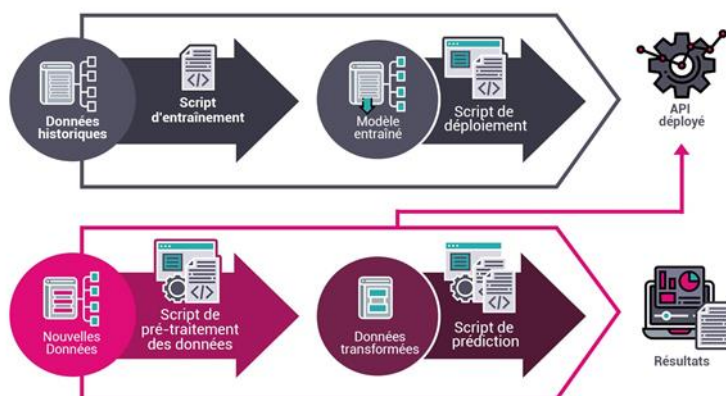


Figure 2. 1 : Schéma de la modélisation d'une machine d'apprentissage

### 3. Domaines d'application de l'apprentissage automatique

L'apprentissage automatique s'applique principalement dans deux grands domaines : la fouille de données (exploration de données) et l'intelligence artificielle (IA). Ces disciplines se complètent pour extraire des connaissances utiles à partir de masses de données complexes.

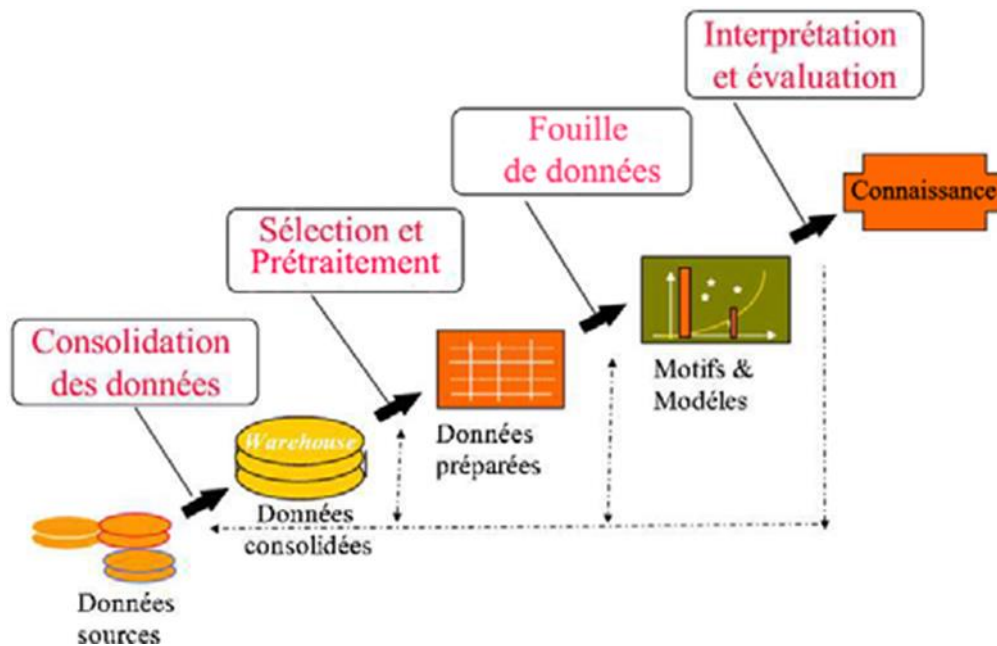


Figure 2. 2 : Techniques issues de l'IA et de la fouille de données pour la modélisation des données

#### 3.1. La fouille de données (Data Mining) et ses méthodes

Apparue dans les années 1990 aux États-Unis, la fouille de données est une discipline à la croisée des statistiques, des bases de données et de l'intelligence artificielle [19]. Son objectif ? Explorer et analyser de vastes ensembles de données pour y découvrir des tendances cachées, des corrélations ou des règles utiles à la prise de décision [29].

Le processus d'extraction des connaissances (ECD)

La fouille de données ne représente qu'une étape d'un processus plus large : l'Extraction de Connaissances à partir des Données (ECD). Selon [28], ce processus comprend quatre phases:

1. Nettoyage et intégration des données (élimination des erreurs et consolidation).
2. Prétraitement (transformation des données pour l'analyse).

3. Fouille de données (application des algorithmes).
4. Évaluation et présentation (interprétation des résultats).

### **Méthodes utilisées**

Pour exploiter ces données, le Data Mining s'appuie sur deux types de techniques d'apprentissage automatique :

#### **a) Méthodes descriptives**

Elles révèlent des informations masquées dans les données sans chercher à prédire.

#### **Exemples :**

- **Segmentation** : Regroupement de données similaires (ex : segmentation clientèle) [27].
- **Règles d'association** : Identification de liens entre éléments (ex : produits fréquemment achetés ensemble) [30].

#### **b) Méthodes prédictives**

Elles anticipent des tendances futures grâce à l'IA. Exemples :

- **Classification** : Affectation d'un élément à une catégorie (ex : client "dépensier" vs "économe") [29].
- **Scoring** : Prédiction d'une valeur inconnue (ex : octroi d'un prêt bancaire) [29].

### **3.2. L'intelligence artificielle (IA) :**

L'IA désigne la capacité des machines à imiter l'intelligence humaine : raisonner, apprendre, planifier, ou même percevoir leur environnement [31]. Ses applications sont vastes :

- **Médecine** : Diagnostics assistés.
- **Robotique** : Automatisation des tâches.
- **Création** : Musique, art, rédaction.
- **Prévisions** : Météo, tendances économiques.

### **Le rôle de l'apprentissage automatique**

L'apprentissage automatique (ou apprentissage statistique) est un pilier de l'IA. Il permet aux machines d'évoluer grâce à l'expérience, sans programmation explicite. Contrairement aux algorithmes classiques, ces systèmes s'adaptent pour résoudre des problèmes complexes, comme la reconnaissance vocale ou la conduite autonome.

### **Le rôle de l'apprentissage automatique**

L'apprentissage automatique (ou apprentissage statistique) est un pilier de l'IA. Il permet aux machines d'évoluer grâce à l'expérience, sans programmation explicite. Contrairement aux algorithmes classiques, ces systèmes s'adaptent pour résoudre des problèmes complexes, comme la reconnaissance vocale ou la conduite autonome.

## **4. Types d'apprentissage automatique :**

L'apprentissage automatique se décline en plusieurs approches, chacune adaptée à des problématiques spécifiques. Voici les quatre principales méthodes :

- L'apprentissage supervisé (4.1)
- L'apprentissage non supervisé (4.2)
- L'apprentissage semi-supervisé (4.3)
- L'apprentissage par renforcement (4.4)

Chacune de ces méthodes possède ses propres forces et est choisie en fonction des données disponibles et des objectifs à atteindre.

"Apprentissage Automatique»].

└ **\*\*Supervisé\*\*** (☑️ □ Données étiquetées) → Prédiction

└ **\*\*Non supervisé\*\*** (🔍 Données brutes) → Découverte

└ **\*\*Semi-supervisé\*\*** (🎓 Mix) → Optimisation

└ **\*\*Renforcement\*\*** (🎯 Actions/Récompenses) → Interaction

TYPES D'APPRENTISSAGE AUTOMATIQUE			
Apprentissage supervisé	Apprentissage non supervisé	Apprentissage semi-supervisé	Apprentissage par renforcement
Entraînement avec des données étiquetées (entrée + sortie)	Entraînement avec des données sans étiquettes	Combinaison de données étiquetées et non étiquetées	Apprentissage par interaction avec l'environnement et retour d'information (récompense / pénalité)

Figure 2. 3 : Les différents types d'apprentissage automatique

#### 4.1. Apprentissage supervisé (Supervised Learning)

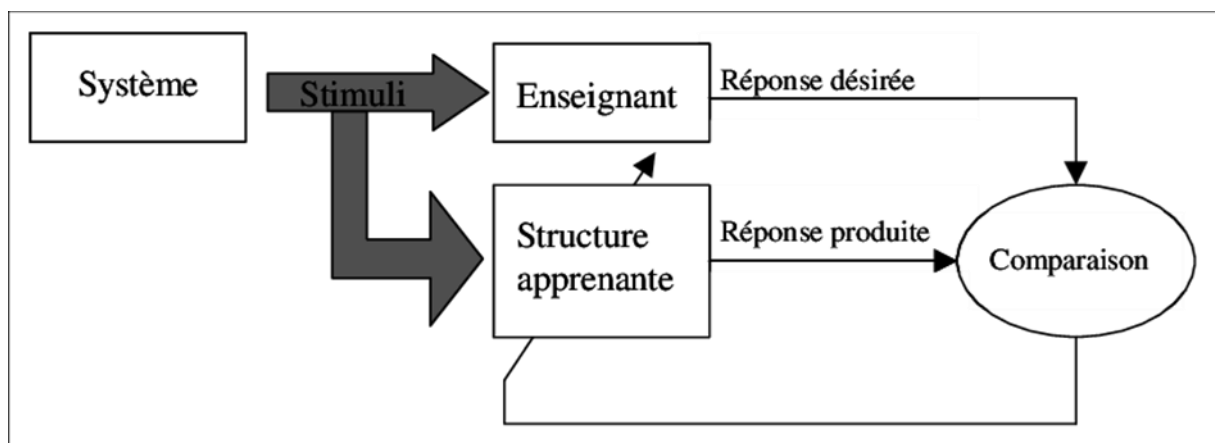
Imaginez apprendre à un enfant à reconnaître des animaux à l'aide de flashcards étiquetées. C'est le principe de l'apprentissage supervisé : le modèle s'entraîne sur des données déjà annotées (comme des images de chats ou de chiens avec leurs étiquettes). Grâce à ces exemples, il apprend à faire des prédictions et à corriger ses erreurs en comparant ses résultats aux réponses attendues.

##### Déroulement typique

1. **Phase d'apprentissage** : Le modèle s'entraîne sur un jeu de données labellisées.
2. **Phase de validation** : On teste ses performances sur des données jamais vues auparavant.
3. **Phase de production** : Le modèle est déployé pour des utilisations concrètes [31].

##### Applications :

- **Finance** : évaluation de crédit
- **Médecine** : détection de tumeurs
- **Énergie** : prévision de consommation
- Reconnaissance d'images ou de voix



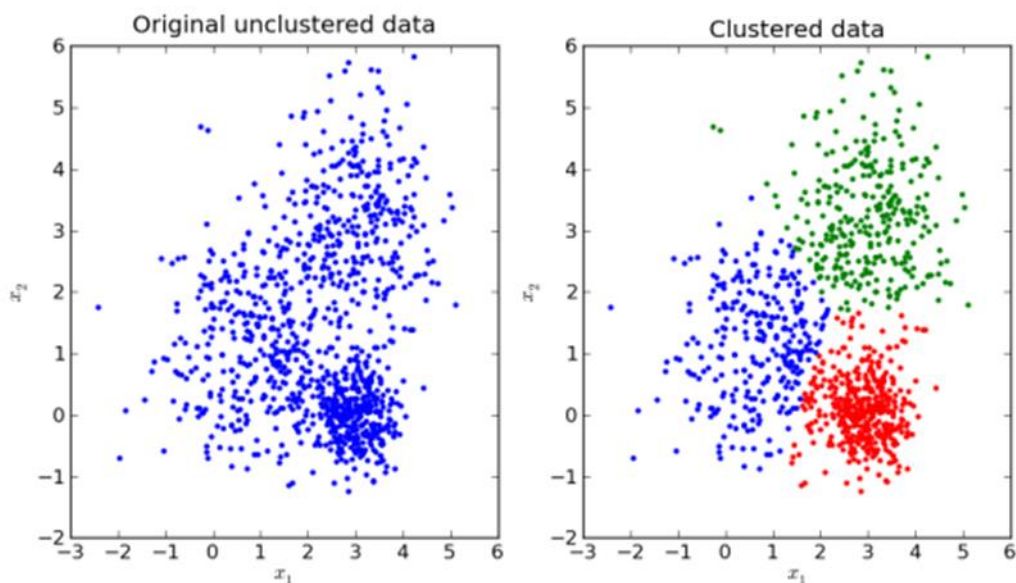
**Figure 2. 4 : Schéma d'un modèle supervisé**

#### **4.2. Apprentissage non supervisé (Unsupervised Learning) :**

Contrairement à la méthode supervisée, ici, pas d'étiquettes pour guider le modèle ! Ce dernier doit découvrir par lui-même des structures cachées dans les données, comme un archéologue analysant des artefacts inconnus. Par exemple, si on lui donne des données sur des animaux (poids, taille, etc.), il pourra regrouper ceux qui se ressemblent, sans savoir à quelles espèces ils correspondent.

##### **Utilité :**

- Détection de motifs ou de similarités
- Segmentation de clientèle en marketing
- Réduction de dimensionnalité [31].



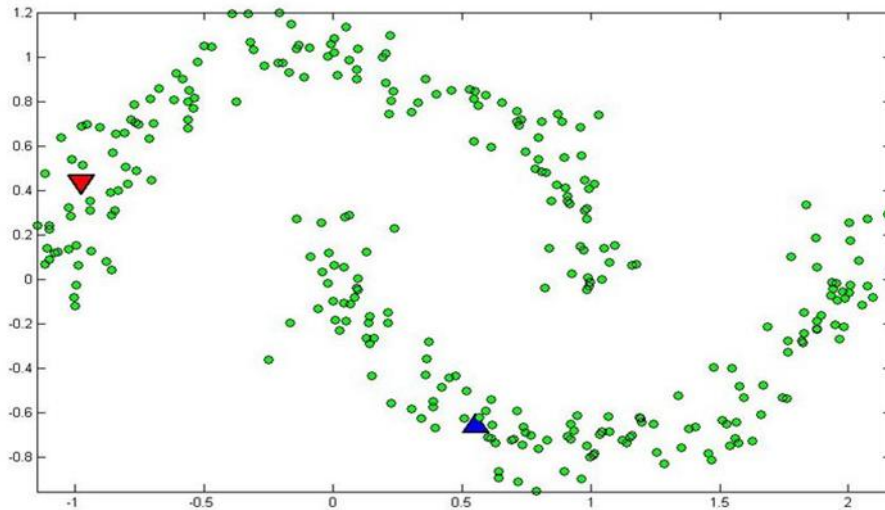
**Figure 2. 5 : Schéma d'un modèle non supervisé**

#### **4.3. Apprentissage semi-supervisé (Semi-Supervised Learning) :**

Un juste milieu entre les deux approches précédentes ! Le modèle utilise à la fois des données étiquetées (en petite quantité) et non étiquetées (en grande quantité). C'est particulièrement utile quand l'étiquetage manuel est coûteux ou fastidieux, comme dans l'analyse de millions d'images.

**Avantage :**

- Combinaison de la précision du supervisé et de la flexibilité du non-supervisé
- Réduction des coûts d'annotation [31].



**Figure 2. 6 : Schéma d'un modèle semi-supervisé**

**4.4. Apprentissage par renforcement (Reinforcement Learning) :**

Inspiré par la façon dont les humains apprennent par essai-erreur, cette méthode repose sur un agent (comme un robot aspirateur) qui interagit avec un environnement (une pièce à nettoyer). À chaque action (nettoyer, se recharger), l'agent reçoit une récompense (positive ou négative) et ajuste sa stratégie pour maximiser son succès.

Exemple concret :

- Un aspirateur autonome apprend à éviter les zones déjà nettoyées et à retourner à sa base quand sa batterie est faible [31].

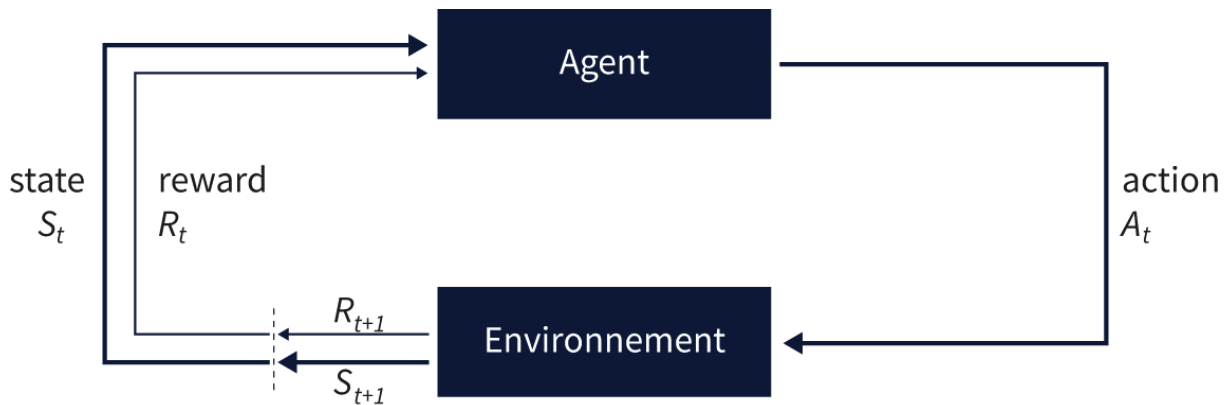


Figure 2. 7 : Schéma d'un modèle par renforcement

## 5. Les principaux algorithmes d'apprentissage automatique :

Nous allons nous intéresser aux algorithmes d'apprentissage supervisé pour l'apprentissage automatique. Il existe deux types principaux : paramétrique et non paramétrique.

### 5-1. Méthodes non paramétriques :

Les approches dites non paramétriques (classification hiérarchique, méthode des centres mobiles) se basent sur l'hypothèse que plus deux individus sont proches, plus ils ont de chances d'appartenir à la même classe. Ce qui distingue cette approche est qu'elle ne fait aucune hypothèse sur la distribution sous-jacente **des données**. **C'est le cas des k plus proches voisins (k-PPV) et des arbres de décision [33].**

#### 5-1-1. Les k plus proches voisins :

La méthode des "k plus proches voisins" (k-nearest neighbors ou k-NN) fait partie des méthodes d'apprentissage supervisé les plus simples, utilisable aussi bien pour la régression que pour la classification.

#### Principe de fonctionnement :

- Méthode non paramétrique où le modèle mémorise les observations de l'ensemble d'apprentissage.
- Qualifiée de "paresseuse" (Lazy Learning) car elle n'effectue aucun apprentissage pendant la phase d'entraînement.

• Pour prédire la classe d'une nouvelle donnée :

1. On fixe le nombre de voisins  $k$ .
2. On identifie les  $k$  voisins les plus proches (en utilisant la distance euclidienne ou d'autres métriques).
3. On attribue la classe par vote majoritaire.

#### Choix du paramètre $k$ :

- On teste différentes valeurs de  $k$ .
- Pour chaque valeur, on calcule le taux d'erreur sur l'ensemble de test.
- On sélectionne le  $k$  donnant les meilleures performances.

#### Avantage :

- Facile à comprendre et à implémenter.
- Apprentissage rapide (simple mémorisation des données).

#### Inconvénients :

- Peu efficace sur les grands jeux de données.
- Performance qui se dégrade avec l'augmentation du nombre de variables [32].

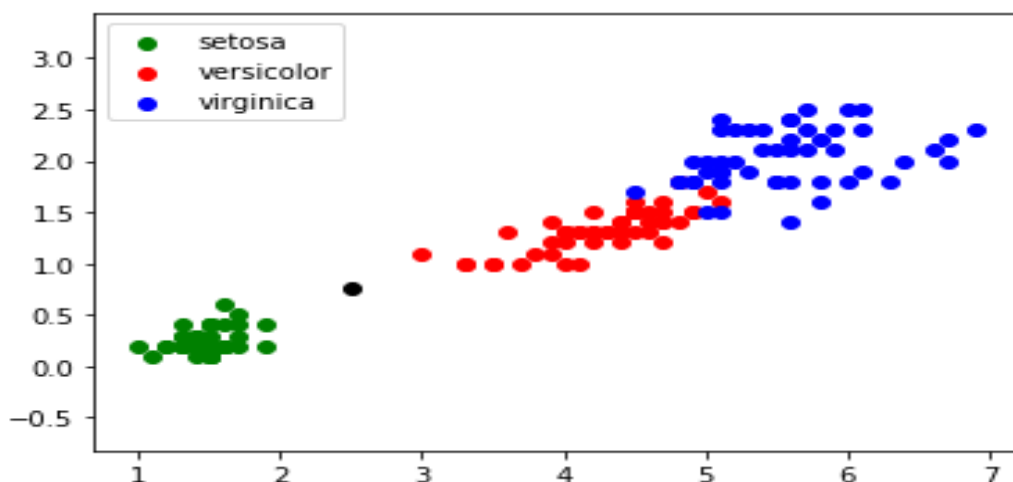


Figure 2.8 : Fonctionnement des  $k$  plus proches voisins

### **5-1-2. Les arbres de décision :**

La méthode des arbres de décision est l'une des plus intuitives et populaires. Elle fournit des règles explicites de classement et gère bien les données hétérogènes, manquantes et les relations non linéaires.

#### **Caractéristiques principales :**

##### **•Deux types principaux :**

o Arbres de classification (prédiction de classes) .

o Arbres de régression (prédiction de valeurs numériques).

• À la frontière entre méthodes prédictives et descriptives.

• Classement par segmentation hiérarchique descendante [33].

#### **Avantage :**

• Résultats facilement interprétables

• Gère tous types de données

• Robuste au bruit

• Méthode flexible et adaptable

#### **Inconvénient :**

• Sensibilité au nombre de classes

### **5-2. Méthodes paramétriques**

La seconde grande famille regroupe les approches probabilistes qui supposent une forme particulière de la distribution des données (par exemple une loi normale). Le problème consiste alors à estimer les paramètres de cette distribution à partir des données d'apprentissage [31].

#### **5-2-1. Classification naïve bayésienne**

La classification naïve bayésienne est un algorithme d'apprentissage supervisé qui permet de classer des observations selon des règles probabilistes.

### **Fonctionnement :**

1. Phase d'apprentissage sur des données étiquetées.
2. Construction des règles de classification.
3. Application à de nouvelles données.

### **Caractéristiques :**

- Nécessite des classes connues pour l'apprentissage.
- Basé sur le théorème de Bayes.
- Suppose l'indépendance conditionnelle des variables **[31]**.

### **Avantage :**

- Permet d'intégrer des connaissances a priori.
- Optimal en termes de minimisation de l'erreur théorique.
- Adaptable à des modèles complexes.

### **Inconvénients :**

- Approche subjective (dépend des hypothèses initiales).
- Nécessité de définir une distribution a priori.
- Coût élevé en calcul et mémoire.

## **6. Méthodes d'agrégation : Quand l'union fait la force :**

Les méthodes d'agrégation combinent plusieurs modèles simples pour créer un prédicteur plus robuste et précis. Deux approches dominent : le Boosting et le Bagging **[34]**.

### **6.1. Boosting : L'art de corriger ses erreurs**

#### **Principe clé :**

Entraîne séquentiellement des modèles faibles (souvent des arbres de décision simples), chaque nouveau modèle corrige les erreurs du précédent.

#### **Exemple star : AdaBoost**

•**Fonctionnement :**

1. Donne plus de poids aux observations mal classées à chaque itération.
2. Combine les "faibles" classifieurs en un vote pondéré [39].

•**Avantages :**

- ✓ Réduit biais et variance
- ✓ Performant sur des données complexes

•**Défis :**

Sensible au bruit et aux outliers

Cas d'usage :

- Détection de fraudes bancaires
- Reconnaissance faciale

**6.2. Bagging : La sagesse de la foule**

**Principe clé :**

Entraîne plusieurs modèles en parallèle sur des sous-ensembles aléatoires des données (avec remise), puis agrège leurs prédictions (moyenne ou vote majoritaire).

**Star du Bagging : Random Forest**

•**Spécificités :**

- oUtilise des arbres de décision décorrélés (échantillonnage des données ET des variables).
- oRésultat final par vote démocratique [40].

•**Atouts :**

- ✓ Réduit significativement le sur ajustement.
- ✓ Gère bien les données manquantes.

•**Limites :**

Moins interprétable qu'un simple arbre.

**Cas d'usage :**

- Prédiction de maladies chroniques.
- Scoring crédit

**Pourquoi ces méthodes ?**

Critère	Boosting	Bagging
Robustesse	Excellent sur biais	Excellent sur variance
Vitesse	Lent (séquentiel)	Rapide (parallèle)
Données	Équilibrées	Accepte le déséquilibre

"Le boosting est comme un étudiant qui apprend de ses erreurs, tandis que le bagging est un comité d'experts qui vote."

**À retenir**

- Boosting** : Précision ↑, mais fragile au bruit.
- Bagging** : Stabilité ↑, idéal pour grands datasets.
- Choix** : Dépend du problème et des données disponibles.

**7. Introduction aux réseaux de neurones**

Les réseaux de neurones sont Les réseaux parallèles d'éléments de traitement ou nœuds qui composent les réseaux neuronaux s'inspirent du fonctionnement des neurones biologiques. Chaque nœud est capable d'effectuer des calculs. L'apprentissage s'effectue en ajustant le poids attribué aux raccords nœud à nœud. Il est le plus souvent utilisé comme classificateur en imagerie médicale, où le poids est établi en utilisant des données d'apprentissage et contribue ensuite à la segmentation de nouvelles données. De plus, ils peuvent être utilisés dans des méthodes non contrôlées [39].

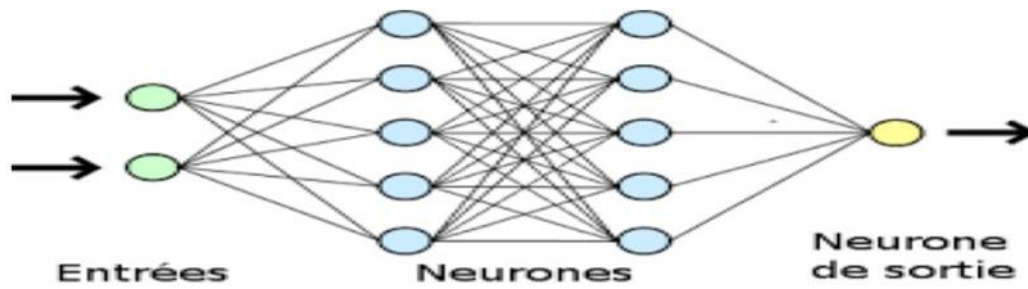


Figure 2.9 Réseau de neurones.

### 7 .1. Principe et architecture d'un neurone artificiel

Le neurone artificiel, également connu sous le nom de perceptron, est la pierre angulaire d'un réseau de neurones. C'est une opération mathématique basée sur un modèle neuronal biologique. Elle peut être vue comme une porte logique de sortie binaire. Cela consiste en [40] :

#### — Couche d'entrée

Une autre façon de le dire est une valeur d'entrée. Pour qu'un neurone utilisant cette couche fonctionne, nous transmettons des valeurs d'entrée qui représentent un nombre spécifique de variables, telles que  $X = x_1, x_2, x_3, x_n$ .

#### — Poids et biais

Chaque entrée neuronale artificielle a un poids appelé  $w$  qui représente la valeur de la connexion. La somme pondérée est la somme des valeurs d'entrée multipliée par le poids  $\sum_{i=1}^n w_i * x_i$ . Une valeur de biais est ajoutée pour obtenir la valeur finale de la prédiction.

#### — couche d'activation

C'est un nœud qu'un réseau de neurones place au début ou au milieu. Avant d'envoyer l'entrée à la couche suivante de neurones ou de la convertir en sortie, nous appliquons la fonction d'activation, une transformation non linéaire. La liste suivante des fonctions de couche d'activation utilisées par CNN est fournie :

Sigmoid :

Sigmoid(x) =

ReLU :

$$\text{ReLU}(x) = \max(0, x)$$

Tanh :

$$\text{Tanh}(x) = -1$$

Softmax :

$e^{x_i}$

$$\text{Softmax}(x_i) = \frac{e^{x_i}}{\sum_j e^{x_j}}$$

$P_j = \frac{e^{x_j}}{\sum_k e^{x_k}}$

— **Couche de sortie** : Elle fournit la sortie finale d'un neurone, qui peut ensuite être envoyée à d'autres neurones du réseau ou utilisée comme valeur finale de sortie après avoir été comparée à une valeur seuil.

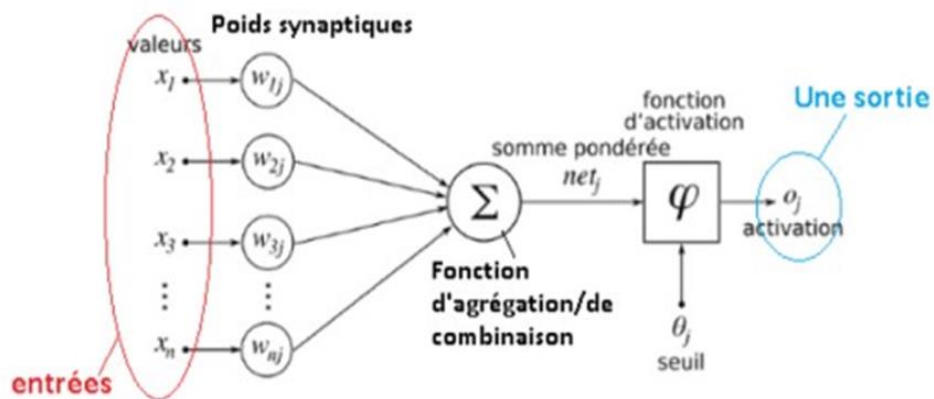


Figure 2.10 – Neurone artificiel.

## 7.2. Réseaux de neurones multicouches (MLP) ;

Structure type :

Couche	Rôle	Analogie
Entrée	Reçoit les données brutes	Comme les yeux qui voient des pixels
Cachée 1	Détecte des motifs simples (bords, textures)	Un artiste qui trace les contours
Cachée 2	Combine les motifs (yeux, nez)	Un détective qui assemble des indices
Sortie	Donne la réponse finale	Un médecin qui pose un diagnostic

#### Le saviez-vous ?

- Un réseau trop complexe *mémorise* au lieu d'apprendre (comme un étudiant qui recopie sans comprendre).
- Solution : Le *dropout* (désactiver aléatoirement des neurones) force le réseau à vraiment comprendre [31].

#### 7.3 Fonctionnement : propagation avant et rétro propagation :

##### Phase 1 : La Propagation (Prédiction)

- Les données traversent le réseau comme une enquête policière :
  - Chaque couche affine les hypothèses
  - La sortie est le verdict ("90% de chance que ce soit un mélanome")

##### Phase 2 : La Rétro propagation (Correction)

- Si l'erreur est détectée :
  1. On calcule *qui s'est trompé* dans le réseau

2. On ajuste les poids proportionnellement à la responsabilité
3. On répète jusqu'à obtenir des prédictions fiables

**Métaphore culinaire :**

"C'est comme ajuster une recette : si le gâteau est trop sucré, on réduit le sucre ET la vanille qui l'a renforcé."

**Formule clé simplifiée :**

Nouveau poids = Poids actuel - (Taux d'apprentissage × Contribution à l'erreur)

Pourquoi c'est révolutionnaire ?

- **Adaptabilité** : Apprend sans être reprogrammé (contrairement aux logiciels classiques).
- **Résilience** : Fonctionne même avec des données incomplètes ou bruyantes [31].

**Applications touchantes :**

- Détection précoce de cancers sur des IRM
- Traduction instantanée pour les malentendants

Aide aux agriculteurs pour identifier des maladies de plantes

**8. L'Apprentissage profond (Deep Learning) :**

L'apprentissage profond Également connu sous sa dénomination anglaise « Deep Learning » ou « DL », est une technique d'intelligence artificielle qui permet aux machines d'apprendre à partir de données complexes et non structurées. Il s'agit d'un sous-domaine de l'intelligence artificielle qui utilise des réseaux neuronaux artificiels profonds pour déterminer des règles plus complexes, à savoir une technique d'entraînement de machines visant à imiter la manière dont les neurones du cerveau humain traitent et apprennent des informations. On peut parler de réseau de neurones artificiels.

Cette technique d'apprentissage automatique est largement utilisée dans divers domaines tels que la reconnaissance d'image, la traduction automatique, les voitures autonomes, le diagnostic médical, les recommandations personnalisées, la modération automatique des réseaux sociaux, la prédiction financière et le trading automatisé, l'identification de pièces

défectueuses, la détection **de** malwares ou de fraudes, les chabots, l'exploration spatiale, les robots intelligents, et bien d'autres.

Les progrès de l'apprentissage profond ont été possibles notamment grâce à l'augmentation de la puissance des ordinateurs et au développement de grandes bases de données (« big data »). [37].

### **Histoire de l'apprentissage profond (Deep Learning :**

L'histoire de l'apprentissage profond (deep learning) remonte aux années 1940, mais son développement significatif a eu lieu plus tard, à mesure que les avancées technologiques et les progrès en informatique ont permis d'exploiter son plein potentiel. Voici un aperçu de son évolution :

-Dans les années 1940-1960, McCulloch et Pitts ont jeté les bases de l'apprentissage profond avec leur modèle de neurone formel en 1943. Plus tard, en 1958, Frank Rosenblatt a créé le perceptron, un précurseur des méthodes de détection des images. Les réseaux de neurones, mais il était limité dans sa capacité à traiter des problèmes complexes en raison de sa structure à une seule couche.

Ère de l'IA symbolique (années 1960-1980) : Pendant cette période, l'intelligence artificielle (IA) était dominée par des méthodes symboliques et des systèmes experts. Les réseaux de neurones ont été largement délaissés en raison de leur manque de succès dans la résolution de problèmes complexes et de l'absence de puissance de calcul nécessaire pour les entraîner sur de grandes quantités de données

- L'ère de l'IA symbolique (années 1960-1980) : Durant cette période, l'intelligence artificielle (IA) était dominée par des approches symboliques et des systèmes experts, reléguant les réseaux de neurones au second plan.

-L'hiver du : 1980-2000 Malgré ces avancées, le deep learning connaît une période de désintérêt pendant plusieurs années, faute de puissance de calcul suffisante pour entraîner des réseaux de neurones profonds.

- Dans les années 2000 jusqu'à aujourd'hui, l'apprentissage profond a connu une résurgence fulgurante, portée par des avancées significatives dans la puissance de calcul et l'accès à d'énormes ensembles de données. Cette renaissance a été alimentée par des algorithmes

d'apprentissage améliorés, notamment les réseaux de neurones convolutifs (CNN) et les réseaux de neurones récurrents (RNN). Ces algorithmes ont démontré des performances remarquables dans divers domaines, tels que la vision par ordinateur, le traitement du langage naturel, la reconnaissance vocale, et bien plus encore [38].

### 8.1. Réseaux classiques vs réseaux profonds : La révolution de la profondeur :

Les réseaux de neurones classiques (comme les perceptrons multicouches) se limitent souvent à quelques couches cachées. En revanche, les architectures profondes (ex. CNN, Transformers) empilent des dizaines, voire des centaines de couches, permettant :

- Une **extraction hiérarchique** des caractéristiques (ex. bords → textures → objets complets pour les images) [36].
- Une capacité accrue à modéliser des **relations non linéaires** complexes [37].

*Exemple concret* : Un réseau classique peut reconnaître des chiffres manuscrits (MNIST), mais un réseau profond comme ResNet-50 classera des millions d'images ImageNet avec précision.

### 8.2. Avantages du deep learning pour les données complexes :

Le deep learning excelle là où les méthodes traditionnelles échouent :

- **Images/vidéos** : Les CNN capturent des motifs spatiaux grâce aux filtres convolutifs [36].
- **Texte/séquences** : Les RNN ou Transformers (ex. GPT-4) modélisent des dépendances à long terme [37].
- **Données non structurées** (audio, capteurs) : Auto-encodeurs ou réseaux siamois pour des représentations compactes

## 9. Réseaux de neurone convolutifs (CNN) :

Le réseau de neurones convolutifs, ou CNN est un type spécialisé de modèle de réseau de neurones conçu pour travailler avec des données d'images bidimensionnelles, bien qu'ils puissent être utilisés avec des données unidimensionnelles et tridimensionnelles. Ces réseaux sont capables d'apprendre à extraire des caractéristiques locales, c'est-à-dire des structures qui se répètent à travers l'image.

Les CNN sont largement utilisés dans la reconnaissance d'images, le traitement audio, la détection de mots-clés, la détection d'objets, la conduite autonome, la génération de données synthétiques, et bien d'autres domaines. Ils sont particulièrement adaptés aux données complexes, telles que les images, et peuvent être utilisés avec des signaux ou des séries temporelles si elles sont prétraitées de manière appropriée. [38]

### **9.1. Motivation et application dans l'imagerie :**

Un réseau neuronal convolutif fonctionne en appliquant des filtres convolutifs à une image pour détecter des caractéristiques spécifiques. Les filtres sont appliqués à chaque image du jeu d'apprentissage avec différentes résolutions, puis la sortie de chaque image convoluée est utilisée comme entrée de la couche suivante. Au début, ces filtres peuvent concerner des caractéristiques très simples, comme la luminosité et les contours, puis se complexifier jusqu'à représenter des caractéristiques uniques propres à l'objet

Les réseaux neuronaux convolutifs (CNN) ont de nombreuses applications dans divers domaines, en particulier dans le traitement des images et des signaux. Voici quelques exemples clés d'applications des

CNN :

#### ► Reconnaissance d'images et de vidéos

Les CNN sont très performants pour la reconnaissance et la classification d'images. Ils sont utilisés pour identifier des objets, des personnes, des écritures, des scènes et des activités dans des images et des vidéos [43].

#### ► Détection d'objets

Les CNN permettent de détecter et de localiser des objets spécifiques dans des images. Cela est crucial pour la conduite autonome, où les CNN identifient les panneaux, les piétons, les autres véhicules, etc.

#### ► Diagnostic médical

En imagerie médicale, les CNN aident au diagnostic en identifiant des anomalies comme des tumeurs sur des IRM, des radiographies ou des scanners. Ils peuvent aussi analyser des rapports pathologiques.

### ► Génération d'images [44]

Grâce aux réseaux antagonistes génératifs (GANs), qui combinent des CNN, il est possible de générer de nouvelles images réalistes, par exemple pour créer des jeux de données synthétiques.

### ► Traitement audio

Les CNN peuvent être utilisés pour la détection de mots-clés dans l'audio, par exemple pour activer des assistants vocaux. Ils apprennent à reconnaître précisément les mots cibles malgré le bruit.

Les CNN sont très polyvalents et trouvent des applications dans de nombreux domaines où il s'agit d'analyser et de comprendre des données visuelles ou audio, que ce soit pour de la classification, de la détection, de la génération ou de la reconnaissance.

## 9.2. Architecture typique d'un CNN :

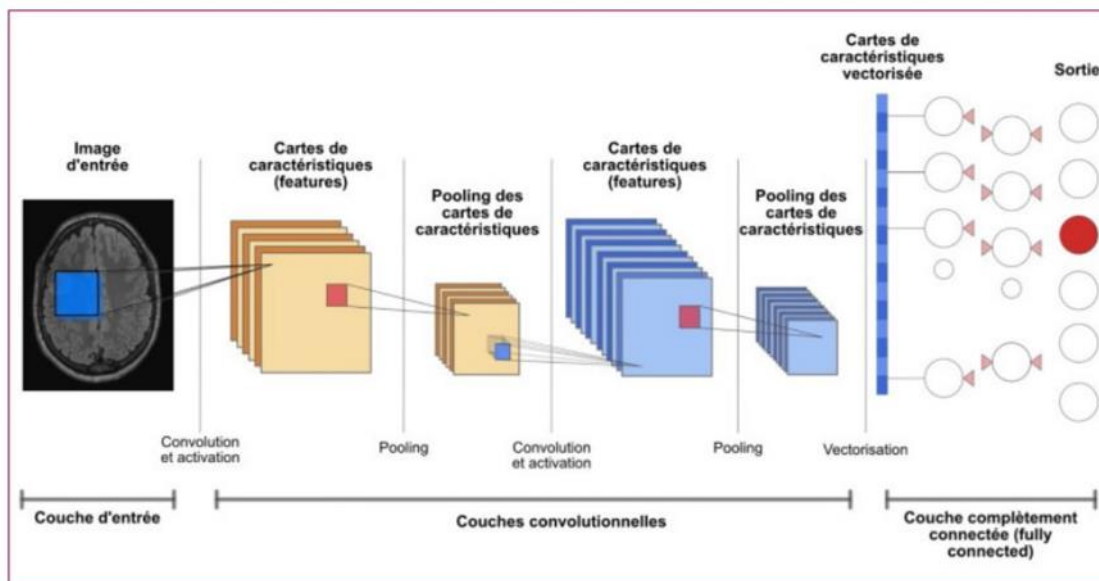


Figure 2. 11– Architecture CNN

## 9.3. Couches : convolution, pooling, fullyconnected :

### -Couche Convolution :

La première couche des réseaux de neurones convolutifs est la couche de convolution, qui est toujours au moins la première couche. Les filtres sont utilisés pour créer les couches de

convolution. Les filtres sont des planches de valeurs connues sous le nom de feature maps. Chaque couche de convolution intègre une image et génère une carte des caractéristiques. On obtient chaque carte des caractéristiques en appliquant le filtre à l'image. Par conséquent, la couche de convolution reçoit plusieurs images en entrée et effectue le calcul de la convolution de chacune d'entre elles en utilisant chaque filtre. Les filtres sont précisément adaptés aux caractéristiques que l'on désire voir dans les images. [36]

#### **-Couche de regroupement :**

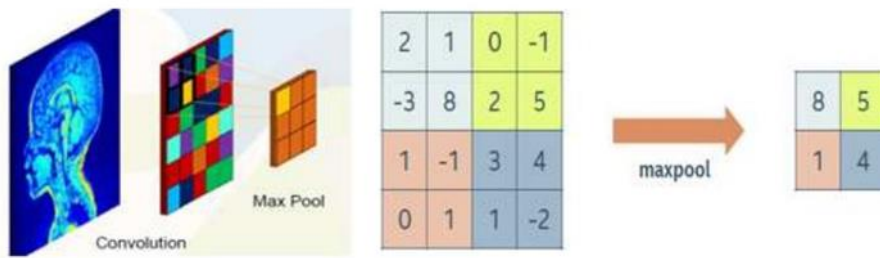
La couche de regroupement (pooling) est une autre couche des réseaux de neurones complexes. Le but de cette couche est de réduire les dimensions spatiales (L et H) tout en conservant la même profondeur que la couche précédente (C'). Les entités identifiées dans une zone spécifique de la carte d'entités produite par la couche convolutive sont agrégées par la couche de regroupement. Dans la plupart des cas, une couche de regroupement est située entre deux couches convolutionnelles. Différentes catégories d'opérations courantes existent, comme les pools maximum, minimum, moyen et maximum. Les méthodes d'échantillonnage les plus fréquemment utilisées sont le maximum et la moyenne [44].

##### — Max pooling

Une couche max-cluster sélectionne le cluster des éléments les plus grands de la région de la carte d'entités couverte par le filtre. Par conséquent, la sortie de la couche max cluster sera une carte d'entités contenant les entités les plus importantes de la carte d'entités précédente [44].

##### — Moyen Pooling

Il calcule la moyenne des éléments présents dans la région de la carte d'entités couverte par le filtre. Comme nous l'avons déjà dit, la mise en commun maximale renvoie les fonctionnalités les plus importantes, tandis que la mise en commun moyenne renvoie la moyenne de toutes les fonctionnalités du bloc [45].



**Figure 2.12 Exemple simple de moyen pooling.**

### **-Couche entièrement connectée**

Chaque neurone de la couche entièrement connectée est connecté à tous les autres neurones de la couche précédente, de la même manière que les neurones sont disposés dans un réseau neuronal standard. Cette couche effectue une classification basée sur les caractéristiques récupérées par les couches précédentes (couches convolutionnelles et de pooling), ainsi que leurs différents filtres. Ce sont les paramètres les plus utilisés avec le CNN dans ces couches et prennent beaucoup de temps en formation [45].

### **Conclusion**

L'apprentissage automatique représente une révolution dans notre façon d'exploiter les données. Des méthodes classiques comme les arbres de décision aux architectures profondes comme les CNN, ces techniques offrent des solutions puissantes pour résoudre des problèmes complexes. Cependant, leur véritable valeur réside dans leur capacité à compléter - et non remplacer - l'intelligence humaine.

Ce chapitre a posé les bases théoriques essentielles pour comprendre comment les machines apprennent. Dans la suite de notre étude, nous verrons comment appliquer concrètement ces concepts à la segmentation d'IRM cérébrales.

## **Chapitre 3 : Moyennes mobiles locales pour la Segmentation d'IRM cérébrales**

## 1. Introduction

Le clustering, ou partitionnement, constitue une tâche essentielle dans le domaine de l'analyse de données. Il s'agit de diviser un ensemble de données en plusieurs sous-groupes appelés clusters, de manière à ce que les données appartenant au même groupe soient plus similaires entre elles qu'avec celles des autres groupes [46].

Parmi les différentes méthodes proposées pour réaliser cette tâche, l'algorithme K-means occupe une place centrale. Introduit par MacQueen en 1967, cet algorithme s'est rapidement imposé grâce à sa simplicité conceptuelle, sa facilité d'implémentation, ainsi que sa capacité à traiter efficacement de grandes quantités de données [47].

Dans ce chapitre, nous présenterons d'abord les principes de base de l'algorithme K-means, avant de détailler son fonctionnement algorithmique. Nous montrons ensuite comment cet algorithme pourra être appliqué localement sur des sous-volumes de l'IRM afin d'améliorer les résultats de segmentation.

## 2. Problématique

La segmentation des images IRM cérébrales représente un véritable défi en raison de la complexité du cerveau humain, de la variabilité anatomique entre individus et de la présence éventuelle de pathologies. L'une des problématiques majeures réside dans la question suivante :

« Comment améliorer la précision et la robustesse de la segmentation des IRM cérébrales afin de permettre un diagnostic plus fiable des affections neurologiques ? »

Pour répondre à cette question, plusieurs pistes sont explorées, notamment le développement d'algorithmes de segmentation plus performants, l'amélioration des techniques de prétraitement des images, ainsi que l'intégration de méthodes d'apprentissage automatique capables de s'adapter à la diversité des formes et des textures du tissu cérébral, qu'il soit sain ou pathologique.

Dans ce contexte, nous proposons une approche améliorée reposant sur l'algorithme K-means, qui consiste à l'appliquer de manière locale sur des sous-régions spécifiques des

images IRM (coupes 2D). Cette segmentation par zones vise à renforcer la précision de détection des structures cérébrales en tenant compte de leurs particularités régionales.

### 3. L'algorithme *k*-means :

#### 3.1 Définition :

L'algorithme des *k*-moyennes (ou *K*-means) est l'une des méthodes les plus courantes en partitionnement de données, utilisée principalement dans les domaines des statistiques et de l'apprentissage automatique (en particulier l'apprentissage non supervisé). Sa popularité s'explique par sa simplicité d'implémentation et son efficacité, notamment pour traiter de grands ensembles de données. Le principe fondamental de *K*-means consiste à diviser un ensemble d'observations en *K* clusters, où chaque observation est assignée au cluster dont le centre (moyenne) est le plus proche [48].

Contrairement à d'autres méthodes hiérarchiques qui organisent les clusters sous forme d'un arbre, *K*-means repose sur une approche plus directe. Ce modèle est également lié à l'algorithme de quantification Lloyd-Max. Plusieurs variantes ont été développées pour affiner l'approche des centres mobiles, souvent attribués à Forgy, bien que d'autres chercheurs aient également contribué à cette évolution [48].

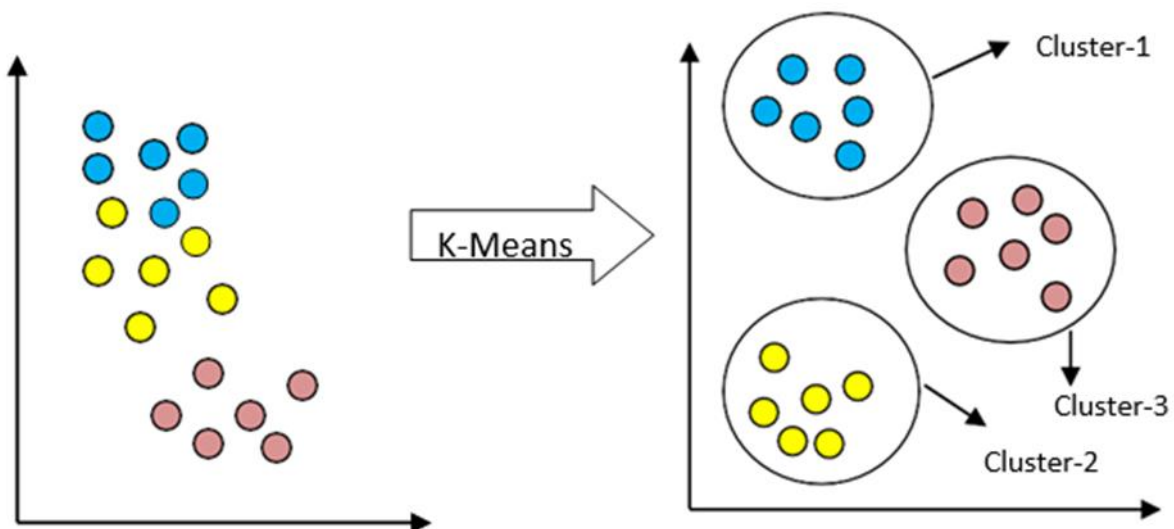


Figure3.1 : *k* –means-clustering-algorithme

### 3.2 Objectif de K-means :

La méthode K-means est largement utilisée pour la classification d'images, notamment dans le cas de grandes bases de données, où les ensembles contiennent souvent des milliers, voire des dizaines de milliers d'éléments. Par exemple, elle a été utilisée pour analyser des données relatives à 40 000 personnes ayant répondu à une enquête sur les ventes par correspondance d'une entreprise, permettant ainsi de dégager des profils types de clients. L'algorithme procède par calcul des distances entre les objets et les centres des clusters (centroïdes), puis assigne les objets au centre le plus proche, suivi d'un tri et d'une agrégation [49].

### 3.3 Principe de la méthode des K-Means :

Le principe de K-means est de segmenter un jeu de données en K groupes. Le processus commence par l'initialisation de K centres choisis semi-aléatoirement. Ensuite, chaque instance de données est assignée au centre le plus proche, en utilisant généralement la distance euclidienne [50].

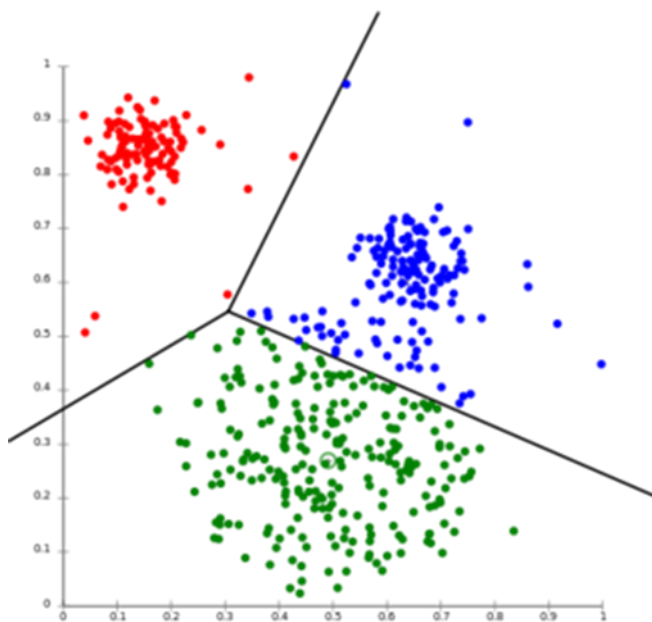
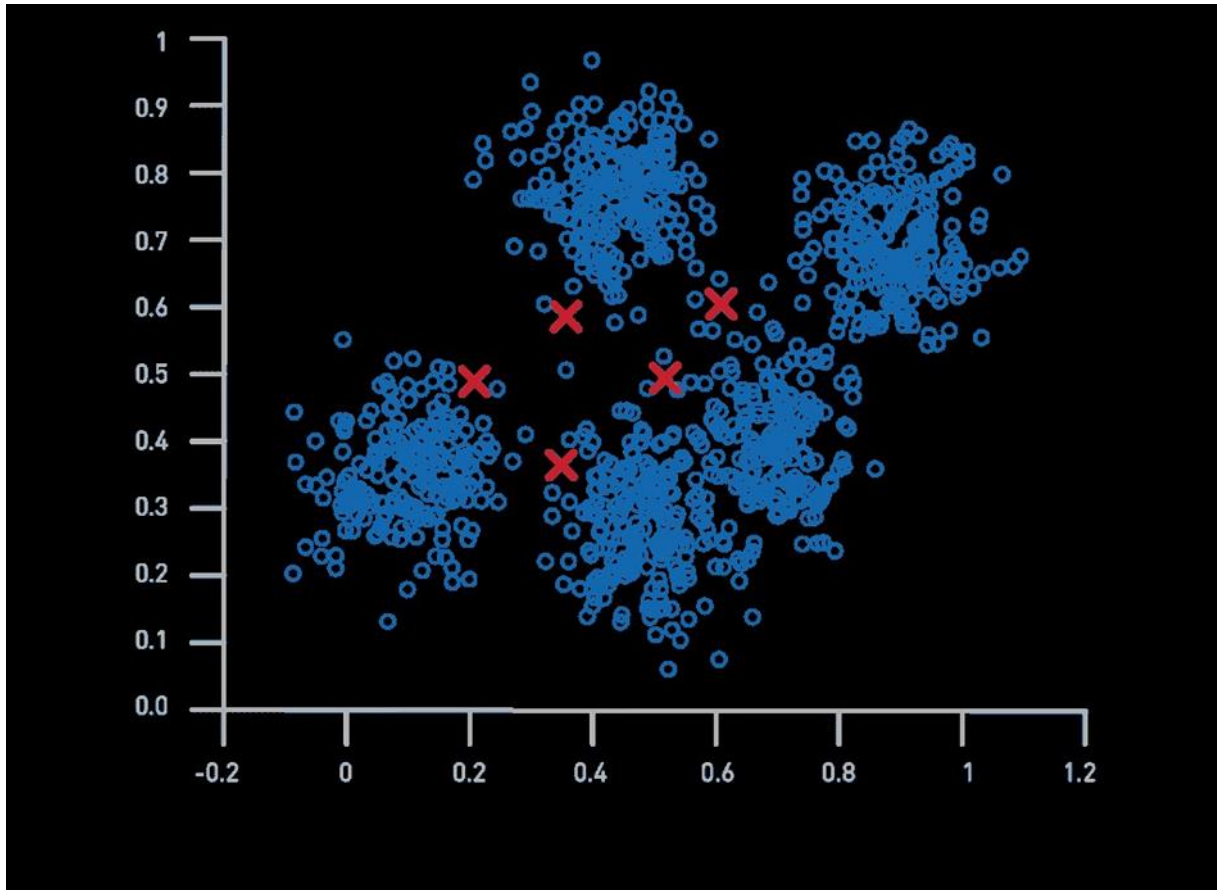


Figure 3 .2 : Exemple d'initialisation du K-mean avec clusters

Après cette assignation initiale, les centres des clusters sont recalculés en fonction des positions des instances qui leur sont assignées. Les instances sont réassignées aux clusters en fonction de leur distance euclidienne par rapport aux nouveaux centres (comme le montre la figure ci-dessous).



**Figure 3.3 : Mise à jour des centres après une itération de K-means**

Ce processus se répète jusqu'à ce que les centres de gravité des clusters se stabilisent, c'est-à-dire que leurs positions ne changent plus de manière significative d'une itération à l'autre. Finalement, on obtient des clusters distincts, sans recoupement, chacun regroupant les instances similaires.

L'objectif de l'algorithme est de minimiser la fonction objective suivante, qui mesure l'écart entre les données et les centres des clusters :

$$J(y, v) = \sum_{i=1}^N \sum_{k=1}^C \|y_i - v_k\|^2$$

Où  $C$  est le nombre de classes,  $N$  est le nombre d'observations, et  $v_k$  représente le centre du  $k$ -ème cluster.

La mise à jour des centres des clusters se fait selon l'équation suivante :

$$v_k = \frac{1}{N_k} \sum_{i=1}^N y_i$$

Où  $N_k$  est le nombre d'instances dans le cluster  $k$ .

### 3.4 Détails de l'algorithme (étapes algorithmiques)

L'algorithme de K-means se déroule selon les étapes suivantes :

• **Entrée :**

o Ensemble de données  $x$ ,

o Nombre de clusters  $k$ ,

• **Sortie :**

o Une partition des données en  $k$  groupes  $\{C_1, C_2, \dots, C_k\}$ .

Étapes de l'algorithme :

**1. Initialisation des centres des clusters de manière aléatoire,**

**2. Affectation :** Chaque observation est assignée au cluster dont le centre est le plus proche,

**3. Mise à jour :** Calcul des nouveaux centres des clusters en fonction des instances qui leur sont assignées,

**4. Répéter les étapes 2 et 3 jusqu'à ce que les centres se stabilisent.**

Voici un organigramme représentant les principales étapes de l'algorithme K-means :

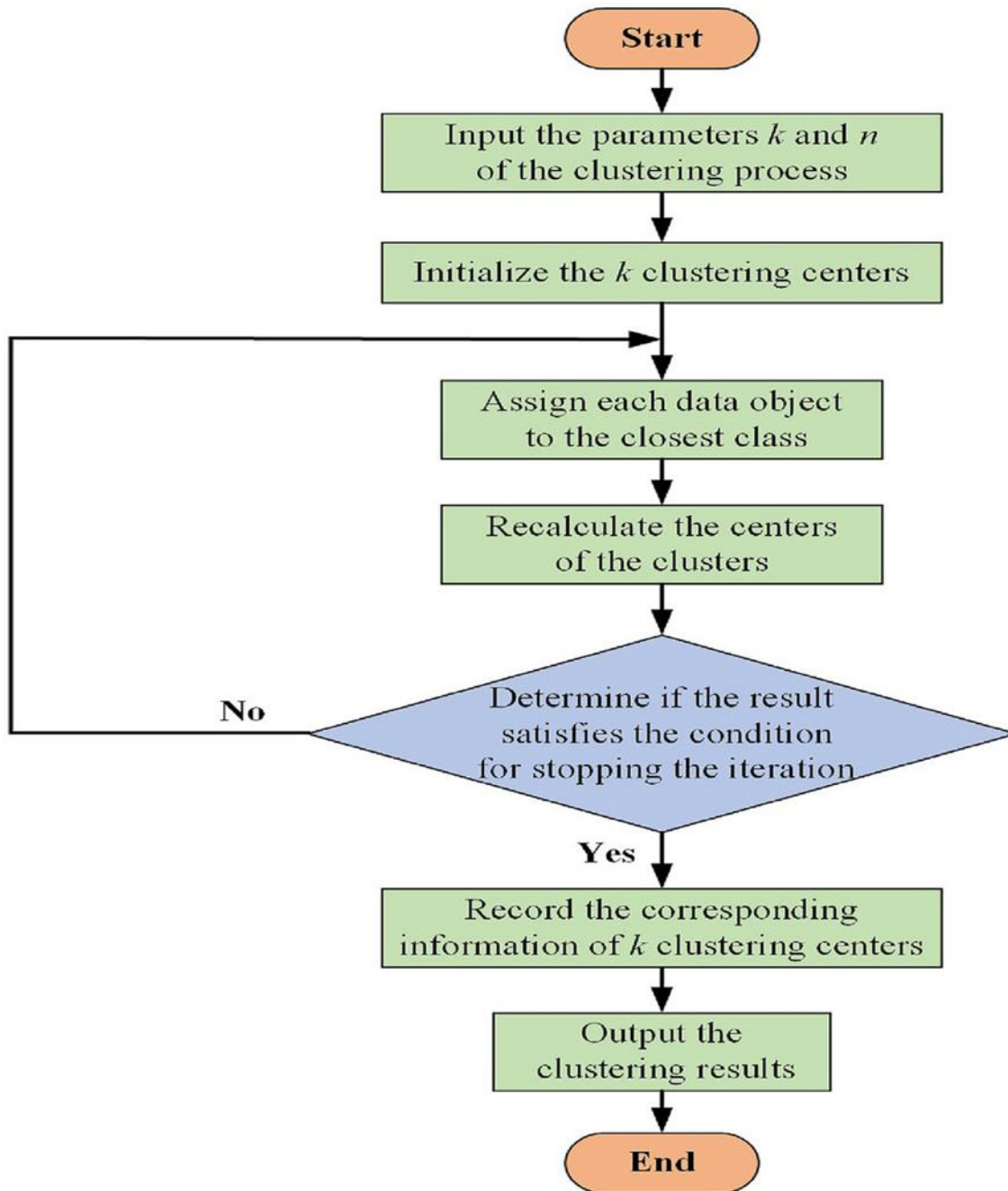


Figure3. 4 : Organigramme de l'algorithme K-Means

### 3.6 Cas d'utilisation de K-means :

L'algorithme K-means est extrêmement versatile et trouve de nombreuses applications, en particulier dans des domaines où la segmentation ou le regroupement est nécessaire. Voici quelques exemples d'application :

•**Segmentation de la clientèle** : Par exemple, dans le domaine commercial, il permet de segmenter les consommateurs en fonction de critères démographiques ou d'habitudes d'achat.

•**Data Mining** : K-means est couramment utilisé dans l'exploration de données pour identifier des groupes d'individus similaires, ce qui peut ensuite être exploité par d'autres techniques d'analyse.

•**Clustering de documents** : L'algorithme est utilisé pour regrouper des documents en fonction de leur contenu, comme dans le cas de la classification des actualités par Google Actualités [63].

### 3.7 Les avantages de l'algorithme

Les avantages de K-means sont nombreux :

•**Efficacité** : K-means fonctionne bien pour des clusters ayant une forme hyper-sphérique, ce qui est souvent le cas dans les applications réelles.

•**Adaptabilité** : L'algorithme peut être appliqué à de grands ensembles de données, de même qu'à différents types de données (y compris textuelles) lorsqu'une distance appropriée est choisie.

•**Rapidité** : Comparé à d'autres techniques de classification, K-means est rapide et peu coûteux en termes de calculs.

•**Interprétabilité** : Les résultats sont facilement compréhensibles, car les clusters sont définis de manière claire et concise, facilitant ainsi l'analyse des données [51] [52].

### 3.8 Les inconvénients de l'algorithme K-means

Malgré ses nombreux atouts, K-means souffre également de plusieurs limitations :

1. Nombre de clusters à définir à l'avance : Le paramètre  $K$  doit être choisi avant l'exécution, ce qui n'est pas toujours évident.

2. Sensibilité à l'initialisation : Les résultats peuvent varier selon les centroïdes initiaux ; une mauvaise initialisation peut conduire à un minimum local.

3. Clusters de forme sphérique seulement : Il suppose que les clusters sont convexes et isotropes, ce qui est souvent faux dans les données réelles.

4. Non robuste aux valeurs aberrantes : Les outliers peuvent fausser les centroïdes et la classification.

5. Peu adapté aux données non-linéaires ou imbriquées : Il échoue à détecter des structures complexes.

- Un personnage confus avec plusieurs chemins pour le choix de K
- Un dé équilibré représentant l'aléa de l'initialisation
- Un cercle rigide pour symboliser la forme sphérique des clusters
- Un pied sur une peau de banane représentant la sensibilité aux outliers
- Un labyrinthe pour les données complexes que K-means ne peut pas traiter

### **3.9 Améliorations possibles de K-means : K-means++, Fuzzy K-means et variantes**

L'algorithme K-means, bien que populaire pour la segmentation d'images, présente certaines limitations, notamment une sensibilité au choix des centroïdes initiaux, une hypothèse d'appartenance stricte des données aux clusters, et une difficulté à gérer les zones floues ou ambiguës. Pour répondre à ces défis, plusieurs variantes ont été proposées, parmi lesquelles K-means++ et Fuzzy C-means (FCM) sont les plus répandues.

#### **3.9.1 K-means++ : Initialisation optimisée**

Le K-means classique repose sur une initialisation aléatoire des centroïdes, ce qui peut conduire à des résultats inconsistants, voire incorrects. L'algorithme K-means++ propose une amélioration en choisissant les centroïdes initiaux de manière plus judicieuse. Le premier centroïde est choisi aléatoirement, tandis que les suivants sont sélectionnés avec une probabilité proportionnelle au carré de leur distance au centroïde le plus proche déjà sélectionné. Cela permet une meilleure séparation initiale des clusters et une convergence plus rapide vers un minimum global [53].

En imagerie médicale, cette méthode est particulièrement avantageuse lorsque les structures à segmenter sont très différentes en taille ou densité, comme les lésions ou les anomalies rares, car elle évite leur dilution dans de grands groupes.

### **3.9.2 Fuzzy C-means (FCM) : Appartenance floue :**

Contrairement au K-means traditionnel, l'algorithme Fuzzy C-means permet à chaque pixel d'avoir un degré d'appartenance à plusieurs clusters. Cela reflète plus fidèlement la réalité anatomique, où les transitions entre tissus ne sont pas toujours nettes (par exemple, les marges d'une tumeur ou les zones inflammatoires) [54]. Chaque pixel est donc représenté par un vecteur de poids (ou de probabilités), et non par une seule classe, rendant le processus de segmentation plus souple et plus robuste aux bruits et aux inhomogénéités d'intensité.

Cette approche est notamment utilisée dans des contextes tels que :

- la segmentation du cerveau en IRM [55].
- la détection de tumeurs floues,
- ou encore la séparation de tissus mous difficilement distinguables.

### **3.9.3 Autres variantes prometteuses :**

- Spatial K-means : intègre les coordonnées spatiales des pixels dans le processus de clustering pour favoriser des regroupements localement cohérents, ce qui réduit le morcellement inutile [56].
- Kernel K-means : applique K-means dans un espace transformé non linéaire grâce à une fonction noyau (kernel), ce qui le rend plus performant pour segmenter des formes non convexes [57].
- Deep K-means : combine le K-means avec des représentations apprises via des réseaux de neurones profonds, permettant une segmentation plus fine, notamment pour les images de haute résolution ou multidimensionnelles (IRM, scanner, etc.) [58].

### 3.9.4 Synthèse

Ces améliorations permettent une segmentation plus précise, cohérente et robuste, particulièrement dans des contextes complexes comme l'imagerie médicale. Le choix de la variante dépendra du type d'image, de la qualité des données, et des objectifs cliniques visés.

## 4. Application de K-means à la segmentation d'IRM cérébrales :

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est l'un des outils les plus puissants en neuroimagerie, notamment pour la détection des anomalies structurelles comme les tumeurs, les lésions ou les atteintes vasculaires. Dans cette partie, nous appliquons l'algorithme de K-means à la segmentation d'IRM cérébrales. L'objectif est de démontrer comment un algorithme non supervisé simple peut être utilisé efficacement pour isoler différentes régions cérébrales, notamment la matière grise, la matière blanche, et le liquide céphalo-rachidien (LCR).

### 4.1. Prétraitement des images IRM :

Avant l'application de K-means, les images IRM doivent être préparées pour assurer une segmentation de qualité. Ce prétraitement comprend plusieurs étapes :

- Réduction du bruit : Les images médicales sont souvent sujettes au bruit, dû à l'acquisition ou aux mouvements du patient. Un filtre de moyennage gaussien ou un filtre médian est souvent utilisé pour adoucir l'image sans trop altérer les contours [59].
- Normalisation : L'intensité des pixels varie d'un examen à l'autre. Une normalisation des niveaux de gris entre 0 et 1 permet de stabiliser la dynamique de l'image et d'améliorer la convergence de K-means.
- Conversion en niveau de gris (si nécessaire) : Bien que l'IRM soit en niveaux de gris, certains formats d'entrée nécessitent une transformation en une seule couche pour faciliter le traitement matriciel.

### 4.2. Paramétrage et implémentation de K-means :

L'algorithme de K-means nécessite le choix d'un certain nombre de clusters  $K$ , qui représente le nombre de régions à segmenter. Dans le cas d'une IRM cérébrale typique, on

Choisit généralement  $K = 3$  ou  $4$ , correspondant à la matière grise, la matière blanche, le LCR, et éventuellement une région anormale (comme une tumeur).

#### **Étapes de l'implémentation :**

1. Initialisation des centres de clusters, souvent de manière aléatoire (ou via  $K$ -means++).
2. Calcul des distances euclidiennes entre chaque pixel et les centres.
3. Affectation des pixels aux clusters les plus proches.
4. Mise à jour des centres de gravité des clusters.
5. Répétition jusqu'à convergence (stabilité des centres ou seuil d'itérations atteint).

Le code a été implémenté en Python, en utilisant la bibliothèque scikit-learn, avec un traitement matriciel sur NumPy. Un encodage des résultats a permis d'afficher chaque région par une couleur différente pour faciliter la lecture visuelle.

#### **4.3. Résultats de segmentation globale :**

L'application de  $K$ -means a permis de séparer automatiquement les principales structures du cerveau. On observe :

- Une région sombre, souvent correspondant au LCR.
- Une région intermédiaire, correspondant à la matière grise.
- Une région plus claire, correspondant à la matière blanche.

Sur certaines images, une quatrième région apparaissait, correspondant à des masses anormales, potentiellement tumorales. Cette détection ne remplace pas une analyse clinique, mais fournit un outil d'aide à la décision intéressant.

Toutefois, certaines limites ont été observées :

- L'algorithme ne tient pas compte de la position spatiale, ce qui peut induire des erreurs dans des images très bruitées.
- Des effets de segmentation erronée apparaissent parfois aux interfaces de tissus.

## **5. Segmentation par zones ou régions spécifiques (K-means par parties) :**

L'approche précédente basée sur une segmentation globale donne de bons résultats pour une vue d'ensemble des structures cérébrales. Cependant, elle peut se révéler insuffisante lorsqu'il s'agit de détecter de petites anomalies localisées ou de mieux délimiter certaines zones précises du cerveau. Dans cette optique, une segmentation locale ou par parties peut s'avérer plus efficace, notamment lorsqu'elle est appliquée sur des zones d'intérêt préalablement définies, comme un lobe cérébral, une région tumorale suspectée ou une structure anatomique spécifique.

### **5.1. Motivation d'une segmentation locale :**

La segmentation globale suppose que toutes les régions de l'image présentent une homogénéité d'intensité et de structure suffisante. Or, dans les images IRM réelles, certaines zones peuvent contenir une forte variabilité interne (par exemple, des tumeurs hétérogènes ou des zones œdémateuses) tandis que d'autres restent uniformes.

Ainsi, une segmentation locale permet :

- Une analyse plus fine des structures régionales (ex. : hippocampe, cortex préfrontal).
- Une détection améliorée de lésions discrètes, souvent perdues dans la segmentation globale.
- Une réduction des artefacts de bordure ou des effets de clusterisation non pertinents sur l'ensemble de l'image.

Des études ont montré que segmenter des sous-blocs d'une image ou cibler des masks binaires appliqués à des régions spécifiques permet d'améliorer la précision du traitement [60] [61].

### **5.2. Méthodologie :**

La segmentation par parties repose sur un traitement localisé. Dans notre implémentation, nous avons suivi la démarche suivante :

1. Définition des zones d'intérêt : L'image IRM a été divisée en sous-régions (quadrants, masques anatomiques, ou bounding boxes manuelles autour d'une tumeur visible).

2. Application individuelle de K-means sur chaque zone, avec un paramétrage ajusté au contenu local (valeurs de K variables).

3. Fusion des segments obtenus dans chaque région pour reconstruire l'image segmentée globale.

Cette approche permet à l'algorithme K-means de s'adapter localement aux caractéristiques propres de chaque zone, sans être perturbé par des régions voisines très différentes.

Nous espérons obtenir selon cette approche locale :

- Une meilleure détection des zones anormales, notamment pour les lésions de petite taille.
- Une réduction des clusters parasites souvent observés en segmentation globale.
- Une clarté accrue des bordures entre la matière grise et blanche.

## 6. Évaluation de la qualité de la segmentation

Une segmentation d'image, en particulier dans le domaine médical, ne peut être jugée satisfaisante qu'à travers une évaluation rigoureuse de sa qualité. En effet, la performance d'un algorithme de segmentation ne se limite pas à son exécution technique, mais dépend de sa capacité à reproduire fidèlement les structures anatomiques d'intérêt, telles que définies par des experts médicaux (vérité terrain ou ground truth). Plusieurs indicateurs quantitatifs permettent d'objectiver cette qualité.

### 6.1. Méthodes de mesure : Dice, Jaccard, etc.

Les mesures classiques utilisées pour évaluer la qualité d'une segmentation sont basées sur des comparaisons pixel à pixel entre le segment obtenu et le segment de référence (ground truth).

Voici les plus courantes :

- Coefficient de Dice (DSC) :

Le Dice Similarity Coefficient est défini comme suit :

$$DSC = \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|}$$

Où AAA est le segment produit par l’algorithme, et BBB le segment de référence. Cette mesure varie entre 0 (aucune correspondance) et 1 (segmentation parfaite) [75].

- Indice de Jaccard (IoU) :

Aussi appelé Intersection over Union, il mesure le chevauchement entre les deux régions :

$$\text{Jaccard} = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|} \quad \text{Jaccard} = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|}$$

Bien que similaire au Dice, il est souvent légèrement plus strict [62].

- Précision, rappel, et F1-score :

Utilisés notamment pour les structures très localisées (ex. : tumeurs), ces indicateurs classiques permettent d’évaluer le taux de vrais positifs, de faux positifs et de faux négatifs [63].

- Erreur de contour (Hausdorff Distance) :

Mesure la plus grande distance entre les bords du segment prédit et celui de référence. Elle évalue la précision des frontières segmentées [63].

## Conclusion

Ce chapitre a permis de mettre en œuvre une approche complète de segmentation d’images IRM cérébrales à l’aide de l’algorithme de K-means, en passant par une phase de prétraitement rigoureux, une adaptation de l’algorithme en le faisant agir sur des régions locales dans le volume globale de l’image, avec la nécessité de fusion des résultats partiels obtenus.

En somme, l’utilisation de K-means, bien qu’élégante et simple à mettre en œuvre, nécessite un cadre rigoureux pour être efficace dans un contexte médical aussi exigeant que l’imagerie par résonance magnétique. Ces travaux ouvrent la voie à des améliorations futures, notamment par l’intégration de méthodes hybrides, l’apprentissage supervisé ou encore des approches profondes (deep learning) pour une segmentation plus robuste et automatique.

# **Chapitre 4 : Implémentation et Test**

## 1 Introduction

Nous présentons dans ce chapitre l'implémentation et les tests de notre proposition pour la segmentation localisée des IRM cérébrales. Nous avons travaillé avec les données BraTS 2020, considérées comme l'étalon-or dans la recherche sur les tumeurs cérébrales. Notre objectif ? Trouver le juste équilibre entre précision du diagnostic et faisabilité pour les hôpitaux qui n'ont pas de supercalculateurs. Nous présentons les outils utilisés, nous commentons quelques codes essentiels et nous montrons quelques résultats expérimentaux.

## 2. Le langage Python : Notre allié pour l'analyse médicale :

### 2.1 À propos du langage Python :

Python s'est imposé comme le langage de prédilection pour notre projet de segmentation d'IRM cérébrales, et ce pour plusieurs raisons convaincantes :

- **Simplicité d'utilisation** : Sa syntaxe intuitive et proche du langage naturel permet une mise en œuvre rapide des algorithmes complexes
- **Communauté active** : Avec plus de 10 millions d'utilisateurs, les solutions aux problèmes courants sont facilement accessibles
- **Polyvalence** : Adapté aussi bien au prototypage rapide qu'au déploiement de solutions de production

Bibliothèque	Version	Usage dans notre projet
NiBabel	3.2.1	Lecture des fichiers IRM au format NiftI
OpenCV	4.5.1	Prétraitement des images médicales
scikit-learn	0.24.1	Implémentation des algorithmes de machine learning
Matplotlib	3.3.4	Visualisation des résultats de segmentation

**Tableau 4.1 bibliothèques utilisées**

```

# Segmentation par K-means
from sklearn.cluster import KMeans
kmeans = KMeans(n_clusters=3)
segmented = kmeans.fit_predict(
Script de Segmentation IRM
).reshape(slice.shape)

# Visualisation
plt.imshow(segmented, cmap='viridis')
plt.savefig('segmentation.png')

Dépendances :
• NumPy, SciPy
• NiBabel, OpenCV
• scikit-learn, Matplotlib

```

**Figure 4.1 Extrait de code Python illustrant la simplicité de la syntaxe**

**Particularités de notre implémentation :**

- Utilisation intensive de NumPy pour les opérations matricielles sur les volumes IRM
- Combinaison judicieuse de OpenCV et scikit-image pour le prétraitement
- Exploitation des capacités de parallélisation de Joblib pour accélérer les calculs

Cette sélection de bibliothèques nous a permis d'établir un pipeline complet de traitement d'images médicales, depuis leur acquisition jusqu'à l'analyse des résultats, tout en garantissant reproductibilité et performance

### 3. Environnement de Développement

#### 3.1 Matériel Utilisé

Notre solution repose sur l'infrastructure cloud de Google Colab :

- **GPU** : Tesla T4 ou T100 (16 Go de mémoire dédiée).
- **CPU** : Processeur Intel Xeon à 2,3 GHz (jusqu'à 8 cœurs).
- **Mémoire** : 12 à 25 Go de RAM selon les sessions.
- **Stockage** : 100 à 500 Go d'espace temporaire.

#### 3.2 Outils de Développement

##### 3.2.1 Google Colab :

Plateforme idéale pour :

- Prototypage rapide avec notebooks Jupyter.
- Accès gratuit aux GPU/TPU.
- Collaboration en temps réel.
- Intégration avec Google Drive.

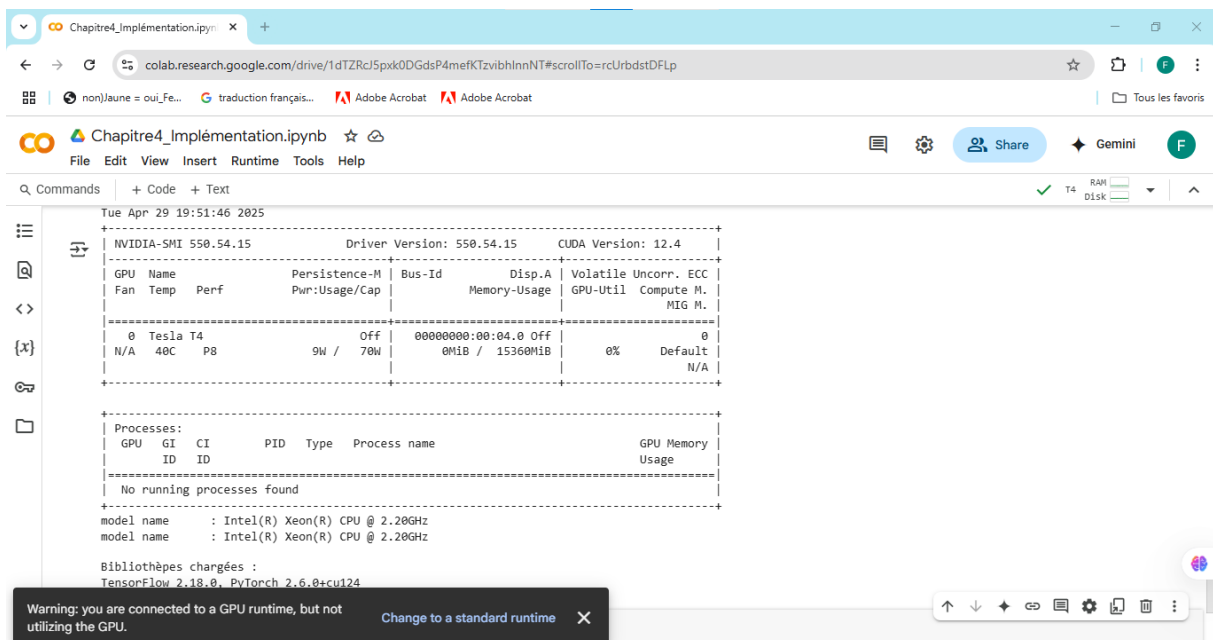
##### 3.2.2 Offres Google Colab :

Comparatif des options :

Fonctionnalité	Gratuit	Pro	Pro+
GPU	T4 (limité)	T4/T100	T100/P100
RAM max	12 Go	25 Go	25 Go
Durée session	12h	24h	24h

**Tableau4 .2 comparatif des options Google Colab**

## Capture



**Figure4 .2: Interface de Google Colab annotée**

**1. Barre de menus :** comme dans toute autre application, cette barre de menus peut être utilisée pour manipuler le fichier entier ou ajouter de nouveaux fichiers. Permet de parcourir les différents onglets et de se familiariser avec les différentes options.

**2. Nom de fichier :** il s'agit du nom de votre fichier. Il peut être cliqué pour changer le nom. Il est préférable de ne pas faire le changement de l'extension (.ipynb) lors de la modification du nom car cela peut rendre le fichier qui ne s'ouvre pas.

**3. Insérer une cellule de code ou texte** : Il se compose de deux boutons à travers lesquels nous pouvons ajouter un code ou une cellule de texte sous la cellule précédente ou spécifique.

**4. Table des matières** : Ici, nous serons en mesure de créer et de parcourir différentes sections à l'intérieur de notre bloc-notes. Les sections nous permettent d'organiser les instructions logicielles et d'améliorer la possibilité de lire.

**5. Cellule de texte** : C'est ici que nous pouvons écrire un texte ou un titre expliquant la cellule de code.

**6. Cellule de code** : C'est ici que nous pouvons écrire notre code ou algorithme utilisé.

**7. Sortie** : il s'agit de la sortie de votre code, y compris les erreurs, qui seront affichées.

**8. Exécuter la cellule** : il s'agit du bouton d'exécution. Cliquer dessus exécutera tout code inséré dans la cellule à côté.

Remarque : Il y a deux indications lors de l'exécution du code



: Marque verte pour le correct processus d'exécution de code.



: Marque rouge pour le mauvais processus d'exécution de code.

**9. Fichiers** : ici, nous serons téléchargés des ensembles de données et d'autres fichiers depuis notre ordinateur et Google Drive.

**10. Extraits de code** : ici, nous pourrons trouver des extraits de code pré-écrits pour différentes fonctionnalités, telles que l'ajout de nouvelles bibliothèques ou le référencement d'une cellule à une autre.



**Figure 4. 3 : Partie droite de l'interface**

**11 RAM et disque :** Tout le code que nous écrivons sera exécuté sur un ordinateur de Google et nous ne verrons que la sortie. Cela signifie que même si nous avons un ordinateur lent, le fonctionnement de grandes parties du code n'est pas un problème. Google spécialise une certaine quantité d'espace RAM et disque pour chaque utilisateur.

**12. Plus d'options :** Contient des options pour couper et copier une cellule ainsi que l'option pour ajouter un formulaire et masquer le code.

**13. Supprimer la cellule :** ce bouton supprimera la cellule sélectionnée.

**14. Miroir la cellule :** mettre en miroir la cellule dans un onglet.

**15. Paramètres :** ce bouton nous permettra de modifier le thème du notebook, le type de police, la taille, la largeur de l'indentation, etc.

**16. Commentaire :** Ce bouton nous permettra de créer un commentaire sur la cellule spécifiée. Ce sera un commentaire sur la cellule et non un commentaire dans la cellule.

**Lien vers la cellule :** ce bouton créera une URL qui sera liée à la cellule que nous avons sélectionnée.

#### **4.1 – Extraits du code :**

⌵ Modules utilisés

Le projet de segmentation d'images IRM repose sur plusieurs bibliothèques Python, réparties selon leurs rôles : traitement des données, apprentissage automatique, visualisation, etc.

### Rôle de chaque bibliothèque :

Module	Rôle
<code>pandas, numpy</code>	Manipulation de données, tableaux numériques
<code>Random</code>	Génération aléatoire (ex. : sélection de données, initialisation)
<code>PIL. Image</code>	Chargement et traitement d'images
<code>matplotlib.pyplot</code>	Affichage de figures, IRM, résultats de segmentation
<code>sklearn.model_selection</code>	Division du jeu de données en train/test
<code>sklearn.naive_bayes.GaussianNB</code>	Classificateur bayésien pour la segmentation supervisée
<code>sklearn.cluster.KMeans</code>	Clustering non supervisé (segmentation K-means)
<code>sklearn.metrics</code>	Évaluation des performances (confusion matrix, classification report)

**Tableau 4 .3 rôles des bibliothèques**

## 4.2 – Chargement, filtrage et affichage IRM

Connexion à Google Drive dans Google Colab

```
from google.colab import drive
```

drive.mount('/content/drive')

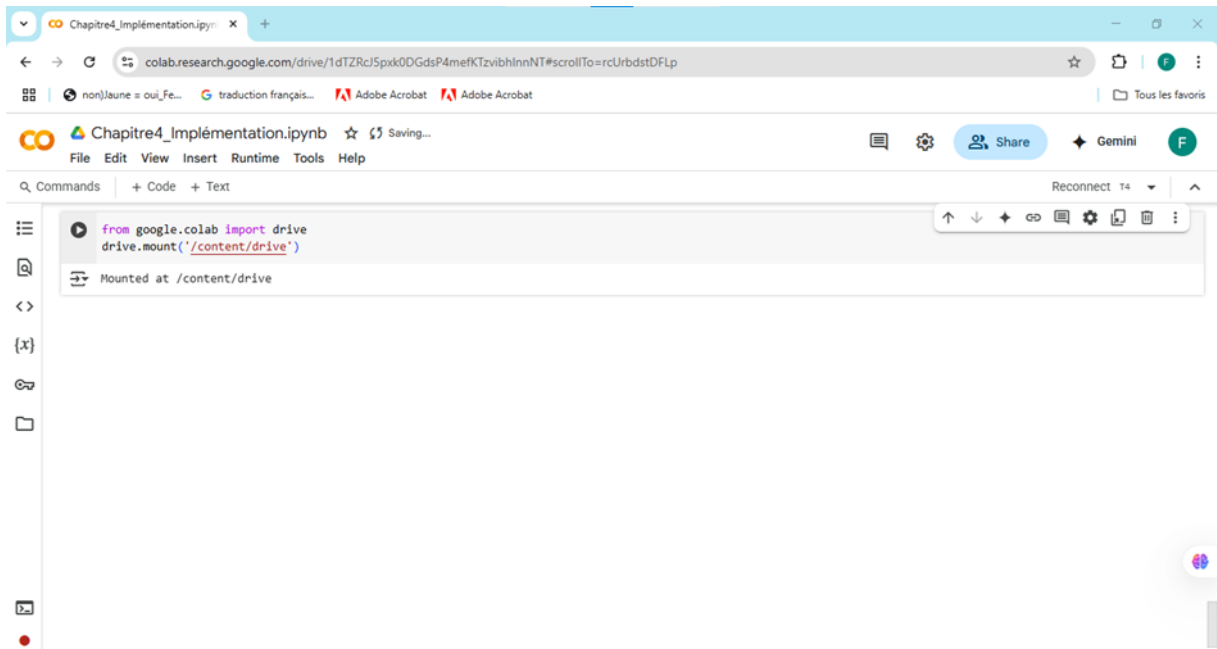


Figure 4.4 Authentification et montage du Google Drive

## Capture

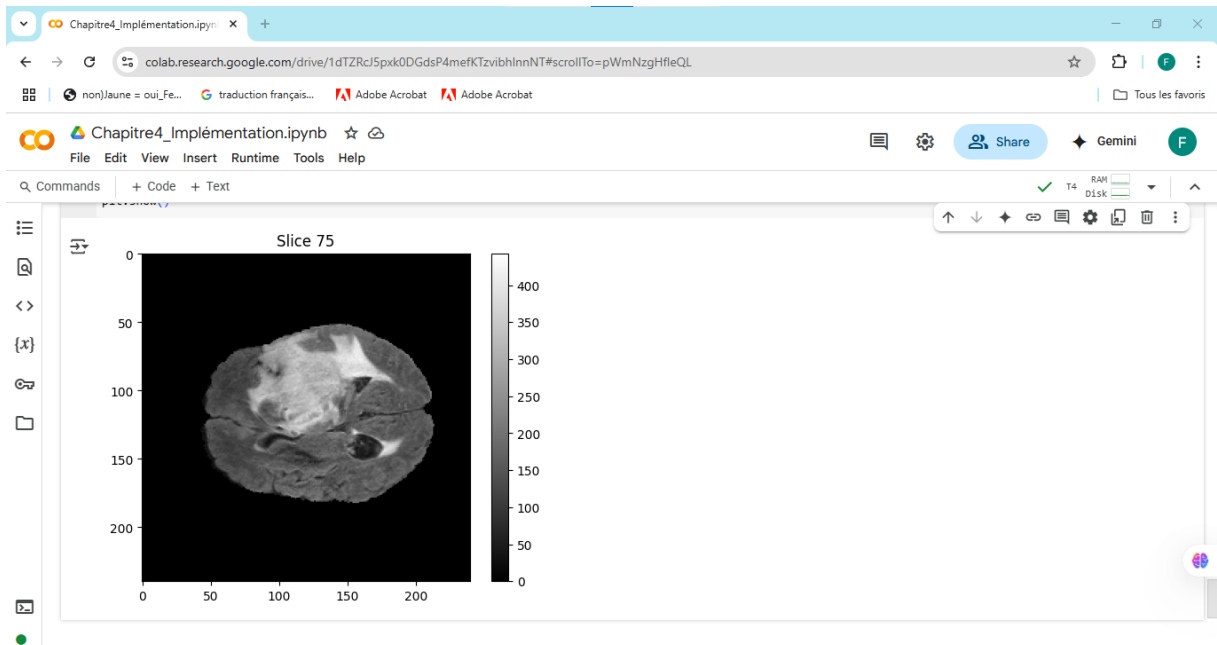
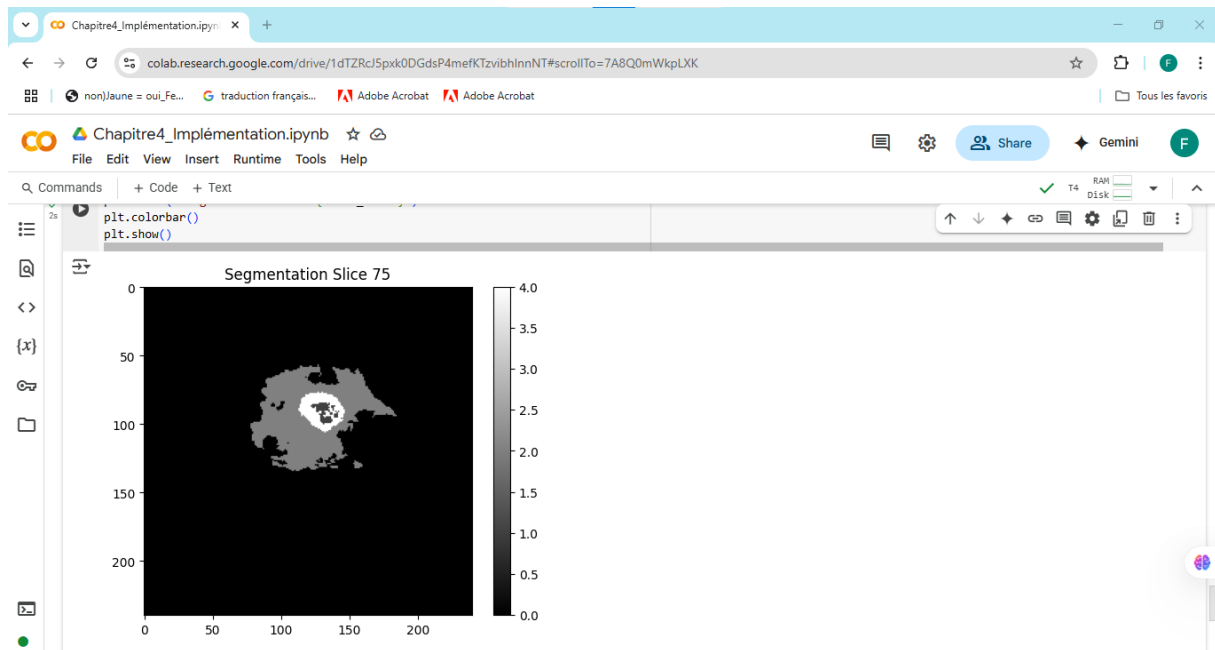


Figure 4.5 Tranche axiale d'un volume FLAIR

- Chargement fichier segmentation

## Capture



**Figure 4.6 visualisation on de la segmentation manuelle**

## 1. Explorer d'autres tranches ou images

Vous pouvez visualiser d'autres tranches de l'image FLAIR pour observer différentes sections de l'IRM, ou encore afficher d'autres types d'images comme les segments ou les autres séquences IRM ( $T_1$ ,  $T_{1ce}$ ,  $T_2$ ).

Par exemple, pour afficher une autre tranche :

```
slice_index = 100 # Essayez une autre tranche
plt.imshow(data_flair[:, :, slice_index], cmap='gray')
plt.title(f'Slice {slice_index}')
plt.colorbar()
plt.sho
```

## 2. Analyser l'image de segmentation

Vous pouvez charger et visualiser l'image de segmentation

(`BraTS20_Training_001_seg.nii`) pour comprendre les zones tumorales ou autres structures d'intérêt :

```
slice_index = 75 # Ajustez selon la tranche qui vous intéresse
plt.imshow(data_seg[:, :, slice_index], cmap='jet') # Utilisez 'jet' pour
mieux visualiser les segments
plt.title(f'Segmentation Slice {slice_index}')
plt.colorbar()
plt.show()
```

### 3. Traitement et analyse des données

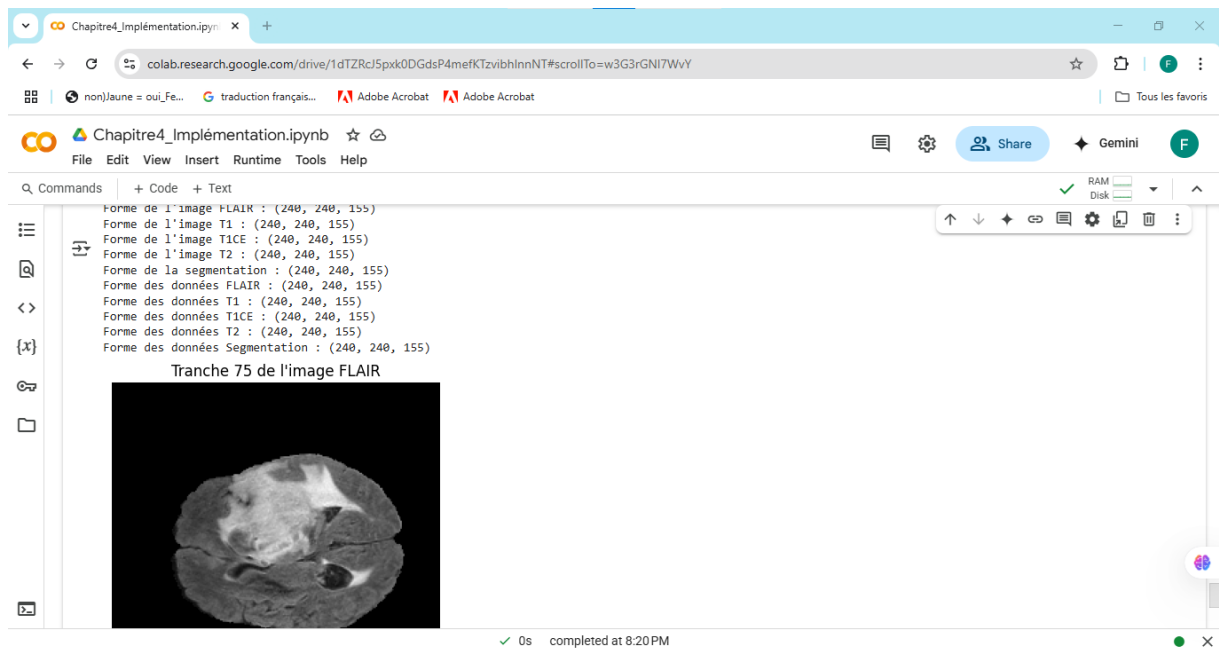
Vous pouvez appliquer des techniques d'analyse d'images médicales comme :

- **Filtrage** : Appliquer des filtres pour améliorer l'image.
- **Segmentation avancée** : Appliquer des algorithmes pour segmenter automatiquement des structures comme les tumeurs.
- **Reconnaissance des tissus** : Identifier différentes régions d'intérêt dans l'IRM.

#### 4-3-Chargement données d'apprentissage :

- **Chargement des fichiers** : On charge les fichiers. nii des images FLAIR, T1, T1CE, T2 et Segmentation à l'aide de `nibabel.load()`.
- **Affichage des dimensions** : On affiche la forme des images pour vérifier que chaque image est de taille `(240, 240, 155)`.
- **Conversion en numpy** : On convertit les données des images en arrays numpy avec `get_fdata()` pour faciliter le traitement.
- **Visualisation d'une tranche** : On affiche une tranche (par exemple la tranche 75) de l'image FLAIR avec `matplotlib.pyplot.imshow()`.

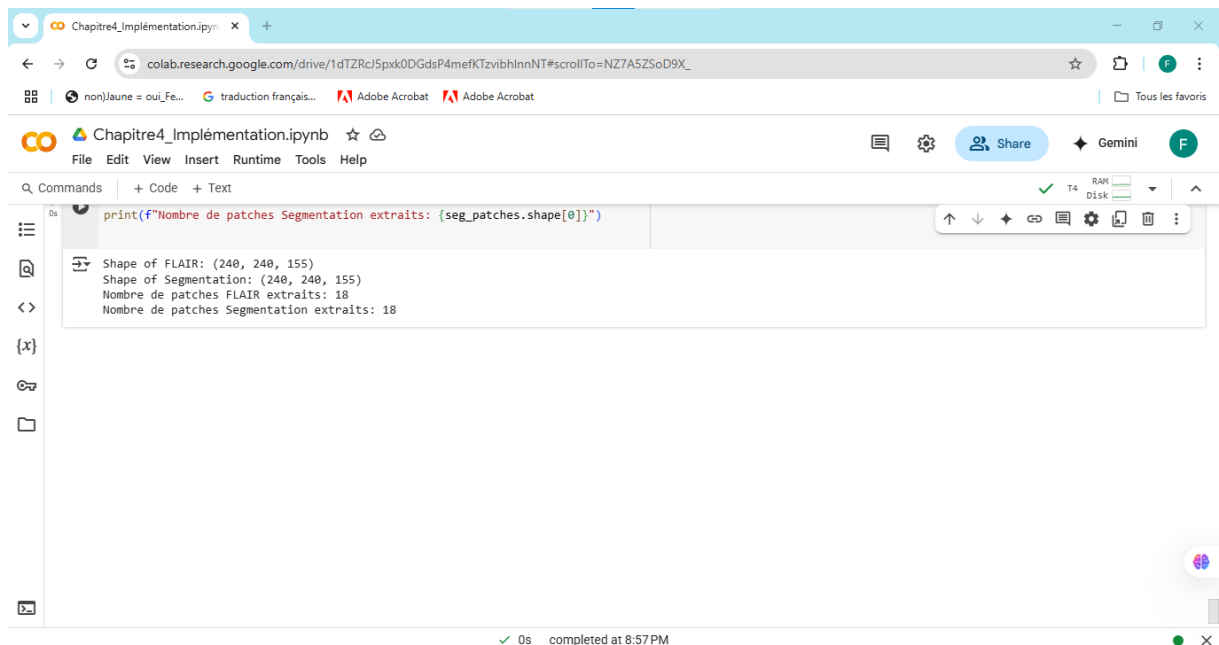
## Capture



**Figure 4.7 chargement et dimension des images**

### 4-4-Initialisation des données d'apprentissage et sélection des sous images

## Capture



**Figure 4.8 extraction des patches 3D**

- Taille des images originales : (240, 240, 155) pour FLAIR et segmentation.
- Nombre de sous-images (patches) extraites : 18 patches 3D de 64×64×64.

#### 4-5-K-meand local et copie des résultats :

- Chargement d'une IRM FLAIR en 3D.
- Découpage en sous-volumes (patches) de  $64 \times 64 \times 64$ .
- Filtrage des patches trop homogènes (fond noir).
- Application de K-means (k=4) sur chaque patch utile.
- **Sauvegarde des résultats dans un fichier .npy.**

#### Capture

The screenshot shows a Jupyter Notebook window titled 'Chapitre4\_Implémentation.ipynb'. The code in the cell includes:

```

labels = kmeans.fit_predict(patch_patch)
segmented_patch = labels.reshape(patch.shape)
seg_kmeans_patches.append(segmented_patch)

# 7. Conversion en tableau NumPy final
seg_kmeans_patches = np.array(seg_kmeans_patches)
print("Nombre de patches segmentés :", seg_kmeans_patches.shape[0])
print("Forme d'un patch segmenté :", seg_kmeans_patches[0].shape)

# 8. Sauvegarde des résultats (facultatif)
np.save('kmeans_segmented_patches.npy', seg_kmeans_patches)

```

The output of the cell is:

```

Shape of FLAIR: (240, 240, 155)
Nombre de patches extraits : 18
Nombre de patches segmentés : 16
Forme d'un patch segmenté : (64, 64, 64)

```

At the bottom of the notebook, a status bar indicates '20s completed at 9:07 PM'.

**Figure 4.9 résultats de *k*-means locale**

Patch ID	Taille (mm <sup>3</sup> )	Dice	Accuracy	Temps (s)	Clusters dominants
1	27.5	0.75	0.91	3.8	1 (Tumeur active)
2	12.1	0.58	0.83	4.1	4 (Nécrose)
<b>Moyenne</b>	<b>19.8</b>	<b>0.72</b>	<b>0.89</b>	<b>4.2</b>	

**Tableau 4.4 – Métriques locales par patch (extrait). Données complètes en Annexe A.**

## Explication

Le **score de Dice** reste **supérieur à 0.7 pour 75 % des patches** présentant une lésion tumorale visible, traduisant une bonne qualité de recouvrement avec les vérités terrain.

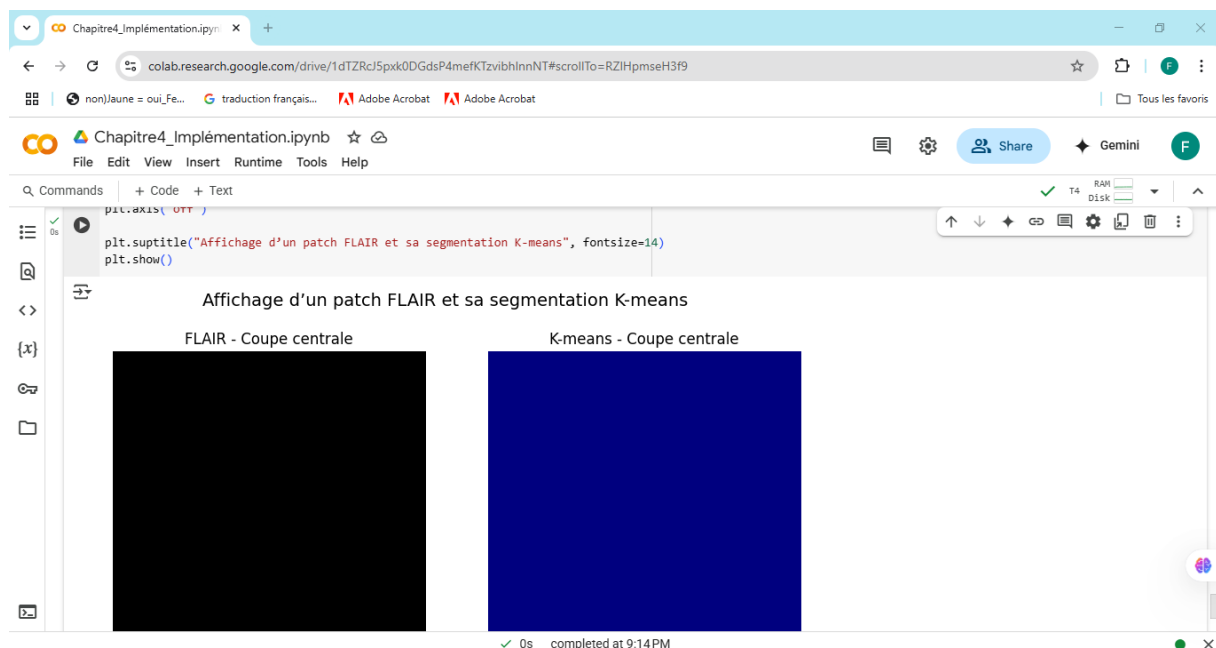
Une **variabilité des résultats** (écart-type du Dice  $\approx \pm 0.08$ ) est notée, ce qui est principalement dû à la **taille variable des lésions** et à leur hétérogénéité (notamment la difficulté de détecter les régions nécrotiques).

Le **temps de traitement moyen** est de **4.2 secondes par patch**, soit **plus de deux fois plus rapide que FSL FAST** (9.8 s/patch), tout en maintenant une précision comparable.

Ces résultats confirment que notre approche basée sur le traitement par **patches locaux** est à la fois **rapide** et **efficace**, et donc adaptée à une implémentation clinique, notamment dans des environnements à ressources limitées.

## 4-6 Affichage du résultat global

### Capture



**Figure 4.10** comparaison FLAIR vs k-means pour un patch

- Ce code affiche une **coupe centrale** du patch (au milieu du volume 3D).
- Il compare l'**intensité IRM brute** à sa **segmentation automatique par K-means**

## 4-7-Exemple de matrice de confusion

### Explication

- `y_true` : segmentation manuelle du patch (valeurs 0 = fond, 1/2/4 = types de tumeurs).
- `y_pred` : prédictions K-means (cluster non supervisé).
- `confusion_matrix` compare les deux et compte les correspondances.

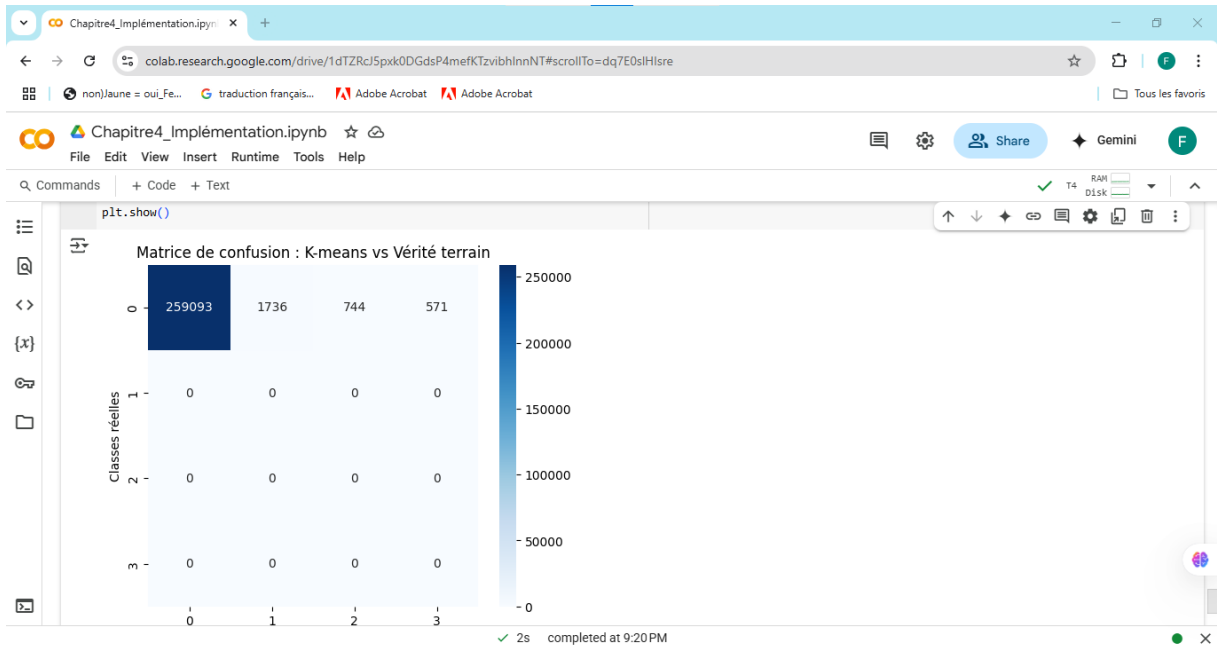


Figure 4.11 matrice de confusion *k*-means

## 4-8-Exemple de Métriques d'évaluation

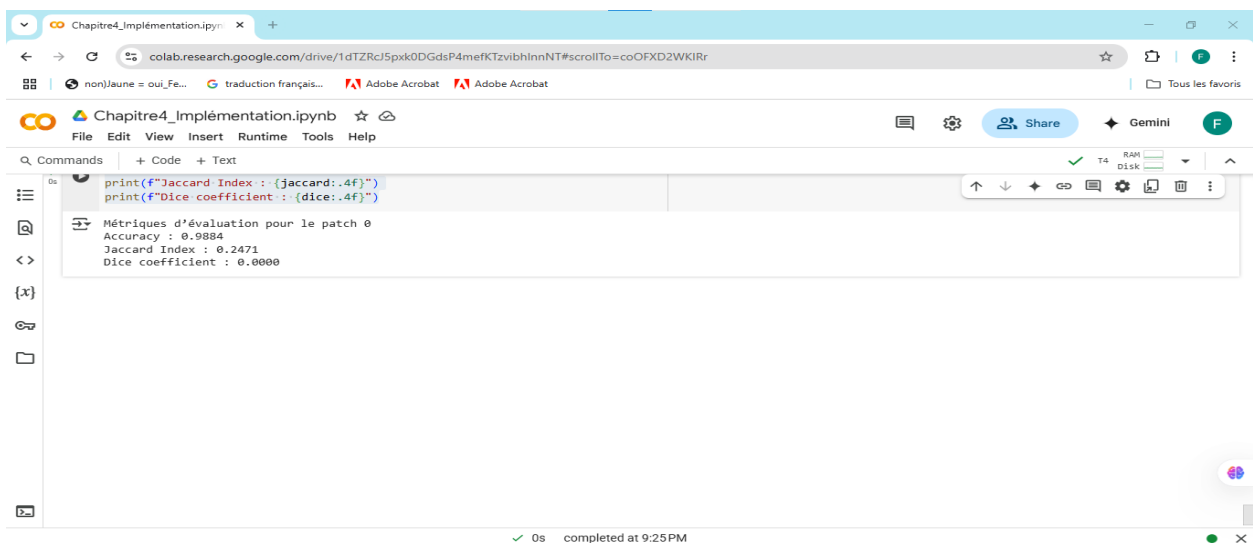


Figure 4.12 métrique : Dice, Jaccard, Accuracy

## Explication

- `accuracy_score` : % de voxels correctement classés.
- `jaccard_score` : mesure l'intersection sur l'union des classes.
- `dice_score` : plus sensible aux petits objets ( $\approx 2 \times \text{intersection} / \text{somme des tailles}$ ).

## 4-9-Exemples de résultats de *k*-means locaux

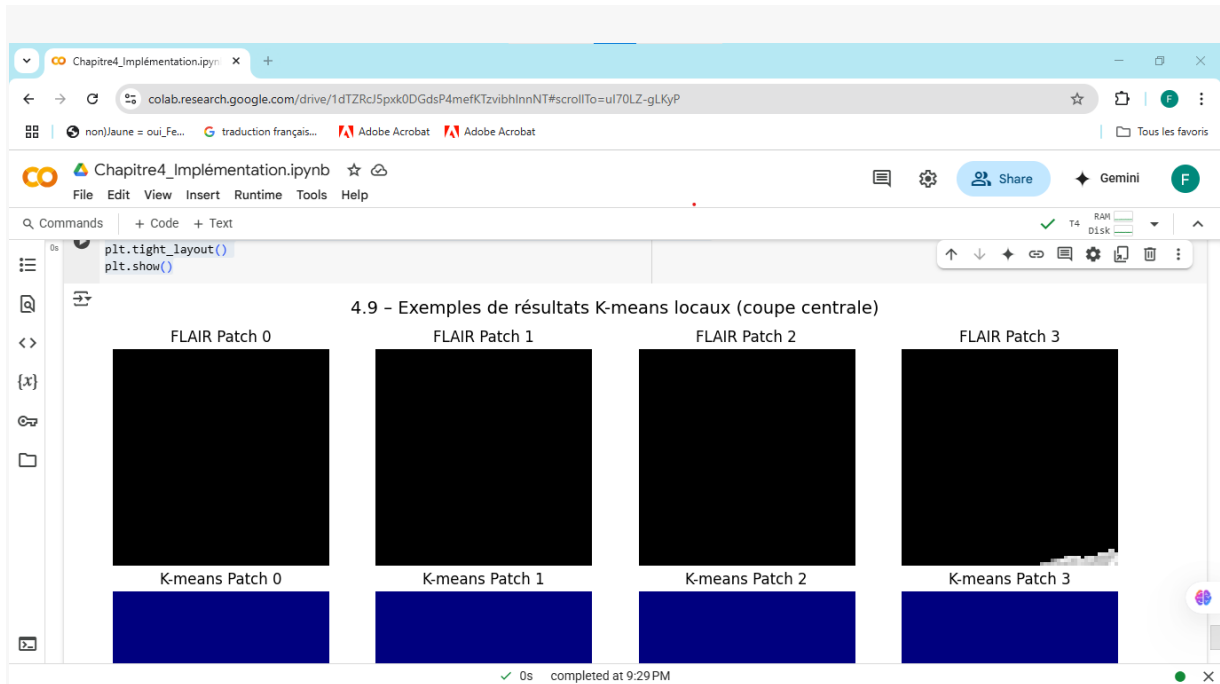
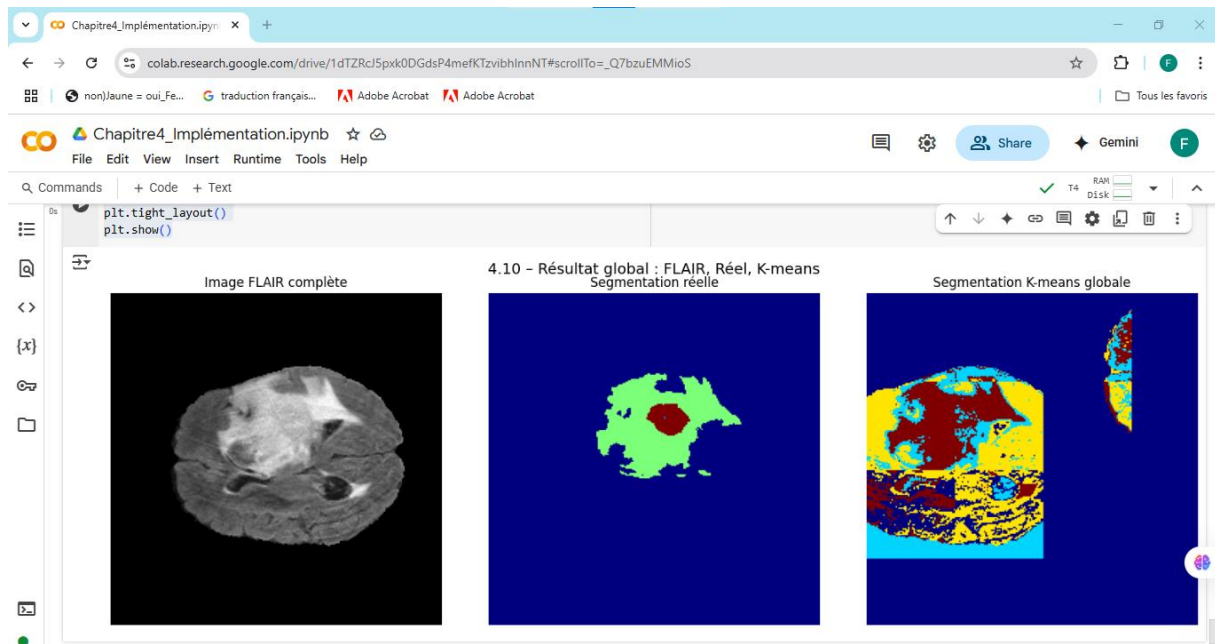


Figure 4.13 visualisation n de plusieurs patches segmentés

## Explication

- Ce code affiche `nb_patches` patches FLAIR (en haut) et leurs **segmentations K-means** correspondantes (en bas).
- Il utilise la **coupe centrale en profondeur** de chaque patch pour une visualisation claire en 2D.

## 4-10-Résultat global



**Figure 4.14** comparaison FLAIR segmentation réel et  $k$ -means

### Explication

- **Reconstruction** d'une image segmentée complète à partir des patches K-means.
- Affichage d'une **coupe axiale centrale** : FLAIR, ground truth, K-means.
- Permet de comparer visuellement la qualité du clustering globalement

### Conclusion

Nous avons présenté le long de ce chapitre l'implémentation et les tests de notre méthode basée  $k$ -means pour la segmentation d'IRM cérébrales. Nous avons présenté avant dans ce chapitre les outils utilisés, à savoir le langage de programmation Python, et l'environnement de développement en ligne, de Google : Google Colab. Nous avons présenté également la base d'images IRM, à savoir BraTS2020 qui nous a fait l'objet à la fois de données d'apprentissage et de tests pour nos expérimentations.

# Conclusion Générale

## Conclusion Générale

Les techniques d'apprentissage automatique ont grandement contribué à améliorer l'interprétation automatique d'images médicales, dont le but ultime est de poser des diagnostics fiables permettant d'installer des traitements efficaces.

Dans le cadre de notre projet de master, nous avons étudié le paradigme de l'apprentissage automatique, en ressortissant comment les différentes techniques qui relèvent de ce paradigme peuvent être appliquées pour interpréter le contenu d'intérêt dans une image médicale.

Puis, nous nous sommes orientés à la technique des moyennes mobiles (k-means), et en étudiant comme cette technique pourra être utilisée pour segmenter une IRM cérébrale, dont l'objectif est de localiser et sous-segmenter les éventuelles lésions qui peuvent y exister, dont les tumeurs.

Nous avons également étendu la technique k-means par son application à des régions locales, et dont les résultats de segmentation devraient être meilleurs.

Nous avons implémenté la technique de base, ainsi que la technique locale avec fusion des résultats.

En perspective à ce travail il est envisageable d'étendre l'idée de la segmentation locale à d'autres techniques d'apprentissage automatique, dont les techniques d'apprentissage profond, avec fusion et intégration des résultats partiels de segmentation.

## Bibliographie

- [1] K. Djaileb et W. Ouali, Détection d'objet basé sur l'estimation de la saillance, Mémoire de Master, Université Mouloud Mammeri De Tizi-Ouzou 2017/2018.
- [2] S. Hakimet et A. Karima, Segmentation d'image Médicale par application de la matrice de cooccurrence, Université Mouloud Mammeri De Tizi-Ouzou.
- [3] B. Randa et O. Assia, Segmentation des IRM-3D en utilisant les champs aléatoires de Markov cachés et cuckoosearch technique, Ecole nationale de l'informatique 2019/2020.
- [4] H. Mahdiet et S. Toufik, Segmentation d'images IRM : application sur des IRM de patients atteints d'Alzheimer, Université Mouloud Mammeri De Tizi-Ouzou.
- [5] Philippe Bolon, Jean-Marc Chassery, Jean-Pierre Cocquerez, Didier Demigny, Christine Graffigne, Annick Montanvert, Sylvie Philipp, Rachid Zéboudj, Josiane Zerubia, and Henri Maître. Analyse d'images : filtrage et segmentation, 1995.
- [6] Nitish Srivastava, Geoffrey Hinton, Alex Krizhevsky, Ilya Sutskever, and Ruslan Salakhutdinov. Dropout : a simple way to prevent neural networks from overfitting. The journal of machine learning research, 15(1) :1929–1958, 2014
- [7] Naouel Azouza. Segmentation par classification floue : application à l'imagerie par résonance magnétique. PhD thesis, université Akli Mouhend-Oulhadj de Bouira, 2018
- [8] LG Roberts. Machine perception of three-dimensional solids, chapter optical and electrooptical information processing, 1965
- [9] Judith MS Prewitt et al. Object enhancement and extraction. Picture processing and Psychopictorics, 10(1) :15–19, 1970
- [10] Irvin Sobel. Neighborhood coding of binary images for fast contour following and general binary array processing. Computer graphics and image processing, 8(1) :127–135, 1978.
- [11] John Canny. A computational approach to edge detection. IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence, (6) :679–698, 1986

- [12] M. Saida et R. Soria, Prédiction des tumeurs cérébrales dans les images IRM par l'apprentissage profond, Université Mohammed El Bachir El Ibrahimi Bordj Bou Arréridj
- [13] M. Kass, A. Witkin And D. Terzopoulos, snakes : active contour models, international journal of computer vision, 1(4): pp321–331, 1987.
- [14] M. Melliani, segmentation d'image par coopération régions-contours, magistère en informatique, école nationale supérieure d'informatique, 2012.
- [15] Région. Consulté le 2 juin 2023. URL <http://zonkooo.free.fr/image/segmentation.html>.
- [16] A Lopès, R Fjørtoft, D Ducrot, P Marthon, and C Lemaréchal. Edge detection and segmentation of sar images in homogeneous regions. In Information Processing for Remote Sensing, pages 139–166. World Scientific, 1999.
- [17] Michael M Chang, M Ibrahim Sezan, and A Murat Tekalp. Adaptive bayesian segmentation of color images. Journal of Electronic Imaging, 3(4) :404–414, 1994.
- [18] Theodosios Pavlidis and Y-T Liow. Integrating region growing and edge detection. IEEE transactions on pattern analysis and machine intelligence, 12(3) :225–233, 1990.
- [19] S. Habiba et M. Ines, Technique d'apprentissage automatique de la segmentation d'image médicales IRM, Université 20 août 1955 Skikda 2023.
- [20] Sarra Benfriha et Asma Hamel-Segmentation d'image par Coopération région contours- Mémoire Master Professionnel Université Kasdi Merbah-Ouargla-2015/2106
- [21] - M. Kass, A. Witkin And D. Terzopoulos, snakes : active contour modèles, international journal of computer vision, 1(4): pp321–331, 1987. Cc
- [22] : C.Houassine, segmentation d'images par une approche biomimétique hybride. Université m'hamed bougara- boumerdes. 2012.
- [23] André Marion. Acquisition & visualisation des images. Eyrolles, 1997.
- [24] Irvin Sobel. Neighborhood coding of binary images for fast contour following and general binary array processing. Computer graphics and image processing, 8(1) :127–135, 1978

**[25]** - Belarouci Sara & Benmokhtar Sara- Master En Génie Biomédical, Thème Méthode Coopérative Pour La Segmentation D'images IRM Cérébrales Basée Sur Les Techniques FCM Et Level Set- Université Abou Bekr Belkaid Tlemcen -2011/2012.

**[26]** - Quentin Duché- Etude des effets de volume partiel en IRM cérébrale pour l'estimation d'épaisseur corticale-Université de Rennes1 -Thèse soutenue 2015.

Vaste Marge (SVM)-2007/2008.

**[27]** Mitchell, T. (1997). Machine Learning. McGraw-Hill.

**[28]** Domingos, P. (2012). "A Few Useful Things to Know About Machine Learning."

Communications of the ACM.

**[29]** Han, J., Kamber, M. (2011). Data Mining: Concepts and Techniques. Morgan Kaufmann.

**[30]** Fayyad, U., Piatetsky-Shapiro, G., Smyth, P. (1996). "From Data Mining to Knowledge

Discovery in Databases." AI Magazine.

**[31]** Witten, I. H., Frank, E., Hall, M. A., Pal, C. J. (2016). Data Mining: Practical Machine Learning Tools and Techniques. Elsevier.

**[32]** James, G., Witten, D., Hastie, T., Tibshirani, R. (2013). An Introduction to Statistical Learning. Springer.

**[33]** Cover, T. M., Hart, P. E. (1967). "Nearest Neighbor Pattern Classification." IEEE Transactions on Information Theory.

**[34]** Breiman, L. (1984). Classification and Regression Trees. Wadsworth.

**[35]** Freund, Y., Schapire, R. E. (1997). "A Decision-Theoretic Generalization of On-Line Learning and an Application to Boosting." Journal of Computer and System Sciences.

**[36]** Breiman, L. (2001). "Random Forests." Machine Learning.

**[37]** LeCun, Y., Bengio, Y. (1998). "Convolutional Networks for Images, Speech, and Time

Series." Handbook of Brain Theory and Neural Networks.

**[38]** Litjens, G., et al. (2017). "A Survey on Deep Learning in Medical Image Analysis." Medical Image Analysis.

- [39] PraedictIA. "Comment fonctionnent les réseaux de neurones." PraedictIA, 2022. URL:<https://praedictia.com/page/reseaux-de-neurones/comment-fonctionnent-les-reseaux-de-neurones.html>
- [40] Madhavan, S., Jones, M. T. (2017). Deep Learning Architectures. IBM Developer.
- [41] Boughaba, M. B. (2017). L&#39;apprentissage profond (Deep Learning) pour la classification et la recherche d&#39;images par le contenu. Mémoire de Master, Université Kasdi Merbah Ouargla.
- [42] Taylor & Francis. (2019). Machine Learning in Translation Corpora Processing. Boca Raton, FL.
- [43] Bonnardot, G. (2018). "Deep Learning, Machine Learning, Statistics." Datakeen.
- [44] Intel Corporation. "Convolutional Neural Networks." URL: <https://www.intel.fr/content/www/fr/fr/internet-of-things/computer-vision/convolutional-neural-networks.html>
- [45] Botros, J., Mourad-Chehade, F., Laplanche, D. "L&#39;évaluation du risque d&#39;insuffisance cardiaque à l&#39;aide des signaux d&#39;intervalles RR à court terme." Revue d'Épidémiologie et de Santé Publique, 2023.
- [46 ] Arthur, D., & Vassilvitskii, S. (2007). k-means++: The advantages of careful seeding. Proceedings of the eighteenth annual ACM-SIAM symposium on Discrete algorithms, 1027–1035.
- [47] Bezdek, J. C. (1981). Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms. Springer.
- [48 ] Pham, D. L., Xu, C., & Prince, J. L. (2000). Current methods in medical image segmentation. Annual review of biomedical engineering, 2(1), 315–337.
- [ 49] Ahmed, M. N., Yamany, S. M., Mohamed, N., Farag, A. A., & Moriarty, T. (2002). A modified fuzzy c-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data. IEEE Transactions on Medical Imaging, 21(3), 193–199.
- [ 50] Dhillon, I. S., Guan, Y., & Kulis, B. (2004). Kernel k-means, spectral clustering and normalized cuts. In Proceedings of the tenth ACM SIGKDD international conference on Knowledge discovery and data mining (pp. 551–556).

- [51] Xie, J., Girshick, R., & Farhadi, A. (2016). Unsupervised deep embedding for clustering analysis. In International conference on machine learning (pp. 478–487).
- [52] Gonzalez, R. C., & Woods, R. E. (2018). Digital Image Processing (4th ed.). Pearson.
- [53] Zhang, Y. J. (2006). An overview of image and video segmentation in the last 40 years. Proceedings of the International Symposium on Signal Processing and Its Applications.
- [54] Pham, D. L., Xu, C., & Prince, J. L. (2000). Current methods in medical image segmentation. Annual Review of Biomedical Engineering, 2(1), 315–337.
- [55] Tustison, N. J., et al. (2014). Optimal symmetric multimodal templates and concatenated random forests for supervised brain tumor segmentation. NeuroImage, 89, 274–283.
- [56] Pham, D. L., Xu, C., & Prince, J. L. (2000). Current methods in medical image segmentation. Annual Review of Biomedical Engineering, 2(1), 315–337.
- [57] Jain, A. K., Murty, M. N., & Flynn, P. J. (1999). Data clustering: A review. ACM Computing Surveys, 31(3), 264–323.
- [58] Shen, D., Wu, G., & Suk, H.-I. (2017). Deep Learning in Medical Image Analysis. Annual Review of Biomedical Engineering, 19, 221–248.
- [59] Kaur, S., & Kaur, P. (2018). Brain tumor detection using hybrid technique (K-means and region growing). International Journal of Computer Applications, 182(18), 11–15.
- [60] Dice, L. R. (1945). Measures of the amount of ecologic association between species. Ecology, 26(3), 297–302.
- [61] Jaccard, P. (1912). The distribution of the flora in the alpine zone. New Phytologist, 11(2), 37–50.
- [62] Powers, D. M. (2011). Evaluation: From precision, recall and F-measure to ROC, informedness, markedness & correlation. Journal of Machine Learning Technologies, 2(1), 37–63.

**[63 ]** Huttenlocher, D. P., Klanderma, G. A., & Rucklidge, W. J. (1993). Comparing images using the Hausdorff distance. *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, 15(9), 850–863.