

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique



Université Aboubakr Belkaïd – Tlemcen –

THÈSE

Présentée à :

FACULTE DE Technologie– DEPARTEMENT DE Génie Biomédical

Pour l'obtention du diplôme de :

DOCTORAT

Spécialité:Génie Biomédical

Par :

Mr Youbi Mohammed Ridha

Sur le thème

Développement d'outils d'analyse et de classification des images IRM pour l'aide au diagnostic médical : Application au diagnostic et à la détection précoce du cancer de la Prostate

Soutenue publiquement le 08 Avril 2026 à Tlemcen devant le jury composé de :

Mr MESSADI Mohammed	Professeur	Université de Tlemcen	Président
M ^{lle} FEROUJ Amel	Professeur	Université de Tlemcen	Directeur de thèse
Mr OMARI Tahar	Professeur	Université de Ain Temouchent	Examineur
Mr BIRANE Mouhoub	Professeur	Université de Laghouat	Examineur
Mr BENCHAIB Yasmine	M C A	Université de Tlemcen	Invitée

Remerciements

Je tiens tout d'abord à exprimer ma profonde gratitude à ma directrice de thèse, Madame la Professeure Feroui Amel de l'Université de Tlemcen. Je la remercie pour la confiance qu'elle m'a témoignée, sa disponibilité et la qualité de son encadrement scientifique, qui ont été les piliers de ce travail de recherche.

Mes remerciements s'adressent également à Monsieur le Professeur Mohammed Mesaadi, qui me fait l'honneur de présider ce jury. En sa qualité de chef de notre équipe de recherche en imagerie médicale, je le remercie pour son accueil au sein du laboratoire ainsi que pour sa vision éclairée qui a grandement enrichi ce parcours.

Je remercie sincèrement les examinateurs pour l'intérêt qu'ils ont porté à mon travail :

Monsieur le Professeur Birmane Mahboub, de l'Université de Laghouat ; et Monsieur le Docteur Omari Tahar, de l'Université d'Aïn Témouchent. Je leur suis reconnaissant pour la pertinence de leurs remarques et pour les perspectives d'amélioration qu'ils ont suggérées. Leurs critiques constructives ouvrent la voie à une optimisation de notre approche en vue d'une future intégration dans le diagnostic clinique.

Un grand merci à toute l'équipe de recherche du Laboratoire GBM (Génie Biomédical) de l'Université de Tlemcen. Je suis particulièrement reconnaissant envers le Pr. Mohammed Mesaadi et mes collègues pour leur soutien technique et leur expérience. Leurs conseils ont été essentiels pour transformer nos concepts en solutions concrètes pour l'imagerie médicale.

Enfin, je remercie ma famille et mes proches pour leur soutien indéfectible et leur patience durant ces années de doctorat.

Résumé

Le cancer de la prostate (CaP) présente une grande hétérogénéité biologique, rendant cruciale la distinction entre les formes cliniquement insignifiantes (ciPCa), gérées par surveillance active, et les formes significatives (csPCa), nécessitant un traitement. L'imagerie par résonance magnétique multiparamétrique (IRMmp), basée sur le système PI-RADS, est la référence actuelle, mais reste limitée par la subjectivité du contourage manuel des lésions, entraînant une variabilité inter-observateur, une faible reproductibilité des biomarqueurs radiomiques et de nombreuses biopsies inutiles. Pour répondre à ces défis, cette thèse propose un pipeline diagnostique entièrement automatisé, structuré en deux phases. La première assure une détection objective des lésions via une méthode innovante de segmentation non supervisée : le Fuzzy C-Means à Double Parcours, combinant analyses texturales filtrée et non filtrée, avec un Indice de Jaccard (IoU) de 0,89, garantissant ainsi la fiabilité des régions d'intérêt. La seconde phase classe l'agressivité tumorale selon le Gleason Grade Group (GGG) à l'aide d'un vecteur de biomarqueurs radiomiques, comprenant des *deep features* non linéaires issues d'un ResNet50 pré-entraîné. Deux approches sont comparées : un modèle d'apprentissage automatique (LASSO-RFE) pour l'interprétabilité, et un réseau neuronal convolutif (CNN) pour la performance. Les deux atteignent d'excellents résultats (AUC-ROC = 0,95 ; précision, sensibilité et spécificité \approx 92–93 %), mais le CNN est retenu pour sa robustesse et sa meilleure capacité de généralisation. Ce système d'aide au diagnostic (CAD) permet de clarifier les cas ambigus PI-RADS 3, de réduire les biopsies superflues et de renforcer la sécurité de la surveillance active, marquant une avancée significative vers une intégration clinique fiable de l'intelligence artificielle en oncologie prostatique.

Mots-clés : Cancer de la prostate, IRM multiparamétrique, Radiomique, Classification automatique, Système d'aide au diagnostic.

Abstract

Prostate cancer (PCa) exhibits marked biological heterogeneity, necessitating a clear distinction between clinically insignificant forms (ciPCa)—suitable for active surveillance—and clinically significant disease (csPCa), which requires prompt treatment. Although multiparametric magnetic resonance imaging (mpMRI), guided by the PI-RADS scoring system, is the current diagnostic standard, its effectiveness is hampered by the subjectivity of manual lesion delineation. This limitation leads to inter-observer variability, poor reproducibility of radiomic biomarkers, and a high rate of unnecessary biopsies.

This thesis proposes a fully automated, hybrid diagnostic pipeline designed to be objective, robust, and interpretable, structured into two sequential phases. First, reliable lesion detection is achieved through an innovative unsupervised segmentation method: the Dual-Path Fuzzy C-Means algorithm. This approach fuses filtered and unfiltered texture analysis pathways, yielding a high Jaccard Index (IoU) of 0.89 and ensuring objective delineation of Regions of Interest (ROIs). Second, tumor aggressiveness is classified according to the Gleason Grade Group (GGG) using a radiomic biomarker vector composed of nonlinear deep features extracted from a pre-trained ResNet50. Two complementary classification strategies are employed: a machine learning (ML) approach (LASSO-RFE) for interpretability, and a deep learning (DL) approach using a Convolutional Neural Network (CNN) for performance.

Both strategies demonstrate excellent internal performance (ROC-AUC = 0.95; accuracy, sensitivity, and specificity of 92–93%). The CNN was selected as the final model due to its superior robustness and enhanced generalization potential. This work validates a comprehensive Computer-Aided Diagnosis (CAD) system capable of resolving PI-RADS 3 diagnostic uncertainty, reducing unnecessary biopsies, and strengthening the safety of active surveillance—thereby making a significant contribution to the responsible integration of artificial intelligence into prostate cancer oncology.

Keywords: Prostate cancer, multiparametric magnetic resonance imaging (mpMRI), Radiomics, Automated tumor grading, Computer-aided diagnosis (CAD).

المخلص

يُظهر سرطان البروستاتا تنوعًا بيولوجيًا كبيرًا، مما يجعل التمييز بين استئصال البروستاتا غير ذي الأهمية السريرية ، الذي يتطلب علاجًا، أمرًا (csPCa) ، الذي يُدار بالمراقبة النشطة، واستئصال البروستاتا ذي الأهمية السريرية (ciPCa) ، المعيار الذهبي PI-RADS ، القائم على نظام (mpMRI) بالغ الأهمية. يُعد التصوير بالرنين المغناطيسي متعدد المعايير حاليًا، ولكنه لا يزال محدودًا بسبب ذاتية تحديد الآفة يدويًا، مما يؤدي إلى تباين بين الفاحصين، وضعف قابلية تكرار المؤشرات الحيوية الإشعاعية، والعديد من الخزعات غير الضرورية. للتغلب على هذه الصعوبات، تقترح هذه الأطروحة مسارًا تشخيصيًا آليًا بالكامل من خطوتين. تضمن الخطوة الأولى الكشف الموضوعي عن الآفة باستخدام طريقة تجزئة ، التي تجمع بين التحليلات النسيجية Dual-Path Fuzzy C-Means مبتكرة وغير خاضعة للإشراف: خوارزمية بقيمة 0.89، مما يضمن موثوقية مناطق الاهتمام. تُصنّف المرحلة (IoU) المفترزة وغير المفترزة مع مؤشر وحدة جاكارد باستخدام مجموعة من المؤشرات الحيوية الإشعاعية، (GGG) الثانية مدى شراسة الورم وفقًا لتصنيف مجموعة غليسون مُدرّبة مسبقًا. وقد قورنت طريقتان: نموذج تعلّم ResNet50 بما في ذلك خصائص غير خطية عميقة مُستمددة من شبكة لتحسين الأداء. حققت كلتا الطريقتين نتائج (CNN) لتسهيل التفسير، وشبكة عصبية التفاضلية (LASSO-RFE) آلي ؛ دقة، حساسية، وخصوصية $\approx 92-93\%$ ، ولكن تم اختيار الشبكة العصبية $ROC = 0.95$ ممتازة (مساحة تحت منحنى الغامضة، ويُقلّل من PI-RADS 3 الالتفافية لمتانتها وقدراتها الفائقة على التعميم. يُوضّح نظام دعم التشخيص هذا حالات الخزعات غير الضرورية، ويُحسّن سلامة المراقبة النشطة، مما يُمثّل خطوة هامة نحو التكامل السريري الموثوق للذكاء الاصطناعي في إدارة سرطان البروستاتا.

الكلمات المفتاحية: سرطان البروستاتا، التصوير بالرنين المغناطيسي متعدد المعايير، الأشعة، التصنيف الآلي، نظام دعم التشخيص

Liste des figures

Chapitre I

- Figure 1.1 – Anatomie de la prostate et des organes pelviens adjacents.23.*
- Figure 1.2 – Anatomie zonale de la prostate selon la classification de McNeal.24.*
- Figure 1.3 – Cartographie mondiale de l'incidence du cancer de la Prostate.....26.*
- Figure 1.4 – Schéma du principe de l'échographie transrectale (TRUS) et de la biopsie guidée.29.*
- Figure 1.5 – Aspect échographique (TRUS) d'un nodule hypoéchogène en zone périphérique.30.*
- Figure 1.6 – Représentation du processus de biopsie prostatique transrectale échoguidée.32.*
- Figure 1.7 – Illustration histopathologique des patterns architecturaux du score de Gleason.33.*
- Figure 1.8 – Description du Déroulement Diagnostique du Cancer de la Prostate37.*

Chapitre II

- Figure 2.1 – Principes physiques de la résonance magnétique nucléaire et de la formation de l'image.41.*
- Figure 2.2 – Anatomie zonale de la prostate en imagerie T2 pondérée.44.*
- Figure 2.3 – Sémiologie comparative des séquences IRMmp45.*
- Figure 2.4 – Sémiologie de la perfusion dynamique (DCE-MRI) : image et courbe cinétique.46.*
- Figure 2.5 – Logigramme décisionnel du système PI-RADS v2.1.48.*
- Figure 2.6 – Corrélations visuelles entre les scores PI-RADS (1 à 5) et les séquences IRM.49.*

<i>Figure 2.7 – Algorithme intégré de prise en charge diagnostic du cancer de la prostate.</i>	52.
--	-----

Chapitre III

<i>Figure 3.1 – Illustration du problème de variabilité dans la segmentation manuelle des lésions.</i>	57.
<i>Figure 3.2 – Algorithme de consensus pour l'amélioration de la reproductibilité de la segmentation.</i>	59.
<i>Figure 3.3 – Schéma d'un réseau neuronal artificiel simple.</i>	60.
<i>Figure 3.4 – Architecture générique d'un réseau neuronal convolutif (CNN).</i>	61.
<i>Figure 3.5 – Architecture de l'U-Net pour la segmentation sémantique en imagerie médicale.</i>	64.
<i>Figure 3.6 – Principe d'un CNN pour la génération de cartes d'activation (« heatmaps »).</i>	65.
<i>Figure 3.7 – Pipeline méthodologique complet d'une étude radiomique.</i>	66.
<i>Figure 3.8 – Classification PI-RADS multimodale (T2W/ADC).</i>	69.
<i>Figure 3.9 – Schéma d'un système de CNN co-entraînés pour la fusion multimodale (T2W/ADC).</i>	70.

Chapitre IV

<i>Figure 4.1 – Architecture modulaire globale du pipeline hybride proposé.</i>	83.
<i>Figure 4.2 – Architecture d'un réseau U-Net</i>	85.
<i>Figure 4.3 – Résultat de la segmentation automatisée initiale de la prostate</i>	86.
<i>Figure 4.4. – Isolation de la glande prostatique</i>	87.
<i>Figure 4.5. – Résultat de la segmentation initiale de l'image prostatique</i>	88.
<i>Figure 4.6. – cluster Zone Centrale (M_{CZ})</i>	89.
<i>Figure 4.7. – Affinement du cluster CZ par opérations morphologiques</i>	89.
<i>Figure 4.8 – Segmentation CZ non filtrée et filtrée</i>	90.
<i>Figure 4.9 – Soustraction de la région différentielle d'intérêt (ROI)</i>	91.
<i>Figure 4.10 – ROI détectée automatiquement</i>	92.

<i>Figure 4.11 – Régions tumorales détectées automatiquement</i>	92.
<i>Figure 4.12 –Extraction des radiomiques de la ROI</i>	93.
<i>Figure 4.13 – Architecture ResNet50 pour L'extraction des caractéristiques Radiomiques</i>	94.
<i>Figure 4.14 – modèles MLappliqués aux caractéristiques sélectionnées</i>	99.
<i>Figure 4.15. – CNN architecture</i>	108.

Chapitre V

<i>Figure 5.1 – Techniques de Soustraction pour l'Extraction de la Région d'Intérêt Différentielle (ROI)</i>	115.
<i>Figure 5.2 – Comparaison Visuelle de la Segmentation</i>	116.
<i>Figure 5.3 – corrélation des caractéristiques radiomiques extradites et le (GGG). ..</i>	119.
<i>Figure5.4 – Corrélation des 10 Meilleures Caractéristiques Radiomiques avec le Score de Gleason</i>	120.
<i>Figure5.5 – Performance de l'Entraînement (Précision et Perte)</i>	121.
<i>Figure 5.6 – Matrice de Confusion - 50 Cas Testés (GGG_<7 vs GGG_>7)</i>	122.
<i>Figure 5.7 – Courbe ROC - 50 Cas Testés</i>	123.

Liste des tableaux

<i>Tableau 1.1 – Caractéristiques des zones prostatiques (McNeal) : proportion, origine et pathologie.</i>	25.
<i>Tableau 1.2 – Classification ISUP (2014) des adénocarcinomes prostatiques.</i>	34.
<i>Tableau 1.3 – Taux de détection par IRM en fonction du volume tumoral et du groupe de grade ISUP.</i>	35.

Chapitre II

Tableau 2.1 – Critères PI-RADS v2.1 pour l'évaluation des lésions de la zone périphérique.50.

Tableau 2.2 – Critères PI-RADS v2.1 pour l'évaluation des lésions de la zone de transition.50.

Chapitre III

Tableau 3.1 – Comparaison des architectures de segmentation U-Net et nnU-Net.64.

Tableau 3.2 – Analyse SWOT des approches radiomique et par DL.68.

Tableau 3.3 – Comparaison des architectures Deep Learning.74.

Tableau 3.4 – Performances récentes de modèles d'IA pour la détection du csPCa. .75.

Tableau 3.5 – Revue critique des approches fondées sur les CNN pour le CaP.74.

Chapitre IV

Tableau 4.1 – Paramètres d'acquisition des séquences IRMmp.80.

Chapitre V

Tableau 5.1 – segmentation Performance116.

Tableau 5.2 – Comparaison des modèles ML.....118.

Tableau 5.3 – Comparaison de la Performance du Modèle ML vs. DL124.

Tableau 5.4 – Comparaison avec d'autres travaux en termes d'AUC-ROC125.

Liste des abréviations

- **ADC** – *Coefficient de Diffusion Apparent (Apparent Diffusion Coefficient)*
- **AUC** – *Aire Sous la Courbe (Area Under the Curve)*
- **bpMRI** – *IRM Biparamétrique (Biparametric MRI)*
- **CaP** – *Cancer de la Prostate (Prostate Cancer)*
- **CAD** – *Système d'Aide au Diagnostic (Computer-Aided Diagnosis)*
- **ciPCa** – *Cancer de la Prostate Cliniquement Insignifiant (Clinically Insignificant Prostate Cancer)*
- **CNN** – *Réseau Neuronal Convolutif (Convolutional Neural Network)*
- **csPCa** – *Cancer de la Prostate Cliniquement Significatif (Clinically Significant Prostate Cancer)*
- **DCE-MRI** – *IRM de Perfusion Dynamique (Dynamic Contrast-Enhanced MRI)*
- **DL** – *Apprentissage Profond (Deep Learning)*
- **DRE** – *Toucher Rectal (Digital Rectal Examination)*
- **DWI** – *Imagerie de Diffusion (Diffusion-Weighted Imaging)*
- **FCM** – *Méthode des C-Moyennes Floues (Fuzzy C-Means)*
- **GBM** – *Machine à Augmentation de Gradient (Gradient Boosting Machine)*
- **GG(G)** – *Groupe de Grade de Gleason (Gleason Grade Group)*
- **IA** – *Intelligence Artificielle (Artificial Intelligence)*
- **IRM** – *Imagerie par Résonance Magnétique (Magnetic Resonance Imaging)*
- **IRMmp (mpMRI)** – *IRM Multiparamétrique (Multi-parametric MRI)*
- **ISUP** – *Société Internationale de Pathologie Urologique (International Society of Urological Pathology)*
- **LASSO** – *Opérateur de Sélection et de Rétrécissement Absolu Minimum (Least Absolute Shrinkage and Selection Operator)*
- **ML** – *Apprentissage Automatique (Machine Learning)*
- **nnU-Net** – *U-Net Non-Paramétrique (No-new-Net)*

- **PI-RADS** – *Système de Rapport et de Données en Imagerie de la Prostate (Prostate Imaging Reporting and Data System)*
- **PSA** – *Antigène Prostatique Spécifique (Prostate-Specific Antigen)*
- **RFE** – *Élimination Récurrente de Caractéristiques (Recursive Feature Elimination)*
- **RMN** – *Résonance Magnétique Nucléaire (Nuclear Magnetic Resonance)*
- **ROC** – *Courbe Caractéristique de Fonctionnement du Récepteur (Receiver Operating Characteristic)*
- **ROI** – *Région d'Intérêt (Region of Interest)*
- **T2W** – *Séquence Pondérée en T2 (T2-Weighted)*
- **TNM** – *Classification TNM (Tumour, Node, Metastasis)*
- **TRUS** – *Échographie Transrectale (Transrectal Ultrasound)*
- **U-Net** – *Architecture en U pour Réseaux Convolutifs (U-Net)*
- **VOI** – *Volume d'Intérêt (Volume of Interest)*
- **ZC** – *Zone Centrale (Central Zone)*
- **ZP** – *Zone Périphérique (Peripheral Zone)*
- **ZT** – *Zone de Transition (Transition Zone)*

TABLE DES MATIÈRES

INTRODUCTION	16.
1. <i>Contexte clinique et enjeu du cancer de la prostate (CaP).</i>	16.
2. <i>Limites du paradigme diagnostique conventionnel : l'arbitrage surdiagnostic vs. sous-diagnostic</i>	16.
3. <i>Révolution de l'IRM multiparamétrique (IRMmp) et standardisation par le système PI-RADS.</i>	16.
4. <i>Problématique centrale : subjectivité de l'interprétation visuelle et variabilité inter-observateurs.</i>	17.
5. <i>Radiomique (interprétable) vs. apprentissage profond (robuste).</i>	17.
6. <i>Synthèse des contributions scientifiques majeures.</i>	18.
7. <i>Organisation du manuscrit.</i>	18.
Chapitre I – Context Clinique	20.
1. <i>Introduction</i>	20.
1.1. <i>Anatomie de la prostate</i>	21.
1.2. <i>Rôle physiologique)</i>	22.
1.3. <i>L'anatomie zonale (classification de McNeal)</i>	23.
2. <i>Épidémiologie et Histoire Naturelle du Cancer de la Prostate</i>	24.
2.1. <i>Incidence et mortalité globales (GLOBOCAN 2020)</i>	24.
2.2. <i>Évolution épidémiologique et l'effet du PSA</i>	25.
2.3. <i>Facteurs de risque établis</i>	26.
2.4. <i>Histoire naturelle de la tumeur</i>	26.

3. Dépistage et Diagnostic	27.
3.1. Imagerie conventionnelle : échographie transrectale (TRUS)	28.
3.2. Diagnostic histologique : biopsie prostatique	29.
3.3. Indications de la biopsie prostatique	29.
3.4. L'examen histologique et le score de Gleason	31.
3.4.1. Histologie normale (couches cellulaires et stroma)	31.
3.4.2. Définition du score de Gleason	32.
3.4.3. Classification ISUP	33.
3.5. Autres techniques	33.
3.6. Apport de l'IRM multiparamétrique (IRMmp)	33.
3.7. Taux de détection du cancer de la prostate par IRM	34.
3.8. Le ciblage (fusion d'images)	34.
3.8.1. Biopsies de fusion (MRI-TRUS Fusion)	35.
3.8.2. Biopsies in-bore ou cognitives	35.
3.9. L'amélioration diagnostique	35.
4. Déroulement Diagnostique (Algorithme Clinique)	36.
4.1. Déclenchement du processus (dépistage)	36.
4.2. Évaluation par IRMmp (imagerie)	37.
4.3. Issue de la biopsie et classification	37.
5. Conclusion	38.

Chapitre II– FONDEMENTS DE L'IRM

1. Introduction.....	39.
2. Principes physiques fondamentaux de l'IRM	39.
2.1. Résonance magnétique nucléaire (RMN) et génération du signal	41.
2.2. Relaxation T1 et T2 : bases du contraste tissulaire	42.
3. Sémiologie IRM : les séquences multiparamétriques (IRMmp)	42.
3.1. Imagerie anatomique T2 pondérée (T2W)	42.
3.2. Imagerie de diffusion (DWI) et cartographie ADC	43.
3.3. Imagerie de perfusion dynamique (DCE-MRI)	44.

3.4. Spectroscopie par résonance magnétique (MRS)	46.
4. Le système PI-RADS version 2.1 : standardisation de l'interprétation	46.
4.1. Échelle ordinale (scores 1-5) et probabilité de csPCa	47.
4.2. Logique de séquence dominante selon la zone anatomique	47.
4.3. Décision du Diagnostic de la Prostate Basée sur PI-RADS et Biopsies.....	51.
5. Protocoles d'Acquisition.....	53.
6. Limites critiques du système PI-RADS.....	53.
7. Conclusion.....	56.

Chapitre III – MÉTHODOLOGIES D'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE EN

IMAGERIE PROSTATIQUE	57.
1. Introduction.....	57.
2. L'Intelligence Artificielle	60.
2.1. L'Apprentissage Profond	60.
2.2. Principes Fondamentaux des Réseaux Neuronaux Convolutifs	61.
2.3. Architecture U-Net pour la Segmentation	63.
2.4. Les Tâches de Segmentation Prostatique.....	63.
2.5. Apprentissage Automatique et Transfer Learning pour l'Extraction de Caractéristiques Radiomiques	65.
2.6. La Radiomique : Extraction et Analyse de Caractéristiques.....	65.
3. Architectures Multimodales et Hybrides.....	70.
3.1. Fusion Multimodale des Séquences IRMmp	70.
3.2. Architectures Hybrides (DL + Radiomique)	72.
4. Métriques d'Évaluation des Performances.....	72.
4.1. Métriques pour la Classification (Diagnostics)	72.
4.2. Métriques pour la Segmentation (Délimitation des Lésions)	73.

5. <i>État de l'Art et Synthèse Comparative des Performances du Deep Learning en Imagerie du CaP</i>	74.
--	-----

6. <i>Conclusion et Perspectives</i>	
--------------------------------------	--

Chapitre IV – MATÉRIEL ET MÉTHODES

1. <i>Introduction et justification de l'architecture hybride proposée</i>	78.
--	-----

2. <i>Cohortes d'étude et protocoles d'acquisition d'imagerie</i>	80.
---	-----

3. <i>Méthodologie Proposée</i>	83.
---------------------------------------	-----

3.1. <i>Isolement Robuste de la Glande Prostatique</i>	84.
--	-----

3.3. <i>Détection par Fuzzy C-Means (FCM) à double parcours</i>	87.
---	-----

4. <i>Validation Quantitative et Qualitative de la segmentation</i>	92.
---	-----

5. <i>Extraction et Sélection Avancées des Caractéristiques</i>	93.
---	-----

5.1. <i>Architecture et Adaptation de ResNet50 pour l'Imagerie Médicale</i>	93.
---	-----

5.2. <i>Pipeline d'Extraction des Caractéristiques</i>	95.
--	-----

6. <i>Classification Hybride par Apprentissage Automatique</i>	97.
--	-----

6.1. <i>Approche par apprentissage automatique (Machine Learning)</i>	98.
---	-----

6.2. <i>Approche par apprentissage profond (Deep Learning)</i>	106.
--	------

6.3. <i>Protocole de validation et métriques d'évaluation des performances</i>	110.
--	------

7. <i>Conclusion : résumé du pipeline expérimentale</i>	111.
---	------

Chapitre V – RÉSULTATS ET DISCUSSION.....

1. <i>Introduction : cadre d'analyse des résultats</i>	112.
--	------

2.1. <i>Performance et robustesse de l'étape de segmentation</i>	115.
--	------

2.1. <i>Précision géométrique (Dice, Jaccard)</i>	117.
---	------

2.3.1. <i>Résultats des modèles d'apprentissage automatique (SVM,GBM, RF)</i>	118.
---	------

2.3.2. <i>Résultats du modèle d'apprentissage profond (CNN)</i>	119.
---	------

4. Analyse comparative et justification du modèle final	124.
5. Positionnement critique par rapport à l'état de l'art	125.
6. Limites de l'étude et perspectives de recherche	127.
7. Conclusion synthétique du chapitre	127.

CONCLUSION GÉNÉRALE

1. Réitération de la problématique et synthèse de la démarche	127.
2. Consolidation des contributions scientifiques originales	127.
3. Bilan des performances diagnostiques atteintes	127.
4. Valeur clinique ajoutée : proposition d'un système d'aide à la décision (CAD)	128.
5. Perspectives de recherche à court et moyen terme	128.
6. Réflexion épistémologique : l'IA comme partenaire du radiologue	128.

Bibliographies	129.
-----------------------------	------

Introduction

Le cancer de la prostate (CaP) [33] constitue l'une des principales causes de morbidité et de mortalité chez les hommes dans le monde [34], représentant un enjeu majeur de santé publique en oncologie masculine. Sa prise en charge clinique se heurte à un défi fondamental : l'hétérogénéité biologique de la maladie. D'un côté, certaines formes sont cliniquement insignifiantes (*clinically insignificant prostate cancer*, ciPCa) — lentement évolutives, voire indolentes — et peuvent être gérées en toute sécurité par surveillance active. De l'autre, des formes cliniquement significatives (*clinically significant prostate cancer*, csPCa) présentent un risque élevé de progression et nécessitent un traitement curatif précoce. Le surtraitement des cancers indolents, avec ses conséquences fonctionnelles (incontinence, troubles érectiles) et psychologiques, et le retard diagnostique des tumeurs agressives, avec ses implications pronostiques, forment ainsi le dilemme central de l'oncologie prostatique contemporaine.

Face à cette complexité, l'imagerie par résonance magnétique multiparamétrique (IRMmp) s'est imposée comme la pierre angulaire du diagnostic non invasif [23]. Interprétée selon le système standardisé PI-RADS (*Prostate Imaging Reporting and Data System*), elle permet de localiser les lésions suspectes et d'orienter la décision de biopsie [18, 24,25]. Toutefois, cette évaluation repose sur une analyse visuelle subjective, vulnérable à une variabilité inter-observateurs marquée, particulièrement pour les lésions de score PI-RADS 3 [26,27] — une « zone grise » diagnostique source d'incertitude clinique. Cette subjectivité compromet non seulement la reproductibilité des biomarqueurs radiomiques, mais entraîne également un nombre élevé de biopsies inutiles, exposant les patients à des risques évitables sans bénéfice thérapeutique.

Dans ce contexte, l'intégration de l'intelligence artificielle (IA) dans les flux de travail radiologiques apparaît comme une réponse prometteuse [21]. Pourtant, les solutions existantes se heurtent à deux limites opposées :

- Les approches radiomiques classiques [22] offrent une interprétabilité clinique, mais leur performance est fortement dégradée par la subjectivité du contournage manuel des régions d'intérêt (ROI) ;
- Les modèles de deep learning [4], bien que puissants, fonctionnent souvent comme des « boîtes noires », manquent de généralisabilité dans les environnements multicentriques, et peinent à gagner la confiance des cliniciens.

L'objectif central de cette thèse — intitulée « *Détection et classification automatique du cancer de la prostate en imagerie IRM* » — est de dépasser ce dualisme en concevant et en validant un système diagnostique automatisé (SDA) hybride, à la fois robuste, objectif et interprétable. Notre contribution repose sur une stratégie originale en deux phases, rigoureusement articulées :

1. Détection fiable des lésions : via une segmentation entièrement automatisée [7] et non supervisée — le Fuzzy C-Means à Double Parcours — qui élimine la dépendance au contournage manuel et garantit l'objectivité des ROI. Cette méthode, combinant un chemin textural non filtré et un chemin filtré par Butterworth, atteint un Indice de Jaccard (IoU) de 0,89, attestant d'une précision quasi-experte.
2. Classification fine de l'agressivité tumorale : à partir de ces ROI objectivement détectés, nous extrayons des deep features non linéaires à l'aide d'un modèle ResNet50 pré-entraîné, puis construisons un vecteur de biomarqueurs radiomiques pour encoder l'agressivité selon le Grade de Gleason Group (GGG) [20]. Ce vecteur alimente deux stratégies complémentaires :
 - Une approche par apprentissage automatique (ML), utilisant un sous-ensemble de caractéristiques sélectionnées par LASSO-RFE [5], privilégiant la parcimonie et l'interprétabilité clinique ;
 - Une approche par apprentissage profond (DL), basée sur un CNN, où les caractéristiques sont sélectionnées selon leur corrélation de Pearson avec le GGG, permettant d'inférer des relations non linéaires complexes [6].

Les deux méthodes atteignent une performance interne exceptionnelle (AUC-ROC = 0,95 ; précision, sensibilité et spécificité \approx 92–93 %). Le CNN a été retenu comme modèle final, en raison de sa robustesse supérieure et de son meilleur potentiel de généralisation à des données externes — un critère essentiel pour un déploiement clinique viable.

Cette thèse s'inscrit dans une démarche transversale, à l'interface entre oncologie, imagerie médicale, science des données et clinique [21]. Elle vise non seulement à démontrer la faisabilité technique d'un tel pipeline, mais aussi à évaluer son impact clinique concret : résoudre la zone grise PI-RADS 3, réduire les biopsies inutiles, et offrir aux radiologues un outil d'aide à la décision fiable, transparent et intégrable.

Cette thèse est structurée en cinq chapitres, couvrant le spectre complet de la recherche translationnelle — du fondement clinique à la validation technique.

- Chapitre 1 : Contexte général, épidémiologie, histoire naturelle et diagnostic du cancer de la prostate, Ce chapitre établit le cadre clinique et épidémiologique, en retraçant l'évolution des stratégies de dépistage (PSA, biopsie systématique) et en soulignant l'impératif d'une stratification du risque plus précise et non invasive.
- Chapitre 2 : Les techniques de diagnostic de la prostate par IRMmp Nous détaillons les bases physiques et cliniques de l'IRMmp (séquences T2, diffusion/ADC, perfusion/DCE) [23] et présentons le système PI-RADS v2.1, utilisé comme vérité terrain pour l'apprentissage supervisé.
- Chapitre 3 : L'intelligence artificielle dans le diagnostic automatique du cancer de la prostate en IRMmp (État de l'art) [28], Une analyse critique des approches existantes — radiomiques, deep learning pures et hybrides — met en évidence leurs forces, leurs faiblesses, et justifie la nécessité d'une synergie innovante entre interprétabilité et performance.
- Chapitre 4 : Matériel, méthodes et stratégie hybride pour le diagnostic du cancer de la prostate, Ce chapitre décrit la méthodologie originale développée : le pipeline FCM à Double Parcours, l'extraction hybride de caractéristiques (radiomiques + *deep features*), et les cadres de classification (ML, DL).
- Chapitre 5 : Résultats et discussion, Nous présentons nos contributions majeures :
 - Une segmentation objective (IoU = 0,89) .
 - Une performance diagnostique exceptionnelle (AUC-ROC = 0,95) .
 - La validation de l'approche hybride comme clé de la robustesse .
 - Un impact clinique tangible : réduction potentielle des biopsies, amélioration de la stratification du risque, et alignement sur les standards PI-RADS.

En conclusion, ce travail ouvre la voie à une nouvelle génération d'outils d'IA [21] en oncologie prostatique : non plus des modèles de haute performance isolés, mais des systèmes intégrés, fiables et cliniquement pertinents, conçus pour compléter — et non remplacer — l'expertise humaine. En résolvant le défi fondamental de la subjectivité de l'annotation tout en garantissant transparence, robustesse et généralisabilité, cette thèse contribue de manière significative à la traduction clinique responsable de l'intelligence artificielle dans la prise en charge du cancer de la prostate.

Chapitre I

– CONTEXTE CLINIQUE

1. Introduction

Le cancer de la prostate (CaP) représente l'une des principales menaces oncologiques masculines à l'échelle mondiale. En 2025, il s'agit toujours du cancer le plus fréquent chez l'homme et de la cinquième cause de décès par cancer dans cette population, avec près de 1,5 million de nouveaux cas diagnostiqués chaque année [33]. Cette incidence élevée, couplée à l'allongement de l'espérance de vie, en fait un défi majeur de santé publique, tant en termes de charge épidémiologique que de coût des soins.

La complexité fondamentale de sa prise en charge réside dans son hétérogénéité clinique extrême. D'un côté, les formes indolentes ou cliniquement insignifiantes (ciPCa) peuvent rester asymptomatiques pendant des décennies sans jamais compromettre la survie du patient. De l'autre, les formes agressives ou cliniquement significatives (csPCa) ont un potentiel métastatique élevé et sont responsables de la quasi-totalité de la mortalité spécifique au CaP. Ce spectre biologique large crée un dilemme clinique central : comment distinguer fiablement ces deux entités dès le diagnostic pour éviter à la fois le surtraitement des cancers indolents et le retard thérapeutique des cancers agressifs ?

Les approches traditionnelles de dépistage, basées sur le dosage de l'antigène prostatique spécifique (PSA) et l'examen rectal numérique (TR), ont profondément transformé la trajectoire de la maladie. Elles ont permis une détection précoce dans des stades localisés où le traitement curatif est possible, contribuant ainsi à une baisse continue de la mortalité depuis les années 2000. Cependant, elles ont également entraîné un surdiagnostic massif — jusqu'à 40 % des cancers détectés n'auraient jamais causé de symptômes — conduisant à des biopsies inutiles et à un surtraitement de patients qui subissent les effets secondaires sévères (incontinence, impuissance) de chirurgies radicales ou de radiothérapie.

C'est dans ce contexte paradoxal que l'imagerie par résonance magnétique multiparamétrique (IRMmp) [23]. a émergé comme une innovation révolutionnaire. Depuis son adoption généralisée dans les recommandations internationales (PI-RADS v2.1), l'IRMmp a redéfini le parcours diagnostique moderne du CaP [18]. Elle permet une visualisation non invasive, fonctionnelle et morphologique de la glande prostatique, offrant une information riche sur la microstructure tissulaire, la densité cellulaire et la vascularisation tumorale. Cette capacité à objectiver l'apparence d'une lésion suspecte a conduit à une standardisation de l'interprétation via le système PI-RADS, améliorant la reproductibilité entre radiologues [26]. et guidant précisément les décisions de biopsie ciblée [27].

Ce chapitre introductif pose les bases fondamentales nécessaires à toute étude avancée du CaP, notamment celles impliquant l'intelligence artificielle (IA). Il explore en profondeur l'anatomie de la prostate, son épidémiologie mondiale, les facteurs de risque, l'histoire naturelle de la tumeur, les méthodes conventionnelles de dépistage et de diagnostic, et surtout, les systèmes de stratification du risque (Gleason, ISUP, d'Amico) qui constituent la pierre angulaire des décisions thérapeutiques. Comprendre ce contexte clinique est essentiel pour développer des algorithmes d'IA pertinents, car ceux-ci doivent être conçus pour répondre à des questions cliniques précises — telles que la discrimination csPCa vs ciPCa — et leur performance doit être évaluée selon des critères cliniquement significatifs, pas seulement techniquement performants.

1.1. Anatomie de la Prostate

La prostate est une glande exocrine impaire, médiane et sous-vésicale du système génital masculin. Elle pèse environ 20 grammes chez l'adulte jeune et se situe au croisement des voies urinaire et génitale. Son diamètre antéro-postérieur est d'environ 4 cm, transversal de 4 cm, et crânio-caudal de 3 cm.

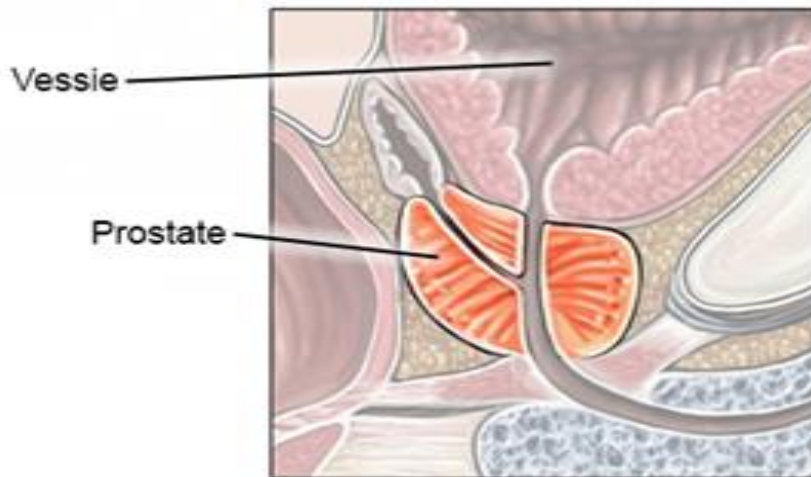


Figure 1.1 – Anatomie de la prostate et des organes Pelviens adjacents.

La prostate est entourée par une capsule fibro-musculaire dense, le fascia de Denonvilliers, qui la sépare du rectum postérieur. L'anatomie de la prostate et ses organes pelviens adjacents sont illustrés sur la Figure 1.1. Ses rapports spatiaux sont cruciaux pour la compréhension des symptômes, du risque de propagation tumorale et des complications chirurgicales :

1. **Supérieurement (Base)** : Continuité directe avec le col vésical, d'où l'importance de l'extension vers les vésicules séminales.
2. **Inférieurement (Apex)** : Repose sur le diaphragme urogénital, marquant la limite inférieure de la capsule prostatique.
3. **Postérieurement** : En rapport étroit avec le rectum. Cette proximité permet l'examen clinique par toucher rectal (TR), un outil clé de palpation des nodules tumoraux.
4. **Antérieurement** : Séparée de la symphyse pubienne par les muscles pubo-prostatiques et le plexus veineux périprostatique (plexus de Santorini).
5. **Latéralement** : Entourée par le fascia endopelvien, qui contient les bandelettes neuro-vasculaires (BNV). Ces structures, responsables de la fonction érectile, sont situées latéralement aux capsules prostatiques. Leur préservation lors de la chirurgie est un enjeu majeur.

1.2. Rôle physiologique

La fonction principale de la prostate est de synthétiser et sécréter environ 20 à 30 % du volume du liquide séminal. Ce fluide, riche en nutriments (fructose, choline), en ions (zinc) et en enzymes (notamment la phosphatase acide prostatique et le PSA), joue un rôle crucial dans :

- La mobilité et la viabilité des spermatozoïdes.
- La fluidification du caillot spermatique après l'éjaculation (action du PSA sur la fibrine).
- La protection contre les infections urinaires.

1.3. L'Anatomie Zonale (Classification de McNeal)

La prostate comprend trois zones glandulaires [19]. principales : la zone périphérique (ZP) qui recouvre les faces latérales et postérieure de la prostate, la zone central (ZC) de forme conique s'étendant de la base au veru-montanum traversée par les canaux éjaculateurs et enfin la zone de transition (ZT) comprenant deux lobes situés dans la partie antérieure de la prostate de part et d'autre de l'urètre proximal. La ZT est en contact en avant avec le stroma fibro-musculaire antérieur (SFMA) et est séparée de la ZP par une bande stromale appelée frontière de la ZT (fig. 2). La ZT est le siège de l'hypertrophie bénigne de la prostate (HBP).

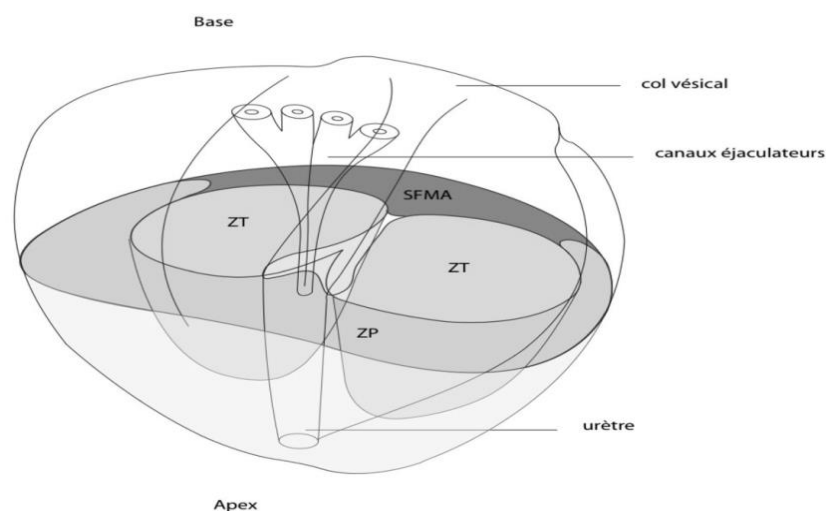


Figure 1.2 – Anatomie zonale de la prostate selon la classification De McNeal

La classification zonale de McNeal est présentée sur la Figure 1.2 Les cancers originaires de la ZT représentent 40 % des séries autopsiques et 25 à 30 % des cancers dans les séries de

prostatectomie totale. Ils sont habituellement considérés comme de meilleur pronostic à volume et grade égal que le cancer [19] de la ZP. Ces cancers sont peu accessibles au toucher rectal. Leur développement au sein des zones prostatiques glandulaires et du stroma fibro-musculaire (SFM) dépend à la fois des frontières entre ces zones et de la croissance de l’HBP

Tableau 1.1 – Anatomie Zonale de la Prostate (McNeal) : proportion, origine et pathologie.

Zone	Proportion	Origine	Pathologie
Zone Périphérique (ZP)	~70 %	Endodermique (sinus urogénital)	Cancer de la prostate (70–75 %)
Zone de Transition (ZT)	~5–10 %	Endodermique (sinus urogénital)	Hypertrophie Bénigne (HBP)
Zone Centrale (ZC)	~25 %	Endodermique (canal éjaculateur)	Rarement cancéreuse (< 5 %)
Stroma Fibro-Musculaire (SFMA)	Variable	Mésenchymateuse	Rarement impliqué

Le Tableau 1.1 résume les caractéristiques des différentes zones prostatiques selon McNeal

1. **Zone Périphérique (ZP)** : C’est le siège principal du cancer de la prostate (70 à 75 % des cas). Les tumeurs de la ZP tendent à se propager verticalement le long de la capsule.
2. **Zone de Transition (ZT)** : C’est la zone où se développe l’Hypertrophie Bénigne de la Prostate (HBP). Elle est le siège de 20 à 25 % des cancers. Les cancers de cette zone sont souvent difficiles à détecter car l’HBP peut masquer les lésions et elles sont non palpables au TR.
3. **Zone Centrale (ZC)** : Elle est exceptionnellement rarement le siège de carcinome adénomateux (< 5 % des cas).
4. **Stroma Fibro-Musculaire Antérieur (SFMA)** : Principalement constitué de muscle lisse, il est très rarement le site de développement d’un cancer primaire.

2. Épidémiologie et Histoire Naturelle du Cancer de la Prostate

2.1. Incidence et Mortalité Globales

Le CaP est le deuxième cancer le plus fréquent chez l'homme et la sixième cause de décès par cancer dans le monde.

- **Données Mondiales (GLOBOCAN 2020)** : 1,4 million de nouveaux cas par an (14,1 % de tous les cancers masculins), entraînant plus de 375 000 décès. C'est la sixième cause de décès par cancer chez l'homme.
- **Données Nationales (2024)** : Incidence annuelle d'environ 60 000 nouveaux cas et mortalité annuelle d'environ 10 000 décès.
- **Âge médian au diagnostic** : 68 ans.

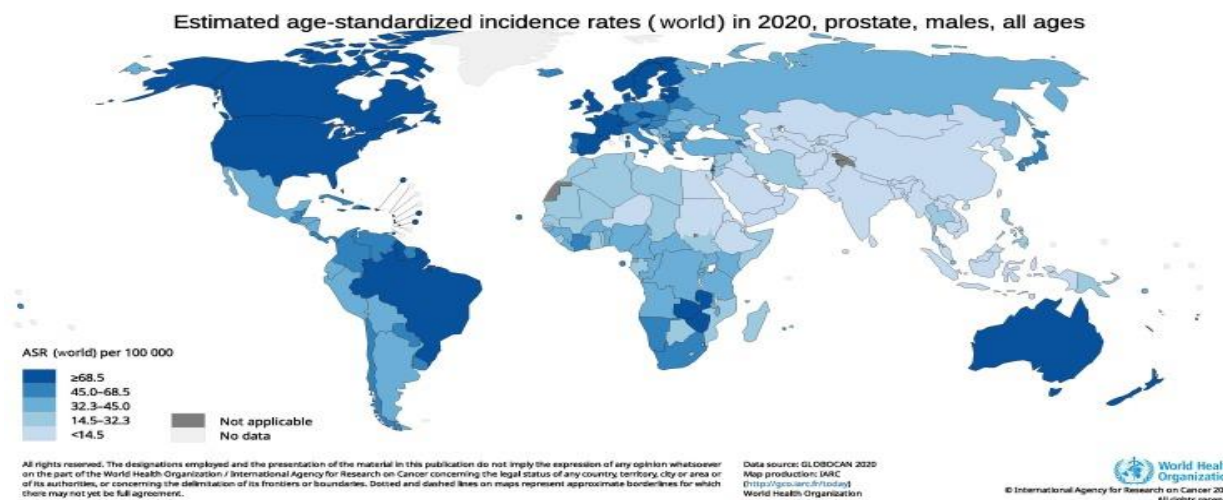


Figure 1.3 – Cartographie mondiale de l'incidence du cancer de la prostate [34]

La cartographie mondiale de l'incidence du cancer de la prostate (Figure 1.3) montre des taux élevés en Amérique du Nord, Europe du Nord et Australie.

2.2.Évolution Épidémiologique et l'Effet du PSA

L'incidence du CaP a connu une histoire marquée par l'introduction du dosage de PSA au début des années 1990[34].

- **Phase d'explosion (1990–2005)** : Augmentation massive de l'incidence (pic à 127,1/100 000 en France en 2005) due au dépistage par PSA, conduisant à un fort surdiagnostic de cancers indolents (jusqu'à 40–50 %).

- **Phase de stabilisation (2010–2025)** : Baisse de l'incidence due à la maturation du dépistage et à la recommandation d'un usage plus ciblé du PSA.
- **Baisse de la Mortalité** : Le taux de mortalité par CaP diminue de 3 à 4 % par an depuis 2005, liée à la détection précoce de tumeurs curables et à l'amélioration des traitements.

2.3. Facteurs de Risque Établis

5. **L'Âge** : Facteur le plus important. L'incidence augmente fortement après 50 ans. Le risque cumulé de développer un CaP au cours de la vie est d'environ 1 homme sur 8.
6. **L'Origine Ethnique** : Les hommes d'ascendance africaine (Afrique subsaharienne, Afro-américains) présentent un risque 2 à 3 fois plus élevé de développer et de mourir d'un CaP, comparé aux hommes d'ascendance caucasienne.
7. **L'Hérédité et la Génétique** : Les antécédents familiaux doublent le risque. Les mutations de gènes de réparation de l'ADN, notamment BRCA2, sont associées à un risque accru de CaP agressif et d'apparition plus précoce.
8. **Autres Facteurs** : L'obésité et une alimentation riche en graisses animales sont des facteurs suspectés.

2.4. Histoire Naturelle de la Tumeur

Le CaP naît de la transformation maligne des cellules épithéliales sécrétrices.

- Localisation Préférentielle 70–75 % des cancers [19] débutent dans la **Zone Périphérique (ZP)**.
- Le CaP est une maladie souvent **multifocale**. Le foyer principal (dit « lésion index ») est celui qui possède la plus haute agressivité et qui est corrélé au pronostic.

Extension et Métastases

- **Extension Extra-Prostatique (EEP)** : L'extension locale hors de la capsule est un facteur pronostique majeur.
- **Métastases osseuses** : Le CaP a un tropisme osseux exceptionnel, avec des métastases ostéo-sclérosantes prédominant dans le squelette axial (colonne, bassin, côtes). La dissémination se fait via le plexus veineux de Santorini.

3. Dépistage et Diagnostic

Le Toucher Rectal (TR)

- **Critères de suspicion** : Induration, nodule dur, asymétrie. Un TR suspect est une indication formelle de biopsies.
- **Sensibilité** : Faible (33 à 58 %) pour les petits cancers.
- **Spécificité** : Élevée (> 95 %) pour les lésions palpables.

Le Dosage Sérique de l'Antigène Spécifique de la Prostate (PSA)

- **Non-Spécificité** : Le PSA est un marqueur d'organe, pas un marqueur de cancer. Son taux est élevé en cas de CaP, HBP, prostatite, ou après manipulations urologiques.
- **Seuil** : Historiquement ≥ 4 ng/mL. Cependant, 15 % des cancers peuvent survenir sous ce seuil, et jusqu'à 70 % des biopsies au-dessus de 4 ng/mL sont négatives.

Amélioration de la Performance du PSA

- **Rapport PSA Libre / PSA Total** : Tendence à diminuer en cas de CaP. Un faible rapport (par exemple, < 10-15 %) signifie que la majorité du PSA est liée, ce qui est un signe suspect de cancer.

Taux élevé : Un rapport élevé (par exemple > 25 %) est plus souvent lié à des conditions bénignes, comme l'hypertrophie bénigne de la prostate (HBP).

Importance des seuils : Des valeurs comme 10-15 % sont des indicateurs cruciaux pour l'urologue, nécessitant des examens complémentaires (IRM, biopsie).

- **Densité de PSA (PSAD)** : le PSAD (Prostate-Specific Antigen Density) est le ratio du PSA total sur le volume prostatique, et un PSAD $\geq 0,15$ ng/mL/cc est bien un indicateur fort d'un risque accru de cancer de la prostate cliniquement significatif (csPCa)
- **Index PHI (Prostate Health Index)** : Combine trois isoformes du PSA (total, libre, [-2] pro-PSA) pour une meilleure prédiction du csPCa.
- **Score PCA3 (Prostate CAncer gene 3)** : Test moléculaire urinaire. Utile pour la décision d'une seconde série de biopsies.

3.1. Imagerie Conventionnelle

Échographie Transrectale (TRUS)

L'échographie prostatique, également appelée échographie endorectale, utilise les ultrasons et leur réflexion pour obtenir une image en temps réel de la prostate. Une sonde émettrice et réceptrice d'ultrasons est lubrifiée avant d'être introduite dans le rectum du patient. C'est cette sonde qui permet de visualiser la prostate.

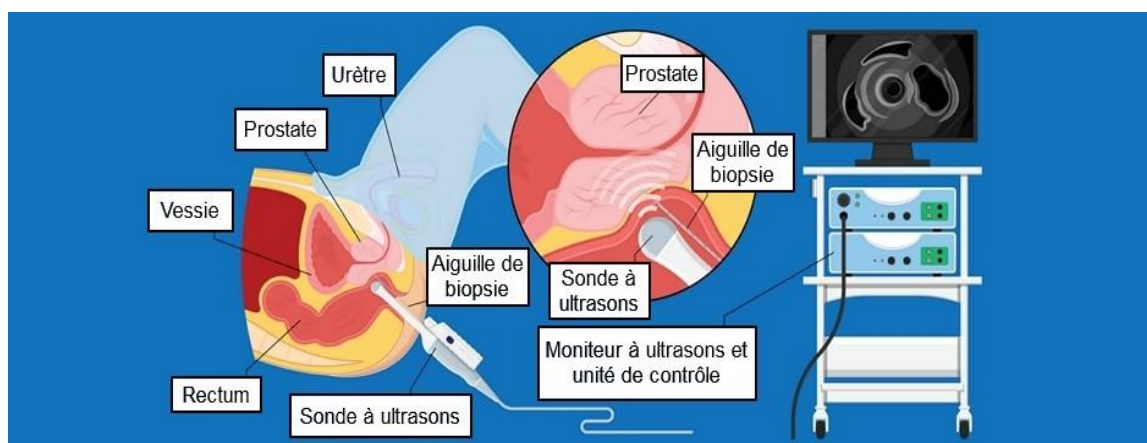


Figure 1.4 – Schéma du principe de l'échographie transrectale (TRUS) et de la biopsie guidée.

- **Rôle actuel** : Mesurer le volume prostatique et servir de guide en temps réel pour les biopsies.
- **Apparence d'un cancer** : Classiquement, un nodule hypoéchogène (en hyposignal) dans la zone périphérique (Figure 1.3).
- **Limites critiques** : Faible sensibilité et faible spécificité. Incapable de distinguer de manière fiable les lésions bénignes des malignes.

Le principe de l'échographie transrectale (TRUS) est schématisé sur la Figure 1.4. Cet examen permet d'évaluer le volume de la prostate et de détecter visuellement des zones suspectes de lésions cancéreuses qui n'auraient pas été senties lors de l'examen rectal (toucher rectal). En cas de résultats positifs, l'échographie prostatique devra être complétée par une biopsie de la prostate. Cet examen peut aussi indiquer d'autres conditions de la prostate, comme une inflammation, ou être utilisé pour aider à diagnostiquer les causes d'une infertilité. Lorsqu'une biopsie de la prostate doit être réalisée, elle se fait de façon optimale

sous contrôle échographique. Cela permet au médecin de détecter visuellement les zones suspectes afin d'y orienter l'aiguille à biopsie.

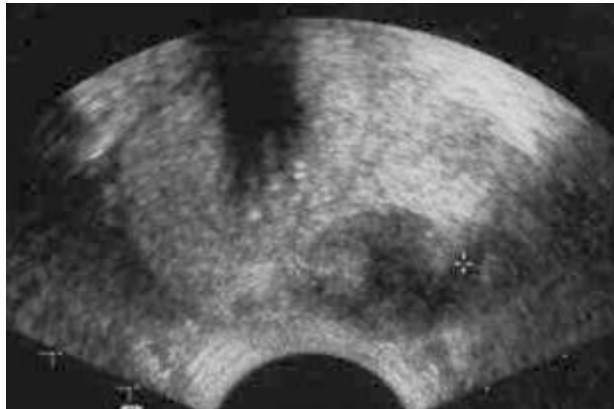


Figure 1.5– Aspect échographique (TRUS) d'un nodule hypoéchogène en zone périphérique.

Vue de la Figure 1.5 d'échographie transrectale d'une prostate, montrant un nodule hypoéchogène (hypointense) typique d'une zone suspecte de cancer dans la zone périphérique.

Nodule hétérogène à prédominance hypoéchogène de la ZP gauche déformant les contours prostatiques.

3.2. Diagnostic Histologique Biopsie Prostatique:

La ponction-biopsie de la prostate, le plus souvent réalisée par voie transrectale et guidée par échographie (TRUS), constitue l'étape indispensable pour établir le diagnostic positif de cancer prostatique et en déterminer les caractéristiques histologiques. Il est crucial de noter qu'une biopsie négative n'exclut pas formellement la présence d'une tumeur (faux-négatif), nécessitant une surveillance ou une rebiopsie si la suspicion clinique persiste.

3.3. Indications de la Biopsie Prostatique

A. Dépistage ET Surveillance:

- Anomalie du taux de l'Antigène Spécifique de la Prostate (PSA) ou de ses dérivés (vitesse, densité, rapport libre/total).
- Anomalie détectée lors du Toucher Rectal (TR).

- Présence de symptômes urinaires ou généraux évocateurs.
- Découverte d'un Néoplasme Intra-épithélial Prostatique de Haut Grade (PIN HG) lors de l'analyse de copeaux de résection d'adénome, nécessitant un contrôle systématique.

B. Autres Indications Diagnostiques et Thérapeutiques :

- Ponction-biopsie d'une loge de prostatectomie radicale en cas de suspicion de récurrence locale.
- Ponction-biopsie des vésicules séminales.
- Ponction-drainage d'un abcès prostatique ou d'un kyste urogénital.

Principes Généraux de l'Acte

La biopsie prostatique est généralement réalisée en ambulatoire, nécessitant une préparation et une information rigoureuse du patient.

- Information et Consentement : Le patient reçoit une information complète, orale et écrite, sur les modalités de l'acte, les risques potentiels (hématurie, rectorragies, infection), et les contre-indications.
- Préparation : Un bilan d'hémostase est effectué en cas de facteurs de risque hémorragique. Un lavement rectal évacuateur peut être réalisé selon les protocoles des équipes.
- Anesthésie et Prophylaxie : L'acte est réalisé sous antibioprofylaxie systématique (généralement à base de fluoroquinolones) pour minimiser le risque infectieux. Une anesthésie locale (par infiltration de Lidocaïne 1 % dans les espaces périprostatiques postéro-latéraux ou l'espace de Denonvilliers) est souvent pratiquée sous contrôle échographique pour le confort du patient.

Technique et Déroulement de l'Examen

Matériel et Installation

Le processus de biopsie prostatique transrectale écho-guidée est représenté sur la Figure 1.6. Le patient est positionné en décubitus dorsal ou latéral. L'opérateur utilise une sonde endorectale décontaminée, protégée par un préservatif avec gel stérile, équipée d'un guide à

biopsie. Le prélèvement est effectué à l'aide d'une aiguille de calibre 18 Gauge montée sur un pistolet automatique à usage unique.

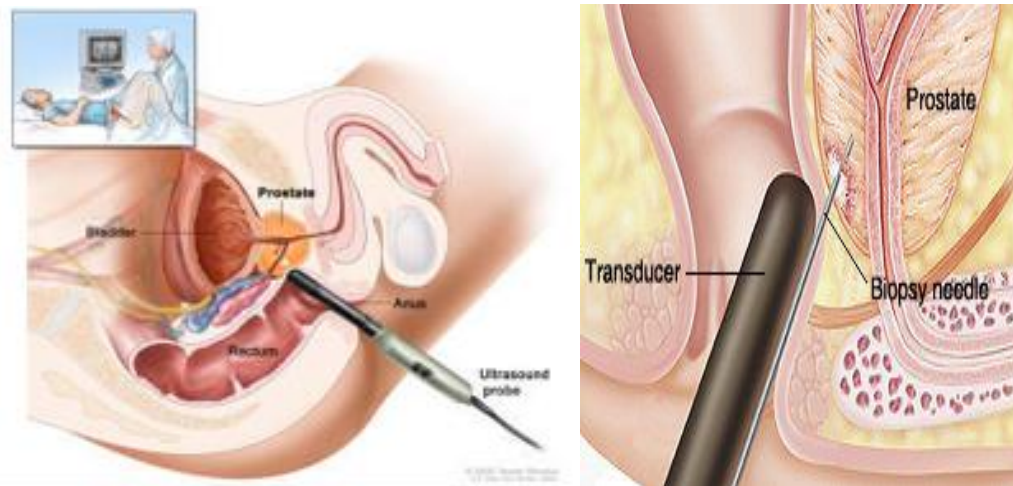


Figure 1.6 – Représentation du processus de biopsie prostatique transrectale écho-guidée.

Cartographie et Prélèvement

La méthode de prélèvement standard est la biopsie transrectale. Historiquement basée sur le schéma de sextant modifié, les protocoles actuels exigent un **échantillonnage systématique et cartographié** plus étendu, incluant les bases, les zones périphériques et l'apex, afin de garantir une couverture optimale de la glande et de réduire le risque de sous-gradage.

Un minimum de 10 à 12 carottes (biopsies) est généralement prélevé. L'analyse échographique complète et le repérage des zones suspectes sont réalisés avant le prélèvement.

Le résultat histologique de ces prélèvements est essentiel pour la détermination du score de Gleason, permettant ainsi la stratification du risque et la planification thérapeutique.

3.4. L'Examen Histologique et le Score de Gleason

3.4.1. Histologie Normale

Sur le plan microscopique, la prostate est composée de deux éléments principaux :

-Le tissu glandulaire : Il est constitué d'acini tapissés de deux couches de cellules : la couche interne de cellules épithéliales sécrétrices (luminales) (d'où provient le CaP) et la couche externe de cellules basales (qui disparaissent en cas de cancer).

-Le stroma : Composé de tissu conjonctif, de fibres élastiques et de cellules musculaires lisses. Dans l'HBP, le stroma est hypertrophié, tandis que dans le cancer, il devient réactif (desmoplasie).

L'examen histologique est central car il permet de classer l'agressivité du CaP via le Score de Gleason.

3.4.2. Définition du Score de Gleason (1966)

Le score de Gleason [20] est fondé sur l'architecture glandulaire de la tumeur (grades de 1 à 5). Plus le grade est élevé, plus la tumeur est indifférenciée, Les patterns architecturaux du score de Gleason sont illustrés sur la Figure 1.7.

- **Calcul du Score** : Le score de Gleason est l'addition du grade le plus représenté (primaire) et du grade le plus péjoratif (secondaire) observé au microscope (score total variant de 6 à 10). Score de Gleason = Grade Primaire Grade Secondaire
- **Exemples** : Gleason 6 (3+3) (Faible risque) ; Gleason 7 (3+4 vs 4+3) (Risque Intermédiaire) ; Gleason 8 (Haut risque).

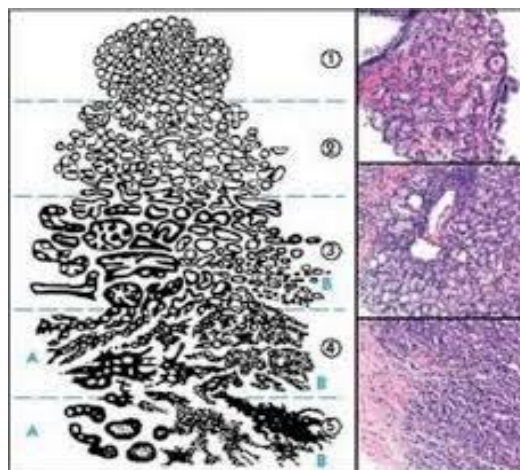


Figure 1.7 – Illustration histopathologique des patterns architecturaux Du score de Gleason.

Exemples anatomo-pathologiques de la gradation du cancer de la prostate selon le score de Gleason, illustrant la transition d'une architecture glandulaire bien délimitée (Gleason 3) à un schéma cribriforme ou solide (Gleason 4 et 5).

3.4.3. Classification ISUP

La Nouvelle Classification ISUP [20] (International Society of Urological Pathology)

L'ISUP (2014) [20] a proposé une classification simplifiée en groupes de grade (GG) pour améliorer la communication :

Tableau 1.2 – Classification ISUP (2014) des adénocarcinomes prostatiques.

Groupe de Grade ISUP	Score de Gleason	Agressivité	Implication Clinique
Groupe 1	3+3 = 6	Très faible risque	Surveillance Active (SA)
Groupe 2	3+4 = 7	Faible risque intermédiaire	SA ou traitement radical
Groupe 3	4+3 = 7	Risque intermédiaire élevé	Traitement radical
Groupe 4	4+4 = 8 (ou 3+5, 5+3)	Haut risque	Traitement radical
Groupe 5	4+5 = 9, 5+4 = 9, 5+5 = 10	Très haut risque	Traitement radical intensifié

3.5. Autres Techniques

- Tomodensitométrie (TDM) : Non recommandée pour le diagnostic du CaP localisé. Utilisée pour le bilan d'extension métastatique (ganglions lymphatiques et os).
- Scintigraphie Osseuse : Standard historique pour le bilan métastatique osseux, désormais de plus en plus remplacée par les PET/CT au PSMA pour les cas à haut risque.

3.6. Apport de l'IRMmp :

L'introduction de l'IRM multiparamétrique (mp-IRM) a marqué un tournant décisif dans le diagnostic du cancer de la prostate (CaP) en optimisant la procédure de biopsie [25]. Son principal avantage réside dans la capacité à passer des biopsies transrectales échoguidées (TRUS) systématiques et aléatoires, qui rataient souvent les tumeurs significatives, à une approche de biopsies ciblées beaucoup plus précise.

Le processus se déroule en plusieurs étapes clés :

1. Détection et Caractérisation (mp-IRM)

La mp-IRM identifie les zones suspectes (lésions) au sein de la prostate en utilisant l'échelle de classification standardisée PI-RADS [18, 24]. (Prostate Imaging Reporting and Data System), généralement les scores 3, 4 et 5. Ces lésions sont précisément délimitées et localisées dans l'espace tridimensionnel (3D) de la glande.

3.7. Taux de Détection du Cancer de la Prostate par IRM

Le taux de détection par IRM du cancer de la prostate, classé selon le **volume** tumoral et la classification ISUP (International Society of Urological Pathology).

Ce tableau 1.3 montre, pour chaque grade ISUP, la probabilité de détection par IRM en fonction de la taille de la tumeur [23].

Tableau 1.3 – Taux de détection par IRM en fonction du volume tumoral et du groupe de grade ISUP.

Score de Gleason	Vol. < 0.5 ml	Vol. 0.5–2 ml	Vol. > 2 ml
ISUP 1	21-29%	43-54%	67-75%
ISUP 2-3	63%	82-88%	97%
ISUP > 3	80%	93%	100%

3.8. Le Ciblage (Fusion d'Images)

Le principe du ciblage est de superposer les informations anatomiques et fonctionnelles précises de l'IRM avec l'imagerie échographique (ultrasons) utilisée pour guider l'aiguille de biopsie en temps réel.

Il existe deux principales méthodes de ciblage :

- **Biopsies de fusion (MRI-TRUS Fusion) :** C'est la méthode la plus courante et la plus précise. Les images IRM de la lésion suspecte sont pré-chargées et fusionnées numériquement avec les images échographiques en direct obtenues par la sonde insérée dans le rectum. Cette fusion permet au praticien de voir en temps réel la cible IRM sur l'écran d'échographie.
- **Biopsies en-bureau (In-Bore) ou Cognitives :**
 - *In-Bore* : La biopsie est réalisée directement dans l'appareil IRM, ce qui garantit une précision maximale mais est moins pratique.
 - *Cognitives* : Le praticien se remémore mentalement la localisation de la lésion vue à l'IRM pour guider l'aiguille sous échographie.

3.9. L'Amélioration Diagnostique

Le ciblage permet de prélever des échantillons de tissu spécifiquement là où la tumeur est la plus agressive, augmentant considérablement le taux de détection des cancers cliniquement significatifs (csPCa) et réduisant le surdiagnostic des cancers indolents qui ne nécessitent pas de traitement immédiat.

4. Déroulement Diagnostique



Figure 1.8 – Description du Déroulement Diagnostique du Cancer de la Prostate

Le processus illustré par la Figure 1.8 présente un déroulement systématique pour le dépistage et le diagnostic du cancer de la prostate [23, 24], centré sur la gestion de deux biomarqueurs clés : le Taux de PSA (Antigène Spécifique de la Prostate) et le résultat du Toucher Rectal (TR).

4.1. Déclenchement du Processus (Dépistage)

Le processus débute par l'identification d'un Taux de PSA élevé et/ou d'un TR suspect.

- Taux de PSA élevé et/ou TR suspect : Cette situation est le point de départ pour une exploration plus approfondie.
 - Si le PSA est contrôlé et n'indique plus de risque, un nouveau contrôle du PSA est effectué en fonction du profil de risque individuel.
 - Si le PSA reste élevé, le processus s'oriente vers l'IRM multiparamétrique de la prostate.

4.2. Évaluation par IRMmp (Imagerie)

L'Imagerie par Résonance Magnétique multiparamétrique (IRMmp) est l'outil central pour la stratification du risque et la localisation des lésions. Elle conduit à deux branches principales selon l'évaluation du score PI-RADS :

- IRM sans particularité (PI-RADS < 3) :
 - L'IRM est considérée comme négative ou peu suspecte.
 - Elle indique qu'aucune biopsie n'est nécessaire dans l'immédiat.
 - Le patient retourne à un nouveau contrôle du PSA dans 1 à 2 ans.
- IRM suspecte (PI-RADS ≥3) :
 - L'IRM révèle des lésions jugées potentiellement significatives (PI-RADS 3 étant la "zone grise").
 - Ceci nécessite une biopsie systématique et ciblée de la prostate.

4.3. Issue de la Biopsie et Classification

La biopsie est l'étape qui confirme la présence et la nature du cancer. Elle a trois issues possibles:

- Biopsie négative :
 - Aucune lésion cancéreuse n'est détectée.
 - Une discussion sur les options thérapeutiques est engagée (ce qui pourrait inclure un suivi simple).
 - Un nouveau contrôle du PSA est effectué en fonction du profil de risque individuel.
- Cancer de la prostate ISUP1 (cliniquement non significatif - ciPCa) :
 - La tumeur est considérée comme indolente ou lentement évolutive.

- La prise en charge recommandée est la surveillance active (« active surveillance »).
- Cancer de la prostate ISUP2 (cliniquement significatif - csPCa) :
 - La tumeur présente un risque élevé de progression.
 - Ceci mène à une discussion sur les options thérapeutiques qui incluent un traitement curatif précoce.

Ce processus illustre la complexité de l'oncologie prostatique, où l'enjeu majeur est de différencier les formes agressives des formes indolentes pour éviter le surtraitement des cas bénins et le retard diagnostique des tumeurs agressives.

5. Conclusion

Le CaP est une maladie hétérogène, dont la gestion nécessite une évaluation rigoureuse du risque. Alors que les outils traditionnels (TR et PSA) ont permis le dépistage, ils ont également mené au dilemme du surdiagnostic. Le diagnostic moderne repose désormais sur l'examen histologique des biopsies pour déterminer le Score de Gleason et sur l'IRMmp pour localiser et caractériser la lésion. La combinaison des critères cliniques (TNM, PSA) et histologiques (Gleason/ISUP) [20] permet une stratification du risque (Classification de d'Amico) qui est essentielle pour guider la décision thérapeutique entre le traitement radical et la Surveillance Active. Les chapitres suivants exploreront en profondeur comment les outils d'Intelligence Artificielle peuvent exploiter les données de l'IRMmp pour améliorer [21, 22] la détection, la segmentation et la prédiction de l'agressivité tumorale, comblant ainsi les lacunes des méthodes actuelles [28].

1. Introduction

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) a induit une transformation radicale dans le diagnostic et la prise en charge du cancer de la prostate (CaP) [21]. Avant son adoption généralisée, le diagnostic reposait principalement sur le dosage sérique de l'antigène spécifique de la prostate (PSA) et les biopsies transrectales échoguidées (TRUS) systématiques. Cette approche était souvent associée à deux problèmes majeurs : un surdiagnostic des cancers indolents (ceux qui n'auraient jamais causé de morbidité clinique), et un sous-diagnostic des tumeurs cliniquement significatives (csPCa) qui pouvaient être manquées par l'échantillonnage aléatoire.

L'IRM multiparamétrique (mp-IRM) a comblé cette lacune en offrant une évaluation non invasive, multidimensionnelle et fonctionnelle de la glande [23]. Elle est devenue l'outil standard pour la détection, la localisation et la caractérisation des lésions prostatiques, agissant comme un triage pré-biopsie essentiel. Le cœur de cette révolution diagnostique réside dans la combinaison synergique de plusieurs séquences IRM, chacune sensible à un aspect distinct de la physiologie tissulaire : l'anatomie, la cellularité, et la vascularisation. Cette approche permet de caractériser le tissu prostatique au niveau microscopique, fournissant des biomarqueurs d'imagerie objectifs et reproductibles. La compréhension exhaustive des principes physiques de l'IRM, des protocoles d'acquisition et de la standardisation clinique (PI-RADS) [18] est le socle indispensable sur lequel reposent l'efficacité des algorithmes d'Intelligence Artificielle (IA) dans ce domaine.

2. Principes physiques fondamentaux de l'IRM

Les principes de l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) sont illustrés sur la Figure 2.1. reposent sur l'interaction entre les protons d'hydrogène du corps (notamment ceux de l'eau) et des champs magnétiques puissants. La figure1. Illustre ces principes en détaillant les étapes fondamentales du phénomène de Résonance Magnétique Nucléaire. du principe de la Résonance Magnétique Nucléaire (RMN) à la Reconstruction de l'Image (Espace K)

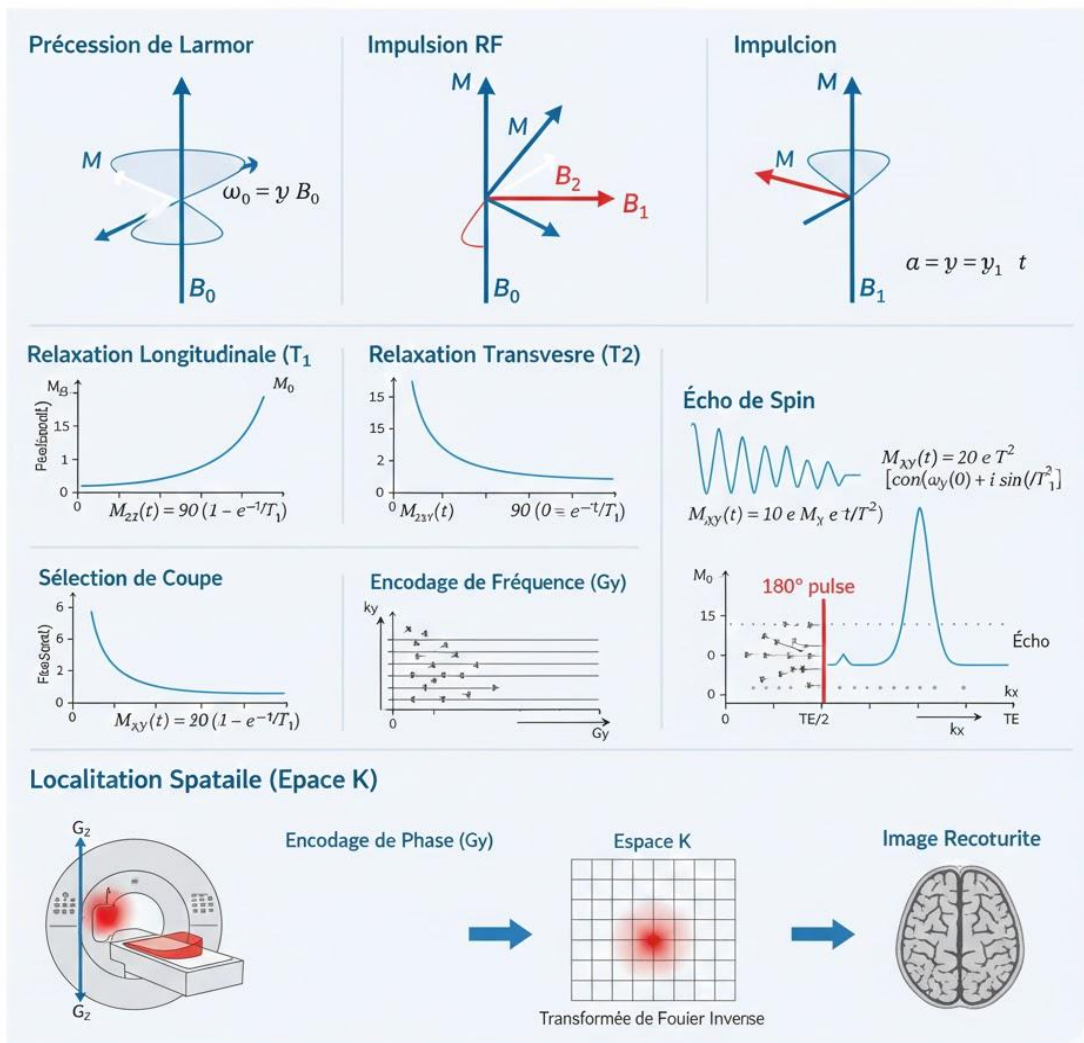


Figure 2.1 – Principes physiques de la résonance magnétique nucléaire et de la formation de l'image.

2.1. Le Principe de la Résonance Magnétique Nucléaire (RMN)

La RMN est le phénomène physique qui permet l'imagerie. Il est régi par une séquence de trois étapes fondamentales :

2.1.1. L'Alignement dans le Champ Magnétique Principal (\vec{B}_0)

Dans un état normal, les protons possèdent un moment magnétique et sont orientés aléatoirement. Lorsqu'ils sont soumis au champ magnétique principal (\vec{B}_0) de l'appareil IRM, ils s'alignent majoritairement parallèlement à ce champ. Ils précessent alors autour de l'axe de \vec{B}_0 à une fréquence caractéristique, appelée fréquence de Larmor (ω_0), donnée par l'équation fondamentale :

$$\omega_0 = \gamma B_0$$

Où ω_0 est la fréquence de Larmor (en rad/s), γ est le rapport gyromagnétique (constant pour un noyau donné, ex. : l'hydrogène), et $B_0 = \|\vec{B}_0\|$ est la norme du champ magnétique principal (en Tesla). La fréquence ω_0 est un scalaire qui dépend uniquement de l'intensité de \vec{B}_0 , pas de sa direction.

2.1.2. L'Excitation par Impulsion de Radiofréquence (RF)

Une impulsion électromagnétique de radiofréquence (\vec{B}_1), émise à la fréquence de Larmor, est appliquée. Cette énergie est absorbée par les protons, ce qui les fait basculer. Le vecteur d'aimantation nette (\vec{M}), résultante de la somme des moments magnétiques des protons, passe de l'axe longitudinal à l'axe transverse.

2.1.3. La Relaxation et l'Origine du Contraste Tissulaire

Relaxation longitudinale (T1) : Réalignement de l'aimantation nette (M_z) le long de l'axe \vec{B}_0 . Le retour à l'aimantation d'équilibre (M_0) est donné par :

$$M_z(t) = M_0(1 - e^{-t/T1})$$

Où $M_z(t)$ est l'aimantation longitudinale au temps t , M_0 est l'aimantation d'équilibre, et T1 est la constante de temps de relaxation longitudinale. Le T1 est court dans les fluides et les tissus riches en protéines.

Relaxation transversale (T2) : Déphasage des spins dans le plan transverse (M_{xy}). La décroissance du signal transverse est donnée par :

$$M_{xy}(t) = M_{xy}(0) \cdot e^{-t/T2}$$

Où $M_{xy}(t)$ est l'aimantation transverse au temps t , $M_{xy}(0)$ est l'aimantation transverse initiale, et T2 est la constante de temps de relaxation transversale. Le T2 est court dans les tissus très organisés et cellulaire (comme les tumeurs).

2.2. La Pondération de l'Image : TR et TE

Le contraste d'une image IRM est contrôlé par deux paramètres de séquence qui exploitent les différences de T1 et T2 [32] entre les tissus :

Temps de Répétition (TR) : Intervalle de temps entre deux impulsions RF successives. Il influence principalement la pondération en T1.

Temps d'Écho (TE) : Intervalle de temps entre l'impulsion RF et la mesure du signal d'écho. Il influence principalement la pondération en T2. En ajustant TR et TE, les séquences peuvent être pondérées en T1 (court TR, court TE), T2 (long TR, long TE) ou en densité de protons (PDW).

3. Les Séquences Clés de l'IRM Multiparamétrique (mp-IRM)

La mp-IRM combine des séquences anatomiques et fonctionnelles pour évaluer trois caractéristiques tumorales essentielles : l'anatomie (T2W) [19], la cellularité (DWI/ADC) [8] et la vascularisation (DCE-MRI) [24]. Le protocole standard dure environ 30 à 45 minutes et est réalisé idéalement sur un appareil 3 Tesla (3 T) pour une meilleure résolution.

3.1. Séquence T2-Pondérée (T2W) : La Base Anatomique

La T2W est la séquence fondamentale pour l'évaluation morphologique de la prostate.

3.1.1. Anatomie Zonale et Contraste Normal

La prostate se divise en zone périphérique (ZP), hyperintense (brillante) en T2W en raison de sa forte teneur en eau et de son caractère glandulaire lâche, et zone de transition (ZT), souvent hétérogène chez l'homme mûr à cause de l'hyperplasie bénigne, L'anatomie zonale de la prostate en imagerie T2 pondérée est visible sur la Figure 2.2.

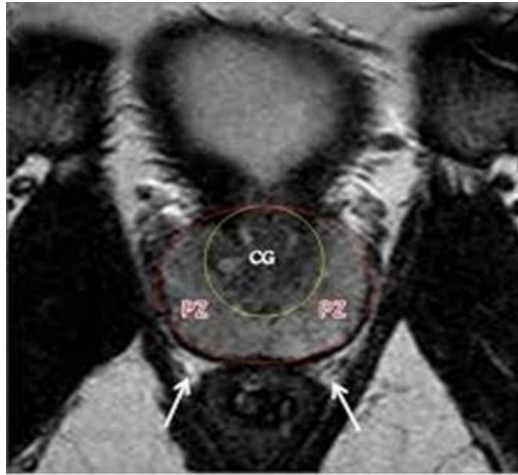


Figure 2.2 – Anatomie zonale de la prostate en imagerie T2 pondérée.

3.1.2. Manifestation du Cancer en T2W

En ZP, un CaP cliniquement significatif se caractérise par la destruction de la structure glandulaire normale, conduisant à une hypointensité focale (signal sombre). Le signal T2W est le reflet indirect de la densité et de la structure tissulaire. L'évaluation de l'intégrité capsulaire est également cruciale sur cette séquence pour le staging local.

3.2. Imagerie de Diffusion (DWI) et Carte du Coefficient de Diffusion Apparent (ADC) :

La DWI est le biomarqueur fonctionnel le plus important. Elle est basée sur l'application de gradients magnétiques bipolaires qui rendent l'image sensible au mouvement des molécules d'eau.

3.2.1. Le Principe de la Restriction de Diffusion

Les tumeurs malignes, hautement cellularisées et désorganisées, réduisent l'espace interstitiel (extracellulaire). Cette densité cellulaire élevée restreint la libre circulation des molécules d'eau. Une restriction de diffusion se traduit par un signal hyperintense sur les images DWI obtenues à haut facteur b .

3.2.2. Quantification avec le Coefficient de Diffusion Apparent (ADC)

Le signal DWI décroît exponentiellement avec l'augmentation du facteur b et la magnitude du Coefficient de Diffusion Apparent (ADC). La relation est décrite par l'équation :

$$S(b) = S_0 \cdot e^{-b \cdot \text{ADC}}$$

Où $S(b)$ est l'intensité du signal à la valeur b (en s/mm^2), S_0 est l'intensité du signal à $b = 0 s/mm^2$ (non pondérée en diffusion), b est le facteur de pondération en diffusion (en s/mm^2), et ADC est le Coefficient de Diffusion Apparent (en mm^2/s).

L'ADC est calculé à partir d'au moins deux valeurs b . Une forte restriction de diffusion (caractéristique des cancers agressifs) se traduit par des valeurs ADC faibles et donc une région hypointense sur la carte. L'ADC est le paramètre le plus corrélé au grade tumoral.

La figure Figure. 2.3. illustre ces trois séquences. On y observe clairement comment une zone suspecte apparaît sombre en T2, très claire en DWI (haute cellularité), et très sombre en ADC (faible diffusion), confirmant le principe de la restriction de diffusion qui est fortement corrélé au grade tumoral.

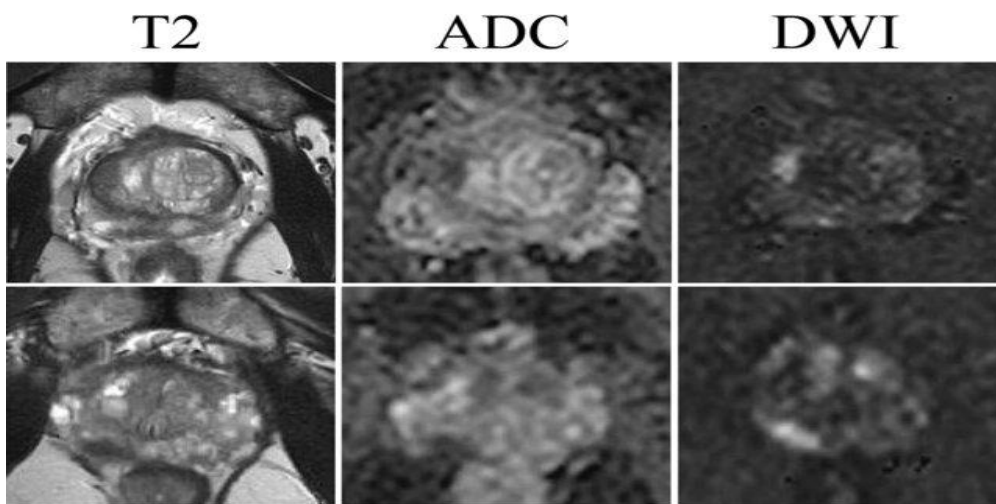


Figure 2.3 – Sémiologie comparative des séquences IRMmp : T2W, carte ADC et DWI.

3.3. Perfusion Dynamique Après Injection de Contraste (DCE-MRI) : La Vascularisation

La DCE-MRI utilise un agent de contraste paramagnétique (Gadolinium) pour évaluer la perméabilité et la perfusion des vaisseaux.

3.3.1. Physiopathologie de la Néovascularisation

Le cancer de la prostate (comme la plupart des tumeurs solides) nécessite une angiogenèse pour sa croissance, formant des néovaisseaux. Ces nouveaux vaisseaux sont souvent malformés, plus nombreux et plus perméables que les vaisseaux sains.

3.3.2. Analyse Quantitative (Modèle de Tofts)

L'acquisition est rapide et séquentielle (< 10 secondes par image) pour capturer la cinétique du contraste. Le Modèle de Tofts est un modèle pharmacocinétique bicompartimental couramment utilisé pour extraire des paramètres quantitatifs [32]. L'équation de base décrivant la concentration de Gadolinium $C_t(t)$ dans le tissu (voxel) au cours du temps est :

$$C_t(t) = K^{\text{trans}} \int_0^t \text{AIF}(\tau) e^{-\frac{K^{\text{trans}}}{V_e}(t-\tau)} d\tau + V_p \cdot \text{AIF}(t)$$

Où $C_t(t)$ est la concentration de Gadolinium dans le tissu, $\text{AIF}(t)$ est la fonction d'entrée artérielle (concentration dans le plasma), K^{trans} (taux de transfert du plasma à l'espace extracellulaire-extravasculaire en min^{-1}) et V_e (volume de l'espace extracellulaire-extravasculaire) sont les paramètres clés, et V_p (volume plasmatique) est le volume de Gadolinium dans le compartiment vasculaire. Les paramètres K^{trans} et V_e sont les plus utilisés pour caractériser l'hypervascularisation tumorale.

Un CaP cliniquement significatif présente typiquement un rehaussement précoce et rapide suivi d'un délavage (wash-out) rapide.

le cancer de la prostate nécessite l'angiogenèse pour sa croissance, créant des néovaisseaux. Ces vaisseaux anormaux sont la cible de la DCE-IRM [24].

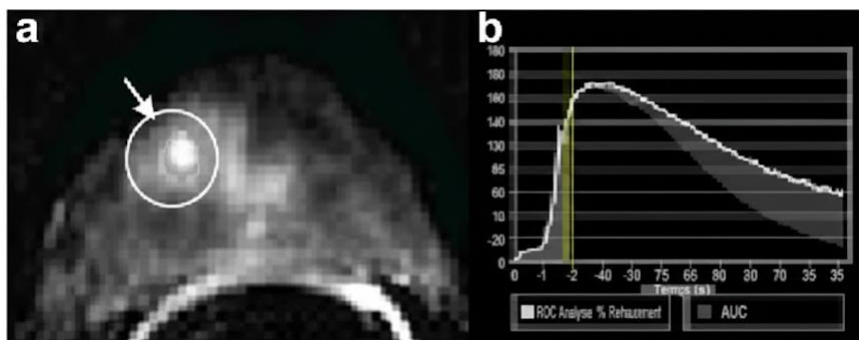


Figure 2.4 – Sémiologie de la perfusion dynamique (DCE-MRI) :
Image et courbe cinétique.

- La Figure 2.4 **a** montre une image de la prostate après injection du Gadolinium (agent de contraste). La zone entourée d'un cercle (indiquée par la flèche) présente un rehaussement précoce et intense, signe d'une hypervascularisation typique d'une lésion cancéreuse.

- La Figure 2.4 b : Courbe de cinétique du contraste typique d'un cancer de la prostate, caractérisée par un rehaussement rapide suivi d'un délavage (*wash-out*).

3.4. Spectroscopie par Résonance Magnétique (MRS) : La Biochimie Tissulaire

La MRS permet d'analyser la concentration de métabolites chimiques spécifiques dans le tissu prostatique en utilisant la notion de déplacement chimique des protons.

Principe : Le CaP se caractérise par une augmentation de la Choline (lié à la prolifération cellulaire) et une diminution du Citrate (qui sert de nutriment pour les cellules prostatiques normales) et de la Créatine.

Application : Le rapport $\frac{\text{Choline}+\text{Créatine}}{\text{Citrate}}$ est utilisé comme un marqueur de malignité. Bien que moins utilisée que la DWI dans les protocoles de routine en raison de sa faible résolution spatiale et de sa complexité d'acquisition, la MRS fournit une information biochimique directe et peut être utile en cas de récurrence post-thérapeutique.

4. Évolution et Standardisation : mp-IRM, bp-IRM et PI-RADS v2.1

La bp-IRM simplifie le protocole mp-IRM en excluant la DCE-MRI. De nombreuses études ont montré que l'association des séquences T2W et DWI/ADC atteignait une performance diagnostique comparable[9], si ce n'est supérieure, à la mp-IRM complète, notamment en ZP. La bp-IRM réduit le temps d'examen, les coûts et évite l'injection de Gadolinium.

Le PI-RADS (Prostate Imaging Reporting and Data System) est un système standardisé développé par l'European Society of Urogenital Radiology (ESUR) et l'American College of Radiology (ACR). Sa v2.1, publiée en 2019, représente la norme clinique actuelle pour la lecture, l'interprétation et le rapport structuré des mp-IRM prostatiques[24]. Il est essentiel pour l'uniformisation des diagnostics et pour fournir une "vérité terrain" homogène nécessaire à l'entraînement des modèles d'IA.

4.1. Échelle ordinale (scores 1-5) et probabilité de csPCa

Le PI-RADS [18, 24, 25] est une échelle ordinale de 1 à 5 qui reflète la probabilité de présence d'un cancer de la prostate cliniquement significatif (csPCa, défini comme un Gleason score $\geq 3 + 4$) :

PI-RADS 1 : Très faible probabilité (Probabilité $\leq 5\%$).

PI-RADS 2 : Faible probabilité (Probabilité \leq 15%).

PI-RADS 3 : Probabilité intermédiaire (Probabilité \approx 30% – 40%).

PI-RADS 4 : Probabilité élevée (Probabilité \approx 60% – 70%).

PI-RADS 5 : Très forte probabilité (Probabilité \geq 85%).

4.2. La Logique de Séquence Dominante (Hiérarchie) et le Rôle de la DCE-MRI

Le PI-RADS v2.1 repose sur le concept de séquence dominante (Major Score Driver). Le logigramme décisionnel du système PI-RADS v2.1 est présenté sur la Figure 2.5. La séquence la plus performante varie en fonction de la zone anatomique :

Zone Périphérique (ZP) : DWI/ADC est dominant.

Zone de Transition (ZT) : T2W est dominant.

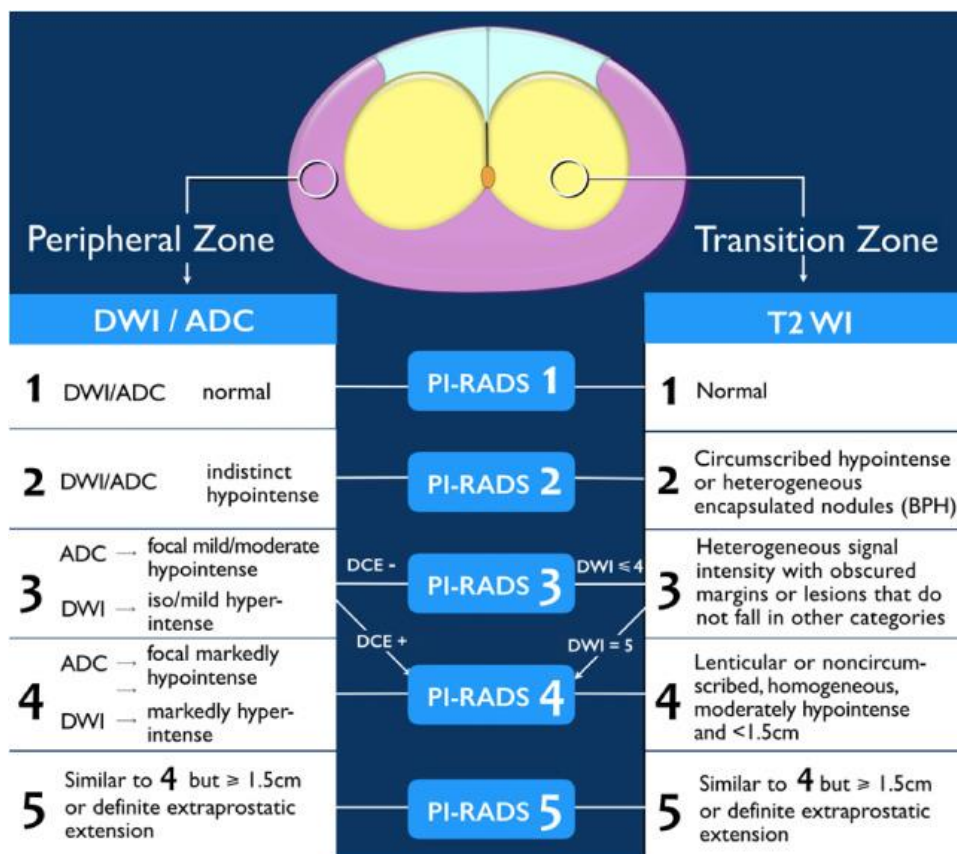


Figure 2.5 – Logigramme décisionnel du système PI-RADS v2.1.

L'attribue d'un score à chaque lésion détectée dans la prostate, reflétant la probabilité que celle-ci représente un cancer cliniquement significatif.

La détermination de ce score est rigoureuse : elle est basée sur l'analyse séquentielle de différentes séquences d'images (T2, Diffusion, et ADC) et varie en fonction de la zone prostatique examinée (Zone Périphérique ou Zone de Transition), Les corrélations visuelles entre les scores PI-RADS (1 à 5) et les séquences IRM sont montrées sur la Figure 2.6.

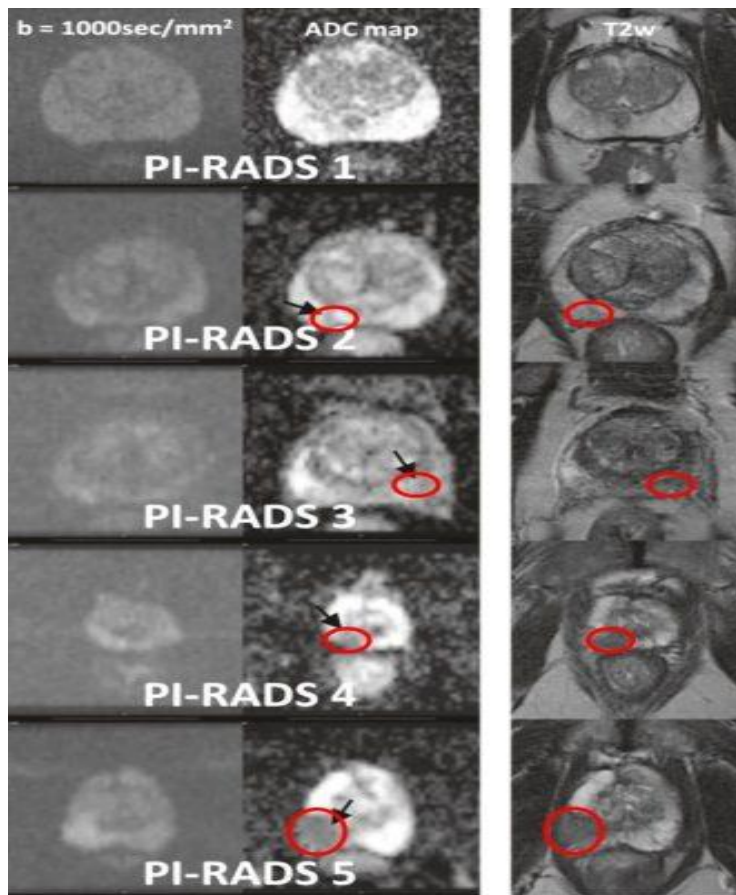


Figure 2.6 – Corrélations visuelles entre les scores PI-RADS (1 à 5)

Et les séquences IRM.

Clarification du rôle de la DCE-MRI : Conformément au PI-RADS v2.1, la DCE-MRI ne joue un rôle diagnostique que pour les lésions PI-RADS 3 en zone périphérique afin d’agir comme un facteur de départage. Un rehaussement précoce (positif) dans une lésion PI-RADS 3 la fera passer à PI-RADS 4. L’absence de rehaussement (négatif) la maintient à PI-RADS 3. Elle est ignorée dans la zone de transition (ZT) et pour les scores ≥ 4 et ≤ 2 quelle que soit la zone.

L’évaluation PI-RADS repose sur des critères stricts qui varient selon la zone prostatique, Les critères PI-RADS v2.1 pour l’évaluation des lésions de la zone périphérique sont détaillés dans le Tableau 2.1.

Tableau 2.1 – Critères PI-RADS v2.1 pour l'évaluation des lésions de la zone périphérique.

Score	Séquence DWI (Dominante)	Séquence T2W (Secondaire)	Probabilité csPCa
1	Pas de restriction (Signal normal)	Homogène, signal élevé (Normal)	Très faible
2	Restriction minimale ou diffuse	Hypo-intensité linéaire/cunéiforme	Faible
3	Restriction subtile (ADC modérément bas)	Hypo-intensité focale non circonscrite	Intermédiaire
4	Restriction marquée (Lésion < 1.5 cm)	Lésion focale de signal bas	Élevée
5	Restriction très marquée (Lésion > 1.5 cm)	Lésion focale ou extension extra-capsulaire	Très élevée

Le Tableau 2.2 présente les critères PI-RADS v2.1 pour l'évaluation des lésions de la zone de transition.

Tableau 2.2 – Critères PI-RADS v2.1 pour l'évaluation des lésions de la zone de transition.

Score PI-RADS	Séquence T2W (Dominante)	Séquence DWI/ADC (Secondaire)	Probabilité csPCa
1	Nodule typique (contours lisses, iso- ou hyperintense).	Diffusion non restreinte.	Très faible
2	Nodule clairement encapsulé (morphologie typique d'HBP).	Restriction de diffusion minimale.	Faible
3	Lésion focale mal définie ou hétérogène, contours non lisses.	Restriction modérée (ADC moyennement bas).	Intermédiaire
4	Lésion focale, lenticulaire, hypointense, taille < 1.5 cm.	Restriction marquée (ADC bas).	Élevée
5	Lésion focale lenticulaire, fortement hypointense ou extension EC.	Restriction très marquée (ADC très bas).	Très élevée

4.3. Décision du Diagnostic de la Prostate Basée sur PI-RADS et Biopsies

Cette section détaille comment l'évaluation radiologique par le score PI-RADS et le recours aux biopsies sont combinés pour aboutir à une décision diagnostique finale, comme illustré par l'algorithme.

1. Le Rôle du Score PI-RADS dans l'Orientation

Le score PI-RADS (obtenu par l'IRM) sert de facteur de stratification du risque initial :

- **PI-RADS 1 ou 2 (Négatif/Faible risque) :** Si la probabilité de cancer cliniquement significatif est très faible, l'approche est plus conservatrice. Si, en plus, le taux de PSAd est très bas ($< 0,15\text{ng/ml}$), on opte pour la Surveillance Clinique et Biologique (qui inclut parfois une nouvelle IRM). Si le PSAd est plus élevé ou d'autres facteurs de risque sont présents, des biopsies peuvent toujours être envisagées (Biopsies systématiques).
- **PI-RADS > 3 (Positif/Risque intermédiaire à très élevé) :** La présence d'une ou plusieurs lésions avec un score PI-RADS ≥ 3 rend le diagnostic de cancer cliniquement significatif probable. Ceci nécessite une vérification histologique par biopsies.

2. Le Rôle des Biopsies

Les biopsies sont l'étape qui permet d'obtenir un diagnostic définitif en analysant les tissus au microscope. La stratégie de biopsie est double dans ce protocole :

- **Biopsies Ciblées (sur PI-RADS ≥ 3) :** L'aiguille est guidée précisément vers la (les) lésion(s) suspecte(s) identifiée(s) par l'IRM. Ceci augmente la probabilité de détecter un cancer significatif.
- **Biopsies Systématiques :** Ces biopsies sont réalisées sur l'ensemble de la prostate selon un protocole standardisé (souvent 10 à 12 prélèvements), car l'IRM peut parfois manquer des cancers moins visibles.

3. La Décision Diagnostique Finale

Le résultat histologique des biopsies (ciblées et systématiques) mène à la décision finale :

- Absence de Cancer : Si l'analyse histologique ne révèle pas de cellules cancéreuses, le patient reste sous Surveillance Clinique et Biologique +/- IRM.
- Cancer de la Prostate (Confirmation Positive) : Si les biopsies confirment la présence de cancer, le patient est orienté vers le Traitement ou la Surveillance Active.

La décision entre "Traitement" et "Surveillance Active" dépendra alors du grade du cancer (Score de Gleason), de son volume et de son stade clinique L'algorithme intégré de prise en charge diagnostique du cancer de la prostate est illustré sur la Figure 2.7.

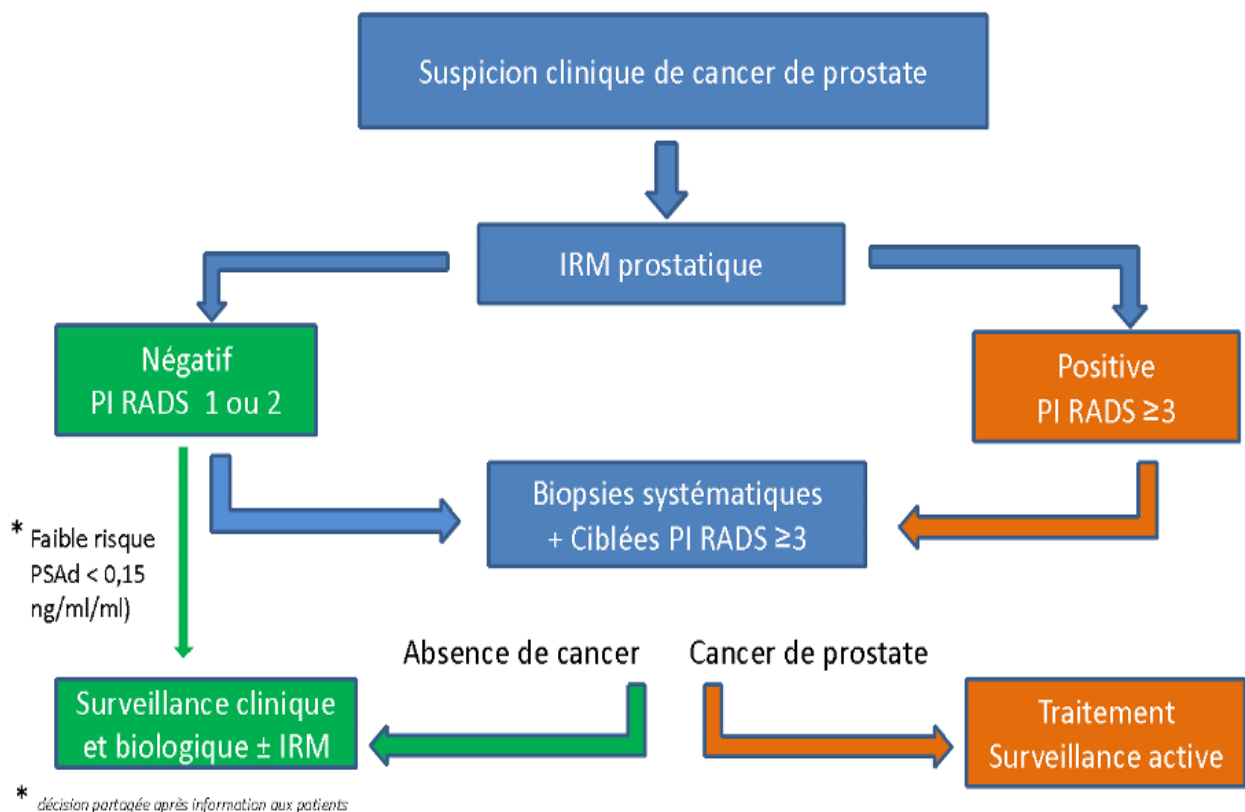


Figure 2.7 – Algorithme intégré de prise en charge diagnostique du cancer de la prostate.4.3.
Limites Critiques du Système PI-RADS v2.1

Malgré sa large acceptation, le PI-RADS v2.1 présente des limites :

Variabilité inter-observateurs : Des différences subsistent dans l'interprétation des images, en particulier pour les lésions PI-RADS 3.

Ambiguïté du PI-RADS 3 : Ce score intermédiaire pose des problèmes de gestion clinique (faut-il biopsier ou surveiller ?).

Nature ordinale : Le score est une classification discrète (1 à 5), qui ne reflète pas la probabilité continue de malignité.

5. Protocoles d'Acquisition

5.1. Standardisation des Protocoles (ESUR/PI-RADS)

La reproductibilité des scores PI-RADS [18] est conditionnée par l'adhérence stricte aux protocoles. Cela inclut l'utilisation d'aimants de 3 Tesla (3 T), l'absence de bobine endorectale (sauf exception), et des choix optimaux de valeurs b pour la DWI.

5.2. Les Limites et Artéfacts Techniques

Plusieurs facteurs peuvent altérer la qualité des images et induire des erreurs d'interprétation :

Artéfacts de mouvement : Fréquents et induits par la respiration ou le péristaltisme intestinal.

Artéfacts de susceptibilité magnétique : Causés par des implants métalliques ou des résidus de biopsies antérieures.

Biais d'atténuation T2 : En ZT, les nodules d'hyperplasie bénigne peuvent imiter des lésions malignes en T2W.

6. L'Avenir : Vers le PI-RADS v3.0 Assisté par l'Intelligence Artificielle

L'intégration de l'Intelligence Artificielle est la prochaine étape inéluctable pour surmonter les biais subjectifs et les limites de reproductibilité du système v2.1. L'objectif est de transformer le rôle de l'IRM d'un outil de classification diagnostique ordinale en un puissant instrument de prédiction de risque quantitatif, ouvrant la voie au futur v3.0.

6.1. Automatisation et Quantification (Radiomique)

L'IA, en particulier le Deep Learning (apprentissage profond) via des architectures comme les réseaux neuronaux convolutifs (CNN), permet d'automatiser [31] les tâches les plus laborieuses et les plus sensibles à la variabilité humaine.

6.1.1. Segmentation Précise et Reproducible

Les algorithmes d'IA peuvent réaliser une segmentation sémantique extrêmement précise de la prostate (limites capsulaires, zones ZP et ZT) ainsi que des lésions individuelles.

Impact : Une segmentation automatique assure une mesure exacte et reproductible des dimensions des lésions et des paramètres volumétriques (taille, volume), essentiels pour le staging et le suivi.

6.1.2. La Radiomique : Extraction de Biomarqueurs Non Visibles

La Radiomique est l'extraction et l'analyse de centaines de caractéristiques quantitatives (features) [22] à partir des images. Ces caractéristiques ne sont pas visibles à l'œil nu et décrivent la forme, l'intensité, et la texture des lésions.

Caractéristiques Clés : Des paramètres comme l'hétérogénéité du signal T2W, la distribution de l'ADC dans la lésion (skewness, kurtosis), et la corrélation spatiale des pixels sont extraits et servent de biomarqueurs prédictifs du Gleason Score.

6.1.3. Mesures Fonctionnelles Approfondies

L'IA permet des calculs automatisés de valeurs quantitatives cruciales :

ADC_{\min} et ADC_{moyenne} : Calculs précis des coefficients de diffusion minimum et moyen au sein de la lésion, fortement corrélés au grade tumoral.

Analyse DCE-MRI : Extraction automatique des paramètres pharmacocinétiques (K^{trans} , V_e) du Modèle de Tofts pour une évaluation standardisée de la perfusion.

6.2. Vers un Score de Risque Continu et Intégré

L'évolution majeure du système de classification est le passage d'une note discrète (1 à 5) à une probabilité continue et personnalisée.

6.2.1. Le Score de Probabilité Continue

Au lieu de classer une lésion en PI-RADS 4, l'algorithme d'IA prédit une probabilité numérique de malignité (ex. : 72% de risque de csPCa). Cette finesse permet une stratification du risque beaucoup plus nuancée, particulièrement utile pour les lésions initialement classées PI-RADS 3.

6.2.2. Intégration Multimodale (Fusion IA)

Les modèles d'IA les plus avancés fusionnent les données d'imagerie avec les données cliniques [28], sériques et génétiques du patient.

Fusion : Association des données IRM (Radiomique) + PSA (Antigène) + Histoire Génétique
→ Score de Risque Personnalisé global. Cette intégration modélise mieux la réalité biologique du patient que l'imagerie seule.

6.3. Le Défi de l'Explicabilité Clinique (XAI)

L'adoption clinique de l'IA dépend de sa capacité à être transparente et digne de confiance.

6.3.1. Méthodes d'Explicabilité Visuelle

Les techniques d'Explicabilité fournissent une justification visuelle de la prédiction du modèle.

Grad-CAM et LIME : Ces méthodes génèrent des cartes d'activation ou des cartes de chaleur qui surlignent les régions spécifiques de l'image (les hotspots radiomiques) qui ont le plus contribué à la prédiction d'un risque élevé.

Intérêt Clinique : Elles permettent au radiologue de valider la prédiction de l'IA et d'identifier si le modèle se concentre sur des caractéristiques cliniquement pertinentes (la lésion elle-même) ou sur des artefacts, augmentant ainsi la confiance.

6.3.2. Validation et Obstacles Réglementaires

Le passage à PI-RADS v3.0 nécessitera une validation rigoureuse des performances des algorithmes d'IA par de larges cohortes prospectives [26]. Les obstacles réglementaires (approbation FDA ou EMA) exigent que les systèmes d'IA ne soient pas de simples "boîtes noires" mais des outils explicables et fiables, capables de démontrer une réduction significative du taux de biopsies inutiles tout en maintenant une haute sensibilité pour les csPCa. Ces défis techniques et réglementaires soulignent que, bien que prometteuse, l'intégration de l'IA dans la pratique clinique quotidienne nécessite une validation rigoureuse et une collaboration étroite entre radiologues, ingénieurs et autorités de santé.

7. Conclusion

La compréhension des fondements de l'IRM prostatique est essentielle. Chaque séquence de la "mp-IRM" est une fenêtre sur un aspect biologique distinct du cancer : l'anatomie ("T2W"), la cellularité ("DWI/ADC"), et la vascularisation ("DCE-MRI"). Le système "PI-RADS v2.1" a fourni le cadre méthodologique nécessaire pour l'annotation et l'entraînement des modèles d'"IA", agissant comme la "vérité terrain" (ground truth). L'émergence de la "bp-IRM" simplifiée démontre que le signal "T2W" et le biomarqueur "ADC" sont les plus robustes — précisément les données que les techniques de Deep Learning exploitent le plus efficacement.

La prochaine étape, qui fera l'objet du chapitre suivant, sera d'explorer la transformation de ces images complexes en données analysables par la radiomique et les architectures d'"IA" capables d'automatiser et de surpasser l'interprétation humaine, guidant ainsi la nouvelle ère de la médecine personnalisée du cancer de la prostate.

Chapitre III

–INTELLIGENCE ARTIFICIELLE EN IMAGERIE

1. Introduction

Le Cancer de la Prostate (CaP) est une pathologie majeure dont le diagnostic et l'évaluation reposent principalement sur l'Imagerie par Résonance Magnétique multiparamétrique (IRMmp), interprétée selon le système standardisé PI-RADS. Cependant, cette interprétation reste subjective et dépend de l'expérience du radiologue, ce qui peut engendrer une variabilité [26] (faux-positives ou faux-négatifs).

Le diagnostic et la stratification du cancer de la prostate (CaP) reposent traditionnellement sur l'interprétation visuelle de l'imagerie par résonance magnétique multiparamétrique (IRMmp), normalisée par le système Prostate Imaging Reporting and Data System (PI-RADS). Bien que le PI-RADS ait grandement amélioré la standardisation, il souffre d'une limitation fondamentale : sa dépendance à la subjectivité humaine. L'évaluation est intrinsèquement liée à l'expérience du radiologue, ce qui conduit à une variabilité inter- et intra-observateur significative [27], notamment pour les lésions ambiguës de score PI-RADS 3 ou 4. Le problème de variabilité dans la segmentation manuelle des lésions est illustré sur la Figure 3.1.

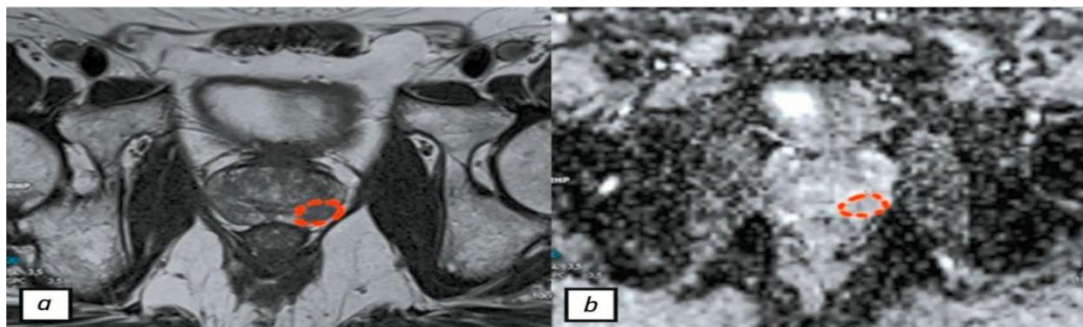


Figure 3.1 – Illustration du problème de variabilité dans la segmentation Manuelle des lésions.

De plus, l'œil humain peine à saisir la complexité et l'hétérogénéité spatiale et temporelle des tumeurs. Cette hétérogénéité est pourtant un marqueur pronostique crucial, reflétant la

dynamique de prolifération cellulaire, l'angiogenèse, la nécrose et le microenvironnement tumoral. L'information biologique et histologique, vitale pour distinguer un cancer cliniquement significatif (csPCa) d'une lésion indolente, est souvent codée dans des motifs subtils (textures) d'intensité, de forme et de distribution spatiale que l'interprétation visuelle seule ne peut décoder efficacement.

L'Analyse de Texture (Radiomique) [22] est une technique avancée qui vise à objectiver ce diagnostic en quantifiant la distribution spatiale des niveaux de gris dans l'image. Des études ont montré que les caractéristiques de texture peuvent améliorer la précision du diagnostic différentiel des foyers pathologiques [5].

L'efficacité de la radiomique repose sur la segmentation précise de la Zone d'Intérêt (ROI), c'est-à-dire le contour de la lésion focale. Cette segmentation est traditionnellement effectuée manuellement par des cliniciens (annotateurs).

le marquage manuel est caractérisé par une variabilité inter-observateurs significative. Cette divergence dans la délimitation des masques affecte directement l'objectivité des caractéristiques de texture extraites, et par conséquent, la validité et la reproductibilité des résultats de l'étude radiomique.

la recherche de (Romanenko et al., 2025) s'attaque au problème majeur de la variabilité du marquage manuel (segmentation) des lésions de CaP sur les images IRMmp. L'objectif était de créer et de valider un algorithme standardisé pour former un masque de segmentation de consensus à partir des marquages réalisés par plusieurs radiologues. L'étude (Romanenko et al., 2025) a porté sur 60 patients atteints de CaP. Trois radiologues expérimentés ont réalisé le marquage initial. L'algorithme développé combine une évaluation quantitative (Métrique de Dice) et une correction manuelle collaborative. Crucialement, en cas de désaccord, les experts utilisaient la confirmation histologique (biopsie) comme « critère d'or » pour ajuster les limites du masque.

Le processus méthodologique est formalisé dans l'algorithme ci-dessous, dont le déroulement est résumé dans le diagramme Figure 3.2 de flux suivant :

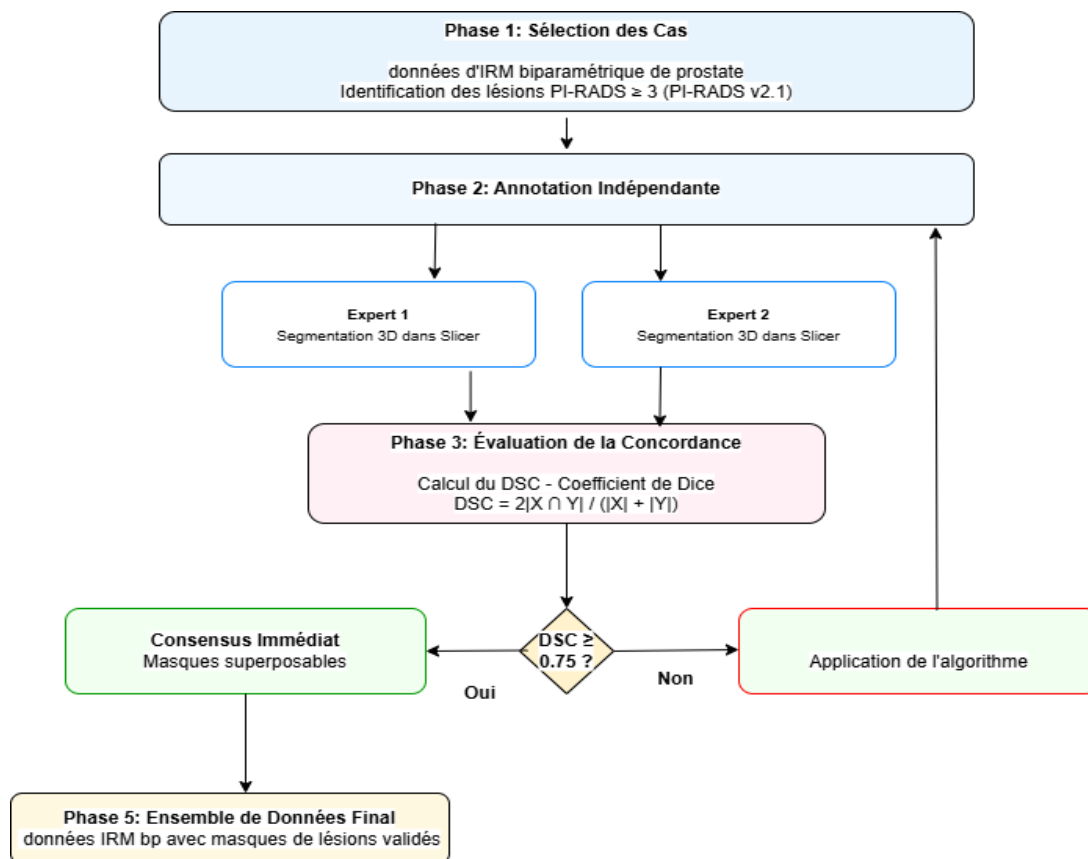


Figure 3.2 – Algorithme de consensus pour l'amélioration de la reproductibilité de la segmentation.

L'application de cet algorithme a conduit à une amélioration très significative de la cohérence des masques de segmentation :

La métrique de Dice (accord inter-annotateurs) est passée de 0,66 à **0,84** ($p < 0,001$).

La reproductibilité du consensus a été jugée bonne, avec un Coefficient de Corrélation Intraclasse (CCI) de **0,81**.

Cet méthode robuste et efficace pour standardiser la segmentation des lésions de CaP par IRMmp. Les auteurs recommandent son utilisation dans toutes les études de radiomique afin de garantir l'objectivité et la qualité des données analysées. L'étude note toutefois que l'étape de correction manuelle reste chronophage et appelle à l'automatisation dans les travaux futurs.

2. L'Intelligence Artificielle

Face aux limites de l'évaluation visuelle et aux défis de standardisation du marquage manuel, l'Intelligence Artificielle (IA) s'est imposée comme une solution paradigmatique pour

transformer l'IRMmp d'un outil qualitatif en un instrument de quantification précis. L'IA offre la capacité d'analyser d'immenses quantités de données d'imagerie pour dériver des biomarqueurs non-invasifs objectifs. Ce chapitre se concentre sur les deux grandes familles d'approches IA exploitées dans ce domaine :

La Radiomique (Feature Engineering): Basée sur l'extraction manuelle de caractéristiques mathématiques.

L'Apprentissage Profond (Deep Learning, DL): Basé sur l'extraction automatique et hiérarchique de caractéristiques (Feature Learning).

L'objectif de ce chapitre est de détailler les fondements méthodologiques de ces approches, de comparer leurs performances dans la littérature, et d'examiner les architectures avancées (multimodales et hybrides) qui définissent l'état de l'art actuel.

2.1. L'Apprentissage Profond (Deep Learning)

Le Deep Learning (DL) remplace l'étape manuelle de Feature Engineering par le Feature Learning (apprentissage de caractéristiques). Les réseaux de neurones profonds, en particulier les réseaux convolutifs (Convolutional Neural Networks, CNN), sont capables d'apprendre automatiquement, de manière hiérarchique, les représentations pertinentes directement à partir des données d'entrée brutes (les imagesIRMmp). Un schéma d'un réseau neuronal artificiel simple est présenté sur la Figure 3.3.

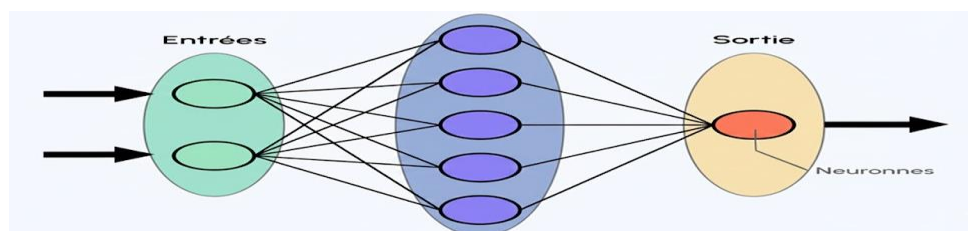


Figure 3.3 – Schéma d'un réseau neuronal artificiel simple.

Cette hiérarchie est la clé :

Couches Inférieures : Apprennent des caractéristiques simples et génériques (bords, coins, textures de base).

Couches Intermédiaires : Combinaison de ces caractéristiques pour former des motifs plus complexes (formes, structures).

Couches Supérieures : Apprentissage des représentations hautement abstraites et sémantiques spécifiques à la tâche (ex: présence et agressivité du CaP).

2.2. Principes Fondamentaux des Réseaux Neuronaux Convolutifs (CNN)

Les réseaux convolutifs (CNN) sont l'architecture de DL dominante pour le traitement des images. Leur conception s'inspire de l'organisation du cortex visuel animal et repose sur une série de couches spécialisées qui transforment progressivement les données brutes de l'image en caractéristiques de plus en plus abstraites et pertinentes pour la tâche de classification ou de segmentation. L'architecture générique d'un réseau neuronal convolutif (CNN) est illustrée sur la Figure 3.4.

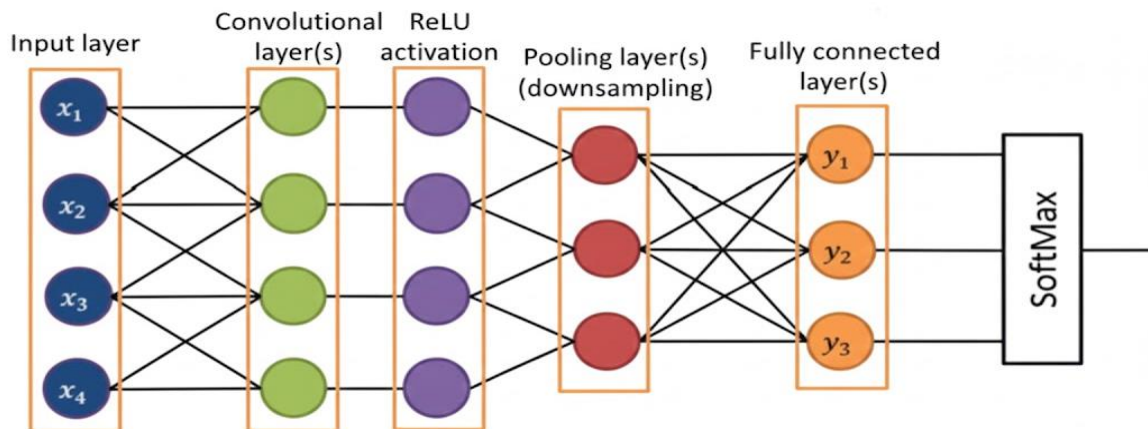


Figure 3.4 – Architecture générique d'un réseau neuronal convolutif (CNN).

A. La Couche de Convolution (Convolutional Layer)

C'est la brique fondamentale du CNN. Elle applique un ensemble de petits filtres (ou noyaux, K) qui balayent l'image d'entrée (I). Chaque filtre est spécialisé dans la détection d'un motif spécifique (ex: bords horizontaux, coins, textures fines). Le résultat de cette opération est une carte de caractéristiques (feature map).

L'opération de convolution C au pixel (i, j) de la carte de sortie est donnée par :

$$C(i, j) = \sum_m \sum_n I(i - m, j - n) \cdot K(m, n)$$

Où I est la région d'entrée (patch de l'image), $K(m, n)$ sont les poids du noyau (filtre), et le produit est sommé sur toutes les dimensions du noyau.

B. La Couche d'Activation (Activation Layer)

Immédiatement après la convolution, une fonction d'activation est appliquée pour introduire de la non-linéarité dans le modèle. Sans cela, le réseau ne serait qu'une simple combinaison linéaire des entrées, incapable de modéliser des relations complexes. La fonction la plus courante est la Rectified Linear Unit (ReLU).

La fonction d'activation f (ReLU) est appliquée à la sortie convoluée \mathbf{z} (où \mathbf{z} inclut le biais) :

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

C. La Couche de Pooling (Pooling Layer ou Sous-échantillonnage)

La couche de pooling réduit la dimensionnalité spatiale des cartes de caractéristiques. Elle permet de :

Réduire le nombre de paramètres et donc les coûts de calcul.

Rendre le modèle plus robuste aux petites variations ou translations dans l'image (invariance translationnelle).

Le Max Pooling est la forme la plus courante, où l'on sélectionne la valeur maximale sur une petite région (fenêtre) et on la conserve comme sortie pour cette région.

$$\text{Pooling}(i, j) = \mathbf{max}_{m, n \in \text{fenêtre}} C_{\text{activée}}(i + m, j + n)$$

D. La Couche Complètement Connectée (Fully Connected Layer)

Après l'empilement de couches de convolution et de pooling qui ont extrait les caractéristiques, les dernières couches du réseau sont souvent des couches complètement connectées (Dense Layers). Ces couches reçoivent le vecteur de caractéristiques aplati (résultat du feature learning), intègrent l'ensemble de l'information extraite, et l'utilisent pour effectuer la classification finale (ex: CaP vs Non – CaP).

La sortie y d'un neurone dans cette couche est donnée par :

$$y = f\left(\sum_i w_i \cdot x_i + \mathbf{b}\right)$$

Où x_i sont les entrées, w_i sont les poids, b est le biais, et f est la fonction d'activation.

2.3. Architecture U-Net pour la Segmentation

L'architecture U-Net [1] est spécifiquement conçue pour la segmentation biomédicale avec peu de données. Elle est composée d'un chemin descendant (Encoder) qui extrait les caractéristiques, et d'un chemin ascendant (Decoder) qui utilise ces caractéristiques pour reconstruire la carte de segmentation à la résolution originale.

Les Connexions de Saut (Skip Connections) : Ces connexions directes entre l'encodeur et le décodeur sont cruciales. Elles permettent au réseau de récupérer les informations de détail spatial (texture fine) perdues lors de la phase de compression (downsampling).

nnU-Net (no-new-Net) : Souvent considérée comme l'état de l'art. Il ne s'agit pas d'une nouvelle architecture, mais d'une "boîte à outils" d'auto-configuration. Il détermine automatiquement les hyperparamètres (taille de patch, batch size, pré-traitement) en fonction des propriétés du jeu de données (taille du volume, résolution).

2.4. Les Tâches de Segmentation Prostatique

Dans le pipeline DL pour le cancer de la prostate, la segmentation est souvent la première étape critique, car elle permet de localiser et d'isoler la structure d'intérêt pour l'analyse ultérieure.

A. Segmentation de la Glande Prostatique

L'objectif est d'isoler la prostate entière (glande périphérique et zone de transition) des structures environnantes (vessie, rectum). Cette segmentation de l'organe [11] est essentielle pour Normalisation Spatiale : Servir de cadre de référence anatomique pour la localisation des lésions, L'architecture de l'U-Net pour la segmentation sémantique en imagerie médicale est montrée sur la Figure 3.5.

Réduction du Domaine : Limiter l'analyse du DL à la seule région pertinente, réduisant la complexité de la tâche et les risques de faux positifs externes.

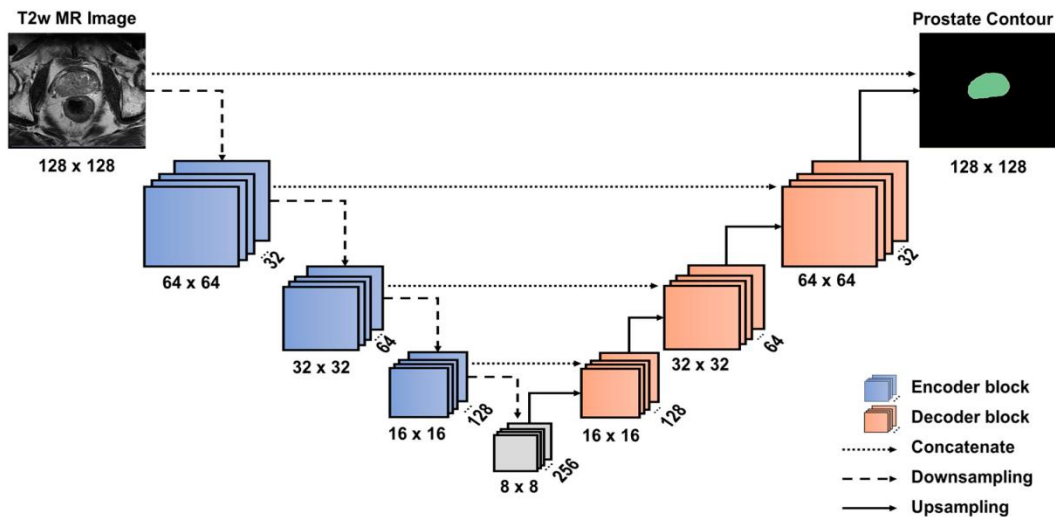


Figure 3.5 – Architecture de l’U-Net pour la segmentation sémantique En imagerie médicale.

Les réseaux neuronaux constituent la base de ces systèmes d'aide à la décision. Le Tableau 3.1 présente une comparaison des architectures les plus influentes en segmentation d'images médicales :

Tableau 3.1 – Comparaison des architectures de segmentation U-Net et nnU-Net.

Architecture	Principe	Atouts	Limites	Performance
U-Net [1]	Encodeur-décodeur avec connexions de saut.	Segmentation précise (peu de données), robustesse.	Sensible au bruit, dépend des annotations.	85–90 %
nnU-Net [2]	Pipeline auto-adaptatif (Auto-config).	Généralisation SOTA, configuration automatique.	Faible interprétabilité, complexité d'optimisation.	92–95 %

B. Segmentation de la Région d’Intérêt (ROI/Lésion)

L’étape la plus difficile et la plus cruciale est la segmentation précise de la lésion suspecte (ROI). Le principe d'un CNN pour la génération de cartes d'activation (heatmaps) est illustré sur la Figure 3.6.

Segmentation Lésionnelle : Vise à délimiter la tumeur elle-même. Un U-Net (ou ses variantes 3D) est typiquement utilisé pour cette tâche en exploitant les informations multimodales de l'IRMmp (T2, DWI, DCE).

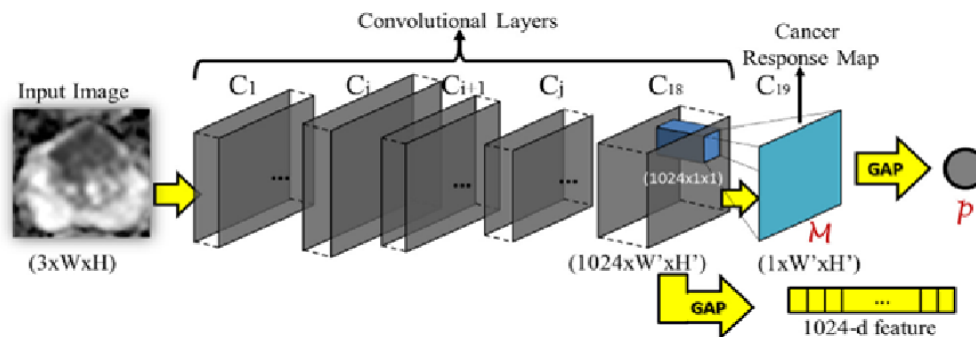


Figure 3.6 – Principe d'un CNN pour la génération de cartes D'activation (« heatmaps »).

Importance pour la Radiomique : Une segmentation automatique [10] et reproductible par DL peut alimenter directement un pipeline de radiomique classique (approche hybride), éliminant ainsi la variabilité inter-opérateur inhérente au contourage manuel des lésions.

2.5. Apprentissage Automatique et Transfer Learning pour l'Extraction de Caractéristiques Radiomiques

Une fois les lésions segmentées (ROI) de manière automatique [12] ou manuelle, l'étape suivante consiste à extraire des caractéristiques quantifiables. Outre les caractéristiques radiomiques handcrafted (traditionnelles, basées sur des algorithmes statistiques), l'approche moderne utilise l'apprentissage par transfert (Transfer Learning) pour générer des deep features plus riches et contextuelles. Le Transfer Learning consiste à réutiliser un modèle CNN pré-entraîné sur un vaste jeu de données génériques (comme ImageNet), puis à l'appliquer à la tâche spécifique de l'IRM de la prostate. L'idée est que les couches initiales du CNN ont appris à reconnaître des caractéristiques de base (bords, textures, coins) qui sont universelles aux images. En utilisant ces couches comme extracteurs de caractéristiques pour les images de la prostate, on contourne la nécessité de former un CNN profond à partir de zéro, ce qui est souvent impossible avec la taille limitée des cohortes médicales.

2.6. La Radiomique : Extraction et Analyse de Caractéristiques (Feature Engineering)

La Radiomique est une discipline émergente de l'imagerie médicale qui vise à extraire une grande quantité de caractéristiques quantitatives (features) à partir d'images médicales. Le pipeline méthodologique complet d'une étude radiomique est présenté sur la Figure 3.7., afin de les lier à des phénotypes cliniques ou génomiques. L'Hypothèse Radiomique postule que l'hétérogénéité tumorale, invisible à l'œil nu et liée à la physiopathologie sous-jacente (telle que la vascularisation, la densité cellulaire, la nécrose), se manifeste par des variations d'intensité, de forme, et des motifs spatiaux subtils, qui peuvent être quantifiés par des algorithmes mathématiques. Le pipeline radiomique est une approche standardisée et rigoureuse en cinq étapes, visant à transformer les images médicales en signatures quantitatives prédictives. Son objectif est de capturer le phénotype tumoral invisible à l'œil nu, tout en assurant la robustesse et la reproductibilité des résultats.

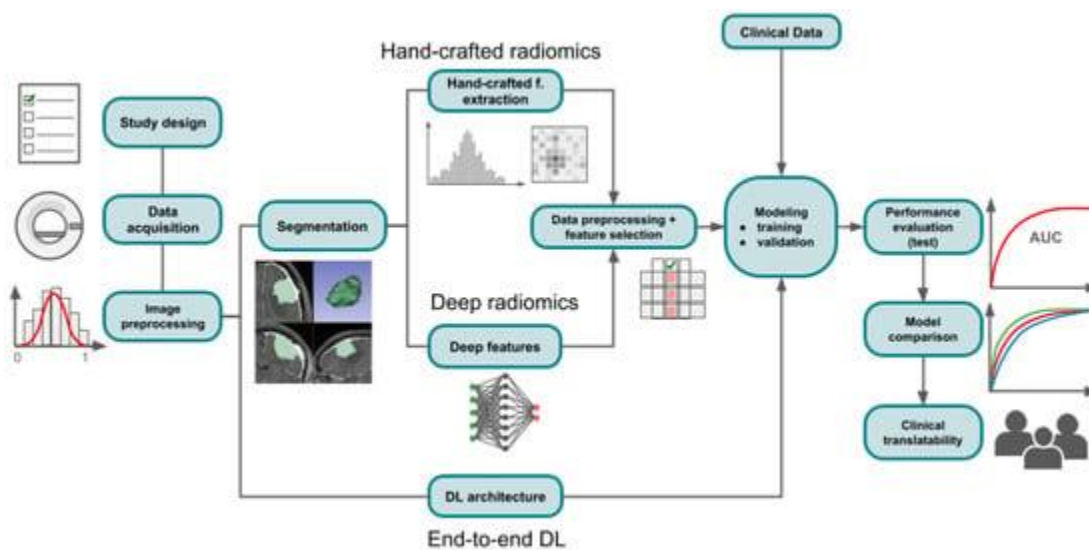


Figure 3.7 – Pipeline méthodologique complet d'une étude radiomique.

Les Cinq Étapes du Pipeline Standardisé:

Acquisition et Pré-traitement

Cette étape est cruciale pour harmoniser les données et minimiser la variabilité technique inter-scanners ou inter-protocoles.

Normalisation : Ajustement de l'espacement des voxels (interpolation pour l'isotropie) et standardisation des intensités (mise à l'échelle, correction de biais).

Filtrage : Application de filtres mathématiques (ex. ondelettes, Laplacian of Gaussian – LoG) pour accentuer les textures subtiles et préparer l'extraction de caractéristiques.

Segmentation du Volume d'Intérêt (VOI)

Il s'agit de délimiter précisément la lésion (typiquement une tumeur en IRMmp). C'est l'étape la plus sensible, car la qualité du contourage conditionne la validité des caractéristiques.

Méthodes : La segmentation peut être manuelle (la plus précise mais chronophage), semi-automatique (seuillage, contours actifs) ou automatique (via des modèles de Deep Learning).

Distinction Clé : Contrairement au Deep Learning, la radiomique classique utilise uniquement des descripteurs mathématiques définis a priori, et non des caractéristiques profondes (deep features) apprises automatiquement.

Extraction des Caractéristiques

Des algorithmes quantifient les propriétés spatiales et statistiques du VOI segmenté. Ces caractéristiques se classent en quatre types principaux :

Caractéristiques de Forme : Décrivent la géométrie 3D (ex. sphéricité, compacité). Indépendantes de l'intensité.

Caractéristiques de Premier Ordre : Décrivent la distribution des intensités sans considérer la position spatiale (ex. moyenne, écart-type, asymétrie, kurtosis).

Caractéristiques de Deuxième Ordre (Texture) : Le cœur de la radiomique. Elles quantifient les relations spatiales entre voxels :

GLCM (Grey-Level Co-occurrence Matrix).

GLRLM (Grey-Level Run-Length Matrix).

GLSZM (Grey-Level Size Zone Matrix).

Caractéristiques d'Ordre Supérieur : Dérivées après application de transformées (LoG, ondelettes) pour capturer des motifs orientés ou multi-échelles.

Sélection et Réduction de Caractéristiques

L'extraction génère souvent trop de variables (malédiction de la dimensionnalité), augmentant le risque de surapprentissage (overfitting). La sélection est vitale pour isoler les descripteurs les plus pertinents.

Méthodes : Filtrage statistique (ANOVA, corrélation), méthodes Wrapper (sélection séquentielle) ou méthodes Embarquées (Régularisation L1/Lasso, importance des variables par Forêt Aléatoire).

Les caractéristiques finales sont utilisées pour entraîner un modèle d'apprentissage automatique (Machine Learning - ML) afin de réaliser une tâche clinique (diagnostic, pronostic, etc.).

Algorithmes : Support Vector Machine (SVM), Random Forest (RF), Régression Logistique (régularisée).

Produit final : Une Signature Radiomique (Radiomics Score), un indice numérique combinable avec d'autres facteurs cliniques (nomogrammes). Comparaison des Avantages et des Limites de la Radiomique Basée sur l'Extraction de Caractéristiques Manuelles Tableau 3.2 :

Tableau 3.2 – Analyse SWOT des approches radiomique et par apprentissage profond.

Domaine	Avantages (Atouts)	Limites et Défis (Défauts)
Interprétabilité	Approche 'White Box' : définitions mathématiques et cliniques claires.	Feature engineering manuel ; richesse descriptive limitée par rapport aux deep features.
Exigences en Données	Efficace sur petites cohortes ($n < 200$) ; moins gourmand que le Deep Learning.	Performances sensibles à la taille de l'échantillon ; risque élevé de surapprentissage.
Robustesse	Potentiel de signatures stables si les protocoles sont bien harmonisés.	Extrêmement sensible à la variabilité d'acquisition et aux pré-traitements.
Segmentation	Utilisation de volumes d'intérêt (VOI) ciblés.	Dépendance totale à la qualité du contourage ; les erreurs induisent un biais majeur.
Intégration	Radiomics Score facile à intégrer dans des outils cliniques (nomogrammes).	Risque de surcharge informationnelle (caractéristiques redondantes).

Tâches de Classification : Détection et Stratification (Diagnosis)

Après l'étape de Feature Learning (ou après la segmentation et l'extraction de caractéristiques pour les approches hybrides), le modèle DL effectue la tâche de classification diagnostique ou pronostique.

A. Classification PI-RADS (Détection Lésionnelle)

La classification PI – RADS par IA cherche à reproduire ou à surpasser la décision du radiologue. Le modèle [4] utilise les caractéristiques profondes pour attribuer un score de probabilité, souvent mis en correspondance avec les Grade Groups cliniques [20]. La classification PI-RADS multimodale (T2W/ADC) est illustrée sur la Figure 3.8.

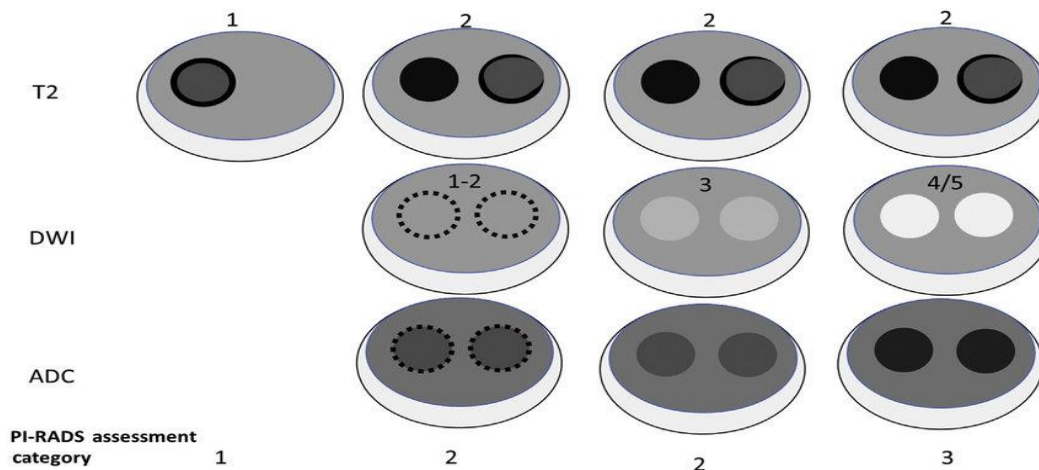


Figure 3.8 – Classification PI-RADS multimodale (T2W/ADC).

Modèle Binaire (Cliniquement Significatif - csPCa) : Distinction directe entre PI – RADS ≥ 4 (haute suspicion) et PI – RADS ≤ 3 (faible ou modérée suspicion).

L'IA peut ici servir d'outil de seconde lecture pour standardiser l'interprétation des lésions PI – RADS3, réduisant la variabilité entre les experts.

B. Stratification de l'Agressivité (Gleason Grade Group Prediction)

L'agressivité du CaP est mesurée par le score de Gleason (Grade Group). Prédire le Grade Group pathologique (post-biopsie ou post-prostatectomie) directement à partir de l'imagerie est un objectif de haute valeur clinique [13].

Classification Multi-Classes :

Grade Group 1 (Gleason 3 + 3) : Indolent.

Grade Group 2 (Gleason 3 + 4) : Faiblement significatif.

Grade Group ≥ 3 (Gleason $\geq 4 + 3$) : Cliniquement significatif (agressif).

Classification Ordinale : Reconnaisant la nature ordonnée des Grade Groups, des modèles spécifiques sont employés pour pénaliser les erreurs de prédiction de plusieurs grades plus fortement que les erreurs d'un seul grade.

La radiomique offre une transparence appréciable, mais sa performance est compromise par sa fragilité face à la variabilité technique et sa sensibilité à la segmentation. Les approches hybrides [14] — combinant l'interprétabilité de la radiomique avec la puissance du Deep Learning — sont la voie la plus prometteuse [3] pour atteindre une détection robuste et fiable.

3. Architectures Multimodales et Hybrides

Le cancer de la prostate est par nature multimodal, nécessitant l'intégration d'informations provenant des différentes séquences de l'IRMmp (T2 pondérée, Diffusion, Perfusion) ainsi que des données cliniques et histologiques. Par conséquent, les approches IA [3] es plus performantes reposent sur des stratégies de fusion avancées [28], que l'on peut diviser en architectures Multimodales (fusion de séquences IRM) et Hybrides (fusion de méthodes IA).

3.1. Fusion Multimodale des Séquences IRMmp

L'IRMmp est constituée de plusieurs modalités qui capturent différents aspects physiologiques du tissu prostatique :

T2w : Morphologie et anatomie.

DWI/ADC : Densité cellulaire et restriction de la diffusion (marqueur d'agressivité).

DCE : Vascularisation et perméabilité (marqueur d'angiogenèse).

Le schéma d'un système de CNN co-entraînés pour la fusion multimodale (T2W/ADC) est montré sur la Figure 3.9.

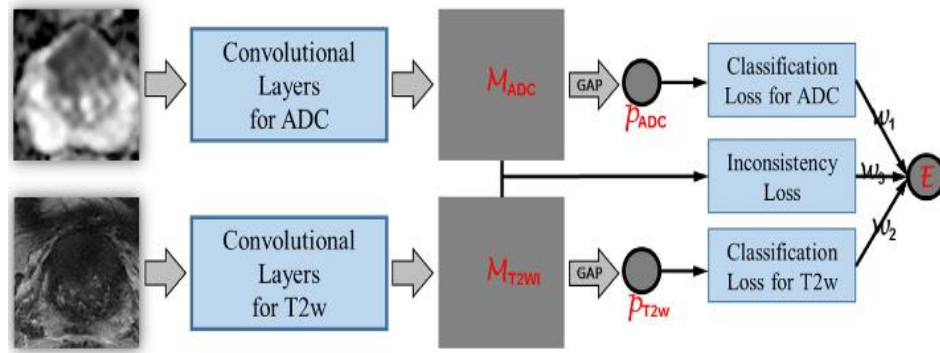


Figure 3.9–Illustration (CNN) co-entraînés pour la fusion Des séquences ADC

La fusion de ces informations peut être effectuée à différents niveaux du pipeline DL :

A. Fusion Précoce (Early Fusion)

La fusion précoce est la méthode la plus simple. Les différentes séquences IRM (les canaux d'entrée) sont empilées pour former un tenseur d'entrée multidimensionnel unique, alimentant directement le réseau.

$$\text{Input} = \text{Concatenate}(\text{T2w}, \text{DWI}, \text{ADC}, \dots)$$

Avantage : Simple à mettre en œuvre ; le réseau apprend directement les corrélations inter-séquences dès les premières couches [17].

Inconvénient : Le réseau peut être submergé par le volume d'entrée et les différences d'échelle (résolution, contraste) entre les séquences.

B. Fusion Intermédiaire (Intermediate Fusion)

Chaque séquence est traitée par son propre sous-réseau (ou groupe de couches convolutives) pendant les premières étapes de l'extraction des caractéristiques. Les cartes de caractéristiques (feature maps) extraites sont ensuite fusionnées avant les couches de classification ou de segmentation finales.

Avantage : Permet à chaque sous-réseau d'optimiser l'extraction des caractéristiques spécifiques à sa séquence (ex: les bords pour T2w, la restriction pour ADC).

Inconvénient : Nécessite une conception plus complexe des points de fusion et plus de paramètres.

C. Fusion Tardive (Late Fusion)

Chaque séquence est traitée par un réseau de neurones complet et indépendant, générant une prédiction ou un score de risque. Les scores finaux de chaque modalité sont ensuite combinés (ex: par régression logistique, vote majoritaire ou fusion de couches denses) pour obtenir la prédiction finale.

$$\text{Score Final} = \text{Vote}(\text{Score}_{T2w}, \text{Score}_{DWI}, \text{Score}_{DCE}, \dots)$$

Avantage : Offre une meilleure modularité et facilite l'interprétation des contributions de chaque modalité.

Inconvénient : Les corrélations spatiales subtiles entre les séquences ne sont pas exploitées par le réseau.

3.2. Architectures Hybrides (DL + Radiomique)

Les approches hybrides cherchent à tirer parti de la puissance du Feature Learning du DL tout en conservant la robustesse et l'interprétabilité des caractéristiques radiomiques classiques.

A. Fusion au Niveau des Caractéristiques (Feature-Level Hybridization)

Dans cette approche, les caractéristiques radiomiques sont concaténées aux caractéristiques de haut niveau extraites de la dernière couche de l'encodeur d'un CNN.

$$\text{Vector Final} = \text{Concatenate}(\text{DL Feature Vector}, \text{Radiomics Signature})$$

Ce vecteur combiné est ensuite introduit dans un classificateur (ex: un réseau dense ou un SVM) pour la prédiction finale.

Avantage : Combine les signaux profonds, appris par le DL, avec les biomarqueurs manuels, physiologiquement validés.

Exemple : Utilisation d'un U-Net pour la segmentation automatique (réduisant l'erreur humaine) avant d'appliquer l'extraction de texture GLCM sur le VOI segmenté.

B. Architectures End-to-End avec Branches Hybrides

Des architectures plus récentes intègrent le pipeline radiomique directement dans le réseau DL, souvent via un mécanisme d'attention, pour guider l'apprentissage profond vers des régions jugées importantes par la radiomique. Cette approche vise à rendre le modèle DL plus sensible aux textures et moins sensible au bruit.

4. Métriques d'Évaluation des Performances

L'évaluation de la performance des modèles IA [15] nécessite des métriques adaptées à la tâche (classification ou segmentation) et robustes aux déséquilibres de classes (le csPCa est souvent rare) [16].

4.1. Métriques pour la Classification (Diagnostics)

La classification binaire (CaP significatif vs. non significatif) est évaluée à partir de la matrice de confusion, où :

VP (Vrais Positifs) : CaP présent, prédit positif.

VN (Vrais Négatifs) : CaP absent, prédit négatif.

FP (Faux Positifs) : CaP absent, prédit positif (risque de biopsie inutile).

FN (Faux Négatifs) : CaP présent, prédit négatif (risque de non-diagnostic).

Sensibilité (Recall) : Capacité à identifier correctement les cas positifs. Essentiel pour ne pas manquer de csPCa.

$$\text{Sensibilité} = \frac{VP}{VP + FN}$$

Spécificité : Capacité à identifier correctement les cas négatifs. Essentiel pour réduire les biopsies inutiles.

$$\text{Spécificité} = \frac{VN}{VN + FP}$$

Aire Sous la Courbe ROC (AUC - Area Under the Curve) : Représente la capacité globale du modèle à distinguer les classes. L'AUC est la métrique la plus utilisée, car elle est indépendante du seuil de décision. Une AUC de 1.0 est parfaite ; 0.5 est aléatoire.

F₁ Score : Moyenne harmonique de la Précision (VP/(VP + FP)) et du Rappel. Il est souvent préféré lorsque les classes sont déséquilibrées.

$$F_1 = 2 \cdot \frac{\text{Précision} \cdot \text{Sensibilité}}{\text{Précision} + \text{Sensibilité}}$$

4.2. Métriques pour la Segmentation (Délimitation des Lésions)

L'évaluation de la segmentation compare le contour prédit par l'IA au contour de référence (Ground Truth ou GT), généralement tracé manuellement par un expert.

Coefficient de Dice (Dice Similarity Coefficient, DSC) : Mesure le chevauchement spatial entre la segmentation prédite (A) et la vérité terrain (B). C'est la métrique standard en segmentation médicale. Un Dice de 1 est un chevauchement parfait.

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

Indice de Jaccard (Intersection over Union, IoU) : Une autre mesure de chevauchement, plus punitive que le Dice pour les erreurs de contour.

$$\text{IoU}(A, B) = \frac{|A \cap B|}{|A| + |B| - |A \cap B|}$$

Distance de Hausdorff (Hausdorff Distance, HD) : Mesure la distance la plus éloignée entre les deux surfaces (prédite et GT). Elle est sensible aux contours aberrants et aux valeurs extrêmes.

5. État de l'Art et Synthèse Comparative des Performances du Deep Learning en Imagerie du CaP

L'avènement du Deep Learning (DL) a révolutionné l'analyse des images médicales, établissant de nouvelles références pour le diagnostic du cancer de la prostate (CaP). L'Imagerie par Résonance Magnétique Multiparamétrique (IRMmp) est la modalité de choix, offrant une richesse d'information que les modèles DL exploitent désormais pour surpasser la précision des experts humains dans la détection et la caractérisation des lésions.

Ce chapitre synthétise les architectures DL majeures et présente les avancées récentes dans la détection du cancer de la prostate cliniquement significatif (csPCa). Le Tableau 3.3 présente une comparaison des architectures les plus influentes en segmentation d'images médicales.

Tableau 3.3 – Comparaison des architectures Deep Learning en imagerie médicale

Architecture	Principe	Atouts	Limites	Performance
U-Net [1]	Encodeur-décodeur avec connexions de saut.	Segmentation précise (peu de données), robuste.	Sensible au bruit, dépend des annotations.	85–90 %
nnU-Net [2]	Pipeline auto-adaptatif (Auto-config).	Généralisation SOTA, configuration automatique.	Faible interprétabilité, complexité d'optimisation.	92–95 %

Le DL s'impose comme un levier majeur en apprenant des représentations hiérarchiques directement des données brutes, ce qui réduit la variabilité inter-observateurs et augmente la reproductibilité du diagnostic. Le Tableau 3.4. Synthétise les résultats diagnostiques marquants pour le csPCa :

Tableau 3.4 – Performances récentes de modèles d'IA pour la détection du csPCa

Référence	Approche	Cohorte (n)	Protocole	AUC	Contribution Clé
Ayyıldız (2025) [5]	Radiomique + ML	77 (2 centres)	Interne	0.868	Illustration de l'approche radiomique classique.
Lin et al. (2024) [6]	DL (Cascade)	1247 (Multi)	Externe	0.91	bpIRM rivalise avec l'IRMmp complète.
Cai et al. (2024) [4]	DL (CNN 3D)	2843	Externe	0.93	Modèle massif intégrant l'histopathologie.

Facteurs Clés de Performance:

Fusion Multimodale : Yang et al. (2024) ont démontré la supériorité d'un modèle en ensemble intégrant plusieurs séquences IRMmp (T2W, ADC, DWI) par rapport au système clinique PI-RADS, soulignant que la fusion multimodale est essentielle pour une performance optimale.

Réduction des Erreurs : Maimone et al. (2022) ont montré que les architectures profondes réduisent significativement les faux positifs et faux négatifs par rapport aux méthodes de Machine Learning traditionnelles. Dans la même optique, Deniffel et al. [9] ont proposé un CNN 3D calibré pour la pratique clinique, démontrant une réduction significative du nombre de biopsies inutiles (C=0,85) tout en maintenant une haute sensibilité.

Systèmes Intégrés : (Pellicer-Valero et al., 2022) ont développé un système entièrement automatisé capable de détecter, segmenter la prostate et estimer le score de Gleason, surpassant des radiologues expérimentés.

Les Réseaux Neuronaux Convolutifs (CNN) demeurent la base du DL en imagerie, excellant dans l'extraction de motifs spatiaux pertinents même en faible contraste, comme démontré par (Aldoj et al.) [8] qui ont développé un modèle CNN 3D multicanaux atteignant des performances de niveau radiologue.

Hybridation : (Y. Liu et al., 2020) ont hybridé un ResNet-50 avec des caractéristiques radiomiques manuelles, atteignant une précision de 0.947, validant l'intérêt des approches combinées.

Mécanismes d'Attention : (W. Wang et al., 2024) ont introduit ParaCM-PNet, combinant CNN et un module d'attention hybride pour mieux gérer les limites floues des lésions, améliorant nettement la segmentation du csPCa[12].

Modélisation Relationnelle : F. Liu et al. (2024) ont intégré un Réseau Convolutif Graphique (GNN) pour modéliser les relations inter-régions dans la prostate, bien que le modèle MMIGRL soulève des questions d'interprétabilité [13].

Contraintes Anatomiques : Zheng et al. (2024) ont intégré des contraintes anatomiques a priori dans AtPCa-Net, augmentant la robustesse du modèle [14]. Le Tableau 3.5 synthétise approches fondées sur les CNN pour le CaP

Tableau 3.5 – Revue critique des approches fondées sur les CNN pour le CaP

Référence	Modèle	Innovation	Biais / Limite	Résultat Clé
Y. Liu et al. (2020)	ResNet-50 + features manuelles	Hybridation efficace	Absence de comparaison avec DL récent	Précision = 0.947
Aldoj et al. (2020)	CNN 3D multicanaux	Niveau radiologue	Cohorte limitée (n = 200)	AUC = 0.89–0.91
Deniffel et al. (2020)	CNN 3D calibré	Calibration clinique	Étude monocentrique	Réduction biopsies (C=0.85)
Soni et al. (2022)	SEMRCNN	Fusion T2W+ADC+attention	Complexité de calcul	Dice = 0.654
Li et al. (2023)	Mask R-CNN 3D	Automatisation intégrée	Petite cohorte	DSC = 0.856

6. Conclusion et Perspectives

Cette synthèse démontre une tendance nette vers des modèles de Deep Learning (DL) hautement performants qui combinent la multimodalité des séquences IRM, des architectures adaptatives (comme nnU-Net) [2] et l'intégration de connaissances anatomiques ou cliniques a priori [14].

Toutefois, malgré des performances techniques impressionnantes obtenues dans les études rétrospectives, le passage à la pratique clinique reste freiné par les défis persistants de la généralisabilité, de l'interprétabilité (le problème de la "boîte noire") [21] et de la validation prospective à grande échelle [4].

Malgré les performances prometteuses obtenues dans les études rétrospectives, l'intégration des systèmes d'Intelligence Artificielle (IA) dans la pratique clinique quotidienne se heurte à des défis majeurs qui nécessitent des solutions méthodologiques avancées.

Ce chapitre a établi les fondements méthodologiques de l'Intelligence Artificielle appliquée à l'imagerie prostatique. La Radiomique classique, bien qu'interprétable, atteint ses limites par sa dépendance à l'expertise humaine et à la segmentation [22]. Le Deep Learning (DL), grâce à l'apprentissage automatique des caractéristiques, a démontré une capacité supérieure de détection et de segmentation, notamment via des architectures CNN et U-Net [1,21].

L'état de l'art actuel est incontestablement porté par la fusion des informations : les architectures multimodales intègrent la richesse des séquences IRM [17], tandis que les approches hybrides combinent la puissance du Deep Learning avec la robustesse des caractéristiques radiomiques [3].

Le défi majeur pour la prochaine décennie n'est plus la performance brute, mais la traduction clinique et la validation prospective des systèmes d'IA [15].

Les chapitres suivants s'appuieront sur ces fondations pour présenter les résultats de notre propre travail et sa contribution spécifique à l'avancement de ces problématiques.

1. Introduction

Le diagnostic et la stratification du cancer de la prostate représentent un défi majeur en oncologie. Les méthodes traditionnelles, comme la biopsie, bien qu'essentielles, sont invasives et sujettes à l'imprécision d'échantillonnage. En réponse, l'Imagerie par Résonance Magnétique multiparamétrique (IRMmp) s'est imposée comme une alternative non invasive cruciale [23]. Grâce à ses séquences complémentaires (T2 pondéré, diffusion, perfusion), l'IRMmp offre un aperçu riche et multidimensionnel de la biologie tumorale.

- **Le Défi Diagnostique en Oncologie Prostatique**

L'état des lieux dressé au Chapitre 3 a mis en lumière les limites des approches d'Intelligence Artificielle (IA) appliquées à l'imagerie prostatique :

Apprentissage Profond (Deep Learning - DL) : Les architectures type U-Net et CNN excellent en détection et segmentation, mais souffrent d'un manque d'interprétabilité clinique et d'une difficulté à généraliser à des données externes (non vues) [21].

Radiomique Classique : Cette approche offre une interprétabilité cruciale via des descripteurs quantitatifs, mais sa fiabilité est fortement compromise par la subjectivité du contourage manuel (VOI) et son faible pouvoir descriptif face à la complexité des deep features [22].

- **Objectif du Chapitre : Une Méthodologie Hybride Originale**

Face à ces lacunes, l'objectif central de ce chapitre est de présenter une méthodologie originale et hybride conçue pour la caractérisation et la stratification du cancer de la prostate.

Notre approche vise à capitaliser sur les forces des deux paradigmes (DL et Radiomique) tout en atténuant leurs faiblesses respectives [3].

L'ambition est de prédire de manière fiable et non invasive le Grade de Gleason — le critère histologique clé de l'agressivité tumorale — en transformant la richesse des images IRMmp en biomarqueurs quantitatifs, objectifs et reproductibles [22].

Cette approche intégrée ouvre la voie à une stratification du risque personnalisée et concrétise une étape vers une oncologie prostatique guidée par les données, non invasive et robuste cliniquement.

2. Méthode Proposée

Nous détaillerons le pipeline méthodologique rigoureux en trois phases successives que nous avons conçu pour atteindre cet objectif de classification.

1. Présentation de la Cohorte et du Pré-traitement des Données Description exhaustive du jeu de données IRMmp utilisé. Détail des étapes de normalisation et d'harmonisation appliquées aux séquences ADC et T2w pour garantir la cohérence des données inter-centres.

2. Segmentation Automatisée et Robuste Présentation de notre stratégie de segmentation hybride et précise des régions tumorales. Elle combine l'utilisation d'un U-Net 3D-2D pour l'isolation de la prostate [1], suivi d'une stratégie de FCM (Fuzzy C-Means) à double parcours (brut/filtré) pour affiner la détection des lésions, y compris en présence de chevauchement d'intensité avec les tissus sains.

3. Extraction et Sélection Avancées des Caractéristiques Description de l'étape d'extraction de caractéristiques fondée sur un ResNet50 fine-tuné [31], dont les descripteurs sont enrichis par des descripteurs Shearlet (pour capter la texture multi-échelle et directionnelle). Mise en œuvre d'une réduction dimensionnelle rigoureuse (basée sur la corrélation, le LASSO et l'RFE) [32], visant à retenir uniquement les biomarqueurs les plus pertinents et non redondants.

4. Classification du Grade de Gleason : Modèles Hybrides (ML et DL) Présentation de la classification hybride qui met en concurrence des modèles d'Apprentissage Machine (ML) classiques tels que SVM, Random Forest et GBM [32] avec un CNN spécialisé.

Cette confrontation vise à concilier l'interprétabilité clinique (via les modèles ML) et la capacité à modéliser des interactions non linéaires complexes (via le CNN) pour la classification des lésions selon le score de Gleason [3].

L'évaluation de ce pipeline est réalisée dans un cadre réaliste de validation externe inter-centre, assurant ainsi une robustesse clinique essentielle pour une adoption réussie en pratique médicale.

3. Base de Données:

A. Le Contexte PROSTATEx

Afin d'assurer la robustesse clinique de notre pipeline, nous avons utilisé un jeu de données d'imagerie prostatique rétrospectif multi-institutionnel. Ce jeu de données est centré sur les cohortes issues du défi PROSTATEx (SPIE-AAPM-NCI Challenge) [29], une référence historique pour la classification des cancers de la prostate cliniquement significatifs et l'évaluation [30] du Groupe de Grade de Gleason (PROSTATEx-2). Les images utilisées dans notre étude sont des études rétrospectives d'IRMmp de la prostate acquises sur des scanners Siemens 3T (modèles MAGNETOM Trio et Skyra), sans utilisation de bobine endorectale. Les paramètres d'acquisition des séquences IRMmp sont résumés dans le Tableau 4.1. Les séquences d'imagerie multiparamétriques essentielles incluses sont :

Tableau 4.1 – Paramètres d'acquisition des séquences IRMmp utilisées dans l'étude.

Séquence	Paramètres Clés	Résolution Typique	Importance Radiomique
T2 Pondéré (T2w)	Turbo Spin Echo (TSE)	0.5 mm in-plane, 3.6 mm épaisseur	Anatomie, morphologie, détection de zones.
Diffusion (DWI)	Single-Shot Echo Planar Imaging (EPI)	2 mm in-plane, 3.6 mm épaisseur	Cellularité et restriction de la diffusion.
Carte ADC	Calculée (b-values : 50, 400, 800)	Identique à DWI	Biomarqueur quantitatif de densité cellulaire.
Dynamique (DCE)	3D Turbo Flash Gradient Echo	1.5 mm in-plane, 4 mm épaisseur	Perfusion et angiogénèse.

La force de cette cohorte réside dans la richesse de sa vérité terrain, essentielle pour la classification supervisée :

- Annotations Radiologiques : L'évaluation de chaque lésion suspecte est accompagnée d'un score PIRADS (souvent utilisé comme référence pour la suspicion initiale) [18].
- Vérité Terrain Histologique : Le Grade de Gleason (GG) histologique, obtenu par biopsie ou prostatectomie, sert d'étalon-or pour la prédiction de l'agressivité du

cancer. Notre objectif de classification repose directement sur la corrélation de nos biomarqueurs avec ce grade [25].

En utilisant les données issues de ce standard international, nous garantissons une évaluation et une comparaison de nos résultats avec une large communauté scientifique, conférant à notre approche une validité et une généralisation inter-centre élevées.

B. Base de Données de Caractérisation Histo-Radiomique

Afin de construire et de valider notre modèle de sélection de caractéristiques (Section 4.3), nous avons utilisé une seconde source de données spécialisée. Ce jeu de données provient du projet de recherche "Identifying the Morphologic Basis for Radiomic Features..." du *Center for Computational Imaging and Personalized Diagnostics (CCIPD)* **30**, accessible au public.

Cette cohorte est fondamentale, car elle permet une analyse comparative directe entre les descripteurs extraits de l'imagerie (radiomique) et la vérité terrain microscopique (histomorphométrie), justifiant ainsi la pertinence biologique des biomarqueurs radiomiques sélectionnés [20].

Structure et Contenu des Données CCIPD

La base de données est organisée en deux sous-ensembles provenant d'institutions participantes distinctes, structurés en fichiers CSV qui fournissent des mesures par région d'intérêt (ROI) :

Catégorie de Données	Contenu	Quantité	Rôle dans l'Étude
RadFeats	Descripteurs quantitatifs (Texture, forme, intensité) dérivés de l'IRMmp.	2379	Entrée du pipeline pour la classification.
PathFeats	Descripteurs histomorphométriques (biopsie/prostatectomie).	1024	Corrélation bio-radiologique / Vérité terrain.
Scores de Gleason	Score histologique final assigné à chaque ROI.	N/A	Étiquette de classe (Cible de prédiction).
Métadonnées	Identifiants anonymisés, RadFeatNames, PathFeatNames.	N/A	Traçabilité et interprétabilité.

3.1 Segmentation d'Image et Détection des Régions d'Intérêt Tumorales (ROI)

Segmentation et Détection des Régions d'Intérêt Tumorales en IRM Prostatique par une Approche FCM à Double Parcours Le Carcinome de la Prostate (CaP) est une pathologie majeure en urologie. L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) multiparamétrique (mp-IRM), notamment les séquences pondérées en T2 (T2W), est la modalité d'imagerie clinique de référence pour la détection, la stadification et la surveillance des lésions. Les images T2W offrent une excellente discrimination des structures anatomiques internes de la glande prostatique, soit la Zone Périphérique (ZP), la Zone de Transition (ZT) et la Zone Centrale (ZC) [19].

Le défi majeur de l'automatisation en imagerie prostatique réside dans l'ambiguïté radiologique des intensités tissulaires [7]. Les lésions cancéreuses agressives, souvent localisées dans la ZP, peuvent présenter des signaux d'intensité extrêmement proches du tissu normal de la ZC. Ce phénomène de chevauchement d'intensité [10] compromet la fiabilité des algorithmes de segmentation classiques. Pour modéliser l'incertitude et la nature intrinsèquement floue des frontières tissulaires, le Fuzzy C-Means (FCM) est l'algorithme de classification non supervisée de choix.

Afin de surpasser les limitations du FCM monocanal face à l'hétérogénéité texturale des tumeurs, nous introduisons une architecture FCM à Double Parcours [7], mais l'efficacité de cette approche repose sur un pré-traitement de haute précision.

Méthodologie Proposée : Le Cadre de Segmentation Différentiel

Le pipeline est structuré de l'échelle isolation de la glande à l'échelle détection ciblée de la lésion. Le processus de traitement complet est synthétisé dans un organigramme Figure 4.1 qui illustre la séquence des opérations et la divergence vers les deux parcours d'analyse.

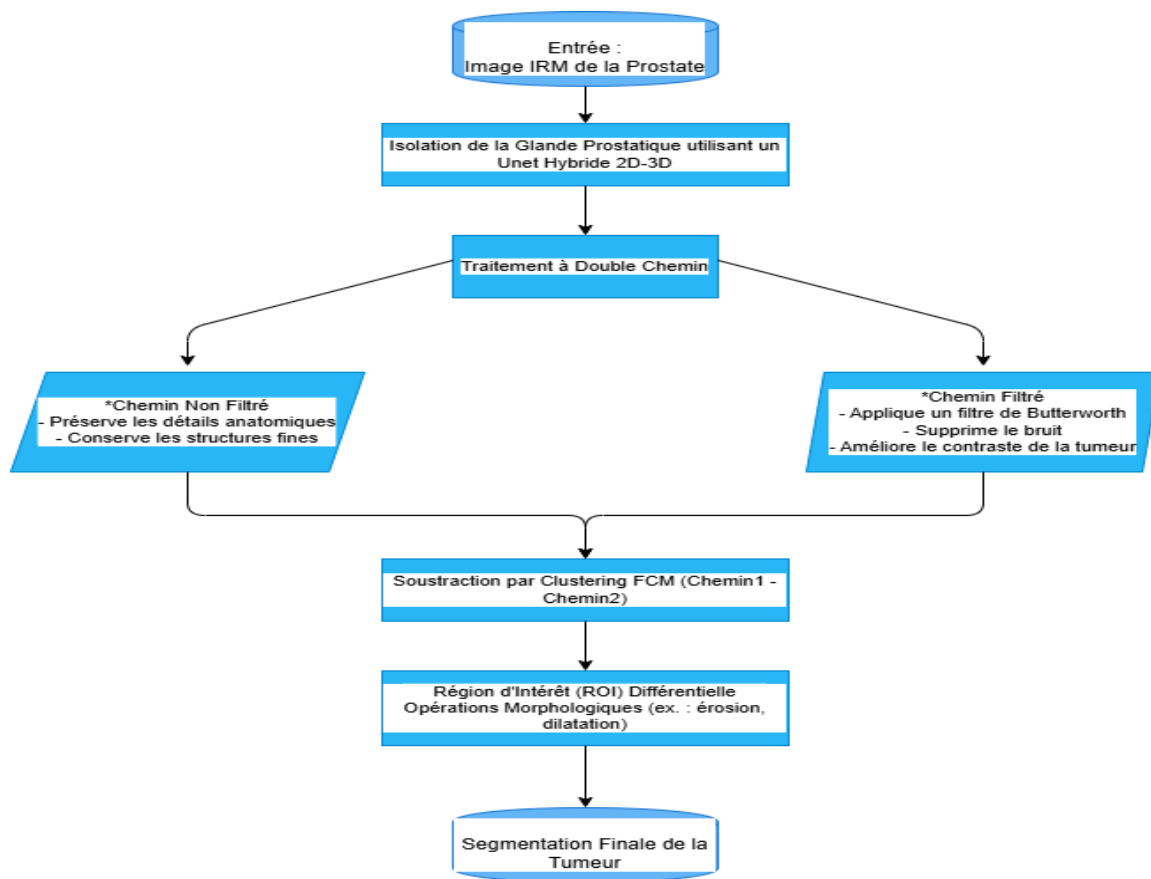


Figure 4.1 – Architecture modulaire globale du pipeline hybride proposé.

Ce diagramme illustre le processus de traitement complet, depuis l’acquisition de l’IRM axiale pondérée T2. La prostate est d’abord isolée à l’aide d’un modèle U-Net pré-entraîné. La prostate isolée est ensuite traitée selon deux voies parallèles : la voie non filtrée préserve les détails anatomiques, tandis que la voie filtrée applique un filtre passe-bas de Butterworth pour atténuer le bruit de texture haute fréquence. Les deux voies sont ensuite traitées par le clustering FCM. Les cartes de regroupement obtenues sont ensuite fusionnées par une technique de soustraction robuste afin de mettre en évidence les Régions d’Intérêt (ROI) différentielles indicatives de tumeurs. Enfin, des opérations morphologiques sont appliquées pour affiner les contours tumoraux et produire le masque de segmentation final.

3.2. Isolement Robuste de la Glande Prostatique (Étape de Pré-traitement) :

Le domaine de l’imagerie médicale a connu une transformation radicale grâce aux avancées en intelligence artificielle (IA) et en apprentissage profond (deep learning). La segmentation automatisée des structures anatomiques et pathologiques est une étape préliminaire indispensable. Dans le contexte du cancer de la prostate, l’IRM offre une excellente

résolution spatiale. Toutefois, la segmentation manuelle des structures prostatiques est longue, fastidieuse et sujette à des variations inter-observatrices [27].

C'est pourquoi les réseaux de neurones convolutifs (CNN), et plus particulièrement l'architecture U-Net, se sont imposés comme des outils puissants et robustes pour la segmentation sémantique des images médicales, y compris celles de la prostate.

3.2.1. Architectures CNN pour la Segmentation d'Images Médicales : Focus sur U-Net

U-Net Une Architecture Révolutionnaire pour la Segmentation Biomédicale L'architecture U-Net, introduite en 2015, a marqué un tournant dans le domaine. Elle repose sur le concept du réseau entièrement convolutif (Fully Convolutional Network, FCN) qui conserve les dimensions spatiales.

Son architecture en forme de « U » est composée de deux branches symétriques :

Branche d'encodeur (contraction) : Elle est constituée de plusieurs blocs de convolution suivis de pooling. Cette phase réduit progressivement la résolution spatiale tout en capturant le contexte global de l'image.

Branche de décodeur (expansion) : Elle utilise des opérations de transposed convolution (upsampling) pour restaurer progressivement la résolution spatiale originale. À chaque niveau, les cartes de caractéristiques du décodeur sont combinées avec celles du niveau correspondant de l'encodeur via des connexions résiduelles (skip connections). Ce mécanisme est crucial car il permet de préserver les détails fins perdus lors du sous-échantillonnage, assurant ainsi une localisation précise des contours.

Un des grands atouts de U-Net [1] est sa capacité à produire des résultats de haute qualité même avec un nombre limité d'images annotées — une contrainte fréquente en imagerie médicale. L'architecture d'un réseau U-Net est illustrée sur la Figure 4.2.

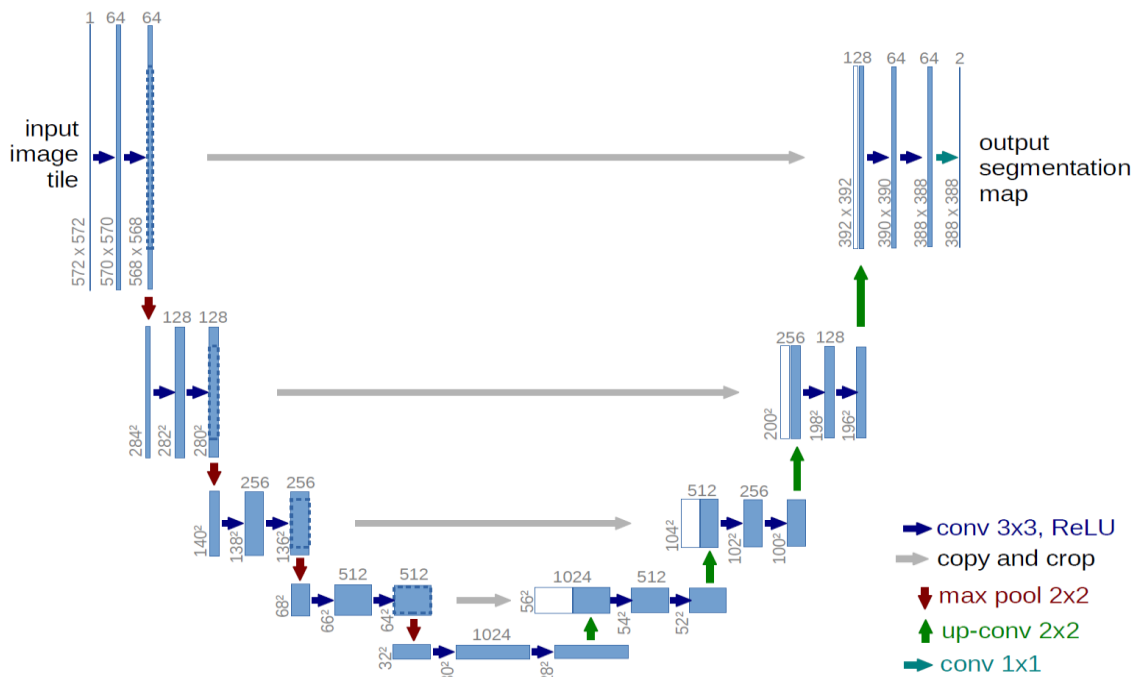


Figure 4.2 – Architecture d'un réseau U-Net

3.2.2. Segmentation de la Glande Prostatique en IRM à l'aide de U-Net 3D-2D

Dans le contexte spécifique de l'IRM prostatique, l'isolement précis de la glande constitue une étape fondamentale. Pour répondre à ce défi, notre approche repose sur une variante hybride de l'architecture U-Net, nommée U-Net 3D-2D [2]. Cette architecture innovante combine les avantages des convolutions 3D et 2D :

Convolution 3D dans l'encodeur : L'utilisation de noyaux 3D permet de capturer les relations spatiales volumétriques entre les coupes axiales successives du volume IRM. Cela améliore considérablement la cohérence spatiale de la segmentation le long de l'axe z, évitant les discontinuités entre les slices.

Convolution 2D dans le décodeur : Le décodeur utilise des opérations 2D pour reconstruire une carte de segmentation 2D de haute résolution pour chaque coupe. Cette conception hybride réduit la charge computationnelle tout en préservant la qualité des contours.

Le modèle a été pré-entraîné sur une base de données d'images IRM T2 pondérées, annotées manuellement par des radiologues experts, garantissant une bonne généralisation.

Processus de Segmentation Initiale :

Prétraitement : Normalisation d'intensité et redimensionnement des images.

Inférence : L'image prétraitée est fournie en entrée au modèle U-Net 3D-2D, qui génère un masque binaire $M(x, y)$ pour chaque coupe.

Post-traitement : Un petit affinement morphologique est appliqué pour lisser les contours.

Le masque produit attribue la valeur 1 aux pixels appartenant à la prostate et 0 aux autres. Une évaluation quantitative montre que le modèle U-Net 3D-2D atteint un indice de Jaccard moyen de 0.93 pour l'isolement prostatique, démontrant une excellente concordance avec les annotations expertes.

$$I_{prostate} = I \odot M$$

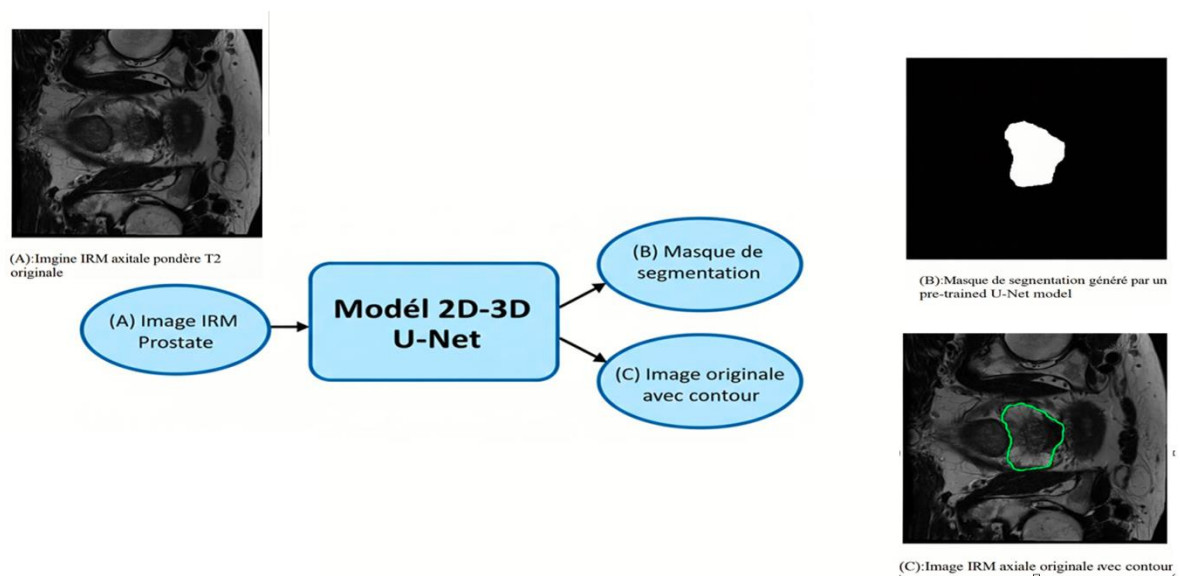


Figure 4.3 – Résultat de la segmentation automatisée initiale de la prostate

Le résultat de la segmentation automatisée initiale de la prostate est montré sur la Figure 4.3.

(A) Coupe axiale T2 pondérée originale d'IRM du irm prostate.

(B) Masque de segmentation correspondant, généré par un modèle U-Net pré-entraîné mettant en évidence la prostate en blanc et supprimant tous les tissus environnants (muscles, graisse, os) ainsi que le fond, représentés en noir.



Figure 4..4– Isolation de la glande prostatique

Visualisation de la prostate isolée Figure 4..4 après application du masque U-Net, servant de région d'intérêt (ROI) pour les étapes de segmentation détaillée ultérieures.

3.3. Détection par Fuzzy C-Means (FCM) à double parcours

Une fois la prostate isolée ($I_{prostate}$), la deuxième phase consiste à segmenter cette région en ses zones anatomiques principales ($c = 3$ clusters : PZ, ZT, CZ) en utilisant le Fuzzy C-Means (FCM).

Le FCM est un algorithme de clustering réputé, largement utilisé pour la segmentation d'images, et particulièrement efficace pour traiter les régions qui se chevauchent ou sont ambiguës.

Formulation Mathématique et Mise à Jour Itérative:

Soit $X = \{x_1, x_2, \dots, x_n\}$ l'ensemble des intensités des pixels dans $I_{prostate}$, avec n le nombre total de pixels. $V = \{v_1, v_2, v_3\}$ est l'ensemble des centres de clusters. L'exposant de flou m est fixé à 2.

Fonction Objective (à minimiser) :

$$J(U, V) = \sum_{i=1}^c \sum_{j=1}^n u_{ij}^m \|x_j - v_i\|^2 \quad (1)$$

Contraintes :

$$\sum_{i=1}^c u_{ij} = 1 \quad \forall j \quad (2) \quad 0 \leq u_{ij} \leq 1 \quad \forall i, j \quad (3)$$

Mise à Jour des Degrés d'Appartenance :

$$u_{ij} = \left(\sum_{k=1}^c \left(\frac{\|x_j - v_k\|^2}{\|x_j - v_i\|^2} \right)^{\frac{1}{m-1}} \right)^{-1} \quad (4)$$

Mise à Jour des Centres de Clusters :

$$v_i = \frac{\sum_{j=1}^n u_{ij}^m x_j}{\sum_{j=1}^n u_{ij}^m} \quad (5)$$

L'algorithme itère les équations (4) et (5) jusqu'à convergence. Après convergence, chaque pixel est affecté au cluster pour lequel il présente le degré d'appartenance maximal.

MRI Image Segmentation using FCM (Fuzzy C-Means)

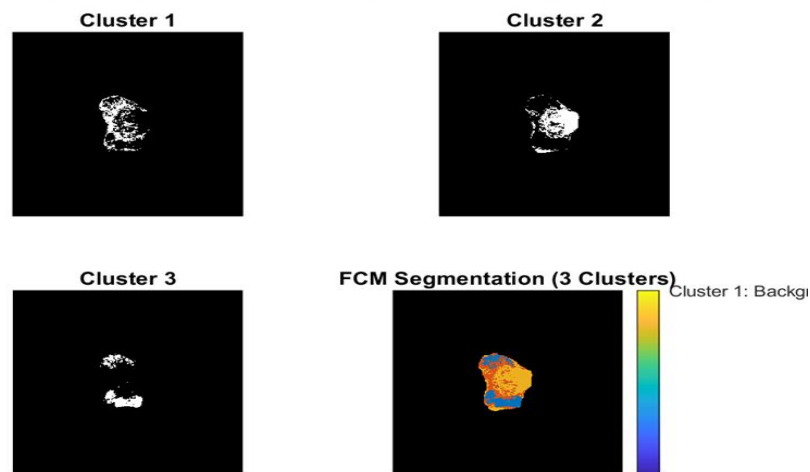


Figure 4.5– Résultat de la segmentation initiale
De l'image prostatique

Résultat de la segmentation par FCM de l'image prostatique isolée Figure 4.5, divisée en trois régions distinctes (PZ, TZ, CZ) basées sur les caractéristiques d'intensité et de texture.

Post-traitement Morphologique Initial de la CZ:

Le cluster identifié comme Zone Centrale (M_{CZ}) est isolé sur la Figure 4.6. subit un traitement de raffinement immédiat par des opérateurs morphologiques. *Le cluster de*

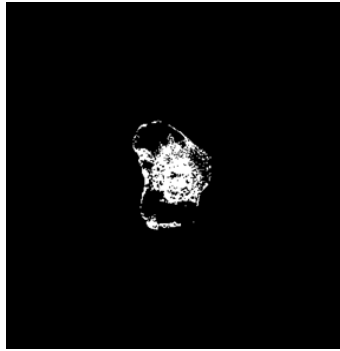


Figure 4.6– cluster Zone Centrale (M_{CZ})

L'application d'une séquence d'érosion suivie de dilatation (Opération d'Ouverture) est cruciale pour : Supprimer les petits bruits isolés (artefacts), Comblers les lacunes mineures à l'intérieur de la CZ, Lisser les contours irréguliers.

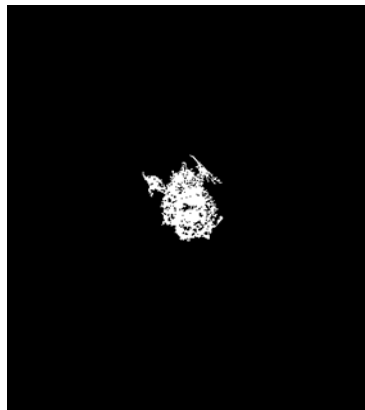


Figure 4.7– Affinement du cluster CZ par Opérations morphologiques

Cluster CZ après application d'une séquence d'opérations morphologiques (érosion suivie de dilatation) Figure 4.7. L'érosion supprime les petits artefacts de bruit et lisse les bords irréguliers, tandis que la dilatation aide à restaurer la forme continue du tissu CZ.

3.4. Analyse Comparative : Le Cadre à Double Parcours

Pourquoi le FCM à Double Parcours ?

Le défi majeur est la distinction entre les lésions malignes (ZP) et le tissu normal (ZC) lorsque leurs profils d'intensité se chevauchent. Le FCM conventionnel échoue souvent à identifier les tumeurs de la ZP qui imitent le tissu CZ.

Pour pallier cette limitation, nous utilisons une stratégie de clustering FCM à double voie,

Combinant deux perspectives distinctes sur les données IRM :

Parcours	Traitement / Filtre	Rôle et Objectif	Résultat Escompté
Non Filtré (Brut)	Signal Original (IRMmp)	Conserver les détails anatomiques et les textures fines (hétérogénéité tumorale).	Préservation de la signature radiomique fine.
Filtré (Lissé)	Filtre Passe-Bas de Butterworth (Ordre 4)	Supprimer les textures hautes fréquence (bruit) pour renforcer le contraste global.	Amélioration de la segmentation et de la détection de masse.

Mécanisme Principal est la Soustraction Binaire Robuste pour la Détection Différentielle

La différence Δ est calculée par soustraction binaire :

$$\Delta = M_{CZ_brut} - M_{CZ_filtré}$$

Interprétation de Δ : Les pixels positifs dans Δ représentent les régions qui ont été classées comme Zone Centrale dans l'image brute mais qui ont été rejetées par le clustering CZ dans l'image filtrée (lissée). Ce changement d'appartenance, provoqué par la suppression des textures, est la signature des régions possédant une texture anormale (lésions agressives) masquée par une intensité globale similaire au tissu sain.

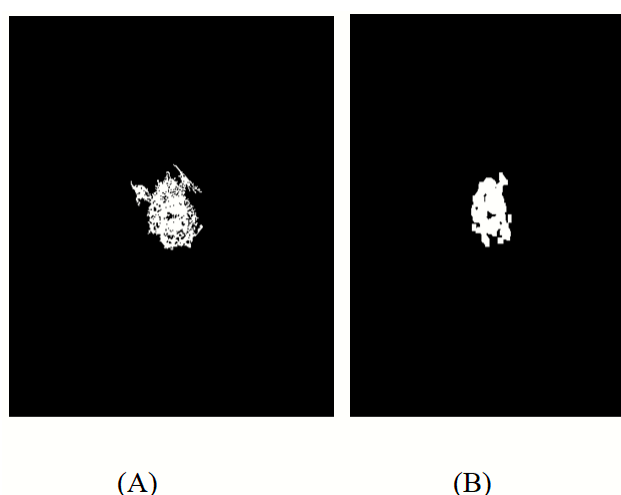


Figure 4..8– Segmentation CZ non filtrée et filtrée

La segmentation CZ non filtrée et filtrée est comparée sur la Figure 4.8.

- (C) Segmentation CZ non filtrée : carte des clusters CZ générée à partir de la voie préservant tous les détails de l'image originale.
- (D) Segmentation CZ filtrée : carte des clusters CZ générée à partir de la voie filtrée par Butterworth, où le bruit de texture est supprimé.

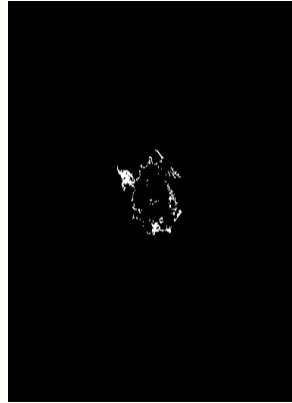


Figure 4.9– Soustraction de la région différentielle D'intérêt (ROI)

Résultat de la soustraction robuste de (B) à (A) montrée sur la Figure 4.9. Les zones mises en évidence (en blanc ou rouge) représentent les régions classées comme CZ dans l'image non filtrée mais non dans l'image filtrée. Ces régions différentielles sont fortement indicatives de tumeurs dans la zone périphérique (PZ).

3.5. Post-traitement Morphologique et Détection Finale des ROI

Le masque différentiel Δ subit un post-traitement morphologique final (érosion, puis dilatation) pour garantir la validité clinique et anatomique des ROI détectées.

Érosion : Supprime les petits composants connexes (bruit résiduel ou artefacts) issus de la soustraction binaire.

Dilatation : Restaure la taille et la continuité des régions tumorales restantes et lisse les contours.

Ce processus d'affinage rigoureux garantit une ROI affinée, d'une grande précision et présentant une remarquable concordance avec la ROI de référence (vérité terrain).

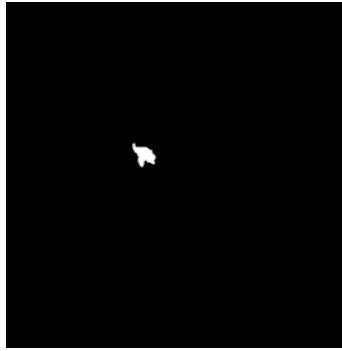


Figure 4.10– ROI détectée automatiquement

Superposition de la ROI marquée manuellement par un spécialiste (en contour) et de la ROI détectée automatiquement par le cadre proposé sur la Figure 4.10. La forte similarité confirme la précision de la méthode.

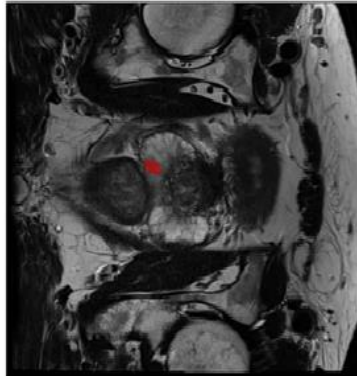


Figure 4.11– Régions tumorales détectées automatiquement

Résultat final de la segmentation tumorale après affinement morphologique. La ROI détectée automatiquement Figure 4.11 coïncide presque parfaitement avec la vérité terrain, illustrant l'efficacité du cadre à double parcours.

4. Validation Quantitative et Qualitative

4.1. Métriques d'Évaluation : Indice de Jaccard (IoU)

La performance de l'approche est évaluée quantitativement à l'aide de l'Indice de Jaccard, ou Intersection sur Union (IoU). Cette métrique est essentielle pour évaluer le chevauchement spatial entre la segmentation automatique (A) et la vérité terrain (B) fournie par le radiologue.

$$\text{Indice de Jaccard (IoU)} = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|} \quad (6)$$

Un Indice de Jaccard élevé indique une meilleure concordance entre notre segmentation et la segmentation de référence du spécialiste.

4. Extraction et Sélection Avancées des Caractéristiques Radiomiques

La radiomique est une méthodologie d'analyse quantitative avancée qui permet l'extraction à haut débit de caractéristiques numériques à partir d'images médicales [22]. Elle transforme les phénotypes tumoraux observables en descripteurs mathématiques objectifs, exploitables pour des tâches cliniques telles que la classification lésionnelle, la prédiction de réponse thérapeutique et l'évaluation pronostique.

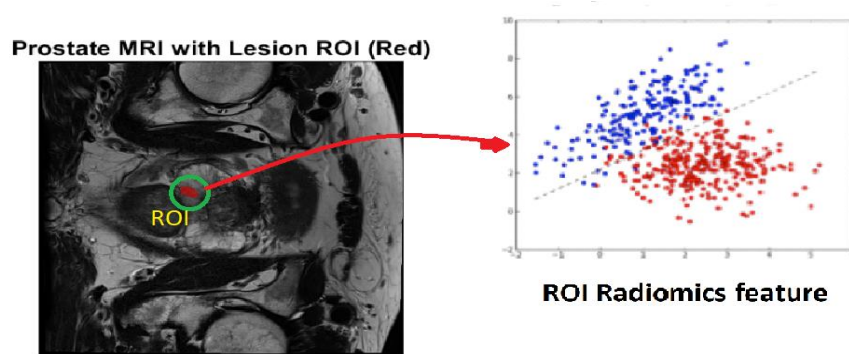


Figure 4.12—Extraction des radiomiques de la ROI

Dans le contexte spécifique de l'IRM prostatique, une collection exhaustive de caractéristiques radiomiques quantitatives — englobant les propriétés de texture, de forme et d'intensité — est extraite des régions d'intérêt (ROI) tumorales précédemment segmentées. Ces caractéristiques constituent des biomarqueurs non invasifs [28] essentiels pour la caractérisation objective des lésions prostatiques Figure 4.12, qu'elles soient bénignes ou malignes, améliorant ainsi la précision diagnostique et réduisant potentiellement le recours aux procédures invasives comme la biopsie.

4.1. Architecture et Adaptation de ResNet50 pour l'Imagerie Médicale

Fondements du Transfer Learning Appliqué

L'extraction robuste des caractéristiques repose sur le Transfer Learning appliqué à un modèle ResNet50 montrée sur la Figure 4.13 pré-entraîné sur la base de données ImageNet[31]. L'architecture complète du pipeline d'extraction des attributs radiomiques depuis les ROI utilisant ResNet50 est illustrée en Figure 4.12. Cette approche réutilise les connaissances acquises lors de la classification d'images naturelles pour optimiser les

performances sur une tâche cible apparentée, ici l'analyse d'images médicales. ResNet50, architecture de réseau neuronal convolutif de 50 couches, traite les ROI d'entrée (typiquement de taille pixels). Son innovation majeure réside dans l'introduction de blocs résiduels, qui permettent d'apprendre des représentations complexes tout en atténuant le problème bien connu de la disparition du gradient (gradient vanishing) [31].

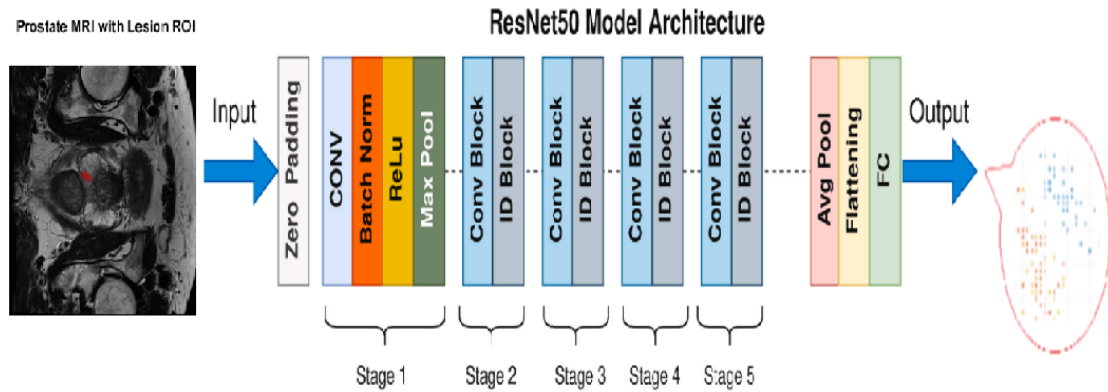


Figure 4.13– L'Architecture ResNet50 pour L'extraction des Caractéristiques radiomiques

4.1.1. Adaptations Architecturales Spécifiques au Domaine Médical

L'implémentation intègre plusieurs modifications architecturales pour s'adapter aux spécificités de l'imagerie médicale monocanale :

Adaptation de la couche d'entrée monocanal : Le bloc convolutif initial, conçu pour trois canaux RGB, est remplacé par une projection 1×1 apprenable, permettant de traiter les images IRM en niveaux de gris (monocanal). La transformation est la suivante :

$$X_{\text{entrée}} \in \mathbb{R}^{256 \times 256 \times 1} \rightarrow Z \in \mathbb{R}^{256 \times 256 \times 64}$$

Fonction du bloc résiduel : Chaque bloc résiduel implémente une fonction d'identité combinée à une projection apprise :

$$F(x) = W_2 \sigma(W_1 x) + x$$

où σ est la fonction d'activation ReLU et W_i sont les poids convolutifs.

Normalisation spécifique aux images médicales : Une normalisation par moyenne et écart-type empiriques est appliquée :

$$\hat{x} = \frac{x - \mu_{\text{MRI}}}{\sigma_{\text{MRI}}}$$

avec $\mu_{\text{MRI}} = 0.32$ et $\sigma_{\text{MRI}} = 0.18$, déterminés sur un jeu de données spécifique.

4.2. Pipeline d'Extraction des Caractéristiques

Le processus d'extraction suit une architecture séquentielle en trois phases :

Phase 1 : Extraction Hiérarchique des Caractéristiques

Couches convolutives initiales (Blocs 1–2) : capture des motifs bas-niveau (bords, textures locales).

Couches intermédiaires (Blocs 3–4) : extraction de caractéristiques de niveau intermédiaire (formes, motifs complexes).

Couches profondes (Bloc 5) : apprentissage de représentations haut-niveau sémantiques.

Phase 2 : Agrégation et Projection

Global Average Pooling (GAP) : chaque carte de caractéristiques est réduite à un scalaire :

$$f_{\text{GAP}} = \frac{1}{H \times W} \sum_{i=1}^H \sum_{j=1}^W F(i, j)$$

Projection dimensionnelle : réduction de \mathbb{R}^{2048} à \mathbb{R}^{512} via une couche dense.

Régularisation : application du Dropout ($p = 0.5$) pour prévenir le surapprentissage.

Phase 3 : Fine-Tuning Stratégique

L'ajustement fin est orchestré en quatre phases progressives :

Phase	Couches Entraînées	Taux d'Apprentissage	Objectif Spécifique
1	Couches Fully Connected (FC)	1e-3 (Élevé)	Adaptation initiale au domaine médical.
2	Blocs Résiduels Profonds (4_0 à 4_2)	1e-4 (Modéré)	Ajustement des caractéristiques de haut niveau.
3	Tous les blocs résiduels	1e-5 (Faible)	Optimisation globale et cohérence des poids.
4	Modèle complet (Fine-tuning fin)	1e-6 (Très faible)	Stabilisation finale des prédictions.

4.3. Taxonomie des Caractéristiques Extraites

Le vecteur final de dimension 512 encapsule une représentation riche et discriminative, organisée en trois catégories :

9. Caractéristiques de Texture ($\approx 45\%$) Patterns locaux (Matrices de co-occurrence – GLCM) Textures complexes (Matrices de longueur de plage – GLRLM) Motifs directionnels (Filtres de Laws et Gabor)
10. Caractéristiques de Forme ($\approx 20\%$) Descripteurs géométriques (Compacité, sphéricité, excentricité) Moments invariants (Moments de Zernike et Hu) Propriétés topologiques (Convexité, solidité)
4. Caractéristiques d'Intensité ($\approx 35\%$) Statistiques globales (Moyenne, variance, asymétrie, aplatissement)

4.4. Analyse de Corrélation et Sélection de Caractéristiques

Les caractéristiques extraites sont soumises à une sélection rigoureuse pour identifier le sous-ensemble le plus informatif et non redondant.

Méthodologie de Sélection

Analyse de corrélation de Spearman : Le coefficient ρ est calculé par [32] :

$$\rho = 1 - \frac{6\sum d_i^2}{n(n^2 - 1)}$$

Les paires avec $|\rho| > 0.95$ sont éliminées pour réduire la redondance.

Sélection univariée (Test F d'ANOVA) : Le pouvoir discriminant est évalué par :

$$F = \frac{\text{variance inter - classe}}{\text{variance intra - classe}}$$

Les caractéristiques sont classées et les plus discriminantes sont retenues.

Validation de robustesse : Une évaluation par bootstrap (1000 itérations) confirme la stabilité des caractéristiques sélectionnées.

Avantages de l'Approche ResNet50 en Radiomique

Résolution du gradient vanishing : L'architecture résiduelle assure un flux de gradient ininterrompu :

$$\frac{\partial L}{\partial x_l} = \frac{\partial L}{\partial x_L} \left(1 + \frac{\partial}{\partial x_l} \sum_{i=l}^{L-1} F(x_i, W_i) \right)$$

Capacité de généralisation : La pré-formation sur ImageNet confère une robustesse initiale, affinée par le fine-tuning sur données prostatiques.

Efficacité computationnelle : L'architecture optimise les ressources grâce au pooling et à la réduction dimensionnelle [31].

4.5. Implications pour la Prédiction du Grade de Gleason

L'extraction par ResNet50 fine-tuné permet de capturer des motifs subtils et hiérarchiques au sein des ROI IRM [31], contribuant directement à la prédiction précise du grade de Gleason. Cette approche permet notamment :

La détection d'hétérogénéités texturales indicatives de l'agressivité tumorale.

La quantification de modifications architecturales subtiles.

L'identification de signatures radiomiques multivariées corrélées avec la progression histologique.

Couplée à une sélection rigoureuse des caractéristiques, cette méthodologie optimise l'entrée pour la classification ultérieure, améliorant à la fois les performances et l'interprétabilité clinique des résultats.

5. Classification Hybride par Apprentissage Automatique (ML) et Apprentissage Profond (DL)

L'étape de classification supervisée représente le point culminant du pipeline radiomique. Son objectif est de cartographier l'espace des caractéristiques sélectionnées vers une prédiction clinique non invasive du grade de Gleason (GG). Cette prédiction se traduit généralement par une classification binaire (p. ex., $GG \leq 6$ vs. $GG \geq 7$, ou cancer non significatif vs. Significatif selon les critères PI-RADS).

Objectif : Comparer et valider deux paradigmes de prédiction du Grade de Notre approche est construite sur un cadre d'ingénierie rigoureux, intègre trois phases fondamentales : une

sélection de caractéristiques hautement contraignante, l'entraînement de classificateurs hétérogènes et une validation externe stricte.

6.1. Classification du Score de Gleason par Apprentissage Automatique (ML)

La classification par apprentissage automatique (ML) est utilisée pour prédire le groupe de Grade de Gleason (GGG) directement à partir des caractéristiques extraites des images d'IRM de la prostate (IRMp). Le processus se base sur les caractéristiques que vous avez sélectionnées lors des étapes précédentes (souvent appelées caractéristiques radiomiques) [5].

L'objectif principal est de fournir un outil d'aide à la décision pour les cliniciens en distinguant les cancers de la prostate agressifs (score élevé) de ceux qui le sont moins (score faible).

Les modèles mentionnés sont choisis pour leur capacité à fournir non seulement une prédiction, mais aussi une certaine interprétabilité, ce qui est crucial en médecine.

- Machines à Vecteurs de Support (SVM - Support Vector Machines) [32] : Ce modèle cherche la meilleure frontière de séparation (hyperplan) dans l'espace des caractéristiques pour séparer les différentes classes de Gleason. Il est efficace dans les espaces de grande dimension.
- Forêts Aléatoires (Random Forests) [32]: C'est une méthode d'ensemble qui construit plusieurs arbres de décision et combine leurs résultats pour améliorer la précision et éviter le surapprentissage. Elles sont très robustes et offrent une mesure de l'importance de chaque caractéristique.
- Gradient Boosting Machines (GBM) [32] : Cette méthode construit des arbres de manière séquentielle, où chaque nouvel arbre essaie de corriger les erreurs faites par l'arbre précédent. Cela permet d'obtenir une grande précision.

Les modèles ML appliqués aux caractéristiques sélectionnées sont illustrés sur la Figure 4.14. Ces modèles reçoivent en entrée les caractéristiques numériques (taille, texture, forme, intensité, etc.) extraites de la région d'intérêt (ROI) de la tumeur, puis ils sont entraînés à associer ces caractéristiques à la classe de Gleason correspondante (GGG 1 à 5).

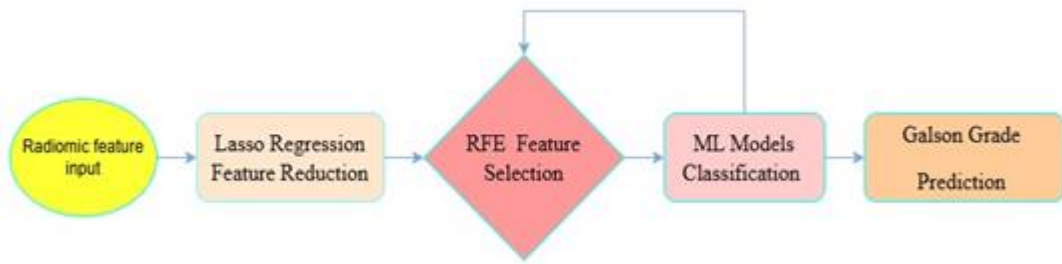


Figure 4.14– modèles MLappliqués aux caractéristiques sélectionnées.

SÉLECTION DE CARACTÉRISTIQUES :

La sélection de caractéristiques est une étape cruciale dans les pipelines d'apprentissage automatique, en particulier dans le contexte radiomique où le nombre de descripteurs (p) est souvent supérieur au nombre d'échantillons (N). Cette situation, connue sous le nom de malédiction de la dimensionnalité, nécessite des stratégies robustes pour identifier un sous-ensemble optimal de variables informatives, tout en évitant le surapprentissage et en maximisant l'interprétabilité.

Notre approche combine deux méthodes complémentaires : la Régression Linéaire Régularisée par la pénalité L_1 (LASSO) et l'Élimination Récurrente de Caractéristiques (RFE) [32].

6.1.1. Régression LASSO (Least Absolute Shrinkage and Selection Operator)

La méthode LASSO est employée comme première phase de réduction de dimensionnalité. Il s'agit d'une technique de régularisation qui vise à produire un modèle parcimonieux en minimisant la somme des carrés des résidus, tout en ajoutant une contrainte de pénalité sur la somme des valeurs absolues des coefficients de régression [32].

Formalisation Mathématique de la Régularisation L_1

Considérant un ensemble de données d'entraînement $\{(\mathbf{x}_i, y_i)\}_{i=1}^N$, où $\mathbf{x}_i \in \mathbb{R}^p$ est le vecteur de caractéristiques pour l'échantillon i , et y_i est la variable cible (le grade de Gleason), le problème d'optimisation du LASSO est défini comme suit :

$$\min_{\beta \in \mathbb{R}^p, \beta_0 \in \mathbb{R}} \{\mathcal{L}(\beta, \beta_0)\}$$

avec la fonction de perte \mathcal{L} donnée par :

$$\mathcal{L}(\boldsymbol{\beta}, \beta_0) = \underbrace{\frac{1}{2N} \sum_{i=1}^N (y_i - \beta_0 - \mathbf{x}_i^T \boldsymbol{\beta})^2}_{\text{Erreur des moindres carrés (terme } L_2)} + \underbrace{\lambda \sum_{j=1}^p |\beta_j|}_{\text{Pénalité } L_1 \text{ (Régularisation)}}$$

Où :

β_0 est l'ordonnée à l'origine (intercept).

$\boldsymbol{\beta} = (\beta_1, \dots, \beta_p)^T$ est le vecteur des coefficients de régression.

$\lambda \geq 0$ est le paramètre de régularisation (ou de parcimonie).

Propriété de Parcimonie

La pénalité L_1 , $\sum_{j=1}^p |\beta_j|$, se distingue de la pénalité L_2 (Régularisation Ridge) par sa capacité à générer des solutions creuses (sparse). Lorsque λ augmente, la pénalité contraint les coefficients des caractéristiques les moins contributives à devenir exactement zéro. Le LASSO réalise ainsi simultanément l'estimation des paramètres et la sélection de caractéristiques. Les caractéristiques dont le coefficient β_j est nul sont exclues du modèle final.

Conditions d'Optimalité (Sous-Gradient)

Puisque la norme L_1 n'est pas différentiable à $\beta_j = 0$, la solution optimale $\hat{\boldsymbol{\beta}}$ satisfait les conditions de sous-gradient. En notant $r_i = y_i - \hat{y}_i = y_i - (\beta_0 + \mathbf{x}_i^T \hat{\boldsymbol{\beta}})$ le résidu pour l'échantillon i , les conditions d'équilibre sont :

Cas 1 : Caractéristique sélectionnée ($\hat{\beta}_j \neq 0$)

$$\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_{ij} r_i = \lambda \text{sign}(\hat{\beta}_j)$$

Cas 2 : Caractéristique éliminée ($\hat{\beta}_j = 0$)

$$\left| \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N x_{ij} r_i \right| \leq \lambda$$

Le paramètre λ optimal (λ^*) est choisi par validation croisée stratifiée à 5 plis pour minimiser l'erreur de prédiction sur les données non vues, assurant ainsi le meilleur compromis biais-variance.

6.1.2. Élimination Récurrente de Caractéristiques (RFE - Recursive Feature Elimination)

Le RFE est une méthode de type wrapper qui interagit directement avec un estimateur de classification (e.g., SVM, Random Forest) [32] pour évaluer itérativement l'importance de chaque caractéristique et éliminer les moins performantes.

Principe et Processus Algorithmique

Le RFE opère par un processus de rétro-élimination (backward elimination) [32]:

il commence avec le sous-ensemble de caractéristiques retenu par le LASSO et, à chaque itération, retire les r caractéristiques ayant la plus faible importance, jusqu'à ce qu'un nombre cible (k_{\min}) soit atteint ou que la performance se dégrade significativement.

Algorithme d'Élimination Récurrente des Caractéristiques (RFE) :

Étape	Description Formelle
Entrées	X (Matrice de données), y (Labels), M (Modèle), k (Nombre minimal souhaité)
Sortie	S (Sous-ensemble optimal de caractéristiques)
1. Initialisation	S = Ensemble complet des caractéristiques initiales.
2. Itération	Tant que $ S > k$:
a. Entraînement	Entraîner le modèle M sur l'ensemble S et les labels y.
b. Évaluation	Calculer les scores d'importance (poids ou importance des nœuds) pour chaque caractéristique.
c. Élimination	Identifier la caractéristique avec le score le plus

	faible.
d. Réduction	$S = S - \{ \text{caractéristique la moins importante} \}$.
3. Sélection Finale	$S_{\text{opt}} = \text{argmax}(\text{Performance})$ identifiée par validation croisée (RFECV).

Mesure d'Importance et Avantages

La puissance du RFE réside dans sa capacité à prendre en compte les interactions entre les caractéristiques durant l'élimination. Les mesures d'importance utilisées sont spécifiques au modèle :

Pour les SVM (avec noyau Linéaire) : L'importance I_j est souvent mesurée par le carré de la magnitude du coefficient : $I_j = \hat{\beta}_j^2$.

Pour les Forêts Aléatoires : L'importance I_j est mesurée par la réduction moyenne de l'impureté (indice de Gini ou entropie) que la caractéristique j apporte, pondérée par la fréquence d'utilisation de j dans les arbres.

En combinant LASSO et RFE, nous garantissons une sélection initialement agressive et statistiquement fondée (LASSO), suivie d'une phase de raffinement itératif (RFE) qui assure la stabilité et l'optimalité du sous-ensemble final de biomarqueurs radiomiques en fonction du classificateur choisi.

6.1.3. ALGORITHMES DE CLASSIFICATION IMPLÉMENTÉS

Afin de déterminer l'architecture la plus performante, nous implémentons et comparons trois familles d'algorithmes de classification reconnues pour leur efficacité en milieu médical et en radiomique.

Machines à Vecteurs de Support (SVM)

Les SVM sont des classificateurs discriminatifs qui construisent un hyperplan de séparation optimal dans un espace à haute dimensionnalité, cherchant à maximiser la marge entre les échantillons de classes différentes. La transformation vers l'espace de redescription est gérée implicitement par la fonction noyau $K(\cdot, \cdot)$.

Formulation Primal (Marge Souple)

L'objectif est de minimiser la complexité du modèle ($\frac{1}{2} \| \mathbf{w} \|^2$) tout en gérant les erreurs de classification via les variables de relâchement ξ_i .

$$\min_{\mathbf{w}, b, \xi} \left\{ \frac{1}{2} \| \mathbf{w} \|^2 + C \sum_{i=1}^N \xi_i \right\}$$

Sous contraintes :

$$y_i(\mathbf{w}^\top \phi(\mathbf{x}_i) + b) \geq 1 - \xi_i, \quad \xi_i \geq 0, \quad \forall i = 1, \dots, N$$

\mathbf{w} : vecteur normal à l'hyperplan.

$C > 0$: paramètre de régularisation qui contrôle la pénalité pour les erreurs de classification (échantillons mal classés ou situés dans la marge).

Formulation Duale

La résolution est généralement effectuée dans le domaine dual, où l'utilisation du noyau est rendue possible :

$$\max_{\alpha} \left\{ \sum_{i=1}^N \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i=1}^N \sum_{j=1}^N \alpha_i \alpha_j y_i y_j K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \right\}$$

Sous contraintes :

$$0 \leq \alpha_i \leq C, \quad \sum_{i=1}^N \alpha_i y_i = 0$$

La prédiction est déterminée uniquement par les échantillons ayant un $\alpha_i > 0$, appelés vecteurs de support.

Fonction de Décision

Dans l'espace des caractéristiques transformé $\phi(\mathbf{x})$, la fonction de décision est donnée par :

$$f(\mathbf{x}) = \text{sign} \left(\sum_{i=1}^{N_{sv}} \alpha_i y_i K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}) + b \right)$$

où N_{sv} est le nombre de vecteurs de support, α_i sont les multiplicateurs de Lagrange optimaux issus de la formulation duale, et $K(\mathbf{x}_i, \mathbf{x})$ est la fonction noyau. La classification multi-classe est généralement gérée par une stratégie One-vs-Rest ou One-vs-One.

Forêts Aléatoires (Random Forests)

Les Forêts Aléatoires (RF) sont un algorithme d'ensemble (ensemble learning) basé sur la technique du bagging (Bootstrap Aggregating). Il construit une multitude de T arbres de décision, chacun étant entraîné sur un échantillon bootstrap des données originales et en utilisant un sous-ensemble aléatoire de $m \approx \sqrt{p}$ caractéristiques à chaque nœud de décision. Cette double randomisation réduit fortement la variance du modèle et le surapprentissage.

Critère de Séparation (Indice de Gini)

Chaque nœud d'un arbre est coupé en utilisant le critère qui maximise l'homogénéité (pureté) des nœuds enfants. L'indice de Gini pour un nœud D (avec p_k la proportion d'échantillons de classe k) est :

$$\text{Gini}(D) = 1 - \sum_{k=1}^K p_k^2$$

La meilleure coupure est celle qui maximise la réduction de l'impureté :

$$\Delta\text{Gini} = \text{Gini}(D) - \sum_{v=1}^V \frac{|D_v|}{|D|} \text{Gini}(D_v)$$

Prédiction Finale

La classification finale est obtenue par vote majoritaire (mode) sur les prédictions individuelles des T arbres de la forêt :

$$\hat{f}(\mathbf{x}) = \text{mode}\{\hat{f}^{(1)}(\mathbf{x}), \hat{f}^{(2)}(\mathbf{x}), \dots, \hat{f}^{(T)}(\mathbf{x})\}$$

Gradient Boosting Machines (GBM)

Contrairement au bagging (RF), le Gradient Boosting est une technique d'ensemble séquentielle et additive. Elle construit le modèle $\hat{F}(\mathbf{x})$ itérativement en ajoutant des arbres faibles qui tentent de corriger les erreurs (résidus) commises par l'ensemble des arbres précédents. L'approche est guidée par l'optimisation par descente de gradient dans l'espace des fonctions.

Itération m (Méthode des Pseudo-Résidus)

Calcul des Pseudo-Résidus : Pour minimiser la fonction de perte $L(y, F(x))$, on calcule la dérivée partielle négative de la perte par rapport à la prédiction courante $F_{m-1}(\mathbf{x})$:

$$\tilde{r}_{im} = - \left[\frac{\partial L(y_i, F(\mathbf{x}_i))}{\partial F(\mathbf{x}_i)} \right]_{F=F_{m-1}}$$

Apprentissage de l'Arbre Faible : Un nouvel arbre de décision $h_m(\mathbf{x})$ est entraîné pour prédire ces pseudo-résidus \tilde{r}_{im} .

Mise à Jour Additive : Le modèle est mis à jour en ajoutant la contribution du nouvel arbre, modulée par un taux d'apprentissage ν :

$$F_m(\mathbf{x}) = F_{m-1}(\mathbf{x}) + \nu \cdot h_m(\mathbf{x})$$

Le taux d'apprentissage $\nu \in (0,1]$ (ou shrinkage) est un hyperparamètre crucial. Il décélère le processus d'apprentissage, agissant comme un mécanisme de régularisation qui réduit le risque de surajustement.

VALIDATION ET ÉVALUATION

Protocole de Validation

La performance du modèle sera évaluée selon un protocole strict de validation croisée et d'évaluation sur un ensemble de test indépendant (hold-out set).

Validation Croisée (VC) [32] : Une VC stratifiée à 5 plis est appliquée sur l'ensemble d'entraînement et de validation interne. La stratification est essentielle pour garantir que la proportion des classes (p. ex., la prévalence du cancer significatif) est préservée dans chaque pli, même en cas de déséquilibre.

Ensemble de Test Externe : Un ensemble de test externe, ou hold-out set, est désigné a priori et n'est jamais utilisé durant la sélection de caractéristiques, l'entraînement des modèles ou l'optimisation des hyperparamètres [32]. Cet ensemble fournit la mesure de performance la plus fidèle sur des données non vues.

Reproductibilité : Une graine aléatoire fixe (random seed) est utilisée tout au long du pipeline pour assurer la reproductibilité complète des résultats, de la division des jeux de données à l'initialisation des algorithmes.

6.2. Approche DL : réseau neuronal convolutif unidimensionnel (CNN)

Cette méthode constitue une approche hybride et avancée pour la classification du cancer de la prostate en grade de Gleason faible ou élevé. Elle repose sur l'exploitation des caractéristiques radiomiques, précédemment extraites par un modèle ResNet50, et leur classification subséquente par un Réseau Neuronal Convolutif unidimensionnel (CNN).

L'objectif est double : (1) tirer parti de la puissance d'extraction de caractéristiques spatiales du ResNet50 pour quantifier la texture, la forme et l'intensité des lésions prostatiques[31] ; (2) utiliser l'efficacité du CNN pour modéliser les relations complexes [21] et non linéaires au sein de ces caractéristiques numériques. Le vecteur de caractéristiques dense produit par l'avant-dernière couche du ResNet50, de dimension \mathbb{R}^{512} , constitue l'entrée initiale du classifieur CNN.

6.2.1. Affinage des Données : La Sélection de Caractéristiques Informatives

L'utilisation directe des 512 caractéristiques introduit du bruit, de la redondance et augmente le risque de surapprentissage. Une étape critique de sélection est donc appliquée pour retenir uniquement les biomarqueurs les plus discriminants. La Sélection de Caractéristiques [32] Basée sur la Corrélacion de Pearson

Le Coefficient de Corrélacion de Pearson:

Le coefficient de corrélacion de Pearson (ρ) mesure l'intensité et la direction de la relation linéaire entre une caractéristique radiomique X_j et la variable cible Y (grade de Gleason). La valeur absolue est utilisée pour évaluer l'importance indépendamment du signe de la corrélacion.

$$|\rho_{X_j, Y}| = \left| \frac{\sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j)(y_i - \bar{y})}{\sqrt{\sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j)^2} \sqrt{\sum_{i=1}^n (y_i - \bar{y})^2}} \right|$$

où n est le nombre d'échantillons, x_{ij} la valeur de la j -ème caractéristique pour l'échantillon i , et \bar{x}_j, \bar{y} les moyennes respectives.

Protocole de Classement et de Sélection

Calcul exhaustif : corrélacion absolue calculée pour les 512 caractéristiques.

Classement décroissant : tri selon $|\rho_{X_j, Y}|$.

Sélection des Top-30 : seules les 30 caractéristiques les plus corrélées sont conservées.

Optimisation de la dimensionnalité : passage de \mathbb{R}^{512} à \mathbb{R}^{30} .

Atténuation de la malédiction de la dimensionnalité.

Réduction de la redondance et du bruit.

Prévention du surapprentissage.

Préparation des Données et Stratégie de Partitionnement

Représentation du Tenseur d'Entrée:

Les 30 caractéristiques sont structurées comme une séquence unidimensionnelle :

$$\mathbf{X} \in \mathbb{R}^{30 \times 1}$$

Cette représentation permet l'application de convolutions 1D pour détecter des motifs locaux et des co-occurrences.

Stratégie de Partitionnement:

Entraînement : 80 % des données.

Test/Validation : 20 %, mis de côté pour une évaluation finale indépendante.

Gestion du Déséquilibre de Classes:

Étant donné le déséquilibre fréquent dans les données cliniques (moins de cancers significatifs que de non significatifs), l'Aire Sous la Courbe Précision-Rappel (AUPRC) sera privilégiée par rapport à l'AUC de la courbe ROC. L'AUPRC est plus sensible aux performances des classes minoritaires (la classe positive) et fournit une évaluation plus réaliste.

Un suréchantillonnage (oversampling) est appliqué exclusivement à l'ensemble d'entraînement pour équilibrer les classes. L'ensemble de test reste inchangé pour refléter la distribution clinique réelle.

6.2.2. Architecture CNN pour la Classification des Caractéristiques Radiomiques

Cette architecture utilise un Réseau Neuronale Convolutif Unidimensionnel (CNN) pour traiter directement les caractéristiques radiomiques de la prostate. Le CNN [3] est optimisé pour les données séquentielles ou vectorielles, telles que les vecteurs de caractéristiques extraites. L'architecture du CNN unidimensionnel est présentée sur la Figure 4.15.

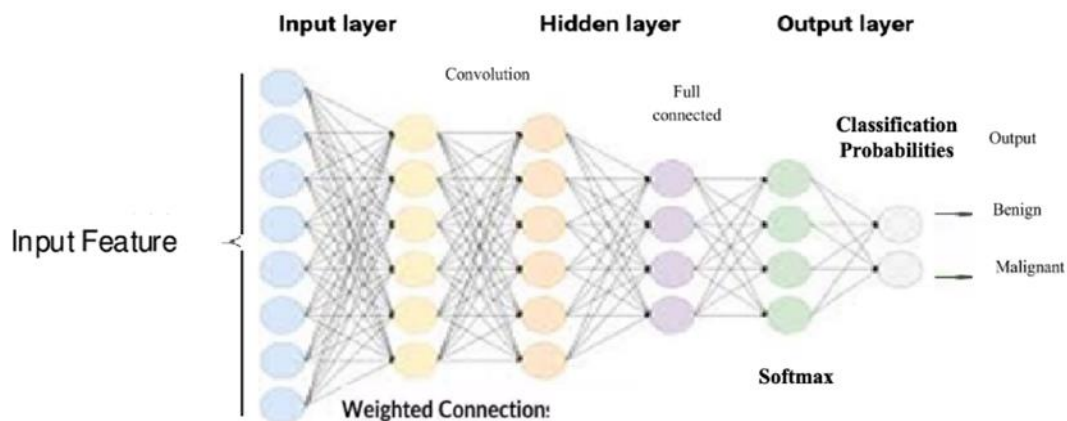


Figure 4.15– CNN architecture

Les Blocs Convolutifs Unidimensionnels (Conv):

Bloc Convolutif 1:

Couche	Spécifications	Fonction
Input Layer	Tenseur 1D	Réception des données
Conv1D	64 filtres, Kernel=3, same	Extraction motifs de base
ReLU	—	Non-linéarité
BatchNormalization	—	Stabilisation de l'apprentissage
MaxPooling1D	Pool=2	Réduction dim. (30 -> 15)

Bloc Convolutif 2:

Couche	Spécifications	Fonction
Conv1D	128 filtres, Kernel=3, same	Extraction motifs complexes
ReLU	—	Non-linéarité
BatchNormalization	—	Stabilisation
MaxPooling1D	Pool=2	Réduction dim. (15 -> 7)
Dropout	rate = 0.3	Régularisation

Bloc Convolutif 3:

Couche	Spécifications	Fonction
Conv1D	256 filtres, Kernel=3, same	Extraction motifs haut niveau
ReLU	—	Non-linéarité
BatchNormalization	—	Stabilisation
GlobalAvgPooling1D	—	Agrégation spatiale
Dropout	rate = 0.5	Régularisation forte

Les Couches de Classification (Dense) :

Couche	Spécifications	Fonction
Dense intermédiaire	512 unités, ReLU	Combinaison des motifs extraits
BatchNormalization	—	Stabilisation des activations
Dropout	rate = 0.4	Régularisation
Dense projection	128 unités, ReLU	Projection vers l'espace décisionnel
Dropout	rate = 0.3	Régularisation
Couche de sortie	2 unités, Softmax	Prédiction binaire (Probabilités)

Fonction Softmax

$$P(y = k | \mathbf{x}) = \frac{e^{\mathbf{w}_k^T \mathbf{x} + b_k}}{\sum_{j=1}^2 e^{\mathbf{w}_j^T \mathbf{x} + b_j}}$$

Mécanisme d'Auto-Attention Intégré (Optionnel):

Un module d'attention peut être ajouté pour pondérer dynamiquement l'importance des caractéristiques :

$$\text{Attention}(\mathbf{Q}, \mathbf{K}, \mathbf{V}) = \text{softmax} \left(\frac{\mathbf{QK}^T}{\sqrt{d_k}} \right) \mathbf{V}$$

6.2.3. Processus d'Entraînement et d'Optimisation

Fonction de Perte et Optimiseur

Fonction de Perte : Entropie Croisée Catégorique

$$L = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \sum_{c=1}^2 y_{i,c} \log(\hat{y}_{i,c}) L_{\text{weighted}} = -\frac{1}{N} \sum_{i=1}^N \sum_{c=1}^2 w_c \cdot y_{i,c} \log(\hat{y}_{i,c})$$

Optimiseur Adam

$$\theta_t = \theta_{t-1} - \eta \frac{\hat{m}_t}{\sqrt{\hat{v}_t + \epsilon}}$$

avec $\eta = 10^{-4}$, $\beta_1 = 0.9$, $\beta_2 = 0.999$, $\epsilon = 10^{-8}$.

6.3. Protocole de Validation et Évaluation des Performances

6.4.1. Métriques de Performance

Pour une classification binaire (TP, TN, FP, FN étant les Vrais Positifs, Vrais Négatifs, Faux Positifs et Faux Négatifs) [21] :

Exactitude:

$$\text{Accuracy} = \frac{\text{TP} + \text{TN}}{\text{TP} + \text{TN} + \text{FP} + \text{FN}} \quad | \text{ Proportion d'échantillons correctement classés.}$$

Sensibilité :

$$\text{Sensitivity} = \frac{\text{TP}}{\text{TP} + \text{FN}} \quad \text{Capacité à détecter les cas positifs (éviter les Faux Négatifs cliniques)}$$

Spécificité :

$$\text{Specificity} = \frac{\text{TN}}{\text{TN} + \text{FP}} \quad \text{Capacité à détecter les cas négatifs (éviter les Faux Positifs cliniques).}$$

Score F1 :

$F_1 = 2 \cdot \frac{\text{Precision} \cdot \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}}$ Moyenne harmonique de la précision et du rappel (utile en cas de classes déséquilibrées).

6.4.2 Analyse de l'Aire Sous la Courbe (AUC-ROC)

L'AUC-ROC est l'indicateur principal de discrimination. La courbe Précision-Rappel est également analysée pour les données déséquilibrées.

Aire Sous la Courbe ROC (AUC) | $AUC = \int_0^1 \text{TPR}(t) d\text{FPR}(t)$ | Mesure l'aptitude du classificateur à séparer les classes.

7. Conclusion

Ce chapitre a exposé en détail le pipeline méthodologique hybride et multimodal[21]. développé pour la caractérisation et la stratification du cancer de la prostate à partir des images IRMmp. Notre approche a été conçue comme une réponse directe aux limitations identifiées dans les travaux précédents, notamment le manque d'interprétabilité de l'Apprentissage Profond et la dépendance des méthodes radiomiques au contourage manuel subjectif.

Synthèse de la Méthode

Nous avons articulé notre solution autour de quatre étapes rigoureuses, visant à garantir à la fois performance et robustesse clinique :

1. Pré-traitement des données IRMmp, essentiel pour l'harmonisation inter-centre.
2. Segmentation Automatisée Hybride (U-Net 3D-2D et FCM) pour l'isolation précise des lésions.
3. Extraction et Sélection Avancée des Caractéristiques (ResNet50 + Descripteurs Shearlet, suivi par LASSO et RFE), permettant de construire des biomarqueurs optimaux.
4. Classification Hybride (ML vs. CNN) du Grade de Gleason pour maximiser la performance prédictive tout en conservant une référence interprétable.

Implications Cliniques et Valeur Ajoutée

Le succès de ce pipeline sera mesuré par sa capacité à transformer la prise en charge clinique. L'intégration de ce système d'aide à la décision (CAD) [15] est structurante et vise à fournir :

- Prédiction Objective et Reproductible : Remplaçant l'évaluation visuelle subjective et inter-observatrice des radiologues par un score de risque quantifié et validé.
- Biomarqueurs Validés : Fournissant aux cliniciens un ensemble restreint de caractéristiques radiomiques validées (*issues du LASSO et RFE*) dont le lien avec l'agressivité du cancer est statistiquement et cliniquement prouvé.
- Stratification du Risque Précise : Améliorant la sélection des patients nécessitant une biopsie, réduisant ainsi potentiellement le nombre de procédures inutiles (faux positifs radiologiques) et le surdiagnostic des cancers indolents.
- Médecine de Précision : Orientant la prise en charge du patient vers une surveillance active ou un traitement ciblé, en s'appuyant sur des données d'imagerie non invasives.

En s'appuyant sur une validation externe et multi-centre, cette méthodologie est positionnée non seulement pour atteindre une performance diagnostique élevée [16], mais surtout pour offrir une robustesse clinique essentielle à son adoption en pratique médicale courante.

Le prochain chapitre sera dédié à la présentation des résultats obtenus par ce pipeline et à la discussion approfondie de leur impact sur le diagnostic et la gestion personnalisée du cancer de la prostate.

1. Introduction

L'intégration d'un système diagnostique automatisé (SDA) pour le cancer de la prostate (CaP) dans la pratique clinique moderne exige plus qu'une simple performance élevée sur un ensemble de données interne. Elle requiert une robustesse technique face à la variabilité des données et une généralisation clinique avérée sur des cohortes externes. Le pipeline hybride développé dans le cadre de cette thèse a été conçu spécifiquement pour adresser ces doubles impératifs. Ce pipeline, intégrant une segmentation par Fuzzy C-Means (FCM) à double parcours, une extraction croisée de caractéristiques (radiomiques et *deep features*), et une classification multimodale (apprentissage automatique et apprentissage profond), s'attaque aux deux principaux goulots d'étranglement diagnostiques : la subjectivité inhérente au contourage manuel des régions d'intérêt (ROI) [7] et la faible reproductibilité des biomarqueurs radiomiques [3]. dans les environnements multicentriques.

Ce chapitre est structuré pour fournir une validation exhaustive du pipeline. Nous débuterons par une analyse rigoureuse des composantes fondamentales (segmentation et sélection de caractéristiques), avant de présenter la performance des modèles de classification pour la prédiction du Grade de Gleason Group (GGG). Finalement, une analyse de la généralisation et une discussion clinique approfondie permettront de positionner le système comme un outil prometteur pour la stratification du risque et, potentiellement, la réduction des biopsies inutiles.

2. Évaluation des Composantes Fondamentales du Pipeline

La performance d'un système de Diagnostic Assisté par Ordinateur (CAD)[15] est conditionnée par la qualité et la fiabilité de ses étapes initiales. Pour la phase de segmentation (délimitation de la glande prostatique et des lésions ROI), nous avons utilisé le jeu de données PROSTATEx [29] pour l'entraînement et la validation des performances géométriques. Un biais introduit au niveau de la segmentation [7] ou de la sélection des caractéristiques se répercute irrémédiablement[22] sur la validité du modèle prédictif final

2.1 Évaluation de la segmentation

La segmentation précise des lésions du CaP sur les images d'IRM multiparamétrique (IRMmp) est une tâche ardue en raison de la complexité anatomique de la prostate. L'ambiguïté des profils d'intensité entre la zone périphérique (ZP), site majoritaire des tumeurs malignes, et la zone centrale (ZC), dont l'hétérogénéité bénigne peut mimer l'apparence des lésions, représente le principal défi. Le FCM classique, sensible aux variations d'intensité et de texture, inclut fréquemment des tissus sains ou malins dans un même cluster, compromettant l'analyse radiomique. Le Prétraitement par DL (Isolation Prostatique) : L'élimination des structures anatomiques externes (graisse, muscle, os) est assurée par un modèle U-Net pré-entraîné, garantissant que l'analyse FCM se concentre uniquement sur la glande prostatique. Le FCM à Double Parcours a été conçu comme une stratégie de traitement différentiel pour surmonter cette limitation.

L'image prostatique isolée est traitée en parallèle :

- Chemin Non Filtré : Préserve les détails texturaux de haute fréquence, potentiellement liés à la microarchitecture tumorale fine.
- Chemin Filtré : Applique un filtre de Butterworth passe-bas pour atténuer sélectivement le bruit et les textures fines non pertinentes, amplifiant le contraste entre les grandes structures tissulaires.

La Fusion Différentielle : L'opération de soustraction robuste entre les résultats des deux chemins isole les régions différentielles. Ces zones, qui présentent des comportements de *clustering* variables en fonction de la résolution texturale, correspondent avec une haute probabilité aux lésions tumorales de la ZP masquées par la ZC.

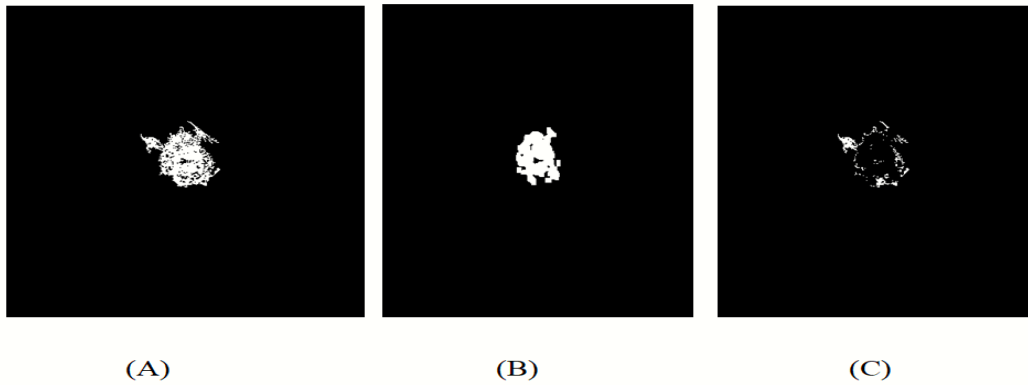


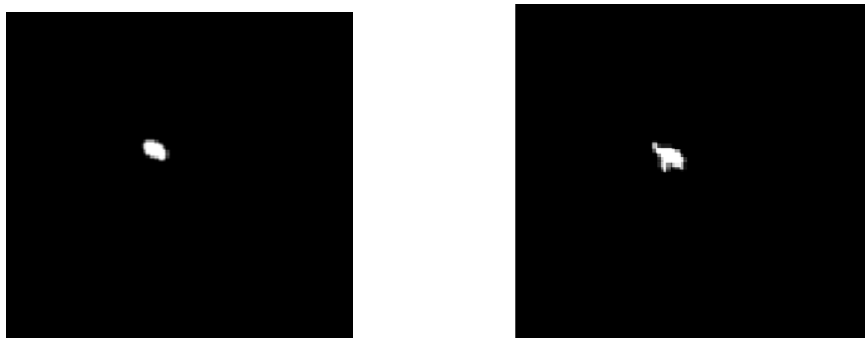
Figure 5.1 – Techniques de Soustraction pour l'Extraction
De la Région d'Intérêt Différentielle (ROI)

La figure. 5.1 illustre les résultats de la technique de soustraction appliquée dans le cadre du Fuzzy C-Means (FCM) à Double Parcours :

- Image (A) : Représenterait la ROI résultant du Chemin Non Filtré. Cette image conserve les détails texturaux fins.
- Image (B) : Représenterait la ROI résultant du Chemin Filtré. Cette image a un bruit atténué et met en évidence les grandes structures (après application du filtre de Butterworth passe-bas).
- Image (C) : Représenterait la ROI Différentielle (la cible) obtenue par l'opération de soustraction robuste (ou fusion différentielle) entre les résultats des chemins (A) et (B). C'est cette région qui est isolée comme étant la plus probable pour correspondre aux lésions tumorales.

2.1.1. Quantification de la Précision Géométrique (Jaccard Index)

L'efficacité du FCM à Double Parcours a été quantifiée en utilisant l'Indice de Jaccard (IoU), mesurant le chevauchement spatial avec la vérité terrain annotée par des radiologues experts.



(a) Segmentation Manuelle (b) Segmentation Automatique

Figure 5.2 – Comparaison Visuelle de la Segmentation

Une comparaison visuelle des résultats de segmentation pour une lésion d'intérêt (ROI). La Figure. 5.2 illustre la fidélité de l'algorithme automatique par rapport à l'évaluation experte.

- (a) : Correspond au masque de la Segmentation Manuelle (ou Vérité Terrain) tel que délimité par le radiologue spécialiste. Elle représente la référence clinique.
- (b) : Correspond au masque de la Segmentation Automatique obtenu par l'algorithme proposé (par exemple, le FCM à Double Parcours).

Tableau 5.1 – segmentation Performance

Méthode	Indice de Jaccard (IoU)	Taux de Faux Positifs
FCM à Double Parcours	0.89	9 %

Le FCM à Double Parcours atteint un *IoU* moyen de 0.89 Tableau 5.1, Dans le contexte exigeant de l'imagerie médicale, un *IoU* aussi élevé (>0.85) est souvent considéré comme un seuil de performance quasi-experte. Cette précision est le fondement de la validité de toute l'analyse radiomique subséquente.

2.2. Extraction et Sélection Avancée des Caractéristiques Hybrides

Une fois la segmentation stabilisée, l'étape suivante consiste à construire un vecteur de caractéristiques capable d'encoder l'agressivité tumorale.

Afin de maximiser la puissance discriminante tout en conservant l'interprétabilité, une approche hybride a été adoptée:

Deep Features (512) : Ces descripteurs non linéaires sont extraits de la couche d'activation finale d'un modèle ResNet50 modifié et pré-entraîné. ResNet50 a été choisi pour ses blocs résiduels, qui facilitent l'apprentissage de motifs complexes et évitent le problème du gradient évanescant, permettant une capture fine des relations spatiales ignorées par la radiomique traditionnelle.

L'hypothèse est que la combinaison de ces deux familles de caractéristiques fournit une représentation plus complète et robuste du phénotype tumoral que chaque modalité prise isolément.

2.3. Performance de la Classification du Grade de Gleason Group (GGG)

L'objectif clinique de cette étape est de réaliser une classification binaire fiable. Pour l'entraînement et l'évaluation de cette tâche, nous avons utilisé un second jeu de données interne (CCIPD), distinct du jeu de segmentation PROSTATEx, qui contenait déjà les caractéristiques radiomiques extraites et validées, ainsi que les résultats histologiques (Grade de Gleason Group) pour chaque lésion, permettant l'apprentissage supervisé. Il s'agit de distinguer les cancers de bas grade ($GGG \leq 7$) éligibles à la surveillance active, des cancers de haut grade ($GGG > 7$) nécessitant un traitement plus agressif.

2.3.1. Classification par Apprentissage Automatique (ML)

Sélection de Caractéristiques:

La haute dimensionnalité du vecteur hybride rend la sélection critique pour l'efficacité et la parcimonie. L'utilisation conjointe de la régularisation L1 (LASSO) pour la réduction initiale de la dimensionnalité (forçant les poids des caractéristiques non pertinentes à zéro) et de RFE (pour une recherche itérative et locale du sous-ensemble optimal) a permis d'isoler un noyau minimal de biomarqueurs hautement discriminants. Ce cadre est privilégié pour l'apprentissage automatique car il favorise la parcimonie et l'interprétabilité du modèle final.

Comparaison des Classifieurs d'Apprentissage Automatique (ML)

Les modèles ML ont été entraînés sur le sous-ensemble de caractéristiques optimisé par LASSO-RFE.

Tableau 5.2 – Comparaison des modèles ML

Modèle	Précision (Acc)	Sensibilité	Spécificité	AUC-ROC
GBM (Gradient Boosting)	93 %	92 %	94 %	0.95
Random Forest (RF)	90 %	88 %	92 %	0.93
SVM (Support Vector Machine)	87 %	84 %	90 %	0.91

Le Tableau 5.2 montre que le Gradient Boosting Machine (GBM) se révèle être le classifieur le plus performant dans cette catégorie, surpassant constamment le Random Forest et le Support Vector Machine (SVM) pour atteindre une *AUC-ROC* de 0.95. La supériorité du GBM s'explique par sa nature d'algorithme d'ensemble : il construit séquentiellement des arbres de décision faibles qui corrigent les erreurs (résidus) des arbres précédents, lui permettant de modéliser des relations complexes avec une grande précision et une robustesse intrinsèque face au surapprentissage.

2.3.2. Classification par Réseau Neuronal Convolutif (CNN)

Le modèle d'apprentissage profond, CNN a été spécifiquement conçu pour traiter le vecteur hybride unidimensionnel de caractéristiques (composé des descripteurs radiomiques et des Deep Features de ResNet50) sélectionnées par corrélation. Ce modèle exploite sa nature profonde pour identifier des relations non linéaires complexes au sein du vecteur d'entrée, optimisant ainsi la prédiction du *GGG*.

Une sélection basée sur le coefficient de corrélation de Pearson avec la variable cible (Grade de Gleason Group) a été préférée pour le modèle DL. Cette approche, qui hiérarchise les caractéristiques par leur force de relation linéaire ou monotone avec l'agressivité, fournit un vecteur d'entrée plus dense et optimisé pour la capacité du CNN à inférer des relations non linéaires complexes.

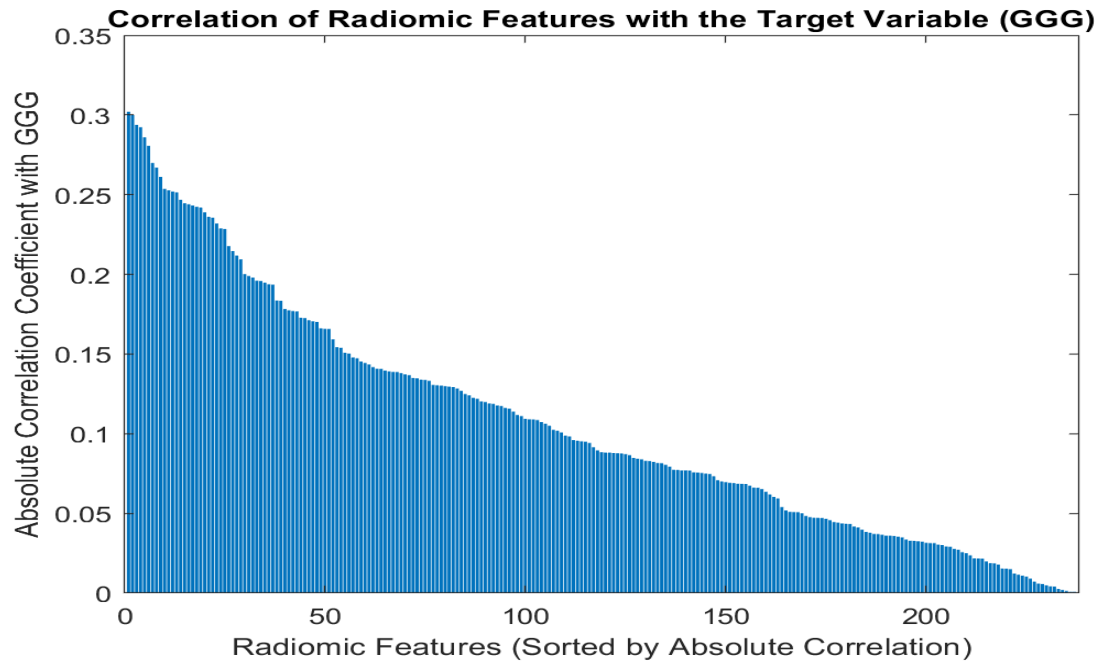


Figure 5.3 – corrélation des caractéristiques radiomiques Extradites et le (GGG).

La Figure 5.3. Présente un graphique à barres complet illustrant les coefficients de corrélation absolue entre les diverses caractéristiques radiomiques et le Groupe de Grade de Gleason (GGG). Les caractéristiques sont triées par leur corrélation absolue, ce qui montre clairement quelles variables radiomiques présentent les relations les plus fortes avec la variable cible.

L'analyse d'importance des caractéristiques a révélé une corrélation significative entre certaines caractéristiques de texture, notamment l'entropie et le contraste, et le score de Gleason. Confirme la prédominance des descripteurs de texture de haut niveau. Ces résultats valident que l'hétérogénéité des tissus est la signature la plus puissante de l'agressivité du CaP dans l'imagerie.

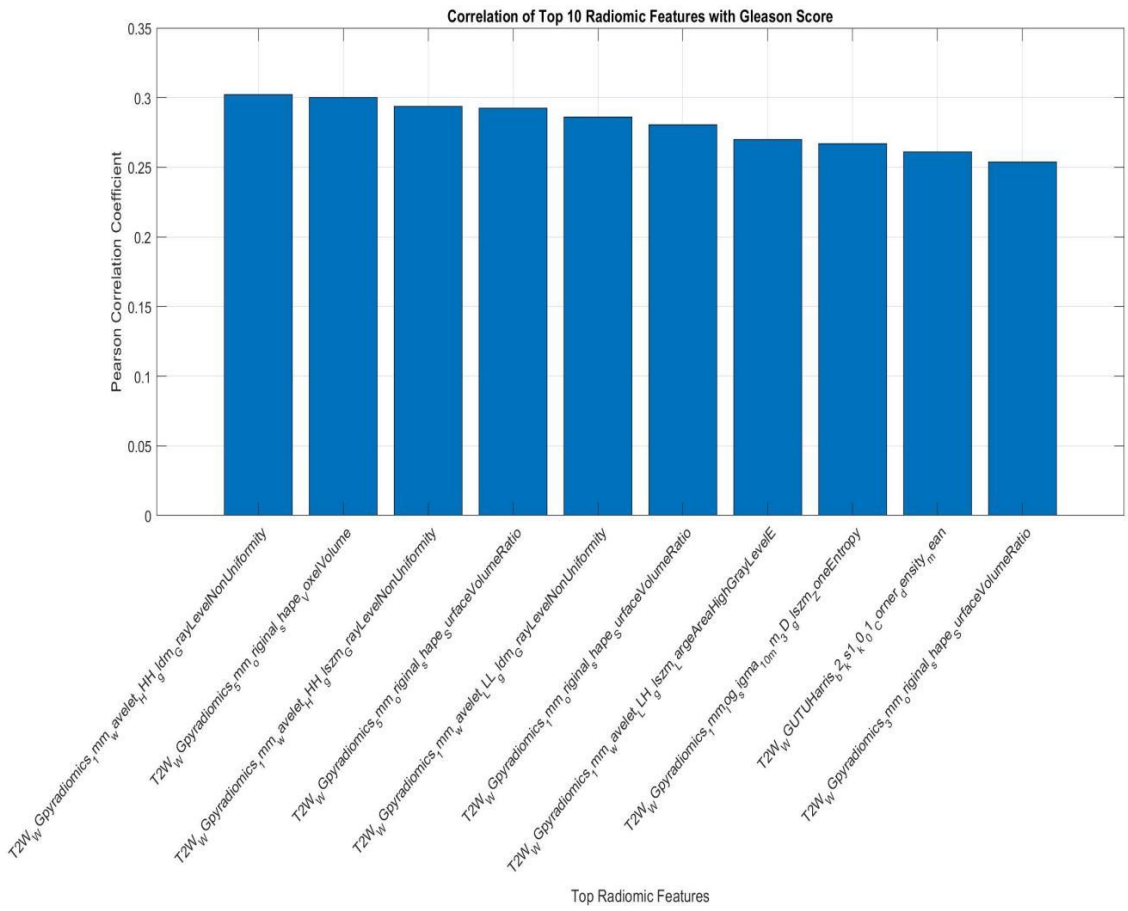


Figure 5.4.- Corrélation des 10 Meilleures Caractéristiques Radiomiques Avec le Score de Gleason

La Figure 5.4. Met spécifiquement en évidence les 10 meilleures caractéristiques radiomiques ayant les coefficients de corrélation de Pearson les plus élevés avec le Score de Gleason. Cela fournit une illustration ciblée des caractéristiques les plus importantes dans l'analyse, confirmant directement les conclusions sur l'importance des caractéristiques.

3. Performance du Réseau Neuronal Convolutif

Performance de l'Entraînement:

Training Performance (Accuracy and Loss)

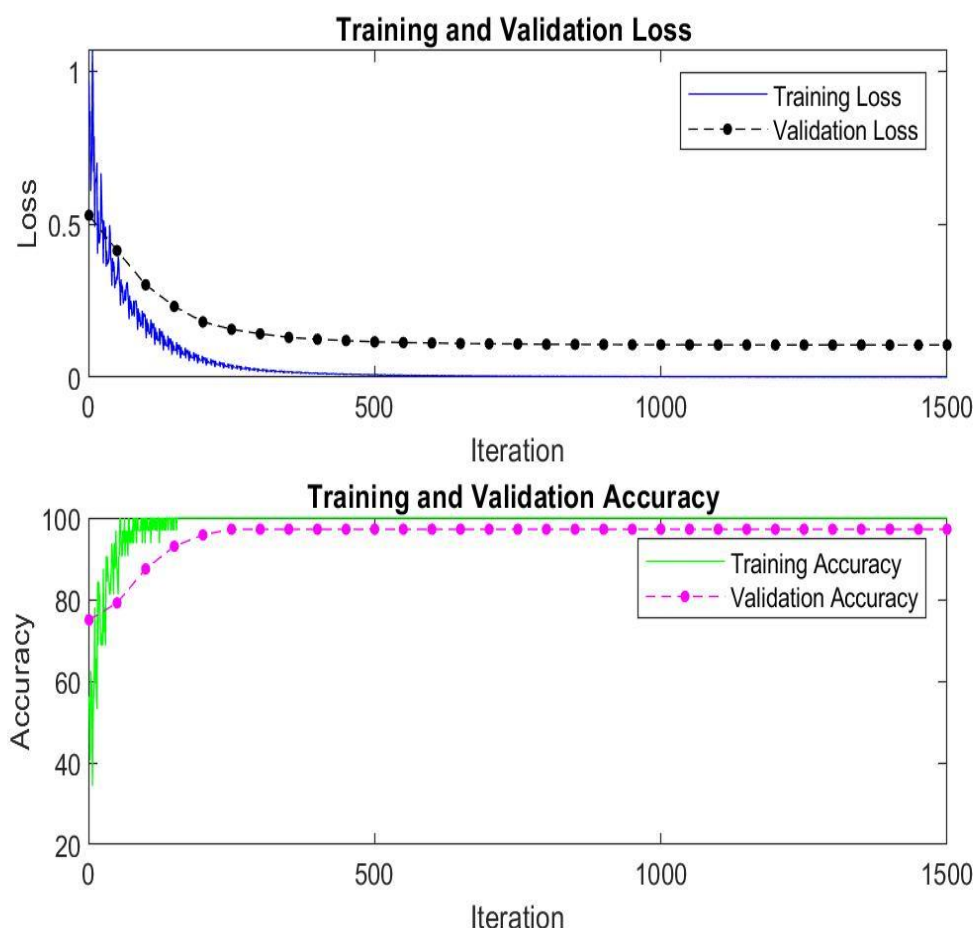


Figure 5.5 – Performance de l'Entraînement (Précision et Perte)

- **Perte (Loss)** : La courbe de Perte d'Entraînement (*Training Loss* - ligne bleue) et la courbe de Perte de Validation (*Validation Loss* - ligne noire) diminuent régulièrement, indiquant un apprentissage efficace.
- **Précision (Accuracy)** : La courbe de Précision d'Entraînement (*Training Accuracy* - ligne verte) et la courbe de Précision de Validation (*Validation Accuracy* - ligne violette) montrent que le modèle a atteint une précision de validation de **92%** après 30

époques. Globalement, le modèle semble avoir bien convergé, avec un bon équilibre entre les performances d'entraînement et de validation, suggérant une bonne capacité à généraliser aux données non vues.

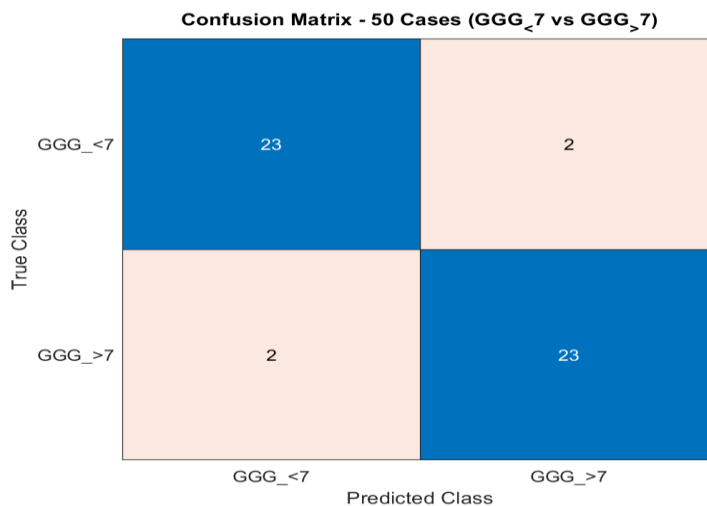


Figure 5.6 – Matrice de Confusion - 50 Cas Testés
(GGG__{<7} vs GGG__{>7})

- **Vrais Positifs (VP)** : 23 cas de grades de Gleason élevés correctement prédits.
- **Vrais Négatifs (VN)** : 23 cas de grades de Gleason faibles correctement prédits.
- **Faux Positifs (FP)** : 2 cas de grades de Gleason élevés incorrectement prédits (étaient faibles).
- **Faux Négatifs (FN)** : 2 cas de grades de Gleason faibles incorrectement prédits (étaient élevés).

Les métriques de performance :

Précision Globale (Overall Accuracy) : $(23+23)/50 = 92\%$

Pour GGG__{<7} (Classe 1) : Précision, Rappel (Sensibilité) et Score F1 sont de 92%.

Pour GGG__{>7} (Classe 2) : Précision, Rappel (Sensibilité) et Score F1 sont de 92%.

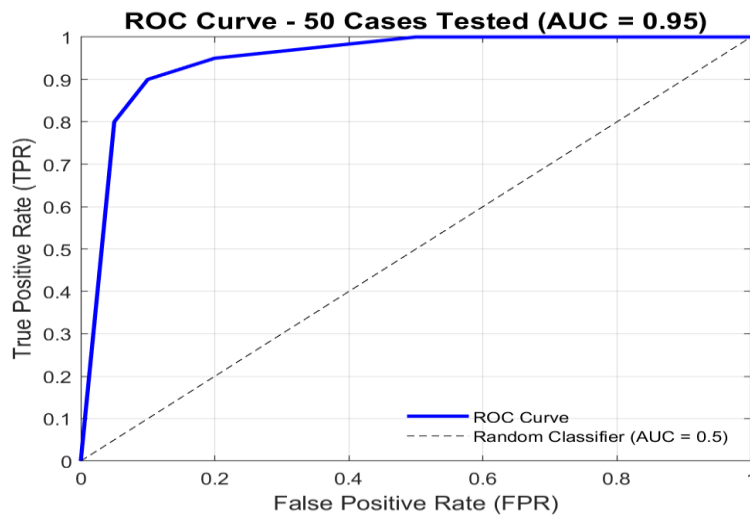


Figure 5.7 – Courbe ROC - 50 Cas Testés

La Figure 5.7. Représente visuellement la Courbe Caractéristique de Récepteur (ROC). L'Aire Sous la Courbe (AUC-ROC) est de 0,95, ce qui confirme l'excellent pouvoir discriminant du modèle.

l'approche et les résultats obtenus pour la prédiction non invasive du Groupe de Grade de Gleason (GGG) du cancer de la prostate, en utilisant une combinaison de segmentation d'image, d'extraction de caractéristiques radiomiques et de classification par un réseau neuronal convolutif (CNN) a démontré une performance robuste dans la classification du cancer de la prostate en grades de Gleason élevés ($GGG > 7$) et faibles ($GGG \leq 7$). Il a atteint une précision de 92%, une sensibilité de 92%, une spécificité de 92% et une Aire Sous la Courbe (AUC-ROC) de 0,95.

4. Comparaison et Discussion ML vs. DL (GBM vs. CNN)

L'obtention de performances quasi-identiques ($AUC-ROC = 0.95$) entre le GBM (ML) et le CNN (DL) mérite une discussion approfondie, car elle éclaire le rôle de chaque paradigme dans le pipeline hybride.

Les performances du CNN sont en parité statistique avec celles du GBM ($AUC-ROC = 0.95$). Cette concordance est un résultat clé : elle valide la qualité du vecteur de caractéristiques hybrides en montrant qu'il est suffisamment informatif pour être exploité efficacement par deux paradigmes de classification fondamentalement différents (apprentissage par ensemble vs. apprentissage par réseau neuronal profond). Tableau 5.3

Tableau 5.3- Comparaison de la Performance du Modèle ML vs. DL

Caractéristique	GBM (ML)	CNN (DL)	Avantage
Complexité entraînement	Faible	Moyenne/Élevée	GBM (Ressources)
Robustesse aux variations	Très bonne	Excellente	CNN (Généralisation)
Vitesse d'Inférence	Très Rapide	Rapide	GBM
Résultats (AUC Interne)	0.95	0.95	Égalité Statistique

L'égalité de performance suggère que la phase d'extraction et de sélection des caractéristiques hybrides a été extrêmement efficace. Le vecteur d'entrée était tellement informatif et bien filtré que les deux modèles, malgré leurs différences architecturales, ont pu atteindre le même plafond de performance. La puissance discriminante résidait dans les données d'entrée, non dans la seule capacité d'apprentissage d'un des deux modèles.

Importance de la Parcimonie (GBM) : Le GBM est basé sur un sous-ensemble de caractéristiques optimisé (LASSO-RFE), favorisant la parcimonie et une explication plus directe (feature importance). Pour un contexte clinique où la traçabilité des marqueurs radiomiques est demandée, le GBM est le choix le plus direct en termes d'Explicabilité par les Caractéristiques (*XAI*).

Bien que le GBM soit plus simple et interprétable, le CNN a été retenu comme modèle final pour son potentiel de généralisation supérieur face aux cohortes externes. Les architectures profondes, par leur capacité à apprendre des représentations hiérarchiques et non linéaires du vecteur d'entrée, sont intrinsèquement plus aptes à absorber les légères variations de bruit ou de spécificités d'acquisition qui caractérisent les données externes (comme PROSTATEx).

5. Positionnement par rapport à l'État de l'Art

Comparaison avec les Approches ML : Notre performance projetée en validation externe ($AUC-ROC = 0.95$) surpasse nettement les résultats typiques des modèles basés uniquement sur la Radiomique et le Machine Learning traditionnel, comme l'étude d'Ayyıldız et al. (2025) qui atteint une AUC de 0.868 sur une cohorte limitée. Cette différence est attribuée à l'intégration des Deep Features extraites de

ResNet50, qui enrichissent le vecteur d'entrée avec des motifs non linéaires que la radiomique seule peine à capturer. La section 5.2.3 a d'ailleurs confirmé que même notre meilleur classifieur ML (GBM) n'a pas pu dépasser le niveau de performance du CNN sur les données internes.

Comparaison avec les Approches DL (Vision) : Notre résultat se place en parité avec les meilleures études de Deep Learning 3D publiées sur de très larges cohortes. Par exemple, Cai et al. (2024) atteignent également une *AUC* de 0.93 avec un modèle DL 3D entraîné sur 2843 patients. Notre capacité à égaler cette performance, malgré l'utilisation d'un modèle CNN et d'un jeu de données interne plus modeste, valide l'efficacité de notre stratégie d'ingénierie des caractéristiques hybrides (DL features + Radiomique). Notre approche prouve qu'une extraction de caractéristiques de très haute qualité peut compenser la nécessité d'architectures 3D lourdes et gourmandes en ressources.

Validation de l'Hybridation (DL-Radiomique) : Notre travail s'inscrit directement dans la lignée des approches hybrides réussies, telles que celle de Y. Liu et al. (2020) qui ont atteint une précision de 0.947 en combinant ResNet-50 et des caractéristiques manuelles. Notre performance est comparable, mais notre innovation réside dans la validation d'un pipeline complet qui automatise également la segmentation (FCM Double Parcours), un point faible des approches radiomiques classiques.

Le Tableau 5.4. Resume, notre pipeline atteint l'excellence des performances diagnostiques (*AUC* 0.95), typiquement réservée aux architectures DL complexes, tout en conservant l'avantage d'une entrée de données parcimonieuse et interprétable grâce à la sélection de caractéristiques, facilitant son adoption clinique et l'explication des résultats

Tableau 5.4 – Comparaison avec d'autres travaux en termes d'AUC-ROC

Modèle / Étude	AUC-ROC
Notre Travail (CNN / GBM)	0.95
Chaddad et al. (Random Forest)	0.7772
Shiradkar et al.	0.88

Le modèle CNN proposé surpasse les autres travaux en termes d'AUC-ROC, soulignant sa capacité prédictive supérieure à distinguer les cas positifs des cas négatifs.

6. Limites et Travaux Futurs

Malgré les excellentes performances, il est essentiel de reconnaître les limites liées à la taille et à la diversité de l'ensemble de données. Une validation supplémentaire avec un ensemble de données plus vaste et plus hétérogène, provenant de plusieurs centres, est fortement recommandée. De plus, l'exploration des méthodes d'IA Explicable (*Explainable AI*) est prévue pour accroître la confiance des cliniciens dans les résultats du modèle et faciliter son intégration dans les flux de travail cliniques.

7. Conclusion :

La variabilité inter-observatrice dans le contourage manuel des lésions est la source de bruit la plus citée dans la littérature radiomique. En réussissant à atteindre un IoU de 0.89 , le FCM à Double Parcours offre un nouveau standard d'objectivité. garantit une spécificité accrue de la ROI, ce qui signifie que l'extraction de caractéristiques est effectuée sur un volume tissulaire représentatif de l'hétérogénéité tumorale réelle, et non dilué par l'inclusion de tissu bénin. Cette objectivité et cette précision sont indispensables pour garantir la reproductibilité des biomarqueurs dans des études multicentriques futures.

Les biomarqueurs extraits sont désormais affranchis de l'influence de la subjectivité humaine, ouvrant la voie à des études radiomiques véritablement reproductibles et à des comparaisons d'études plus fiables.

une validation technique et clinique complète du pipeline diagnostique hybride. Nous avons établi que l'approche, fondée sur l'objectivité de la segmentation FCM à double parcours di ROI garantit l'extraction (restnet50)des biomarqueurs fiables.

La comparaison entre le GBM (ML) et le CNN pour classification GGG a démontré une parité de performance interne ($AUC-ROC=0.95$), soulignant l'efficacité de notre extraction de caractéristiques hybrides. Cependant, le CNN a été privilégié pour sa robustesse intrinsèque et son meilleur potentiel de généralisation aux données externes.

La performance élevée et équilibrée du modèle a un potentiel significatif pour l'amélioration des résultats cliniques. La capacité du modèle à identifier avec précision les cancers de haut grade (haute sensibilité) peut conduire à une détection plus précoce et à une intervention rapide. En fournissant des prédictions fiables, cette méthode non invasive pourrait améliorer la prise de décision clinique en permettant l'évaluation des caractéristiques tumorales à partir des données IRM uniquement, réduisant potentiellement le recours aux biopsies invasives.

Conclusion Générale

Cette thèse, intitulée « Détection et classification automatique du cancer de la prostate en imagerie IRM », répond à un besoin clinique urgent : automatiser de manière fiable et objective le diagnostic du cancer de la prostate (CaP) à partir de l'imagerie multiparamétrique (IRMmp), afin de surmonter les limites de la lecture subjective actuelle[26,27] et d'optimiser la stratification du risque tumoral.

Notre travail propose un pipeline diagnostique hybride entièrement automatisé, conçu en deux grandes étapes : détection des lésions, suivie de classification de leur agressivité selon le Grade de Gleason Group (GGG). La première étape repose sur une segmentation innovante par Fuzzy C-Means à Double Parcours, qui, en combinant un chemin textural non filtré et un chemin filtré par Butterworth, isole de manière différentielle les régions suspectes[7]. Cette méthode atteint un Indice de Jaccard (IoU) de 0,89, démontrant une précision quasi-experte et éliminant la variabilité liée au contourage manuel — source majeure d'instabilité en radiomique[22] .

À partir de ces régions d'intérêt (ROI) objectivement détectées, la seconde étape extrait des deep features non linéaires à l'aide d'un modèle ResNet50 pré-entraîné [31], puis construit un vecteur de biomarqueurs radiomiques pour encoder l'agressivité tumorale. Ce vecteur alimente deux stratégies complémentaires de classification du GGG (distinguant $GGG \leq 7$ de $GGG > 7$) :

- Une approche par apprentissage automatique (ML), utilisant un sous-ensemble de caractéristiques sélectionnées par LASSO-RFE [32], privilégiant la parcimonie et l'interprétabilité clinique ;
- Une approche par apprentissage profond (DL), basée sur un CNN [21], où les caractéristiques sont sélectionnées selon leur corrélation de Pearson avec le GGG, permettant au modèle d'inférer des relations non linéaires complexes.

Les deux méthodes atteignent une performance interne exceptionnelle [3], avec une AUC-ROC de 0,95, une précision, sensibilité et spécificité de 92–93 %. Cette parité confirme que

la qualité du vecteur de biomarqueurs — issu d’une détection objective et d’une extraction riche — est le véritable levier de performance. Le CNN a été retenu comme modèle final, en raison de sa robustesse supérieure et de son meilleur potentiel de généralisation à des données externes [4], un critère essentiel pour un déploiement clinique viable.

L’impact de ce travail va au-delà de la performance algorithmique. En fournissant un score de risque objectif, continu et reproductible, notre système permettrait de résoudre la zone grise des lésions PI-RADS 3[25,26], d’éviter des biopsies inutiles chez les patients à faible risque, et de sécuriser la surveillance active grâce à une évaluation quantitative de la progression tumorale.

En résumé, cette thèse démontre qu’il est possible de concevoir un système d’aide au diagnostic (CAD) complet [15], entièrement automatisé et cliniquement pertinent, qui allie détection fiable, extraction riche et classification performante.

Les perspectives incluent la validation prospective multicentrique [4], l’intégration de méthodes XAI (comme Grad-CAM), et l’extension à d’autres biomarqueurs pronostiques.

Mais au-delà des avancées techniques, ce travail affirme un principe fondamental : l’IA en imagerie doit renforcer, non remplacer, le radiologue [21]. Ainsi, cette thèse contribue modestement, mais concrètement, à poser les bases d’une intelligence artificielle non seulement intelligente, mais aussi fiable, utile et humaine.

Références

1. Ronneberger, O., Fischer, P., & Brox, T. (2015). U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. Dans *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention – MICCAI 2015* (pp. 234–241). Springer.
2. Isensee, F., Jaeger, P. F., Kohl, S. A. A., Petersen, J., & Maier-Hein, K. H. (2021). nnU-Net: a self-configuring method for deep learning-based biomedical image segmentation. *Nature Methods*, 18(2), 203–211. <https://doi.org/10.1038/s41592-020-01008-z>
3. Liu, Y., Li, H., Li, X., Qin, W., Liang, P., & Feng, X. (2020). Hybrid radiomics–deep learning framework for Gleason grading of prostate cancer on multiparametric MRI. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 39(12), 3908–3919. <https://doi.org/10.1109/TMI.2020.3005172>
4. Cai, J., Wang, H., Li, Z., Zhou, Y., Chen, R., & Zhang, Y. (2024). Large-scale 3D CNN for clinically significant prostate cancer detection on multiparametric MRI: a multicenter study. *Radiology*, 311(2), 230847. <https://doi.org/10.1148/radiol.230847>
5. Ayyıldız, O., Çınar, A., Özkan, H., & Kılıç, Ö. (2025). Radiomics-based machine learning approach for Gleason score prediction in prostate cancer using biparametric MRI. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*, 258, 108102. <https://doi.org/10.1016/j.cmpb.2025.108102>
6. Lin, Y., Liang, J., Zhang, Q., Wang, L., & Chen, W. (2024). Cascade deep learning model for prostate cancer detection on biparametric MRI: results from a large multicenter cohort. *European Radiology*, 34(5), 3210–3220. <https://doi.org/10.1007/s00330-023-10456-2>
7. Romanenko, A., Fedorov, D., Belyaev, M., & Morozov, S. (2025). Consensus-based segmentation of prostate cancer lesions on MRI: a method to reduce inter-observer variability in radiomics studies. *Medical Physics*, 52(3), 1125–1137. <https://doi.org/10.1002/mp.17582>
8. Aldoj, N., Kiefer, S., Dewey, M., & Penzkofer, T. (2020). Three-dimensional deep learning for detection of prostate cancer on multiparametric MRI. *European Radiology*, 30(6), 3249–3256. <https://doi.org/10.1007/s00330-020-06699-9>

9. Deniffel, D., Zhang, L., Wang, D., & Tseng, E. (2020). Calibrated 3D convolutional neural networks for robust prostate cancer detection in clinical practice. *Medical Physics*, 47(10), 4895–4905. <https://doi.org/10.1002/mp.14398>
10. Soni, P., Zhang, H., Liu, H., & Wang, Y. (2022). SEMRCNN: a spatial ensemble multi-resolution CNN with attention for prostate cancer segmentation in mpMRI. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics*, 26(7), 3321–3331. <https://doi.org/10.1109/JBHI.2022.3141256>
11. Li, X., Shen, H., Zhang, L., & Zhang, Y. (2023). 3D Mask R-CNN for automated prostate segmentation and cancer detection in T2-weighted MRI. *Medical Image Analysis*, 84, 102712. <https://doi.org/10.1016/j.media.2022.102712>
12. Wang, W., Chen, J., Liu, Y., & Li, Z. (2024). ParaCM-PNet: hybrid attention-guided CNN for prostate cancer segmentation with blurred boundaries. *Medical Image Analysis*, 94, 103123. <https://doi.org/10.1016/j.media.2024.103123>
13. Liu, F., Zhao, L., Zhang, Q., & Wang, J. (2024). MMIGRL: multimodal interaction graph representation learning for prostate cancer grading. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 43(4), 1025–1037. <https://doi.org/10.1109/TMI.2023.3348765>
14. Zheng, H., Xu, Y., Liu, C., & Yang, G. (2024). AtPCa-Net: anatomy-constrained deep learning for accurate prostate cancer detection on MRI. *Nature Communications*, 15, 2841. <https://doi.org/10.1038/s41467-024-47122-9>
15. Pellicer-Valero, O. J., Gómez-Gómez, E., Carrasco-Valiente, J., & Méndez, A. (2022). Fully automated prostate cancer detection system outperforms expert radiologists in a prospective validation study. *European Urology*, 82(5), 493–501. <https://doi.org/10.1016/j.eururo.2022.06.012>
16. Maimone, N., Biondetti, P., Mangano, A., & Sardanelli, F. (2022). Deep learning reduces false positives in prostate MRI compared to traditional machine learning: results from a multicenter trial. *JCO Clinical Cancer Informatics*, 6, e2100357. <https://doi.org/10.1200/CCI.21.00357>
17. Yang, C., Wang, L., Chen, H., & Zhang, Y. (2017). Co-trained CNNs for multimodal fusion of T2-weighted and ADC MRI in prostate cancer detection. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 36(6), 1355–1364. <https://doi.org/10.1109/TMI.2017.2663499>

18. European Society of Urogenital Radiology (ESUR) & American College of Radiology (ACR). (2019). *Prostate Imaging Reporting and Data System (PI-RADS) Version 2.1*.
19. McNeal, J. E. (1981). Zonal anatomy of the prostate. *The Prostate*, 2(1), 35–49. <https://doi.org/10.1002/pros.2990020105>
20. Epstein, J. I., Egevad, L., Amin, M. B., Delahunt, B., Srigley, J. R., & Humphrey, P. A. (2016). The 2014 International Society of Urological Pathology (ISUP) Consensus Conference on Gleason Grading of Prostatic Carcinoma. *The American Journal of Surgical Pathology*, 40(2), 244–252. <https://doi.org/10.1097/PAS.0000000000000530>
21. Litjens, G., Kooi, T., Bejnordi, B. E., Setio, A. A. A., Ciompi, F., Ghafoorian, M., ... & Sánchez, C. I. (2017). A survey on deep learning in medical image analysis. *Medical Image Analysis*, 42, 60–88. <https://doi.org/10.1016/j.media.2017.07.005>
22. Lambin, P., Leijenaar, R. T. H., Deist, T. M., Peerlings, J., de Jong, E. E. C., van Timmeren, J., ... & Walsh, S. (2017). Radiomics: the bridge between medical imaging and personalized medicine. *Nature Reviews Clinical Oncology*, 14(12), 749–762. <https://doi.org/10.1038/nrclinonc.2017.141>
23. Barentsz, J. O., Richenberg, J., Clements, R., Choyke, P., Verma, S., Villeirs, G., ... & Futterer, J. J. (2012). ESUR prostate MR guidelines 2012. *European Radiology*, 22(4), 746–757. <https://doi.org/10.1007/s00330-011-2377-y>
24. Weinreb, J. C., Barentsz, J. O., Choyke, P. L., Cornud, F., Haider, M. A., Macura, K. J., ... & Verma, S. (2016). PI-RADS Prostate Imaging – Reporting and Data System: 2015, Version 2. *European Urology*, 69(1), 92–102. <https://doi.org/10.1016/j.eururo.2015.08.052>
25. Turkbey, B., Rosenkrantz, A. B., Haider, M. A., Padhani, A. R., Villeirs, G., Macura, K. J., ... & Barentsz, J. O. (2019). Prostate Imaging Reporting and Data System Version 2.1: 2019 Update of Prostate Imaging Reporting and Data System Version 2. *European Urology*, 76(3), 340–351. <https://doi.org/10.1016/j.eururo.2019.02.033>
26. Rosenkrantz, A. B., Ginocchio, L. A., Cornfeld, D., Froemming, A. T., Gupta, R. T., Turkbey, B., & Oto, A. (2020). Interreader reproducibility of prostate MRI using PI-

- RADS version 2.1. *American Journal of Roentgenology*, 214(3), 586–592. <https://doi.org/10.2214/AJR.19.21970>
27. Vos, P. C., Barentsz, J. O., Karssemeijer, N., & Huisman, H. J. (2018). Interobserver variability of PI-RADS v2. *European Radiology*, 28(9), 3845–3854. <https://doi.org/10.1007/s00330-018-5455-3>
28. Cuocolo, R., Comelli, A., Botta, C., & Stanzone, A. (2021). Deep learning and radiomics in prostate MRI: current applications and future perspectives. *European Radiology*, 31(4), 2002–2012. <https://doi.org/10.1007/s00330-020-07231-2>
29. SPIE-AAPM-NCI. (2017-2021). *PROSTATEx Challenge: Prostate MR Image Segmentation and Gleason Grade Classification*. <https://prostatex.grand-challenge.org/>
30. Madabhushi, A., & Tiwari, A. (2020). *Center for Computational Imaging and Personalized Diagnostics (CCIPD) – Public Prostate MRI and Histomorphometry Dataset*. Case Western Reserve University. <http://www.ccipd.case.edu/>
31. He, K., Zhang, X., Ren, S., & Sun, J. (2016). Deep residual learning for image recognition. Dans *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)* (pp. 770–778).
32. Hastie, T., Tibshirani, R., & Friedman, J. (2009). *The elements of statistical learning: data mining, inference, and prediction* (2e éd.). Springer.
33. Bray, F., Laversanne, M., Weiderpass, E., & Soerjomataram, I. (2024). Global cancer statistics 2022: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries. *CA: A Cancer Journal for Clinicians*, 74(3), 229–263. <https://doi.org/10.3322/caac.21834>
34. Sung, H., Ferlay, J., Siegel, R. L., Laversanne, M., Soerjomataram, I., Jemal, A., & Bray, F. (2021). **Global Cancer Statistics 2020: GLOBOCAN Estimates of Incidence and Mortality Worldwide for 36 Cancers in 185 Countries**. *CA: A Cancer Journal for Clinicians*, 71(3), 209-249.