الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

République Algérienne Démocratique et Populaire

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

Université du 20 Août 1955 – Skikda — **جامعة 20 أوت 1955 – سكيكدة**

Faculté des Sciences — **كلية العلوم**

Département d'Informatique — **قسم الإعلام الآلي**



Projet en vue de l'obtention d'un diplôme de Master

Spécialité : Master 2 Intelligence Artificielle

Thème

Segmentation et Caractérisation des Gliomes par IRM : U-Net/VGG16 et Clustering Radiomique Non Supervisé

Préparé par :
BOULGUEMH Wafa
FILALI Radja

Encadré par :
M^{me}.MAGROUNE.H

Juin 2026

Remerciements

Louange à Dieu, le Tout-Miséricordieux, pour nous avoir accordé la patience, la force et la volonté nécessaires à l'achèvement de ce travail.

Nous adressons nos sincères remerciements à notre encadrante, Madame MAGROUN Hanan, pour son accompagnement, sa disponibilité et ses conseils précieux tout au long de ce projet. Sa rigueur scientifique, sa patience et ses orientations pertinentes ont largement contribué à la réalisation de ce mémoire.

Nous tenons également à exprimer notre profonde gratitude aux membres du jury pour l'honneur qu'ils nous ont fait en acceptant d'évaluer ce travail, ainsi que pour le temps qu'ils ont bien voulu y consacrer.

Nous remercions également l'ensemble des enseignants du Département d'Informatique de l'Université 20 Août 1955 – Skikda, pour la qualité de leur enseignement et pour les connaissances qu'ils nous ont transmises durant notre parcours universitaire.

Nous exprimons aussi notre gratitude à nos camarades de promotion, pour leur aide, leur soutien et les moments de partage qui ont marqué cette période de formation.

Enfin, nous tenons à remercier profondément nos parents, nos familles et nos proches, pour leur amour, leur patience, leurs encouragements et leur soutien inconditionnel. Leur présence et leurs sacrifices ont été essentiels à l'accomplissement de ce travail.

À toutes les personnes qui, de près ou de loin, ont contribué à la réussite de ce mémoire, nous adressons nos plus sincères remerciements.

الملخص

يقدّم هذا العمل نظامًا هجينًا لتجزئة الأورام الدبقية وتوصيفها انطلاقًا من صور التصوير بالرنين المغناطيسي الموزونة بـ IRM. تعتمد المنهجية على بنية UNET المدمجة مع وحدة ترميزVGG16 المدرَّبة مسبقًا على قاعدة بيانات ImageNet، وقد تم تدريب النموذج على 766 صورة من مجموعة بياناتLGG TCIA ، محققًا معامل Dice قدره 0,9152، ومعامل Jaccard قدره 0,8532باستخدام تحليل المكونات الرئيسية PCA، قبل تطبيق التجميع غير الخاضع للإشراف باستعمال نموذج المزيج الغاوسي GMM، مما أتاح تحديد نمطين ورميين: النمط A الذي يمثل % 68,5٪ من الحالات (510 أورام) بمتوسط مساحة قدره 597 بكسل، والنمط B الذي يمثل % 31,5٪ من الحالات (234ورمًا) بمتوسط مساحة قدره 1595 بكسل، مع تحقيق مؤشر الشكل مقداره 0,4347 . ورغم النتائج الواعدة التي حققتها هذه المقاربة، فإنها تظل محدودة بالاعتماد على نمط تصوير واحد (T1)، وغياب خطوة إزالة الجمجمة skull stripping، إضافةً إلى عدم إجراء تحقق سريري خارجي، مما يفتح آفاقًا لتطوير استراتيجيات متعددة الأنماط في المستقبل.

الكلمات المفتاحية:
التجزئة التلقائية، الورم الدبقي، التصوير بالرنين المغناطيسي، U-Net، VGG16 التجميع غير الخاضع ،التعلم غير الموجه ، مؤشر الشكل.

Résumé

Ce travail propose un système hybride de segmentation et de caractérisation des gliomes à partir d'images IRM T1 pondérées. L'architecture U-Net, couplée à un encodeur VGG16 pré-entraîné sur ImageNet, est entraînée sur 766 images du dataset LGG TCIA, atteignant un coefficient de Dice de 0,9152, un Jaccard de 0,8532 et une accuracy de 0,9972. Dix-huit caractéristiques radiomiques sont extraites, puis soumises à une réduction PCA et à un clustering GMM, révélant deux profils : le profil A (68,5 %, 510 tumeurs, surface moyenne 597 px) et le profil B (31,5 %, 234 tumeurs, surface moyenne 1595 px), avec un score de Silhouette de 0,4347. Malgré ses performances, l'approche reste limitée par l'usage d'une modalité unique (T1), l'absence de soustraction osseuse et le manque de validation clinique externe, ouvrant des perspectives vers des stratégies multimodales.

Mots clés :

Segmentation automatique, gliome, IRM, U-Net, VGG16, radiomique, clustering non supervisé, score de silhouette.

Abstract

This work presents a hybrid system for automatic segmentation and characterization of gliomas from T1-weighted MRI. The U-Net architecture, combined with a VGG16 encoder pre-trained on ImageNet, is trained on 766 images from the LGG TCIA dataset, achieving a Dice coefficient of 0.9152, a Jaccard index of 0.8532, and an accuracy of 0.9972. Eighteen radiomic features are extracted, followed by PCA reduction and GMM clustering, identifying two tumor profiles: Profile A (68.5%, 510 tumors, mean area 597 px) and Profile B (31.5%, 234 tumors, mean area 1595 px), with a Silhouette score of 0.4347. Despite its promising performance, the approach is limited by its single-modality T1 input, the absence of skull stripping, and the lack of external clinical validation, paving the way for future multimodal extensions.

Keywords:

Automatic segmentation, glioma, MRI, UNet, VGG16, radiomics, unsupervised clustering, Silhouette score .

Liste des abréviations

- **IA** : Intelligence artificielle
- **IRM** : Imagerie par résonance magnétique
- **CNN** : Convolutional Neural Network (réseau de neurones convolutif)
- **SVM** : Support Vector Machine (machine à vecteurs de support)
- **MS / SEP** : Sclérose en plaques
- **AVC / Stroke** : Accident vasculaire cérébral
- **PCA / ACP** : Principal Component Analysis (analyse en composantes principales)
- **ROC** : Receiver Operating Characteristic
- **AUC** : Area Under the Curve
- **ReLU** : Rectified Linear Unit
- **GPU** : Graphics Processing Unit
- **CPU** : Central Processing Unit
- **RBF** : Radial Basis Function
- **SGD** : Stochastic Gradient Descent
- **DICOM** : Digital Imaging and Communications in Medicine
- **FLAIR** : Fluid-Attenuated Inversion Recovery
- **T1, T2** : Types de séquences pondérées en IRM

Table des matières

Remerciements.....
الملخص.....
Résumé.....
Abstract.....
Liste des abréviations.....
Liste des tableaux.....
Introduction Générale .....
Chapitre I : IRM Pathologique et Diagnostic des Tumeurs Cérébrales 1
I.1 Introduction 2
I.2 Anatomie du cerveau 2
I.2.1 Organisation générale du système nerveux central..... 2
I.2.2 Les hémisphères cérébraux..... 3
I.2.3 Les lobes cérébraux 3
I.2.4 Substance grise et substance blanche 5
I.2.5 Système ventriculaire et liquide céphalorachidien 5
I.2.6 Structures cérébrales profondes..... 5
I.3 Les tumeurs cérébrales 6
I.3.1 Définition d'une tumeur cérébrale 6
I.3.2 Distinction Bioclinique (Tumeurs Bénignes vs Tumeurs Malignes)..... 7
I.3.3. Types des tumeurs cérébrales selon grades 7
I.3.3.1 Tumeurs de Bas Grade (Grades I et II OMS) 7
I.3.3.2 Tumeurs de Haut Grade (Grades III et IV OMS) 8
I.4. Classification Histologique et Typologie des Tumeurs..... 8
I.4.1. Les Gliomes..... 9
I.4.2 Les Méningiomes 10
I.4.3 Les Tumeurs Pituitaires (Adénomes Hypophysaires) 11
I.4.4 Les Métastases Cérébrales (Tumeurs Secondaires)..... 11
I.5 Imagerie médicale pour le diagnostic du cerveau..... 12
I.5.1 Définition de l'imagerie médicale 12
I.5.2 Types d'imagerie médicale..... 12
I.5.2.1. Imagerie par rayons X 12
I.5.2.2. Tomodensitométrie (TDM / Scanner)..... 13
I.5.2.3. Imagerie par résonance magnétique (IRM) 13
I.5.2.4 Échographie..... 13
I.5.2.5 Médecine nucléaire..... 14
I.5.2.6. Tomographie par impédance électrique (EIT)..... 14

I.5.2.7. Imagerie cardiovasculaire 14
I.6 Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) 14
I.6.1 Définition de l'IRM 14
1.6.1.1 Acquisition 15
I.6.2 Séquences IRM utilisées dans l'étude 16
I.6.2.1 Récupération T1 (relaxation longitudinale) 16
I.6.2.2 Séquence T1 avec contraste (T1ce) 17
I.6.2.3 Décroissance T2 (relaxation transversale) 17
I.6.2.4 La séquence FLAIR (Fluid-Attenuated Inversion Recovery) 18
I.6.3. Comparaison des différentes séquences IRM 18
I.6.3.1 Différences de contraste et d'aspect du signal 18
I.6.3.2 Rôle spécifique de chaque séquence dans la caractérisation tumorale 19
I.6.3.3 Complémentarité et usage combiné 19
I.6.4 Applications cliniques 20
I.6.5 Rôle de l'IRM dans le diagnostic des gliomes 20
I.6.6 Avantages 21
1.6.7 Limites 21
I.7 Conclusion 22
Chapitre II : Techniques de Segmentation et de Caractérisation des Gliomes 23
II.1 Introduction 24
II.2 Approches de Segmentation des Tumeurs Cérébrales 24
II.2.1 Méthodes conventionnelles 25
II.2.2.1 Limitations des méthodes de segmentation traditionnelles 28
II.2.2 Méthodes de segmentation par Apprentissage Automatique 29
II.2.3Approche de segmentation par apprentissage Profond 34
II.4. Radiomique et Clustering pour l'Analyse Tumorale 38
II.4.1Définition et catégories de caractéristiques radiomiques 38
II.4.2Méthodes de clustering appliquées à la radiomique 39
II.4.2.1 K-Means 39
II.4.2.3 Clustering hiérarchique 40
II.5. Travaux récents combinant radiomique et clustering 40
II.6 Conclusion 43
Chapitre III : Approche Intégrée de Segmentation Profonde et de Clustering Radiomique pour la Caractérisation des Gliomes en IRM 44
III.1 Introduction 45
III.2. Contexte de l'étude 45
Partie 01 : Conception et Développement du Système 46
III.3 Source de données 46

III.4 Architecture du modèle 47
III.4.1 Le modèle U-Net 47
III.4.2 Intégration de VGG16 par transfert d'apprentissage 47
III.4.3 Structure détaillée de l'architecture 49
III.5. Métriques d'évaluation du modèle 49
III.5.1. L'exactitude (Accuracy) : 50
III.5.2 Le coefficient de Dice 50
III.5.3 Intersection over Union 50
III.5.4 Loss Function (Fonction de perte) 52
III.5.5 Binary Cross-Entropy 52
III.6 Pipeline unifié couplé 52
Partie 02 : Résultats et Discussion 55
III.7 Résultats et Analyse 55
III.7.1 Analyse des résultats de l'entraînement avec VGG16 + U-Net 55
III.7.2 Évaluation finale sur le jeu de validation 56
III.7.3 Visualisation des prédictions 57
III.7.4 Paramètres et configuration de l'entraînement 59
III.7.5 Comparaison avec les travaux récents 59
III.7.6 Analyse du processus de clustering tumoral 60
III.7.7 Analyse des profils tumoraux obtenus 61
III.7.8 Caractérisation radiomique des profils tumoraux 63
III.7.9 Discussion générale 64
III.8 Conclusion 64
Conclusion Générale 66
Bibliographie & Références 69
Annexes 78

Liste de figures

Figure I.1 — Anatomie macroscopique du cerveau et subdivision des lobes fonctionnels (ground truth)..... 3
Figure I.2 — Les lobes cérébraux..... 4
Figure I.3 — Substance grise et substance blanche..... 5
Figure I.4 — Tumeur bénigne et tumeur maligne..... 7
Figure I.5 — Classification histologique des tumeurs cérébrales (gliomes et tumeurs non gliales) selon l'origine et la malignité..... 8
Figure I.6 — Variabilité morphologique des gliomes selon les grades OMS II–IV..... 10
Figure I.7 — Imagerie par rayons X..... 12
Figure I.8 — Tomodensitométrie (TDM / Scanner)..... 13
Figure I.9 — Échographie..... 13
Figure I.10 — IRM cérébrale..... 15
Figure I.11 — Principe de la formation d'IRM..... 15
Figure I.12 — Les quatre modalités d'IRM cérébrale..... 16
Figure I.13 — Courbe de coissance T1..... 17
Figure I.14 — Courbe de décroissance T2..... 18
Figure II.1 — Principaux types d'apprentissage automatique..... 30
Figure II.2 — Schéma de l'apprentissage non supervisé..... 31
Figure II.3— Schéma de l'apprentissage semi-supervisé..... 31
Figure II.4 — Architecture CNN en apprentissage profond..... 35
Figure II.5— Structure du modèle DenseNet-121..... 35
Figure II.6 — Architecture U-Net avec encodeur, décodeur et skip connections..... 36
Figure II.7 — Architecture déroulée d'un réseau de neurones récurrent (RNN)..... 37
Figure II.8— Processus de Transfer Learning et Fine-Tuning..... 38
Figure III.1 — Connexion et accès au stockage Google Drive via un notebook Colab..... 46
Figure III.2 — Configuration des chemins d'accès pour le modèle U-Net et les jeux de données..... 47
Figure III.3 — Architecture U-Net + VGG16..... 48
Figure III.4 — Pipeline unifié couplé..... 53
Figure III.5 — Évolution des métriques d'entraînement et de validation (Loss, Dice, IoU, Accuracy, BCE)..... 57
Figure III.6 — Visualisation des prédictions du modèle sur 5 échantillons de validation (T1-w Image | Ground Truth | Prediction | Overlay)..... 58
Figure III.7 — Critères de sélection automatique du nombre de clusters (BIC et Score Silhouette)..... 60
Figure III.8 — Résultats du clustering des tumeurs gliales par GMM (projection PCA, distribution et proportion des profils tumoraux)..... 61
Figure III.9 —- Exemples d'images IRM par profil tumoral (segmentation U-Net en surimpression) 62
Figure III.10 — Distribution des features radiomiques par profil tumoral (surface, intensité moyenne, écart-type)..... 63

Liste des tableaux

Tableau I.1 — Tableau récapitulatif des séquences IRM 20
Tableau II.1 — Tableau comparatif des travaux récents 42
Tableau III.1 — Structure détaillée de l'architecture..... 49
Tableau III.2 — Résultats des métriques de segmentation sur le jeu de validation..... 56
Tableau III.3 — Paramètres et configuration de l'entraînement du modèle VGG16 + U-Net..... 59
Tableau III.4 — Comparaison des performances de segmentation avec les travaux récents de la littérature..... 59
Tableau III.5 — Performances du clustering GMM sur les profils tumoraux 61
Tableau III.6 — Comparaison des caractéristiques moyennes des profils tumoraux 63

Introduction Générale

Les tumeurs cérébrales primitives constituent un enjeu majeur de santé publique, avec une incidence annuelle estimée à environ 7 cas pour 100 000 personnes à l'échelle mondiale. Parmi ces néoplasies, les gliomes représentent près de 80 % des tumeurs cérébrales malignes de l'adulte, se distinguant par leur hétérogénéité histologique et leur pronostic redoutable. Le glioblastome, grade IV selon la classification de l'Organisation Mondiale de la Santé, demeure particulièrement emblématique de cette agressivité, avec une médiane de survie ne dépassant pas 12 à 15 mois en dépit des progrès thérapeutiques combinant chirurgie, radiothérapie et chimiothérapie. Cette réalité clinique souligne avec acuité l'urgence d'optimiser les stratégies diagnostiques et thérapeutiques face à des pathologies dont l'évolution rapide impose une prise en charge personnalisée et précoce [105].

L'imagerie par résonance magnétique s'est imposée comme l'examen de référence dans l'évaluation des tumeurs cérébrales, offrant une caractérisation anatomique et fonctionnelle inégalée grâce à la multiplicité des séquences disponibles, notamment T1 pondérée, T1 avec injection de gadolinium, T2 pondérée et FLAIR. Chacune de ces modalités apporte des informations complémentaires essentielles : la séquence T1 renseigne sur l'anatomie cérébrale, le T1ce met en évidence les ruptures de la barrière hémato-encéphalique caractéristiques des tumeurs agressives, tandis que le T2 et le FLAIR permettent de visualiser l'œdème et l'extension tumorale. Néanmoins, l'exploitation de ces données repose traditionnellement sur une segmentation manuelle réalisée par le radiologue, processus long, subjectif et intrinsèquement limité par une variabilité inter-observateurs significative, pouvant atteindre 20 % selon les études. Cette dépendance à l'expertise humaine constitue un frein majeur à la standardisation des évaluations quantitatives et à la constitution de bases de données fiables pour la recherche clinique.

Parallèlement à ces contraintes médicales, l'essor fulgurant des méthodes d'intelligence artificielle, et plus spécifiquement du deep learning, ouvre des perspectives inédites pour la segmentation automatique des structures cérébrales pathologiques. Les architectures à base de réseaux de neurones convolutifs ont démontré leur supériorité dans la reconnaissance de motifs complexes au sein d'images médicales, surpassant les approches traditionnelles de traitement d'image fondées sur des heuristiques ou des modèles déformables. Parmi ces architectures, le modèle U-Net s'est imposé comme une référence dans le domaine de la segmentation

biomédicale, grâce à sa structure symétrique en encodeur-décodeur permettant de combiner des informations contextuelles globales et des détails fins. Dans ce contexte, nous formulons l'hypothèse principale selon laquelle l'utilisation d'un encodeur VGG16 pré-entraîné, intégré à une architecture U-Net, permettra d'améliorer significativement la précision de segmentation des gliomes par rapport aux approches conventionnelles, en compensant la faiblesse des volumes de données annotées. Par ailleurs, nous supposons que le couplage de cette segmentation automatisée à une analyse radiomique par clustering GMM révélera des sous-groupes tumoraux distincts, corrélés à des profils de gravité clinique, offrant ainsi une aide à la décision thérapeutique.

Au-delà de la segmentation, l'extraction de caractéristiques quantitatives, ou radiomique, permet de transcrire la morphologie tumorale en données numériques exploitables pour des analyses prédictives. La combinaison de descripteurs de forme, d'intensité et de texture, notamment les matrices de co-occurrence des niveaux de gris, offre un panorama exhaustif de l'hétérogénéité intratumorale, reflet potentiel de la biologie sous-jacente. L'application de techniques de clustering non supervisé, telles que les modèles de mélanges gaussiens, à ces signatures radiomiques, autorise l'émergence de profils tumoraux distincts, susceptibles d'éclairer le pronostic et de guider les décisions thérapeutiques vers une médecine toujours plus personnalisée.

C'est dans cette convergence entre imagerie médicale, intelligence artificielle et radiomique que s'inscrit le présent mémoire, dont l'objectif général consiste à développer un système hybride de segmentation et de caractérisation des gliomes à partir d'images IRM T1 pondérées. La démarche proposée articule une architecture U-Net enrichie par un encodeur VGG16 pour la segmentation automatique, suivie d'une extraction de caractéristiques radiomiques et d'un clustering non supervisé par modèle de mélanges gaussiens, afin d'identifier des sous-types tumoraux potentiellement distincts sur le plan clinique.

Ce mémoire s'organise en trois chapitres complémentaires :

Chapitre I — *IRM Pathologique et Diagnostic des Tumeurs Cérébrales*
Ce chapitre expose les bases anatomiques et sémiologiques indispensables à l'interprétation de l'imagerie des gliomes, en détaillant la classification OMS ainsi que les séquences d'acquisition IRM utilisées dans notre étude.

Chapitre II — *Techniques de Segmentation et de Caractérisation des Gliomes*
Ce chapitre dresse un état de l'art des méthodes de segmentation conventionnelles et profondes, avant d'introduire les principes fondamentaux de la radiomique et des approches de clustering non supervisé.

Chapitre III — *Approche Intégrée de Segmentation Profonde et de Clustering Radiomique*
Ce chapitre détaille l'implémentation du système hybride U-Net/VGG16 couplé au clustering GMM, puis présente et discute les résultats expérimentaux à la lumière des travaux existants

Chapitre I : IRM Pathologique et Diagnostic des Tumeurs Cérébrales

I.1 Introduction

Les tumeurs cérébrales représentent l'un des défis majeurs de la médecine contemporaine, en raison de leur hétérogénéité biologique et de leur impact sévère sur les fonctions neurologiques. Leur incidence mondiale est en constante progression, et la rigidité de la boîte crânienne aggrave leur dangerosité : tout développement tumoral intracrânien risque d'entraîner rapidement des lésions irréversibles [2].

Dans ce contexte, la précocité du diagnostic est déterminante pour le pronostic du patient. L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) s'est imposée comme le standard d'excellence pour l'exploration cérébrale, grâce à sa résolution exceptionnelle des tissus mous, l'absence de rayonnements ionisants, et la richesse des informations fournies par ses séquences avancées (T1, T1ce, T2, FLAIR) [7].

Ce chapitre présente les bases anatomiques du cerveau, les principales classes de tumeurs cérébrales et leurs caractéristiques histologiques, ainsi que les principes de l'IRM et son rôle central dans leur diagnostic.

I.2 Anatomie du cerveau

Le cerveau constitue la partie principale de l'encéphale. Il assure la coordination des fonctions sensorielles, motrices et cognitives de l'organisme [1]

I.2.1 Organisation générale du système nerveux central

Le système nerveux central (SNC) est constitué de l'encéphale et de la moelle épinière. L'encéphale comprend le cerveau, le cervelet et le tronc cérébral. Il assure l'intégration des informations sensorielles, le contrôle des fonctions motrices ainsi que les fonctions cognitives supérieures telles que la mémoire, le langage et le raisonnement. Le cerveau représente la plus grande partie de l'encéphale et constitue le siège principal des activités neurologiques complexes [1].

I.2.2 Les hémisphères cérébraux

Le cerveau est divisé en deux hémisphères, droit et gauche, séparés par la fissure interhémisphérique et reliés par une importante structure de substance blanche appelée corps calleux. Cette structure permet l'échange d'informations entre les deux hémisphères afin d'assurer une coordination efficace des fonctions cérébrales (figure I.1). Bien que les deux hémisphères collaborent étroitement, certaines fonctions présentent une latéralisation fonctionnelle, comme le langage qui est généralement associé à l'hémisphère gauche [1].

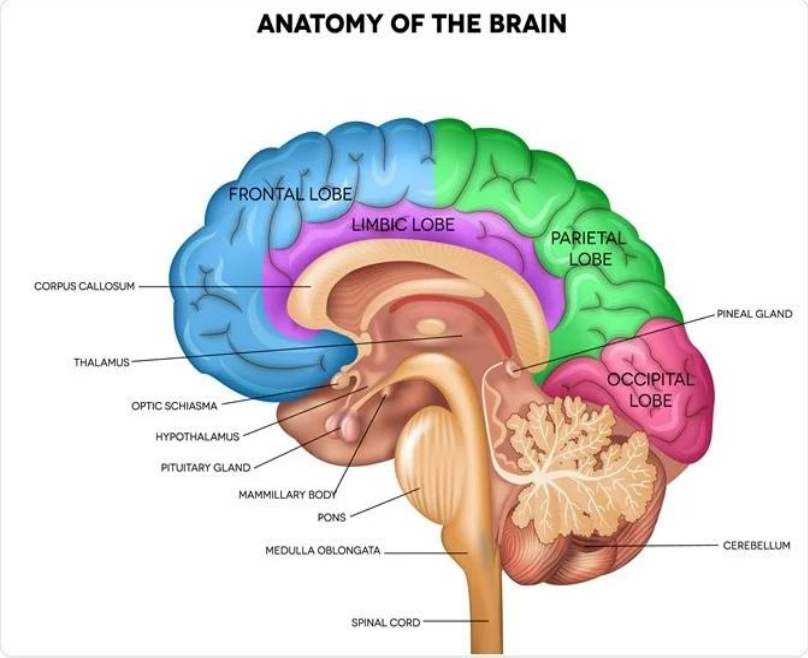


Figure I.1 — Anatomie macroscopique du cerveau et subdivision des lobes fonctionnels.

I.2.3 Les lobes cérébraux

Chaque hémisphère cérébral est subdivisé en plusieurs lobes anatomiques possédant des fonctions spécifiques (Figure I.2) [1].

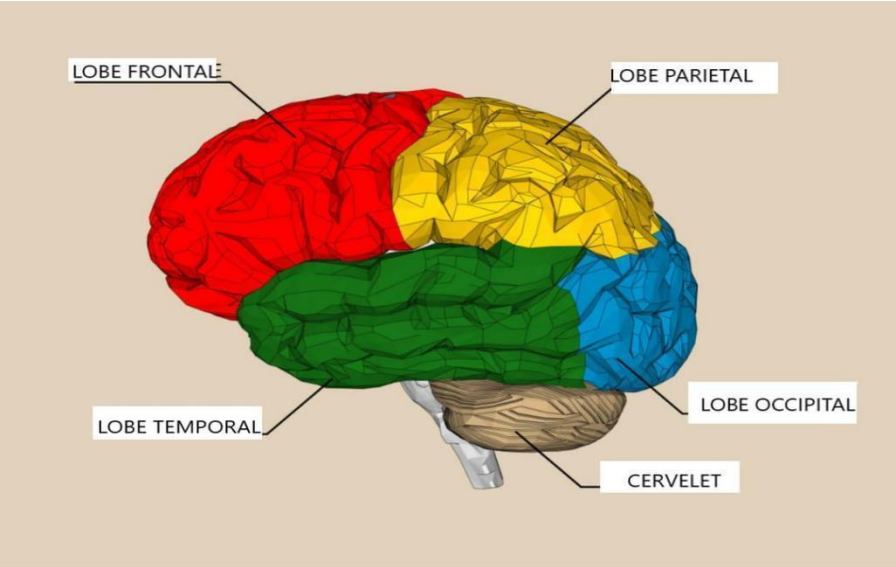


Figure I.2 — Les lobes cérébraux.

- **Lobe frontal**

  Le lobe frontal est impliqué dans les fonctions exécutives, la planification, le raisonnement, la prise de décision ainsi que le contrôle volontaire des mouvements. Il contient également l'aire motrice primaire responsable de l'initiation des mouvements musculaires.

- **Lobe pariétal**

  Le lobe pariétal participe au traitement des informations sensitives provenant du corps, notamment le toucher, la douleur, la température et la perception spatiale. Il joue un rôle essentiel dans l'intégration sensorielle.

- **Lobe temporal**

  Le lobe temporal intervient dans l'audition, la mémoire et la compréhension du langage. Il abrite plusieurs structures importantes du système limbique impliquées dans les processus mnésiques et émotionnels.

- **Lobe occipital**

  Le lobe occipital constitue le principal centre de traitement de l'information visuelle. Les signaux provenant de la rétine y sont analysés afin de permettre la perception des formes, des couleurs et du mouvement.

I.2.4 Substance grise et substance blanche

Le tissu cérébral est composé principalement de substance grise et de substance blanche. La substance grise contient les corps cellulaires des neurones et constitue le siège du traitement de l'information. Elle est localisée principalement dans le cortex cérébral ainsi que dans certaines structures profondes (Figure I.3).

La substance blanche est constituée d'axones myélinisés assurant la transmission rapide des influx nerveux entre les différentes régions cérébrales. Les gliomes se développent fréquemment au sein de cette substance blanche en raison de leur origine gliale [4].

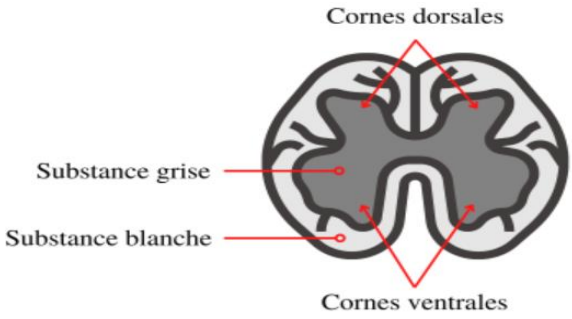


Figure I.3 — Substance grise et substance blanche.

I.2.5 Système ventriculaire et liquide céphalorachidien

Le cerveau contient un ensemble de cavités interconnectées appelé système ventriculaire. Celui-ci comprend deux ventricules latéraux, le troisième ventricule et le quatrième ventricule. Ces cavités renferment le liquide céphalorachidien (LCR), produit principalement par les plexus choroïdes.

Le LCR joue plusieurs rôles essentiels : il protège mécaniquement le cerveau contre les traumatismes, participe au transport des nutriments et contribue à l'élimination des déchets métaboliques. Certaines tumeurs cérébrales peuvent modifier la circulation du LCR et entraîner des complications telles que l'hydrocéphalie [1].

I.2.6 Structures cérébrales profondes

Parmi les structures profondes du cerveau figurent le thalamus, l'hypothalamus, les ganglions de la base et les structures du système limbique.

Le thalamus agit comme un relais majeur pour la transmission des informations sensorielles vers le cortex cérébral. L'hypothalamus intervient dans la régulation de nombreuses fonctions physiologiques telles que la température corporelle, la faim et les sécrétions hormonales. Les ganglions de la base participent au contrôle des mouvements, tandis que le système limbique est impliqué dans les émotions et la mémoire[1].

La connaissance de ces différentes structures anatomiques est essentielle pour comprendre l'impact des gliomes sur les fonctions neurologiques et pour interpréter correctement les images obtenues par imagerie par résonance magnétique (IRM).

I.3 Les tumeurs cérébrales

Les tumeurs cérébrales représentent un ensemble hétérogène de lésions primitives ou secondaires, dont la localisation au sein du système nerveux central conditionne la gravité et la complexité de leur prise en charge.

I.3.1 Définition d'une tumeur cérébrale

Une tumeur cérébrale, ou formation intracrânienne néoplasique, se définit biologiquement comme une masse tissulaire anormale résultant d'une prolifération cellulaire excessive, continue et autonome. Ce développement anarchique survient lorsque les cellules échappent aux mécanismes physiologiques de régulation du cycle cellulaire. Au sein du système nerveux central (SNC), chaque composant cellulaire — neurones, cellules gliales, cellules méningées — possède le potentiel de subir une telle transformation oncogénique [2] [3].

En pratique clinique, selon la classification de l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS), ces lésions sont réparties en deux entités distinctes :

- **Tumeurs cérébrales primitives :** elles prennent naissance directement à partir des structures anatomiques du cerveau. Elles posent un défi majeur en raison de leur caractère souvent infiltrant et de la difficulté à délimiter leurs contours avec précision.
- **Tumeurs secondaires (métastases cérébrales) :** elles correspondent à la colonisation du tissu cérébral par des cellules cancéreuses issues d'un foyer primitif distant (poumon, sein, mélanome). En imagerie, elles se présentent souvent comme des lésions multiples et circonscrites.

I.3.2 Distinction Bioclinique (Tumeurs Bénignes vs Tumeurs Malignes)

La caractérisation du degré de malignité repose sur une évaluation histopathologique rigoureuse, standardisée à l'échelle internationale par la classification OMS (Figure I.4). Contrairement aux néoplasies affectant d'autres organes, les tumeurs du SNC ne développent qu'exceptionnellement des métastases en dehors du système nerveux ; leur malignité est définie par leur pouvoir d'infiltration locale et le pronostic évolutif [4].

L'OMS répartit ces lésions en quatre grades histopronostiques (I à IV), déterminés par la présence ou l'absence de cinq critères microscopiques : la densité cellulaire, les atypies cytonucléaires, l'activité mitotique (index Ki67), la prolifération microvasculaire et la présence de nécrose [5].

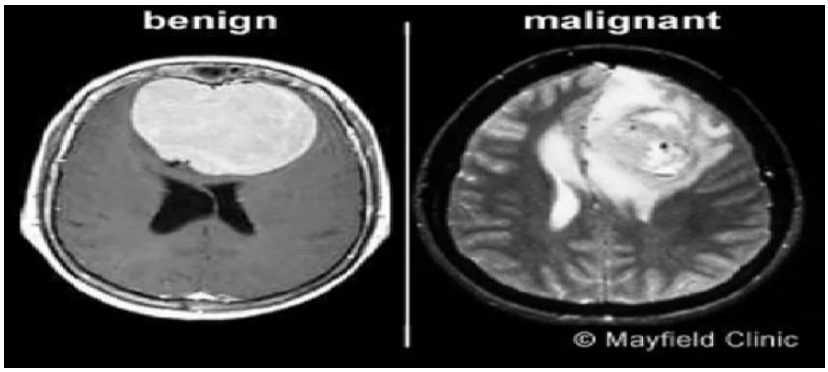


Figure I.4 — Tumeur bénigne et tumeur maligne.

I.3.3. Types des tumeurs cérébrales selon grades

L'OMS classe les tumeurs cérébrales en quatre grades (I à IV), distinguant les tumeurs de bas grade (I et II), d'évolution lente, des tumeurs de haut grade (III et IV), plus agressives et de pronostic défavorable.

I.3.3.1 Tumeurs de Bas Grade (Grades I et II OMS)

Ces lésions présentent une cinétique de croissance lente et un index de prolifération cellulaire (Ki67) généralement inférieur à 5 % [4] .Bien que moins agressives, elles peuvent néanmoins avoir des effets significatifs sur le fonctionnement cérébral et nécessiter une intervention urgente.

- ★ **Grade I :** Tumeurs bénignes circonscrites (ex. astrocytome pilocytique) : lésions non infiltrantes et bien délimitées, une exérèse complète peut permettre la guérison.

★ **Grade II :** Tumeurs infiltrantes à faible malignité (ex. astrocytome diffus) : l'absence de démarcation franche avec le parenchyme sain constitue un défi majeur pour la segmentation automatique. Plus de la moitié de ces tumeurs présentent une propension à évoluer vers des grades supérieurs.

I.3.3.2 Tumeurs de Haut Grade (Grades III et IV OMS)

Ces entités constituent les formes malignes et agressives, caractérisées par une prolifération rapide et un pronostic vital défavorable [5].

★ **Grade III :** Tumeurs anaplasiques : densité cellulaire élevée, atypies nucléaires marquées et activité mitotique nette (Ki67 entre 5 % et 10 %).

★ **Grade IV :** Glioblastome (GBM) : forme la plus fréquente et la plus agressive chez l'adulte (âge médian au diagnostic : 64 ans). Histologiquement défini par une prolifération microvasculaire anarchique et des plages de nécrose. L'index Ki67 dépasse souvent 20 %. Sa structure en cocarde en imagerie (nécrose centrale, anneau de rehaussement, œdème péritumoral).

I.4. Classification Histologique et Typologie des Tumeurs

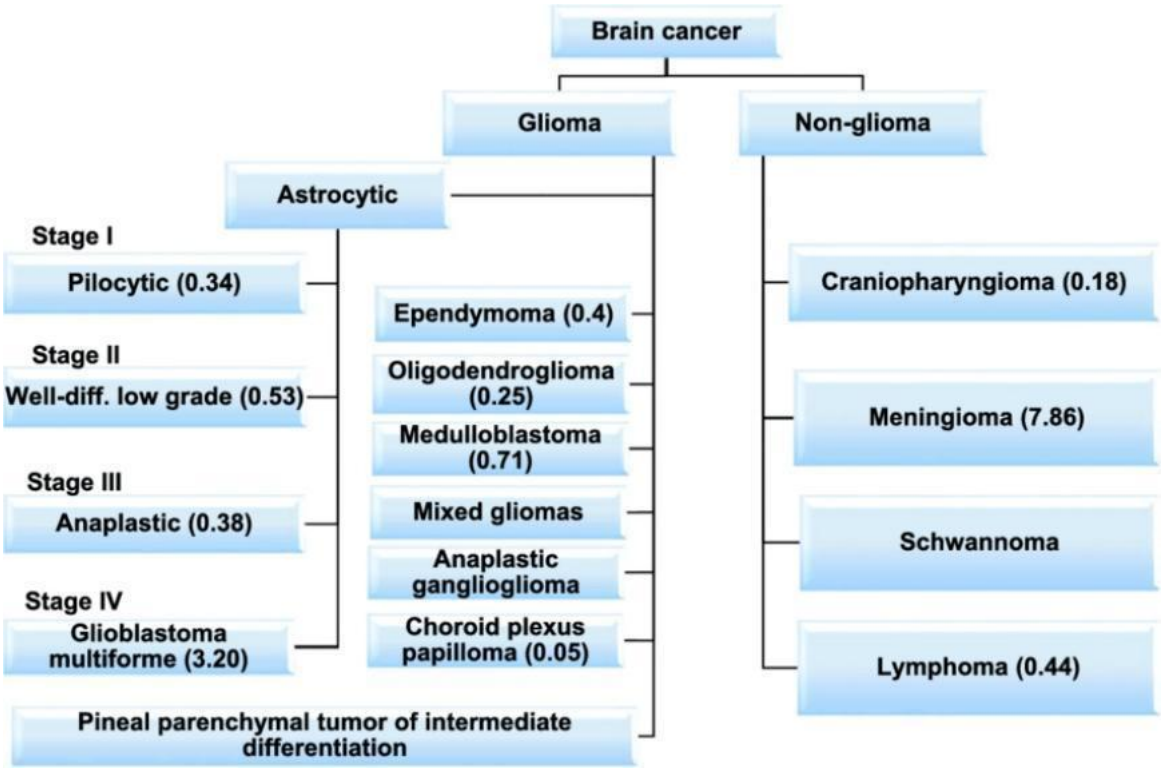


Figure I.5 — Classification histologique des tumeurs cérébrales (gliomes et tumeurs non gliales) selon l'origine et la malignité.

La classification histologique des tumeurs cérébrales, établie par l'OMS (Figure I.5), constitue la référence internationale pour le diagnostic, le pronostic et le choix thérapeutique. Elle repose sur l'identification du type cellulaire d'origine et du degré de malignité. Quatre grandes familles tumorales dominent la pratique clinique et l'imagerie médicale.

I.4.1. Les Gliomes

Les gliomes sont les tumeurs cérébrales primitives les plus fréquentes, représentant environ 80 % de l'ensemble des tumeurs cérébrales malignes (Figure I.6**)**. Ils tirent leur nom des cellules gliales dont ils dérivent (astrocytes, oligodendrocytes, cellules épendymaires), qui assurent normalement le soutien structural et métabolique des neurones[6].

Les gliomes se subdivisent selon leur cellule d'origine et leur grade OMS :

- **Les astrocytomes :** issus des astrocytes, ils constituent le groupe le plus hétérogène, allant de l'astrocytome pilocytique bénin (Grade I) au glioblastome (Grade IV). Ce continuum évolutif représente le principal défi diagnostique de la neuro-oncologien[1].
- **Les oligodendrogliomes :** caractérisés sur le plan moléculaire par la co-délétion 1p/19q, biomarqueur pronostique favorable et prédictif de réponse à la chimiothérapie [6] [1].
- **Les épendymomes :** issus des cellules épendymaires tapissant les ventricules. Leur localisation intraventriculaire fréquente en fait des tumeurs particulièrement pourvoyeuses d'hydrocéphalie obstructive [1]
- **Le Glioblastome Multiforme (GBM — Grade IV) :** forme la plus agressive chez l'adulte. Sa structure en cocarde en imagerie (nécrose centrale, anneau de rehaussement, œdème péritumoral) [4].

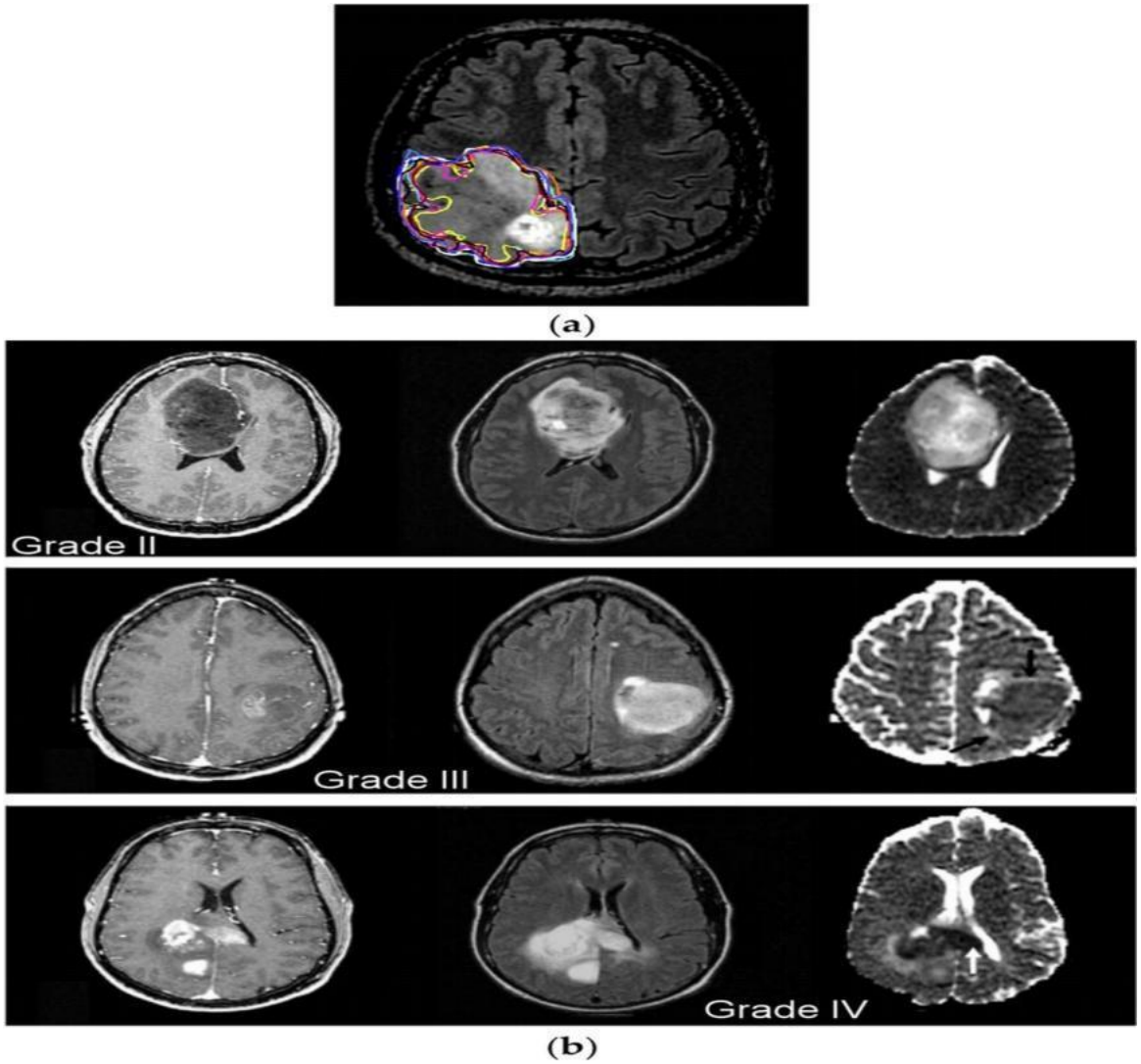


Figure I.6 — Variabilité morphologique des gliomes selon les grades OMS II–IV.

I.4.2 Les Méningiomes

Les méningiomes sont les tumeurs intracrâniennes primitives les plus fréquentes (environ 36 % de l'ensemble). Ils naissent des cellules arachnoïdiennes des méninges et sont extra-axiaux : ils compriment le cerveau de l'extérieur sans l'infiltrer[6].

- **Grade I (bénins) :** représentent plus de 80 % des cas. Croissance lente, bien délimitée. L'exérèse chirurgicale complète est souvent curative.
- **Grades II et III (atypiques et anaplasiques) :** formes rares mais agressives, avec un risque élevé de récidive locale nécessitant une radiothérapie adjuvante.

En imagerie, les méningiomes présentent un rehaussement intense et homogène après injection de Gadolinium, avec une queue durale caractéristique. Leur caractère extra-axial et leurs contours nets les distinguent nettement des gliomes [5].

I.4.3 Les Tumeurs Pituitaires (Adénomes Hypophysaires)

Les adénomes hypophysaires sont des tumeurs bénignes de la glande pituitaire, localisées dans la selle turcique. Ils représentent environ 15 % des tumeurs intracrâniennes diagnostiquées

- Microadénomes (< 10 mm) et macroadénomes (≥ 10 mm) : les macroadénomes peuvent comprimer le chiasma optique, provoquant une hémianopsie bitemporale caractéristique.
- **Adénomes fonctionnels (sécrétants) :** ils sécrètent en excès des hormones hypophysaires, générant des tableaux endocriniens spécifiques (acromégalie, syndrome de Cushing).

Du point de vue de l'imagerie automatisée, les tumeurs pituitaires se distinguent par leur localisation sellaire très spécifique, les rendant plus accessibles aux approches de détection basées sur la localisation anatomique [6].

I.4.4 Les Métastases Cérébrales (Tumeurs Secondaires)

Les métastases cérébrales constituent la catégorie de tumeurs intracrâniennes la plus fréquente en pratique oncologique générale. Elles résultent de la dissémination hématogène de cellules cancéreuses issues principalement du cancer du poumon (40-50 %), du sein (15-25 %) et du mélanome (5-20 %) [2].

Leurs caractéristiques en imagerie IRM posent des défis spécifiques aux algorithmes de détection :

- **Multiplicité :** la présence simultanée de plusieurs lésions est un signe cardinal. Les algorithmes doivent être robustes à la détection de petits objets multiples.
- **Localisation préférentielle :** elles se déposent à la jonction substance grise/substance blanche, suivant la distribution vasculaire artérielle.
- **Aspect radiologique :** rehaussement intense en anneau en IRM T1ce, avec un œdème péritumoral disproportionné par rapport à la taille de la lésion.

La distinction entre une métastase et un glioblastome solitaire constitue l'un des défis diagnostiques les plus difficiles en neuro-oncologie, rendant l'analyse automatisée multi-paramétrique particulièrement précieuse [3].

I.5 Imagerie médicale pour le diagnostic du cerveau

Elle repose sur des techniques avancées comme l'IRM et le scanner pour visualiser les structures cérébrales. Des outils numériques, tels que la soustraction osseuse, améliorent la lisibilité des vaisseaux et des tissus mous. Cependant, leur fiabilité dépend d'une validation clinique rigoureuse. À défaut, le diagnostic reste limité, d'où l'importance de ces étapes pour la précision médicale.

I.5.1 Définition de l'imagerie médicale

L'imagerie médicale désigne l'ensemble des techniques qui permettent d'obtenir des représentations visuelles de l'intérieur du corps humain à partir de différents phénomènes physiques, comme les rayons X, les ultrasons, les champs magnétiques ou la radioactivité. Selon l'Académie de médecine, une image médicale correspond à la matérialisation d'informations anatomiques ou fonctionnelles in vivo, obtenue pour répondre à une question clinique tout en limitant les risques pour le patient. Ainsi, l'imagerie médicale est devenue un outil indispensable pour le diagnostic, l'évaluation et le suivi des maladies [7].

I.5.2 Types d'imagerie médicale

L'imagerie médicale regroupe différentes techniques permettant de visualiser les structures internes du corps humain à des fins diagnostiques et thérapeutiques [8].

I.5.2.1. Imagerie par rayons X

L'imagerie par rayons X utilise un rayonnement électromagnétique traversant le corps pour visualiser principalement les structures osseuses et détecter certaines anomalies internes (Figure I.7).

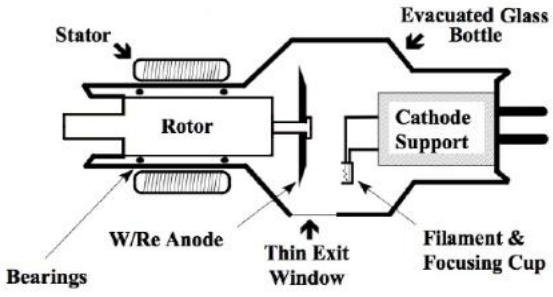


Figure I.7 — Imagerie par rayons X.

I.5.2.2. Tomodensitométrie (TDM / Scanner)

La TDM utilise les rayons X pour produire des images en coupes détaillées du corps. Elle est largement utilisée pour diagnostiquer cancers, maladies cardiovasculaires et traumatismes osseux ou organiques (Figure I.8) [8].

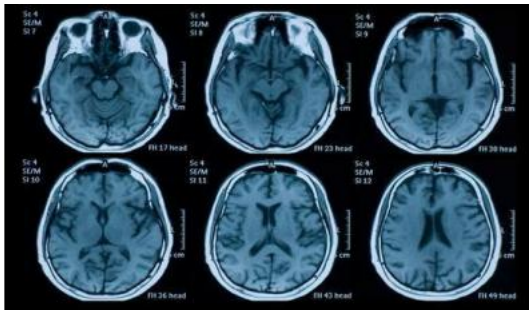


Figure I.8 — Tomodensitométrie (TDM / Scanner)

I.5.2.3. Imagerie par résonance magnétique (IRM)

L'IRM combine champ magnétique puissant, ondes radio et informatique pour produire des images précises des tissus mous (cerveau, moelle épinière, muscles, tendons, ligaments, vaisseaux sanguins) [8].

I.5.2.4 Échographie

L'échographie utilise des ultrasons pour visualiser en temps réel les structures internes. Elle est utilisée pendant la grossesse, pour explorer les organes abdominaux et guider des actes comme les biopsies (Figure I.9) [8].



Figure I.9 — Échographie

I.5.2.5 Médecine nucléaire

La médecine nucléaire utilise de faibles doses de substances radioactives pour produire des images fonctionnelles des organes, utiles pour détecter tumeurs et infections, et suivre cancers, maladies cardiaques et troubles thyroïdiens. [8]

I.5.2.6. Tomographie par impédance électrique (EIT)

L'EIT utilise des signaux électriques pour analyser les structures internes et suivre les variations de leurs propriétés électriques, notamment au niveau des poumons et du cœur.

I.5.2.7. Imagerie cardiovasculaire

Spécialité dédiée au cœur et aux vaisseaux (échocardiographie, scanner et IRM cardiaques), essentielle pour diagnostiquer maladies coronariennes, pathologies valvulaires, cardiopathies congénitales, et guider des interventions comme l'angioplastie et la pose de stents.

I.6 Imagerie par Résonance Magnétique (IRM)

L'IRM repose sur l'utilisation d'un champ magnétique puissant associé à des ondes radio et à un système informatique. Elle permet d'obtenir des images très précises des tissus mous tels que le cerveau, la moelle épinière, les muscles, les tendons, les ligaments et les vaisseaux sanguins.

I.6.1 Définition de l'IRM

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique d'imagerie médicale avancée utilisant un champ magnétique puissant et des ondes radio pour produire des images détaillées des structures internes du corps (Figure I.10).

Le principe repose sur l'alignement des noyaux d'hydrogène présents dans le corps sous l'effet d'un champ magnétique. Lorsque des impulsions radiofréquences sont appliquées, ces noyaux sont excités puis émettent de faibles signaux radio.

Ces signaux sont captés par des antennes, puis traités par un ordinateur afin de reconstruire des images précises des tissus internes. Les différents tissus possèdent des concentrations variables en hydrogène, ce qui permet leur distinction sur les images obtenues.

L'IRM permet également d'obtenir des images dans plusieurs plans (axial, sagittal et coronal), offrant ainsi une vision tridimensionnelle du corps. [9]

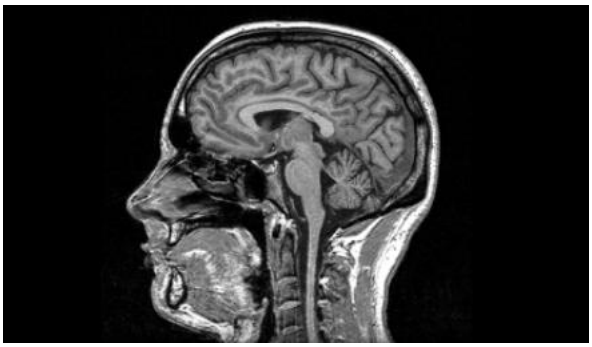


Figure I.10 — IRM cérébrale.

1.6.1.1 Acquisition

L'IRM produit des images en enregistrant les signaux émis par les noyaux d'hydrogène présents dans l'eau des tissus biologiques. Les tissus riches en eau génèrent des signaux plus intenses, ce qui améliore la qualité des images obtenues (figure I.11). Cette technique repose sur l'application d'un champ magnétique puissant qui aligne les noyaux d'hydrogène. Lorsque ceux-ci reviennent à leur état initial, ils émettent un signal capté puis traité par ordinateur afin de reconstruire les images IRM.

L'IRM est particulièrement adaptée à l'étude des tissus mous grâce aux différences d'intensité des signaux qu'ils émettent. Contrairement au scanner, qui utilise les rayons X, elle exploite les propriétés magnétiques des noyaux d'hydrogène. Les images peuvent être visualisées selon les plans axial, sagittal et coronal [9].

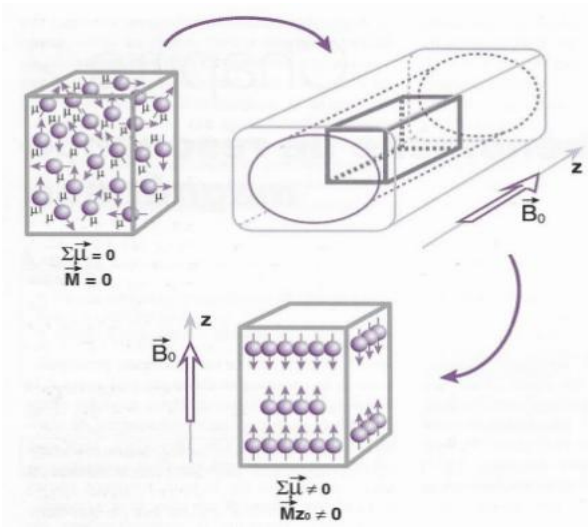


Figure I.11 — Principe de la formation d'IRM.

I.6.2 Séquences IRM utilisées dans l'étude

Lors de la relaxation, les noyaux d'hydrogène ayant absorbé l'énergie du champ de radiofréquence (RF) et ayant été excités par l'impulsion RMN retournent progressivement à leur état d'équilibre, appelé **état basal**. À ce moment, les moments magnétiques des noyaux perdent leur cohérence de phase, ce qui entraîne une diminution du signal dans le plan transversal et une récupération progressive de l'aimantation longitudinale.

La relaxation se manifeste selon deux processus principaux (Figure I.12) :

- La récupération de l'aimantation longitudinale (**T1 recovery**),
- La décroissance de l'aimantation transversale (**T2 decay**).

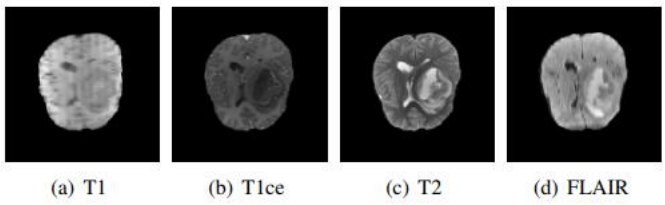


Figure I.12 — Les quatre modalités d'IRM cérébrale.

I.6.2.1 Récupération T1 (relaxation longitudinale)

La récupération T1 correspond au retour de l'aimantation longitudinale des noyaux vers leur état d'équilibre. Ce phénomène résulte du transfert d'énergie des noyaux excités vers leur environnement (réseau environnant), appelé **réseau ou lattice**.

La constante de temps T1 représente le temps nécessaire pour que 63 % de l'aimantation longitudinale soit récupérée. Ce processus est également appelé **relaxation spin-réseau** [11].

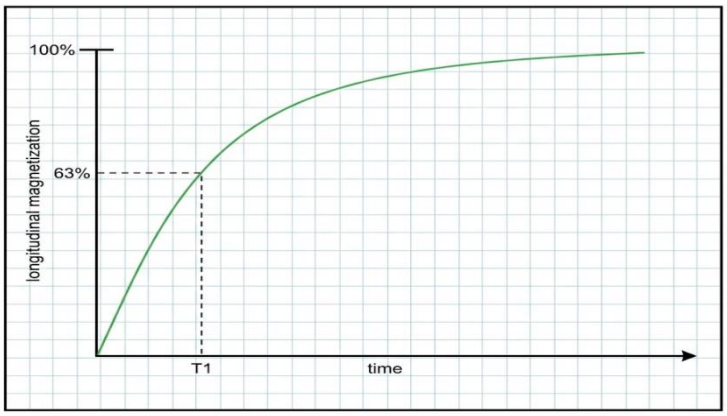


Figure I.13 — Courbe de croissance T1.

I.6.2.2 Séquence T1 avec contraste (T1ce)

L'IRM pondérée T1 post-rehaussement de contraste est similaire à son homologue non contrasté, à l'exception que les zones telles que les bordures tumorales sont mises en évidence (Figure I.13)

Ce rehaussement repose sur un mécanisme physiopathologique précis : les agents de contraste à base de gadolinium raccourcissent les temps de relaxation T1 et augmentent le contraste tissulaire en accentuant les zones où l'agent de contraste a fui hors de la barrière hémato-encéphalique dans les tissus interstitiels, produisant un rehaussement parenchymateux. Cette rupture de la barrière hémato-encéphalique est souvent une caractéristique visuelle clé des tumeurs. [11]

I.6.2.3 Décroissance T2 (relaxation transversale)

La relaxation T2 correspond à la perte de cohérence des spins dans le plan transversal, due aux interactions entre les noyaux voisins (Figure I.14).

Ce phénomène entraîne une diminution progressive du signal transverse, appelée **relaxation spin-spin**. La constante T2 représente le temps nécessaire pour que 63 % de la magnétisation transversale disparaisse (ou que 37 % du signal reste) [11].

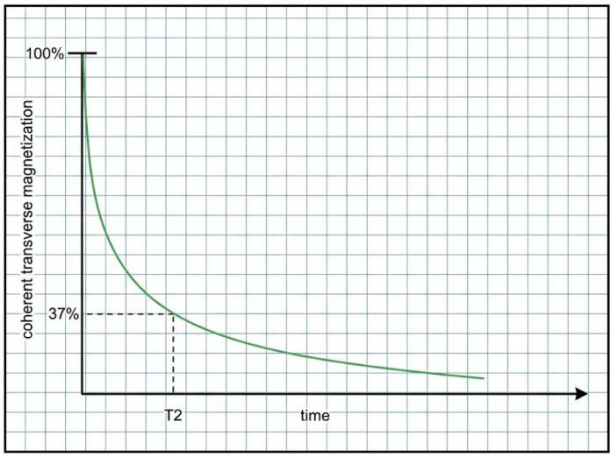


Figure I.14 — Courbe de décroissance T2.

I.6.2.4 La séquence FLAIR (Fluid-Attenuated Inversion Recovery)

La séquence FLAIR est une séquence d'imagerie par résonance magnétique (IRM) pondérée en T2 modifiée par une technique d'inversion-récupération. Elle est spécifiquement conçue pour supprimer le signal du liquide céphalo-rachidien (LCR) en utilisant un temps d'inversion adapté, ce qui permet d'améliorer significativement le contraste entre le LCR et les lésions cérébrales [12].

I.6.3. Comparaison des différentes séquences IRM

L'évaluation par IRM des tumeurs cérébrales ne repose jamais sur une séquence unique. Les séquences T1, T2 et FLAIR constituent le socle de l'IRM dans l'évaluation des tumeurs cérébrales et fournissent ensemble des informations complémentaires sur l'étendue tumorale, la composition tissulaire, l'œdème et le comportement biologique, essentielles pour le diagnostic, la planification chirurgicale et le suivi [13].

I.6.3.1 Différences de contraste et d'aspect du signal

Le principal critère de distinction entre les séquences est le comportement du liquide céphalo-rachidien (LCR). La séquence T1 donne une bonne différenciation entre la substance blanche et la substance grise, tandis que le LCR apparaît en noir. À l'inverse, en T2, le LCR apparaît brillant et la matière cérébrale plus sombre. En FLAIR, la substance grise apparaît plus brillante que la substance blanche, mais le LCR apparaît sombre , contrairement au T2- ce qui facilite la distinction entre le LCR et les anomalies pathologiques [14].

I.6.3.2 Rôle spécifique de chaque séquence dans la caractérisation tumorale

Chaque séquence apporte une information que les autres ne peuvent pas fournir seules:

- **T1 natif** : sert de référence anatomique. Il constitue le matériau d'analyse des tissus sains du cerveau lorsqu'aucun contraste n'est administré [15] .
- **T1ce (T1 avec contraste)** : révèle la rupture de la barrière hémato-encéphalique. Les agents de contraste à base de gadolinium raccourcissent les temps de relaxation T1 et augmentent le contraste tissulaire en accentuant les zones où l'agent de contraste a fui hors de la barrière hémato-encéphalique dans les tissus interstitiels. Cette rupture constitue une caractéristique visuelle clé des tumeurs [16] .
- **T2** : visualise l'œdème péritumoral et l'infiltration. Les séquences T2, sensibles à la teneur en eau des tissus, révèlent fréquemment une zone plus large d'anomalie péri-tumorale, représentant souvent une tumeur infiltrante non rehaussée [13].
- **FLAIR** : idéale pour les lésions proches des ventricules. La séquence FLAIR utilise une technologie de suppression de l'eau libre, rendant l'eau libre en signal faible (état d'œdème) et l'eau liée en signal élevé (zone non œdémateuse), et peut clairement montrer les lésions proches des ventricules ou du cortex, utile notamment dans le diagnostic des gliomes [10].

I.6.3.3 Complémentarité et usage combiné

L'utilisation simultanée de plusieurs séquences est indispensable pour une analyse tumorale complète. Une meilleure compréhension de l'anomalie est généralement obtenue par l'analyse combinée de différentes séquences IRM telles que T1, T1 post-contraste, T2 et FLAIR[15].

Cette complémentarité est d'autant plus importante dans les études de segmentation automatique : pour le flux de prétraitement, quatre séquences IRM sont nécessaires pour chaque patient : T1, T1ce, T2 et T2-FLAIR, chacune apportant une information distincte pour la segmentation des métastases rehaussées et de l'œdème hyperintense environnant [17].

Séquence	Signal du LCR	Signal tumoral	Point fort clinique
T1	Noir	Hypo/Iso-intense	Repères anatomiques, structure
T1ce	Noir	Hyperintense (rehaussé)	Détection du cœur tumoral actif
T2	Brillant	Hyperintense	Œdème, zone d'infiltration
FLAIR	Sombre (supprimé)	Hyperintense	Lésions périventriculaires et corticales

Tableau I.1 — Tableau récapitulatif des séquences IRM

I.6.4 Applications cliniques

Les IRM utilisées pour l'exploration de nombreuses structures anatomiques et pathologies. Elles sont particulièrement efficaces pour l'étude du système nerveux central, permettant de détecter des tumeurs, des accidents vasculaires cérébraux, des traumatismes et des maladies dégénératives. Elles sont également utilisées pour analyser les muscles, les ligaments, les articulations et les os afin de diagnostiquer des lésions, de l'arthrite ou des tumeurs. Dans le domaine cardiovasculaire, elles permettent l'évaluation du cœur, des vaisseaux sanguins et de la circulation sanguine. Elles sont aussi utilisées pour l'exploration des organes abdominaux tels que le foie, les reins, le pancréas et la rate. Enfin, l'IRM joue un rôle complémentaire dans le dépistage du cancer du sein, notamment chez les patientes présentant des tissus mammaires denses [8].

I.6.5 Rôle de l'IRM dans le diagnostic des gliomes

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est considérée comme la méthode la plus performante pour la détection et l'évaluation des tumeurs cérébrales, en raison de ses nombreux avantages par rapport aux autres techniques d'imagerie. Elle offre un excellent contraste des tissus mous, ce qui permet de distinguer avec précision les différentes structures du cerveau et de détecter des anomalies subtiles telles que les tumeurs, parfois invisibles avec d'autres méthodes. Grâce à sa haute résolution, l'IRM fournit des images détaillées qui permettent de localiser avec précision la tumeur, d'en évaluer la taille, la forme ainsi que son impact sur les tissus environnants. De plus, contrairement au scanner, l'IRM n'utilise pas de rayonnements

ionisants, ce qui en fait une technique plus sûre, notamment pour les patients nécessitant des examens répétés.

Par ailleurs, l'IRM permet d'obtenir des images selon plusieurs plans (axial, coronal et sagittal), offrant ainsi une vision globale et tridimensionnelle de la tumeur et de sa relation avec les structures voisines, ce qui est essentiel pour la planification du traitement, en particulier chirurgical. L'utilisation d'agents de contraste améliore également la visibilité des lésions, facilitant la détection même des tumeurs de petite taille. En outre, l'IRM fonctionnelle permet d'évaluer l'activité cérébrale et d'identifier les zones fonctionnelles affectées par la tumeur.

L'IRM se distingue également par sa capacité à détecter des tumeurs de petite taille ou de bas grade avec une sensibilité supérieure à celle du scanner, tout en produisant moins d'artefacts, notamment ceux liés aux structures osseuses. Enfin, elle intègre des techniques avancées telles que l'imagerie de diffusion, qui aide à différencier les tissus tumoraux des tissus sains, l'imagerie de perfusion, qui permet d'évaluer la vascularisation et l'agressivité de la tumeur, ainsi que la spectroscopie par résonance magnétique, qui analyse la composition chimique de la lésion. L'ensemble de ces caractéristiques fait de l'IRM un outil indispensable pour le diagnostic, la caractérisation et la prise en charge des tumeurs cérébrales [18]

I.6.6 Avantages

L'IRM présente plusieurs avantages importants. Elle ne fait pas appel aux rayonnements ionisants, ce qui la rend plus sûre que les techniques comme la radiographie ou le scanner.

Elle offre une excellente résolution des tissus mous, permettant une analyse détaillée des muscles, tendons, ligaments et organes internes. Elle permet également des acquisitions dans plusieurs plans, facilitant une meilleure compréhension anatomique [8]

1.6.7 Limites

Cependant, l'IRM présente certaines limites. Elle est coûteuse et nécessite des équipements sophistiqués, ce qui peut limiter son accessibilité dans certains centres.

La durée de l'examen est souvent plus longue que celle du scanner ou de la radiographie. De plus, certains patients peuvent ressentir une gêne ou une claustrophobie lors de l'examen [8].

I.7 Conclusion

Ce chapitre a établi les fondements théoriques nécessaires à la compréhension du travail présenté dans ce mémoire. L'étude de l'anatomie cérébrale, la classification OMS des tumeurs (grades I à IV) et l'analyse des séquences IRM ont mis en évidence la complexité des lésions tumorales et la complémentarité indispensable des modalités d'imagerie. L'IRM demeure l'outil de référence pour la détection, la caractérisation et le suivi des tumeurs cérébrales. La combinaison des séquences T1, T1ce, T2 et FLAIR offre une vision multimodale complète de la lésion, constituant ainsi une base solide pour toute approche diagnostique automatisée.

Le chapitre suivant se consacre aux méthodes de segmentation des tumeurs cérébrales, des approches conventionnelles aux architectures d'apprentissage profond, ainsi qu'aux techniques de radiomique et de clustering pour la caractérisation des lésions**.**

Chapitre II : Techniques de Segmentation et de Caractérisation des Gliomes

II.1 Introduction

Les tumeurs cérébrales représentent l'une des pathologies les plus sévères du système nerveux central, en raison de leur localisation délicate, de leur hétérogénéité morphologique et de la diversité des réponses thérapeutiques qu'elles induisent. Leur prise en charge clinique repose en grande partie sur l'imagerie par résonance magnétique (IRM), qui demeure à ce jour la modalité de référence pour la détection, la délinéation et le suivi évolutif des lésions [19].

La segmentation précise de ces tumeurs constitue une étape préalable indispensable à toute analyse quantitative. Longtemps réalisée manuellement par des experts, cette tâche souffre d'une variabilité inter-observateur notable et d'un coût en temps considérable, ce qui a motivé le développement de méthodes automatisées — allant des approches conventionnelles de traitement d'image aux architectures d'apprentissage profond [20].

En complément de la segmentation, la radiomique offre un cadre méthodologique permettant d'extraire, à partir des images médicales, des descripteurs quantitatifs invisibles à l'œil nu. Associée à des techniques de clustering non supervisé, elle permet d'identifier des sous-groupes tumoraux aux profils distincts, ouvrant des perspectives prometteuses pour la stratification pronostique et l'aide à la décision thérapeutique [21].

Ce chapitre présente une revue structurée de ces deux axes. Nous examinons successivement les principales approches de segmentation des tumeurs cérébrales, puis les fondements de la radiomique et les méthodes de clustering associées. Nous clôturons par un tableau comparatif des travaux récents et une identification des lacunes auxquelles ce travail se propose de répondre.

II.2 Approches de Segmentation des Tumeurs Cérébrales

La segmentation des tumeurs cérébrales constitue une étape fondamentale dans l’analyse des images d’IRM, car elle permet d’isoler automatiquement ou semi-automatiquement les régions pathologiques à partir des tissus cérébraux sains. Cette opération est essentielle pour la quantification de la tumeur, la planification thérapeutique, le suivi de l’évolution clinique et l’extraction ultérieure de caractéristiques radiomiques. Cependant, la segmentation des lésions cérébrales reste une tâche complexe en raison de la variabilité importante des tumeurs en termes de taille, de forme, de localisation et de texture, ainsi que de l’intensité souvent similaire entre les tissus tumoraux et les tissus normaux [22].

D'un point de vue historique, les premières approches de segmentation reposaient sur des méthodes conventionnelles de traitement d'image. Ces techniques ont longtemps constitué la base des systèmes de segmentation médicale, avant l'apparition des approches d'apprentissage automatique puits profond. Elles présentent l'avantage d'être simples, rapides et interprétables, mais elles montrent des limites importantes lorsqu'elles sont confrontées au bruit, à l'inhomogénéité d'intensité et à l'aspect hétérogène des tumeurs cérébrales. Dans la littérature récente, les méthodes traditionnelles sont encore étudiées soit comme solutions de base, soit comme composantes de pipelines hybrides plus robustes [23].

II.2.1 Méthodes conventionnelles

Les méthodes conventionnelles de segmentation constituent les approches historiques les plus utilisées en traitement d'images médicales. Elles reposent sur des critères simples tels que l'intensité, la connexité spatiale, la forme des régions ou les relations morphologiques entre les pixels. Dans le cadre de la segmentation des tumeurs cérébrales en IRM, ces méthodes ont longtemps servi de base à la détection automatique ou semi-automatique, car elles sont faciles à implémenter, rapides à exécuter et interprétables. Toutefois, leur efficacité dépend fortement de la qualité de l'image, du contraste entre les tissus et du choix des paramètres [24].

- **Le seuillage**

  Le seuillage (thresholding) une méthode de segmentation simple basée sur la comparaison de l'intensité des pixels à une valeur seuil pour isoler les régions d'intérêt, on peut définir l'image segmentée *S(x,y)* par : [25]

$$S(x,y)=\{1, \text{ si } I(x,y)\geq T$$
$$0, \text{ si } I(x,y)<T \} \qquad (2.1)$$

Où *I(x,y)* représente l'intensité du pixel dans l'image source.

Le seuillage global est rapide mais peu adapté aux variations d'éclairage des IRM ; la méthode d'Otsu calcule un seuil optimal[26].

Le seuillage détecte rapidement les tumeurs cérébrales, mais reste limité et sert surtout de prétraitement [27].

- **Croissance de région**

  La croissance de région est une méthode de segmentation qui regroupe les pixels voisins similaires à partir de pixels graines selon leur intensité. [28].

Si R désigne la région en cours de construction, un pixel voisin p est ajouté à R si

$$| I(p) - \mu R | \leq \alpha \qquad (2.2)$$

où I (p) est l'intensité du pixel voisin, μR est la moyenne d'intensité de la région courante et α un seuil de tolérance [29].

La croissance de région est une méthode itérative qui étend une région en ajoutant les pixels voisins similaires, efficace pour segmenter des structures homogènes peu bruitées.[30]

Cependant La croissance de région est intuitive mais sensible au choix des graines, au bruit et aux variations d'intensité, pouvant causer une sous- ou sur-segmentation. [29]

- **Morphologie mathématique**

La morphologie mathématique utilise des opérations géométriques comme l'érosion, la dilatation, l'ouverture et la fermeture pour analyser les formes dans une image[31].

Érosion : réduit les objets et supprime les petites structures.

$$A \ominus B = \{z \mid Bz \subseteq A\} \quad (2.3)$$

Dilatation : agrandit les régions et comble les trous.

$$A \oplus B = \{ z \mid B^z \cap A \neq \emptyset \} \quad (2.4)$$

Ouverture : supprime les petits artefacts et lisse les contours.

$$A \circ B = (A \ominus B) \oplus B \qquad (2.5)$$

Fermeture : comble les discontinuités et homogénéise les contours.

$$A \cdot B = (A \oplus B) \ominus B \qquad (2.6)$$

En segmentation des tumeurs cérébrales, la morphologie mathématique est surtout utilisée en post-traitement pour corriger les masques, combler les discontinuités et améliorer les contours [25].

- **Clustering**

Le clustering est une méthode non supervisée qui regroupe les pixels similaires pour segmenter automatiquement les structures cérébrales, notamment avec **K-means** et **FCM**.

Dans **K-means**, les données sont partitionnées en **k groupes** en minimisant la distance intra-classe[32] :

$$J = \sum_{i}^{=1k} \sum_{xj} \in C_i \left\| x_j - \mu_i \right\|^2 \quad (2.7)$$

Où xj représente un pixel, Ci le cluster i, et μi le centroïde du cluster. **K-means** est simple et rapide, mais sensible à l'initialisation et au choix de **k**, tandis que **FCM (**Fuzzy C-Means**)** gère mieux les frontières floues des tumeurs, malgré sa sensibilité au bruit [33]

- **Détection de contours**

La détection de contours identifie les variations brusques d'intensité pour extraire les frontières des structures, mais reste limitée lorsque les contours tumoraux sont flous[24].

La détection de contours repose sur le calcul du gradient de l'image, qui mesure les variations d'intensité :

$$\nabla I=(\partial I /\partial x ,\partial I/ \partial y) \quad (2.8)$$

et sa norme :

$$|\nabla I|=\sqrt{\left(\frac{\partial I}{\partial x}\right)^2 + \left(\frac{\partial I}{\partial y}\right)^2} \quad (2.9)$$

permet d'utilise des opérateurs comme Sobel, Prewitt et Canny pour mettre en évidence les bords de l'image, Canny offrant les résultats les plus précis[34].

En IRM cérébrale, la détection de contours est peu fiable à cause du faible contraste et sert surtout au raffinement [25]

- **Théorie des graphes**

Les méthodes basées sur les graphes segmentent l'image en régions cohérentes en tenant compte à la fois des intensités des pixels et de leur organisation spatiale [35] .

Si *G=(V,E)* désigne le graphe, où V représente les sommets et E les arêtes pondérées par Wij, la segmentation consiste à trouver une coupe optimale minimisant un critère de coût [36]

$$\mathrm{Cut}(A, B) = \sum_{i \in A,\ j \in B} \mathrm{Wij} \quad (2.10)$$

où A et B sont deux sous-ensembles de nœuds. Les graph cuts permettent d'obtenir des régions cohérentes en intégrant des informations globales et spatiales, mais leur coût de calcul est élevé, notamment pour les images 3D [36].

- **Champs aléatoires de Markov**

Les champs aléatoires de Markov, ou MRF (Markov Random Fields) sont des modèles probabilistes qui améliorent la segmentation en tenant compte à la fois des intensités des pixels et des relations de voisinage, ce qui les rend robustes au bruit et aux frontières floues des images IRM, [37]

Mathématiquement, si X représente l'image observée et Y l'ensemble des étiquettes, la segmentation revient souvent à maximiser la probabilité a posteriori : [38]

$$\hat{Y} = arg\ max_Y\ P(Y \mid X) \quad (2.11)$$

En utilisant le théorème de Bayes, on peut écrire :

$$P(Y \mid X) \propto P(X \mid Y)P(Y) \qquad (2.12)$$

où P(Y|X) représente la probabilité a posteriori et P(Y) la probabilité a priori, utilisée pour imposer une cohérence spatiale entre les étiquettes voisines.

Les MRF, notamment le HMRF, améliorent la segmentation tumorale en combinant l'information d'intensité et la cohérence spatiale, ce qui les rend plus robustes au bruit et aux variations d'intensité[39] [40].

II.2.2.1 Limitations des méthodes de segmentation traditionnelles

Les méthodes traditionnelles de segmentation présentent plusieurs limites lorsqu'elles sont appliquées aux images IRM cérébrales. Elles reposent souvent sur des hypothèses simples, comme l'homogénéité d'intensité, la continuité des contours ou la similarité locale entre pixels, alors que les images cérébrales réelles sont souvent bruitées, hétérogènes et marquées par des frontières floues. Dans le cas des tumeurs cérébrales, ces difficultés sont encore plus importantes, car les lésions peuvent présenter des formes irrégulières, des intensités proches des tissus sains et des zones internes très variables[41].

Une première limite concerne la sensibilité au bruit et aux variations d'intensité. Le seuillage, la croissance de région et la détection de contours dépendent fortement des niveaux de gris, ce qui les rend peu robustes lorsque l'IRM présente des effets d'inhomogénéité ou de faible contraste. Comme l'ont montré des travaux sur la segmentation cérébrale, les approches fondées uniquement sur les niveaux radiométriques ont des limites pour distinguer correctement plusieurs classes de tissus, en particulier lorsque les frontières entre régions sont imprécises[42] .

Une deuxième limite est liée à la dépendance aux paramètres manuels. Dans les approches classiques, il faut souvent choisir un seuil, des graines, un élément structurant ou un nombre de clusters. Ces choix influencent fortement le résultat final et réduisent la reproductibilité de la méthode d'une image à l'autre. Cela signifie que l'algorithme peut fonctionner correctement dans un cas précis, mais échouer dans un autre cas sans ajustement supplémentaire.

Une troisième limite importante est le manque de prise en compte du contexte spatial global. Plusieurs méthodes traditionnelles traitent les pixels de manière locale ou quasi locale, ce qui ne suffit pas toujours pour segmenter des structures anatomiques complexes comme les tumeurs cérébrales. Même lorsqu'elles intègrent une régularisation spatiale, comme les champs de Markov ou certaines approches morphologiques, leur capacité à modéliser la diversité des formes et des textures tumorales reste limitée[39] .

Enfin, ces méthodes sont souvent moins généralisables que les approches modernes. Elles peuvent donner de bons résultats sur certaines acquisitions, mais leur performance chute lorsque les protocoles d'imagerie changent, que la qualité des images varie ou que la tumeur présente des caractéristiques atypiques. C'est pour cette raison que la littérature récente souligne le passage progressif vers des méthodes plus robustes, fondées sur l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond[43].

II.2.2 Méthodes de segmentation par Apprentissage Automatique

L'apprentissage automatique *(Machine Learning - ML)* est une branche de l'intelligence artificielle qui permet aux systèmes d'apprendre à partir des données en identifiant des modèles et des relations. Contrairement aux approches traditionnelles basées sur des règles prédéfinies, les modèles de ML apprennent à partir d'exemples et améliorent leurs performances au fil du temps (Figure II.1) [46].

Cette technologie permet de développer rapidement des modèles capables d'analyser de grandes quantités de données et d'en extraire des informations pertinentes avec précision, notamment dans le domaine de la santé, à partir de diverses sources telles que les dossiers médicaux électroniques, les bases de données, les applications mobiles, les smartphones, les capteurs et les objets connectés. [47] [48][49].

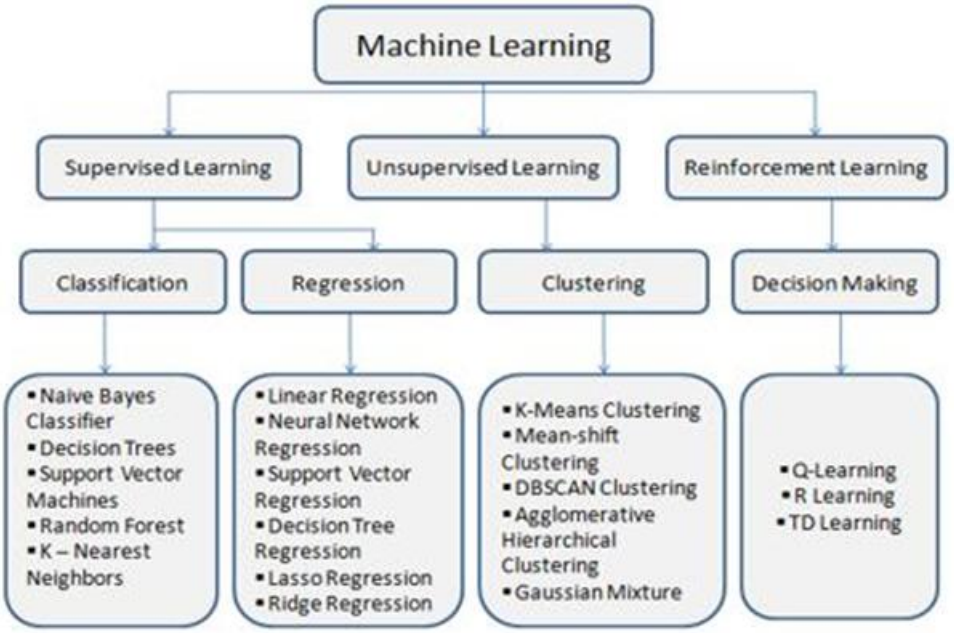


Figure II.1 — Principaux types d'apprentissage automatique.

L'apprentissage automatique comprend principalement trois types : l'apprentissage supervisé, l'apprentissage non supervisé et l'apprentissage semi-supervisé.

1. Apprentissage supervisé

L'apprentissage supervisé est une méthode où le modèle apprend à partir de données avec des réponses connues pour pouvoir prédire de nouvelles données. Il existe deux types principaux, la classification pour prédire une catégorie et la régression pour prédire une valeur numérique[50].

2. Apprentissage non supervisé

L'apprentissage non supervisé utilise des données non étiquetées pour découvrir automatiquement des motifs cachés (figureII.2). Sa principale technique est le **clustering**, qui regroupe les données similaires selon leurs caractéristiques [51].

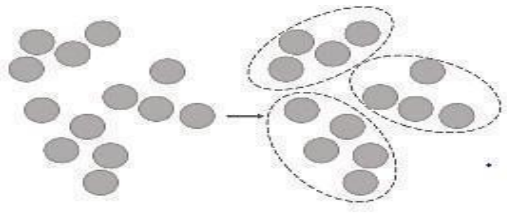


Figure II.2 — Schéma de l'apprentissage non supervisé.

3. L'apprentissage semi-supervisé

L'apprentissage semi-supervisé combine des données étiquetées et non étiquetées pour entraîner un modèle (Figure II.3). Il améliore les performances tout en réduisant le besoin d'annotations, particulièrement dans des domaines comme l'imagerie médicale[52].

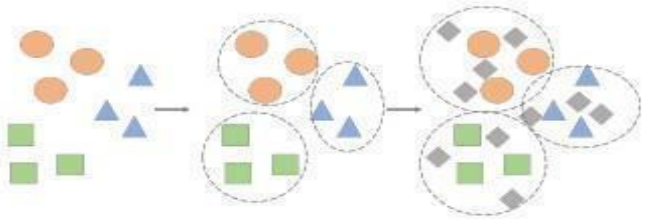


Figure II.3— Schéma de l'apprentissage semi-supervisé.

a) Support Vector Machine (SVM)

Le Support Vector Machine (SVM) est un algorithme d'apprentissage supervisé de classification qui cherche l'hyperplan séparant au mieux les classes. Il offre une bonne précision et utilise des fonctions noyau pour traiter des données complexes et de grande dimension[53][54].

b) Bayes Naïf (NB)

Le classifieur Bayes Naïf est une approche probabiliste fondée sur le théorème de Bayes, supposant l'indépendance conditionnelle entre les caractéristiques (d'où l'adjectif « naïf »). Il prédit les résultats futurs à partir de données passées et de connaissances a priori. Sa simplicité d'implémentation et son efficacité computationnelle en font un choix populaire pour la classification de texte, même si la stricte indépendance des caractéristiques n'est pas toujours vérifiée en pratique.[53][55]

c) Arbres de décision (DT)

Un arbre de décision représente les données sous forme d'une structure arborescente composée d'un nœud racine, de nœuds internes (points de décision intermédiaires) et de nœuds feuilles (résultats finaux). L'algorithme apprend à partir d'exemples étiquetés en organisant les données selon une séquence hiérarchique de décisions. Les algorithmes les plus utilisés incluent ID3, C4.5 et CART. Les arbres de décision sont particulièrement utiles en classification de texte, diagnostic médical et analyse comportementale[56][57] .

d) Régression linéaire

La régression linéaire est une méthode statistique visant à modéliser la relation entre une variable dépendante Y et un ensemble de variables indépendantes X_1 à X_n. Le modèle s'exprime formellement sous la forme

$$Y = \beta_0 + \beta_1 X_1 + \ldots + \beta_n X_n + \varepsilon \quad (2.13)$$

Où β_0 est l'interception, β_1 à β_n sont les coefficients de régression et ε est le terme d'erreur. L'objectif est de déterminer les coefficients qui minimisent l'erreur quadratique entre les valeurs prédites et les valeurs réelles [58].

e) K-Nearest Neighbors (KNN)

L'algorithme KNN est un classificateur basé sur les exemples, dans lequel une nouvelle observation est classée en fonction de la catégorie majoritaire parmi ses K plus proches voisins dans l'espace des caractéristiques. La similarité est mesurée via diverses métriques de distance : euclidienne, Manhattan, Minkowski ou Chebyshev. Le choix de K est crucial : une valeur trop petite entraîne un surapprentissage, tandis qu'une valeur trop grande peut réduire la performance du classifieur[59].

f) K-Means Clustering

L'algorithme K-Means est l'une des méthodes de clustering les plus utilisées en apprentissage non supervisé. Son objectif est de partitionner un ensemble de données en K groupes (clusters) de manière à minimiser la distance entre les points d'un même cluster et leur centre appelé centroïde. L'algorithme fonctionne de manière itérative : il initialise d'abord les centroïdes, puis assigne chaque observation au cluster le plus

proche avant de recalculer les nouveaux centroïdes jusqu'à convergence. K-Means est apprécié pour sa simplicité, sa rapidité d'exécution et son efficacité sur les données de grande dimension. Il est largement utilisé dans la segmentation d'images, l'analyse de données biomédicales et la détection de motifs cachés [60][61].

g) Clustering Hiérarchique

Le clustering hiérarchique est une méthode de regroupement qui construit une hiérarchie de clusters sous forme d'arbre appelé dendrogramme. Deux approches principales existent : l'approche agglomérative, qui fusionne progressivement les groupes les plus proches, et l'approche divisive, qui subdivise récursivement les clusters. Contrairement à K-Means, cette méthode ne nécessite pas de fixer à l'avance le nombre de clusters. Elle permet une visualisation intuitive des relations entre les données et trouve des applications importantes en bioinformatique, classification génétique et analyse d'images médicales[62].

h) Analyse en Composantes Principales (PCA)

L'Analyse en Composantes Principales (ACP ou PCA – Principal Component Analysis) est une technique de réduction de dimension largement utilisée pour simplifier les jeux de données complexes tout en conservant la majorité de l'information pertinente. Elle transforme les variables initiales corrélées en un nouvel ensemble de variables non corrélées appelées composantes principales. Cette méthode facilite la visualisation des données, réduit le coût computationnel et améliore parfois les performances des modèles d'apprentissage automatique. En imagerie médicale, la PCA est fréquemment utilisée pour réduire la dimension des caractéristiques extraites des images IRM et éliminer les redondances[63].

i) DBSCAN

DBSCAN (Density-Based Spatial Clustering of Applications with Noise) est un algorithme de clustering basé sur la densité. Il regroupe les points situés dans des régions denses tout en identifiant les points isolés comme du bruit (outliers). Contrairement à K-Means, DBSCAN ne nécessite pas de spécifier le nombre de clusters à l'avance et peut détecter des clusters de formes arbitraires. Cette méthode est particulièrement efficace pour les données bruitées et les ensembles complexes, notamment dans l'analyse spatiale, la vision par ordinateur et l'imagerie médicale [64].

j) Réseaux de Neurones Artificiels (ANN)

Les réseaux de neurones artificiels (ANN) sont des modèles d'apprentissage inspirés du fonctionnement du cerveau humain. Ils sont composés de neurones artificiels interconnectés qui reçoivent, traitent et transmettent des informations. Chaque neurone calcule une somme pondérée des entrées puis applique une fonction d'activation pour produire une sortie. Lors de l'apprentissage, les poids des connexions sont ajustés afin de réduire les erreurs et d'améliorer les performances du modèle. Les ANN constituent la base de nombreuses applications modernes d'intelligence artificielle[67][68].

II.2.3Approche de segmentation par apprentissage Profond

L'apprentissage profond (Le Deep Learning) est une branche du Machine Learning basée sur des réseaux de neurones à plusieurs couches. Il permet d'apprendre automatiquement des caractéristiques complexes à partir des données et est largement utilisé en reconnaissance d'images, traitement du langage naturel et analyse prédictive. Faisant partie du Machine Learning, lui-même inclus dans l'IA, le Deep Learning est à la base de nombreuses applications modernes dans des domaines comme la santé, la finance et le divertissement.[44][65].

a) Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN)

Les **réseaux de neurones convolutifs (CNN)** sont des architectures de **Deep Learning** spécialement conçues pour le traitement des images. Ils exploitent la structure spatiale des images grâce à des opérations de **convolution**, ce qui permet de détecter des caractéristiques locales tout en réduisant le nombre de paramètres (Figure II.4).

Un CNN est composé de couches convolutionnelles, de normalisation, de **pooling** et de couches entièrement connectées pour la classification. Les premières couches détectent des éléments simples comme les contours, tandis que les couches profondes identifient des formes plus complexes et des objets[69].

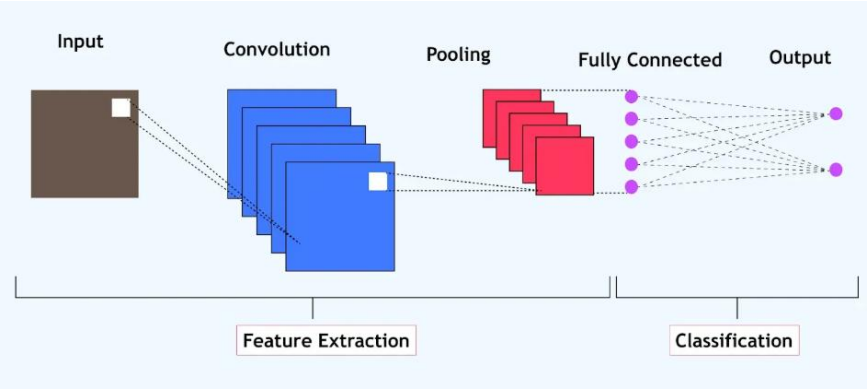


Figure II.4 — Architecture CNN en apprentissage profond.

b) DenseNet-121

Le **DenseNet-121** est un réseau de neurones convolutifs appartenant à la famille des **DenseNet**. Il repose sur des connexions denses où chaque couche reçoit les sorties de toutes les couches précédentes et transmet les siennes aux suivantes via une concaténation. Cette structure améliore la circulation de l'information, réduit le problème du gradient qui disparaît et rend l'entraînement plus efficace. Avec ses 121 couches, il est utilisé dans des domaines comme l'analyse d'images médicales et génomiques, aux côtés d'architectures comme **VGG-19** ou **Inception v3** (Figure II.5)[70].

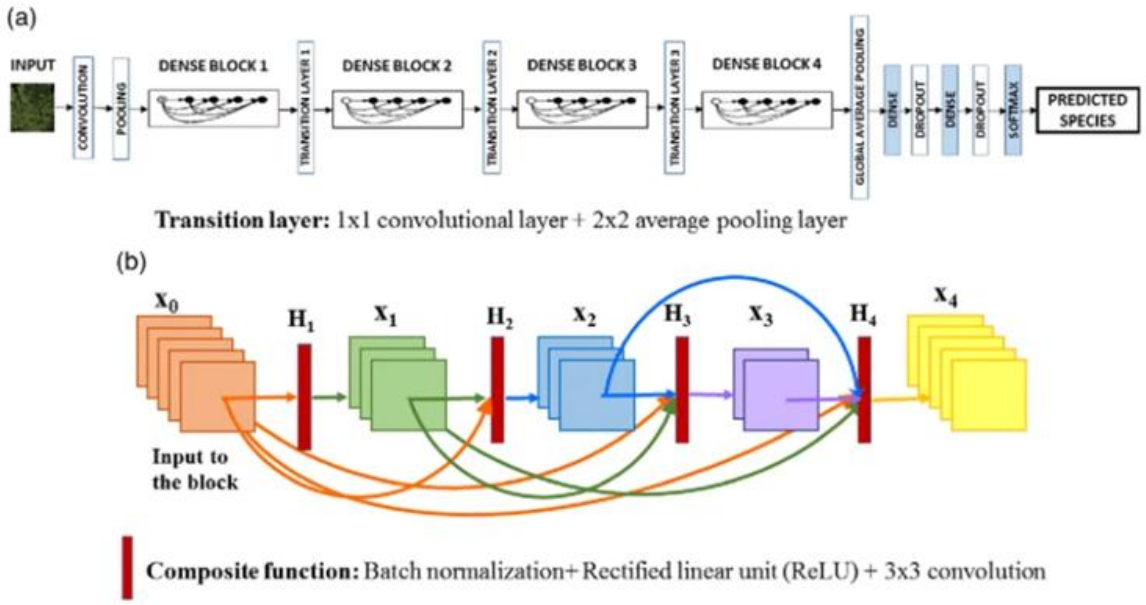


Figure II.5— Structure du modèle DenseNet-121.

c) U-NET :

U-Net est une architecture de réseau de neurones convolutifs conçue pour la segmentation d'images biomédicales. Elle doit son nom à sa forme en U, composée de deux parties symétriques : un encodeur et un décodeur [72].

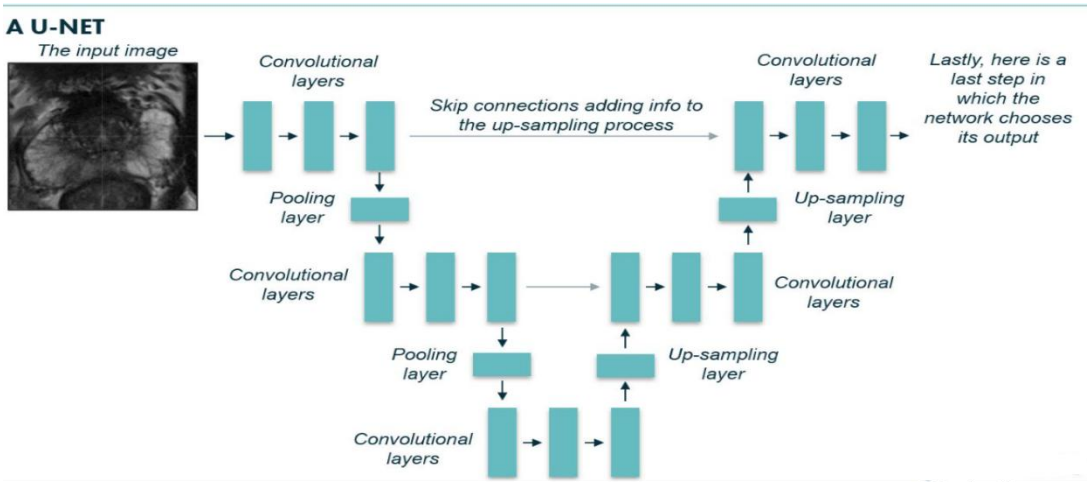


Figure II.6 — Architecture U-Net avec encodeur, décodeur et skip connections.

L'**encodeur** est formé de blocs convolutionnels (convolution 3×3 + ReLU + max-pooling) qui réduisent progressivement la taille de l'image tout en augmentant le nombre de caractéristiques, ce qui permet d'extraire des informations de plus en plus abstraites. Le **décodeur**, lui, reconstruit l'image en augmentant progressivement la résolution à l'aide d'upsampling ou de convolutions transposées.

Les **skip connections** relient l'encodeur au décodeur afin de conserver les détails fins perdus lors de la réduction de dimension, ce qui améliore la précision de la segmentation. Enfin, une convolution 1×1 suivie d'un Softmax permet de classer chaque pixel, produisant une carte de segmentation où chaque pixel appartient à une classe. U-Net est ainsi très efficace pour des tâches comme la segmentation des tumeurs cérébrales en IRM (Figure II.6)[71][72].

d) Réseaux de Neurones Récurrents (RNN)

Les réseaux de neurones récurrents (RNN) se distinguent des ANN classiques par leur architecture unique intégrant des boucles de rétroaction, permettant à l'information de se propager à travers différents pas de temps. Chaque nœud est connecté non seulement aux nœuds du pas de temps actuel, mais aussi à lui-même aux étapes précédentes, formant une séquence temporelle. Cette structure permet aux RNN de conserver une « mémoire » des entrées passées, les rendant particulièrement adaptés au traitement des données séquentielles[45].

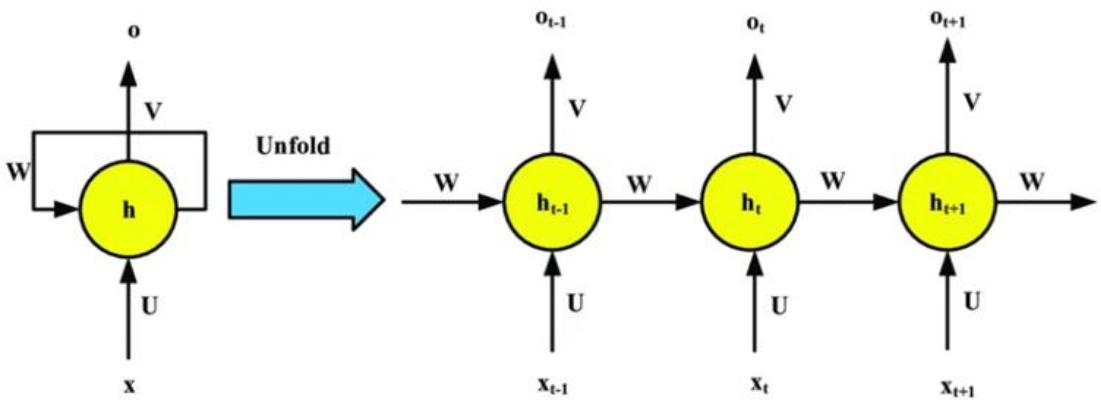


Figure II.7 — Architecture déroulée d'un réseau de neurones récurrent (RNN)

Dans l'architecture d'Elman, la sortie au temps t est influencée à la fois par l'entrée actuelle et par la sortie précédente au temps t−1. Cette structure permet de capturer des dépendances temporelles, ce qui en fait des outils efficaces pour des tâches impliquant des séries temporelles, la reconnaissance vocale et le traitement du langage naturel. Cependant, en raison de leur nature récurrente, les RNN peuvent rencontrer des problèmes de gradients qui disparaissent ou explosent, ce qui affecte l'apprentissage des dépendances à long terme(Figure II.7) [45].

e)Apprentissage par Transfert (Transfer Learning)

L'apprentissage par transfert (Transfer Learning) est une méthode qui consiste à réutiliser un modèle déjà entraîné sur une tâche similaire afin d'améliorer l'apprentissage d'une nouvelle tâche avec moins de données et moins de calculs [73].

En pratique, l'apprentissage par transfert consiste à réutiliser un modèle pré-entraîné puis à l'adapter à une nouvelle tâche par fine-tuning Son efficacité dépend de la similarité entre les domaines source et cible [73].

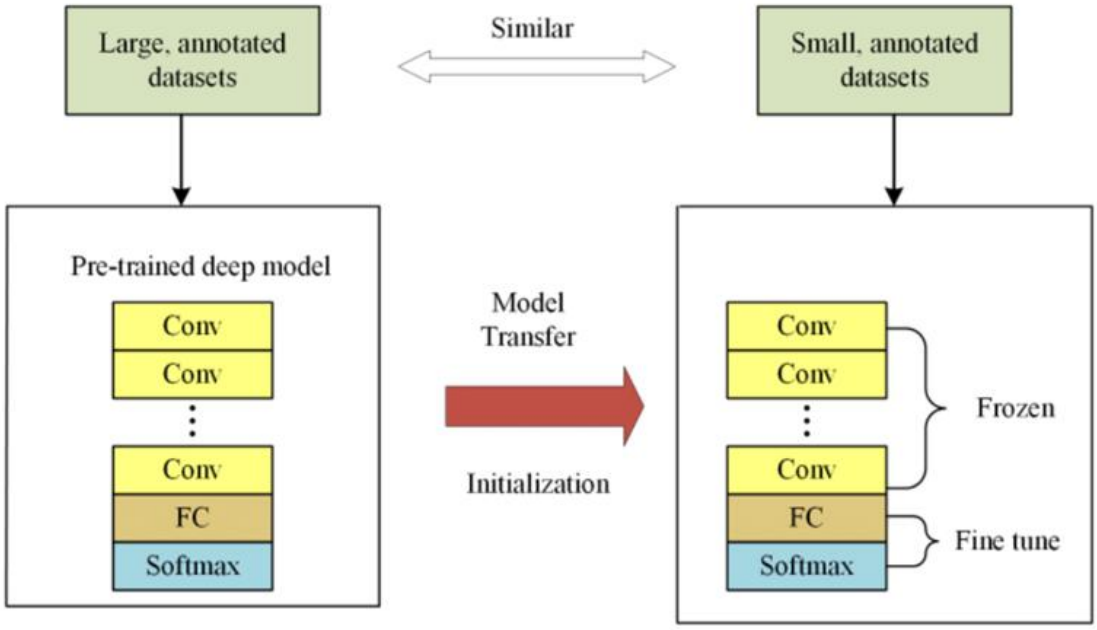


Figure II.8— Processus de Transfer Learning et Fine-Tuning.

En imagerie médicale, le **Transfer Learning** permet d'utiliser des modèles pré-entraînés (comme **DenseNet-121, VGG-19, Inception v3** ou **ResNet**) puis de les adapter aux tâches médicales. Cette approche améliore les performances malgré la faible quantité de données annotées (Figure II.8)[70][73].

II.4. Radiomique et Clustering pour l'Analyse Tumorale

La radiomique consiste à extraire des caractéristiques quantitatives des images médicales pour décrire précisément les tumeurs. Elle aide à la classification, la segmentation et la prédiction clinique en fournissant une analyse plus objective que l'évaluation visuelle [74]

D'un point de vue méthodologique, la radiomique comprend l'acquisition de l'image, la segmentation, l'extraction des caractéristiques et leur analyse. Le clustering permet ensuite d'identifier des groupes similaires de patients ou de régions tumorales sans étiquettes préalables.

II.4.1Définition et catégories de caractéristiques radiomiques

Les caractéristiques radiomiques sont des descripteurs quantitatifs extraits des images médicales et calculés sur des régions d'intérêt, comme la tumeur, l'œdème ou le noyau tumoral. Elles permettent de capturer plusieurs aspects de la lésion, notamment sa forme, son intensité,

sa texture et parfois sa dynamique temporelle lorsqu'on dispose d'imagerie multi-temporelle[75].

On distingue généralement trois grandes catégories de caractéristiques radiomiques de base :

- ★ **Caractéristiques de forme :** elles décrivent la géométrie et la morphologie de la tumeur, comme le volume, la surface, la compacité ou la sphéricité[79].
- ★ **Caractéristiques de premier ordre :** elles résument la distribution des intensités dans la région étudiée, par exemple la moyenne, la variance, l'asymétrie, l'aplatissement ou l'entropie histogrammique.
- ★ **Caractéristiques de texture :** elles décrivent les relations spatiales entre intensités voisines et permettent de quantifier l'hétérogénéité interne de la tumeur. Elles sont souvent calculées à l'aide de matrices comme la gray-level co-occurrence matrix (GLCM), la GLRLM ou la GLSZ[78].

Ces caractéristiques sont complémentaires, car elles décrivent à la fois la taille, le contenu et la structure de la tumeur. Dans les tumeurs cérébrales, l'hétérogénéité radiomique peut être liée au grade, à l'agressivité et à la réponse au traitement[76].

II.4.2Méthodes de clustering appliquées à la radiomique

Le clustering est une technique d'apprentissage non supervisé qui regroupe les observations selon leur similarité dans l'espace des caractéristiques. En radiomique, il permet d'identifier des sous-types d'images ou de patients partageant des profils quantitatifs proches, ce qui peut révéler des signatures cliniquement pertinentes. Parmi les méthodes les plus courantes figurent K-means, le Gaussian Mixture Model (GMM) et le clustering hiérarchique[77] .

II.4.2.1 K-Means

K-means est l'une des méthodes de clustering les plus simples et les plus utilisées. Son objectif est de partitionner les données en k groupes de manière à minimiser la variance intra-classe. L'objectif mathématique s'écrit :

$$J = \sum_{i=1}^{K} \sum_{Xj \in Ci} \| xj - \mu i \|^2 \qquad (2.14)$$

où *Ci* est le cluster *i* , *Xi* un vecteur de caractéristiques radiomiques, et μi le centroïde du cluster[80].

K-Means alterne entre l'affectation des données aux clusters et la mise à jour des centroïdes jusqu'à convergence. En radiomique, il sert à identifier des groupes aux profils similaires, mais nécessite de fixer le nombre de clusters à l'avance et dépend de l'initialisation[76].

II.4.2.2 Gaussian Mixture Model

Le Gaussian Mixture Model ou GMM suppose que les données proviennent d'un mélange de plusieurs distributions gaussiennes. Chaque observation a une probabilité d'appartenance à chaque composante, ce qui rend la méthode probabiliste et plus souple que K-means. Le modèle s'écrit sous la forme [77] :

$$p(x) = \sum_{k=1}^{K} \pi_k \, N(x \mid \mu_k, \Sigma_k) \quad (2.15)$$

où πk est le poids de la composante *k*, μk sa moyenne, et Σk sa matrice de covariance.

En radiomique, le GMM permet de regrouper des données dont les caractéristiques se chevauchent, ce qui est adapté à l'analyse tumorale. Son principal inconvénient est sa dépendance au nombre de composantes et à l'estimation des paramètres par l'algorithme EM [76].

II.4.2.3 Clustering hiérarchique

Le clustering hiérarchique construit une hiérarchie de groupes par fusion (agglomératif) ou division (divisif) des données. Il regroupe progressivement les observations les plus proches selon une mesure de distance.

Le clustering hiérarchique regroupe les données selon une matrice de distances et représente les résultats par un dendrogramme, permettant de choisir le nombre de groupes. Il est apprécié pour son interprétabilité visuelle, mais peut être coûteux en calcul pour de grands ensembles de données[81].

II.5. Travaux récents combinant radiomique et clustering

Les travaux récents en radiomique ont montré que le clustering constitue un outil pertinent pour explorer l'hétérogénéité tumorale à partir des caractéristiques extraites des images IRM. Dans le cas des tumeurs cérébrales, cette approche permet d'identifier des sous-groupes radiomiques susceptibles de correspondre à des sous-types biologiques, à des profils pronostiques différents ou à des signatures associées à des mutations particulières. L'intérêt de

ces travaux réside dans leur capacité à dépasser l'analyse visuelle classique en exploitant une description quantitative et non supervisée des lésions[65][82][83].

Plusieurs études récentes ont utilisé des méthodes de consensus clustering ou de clustering hiérarchique sur des caractéristiques radiomiques extraites d'IRM cérébrales. Par exemple, des travaux sur le glioblastome ont montré que le clustering radiomique pouvait révéler des sous-types cliniquement pertinents et associés à des différences de survie ou de comportement tumoral.D'autres études ont démontré que certaines caractéristiques texturales peuvent être reliées à des profils transcriptomiques ou à des marqueurs biologiques, ce qui renforce l'intérêt de la radiomique pour la médecine de précision[84][85].

Cependant, malgré ces avancées, la littérature montre encore une forte variabilité dans les choix méthodologiques : type de caractéristiques extraites, méthodes de réduction de dimension, algorithmes de clustering et critères de validation. Cette hétérogénéité rend la comparaison directe entre les travaux difficile et limite parfois la reproductibilité des résultats[82][86].

Auteur / année	**Objectif**	**Méthode radiomique / clustering**	**Résultat principal**	**Limites**
Radiomic Consensus Clustering in Glioblastoma, 2024 [76]	Identifier des sous-types de GBM à partir d'IRM	Caractéristiques radiomiques + consensus clustering	Mise en évidence de sous-groupes associés à des différences biologiques et cliniques	Dépendance à la qualité des features et à la cohorte étudiée
MRI radiomics and potential applications to glioblastoma, 2023 [82]	Explorer les applications de la radiomique au GBM	Radiomics + analyses de regroupement / corrélation	Mise en évidence de relations entre features radiomiques et informations biologiques	Variabilité des protocoles et manque de standardisation

Quantitative radiomic profiling of glioblastoma, 2018 [85]	Relier radiomique et expression transcriptomique	Features radiomiques + analyse statistique / regroupement	Certaines features représentent des changements génétiques	Taille d'échantillon et généralisation limitées
Radiomics as an emerging tool in the management of brain metastases, 2022 [74]	Examiner l'intérêt de la radiomique dans les métastases cérébrales	Radiomics + méthodes ML, avec problèmes de corrélation / clustering des features	Potentiel prometteur pour classification et prédiction	Forte corrélation entre variables, biais possible
MRI-based radiomic clustering identifies a glioblastoma subtype, 2025[84]	Identifier un sous-type de GBM	Clustering radiomiqueZH sur IRM	Détection d'un sous-type associé à des caractéristiques cliniques	Étude encore spécifique à une cohorte donnée

Tableau II.1 — Tableau comparatif des travaux récents

Malgré les résultats prometteurs des études récentes, plusieurs lacunes subsistent. Premièrement, de nombreux travaux reposent sur des ensembles de données limités ou très spécifiques, ce qui rend la généralisation difficile. Deuxièmement, la plupart des études utilisent des pipelines différents pour la segmentation, l'extraction de caractéristiques et le clustering, ce qui complique la comparaison objective des performances. Troisièmement, la forte corrélation entre certaines caractéristiques radiomiques peut introduire de la redondance et biaiser les résultats de clustering si une réduction de dimension adaptée n'est pas appliquée[85][82].

L'apport du présent travail peut donc être formulé comme suit : proposer une approche structurée de radiomique couplée à une méthode de clustering adaptée à l'analyse des tumeurs cérébrales, en visant une meilleure caractérisation de l'hétérogénéité tumorale et une interprétation plus claire des groupes obtenus [86][74].

II.6 Conclusion

Ce chapitre a présenté un panorama des principales approches utilisées pour la segmentation et la caractérisation des tumeurs cérébrales en IRM. Des méthodes conventionnelles aux architectures d'apprentissage profond, en passant par la radiomique et le clustering, chaque approche apporte une contribution spécifique tout en présentant ses propres limites.

L'analyse de la littérature a mis en évidence la complémentarité de ces techniques et la nécessité de les combiner pour obtenir des résultats robustes et cliniquement exploitables.

Le chapitre suivant présente la conception de notre système, les choix méthodologiques retenus ainsi que les résultats obtenus.

Chapitre III : Approche Intégrée de Segmentation Profonde et de Clustering Radiomique pour la Caractérisation des Gliomes en IRM

III.1 Introduction

Dans ce chapitre, nous présentons la mise en œuvre concrète de notre système de segmentation et de caractérisation des gliomes par IRM**,** basé sur une approche hybride combinant U-Net/VGG16 et un clustering radiomique non supervisé. Cette approche vise à exploiter à la fois la puissance des réseaux de neurones profonds pour la segmentation précise des régions tumorales, et la richesse de l'analyse radiomique pour caractériser ces régions selon leurs propriétés texturales et morphologiques.

L'objectif principal de ce système est de fournir une solution intelligente, accessible et rapide**,** pouvant être utilisée par les experts médicaux (radiologues, oncologues) afin de leur offrir une vision claire et détaillée de l'état du patient, facilitant ainsi un diagnostic plus rapide et plus fiable**.** À travers cette implémentation, nous détaillerons les différentes étapes du système, allant du prétraitement des images IRM jusqu'à la génération des résultats finaux, en passant par l'entraînement des modèles et l'application du clustering non supervisé.

III.2. Contexte de l'étude

Les gliomes constituent les tumeurs cérébrales primitives les plus fréquentes et les plus agressives, représentant près de 30 % de l'ensemble des tumeurs cérébrales primaires et 80 % des tumeurs malignes. Selon la classification de l'Organisation Mondiale de la Santé, ils sont répartis en grades I à IV, les grades III et IV étant associés à un pronostic redoutable : le glioblastome multiforme, grade IV, affiche une médiane de survie de 12 à 15 mois malgré des protocoles thérapeutiques multimodaux [92].

Dans ce contexte, l'IRM constitue l'examen de référence pour la détection et le suivi des gliomes. Toutefois, la segmentation manuelle des tumeurs par les radiologues demeure une tâche longue, subjective et sujette à une variabilité inter-observateurs significative [93].

Face à ces limites, les approches de Deep Learning, notamment les réseaux de neurones convolutifs, ont transformé la segmentation médicale en permettant une délinéation automatique des contours tumoraux[94].

La segmentation seule ne suffit toutefois pas à caractériser pleinement la complexité biologique d'un gliome. La radiomique, discipline émergente, extrait de manière quantitative descripteurs mathématiques invisibles à l'œil nu, permettant de quantifier l'hétérogénéité tumorale et de définir des biomarqueurs d'imagerie corrélés au pronostic [95].

C'est dans ce double contexte — nécessité d'une segmentation fiable et richesse de l'analyse radiomique — que s'inscrit ce chapitre. Nous y présentons un système hybride couplant une architecture de segmentation profonde U-Net enrichie par transfert d'apprentissage VGG16, à

une stratification phénotypique non supervisée par clustering gaussien (GMM) sur l'espace radiomique extrait. L'objectif est de fournir aux cliniciens un outil d'aide à la décision capable de produire, à partir d'une simple image IRM, un profil tumoral objectif et reproductible.

Partie 01 : Conception et Développement du Système

Cette partie détaille la méthodologie du système hybride U-Net/VGG16, l'extraction des caractéristiques radiomiques pour le clustering non supervisé, ainsi que les métriques d'évaluation des performances.

III.3 Source de données

Dans le cadre de ce projet, nous avons utilisé deux bases de données distinctes, séparées strictement avant tout prétraitement pour garantir l'intégrité des phases d'entraînement et de test :

- **Dataset LGG (1-766) — Phase d'entraînement**

  766 images IRM T1-weighted issues de la base TCIA (The Cancer Imaging Archive), accompagnées de masques annotés manuellement, utilisées exclusivement pour l'entraînement du modèle U-Net + VGG16

- **Dataset glioma_post_pret — Test et classification**

Le dataset glioma_post_pret est constitué de **19 images IRM de cas cliniques prétraités**, utilisées exclusivement lors de la phase d'inférence, sans réentraînement du modèle. Les données ont été importées dans l'environnement de travail **Google Colab** à partir d'un répertoire **Google Drive**, comme illustré à la (Figure III.1) :

```
[ ]
    from google.colab import drive
    drive.mount('/content/drive')

    Mounted at /content/drive
```

Figure III.1 — Connexion et accès au stockage Google Drive via un notebook Colab.

Les images IRM ont été chargées en niveaux de gris via **cv2.imread()** (OpenCV), puis redimensionnées selon deux résolutions distinctes : **512×512 pixels** pour l'entrée du modèle U-Net, et **224×224 pixels** pour l'extraction des caractéristiques radiomiques. Lors de la phase de segmentation, les images ont été traitées individuellement avec un **batch size de 1** (Figure

III.2).

```
BASE_DIR = "/content/drive/MyDrive/LGG_dernier11"
UNet_MODEL_PATH = os.path.join(BASE_DIR, "best_vgg16_unet_model.h5")

DATASETS = [
    {
        "name": "glioma_post_pret",
        "img_dir": os.path.join(BASE_DIR, "glioma_post_pret", "t1-w"),
        "mask_dir": os.path.join(BASE_DIR, "glioma_post_pret", "masks"),
    },
    {
        "name": "1-766",
        "img_dir": os.path.join(BASE_DIR, "1-766", "images"),
        "mask_dir": os.path.join(BASE_DIR, "1-766", "mask"),
    },
]
```

Figure III.2 — Configuration des chemins d'accès pour le modèle U-Net et les jeux de données.

III.4 Architecture du modèle

Parmi les architectures de segmentation profonde, U-Net s'est imposé comme le choix de référence pour les images biomédicales. Sa structure symétrique et ses mécanismes de préservation des détails en font un candidat naturel pour la délimitation précise des régions tumorales en IRM.

III.4.1 Le modèle U-Net

U-Net Le modèle U-Net utilisé dans cette étude est composé de deux parties principales [72] :

- ➔ **Un encodeur (contraction)** chargé d'extraire les caractéristiques hiérarchiques à différentes échelles.
- ➔ **Un décodeur (expansion)** permettant de reconstruire le masque de segmentation à la résolution d'origine.
- ➔ **Des skip connections** reliant l'encodeur au décodeur, conservant les détails fins essentiels.
- ➔ **Batch Normalization dans le décodeur** : ajoutée après chaque convolution du décodeur pour une convergence plus stable.

III.4.2 Intégration de VGG16 par transfert d'apprentissage

L’encodeur de U-Net est remplacé par VGG16, un réseau profond pré-entraîné sur ImageNet. Un adaptateur canal (Conv 1×1) convertit les images monocanal en entrée 3 canaux compatible VGG16. Le transfert d’apprentissage offre :

➔ Accélération de la convergence lors de l’entraînement.

➔ Amélioration des performances sur des datasets de taille limitée.

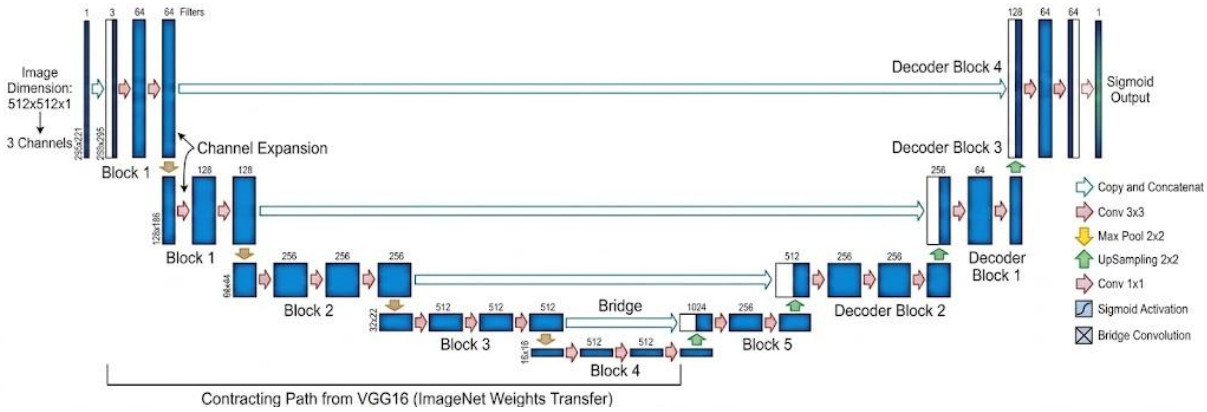


Figure III.3 — Architecture U-Net + VGG16.

La Figure III.3 illustre le cheminement de l'image IRM à travers l'architecture hybride U-Net/VGG16 :

- **Entrée 512×512×1 :** Le modèle reçoit une image IRM en niveaux de gris, préalablement dupliquée sur trois canaux pour assurer la compatibilité avec VGG16 pré-entraîné sur ImageNet.
- **Blocs convolutifs VGG16 :** L'encodeur analyse l'image à travers cinq blocs convolutifs, réduisant progressivement la résolution spatiale tout en augmentant le nombre de filtres (de 64 jusqu'à 512), capturant ainsi les motifs complexes des formes et textures tumorales.
- **Bridge :** La couche la plus basse concentre la représentation la plus compressée et abstraite avant d'entamer la reconstruction.
- **Décodeur U-Net :** Le décodeur reconstruit le masque à la résolution d'origine (512×512) grâce aux *skip connections*, qui concatènent les caractéristiques de l'encodeur avec celles du décodeur, préservant les détails fins des contours tumoraux.
- **Sortie Sigmoïde :** Une convolution **1×1** suivie d'une activation **Sigmoïde** produit une carte de probabilité pixel par pixel, convertie en masque binaire final par seuillage à **0,4**.

III.4.3 Structure détaillée de l’architecture

Le tableau suivant détaille la structure complète de l'architecture U-Net/VGG16, en précisant pour chaque bloc les couches utilisées, le nombre de filtres et la résolution de sortie correspondante.

Bloc	Couches	Filtres	Résolution de sortie
Bloc 1 (Encodeur)	Conv 3×3 ×2	64	512×512
Bloc 2 (Encodeur)	Conv 3×3 ×2	128	256×256
Bloc 3 (Encodeur)	Conv 3×3 ×3	256	128×128
Bloc 4 (Encodeur)	Conv 3×3 ×3	512	64×64
Bridge	Conv 3×3 ×3	512	32×32
Décodeur 1	ConvT + Concat + BN + Dropout(0.3)	512	64×64
Décodeur 2	ConvT + Concat + BN + Dropout(0.3)	256	128×128
Décodeur 3	ConvT + Concat + BN + Dropout(0.2)	128	256×256
Décodeur 4	ConvT + Concat + BN	64	512×512
Sortie	Conv 1×1 + Sigmoïde	1	512×512

Tableau III.1 — Structure détaillée de l’architecture

- **Entrée :** Image IRM T1-w (512×512 pixels, 1 canal).
- **Sortie :** Masque de segmentation binaire (1 = tumeur, 0 = fond).
- Les couches de convolution utilisent ReLU.
- La couche de sortie emploie Sigmoïde pour produire une carte de probabilité pixel par pixel.
- Le modèle compte 77 579 351 paramètres au total.

III.5. Métriques d’évaluation du modèle

Afin d'évaluer les performances du modèle de segmentation, plusieurs métriques standards ont été utilisées, couvrant à la fois la précision globale et la qualité du chevauchement entre les masques prédits et la vérité terrain.

III.5.1. L'exactitude (Accuracy) :

L'exactitude (Accuracy) est une métrique de performance qui mesure la proportion de prédictions correctes réalisées par un modèle par rapport au nombre total de prédictions. Elle est simple à comprendre et largement utilisée pour évaluer les modèles de classification.[87]

$$\text{Exactitude} = \frac{(TP + TN)}{(TP + TN + FP + FN)} \qquad (3.1)$$

Ou :

- TP (True Positive) : pixels correctement prédits comme appartenant à la région cible ;
- TN (True Negative) : pixels correctement prédits comme appartenant à l'arrière-plan ;
- FP (False Positive): pixels incorrectement prédits comme appartenant à la région cible;
- FN (False Negative) : pixels de la région cible non détectés par le modèle.

III.5.2 Le coefficient de Dice

Le coefficient de Dice est une métrique utilisée pour mesurer le degré de chevauchement entre le masque prédit et le masque de référence. Sa valeur varie de **0 à 1**, où **1 indique une correspondance parfaite** entre les deux masques. Il est particulièrement utilisé en segmentation d'images médicales.[88]

$$Dice(A, B) = \frac{2|A \cap B|}{|A+B|} \qquad (3.2)$$

Où :

- |A∩B|= nombre d'éléments en commun entre A et B
- |A| et |B| = taille de chaque ensemble

III.5.3 Intersection over Union

L'IoU (Intersection over Union), aussi connu sous le nom d'indice de Jaccard, est le rapport entre l'aire d'intersection et l'aire d'union entre la boîte prédite et la boîte de référence (*ground truth*). Il mesure à quel point une prédiction s'aligne avec l'objet réel annoté.[89]

$$\text{IoU} = \frac{Aire\ d'Intersection}{Air\ d'Union} = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|} \qquad (3.3)$$

III.5.4 Loss Function (Fonction de perte)

Une **loss function** est une formule mathématique qui mesure la différence entre la prédiction d'un modèle et la valeur cible réelle, guidant l'optimisation pendant l'entraînement[80].

$$\text{Loss} = \frac{1}{N}\sum_{i}^{N} \text{L}(\text{f}(\text{xi}; \theta), \text{yi}) \quad (3.4)$$

Ou :

- N : Nombre total d'exemples d'entraînement
- x_i, y_i= Entrée et vraie étiquette du i-ème exemple
- $f(x_i ; \theta)$= Prédiction du modèle (paramètres θ)
- L_i=Perte individuelle sur le i-ème exemple

III.5.5 Binary Cross-Entropy

La Binary Cross-Entropy (BCE) — aussi appelée *Log-Loss* — est une fonction de perte utilisée dans les problèmes de classification binaire. Elle mesure la distance entre la distribution de probabilité prédite par le modèle et les vraies étiquettes (0 ou 1). Elle pénalise les prédictions d'autant plus fortement qu'elles s'éloignent de la valeur réelle.[91]

$$\text{BCE}=H_{p(q)} = -\left(\frac{1}{N}\right) * \Sigma[i = 1 \rightarrow N]\left[y_i \, log \, log \left(p(y_i)\right) + (1 - y_i)\right.$$

$$\left. log \, log \left(1 - p(y_i)\right)\right] \quad (3.5)$$

III.6 Pipeline unifié couplé

Le système complet se décompose en 7 étapes séquentielles et bien délimitées (figureIII.4)

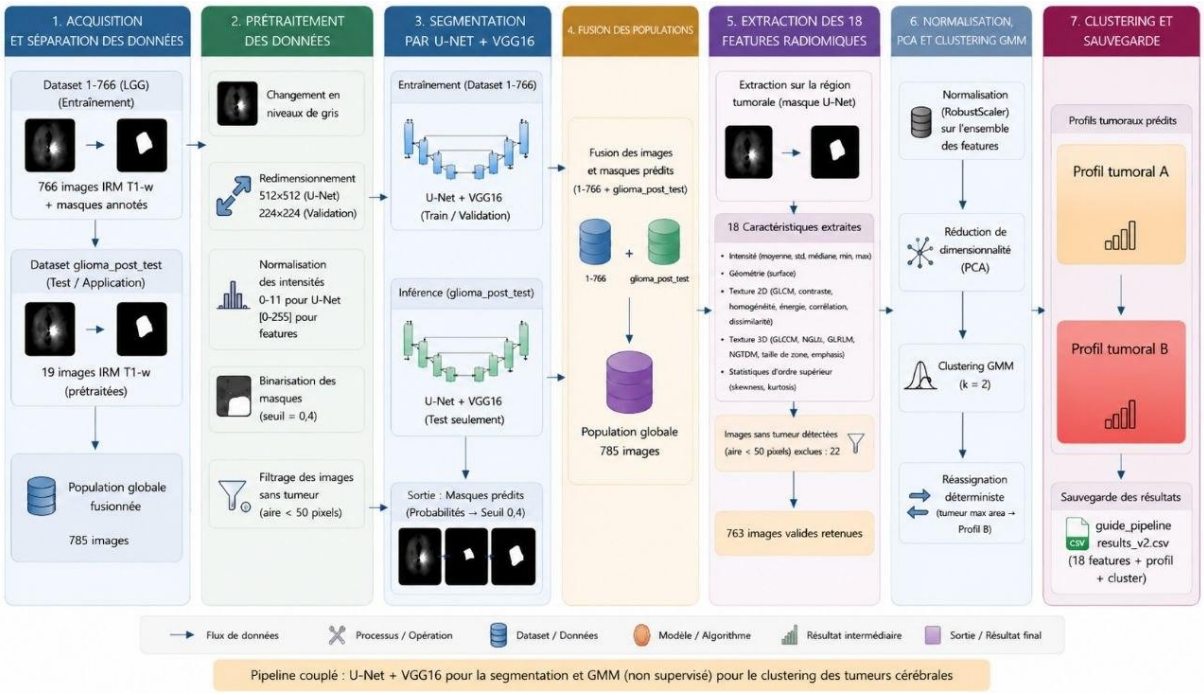


Figure III.4 — Pipeline unifié couplé

Le système repose sur une approche hybride combinant le Deep Learning pour la segmentation et le Clustering non supervisé pour la stratification phénotypique des tumeurs, transformant une image IRM brute en un profil tumoral prédictif (Profil A ou B).

Étape 1 : Acquisition et Partitionnement des Données

- **Dataset LGG (1-766) — Entraînement :** 766 images IRM T1-weighted de gliomes de bas grade, chacune appariée à son masque de vérité terrain annoté manuellement.
- **Dataset glioma_post_pret — Test :** 19 images IRM utilisées exclusivement en inférence, simulant un déploiement en routine clinique.
- **Volume global :** 785 images IRM T1-weighted au total.

Étape 2 : Prétraitement et Standardisation

1. **Conversion en niveaux de gris :** élimination des canaux couleur redondants.
2. **Double redimensionnement :** 512×512 pixels pour le flux U-Net, 224×224 pixels pour le flux radiomique.
3. **Normalisation des intensités :** intervalle [0, 1] pour le Deep Learning ; intervalle [0, 255] pour les matrices de cooccurrence GLCM.

4. **Binarisation et filtrage :** application d'un seuil de 0,4 sur les masques, puis suppression des régions de moins de 50 pixels.

Étape 3 : Segmentation par U-Net + VGG16

- **Encodeur (VGG16) :** les couches convolutives pré-entraînées sur ImageNet extraient les caractéristiques de bas niveau (contours, textures), accélérant la convergence.
- **Décodeur (U-Net) :** reconstruction progressive du masque à la résolution d'origine via upsampling et skip connections, préservant les détails topologiques tumoraux.
- **Post-traitement :** seuillage à 0,4 sur la carte de probabilité pour produire le masque binaire final (0 = tissu sain, 1 = tumeur).

Étape 4 : Unification de la Population

- Les masques prédits (19 images) et les masques annotés (766 images) sont consolidés en une base centralisée de **785 images**, garantissant une extraction radiomique rigoureusement identique sur l'ensemble des données.

Étape 5 : Extraction des Features Radiomiques

- **Statistiques de premier ordre :** intensités maximale, minimale, moyenne, médiane et écart-type.
- **Asymétrie et aplatissement :** Skewness et Kurtosis, indicateurs de zones de nécrose ou d'œdème.
- **Morphologie :** surface tumorale, périmètre, compacité et ratio de surface.
- **Textures GLCM :** contraste, énergie, homogénéité et corrélation, reflétant l'architecture cellulaire.
- **Gradient moyen :** évalue la netteté des contours tumoraux.
- **Contrôle qualité :** 22 images éliminées pour valeurs aberrantes → **763 images valides** retenues.

Étape 6 : Normalisation, PCA et Clustering

1. **RobustScaler :** normalisation robuste basée sur la médiane et les quartiles, évitant l'écrasement des variables par les grandes tumeurs.
2. **PCA :** réduction dimensionnelle des 18 features corrélées vers un espace orthogonal, éliminant la redondance informationnelle.

3. **GMM (k=2) :** clustering souple par modèle de mélange gaussien, plus adapté que K-Means à la distribution biologique réelle.
4. **Réassignation déterministe :** le cluster présentant la surface tumorale moyenne la plus élevée est systématiquement étiqueté Profil B, garantissant la reproductibilité clinique.

Étape 7 : Clustering Finale et Sauvegarde

- **Profil Tumoral A :** regroupe des tumeurs caractérisées par une surface tumorale plus faible et des caractéristiques radiomiques globalement moins élevées.

- **Profil Tumoral B :** regroupe des tumeurs présentant une surface tumorale plus importante et des caractéristiques radiomiques globalement plus élevées, suggérant une plus grande hétérogénéité.
- **Sauvegarde :** les 18 features radiomiques et le profil assigné (A ou B) sont exportés dans le fichier **unified_pipeline_results_v2.csv**, prêt pour une exploitation clinique ou une analyse statistique.

Partie 02 : Résultats et Discussion

Cette partie présente l'analyse des résultats expérimentaux obtenus à partir du modèle d'apprentissage profond **VGG16 + U-Net**, appliqué à la segmentation des tumeurs cérébrales (gliomes) à partir d'images IRM T1-weighted. Elle vise à évaluer la performance du modèle de segmentation en s'appuyant sur plusieurs métriques standards

III.7 Résultats et Analyse

Les résultats de l'entraînement du modèle VGG16 + U-Net sont présentés ci-dessous à travers l'analyse des courbes d'apprentissage et des métriques de performance obtenues sur le jeu de validation.

III.7.1 Analyse des résultats de l'entraînement avec VGG16 + U-Net

Le modèle VGG16 + U-Net a été entraîné sur le dataset LGG (1-766) issu de la base TCIA, en deux phases distinctes sur **25 époques**, avec une résolution d'entrée de **512×512 pixels**. L'analyse des courbes d'apprentissage révèle les performances suivantes :

- **Combined Loss :** diminution progressive de ~0,31 jusqu'à **0,0505**, indiquant une bonne convergence malgré quelques fluctuations en début de phase 2.
- **Dice Coefficient : 0,9152**, reflétant un excellent chevauchement entre les masques prédits et la vérité terrain.
- **Accuracy : 0,9972** (99,72 %), confirmant une très haute précision pixel par pixel.
- **IoU (Jaccard) : 0,8532**, traduisant un recouvrement union-intersection de 85,32 %.
- **Binary Cross-Entropy : 0,0163**, indiquant une très faible divergence entre les probabilités prédites et les étiquettes réelles.

Les métriques se stabilisent progressivement au cours de la phase 2 (fine-tuning complet). Les fluctuations modérées observées aux époques **4–6** correspondent à la transition entre la phase 1 (encodeur gelé) et la phase 2, et restent attendues dans ce type d'entraînement en deux phases.

III.7.2 Évaluation finale sur le jeu de validation

Les résultats expérimentaux finaux obtenus sur le jeu de validation permettent d'évaluer la performance globale du modèle VGG16 + U-Net. Le tableau suivant résume les métriques de segmentation obtenues après **25 époques** d'entraînement :

Métrique	Valeur obtenue	Référence littérature	Interprétation
Dice Coefficient	0,9152	~0,83 – 0,85	Excellent chevauchement avec la vérité terrain
IoU (Jaccard)	0,8532	~0,71 – 0,74	Bon recouvrement union-intersection
Accuracy	0,9972	~0,98	99,72 % des pixels correctement classifiés
Combined Loss	0,0505	—	Erreur résiduelle faible après entraînement
Binary Cross-Entropy	0,0163	—	Divergence très faible des probabilités pixel

Tableau III.2 — Résultats des métriques de segmentation sur le jeu de validation

On observe que le modèle VGG16 + U-Net atteint un **Dice coefficient de 0,9152**, ce qui représente une amélioration significative par rapport aux travaux de référence de la littérature (Kihira et al., 2022 : ~0,83 ; Aslan & Özüpak, 2026 : ~0.8850) [105][106]. Cette amélioration est attribuable à l'utilisation de la Combined Loss (Dice + BCE), à la stratégie d'entraînement en deux phases, ainsi qu'à l'intégration de la Batch Normalization dans le décodeur.

III.7.3 Visualisation des prédictions

La figure ci-dessous (Figure III.5) présente une visualisation qualitative des résultats de segmentation obtenus par le modèle VGG16 + U-Net sur 5 échantillons du jeu de validation. Pour chaque cas, quatre colonnes sont affichées : l'image IRM T1-weighted originale, le masque de vérité terrain (Ground Truth), le masque prédit par le modèle (Prediction) et l'overlay de la prédiction sur l'image originale.

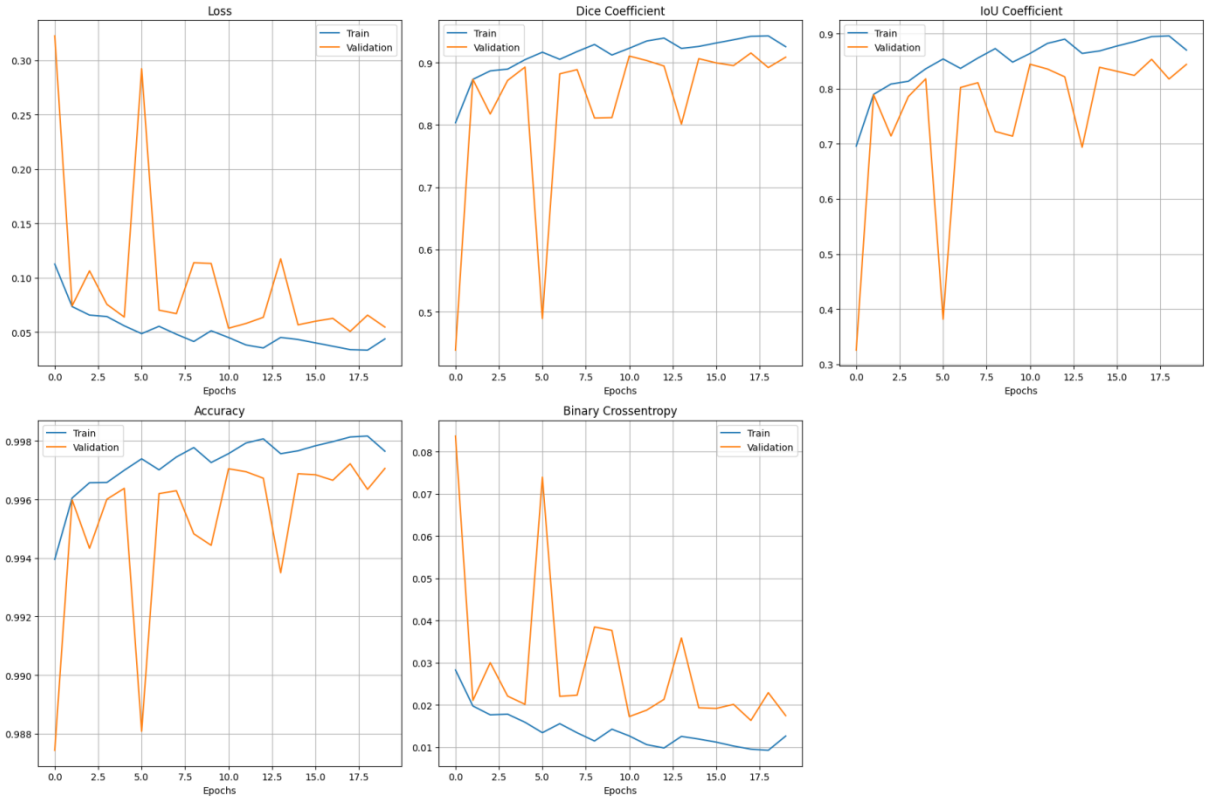


Figure III.5 — Évolution des métriques d'entraînement et de validation (Loss, Dice, IoU, Accuracy, BCE)

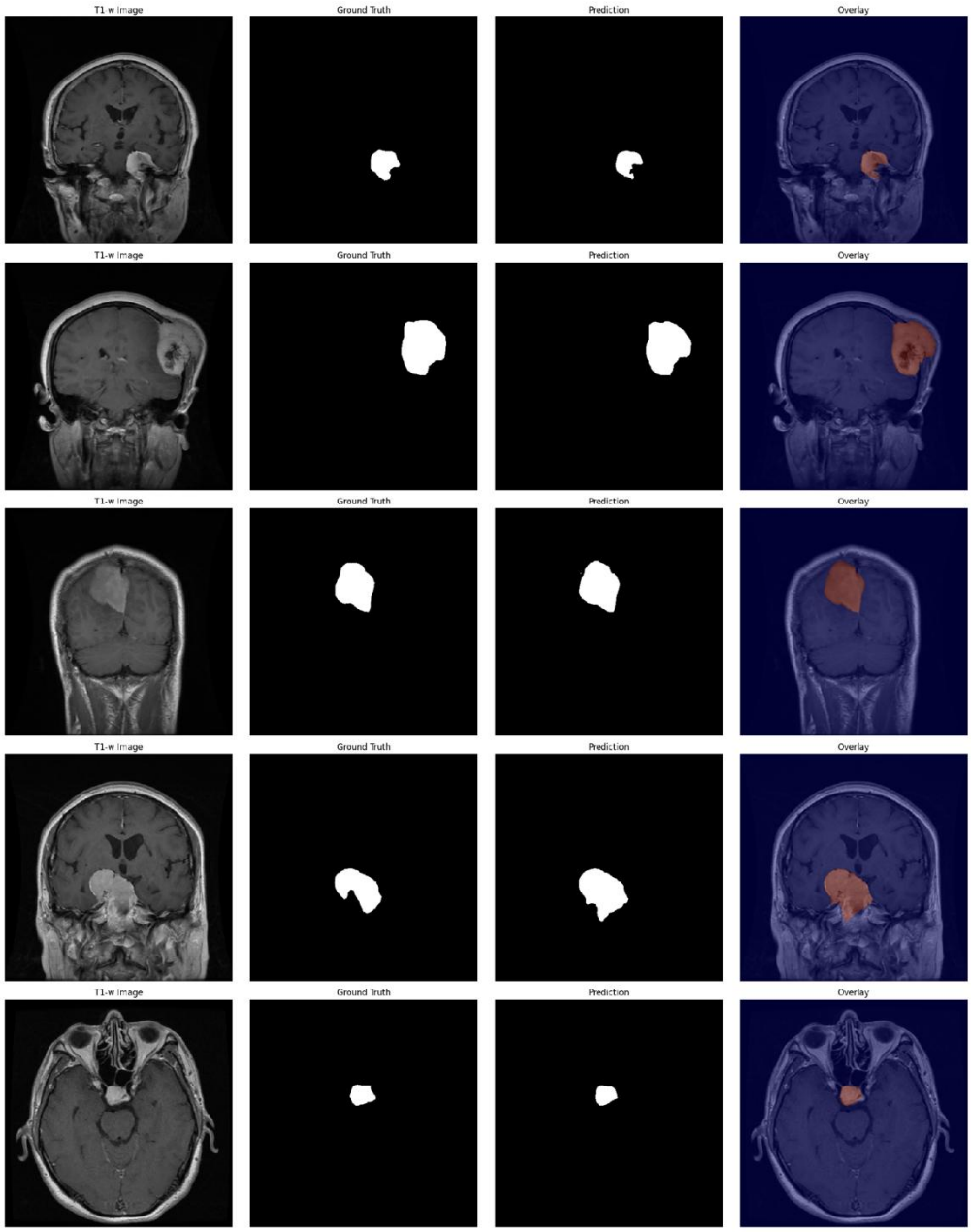


Figure III.6 — Visualisation des prédictions du modèle sur 5 échantillons de validation (T1-w Image | Ground Truth | Prediction | Overlay)

La Figure (III.6) confirme visuellement les résultats obtenus : le modèle détecte correctement les contours tumoraux dans la majorité des cas, avec une bonne correspondance entre les masques prédits et la vérité terrain. Quelques imprécisions aux bordures sont observées pour les tumeurs de petite taille ou aux contours irréguliers.

III.7.4 Paramètres et configuration de l'entraînement

Le tableau suivant récapitule l'ensemble des hyperparamètres et configurations utilisés lors de l'entraînement du modèle VGG16 + U-Net :

Paramètre	Valeur
Architecture	VGG16 + U-Net
Résolution d'entrée	512 × 512 pixels
Batch Size	2
Learning Rate	1×10^{-4} (Adam)
Phase 1 (Encodeur gelé)	5 époques
Phase 2 (Fine-tuning complet)	20 époques
Fonction de perte	Dice Loss + BCE (poids 0,5 / 0,5)
Augmentation de données	Flip H, Flip V, Rotation 90° (facteur ×4)

Tableau III.3 — Paramètres et configuration de l'entraînement du modèle VGG16 + U-Net

III.7.5 Comparaison avec les travaux récents

Le tableau comparatif suivant positionne les résultats obtenus par rapport aux travaux récents de la littérature en segmentation de tumeurs cérébrales :

Méthode / Référence	Dataset	Dice	IoU	Acc.
U-Net + VGG16 (Kihira et al., 2022)	LGG TCIA	~0,83	~0,71	~0,98
U-Net (Aslan & Özüpak, 2026)	LGG TCIA	0.8850	0.7920	—
Notre approche (VGG16 + U-Net)	LGG TCIA	0,9152	0,8532	0,9972

Tableau III.4 — Comparaison des performances de segmentation avec les travaux récents de la littérature

L'analyse comparative montre que notre modèle présente des performances supérieures aux approches de référence en termes de Dice **(0,9152 vs 0,83–0,885)** et d'IoU **(0,8532 vs 0,71–0,792)**. Cette amélioration est principalement attribuable à trois contributions : l'utilisation de la Combined Loss (Dice + BCE) qui corrige le problème de déséquilibre de classes, la stratégie d'entraînement en deux phases qui favorise une convergence stable, et l'ajout de la Batch Normalization dans le décodeur qui améliore la régularisation du modèle.

III.7.6 Analyse du processus de clustering tumoral

Afin d'explorer l'hétérogénéité des gliomes segmentés, une étape de **caractérisation radiomique** suivie d'un **clustering non supervisé** a été réalisée. Après la segmentation des tumeurs par le modèle VGG16 + U-Net, **dix-huit caractéristiques radiomiques** décrivant l'intensité, la texture et la morphologie tumorale ont été extraites à partir des régions segmentées.

Parmi les **766 images** du dataset 1-766, **744 présentaient une région tumorale détectable** et ont été retenues pour l'analyse. Les 22 images restantes, pour lesquelles aucune tumeur n'a été détectée après segmentation, ont été exclues du processus de clustering.

Le modèle **Gaussian Mixture Model (GMM)** a ensuite été appliqué sur les caractéristiques radiomiques sélectionnées[100]. La détermination automatique du nombre optimal de clusters a été réalisée à l'aide des critères **BIC (Bayesian Information Criterion)** et **Silhouette**. Les résultats ont montré qu'une partition en **deux groupes** constituait le meilleur compromis entre qualité de séparation et complexité du modèle(Figure III.7)[101][102].

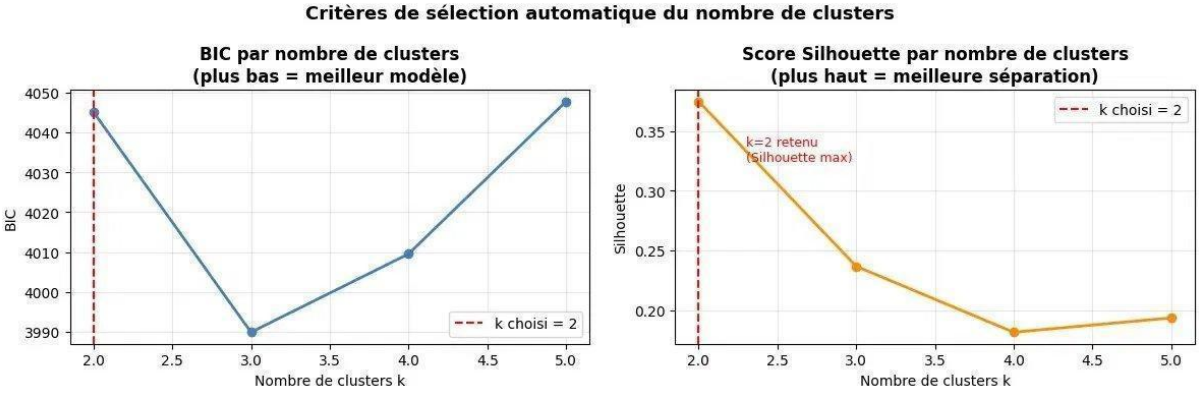


Figure III.7 — Critères de sélection automatique du nombre de clusters (BIC et Score Silhouette)

Les performances du clustering obtenu sont résumées dans le tableau suivant :

Indicateur	Valeur
Nombre d'images analysées	744
Nombre de clusters retenu	2
Score de Silhouette	0,4317
Indice Davies-Bouldin	0,8548

Tableau III.5 — Performances du clustering GMM sur les profils tumoraux

Le score de silhouette de **0,4317** indique une séparation modérée mais cohérente entre les groupes identifiés. L'indice Davies-Bouldin **inférieur à 1** confirme également une bonne compacité interne des clusters et une séparation satisfaisante entre les profils tumoraux obtenus.

III.7.7 Analyse des profils tumoraux obtenus

La Figure III.8 présente les résultats du clustering obtenu après réduction dimensionnelle

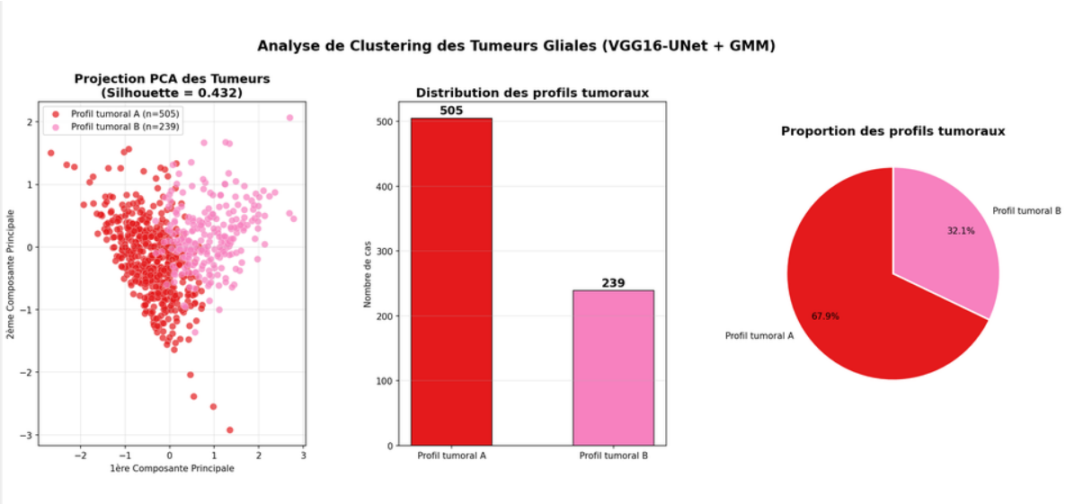


Figure III.8 — Résultats du clustering des tumeurs gliales par GMM (projection PCA, distribution et proportion des profils tumoraux)

par **Analyse en Composantes Principales (PCA)**. Deux profils tumoraux distincts ont été identifiés :

★ Profil tumoral A : 505 cas (67 ,9 %)

★ Profil tumoral B : 2 39 cas (32,1 %)

La projection PCA montre une séparation visible entre les deux groupes, bien qu'un certain chevauchement demeure, ce qui est fréquent dans les données biomédicales en raison de la variabilité naturelle des tumeurs cérébrales.

Le profil tumoral A constitue la majorité des cas observés, représentant près des deux tiers de la population étudiée. À l'inverse, le profil tumoral B regroupe environ un tiers des tumeurs analysées.

Cette répartition suggère l'existence de deux comportements radiomiques distincts au sein de la population de gliomes étudiée, reflétant potentiellement des différences de taille, de texture ou d'agressivité tumorale (Figure III.9).

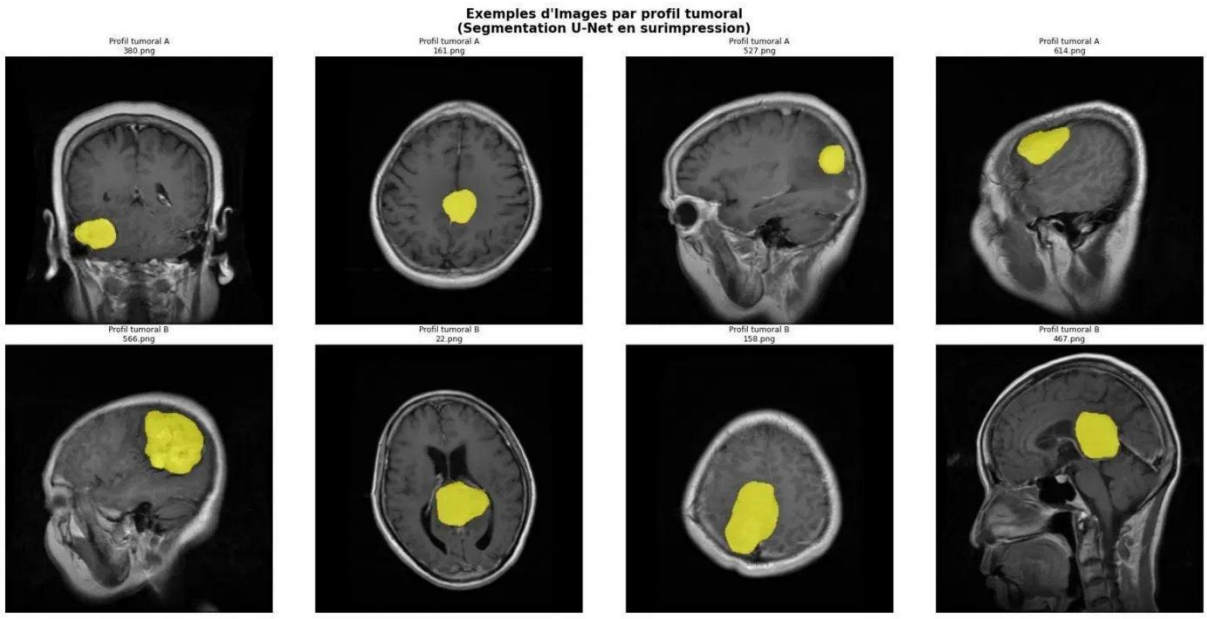


Figure III.9 —- Exemples d'images IRM par profil tumoral (segmentation U-Net en surimpression)

III.7.8 Caractérisation radiomique des profils tumoraux

L'analyse des caractéristiques radiomiques met en évidence des différences notables entre les deux profils identifiés, comme résumé dans le tableau suivant :

Caractéristique	Profil tumoral A	Profil tumoral B
Intensité moyenne	122,15	108,12
Écart-type intensité	24,08	18,51
Intensité médiane	126,14	109,69
Intensité maximale	174,00	159,50
Intensité minimale	43,87	36,41
Asymétrie (Skewness)	-0,77	-0,64
Kurtosis	1,02	1,47
Surface tumorale (pixels)	596,70	1594,66

Tableau III.6 — Comparaison des caractéristiques moyennes des profils tumoraux

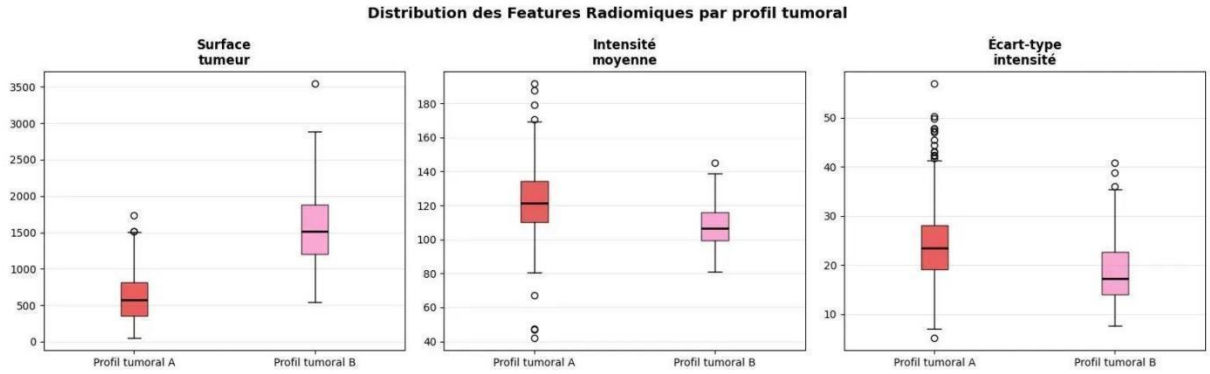


Figure III.10 — Distribution des features radiomiques par profil tumoral (surface, intensité moyenne, écart-type)

Le **profil A** regroupe des tumeurs de petite surface (596,7 pixels en moyenne), compactes, bien délimitées et à contours nets.

Le **profil B** regroupe des tumeurs plus volumineuses (1594,66 pixels en moyenne), avec une intensité plus faible et une texture hétérogène, suggérant un caractère plus infiltrant (Figure III.9).

Ces résultats confirment que l'approche proposée permet non seulement de segmenter les tumeurs, mais aussi de les regrouper automatiquement en sous-profils radiomiques distincts.

Ces résultats montrent que l'approche proposée permet non seulement la segmentation des tumeurs, mais également leur regroupement automatique en sous-profils radiomiques présentant des caractéristiques distinctes.

III.7.9 Discussion générale

Les résultats confirment l'efficacité de l'architecture U-Net + VGG16, avec un Dice de **0,9152** supérieur aux références de la littérature, grâce à la Combined Loss et la stratégie d'entraînement en deux phases.

Le transfert d'apprentissage via VGG16 a facilité l'entraînement et la Batch Normalization a assuré une convergence stable à partir de l'époque 8 [103].

La Combined Loss (Dice + BCE, poids 0,5/0,5) s'est révélée essentielle pour éviter l'effondrement vers zéro (*all-zeros collapse*) fréquent avec la Dice Loss pure, permettant une optimisation simultanée du chevauchement global et de la précision pixel par pixel [104].

Deux limites sont identifiées : l'utilisation d'une modalité IRM unique (T1-w), moins discriminante que les approches multimodales (FLAIR, T1ce), et l'absence de skull stripping pouvant introduire des artéfacts aux bordures crâniennes. Ces points constituent des perspectives prioritaires pour les travaux futurs

III.8 Conclusion

Ce chapitre a présenté un système hybride combinant une architecture de segmentation profonde U-Net/VGG16 et un clustering radiomique non supervisé par GMM, appliqué à la caractérisation des gliomes en IRM.

Les résultats de segmentation obtenus sont satisfaisants, avec un coefficient de Dice de 0,9152 et un IoU de 0,8532, surpassant les approches de référence de la littérature. Ces performances sont dues à l'utilisation de la Combined Loss, à la stratégie d'entraînement en deux phases, et à l'intégration de la Batch Normalization dans le décodeur.

L'analyse radiomique a permis d'identifier deux profils tumoraux distincts : le profil A, regroupant des tumeurs compactes de petite taille (67,9 %), et le profil B, caractérisant des lésions plus volumineuses et hétérogènes (32,1 %). Ces résultats confirment la capacité du système à produire, à partir d'une simple image IRM, un profil tumoral objectif et reproductible pouvant assister les cliniciens dans leur prise de décision.

Des perspectives d'amélioration demeurent, notamment l'intégration de modalités IRM complémentaires et la validation sur des cohortes externes plus larges.

Conclusion Générale

Ce mémoire a proposé une contribution originale à la segmentation et à la caractérisation des gliomes par imagerie IRM, en articulant une approche hybride de deep learning pour la délimitation tumorale et une analyse radiomique non supervisée pour l'identification de profils pathologiques distincts. À travers une progression structurée en trois chapitres, nous avons successivement posé les fondements cliniques et physiques de l'IRM cérébrale, dressé un panorama exhaustif des méthodes de segmentation et de clustering, puis détaillé et évalué notre système intégré sur le jeu de données LGG TCIA.

Le premier chapitre a permis d'établir le cadre médical indispensable à toute démarche d'imagerie computationnelle, en rappelant l'importance des gliomes dans la pathologie neuro-oncologique, leur classification OMS, ainsi que les spécificités des séquences IRM utilisées pour leur évaluation. Cette base a éclairé les choix méthodologiques ultérieurs, notamment la sélection de la séquence T1 pondérée comme modalité d'entrée pour la segmentation et l'extraction radiomique, tout en soulignant les limites inhérentes à une approche monomodale dans un contexte où la complémentarité des séquences FLAIR, T2 et T1ce est cliniquement reconnue.

Le second chapitre a offert une synthèse critique de l'état de l'art, depuis les méthodes de segmentation conventionnelles jusqu'aux architectures profondes les plus récentes, en passant par les principes de la radiomique et du clustering non supervisé. Cette revue a mis en évidence la supériorité des approches par réseaux de neurones convolutifs, en particulier U-Net, pour la segmentation des structures cérébrales pathologiques, tout en soulignant l'apport potentiel du transfert learning pour compenser la taille limitée des jeux de données médicales annotées. L'analyse des travaux antérieurs a également fait ressortir une lacune dans l'intégration de la caractérisation post-segmentation, justifiant l'originalité de notre *pipeline* unifié.

Le troisième chapitre a constitué le cœur expérimental de ce travail, avec l'implémentation d'un système hybride associant un encodeur VGG16, pré-entraîné sur ImageNet, à une architecture U-Net pour la segmentation des gliomes. Les performances obtenues sur le dataset LGG TCIA, comprenant 766 images IRM T1 annotées, témoignent de la pertinence de cette approche avec un coefficient de Dice atteignant 0,9152, un indice de Jaccard de 0,8532 et une accuracy de 0,9972. Ces résultats se positionnent favorablement par rapport aux références de la littérature,

où les coefficients de Dice se situent généralement entre 0,83 et 0,885 pour des approches comparables, confirmant l'apport de l'encodeur VGG16 dans la capture de représentations sémantiques riches. Par ailleurs, l'extraction de dix-huit caractéristiques radiomiques couvrant les dimensions morphologiques, intensitométriques et texturales, suivie d'une réduction de dimensionnalité par PCA et d'un clustering par modèle de mélanges gaussiens, a permis d'identifier deux profils tumoraux distincts. Le profil A, représentant 67,9 % des cas (505 tumeurs), correspond à des lésions compactes de surface moyenne de 597 pixels et d'intensité moyenne élevée, évoquant des tumeurs bien circonscrites. Le profil B, observé dans 32,1 % des cas (239 tumeurs), se caractérise par des lésions volumineuses, avec une surface moyenne de 1595 pixels, une texture plus hétérogène et une apparence potentiellement plus infiltrante, suggérant une agressivité biologique accrue. La valeur du score de Silhouette de 0,4317 atteste d'une séparation modérée mais significative des deux clusters, encourageante pour la poursuite des investigations.

Sur le plan scientifique, ce travail apporte plusieurs contributions notables. D'une part, la validation d'une architecture hybride U-Net/VGG16 sur un jeu de données de gliomes de bas grade démontre la faisabilité d'une segmentation précise avec un nombre restreint d'exemples annotés, grâce au transfert de connaissances depuis la vision naturelle. D'autre part, l'intégration d'une étape de caractérisation radiomique supervisée par clustering non supervisé offre une perspective originale pour la découverte de sous-groupes tumoraux, sans a priori clinique, potentiellement utiles pour la stratification des patients. Ce travail ouvre plusieurs perspectives de recherche. Sur le plan méthodologique, une extension multimodale du réseau U-Net, intégrant les séquences FLAIR, T2 et T1ce, pourrait améliorer la robustesse de la segmentation en exploitant la complémentarité des contrastes. Par ailleurs, l'introduction d'un prétraitement systématique de soustraction du crâne (skull stripping) permettrait de réduire les faux positifs et d'affiner les mesures radiomiques. Sur le plan clinique, la validation des deux profils identifiés, constituerait une étape cruciale pour conférer une valeur pronostique à notre clustering. Enfin, des architectures plus récentes, telles que les Transformers ou les réseaux antagonistes génératifs (GAN), pourraient être explorées pour la génération de données synthétiques et l'augmentation de la base d'apprentissage.

Néanmoins, ce travail présente des limites qu'il convient d'exposer avec honnêteté. La première réside dans l'utilisation d'une modalité IRM unique, la séquence T1 pondérée, sans exploitation

des séquences FLAIR, T2 et T1ce qui sont pourtant essentielles à l'évaluation complète des gliomes en pratique clinique. Cette contrainte, imposée par la disponibilité des données, restreint la généralisabilité de nos résultats à des contextes multimodaux. La seconde limite concerne l'absence de prétraitement de soustraction du crâne, ou skull stripping, qui aurait permis d'éliminer les structures extracérébrales potentiellement sources d'artéfacts et d'améliorer la spécificité de la segmentation. Enfin, l'évaluation du clustering n'a pas bénéficié d'une validation clinique externe, faute de données de survie ou de statut moléculaire associés aux patients, ce qui limite l'interprétation pronostique des deux profils identifiés.

Les perspectives ouvertes par ce travail sont nombreuses et prometteuses. L'extension de l'approche à une stratégie multimodale, intégrant les séquences T1ce, T2 et FLAIR, constituerait une avancée majeure pour la segmentation complète des différentes composantes tumorales, et pourrait être réalisée par des architectures adaptées telles que U-Net à entrées multiples ou des modèles à fusion précoce ou tardive. L'incorporation d'une étape de skull stripping, via des algorithmes dédiés comme les modèles de surface déformables ou des réseaux de neurones spécifiques, améliorerait vraisemblablement les performances de segmentation en réduisant les faux positifs. Sur le plan clinique, la validation prospective de nos profils radiomiques sur des cohortes indépendantes avec suivi patient, incluant les données de survie, permettrait d'établir la valeur réelle de la caractérisation non supervisée.

Au-delà des perspectives techniques, ce travail illustre la convergence féconde entre l'imagerie médicale, l'intelligence artificielle et l'oncologie computationnelle, convergence qui redessine les contours du diagnostic en neuro-oncologie. La segmentation automatique par deep learning, associée à la caractérisation quantitative par radiomique, offre aux cliniciens des outils d'une précision et d'une reproductibilité inégalée, dépassant les limites de la lecture visuelle subjective.

Bibliographie & Références

[1] M. F. Bear, B. W. Connors, and M. A. Paradiso, Neuroscience: Exploring the Brain, 3rd ed. Philadelphia, PA, USA: Lippincott Williams & Wilkins, 2007

[2] E. Fonkem, F. Fezeu, M. B. Fotso, V. Djientcheu, Y. Besong, and C. Betts, "A retrospective study of brain tumours in Yaoundé Cameroon," Neuro-Oncology, vol. 25, Suppl. 5, 2023

[3] G. A. M. Matsalou, C. F. Mboumba et al., "Les tumeurs cérébrales de l'adulte à Libreville de 2017 à 2022 : fréquence, aspects cliniques, paracliniques et évolutifs," Health Sciences and Disease, vol. 24, no. 10, 2023, doi: 10.5281/hsd.v24i10.4810.

[4] M. Tolnay, "Neuropathologie des tumeurs cérébrales gliales," Forum Médical Suisse, no. 29/30, pp. 698–702, 2002

[5] D. Figarella-Branger, C. Colin, B. Coulibaly et al., "Classification histologique et moléculaire des gliomes," Revue Neurologique, vol. 164, no. 12, pp. 997–1011, 2008, doi: 10.1016/j.neurol.2008.09.297

[6] M. Weller et al., "EANO guidelines on the diagnosis and treatment of diffuse gliomas of adulthood," Nature Reviews Clinical Oncology, vol. 18, no. 3, pp. 170–186, 2021

[7] Imagerie médicale," Univ. Batna 2. [Online]. Available: https://sc-st.univ-batna2.dz/sites/default/files/sc_st/files/imagerie_medicale.pdf

[8] S. K. M. S. Islam, M. A. Al Nasim, I. Hossain, and M. A. Ullah, "Introduction of Medical Imaging Modalities," in Data Driven Approaches on Medical Imaging, Cham, Switzerland: Springer, 2023, pp. 1–25, doi: 10.1007/978-3-031-47772-0_1

[9] N. Bouchaour, "Approches collectives basées datamining et machine-learning pour l'interprétation d'images et reconnaissance d'objets," Thèse de doctorat (3e cycle), Dép. Informatique, Faculté des Sciences, Univ. de Skikda, Algérie

[10] X. Pan et al., "Data Augmentation for Medical MR Image Using Generative Adversarial Networks," arXiv:2111.14297, 2021.

[11] C. Westbrook, C. K. Roth, and J. Talbot, MRI in Practice, 4th ed. Chichester, U.K.: Wiley-Blackwell, 2011.

[12] M. Niknejad, "Fluid attenuated inversion recovery," Radiopaedia.org. [Online]. Available: https://doi.org/10.53347/rID-21760. [Accessed: Jun. 12, 2026]. 43

[13] Magnetic Resonance Imaging Physics in Brain Tumor Imaging: A Primer for Neurosurgeons," ScienceDirect, 2025. [Online]. Available: https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1878875025009490

[14] R. Ranjbarzadeh et al., "A Review on End-To-End Methods for Brain Tumor Segmentation and Overall Survival Prediction," arXiv:2006.01632, 2020.

[15] K. Santhosh et al., "Deep Learning-based Type Identification of Volumetric MRI Sequences," arXiv:2106.03208, 2021.

[16] Methods of implementing an AI-based neuroradiology platform for neurological tumor identification," U.S. Patent 11,521,742.

[17] J. Bergs et al., “Identifying core MRI sequences for reliable automatic brain metastasis segmentation,” medRxiv, 2023, doi: 10.1101/2023.05.02.23289342.
[18] N. Musthafa, Q. A. Memon, and M. M. Masud, “Advancing Brain Tumor Analysis: Current Trends, Key Challenges, and Perspectives in Deep Learning-Based Brain MRI Tumor Diagnosis,” Eng, vol. 6, no. 5, art. no. 82, 2025, doi: 10.3390/eng6050082
[19] Menze, B.H. et al. (2015). The Multimodal Brain Tumor Image Segmentation Benchmark (BRATS). IEEE Transactions on Medical Imaging, 34(10), 1993–2024. DOI: 10.1109/TMI.2014.2377694
[20] Islam, R., Imran, S., Ashikuzzaman, M., & Khan, M.M.A. (2020). Detection and Classification of Brain Tumor Based on Multilevel Segmentation with Convolutional Neural Network. Journal of Biomedical Science and Engineering, 13(4), 45–53. DOI: 10.4236/jbise.2020.134004
[21] Aerts, H.J.W.L. et al. (2014). Decoding tumour phenotype by noninvasive imaging using a quantitative radiomics approach. Nature Communications, 5, 4006. DOI: 10.1038/ncomms5006
[22] E. S. Biratu, F. Schwenker, Y. M. Ayano, and T. G. Debelee, "A Survey of Brain Tumor Segmentation and Classification Algorithms," Journal of Imaging, vol. 7, no. 9, p. 179, 2021, doi: 10.3390/jimaging7090179.
[23] A. Kumar, "Study and analysis of different segmentation methods for brain tumor MRI application," Bioinformation, vol. 18, no. 7, pp. 611–615, 2022, doi: 10.6026/97320630018611.
[24] Kumar A. Study and analysis of different segmentation methods for brain tumor MRI application. Multimed Tools Appl. 2023;82(5):7117-7139. doi: 10.1007/s11042-022-13636-y. Epub 2022 Aug 16. PMID: 35991584; PMCID: PMC9379244.
[25] Xu Y, Quan R, Xu W, Huang Y, Chen X, Liu F. Advances in Medical Image Segmentation: A Comprehensive Review of Traditional, Deep Learning and Hybrid Approaches. Bioengineering (Basel). 2024 Oct 16;11(10):1034. doi: 10.3390/bioengineering11101034. PMID: 39451409; PMCID: PMC11505408.
[26] E. Mohammed, M. Hassaan, S. Amin, and H. M. Ebied, "Brain Tumor Segmentation: A Comparative Analysis," in Proceedings of the International Conference on Advanced Intelligent Systems and Informatics (AISI 2022), 2022.
[27] Aslam W, Hussain J, Aslam MZ, Jan S, Riaz TB, Iqbal A, Arif M, Khan I. Enhanced brain tumor segmentation in medical imaging using multi-modal multi-scale contextual aggregation and attention fusion. Sci Rep. 2025 Oct 24;15(1):37308. doi: 10.1038/s41598-025-21255-4. PMID: 41136620; PMCID: PMC12552493.
[28] Biratu ES, Schwenker F, Ayano YM, Debelee TG. A Survey of Brain Tumor Segmentation and Classification Algorithms. J Imaging. 2021 Sep 6;7(9):179. doi: 10.3390/jimaging7090179. PMID: 34564105; PMCID: PMC8465364.
[29] M. A. Qadar and Y. Zhaowen, "Brain Tumor Segmentation: A Comparative Analysis," IJCSI International Journal of Computer Science Issues, vol. 11, no. 6, pp. 121–128, Nov. 2014.
[30] Biratu ES, Schwenker F, Debelee TG, Kebede SR, Negera WG, Molla HT. Enhanced Region Growing for Brain Tumor MR Image Segmentation. J Imaging. 2021 Feb 1;7(2):22. doi:

10.3390/jimaging7020022. PMID: 34460621; PMCID: PMC8321280.
[31] Chakraborty S, Mali K. A morphology-based radiological image segmentation approach for efficient screening of COVID-19. Biomed Signal Process Control. 2021 Aug;69:102800. doi: 10.1016/j.bspc.2021.102800. Epub 2021 May 19. PMID: 34031636; PMCID: PMC8133384.
[32] S. A. Ingle and S. M. Gajbhiye, "Review on Automatic Brain Tumor Detection Technique," International Journal of Innovative Science and Research Technology (IJISRT), vol. 6, no. 5, 2021.
[33] K. Ejaz, M. S. M. Rahim, M. Arif, D. Izdrui, D. M. Craciun, and O. Geman, "Review on Hybrid Segmentation Methods for Identification of Brain Tumor in MRI," Journal of Healthcare Engineering, vol. 2022, Article ID 4650958, 2022, doi: 10.1155/2022/4650958.
[34] Y. M. A. Mohammed, S. El Garouani, and I. Jellouli, "A survey of methods for brain tumor segmentation-based MRI images," International Journal of Electrical and Computer Engineering (IJECE), vol. 14, no. 3, pp. 3133–3145, 2024, doi: 10.11591/ijece.v14i3.pp3133-3145.
[35] V. Chen and S. Ruan, "Graph Cut Based Segmentation of Brain Tumor From MRI Images," CReSTIC, University of Reims, France.
[36]N. Birkbeck, D. Cobzas, M. Jägersand, A. Murtha, and T. Kesztyues, "An interactive graph cut method for brain tumor segmentation," in Proc. IEEE Workshop on Applications of Computer Vision (WACV), 2009, pp. 1–7.
[37] K. Held, E. R. Kops, J. B. Krause, W. M. Wells III, R. Kikinis, and H.-W. Müller-Gärtner, "Markov random field segmentation of brain MR images," in Proc. MICCAI, 1997.
[38] C.-H. Lee, M. Schmidt, A. Murtha, A. Bistritz, J. Sander, and R. Greiner, "Segmenting brain tumors with conditional random fields and support vector machines," in Proc. MICCAI, 2008.
[39] Nie J, Xue Z, Liu T, Young GS, Setayesh K, Guo L, Wong ST. Automated brain tumor segmentation using spatial accuracy-weighted hidden Markov Random Field. Comput Med Imaging Graph. 2009 Sep;33(6):431-41. doi: 10.1016/j.compmedimag.2009.04.006. Epub 2009 May 14. PMID: 19446435; PMCID: PMC2739047.
[40] Y. Lu, J. Jiang, W. Yang, Q. Feng, and W. Chen, "Multimodal brain-tumor segmentation based on Dirichlet process mixture model with anisotropic diffusion and Markov random field prior," Computational and Mathematical Methods in Medicine, vol. 2014, 2014.
[41] M. H. Bendaoud, "Segmentation des images IRM cérébrales par méthodes de contours actifs et level set," Thèse de doctorat, Univ. des Sciences et de la Technologie d'Oran Mohamed Boudiaf, Algérie.
[42] T. Géraud, "Segmentation des structures internes du cerveau en imagerie par résonance magnétique tridimensionnelle," Thèse de doctorat, École nationale supérieure des télécommunications, Paris, 1998.
[43] Seo H, Badiei Khuzani M, Vasudevan V, Huang C, Ren H, Xiao R, Jia X, Xing L. Machine learning techniques for biomedical image segmentation: An overview of technical aspects and introduction to state-of-art applications. Med Phys. 2020 Jun;47(5):e148-e167. doi: 10.1002/mp.13649. PMID: 32418337; PMCID: PMC7338207.
[44] Bartneck, C., Lütge, C., Wagner, A., & Welsh, S. (2021). What Is AI? In An Introduction to

Ethics in Robotics and AI (pp. 5-16).

[45] Elman, J. L. (1990). Finding Structure in Time. Cognitive Science, 14(2), 179–211.

[46] Bashir et al., 2016] Bashir, S., Qamar, U., Khan, F. H., and Naseem, L. (2016). Hmv: A medical decision support framework using multi-layer classifiers for disease prediction. Journal of Computational Science, 13:10–25

[47] Coronato et al., 2020] Coronato, A., Naeem, M., De Pietro, G., and Paragliola, G. (2020). Reinforcement learning for intelligent healthcare applications: A survey. Artificial Intelligence in Medicine.

[48] Yousef poor et al., 2021] Yousef poor, M. S., Yousef poor, E., Barati, H., Barati, A., Movaghar, A., and Hosseinzadeh, M. (2021). Secure data aggregation methods and countermeasures against various attacks in wireless sensor networks: A comprehensive review. Journal of Network and Computer Applications.

[49] [Seaton, 2021] Seaton, H. (2021). The construction technology handbook. John Wiley & Sons.

[50] Kotsiantis, S. B., Zaharakis, I., and Pintelas, P. Supervised machine learning: A review of classification techniques. Emerging artificial intelligence applications in computer engineering, 160:3–24, 2007.

[51] Bengio, Y., Courville, A. C., and Vincent, P. Unsupervised feature learning and deep learning: A review and new perspectives. CoRR

[52] Chapelle, O., Scholkopf, B., and Zien, A. Semi-supervised learning (chapelle, o. et al., eds.; 2006) [book reviews]. IEEE Transactions on Neural Networks, 20(3):542–542, 2009.

[53] Lahlou Ouchiha (2016). Classification supervisée de documents : étude comparative. Thèse, Université du Québec en Outaouais.

[54] Hassane Hilali (2009). Application de la classification textuelle. Thèse, Université du Québec à Trois-Rivières.

[55] Hassan Chouaib (2011). Sélection de caractéristiques : méthodes et applications. Paris Descartes University.

[56] Alain Girard (2007). Exploration d'un algorithme génétique et d'un arbre de décision. Thèse, Université du Québec à Trois-Rivières.

[57] Mouhoub Belazzoug (2021). Apprentissage statistique pour l'extraction de relations. Thèse de doctorat.

[58] Qu, K. (2024). Research on linear regression algorithm. MATEC Web of Conferences, 395, 01046.

[59] Mouhoub Belazzoug (2021). Apprentissage statistique pour l'extraction de relations. Thèse de doctorat.

[60] MacQueen, J. (1967). Some Methods for Classification and Analysis of Multivariate Observations. Proceedings of the Fifth Berkeley Symposium on Mathematical Statistics and Probability, 1, 281–297.

[61] Jain, A. K. (2010). Data Clustering: 50 Years Beyond K-Means. Pattern Recognition Letters,

31(8), 651–666.
[62] Rokach, L., & Maimon, O. (2005). Clustering Methods. In Data Mining and Knowledge Discovery Handbook. Springer.
[63] Pierre-Louis Gonzalez (2008). Méthodes de Classification. Cnam.
[64] Ester, M., Kriegel, H.-P., Sander, J., & Xu, X. (1996). A Density-Based Algorithm for Discovering Clusters in Large Spatial Databases with Noise. Proceedings of KDD-96, 226–231.
[65] Hinton, G. E., & Salakhutdinov, R. R. (2006). Reducing the Dimensionality of Data with Neural Networks. Science, 313(5786), 504–507.
[66] WikiDocs (2025). Deep Learning Bible – Artificial Neural Networks. Consulté le 15/02/2025.
[67] Futura-Sciences – Réseau neuronal (https://www.futura-sciences.com, consulté 05/2025).
[68] Nadia Benahmed (2002). Optimisation de réseaux de neurones pour la reconnaissance de chiffres manuscrits. École de technologie supérieure.
[69] Teuwen, J., & Moriakov, N. (2020). Convolutional neural networks. Handbook of Medical Image Computing, pp. 481–501.
[70] Huang, G., Liu, Z., Van Der Maaten, L., & Weinberger, K.Q. (2017). Densely Connected Convolutional Networks. CVPR, Honolulu.
[71] Zhang, A., Lipton, Z. C., Li, M., & Smola, A. J. (2021). Dive into Deep Learning.
[72] Ronneberger, O. et al. (2015). U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. MICCAI.
[73] Fuzhen Zhuang et al. (2021). A comprehensive survey on Transfer Learning. Proceedings of the IEEE, 109(1):43–76.
[74] Nowakowski A, Lahijanian Z, Panet-Raymond V, Siegel PM, Petrecca K, Maleki F, Dankner M. Radiomics as an emerging tool in the management of brain metastases. Neurooncol Adv. 2022 Sep 6;4(1):vdac141. doi: 10.1093/noajnl/vdac141. PMID: 36284932; PMCID: PMC9583687.
[75] Zhou M, Scott J, Chaudhury B, Hall L, Goldgof D, Yeom KW, Iv M, Ou Y, Kalpathy-Cramer J, Napel S, Gillies R, Gevaert O, Gatenby R. Radiomics in Brain Tumor: Image Assessment, Quantitative Feature Descriptors, and Machine-Learning Approaches. AJNR Am J Neuroradiol. 2018 Feb;39(2):208-216. doi: 10.3174/ajnr.A5391. Epub 2017 Oct 5. PMID: 28982791; PMCID: PMC5812810
[76] Wroblewski TH, Karabacak M, Seah C, Yong RL, Margetis K. Radiomic Consensus Clustering in Glioblastoma and Association with Gene Expression Profiles. Cancers (Basel). 2024 Dec 21;16(24):4256. doi: 10.3390/cancers16244256. PMID: 39766155; PMCID: PMC11674874.
[77] J. Chen, L. Milot, H. M. C. Cheung, and A. L. Martel, “Unsupervised clustering of quantitative imaging phenotypes using autoencoder and Gaussian mixture model,” Department of Medical Biophysics, University of Toronto; Department of Medical Imaging, University of Toronto; Sunnybrook Research Institute, Toronto, ON, Canada.
[78] Zhou M, Scott J, Chaudhury B, Hall L, Goldgof D, Yeom KW, Iv M, Ou Y, Kalpathy-Cramer J, Napel S, Gillies R, Gevaert O, Gatenby R. Radiomics in Brain Tumor: Image Assessment, Quantitative Feature Descriptors, and Machine-Learning Approaches. AJNR Am J Neuroradiol. 2018

Feb;39(2):208-216. doi: 10.3174/ajnr.A5391. Epub 2017 Oct 5. PMID: 28982791; PMCID: PMC5812810.

[79] V. Riberdy, A. Guida, J. Rioux, and K. Brewer, “Radiomics in preclinical imaging research: methods, challenges and opportunities,” npj Imaging, vol. 3, Art. no. 45, Sep. 22, 2025. doi: 10.1038/s44303-025-00104-z.

[80] J. Chen, L. Milot, H. M. C. Cheung, and A. L. Martel, “Unsupervised clustering of quantitative imaging phenotypes using autoencoder and Gaussian mixture model,” Department of Medical Biophysics, University of Toronto; Department of Medical Imaging, University of Toronto; Sunnybrook Research Institute, Toronto, ON, Canada.

[81] X. Li, M. Guindani, C. S. Ng, and B. P. Hobbs, “A Bayesian nonparametric model for textural pattern heterogeneity,” Personalized Healthcare, Genentech, Inc.; Department of Statistics, University of California; Department of Diagnostic Radiology, The University of Texas MD Anderson Cancer Center; Dell Medical School, The University of Texas at Austin

[82] Hooper GW, Ginat DT. MRI radiomics and potential applications to glioblastoma. Front Oncol. 2023 Feb 17;13:1134109. doi: 10.3389/fonc.2023.1134109. PMID: 36874083; PMCID: PMC9982088.

[83] Wroblewski TH, Karabacak M, Seah C, Yong RL, Margetis K. Radiomic Consensus Clustering in Glioblastoma and Association with Gene Expression Profiles. Cancers (Basel). 2024 Dec 21;16(24):4256. doi: 10.3390/cancers16244256. PMID: 39766155; PMCID: PMC11674874.

[84] Zhang Z, Liu Y, Zhang Z, Gui T, Chen Y, Chen Q, Wu X, Sun L, Li S, Wei S. MRI-based radiomic clustering identifies a glioblastoma subtype enriched for neural stemness and proliferative programs. Front Oncol. 2025 Nov 25;15:1662401. doi: 10.3389/fonc.2025.1662401. PMID: 41378293; PMCID: PMC12685660.

[85] Kong DS, Kim J, Ryu G, You HJ, Sung JK, Han YH, Shin HM, Lee IH, Kim ST, Park CK, Choi SH, Choi JW, Seol HJ, Lee JI, Nam DH. Quantitative radiomic profiling of glioblastoma represents transcriptomic expression. Oncotarget. 2018 Jan 5;9(5):6336-6345. doi: 10.18632/oncotarget.23975. PMID: 29464076; PMCID: PMC5814216.

[86] Suter Y, Knecht U, Alão M, Valenzuela W, Hewer E, Schucht P, Wiest R, Reyes M. Radiomics for glioblastoma survival analysis in pre-operative MRI: exploring feature robustness, class boundaries, and machine learning techniques. Cancer Imaging. 2020 Aug 5;20(1):55. doi: 10.1186/s40644-020-00329-8. PMID: 32758279; PMCID: PMC7405445.

[87] DeepAI, « Accuracy & Error Rate ». Disponible sur : https://deepai.org/machine-learning-glossary-and-terms/accuracy-error-rate(consulté le 14 juin 2026).

[88] ApX Machine Learning, « Segmentation Evaluation Metrics ». Disponible sur : https://apxml.com/courses/cnns-for-computer-vision/chapter-4-image-segmentation techniques/segmentation-evaluation-metrics (consulté le 14 juin 2026).

[89] Viso Suite, « Intersection over Union (IoU): A Comprehensive Guide ». Disponible sur : https://viso.ai/computer-vision/intersection-over-union-iou/ (consulté le 14 juin 2026).

[90] Built In, « Common Loss Functions in Machine Learning ». Disponible sur :

https://builtin.com/machine-learning/common-loss-functions(consulté le 14 juin 2026).
[91] Afshar, S., « Binary Cross Entropy (BiCE) ». Disponible sur : https://sassafras13.github.io/BiCE/ (consulté le 14 juin 2026).
[92] Glioblastoma: Clinical Presentation, Multidisciplinary Management, and Long-Term Outcomes, PMC, 2025. https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC11719842/ WHO Central Nervous System Tumor Classification 2021.
[93] A. "Brain Tumor Segmentation Using Multi-Scale Attention U-Net with EfficientNetB4 Encoder," Scientific Reports, 2025. [Online]. disponible: https://www.nature.com/articles/s41598-025-94267-9
[94] A. "Enhanced Brain Tumor Segmentation in Medical Imaging (MM-MSCA-AF)"Scientific Reports, Nature, 2025. [Online]. Disponible : https://www.nature.com/articles/s41598-025-21255-4
[95] A."Radiomics and Machine Learning in Brain Tumors and Their Habitat: A Systematic Review" PMC, 2023. [Online]. Disponible: https://pmc.ncbi.nlm.nih.gov/articles/PMC10417709/
[96] Simonyan, K., & Zisserman, A. (2015). Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition (VGG16). ICLR.
[97] Clark, K., Vendt, B., Smith, K., et al. (2013). The Cancer Imaging Archive (TCIA). Journal of Digital Imaging, 26(6), 1045–1057.
[98] Kihira, S., et al. (2022). U-Net-Based Deep Learning Models for Brain Tumor Segmentation. Cancers.
[99] Aslan, E., & Özüpak, Y. (2026). A hybrid deep learning framework based on VGG19 and U-Net for accurate brain tumor segmentation in MRI images. Magnetic Resonance Letters, Article 200275
[100] Reynolds, D. A. (2009). Gaussian mixture models. In S. Z. Li & A. K. Jain (Eds.), Encyclopedia of Biometrics (pp. 659–663).
[101] Rousseeuw, P. J. (1987). Silhouettes: A graphical aid to the interpretation and validation of cluster analysis. Journal of Computational and Applied Mathematics, 20, 53–65.
[102] P. J. Rousseeuw, "Silhouettes: A Graphical Aid to the Interpretation and Validation of Cluster Analysis," Journal of Computational and Applied Mathematics, vol. 20, pp. 53–65, 1987. doi: 10.1016/0377-0427(87)90125-7.
[103] Simonyan, K., & Zisserman, A. (2015). Very Deep Convolutional Networks for Large-Scale Image Recognition (VGG16). ICLR.
[104] Sudre, C. H., et al. (2017). Generalised Dice overlap as a deep learning loss function for highly unbalanced segmentations. DLMIA 2017, Springer.
[105] Q. T. Ostrom, L. Bauchet, F. G. Davis, et al., "The epidemiology of glioma in adults: a 'state of the science' review," Neuro-Oncology, vol. 16, no. 7, pp. 896–913, juillet 2014, doi: 10.1093/neuonc/nou087.

Références des figures :

Bibliographie & Références

Figure I.1 — Anatomie macroscopique du cerveau et subdivision des lobes fonctionnels (ground truth): S. Rizal, P. N. Pasaribu, and N. Sutisna, "Understanding Zalora's neuromarketing-based online marketplace customer choices," INOVATOR, vol. 12, no. 2, 2024, doi: 10.32832/inovator.v12i2.17633.

Figure I.2 — Les lobes cérébraux. : "Cerveau humain : anatomie et schéma," Journal des Femmes Santé. [Online]. Available: https://sante.journaldesfemmes.fr/fiches-anatomie-et-examens/2709448cerveau-humain-anatomie-schema/

Figure I.3 — Substance grise et substance blanche.: "Substance grise et substance blanche," SpeechNeuroLab. [Online]. Available: https://speechneurolab.ca/la-matiere-grise-et-blanche/

Figure I.4 — Comparaison IRM entre tumeur bénigne bien circonscrite et tumeur maligne infiltrante. M. Zubair, I. Ahmad, and Y. Islam, "Backstepping and synergetic controllers for the chemotherapy of brain tumor," International Journal of Control, Automation and Systems, vol. 19, no. 11, pp. 3560–3572, 2021, doi: 10.1007/s12555-020-0426-5.

Figure I.5 — Classification histologique des tumeurs cérébrales (gliomes et tumeurs non gliales) selon l'origine et la malignité.: A. Shergalis, A. Bankhead, U. Luesakul, N. Muangsin, and N. Neamati, "Current challenges and opportunities in treating glioblastoma," Pharmacological Reviews, vol. 70, no. 3, pp. 412–445, 2018, doi: 10.1124/pr.117.014944.

Figure I.6 — Variabilité morphologique des gliomes selon les grades OMS II–IV. : S. Srinivasan, D. Francis, S. M. Kumar, and M. A. Shah, "A hybrid deep CNN model for brain tumor image multi-classification," BMC Medical Imaging, vol. 24, no. 1, p. 52, 2024, doi: 10.1186/s12880-024-01195-7.
Figure I.7 — Imagerie par rayons X. : S. K. M. S. Islam, M. A. Al Nasim, I. Hossain, and M. A. Ullah, "Introduction of Medical Imaging Modalities," in Data Driven Approaches on Medical Imaging, Cham, Switzerland: Springer, 2023, pp. 1–25, doi: 10.1007/978-3-031-47772-0_1.

Figure I.8 — Tomodensitométrie (TDM / Scanner): S. Khalfallah, "[Mémoire de Master]", Univ. de Biskra. [Online]. Available: http://archives.univ-biskra.dz/bitstream/123456789/15663/1/Khalfallah_Sara.pdf

Figure I.9 — Image obtenu par Échographie.: S. Khalfallah, "[Mémoire de Master]", Univ. de Biskra. [Online]. Available: http://archives.univ-biskra.dz/bitstream/123456789/15663/1/Khalfallah_Sara.pdf

Figure I.10 — IRM cérébrale: S. Khalfallah, "[Mémoire de Master]", Univ. de Biskra. [Online]. Available: http://archives.univ-biskra.dz/bitstream/123456789/15663/1/Khalfallah_Sara.pdf

Figure I.11 — Principe de la formation d'IRM. : N. Bouchaour, "Approches collectives basées datamining et machine-learning pour l'interprétation d'images et reconnaissance d'objets," Thèse de doctorat (3e cycle), Dép. Informatique, Faculté des Sciences, Univ. de Skikda, Algérie.

Figure I.12 — Les quatre modalités d'IRM cérébrale. :X. Pan et al., "Data Augmentation for Medical MR Image Using Generative Adversarial Networks," arXiv:2111.14297, 2021.

Figure I.13 — Courbe de récupération T1. : C. Westbrook, C. K. Roth, and J. Talbot, MRI in Practice, 4th ed. Chichester, U.K.: Wiley-Blackwell, 2011.
Figure I.14 — Courbe de décroissance T2. : C. Westbrook, C. K. Roth, and J. Talbot, MRI in Practice, 4th ed. Chichester, U.K.: Wiley-Blackwell, 2011.

Figure II.1 — Principaux types d'apprentissage automatique : « A. Wahid et al., « Performance evaluation of Machine Learning models to predict heart attack », ResearchGate, 2023. [En ligne]. Disponible sur : https://www.researchgate.net/publication/373118746_Performance_evaluation_of_Machine_Learning_models_to_predict_heart_attack »

Figure II.2 — Schéma de l'apprentissage non supervisé : Bengio, Y., Courville, A. C., and Vincent, P. Unsupervised feature learning and deep learning: A review and new perspectives. CoRR

Bibliographie & Références

Figure II.3 — Schéma de l'apprentissage semi-supervisé : Chapelle, O., Scholkopf, B., and Zien, A. Semi-supervised learning (chapelle, o. et al., eds.; 2006) [book reviews]. IEEE Transactions on Neural Networks, 20(3):542–542, 2009.

Figure II.4 — Architecture CNN en apprentissage profond : https://www.upgrad.com/blog/basic-cnn-architecture/

Figure II.5 — Architecture DenseNet-121 et blocs denses : "J. Huang et al., « Individual Tree Species Identification using Dense Convolutional Network (DenseNet) on multi-temporal RGB images from UAV », ResearchGate, 2020. [En ligne]. Disponible sur : https://www.researchgate.net/publication/343147966 »

Figure II.6 — Architecture U-Net avec encodeur, décodeur et skip connections : « Deep learning-based multi-modal fusion for medical image segmentation (U-Net) », ScienceDirect, 2025. [En ligne]. Disponible sur : https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2666521225000274 »

Figure II.7 — Architecture déroulée d'un réseau de neurones récurrent (RNN) : Jain, A. K. (2010). Data Clustering: 50 Years Beyond K-Means. Pattern Recognition Letters, 31(8), 651–666.

Figure II.8 — Processus de Transfer Learning et Fine-Tuning : "« Rolling Bearing Fault Diagnosis Using Time-Frequency Analysis and Deep Transfer Convolutional Neural Network », ResearchGate, 2020. [En ligne]. Disponible sur : https://www.researchgate.net/publication/343668573

Annexes

Annexe A : Environnement de développement et Configuration

L'ensemble des développements, des entraînements de modèles et des expérimentations de ce projet a été réalisé en combinant une infrastructure locale pour la gestion des fichiers et une infrastructure cloud pour la puissance de calcul.

A.1 Configuration Matérielle (Machine Locale)

Le tableau suivant présente les caractéristiques techniques de la machine locale utilisée pour la supervision, le traitement initial des données et la rédaction :

Composant	Spécification
Processeur (CPU)	Intel Core i7-1065G7 (4 cœurs, 8 threads, 1.3 GHz – 3.9 GHz)
Mémoire RAM	16 GB
Carte graphique (GPU)	Intel Iris Plus Graphics
Stockage	Intel SSD 512 GB (NVMe PCIe)

A.2 Environnement Logiciel et Cloud

L'environnement logiciel et les plateformes cloud exploités pour l'exécution des pipelines de Deep Learning et de clustering se composent de :

- **Système d'exploitation :** Windows
- **Langage de programmation :** Python
- **Plateforme d'exécution :** Google Colaboratory (Google Colab) configuré avec un accélérateur matériel GPU NVIDIA (pour l'entraînement accéléré du modèle U-Net/VGG16)
- **Stockage et synchronisation :** Google Drive (pour la sauvegarde des datasets, des checkpoints de modèles et du fichier de résultats unified_pipeline_results_v2.csv)

Annexe B — Bibliothèques logicielles utilisées

Le tableau ci-dessous recense l'ensemble des bibliothèques Python mobilisées dans les deux modules du système : le pipeline de traitement (clustering_pipeline.py) et l'interface graphique (tumor_clustering_gui.py). Pour chaque bibliothèque, sont indiqués la version utilisée, son rôle fonctionnel dans le projet, ainsi que le(s) module(s) concerné(s).

Bibliothèque	Version	Rôle dans le projet	Utilisée dans
os	stdlib	Gestion des chemins de fichiers et variables d'environnement	Pipeline + GUI
glob	stdlib	Recherche de fichiers par motif (*.png, *.jpg…)	Pipeline + GUI
warnings	stdlib	Suppression des avertissements non critiques	Pipeline

threading	stdlib	Exécution parallèle de tâches (chargement non bloquant)	GUI
tkinter / ttk	stdlib	Interface graphique (fenêtres, boutons, canvas, menus)	GUI
TensorFlow / Keras	2.x	Chargement et inférence du modèle U-Net VGG16	Pipeline + GUI
OpenCV (cv2)	4.x	Lecture, redimensionnement, normalisation et traitement d'images MRI	Pipeline + GUI
NumPy	1.x	Calculs matriciels et manipulation des tableaux de pixels	Pipeline + GUI
SciPy (ndimage)	1.x	Morphologie et traitement d'images scientifiques	Pipeline
pandas	2.x	Construction et export des tableaux de résultats (CSV)	Pipeline + GUI
scikit-learn	1.x	Clustering GMM, PCA, RobustScaler, métriques (Silhouette, Davies-Bouldin)	Pipeline + GUI
scikit-image	0.2x	Matrice GLCM, propriétés GLCM (contraste, énergie…), regionprops	Pipeline + GUI
Matplotlib	3.x	Tracé des graphiques BIC/Silhouette, scatter PCA, boxplots, pie charts	Pipeline + GUI
Pillow (PIL)	10.x	Conversion NumPy ↔ PhotoImage pour l'affichage dans Tkinter	GUI

Notes :

• stdlib : module inclus dans la bibliothèque standard Python, aucune installation requise.

• Pipeline : désigne le fichier classification_pipeline.py (traitement batch, segmentation U-Net, extraction de features radiomiques, clustering GMM).

• GUI : désigne le fichier tumor_classifier_gui.py (interface Tkinter, chargement interactif, classification image par image).

• Les versions indiquées correspondent aux versions majeures compatibles ; les versions mineures peuvent varier selon l'environnement d'exécution (Google Colab / Windows local).

Annexe C— Détail des caractéristiques radiomiques extraites (18 features)

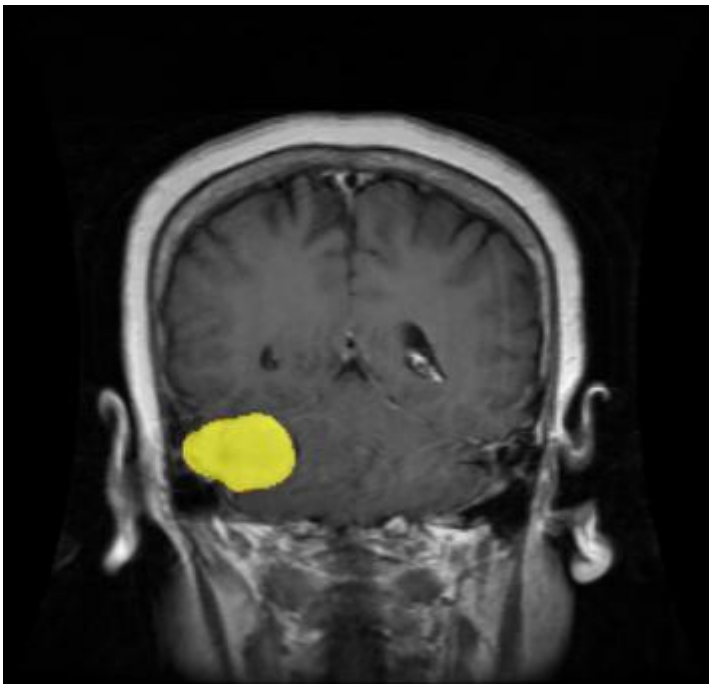
Extrait du code unified_pipeline_v2.py :

Catégorie	Caractéristique	Description
Intensité (1er ordre)	mean_intensity	Intensité moyenne des pixels tumoraux
	std_intensity	Écart-type des intensités
	median_intensity	Intensité médiane
	max_intensity	Intensité maximale
	min_intensity	Intensité minimale
	skewness	Asymétrie de la distribution d'intensité
	kurtosis	Aplatissement de la distribution
Morphologie (Forme)	tumor_area	Surface tumorale en pixels
	area_ratio	Ratio surface tumorale / surface totale de l'image

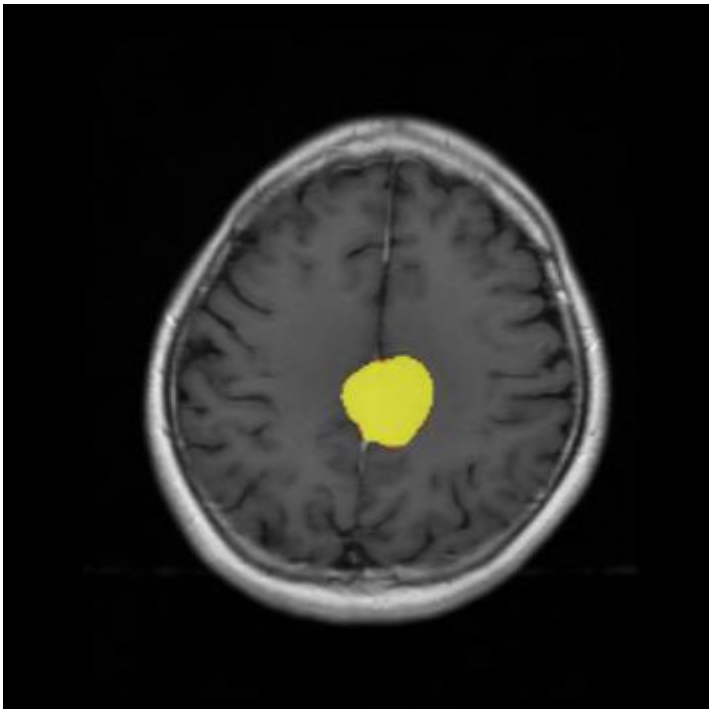
	perimeter	Périmètre de la tumeur
	compactness	Compacité = (4π × surface) / (périmètre²)
Texture GLCM	glcm_contrast	Contraste — variation locale d'intensité
	glcm_energy	Énergie — uniformité texturale
	glcm_homogeneity	Homogénéité — proximité des intensités voisines
	glcm_correlation	Corrélation — dépendance linéaire entre pixels
Confiance de segmentation	mean_prob	Probabilité moyenne de la prédiction U-Net
	max_prob	Probabilité maximale de la prédiction
Gradient	gradient_mean	Moyenne du gradient de Laplacien (netteté des bords)

Annexe D — Exemples de résultats de segmentation

Les figures suivantes illustrent deux exemples de segmentation produits par le modèle U-Net/VGG16 sur des coupes IRM de tumeurs, le masque prédit étant superposé en jaune sur l'image originale." Ensuite chaque image peut avoir sa propre petite précision (coupe coronale / coupe axiale).



Annexes



Annexe E — Paramètres d'entraînement du modèle de segmentation U-Net/VGG16

Extrait du code vgg16_unet_segmentation.py :

Paramètre	Valeur
Architecture	U-Net avec encodeur VGG16 (Transfer Learning)
Pré-entraînement	VGG16 sur ImageNet
Résolution d'entrée	512 × 512 pixels
Batch size	2
Optimiseur	Adam
Taux d'apprentissage	1×10^{-4}
Phase 1 — Encodeur gelé	5 époques (warmup du décodeur)
Phase 2 — Fine-tuning complet	20 époques
Fonction de perte	Combined Loss = 0,5 × Dice Loss + 0,5 × Binary Cross-Entropy
Métriques	Dice Coefficient, IoU, Accuracy, Binary Cross-Entropy
Augmentation des données	Flip horizontal, Flip vertical, Rotation 90° (facteur ×4)
Seuil de binarisation	0,4
Taille minimale de tumeur	50 pixels (filtrage)

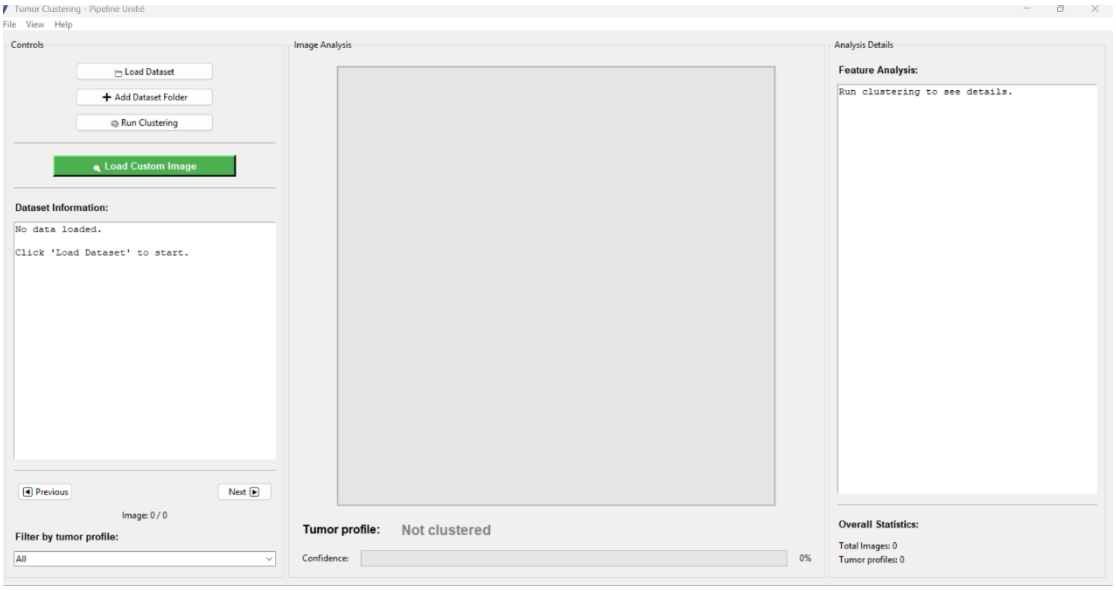
Annexe F — Bibliothèques logicielles utilisées

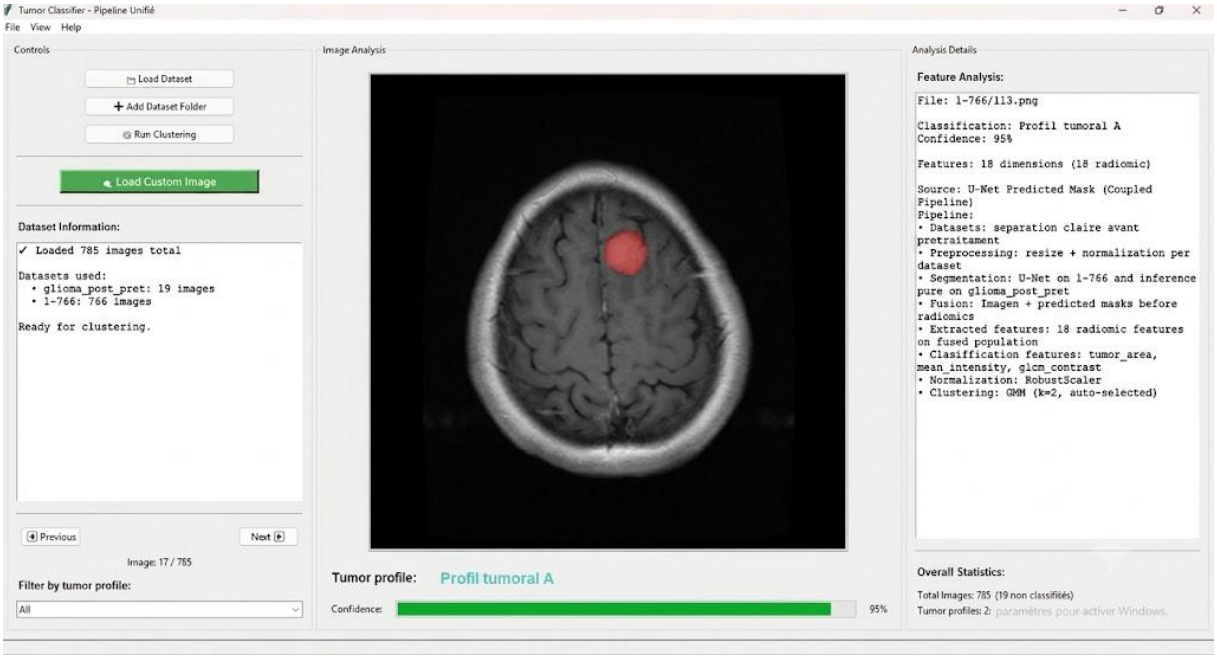
Bibliothèque	Version	Rôle dans le projet
os, glob	stdlib	Gestion des chemins et fichiers
numpy	1.x	Calculs matriciels

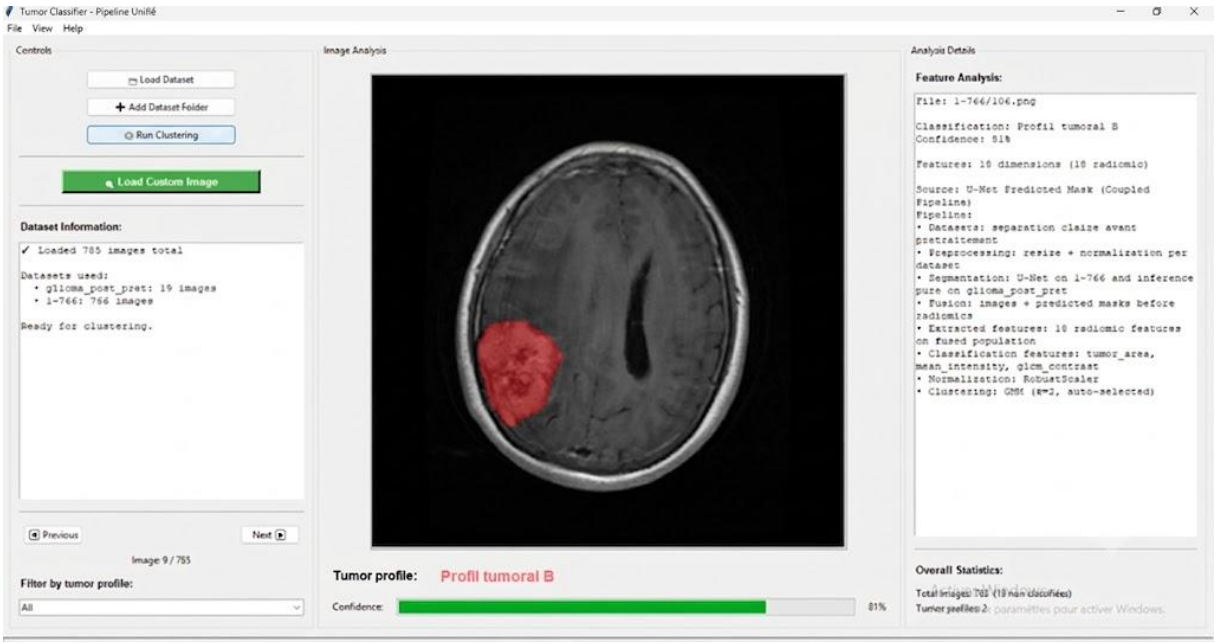
opencv-python (cv2)	4.x	Lecture, redimensionnement, traitement d'images
tensorflow / keras	2.x	Construction, entraînement et inférence U-Net/VGG16
scikit-learn	1.x	GMM, PCA, RobustScaler, métriques (Silhouette, Davies-Bouldin)
scikit-image	0.2x	GLCM, regionprops
matplotlib	3.x	Visualisations (clustering, features, courbes)
pandas	2.x	Export des résultats (CSV)
scipy	1.x	Morphologie et traitement d'images
Pillow (PIL)	10.x	Conversion d'images pour interface graphique
tkinter	stdlib	Interface graphique (GUI)

Annexe G — Interface graphique et visualisation

- Captures d'écran de l'interface Tkinter (tumor_classifier_gui.py)
  Les captures d'écran suivantes présentent l'interface Tkinter de l'application tumor_classifier_gui.py, depuis son état initial jusqu'à l'affichage des résultats de clustering pour deux profils tumoraux distincts







Annexe H _Architecture du modèle U-Net avec encodeur VGG16

L'extrait de code suivant illustre la fonction de construction du modèle, qui adapte l'encodeur VGG16 (pré-entraîné sur ImageNet, conçu pour des images à 3 canaux) à des entrées IRM en niveaux de gris à 1 canal, via une couche de conversion

```python
def build_vgg16_unet(input_shape=(512, 512, 1)):
    """Build U-Net with VGG16 encoder."""
    inputs = layers.Input(shape=input_shape)

    # Adapt 1-channel → 3 channels for VGG16
    x = layers.Conv2D(3, (1, 1), padding='same', activation='relu',
                      name='channel_expander')(inputs)
```

Annexe I_ Extraction des caractéristiques radiomiques

L'extrait de code suivant présente la fonction extract_rich_features, qui normalise l'image, redimensionne le masque de segmentation, puis calcule la surface tumorale utilisée pour filtrer les segmentations de taille insuffisante

```python
def extract_rich_features(original_image, mask, mask_raw):
    img_uint8 = cv2.normalize(original_image, None, 0, 255, cv2.NORM_MINMAX).astype(np.uint8)
    img_224   = cv2.resize(img_uint8, IMG_SIZE_CLASSIFIER)
    mask_bool = mask > 0.5
    area      = np.sum(mask_bool)

    if area < MASK_AREA_THRESHOLD:
        return None
```

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

Republique Algérienne Démocratique Populaire

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

Ministère de l'Enseignement Supérieur de la Recherche Scientifique

Université 20 août 1955 Skikda — **جامعة 20 أوت 1955 – سكيكدة**

Faculte des Sciences
Departement d'informatique

كلية العلوم
قسم الإعلام الآلي

الرقم: .... / ق/ ا/ ا/ ك.ع2026/

Autorisation de Dépôt de Mémoire de Master

Je soussigné : ..... MAGROUN HANENE .....

Certifie que l'étudiant(e) : ..... BOULGUEMH WAFA .....

Spécialité : ..... Intelligence Artificielle .....

Ayant soutenu le projet intitulé : ..... Segmentation et caractérisation des gliome par IRM : U-Net/Voronoi et clustering radiomique non Supervisé! .....

A apporté les corrections nécessaires sur son manuscrit de Master.

Signature de l'encadreur

OnlinePhotoScanner.com

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

Republique Algérienne Démocratique Populaire

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

Ministère de l'Enseignement Supérieur de la Recherche Scientifique

Université 20 août 1955 Skikda

جامعة 20 أوت 1955 – سكيكدة

Faculte des Sciences
Departement d'informatique

كلية العلوم
قسم الإعلام الآلي
الرقم: .... / ق/ ا/ ا/ ك.ع2026/

Autorisation de Dépôt de Mémoire de Master

Je soussigné : .....MAGROUN HANENE.....

Certifie que l'étudiant(e) : .....FILALI RADJA.....

Spécialité : .....Intelligence Artificielle.....

Ayant soutenu le projet intitulé : Segmentation et caractérisation des gliome par IRM : UNET/VGG16 et clustering radiomique non supervisé

A apporté les corrections nécessaires sur son manuscrit de Master.

Signature de l'encadreur

OnlinePhotoScanner.com