

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 : Génie Biomédical

Spécialité : IMAGERIE MEDICALE

Par: BENYAMINA OUSSAMA & ZERROUKI SBA FATHALLAH

Sujet :

Conception d'une application informatique pour la segmentation 3D des images IRM cérébrales

Soutenu publiquement, le 25 / 06 / 2025 , devant le jury composé de :

Mr. BENGANA Abdelfatih
Mme. BELAROUCI Sara
Mr. MESSADI Mahammed
Mlle. ELAOUABER Zineb

MCA
MCB
PR
Docteur

Université de Tlemcen
Université de Tlemcen
Université de Tlemcen
Université de Tlemcen

Président
Examineur
Encadreur
Co-Encadreur

Remerciements

Nous exprimons avant tout notre profonde gratitude envers Dieu, qui nous a insufflé la volonté et le courage nécessaires pour mener à bien nos études.

Nos sincères remerciements vont également à nos parents, dont le soutien indéfectible et l'encouragement constant ont été une source précieuse de motivation tout au long de cette aventure académique.

Nous tenons à exprimer notre reconnaissance envers Monsieur Messadi Mahammed et Mademoiselle ELAOUABER Zineb, dont la patience, l'engagement et l'intérêt pour notre travail ont été déterminants. Leurs conseils avisés, remarques constructives et idées novatrices ont grandement enrichi cette étude.

Nous adressons également nos plus sincères remerciements aux membres du jury, dont la présence honorifique lors de la soutenance témoigne de leur engagement à évaluer notre travail avec rigueur. Nous accueillons avec enthousiasme leurs observations et suggestions, qui ne manqueront pas de contribuer à l'approfondissement et à l'amélioration de notre réflexion.

Enfin, nous souhaitons exprimer notre gratitude envers l'ensemble des enseignants qui nous ont accompagnés tout au long de notre parcours. Leur savoir, leur pédagogie et leur dévouement ont joué un rôle essentiel dans notre formation. Nous remercions également tous ceux qui, de près ou de loin, ont contribué à l'élaboration et à la réussite de ce travail.

Dédicace :

Au nom d'Allah, Avant toute chose, je rends grâce à Allah qui a illuminé mon chemin et m'a permis d'atteindre ce moment précieux.

Je souhaite exprimer, avec amour et respect, toute ma reconnaissance envers mes chers parents. Que Dieu les préserve et les protège, eux qui ont été un soutien indéfectible tout au long de mon parcours.

*J'adresse également une pensée sincère à ma sœur ainsi qu'à mes frères **Mohamed** et **Khaled**, à qui je dédie humblement cette réussite.*

*Mes remerciements s'étendent à mon frère et ami **Toufik Echchikh**, ainsi qu'à toute ma famille, dont le soutien et l'affection ont été une source précieuse de motivation.*

À tous mes collègues et à toutes les personnes qui ont contribué, de près ou de loin, à cette aventure, je témoigne ma profonde gratitude.

*Enfin, une mention toute particulière à mon binôme **Fathallah**, dont l'engagement, l'enthousiasme et la bienveillance ont été une véritable force tout au long de ce travail. Son soutien et sa générosité ont rendu cette collaboration des plus agréables et enrichissantes.*

BENYAMINA OUSSAMA

Dédicace :

Louange à Dieu, Le Très-Haut, pour Sa guidance, Sa patience et les bénédictions qu'Il a versées tout au long de mon parcours.

Je dédie ce travail en premier lieu à l'âme de mon grand-père bien-aimé, que Dieu l'accueille dans Son vaste paradis. Son souvenir continue d'habiter mon cœur, et son exemple m'a toujours inspiré à persévérer et à croire en moi.

À mon père et à ma mère, mes piliers, mes refuges. Que Dieu vous bénisse pour votre amour sans mesure, vos sacrifices quotidiens, et votre présence indéfectible à chaque étape de ma vie. C'est à vous que je dois ce que je suis.

À mes frères et ma sœur, Abdallah, Amine et Nada : merci pour votre tendresse, vos encouragements et votre patience. Votre soutien m'a apporté la force dans les moments les plus difficiles.

À mon honorable directeur de mémoire, Monsieur Mahammed Messadi, je tiens à exprimer ma plus sincère gratitude pour votre accompagnement précieux, vos conseils éclairés et votre bienveillance tout au long de ce projet. Votre encadrement a été une véritable source de motivation et de progrès.

Ce travail, bien que modeste, vous est dédié avec tout mon cœur, ma reconnaissance éternelle et mes prières les plus sincères.

ZERROUKI SBA FATHALLAH

Résumé:

La segmentation des images IRM cérébrales constitue une étape cruciale pour l'identification précise des structures anatomiques et des anomalies, notamment les tumeurs, facilitant ainsi le diagnostic, le suivi et la planification thérapeutique. Cependant, la segmentation manuelle est une tâche fastidieuse, chronophage et sujette à des variations inter-opérateurs, ce qui limite son efficacité en pratique clinique. Ce projet vise donc à automatiser ce processus en développant une application d'analyse d'IRM cérébrales 3D intégrant une segmentation multi-séquence (FLAIR, T1, T1CE et T2) pour détecter les différentes régions tumorales : tissu sain, zone nécrotique/non-rehaussante, œdème, et région rehaussante. L'application propose une interface intuitive permettant l'importation d'images au format NIfTI, leur visualisation selon les trois plans anatomiques (axial, sagittal et coronal), la personnalisation des couleurs d'affichage, ainsi qu'une navigation fluide entre les coupes. Pour la segmentation automatique, nous avons utilisé des réseaux de neurones convolutifs (CNN), appelé U-Net 3D ce qui a permis de générer des visualisations multi-planaires précises. Ensuite une reconstruction 3D complète des tumeurs dans leur contexte cérébral est introduite en utilisant la méthode marching cube. Le modèle U-Net 3D a donné une exactitude de 99.4% en utilisant la base de données publique Brats2020.

Mots clés : IRM, Segmentation 3D, Gliome, U-Net 3D, Reconstruction, Marching cube.

Abstract:

Brain MRI image segmentation is a crucial step for the accurate identification of anatomical structures and abnormalities, particularly tumors, thereby facilitating diagnosis, monitoring, and treatment planning. However, manual segmentation is a tedious, time-consuming task, and subject to inter-operator variability, which limits its effectiveness in clinical practice. This project aims to automate this process by developing a 3D brain MRI analysis application that integrates multi-sequence segmentation (FLAIR, T1, T1CE, and T2) to detect various tumor-related regions: healthy tissue, necrotic/non-enhancing areas, edema, and enhancing tumor regions. The application features an intuitive interface that enables the import of NIfTI images, their visualization across the three anatomical planes (axial, sagittal, and coronal), color customization, and smooth navigation between slices. For automatic segmentation, we employed convolutional neural networks (CNNs), specifically the 3D U-Net, which enabled us to generate accurate multi-planar visualizations. Subsequently, a complete 3D reconstruction of tumors within the brain context was achieved using the marching cubes method. The 3D U-Net attained an accuracy of 99.4% using the publicly available BraTS 2020 dataset.

Keywords: MRI, 3D segmentation, glioma, 3D U-Net, reconstruction, marching cubes

الملخص:

تُعدّ عملية تقسيم صور الرنين المغناطيسي للدماغ خطوة أساسية لتحديد البنى التشريحية والاختلالات بدقة، ولا سيما الأورام، مما يُسهّل عمليات التشخيص، المتابعة، والتخطيط العلاجي. غير أن التقسيم اليدوي يُعتبر مهمة شاقة وتستغرق وقتاً طويلاً، كما أنه عرضة لاختلافات بين المستخدمين، مما يُقلّل من فعاليته في الممارسة السريرية. يهدف هذا المشروع إلى أتمتة هذه العملية من خلال تطوير تطبيق لتحليل صور لاكتشاف المناطق المختلفة من الورم: (FLAIR، T1، T1CE و T2) الرنين المغناطيسي ثلاثية الأبعاد للدماغ، يدمج تقسيماً متعدد التتابعات النسيج السليم، المنطقة الميتة/غير المعززة، الوذمة، والمنطقة المعززة. يُقدّم التطبيق واجهة سهلة الاستخدام تتيح استيراد الصور بصيغة ، وعرضها حسب المستويات التشريحية الثلاثة (المحوري، السهمي، والإكليلي)، مع إمكانية تخصيص ألوان العرض والتنقل بسلسلة NIFTI ، ما أتاح إنتاج عروض متعددة U-Net 3D تُعرف بـ (CNN) بين الشرائح. فيما يخص التقسيم الآلي، تم اعتماد شبكات عصبونية التفاضلية "Marching" المستويات بدقة عالية. لاحقاً، أُدخلت تقنية إعادة البناء ثلاثي الأبعاد الكاملة للأورام ضمن السياق الدماغي باستخدام خوارزمية Brats2020. دقة بلغت 99.4% باستخدام قاعدة البيانات العامة U-Net 3D وقد حقق نموذج "Cube".

الكلمات المفتاحية: الرنين المغناطيسي، التقسيم ثلاثي الأبعاد، الورم الدبقي، إعادة البناء، خوارزمية

U-Net 3D, Marching Cube

SOMMAIRE

Liste de Figures	XI
Liste des tableaux	XI
Introduction générale	1
Chapitre 1 : Contexte médical	3
1. Introduction	4
2. L'imagerie médicale	4
2.1. Le Cerveau	4
2.2. Outils et Techniques	5
3. IRM	6
3.1. L'IRM : principes fondamentaux et fonctionnement.....	7
- 3.2. L'IRM : un processus d'imagerie basé sur les propriétés magnétiques.....	7
3.3. La résonance magnétique nucléaire (RMN).....	8
3.3.1 Magnétisation	9
3.3.2 Résonance	9
3.3.3 Relaxation	10
4. Séquences d'IRM	11
4.1. Écho de spin	11
4.2. Écho de gradient	12
4.3. Classification des séquences	13
5. Contraste de l'image	13
5.1. IRM pondérée en T1	14
5.2. IRM pondérée en T2	14
5.3. IRM pondérée en densité protonique (DP).....	14
5.4. Flair	15
6. Reconstruction d'image IRM	16
6.1. Sélection de coupe	16

6.2. Encodage en phase	17
6.3. Codage en fréquence	17
6.4. Espace k et formation d'image	18
7. Format NIFTI	19
8. Conclusion	20
Chapitre 2 : Analyse des images IRM	21
1. Introduction	22
2. La segmentation d'image	23
3. Types de segmentation.....	23
3.1 Segmentation classique	23
3.3.1. Méthodes de segmentation classique	23
3.2 Segmentation automatique par IA	25
3.2.1 L'intelligence artificielle (IA).....	25
3.2.2 La segmentation par intelligence artificielle	27
3.2.3 Les réseaux neuronaux convolutifs (CNN)	28
3.2.3.1 Principaux Composants d'un CNN	28
3.2.3.2 Réseau neuronal déconvolutif (DCNN)	32
3.2.3.3 Modèles CNN	34
4. Reconstruction 3D	36
4.1 Techniques de reconstruction 3D	37
4.1.1 Rendu volumique	37
4.1.2 Ray casting	37
4.1.3 Maximum Intensity Projection (MIP)	38
4.1.4 Multi Planar Reconstruction (MPR)	38
4.1.5 Marching cubes	39
5. Visualisation 3D	40
5.1 Principe de fonctionnement	41

6. Visualisation multiple views	41
7. Etat de l’art	42
8. Conclusion	45
Chapitre III : Expériences et Résultats.....	46
1. Introduction	47
2. Base de données.....	47
2.1 Description des données d'imagerie	48
2.2 Augmentation de la base de données	49
2.3 Format des images	51
3. Configuration de l’environnement	52
3.1 Environnement de travail.....	52
3.2 Kaggle....	53
3.3 Pourquoi utiliser Kaggle pour notre projet ?.....	53
4. Prétraitement des données	53
5. Préparation des données pour l'entraînement.....	54
5.1 Division du jeu de données en trois ensembles.....	54
5.1.1 Rôle de chaque ensemble	54
5.1.2 Répartition des données après augmentation	55
5.2 Création d'un Data Generator.....	55
6. Segmentation automatique avec U-NET 3D.....	56
6.1 L’architecture U-Net 3D.....	56
6.2 Composants de l'U-Net 3D.....	57
6.3 Caractéristiques Clés	58
6.4 Différences Clés entre U-Net 2D et U-Net 3D	58
7. Métriques d’évaluation	60
8. Entraînement du modèle	61
8.1 Methode fit	61

8.2 Analyse des métriques après entraînement	61
8.3 Prédire les segmentations tumorales	63
9. Visualisation 3D du cerveau	65
9.1 VTK- the Visualization Toolkit	65
9.2 3D Visualisation avec VTK et Marching Cubes.....	66
10. Visualisation multi-vues	67
11. Etude comparative	68
12. Les interfaces graphiques	69
12.1 Tkinter	69
12.2 PyQt	70
13. Présentation de notre application de bureau développée	70
14. Conclusion	75
Conclusion général	76
Bibliographie	78

Liste de Figures :

N°	FIGURE	PAGE
1.1	Glioblastome cérébral	5
1.2	principe de fonctionnement de l'IRM en quatre étapes	8
1.3	Orientation des protons avant et après l'atteinte du sommet dans un champ magnétique	9
1.4	Phénomène de résonance	10
1.5	Relaxation longitudinale	10
1.6	Relaxation transversale	11
1.7	Schéma de la séquence d'écho de spin	12
1.8	Schéma de la séquence d'écho de gradient	13
1.9	pondérations en T1, T2, densité protonique en IRM	15
1.10	Différentes modalités d'IRM : FLAIR, T1, T1CE et T2.	15
1.11	coupes axiales, sagittales ou frontales par le gradient de sélection de coupe	16
1.12	Encodage de phase	16
1.13	Encodage de fréquence	18
1.14	Espace k et reconstruction d'image	19
2.1	Segmentation par seuillage simple : (a) image originale, (b) image binaire (seuil=0.6), (c) image binaire (seuil=0.5)	24
2.2	Segmentation par croissance de régions	25
2.3	segmentation sémantique	28
2.4	Le processus de convolution sur l'image	29
2.5	Max-Pooling et Average-Pooling.	30
2.6	Fonction d'activation ReLU.	31
2.7	Transposed convolution avec kernel 2*2 et stride 2	33
2.8	Exemple de couche d'upsampling	34
2.9	SegNet architecture	35

2.10	U-Net architecture	36
2.11	Look up table for the Marching Cubes algorithm	40
2.12	axial/transversal, coronal et sagittal planes	42
3.1	Patient_001 slice 77 (FLAIR, T1CE, T2, T1 and Segmentation MASK)	49
3.2	Data Augmentation : rotation, flipped, rotation 90° and rotation 90°	50
3.3	The three planes of the FLAIR image, PATIENT_001	51
3.4	4 different classes of segmentation image	52
3.5	Division du jeu de données en trois ensembles (Entraînement, Validation et Test).	55
3.6	3D U-Net Architecture	57
3.7	Métriques de performance de l'entraînement du modèle.	62
3.8	Prédictions aléatoires et comparaison avec l'original.	64
3.9	Visualisation 3D du cerveau avec tumeur	67
3.10	Les Trois vues du cerveau avec tumeur : axiale, coronale et sagittale.	67
3.11	Python PyQt examples.	70
3.12	Interface principale de notre application.	71
3.13	Interface de segmentation automatique.	72
3.14	Interface de visualisation 3D du cerveau avec la tumeur.	74
3.15	Interface de visualisations multi-vues.	75

Liste des Tableaux :

N°	Titre	Page
01	4 Différences Clés entre U-Net 2D et U-Net 3D	57
02	Les valeurs métriques d'entraînement et de validation	61
03	Etude Comparative	68

Introduction Générale :

Les progrès récents en imagerie médicale ont considérablement révolutionné la médecine contemporaine. En effet, grâce à des équipements avancés, au matériel informatique performant, il est possible d'explorer le corps humain sans être obligé de l'ouvrir et de recueillir des informations très précises sur la structure et le fonctionnement des organes qui le composent.

Un dépistage efficace des maladies possible dès les premiers stades de leur développement, avant même l'apparition des premiers symptômes, est dorénavant envisageable grâce à des outils de choix IRM, scanners et échographies. Plus le repérage de la pathologie est précoce, meilleures sont les chances de guérison.

Les équipes chirurgicales peuvent désormais mettre à bien leurs projets opératoires, après avoir préparé la modélisation des organes concernés en trois dimensions. Grâce à ces procédés, les médecins disposent alors d'une meilleure connaissance des données anatomiques qu'ils devront rencontrer au cours de l'acte opératoire, ce qui réduit le risque d'incidents chirurgicaux.

L'imagerie s'affirme également comme l'outil essentiel pour évaluer l'efficacité des traitements. Au quotidien, les praticiens vérifient la bonne réponse du malade aux soins depuis engagés, réajustent si besoin, et contrôlent l'évolution clinique du patient après son retour à domicile en s'assurant de l'absence de récurrence.

Avec l'avènement de l'intelligence artificielle, l'imagerie médicale s'intensifie pour devenir encore plus puissante et d'un accès élargi. Elle élargit également les horizons de la recherche et des soins personnalisés.

Les tumeurs cérébrales sont particulièrement complexes à traiter « d'une part leur architecture est très variable, puis parce qu'elles sont structurellement hétérogènes et qu'elles sont parfois indiscernables du reste du tissu cérébral, et enfin parce qu'il faut déterminer comment elles s'organisent par rapport au tissu fonctionnel du cerveau d'autre part ».

Dans ce projet, nous proposons une approche multimodale pour l'analyse des IRM tridimensionnelles, en exploitant les quatre séquences d'imagerie (FLAIR, T1, T1CE et T2) afin de caractériser avec précision les différentes zones tumorales : régions actives, tissus nécrotiques, œdèmes et zones infiltrées.

Notre solution s'appuie sur des techniques d'intelligence artificielle, notamment des réseaux de neurones convolutifs de type U-Net 3D, capables d'atteindre un niveau de précision comparable à celui des experts cliniciens.

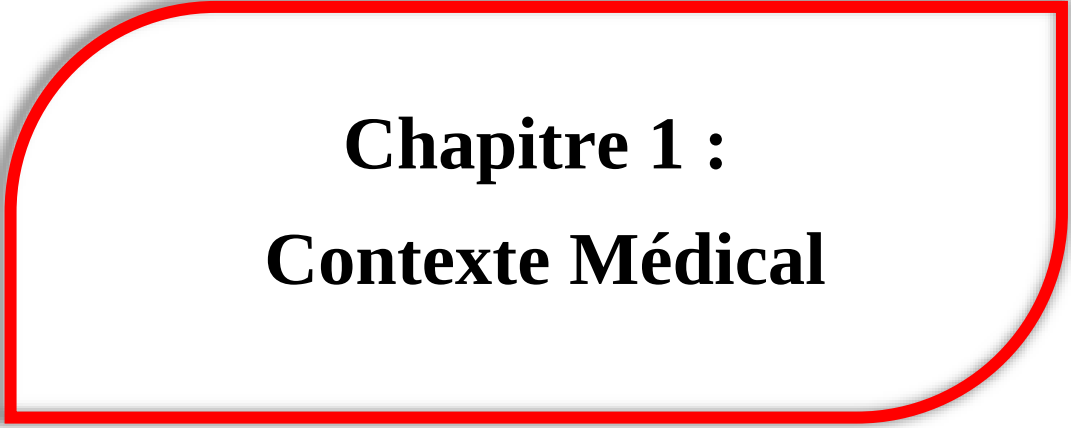
Par ailleurs, nous utilisons l'algorithme des marching cubes pour générer des visualisations tridimensionnelles interactives, permettant au médecin de manipuler le volume tumoral dans son environnement cérébral.

Le projet est organisé en plusieurs chapitres. Le **premier chapitre** est dédié à la **présentation du contexte médical**, fournissant les bases nécessaires à la compréhension du sujet.

Le **deuxième chapitre** aborde l'**analyse des images IRM**, en explorant les techniques de **segmentation**, de **reconstruction** et de **visualisation**, essentielles pour optimiser le traitement et l'interprétation des données.

Le **troisième chapitre** est consacré aux **expériences menées** et à l'**analyse des résultats du projet**, mettant en lumière les performances obtenues et les implications de l'étude.

Enfin, ce travail se conclut par une **synthèse générale**, récapitulant les résultats obtenus et les principales contributions de notre recherche.

A red rounded rectangle border with a slight drop shadow, containing the chapter title.

Chapitre 1 : Contexte Médical

1. Introduction :

Le domaine médical connaît une progression constante dans les techniques de diagnostic et de traitement, grâce aux avancées technologiques en imagerie médicale et au perfectionnement des équipements dédiés. L'amélioration de la précision des outils diagnostiques contribue directement à une prise en charge plus efficace des patients, optimisant les stratégies thérapeutiques.

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) figure parmi les techniques les plus répandues en imagerie médicale, jouant un rôle fondamental dans le diagnostic et l'analyse des structures internes du corps humain. Ce chapitre détaille le principe de fonctionnement de l'IRM, explore ses différentes séquences, analyse les facteurs influençant le contraste des images IRM, et explique le processus de reconstruction d'image, essentiel à l'interprétation médicale.

2. L'imagerie médicale :

Joue un rôle crucial dans la compréhension du cerveau humain, permettant de visualiser ses structures et ses fonctions avec une précision croissante. Cette technologie a révolutionné le domaine des neurosciences en offrant des outils puissants pour diagnostiquer, étudier et traiter les maladies neurologiques [1].

2.1 Le Cerveau :

Le cerveau, organe complexe et fascinant, est à la fois à l'origine de la pensée, du mouvement et de la régulation des fonctions corporelles. En comprendre le fonctionnement devient indispensable pour appréhender les pathologies neurologiques et psychiatriques [2].

2.1.1 Matière grise et matière blanche du cerveau :

La matière grise du cerveau est constituée des corps cellulaires des neurones, tandis que la matière blanche regroupe leurs prolongements, les axones. La matière grise se répartit à la surface des hémisphères cérébraux et du cervelet, formant le cortex, ainsi qu'en profondeur, dans les noyaux tels que le thalamus et l'hypothalamus, et dans le tronc cérébral ainsi que la moelle épinière.

La matière blanche, quant à elle, est composée de faisceaux de fibres nerveuses qui relient les différentes régions de matière grise et assurent la transmission des signaux entre les neurones [3].

2.1.2 Gliome :

Les gliomes sont des tumeurs cérébrales malignes qui prennent naissance dans les cellules gliales, essentielles au soutien et au bon fonctionnement des neurones du cerveau.

Leur diagnostic est complexe et leur traitement extrêmement difficile en raison de la barrière hémato-encéphalique. Ce mécanisme naturel de protection du cerveau, conçu pour empêcher les substances nocives de pénétrer, limite également l'efficacité des traitements en empêchant les médicaments d'atteindre certaines zones cérébrales.

De plus, les gliomes infiltrent les tissus cérébraux sains avoisinants, rendant la distinction entre cellules tumorales et normales particulièrement ardue. L'ensemble de ces défis fait du gliome l'un des cancers les plus agressifs, avec un taux de survie médian inférieur à deux ans après le diagnostic [4]. **(Figure 1.1)**

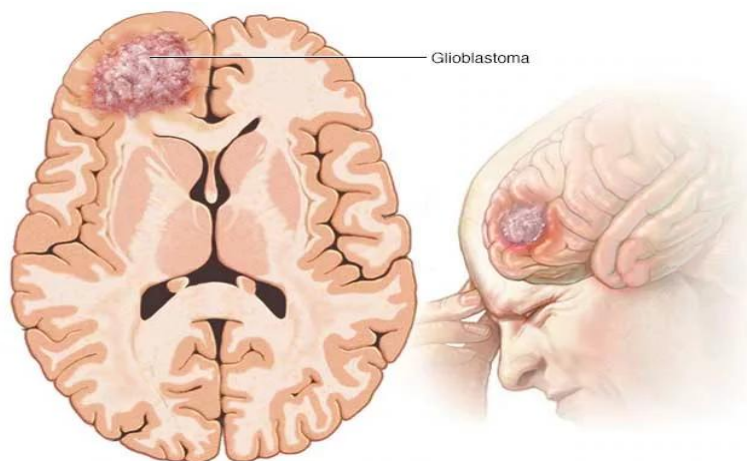


Figure 1.1 : Glioblastome cérébral [55].

2.2 Outils et Techniques :

Différentes techniques d'imagerie sont actuellement utilisées pour explorer le fonctionnement du cerveau. Sous forme de liste, nous avons donc :

- a. **l'IRM (Imagerie par Résonance Magnétique)** qui utilise un champ magnétique pour produire des images très précises de nombreuses structures cérébrales (substances blanche et grise, vaisseaux sanguins, etc.) [1].
- b. **le scanner (TDM ou tomodensitométrie)** fait appel aux rayons X pour fournir des images en coupe du cerveau et intègre souvent l'utilisation de

produits de contraste pour optimiser la visualisation des tumeurs et des lésions [1].

- c. **l'IRM Fonctionnelle (IRMf)** qui suit l'activité cérébrale en s'appuyant sur les fluctuations du flux sanguin et qui permet de cartographier des fonctions cognitives et motrices. C'est l'outil du contraste BOLD (Blood Oxygen Level Dependent) qui permet de visualiser l'activité des neurones en temps réel
- d. **la Tomographie par Émission de Positons (TEP)** qui exploite des substances radioactives pour examiner la fonction métabolique des tissus cérébraux
- e. **l'échographie**, technique moins couramment utilisée pour examiner le cerveau peut cependant servir à évaluer le flux sanguin dans certaines situations
- f. **la scintigraphie**, utilisant aussi des substances radioactives, permet de visualiser la fonction de certaines régions du cerveau
- g. **l'électroencéphalographie (EEG) et la magnétocéphalographie (MEG)** qui permettent respectivement de mesurer l'activité électrique et l'activité magnétique, deux indicateurs particulièrement intéressants pour le diagnostic de troubles neurologiques tels que l'épilepsie [5].

3. IRM :

L'IRM qui désigne l'Imagerie par Résonance Magnétique est une technique d'imagerie médicale non invasive qui repose sur les bases mêmes de la résonance magnétique nucléaire, à savoir la propriété de certains noyaux atomiques à réagir à des ondes radioélectriques dans un champ magnétique très intense. Il en est ainsi lorsque le patient est placé dans l'appareil IRM où il est soumis à un champ magnétique puissant qui va temporairement aligner les noyaux atomiques de son corps afin de recevoir des impulsions radio qui vont perturber cet alignement pour ensuite mesurer le temps de retour des noyaux à leur position initiale quand ceux-ci émettent une énergie. Les signaux sont traités par un ordinateur permettant d'élaborer des images de plus en plus précises des différentes structures internes observées. Cette technologie est particulièrement adaptée pour bien voir les tissus mous, comme le cerveau, les organes abdominaux, les articulations ou beaucoup d'autres structures anatomiques présentant un intérêt médical et/ou scientifique. Son principal intérêt semble résider dans sa capacité à créer des images très détaillées sans recourir à l'emploi de radiations ionisantes, ce qui préserve les patients d'éventuels effets néfastes liés à ce type d'exposition aux rayonnements électromagnétiques (rayon X), alors que la radio-photographie convient plutôt dans le champ de l'imagerie osseuse. En effet, outre ses applications cliniques, le phénomène physique mis

en œuvre sert notamment en recherche dans le cadre de la spectroscopie RMN (Résonance Magnétique Nucléaire), technique de laboratoire conçue pour procéder notamment à l'analyse des structures moléculaires en chimie, biochimie et biophysique [6].

3.1 L'IRM : principes fondamentaux et fonctionnement :

Le mode de fonctionnement d'un équipement IRM repose sur un champ magnétique d'une intensité considérable, capable d'aligner les noyaux d'hydrogène des divers tissus de l'organisme. À l'arrêt de cette stimulation, les noyaux d'hydrogène émettent ce que l'on appelle des ondes électromagnétiques, recueillies par une antenne réceptrice. Le traitement informatique de ces données fait apparaître des images qui traduisent les variations de distribution de l'eau dans les diverses structures anatomiques. Un radiologue, spécialiste de la lecture des images, est chargé de leur interprétation dans un but diagnostique [6] [7].

Le mode de fonctionnement de l'imagerie repose sur le comportement particulier des noyaux d'hydrogène qui se trouvent en très forte concentration au sein de l'organisme. Ils sont orientés par un champ magnétique intense, et bruité par une onde de radiofréquence émise de manière contrôlée. La perturbation de l'alignement des noyaux d'hydrogène provoque alors la restitution de signaux qui seront détectés par l'appareil.

Les données sont aussi exactes que les valeurs recueillies pour la teneur et la distribution de l'eau au sein des différents tissus. Une fois traitées par l'informatique, elles sont alors représentées sous forme d'images en deux ou trois dimensions, exactement et clairement rendues, reproduisant l'anatomie du patient et ses structures internes avec un très haut niveau de précision [6] [7].

3.2 L'IRM : un processus d'imagerie basé sur les propriétés magnétiques :

L'imagerie par résonance magnétique est responsable sur la mise en œuvre d'un champ magnétique intense qui est produit par un électroaimant de grande taille. Ce champ est destiné à aligner les atomes d'hydrogène (H) qui sont présents dans le corps humain, en les orientant majoritairement dans une direction, correspondant à la direction du champ magnétique. Les ondes radio sont ensuite émises. En perturbant temporairement cet alignement, elles vont créer une légère déviation dans la position des atomes, avant que ceux-ci ne reviennent progressivement à une position stationnaire. Il en résulte la nécessité que le nombre modeste de protons pris en compte (l'ensemble des atomes d'H n'est pas mesuré, mais une très petite

fraction contribue cependant à l'image) produisent des images des zones examinées. Les protons, devenus plus difficiles à exciter par les ondes radio, vont émettre des signaux qui vont être détectés par le système. C'est en traitant ces données que l'on va pouvoir produire une représentation précise de la distribution d'hydrogène des différents tissus du corps. Les principes de l'imagerie s'appuient d'une part sur le fait que les protons des atomes vont s'orienter différemment selon l'orientation du champ magnétique principal (vers son onde si le proton s'aligne, oppose si le proton s'oppose), et d'autre part sur les faibles variations de leur position de départ, impactant bien entendu l'image finale. Le basculement des protons s'effectue lors de l'application de petites ondes radiofréquences qui les font passer d'une position horizontale vers une autre verticale, avant que ceux-ci ne retrouvent finalement leur alignement dans le champ magnétique. La séquence de ces différents mouvements est essentielle pour produire des images de qualité [7] [8].

3.3 La résonance magnétique nucléaire (RMN) :

La RMN est basée sur trois étapes fondamentales : la magnétisation, la résonance et la relaxation. Elle se base sur les noyaux de l'hydrogène, constitués d'un seul proton qui présente une propriété d'aimantation par sa rotation sur lui-même, propriété appelée spin.

Dans un milieu naturel (reste des noyaux), les moments magnétiques nucléaires sont orientés aléatoirement et désordonnés ; du fait la Somme reste nulle ($M = 0$). Ainsi la matière n'est pas naturellement aimantée ; la matière doit être soumise à l'influence d'un champ magnétique puissant générateur de l'aimantation [9].

La Figure 1.2 présente les quatre étapes clés du fonctionnement de l'IRM : l'état normal, suivi de la magnétisation, du phénomène de résonance, puis de la relaxation :

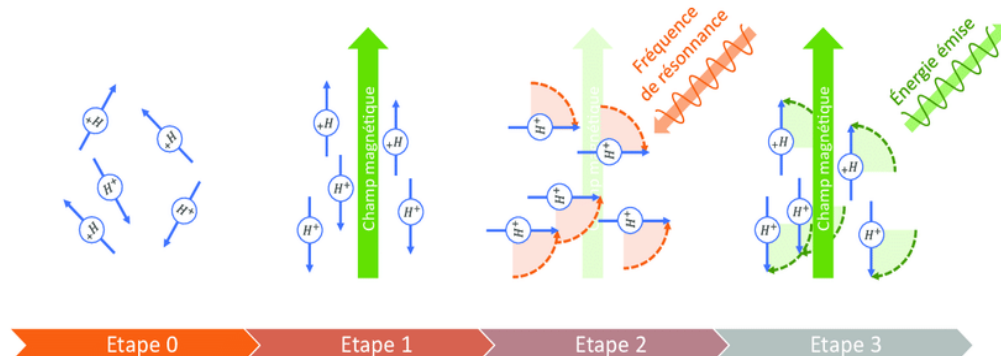


Figure 1.2 : principe de fonctionnement de l'IRM en quatre étapes [87].

3.3.1 Magnétisation :

Un champ magnétique intense, homogène et continu (B_0) est appliqué à la matière étudiée dans le but d'orienter et de soumettre les moments magnétiques des protons. Les protons se mettent alors à tourner autour de la direction de B_0 à une certaine fréquence caractérisée par la fréquence de Larmor. On distingue alors dans ce mouvement de précession deux populations de protons : ceux orientés selon le sens du champ magnétique (parallèle à B_0) et ceux orientés selon le sens opposé (antiparallèle à B_0). Bien que très faible, cette différence va suffire à produire un signal mesurable à l'échelle des tissus, puisque l'aimantation totale des tissus biologiques n'est plus nulle ($M \neq 0$), les tissus sont donc aimantés. Mais pour tirer profit des propriétés magnétiques des tissus dans le cadre de l'IRM, il faut arriver finalement au stade de résonance [9].

La Figure 1.3 illustre l'orientation des protons avant et après leur alignement avec le champ magnétique :

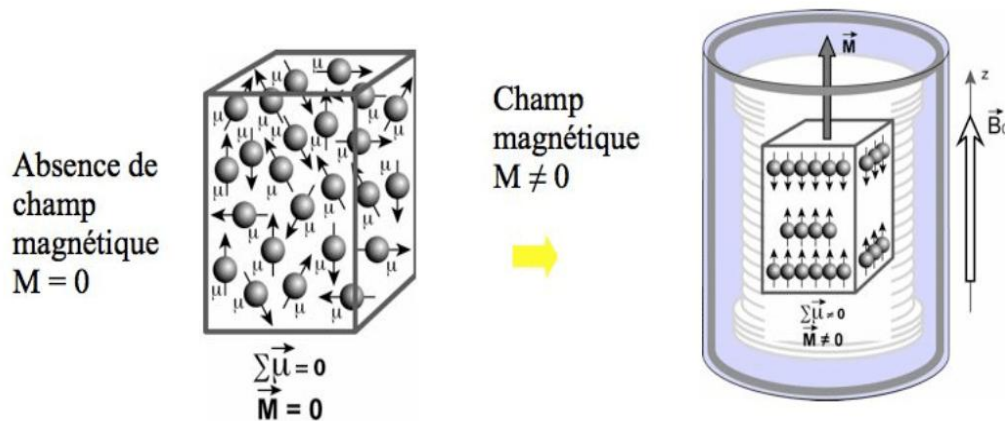


Figure 1.3 : Orientation des protons avant et après l'atteinte du sommet dans un champ magnétique [88].

3.3.2 Résonance :

Un court pulse de radiofréquence est appliqué pour exciter le système et ainsi créer une déviation par rapport à l'état d'équilibre magnétique. On obtient une excitation optimale si la fréquence de cette onde est proche de celle des protons, c'est-à-dire celle de leur précession (fréquence de Larmor). Lorsque les conditions de résonance sont réunies, l'ensemble des protons est excité convenablement, l'aimantation totale (M) s'incline par rapport à B_0 d'un angle θ . Après excitation, Magnétisation Longitudinale (ML) et Magnétisation Transversale (MT) ne sont plus nuls. En effet, les protons qui ont été excités sont synchrones, il existe donc une composante transversale mesurable. L'intensité d'un pulse de radiofréquence est ajustée

pour obtenir un angle θ d'excitation souhaité, qui est souvent, au MRI, de 90° , permettant de positionner l'aimantation M dans un plan horizontal par rapport à B_0 [9].

La Figure 1.4 illustre le phénomène de résonance observé en IRM :

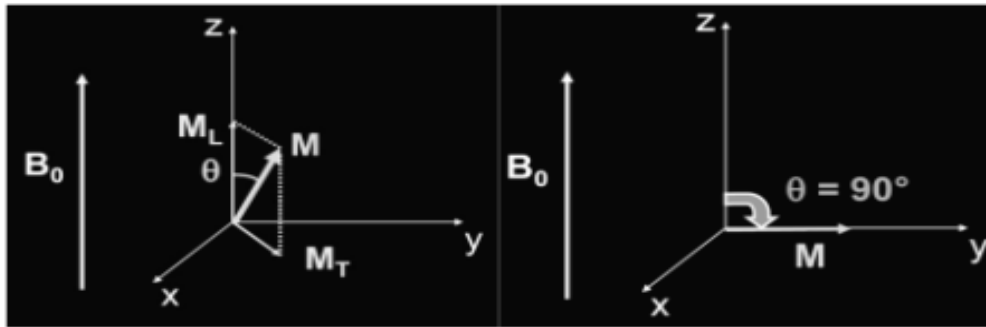


Figure 1.4 : Phénomène de résonance [9].

3.3.3 Relaxation :

Dès lors que l'excitation par radiofréquence est stoppée, l'aimantation totale se remet progressivement en équilibre :

- La période transversale (M_T) décroît rapidement.
- La période longitudinale (M_L) se remet progressivement.

Ce retour vers l'équilibre, appelé relaxation, n'est pas instantané et relève de deux temps :

- **Relaxation longitudinale (T_1)** : retour de l'aimantation longitudinale selon une exponentielle croissante fonction des propriétés des tissus étudiés.

La Figure 1.5 illustre le processus de Relaxation longitudinale intervenant après la résonance en IRM :

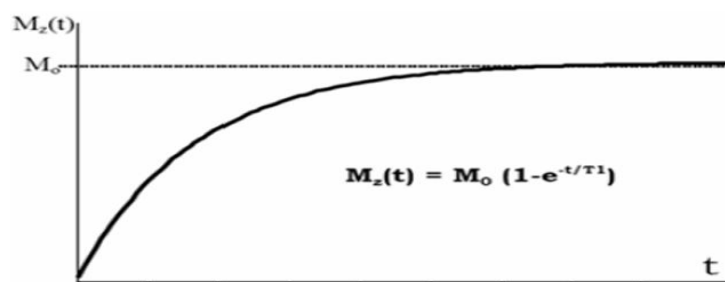


Figure 1.5 : Relaxation longitudinale [10].

- **Relaxation transversale (T2) :** déclin rapide de l'aimantation transversale selon une exponentielle décroissante, lié au déphasage des spins.

Les valeurs T1 et T2 sont fonction du type de structure des tissus (état solide, liquide ...) :

- Les liquides présentent T1 et T2 longs.
- Les tissus organisés ou graisseux ont des T1 courts et T2 encore plus courts (environ $10 \times$ plus courts).

L'aimantation transversale, tout au long du mouvement, dans le plan horizontal engendre un courant induit enregistré par une antenne sous la forme d'un signal décroissant nommé FID (Free Induction Decay) servant à la construction des images [9].

La Figure 1.6 illustre le processus de Relaxation transversale :

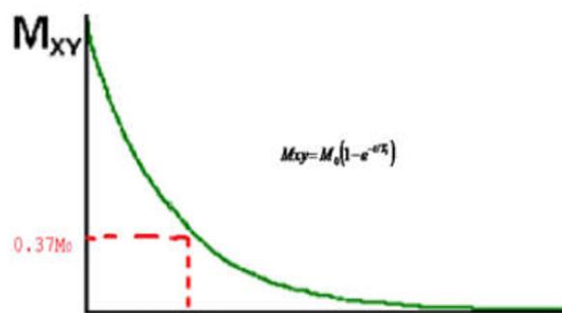


Figure 1.6 : Relaxation transversale [10].

4. Séquences d'IRM :

Les séquences d'IRM peuvent être divisées en deux grandes catégories en fonction du type d'écho détecté :

Les séquences d'écho de spin

Les séquences d'écho de gradient.

4.1 Écho de spin :

La séquence écho de spin est l'une des premières techniques utilisées en imagerie par résonance magnétique et sert de référence dans le développement des contrastes. Son principe

repose sur une succession d'impulsions : une impulsion initiale de 90° , suivie d'une impulsion de rephasage de 180° appliquée à $TE/2$ (temps d'écho divisé par deux), puis la lecture du signal à TE . Ce cycle se répète à intervalles réguliers définis par le Temps de Répétition (TR). À chaque répétition, une ligne de l'espace K est renseignée grâce à un codage de phase, permettant ainsi la reconstruction de l'image finale [10] [11].

Le Temps d'Écho (TE) : représente l'intervalle entre l'application de l'onde RF d'excitation et la capture du signal de résonance magnétique. Il joue un rôle clé dans le contraste de l'image en influençant la relaxation du signal avant son acquisition.

Le Temps de Répétition (TR) : correspond à l'intervalle entre deux impulsions excitatrices successives de 90° . Il détermine la fréquence de stimulation des spins et influence le contraste de l'image en modulant la récupération du signal entre chaque excitation [10] [11].

La Figure 1.7 illustre le principe de la séquence écho de spin

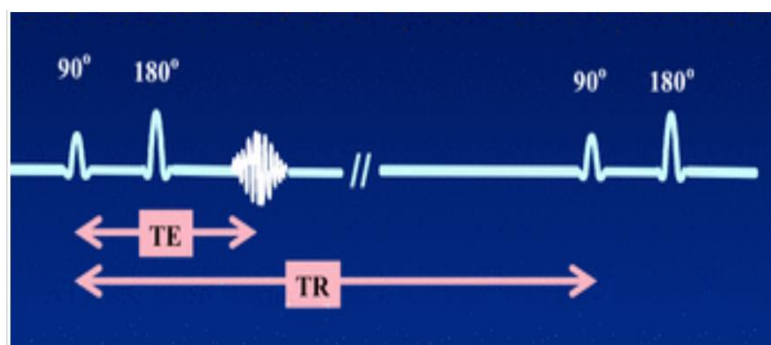


Figure 1.7 : Schéma de la séquence d'écho de spin.

4.2 Écho de gradient :

La séquence d'écho de gradient, contrairement à l'écho de spin, ne comporte pas d'impulsion de rephasage à 180° . De plus, l'impulsion radiofréquence initiale est généralement inférieure à 90° , ce qui réduit la portion d'aimantation basculée. Cette réduction facilite un retour plus rapide à l'équilibre, permettant ainsi un Temps de Répétition (TR) plus court et une acquisition d'image accélérée par rapport à la séquence d'écho de spin.

L'un des principaux atouts de cette séquence réside dans sa rapidité, mais en contrepartie, l'absence d'impulsion de rephasage la rend sensible aux inhomogénéités du champ magnétique. Cela se traduit par la génération d'images pondérées en $T2^*$.

L'écho de gradient est obtenu par l'application d'un gradient de lecture bipolaire dans la direction du codage en fréquence. Le premier lobe du gradient induit un déphasage accéléré de l'aimantation transversale, tandis que le second lobe, de polarité inverse, rephase partiellement les spins, favorisant ainsi la récupération du signal suivant la courbe de T_2^* [10] [11].

La Figure 1.8 illustre le fonctionnement de la séquence écho de gradient utilisée en imagerie par résonance magnétique.

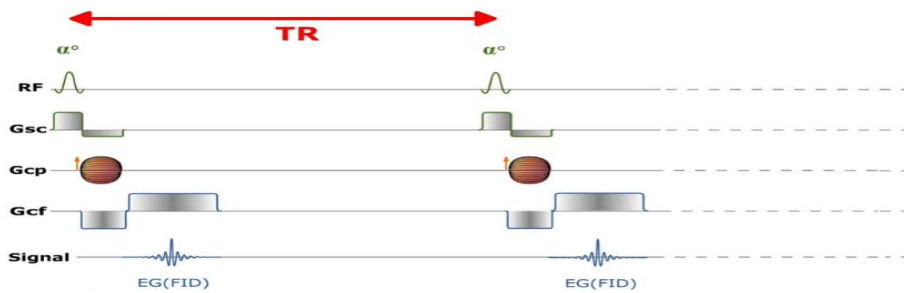


Figure 1.8 : Schéma de la séquence d'écho de gradient [11].

4.3 Classification des séquences :

1. Séquences morphologiques : Ces séquences incluent : T1, T2, FLAIR, STIR, T2*, et DP, utilisées principalement pour l'analyse anatomique et la caractérisation des structures biologiques.

2. Séquences fonctionnelles : Ces séquences sont dédiées à l'étude des propriétés dynamiques et fonctionnelles des tissus : Diffusion, Perfusion, Spectroscopie, Tenseur de diffusion et tractographie, IRM de flux, IRM d'activation [9].

5. Contraste de l'image :

En imagerie par résonance magnétique (IRM), les paramètres TR (Temps de Répétition) et TE (Temps d'Écho) jouent un rôle essentiel dans la détermination du type de pondération de l'image obtenue :

TR (Temps de Répétition) : Le TR représente l'intervalle de temps entre deux impulsions successives de radiofréquence, exprimé en millisecondes (ms).

- **TR court** (< 700 ms) : privilégie la pondération T1.
- **TR long** (> 2000 ms) : réduit l'influence du T1, favorisant des images pondérées en T2 ou en densité protonique (DP).

TE (Temps d'Écho) : Le TE correspond au délai entre l'impulsion de radiofréquence initiale et la mesure du signal, également exprimé en millisecondes.

- **TE court** (< 30 ms) : limite les effets du T2 et est employé pour les pondérations T1 ou DP.
- **TE long** (> 60 ms) : met en avant la pondération T2 [12].

5.1 IRM pondérée en T1 :

Les images pondérées en T1 reposent sur le temps de relaxation longitudinal des protons après une excitation par radiofréquence. Leurs caractéristiques sont :

- Bonne résolution anatomique,
- La graisse hyperintense (blanche),
- L'eau/LCR hypointense (foncée),
- Utilisation principale : pour l'anatomie fine, les lésions avec rehaussement après injection de produit de contraste,
- Excellente pour visualiser la substance blanche/grise cérébrale, les structures anatomiques [12].

5.2 IRM pondérée en T2 :

Dans le cas de la pondération T2, le type de signal obtenu est corrélé au temps de relaxation T2 des protons. Les caractéristiques de l'image sont les suivantes : l'eau / LCR est hyperintense (blanche) ; la graisse l'est moins que sur la pondération T1 ; la pondération T2 est très sensible aux pathologies se traduisant par une augmentation de l'eau (œdème, inflammation) ; il s'agit principalement d'un mode de détection des lésions, des pathologies inflammatoires et démyélinisantes [14].

5.3 IRM pondérée en densité protonique (DP) :

Les images en densité protonique modélisent essentiellement la concentration de protons des tissus (caractéristiques)

- Contraste intermédiaire entre T1 et T2

- Moins bon contrastes que T1 ou T2 mais rapport signal/bruit souvent meilleur
- L'eau est moins brillante qu'en T2
- Utilisation privilégiée : cartilage articulaire, pathologies de la substance blanche, lésions démyélinisantes subtiles [12].

La Figure 1.8 illustre les différents types de pondérations en IRM, notamment les séquences en T1, T2 et en densité protonique.

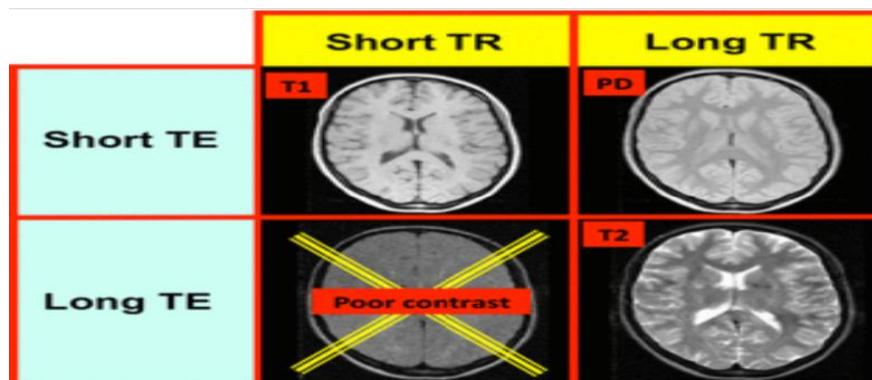


Figure 1.9 : pondérations en T1, T2, densité protonique en IRM [89].

5.4 FLAIR (Fluid Attenuated Inversion Recovery):

La séquence FLAIR est une technique particulière de récupération par inversion caractérisée par un temps d'inversion long. Cette séquence permet de supprimer le signal du liquide céphalorachidien (LCR) dans les images obtenues.

Sur les images FLAIR, le tissu cérébral présente un contraste similaire à celui des séquences pondérées en T2, où la substance grise apparaît plus brillante que la substance blanche.

Toutefois, contrairement aux images T2 classiques, le LCR est sombre plutôt que lumineux [15]. **La Figure 1.10** illustre les différentes modalités d'imagerie par résonance magnétique, notamment les séquences FLAIR, T1, T1 avec contraste (T1CE) et T2 :

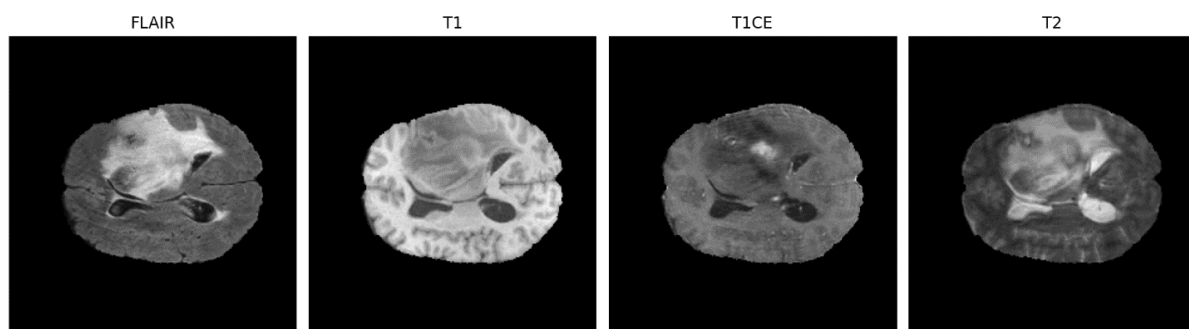


Figure 1.10 : Différentes modalités d'IRM : FLAIR, T1, T1CE et T2.

6. Reconstruction d'image IRM :

En vue de l'exécution d'une image IRM, le signal echo doit donc être spatialement repéré et codé en tous lieux de l'image. La localisation spatiale du signal s'appuie sur deux éléments :

- Un élément physique : les gradients de champs magnétiques
- Un élément mathématique : la transformée de Fourier

Pour réaliser une image de coupe (2D) en IRM, il est déterminé d'utiliser l'encodage spatial qui est celui utilisé pour réaliser la sélection du plan de coupe, le gradient d'encodage de phase et de fréquence. L'encodage spatial s'accompagne de l'utilisation de gradients de champ magnétique appliqués dans le sens des trois axes de repères dans l'espace : x, y et z, dans lesquels les gradients sont notés G_x , G_y et G_z . En conséquence, l'amplitude du champ magnétique sera régulièrement modifiée le long de l'axe sur lequel est appliqué le gradient [15].

6.1 Sélection de coupe :

La première phase du codage spatial repose sur la sélection du plan de coupe. Pour ce faire, un Gradient de Sélection de Coupe (GSC) est appliqué perpendiculairement au plan d'intérêt, s'ajoutant au champ statique B_0 . Cette combinaison induit un gradient de précession des protons, proportionnel à l'intensité du GSC, conformément à l'équation de Larmor.

Simultanément, une impulsion radiofréquence (RF) est émise avec une fréquence correspondant à celle des protons du plan ciblé. Seuls ces protons sont ainsi excités, entraînant une bascule de leur aimantation, tandis que les noyaux d'hydrogène situés hors du plan restent inactifs et ne génèrent aucun signal.

L'onde RF, synchronisée avec le gradient de sélection de coupe et ajustée en fréquence, est qualifiée d'impulsion sélective [17] [18]. La Figure 1.11 présente les coupes axiale, sagittale et frontale obtenues à l'aide du gradient de sélection de coupe :

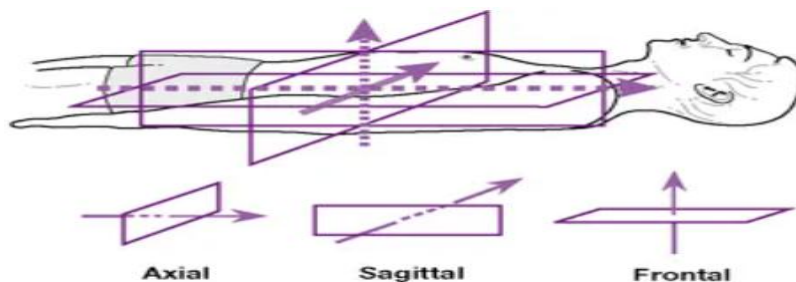


Figure 1.11 : coupes par le gradient de sélection de coupe [16].

6.2 Encodage de phase :

La deuxième étape du codage spatial repose sur l'application d'un gradient de codage de phase (GCP), ici choisi dans la direction verticale. Ce gradient est activé pendant une durée limitée, modifiant temporairement les fréquences de précession des spins. Cette modulation entraîne un décalage de phase qui subsiste même après l'arrêt du gradient, conduisant à une précession uniforme des protons, mais avec des phases distinctes.

Les protons situés sur une même ligne perpendiculaire à la direction du gradient adoptent une phase identique, et ce décalage se maintient jusqu'à la capture du signal. Lors de l'acquisition, chaque ligne de protons présente une variation de phase, influençant l'amplitude et la position du signal mesuré. [17] [19].

La Figure 1.12 illustre le principe de l'encodage de phase utilisé en IRM :

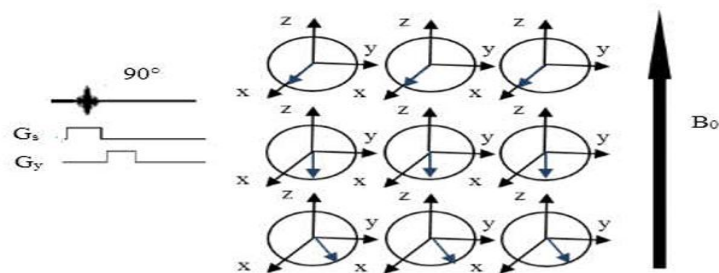


Figure 1.12 : Encodage de phase [21].

6.3 Codage de fréquence :

La dernière phase du codage spatial repose sur l'application d'un gradient de codage en fréquence lors de l'acquisition du signal, orienté selon la dernière direction (horizontale dans notre exemple). Ce gradient induit une variation des fréquences de précession des spins tout au long de son activation, structurant ainsi l'espace en colonnes de protons partageant une même vitesse de précession.

Étant donné que ce gradient est appliqué simultanément à l'acquisition du signal, l'information en fréquence se trouve directement intégrée, facilitant ainsi la reconstruction spatiale des données. [17] [20].

La Figure 1.13 illustre le principe de l'encodage de fréquence utilisé en IRM

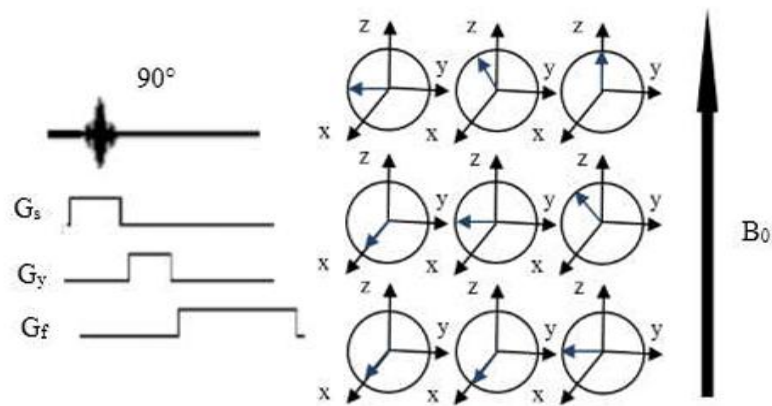


Figure 1.13 : Encodage de fréquence [21].

6.4 Espace k et formation d'image :

Après l'exécution des différentes étapes de la séquence, y compris le codage spatial, le signal RMN est enregistré. Ce signal brut est ensuite numérisé via des convertisseurs analogique-numérique, puis traité informatiquement afin de reconstruire l'image. Il est stocké sous forme de matrice, appelée **Espace K**, qui représente le plan fréquentiel (ou plan de Fourier). L'image finale en 2D est obtenue grâce à l'application d'une transformée de Fourier inverse en deux dimensions.

Le mode de remplissage le plus élémentaire de l'espace K correspond à la séquence **Écho de Spin classique**, où les lignes de l'espace sont balayées une à une, du haut vers le bas. À chaque répétition, une ligne complète est acquise, contenant simultanément les hautes et basses fréquences spatiales horizontales. Lors du passage d'une répétition à l'autre, l'intensité du gradient de codage de phase varie, ce qui permet de sélectionner une nouvelle ligne de l'espace K.

L'acquisition suit un ordre précis :

- **Sur l'axe horizontal** : les contours et le contraste sont acquis simultanément.
- **Sur l'axe vertical** : d'abord les contours, suivis du contraste, puis à nouveau les contours.

L'image reconstruite évolue progressivement : elle apparaît initialement avec des contours bien définis mais peu contrastés. Ensuite, l'acquisition des basses fréquences spatiales améliore le contraste, bien qu'un flou vertical soit encore présent. Ce dernier s'atténue lorsque

les hautes fréquences spatiales verticales négatives viennent compléter la partie inférieure de l'espace K [21].

La Figure 1.14 illustre le concept de l'espace k et son rôle dans la reconstruction de l'image en IRM.

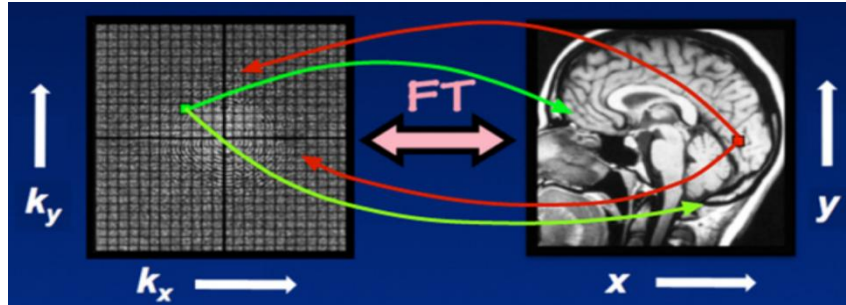


Figure 1.14 : Espace k et reconstruction d'image [90].

7. Format NIfTI :

NIfTI (**Neuroimaging Informatics Technology Initiative**) est un format de fichier conçu pour le stockage des données neuro-imagerie, développé sous l'égide conjointe de l'**US National Institute of Mental Health** et du **National Institute of Neurological Disorders and Stroke**. Son objectif est de répondre aux exigences spécifiques de la communauté de recherche en IRMf en assurant une interopérabilité optimale entre les différents outils et logiciels d'analyse grâce à un format standardisé.

Avant l'apparition de NIfTI, plusieurs logiciels d'analyse de l'IRM fonctionnelle utilisaient chacun leur propre format de fichier, ce qui compliquait l'échange et le traitement des données. NIfTI a été conçu pour harmoniser ces formats et servir de standard commun pour les logiciels actuels et futurs dédiés à la neuro-imagerie.

Bien que certains logiciels continuent d'exploiter d'autres formats, NIfTI s'est imposé comme la norme la plus largement adoptée pour le stockage des données issues de l'IRM fonctionnelle et d'autres modalités d'imagerie cérébrale.

Dans le cadre de l'analyse en recherche IRM, la conversion des fichiers **DICOM** en **NIfTI** représente généralement la première étape du traitement des données. En effet, les scanners IRM génèrent principalement des fichiers au format **DICOM**, tandis que les logiciels d'analyse utilisés par les chercheurs exploitent davantage le format **NIfTI**, mieux adapté aux besoins de la neuro-imagerie.

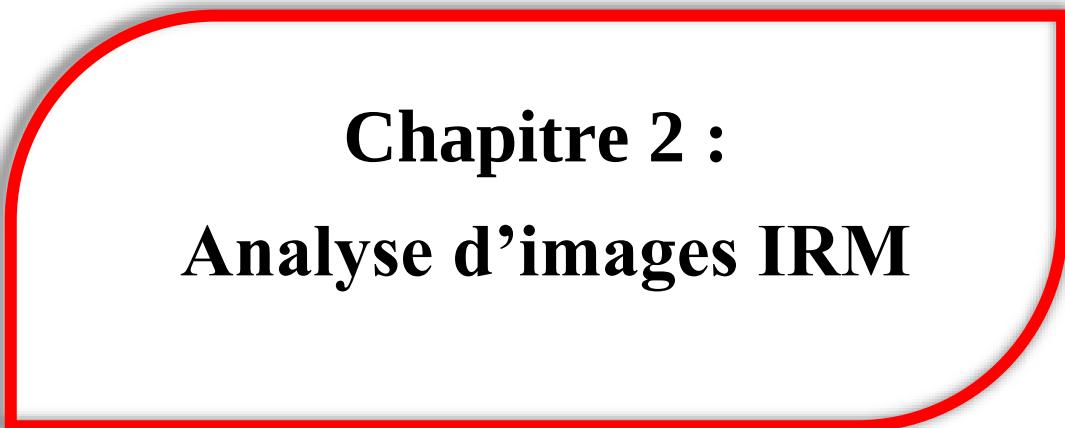
Grâce à sa **polyvalence** et son **extensibilité**, NIfTI s'impose comme une norme incontournable pour le stockage et le traitement des données d'imagerie médicale, garantissant une intégration fluide avec une large gamme de logiciels d'analyse [22].

8. Conclusion :

Ce chapitre a permis d'examiner en détail une modalité spécifique de l'imagerie médicale, en mettant l'accent sur les outils et techniques dédiés à l'exploration du cerveau. Dans le cadre de notre projet, qui s'appuie sur l'analyse d'images IRM, nous avons présenté les principes fondamentaux de l'imagerie par résonance magnétique. Nous avons abordé les bases de la résonance magnétique nucléaire (RMN), les principales séquences IRM, ainsi que les paramètres influençant le contraste des images.

Nous avons également décrit les étapes clés de la reconstruction des images IRM, en insistant sur le rôle des champs magnétiques variables à l'échelle des voxels, et sur l'importance des algorithmes de transformation, en particulier la transformée de Fourier, pour une estimation spatiale optimale.

Enfin, le format NIfTI a été introduit comme standard de référence pour le stockage et le traitement des données IRM, garantissant une interopérabilité efficace entre les différents logiciels et plateformes utilisés en neuroimagerie.



Chapitre 2 : Analyse d'images IRM

1. Introduction :

L'analyse des images médicales constitue un pilier fondamental de la médecine moderne, où l'intelligence artificielle (IA) et l'apprentissage automatique (ML) s'associent pour extraire des informations cruciales à partir de diverses modalités telles que les radiographies, les IRM ou encore les échographies. Cette discipline vise à renforcer la précision des diagnostics, à favoriser la détection précoce des pathologies et à adapter les traitements aux besoins spécifiques de chaque patient.

L'utilisation de techniques avancées telles que la segmentation d'images (à l'aide d'architectures comme U-Net), la classification et la détection d'objets (avec des modèles comme YOLO) révolutionne la pratique clinique en offrant des outils plus précis et automatisés pour l'interprétation des images médicales. Les réseaux neuronaux convolutifs (CNN) y jouent un rôle central, permettant de détecter des anomalies subtiles et de mettre en évidence des structures complexes dans les données médicales.

Dans ce chapitre, nous présentons les principaux outils utilisés dans l'analyse des images médicales. Nous aborderons successivement les étapes de caractérisation, de classification, et nous conclurons par une introduction aux méthodes de reconstruction 3D.

1.2 Applications principales :

- **Oncologie** : Détection et suivi des tumeurs grâce à l'imagerie CT, IRM ou PET.
- **Ophtalmologie** : Identification de maladies rétinienues telles que la rétinopathie diabétique et la dégénérescence maculaire.
- **Radiologie** : Automatisation et optimisation des workflows, incluant la priorisation des cas urgents et la génération de rapports préliminaires.

La confidentialité des données médicales, l'interopérabilité des modèles d'IA et le respect des normes spécifiques (comme le format NIfTI) demeurent des priorités. Ces éléments assurent la fiabilité des outils d'IA dans un contexte exigeant en termes de précision et de sécurité.

L'analyse des images IRM, en particulier, connaît une croissance rapide grâce aux technologies émergentes telles que l'imagerie haute résolution et l'IA. Ce domaine repose sur une collaboration multidisciplinaire impliquant radiologues, physiciens et data scientists, dans le

but d'améliorer les diagnostics médicaux, d'accélérer les recherches cliniques et de perfectionner la planification chirurgicale.

2. La segmentation d'image :

La technique de segmentation d'image, comme son nom l'indique, consiste à segmenter l'image, donc à l'affiner en plusieurs segments ou régions chacun d'entre eux étant un objet ou une partie de l'image en cause. Son but ultime est de réduire la complexité de l'image, afin de simplifier la tâche de l'ordinateur dans les phases d'analyse, de compréhension/interprétation du contenu de l'image qui est directement exploitable, ce qui peut être particulièrement utile.

La segmentation d'image est utilisée dans plusieurs contextes tels que la reconnaissance et la détection des objets, l'imagerie médicale, et la perception pour les systèmes de conduite autonome etc... C'est donc un pré-requis requis pour qu'un ordinateur puisse appréhender le contenu de l'image. [23].

3. Types de segmentation :

3.1 Segmentation classique :

Recourt à des méthodes anciennes, et requière un ajustement manuel des paramètres, comme la valeur de seuil. Ces méthodes sont simples d'utilisation, mais bien que faciles à appliquer, elles insuffisant au regard de leur efficacité et de leur capacité à prendre en compte des situations complexes.

3.1.1 Méthodes de segmentation classique :

1. Segmentation par seuillage :

□ **Objectif** : Segmenter une image en plusieurs classes en se basant uniquement sur l'histogramme. Chaque pic présent dans l'histogramme correspond à une classe spécifique.

□ **Cas particulier** : Réaliser une segmentation binaire (deux classes), où l'image est divisée en deux parties distinctes [24].

La figure 2.1 illustre la segmentation par seuillage à l'aide de différents seuils :

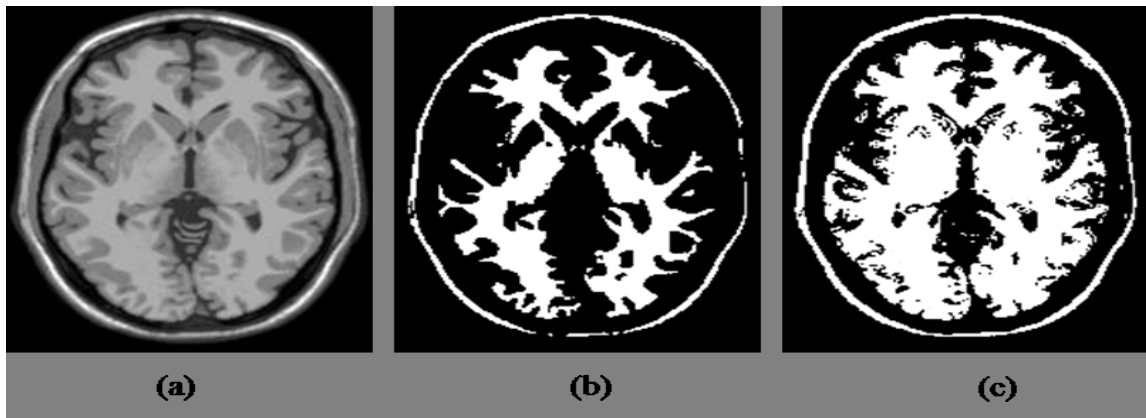


Figure 2.1 : Segmentation par seuillage simple : (a) image originale, (b) image binaire (seuil=0.6), (c) image binaire (seuil=0.5) [91].

2. **K-means** : est une méthode de classification non supervisée utilisée pour regrouper les données en différentes classes.

- **Méthodologie** :

1. **Initialisation** : Définir les centres initiaux des classes.
2. **Classification** : Affecter les points aux classes en fonction de leur distance par rapport aux centres.
3. **Calcul des nouveaux centres** : Recalculer les centres en utilisant les moyennes pondérées des points assignés à chaque classe (centres de gravité).
4. **Itération** : Répéter les étapes précédentes jusqu'à ce que les centres se stabilisent [25].

3. **Segmentation par croissance de régions** :

La méthode de croissance de régions repose sur la décomposition initiale de l'image en unités fondamentales appelées "régions" (où une région correspond à un seul pixel). Ces régions sont ensuite regroupées de manière itérative selon des critères de similarité prédéfinis, jusqu'à ce qu'il ne soit plus possible d'effectuer de fusion.

Considérée comme l'une des méthodes de segmentation les plus simples, l'algorithme commence par des éléments de petite taille dans l'image, qu'il tente de combiner pour former des structures plus importantes. Cependant, cette approche présente deux limitations majeures :

1. Identifier avec précision les points de départ des régions.

2. Étendre les régions en ajoutant les pixels voisins tout en maintenant la cohérence [26] [27]. (Figure 2.2)

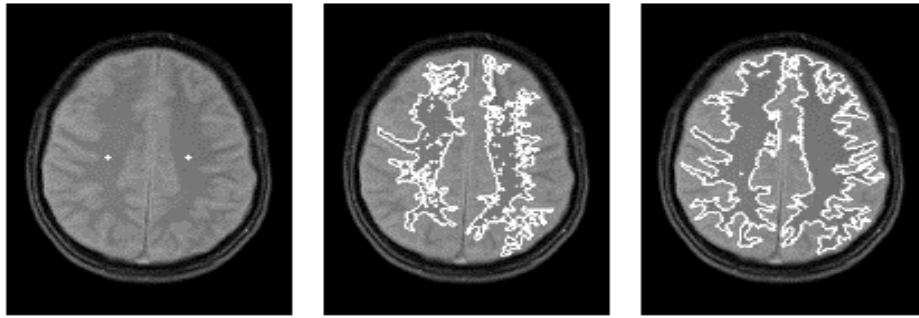


Figure 2.2 : Segmentation par croissance de régions [92].

4. Segmentation par division / fusion :

Division : Chaque région R_i est analysée afin de vérifier le critère d'homogénéité. Si celui-ci n'est pas respecté, la région est subdivisée en plusieurs blocs, généralement en quatre quadrants. Le processus est ensuite appliqué de manière itérative à chaque sous-région de façon indépendante. Initialement, la région globale comprend l'intégralité de l'image.

Fusion : Lorsque deux régions voisines (R_k et R_i) respectent le critère d'homogénéité, elles sont fusionnées pour former une seule région.

- Considérons un ensemble R_i ($i=1, \dots, n_i = 1, \dots, n$) représentant les régions qui segmentent une image, et un prédicat P mesurant l'homogénéité de ces régions :
 - Si $P(R_i)=\text{faux}$, les régions sont subdivisées (processus de division ou "split")
 - Si $P(R_i \cup R_j)=\text{vrai}$ avec $i \neq j$, les régions sont fusionnées (merge) [28].

3.2 Segmentation automatique par IA :

3.2.1 L'intelligence artificielle (IA) :

L'intelligence artificielle (IA) désigne un ensemble de technologies informatiques conçues pour simuler les capacités cognitives humaines, telles que la prise de décision, l'analyse de données ou encore la compréhension du langage. Elle permet à des systèmes informatiques d'accomplir des tâches complexes qui, jusqu'à récemment, nécessitaient l'intervention humaine.

Contrairement aux systèmes automatisés traditionnels, qui exécutent des instructions prédéfinies de manière rigide, les systèmes basés sur l'IA sont capables d'apprendre de leurs expériences, d'adapter leur comportement et d'optimiser leurs performances au fil du temps. En ce sens, l'IA ne se limite pas à l'exécution de tâches : elle évolue, s'améliore et devient plus efficace grâce à l'apprentissage [29].

Les principaux domaines de l'intelligence artificielle :

L'IA est un domaine vaste et multidisciplinaire, composé de plusieurs sous-domaines complémentaires. Voici les plus courants :

Apprentissage automatique (Machine Learning – ML) : Le machine learning est une branche de l'IA qui repose sur l'entraînement d'algorithmes à partir de jeux de données. Ces algorithmes deviennent des modèles capables de reconnaître des motifs et d'effectuer des prédictions ou des classifications sans être explicitement programmés pour chaque tâche [29].

Apprentissage profond (Deep Learning) : Sous-catégorie du machine learning, le deep learning utilise des réseaux de neurones artificiels inspirés du fonctionnement du cerveau humain. Ces réseaux permettent de traiter des données complexes (images, sons, textes) et d'accomplir des tâches de haut niveau, souvent sans supervision humaine directe [29].

Traitement du langage naturel (Natural Language Processing – NLP) : À l'intersection de l'IA, de la linguistique et de l'informatique, le NLP vise à permettre aux machines de comprendre, interpréter et générer le langage humain. Il est à la base des assistants vocaux, des traducteurs automatiques et des chatbots intelligents [29].

Intelligence artificielle générative (Génération AI) : Cette forme d'IA, issue de l'apprentissage profond, est capable de produire de nouveaux contenus textes, images, musiques, vidéos à partir de simples instructions. Elle repose souvent sur de grands modèles de langage (LLM), entraînés sur d'immenses corpus de données, pour générer des réponses cohérentes et créatives [29].

Robotique intelligente : À la croisée de l'IA, de l'ingénierie et de l'électronique, la robotique intelligente vise à concevoir des machines capables d'interagir avec leur environnement, d'apprendre de nouvelles tâches et de s'adapter à des situations

imprévues. Ces robots sont utilisés dans des domaines variés, de la médecine à l'exploration spatiale [29].

Types d'apprentissage :

- a. **L'apprentissage supervisé** consiste à alimenter le modèle en donnée étiquetées, c'est-à-dire, pour chaque entrée, à fournir une entrée connue. Le modèle apprend en apprenant à minimiser la différence entre sa propre prédiction et la réponse correcte.
- b. **L'apprentissage non supervisé** est le cas inverse. Les données ne sont pas étiquetées et le modèle va alors explorer, sans aucune supervision explicite, les structurations ou les motifs qu'offrent les données.
- c. **L'apprentissage par renforcement** consiste quant à lui à entraîner un agent qui interagit avec un environnement en étant récompensé ou sanctionné selon l'action entreprise. Le but est de maximiser la somme des récompenses cumulées.
- d. **L'apprentissage semi-supervisé** Cette approche combine intelligemment des données étiquetées (annotées manuellement) avec un grand volume de données non étiquetées. Elle permet d'améliorer la performance des modèles tout en réduisant les coûts liés à l'annotation, en tirant parti de l'information implicite contenue dans les données brutes.
- e. **L'apprentissage par transfert (Transfer Learning)** Cette méthode consiste à réutiliser les connaissances acquises lors de l'entraînement sur une tâche source pour accélérer et améliorer l'apprentissage sur une tâche cible, souvent différente mais liée. Elle est particulièrement utile lorsque les données disponibles pour la nouvelle tâche sont limitées.

3.2.2 La segmentation par intelligence artificielle :

Segmentation par IA est une méthode moderne au sens plein qui se fonde sur les modèles de machine learning et deep learning afin d'identifier et extraire automatiquement les régions d'intérêt dans les images. Voici un aperçu des méthodes les plus courantes en segmentation IA

- a. **Segmentation sémantique**, consiste à attribuer chaque pixel à une classe. Prenons l'exemple d'une photo d'une ville, la segmentation sémantique lui donnera des catégories : "bâtiment", "route", "ciel", etc. On obtiendra une carte où chaque pixel de l'image appartiendra à une classe générale. La segmentation sémantique permet donc de définir des zones sans distinguer les objets de classes identiques [30] [31].

- b. Segmentation par instances**, notion plus précise, permettra d'identifier non seulement la classe de chaque pixel mais aussi l'objet auquel il appartient. Dans notre scène de ville, chaque bâtiment et chaque voiture sera un objet individuel (autant d'instances de la classe correspondante), généralement d'une couleur différente. On peut ainsi procéder à l'isolement du ou des objets ainsi qu'à leur comptage.

Il s'agit bien sûr d'une simplification et on considérera également, par défaut, qu'un pixel ne recevant pas d'étiquette (ou l'étiquetage est "arrière-plan") est un élément de l'arrière-plan correspondant à un objet défini référence du modèle d'analyse [30] [31].

La Figure 2.3 illustre la segmentation sémantique

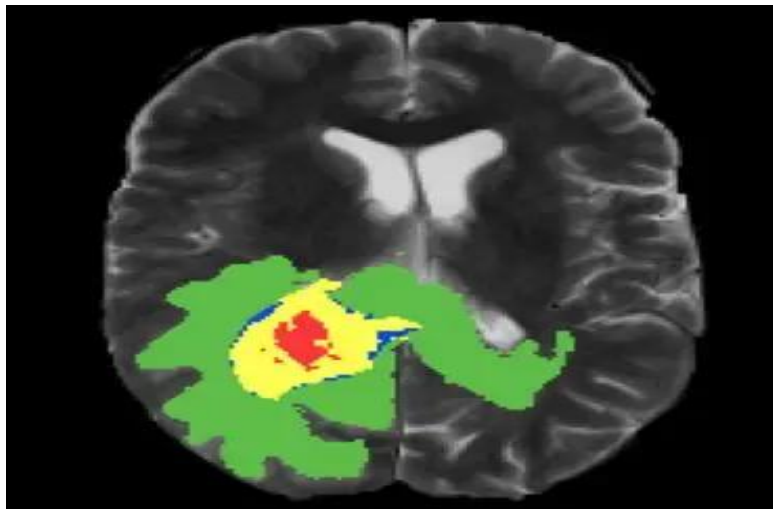


Figure 2.3 : segmentation sémantique [86].

- c. La segmentation panoptique** combine les avantages des deux principales approches de la segmentation d'image. Elle propose une méthode unifiée où chaque pixel d'une scène se voit attribuer un label sémantique (caractéristique de la segmentation sémantique) et un identifiant d'instance unique (issu de la segmentation par instance). Dans le cadre de la segmentation panoptique, chaque pixel est associé exclusivement à une paire composée d'un label sémantique et d'un identifiant d'instance. Cependant, certains objets peuvent présenter des pixels qui se chevauchent. Dans de tels cas, la segmentation panoptique résout cette ambiguïté en privilégiant l'instance de l'objet, car l'objectif principal est d'identifier chaque élément individuel ("things") plutôt que les masses homogènes ("stuff"). [30] [31].

3.2.3 Les réseaux neuronaux convolutifs (CNN) :

Les Réseaux de Neurones Convolutifs, désignés par le terme anglophone CNN, désignent une classe particulière de réseaux de neurones spécifiquement conçue pour le traitement de données à structure de grille, donc d'images, dans les cas où les performances requises en reconnaissance et traitement d'images sont particulièrement élevées.

Les CNN, en ce sens, empruntent leurs principes élémentaires au fonctionnement des mécanismes de traitement visuel du système nerveux humain, leur performance dans la prise en compte des relations pouvant exister en matière de structure hiérarchique ou spatiale entre les caractéristiques élémentaires formant l'ossature des images est recherchée [32].

3.2.3.1 Principaux Composants d'un CNN :

- a. Couches de Convolution :** Ces couches effectuent l'opération de convolution sur les images d'entrée avec des filtres (ou noyaux), pour détecter des caractéristiques de bas niveau telles que les contours et les textures, ainsi que des motifs plus complexes, tout en préservant la structure spatiale des pixels [32] [33].

La Figure 2.4 illustre le processus de convolution appliqué à une image.

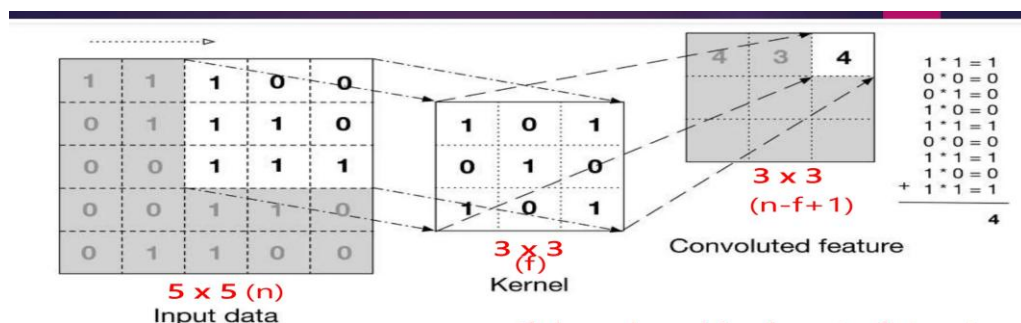


Figure 2.4 : Le processus de convolution sur l'image [34].

- b. Couches de Pooling :** Elles choisissent de réduire la dimension spatiale de l'entrée pour alléger la complexité de calcul et le nombre de paramètres du réseau.

L'opération de max pooling consiste à extraire la valeur maximale dans une région locale (ou voisinage) d'une image, généralement définie par une fenêtre glissante. Cette technique permet de conserver les caractéristiques les plus saillantes tout en réduisant la dimension spatiale des données.

En parallèle, l'average pooling calcule la moyenne des valeurs dans cette même région locale. Contrairement au max pooling, qui met l'accent sur les activations les plus fortes, l'average pooling fournit une représentation plus lissée et globale de l'information. [32] [33].

La figure 2.5 illustre les deux opérations de sous-échantillonnage : le max pooling et l'average pooling :

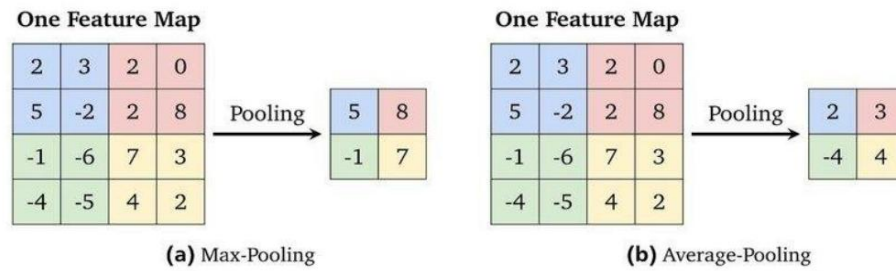


Figure 2.5 : Le processus de convolution sur l'image [35].

- c. **Fonctions d'Activation** : Elles apportent de la non-linéarité au modèle qui lui permet de bénéficier d'une capacité d'apprentissage dans des relations complexes [32] [33].

Rectified Linear Unit (ReLU) :

La fonction Rectified Linear Unit (ReLU) est l'une des fonctions d'activation les plus utilisées dans les réseaux de neurones, notamment dans les modèles de deep learning. Elle s'est imposée comme un choix privilégié dans de nombreuses architectures grâce à sa simplicité et son efficacité.

ReLU est une fonction linéaire par morceaux qui renvoie directement la valeur d'entrée lorsqu'elle est positive, et zéro lorsqu'elle est négative. En d'autres termes, elle laisse passer les valeurs positives sans modification tout en annulant les valeurs négatives. Cette propriété permet au réseau de neurones de conserver la complexité nécessaire pour apprendre des motifs et des structures dans les données [36].

Les raisons de la popularité de ReLU sont les suivantes :

Simplicité : ReLU est extrêmement efficace d'un point de vue computationnel, car elle ne requiert qu'une opération de seuillage.

Non-linéarité : Bien qu'elle soit simple, ReLU reste une fonction non linéaire, ce qui permet aux modèles d'apprendre des représentations complexes et riches [36].

La **fonction ReLU** est définie par : $f(x) = \max(0, x)$, ce qui signifie qu'elle renvoie zéro pour les valeurs négatives et conserve les valeurs positives inchangées. Et une Représentation graphique de la fonction d'activation ReLU. (Figure 2.6)

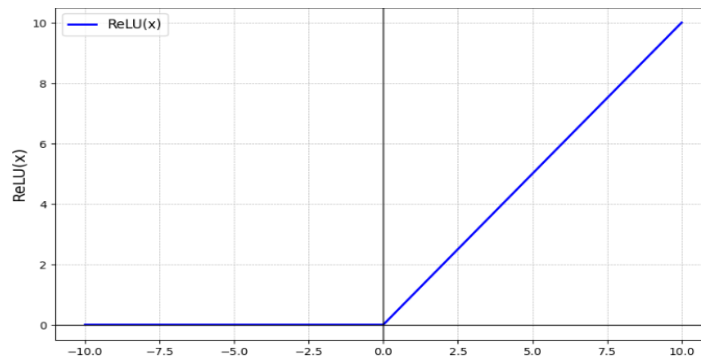


Figure 2.6 : Fonction d'activation ReLU [36].

Fonction Softmax :

La fonction Softmax est une transformation mathématique qui convertit un vecteur de scores bruts de prédiction (appelés logits) générés par le réseau de neurones en probabilités. Ces probabilités sont réparties entre les différentes classes de manière à ce que leur somme soit égale à 1. En d'autres termes, Softmax permet de normaliser les sorties du réseau afin qu'elles puissent être interprétées comme des probabilités, ce qui en fait une approche particulièrement adaptée aux tâches de classification [42].

La fonction softmax est définie par : $\text{Softmax}(Z_i) = \frac{e^{z_i}}{\sum_{j=1}^k e^{z_j}}$ Où :

z_i Représente le logit (la sortie du neurone dans la couche précédente) associé à la classe i .

k Est le nombre total de classes,

e^{z_i} Est l'exponentielle du logit pour la classe i ,

$\sum_{j=1}^k e^{z_j}$ Est la somme des exponentielles des logits pour toutes les classes.

- d. La couche dropout :** est un élément supplémentaire conçu pour renforcer la robustesse du réseau de neurones. Sa fonction principale est d'atténuer le sur ajustement en désactivant sélectivement certains neurones lors de l'entraînement, favorisant ainsi la généralisation. En réduisant temporairement la complexité du modèle, cette technique empêche le réseau de dépendre excessivement de neurones spécifiques et contribue à un processus d'apprentissage plus résilient [32] [33].
- e. Down sampling :** désigne un ensemble de techniques permettant de réduire la résolution spatiale d'une image tout en conservant ses informations essentielles.

Par exemple, on peut supprimer une ligne et une colonne sur deux, ce qui diminue de moitié la taille de l'image. Ainsi, une image initiale de 1000x1000 pixels deviendrait une version réduite de 500x500 pixels. Cette approche optimise le traitement des données tout en maintenant la pertinence visuelle des éléments les plus significatifs [39].

- f. Couches Entièrement Connectées :** Ces couches assurent la prédiction à partir des caractéristiques de plus haut niveau apprises par l'ensemble du réseau. Les neurones de ces couches sont totalement connectés aux neurones de la couche précédente [32] [33].

3.2.3.2 Réseau neuronal déconvolutif (DCNN) :

Un réseau neuronal déconvolutif (DCNN) est une architecture avancée conçue pour exploiter des données tridimensionnelles afin d'accomplir des tâches complexes telles que la classification d'images et la reconnaissance d'objets. Contrairement aux réseaux de neurones convolutifs (CNN), qui se concentrent sur l'extraction des caractéristiques et la réduction dimensionnelle, les DCNN visent à restaurer les informations spatiales perdues, permettant ainsi une reconstruction fidèle de l'image originale.

Ce mécanisme s'inspire du fonctionnement du cortex visuel humain, offrant aux réseaux neuronaux une capacité accrue à extraire et exploiter les caractéristiques pertinentes des images. La reconstruction repose principalement sur deux types de couches essentielles : la couche de déconvolution et la couche de suréchantillonnage [37].

a. La couche de déconvolution :

La couche de déconvolution joue un rôle essentiel dans les DCNN en permettant la reconstruction d'images à partir des caractéristiques extraites.

Contrairement aux couches de convolution qui réduisent la taille des données tout en extrayant des informations pertinentes, la couche de déconvolution effectue l'opération inverse en rétablissant les dimensions originales de l'image. Contrairement à un perceptron multicouche qui attribue un poids distinct à chaque connexion, la déconvolution conserve une structure similaire aux convolutions en partageant des poids, assurant ainsi une cohérence dans la reconstruction des données.

Pour accomplir cette tâche, elle utilise des filtres ajustables optimisés durant l'apprentissage. Ces filtres, comparables à ceux des couches de convolution, sont conçus

pour augmenter la taille de la sortie et ajouter des détails afin de produire une image reconstruite plus fidèle à l'originale.

Ainsi, alors que la convolution vise à extraire des caractéristiques et à réduire la complexité dimensionnelle des données, la déconvolution cherche à les reconstituer, créant ainsi une approche complémentaire dans le traitement des images neuronales. En somme, il s'agit d'un processus inverse, indispensable aux tâches de segmentation et de génération d'images [37]. (Figure 2.7)

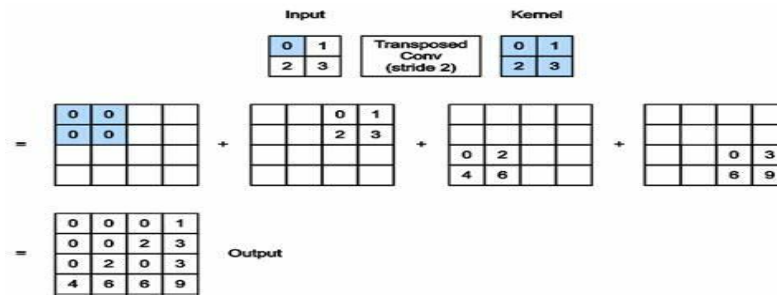


Figure 2.7 : convolution transposée avec kernel 2*2 et stride 2 [38].

b. La couche de suréchantillonnage :

Le suréchantillonnage est une étape clé dans la reconstruction d'images à partir de cartes de caractéristiques, jouant un rôle essentiel dans la restitution de détails visuels.

Grâce à des techniques telles que l'**up-sampling**, les réseaux neuronaux déconvolutifs (DCNN) parviennent à restaurer les contours et les textures originales d'une image, même lorsque les données ont été compressées ou transformées en représentations abstraites. Ce processus permet également de détecter et de corriger les imperfections présentes dans les images. Les zones endommagées sont progressivement comblées par des détails réalistes, rendant l'image finale pratiquement indiscernable de l'originale [37].

c. up-sampling :

L'upsampling englobe une variété de techniques visant à améliorer la résolution spatiale d'une image, particulièrement utile pour agrandir des régions spécifiques tout en minimisant les effets de pixellisation. Par exemple, si une image de 300×300 doit être affichée sur un écran de 900×900, des lignes et colonnes supplémentaires doivent être générées pour étendre ses dimensions. Remplir simplement les espaces avec des zéros entraînerait des vides noirs, perturbant la cohérence visuelle de l'image. Au lieu de cela,

l'upsampling cherche à reconstruire intelligemment une version haute résolution qui se rapproche le plus possible de l'original, en préservant les détails et textures essentiels [39].

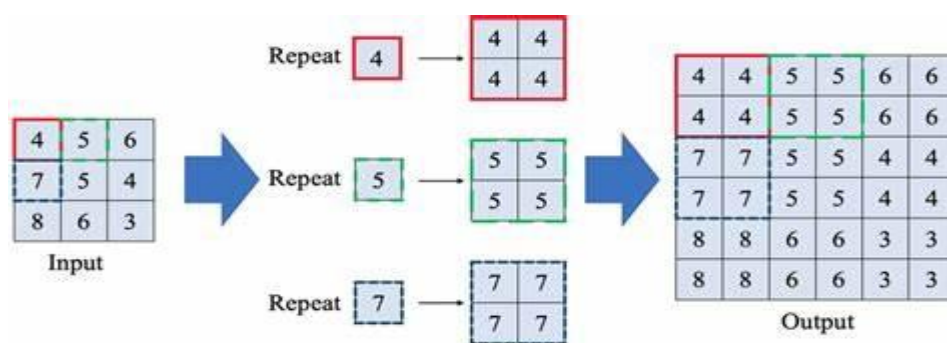


Figure 2.8 : Exemple de couche d'upsampling [40].

d. Les couches de normalisation :

Les couches de normalisation par lots sont utilisées pour homogénéiser les activations d'un volume d'entrée avant de le transmettre à la couche suivante du réseau. Cette technique s'avère particulièrement efficace pour accélérer l'apprentissage en réduisant le nombre d'époques nécessaires à l'entraînement du réseau neuronal. De plus, elle contribue à ****stabiliser**** l'apprentissage, offrant une plus grande flexibilité dans le choix des taux d'apprentissage et des paramètres de régularisation.

Bien que la normalisation par lots ne remplace pas l'ajustement minutieux de ces hyperparamètres, elle facilite leur réglage en rendant le taux d'apprentissage et la régularisation moins sensibles aux variations. En intégrant cette approche dans votre réseau, vous observerez généralement une diminution de la perte finale ainsi qu'une courbe d'apprentissage plus stable et cohérente [41].

3.2.3.3 Modèles CNN :

- a. **SegNet** : se définit précisément comme une architecture d'apprentissage profond orientée vers la segmentation sémantique qui consiste à affecter à chaque pixel d'une image une étiquette correspondant à une catégorie, d'où l'intitulé de réseau neuronal encodeur-décodeur pour la segmentation pixel par pixel afin d'obtenir un niveau de précision élevé. En outre, SegNet a l'avantage d'être capable d'apprendre à classifier chaque pixel sur la base de son étiquette de sortie afin que chaque pixel d'une image soit qualifié conformément à sa catégorie d'appartenance assurant ainsi un traitement à tous les niveaux de détail de l'image et une compréhension optimale de tout son contenu. Cette architecture présente donc un véritable intérêt en tant qu'architecture de

segmentation mieux adaptée à un certain nombre de domaines ayant eux-mêmes besoin d'un niveau de précision élevé. C'est le cas de la conduite autonome, l'analyse d'images médicales, et la compréhension de scènes urbaines, où un type de précision est révolutionnaire [43]. (Figure 2.9)

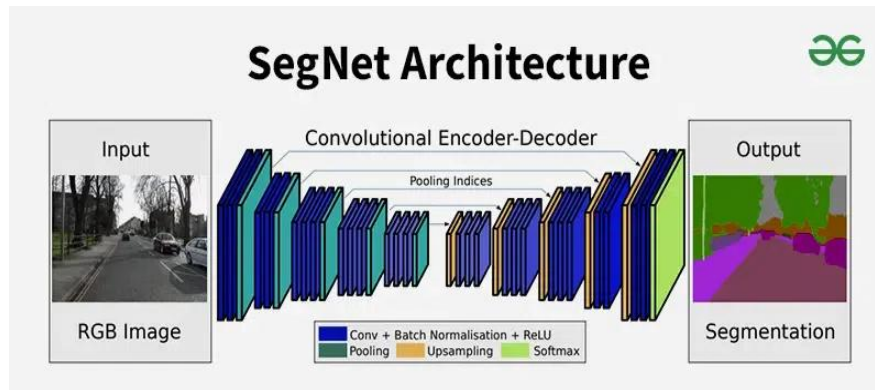


Figure 2.9: SegNet architecture [44].

- b. **UNET** : L'architecture UNET a été mise au point en 2015, par l'équipe d'Olaf Ronneberger de l'université de Fribourg (Allemagne), pour la segmentation d'images biomédicales. C'est aujourd'hui un des modèles les plus couramment employés dans la segmentation sémantique. Ce réseau entièrement convolutif a été conçu pour apprendre même avec peu d'exemples d'apprentissage, c'est une amélioration par rapport à la modèle FCN (Fully Convolutional Networks for Semantic Segmentation) de Jonathan Long et al. (2014) [45].

L'architecture d'UNET est de type encodeur-décodeur de forme U. Elle se compose de

- **Quatre blocs d'encodage** : cette partie est appelé chemin contractant, elle permet de réduire les dimensions spatiales de l'image tout en doublant le nombre de filtres (ou canaux de caractéristiques) à chaque bloc
- **Quatre blocs de décodage** : cette partie est appelé chemin expansif, elle permet d'augmenter les dimensions spatiales tout en réduisant le nombre de canaux de caractéristiques.

Ces blocs sont reliés par un pont central permettant une bonne transmission des informations entre l'encodage et le décodage.

UNET est particulièrement adapté pour des tâches de segmentation pixel à pixel et est tout à fait approprié pour des applications où une précision de segmentation élevée est requise, en particulier pour des applications biomédicales.

D'un côté, nous avons le U-Net 2D, qui est adapté à des données d'images 2D, et de l'autre le U-Net 3D, qui est adapté à des données d'imageries 3D. Le U-Net 2D est conçu pour être particulièrement performant sur les données d'images 2D, en particulier pour les analyses et segmentations sur des tranches. Le U-Net 3D s'appuie également sur cette architecture pour des données volumétriques 3D, comme les images de scanner CT et IRM, qui peuvent nécessiter de la capture d'information contextuelles selon les différentes directions spatiales [46]. (Figure 2.10)

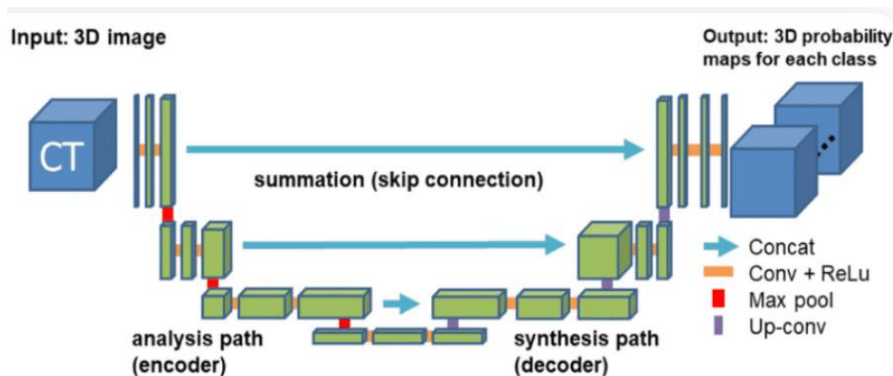


Figure 2.10 : U-Net architecture [47].

4. Reconstruction 3D :

La reconstruction tridimensionnelle (3D) à partir de coupes bidimensionnelles (2D) d'images médicales représente un enjeu de recherche et d'application dans le domaine de l'imagerie médicale. Ces méthodes permettent de générer des représentations 3D de l'anatomie à partir de coupes observées en vue transversale au moyen de modalités d'imagerie telles que la tomodensitométrie (CT), l'imagerie par résonance magnétique (IRM) ou encore l'échographie. Les méthodes de reconstruction 3D à partir de coupes 2D s'intègrent dans différentes pratiques médicales, comme la planification chirurgicale (les études préopératoires), l'orientation dans les procédures interventionnelles (les orientations radiologiques), la visualisation des organes internes et la recherche biomédicale, et elles permettent d'apporter aux cliniciens une meilleure compréhension de la géométrie et de la structure des tissus et organes de la population étudiée.

Dans les principaux paradigmes de la reconstruction 3D, figurent la segmentation d'images, qui repose sur l'application d'algorithmes pour détecter et extraire des structures d'intérêt à partir

de coupes 2D, et les techniques de modélisation géométrique, utilisant des points, courbes et surfaces extraites de l'information 2D pour former des modèles 3D. Les techniques de reconstruction 3D sont en effet généralement comparées selon les critères de précision, de qualité visuelle, du temps de calcul nécessaire et d'adaptation aux données et artefacts présents dans les images médicales.

Les avancées dans le domaine sont constantes et contribuent à l'amélioration de la précision, de la rapidité et de l'accessibilité des méthodes de reconstruction 3D dont les effets se répercutent dans l'optimisation du diagnostic, du traitement et de l'intervention pour réorienter la prise en charge des patients. Ce chapitre présente les principales techniques de reconstruction 3D à partir de coupes 2D, focalisées sur l'intégration de l'information rayon 2D pour une modélisation précise et complète de l'anatomie [48].

4.1 Techniques de reconstruction 3D :

Il existe diverses techniques de reconstruction 3D, dont le choix dépend de multiples facteurs liés aux méthodes employées en infographie et en visualisation scientifique. Ces données 3D sont généralement obtenues à partir d'ensembles d'images de tranches 2D, issues de scanners IRM ou CT. Par exemple, une série d'images 2D du cerveau humain peut être assemblée pour générer une représentation 3D, offrant une vue détaillée et complète de l'anatomie [48].

4.1.1 Rendu volumique :

La technique de rendu volumique fait appel à une forme de visualisation des données qui permet d'envisager une représentation en trois dimensions. En général, les données issues de scanners CT et IRM seront visualisées grâce à cette méthode en complément d'autres reconstructions ou coupes. L'utilisation de cette technique sera élargie à n'importe quel type d'objectivation des données, c'est-à-dire également aux tomosynthèses, par exemple. Cette technique s'adapte essentiellement à des objectifs d'optimisation de la visualisation de l'anatomie humaine, de la planification des interventions chirurgicales et de l'enseignement médical. Son utilisation est relativement rare en échographie générale (par rapport à la technologie de rendu de surface qu'elle est censée compléter) mais reste significative en échocardiographie [49].

4.1.2 Ray casting :

C'est une méthode qui s'applique à déterminer comment la lumière s'achemine vers l'œil (ou la caméra) dans une scène virtuelle. En infographie 3D, le lancer de rayons confère à la scène

numérique un faisceau lumineux, numérique, envoyé, par l'œil de l'observateur vers l'environnement numérique. Les rayons lumineux vont interagir avec les objets composant la scène et, selon les points d'intersections et les propriétés de chaque objet sont calculés, via le lancer de rayons, la couleur et la brillance des pixels reproduits à l'écran.

Il est le moyen essentiel pour le rendu et la visualisation et il donne lieu à un éclairage réaliste, en reproduisant le comportement de la lumière dans le réel il permet une représentation extrêmement réaliste des personnages, objets, scènes. Le lancer de rayons volumique proposé va davantage que le lancer de rayons classique ; il exploite des données volumétriques, ensembles de données 3D, textures, alors que dans le lancer de rayons classique, seules les surfaces sont échantillonnées, le lancer de rayons échantillonne l'entièreté de l'espace. Le domaine par excellence d'application du lancer de rayons volumique est l'imagerie médicale, car via l'IRM, scanners CT il permet de visualiser les données 3D [50].

4.1.3 Maximum Intensity Projection (MIP) :

La méthode de rendu volumique appelée projection à intensité maximale (Maximum Intensity Projection ou MIP) permet d'extraire les objets à haute intensité au sein d'une scène volumique. Pour chaque pixel, la valeur d'intensité maximale rencontrée le long du rayon traversant ce pixel est déterminée. La MIP est fréquemment utilisé en imagerie médicale par résonance magnétique pour extraire les structures vasculaires, notamment en angiographie.

Pour compenser la perte d'informations spatiales et de profondeur dans les images MIP, les données sont généralement visualisées sous différents angles en les faisant pivoter. En raison de la difficulté à générer la MIP de manière interactive, ces visualisations nécessitent un temps de calcul considérable. Ainsi, de nombreuses MIP sont pré-calculées hors ligne puis animées [51].

4.1.4 Multi Planar Reconstruction (MPR) :

La méthode de reconstruction multi-plans (ou Multi Planar Reconstruction, MPR en anglais) est une technique d'imagerie médicale permettant la construction d'images bidimensionnelles à partir des données tridimensionnelles acquises. La MPR consiste à reconstruire des images dans des plans devenant ainsi non alignés avec le plan d'acquisition d'origine. Parmi ses types, on rencontrera la MPR oblique autorisant la production d'images dans des plans obliques par rapport aux plans initiaux ou bien encore la projection à intensité maximale (Maximum

Intensity Projection, MIP), qui génère des images typiquement par projection de la valeur d'intensité maximale de chaque point du volume reconstruit sur un plan unique. La MPR est notamment communément utilisée dans différentes applications médicales, notamment la planification chirurgicale, le diagnostic ou encore le suivi des traitements [52].

4.1.5 Marching cubes :

Le Marching Cubes désigne un algorithme de référence en infographie, principalement pour l'extraction de maillages polygonaux à partir de champs scalaires 3D. En effet, il traduit des données volumétriques vers des maillages prêts pour la visualisation et la manipulation, il se base sur l'analyse des valeurs du champ scalaire aux sommets d'une cellule de la grille pour établir les connexions permettant de former des triangles grâce à une table de correspondance préétablie.

Utilisé notamment en reconstruction 3D, mais aussi en visualisation, cet algorithme est très souvent utilisé en imagerie médicale notamment en tomodensitométrie (CT) ou en imagerie par résonance magnétique (MRI) sans oublier son utilisation courante en effets spéciaux et modélisation 3D, pour bazar la création des métasphères et des métasurfaces. Au côté de sa version 3D, l'algorithme Marching Cubes a sa déclinaison 2D, à savoir le Marching Squares, pour appliquer le même raisonnement sur des applications 2D [53].

Les étapes essentielles de l'algorithme sont les suivantes :

- a. **Création des cubes** : Construire des cellules cubiques à partir des données volumétriques.
- b. **Classification des sommets** : Identifier la position des sommets du cube vis-à-vis de l'isovaleur (en dessous ou au-dessus de l'isosurface).
- c. **Création d'un index unique** : Attribuer un index au cube en fonction de l'état des sommets.
- d. **Identification de la configuration** : Rechercher la configuration correspondante parmi les 15 cas uniques dans une table de correspondance.
- e. **Positionnement des points d'intersection** : Calcul des points où l'isosurface croise les arêtes du cube par interpolation linéaire.
- f. **Calcul des normales** : Identifier les normales à chaque sommet de l'isosurface pour améliorer le rendu visuel.

- g. **Interpolation des normales** : Attribuer des normales interpolées à chaque sommet des triangles générés.
- h. **Répétition du processus** : Reproduire les étapes ci-dessus pour l'ensemble des cubes de la grille. (**Figure 2.11**)

À l'issue de toutes ces généralisations, l'assemblage de toutes les surfaces permet de reconstruire une approximation fidèle du volume recherché, offrant une visualisation claire et l'exploitation de la structure d'intérêt [54] [55] [56] [57].

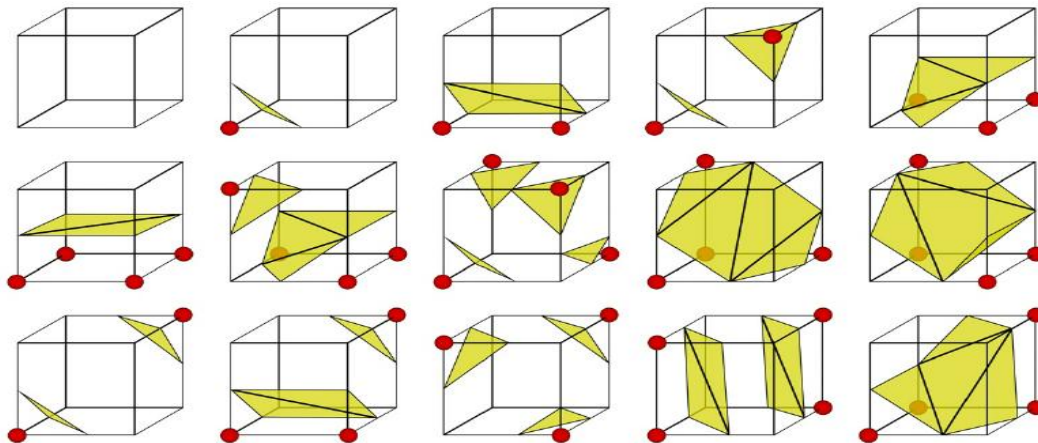


Figure 2.11: Look up pour l'algorithme des Marching Cubes [93].

5. Visualisation 3D :

La visualisation en trois dimensions est une technique technologique qui utilise des logiciels spécifiques pour produire des images en trois dimensions à partir de modèles. Ces modèles peuvent soit être créés dans un logiciel de conception, soit mis en œuvre à partir de scans et relevés du monde réel – la 3D comme destinée au monde, place tout à fait au cœur de l'évaluation des objets, espaces et scènes. Elle restitue la réalité en intégrant en particulier des éléments de textures, d'éclairages et d'ombres dans l'objectif de rendre la perception visuelle plus riche [58] [59].

Cette technique peut se présenter sous deux formes principales :

- **Statique**, avec des images fixes ;
- **Dynamique**, incluant des vidéos ou des animations interactives.

Elle est utilisée dans divers domaines, tels que la représentation d'objets industriels, de bâtiments, d'aménagements intérieurs, de paysages naturels ou encore de personnages, entre autres [58] [59].

5.1 Principe de fonctionnement :

Pour la visualisation en trois dimensions, il existe des logiciels de modélisation 3D où l'on peut faire des modèles virtuels par plusieurs techniques, telles que :

- **La modélisation par polygones**, qui fait des formes à partir de polygones ;
- **La modélisation par subdivision** qui fait des structures plus fines et plus douces ;
- **La modélisation paramétrique** qui permet de traiter les formes définies par des paramètres mathématiques ;

Le modèle étant fait, les textures, matériaux, éclairages permettent un rendu réaliste. Les logiciels les plus évolués mettent aussi en œuvre la simulation de phénomènes physiques tels que les réflexions, les ombres portées, les effets atmosphériques...

Dès le modèle et les paramètres de rendu établis, on produit les images ou animations sous différents angles de vue ensuite exportées, au besoin, dans des formats à la mesure de leurs usages futurs. [58] [59].

6. Visualisation multiple views :

Les plans anatomiques sont des surfaces imaginaires en deux dimensions utilisées pour diviser le corps humain afin de faciliter la description des emplacements et des mouvements.

La position anatomique, prise comme référence pour décrire les structures et leurs mouvements, correspond à une posture verticale. Dans cette position, les bras sont placés le long du corps avec les paumes orientées vers l'avant, tandis que les pieds sont parallèles et les orteils pointés vers l'avant.

Les trois dimensions correspondent aux trois axes spatiaux d'une image, à savoir la largeur, la hauteur et la profondeur, qui sont dans le cas de l'imagerie médicale définies par trois plans de repères importants tels que axial/transversal, coronal et sagittal, qui correspond aux orientations fondamentales du corps humain, mais également et de façon plus privilégiée du cerveau [60].

- a. **Le plan sagittal** : Il divise le corps en section gauche et droite, est souvent considéré comme un plan avant arrière [61].
- b. **Le plan coronal** : Il isole le corps en avant et arrière, également appelé plan côté côté [62].
- c. **Le plan axial ou transverse** : Il découpe le corps en supérieur et inférieur, également plan tête pied [63].

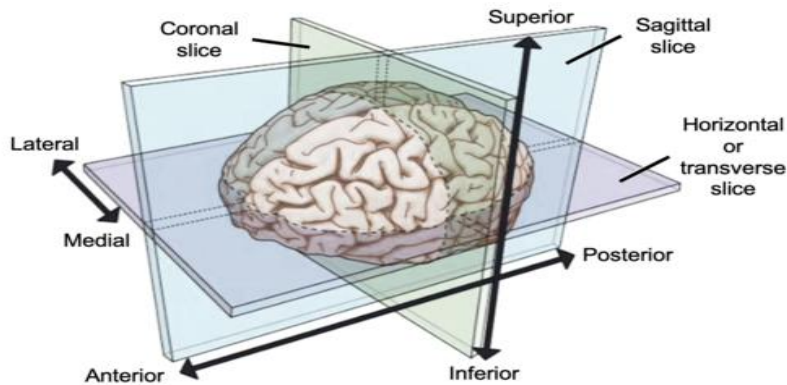


Figure 2.12 : axial/transversal, coronal et sagittal planes [94].

7. Etat de l'art :

La segmentation des tumeurs cérébrales sur les images IRM et la reconstruction 3D sont des techniques avancées, largement employées dans le domaine du génie biomédical et les applications cliniques. En constante évolution, ces méthodes suscitent un intérêt croissant, notamment en raison des progrès en intelligence artificielle et en imagerie médicale. Il est donc essentiel de se référer aux travaux les plus récents pour suivre les avancées dans ce domaine.

La section suivante présente une sélection des recherches les plus récentes sur ces techniques :

- Mathieu Busquet, «Image segmentation : Train a U-Net model to segment brain tumors», AI, AI Deploy, Artificial Intelligence, Docker, Machine Learning, PyTorch, Streamlit, 2023-04-19.

Dans cet article, l'auteur Mathieu Busquet exploite la base de données BraTS 2020 et met en œuvre un modèle CNN U-Net 2D. Pour optimiser le traitement, il réduit la taille des images de 244 à 128 pixels et intègre, en entrée du modèle, deux modalités, comprenant les images de segmentation manuelle. Après 35 époques d'entraînement, son modèle atteint une perte de 0.0206 et une précision de 99.35 %, témoignant d'une performance remarquable dans la segmentation des tumeurs cérébrales [64].

- Mansi Kajal and Ajay Mittal, « a ModiFed U-Net Based Architecture for Brain Tumour Segmentation on BRATS 2020», Posted Date: October 6, 2022.

Dans cet article, les auteurs s'appuient sur le défi de segmentation des tumeurs cérébrales multimodal MICCAI BRATS. La suppression des tumeurs cérébrales des images IRM est réalisée à l'aide de la base de données BraTS 2020, librement accessible, comprenant 371 dossiers au format NIfTI.

La méthode proposée repose sur un modèle CNN U-Net 3D, structuré selon une architecture encodeur-décodeur, permettant d'isoler efficacement les tumeurs. Les résultats obtenus attestent des performances du modèle, avec une précision de 97.59 et un indice IoU de 0.6413 [65].

- Kiranmayee Janardhan, Christy Bobby T, « Deep Learning-Based Approach for Automatic 2D and 3D MRI Segmentation of Gliomas», February 2025.

Dans cet article, les auteurs exploitent des modèles 2D et 3D basés sur les architectures U-Net, Inception et ResNet. Le travail de recherche est appliqué aux ensembles de données BraTS 2018, 2019 et 2020, permettant une analyse approfondie de la segmentation des gliomes.

Parmi les approches testées, la méthodologie proposée affiche un potentiel supérieur en termes de segmentation efficace. Le modèle ResNet obtient une précision de 98.91 % pour la segmentation 3D et 99.77 % pour la segmentation 2D. De plus, les scores Dice atteignent 0.8312 pour la segmentation 2D et 0.9888 pour la segmentation 3D, soulignant la robustesse du modèle dans le traitement des images médicales.

Comparé aux modèles de segmentation les plus avancés étudiés dans cette recherche, le modèle proposé démontre une supériorité notable, confirmant son efficacité dans l'analyse des images médicales [66].

- Smarta Sanguia , Tamim Iqbala , Piyush Chandra Chandraa , Swarup Kr Ghosha, Anupam Ghoshb, « 3D MRI Segmentation using U-Net Architecture for the detection of Brain Tumor» , 2023.

Dans cet article, les auteurs ont conçu une version modifiée de l'architecture U-Net, intégrée dans un cadre d'apprentissage profond pour la détection et la segmentation des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM.

Le modèle proposé a été évalué sur des images réelles issues des ensembles de données BraTS 2020 fournis par Medical Image Computing and Computer-Assisted Interventions (MICCAI). Les tests ont démontré une précision remarquable de 99.4 %, attestant de l'efficacité de la méthode employée [67].

- Rastislav, Bratislava, Bratislava Region, Slovakia M. Eng. student at Czech Technical University in Prague , « 3D MRI Brain tumor segmentation || U-NET » , 28 apr 2021.

Dans cet article, l'auteur exploite la base de données BraTS 2020, qui comprend 369 patients, et met en œuvre un modèle CNN 3D U-Net L'approche repose sur deux modalités d'IRM (FLAIR et T1ce) ainsi que des images de segmentation manuelle en entrée du modèle.

Afin d'optimiser le traitement, la taille des images est réduite de $244 \times 244 \times 155$ à $128 \times 128 \times 128$. Après entraînement, le modèle atteint une précision de 99.41 % et un coefficient Dice de 0.6512, attestant de son efficacité dans la segmentation des tumeurs cérébrales [68].

- Mukul Aggarwa, Amod Kumar Tiwari, M. Partha Sarathi, «Comparative Analysis of Deep Learning Models on Brain Tumor Segmentation Datasets: BraTS 2015-2020 Datasets», 31 December 2022.

Dans cet article, les auteurs ont analysé les performances de plusieurs algorithmes de réseaux neuronaux en apprentissage profond appliqués aux jeux de données BraTS. Les différentes méthodes ont été comparées aux modèles de référence en fonction de critères tels que le score Dice, le PPV (Valeur Prédictive Positive) et la sensibilité.

Il ressort de cette étude que, parmi les modèles testés sur BraTS 2015, l'algorithme GAN (2020) offre les meilleurs résultats sur ce jeu de données. Par ailleurs, les modèles avec mécanisme d'Attention se sont révélés efficaces pour réduire les problèmes de déséquilibre des classes dans la segmentation des tumeurs cérébrales.

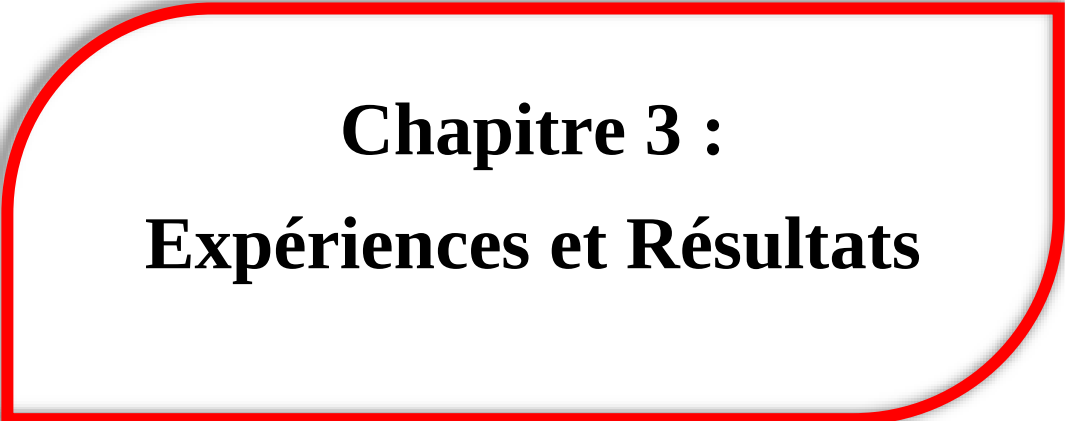
Enfin, l'étude souligne que les modèles CNN existants souffrent de problèmes de sur ajustement. Pour y remédier, les modèles ResNet intègrent des connexions résiduelles parallèles aux couches de CNN, permettant d'améliorer la segmentation des tumeurs cérébrales et d'obtenir des performances accrues [69].

- Carlos Alvarez, « Brain3d Plot Visualization », Feb 15 2024.

Dans cet article, l'auteur propose une exploration interactive de la localisation du cerveau et des tumeurs grâce à une visualisation 3D utilisant Plotly. En tirant parti des fonctionnalités avancées de Plotly, les utilisateurs peuvent plonger dans une représentation immersive du cerveau et analyser précisément l'emplacement des tumeurs. L'interactivité de la visualisation leur permet de zoomer, pivoter et naviguer librement facilitant ainsi l'interprétation des données anatomiques [70].

8. Conclusion :

Au cours de ce chapitre, nous avons pu exposer les conditions nécessaires afin d'analyser des images IRM. Dans ce cadre, nous avons dégagé les étapes de segmentation manuelle, et de segmentation automatique, au moyen d'intelligence artificielle. Nous avons également présenté les techniques et les algorithmes d'IA employés pour améliorer cette segmentation. Après cette étape, nous avons abordé la reconstruction 3D, en mettant en avant les méthodes permettant de créer des modèles tridimensionnels à partir de coupes 2D en imagerie médicale. Ces techniques sont essentielles dans plusieurs domaines comme la radiologie, la chirurgie assistée par ordinateur et la planification des traitements. Enfin, nous avons terminé avec la présentation de la visualisation 3D et de l'examen multi-vues des images en coupes axiale, coronale et sagittale.



Chapitre 3 : Expériences et Résultats

1. Introduction :

Dans le chapitre précédent, nous avons détaillé les techniques de segmentation et de reconstruction 3D. Ce chapitre vise à concrétiser ces approches en les appliquant à des données réelles et en analysant les résultats obtenus.

Nous commencerons par une présentation des données IRM utilisées, en précisant leurs caractéristiques et leur rôle dans le processus de segmentation et de reconstruction. Ensuite, nous décrirons les techniques mises en œuvre, en mettant en évidence les méthodes de segmentation adoptées ainsi que les algorithmes de reconstruction 3D. Nous introduirons également le langage de programmation et les outils logiciels mobilisés pour implémenter cette approche.

La seconde partie du chapitre sera consacrée à l'analyse des résultats obtenus à chaque étape du processus. Nous examinerons la qualité des segmentations réalisées et l'efficacité des méthodes de reconstruction. Enfin, une discussion nous permettra d'interpréter et d'analyser ces résultats.

Nous conclurons par la présentation de notre application informatique, spécialement conçue pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales sur des images IRM multimodales (T1, T2, FLAIR, T1CE). Cette application intègre des fonctionnalités avancées de reconstruction et de visualisation 3D multi-vues du cerveau, mettant en évidence les structures tumorales segmentées. Nous en exposerons les principales caractéristiques et démontrerons comment charger, manipuler, segmenter et visualiser les images IRM 3D sous format NIfTI. De plus, nous explorerons les possibilités d'interaction avec les modèles 3D du cerveau, offrant ainsi un outil intuitif et performant pour l'analyse et l'interprétation des données médicales.

2. Base de données :

Brain Tumor Segmentation 2020 Dataset est conçu pour l'évaluation des méthodes de pointe appliquées à la segmentation des tumeurs cérébrales sur des images IRM multimodales. Il repose sur des données préopératoires provenant de plusieurs institutions et se concentre principalement sur la segmentation des gliomes, des tumeurs intrinsèquement hétérogènes en termes d'apparence, de forme et d'histologie. Afin de souligner l'impact clinique de cette segmentation, ce jeu de données intègre également la prédiction de la survie

globale des patients ainsi que la différenciation entre pseudo progression et récurrence tumorale authentique, à travers l'analyse intégrative de caractéristiques radiomiques et l'application d'algorithmes d'apprentissage automatique.

Enfin, cette base de données vise à évaluer l'incertitude algorithmique dans la segmentation tumorale, permettant ainsi de mieux appréhender la fiabilité des méthodes employées [71].

2.1 Description des données d'imagerie :

L'ensemble des scans multimodaux Brain Tumor Segmentation 2020 Dataset est disponible sous format NIfTI (.nii.gz) et comprend :

- **(a)** L'IRM native (T1)
- **(b)** L'IRM pondérée T1 post-contraste (T1Gd)
- **(c)** L'IRM pondérée T2 (T2)
- **(d)** L'IRM T2 avec suppression du liquide (T2-FLAIR)

Ces images ont été acquises selon différents protocoles cliniques et à l'aide de divers scanners provenant de 19 institutions, répertoriées comme contributrices des données.

L'ensemble des données d'imagerie a été segmenté manuellement par un à quatre experts, suivant un protocole d'annotation commun. Les annotations comprennent :

- La tumeur rehaussée par contraste (ET — label 4)
- L'œdème péri-tumoral (ED — label 2)
- Le noyau tumoral nécrotique et non rehaussé (NCR/NET — label 1)

Ces catégories sont définies conformément aux publications Brain Tumor Segmentation 2020 Dataset, notamment l'article TMI 2012-2013 et le dernier document de synthèse.

Enfin, les données sont fournies après un prétraitement incluant :

- Un recalage sur un même référentiel anatomique
- Une interpolation à une résolution uniforme de 1 mm³
- Une suppression du crâne pour améliorer l'analyse et la segmentation [71].

La figure 3.1 illustre les différentes modalités d'IRM ainsi que les classes incluses dans notre jeu de données :

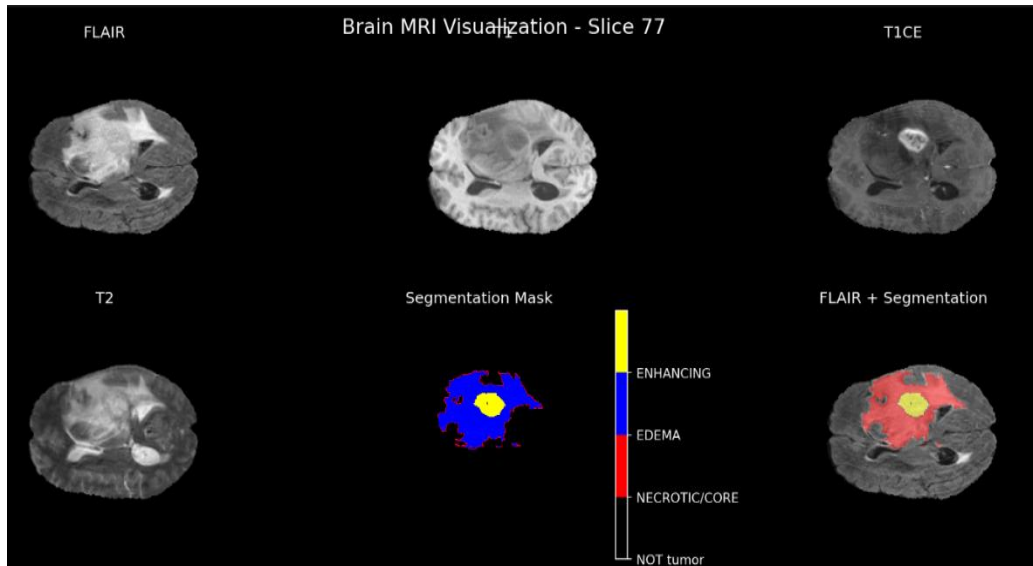


Figure 3.1 : Patient_001 slice 77 (FLAIR, T1CE, T2, T1 and Segmentation MASK)

2.2 Augmentation de la base de données :

L'augmentation des données repose sur l'application de transformations visant à enrichir la diversité des échantillons disponibles. Ce procédé permet d'élargir le champ d'apprentissage du modèle, améliorant ainsi sa capacité à généraliser et à prédire de nouvelles données avec plus de précision [72].

Notre dataset initial comprend 369 patients, chacun disposant de quatre modalités d'imagerie avec une segmentation manuelle. Afin d'enrichir la diversité des données et d'améliorer la robustesse des modèles de segmentation, nous avons appliqué plusieurs techniques d'augmentation des données (data augmentation) :

- Rotations gauche/droite
- Rotations haut/bas et bas/haut
- Rotations de 90 degrés autour de l'axe X
- Rotations de -90 degrés autour de l'axe X

Grâce à ces transformations, notre ensemble de données a été étendu à 1 845 patients, chacun conservant ses quatre modalités d'imagerie : FLAIR, T1CE, T1 et SEG. Cette augmentation permet de renforcer la variabilité spatiale des images et d'améliorer la généralisation des modèles de segmentation. (**Figure 3.2**) :

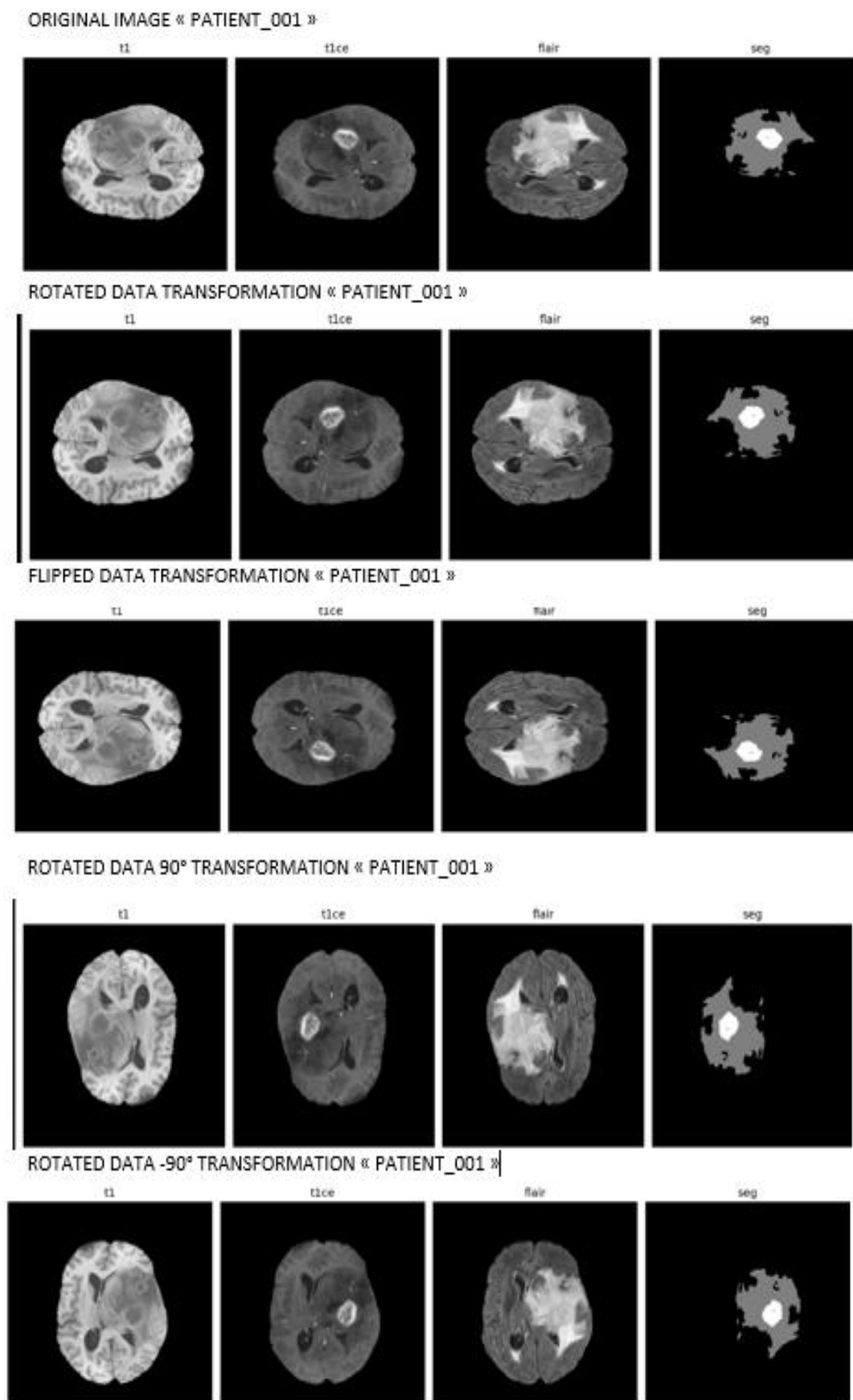


Figure 3.2 : Augmentation des données : rotation, retournement, rotation de 90° et rotation de 90°.

2.3 Format des images :

Ces images sont au format .nii, car ce sont des fichiers NIfTI (Neuroimaging Informatics Technology Initiative). Une image NIfTI représente numériquement un objet en 3D—dans notre cas, un cerveau—with des dimensions de (240, 240, 155). Comme vous pouvez le constater, les modalités et les segmentations possèdent trois dimensions.

Chaque dimension est composée d'une série d'images bidimensionnelles, appelées *coupes*, où chaque coupe contient le même nombre de pixels. Ces coupes sont empilées pour construire la représentation complète en 3D, ce qui explique pourquoi nous visualisons des images en 2D pour l'analyse.

Les trois dimensions correspondent à la structure spatiale de l'image : largeur, hauteur et profondeur. En imagerie médicale, elles sont désignées sous les termes axial/transverse, coronal et sagittal, qui représentent les principales orientations du corps humain, y compris le cerveau [71] [72].

La figure 3.3 présente les trois plans anatomiques de l'image FLAIR du PATIENT_001.

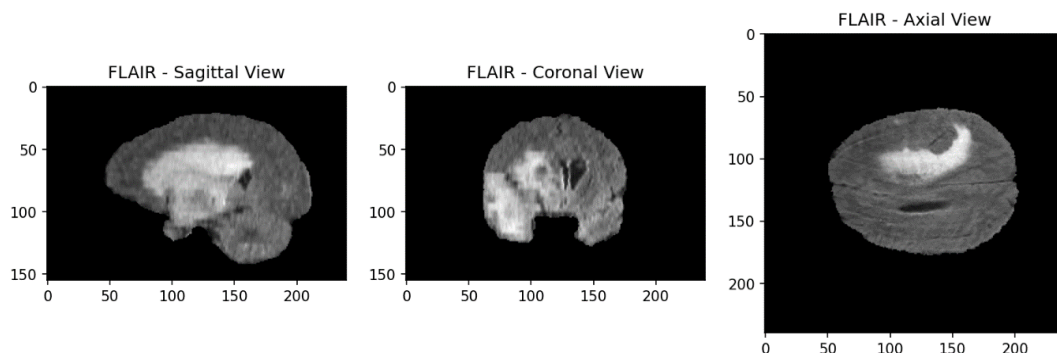


Figure 3.3 : Les trois plans de l'image FLAIR, PATIENT_001

Les fichiers de segmentation contiennent quatre valeurs distinctes, chacune correspondant à une classe spécifique :

- 0 : Non-Tumeur (NT) – Représente une zone saine ou l'arrière-plan.
- 1 : Tumeur nécrotique et non-enhancante (NCR + NET) – Désigne les régions tumorales non rehaussées et nécrotiques.
- 2 : Œdème péritumoral (ED) – Indique la présence d'un œdème entourant la tumeur.
- 4 : Tumeur enhancante (ET) – Correspond aux parties tumorales présentant un rehaussement [71] [72]. (Figure 3.4)

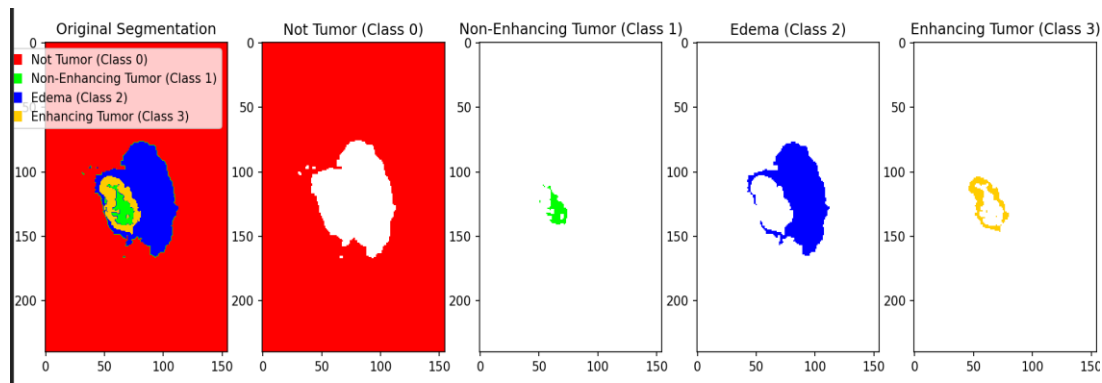


Figure 3.4 : 4 classes différentes d'image de segmentation

3. Configuration de l'environnement :

3.1 Environnement de travail :

- a. **Visual Studio Code (VS Code)** : est un éditeur de code multiplateforme, compatible depuis toujours avec Windows 10, Linux et macOS. Il offre une expérience de développement fluide et flexible, adaptée à divers environnements, permettant aux développeurs de travailler efficacement quel que soit leur système d'exploitation.
- b. **Python** : est un langage de programmation polyvalent et puissant, largement utilisé en data science, développement web, intelligence artificielle et bien plus encore.
- c. **Bibliothèques** :

Sont essentielles pour le traitement des images médicales et l'entraînement de modèles de deep learning. Voici un aperçu de leur utilité :

- **NiBabel** : Manipulation de fichiers NIFTI, DICOM et autres formats d'imagerie médicale.
- **Keras et TensorFlow** : Développement et entraînement de modèles de deep learning, notamment pour la segmentation d'images.
- **Pandas** : Gestion et traitement efficace des données sous forme de tableaux.
- **NumPy** : Calcul numérique et manipulation d'array multidimensionnels.
- **Skimage** : Traitement et amélioration d'images (filtrage, segmentation, etc.).
- **Matplotlib** : Visualisation de données et affichage d'images.
- **OpenCV (cv2)** : Traitement avancé des images et vidéos, notamment pour la détection et la transformation.
- **Nilearn** : Analyse d'images neurobiologiques, notamment en neuroimagerie fonctionnelle.
- **Os** : Interaction avec le système de fichiers et gestion des chemins d'accès [73].

3.2 Kaggle :

Kaggle est une plateforme spécialisée permettant de découvrir, explorer et partager des ensembles de données et des projets de machine learning. Elle offre un accès à une vaste collection de datasets couvrant divers domaines, avec des fonctionnalités avancées pour rechercher, filtrer et télécharger des données pertinentes. Les utilisateurs peuvent également créer et collaborer sur leurs propres projets, facilitant le développement et l'expérimentation en science des données [74].

3.3 Pourquoi utiliser Kaggle pour notre projet ?

Après augmentation des données, notre dataset atteint 120 Go, ce qui exige des ressources matérielles puissantes pour l'entraînement de notre modèle. Kaggle nous permet de :

- **Stocker et charger efficacement notre dataset**, évitant ainsi les contraintes de mémoire locale.
- **Bénéficier de 30 heures d'accès à des GPU ou TPU**, indispensables pour manipuler **des images 3D et 4 modalités** comme entrées du modèle.
- **Exploiter des capacités de calcul élevées** pour gérer la complexité de l'architecture et optimiser la performance du modèle.

4. Prétraitement des données :

4.1 Sélection des tranches : seules 100 tranches sont extraites parmi les 155 disponibles par volume. La sélection débute à partir de la tranche 22, ce qui implique l'exclusion des tranches initiales et finales jugées moins informatives, souvent dominées par du contenu noir.

4.2 Redimensionnement des images : les images, initialement de taille 240×240 pixels, sont redimensionnées à 128×128 pixels. Cette réduction est motivée par l'utilisation de couches de max pooling dans notre modèle U-Net 3D, qui requièrent des dimensions carrées et basées sur des puissances de 2. Bien que 240 soit proche de 256, nous avons opté pour 128 afin de limiter la complexité computationnelle et de nous adapter aux ressources matérielles disponibles.

4.3 Sélection des modalités d'imagerie : les quatre modalités disponibles (FLAIR, T1, T1CE et T2) sont intégralement utilisées en association avec l'image de segmentation manuelle. Le

modèle est ainsi configuré pour traiter quatre canaux d'entrée correspondant aux modalités, en plus du canal dédié à la segmentation.

4.4 Normalisation des données : les données d'entrée X sont normalisées en les divisant par leur valeur maximale, ce qui permet de ramener l'ensemble des valeurs dans l'intervalle $[0, 1]$ et d'assurer une échelle homogène entre les échantillons.

4.5 Recodage des classes de segmentation : l'analyse révèle quatre valeurs distinctes : 0, 1, 2 et 4, correspondant à quatre classes. Cependant, la valeur 3 est absente, ce qui illustre un problème classique en apprentissage automatique : la discontinuité des étiquettes. Pour y remédier, la classe 4 est reclassée en 3, assurant ainsi la continuité des indices de classes. Un encodage one-hot est ensuite appliqué pour représenter les quatre classes de manière binaire.

4.6 Augmentation du jeu de données (Dataset) : notre cohorte initiale comprenait 369 patients. Grâce à des techniques d'augmentation, nous avons étendu ce nombre à 1845 cas, dans le but d'améliorer la qualité des données d'entraînement et d'optimiser la performance du modèle.

5. Préparation des données pour l'entraînement :

5.1 Division du jeu de données en trois ensembles :

La performance d'un modèle d'intelligence artificielle repose sur sa capacité à faire des prédictions précises sur des données inédites. Pour garantir une généralisation efficace, il est essentiel de diviser les données en trois ensembles distincts : Entraînement, Validation et Test [75].

5.1.1 Rôle de chaque ensemble :

- a. **Ensemble d'entraînement :** Utilisé pour l'apprentissage du modèle, cet ensemble lui permet d'ajuster ses paramètres afin de minimiser l'écart entre ses prédictions et la vérité terrain (segmentations).
- b. **Ensemble de validation :** Sert à optimiser les hyperparamètres du modèle, qui influencent son comportement général. Cet ensemble permet de comparer différentes configurations et d'identifier celle offrant les meilleures performances.
- c. **Ensemble de test :** Destiné à l'évaluation finale du modèle, il mesure la qualité de ses prédictions sur des données totalement inédites [75].

5.1.2 Répartition des données après augmentation :

Après application de techniques d'augmentation des données, notre jeu de données contient 1845 patients, répartis comme suit : (**Figure 3.5**)

- **Entraînement** : 1254 échantillons (**68.0%**)
- **Validation** : 369 échantillons (**20.0%**)
- **Test** : 222 échantillons (**12.0%**)

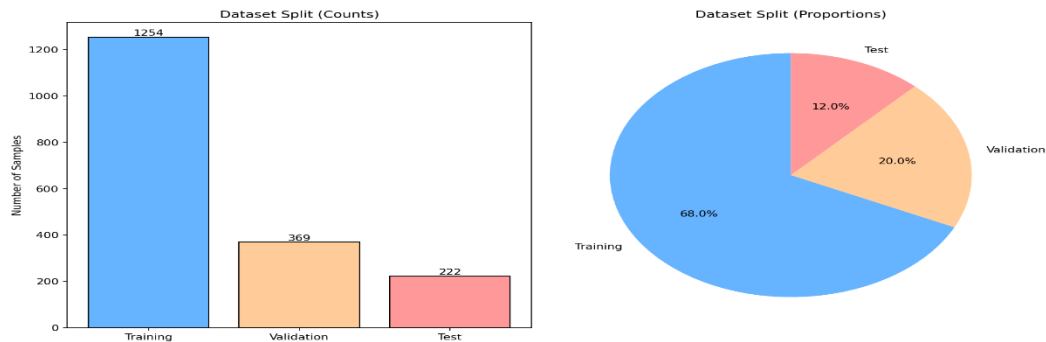


Figure 3.5 : Division du jeu de données en trois ensembles (**Entraînement, Validation et Test**).

5.2 Création d'un Data Generator :

Pour entraîner un réseau de neurones pour segmenter des objets dans des images médicales, il est indispensable de lui fournir à la fois les données brutes des images (X) et les segmentations de référence (y). L'association de ces deux types de données permet au modèle d'apprendre à identifier les motifs caractéristiques des tumeurs et d'effectuer des prédictions précises sur le contenu des scans des patients.

Cependant, il est impossible d'envoyer directement nos images de modalités (X) et nos segmentations (y) au modèle d'IA. Le chargement de toutes ces images 3D entraînerait une surcharge de la mémoire de l'environnement et provoquerait un crash du système, en plus de générer des erreurs de discordance de dimensions. Une phase de prétraitement des images est donc nécessaire. Celle-ci sera réalisée grâce à un Data Generator, qui nous permettra d'appliquer toutes les opérations jugées essentielles lors du chargement des images.

Plus précisément, pour chaque échantillon, nous effectuerons les étapes suivantes :

- a. **Récupération des chemins** des modalités utilisées (T1CE, T1 et FLAIR) qui fournissent des informations complémentaires sur l'anatomie cérébrale et le contraste des tissus.
- b. **Récupération du chemin** de la Ground Truth, correspondant à la segmentation de référence.
- c. **Chargement des modalités et de la segmentation.**
- d. **Création d'un tableau X** contenant toutes les tranches sélectionnées des modalités.
- e. **Création d'un tableau y** contenant toutes les tranches sélectionnées de la segmentation [76].

6. Segmentation automatique avec U-NET 3D :

Nous utiliserons l'architecture U-Net, un réseau de neurones convolutifs (CNN) conçu spécifiquement pour la segmentation d'images biomédicales. Cette approche est particulièrement adaptée aux tâches de segmentation où les régions d'intérêt sont de petite taille et présentent des formes complexes, comme les tumeurs sur les images IRM.

Étant donné que notre ensemble de données est composé d'images 3D, chacune constituée de plusieurs coupes 2D dans trois plans orthogonaux, deux options s'offrent à nous : l'utilisation d'un U-Net 2D ou d'un U-Net 3D.

En théorie, un U-Net 3D est mieux adapté à notre cas. En effet, il exploite le contexte spatial tridimensionnel des images, ce qui lui permet de réduire le risque de faux positifs et faux négatifs liés aux limitations des coupes 2D individuelles, qui peuvent parfois contenir des informations partielles ou incomplètes.

Dans notre cas, nous exploitons un modèle 3D U-Net intégrant trois modalités—FLAIR, T1 et T1ce—ainsi qu'une image de segmentation en tant qu'entrées. En sortie, le modèle génère la segmentation prédite [77].

6.1 L'architecture U-Net 3D :

L'U-Net 3D étend l'architecture d'origine afin de traiter des données volumétriques tridimensionnelles, telles que les images CT et IRM. Il exploite les trois dimensions spatiales pour capturer le contexte volumétrique et améliorer la segmentation.

6.2 Composants de l'U-Net 3D :

Encodeur (Chemin contractant) : Assure la capture du contexte en réduisant progressivement la taille du volume d'entrée. À chaque étape :

- Deux convolutions $3 \times 3 \times 3$ suivies d'activations ReLU.
- Une opération de max pooling $2 \times 2 \times 2$ avec un pas de 2.
- Doublement du nombre de canaux de caractéristiques à chaque niveau de réduction.

Décodeur (Chemin expansif) : Restaure la résolution spatiale pour une localisation précise des structures. À chaque étape :

- Upsampling de la carte de caractéristiques.
- Une opération de up-convolution $2 \times 2 \times 2$ réduisant de moitié le nombre de canaux de caractéristiques.
- Fusion avec la carte de caractéristiques correspondante du chemin encodeur (compensation des pertes de bord dues aux convolutions).
- Deux convolutions $3 \times 3 \times 3$ suivies d'activations ReLU.

Couche intermédiaire (Bottleneck) : Joue un rôle similaire à celui de l'U-Net 2D, mais utilise des convolutions 3D pour une meilleure capture du contexte volumétrique.

Couche de sortie : Une convolution $1 \times 1 \times 1$ mappe chaque vecteur de caractéristiques vers le nombre de classes cible.

Cette architecture permet de préserver la cohérence spatiale des structures et d'améliorer la segmentation des régions complexes dans les images médicales 3D [77].

La Figure 3.6 représente la configuration du réseau convolutif 3D U-Net utilisé pour la segmentation volumique

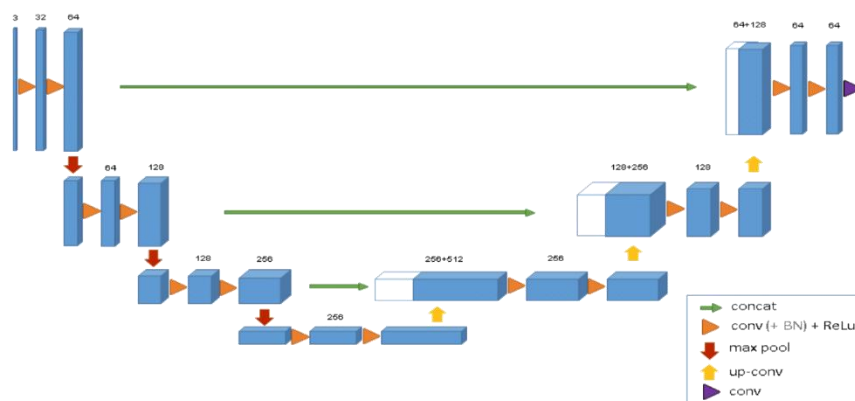


Figure 3.6 : 3D U-Net Architecture [77].

6.3 Caractéristiques Clés :

Couches de Convolution 3D : Permettent le traitement des données volumétriques grâce à des convolutions 3D, facilitant l'apprentissage des caractéristiques sur trois dimensions spatiales. Essentielles pour capturer la profondeur et les relations spatiales au sein des données 3D, notamment dans les images IRM et CT.

Connexions Résiduelles (Skip Connections) : Relient les couches correspondantes des chemins encodeur et décodeur afin de préserver à la fois les caractéristiques contextuelles de haut niveau et les détails spatiaux de bas niveau. Améliorent la précision de la segmentation en fusionnant les caractéristiques, ce qui optimise la détection des contours et réduit la perte des détails fins.

Architecture Symétrique Encodeur-Décodeur : Maintient une structure équilibrée, où chaque couche de l'encodeur possède un équivalent dans le décodeur, garantissant une reconstruction efficace des dimensions de l'entrée. Joue un rôle clé dans la préservation de l'information spatiale tout au long du réseau, essentielle pour une segmentation précise des structures 3D [77].

6.4 Différences Clés entre U-Net 2D et U-Net 3D : présentée dans le tableau ci-dessous [71] [72].

U-Net 2D	U-Net 3D
Type de Données en Entrée	
Traite des images bidimensionnelles.	Traite des données volumétriques tridimensionnelles.
Convient aux tâches où les données sont intrinsèquement 2D ou lorsque les données 3D peuvent être efficacement représentées par des coupes 2D.	Idéal pour les applications nécessitant une analyse approfondie des relations spatiales en profondeur, hauteur et largeur
Opérations de Convolution	
Utilise des convolutions 2D (kernels 3×3).	Utilise des convolutions 3D (kernels $3 \times 3 \times 3$).

Chapitre 3 : Expériences et résultats

Capture les caractéristiques dans deux dimensions spatiales	Exploite le contexte volumétrique en capturant des informations spatiales dans les trois dimensions
Complexité Computationnelle	
Moins exigeant en calcul.	Plus gourmand en ressources computationnelles en raison de la dimension supplémentaire
Requiert moins de mémoire et de puissance de traitement	Nécessite plus de mémoire et de puissance de calcul
Entraînement et inférence plus rapides	Temps d'entraînement et d'inférence plus longs
Performance et Précision	
Ne capture pas toujours les relations contextuelles le long de la dimension de profondeur dans les données volumétriques.	Capture plus efficacement les dépendances spatiales dans toutes les dimensions.
Peut entraîner une segmentation moins précise lorsque le contexte tridimensionnel est crucial.	Fournit une segmentation plus précise pour les données volumétriques et permet de modéliser des structures complexes qui s'étendent sur plusieurs coupes

Nous nous appuyons sur l'architecture U-Net 2D décrite dans cette source (<https://naomi-fridman.medium.com/multi-class-image-segmentation-a5cc671e647a>), que nous avons adaptée pour la segmentation 3D. Cette transformation a nécessité plusieurs modifications structurelles majeures :

Passage au traitement volumique : toutes les couches 2D (Conv2D, MaxPooling2D, UpSampling2D) ont été remplacées par leurs homologues 3D (Conv3D, MaxPooling3D, UpSampling3D) afin de tenir compte de la dimension de profondeur dans les volumes IRM.

Réduction du nombre de filtres : pour limiter davantage la charge, le nombre de filtres par couche a été divisé par deux (de 64 à 32 pour les premières couches, et de 1024 à 512 au maximum).

7. Métriques d'évaluation :

Fonction de perte (Loss function) :

Lors de l'entraînement d'un réseau de neurones convolutifs (CNN), il est essentiel de choisir une fonction de perte qui reflète fidèlement la performance du modèle. Cette fonction permet de comparer les pixels prédits à ceux de la vérité terrain pour chaque patient. À chaque époque, l'objectif est d'ajuster les poids du modèle afin de minimiser la valeur de la fonction de perte, ce qui améliore la précision des prédictions.

Précision globale (Accuracy) :

Cette métrique mesure la proportion totale de pixels correctement classés, qu'ils soient positifs ou négatifs.

Indice de chevauchement (IoU - Intersection over Union) :

L'IoU quantifie le recouvrement entre la segmentation prédite et la vérité terrain, offrant une mesure de la précision spatiale des prédictions.

Sensibilité (Recall ou taux de vrais positifs) :

La sensibilité évalue la proportion de pixels positifs de la vérité terrain correctement prédits comme positifs, indiquant la capacité du modèle à détecter les régions pertinentes.

Précision (Valeur prédictive positive) :

La précision mesure la proportion de pixels prédits comme positifs qui sont réellement positifs, garantissant que les segments identifiés sont fiables.

Spécificité (Taux de vrais négatifs) :

La spécificité quantifie la proportion de pixels négatifs de la vérité terrain correctement classifiés comme négatifs, offrant une indication sur la capacité du modèle à éviter les faux positifs [76] [79].

8. Entraînement du modèle :

8.1 Méthode fit : La méthode fit est un élément clé de la bibliothèque Scikit-Learn. Elle permet d'entraîner un modèle d'apprentissage automatique sur un jeu de données. Plus précisément, la méthode fit prend en entrée un ensemble de données (généralement sous forme de matrice ou de tableau 2D) ainsi qu'un ensemble de labels, puis ajuste le modèle en fonction de ces données. Elle utilise un algorithme d'optimisation pour déterminer les meilleurs paramètres du modèle, garantissant ainsi un apprentissage optimal.

Cette méthode est utilisée pour entraîner une grande variété de modèles de machine learning et constitue une étape incontournable pour tout data scientist ou ingénieur logiciel évoluant dans ce domaine [85].

L'entraînement du modèle s'effectue en utilisant la méthode **fit**, qui permet d'optimiser les paramètres du réseau neuronal sur les données d'entraînement tout en surveillant ses performances sur l'ensemble de validation. Ce processus se déroule sur plusieurs époques, au cours desquelles les poids du modèle sont progressivement ajustés afin de réduire la valeur de la fonction de perte et améliorer la précision des prédictions. L'évolution de la performance peut être suivie via des métriques clés, permettant d'affiner l'entraînement pour garantir une convergence optimale du modèle [76].

Lors du démarrage de l'entraînement, les performances du modèle s'améliorent progressivement : la fonction de perte est minimisée, tandis que la précision et les autres métriques augmentent. À chaque époque, le modèle est sauvegardé, puis à la fin de l'entraînement, le meilleur modèle parmi toutes les époques est sélectionné, chargé et utilisé pour prédire la segmentation.

8.2 Analyse des métriques après entraînement :

Les valeurs métriques présentées dans ce tableau reflètent les performances du modèle selon divers critères d'évaluation, et sont visualisées sous forme de courbes dans **la figure 3.7**

	Entraînement	Validation
<u>Accuracy</u> (Précision globale)	0.9940	0.9926
<u>Loss</u> (Fonction de perte)	0,015	0.021
<u>Dice Coefficient</u> (indice de similarité de Dice)	0,646	0.631
Sensibilité	0.9930	0.9911
Spécificité	0.9985	0.9976
Précision	0.9950	0.9930

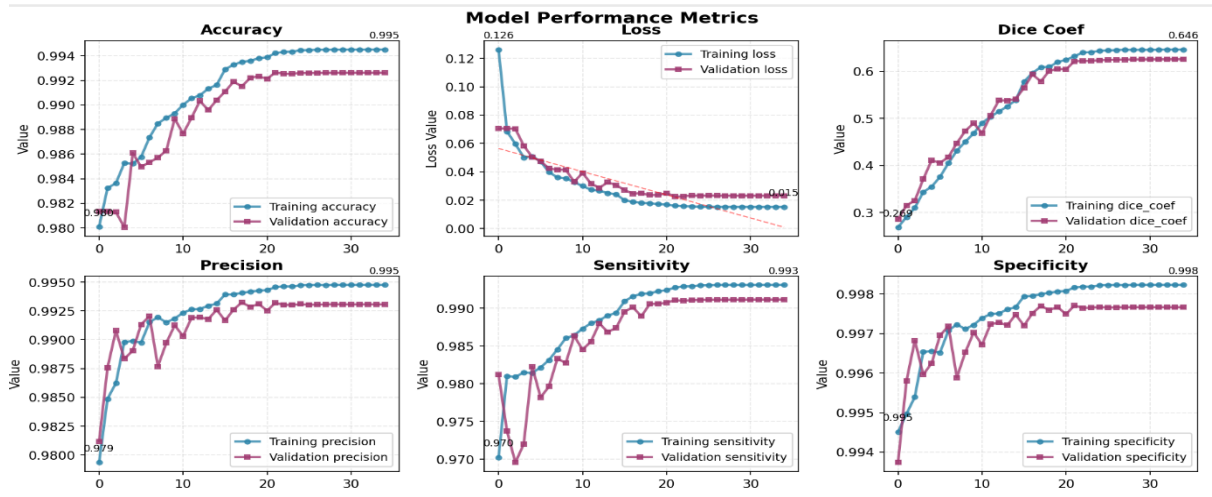


Figure 3.7 : Métriques de performance de l'entraînement du modèle.

Les courbes présentées illustrent l'évolution des métriques de performance du modèle U-Net 3D au cours de l'entraînement (courbes bleues) et de la validation (courbes violettes), sur une période d'environ 35 époques.

8.2.1 Analyse des principales métriques :

Précision globale (Accuracy) : Le modèle atteint rapidement 99,5 % en entraînement et 99,3 % en validation, avec une stabilité remarquable dès la 10^e époque. Le faible écart entre les deux courbes suggère une bonne capacité de généralisation.

Fonction de perte (Loss) : Une décroissance rapide est observée, passant de 0,12 à environ 0,02 en 10 époques, pour converger de manière stable autour de 0,015–0,02. L'alignement serré entre les courbes d'entraînement et de validation témoigne d'une absence de surapprentissage.

Coefficient de Dice : Indicateur essentiel en segmentation, il mesure le recouvrement entre la prédiction et la vérité terrain. La progression est notable : de 0,3 à 0,646 en validation, avec une évolution lisse indiquant un apprentissage progressif et stable.

Précision (Precision) : Le modèle atteint 99,5 % en entraînement et 99,3 % en validation, reflétant une excellente capacité à identifier correctement les pixels positifs, avec peu de faux positifs.

Sensibilité (Recall) : Elle progresse jusqu'à 99,3 % pour l'entraînement et 99,2 % pour la validation, ce qui indique une forte capacité à détecter la totalité des pixels pertinents appartenant à la classe cible.

Spécificité (Specificity) : La performance atteint 99,8 % pour les deux ensembles, démontrant une très bonne capacité à éviter les fausses détections de pixels négatifs.

8.2.2 Interprétation clinique :

Bonne convergence et apprentissage rapide

Équilibre entre précision, sensibilité et spécificité

Haute stabilité entre entraînement et validation

Dice coefficient de 0,646, satisfaisant pour une première approche de la segmentation médicale

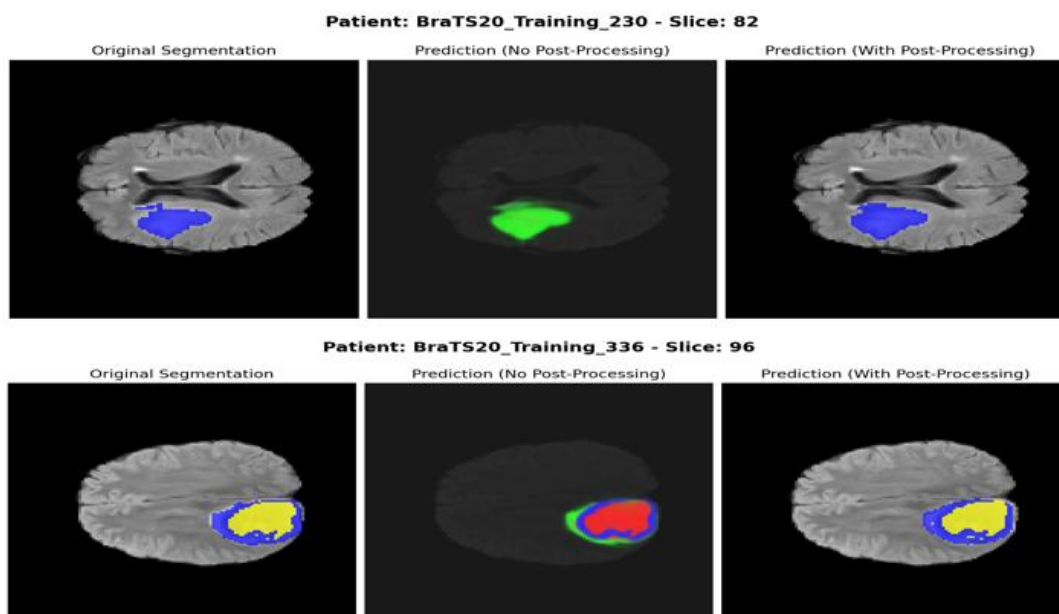
8.2.3 Points à surveiller :

Le coefficient de Dice reste perfectible : des valeurs $>0,8$ sont souhaitables pour certaines applications cliniques

donc Ce modèle U-Net 3D démontre une performance robuste et bien équilibrée, adaptée à la segmentation automatique en imagerie médicale. Il combine précision et généralisation avec une architecture optimisée et un apprentissage stable.

8.3 Prédire les segmentations tumorales :

Maintenant que notre modèle est entraîné, il est temps de l'utiliser pour prédire les segmentations sur notre ensemble de test, puis d'afficher des prédictions aléatoires et de les comparer aux vérités terrain (Ground Truth). (**Figure 3.8**) :



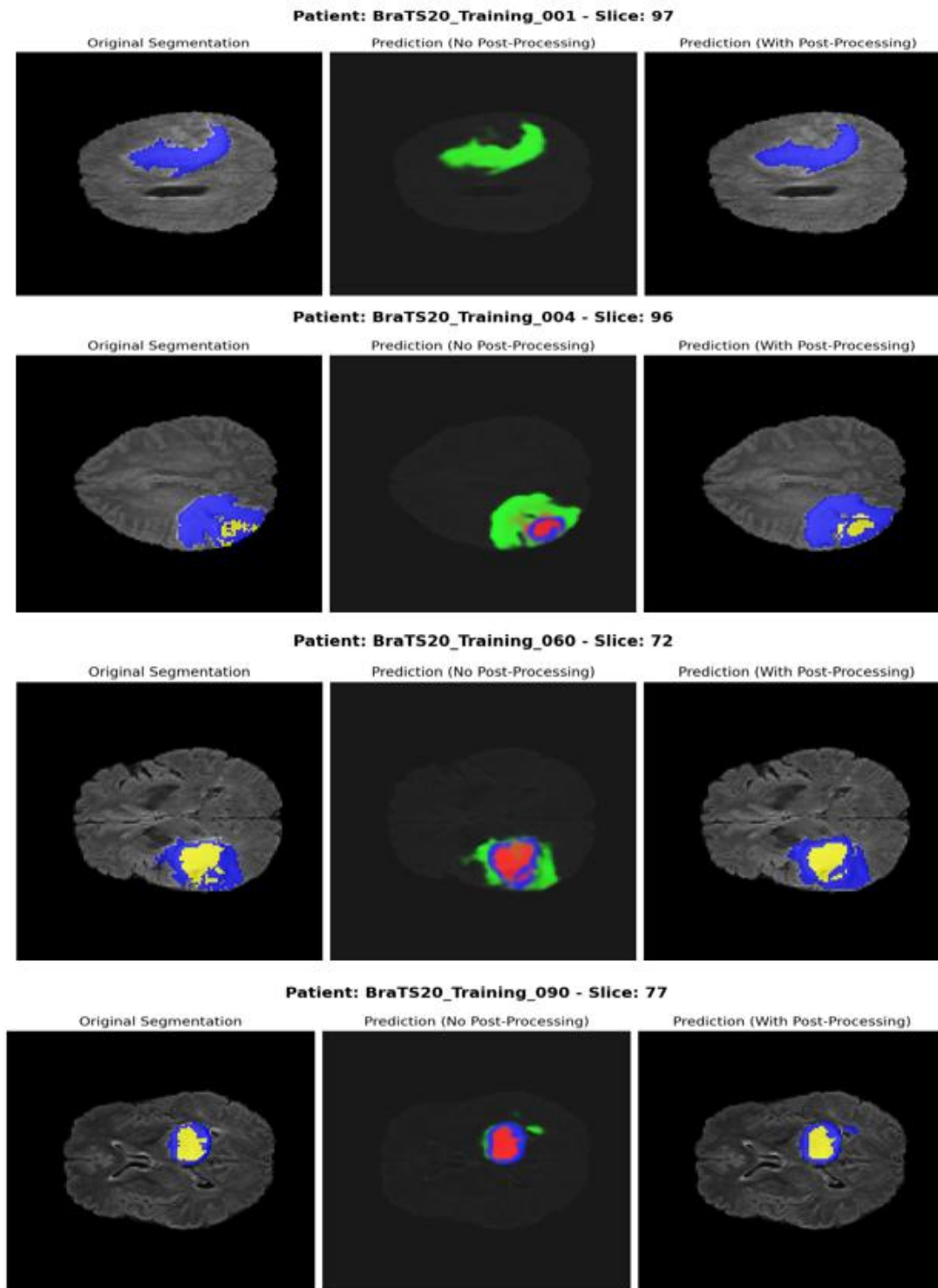


Figure 3.8 : Prédiction aléatoire et comparaison avec l'original.

On peut en conclure que le modèle a obtenu d'excellentes performances sur l'ensemble de test, affichant une faible perte de test (0.0170), un coefficient de Dice satisfaisant (0.628) et une précision élevée (0.9945) pour une tâche de segmentation d'image. De plus, il présente de bons résultats sur d'autres métriques, témoignant de sa capacité à bien généraliser sur des données non vues auparavant.

9. Visualisation 3D du cerveau :

Pour obtenir cette visualisation 3D du cerveau avec une localisation précise de la tumeur et une exploration interactive des structures anatomiques, nous utilisons l'algorithme **Marching Cubes** en combinaison avec la bibliothèque **VTK** sous Python. Cette méthode permet de reconstruire des volumes 3D détaillés à partir de données 2D, telles que des coupes d'IRM tridimensionnelles, offrant ainsi une représentation fidèle et manipulable du cerveau et de la tumeur.

Comme nous l'avons vu dans le chapitre précédent, l'algorithme **Marching Cubes** peut être décrit ainsi :

Étant donné un objet, un test permettant de déterminer si un point arbitraire se trouve à l'intérieur de cet objet, ainsi que les limites dans lesquelles il existe :

1. **Subdivision de l'espace** : Diviser l'espace défini par ces limites en un certain nombre de cubes.
2. **Évaluation des coins** : Tester les sommets de chaque cube pour déterminer s'ils sont à l'intérieur ou à l'extérieur de l'objet.
3. **Identification des intersections** : Pour chaque cube ayant des sommets de classifications différentes (certains à l'intérieur et d'autres à l'extérieur), la surface de l'objet doit traverser ce cube, en intersectant ses arêtes situées entre des sommets opposés.
4. **Construction de la surface** : Tracer une surface à l'intérieur de chaque cube en connectant ces points d'intersection.
5. **Obtention de l'objet final** : La reconstruction de l'objet est ainsi obtenue à partir de l'ensemble des surfaces générées.

Ce procédé permet de créer une représentation 3D précise à partir de données discrètes, facilitant la visualisation et l'analyse de structures complexes. [80].

9.1 VTK- the Visualization Toolkit :

VTK est un système logiciel open-source dédié au traitement d'images, aux graphismes 3D, au rendu volumique et à la visualisation. Il intègre de nombreux algorithmes avancés (comme la reconstruction de surfaces, la modélisation implicite et la décimation), ainsi que des

techniques de rendu performantes (telles que le rendu volumique accéléré par matériel et le contrôle du niveau de détail (LOD)).

VTK est largement utilisé dans l'enseignement et la recherche académique, mais aussi par des institutions gouvernementales comme le Los Alamos National Lab aux États-Unis ou CINECA en Italie. De nombreuses entreprises l'exploitent également pour développer ou enrichir leurs produits.

Son origine remonte au manuel "The Visualization Toolkit, an Object-Oriented Approach to 3D Graphics", initialement publié par Prentice Hall, puis repris par Kitware, Inc. (Troisième édition - ISBN 1-930934-07-6). Depuis sa première version en 1994, VTK a connu une croissance importante et est désormais adopté à l'échelle mondiale, tant dans les milieux commerciaux, académiques que scientifiques [81].

9.2 3D Visualisation avec VTK et Marching Cubes :

La fonction principale pour obtenir la forme 3D est `measure.marching_cube``.

Nous disposons d'une image IRM 3D au format NIfTI, dont les dimensions sont (240, 240, 155). Pour l'exploiter, nous la chargeons en utilisant la bibliothèque NiBabel sous Python, qui permet de manipuler efficacement des données médicales au format NIfTI. Les images brutes sont extraites via `get_fdata ()`` pour obtenir les données sous forme de tableau numérique.

L'algorithme Marching Cubes est ensuite appliqué à l'image cérébrale (`measure.marching_cubes`) afin d'extraire une surface 3D de l'IRM. Les coordonnées des sommets (`verts``), les indices des faces (`faces``), ainsi que les normales et valeurs scalaires sont récupérés. Les sommets (x, y, z) et indices des faces (i, j, k) sont ensuite utilisés pour construire un maillage 3D interactif (`go.Mesh3d``).

Une seconde application de Marching Cubes est effectuée sur l'image de segmentation (`measure.marching_cubes`) afin d'extraire la forme de la région tumorale. Les mêmes étapes sont répétées pour générer un second maillage, permettant de superposer l'IRM et la segmentation tumorale.

Enfin, grâce à la bibliothèque VTK, il est possible d'afficher et de visualiser le cerveau ainsi que les zones tumorales avec une grande précision. Cette approche offre une expérience immersive en neuroimagerie et en diagnostic médical, permettant d'analyser en profondeur les

structures cérébrales et d'explorer leurs caractéristiques de manière interactive [82].

La **Figure 3.9** illustre une reconstruction tridimensionnelle du cerveau avec tumeur

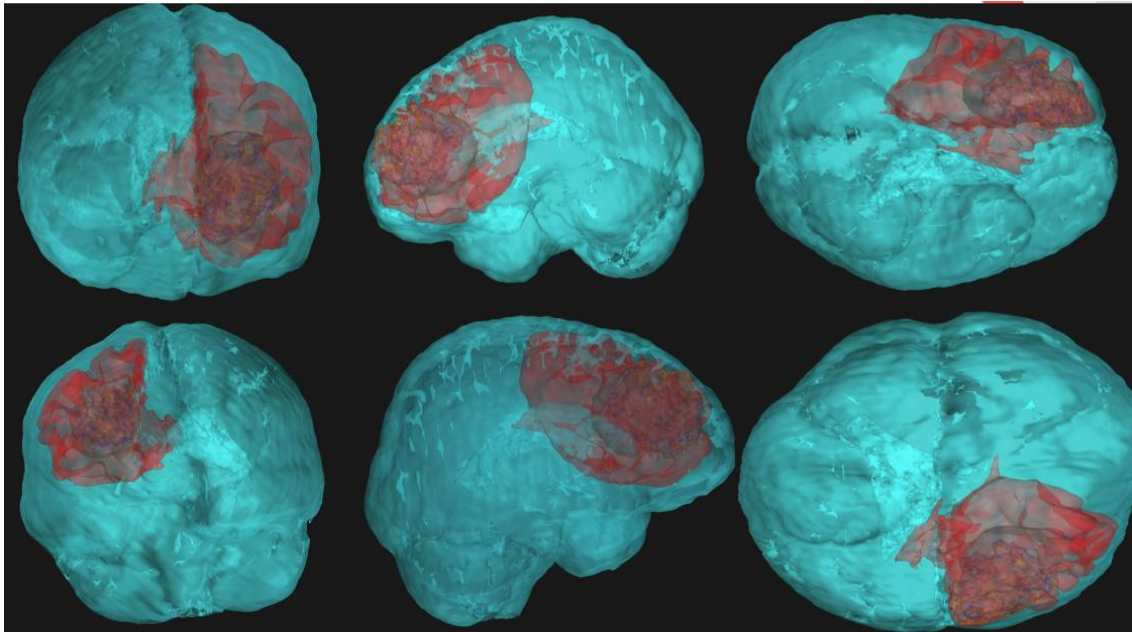


Figure 3.9 : Visualisation 3D du cerveau avec tumeur

10. Visualisation multi-vues :

Cette représentation permet d'explorer le cerveau et la tumeur prédite via le modèle d'IA de segmentation. L'affichage inclut les vues axiale, coronale et sagittale, avec un scrollbar interactive permettant de naviguer à travers les différentes coupes pour une analyse détaillée.

La **Figure 3.10** illustre la visualisation multiplanaire du cerveau avec tumeur aux plans axial, coronal et sagittal

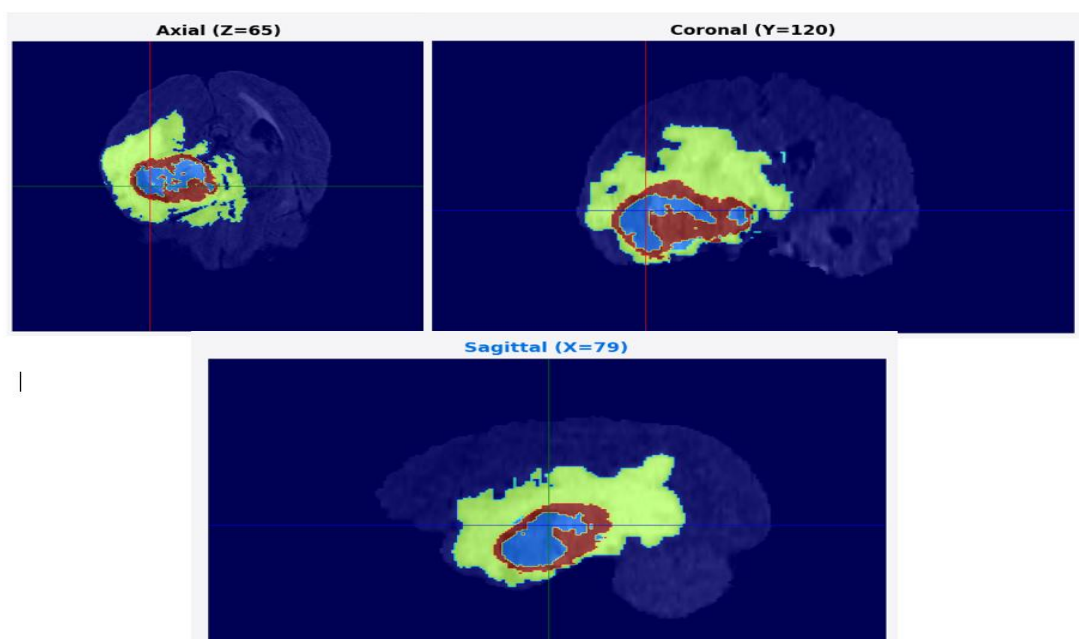


Figure 3.10 : Les Trois vues du cerveau avec tumeur : axiale, coronale et sagittale.

11. Étude comparative : Divers articles ayant exploité le jeu de données BraTS 2020 sont présentés dans le tableau ci-dessous.

Auteur(s)	Date	Architecture	Dataset	Modalités IRM	Performances	Spécificités
Mathieu Busquet	2023-04-19	U-Net 2D CNN	BraTS 2020	2 modalités + segmentation manuelle	Perte : 0.0206, Précision : 99.35%	Optimisation par réduction taille
Mansi Kajal, Ajay Mittal	2022-10-06	U-Net 3D CNN	BraTS 2020	Non spécifié	Précision : 97.59%, IoU: 0.6413	Architecture encodeur-décodeur 371 dossiers NIfTI
Kiranmayee Janardhan, Christy Bobby T	2025-02	U-Net, Inception, ResNet (2D/3D)	BraTS 2018, 2019, 2020	Non spécifié	ResNet : 3D : 98.91%, 2D : 99.77%, Dice : 2D : 0.831, 3D : 0.9888	Analyse comparative multi-datasets
Smarta Sanguia, Tamim Iqbala	2023	U-Net modifié 3D	BraTS 2020 (MICCAI)	Non spécifié	Précision : 99.4%	Architecture U-Net personnalisée
Rastislav (étudiant CTU Prague)	2021-04-28	U-Net 3D CNN	BraTS 2020	FLAIR, T1ce + segmentation manuelle	Précision : 99.41%, Dice: 0.6512	369 patients, Réduction 3D
Mukul Aggarwa, Amod Kumar Tiwari, M. Partha Sarathi	2022-12-31	Analyse comparative (CNN, GAN, ResNet, Attention)	BraTS 2015-2020	Non spécifié	GAN (2020) : Meilleurs résultats sur BraTS 2015	Étude comparative Problèmes sur ajustement CNN, Efficacité mécanismes Attention
Carlos Alvarez	2024-02-15	Visualisation 3D	Non applicable	Non applicable	Non applicable	Visualisation interactive Exploration 3D cerveau/tumeurs

Notre modèle se distingue parmi les meilleures approches analysées :

- **Performance optimale sur la fonction de perte** : 0.015, soit 27 % de mieux que l'approche de Busquet (0.0206).
- **Accuracy en deuxième position** : 99.4 %, à seulement 0.37 % du meilleur résultat.
- **Précision très compétitive** : 99.5 %, avec un écart minime de 0.27 % par rapport au leader.

Points forts :

- **Optimisation exceptionnelle** : notre fonction de perte surpasse celles de tous les modèles évalués.
- **Équilibre des performances** : stabilité impressionnante entre accuracy et précision.
- **Compétitivité accrue** : le modèle rivalise directement avec les solutions état de l'art

Axe d'amélioration identifié :

Le **Dice Coefficient** atteint 0.646, révélant un potentiel d'optimisation pour améliorer la segmentation fine, notamment région par région.

Donc Notre modèle démontre une maîtrise avancée de l'optimisation et de la précision, s'imposant comme une solution de pointe dans le domaine de la segmentation médicale.

12. Les interfaces graphiques :

Dans notre projet, nous utilisons les bibliothèques Tkinter et PyQt5 pour concevoir et développer des interfaces graphiques intuitives et interactives. Tkinter offre une solution rapide et légère pour la création d'interfaces simples, tandis que PyQt5 apporte une flexibilité avancée et des fonctionnalités étendues pour des interfaces plus sophistiquées et personnalisées. Cette combinaison nous permet de tirer parti des avantages de chaque bibliothèque afin d'optimiser l'ergonomie et la performance de nos applications.

12.1 Tkinter :

Tkinter est la bibliothèque standard pour la création d'interfaces graphiques (GUI) en Python. Elle offre une solution rapide et efficace pour concevoir aussi bien des interfaces simples que complexes. Reposant sur le toolkit graphique Tk, initialement développé pour le langage Tcl,

Tkinter a progressivement gagné en popularité et est désormais utilisé pour le développement d'applications GUI dans plusieurs langages, dont Python.

Tkinter constitue une couche fine orientée objet au-dessus de Tk, permettant aux développeurs Python d'exploiter pleinement la puissance de Tk tout en adoptant des idiomes et des structures propres à Python [83].

12.2 PyQt :

PyQt est un puissant toolkit de widgets GUI, servant d'interface Python pour Qt, l'une des bibliothèques multiplateformes les plus populaires et performantes pour le développement d'interfaces graphiques. Développé par RiverBank Computing Ltd., PyQt offre une flexibilité avancée pour concevoir des applications interactives et ergonomiques. L'API PyQt est constituée d'un ensemble de modules regroupant de nombreuses classes et fonctions. Le module QtCore fournit des fonctionnalités essentielles hors interface graphique, telles que la gestion des fichiers et des répertoires, tandis que QtGui englobe tous les contrôles graphiques. En complément, PyQt intègre des modules spécifiques pour la manipulation de XML (QtXml), les graphiques vectoriels SVG (QtSvg) et la gestion des bases de données SQL (QtSql), entre autres. Cette richesse fonctionnelle permet aux développeurs de concevoir des applications robustes et polyvalentes [84]. La Figure 3.11 présente un exemple réalisée avec Python et PyQt

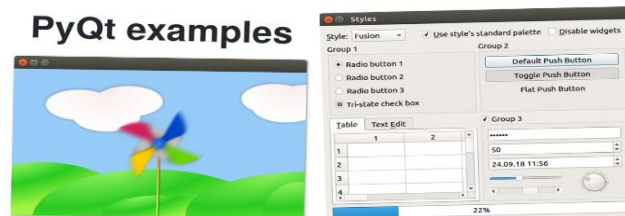


Figure 3.11 : Python PyQt examples [84].

13. Présentation de notre application de bureau développée :

Afin de faciliter notre expérience et optimiser l'interaction avec les images médicales 3D, nous avons conçu une application dotée d'une interface graphique intuitive. Cette solution permet d'exécuter toutes les étapes abordées précédemment, à commencer par l'interface principale qui offre la possibilité de charger et d'afficher des images 3D au format NIfTI.

L'application prend en charge le chargement d'une image unique ou d'un répertoire complet de données patient. L'interface inclut plusieurs outils interactifs tels qu'un sélecteur

Chapitre 3 : Expériences et résultats

permettant de choisir le type de vue (axiale, coronale, sagittale), un paramètre de colormap pour ajuster les couleurs, ainsi qu'un scrollbar pour naviguer entre les différentes coupes. Un autre sélecteur permet de basculer entre l'affichage d'une seule vue ou de plusieurs vues simultanément. Par ailleurs, plusieurs boutons facilitent l'utilisation de l'application, notamment un bouton clear all pour la réinitialisation, un bouton d'auto-segmentation pour une détection automatique des régions d'intérêt, ainsi qu'un bouton about permettant d'accéder à des Informations complémentaires sur l'application. (Figure 3.12)

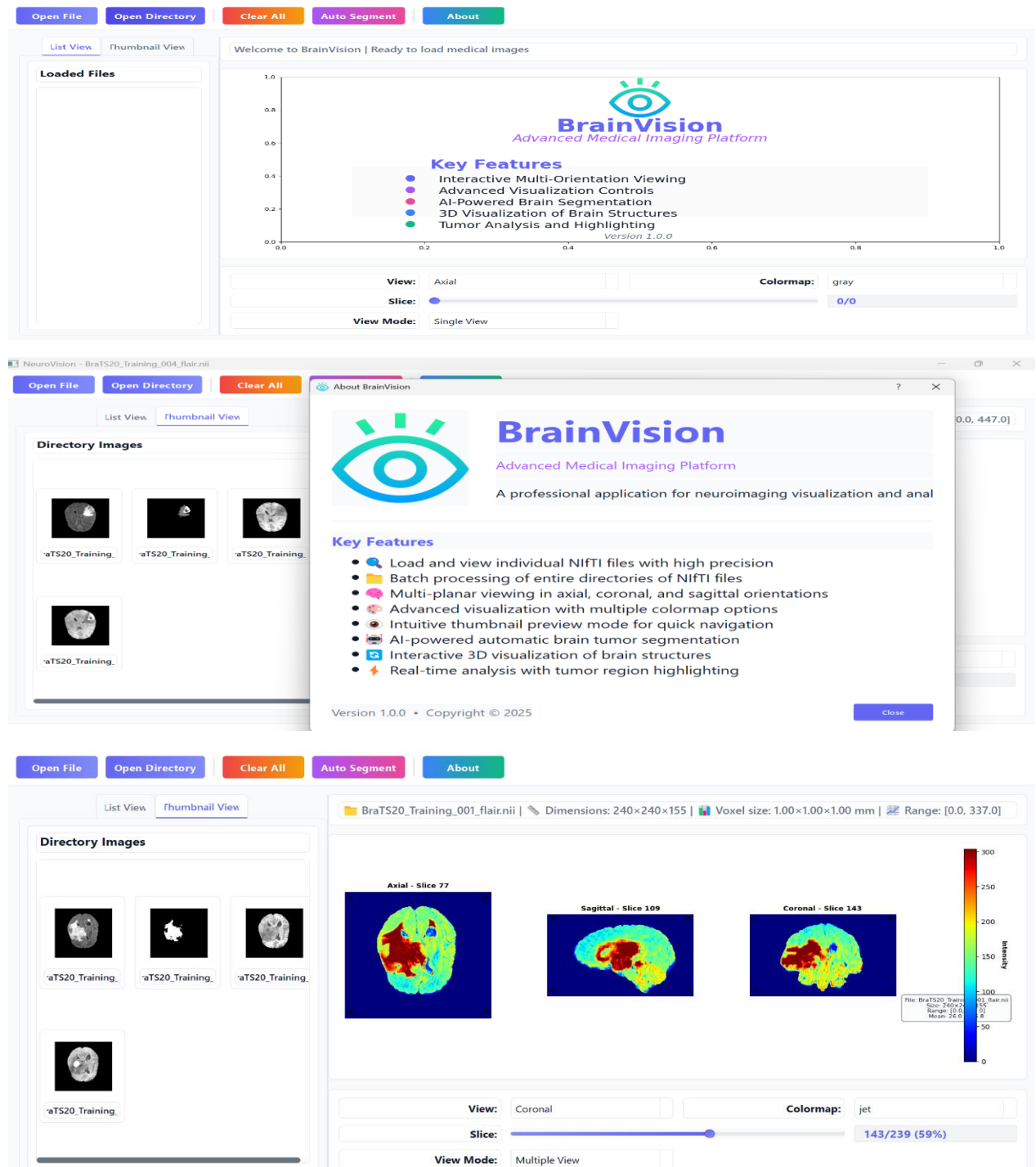


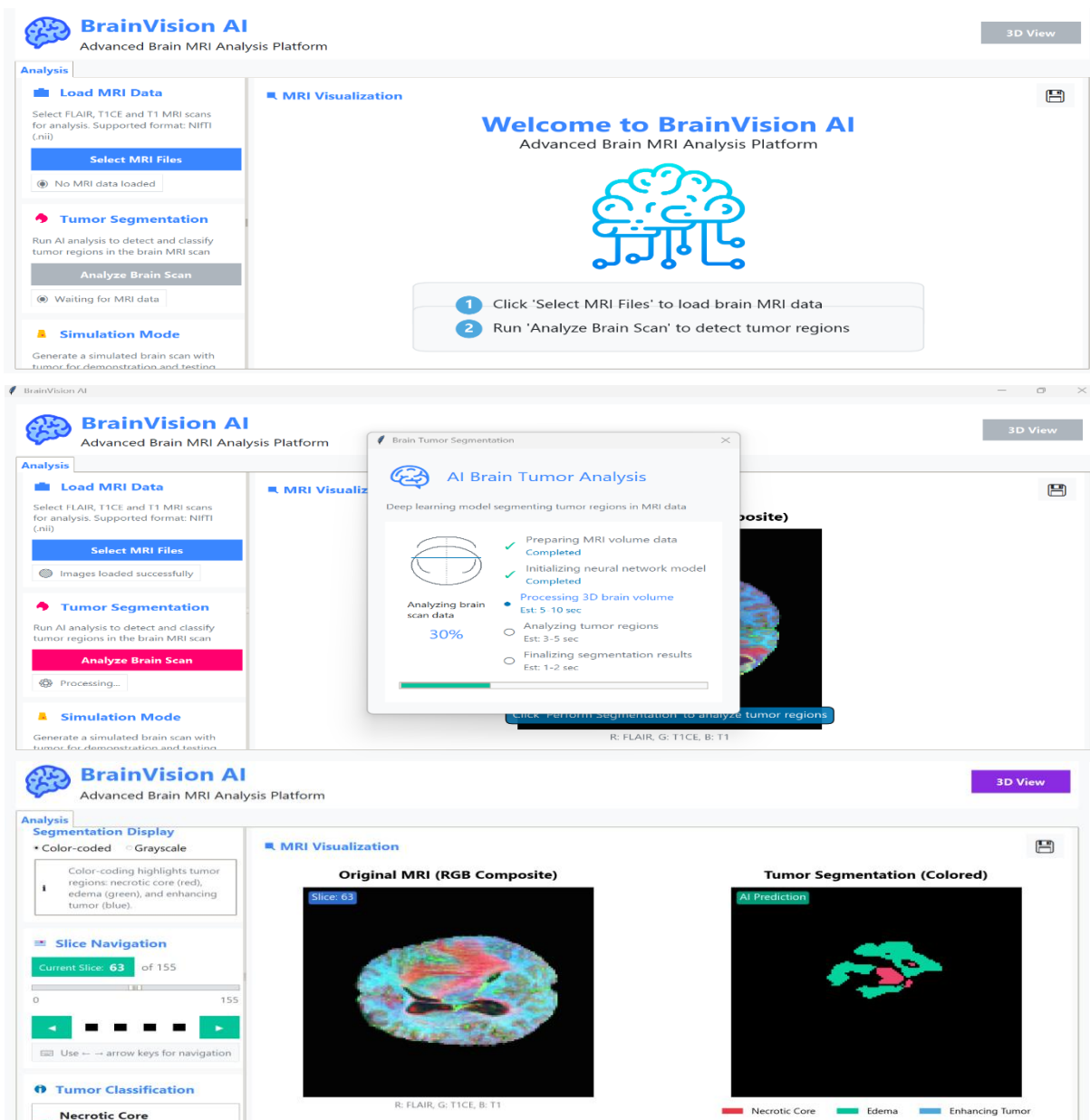
Figure 3.12 : Interface principale de notre application.

Chapitre 3 : Expériences et résultats

Lorsqu'on clique sur le bouton d'auto-segmentation, une nouvelle interface dédiée à la segmentation automatique s'affiche. Cette interface exploite le modèle d'IA entraîné sur notre dataset pour détecter et segmenter la tumeur de manière autonome.

Elle comprend quatre boutons, un scrollbar et un sélecteur permettant d'afficher l'image en niveaux de gris ou en colormap. Pour commencer, il faut cliquer sur le bouton select mri files afin de charger le répertoire correspondant à celui visualisé dans l'interface principale. Une fois le fichier chargé, il suffit de cliquer sur le bouton tumor segmentation. À cette étape, le modèle d'IA effectue la prédiction et affiche uniquement la tumeur segmentée.

L'utilisateur peut ensuite naviguer entre les différentes coupes via le scrollbar et ajuster les couleurs de la visualisation selon ses préférences. Cette interface assure une exploration intuitive et optimisée des résultats de segmentation. (Figure 3.13)



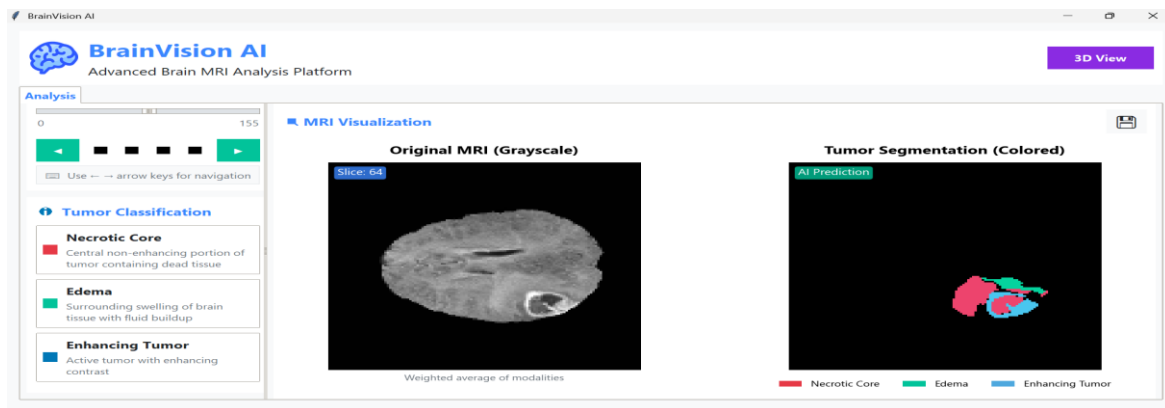


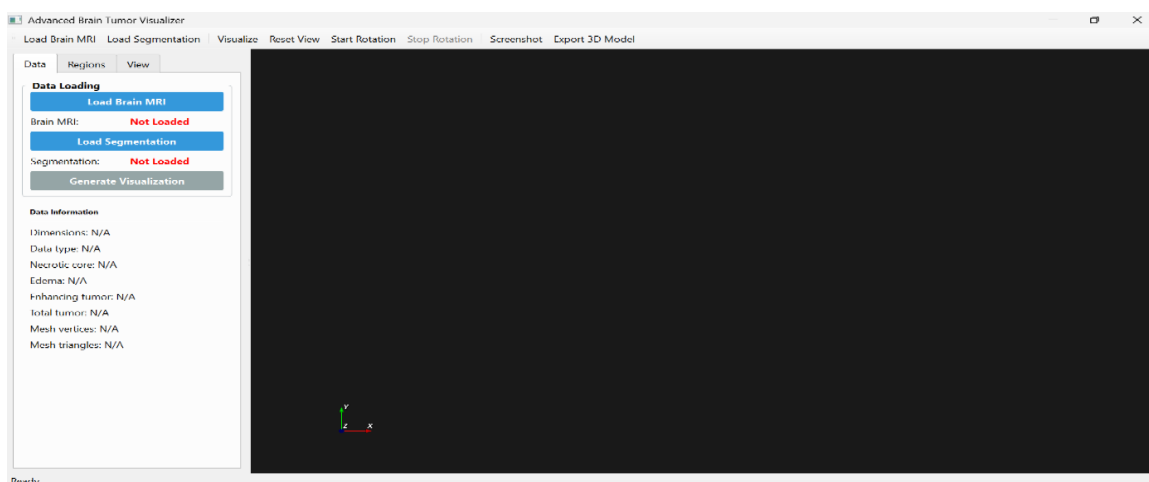
Figure 3.13 : Interface de segmentation automatique.

Lorsqu'on clique sur le bouton 3D view une nouvelle interface dédiée à la visualisation tridimensionnelle s'affiche. L'image précédemment chargée dans l'interface de segmentation, ainsi que la segmentation prédite, sont automatiquement transférées vers l'espace de visualisation 3D, évitant ainsi toute opération de rechargement supplémentaire.

Dans cette interface, la reconstruction du cerveau en 3D, ainsi que la tumeur détectée, sont générées grâce à l'algorithme de Marching Cubes et à la bibliothèque VTK. Plusieurs fonctionnalités interactives sont disponibles, notamment :

- Une section affichant les informations sur les données chargées.
- Un bouton permettant de modifier les couleurs des différentes régions du modèle 3D ainsi que celles du fond d'écran.
- Un bouton de réinitialisation de la vue.
- Un bouton permettant de démarrer ou d'arrêter la rotation du modèle, avec un contrôle précis de la vitesse de rotation.
- Un bouton de capture d'écran pour sauvegarder des images du rendu 3D.
- Un bouton d'exportation du modèle 3D sous différents formats.

Cette interface offre une visualisation interactive et détaillée du cerveau et de la tumeur segmentée, optimisant l'exploration et l'analyse des structures médicales. (**Figure 3.14**)



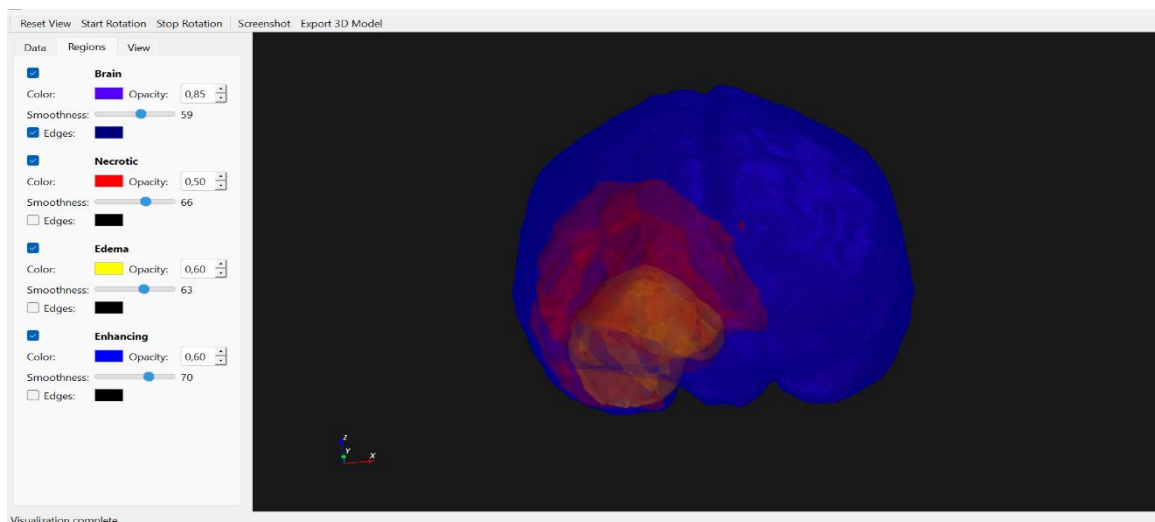
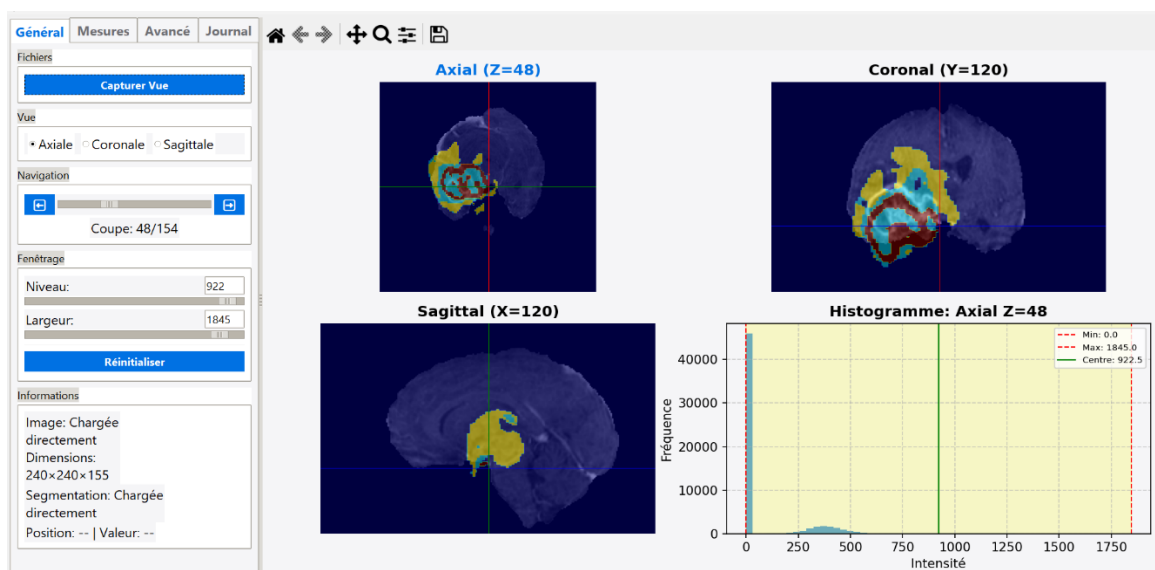


Figure 3.14 : Interface de visualisation 3D du cerveau avec la tumeur.

Lorsqu'on clique sur le bouton vu du cerveau avec tumeur une nouvelle interface dédiée à la visualisation multi-vue s'affiche. Comme pour l'interface de visualisation 3D, les données sont automatiquement chargées à partir de l'interface de segmentation, éliminant ainsi la nécessité d'un rechargement manuel.

Cette interface offre une large gamme d'options interactives, incluant des boutons, des sélecteurs et des barres de défilement permettant de :

- Modifier la vue (axiale, coronale, sagittale).
- Ajuster les couleurs et les niveaux de fenêtre pour un meilleur contraste.
- Réinitialiser l'affichage si nécessaire.
- Effectuer des mesures de distance, surface et de périmètre.
- Améliorer le contraste des images et appliquer divers filtres.
- Zoomer, dézoomer et recadrer l'image selon les besoins. (**Figure 3.15**)



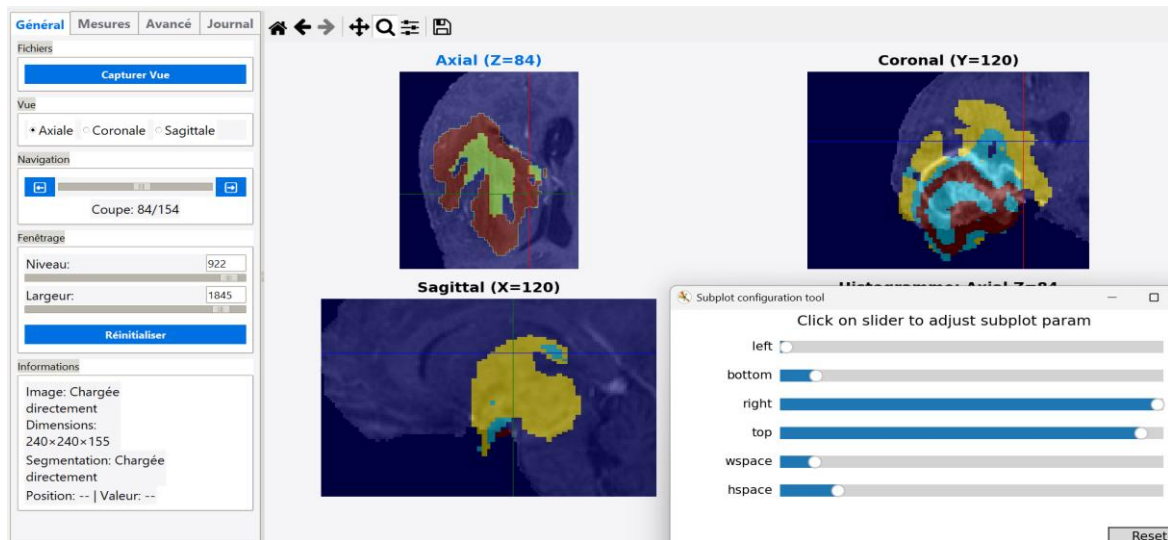


Figure 3.15 : Interface de visualisations multi-vues.

14. Conclusion :

Dans le cadre de notre projet de fin d'études, nous avons conçu une application visant à détecter automatiquement les tumeurs dans les images IRM 3D du cerveau en exploitant un modèle CNN U-Net 3D. Après l'augmentation du dataset, nous avons obtenu des résultats satisfaisants et efficaces, améliorant ainsi la précision de la segmentation.

À partir des images et de leurs segmentations prédites, nous avons ensuite reconstruit un modèle 3D du cerveau intégrant la tumeur. Afin de faciliter et d'optimiser le diagnostic médical, nous avons développé des interfaces graphiques permettant de charger, visualiser, segmenter et explorer les données en 3D, avec une prise en charge de la visualisation multi-vues. L'ensemble de ces outils vise à améliorer l'interprétation des images et à assister les professionnels de santé dans leurs analyses.

Conclusion général :

Le domaine de la vision par ordinateur appliqué à l'imagerie médicale est en pleine expansion et occupe une place prépondérante dans les informations médicales existantes. La gestion, l'interprétation et l'analyse de ces données posent des défis considérables, tant en termes de complexité que de temps de traitement. L'apprentissage profond s'est imposé comme une solution de choix pour la classification, la segmentation et l'apprentissage par transfert, offrant une large gamme d'algorithmes capables de résoudre ces problèmes complexes.

Notre approche repose sur l'exploitation des données d'IRM 3D avec différentes modalités, enrichies par des techniques d'augmentation de données afin de constituer un jeu de données varié et robuste. Ce jeu de données est ensuite utilisé pour une segmentation automatique multimodale, basée sur un modèle d'intelligence artificielle de type CNN : U-Net 3D. Une fois les segmentations réalisées, nous reconstruisons un modèle 3D du cerveau avec la tumeur, offrant à la fois une visualisation 3D immersive et une représentation détaillée en multi-vues pour une meilleure analyse et interprétation.

Les perspectives ouvertes par ce travail sont nombreuses. Si nous avons initialement appliqué notre méthode à un jeu de données d'images cérébrales, il est tout à fait envisageable d'élargir son utilisation à d'autres parties du corps et à diverses modalités d'imagerie médicale, telles que la tomodensitométrie (CT scan) ou encore d'autres techniques. De plus, différentes architectures de modèles d'intelligence artificielle peuvent être explorées pour optimiser la segmentation automatique et la reconstruction 3D.

Notre approche intègre plusieurs techniques avancées, notamment la segmentation automatique, la reconstruction 3D et la visualisation multi-vues, contribuant ainsi au diagnostic et à la détection des tumeurs ainsi qu'à la planification chirurgicale. En offrant aux médecins la possibilité d'explorer et de manipuler des modèles 3D du cerveau, nous facilitons une meilleure compréhension préopératoire et une prise de décision plus éclairée.

Il est néanmoins essentiel de souligner que ces techniques, bien que prometteuses, ne garantissent pas une précision absolue. Elles constituent un outil d'aide au diagnostic et à la décision clinique, mais la responsabilité finale revient toujours aux professionnels de santé.

En conclusion, nous espérons que notre travail ouvrira de nouvelles perspectives dans le domaine de la vision par ordinateur appliquée à l'imagerie médicale. Les avancées technologiques, en particulier dans l'apprentissage profond et le machine learning, continueront d'améliorer la précision, l'efficacité et la pertinence clinique de ces méthodes,

ouvrant ainsi la voie à une meilleure compréhension des pathologies et à des approches diagnostiques et thérapeutiques innovantes.

Perspectives d'évolution :

- Étendre l'analyse à d'autres parties du corps humain, au-delà du cerveau
- Intégrer diverses modalités d'imagerie médicale telles que le scanner (CT) et la tomographie par émission de positons (TEP), en plus de l'IRM
- Ajouter une fonctionnalité de suivi longitudinal permettant de comparer les examens antérieurs et récents d'un même patient pour surveiller l'évolution des tumeurs
- Déployer l'application en mode en ligne (connectée via Ethernet) et non uniquement en mode hors ligne
- Intégrer une interface avec des agents conversationnels basés sur l'IA pour analyser et interpréter automatiquement les résultats obtenus
- Ajouter des fonctionnalités de collaboration à distance, permettant à plusieurs médecins ou chercheurs de consulter et commenter les résultats en temps réel
- Proposer une version mobile multiplateforme (Android/iOS) pour un accès rapide en milieu hospitalier ou sur le terrain
- automatiser le prétraitement des images : normalisation, correction des artefacts, et segmentation préliminaire pour alléger la charge de travail des professionnels de santé
- Créer une base de données centralisée pour l'archivage sécurisé et anonyme des examens, facilitant la recherche clinique et l'apprentissage automatique

Bibliographie :

- [1] : Sophie Martin, «L'imagerie médicale pour comprendre les maladies du cerveau, Radiologie», 15/mars/2022.
- [2] : Dr Nicolas EVRARD Médecin, «Cerveau : anatomie, rôle, pathologies, traitements», 06/11/2024.
- [3] : Psychomédia, « Matière grise et matière blanche du cerveau : définitions », Publié le 18 juin 2009.
- [4]: Jaykumaran «Training 3D U-Net for Brain Tumor Segmentation Challenge – Medical Imaging», 3D Computer Vision, Deep Learning, Medical Imaging, October 22, 2024.
- [5] : Line Garnero, Sylvain Baillet, Bernard Renault, «Magnétoencéphalographie / électroencéphalographie et imagerie cérébrale fonctionnelle», 5 March 2000.
- [6] : Matan, «Comment fonctionnent les machines d'imagerie par résonance magnétique (IRM) ? », mai 22, 2023.
- [7] : Mustafa A. Mafraji, MD, Rush University Medical Center, «Imagerie par résonance magnétique nucléaire (IRM) », Vérifié/Révisé nov. 2023.
- [8] : Pr B. KASTLER, Université de Paris Decartes Hôpital Necker, HEGP Directeur UA 6834 Laboratoire I4SUniversité FC, «Les principes de l'IRM»,1994-2017.
- [9] : Dr R H SEGUENI, «généralités et principes de l'imagerie par résonance magnétique», faculté de médecine de Constantine, Service de Radiologie.
- [10] : BEHISSA Rayanne, « L'INSTALLATION L'APPAREIL MEDICAL IRM 1.5 TESLAS SIGNA CREATOR », mémoire de projet fin d'études, 2020/2021.
- [11] : imaios,fr,e-mri, «L'IRM pas à pas : cours interactif sur l'imagerie par resonance magnetique, sequences», jeudi 24 novembre 2022.
- [12] : Antoine Micheau, MD, Denis Hoa, MD, « Signal RMN et Contraste de base, Paramètres TR et TE et pondérations en T1, T2, densité protonique en IRM », vendredi 2 décembre 2022.

- [13]** : Antoine Micheau, MD, Denis Hoa, MD, « Signal RMN et Contraste de base, TR et pondération T1 », vendredi 2 décembre 2022.
- [14]** : Antoine Micheau, MD, Denis Hoa, MD, « Signal RMN et Contraste de base, TE et pondération T2 », vendredi 2 décembre 2022.
- [15]** : Raymond Chieng, « Fluid attenuated inversion recovery », 2 Jun 2023.
- [16]** : B. Kastler, D. Vetter, « Codage spatial du signal et mise en place des événements d'une séquence IRM », 17 Juin 2017.
- [17]** : CERF - Collège des Enseignants en Radiologie de France, CERF, « Codage spatial du signal et reconstruction de l'image ».
- [18]** : Antoine Micheau, MD, Denis Hoa, MD, « Codage spatial du signal en IRM, Sélection du plan de coupe », mercredi 23 novembre 2022.
- [19]** : Antoine Micheau, MD, Denis Hoa, MD, « Codage spatial du signal en IRM, Codage de phase », mercredi 23 novembre 2022.
- [20]** : Antoine Micheau, MD, Denis Hoa, MD, « Codage spatial du signal en IRM, Codage par la fréquence », mercredi 23 novembre 2022.
- [21]** : Antoine Micheau, MD, Denis Hoa, MD, « Formation de l'image IRM », mercredi 23 novembre 2022.
- [22]** Aaron J Newman, « Working with NIfTI images », 2020-23.
- [23]** Mrinal Tyagi « Image Segmentation Explained », UPDATED BY Matthew Urwin | Mar 24, 2025.
- [24]** Anne Vialard LaBRI « Segmentation et Analyse d'images », Université Bordeaux.
- [25]** Raphael Kassel « K-means: Focus sur cet algorithme de Clustering & Machine Learning Data Science », 15 Mai 2020.

- [26] Mansiba Gohil «Region Growing: An Inclusive Overview from Concept to Code in Image Segmentation», Apr 19, 2024.
- [27] M. Mary Synthuja Jain Preetha; L. Padma Suresh; M. John Bosco «Image segmentation using seeded region growing», Published in: 2012 International Conference on Computing, Electronics and Electrical Technologies (ICCEET).
- [28] dilli hangrae «Region Splitting and Merging», Aug 24, 2024.
- [29] Coursera Staff, «AI vs machine learning : Différences, utilisations et avantages», Mise à jour à 5 mai 2025.
- [30] Sumit Singh «Semantic vs Instance vs Panoptic: Which Image Segmentation Technique to Choose? », data science, AI, computer vision and NLP based product, Aug 16, 2024.
- [31] Vikas Kookna «Semantic vs. Instance vs. Panoptic Segmentation», on June 29, 2022.
- [32] Alexander S. Gillis, Technical Writer and EditorLev Craig «What is a convolutional neural network (CNN)? », Site EditorRahul Awati last updated in November 2024.
- [33] Jérémy Robert «Convolutional Neural Network : Tout ce qu'il y a à savoir», Data Science, 25 Juin 2020.
- [34] NASALWAISHYAMRAO, « Convolutional neural networks (CNNs) », 11 oct. 2023.
- [35] Mohammad Qamar Hamnah Rao Sheikh Afaan Farooq Chandigarh University Ajatray Swagat Bhuyan Chandigarh University, «Sentiment Analysis using Deep Learning: A Domain Independent Approach», March 2023.
- [36] geeksforgeeks, « ReLU Activation Function in Deep Learning», 29 Jan, 2025.
- [37] Antoine Grignola Co-fondateur de DataBird, « Réseau neuronal déconvolutif : Guide complet et applications», Mis à jour le 16/4/2025.
- [38] Dive into Deep Learning, « Transposed Convolution», 2020.
- [39] cloudfactory, « Downsampling and Upsampling in Machine Learning», Last modified july 2024.
- [40] Applied Sciences, « Improvement of Damage Segmentation Based on Pixel-Level Data Balance Using VGG-Unet», January 2021.
- [41] Adrian Rosebrock, «Convolutional Neural Networks (CNNs) and Layer Types», May 14, 2021.

- [42] saurabh01Purnea College of Engineering, Purnea, «Softmax Activation Function in Neural Networks», last Updated 19 Nov 2024.
- [43] Vijay Badrinarayanan, Alex Kendall, Roberto Cipolla, «SegNet: A Deep Convolutional Encoder-Decoder Architecture for Image Segmentation», Computer Vision and Pattern Recognition (cs.CV); Machine Learning (cs.LG); Neural and Evolutionary Computing (cs.NE) [Submitted on 2 Nov 2015 (v1), last revised 10 Oct 2016 (this version, v3)].
- [44] Rajpootveerendrasingh36 Oriental College of Technology Bhopal, « SegNet: A Deep Convolutional Encoder-Decoder Architecture for Image Segmentation», Last Updated: 05 Apr 2025.
- [45] Nikhil Tomar «What is U-Net», Jan 19, 2021.
- [46] Andrii Chornyi «2D and 3D U-Net Architectures»,Data Scientist, ML Engineer, Nov 2024.
- [47] Nikolas Adaloglou, «An overview of Unet architectures for semantic segmentation and biomedical image segmentation», 2021-04-15.
- [48] BESBAS Abdelhamid, HARB Mohamed Elhadi, «Reconstruction 3D des images médicales d'IRM cérébrales», MEMOIRE, 2022-2023.
- [49] 1. Katkar R, Katkar TR, Katkar GG, Katkar «3D Volume Rendering and 3D Printing», (Additive Manufacturing). (2018) Dental clinics of North America. doi:10.1016/j.cden.2018.03.003 Pubmed.
- [50] Matthias Teschner «Computer Graphics Ray Casting», University of Freiburg – Computer Science Department.
- [51] Mroz, L., König, A., Gröller, E. (1999) «Real-Time Maximum Intensity Projection». In: Gröller, E., Löffelmann, H., Ribarsky, W. (eds) Data Visualization '99. Eurographics. Springer, Vienna. https://doi.org/10.1007/978-3-7091-6803-5_13.
- [52] Pilot «Multi-Planar Reconstruction (MPR): A Powerful Medical Imaging Technique for Accurate Diagnosis and Treatment», September 14, 2024.
- [53] Fiveable. "Marching cubes – Biomedical Engineering II." Edited by Becky Bahr, Fiveable, 2024,<https://library.fiveable.me/key-terms/biomedical-engineering-ii/marching-cubes>. Accessed 26 Apr. 2025.

- [54] Stéphane Bazeille & Baptiste Mougél «Visualisation scientifique : marching cube», univ-larochele.
- [55] Matthew Fisher «Marching cubes», 2014.
- [56] S.L. Chan et al «A new tetrahedral tessellation scheme for isosurface generation», Computers and Graphics, (1998).
- [57] P. Visutsak «Marching Cubes and Histogram Pyramids for 3D Medical Visualization», Journal of Imaging. Vol. 6, no. 9, pp. 88, 2020, <https://doi.org/10.3390/jimaging6090088>.
- [58] Gérard LAPAILLON «Qu'est-ce que la visualisation 3D et comment l'utiliser ? », le 7 juillet 2023.
- [59] Yahong Zhang, Ritesh Patil, Sabrina KHADIVI «La visualisation 3D : définition, application et avantages de cette innovation technologique ! », 30 octobre 2024.
- [60] Dr Chris Jefferies, OpenStax. *Planes of the human body*. License: [CC BY]
- [61] Henry Vandyke Carter «Sagittal section of the brain». License: [Public Domain]
- [62] Henry Vandyke Carter «Coronal section of the brain». License: [Public domain]
- [63] Henry Vandyke Carter «Axial section of the thigh». License: [Public Domain]
- [64] Mathieu Busquet, «Image segmentation: Train a U-Net model to segment brain tumors», AI, AI Deploy, Artificial Intelligence, Docker, Machine Learning, PyTorch, Streamlit, 2023-04-19.
- [65] Mansi Kajal and Ajay Mittal, « a ModiFed U-Net Based Architecture for BrainTumour Segmentation on BRATS 2020», Posted Date: October 6, 2022.
- [66] Kiranmayee Janardhan, Christy Bobby T, « Deep Learning-Based Approach for Automatic 2D and 3D MRI Segmentation of Gliomas», February 2025.
- [67] Smarta Sanguia , Tamim Iqbala , Piyush Chandra Chandraa , Swarup Kr Ghosha, Anupam Ghoshb, « 3D MRI Segmentation using U-Net Architecture for the detection of Brain Tumor» , 2023.
- [68] Rastislav, Bratislava, Bratislava Region, Slovakia M. Eng. student at Czech Technical University in Prague , « 3D MRI Brain tumor segmentation || U-NET» , 28 apr 2021.

- [69]** Mukul Aggarwa, Amod Kumar Tiwari, M. Partha Sarathi, «Comparative Analysis of Deep Learning Models on Brain Tumor Segmentation Datasets: BraTS 2015-2020 Datasets», 31 December 2022.
- [70]** Carlos Alvarez, « Brain3d Plot Visualization », Feb 15 2024.
- [71]:** Awsaf, Kaggle Grandmaster Santa Barbara, California, United States Graduate Student at UC Santa Barbara, « brats20-dataset-training-validation », License CC0: Public Domain, 2020.
- [72] :** Bastien Maurice, « Data augmentation 22 septembre», 201829 avril 2025.
- [73] :** Python, Documentation Python 3.13.3, Le tutoriel Python, <https://www.python.org/>
- [74] :** Jérémy Robert, Data Science, «Kaggle : Tout ce qu'il faut savoir sur cette plateforme», 20 Sep 2021.
- [75]:** Jainvidip, «Understanding Train, Test, and Validation Data in Machine Learning», Jul 2, 2024.
- [76]:** Mathieu Busquet, «Image segmentation: Train a U-Net model to segment brain tumors», AI, AI Deploy, Artificial Intelligence, Docker, Machine Learning, PyTorch, Streamlit, 2023-04-19.
- [77]:** Andrii Chorny Data Scientist, ML Engineer, «2D and 3D U-Net Architectures», Nov 2024.
- [78]:** Alejandro Ito Aramendia, «The U-Net: A Complete Guide», Feb 1, 2024.
- [79] :** Shweta Goyal, «Evaluation Metrics for Classification Models, Most common metrics that have been used widely while evaluating a classification model», Jul 20, 2021.
- [80]:** Ben Anderson, «an Implementation of the Marching Cubes [1] Algorithm».
- [81]:** VTK developers, verified by PyPI, «vtk the visualization toolkit».
- [82]:** Carlos Alvarez, Physicist | Jr. Data Scientist at Universidad de Guadalajara, «Brain3d Plot Visualization», Linked to GitHub, FEB 15 2024.
- [83]:** Dávid Lakatos, «What is Tkinter in Python? », Jun 11, 2024.
- [84]:** Sihab Sahariar, «Introduction to PyQt5 (GUI in Python) », Sep 15, 2022.

[85]: Saturn Cloud, «What Is the Fit Method in Python's Scikit-Learn? », Thursday, July 06, 2023 | Miscellaneous | Updated: Thursday, January 04, 2024.

[86]: adaptcentre.ie, « Research Paper Explores Deep Learning and Brain Tumor Segmentation », 04 July 2021.

[87] : Romain Cendre, «Classification par méthodes d'apprentissage supervisé et faiblement supervisé'images multimodales pour l'aide au diagnostic du lentigo malin en dermatologie», Feb 2021.

[88] : radiologieparisouest, «Principe et technique de l'IRM».

[89]: MRIquestions, AD Elster, ELSTER LLC, «Image contrast - Questions and Answers in MRI».

[90]: MRIquestions, AD Elster, ELSTER LLC, «k-space - Questions and Answers in MRI».

[91]: Moussa Semchedine, «automatic segmentation of cerebral MRI images using bio-inspired algorithms», University Ferhat Abbas of Setif, July 2018.

[92]: biomedical engineering department at Cairo University, «Week 6: Region Growing and Clustering Segmentation) ».

[93]: Howard J. Hamilton, «Isovox: A Brick-Octree Approach to Indirect Visualization».

[94]: fsvarghese, «Neuroanatomy (Medicine 4) », 2023.