

الجمهورية
الجزائرية
الديمقراطية الشعبية

REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE

وزارة

التعليم العالي والبحث العلمي

Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique

جامعة أبي بكر بلقايد - تلمسان

Université Aboubakr Belkaïd – Tlemcen –
Faculté de TECHNOLOGIE



MEMOIRE

Présenté pour l'obtention du diplôme de MASTER

En: Automatique

Spécialité: Automatique et Informatique Industrielle

Par:

Bekkar Anas Rayane & Chermitti Salah Eddine

Thème

***Approche par réseaux de neurones convolutifs
pour le diagnostic de tumeurs cérébrales***

Soutenu publiquement, le / / , devant le jury composé de:

Mme Saidi Farah	MCB	Université de Tlemcen	Présidente
Mme Kelkoul Bahia	MCB	Université de Tlemcen	Examinatrice
Mme Benrezzak Nawel	MAA	Université de Tlemcen	Encadrante

Année Universitaire: 2025/2026

DEDICACE

*À **ma mère**, source d'amour et de sacrifice,*

*À **mon père**, modèle de force et de bienveillance,*

*À **ma sœur**, ma complice et mon soutien de chaque instant,*

*À **mon frère**, pour sa présence et son encouragement,*

*À **mon binôme Salah Eddine CHERMITTI**, pour son sérieux, sa bonne*

humeur et notre belle complicité tout au long de ce travail.

Ce mémoire est aussi le vôtre.

Anas Rayane BEKKAR

DEDICACE

Je dédie ce travail avec tout mon cœur :

- *À **ma mère** et **mon père**, pour tout ce qu'ils m'ont donné sans rien attendre en retour,*
- *À **mes sœurs** et **mon frère**, pour leur amour et leur présence réconfortante,*
- *À **mon binôme Anas Rayane BEKKAR**, pour sa bonne humeur, son sérieux et notre belle*
complicité.

Sans vous, rien de tout cela n'aurait la même valeur.

Salah Eddine CHERMITTI

REMERCIEMENTS

On tient à exprimer notre profonde gratitude à **Madame Beldjilali.N**, notre encadrante, pour sa disponibilité, ses conseils avisés et son accompagnement précieux tout au long de ce travail.

On remercie sincèrement **Madame Saidi.F** d'avoir accepté la présidence de ce jury, ainsi que **Madame Kelkoul.B** pour l'honneur qu'elle nous fait en examinant ce mémoire.

Nos remerciements s'adressent également à l'ensemble du **staff d'enseignants de la Faculté de Technologie** pour la qualité de leur formation et leur bienveillance.

Que chacun trouve ici l'expression de notre reconnaissance et de notre respect

Table des matières

Liste des figures	4
Liste des tableaux	5
Introduction générale	6
1 Les tumeurs cérébrales et l'imagerie par résonance magnétique	8
1.1 Introduction.....	8
1.2 Anatomie du système nerveux central	8
1.2.1 Organisation générale.....	8
1.2.2 L'encéphale.....	9
1.2.3 Tissus cérébraux	10
1.2.4 Liquide céphalo-rachidien.....	11
1.3 Les tumeurs cérébrales : définitions et classifications.....	11
1.3.1 Définition générale.....	11
1.3.2 Tumeurs primitives et tumeurs secondaires.....	11
1.3.3 Principales tumeurs cérébrales primitives.....	11
1.3.4 Classification histologique et grading.....	12
1.4 Épidémiologie des tumeurs cérébrales.....	13
1.4.1 Données internationales	13
1.4.2 Données en Algérie.....	13
1.4.3 Facteurs de risque et pronostiques.....	14
1.5 Symptomatologie des tumeurs cérébrales	14
1.5.1 Signes d'hypertension intracrânienne.....	14
1.5.2 Signes focaux.....	14
1.6 Imagerie par résonance magnétique (IRM).....	14
1.6.1 Principes physiques fondamentaux.....	14
1.6.2 Séquences d'IRM : T1, T2, TR et TE.....	15
1.6.3 Séquences avancées.....	17
1.6.4 Plans de coupe en IRM cérébrale	17
1.7 Sémiologie IRM des tumeurs cérébrales.....	18
1.7.1 Critères diagnostiques.....	18
1.7.2 Aspects IRM caractéristiques	18
1.7.3 Limites du diagnostic manuel et apport de l'intelligence artificielle .	20
1.8 Place de l'IRM dans la prise en charge des tumeurs cérébrales.....	21
1.9 Base de données BRISC 2025.....	21
1.9.1 Caractéristiques de la base	21

1.9.2	Intérêt pour le deep learning	22
1.10	Conclusion	22
2	Segmentation et classification des tumeurs- cérébrales	23
2.1	Introduction générale.....	23
2.2	L'intelligence artificielle : concepts fondamentaux	23
2.2.1	Définition et typologie de l'IA	23
2.2.2	Apprentissage automatique (Machine Learning).....	24
2.2.3	Apprentissage profond (Deep Learning).....	24
2.3	Réseaux de neurones convolutifs : principes fondamentaux	24
2.3.1	Le neurone artificiel : unité de calcul élémentaire.....	24
2.3.2	Fonctions d'activation	25
2.3.3	Opération de convolution	26
2.3.4	Pooling et Dropout	26
2.3.5	Rétropropagation du gradient.....	27
2.4	U-Net : architecture de référence pour la segmentation d'images biomédicales	28
2.4.1	Conception spécifique à l'imagerie médicale.....	29
2.4.2	Architecture encodeur-décodeur	29
2.4.3	Connexions saut.....	29
2.4.4	Fonction de perte Dice loss	30
2.5	DenseNet121 : réseau à connexions denses pour la classification.....	30
2.5.1	Principe des connexions denses.....	30
2.5.2	Avantages architecturaux.....	31
2.5.3	Architecture de DenseNet121	31
2.5.4	Transfert d'apprentissage (Transfer Learning)	33
2.6	Métriques d'évaluation.....	35
2.6.1	Matrice de confusion	35
2.6.2	Métriques pour la segmentation.....	36
2.6.3	Métriques pour la classification.....	37
2.7	Conclusion du chapitre.....	37
3	Expérimentations et analyse des résultats	38
3.1	Introduction.....	38
3.2	Environnement de travail	38
3.2.1	Langage de programmation.....	38
3.2.2	Bibliothèques utilisées	38
3.2.3	Configuration matérielle	39
3.3	Préparation des données.....	39
3.3.1	Base de données BRISC 2025	39
3.3.2	Prétraitement des images.....	40

3.3.3	Augmentation des données.....	40
3.3.4	Partitionnement des données	40
3.4	Résultats de la classification.....	41
3.4.1	Architecture DenseNet121 mise en œuvre	41
3.4.2	Performances globales	41
3.4.3	Performances par classe	42
3.4.4	Matrice de confusion et analyse des erreurs.....	42
3.4.5	Comparaison des phases d'apprentissage	44
3.5	Résultats de la segmentation	44
3.5.1	Architecture U-Net mise en œuvre.....	44
3.5.2	Fonction de perte Dice Loss.....	44
3.5.3	Paramètres d'entraînement	45
3.5.4	Performances globales	45
3.5.5	Visualisation des résultats de segmentation.....	45
3.6	Discussion globale.....	46
3.6.1	Synthèse des performances	46
3.7	Conclusion du chapitre	47
Conclusion générale et perspectives		47
Annexe : Définitions des termes médicaux		49
Bibliographie		51

Table des figures

1.1	Schéma du système nerveux central (SNC).....	9
1.2	Schéma du système nerveux périphérique (SNP)	9
1.3	Organisation du système nerveux.....	9
1.4	Schéma du cerveau avec lobes (frontal, pariétal, temporal, occipital)	10
1.5	Coupe du cerveau montrant substance grise et substance blanche.....	10
1.6	Schématique d'un appareil IRM tunnel	15
1.7	Comparaison IRM cérébrale : pondération T1 vs T2.....	16
1.8	Illustration des trois plans de coupe (axial, sagittal, coronal).....	18
1.9	Image IRM d'un glioblastome (prise de contraste en anneau)	19
1.10	Image IRM d'un méningiome (prise de contraste intense).....	19
1.11	Image IRM d'une tumeur hypophysaire (localisation sellaire).....	20
2.1	Schéma mathématique d'un neurone artificiel	25
2.2	Principe de l'opération de convolution	26
2.3	Illustration du max pooling	27
2.4	Principe du dropout.....	27
2.5	Architecture de U-Net illustrant le chemin de contraction (encodeur) et le chemin d'expansion (décodeur) reliés par des connexions saut	28
2.6	Illustration d'une connexion saut (skip connection).....	30
2.7	Schéma des connexions denses dans DenseNet.....	31
2.8	Architecture complète de DenseNet121.....	32
2.9	Principe du transfert d'apprentissage appliqué à DenseNet121.....	35
2.10	Structure d'une matrice de confusion.....	36
3.1	Exemples d'images IRM de l'ensemble d'entraînement.....	40
3.2	Évolution de la fonction de perte pendant l'entraînement	41
3.3	Matrice de confusion de la classification sur l'ensemble de test.....	43
3.4	Exemples de prédictions correctes du modèle	43
3.5	Évolution du coefficient de Dice pendant l'entraînement	45
3.6	Exemple de segmentation par U-Net	46
3.7	Exemple de segmentation avec superposition du contour prédit	46

Liste des tableaux

1.1	Classification OMS des tumeurs du système nerveux central.....	13
1.2	Comparaison des pondérations T1 et T2.....	16
1.3	Plans de coupe en IRM cérébrale	17
1.4	Critères diagnostiques en IRM des tumeurs cérébrales.....	18
1.5	Aspects IRM typiques des principales tumeurs cérébrales	19
1.6	Caractéristiques de la base de données BRISC 2025	22
2.1	Typologie de l'intelligence artificielle	23
2.2	Principaux types d'apprentissage automatique.....	24
2.3	Tableau comparatif des fonctions d'activation.....	26
2.4	Architecture détaillée de DenseNet121	32
2.5	Métriques d'évaluation pour la segmentation.....	36
2.6	Métriques d'évaluation pour la classification.....	37
3.1	Récapitulatif de l'environnement logiciel	39
3.2	Configuration matérielle	39
3.3	Transformations d'augmentation appliquées.....	40
3.4	Partitionnement stratifié des données.....	41
3.5	Métriques globales de classification sur l'ensemble de test	42
3.6	Performances détaillées par classe diagnostique.....	42
3.7	Comparaison des performances entre les deux phases d'apprentissage	44
3.8	Architecture du modèle U-Net.....	44
3.9	Résultats de la segmentation U-Net	45
3.10	Synthèse des performances des deux modèles.....	47

Introduction générale

Les tumeurs cérébrales représentent une pathologie particulièrement grave du système nerveux central, en raison de leur impact potentiel sur les fonctions neurologiques essentielles et sur le pronostic vital du patient. Leur détection précoce constitue un enjeu majeur en imagerie médicale, car elle conditionne en grande partie la prise en charge thérapeutique et l'évolution clinique. L'imagerie par résonance magnétique (IRM) demeure aujourd'hui l'un des outils les plus utilisés pour l'exploration du cerveau, grâce à sa capacité à fournir des images détaillées des structures anatomiques et des lésions pathologiques. Cependant, l'interprétation des images IRM repose sur une expertise radiologique importante, et peut s'avérer difficile lorsque les tumeurs présentent des caractéristiques proches ou peu marquées.

Dans ce contexte, l'intelligence artificielle, et plus particulièrement l'apprentissage profond, offre des perspectives prometteuses pour améliorer l'aide au diagnostic. Les réseaux de neurones convolutionnels permettent en effet d'extraire automatiquement des caractéristiques pertinentes à partir d'images médicales, avec des performances souvent supérieures aux méthodes classiques dans les tâches de classification et de segmentation. Parmi les architectures les plus adaptées à ces problèmes, DenseNet121 se distingue par son efficacité dans l'extraction de caractéristiques discriminantes, tandis que U-Net constitue une référence dans la segmentation d'images biomédicales.

Ce mémoire s'inscrit dans cette dynamique et propose une approche basée sur l'apprentissage profond pour la classification et la segmentation des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM. L'objectif principal est, d'une part, de classer automatiquement les images en plusieurs catégories diagnostiques, à savoir gliome, méningiome, tumeur hypophysaire et absence de tumeur, et d'autre part, de segmenter les régions tumorales avec précision au niveau pixel. Pour atteindre cet objectif, une base d'images IRM a été exploitée, puis soumise à différentes étapes de prétraitement, d'augmentation et de partitionnement afin d'optimiser l'apprentissage des modèles retenus.

Ce mémoire est structuré en trois chapitres principaux, précédés d'une introduction générale et suivis d'une conclusion générale. Le premier chapitre est consacré aux généralités sur les tumeurs cérébrales et à l'imagerie médicale, en présentant les notions anatomiques et cliniques nécessaires à la compréhension du sujet. Le deuxième chapitre porte sur les fondements théoriques de l'apprentissage profond, avec un focus sur les architectures convolutionnelles utilisées dans ce travail, notamment DenseNet121 et U-Net. Le troisième chapitre présente la démarche expérimentale, les étapes de mise en œuvre, les résultats obtenus ainsi que leur interprétation à l'aide des métriques d'évaluation adaptées. Enfin, la conclusion générale dresse un bilan des apports du travail et ouvre des perspectives d'amélioration pour des recherches futures.

Ainsi, ce mémoire vise à montrer l'intérêt des approches d'intelligence artificielle dans l'analyse des images IRM cérébrales, tout en soulignant leurs limites et les conditions nécessaires à leur amélioration dans un cadre d'application clinique.

1 Les tumeurs cérébrales et l'imagerie par résonance magnétique

1.1 Introduction

Les tumeurs cérébrales constituent l'une des pathologies les plus complexes en neurologie et en oncologie. Leur diagnostic précoce et leur prise en charge thérapeutique reposent sur une connaissance approfondie de l'anatomie cérébrale, des classifications histologiques et des techniques d'imagerie avancées. L'imagerie par résonance magnétique (IRM) s'est imposée comme la modalité d'imagerie de référence pour l'exploration des pathologies intracrâniennes, en raison de sa capacité à fournir des images de haute résolution des tissus mous sans recours aux rayonnements ionisants [1]. Ce chapitre présente les éléments fondamentaux de l'anatomie du système nerveux central, la classification et les caractéristiques des principales tumeurs cérébrales, ainsi que les principes physiques et les applications cliniques de l'IRM dans leur diagnostic.

1.2 Anatomie du système nerveux central

1.2.1 Organisation générale

Le système nerveux est un réseau complexe de cellules nerveuses (neurones) et de fibres assurant la transmission des signaux entre le cerveau, la moelle épinière et les différentes parties de l'organisme. Il se divise en deux entités anatomiques distinctes : le système nerveux central (SNC) et le système nerveux périphérique (SNP) [7].

Le **système nerveux central** comprend l'encéphale et la moelle épinière. Il est protégé par les méninges (*voir annexe, définition*) ainsi que par le liquide céphalo-rachidien (LCR), qui assure des fonctions de protection mécanique et immunitaire [7].

Le **système nerveux périphérique** est constitué des nerfs qui assurent la transmission des messages entre la moelle épinière et la périphérie du corps, incluant les membres et les viscères.

La figure 1.3 illustre l'organisation de ces deux entités.

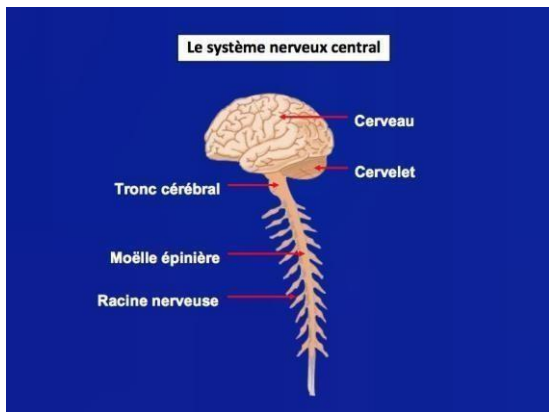


FIGURE 1.1 – Schéma du système nerveux central (SNC)

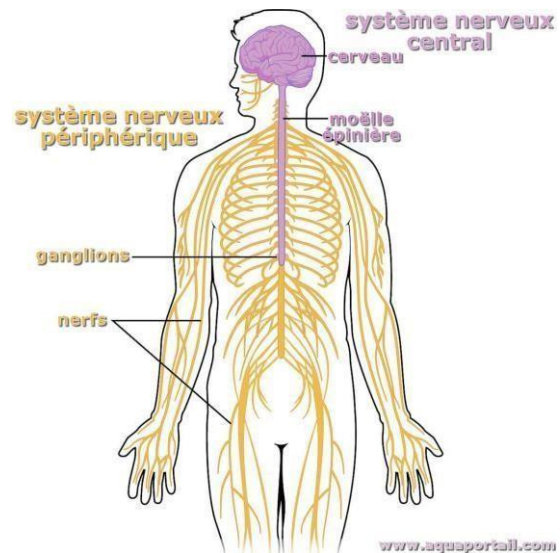


FIGURE 1.2 – Schéma du système nerveux périphérique (SNP)

FIGURE 1.3 – Organisation du système nerveux

1.2.2 L'encéphale

L'encéphale, contenu dans la boîte crânienne, contrôle l'ensemble des fonctions de l'organisme : perception sensorielle, motricité, cognition, langage et mémoire. Il est composé de trois structures principales :

- **Le cerveau** : divisé en deux hémisphères (droit et gauche) reliés par le corps callosus. Chaque hémisphère contrôle la motricité et la sensibilité du côté controlatéral du corps. Les hémisphères sont subdivisés en lobes (frontal, pariétal, temporal, occipital) associés à des fonctions spécifiques [7].
- **Le cervelet** : situé en arrière du cerveau, sous les hémisphères occipitaux, il est impliqué dans la coordination motrice, l'équilibre et l'apprentissage procédural.
- **Le tronc cérébral** : structure de passage entre le cerveau, le cervelet et la moelle épinière. Il assure des fonctions vitales telles que la régulation de la respiration, du rythme cardiaque et de l'état de vigilance [7].

Comme le montre la figure 1.4, le cerveau est divisé en plusieurs lobes spécialisés.

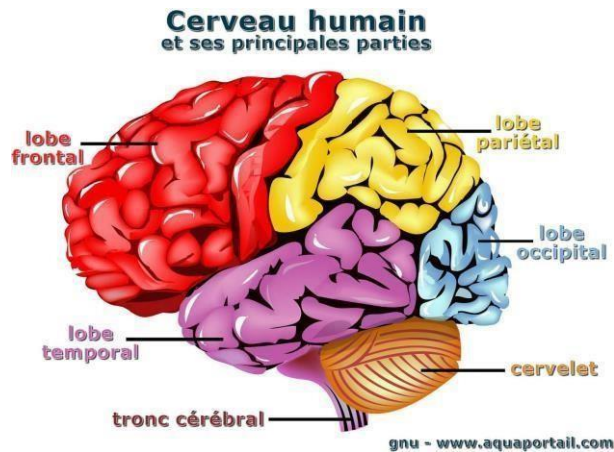


FIGURE 1.4 – Schéma du cerveau avec lobes (frontal, pariétal, temporal, occipital)

1.2.3 Tissus cérébraux

Le parenchyme cérébral est composé de deux types de tissus aux propriétés distinctes [7] :

- **La substance grise** (matière grise) est constituée principalement des corps cellulaires des neurones, des dendrites et des cellules gliales (*voir annexe*). Elle forme le cortex cérébral (couche superficielle) ainsi que les noyaux gris centraux.
- **La substance blanche** (matière blanche) est composée d'axones myélinisés qui assurent les connexions entre les différentes régions corticales et sous-corticales. La myéline, gaine lipidique entourant les axones, confère à ce tissu son aspect blanchâtre.

La figure 1.5 illustre la répartition de ces deux types de tissus.

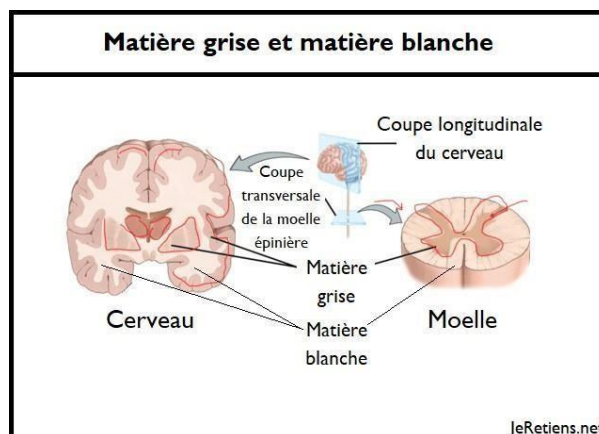


FIGURE 1.5 – Coupe du cerveau montrant substance grise et substance blanche

1.2.4 Liquide céphalo-rachidien

Le liquide céphalo-rachidien (LCR) est un liquide clair qui baigne l'encéphale et la moelle épinière. D'un volume moyen de 150 mL, il est continuellement renouvelé. Ses principales fonctions sont [7] :

- Une fonction de protection mécanique par amortissement des chocs
- Une fonction de protection immunitaire via la présence de médiateurs de l'immunité
- Une fonction de transport de certaines hormones et nutriments

1.3 Les tumeurs cérébrales : définitions et classifications

1.3.1 Définition générale

Une tumeur cérébrale est définie comme une prolifération anormale et incontrôlée de cellules au sein du système nerveux central. Les tumeurs sont classées selon leur origine histologique (c'est-à-dire l'étude des tissus au microscope) ainsi que selon leur potentiel évolutif, c'est-à-dire leur capacité à se développer et à envahir les tissus voisins.

1.3.2 Tumeurs primitives et tumeurs secondaires

Les tumeurs primitives naissent directement dans le cerveau à partir de ses propres cellules (neurones, cellules gliales (*voir annexe*), méninges (*voir annexe, définition*)). Elles représentent environ 1,4% de l'ensemble des cancers. Elles peuvent être bénignes (deux tiers des cas) ou malignes. Leur localisation dans des zones fonctionnelles clés peut entraîner des symptômes neurologiques graves, indépendamment de leur caractère bénin ou malin [7].

Les tumeurs secondaires (ou métastases cérébrales) proviennent de cellules cancéreuses issues d'un cancer primitif situé ailleurs dans l'organisme (poumon, sein, rein, mélanome (*voir annexe*)). Elles migrent par voie hématogène pour s'implanter dans le parenchyme cérébral. Les métastases cérébrales sont plus fréquentes que les tumeurs primitives chez l'adulte [7].

1.3.3 Principales tumeurs cérébrales primitives

Les gliomes

Les gliomes sont les tumeurs primitives du cerveau les plus fréquentes, représentant environ un tiers des cas. Ils naissent à partir des cellules gliales (*voir annexe*)

, qui assurent le soutien et la nutrition des neurones. On distingue plusieurs sous-types selon le type cellulaire atteint [7] :

- **Astrocytomes** : issus des astrocytes (*voir annexe*), ils peuvent être de bas grade (grade I et II) ou de haut grade (grade III anaplasique et grade IV glioblastome)
- **Oligodendrogliomes** : issus des oligodendrocytes (*voir annexe*)
- **Gliomes mixtes** : associant les deux types cellulaires

Le **glioblastome** (grade IV) constitue la forme la plus agressive des gliomes. Il représente environ 20% des tumeurs primitives cérébrales et son pronostic demeure réservé (*voir annexe*) [7].

Les méningiomes

Les méningiomes représentent environ 30% des tumeurs cérébrales primitives. Ils se développent à partir des cellules méningées (*voir annexe*), en surface du cerveau. Dans l'immense majorité des cas, il s'agit de tumeurs bénignes. Leur incidence est plus élevée chez les femmes [7].

Les tumeurs hypophysaires (adénomes pituitaires)

Les adénomes hypophysaires sont des tumeurs bénignes se développant au niveau de l'hypophyse, située à la base du crâne. Elles peuvent être sécrétantes (entraînant des syndromes endocriniens) ou non sécrétantes. Leur extension peut comprimer le chiasma optique et entraîner des troubles visuels [3].

Autres tumeurs

D'autres tumeurs primitives moins fréquentes sont également observées :

- **Médulloblastomes** : tumeurs malignes du cervelet, fréquentes chez l'enfant
- **Neurinomes (schwannomes)** : tumeurs bénignes des nerfs crâniens, notamment du nerf auditif
- **Lymphomes primitifs du SNC** : tumeurs infiltrantes touchant préférentiellement les sujets âgés ou immunodéprimés
- **Épendymomes** : tumeurs issues des cellules épendymaires bordant les ventricules[7]

1.3.4 Classification histologique et grading

La classification de l'Organisation mondiale de la santé (OMS) établit un système de grading (de I à IV) basé sur le degré de malignité des tumeurs [2]. Ce système repose sur

des critères histologiques précis : l'atypie cellulaire, l'activité mitotique, la présence de nécrose et l'angiogenèse.

Le tableau 1.1 présente les différents grades selon la classification OMS.

Grade	Caractéristiques histologiques	Exemples
Grade I	Tumeurs bénignes, croissance lente, pronostic favorable	Méningiome bénin, astrocytome pilocytique
Grade II	Tumeurs faiblement malignes, tendance à la récurrence	Astrocytome diffus, oligodendrogliome
Grade III	Tumeurs malignes, infiltration locale	Astrocytome anaplasique
Grade IV	Tumeurs très malignes, croissance rapide	Glioblastome, médulloblastome

TABLE 1.1 – Classification OMS des tumeurs du système nerveux central

Les tumeurs de grade I sont considérées comme bénignes et leur exérèse chirurgicale complète permet généralement la guérison. Les grades II, dits "de bas grade", évoluent lentement mais présentent un risque de transformation maligne à long terme. Les grades III et IV, ou "hauts grades", sont caractérisés par une prolifération rapide, un potentiel infiltrant élevé et un pronostic défavorable [7].

1.4 Épidémiologie des tumeurs cérébrales

1.4.1 Données internationales

En France, environ 5 000 nouveaux cas de tumeurs cérébrales primitives sont diagnostiqués chaque année, soit 1,4% de l'ensemble des cancers. Les hommes sont plus fréquemment atteints que les femmes (sex-ratio de 1,5). L'incidence augmente avec l'âge, devenant maximale autour de 75 ans. Chez l'enfant de moins de 15 ans, on recense environ 400 cas par an, représentant près de 24% de l'ensemble des cancers pédiatriques [7].

1.4.2 Données en Algérie

En Algérie, plusieurs études épidémiologiques récentes ont permis de mieux caractériser le profil des patients atteints de tumeurs cérébrales. Une étude rétrospective menée au Centre Hospitalier Universitaire de Béjaïa entre juin 2012 et juin 2014 a inclus 210 patients. Cette étude a révélé une incidence de 11 cas pour 100 000 habitants, un chiffre plus élevé que la moyenne mondiale estimée à environ 6 cas pour 100 000 [13]. L'âge médian

des patients dans cette série était de 39 ans, significativement plus bas que l'âge médian mondial estimé à 53 ans, suggérant une apparition plus précoce des tumeurs cérébrales dans la population algérienne [13].

1.4.3 Facteurs de risque et pronostiques

Les principaux facteurs de risque identifiés dans la population algérienne sont similaires à ceux rapportés dans la littérature internationale : l'âge avancé, le sexe masculin, le grade histologique élevé de la tumeur ainsi que le type de traitement oncologique reçu [14].

1.5 Symptomatologie des tumeurs cérébrales

Les manifestations cliniques des tumeurs cérébrales dépendent de leur localisation, de leur taille et de leur rythme de croissance.

1.5.1 Signes d'hypertension intracrânienne

L'augmentation du volume intracrânien liée à la tumeur et à l'œdème péri-lésionnel peut entraîner une hypertension intracrânienne, se manifestant par des céphalées matinales, des nausées, des vomissements, des troubles de la conscience et un œdème papillaire (*voir annexe*).

1.5.2 Signes focaux

Selon la localisation de la tumeur, on observe des signes neurologiques focaux [7] :

- Troubles moteurs (paralysie, hémiparésie)
- Troubles sensitifs (hypoesthésie)
- Troubles du langage (aphasie)
- Troubles visuels (hémianopsie)
- Troubles de l'équilibre et de la coordination (syndrome cérébelleux)
- Crises d'épilepsie
- Troubles cognitifs (mémoire, attention, fonctions exécutives)

1.6 Imagerie par résonance magnétique (IRM)

1.6.1 Principes physiques fondamentaux

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une technique d'imagerie médicale non invasive utilisant un champ magnétique statique intense et des ondes radiofréquences

CHAPITRE 1. LES TUMEURS CÉRÉBRALES ET L'IMAGERIE PAR RÉSONANCE MAGNÉTIQUE

pour produire des images anatomiques de haute résolution. Contrairement à la tomodensitométrie, elle n'utilise pas de rayonnements ionisants [5].

Le corps humain, composé à 70% d'eau, permet d'exploiter les propriétés magnétiques des protons d'hydrogène. Placés dans un champ magnétique statique, ces protons s'alignent dans la direction du champ. L'application d'une impulsion radiofréquence perturbe cet alignement. À l'arrêt de l'impulsion, les protons retournent à leur état d'équilibre en libérant un signal électromagnétique, lequel est capté et converti en image [1].

La figure 1.6 présente un schéma d'un appareil IRM de type tunnel.

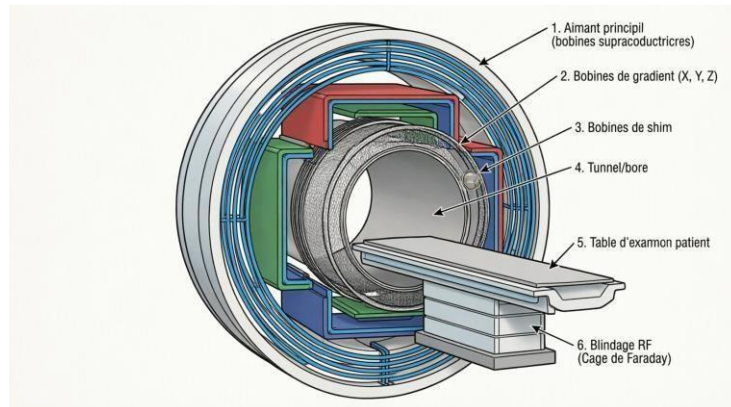


FIGURE 1.6 – Schématique d'un appareil IRM tunnel

1.6.2 Séquences d'IRM : T1, T2, TR et TE

Une séquence IRM est une combinaison spécifique d'impulsions radiofréquences et de gradients magnétiques appliquée par l'appareil d'imagerie par résonance magnétique pour obtenir des images avec des contrastes particuliers entre les différents tissus biologiques [1]. Chaque séquence est définie par des paramètres techniques réglables, notamment le temps de répétition (TR) et le temps d'écho (TE), qui déterminent la pondération finale de l'image [6].

Le contraste des images IRM dépend de deux paramètres fondamentaux [6] :

- **Pondération T1** : La pondération T1 (ou séquence T1) est obtenue en utilisant un temps de répétition (TR) court (généralement inférieur à 500 millisecondes) et un temps d'écho (TE) court (inférieur à 30 millisecondes) [1]. Dans ce type d'image, les caractéristiques de signal sont les suivantes :
 - La **graisse** apparaît **hyperintense** (blanche)
 - L'**eau** (notamment le liquide céphalo-rachidien) apparaît **hypointense** (noire)
 - Les autres tissus présentent des niveaux de gris intermédiaires

Les séquences pondérées en T1 sont particulièrement adaptées à l'**étude de l'anatomie** cérébrale et à la visualisation des structures normales [6]. Elles sont également utilisées après injection de **gadolinium** (produit de contraste paramagnétique) pour

détecter les zones de rupture de la barrière hémato-encéphalique, un signe souvent associé à l'agressivité tumorale [1]. Dans ce contexte, les tumeurs actives apparaissent hyperintenses (blanches) sur les images T1 post-contraste.

- **Pondération T2** : La pondération T2 (ou séquence T2) est obtenue en utilisant un temps de répétition (TR) long (supérieur à 1500 millisecondes) et un temps d'écho (TE) long (supérieur à 80 millisecondes) [1]. Dans ce type d'image :

- L'eau (œdème, liquide céphalo-rachidien, liquide intra-tumoral) apparaît hyperintense (blanche)
- La graisse apparaît en signal intermédiaire (gris)
- Les tissus solides apparaissent en gris plus ou moins foncé

Les séquences pondérées en T2 sont très sensibles à l'**œdème** et aux **lésions tumorales**, car la plupart des pathologies cérébrales s'accompagnent d'une augmentation locale de la teneur en eau, ce qui les rend hyperintenses sur ces images [6]. Elles constituent donc l'outil de choix pour la **détection des anomalies** en neuro-imagerie [1].

Le tableau 1.2 résume les différences entre les pondérations T1 et T2.

Caractéristique	Pondération T1	Pondération T2
TR	Court (< 500 ms)	Long (> 1500 ms)
TE	Court (< 30 ms)	Long (> 80 ms)
Signal de l'eau	Hypointense (noire)	Hyperintense (blanche)
Signal de la graisse	Hyperintense (blanche)	Signal intermédiaire
Utilisation principale	Anatomie	Pathologie

TABLE 1.2 – Comparaison des pondérations T1 et T2

La figure 1.7 illustre la différence d'apparence entre une IRM en pondération T1 et T2.

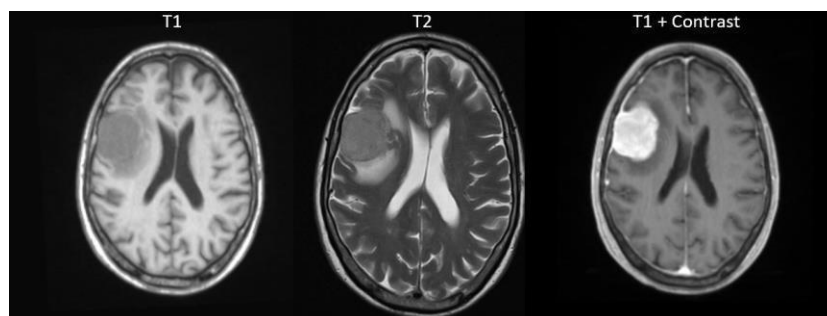


FIGURE 1.7 – Comparaison IRM cérébrale : pondération T1 vs T2

1.6.3 Séquences avancées

L'IRM multimodale associe plusieurs séquences complémentaires pour une caractérisation optimale des tumeurs [1] :

- **IRM de perfusion** : évalue la vascularisation tumorale via le volume sanguin cérébral (CBV). Les tumeurs de haut grade présentent une hypervascularisation.
- **Spectroscopie par résonance magnétique (MRS)** : analyse le profil métabolique tumoral. On observe une augmentation de la choline (marqueur de prolifération cellulaire) et une diminution du N-acétyl-aspartate (NAA, marqueur neuronal) dans les tumeurs malignes.
- **IRM de diffusion (DWI/ADC)** : évalue la mobilité des molécules d'eau. Les tumeurs hypercellulaires présentent une restriction de diffusion.
- **IRM avec injection de gadolinium** : le gadolinium, produit de contraste paramagnétique, ne traverse pas la barrière hémato-encéphalique normale. Une prise de contraste témoigne d'une rupture de cette barrière, signe d'agressivité tumorale.

1.6.4 Plans de coupe en IRM cérébrale

L'acquisition des images IRM peut être réalisée selon trois plans anatomiques principaux, résumés dans le tableau 1.3 [8].

Plan	Description	Intérêt clinique
Axial	Plan horizontal perpendiculaire à l'axe du corps	Vue d'ensemble des hémisphères
Sagittal	Plan vertical antéro-postérieur parallèle à la ligne médiane	Visualisation des structures médianes
Coronal	Plan vertical perpendiculaire à la ligne médiane	Étude comparative des deux hémisphères

TABLE 1.3 – Plans de coupe en IRM cérébrale

La figure 1.8 illustre ces trois plans de coupe.

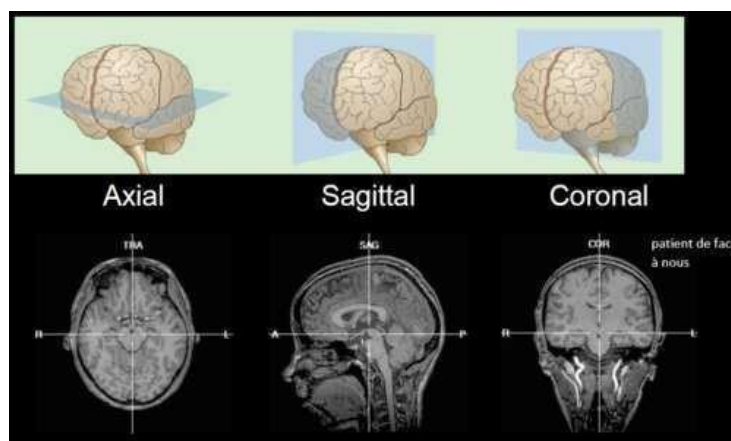


FIGURE 1.8 – Illustration des trois plans de coupe (axial, sagittal, coronal)

1.7 Sémiologie IRM des tumeurs cérébrales

1.7.1 Critères diagnostiques

L'analyse sémiologique d'une tumeur cérébrale en IRM repose sur l'évaluation de plusieurs critères [1]. Le tableau 1.4 présente ces critères.

Critère	Éléments d'évaluation
Localisation	Intra-axiale (parenchymateuse) vs extra-axiale
Nombre	Unique vs multiples (métastases)
Signal	Hypo ou hyperintensité en T1 et T2
Prise de contraste	Absente, homogène, hétérogène, en anneau
Œdème péri-lésionnel	Absent, modéré, important
Effet de masse	Refoulement, compression des structures adjacentes
Limites	Bien ou mal limitées

TABLE 1.4 – Critères diagnostiques en IRM des tumeurs cérébrales

1.7.2 Aspects IRM caractéristiques

L'analyse sémiologique des tumeurs cérébrales en IRM permet d'orienter le diagnostic vers un type tumoral spécifique. Le tableau 1.5 synthétise les aspects IRM typiques des principales tumeurs cérébrales.

Type tumoral	Caractéristiques IRM
Glioblastome (grade IV)	Prise de contraste en anneau (ring-enhancing), centre nécrotique hypointense, œdème péri-lésionnel important, infiltration de la substance blanche
Méningiome	Tumeur extra-axiale, prise de contraste intense et homogène, base d'implantation durale, signe de la "queue de la dure-mère"
Tumeur hypophysaire	Localisation sellaire, rehaussement variable, compression du chiasma optique en supra-sellaire
Gliome de bas grade	Hypointensité T1, hyperintensité T2/FLAIR, absence de prise de contraste, œdème péri-lésionnel modéré

TABLE 1.5 – Aspects IRM typiques des principales tumeurs cérébrales

Le **glioblastome** (grade IV) présente un aspect caractéristique en "anneau" après injection de gadolinium, comme illustré sur la figure 1.9.

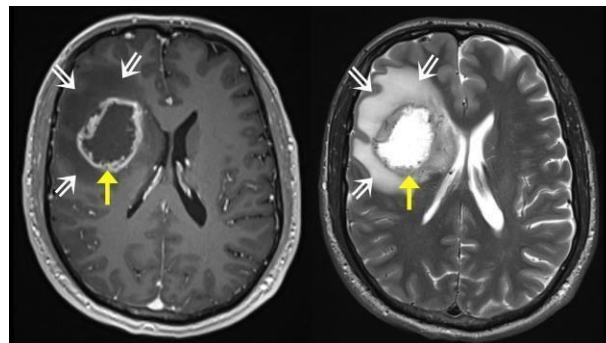


FIGURE 1.9 – Image IRM d'un glioblastome (prise de contraste en anneau)

Le **méningiome** se distingue par son origine extra-axiale et son rehaussement intense et homogène après injection, comme le montre la figure 1.10.

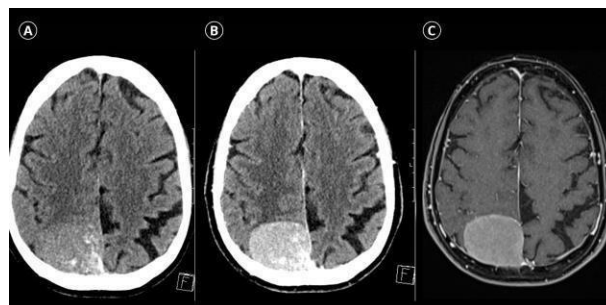


FIGURE 1.10 – Image IRM d'un méningiome (prise de contraste intense)

La **tumeur hypophysaire** (adénome) est typiquement localisée dans la selle turcique, comme illustré sur la figure 1.11.

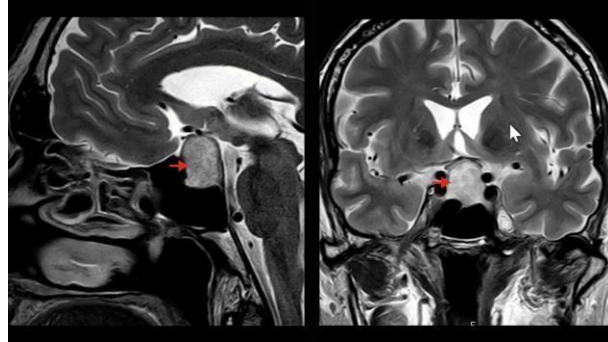


FIGURE 1.11 – Image IRM d’une tumeur hypophysaire (localisation sellaie)

1.7.3 Limites du diagnostic manuel et apport de l’intelligence artificielle

Malgré les performances remarquables de l’IRM dans la détection et la caractérisation des tumeurs cérébrales, le diagnostic manuel réalisé par les radiologues reste confronté à plusieurs limites importantes qui motivent le recours aux approches automatiques basées sur l’intelligence artificielle [9].

Limites du diagnostic manuel

- **Variabilité inter-observateur** : l’interprétation des images IRM est subjective et peut varier significativement d’un radiologue à un autre, notamment pour les tumeurs de bas grade dont les contours sont mal définis et le signal peu contrasté [9]
- **Variabilité intra-observateur** : un même radiologue peut produire des interprétations différentes sur les mêmes images selon son état de fatigue [10]
- **Volume croissant des données** : l’acquisition IRM multimodale génère un nombre considérable de coupes par patient, rendant l’analyse manuelle chronophage [9]
- **Difficulté de segmentation précise** : la délimitation manuelle des contours tumoraux est une tâche longue, nécessitant une expertise spécialisée [11]
- **Détection des lésions de petite taille** : les tumeurs de petite taille peuvent être facilement manquées lors d’une analyse visuelle [10]
- **Manque de quantification objective** : le diagnostic manuel repose sur une évaluation qualitative, sans mesures précises du volume tumoral [9]

Apport de l'intelligence artificielle

Face à ces limites, les approches basées sur l'apprentissage profond offrent des perspectives prometteuses [9] :

- **Objectivité et reproductibilité** : un modèle produit des résultats reproductibles, indépendants de la fatigue ou de l'expérience
- **Rapidité d'analyse** : analyse d'une coupe IRM en quelques millisecondes
- **Précision de segmentation** : les architectures U-Net permettent une délimitation pixel par pixel des contours tumoraux [12]
- **Aide à la décision clinique** : intégration dans un système d'aide au diagnostic (CAD) [9]

C'est dans ce contexte que s'inscrit notre travail, qui vise à développer un système automatique de segmentation et de classification des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM de la base BRISC 2025, en exploitant les architectures U-Net et DenseNet121.

1.8 Place de l'IRM dans la prise en charge des tumeurs cérébrales

L'IRM occupe une position centrale à chaque étape de la prise en charge des patients [1] :

- **Diagnostic** : détection, caractérisation lésionnelle, diagnostic différentiel
- **Bilan pré-thérapeutique** : évaluation de l'extension tumorale, planification neurochirurgicale, cartographie fonctionnelle (IRM fonctionnelle, tractographie)
- **Suivi post-thérapeutique** : évaluation de la réponse au traitement, détection précoce des récurrences, distinction entre récurrence tumorale et radionécrose (*voir annexe*)

1.9 Base de données BRISC 2025

La base de données BRISC 2025 (BRain tumor Image Segmentation & Classification) a été récemment mise à disposition sur la plateforme Kaggle. Elle constitue une ressource majeure pour le développement et l'évaluation des modèles de segmentation et de classification des tumeurs cérébrales [4].

1.9.1 Caractéristiques de la base

Le tableau 1.6 présente les caractéristiques principales de la base BRISC 2025.

Caractéristique	Description
Nombre d'images	6 000 coupes IRM
Modalité	IRM T1 avec injection de gadolinium
Plans anatomiques	Axial, sagittal, coronal
Classes	4 catégories équilibrées : gliome, méningiome, tumeur hypophysaire, absence de tumeur
Annotations	Masques de segmentation réalisés par des radiologues certifiés

TABLE 1.6 – Caractéristiques de la base de données BRISC 2025

1.9.2 Intérêt pour le deep learning

La base BRISC 2025 présente plusieurs avantages pour l'entraînement de modèles d'apprentissage profond [4] :

- Distribution équilibrée des classes, évitant les biais liés au déséquilibre
- Images de haute résolution
- Annotations de qualité certifiée
- Données issues de trois plans anatomiques, favorisant la généralisation des modèles

1.10 Conclusion

Ce chapitre présente les bases anatomiques, médicales et techniques fondamentales nécessaires à la compréhension des tumeurs cérébrales et de leur exploration par IRM. La connaissance approfondie de l'anatomie du système nerveux central, des classifications tumorales et des principes de l'IRM est indispensable pour appréhender les enjeux diagnostiques et thérapeutiques liés à ces pathologies. L'IRM multimodale, avec ses différentes séquences (T1, T2, FLAIR, perfusion, spectroscopie), constitue l'outil de référence pour la caractérisation des tumeurs cérébrales. La base de données BRISC 2025 offre une ressource de qualité pour le développement de modèles d'intelligence artificielle dédiés à la segmentation et à la classification des tumeurs cérébrales, ce qui fera l'objet des chapitres suivants.

2 Segmentation et la classification des tumeurs cérébrales

2.1 Introduction

L'analyse automatique des images médicales repose sur deux tâches fondamentales, aussi complémentaires que cruciales : la segmentation, qui consiste à délimiter avec précision les structures d'intérêt, et la classification, qui attribue une étiquette à une région ou à une image entière [10]. Dans le contexte des tumeurs cérébrales, ces deux étapes sont indissociables : une segmentation précise permet d'isoler la région tumorale, tandis que la classification détermine la nature de la lésion.

Au cours de ce chapitre, les concepts fondamentaux de l'intelligence artificielle seront présentés, puis les principes de l'apprentissage profond seront explorés avant de détailler les architectures de U-Net et DenseNet121, respectivement dédiées à la segmentation et à la classification. Enfin, les métriques d'évaluation qui permettront de juger objectivement les performances des modèles seront abordées.

2.2 L'intelligence artificielle : concepts fondamentaux

L'intelligence artificielle (IA) est un domaine de l'informatique qui vise à doter les machines de capacités cognitives similaires à celles des humains, telles que l'apprentissage, le raisonnement ou la perception [15]. L'IA se décline en plusieurs sous-domaines complémentaires.

2.2.1 Définition et typologie de l'IA

Le tableau 2.1 présente les différents types d'intelligence artificielle.

Type d'IA	Capacités	Exemples d'applications
IA faible (étroite)	Spécialisée dans une tâche unique	Reconnaissance d'images, assistants vocaux
IA générale	Capacités cognitives humaines	Recherche en développement, non atteinte
IA super-intelligente	Surpasse l'intelligence humaine	Concept théorique, non réalisé

TABLE 2.1 – Typologie de l’intelligence artificielle

2.2.2 Apprentissage automatique (Machine Learning)

L’apprentissage automatique est une branche de l’IA qui permet aux machines d’apprendre à partir de données sans être explicitement programmées [17]. Le tableau 2.2 résume les trois grandes catégories d’apprentissage automatique.

Type	Définition	Applications typiques
Apprentissage supervisé	Apprentissage à partir de données étiquetées	Classification, régression
Apprentissage non supervisé	Découverte de structures sans étiquettes	Clustering, réduction de dimension
Apprentissage par renforcement	Apprentissage par essais-erreurs avec récompenses	Robotique, jeux

TABLE 2.2 – Principaux types d’apprentissage automatique

2.2.3 Apprentissage profond (Deep Learning)

L’apprentissage profond est un sous-domaine de l’apprentissage automatique qui utilise des réseaux de neurones artificiels à plusieurs couches (profonds) pour apprendre des représentations hiérarchiques des données [15]. Contrairement aux méthodes traditionnelles où un expert humain devait définir manuellement les caractéristiques à extraire (contours, textures, formes), l’apprentissage profond permet à la machine d’apprendre par elle-même ces caractéristiques, directement à partir des données brutes [17].

2.3 Réseaux de neurones convolutifs : principes fondamentaux

2.3.1 Le neurone artificiel : unité de calcul élémentaire

Au cœur de tout réseau de neurones se trouve une unité élémentaire inspirée du neurone biologique : le perceptron [10]. Un neurone artificiel reçoit plusieurs entrées, les pondère par des poids, les additionne, ajoute un biais, et applique une fonction d’activation pour produire une sortie.

Mathématiquement, cette opération s’écrit :

$$S = \sum_{i=1}^n w_i x_i + b \quad (2.1)$$

où x_i sont les entrées, w_i les poids synaptiques, b le biais, et S la fonction d'activation. C'est par l'ajustement de ces poids, au fil des exemples d'apprentissage, que le réseau apprend.

La figure 2.1 illustre le schéma mathématique d'un neurone artificiel.

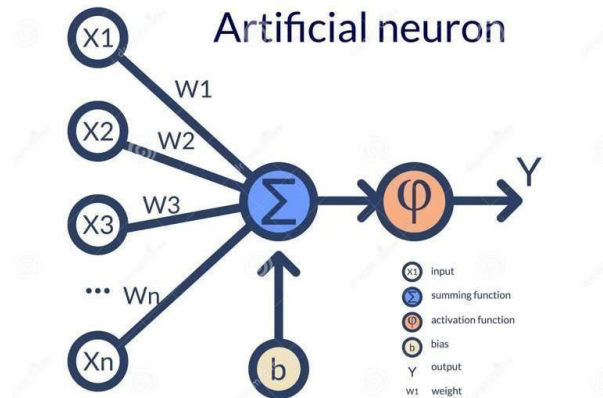


FIGURE 2.1 – Schéma mathématique d'un neurone artificiel

2.3.2 Fonctions d'activation

Une **fonction d'activation** est une opération mathématique appliquée à la sortie d'un neurone artificiel. Cette opération transforme la somme pondérée des entrées en une valeur de sortie, introduisant ainsi une non-linéarité indispensable au réseau [15].

Les fonctions d'activation remplissent plusieurs rôles essentiels :

- **Non-linéarité** : sans elles, un réseau profond ne serait qu'un modèle linéaire, incapable de résoudre des problèmes complexes comme la classification d'images.
- **Apprentissage** : les fonctions d'activation doivent être dérivables pour permettre la rétropropagation du gradient et l'ajustement des poids.
- **Bornage** : certaines fonctions (sigmoïde, softmax) contraignent la sortie dans l'intervalle $[0, 1]$, interprétable comme une probabilité [17].
- **Sparsité** : la fonction ReLU met à zéro les valeurs négatives, désactivant certains neurones et améliorant l'efficacité du réseau [17].

Le tableau 2.3 présente une comparaison des principales fonctions d'activation.

Fonction	Définition	Intervalle
Sigmoïde	$\sigma(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}}$	$[0, 1]$
ReLU	$f(x) = \max(0, x)$	$[0, +\infty)$
Tanh	$\tanh(x) = \frac{e^x - e^{-x}}{e^x + e^{-x}}$	$[-1, 1]$
Softmax	$\sigma(\mathbf{z})_j = \frac{e^{z_j}}{\sum_{k=1}^n e^{z_k}}$	$[0, 1]$

TABLE 2.3 – Tableau comparatif des fonctions d’activation

Ce travail est basé sur la fonction d’activation ReLU pour les couches cachées de U-Net et DenseNet121, et sur la fonction softmax pour la classification finale des tumeurs en quatre classes.

2.3.3 Opération de convolution

L’opération de convolution consiste à faire glisser un petit filtre (ou noyau) sur l’image, comme une fenêtre qui scrute chaque région pour y détecter un motif particulier [10]. Pour une image d’entrée I et un filtre K de taille $k \times k$, la convolution est définie par :

$$(I * K)(i, j) = \sum_{m=0}^{k-1} \sum_{n=0}^{k-1} I(i+m, j+n) \cdot K(m, n) \quad (2.2)$$

Chaque filtre apprend à détecter un motif spécifique. En empilant des couches de convolution, le réseau construit une hiérarchie de motifs : d’abord des motifs simples (contours), puis des motifs plus complexes (coins, textures), et enfin des motifs abstraits [9].

La figure 2.2 illustre le principe de l’opération de convolution.

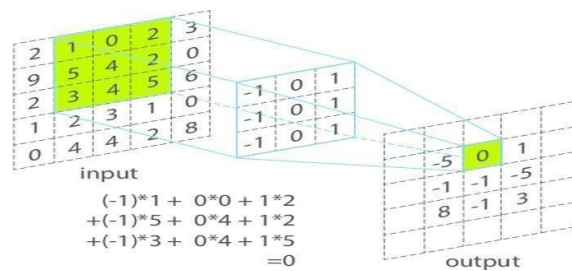


FIGURE 2.2 – Principe de l’opération de convolution

2.3.4 Pooling et Dropout

Le **pooling** est une opération de sous-échantillonnage qui réduit la dimension spatiale des cartes de caractéristiques, diminuant ainsi le nombre de paramètres et rendant le

réseau plus robuste aux variations de position [10]. Le **dropout** est une technique de régularisation qui consiste à désactiver aléatoirement une fraction des neurones pendant l'entraînement, ce qui force le réseau à apprendre des représentations plus robustes et limite le sur-apprentissage [17].

La figure 2.3 illustre le fonctionnement du max pooling.

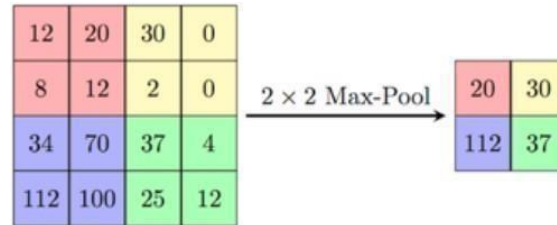


FIGURE 2.3 – Illustration du max pooling

La figure 2.4 illustre le principe du dropout.

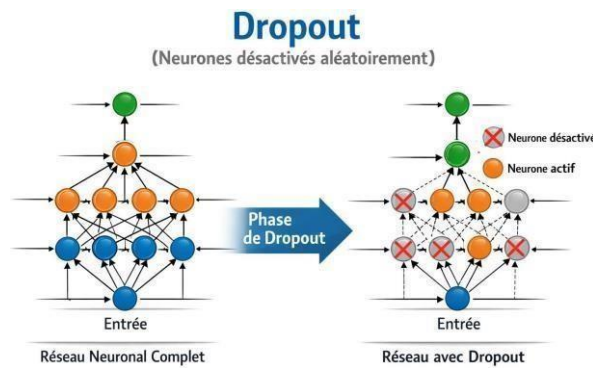


FIGURE 2.4 – Principe du dropout

2.3.5 Rétropropagation du gradient

L'apprentissage d'un réseau de neurones se fait par un mécanisme appelé rétropropagation du gradient (backpropagation) [15]. La mesure de l'erreur entre la prédiction du réseau et la vérité terrain est d'abord effectuée, puis cette erreur est propagée de la sortie vers l'entrée en ajustant les poids pour réduire l'erreur.

La mise à jour des poids suit la règle de la descente de gradient :

$$w_{ij(t+1)} = w(t) - \eta \frac{\partial L}{\partial w} \quad (2.3)$$

où η est le taux d'apprentissage (learning rate) et L la fonction de perte [17].

Choix de l'optimiseur : Adam

Dans le cadre de ce travail, l'optimiseur **Adam** (*Adaptive Moment Estimation*) est utilisé. Cet optimiseur adapte automatiquement le taux d'apprentissage pour chaque paramètre du réseau [15]. Contrairement à la descente de gradient classique (SGD) qui applique un taux d'apprentissage fixe et uniforme, Adam combine les avantages de deux méthodes adaptatives — RMSprop et Momentum — ce qui lui confère une convergence plus rapide et une meilleure stabilité lors de l'entraînement [15].

2.4 U-Net : architecture de référence pour la segmentation d'images biomédicales

La figure 2.5 présente l'architecture complète de U-Net.

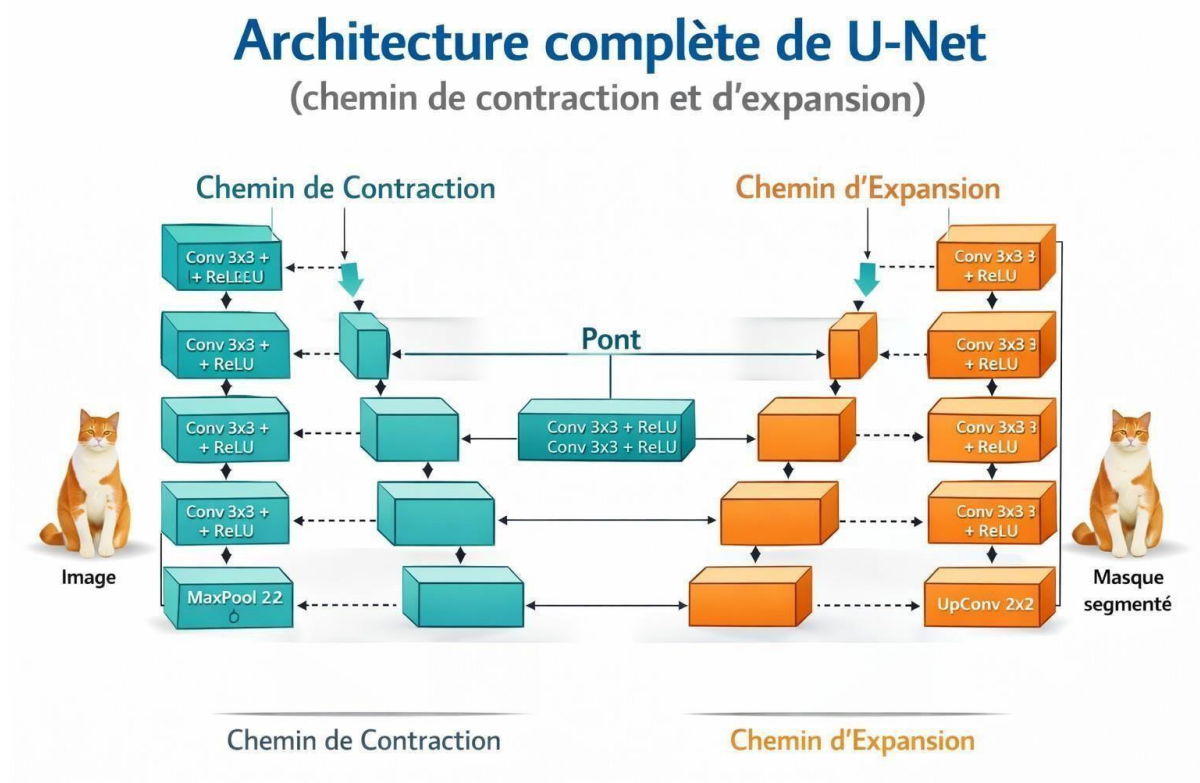


FIGURE 2.5 – Architecture de U-Net illustrant le chemin de contraction (encodeur) et le chemin d'expansion (décodeur) reliés par des connexions saut

Plusieurs architectures de segmentation d'images médicales ont été proposées dans la littérature, notamment SegNet, DeepLab, FCN (Fully Convolutional Network) et Attention U-Net. Le choix de U-Net dans ce travail repose sur plusieurs arguments. Premièrement, U-Net a été conçu spécifiquement pour l'imagerie biomédicale, contrairement à SegNet et DeepLab qui ont été initialement développés pour la segmentation de scènes

naturelles. Deuxièmement, ses connexions saut (skip connections) permettent de préserver les détails fins des contours tumoraux, un avantage déterminant par rapport à FCN qui perd une partie de l'information spatiale lors du décodage. Troisièmement, U-Net offre d'excellentes performances même avec un nombre limité d'images d'entraînement, ce qui est particulièrement adapté au domaine médical où les données annotées sont rares et coûteuses à produire [12, 10].

2.4.1 Conception spécifique à l'imagerie médicale

Pour la segmentation d'images médicales, où chaque pixel doit être classé comme appartenant ou non à la tumeur, U-Net a été conçu spécifiquement pour produire une carte de segmentation précise, pixel par pixel [10]. Développé par Ronneberger et son équipe en 2015, son nom vient de sa forme caractéristique en "U" : un chemin de contraction (encodeur) suivi d'un chemin d'expansion (décodeur), reliés par des connexions saut [12].

2.4.2 Architecture encodeur-décodeur

L'**encodeur** (chemin de contraction) est un réseau de neurones convolutifs (CNN) classique. Chaque bloc d'encodeur comporte :

- Deux couches de convolution 3×3 suivies d'une activation ReLU
 - Une couche de max pooling 2×2 qui réduit la dimension spatiale de moitié
- Le **décodeur** (chemin d'expansion) réalise l'opération inverse :
- Une up-convolution (convolution transposée) qui double la résolution spatiale
 - Une concaténation avec la carte de caractéristiques correspondante de l'encodeur

2.4.3 Connexions saut

Les connexions saut sont l'élément clé de U-Net [10]. Elles permettent de transmettre les informations de localisation (conservées dans l'encodeur) directement aux couches du décodeur, garantissant ainsi une précision élevée des contours segmentés.

La figure 2.6 illustre le principe d'une connexion saut.

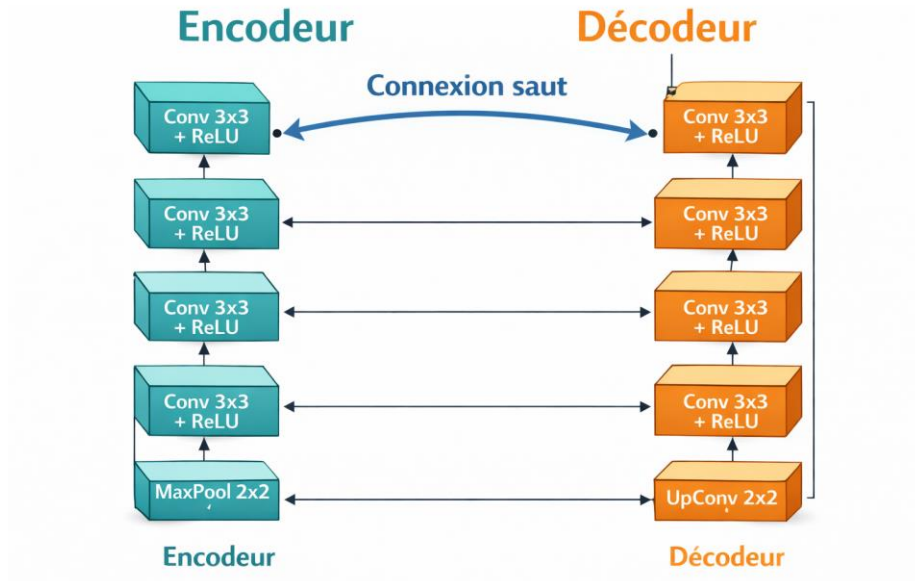


FIGURE 2.6— Illustration d’une connexion saut (skip connection)

2.4.4 Fonction de perte Dice loss

Pour entraîner U-Net, la fonction de perte Dice loss est utilisée. Cette fonction est spécialement adaptée aux problèmes de segmentation où les classes sont déséquilibrées (la tumeur occupe souvent une petite partie de l’image) [10]. Le coefficient de Dice mesure la similarité entre deux ensembles :

$$Dice = \frac{2 \times |P \cap R|}{|P| + |R|} \quad (2.4)$$

où P est l’ensemble des pixels prédits comme tumoraux, et R l’ensemble réel. Plus le coefficient est proche de 1, meilleure est la segmentation.

2.5 DenseNet121 : réseau à connexions denses pour la classification

2.5.1 Principe des connexions denses

Dans un réseau dense, chaque couche est connectée à toutes les couches précédentes [16]. Si x_l désigne la sortie de la l -ème couche et H_l la transformation non linéaire, la sortie s’écrit :

$$x_l = H_l([x_0, x_1, \dots, x_{l-1}]) \quad (2.5)$$

La figure 2.7 illustre le schéma des connexions denses dans DenseNet.

Schéma montrant les connexions denses (chaque couche connectée à toutes)

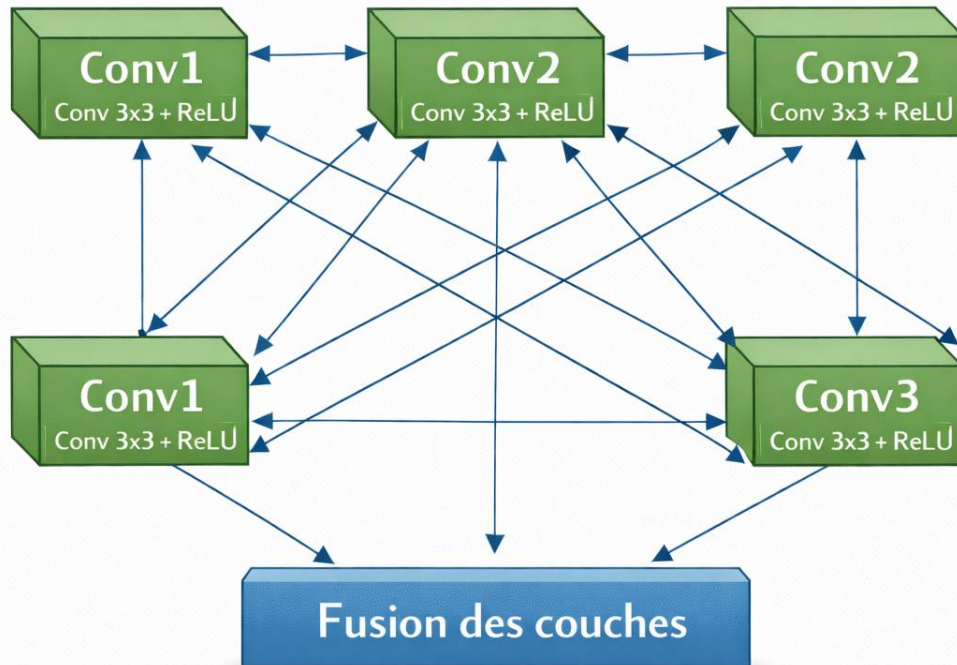


FIGURE 2.7 – Schéma des connexions denses dans DenseNet

2.5.2 Avantages architecturaux

Cette architecture apporte plusieurs avantages [17] :

- Réutilisation des caractéristiques : chaque couche bénéficie des motifs appris par toutes les couches précédentes
- Réduction du nombre de paramètres : utilisation de moins de filtres par couche
- Meilleure propagation du gradient : facilite l'entraînement des réseaux profonds
- Régularisation implicite : réduit le risque de sur-apprentissage

2.5.3 Architecture de DenseNet121

Le tableau 2.4 détaille l'architecture complète de DenseNet121.

Composant	Taille de sortie	Description détaillée
Couche d'entrée	112×112	Convolution 7×7 , stride 2
Pooling initial	56×56	Max pooling 3×3 , stride 2
Bloc dense 1	56×56	6 couches : [Conv 1×1 , Conv 3×3] $\times$ 6, taux de croissance = 32
Transition 1	28×28	Conv 1×1 , average pooling 2×2
Bloc dense 2	28×28	12 couches : [Conv 1×1 , Conv 3×3] $\times$ 12
Transition 2	14×14	Conv 1×1 , average pooling 2×2
Bloc dense 3	14×14	24 couches : [Conv 1×1 , Conv 3×3] $\times$ 24
Transition 3	7×7	Conv 1×1 , average pooling 2×2
Bloc dense 4	7×7	16 couches : [Conv 1×1 , Conv 3×3] $\times$ 16
Classification	1×1	Global average pooling, fully connected, softmax

TABLE 2.4 – Architecture détaillée de DenseNet121

La figure 2.8 présente l'architecture complète de DenseNet121.

Architecture de DenseNet121

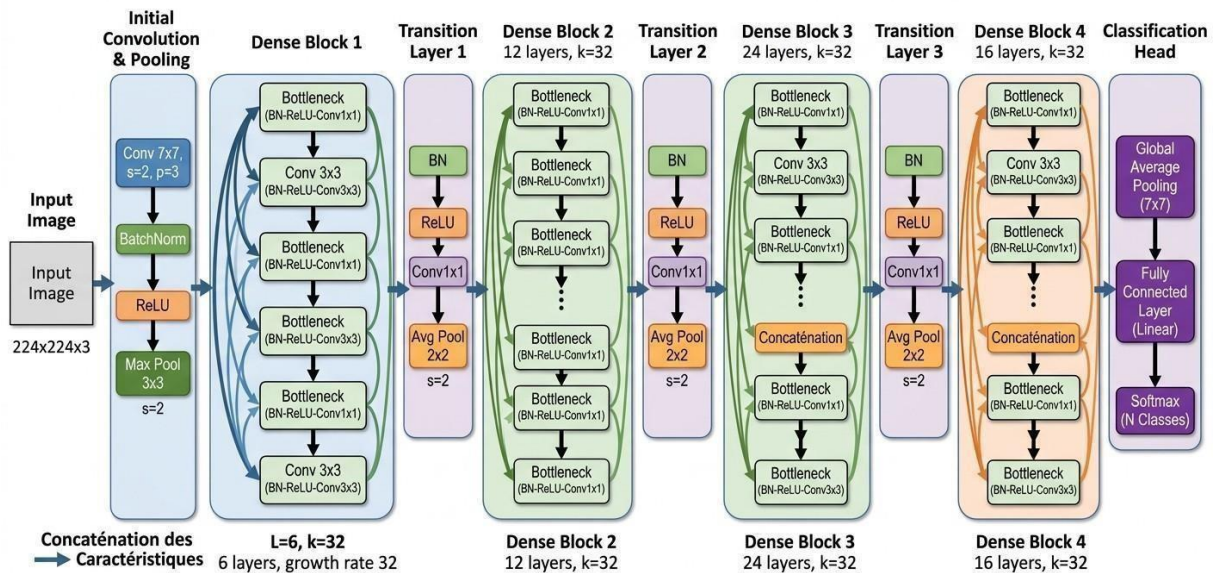


FIGURE 2.8 – Architecture complète de DenseNet121

Parmi les architectures de classification envisageables (VGG16, ResNet50, InceptionV3, EfficientNet), DenseNet121 se distingue par plusieurs atouts adaptés à ce contexte. Ses

connexions denses permettent une réutilisation maximale des caractéristiques avec seulement 8 millions de paramètres, contre 138 millions pour VGG16, réduisant ainsi considérablement le risque de sur-apprentissage sur un jeu de données de taille modérée comme BRISC 2025. Contrairement à ResNet50 qui additionne les sorties via des connexions résiduelles, DenseNet121 les concatène, favorisant une propagation plus riche du gradient. Enfin, sa compatibilité avec le transfert d'apprentissage depuis ImageNet et sa profondeur modérée offrent un bon compromis entre performance et coût computationnel [16, 17].

2.5.4 Transfert d'apprentissage (Transfer Learning)

Le transfert d'apprentissage est une technique fondamentale en apprentissage profond qui consiste à réutiliser les connaissances acquises par un modèle pré-entraîné sur une tâche source, afin de les adapter à une nouvelle tâche cible [15]. Plutôt que d'entraîner un réseau *from scratch* (depuis zéro), ce qui nécessiterait des millions d'images et des ressources computationnelles considérables, le transfert d'apprentissage permet d'exploiter une base de connaissances déjà établie.

Dans le cadre de ce travail, cette approche est appliquée à **DenseNet121**, pré-entraîné sur la base **ImageNet**, qui contient plus de 14 millions d'images réparties en 1 000 classes [16]. Les premières couches du réseau, qui ont appris à détecter des caractéristiques visuelles universelles telles que les contours, les textures et les formes géométriques, sont directement réutilisables pour l'analyse d'images IRM cérébrales.

Pourquoi le transfert d'apprentissage ?

L'application du transfert d'apprentissage est particulièrement justifiée dans le domaine de l'imagerie médicale pour plusieurs raisons [18] :

- **Rareté des données annotées** : les bases d'images médicales sont généralement de taille limitée en comparaison avec les bases d'images naturelles, en raison de la difficulté et du coût élevé de l'annotation par des experts radiologues ;
- **Réduction du risque de sur-apprentissage** : un modèle pré-entraîné bénéficie d'une initialisation des poids optimale, ce qui limite les risques d'overfitting sur un jeu de données de taille modérée comme BRISC 2025 [17] ;
- **Accélération de la convergence** : l'entraînement converge beaucoup plus rapidement car le modèle part d'une représentation déjà pertinente des données visuelles [15].

Stratégie adoptée : Fine-tuning en deux phases

Dans ce travail, une stratégie de *fine-tuning* en deux phases successives est adoptée [18] :

Phase 1 - Extraction des caractéristiques (*Feature Extraction*) : Dans cette première phase, toutes les couches convolutives de DenseNet121 sont gelées (leurs poids ne sont pas modifiés). Seule la tête de classification est remplacée par une nouvelle couche dense adaptée au problème à 4 classes : gliome, méningiome, tumeur hypophysaire et absence de tumeur. Cette phase permet d'adapter rapidement le modèle à la tâche sans risque de détruire les représentations apprises sur ImageNet [16].

Phase 2 - Affinage fin (*Fine-tuning*) : Dans cette seconde phase, les couches des derniers blocs denses (bloc dense 3 et bloc dense 4) sont dégelées et ré-entraînées conjointement avec la tête de classification, en utilisant un taux d'apprentissage très faible (de l'ordre de 10^{-5}) [18]. Cette approche permet d'adapter progressivement les représentations profondes du réseau aux spécificités visuelles des images IRM cérébrales, tout en préservant les connaissances générales acquises dans les premières couches.

La figure 2.9 illustre le principe du transfert d'apprentissage appliqué à DenseNet121.

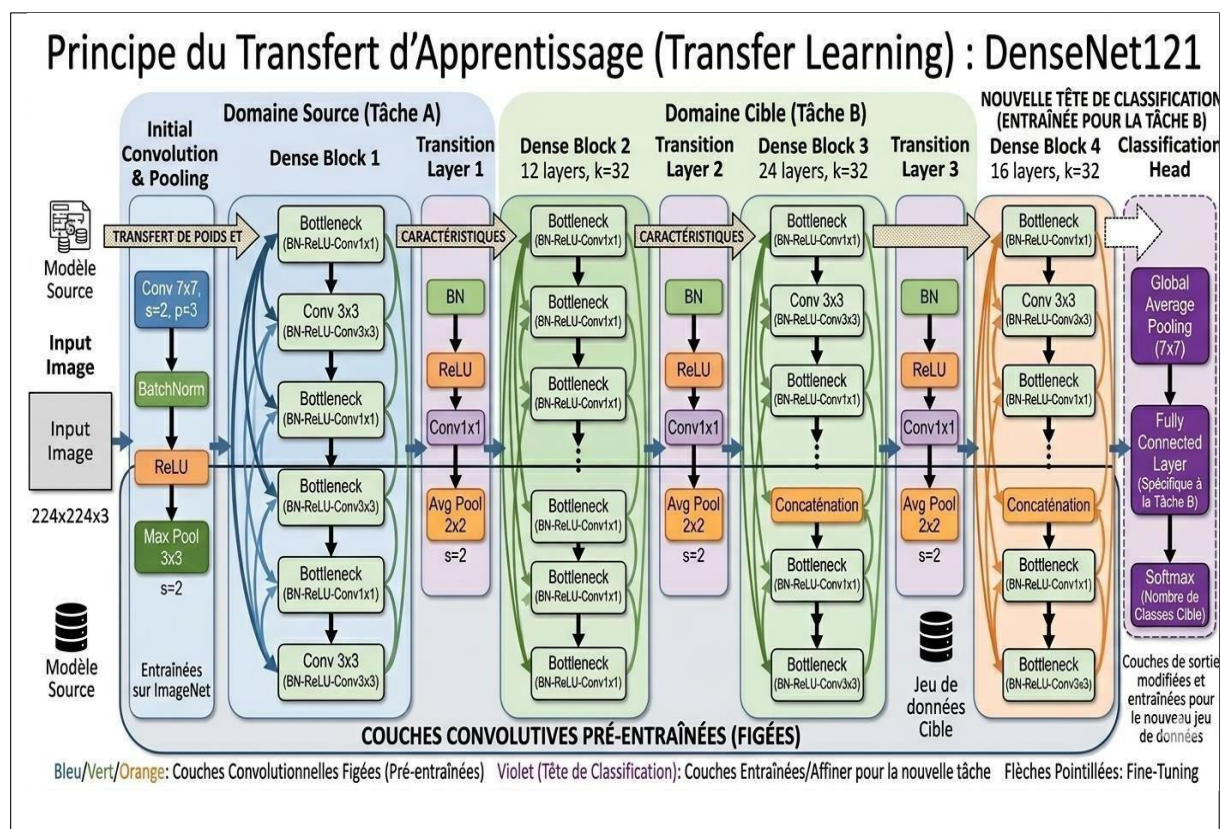


FIGURE 2.9 – Principe du transfert d'apprentissage appliqué à DenseNet121

2.6 Métriques d'évaluation

2.6.1 Matrice de confusion

La matrice de confusion est l'outil fondamental pour évaluer un classifieur [10]. Elle croise les classes réelles et les classes prédites selon la structure suivante :

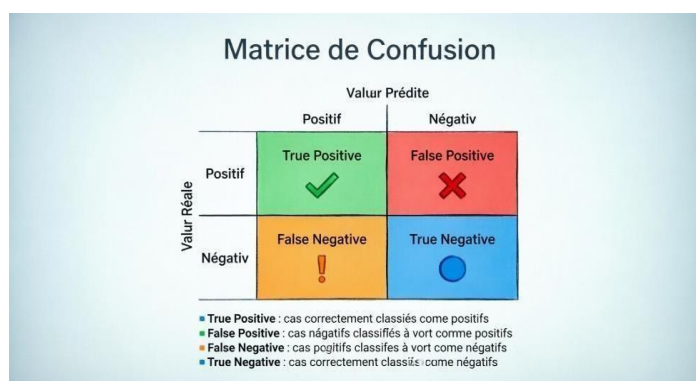


FIGURE 2.10 – Structure d'une matrice de confusion

— **TP** (Vrais Positifs) : cas correctement prédits comme positifs

- **TN** (Vrais Négatifs) : cas correctement prédits comme négatifs
- **FP** (Faux Positifs) : cas prédits positifs mais réellement négatifs
- **FN** (Faux Négatifs) : cas prédits négatifs mais réellement positifs

La figure 2.10 illustre la structure d’une matrice de confusion.

2.6.2 Métriques pour la segmentation

Le tableau 2.5 présente les métriques d’évaluation utilisées pour la segmentation.

Métrique	Définition conceptuelle	Formule mathématique
Coefficient de Dice	Similarité entre l’ensemble prédit et l’ensemble réel	$Dice = \frac{2 P \cap R }{ P + R }$
IoU (Intersection over Union)	Chevauchement relatif des zones segmentées	$IoU = \frac{ P \cap R }{ P \cup R }$
Sensibilité (Recall)	Capacité à détecter correctement les pixels tumoraux	$Recall = \frac{TP}{TP + FN}$
Précision (Precision)	Qualité des détections positives	$Precision = \frac{TP}{TP + FP}$

TABLE 2.5 – Métriques d’évaluation pour la segmentation

2.6.3 Métriques pour la classification

Le tableau 2.6 présente les métriques d'évaluation utilisées pour la classification.

Métrique	Définition conceptuelle	Formule mathématique
Accuracy (Exactitude)	Proportion de prédictions correctes	$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN}$
Précision (Precision)	Exactitude des prédictions positives	$Precision = \frac{TP}{TP + FP}$
Rappel (Recall)	Complétude des détections positives	$Recall = \frac{TP}{TP + FN}$
F1-score	Moyenne harmonique de la précision et du rappel	$F1 = 2 \times \frac{Precision \times Recall}{Precision + Recall}$
Spécificité (Specificity)	Capacité à détecter correctement les cas négatifs	$Specificity = \frac{TN}{TN + FP}$

TABLE 2.6 – Métriques d'évaluation pour la classification

2.7 Conclusion

Ce chapitre traite des fondements théoriques indispensables à la compréhension des modèles utilisés. Les concepts fondamentaux de l'intelligence artificielle et de l'apprentissage automatique sont présentés, puis vient alors le fonctionnement des réseaux de neurones convolutifs. L'architecture U-Net, avec sa structure en U et ses connexions saut, offre une solution performante pour la segmentation précise des tumeurs cérébrales. DenseNet121, grâce à ses connexions denses, permet une classification efficace avec un nombre réduit de paramètres. Enfin, les métriques d'évaluation présentées permettent de quantifier objectivement les performances des modèles.

Le chapitre suivant détaille la mise en œuvre pratique de ces concepts sur la base de données BRISC 2025, en présentant les étapes de prétraitement, l'architecture détaillée des modèles, ainsi que le protocole expérimental.

3 Expérimentations et analyse des résultats

3.1 Introduction

Le présent chapitre constitue le centre pratique de ce projet, dans lequel l'ensemble des concepts théoriques précédemment présentés au cours des deux premiers chapitres sont mis en œuvre.

La démarche expérimentale s'articule autour de deux tâches complémentaires et successives. La première tâche consiste à **classifier** les images IRM en quatre catégories distinctes (gliome, méningiome, tumeur hypophysaire et absence de tumeur) en exploitant l'architecture **DenseNet121** avec une stratégie de transfert d'apprentissage en deux phases. La seconde tâche vise à **segmenter** les régions tumorales dans les images IRM cérébrales à l'aide de l'architecture **U-Net**, afin de délimiter avec précision les contours de la tumeur au niveau pixel.

Ces deux tâches sont appliquées sur la base de données BRISC 2025, composée de 6 000 coupes IRM cérébrales en pondération T1 avec injection de gadolinium. Dans ce chapitre, l'environnement de travail et les outils logiciels utilisés sont d'abord décrits, puis les étapes de préparation et de prétraitement des données sont détaillées. L'implémentation de chaque modèle avec ses hyperparamètres est ensuite présentée, avant d'analyser et de discuter les résultats obtenus à l'aide des métriques d'évaluation définies au chapitre précédent.

3.2 Environnement de travail

3.2.1 Langage de programmation

L'ensemble de ce travail a été développé en **Python 3.11**, langage de référence dans le domaine de l'intelligence artificielle et du traitement d'images médicales.

3.2.2 Bibliothèques utilisées

Plusieurs bibliothèques complémentaires ont été mobilisées pour couvrir l'ensemble des étapes du pipeline expérimental.

Le tableau [3.1](#) récapitule l'ensemble des outils logiciels et bibliothèques utilisés, ainsi que leur rôle respectif dans la chaîne de traitement.

Outil	Rôle
Python 3.11	Langage principal de développement
TensorFlow/Keras	Construction et entraînement des réseaux
NumPy	Manipulation des tableaux multidimensionnels
OpenCV	Chargement et transformations des images
Matplotlib	Visualisation des courbes et des résultats
Scikit-learn	Calcul des métriques et partitionnement

TABLE 3.1 – Récapitulatif de l’environnement logiciel

3.2.3 Configuration matérielle

Les expérimentations ont été menées sur un ordinateur portable HP EliteBook 840 G6.

Le tableau 3.2 détaille les caractéristiques techniques de la machine ayant servi aux expérimentations.

Composant	Spécification
Processeur	Intel Core i5-8265U (4 cœurs)
Mémoire vive	8 Go DDR4
Carte graphique	Intel UHD Graphics 620
Stockage	SSD NVMe 256 Go

TABLE 3.2 – Configuration matérielle

L’absence de processeur graphique compatible CUDA constitue une contrainte importante. Toutes les opérations ont donc été exécutées sur le processeur central.

3.3 Préparation des données

3.3.1 Base de données BRISC 2025

La base BRISC 2025 est une ressource d’imagerie médicale mise à disposition publiquement via Kaggle. Elle se compose de 6 000 coupes IRM cérébrales acquises en pondération T1 avec injection de gadolinium.

La figure 3.1 présente des exemples d’images IRM issues de l’ensemble d’entraînement, avec leurs labels correspondants.

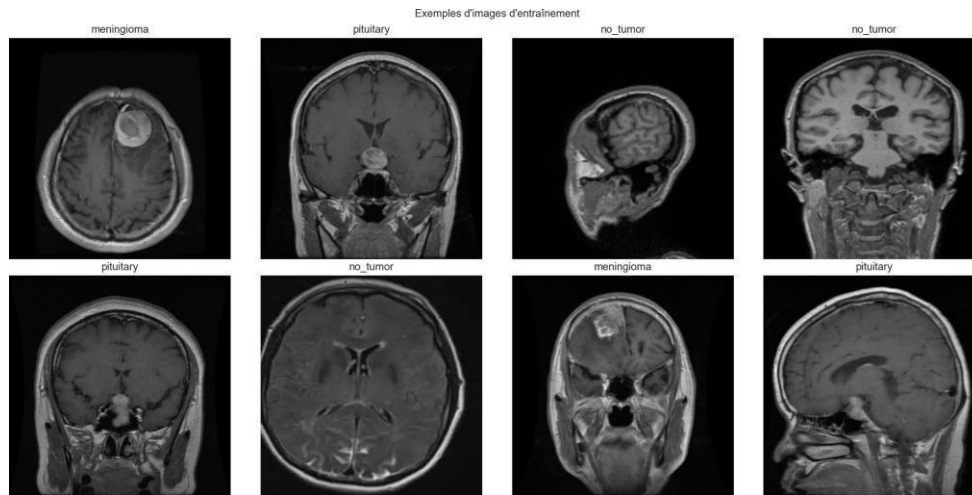


FIGURE 3.1 – Exemples d'images IRM de l'ensemble d'entraînement

3.3.2 Prétraitement des images

Avant tout traitement, les images ont été redimensionnées : 224×224 pixels pour DenseNet121 et 128×128 pixels pour U-Net (en raison des limitations matérielles). Les intensités ont été normalisées dans l'intervalle $[0, 1]$.

3.3.3 Augmentation des données

L'augmentation des données est une étape cruciale dans l'entraînement des réseaux de neurones profonds, en particulier dans le domaine médical où les bases d'images annotées sont souvent limitées.

Le tableau 3.3 présente les différentes transformations d'augmentation appliquées aux images d'entraînement.

Transformation	Paramètre	Motivation clinique
Rotation aléatoire	$\pm 20^\circ$	Variations d'orientation de la tête
Retournement horizontal	50%	Symétrie bilatérale du cerveau
Décalage largeur/hauteur	$\pm 10\%$	Variations de centrage
Zoom aléatoire	$\pm 15\%$	Variations d'échelle

TABLE 3.3 – Transformations d'augmentation appliquées

3.3.4 Partitionnement des données

Le tableau 3.4 décrit la répartition des images entre les sous-ensembles d'entraînement, de validation et de test.

Sous-ensemble	Fraction	Effectif	Fonction
Entraînement	70%	3 500 images	Ajustement itératif des poids du réseau
Validation	15%	750 images	Suivi des performances et arrêt anticipé
Test	15%	750 images	Évaluation finale non biaisée

TABLE 3.4 – Partitionnement stratifié des données

3.4 Résultats de la classification

3.4.1 Architecture DenseNet121 mise en œuvre

Le modèle DenseNet121 pré-entraîné sur ImageNet a été utilisé. La tête de classification a été remplacée par une structure adaptée : une couche de *pooling* global, une couche dense de 512 neurones avec un *dropout* de 50%, et une couche finale *softmax* à 4 neurones.

La stratégie d'apprentissage s'est déroulée en deux phases :

- **Phase 1 (extraction)** : 50 époques, taux d'apprentissage 5×10^{-4} , couches convolutionnelles gelées
- **Phase 2 (affinage)** : 20 époques, taux d'apprentissage 5×10^{-5} , 40% des couches dégelées

La figure 3.2 illustre l'évolution de la fonction de perte au cours des 50 époques de la phase d'extraction de caractéristiques, puis des 20 époques de la phase d'affinage.

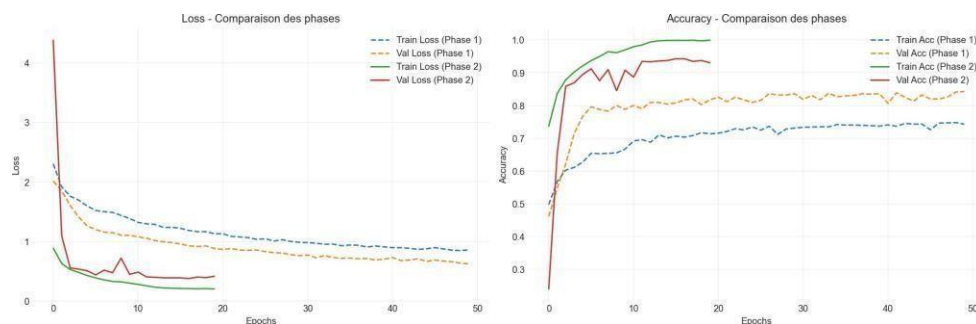


FIGURE 3.2 – Évolution de la fonction de perte pendant l'entraînement

3.4.2 Performances globales

Après la phase d'affinage, le modèle a été évalué sur l'ensemble de test composé de 750 images.

Le tableau 3.5 présente les métriques globales de classification obtenues sur l'ensemble de test.

Métrique	Valeur	Pourcentage
Exactitude (Accuracy)	0,9280	92,80%
Précision (moyenne pondérée)	0,9291	92,91%
Rappel (moyenne pondérée)	0,9280	92,80%
F1-score (moyenne pondérée)	0,9281	92,81%

TABLE 3.5 – Métriques globales de classification sur l’ensemble de test

Le modèle atteint une exactitude de 92,80%, ce qui signifie qu’il classe correctement près de 93 images sur 100.

3.4.3 Performances par classe

Le tableau 3.6 détaille les performances du modèle pour chaque classe diagnostique.

Classe	Précision	Rappel	F1-score	Support
Gliome	0,94	0,87	0,90	172
Méningiome	0,86	0,90	0,88	199
Tumeur hypophysaire	0,96	0,97	0,96	219
Absence de tumeur	0,97	0,96	0,97	160
Moyenne	0,93	0,93	0,93	750

TABLE 3.6 – Performances détaillées par classe diagnostique

3.4.4 Matrice de confusion et analyse des erreurs

La figure 3.3 présente la matrice de confusion obtenue sur l’ensemble de test.

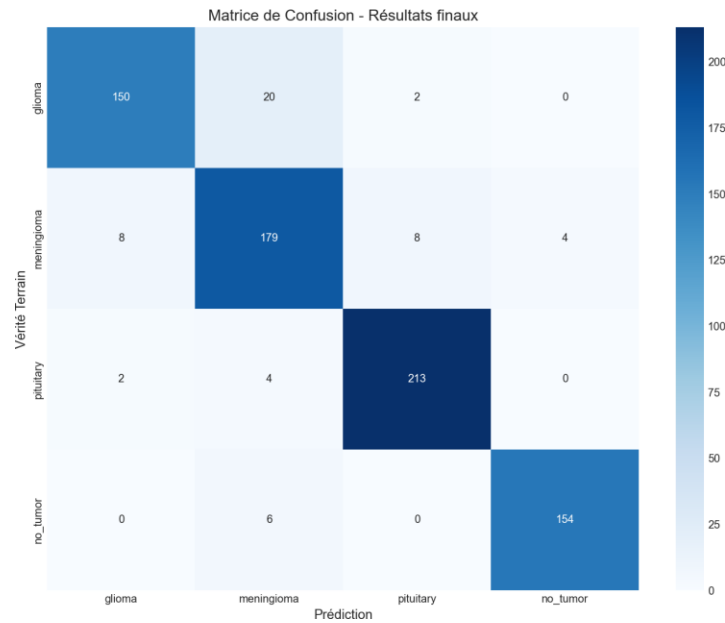


FIGURE 3.3 – Matrice de confusion de la classification sur l’ensemble de test

L’analyse de cette matrice révèle que le nombre total d’erreurs s’élève à 49 images sur 750, soit un taux d’erreur global de **6,53%**. Les principales confusions observées sont les suivantes :

- **Confusion méningiome / tumeur hypophysaire** : 12 cas, soit 24,5% des erreurs.
- **Non-détection de gliomes** : 10 cas (20,4% des erreurs).
- **Confusion gliome / méningiome** : 8 cas (16,3% des erreurs).

La figure 3.4 présente des exemples de prédictions correctes effectuées par le modèle sur l’ensemble de test.

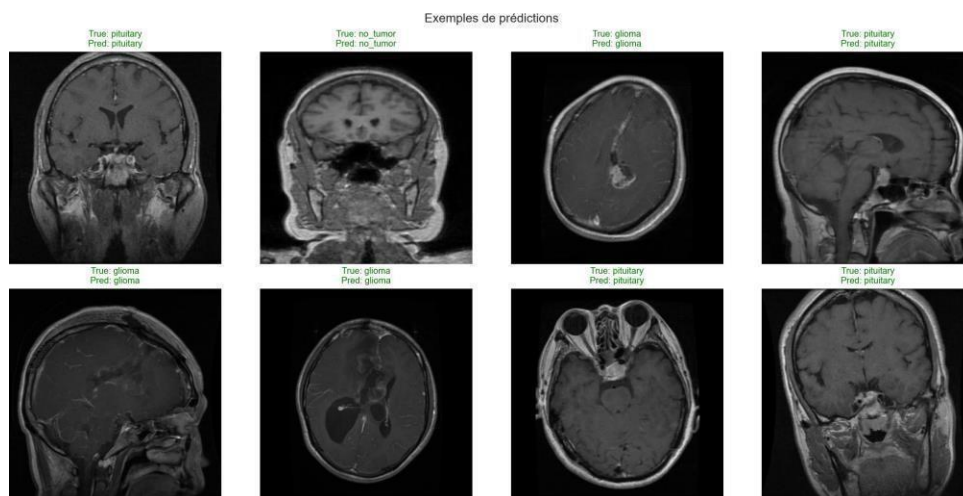


FIGURE 3.4 – Exemples de prédictions correctes du modèle

3.4.5 Comparaison des phases d'apprentissage

Le tableau 3.7 compare les performances en exactitude entre la phase d'extraction (phase 1) et la phase d'affinage (phase 2).

Phase	Exactitude entraînement	Exactitude validation
Phase 1 (extraction, 50 époques)	74,29%	84,27%
Phase 2 (affinage, 20 époques)	99,94%	93,07%
Gain	+25,65%	+8,80%

TABLE 3.7 – Comparaison des performances entre les deux phases d'apprentissage

3.5 Résultats de la segmentation

3.5.1 Architecture U-Net mise en œuvre

Le tableau 3.8 décrit l'architecture du modèle U-Net.

Niveau	Filtres	Rôle
1	64	Extraction des contours élémentaires
2	128	Détection des textures locales
3	256	Identification des structures intermédiaires
4	512	Capture du contexte sémantique
Bridge	1024	Caractérisation approfondie de la tumeur
Décodeur	512 à 64	Reconstruction spatiale progressive

TABLE 3.8 – Architecture du modèle U-Net

3.5.2 Fonction de perte Dice Loss

La segmentation d'images médicales est confrontée à un déséquilibre marqué entre les pixels tumoraux (minoritaires) et les pixels sains (majoritaires). Pour pallier cette difficulté, la fonction de perte Dice Loss a été retenue. Celle-ci est définie par les équations suivantes :

$$\text{Dice} = \frac{2 \times |P \cap R|}{|P| + |R|}$$

$$L_{\text{Dice}} = 1 - \text{Dice}$$

3.5.3 Paramètres d’entraînement

Le modèle U-Net a été entraîné pendant 30 époques sur un jeu de données de 400 images IRM redimensionnées à 128×128 pixels. Les hyperparamètres suivants ont été retenus :

- Taille des lots (batch size) : 8
- Taux d’apprentissage : 10^{-3}
- Optimiseur : Adam
- Fonction de perte : Dice Loss

3.5.4 Performances globales

Le tableau 3.9 présente les différentes métriques évaluant les performances du modèle U-Net pour la segmentation des tumeurs.

Métrique	Valeur	Pourcentage
Coefficient de Dice	0,2179	21,79%
IoU (Intersection over Union)	0,1222	12,22%
Accuracy (binaire)	0,9359	93,59%
Meilleure époque	9	—

TABLE 3.9 – Résultats de la segmentation U-Net

La figure 3.5 montre l’évolution du Dice score au cours des 30 époques d’entraînement.

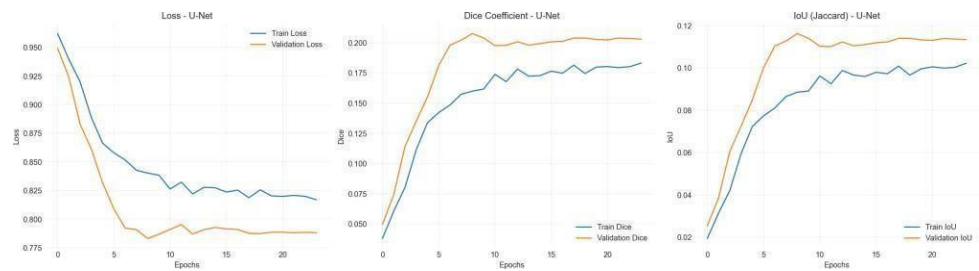


FIGURE 3.5 – Évolution du coefficient de Dice pendant l’entraînement

L’analyse de cette courbe révèle une progression constante du Dice score pendant les 9 premières époques, passant de 4,95% à 20,75%, avant de se stabiliser. L’arrêt précoce a été déclenché à l’époque 24, indiquant que le modèle a atteint sa performance maximale avec la configuration actuelle. L’accuracy binaire de 93,59% semble élevée, mais cette métrique est trompeuse dans le contexte de la segmentation médicale. En effet, la tumeur ne représente en moyenne que 2% des pixels d’une image IRM (environ 330 pixels sur 16 384). Un modèle qui prédirait systématiquement "pas de tumeur" obtiendrait déjà une accuracy de 98%. L’écart important entre l’accuracy (93,6%) et le Dice score (21,8%) illustre parfaitement le problème du déséquilibre des classes et justifie l’utilisation de métriques adaptées comme le coefficient de Dice. Ce tableau montre la progression du coefficient de Dice sur l’ensemble de validation au cours des 9 premières époques d’entraînement.

Époque	Dice Score
1	4,95%
2	7,40%
3	11,40%
4	13,49%
5	15,50%
6	18,10%
7	19,78%
8	20,21%
9	20,75%

Table 3.10– Progression du Dice score de validation

On observe une progression régulière du Dice score, multiplié par plus de 4 entre la première et la neuvième époque. Cette amélioration constante atteste de la capacité du modèle à apprendre des caractéristiques discriminantes pour la segmentation des tumeurs.

3.5.5 Visualisation des résultats de segmentation

La figure 3.6 présente des exemples de segmentation pour différents types de tumeurs.

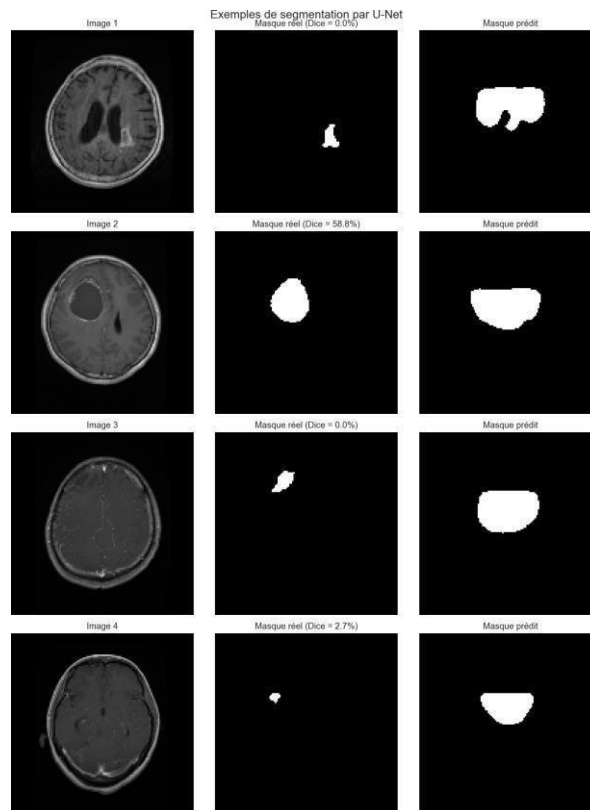


FIGURE 3.6 – Exemple de segmentation par U-Net

La figure 3.7 montre un autre exemple de segmentation avec superposition du contour prédit.

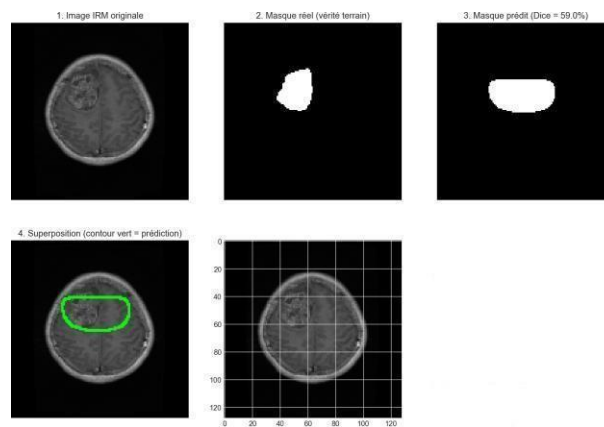


FIGURE 3.7 – Exemple de segmentation avec superposition du contour prédit

3.6 Discussion globale

3.6.1 Synthèse des performances

Le tableau 3.10 synthétise les performances des deux modèles sur leurs tâches respectives.

Tâche	Métrique	Valeur
Classification	Exactitude	92,80%
Segmentation	Coefficient de Dice	21,79%

TABLE 3.11 – Synthèse des performances des deux modèles

L'évaluation des performances met en évidence un contraste marqué entre les deux tâches. En classification, le modèle DenseNet121 atteint une exactitude de 92,80 % et un F1-score de 92,81 %, démontrant sa capacité à discriminer efficacement les quatre types de tumeurs. Ce résultat confirme la pertinence de la stratégie de transfert d'apprentissage adoptée. En segmentation, le modèle U-Net obtient un coefficient de Dice de seulement 21,79 % et un IoU de 12,22 %, performances modestes mais explicables par la complexité inhérente de la tâche, le déséquilibre extrême entre pixels tumoraux et sains (2 % contre 98 %), ainsi que par nos contraintes matérielles – absence de GPU et résolution réduite à 128×128 pixels. La progression régulière du Dice score durant l'apprentissage atteste néanmoins de la convergence du modèle. Ainsi, si la classification s'avère prometteuse pour une aide au diagnostic, la segmentation reste un verrou nécessitant des ressources accrues avant une éventuelle application Clinique.

3.7 Conclusion

Ce chapitre a permis de valider expérimentalement l'intérêt des réseaux de neurones convolutifs pour l'analyse des tumeurs cérébrales en IRM, en montrant que DenseNet121 assure une classification efficace et que U-Net offre une base solide pour la segmentation des lésions. Les résultats obtenus confirment que l'apprentissage profond constitue une approche prometteuse pour assister le diagnostic radiologique, tout en offrant une analyse rapide, reproductible et automatisable.

Cependant, l'étude met aussi en évidence certaines limites, notamment les erreurs de confusion entre classes proches en classification et la difficulté de segmentation liée au déséquilibre marqué entre pixels tumoraux et non tumoraux. Ces observations montrent que, malgré de bonnes performances globales, la robustesse clinique du système dépend encore de plusieurs facteurs, comme l'enrichissement de la base de données, l'optimisation des hyperparamètres et l'exploration d'architectures plus avancées.

Conclusion générale et perspectives

Ce travail a porté sur la mise en place d'un système intelligent de classification et de segmentation des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM, dans une perspective d'aide au diagnostic médical. L'étude avait pour ambition de répondre à deux problématiques complémentaires : identifier automatiquement la nature des images cérébrales et localiser les régions tumorales avec la plus grande précision possible. Pour cela, les architectures DenseNet121 et U-Net ont été choisies pour leurs performances reconnues dans le domaine de la vision par ordinateur médicale.

Les résultats obtenus pour la tâche de classification sont globalement très satisfaisants. Le modèle DenseNet121, affiné en deux phases, a atteint une exactitude de 92,80% sur l'ensemble de test, avec un F1-score moyen de 92,81%. Les meilleures performances ont été observées pour les tumeurs hypophysaires et les images sans tumeur, ce qui témoigne de la capacité du modèle à distinguer efficacement certaines classes bien caractérisées. Néanmoins, des confusions persistent entre les méningiomes et les tumeurs hypophysaires, ainsi qu'entre certains gliomes et les autres catégories, ce qui montre que la tâche reste délicate dans des cas anatomiquement ou visuellement proches.

Concernant la segmentation, les résultats sont plus modestes mais demeurent significatifs. Le modèle U-Net a obtenu un coefficient de Dice de 21,79% et un IoU de 12,22%, ce qui indique une capacité réelle de localisation des régions tumorales, mais encore insuffisante pour une application clinique directe. Cette performance s'explique en grande partie par les contraintes matérielles, notamment l'exécution sur CPU, la réduction de la résolution des images et le volume limité de données exploitées pour l'entraînement. Malgré cela, la progression régulière du Dice score au cours de l'apprentissage confirme la convergence du modèle et la pertinence de l'approche retenue.

En définitive, ce projet met en évidence le potentiel des techniques d'apprentissage profond dans l'analyse des images IRM cérébrales. Il montre qu'une architecture adaptée, associée à une stratégie d'entraînement rigoureuse, peut offrir des résultats très encourageants en classification.

CONCLUSION GÉNÉRALE ET PERSPECTIVES

En revanche, la segmentation reste un défi plus complexe, nécessitant des ressources matérielles plus importantes, davantage de données et probable-ment des ajustements méthodologiques supplémentaires. Les perspectives d'amélioration incluent notamment l'utilisation d'un GPU, l'augmentation de la résolution des images, l'élargissement de la base de données et l'exploration d'architectures plus avancées afin d'accroître la précision de la segmentation.

Les résultats obtenus ouvrent plusieurs perspectives de recherche prometteuses. Il conviendrait, dans de futurs travaux, de renforcer les capacités expérimentales par l'utilisation d'un environnement matériel plus performant, notamment un GPU, afin d'autoriser un apprentissage plus approfondi et une meilleure résolution spatiale des images. Par ailleurs, l'intégration de modalités IRM complémentaires (T2, FLAIR, ADC) et l'évaluation d'architectures plus avancées (Attention U-Net, TransUNet) pourraient permettre d'améliorer sensiblement la détection et la délimitation des régions tumorales. À plus long terme, la validation clinique sur des données hétérogènes et en conditions réelles constituerait une étape essentielle vers le développement de systèmes d'aide au diagnostic fiables et transposables à la pratique hospitalière.

Annexe :

Définitions

Méninges

Ensemble de trois membranes (dure-mère, arachnoïde et pie-mère) qui enveloppent et protègent le système nerveux central (cerveau et moelle épinière).

Cellules gliales

Cellules du système nerveux qui assurent le soutien, la nutrition et la protection des neurones. Elles comprennent les astrocytes, les oligodendrocytes et les microglies.

Mélanome

Type de cancer de la peau qui se développe à partir des mélanocytes (cellules produisant le pigment mélanique). Il est connu pour son fort potentiel métastatique, y compris vers le cerveau.

Astrocytes

Type de cellules gliales en forme d'étoile qui assurent le soutien mécanique et métabolique des neurones. Ils participent également à la réparation du tissu nerveux.

Oligodendrocytes

Type de cellules gliales responsables de la formation de la gaine de myéline autour des axones dans le système nerveux central, ce qui accélère la transmission des influx nerveux.

Pronostic réservé

Terme médical signifiant que l'évolution attendue de la maladie est défavorable, avec une espérance de vie limitée malgré les traitements.

Œdème papillaire

Œdème de la papille optique (tête du nerf optique) causé par une augmentation de la pression intracrânienne.

Radionécrose

Nécrose (destruction) des tissus cérébraux sains causée par l'exposition aux radiations ionisantes utilisées en radiothérapie.

Bibliographie

- [1] Housni A, Boujraf S, Maaroufi M, et al. L'apport de l'IRM multimodale dans la prise en charge des tumeurs cérébrales. *Journal de Radiologie Diagnostique et Interventionnelle*. 2014 ;95(4) :322-330.
- [2] Louis DN, Perry A, Wesseling P, et al. The 2021 WHO Classification of Tumors of the Central Nervous System : a summary. *Neuro-Oncology*. 2021 ;23(8) :1231-1251.
- [3] Cheng J. Brain tumor dataset. *Figshare*. 2017.
- [4] Fateh M, et al. BRISC 2025 : A Benchmark Dataset for Brain Tumor Image Segmentation and Classification. *Kaggle Dataset*. 2025.
- [5] Montenon I. IRM : rôle, déroulement, avantages et effets secondaires. Qare par HealthHero. 2023.
- [6] Info-radiologie.ch. Séquences IRM, pondération T1 et T2.
- [7] Fondation ARC pour la recherche sur le cancer. Les cancers du cerveau – Brochure d'information. 2025.
- [8] Laguel H. Déploiement sur une plateforme de visualisation d'un algorithme coopératif pour la segmentation d'images IRM. Mémoire d'ingénieur. Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou ; 2010.
- [9] Batool M, et al. Brain tumor segmentation and classification using deep learning : A comprehensive review. *Computers in Biology and Medicine*. 2024 ;168 :107812.
- [10] Ouari MC, Ghrissi AT. Classification des tumeurs cérébrales en utilisant Deep Learning. Mémoire de Master. Université Echahid Hamma Lakhdar El Oued ; 2021.
- [11] Chen B, Zhang L, Chen H, et al. A novel extended Kalman filter with support vector machine based method for the automatic diagnosis and segmentation of brain tumors. *Computer Methods and Programs in Biomedicine*. 2021 ;200 :105797.
- [12] Ronneberger O, Fischer P, Brox T. U-Net : Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation. *MICCAI*. 2015.
- [13] Ghidouche A, Ait Ali D, Kheireddine L, et al. Étude épidémiologique des tumeurs cérébrales : cas du CHU de Bejaia. *Neurochirurgie*. 2014 ;60(6) :350.
- [14] Touati S, Djekkoun R, El-Okki ME, Satta D. Epidemiology and survival analyses of 333 adult glioma patients from Eastern Algeria (2008-2016). *African Health Sciences*. 2020 ;20(3) :1250-1258.
- [15] Goodfellow I, Bengio Y, Courville A. *Deep Learning*. MIT Press ; 2016.
- [16] Huang G, Liu Z, Van Der Maaten L, Weinberger KQ. Densely Connected Convolutional Networks. In : *Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)* ; 2017 ; Honolulu, USA. p. 4700–4708.

- [17] Mahcene M, Bettayeb H. *Brain Tumor Detection Using Deep Learning*. Mémoire de Master en Informatique ; Université Kasdi Merbah Ouargla ; 2021.
- [18] Tajbakhsh N, Shin JY, Gurudu SR, Hurst RT, Kendall CB, Gotway MB, Liang J. Convolutional Neural Networks for Medical Image Analysis : Full Training or Fine Tuning ? *IEEE Transactions on Medical Imaging*. 2016 ;35(5) :1299–1312.

Résumé

Les tumeurs cérébrales constituent une pathologie grave du système nerveux central, et leur détection précoce demeure un enjeu majeur en imagerie médicale. Ce travail vise à développer un système automatique de classification et de segmentation des tumeurs cérébrales à partir d'images par résonance magnétique (IRM) en utilisant des approches d'apprentissage profond. L'étude s'appuie sur la base de données BRISC 2025, qui contient 6 000 coupes IRM pondérées en T1 avec injection de gadolinium, réparties en quatre classes équilibrées : gliome, méningiome, tumeur hypophysaire et absence de tumeur. Pour la classification, l'architecture DenseNet121 a été implémentée avec une stratégie de transfert d'apprentissage en deux phases. Pour la segmentation, l'architecture U-Net a été utilisée avec une fonction de perte Dice loss. Les résultats montrent un contraste marqué entre les deux tâches. Le modèle de classification atteint une exactitude de 92,80 % et un F1-score moyen de 92,81 %, démontrant sa capacité à discriminer efficacement les différents types de tumeurs. Le modèle de segmentation obtient un coefficient de Dice de 21,79 % et un IoU de 12,22 %, performances modestes principalement expliquées par le déséquilibre extrême des classes, les contraintes matérielles (exécution sur CPU uniquement, résolution réduite à 128×128 pixels) et la complexité inhérente à la délimitation au niveau du pixel. Malgré ces limites, la progression régulière du Dice score durant l'apprentissage confirme la convergence du modèle et la pertinence de l'approche choisie. Ce travail démontre la faisabilité d'une classification automatisée des tumeurs cérébrales avec des performances prometteuses pour l'aide au diagnostic, tout en soulignant que la segmentation reste un verrou scientifique et technique nécessitant des ressources computationnelles accrues et des jeux de données annotés plus conséquents avant une éventuelle application clinique.

Mots-clés : Tumeur cérébrale, IRM, apprentissage profond, réseaux de neurones convolutifs, classification, segmentation, DenseNet121, U-Net, transfert d'apprentissage, BRISC 2025.

Abstract

Brain tumors represent a serious pathology of the central nervous system, and their early detection remains a major challenge in medical imaging. This work aims to develop an automatic system for the classification and segmentation of brain tumors from magnetic resonance imaging (MRI) scans using deep learning approaches. The study is based on the BRISC 2025 database, which contains 6,000 T1-weighted MRI slices with gadolinium injection, divided into four balanced classes: glioma, meningioma, pituitary tumor, and no tumor. For classification, the DenseNet121 architecture was implemented with a two-phase transfer learning strategy. For segmentation, the U-Net architecture was used with a Dice loss function. The results show a clear contrast between the two tasks. The classification model achieves an accuracy of 92.80% and an average F1-score of 92.81%, demonstrating its ability to effectively discriminate between different tumor types. The segmentation model obtains a Dice coefficient of 21.79% and an IoU of 12.22%, modest performances mainly explained by the extreme class imbalance, hardware constraints (CPU-only execution, reduced resolution to 128×128 pixels), and the inherent complexity of pixel-level delineation. Despite these limitations, the regular progression of the Dice score during training confirms model convergence and the relevance of the chosen approach. This work demonstrates the feasibility of automated brain tumor classification with promising performance for diagnostic assistance, while highlighting that segmentation remains a scientific and technical challenge requiring increased computational resources and larger annotated datasets before clinical application.

Keywords: Brain tumor, MRI, deep learning, convolutional neural networks, classification, segmentation, DenseNet121, U-Net, transfer learning, BRISC 2025.

المخلص

تمثل أورام الدماغ أمراضًا خطيرة تصيب الجهاز العصبي المركزي، ولا يزال اكتشافها المبكر تحديًا كبيرًا في التصوير الطبي. يهدف هذا العمل إلى تطوير نظام آلي لتصنيف وتجزئة أورام الدماغ من صور الرنين المغناطيسي باستخدام أساليب التعلم العميق. تعتمد الدراسة مع حقن الغادولينيوم، T1 ، التي تحتوي على 6000 مقطع من صور الرنين المغناطيسي الموزونة بـ BRISC 2025 على قاعدة بيانات موزعة على أربع فئات متوازنة: الورم الدبقي، والورم السحلي، وورم الغدة النخامية، وغياب الورم. بالنسبة للتصنيف، تم استخدام بنية Dice مع دالة خسارة U-Net مع استراتيجية التعلم بالنقل على مرحلتين. أما بالنسبة للتجزئة، فتم استخدام بنية DenseNet121

قدره 92.81%، مما يثبت F1-score تظهر النتائج تباينًا واضحًا بين المهمتين. يحقق نموذج التصنيف دقة قدرها 92.80% ومتوسط قدره 12.22%، IoU قدره 21.79% و Dice قدرته على التمييز الفعال بين أنواع الأورام المختلفة. يحصل نموذج التجزئة على معامل وهي أداءات متواضعة تفسر أساسًا بالاختلال الشديد في الفئات، والقيود المادية (التنفيذ على المعالج المركزي فقط، دقة مخفضة إلى أثناء Dice 128×128 بكسل)، والتعقيد المتأصل في التحديد على مستوى البكسل. على الرغم من هذه القيود، فإن التقدم المنتظم لدرجة التدريب يؤكد تقارب النموذج وملاءمة النهج المختار. يثبت هذا العمل جدوى التصنيف الآلي لأورام الدماغ بأداء واعد للمساعدة التشخيصية، مع التأكيد على أن التجزئة لا تزال تحديًا علميًا وتقنيًا يتطلب موارد حسابية معززة وقواعد بيانات موسعة قبل أي تطبيق سريري محتمل.

الكلمات المفتاحية : ورم الدماغ، الرنين المغناطيسي، التعلم العميق، الشبكات العصبية الالتقافية، التصنيف، التجزئة، التعلم بالنقل،

DenseNet121، U-Net، التعلم بالنقل، BRISC 2025