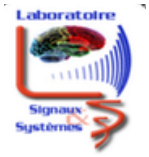
الجـــمـــهـوريـــة الجـــزائريـــة الديمقـراطية الشعبيـــة
People's Democratic Republic of Algeria
وزارة التـعليـــم العالـي و البحث العلـــمـي
Ministry of Higher Education and Scientific Research
جـــامعـــة عبد الحميـد بن باديـس – مستغانـــم
Abdelhamid Ibn Badis University – Mostaganem
كليـــة العلـــوم و التكنولـوجـــيا
Faculty of Sciences and Technology







THÈSE DE DOCTORAT
TROISIÈMECYCLE

Laboratoire : Signaux et Systèmes (LSS)

Département : Génie Electrique

Filière : Electronique

Spécialité : Electronique des Systèmes Embarqués

Thème

Détection précoce et prédiction des anomalies dans un processus aléatoire

Présentée par:

Nait chalal Mohamed Hichem

Soutenue le : 29/10/2026

Devant le jury composé de :

Merah Mustapha	**Professeur**	**Président**	**Université Abdelhamid Ibn Badis, Mostaganem**
Chama Zouaoui	**Professeur**	**Examinateur**	**Université Djilali Liabès, Sidi Belabbès**
Berradja Khadidja	**MCA**	**Examinateur**	**Université Abdelhamid Ibn Badis, Mostaganem**
Yagoubi Benabdellah	**Professeur**	**Directeur de thèse**	**Université Abdelhamid Ibn Badis, Mostaganem**
Henni Sid-ahmed	**MCA**	**Co-directeur de thèse**	**Université Abdelhamid Ibn Badis, Mostaganem**

Année universitaire 2026-2027

Remerciements

Je tiens tout d'abord à exprimer ma profonde gratitude à mon directeur de thèse, Pr Benabdellah Yagoubi, pour son encadrement, ses conseils avisés, et son soutien constant tout au long de ces années. Sa patience, sa rigueur scientifique, et sa disponibilité ont grandement contribué à la réussite de ce travail.

Je remercie également le co-directeur Mr Sid Ahmed Henni, pour ses encouragements à chaque étape de cette recherche.

Un grand merci à l'ensemble des membres du jury, pour avoir accepté d'évaluer mon travail et pour leurs remarques constructives qui enrichiront certainement ce manuscrit.

Je tiens à exprimer ma reconnaissance à mes collègues et amis au sein du Laboratoire Signaux et Systèmes (LSS) de l'Université Abdelhamid Ibn-Badis, pour leur collaboration et leur soutien moral qui ont marqué cette période.

Dédicace

À mes grands parents Ferroudja et Ramdhane (Allah yrahmah), merci pour tout.

À mon épouse, pour sa patience, ses encouragements quotidiens et sa présence réconfortante dans les moments de doute.

À ma mère et ma sœur, pour leurs prières, leur affection et leur solidarité constante.

À ma fille, qui est ma joie de vivre et pour qui je m'efforce d'être un exemple de persévérance.

À ma chère famille, surtout mes oncle et mes tantes (Rachid, Fatiha, Malika, Djohar, Djaafar, Krimo (Allah yrahmah)), merci pour votre amour inconditionnel et votre soutien sans faille tout au long de ma vie.

À ma belle-famille, pour leur accueil chaleureux et leur soutien constant.

À mes amis, merci pour votre aide et vos encouragements.

Enfin, je dédie tout particulièrement ce manuscrit à mon père. Merci pour ta confiance inébranlable et ton aide précieuse. Sans ton soutien et tes sacrifices, ce rêve n'aurait jamais pu devenir réalité. Que ce travail soit pour toi un motif de fierté.

ملخص

الاختلال هو أي انحراف عن السلوك الطبيعي المتوقع. في المجال الطبي، يمكن أن يُغيِّر الكشف المبكر عن هذه الشذوذات مسار حالة المريض. يصعب اكتشاف تشوهات الدماغ في مراحلها المبكرة لأنها لا تُسبب أعراضًا وتبقى غير مرئية للعين المجردة في صور الرنين المغناطيسي. تُحقق الطرق الآلية الحالية، ولا سيما الشبكات العصبية العميقة، نتائج جيدة في حالات الآفات المتقدمة، لكنها تتطلب آلاف الصور المُعَلَّمة وموارد حاسوبية كبيرة. يقترح هذا العمل خوارزمية IBIGP كحل لهذه المشكلة. المبدأ بسيط: يتم بناء نموذج إحصائي غاوسي من صورة رنين مغناطيسي طبيعية واحدة، ثم، لكل بكسل في الصورة المراد تحليلها، يتم حساب مقلوب احتمالية انتمائه إلى نسيج سليم. يُعطى البكسل الطبيعي قيمة قريبة من الصفر. أما البكسل غير الطبيعي، الذي ينحرف عن النموذج، فيُعطى قيمة عالية جدًا. والنتيجة هي صورة تظهر فيها التشوهات كنقاط ساطعة على خلفية سوداء. لتقييم هذا النهج، قارنّاه ببنيتين للتعلم العميق: CNN-ResNet18 للتصنيف، وU-Net مع مُشفِّر ResNet34 للتجزئة. تُظهر النتائج أن نموذج IBIGP يُحدد مواقع التشوهات المبكرة بدقة مكانية مباشرة، دون أي نتائج إيجابية خاطئة على الصور السليمة، ودون الحاجة إلى بيانات مُصنفة أو وحدة معالجة رسومية. بينما تُنتج الشبكة العصبية التلافيفية نتائج سلبية خاطئة في الحالات الأكثر دقة، ولا يُجزئ نموذج U-Net أصغر الآفات.لا يُعدّ نموذج IBIGP ونماذج التعلم العميق متنافيين. يُناسب نموذج IBIGP بشكل أفضل التشوهات المبكرة والحالات التي تكون فيها البيانات شحيحة. بينما تظل نماذج التعلم العميق أكثر فعالية في التعامل مع الآفات الأكثر تطورًا.

الكلمات المفتاحية: IBIGP، نموذج عصبي، عملية عشوائية، اختلال، كشف وتنبؤ.

Résumé

Une anomalie est tout écart par rapport à un comportement normal attendu. Dans le domaine médical, détecter ces anomalies tôt peut changer le pronostic d'un patient. Les anomalies cérébrales sont difficiles à détecter à un stade précoce car elles ne provoquent aucun symptôme et restent invisibles à l'œil nu sur les images IRM. Les méthodes automatiques existantes, notamment les réseaux de neurones profonds, donnent de bons résultats sur les lésions développées, mais elles nécessitent des milliers d'images annotées et des ressources de calcul importantes. Ce travail propose l'algorithme IBIGP comme réponse à ce problème. Le principe est simple : on construit un modèle statistique gaussien à partir d'une seule image IRM normale, puis on calcule pour chaque pixel de l'image à analyser l'inverse de sa probabilité d'appartenir au tissu sain. Un pixel normal reçoit une valeur proche de zéro. Un pixel anormal, qui s'écarte du modèle, reçoit une valeur très élevée. Le résultat est une image où les anomalies apparaissent comme des points lumineux sur fond noir. Pour évaluer cette approche, nous la comparons à deux architectures d'apprentissage profond : un CNN-ResNet18 pour la classification et un U-Net avec encodeur ResNet34 pour la segmentation. Les résultats montrent qu'IBIGP localise les anomalies précoces avec une précision spatiale directe, sans faux positifs sur les images saines, et sans aucune donnée annotée ni GPU. Le CNN produit des faux négatifs sur les cas les plus subtils et le U-Net ne segmente pas les lésions les plus petites.

Mots-clés : IBIP , modèle neuronal, processus aléatoire, anomalie, détection et prédiction.

Abstract

An anomaly is any deviation from an expected normal behavior. In the medical field, detecting these anomalies early can change a patient's prognosis. Brain abnormalities are difficult to detect at an early stage because they cause no symptoms and remain invisible to the naked eye on MRI images. Existing automated methods, particularly deep neural networks, yield good results on advanced lesions, but they require thousands of annotated images and significant computing resources. This work proposes the IBIGP algorithm as a solution to this problem. The principle is simple: a Gaussian statistical model is built from a single normal MRI image, then, for each pixel in the image to be analyzed, the inverse of its probability of belonging to healthy tissue is calculated. A normal pixel receives a value close to zero. An abnormal pixel, which deviates from the model, receives a very high value. The result is an image where abnormalities appear as bright spots on a black background. IBIGP and deep learning models are not mutually exclusive. IBIGP is better suited to early anomalies and contexts where data is scarce. Deep learning models remain more robust on more developed lesions. Combining the two in a hybrid pipeline is the main focus of this work.

Keywords : IBIGP, neural model, stochastic process, anomaly, detection and prediction.

Table des matières

Table des figures **11**

Liste des tableaux **14**

Liste des abréviations **15**

Introduction Générale **18**

1 Imagerie médicale et anomalies cérébrales **22**

1.1 Introduction 22

1.2 Les anomalies cérébrales : contexte et enjeux 22

1.2.1 Statistiques mondiales (OMS, GLOBOCAN) 22

1.2.2 Types d'anomalies cérébrales 23

1.2.3 L'importance de la détection précoce 25

1.3 L'imagerie médicale 26

1.3.1 Panorama des modalités d'imagerie 26

1.3.2 L'imagerie par résonance magnétique (IRM) 27

1.3.2.1 Principes physiques de l'IRM 27

1.3.2.2 Modalités IRM 29

1.3.2.3 Avantages de l'IRM pour l'exploration cérébrale 30

1.3.2.4 Artefacts et limitations 31

1.3.3 Choix de l'IRM dans le cadre de ce travail 32

1.4 Les systèmes de diagnostic assisté par ordinateur (DAO) 32

1.5 Positionnement et objectifs de la thèse 34

1.6 Conclusion 35

2 État de l'art sur la détection d'anomalies dans les images IRM cérébrales **37**

2.1 Introduction 37

2.2 Méthodes classiques de segmentation 38

2.2.1 Techniques de seuillage 38
2.2.2 Techniques statistiques 39
2.2.3 Techniques par régions et contours 40
2.2.3.1 Croissance de régions 40
2.2.3.2 Ligne de partage des eaux (Watershed) 40
2.2.3.3 Contours actifs et modèles déformables 40
2.3 Méthodes par apprentissage automatique 41
2.3.1 Approches par clustering 41
2.3.2 Classificateurs classiques (SVM, KNN, réseaux de neurones) 42
2.3.3 Approches hybrides 43
2.4 Méthodes par apprentissage profond 44
2.4.1 Auto-encodeurs et approches non supervisées 44
2.4.2 Réseaux de neurones convolutifs (CNN) 45
2.4.3 Approches récentes 47
2.4.3.1 Transfert d'apprentissage 47
2.4.3.2 Vision Transformers 48
2.4.3.3 Architectures hybrides CNN-Transformer 48
2.5 Synthèse comparative et limites 50
2.6 Conclusion 51

3 Méthodologie proposée **53**
3.1 Introduction 53
3.2 L'algorithme IBIGP 54
3.2.1 Phase de modélisation 54
3.2.2 Phase de détection 57
3.2.3 Pipeline complet 59
3.3 Modèles d'apprentissage profond utilisés pour la comparaison 60
3.3.1 Architecture CNN-ResNet18 (première approche : classification) . 61
3.3.1.1 Principe de ResNet et des connexions résiduelles 61
3.3.1.2 Choix de ResNet18 62
3.3.1.3 Transfert d'apprentissage depuis ImageNet 62
3.3.1.4 Visualisation par Grad-CAM 63
3.3.1.5 Limites de l'approche classification 64

3.3.2 Architecture U-Net avec encodeur ResNet34 (seconde approche : segmentation) . . . 64
3.3.2.1 Principe de U-Net . . . 64
3.3.2.2 Choix de ResNet34 comme encodeur . . . 65
3.3.2.3 Architecture exacte implémentée . . . 65
3.3.2.4 Prétraitement . . . 66
3.3.2.5 Fonction de perte DiceBCELoss . . . 66
3.3.2.6 Paramètres d'entraînement . . . 66
3.3.2.7 Augmentation de données . . . 66
3.3.2.8 Métriques d'évaluation . . . 67
3.3.3 Protocole d'entraînement commun . . . 67
3.3.3.1 Environnement d'exécution . . . 67
3.3.3.2 Différences clés entre les deux approches . . . 67
3.3.3.3 Positionnement par rapport à IBIGP . . . 67
3.4 Environnement de développement et description du dataset . . . 68
3.4.1 Environnement et outils utilisés . . . 68
3.4.2 Description du dataset . . . 69
3.4.3 Format des annotations (COCO-JSON) . . . 69
3.5 Courbes d'entraînement des modèles . . . 70
3.5.1 Définitions des métriques . . . 70
3.5.1.1 Perte (Loss) . . . 70
3.5.1.2 Score F1 . . . 70
3.5.1.3 Coefficient de Dice (DSC) . . . 70
3.5.2 CNN-ResNet18 (classification binaire) . . . 71
3.5.3 U-Net avec encodeur ResNet34 (segmentation) . . . 71
3.6 Conclusion . . . 72

4 Résultats et Discussion **74**
4.1 Introduction . . . 74
4.2 Résultats de l'algorithme IBIGP . . . 75
4.2.0.1 Résultat sur une image sans anomalie . . . 75
4.2.0.2 Résultat sur une image avec anomalie précoce . . . 75
4.2.0.3 Forces observées . . . 77

4.3 Résultats des modèles CNN-ResNet18 et U-Net 77
4.3.1 Résultats du CNN-ResNet18 avec Grad-CAM 77
4.3.2 Résultats du U-Net avec encodeur ResNet34 79
4.4 Comparaison visuelle des trois approches 80
4.4.0.1 Localisation spatiale 81
4.4.0.2 Sensibilité aux anomalies précoces 81
4.4.0.3 Dépendance aux données 81
4.4.0.4 Coût computationnel 81
4.5 Discussion 82
4.6 Limites et perspectives 83
4.6.0.1 Limites de cette étude 83
4.6.0.2 Perspectives de recherche 84
4.7 Conclusion 84

Conclusion Générale **87**

A Glossaire des termes médicaux **91**

Annexe J — Glossaire des termes médicaux **91**

Table des figures

1.1 Taux d'incidence standardisé des tumeurs cérébrales par région OMS en 2022 (source : GLOBOCAN 2022 [1, 2]). 23
1.2 Exemples d'anomalies cérébrales visibles en IRM. (a) Glioblastome en T1 avec injection de gadolinium, (b) lésions de la substance blanche en FLAIR, (c) œdème péri-tumoral en T2, (d) malformation artério-veineuse en angiographie IRM. 24
1.3 Comparaison des principales modalités d'imagerie médicale appliquées au cerveau. (a) Radiographie, (b) Scanner CT, (c) TEP-FDG, (d) IRM. 27
1.4 Principe de fonctionnement de l'IRM. (a) Protons orientés aléatoirement, (b) alignement sous B_0, (c) basculement par impulsion RF, (d) relaxation et émission du signal. 29
1.5 Comparaison des séquences IRM sur un même patient présentant une tumeur cérébrale. (a) T1 sans injection, (b) T1 avec gadolinium, (c) T2, (d) FLAIR, (e) Diffusion. 30
1.6 Exemples d'artefacts en IRM cérébrale. (a) Artefact de mouvement, (b) bruit élevé (SNR faible), (c) biais d'intensité, (d) artefact de susceptibilité magnétique à la base du crâne. 32
1.7 Pipeline générique d'un système DAO appliqué aux images IRM cérébrales. 33

2.1 Comparaison de trois architectures CNN pour la segmentation d'images IRM cérébrales : CNN classique, U-Net. 47
2.2 Classification hiérarchique des techniques de détection d'anomalies dans les images IRM cérébrales, regroupées en méthodes classiques, apprentissage automatique et apprentissage profond. 49
2.3 Évolution chronologique des méthodes de détection d'anomalies IRM cérébrales. 49

3.1 Segmentation de l'image IRM normale en intervalles stationnaires de taille L 55

3.2 Effet de la réduction de L sur la qualité de reconstruction du modèle gaussien 57
3.3 a) Loi gaussienne et b) son inverse modifié. Les événements rares, situés dans les queues, produisent des pics élevés dans l'inverse 59
3.4 Diagramme de l'algorithme IBIGP 60
3.5 Blocs résiduels : identité (gauche) et projection avec convolution 1×1 (droite) 61
3.6 Pipeline complet du modèle de classification CNN-ResNet18. 63
3.7 Architecture ResNet18 adaptée pour la classification binaire. 63
3.8 Visualisation Grad-CAM. De gauche à droite : image IRM originale, prédiction CNN avec carte Grad-CAM superposée. 64
3.9 Architecture U-Net avec encodeur ResNet34. 65
3.10 Exemple d'image IRM cérébrale et son masque de segmentation annoté. . . 69
3.11 Courbes d'entraînement du CNN-ResNet18 sur 50 époques. À gauche : évolution de la perte (BCE) sur les ensembles d'entraînement et de validation. À droite : évolution de la précision et du score F1 de validation. 71
3.12 Courbes d'entraînement du U-Net (ResNet34) sur 50 époques. De gauche à droite : perte combinée (BCE pondérée + Dice Loss), coefficient de Dice sur les images tumorales, indice IoU sur la validation. 71

4.1 IRM cérébrale normale (gauche) et son image IBIGP correspondante (droite). L'image IBIGP est quasi entièrement sombre, confirmant l'absence d'événement rare. 75
4.2 (A) IRM cérébrale avec une anomalie précoce indiquée par la flèche rouge, (B) image IBIGP correspondante où l'anomalie apparaît comme un point lumineux distinct. 76
4.3 De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain avec boîte englobante verte, carte Grad-CAM du CNN-ResNet18 (classifiée NORMALE), image IBIGP. L'anomalie encadrée en vert n'est pas détectée par le CNN. 78
4.4 De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain avec boîte englobante verte, carte Grad-CAM (classifiée NORMALE), image IBIGP. 78
4.5 De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain avec boîte englobante verte, carte Grad-CAM (classifiée ANOMALIE), image IBIGP. 78

4.6 De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain avec boîte englobante verte, sortie U-Net, image IBIGP. Le U-Net ne produit aucune segmentation visible sur cet exemple. 79
4.7 De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain, sortie U-Net, image IBIGP. Le masque U-Net est absent sur cet exemple. 79
4.8 De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain, sortie U-Net avec région segmentée visible, image IBIGP. 80

Liste des tableaux

1.1 Classification des principales anomalies cérébrales détectables par IRM. . . 25
1.2 Comparaison des principales modalités d'imagerie pour l'exploration cérébrale. 27
1.3 Caractéristiques des principales séquences IRM cérébrales. 30

2.1 Synthèse comparative des méthodes classiques de segmentation d'images IRM cérébrales. 41
2.2 Synthèse comparative des méthodes par apprentissage automatique pour la détection d'anomalies IRM cérébrales. 44
2.3 Synthèse comparative des méthodes par apprentissage profond pour la détection d'anomalies IRM cérébrales. 48

3.1 Comparaison des approches de classification et de segmentation pour la détection d'anomalies IRM. 68
3.2 Environnement logiciel et matériel utilisé pour l'entraînement des modèles d'apprentissage profond. 68

4.1 Comparaison des trois approches selon cinq critères. 82

Liste des abréviations

Abréviation	Désignation
ADC	Coefficient de Diffusion Apparent (*Apparent Diffusion Coefficient*)
AE	Auto-encodeur (*Autoencoder*)
AVC	Accident Vasculaire Cérébral (*Stroke*)
AVM	Malformation Artério-Veineuse (*Arteriovenous Malformation*)
BraTS	Segmentation de Tumeurs Cérébrales (benchmark) (*Brain Tumor Segmentation*)
CE-T1W	IRM T1 pondérée avec rehaussement de contraste (*Contrast-Enhanced T1-Weighted*)
CNN	Réseau de Neurones Convolutif (*Convolutional Neural Network*)
CRF	Champ Aléatoire Conditionnel (*Conditional Random Field*)
CT	Tomodensitométrie (*Computed Tomography*)
DAO	Diagnostic Assisté par Ordinateur (*Computer-Aided Diagnosis (CAD)*)
DDPM	Modèle Probabiliste de Diffusion de Débruitage (*Denoising Diffusion Probabilistic Model*)
DL	Apprentissage profond (*Deep Learning*)
DSC	Coefficient de Similarité de Dice (*Dice Similarity Coefficient*)
EM	Espérance-Maximisation (*Expectation-Maximization*)
ETM	Maximisation d'espérance spatiale (*Expectation Trust Maximization*)
FCM	C-moyennes floues (*Fuzzy C-Means*)
FDG	Fluorodésoxyglucose (*Fluorodeoxyglucose*)
FLAIR	*Fluid Attenuated Inversion Recovery*
GAN	Réseau Antagoniste Génératif (*Generative Adversarial Network*)
GMM	Modèle de Mélange Gaussien (*Gaussian Mixture Model*)
GPU	Unité de Traitement Graphique (*Graphics Processing Unit*)
Grad-CAM	Cartographie d'Activation de Classe pondérée par le Gradient (*Gradient-weighted Class Activation Mapping*)

Abréviation	Désignation
GWN	Bruit Blanc Gaussien (*Gaussian White Noise*)
IBIGP	Inverse de la Probabilité Gaussienne Individuelle d'Appartenance (*Inverse of the Belonging Individual Gaussian Probability*)
IBSR	Dépôt d'IRM segmentées du Centre for Morphometric Analysis (*Internet Brain Segmentation Repository*)
IoU	Intersection sur Union (*Intersection over Union*)
IRM	Imagerie par Résonance Magnétique (*Magnetic Resonance Imaging (MRI)*)
KNN	K plus proches voisins (*K-Nearest Neighbors*)
LCR	Liquide Céphalo-Rachidien (*Cerebrospinal Fluid (CSF)*)
MAV	Malformation Artério-Veineuse (*Arteriovenous Malformation (AVM)*)
MCWS	Ligne de partage des eaux contrôlée par marqueurs (*Marker-Controlled Watershed*)
MRF	Champ de Markov Aléatoire (*Markov Random Field*)
MSE	Erreur Quadratique Moyenne (*Mean Square Error*)
OMS	Organisation Mondiale de la Santé (*World Health Organization (WHO)*)
PCA	Analyse en Composantes Principales (*Principal Component Analysis*)
ResNet	Réseau Résiduel (*Residual Network*)
RF	Forêt Aléatoire (*Random Forest*)
SCGAGMM	Modèle de mélange gaussien asymétrique à contrainte spatiale (*Spatially Constrained Generative Asymmetric Gaussian Mixture Model*)
SNR	Rapport Signal sur Bruit (*Signal to Noise Ratio*)
SVM	Machine à Vecteurs de Support (*Support Vector Machine*)
T1	IRM pondérée T1 (*T1-Weighted MRI*)
T2	IRM pondérée T2 (*T2-Weighted MRI*)
TCIA	Archive d'Imagerie du Cancer (*The Cancer Imaging Archive*)
TE	Temps d'Écho (*Echo Time*)
TEP	Tomographie par Émission de Positons (*Positron Emission Tomography (PET)*)
TR	Temps de Répétition (*Repetition Time*)
U-Net	Réseau en forme de U pour la segmentation (*U-shaped Network*)
ViT	Transformeur de Vision (*Vision Transformer*)

Introduction Générale

Introduction Générale

Une anomalie est tout écart par rapport à un comportement normal attendu. Elle peut apparaître dans un signal électrique, dans une transaction financière, dans une image médicale. Dans tous les cas, le défi est le même : la détecter tôt, avant qu'elle ne cause des dommages irréversibles. Ce défi est d'autant plus difficile que les anomalies les plus dangereuses sont souvent les plus discrètes. Elles existent, mais elles ne se voient pas encore. Ce travail s'inscrit dans cette problématique. Nous cherchons à détecter des anomalies dans un contexte particulier, celui de l'imagerie médicale cérébrale.

Les anomalies cérébrales occupent une place particulière parmi les maladies graves. Elles touchent le cerveau, organe dont dépendent la pensée, la mémoire, le mouvement, la parole. Leur impact sur la qualité de vie du patient est immédiat et souvent irréversible. À l'échelle mondiale, GLOBOCAN recense 321 000 nouveaux cas de tumeurs du cerveau et du système nerveux central en 2022, pour 248 000 décès la même année [1]. Les projections sont préoccupantes : ce nombre pourrait augmenter de 47 % d'ici 2050 avec le vieillissement de la population [2]. Le taux de survie à cinq ans pour les tumeurs malignes comme le glioblastome ne dépasse pas 7 %, mais un diagnostic posé tôt peut améliorer les chances de survie de 20 % [3]. Le défi n'est pas seulement de détecter la maladie, c'est de la détecter avant qu'elle ne soit visible, avant que les symptômes n'apparaissent.

L'imagerie par résonance magnétique (*Magnetic Resonance Imaging*, IRM) est aujourd'hui la modalité de référence pour l'exploration du cerveau. Elle offre un contraste entre les tissus mous bien supérieur à celui du scanner, sans recourir aux radiations ionisantes. Ses différentes séquences (T1, T2, FLAIR, diffusion) permettent de caractériser les structures cérébrales avec une résolution spatiale élevée. Mais la quantité d'examens à analyser ne cesse d'augmenter. Un service de radiologie reçoit des dizaines, parfois des centaines d'IRM par jour. Dans ce contexte de forte charge de travail, la fatigue et la pression du temps favorisent les erreurs. Des études estiment le taux de faux négatifs pour les petites lésions à 30 % [4]. La subtilité des anomalies précoces aggrave encore la difficulté : une lésion naissante peut n'occuper que quelques pixels dans l'image, sans caractéristique visuelle claire qui la distingue du tissu sain environnant.

Pour répondre à ce défi, les chercheurs ont développé des systèmes de diagnostic assisté par ordinateur (*Computer-Aided Diagnosis*, DAO). Ces systèmes analysent les images de façon automatique et signalent les zones suspectes pour guider le regard du radiologue [5]. Au fil des années, les méthodes proposées ont évolué des approches classiques de traitement d'images vers l'apprentissage automatique, puis vers l'apprentissage profond. Les architectures de réseaux de neurones convolutifs (*Convolutional Neural Network*, CNN) et en particulier U-Net [6] ont montré des performances élevées sur des bases de données publiques comme BraTS. Des variantes comme ResNet [7] permettent d'atteindre des précisions de classification remarquables. Ces méthodes sont aujourd'hui considérées comme l'état de l'art pour la détection et la segmentation de tumeurs cérébrales visibles.

Ces succès ont cependant une condition : la disponibilité de grandes bases de données annotées. Entraîner un réseau de neurones profond exige des milliers d'images avec des masques de segmentation dessinés pixel par pixel par des experts médicaux. Cette annotation est longue, coûteuse, et nécessite une expertise rare. Par ailleurs, ces modèles apprennent à reconnaître les anomalies qu'ils ont vues pendant l'entraînement. Une anomalie au stade précoce, quasi invisible et différente en apparence des lésions annotées dans les jeux d'entraînement, peut échapper à leur détection. C'est un angle mort commun à la plupart des méthodes supervisées : elles sont entraînées sur des anomalies visibles et peinent à détecter celles qui ne le sont pas encore. Cet angle mort définit précisément le problème que ce travail cherche à résoudre.

Notre contribution dans cette thèse est l'algorithme IBIGP (*Inverse Belonging Individual Gaussian Probability*) [8]. Il repose sur un principe probabiliste : toute anomalie cérébrale est un événement rare par rapport au tissu sain de l'image de référence. L'algorithme construit d'abord un modèle statistique gaussien à partir d'une seule image IRM normale. Il estime, ligne par ligne et par intervalles, la moyenne et la variance du signal. Lors de la phase de détection, il calcule pour chaque pixel de l'image à analyser l'inverse de sa probabilité gaussienne d'appartenance au tissu normal. Les pixels normaux, bien conformes au modèle, obtiennent une valeur proche de zéro. Les pixels anormaux, qui s'écartent du modèle gaussien, obtiennent une valeur très élevée. L'image produite, appelée image IBIGP, fait ressortir les anomalies comme des points lumineux sur fond sombre. Cette approche ne nécessite ni base de données annotée, ni entraînement supervisé, ni processeur graphique dédié. Pour évaluer sa pertinence, nous la comparons à deux architectures d'apprentissage profond : un CNN

avec backbone ResNet18 pour la classification binaire, et un U-Net avec encodeur ResNet34 pour la segmentation pixel par pixel [6, 7].

Ce travail poursuit quatre objectifs. Le premier est de développer et d'appliquer l'algorithme IBIGP à la détection d'anomalies précoces dans les images IRM cérébrales. Le deuxième est de comparer visuellement les résultats d'IBIGP avec ceux des deux modèles d'apprentissage profond sur les mêmes images IRM. Le troisième est d'évaluer la capacité de localisation spatiale de chaque méthode, en observant comment chacune identifie et délimite la zone anormale par rapport à la vérité terrain. Le quatrième est d'analyser les avantages et les limites de l'approche probabiliste face aux approches supervisées, pour comprendre dans quels cas chaque famille de méthodes est la plus adaptée.

Ce manuscrit est organisé en quatre chapitres. Le Chapitre 1 pose les bases contextuelles : épidémiologie des anomalies cérébrales, principes physiques de l'IRM et de ses séquences, puis présentation des systèmes de diagnostic assisté par ordinateur et de leurs limites actuelles. Le Chapitre 2 dresse l'état de l'art des méthodes de détection d'anomalies dans les images IRM cérébrales, des approches classiques de seuillage et de segmentation jusqu'aux méthodes par apprentissage automatique et par apprentissage profond, en soulignant les lacunes qui motivent notre approche. Le Chapitre 3 détaille la méthodologie proposée : la description complète de l'algorithme IBIGP avec ses deux phases de modélisation et de détection, puis la présentation des deux architectures d'apprentissage profond utilisées comme points de comparaison et leur protocole d'entraînement commun. Le Chapitre 4 présente les résultats obtenus par les trois approches et leur analyse comparative visuelle. La Conclusion Générale synthétise les contributions de ce travail, en reconnaît les limites, et ouvre les perspectives de recherche.

CHAPITRE 1

Imagerie médicale et anomalies cérébrales

Chapitre 1

Imagerie médicale et anomalies cérébrales

1.1 Introduction

Ce chapitre pose les bases de notre travail. Avant de présenter notre algorithme, il faut comprendre le problème qu'il cherche à résoudre : le contexte médical, l'outil d'imagerie utilisé et les systèmes qui existent déjà pour aider au diagnostic.

Nous commençons par les anomalies cérébrales elles-mêmes (section 1.2) : combien de personnes sont touchées dans le monde, quels types de lésions l'IRM peut révéler, et pourquoi la précocité du diagnostic change le pronostic. Ces éléments donnent la mesure du problème à résoudre.

Nous examinons ensuite l'outil d'imagerie (section 1.3). Parmi les modalités disponibles, l'IRM s'impose pour l'exploration du cerveau. Nous en décrivons les principes physiques, les séquences courantes (T1, T2, FLAIR, diffusion) et les artefacts qui compliquent l'analyse automatique.

La section 1.4 présente les systèmes de diagnostic assisté par ordinateur : leur évolution depuis les systèmes experts jusqu'à l'apprentissage profond, leur pipeline type, et les trois limites qui freinent aujourd'hui leur déploiement clinique.

La section 1.5 positionne notre contribution. Nous expliquons pourquoi ces limites appellent une approche différente, nous présentons l'algorithme IBIGP, et nous décrivons les objectifs et l'organisation du manuscrit.

1.2 Les anomalies cérébrales : contexte et enjeux

1.2.1 Statistiques mondiales (OMS, GLOBOCAN)

Les tumeurs du cerveau et du système nerveux central ne sont pas rares. GLOBOCAN estime à 321 000 le nombre de nouveaux cas diagnostiqués en 2022 dans le monde, soit un taux d'incidence standardisé de 3,5 pour 100 000 habitants [1]. La même année, 248 000 personnes en sont décédées, soit un taux de mortalité de 2,6 pour 100 000 [1]. Trois quarts

des patients diagnostiqués finissent donc par décéder de leur maladie.

Les hommes sont un peu plus touchés que les femmes : 173 591 cas masculins (3,9 pour 100 000) contre 147 885 cas féminins (3,1 pour 100 000) [1]. La mortalité suit la même tendance, avec 139 737 décès chez les hommes et 108 568 chez les femmes.

La géographie joue aussi. L'Europe du Nord et l'Amérique du Nord affichent les taux les plus élevés, au-dessus de 5 pour 100 000 [2]. En Afrique, les taux sont plus bas, mais il faut nuancer : le sous-diagnostic y est fréquent, faute d'équipements d'imagerie suffisants. Les projections ne sont pas rassurantes : le nombre de cas pourrait augmenter de 47 % d'ici 2050, porté par le vieillissement de la population mondiale [2].

Un détail souvent méconnu : chez les moins de 15 ans, les tumeurs cérébrales occupent le deuxième rang parmi les cancers pédiatriques [2]. Ce ne sont donc pas des pathologies réservées aux personnes âgées. La Figure 1.1 compare les taux d'incidence par région OMS en 2022.

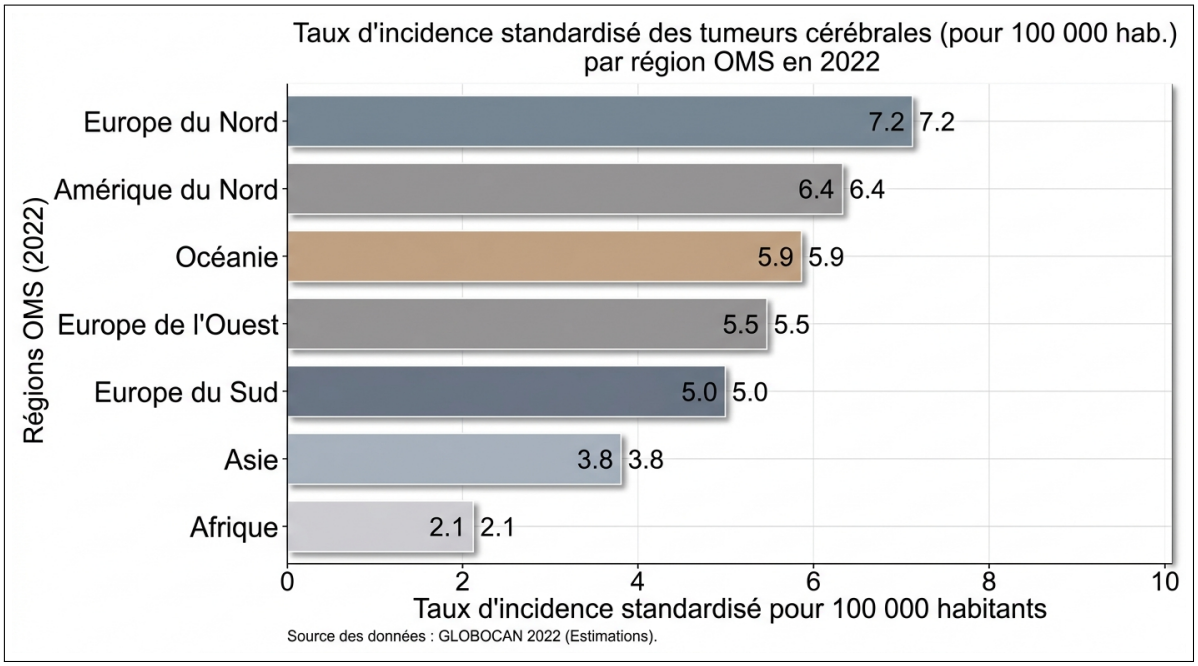


FIGURE 1.1 – Taux d'incidence standardisé des tumeurs cérébrales par région OMS en 2022 (source : GLOBOCAN 2022 [1, 2]).

1.2.2 Types d'anomalies cérébrales

Le mot « anomalie » couvre bien plus que les tumeurs malignes. En pratique clinique, le radiologue rencontre des lésions très diverses, et notre algorithme doit pouvoir signaler tout ce qui s'écarte de la normale, pas seulement les tumeurs.

Les tumeurs sont la catégorie la plus connue. Elles se divisent en tumeurs primaires

(nées dans le cerveau) et métastases (venues d'ailleurs). L'OMS les classe en quatre grades : grade I (bénin, croissance lente) à grade IV (malin, croissance rapide) [9]. Les méningiomes, tumeurs bénignes des méninges, sont les plus fréquents. Ils croissent lentement et sont parfois découverts par hasard lors d'un examen fait pour une autre raison. À l'autre extrémité, les glioblastomes (grade IV) sont les plus agressifs : environ 50 % des gliomes, survie médiane de 8 mois, taux de survie à cinq ans de 7 % seulement [3].

Les lésions de la substance blanche sont une autre catégorie très courante en neuroimagerie. Elles apparaissent comme des hypersignaux en T2 et en FLAIR. Leurs causes sont variées : sclérose en plaques (lésions démyélinisantes), atteintes vasculaires chroniques liées à l'hypertension ou au diabète. Chez les personnes âgées, ces lésions sont banales mais augmentent le risque d'AVC [10].

Les œdèmes cérébraux, accumulation anormale de liquide dans les tissus, se distinguent en deux types. L'œdème vasogénique résulte d'une rupture de la barrière hémato-encéphalique, souvent autour d'une tumeur. L'œdème cytotoxique vient d'un gonflement cellulaire, typique de l'AVC. Les deux apparaissent en hypersignal T2 [10].

Enfin, les malformations vasculaires : anévrismes (dilatations artérielles avec risque de rupture) et malformations artério-veineuses (*Arteriovenous Malformation*, AVM) (connexions anormales entre artères et veines). Elles sont parfois silencieuses et découvertes fortuitement [10]. La Figure 1.2 illustre chacun de ces types sur des images IRM. Le Tableau 1.1 résume ces catégories selon leur apparence caractéristique en IRM et leur niveau de gravité.

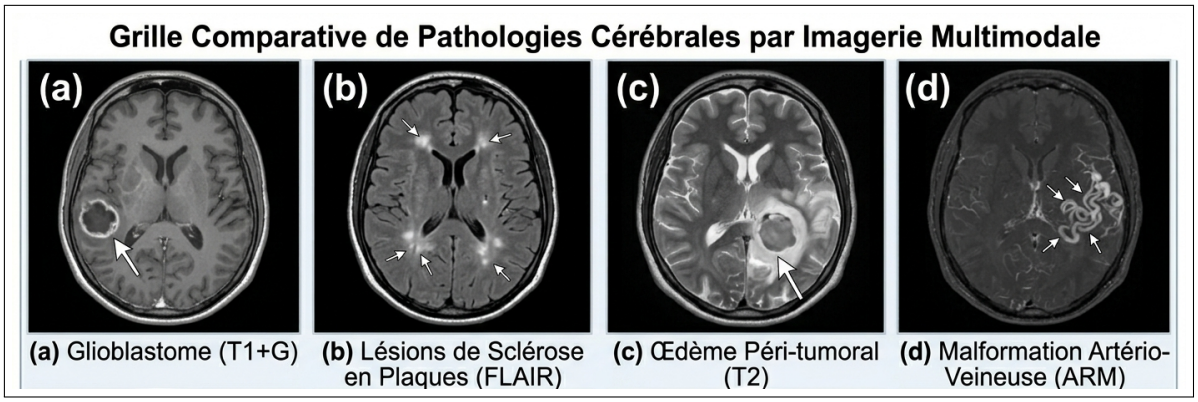


FIGURE 1.2 – Exemples d'anomalies cérébrales visibles en IRM. (a) Glioblastome en T1 avec injection de gadolinium, (b) lésions de la substance blanche en FLAIR, (c) œdème péri-tumoral en T2, (d) malformation artério-veineuse en angiographie IRM.

Type d'anomalie	Exemples	Apparence IRM	Gravité
Tumeurs bénignes	Méningiome, gliome grade I-II	Masse avec prise de contraste	Variable
Tumeurs malignes	Glioblastome, métastases	Masse hétérogène, nécrose	Sévère
Lésions substance blanche	Sclérose en plaques, atteinte vasculaire	Hypersignal T2/FLAIR	Variable
Œdèmes	Vasogénique, cytotoxique	Hypersignal T2	Urgence possible
Malformations vasculaires	Anévrisme, MAV	Vide de signal en flux	Risque hémorragique

TABLE 1.1 – Classification des principales anomalies cérébrales détectables par IRM.

1.2.3 L'importance de la détection précoce

La détection précoce change le pronostic. C'est vrai pour la plupart des cancers, mais c'est particulièrement frappant pour les tumeurs cérébrales. Le taux de survie à cinq ans pour les tumeurs non malignes détectées tôt atteint 91,7 %. Pour les tumeurs malignes, il tombe à 34,8 %, et pour les glioblastomes à 7 % [3]. Un diagnostic précoce peut améliorer les chances de survie de 20 % [3].

Si l'anomalie est une tumeur encore petite et bien délimitée, la chirurgie est plus simple. Le chirurgien peut retirer la masse sans trop endommager les tissus voisins. Quand elle est découverte tardivement, elle a souvent envahi les structures adjacentes, et la résection complète devient difficile, parfois impossible. La radiothérapie et la chimiothérapie sont aussi plus efficaces sur une masse tumorale réduite. Pour la sclérose en plaques, le bénéfice est différent mais tout aussi réel : un traitement de fond démarré tôt ralentit la progression de la maladie [10, 11].

Au-delà de la survie, la détection précoce préserve la qualité de vie. Une tumeur découverte tôt n'a pas encore comprimé les structures voisines : les crises d'épilepsie, les céphalées et les déficits cognitifs restent moins sévères ou absents [12]. Le risque de complications graves, comme l'hydrocéphalie, est aussi réduit. Pour les tumeurs malignes, intervenir avant que les cellules se disséminent au reste du système nerveux central évite une évolution métastatique qui alourdit fortement le pronostic [12].

Le problème, c'est que les anomalies cérébrales sont souvent silencieuses au départ. Pas

de maux de tête, pas de troubles visuels, pas de crises d'épilepsie : rien tant que la pathologie n'est pas avancée. L'imagerie reste le seul moyen de les repérer avant les premiers symptômes. Et les radiologues sont débordés. Des dizaines d'examens par jour, parfois plus. La fatigue, la pression du temps : tout cela favorise l'erreur. Des études chiffrent le taux de faux négatifs à 30 % pour les petites lésions [4]. Un outil capable d'analyser chaque image de façon systématique devient alors une aide réelle.

1.3 L'imagerie médicale

1.3.1 Panorama des modalités d'imagerie

L'imagerie médicale fournit des informations sur les structures internes du corps sans recours à la chirurgie. Depuis les premiers rayons X en 1895, plusieurs techniques se sont développées, chacune adaptée à des besoins cliniques différents. Toutes ne conviennent pas à l'exploration du cerveau. Nous les comparons brièvement avant de nous concentrer sur l'IRM.

La **radiographie** utilise les rayons X en projection. Les os apparaissent blancs, les tissus mous en gris. Rapide et peu coûteuse, mais le contraste entre les tissus cérébraux est trop faible pour être utile en neuroimagerie, son usage se limite au crâne osseux [13].

Le **scanner CT** (*Computed Tomography*) améliore la radiographie en acquérant des projections sous différents angles puis en reconstruisant des coupes. Le contraste entre tissus mous est meilleur. Le scanner est rapide (quelques secondes) et reste l'examen de première intention en urgence neurologique, notamment pour détecter une hémorragie [13].

La **TEP** (*Positron Emission Tomography*) est une technique fonctionnelle. Un traceur radioactif (souvent du FDG) est injecté au patient. Les cellules métaboliquement actives, comme les cellules tumorales, captent ce traceur. La TEP visualise l'activité métabolique, pas l'anatomie. Elle est utile en neuro-oncologie pour distinguer récidive tumorale et nécrose, mais sa résolution spatiale reste inférieure à celle de l'IRM [13].

L'**échographie** utilise les ultrasons en temps réel. Très utile en obstétrique ou en cardiologie, elle est inutilisable chez l'adulte pour explorer le cerveau : le crâne bloque les ultrasons. Elle reste possible chez le nourrisson, à travers la fontanelle [13]. Elle n'est donc pas retenue pour la neuroimagerie adulte.

La Figure 1.3 compare les quatre modalités applicables à la neuroimagerie sur un même plan de coupe cérébral.

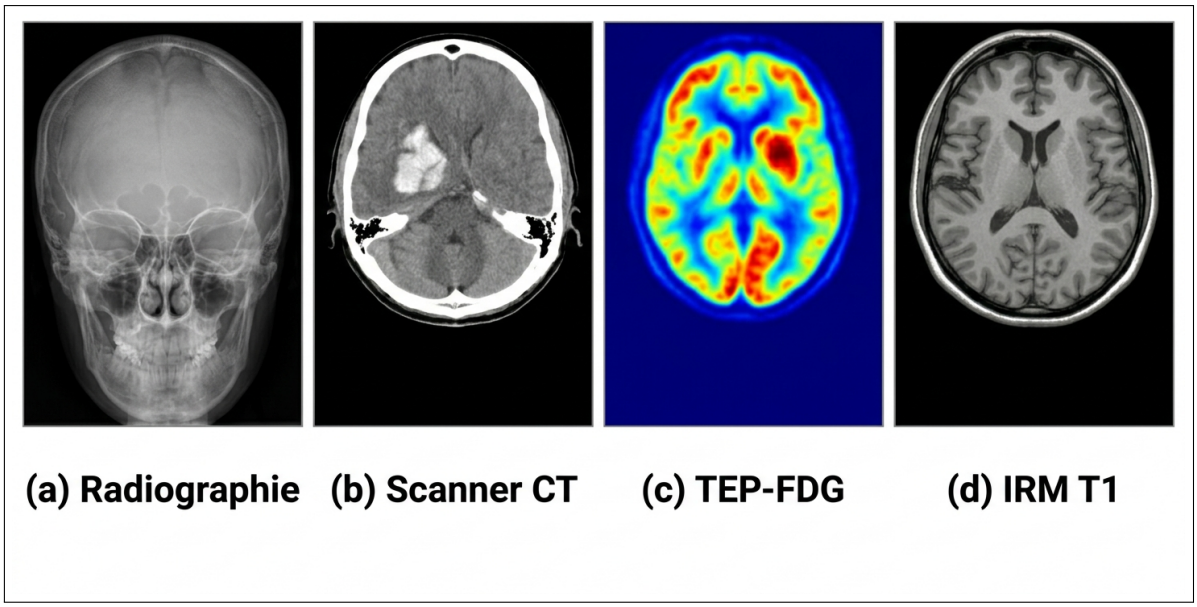


FIGURE 1.3 – Comparaison des principales modalités d'imagerie médicale appliquées au cerveau. (a) Radiographie, (b) Scanner CT, (c) TEP-FDG, (d) IRM.

Modalité	**Principe**	**Résolution**	**Radiations**	**Durée**	**Contraste tissus mous**
Radiographie	Rayons X	Moyenne	Oui	< 1 min	Faible
Scanner CT	Rayons X (coupes)	Très bonne (0,5 mm)	Oui	< 1 min	Moyen
TEP	Traceur radioactif	Faible (4–5 mm)	Oui	20–30 min	Fonctionnel
Échographie	Ultrasons	Moyenne	Non	Temps réel	Limité (adulte)
IRM	Champ magnétique	Bonne (1 mm)	Non	20–45 min	Excellent

TABLE 1.2 – Comparaison des principales modalités d'imagerie pour l'exploration cérébrale.

1.3.2 L'imagerie par résonance magnétique (IRM)

L'IRM est la modalité de référence pour le cerveau. Développée dans les années 1970, elle a changé la pratique de la neurologie. Son contraste entre les tissus mous est supérieur à toutes les autres modalités disponibles, et elle n'utilise ni rayons X ni traceurs radioactifs [14].

1.3.2.1 Principes physiques de l'IRM

Le corps humain est riche en eau et en graisses, donc en atomes d'hydrogène. Le noyau d'hydrogène, le proton, possède un spin, une propriété quantique qui lui donne un moment magnétique. Chaque proton est, en quelque sorte, un minuscule aimant [14].

Sans champ magnétique externe, ces moments magnétiques pointent dans toutes les directions. Leur somme est nulle. Mais quand le patient entre dans le tunnel de l'IRM, un

champ magnétique intense B_0 est appliqué, de 1,5 ou 3 Tesla en clinique. Pour donner un ordre d'idée, le champ magnétique terrestre est d'environ 50 microtesla, soit 60 000 fois plus faible [14].

Sous B_0, les protons s'alignent selon deux orientations : parallèle (basse énergie) ou antiparallèle (haute énergie). Un léger excès se place en parallèle, créant une aimantation macroscopique nette dans la direction de B_0. C'est cette aimantation qui fournira le signal [14].

Pour créer une image, il faut perturber cet équilibre. On envoie une impulsion de radiofréquence (RF) à la fréquence de Larmor, soit 42,58 MHz par Tesla pour l'hydrogène, environ 63,87 MHz à 1,5 T. L'impulsion bascule l'aimantation dans le plan transversal [15].

Quand l'impulsion s'arrête, les protons reviennent à l'équilibre. Ce retour produit un signal électromagnétique capté par des antennes autour de la tête. Le signal est la matière première de l'image [15].

Ce retour à l'équilibre suit deux mécanismes. La relaxation longitudinale (T1) : l'aimantation repousse dans la direction de B_0, avec un temps T1 qui varie entre 200 ms et 3 000 ms selon le tissu. La relaxation transversale (T2) : perte de cohérence entre les protons, avec un temps T2 plus court (20 ms à 2 000 ms). Ces constantes sont différentes d'un tissu à l'autre. C'est cette différence qui crée le contraste [15].

Pour savoir d'où vient le signal, on utilise des gradients de champ magnétique selon trois axes (x, y, z). Les gradients font varier légèrement le champ selon la position, donc la fréquence de résonance. Les données brutes sont collectées dans l'espace-k, puis transformées en image par transformée de Fourier [15]. La Figure 1.4 illustre ces quatre étapes.

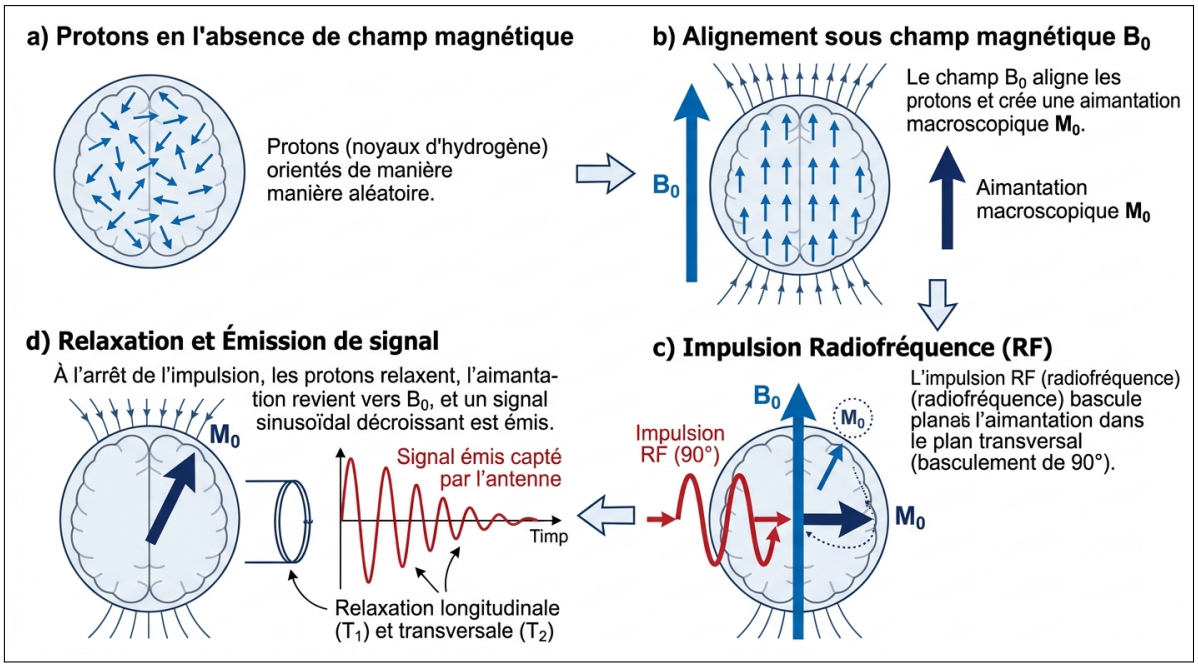


FIGURE 1.4 – Principe de fonctionnement de l'IRM. (a) Protons orientés aléatoirement, (b) alignement sous B_0, (c) basculement par impulsion RF, (d) relaxation et émission du signal.

1.3.2.2 Modalités IRM

En jouant sur les paramètres d'acquisition, notamment le temps de répétition (TR) entre deux impulsions RF et le temps d'écho (TE) entre l'impulsion et la mesure, on obtient des contrastes très différents [15].

Images T1 (TR court 400–600 ms, TE court 10–20 ms). La substance blanche apparaît claire (T1 court), la substance grise dans un gris intermédiaire, le LCR sombre (T1 long), la graisse brillante. C'est la pondération de choix pour l'anatomie. Avec injection de gadolinium, les zones où la barrière hémato-encéphalique est rompue, notamment autour des tumeurs malignes, apparaissent en hypersignal [15].

Images T2 (TR long 2 000–6 000 ms, TE long 80–120 ms). Contraste inversé : le LCR est brillant, la substance blanche plus sombre. Les lésions, œdèmes et zones inflammatoires contiennent plus d'eau et apparaissent en hypersignal. C'est la pondération la plus sensible aux pathologies [15].

FLAIR (*Fluid Attenuated Inversion Recovery*). Variante du T2 où le signal du LCR est supprimé par une impulsion d'inversion [16]. Les lésions près des ventricules, masquées par le LCR brillant en T2, deviennent visibles. La FLAIR est devenue un standard pour les lésions de la substance blanche et les tumeurs.

Diffusion. Cette séquence mesure le mouvement brownien des molécules d'eau. Dans

un tissu sain, l'eau diffuse librement. Dans une tumeur dense ou une zone d'ischémie, la diffusion est restreinte, et ces zones apparaissent en hypersignal. Le coefficient ADC (*Apparent Diffusion Coefficient*) quantifie cette restriction [16]. La diffusion a transformé la prise en charge des AVC : elle détecte l'ischémie en quelques minutes, alors que le scanner CT reste normal pendant des heures. La Figure 1.5 illustre ces quatre séquences sur un même patient.

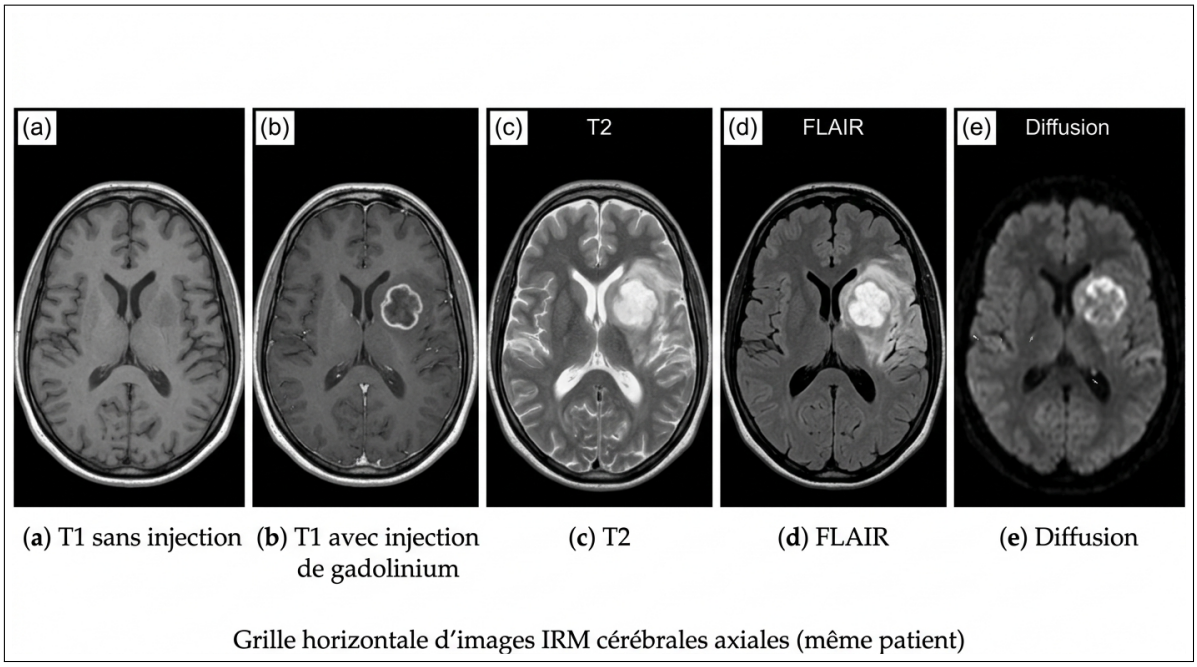


FIGURE 1.5 – Comparaison des séquences IRM sur un même patient présentant une tumeur cérébrale. (a) T1 sans injection, (b) T1 avec gadolinium, (c) T2, (d) FLAIR, (e) Diffusion.

Séquence	TR / TE	Substance blanche	Substance grise	LCR	Utilité principale
T1	Court / Court	Claire	Gris moyen	Sombre	Anatomie, post-contraste
T2	Long / Long	Sombre	Gris moyen	Brillant	Détection des lésions
FLAIR	Long / Long + TI	Sombre	Gris moyen	Sombre	Lésions périventriculaires
Diffusion	Variable	Variable	Variable	Variable	AVC aigu, cellularité tumorale

TABLE 1.3 – Caractéristiques des principales séquences IRM cérébrales.

1.3.2.3 Avantages de l'IRM pour l'exploration cérébrale

Pourquoi l'IRM est-elle la technique de choix pour le cerveau ? Le premier élément est le contraste. Le cerveau est composé presque exclusivement de tissus mous : substance grise, substance blanche et LCR. Le scanner CT les distingue mal. L'IRM, elle, les sépare nettement [14].

Pas de radiations ionisantes. Le champ magnétique et les ondes radio ne sont pas no-

cifs aux intensités cliniques. Un patient peut passer plusieurs IRM sans risque d'irradiation cumulative, ce qui est essentiel pour le suivi de patients atteints de tumeurs [14].

La flexibilité est un autre atout. L'IRM peut acquérir des images dans n'importe quel plan (axial, sagittal, coronal, oblique) sans repositionner le patient. Les séquences T1, T2, FLAIR, diffusion, perfusion et spectroscopie fournissent des informations complémentaires sur la nature des tissus [14].

Enfin, la résolution spatiale. Les appareils 3 T atteignent des voxels de l'ordre du millimètre cube, suffisants pour repérer des lésions de petite taille. Les séquences 3D permettent des reconstructions volumétriques du cerveau sous tous les angles [14].

1.3.2.4 Artefacts et limitations

L'IRM n'est pas parfaite. Les images peuvent être dégradées par plusieurs types d'artefacts, et il faut les connaître car ils compliquent l'analyse automatique autant que l'analyse humaine [17].

Les artefacts de **mouvement** sont les plus fréquents. Une acquisition IRM dure plusieurs minutes. Le moindre mouvement, même la respiration ou la déglutition, produit du flou ou des images fantômes. Avec les enfants, les patients agités ou douloureux, c'est un problème récurrent [17].

Le **bruit** est inévitable. Il vient des fluctuations thermiques dans les bobines et les tissus. Le rapport signal sur bruit (*Signal to Noise Ratio*, SNR) dépend de l'intensité du champ, de la taille du voxel et du nombre d'acquisitions moyennées. Un SNR trop faible rend les petites structures indiscernables [17].

Le **biais d'intensité** est un artefact plus insidieux. L'inhomogénéité du champ magnétique provoque une variation lente d'intensité à travers l'image. Le même tissu peut apparaître plus clair au centre qu'à la périphérie. Pour les algorithmes de segmentation qui supposent une intensité homogène par tissu, c'est un vrai problème [17].

Les artefacts de **susceptibilité magnétique** surviennent aux interfaces entre tissus aux propriétés magnétiques différentes, notamment aux interfaces os-air (sinus, base du crâne). Ils se traduisent par des distorsions et des pertes de signal locales, plus marquées à 3 T qu'à 1,5 T [17]. La Figure 1.6 montre ces quatre types d'artefacts sur des exemples réels.

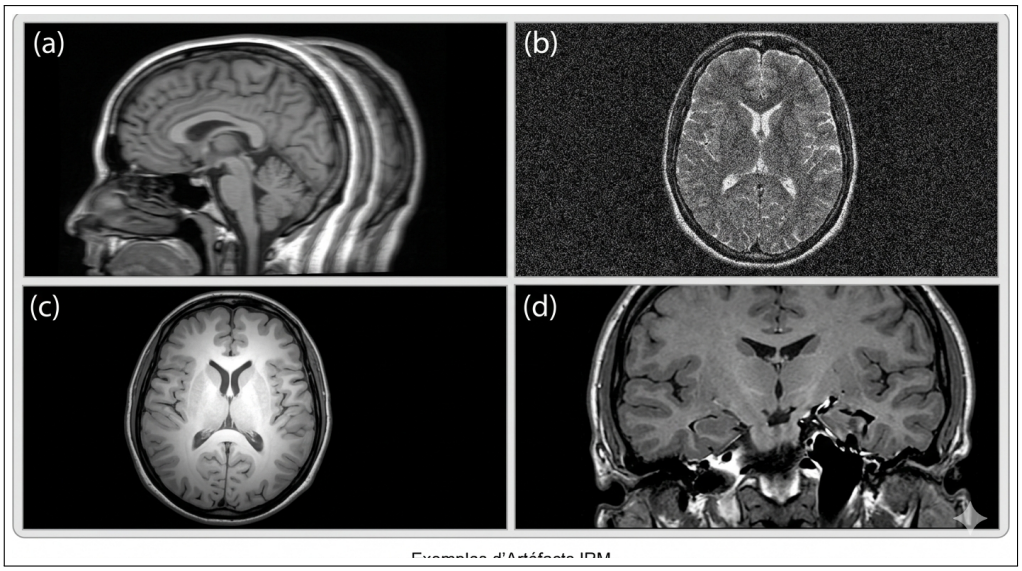


FIGURE 1.6 – Exemples d'artefacts en IRM cérébrale. (a) Artefact de mouvement, (b) bruit élevé (SNR faible), (c) biais d'intensité, (d) artefact de susceptibilité magnétique à la base du crâne.

1.3.3 Choix de l'IRM dans le cadre de ce travail

Nous travaillons exclusivement avec des images IRM dans cette thèse. Trois raisons guident ce choix. Le contraste entre tissus cérébraux est le meilleur parmi toutes les modalités disponibles, condition nécessaire pour repérer des anomalies subtiles. L'IRM constitue le standard d'évaluation du domaine. Travailler avec la même modalité que la majorité des travaux existants permet enfin une comparaison directe de nos résultats avec la littérature.

1.4 Les systèmes de diagnostic assisté par ordinateur (DAO)

Le diagnostic assisté par ordinateur (DAO) regroupe les outils informatiques qui analysent des images médicales pour aider le praticien à poser un diagnostic. Ces systèmes ne remplacent pas le radiologue : ils jouent le rôle de seconde lecture automatique. Le médecin garde la décision finale [5].

Les premiers systèmes DAO remontent aux années 1960. C'étaient des systèmes experts : des centaines de règles codées manuellement par des médecins. Efficaces sur les cas prévus, ils échouaient dès qu'un cas sortait du schéma attendu. Dans les années 1990–2000, l'apprentissage automatique (*machine learning*) a changé l'approche. Les modèles apprenaient à partir d'exemples plutôt que de règles. Depuis 2012, l'apprentissage profond (*deep learning*) s'est imposé, avec des performances qui égalent ou dépassent celles des experts sur certaines tâches [18].

Pour l'imagerie cérébrale, le besoin est concret. Un service de radiologie traite des di-

zaines d'IRM cérébrales par jour. La fatigue et la charge de travail entraînent des erreurs, jusqu'à 30 % de faux négatifs pour les petites lésions [4]. La variabilité inter-observateurs est aussi un problème documenté : deux radiologues expérimentés peuvent donner des évaluations différentes sur le même examen, notamment pour les lésions de faible contraste [19]. Les DAO offrent une analyse rapide, systématique et reproductible.

La chaîne de traitement d'un système DAO comprend quatre étapes séquentielles.

Le **prétraitement** nettoie l'image brute : réduction du bruit, correction du biais d'intensité, normalisation des niveaux de gris. Pour les IRM cérébrales, on y ajoute souvent l'extraction du cerveau (*skull stripping*), c'est-à-dire éliminer le crâne, la peau et les yeux pour ne garder que le parenchyme [5].

La **segmentation** délimite les régions d'intérêt. Elle peut séparer substance grise, substance blanche et LCR, ou directement identifier les zones suspectes. Les méthodes de segmentation, du seuillage simple à l'apprentissage profond, sont l'objet du Chapitre 2 [5, 18].

L'**extraction de caractéristiques** décrit numériquement les régions segmentées : texture (matrice de co-occurrence, motifs binaires locaux), forme (circularité, excentricité), intensité (moyenne, variance). Les réseaux de neurones profonds apprennent ces caractéristiques directement depuis les données brutes, sans extraction manuelle [5].

La **classification** produit la décision finale : normal ou anormal, bénin ou malin, grade tumoral. On obtient une sortie directement exploitable par le radiologue [5]. Ce pipeline est illustré en Figure 1.7.

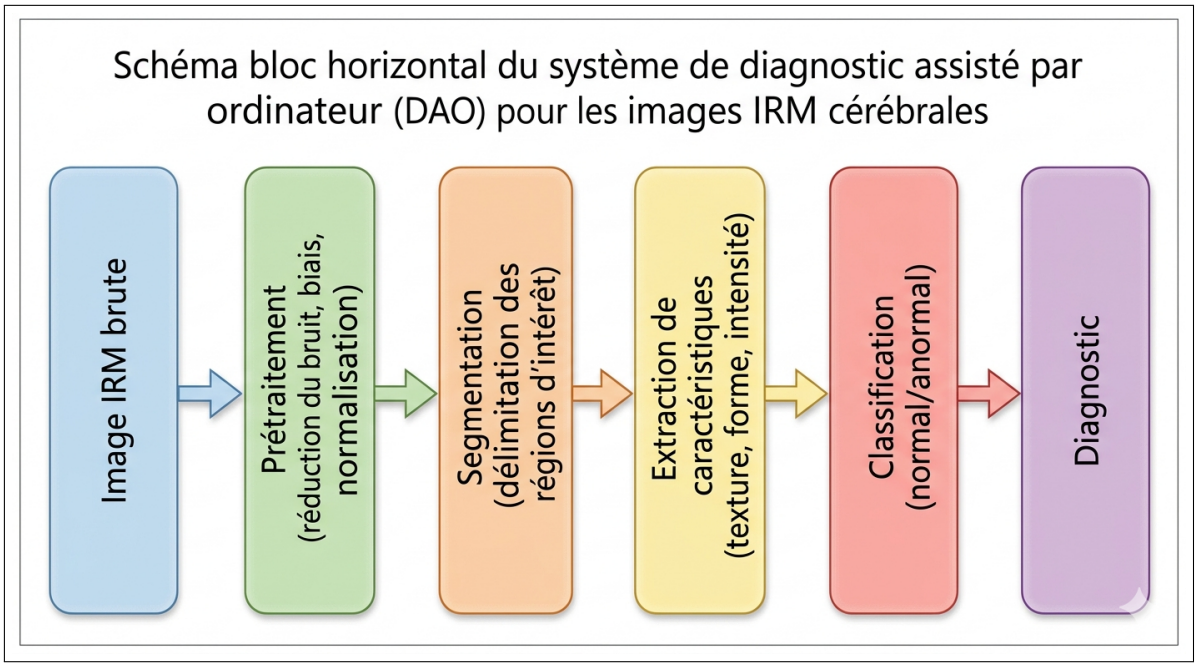


FIGURE 1.7 – Pipeline générique d'un système DAO appliqué aux images IRM cérébrales.

Les DAO actuels affichent des performances élevées sur les jeux de données publics : certains systèmes dépassent 98 % de précision sur des bases de données de référence [19]. Mais trois limites structurelles freinent leur déploiement clinique.

La **dépendance aux données annotées** est la première. Annoter une IRM cérébrale demande du temps et l'expertise d'un neuroradiologue. Les jeux de données disponibles restent de taille limitée. Un modèle entraîné sur quelques centaines d'examens peut ne pas se comporter de la même façon sur des images provenant d'un autre centre ou d'un autre appareil [18].

La **généralisation** est la deuxième. Un modèle entraîné sur un appareil 1,5 T peut mal fonctionner sur un appareil 3 T d'un autre constructeur. Les protocoles d'acquisition varient d'un site à l'autre, et le modèle peut ne pas avoir rencontré ces variations lors de l'entraînement [18].

L'**interprétabilité** est la troisième. Les réseaux profonds fonctionnent comme des boîtes noires : ils produisent un résultat sans expliquer pourquoi. En contexte clinique, un radiologue a besoin de comprendre le raisonnement avant de valider une décision médicale. Des méthodes d'explication, comme les cartes d'activation Grad-CAM (*Gradient-weighted Class Activation Mapping*) et les mécanismes d'attention, commencent à répondre à ce besoin, mais restent imparfaites [19].

1.5 Positionnement et objectifs de la thèse

Trois constats ressortent des sections précédentes. Les anomalies cérébrales touchent des centaines de milliers de personnes chaque année (321 000 nouveaux cas en 2022), et un diagnostic précoce améliore les chances de survie [1, 3]. L'IRM est la modalité de référence pour l'exploration cérébrale : contraste supérieur des tissus mous, absence de radiation ionisante, séquences complémentaires [14]. Les systèmes DAO aident les radiologues à analyser ces images, mais trois limites persistent : dépendance aux bases annotées, généralisation fragile d'un site à l'autre, et interprétabilité insuffisante [5, 18, 19].

Le problème est le suivant. Les méthodes classiques (seuillage, croissance de régions, contours actifs) sont légères et explicables, mais manquent de robustesse face à la variété des formes et des contrastes pathologiques. Les méthodes par apprentissage profond offrent de meilleures performances, mais elles fonctionnent comme des boîtes noires et exigent des milliers d'images annotées pour l'entraînement [18, 19]. Il faut donc une troisième voie : une

méthode statistique explicite, capable de signaler une anomalie sans avoir été entraînée à la reconnaître.

C'est ce que propose l'algorithme IBIGP. Son principe repose sur une observation simple : une zone anormale est, par définition, un événement rare dans le contexte d'un cerveau sain. Sa probabilité gaussienne est faible. En inversant cette probabilité, les zones anormales ressortent sur fond noir, visibles sans que l'algorithme ait jamais été entraîné à reconnaître une pathologie particulière. La méthode ne nécessite pas de données étiquetées, et chaque étape de son calcul est mathématiquement traçable.

Les objectifs de cette thèse sont les suivants :

1. **Décrire et formaliser l'algorithme IBIGP** : ses fondements probabilistes gaussiens, ses étapes de modélisation et de détection, et les paramètres qui contrôlent ses performances.
2. **Comparer IBIGP aux approches par apprentissage profond** : CNN-ResNet et U-Net, pour situer notre méthode par rapport à l'état de l'art.

1.6 Conclusion

Ce chapitre a établi le cadre dans lequel s'inscrit notre travail. Les anomalies cérébrales progressent souvent en silence : 321 000 nouveaux cas diagnostiqués en 2022, 248 000 décès [1]. Elles se manifestent tardivement, au moment où les traitements sont les moins efficaces [3]. L'IRM fournit les images les plus informatives pour les détecter, mais les artefacts et la charge de travail imposée aux radiologues rendent une aide automatisée nécessaire [14, 17].

Les systèmes DAO réduisent la variabilité et augmentent la sensibilité de la détection, mais leur dépendance aux données annotées et leur manque d'interprétabilité freinent leur adoption clinique [5, 18, 19]. IBIGP cherche à résoudre ces problèmes par une approche probabiliste, sans entraînement supervisé. Le chapitre suivant présente l'état de l'art des méthodes de détection d'anomalies dans les images IRM cérébrales, afin de situer notre contribution dans la littérature.

CHAPITRE 2

État de l'art sur la détection d'anomalies dans les images IRM cérébrales

Chapitre 2

État de l'art sur la détection d'anomalies dans les images IRM cérébrales

2.1 Introduction

La détection automatique d'anomalies dans les images IRM cérébrales est une priorité clinique. L'incidence croissante des tumeurs cérébrales, l'hétérogénéité des lésions et la charge de travail des radiologues créent un besoin réel de systèmes d'aide au diagnostic capables d'analyser chaque image de façon systématique et reproductible.

La littérature sur ce sujet est vaste. Dans une revue systématique couvrant la période 2020–2024, Bouhafra et El Bahi [20] ont recensé plus de 250 contributions sur la seule détection et classification de tumeurs cérébrales par apprentissage profond. Cette profusion reflète à la fois l'importance du problème et l'absence d'une solution universellement satisfaisante. Notre objectif ici n'est pas l'exhaustivité, mais la compréhension : pourquoi certaines approches ont émergé, ce qu'elles résolvent réellement, et ce qu'elles laissent en suspens.

Les méthodes proposées dans la littérature s'organisent en trois grandes familles. Les méthodes classiques de traitement d'images (seuillage, modèles statistiques, méthodes par régions et contours) ont dominé jusqu'aux années 2010. Elles exploitent les propriétés directes de l'image sans apprendre depuis des exemples. Les méthodes par apprentissage automatique ont suivi, en introduisant la capacité d'apprendre depuis des données annotées. Les méthodes par apprentissage profond ont ensuite automatisé l'ensemble du pipeline directement depuis les pixels et dominent la littérature récente.

Ce chapitre parcourt ces trois familles (sections 2.2 à 2.4), puis synthétise leurs performances, leurs limites et les lacunes qui motivent notre approche (section 2.5). La section 2.6 conclut ce panorama et annonce le positionnement de notre contribution.

2.2 Méthodes classiques de segmentation

Les méthodes classiques ne font pas appel à un apprentissage à partir de données annotées. Elles travaillent avec ce que l'image leur donne : des intensités, des gradients, des voisinages.

2.2.1 Techniques de seuillage

Le seuillage est l'une des méthodes les plus anciennes pour segmenter une image médicale. Le principe est simple : on fixe une valeur seuil, et chaque pixel dont l'intensité dépasse ce seuil est classé comme tissu anormal ; les autres appartiennent au tissu sain [21]. Aucun apprentissage n'est requis. Trois variantes coexistent. Le seuillage global calcule un seul seuil pour toute l'image. La méthode d'Otsu automatise ce choix en maximisant la variance entre les deux classes : fond et objet [21]. Le seuillage local divise l'image en sous-régions et calcule un seuil propre à chacune, ce qui améliore la robustesse aux inhomogénéités d'intensité. Le seuillage par histogramme s'appuie sur les pics de la distribution pour déterminer les seuils.

Plusieurs travaux ont appliqué ces méthodes à l'IRM cérébrale. Dvořák et al. [22] combinent une analyse de symétrie multi-résolution avec le seuillage d'Otsu sur des images T2-W et FLAIR du jeu BRATS. Sur 357 coupes axiales et 443 coupes coronales, la méthode atteint 91,15 % de détection et 95 % d'extraction. Ilhan et Ilhan [23] proposent un seuil calculé à partir de la somme des valeurs uniques de pixels, en excluant le fond noir. Évalués sur 100 images issues de TCIA, ils obtiennent 96 % de précision, 94,28 % de sensibilité et 100 % de spécificité, contre 84,72 % pour Otsu seul sur le même jeu. Koley et al. [24] combinent un seuil d'entropie rugueuse avec une forêt aléatoire pour identifier quatre types tumoraux (glioblastome, métastase, méningiome, granulome) sur des images CE-T1W. Saad et al. [25] appliquent le seuillage sur des images de diffusion pondérée pour segmenter les lésions cérébrales.

Ces résultats montrent que le seuillage peut atteindre une bonne précision dans des conditions favorables. La méthode reste cependant fragile sur les images IRM. Le cerveau produit des histogrammes d'intensité multimodaux (substance grise, substance blanche, LCR, tissu tumoral) qui rendent le seuillage global peu fiable [21]. Le biais d'intensité et le bruit de fond dégradent encore les résultats. En pratique, le seuillage sert rarement seul : il intervient comme première étape dans un pipeline plus élaboré, souvent combiné à des opérations mor-

phologiques ou à un classifieur [25].

2.2.2 Techniques statistiques

Les techniques statistiques modélisent la distribution des intensités par des lois de probabilité, puis séparent les classes de tissus en fonction de ces modèles [26]. Trois approches dominent : les champs de Markov aléatoires, les modèles de mélange gaussien et l'algorithme d'espérance-maximisation.

Les champs de Markov aléatoires (*Markov Random Field*, MRF) ajoutent une contrainte spatiale explicite : un pixel a plus de chances d'appartenir à la même classe que ses voisins [27]. Cette propriété améliore la robustesse au bruit par rapport au seuillage ou à la segmentation pixel par pixel. En contrepartie, l'inférence exacte est coûteuse sur des volumes de grande taille, et des approximations sont nécessaires.

Les modèles de mélange gaussien (*Gaussian Mixture Model*, GMM) supposent que chaque classe de tissu suit une distribution gaussienne, et que l'image est un mélange de ces distributions. L'algorithme d'espérance-maximisation (*Expectation-Maximization*, EM) estime itérativement les paramètres de ce mélange : moyenne, variance et proportion de chaque composante [26]. L'initialisation influence le résultat, et rien ne garantit la convergence vers l'optimum global.

Donoso et al. [28] introduisent ETM, une variante simplifiée de l'EM qui intègre les relations spatiales entre pixels voisins via un modèle de mélange à distribution gaussienne. Évalués sur 32 images T1-W avec contraste de gadolinium, ETM surpasse les méthodes de référence (EM classique, FCM, croissance de régions, algorithmes génétiques) avec 95,13 % de précision de segmentation.

Ji et al. [29] proposent SCGAGMM, un modèle asymétrique avec contrainte spatiale qui gère le fait que les distributions d'intensité des tissus cérébraux ne sont pas toujours symétriques. Évalué sur des images T1-W, T2-W et PD issues de BrainWeb et IBSR, SCGAGMM obtient des coefficients de Dice de 86,91 % pour la substance grise et 86,78 % pour la substance blanche. Il dépasse quatre méthodes de référence (SCGM-EM, FRSCGMM, BAMM, BGGMM). Sa limite principale reste la difficulté à déterminer automatiquement le nombre de composantes gaussiennes selon le tissu analysé.

Les méthodes statistiques sont plus solides que le seuillage : elles tiennent compte de la distribution complète des intensités et gèrent les chevauchements entre classes. Mais elles

reposent sur des hypothèses distributionnelles. Si la distribution réelle ne correspond pas au modèle supposé, les résultats se dégradent [27]. Pour des tumeurs de forme irrégulière ou peu contrastées, ces modèles montrent leurs limites.

2.2.3 Techniques par régions et contours

Deux familles complémentaires abordent la segmentation sous des angles opposés : les méthodes par régions regroupent les pixels semblables, les méthodes par contours cherchent les frontières entre régions différentes.

2.2.3.1 Croissance de régions

la méthode part d'un pixel germe et agrège les pixels voisins qui satisfont un critère de similarité d'intensité. Elle itère jusqu'à ce qu'aucun voisin ne remplisse plus la condition. Salman et al. [30, 31] l'ont appliquée à la mesure semi-automatique de volumes tumoraux sur des IRM cérébrales. Le défaut classique est la sur-segmentation : si le critère est trop lâche, la région déborde sur les tissus sains adjacents.

2.2.3.2 Ligne de partage des eaux (Watershed)

cette technique traite l'image de gradient comme un relief topographique : les bassins correspondent aux régions homogènes et les crêtes aux frontières. Le watershed non contrôlé sur-segmente quasi-systématiquement car les petites variations locales d'intensité créent de nombreux minima parasites. Pandav [32] propose une version contrôlée par marqueurs (MCWS) qui impose des germes dans chaque région d'intérêt pour contenir ce problème. Kaus et al. [33] combinent watershed et classification guidée par atlas pour une segmentation entièrement automatique sur des images T1-W.

2.2.3.3 Contours actifs et modèles déformables

ces méthodes définissent une courbe initiale et la font évoluer sous l'effet de forces internes (régularité) et externes (gradient d'intensité de l'image) jusqu'à épouser les frontières de l'objet [34]. La méthode Level Set représente la courbe implicitement comme la ligne de niveau d'une fonction scalaire, ce qui gère naturellement les changements de topologie : une courbe peut se scinder ou fusionner sans intervention externe [35]. Cette flexibilité est utile pour les tumeurs de forme irrégulière. Li et al. [35] proposent une formulation variationnelle qui élimine l'étape coûteuse de réinitialisation du level set classique, améliorant la stabilité

numérique sur les volumes IRM.

Rajendran et Dhanasekaran [36] combinent le clustering flou adaptatif EPFCM (*Enhanced Possibilistic Fuzzy C-Means :*) avec un modèle déformable paramétrique à champ de vecteurs gradient (GVF). EPFCM fournit une segmentation initiale que le modèle déformable affine en gérant les problèmes d'initialisation et de capture des frontières floues. Évalués sur 10 images CE-T1W et 5 images FLAIR, les résultats atteignent un indice de similarité moyen de 95,3 % et un indice de Jaccard de 82,1 %.

Le problème commun à ces techniques est leur dépendance aux frontières nettes. En IRM cérébrale, les tumeurs sont souvent peu contrastées par rapport aux tissus adjacents. Une initialisation manuelle du germe ou du contour reste fréquemment nécessaire, ce qui limite l'automatisation complète [33].

Sous-famille	**Méthodes représentatives**	**Avantages**	**Limites**
Seuillage	Otsu [27], seuillage adaptatif local [28]	Simple, rapide, sans paramètre d'apprentissage	Sensible au bruit, ignore le contexte spatial
Statistiques	GMM+EM [30], MRF [31], HMRF-EM [32]	Modèle probabiliste, robuste aux inhomogénéités	Coûteux en calcul, initialisations critiques
Régions	Croissance de région [33], ligne de partage des eaux [34]	Segmentation connexe, contrôle par germe	Fuite aux frontières floues, sursegmentation
Contours	Level set [35], GVF+EPFCM [36]	Gère les formes irrégulières	Initialisation manuelle, nécessite des contours nets

TABLE 2.1 – Synthèse comparative des méthodes classiques de segmentation d'images IRM cérébrales.

2.3 Méthodes par apprentissage automatique

Avec les méthodes d'apprentissage automatique, on passe d'une logique de règles à une logique d'exemples. Les algorithmes apprennent à reconnaître les tissus à partir de données étiquetées ou non. Cela améliore la robustesse face à la variabilité des images IRM.

2.3.1 Approches par clustering

Le clustering regroupe les pixels en classes sans utiliser d'étiquettes. C'est de l'apprentissage non supervisé : aucune segmentation manuelle n'est requise en entrée.

L'algorithme K-Means partitionne l'image en K groupes en minimisant la distance entre chaque pixel et le centroïde de sa classe. En IRM cérébrale, $K = 3$ est courant pour séparer substance blanche, substance grise et LCR. La méthode est rapide, mais elle est sensible

à l'initialisation des centroïdes et au choix de K. Un mauvais K donne une segmentation incorrecte quelle que soit la qualité de l'image.

Le *Fuzzy C-Means* (FCM) apporte une nuance utile : chaque pixel reçoit un degré d'appartenance à chaque classe plutôt qu'une affectation binaire [37]. Un pixel à la frontière entre substance blanche et substance grise peut appartenir partiellement aux deux. Cela reflète mieux l'ambiguïté inhérente aux images IRM. Ahmed et al. [38] intègrent la correction du biais d'intensité directement dans la boucle FCM, ce qui permet de segmenter les tissus (WM, GM, CSF) et de corriger les inhomogénéités de champ en une seule passe sur des images T1-W. Cai et al. [37] proposent une variante plus rapide et plus robuste au bruit en intégrant une information de voisinage local dans la fonction objectif du FCM. Vishnuvarthanan et al. [39] étendent ces approches à la détection de tumeurs sur des images T1 par une méthode entièrement non supervisée combinant clustering et analyse de texture.

Le principal avantage de ces méthodes est l'absence d'annotations : aucun expert ne doit dessiner des masques de segmentation. La faiblesse principale est l'absence de contrainte spatiale explicite. Un pixel est affecté uniquement selon son intensité, indépendamment de ses voisins et de la forme globale de la lésion [38]. Pour les tumeurs dont le signal est proche du tissu sain environnant, cette approche manque de précision.

2.3.2 Classificateurs classiques (SVM, KNN, réseaux de neurones)

Les classifieurs supervisés fonctionnent en deux temps : extraire des caractéristiques numériques de l'image (intensité, texture, forme), puis apprendre une règle de décision à partir d'exemples étiquetés. Le résultat dépend directement de la qualité des caractéristiques choisies.

La machine à vecteurs de support (*Support Vector Machine*, SVM) cherche l'hyperplan qui sépare les classes avec la marge maximale dans l'espace des caractéristiques [40]. Elle gère bien les problèmes à hautes dimensions et reste robuste quand le nombre d'exemples d'entraînement est limité, ce qui est fréquent en imagerie médicale. Clarke [41] est l'un des premiers à appliquer un réseau de neurones artificiel pour segmenter automatiquement des tumeurs de type GBM en IRM multi-séquences. Cette approche pionnière a ouvert la voie aux méthodes supervisées en neuroimagerie.

Maitra et Chatterjee [42] proposent un système basé sur la transformée en slantlets combinée à un réseau de neurones. Ils exploitent six positions spatiales de coefficients de la trans-

formée comme descripteurs, ce qui produit un vecteur de caractéristiques compact. Évaluée sur 75 images T2-W issues de Harvard Medical School (39 cerveaux normaux et 36 patients atteints de la maladie d'Alzheimer), la méthode atteint 100 % de précision de classification.

El Dahshan et al. [43] comparent deux architectures sur une pipeline en trois étapes (extraction de caractéristiques, réduction de dimension par PCA, classification) : un réseau à rétropropagation (FP-ANN) et un algorithme des K plus proches voisins (KNN). Le FP-ANN atteint 97 % de succès et le KNN 98 % pour identifier les tissus anormaux sur des images T1-W, T2-W et PD.

La limite commune de ces classifieurs est l'ingénierie manuelle des caractéristiques. Si les descripteurs choisis ne capturent pas les propriétés discriminantes de la lésion, aucun algorithme ne peut compenser. Ce choix reste le point critique du pipeline et son principal goulot d'étranglement [40].

2.3.3 Approches hybrides

Les approches hybrides combinent deux méthodes ou plus en séquence pour compenser les faiblesses de chacune. Le schéma le plus courant enchaîne une segmentation non supervisée (clustering ou seuillage) et une classification supervisée, tirant parti de la rapidité du clustering pour l'initialisation et de la précision du classifieur pour la décision finale.

Abdel-Maksoud et al. [44] proposent KIFCM, qui intègre K-Means et FCM dans une même boucle : K-Means réduit le temps de calcul en initialisant les centroïdes, puis FCM affine la segmentation par degrés d'appartenance flous. Évalué sur trois bases (DICOM 22 images, BrainWeb 152 images, BRATS 81 images), KIFCM atteint respectivement 90,5 %, 100 % et 100 % de précision en réduisant le nombre d'itérations par rapport au FCM seul.

Chaplot et al. [45] combinent la décomposition en ondelettes avec une classification par SOM puis SVM sur 52 images T2-W. L'extraction de caractéristiques par ondelettes fournit une représentation multi-résolution de la texture cérébrale. Le SOM initial réduit la dimensionnalité avant la classification SVM finale. Les résultats dépassent 94 % pour le SOM et 98 % pour le SVM sur un ensemble normal/Alzheimer.

Kharrat et al. [46] ajoutent une étape d'optimisation par algorithme génétique (GA) pour sélectionner les caractéristiques de texture les plus discriminantes (SGLDM) avant la classification SVM. Sur 83 images issues de Harvard Medical School couvrant des tumeurs bénignes et malignes (gliome bas grade, méningiome, glioblastome, sarcome), la méthode

atteint 94,44–98,14 % de précision et 91,9–97,3 % de sensibilité.

Al-Dmour et Al-Ani [47] proposent une fusion de résultats de clustering : plusieurs algorithmes de segmentation sont appliqués en parallèle et leurs sorties fusionnées pour produire une segmentation plus robuste des tissus cérébraux sur des images multi-séquences.

Ces résultats montrent que les approches hybrides dépassent généralement les méthodes isolées. Leur limite principale est la complexité croissante du pipeline : chaque étape supplémentaire introduit des hyperparamètres à régler et réduit la reproductibilité. Par ailleurs, les représentations construites manuellement (ondelettes, SGLDM) restent moins riches que celles apprises automatiquement par les réseaux profonds [40].

Sous-famille	**Méthodes représentatives**	**Performance**	**Avantages**	**Limites**
Clustering	K-Means, FCM [37], BCFCM [38], FCM voisinage [39]	N/R	Sans annotation manuelle, rapide	Sensible au choix de K, pas de contrainte spatiale
Classifieurs	SVM [40], ANN+slantlets [42], FP-ANN / KNN [43]	97–100 %	Robuste aux petits jeux de données	Ingénierie manuelle des caractéristiques
Hybrides	KIFCM [44], ondelettes+SVM [45], GA+SVM [46]	94–100 %	Compensent mutuellement les faiblesses	Pipeline complexe, nombreux hyperparamètres

TABLE 2.2 – Synthèse comparative des méthodes par apprentissage automatique pour la détection d'anomalies IRM cérébrales.

2.4 Méthodes par apprentissage profond

Depuis 2015, les méthodes d'apprentissage profond ont transformé la détection d'anomalies dans les images IRM cérébrales. Contrairement aux méthodes classiques, les réseaux profonds apprennent simultanément les représentations discriminantes et la règle de décision, directement depuis les pixels bruts.

2.4.1 Auto-encodeurs et approches non supervisées

Le principe des auto-encodeurs repose sur deux phases. L'encodeur compresse l'image vers une représentation de faible dimension. Le décodeur reconstruit l'image depuis cette représentation comprimée [48]. Hinton et Salakhutdinov ont montré que ce mécanisme permet d'apprendre des représentations non linéaires pertinentes sans étiquettes. Pour la détection

d'anomalies cérébrales, la stratégie est la suivante : entraîner le réseau uniquement sur des images de cerveaux sains. Le réseau apprend à reconstruire l'anatomie normale. Face à une image pathologique, il ne sait pas reproduire la lésion ; l'erreur de reconstruction dans la zone anormale révèle alors l'anomalie.

Bashir-Gonbadi et Khotanlou [49] proposent un auto-encodeur convolutif profond multi-tâche pour la classification des tumeurs cérébrales. Le nombre de couches cachées est déterminé automatiquement selon la taille de l'entrée. Sur les jeux Figshare et Kaggle, le modèle atteint 97 % de précision. Waghere et Shinde [50] introduisent un auto-encodeur dense avec double mécanisme d'attention : une attention basée sur les caractéristiques et une autre basée sur les coupes. Cette architecture focalise l'encodage sur les régions cérébrales les plus discriminantes et atteint 97,28 % de précision sur 3046 images Figshare (T1-CE). Raja [51] combine un auto-encodeur profond avec un clustering flou bayésien (BFC) et l'algorithme d'optimisation Jaya. Le BFC fournit la segmentation initiale, l'auto-encodeur encode les régions segmentées, et la régression softmax produit la décision finale : 99,74 % de précision sur BRATS 2020.

L'avantage principal de ces approches est l'absence d'annotations des zones pathologiques : seules des images saines suffisent pour l'entraînement. Leur limite est que le réseau peut parfois généraliser trop bien et reconstruire correctement l'anomalie, effaçant son signal dans la carte d'erreur [49]. La sensibilité reste aussi plus faible pour les lésions discrètes.

2.4.2 Réseaux de neurones convolutifs (CNN)

Le réseau de neurones convolutif (*Convolutional Neural Network*, CNN) est l'architecture fondatrice de l'apprentissage profond pour les images. Krizhevsky et al. [52] ont montré en 2012 qu'un CNN profond entraîné sur GPU surpasse toutes les méthodes de l'état de l'art en classification d'images naturelles, ouvrant la voie à une décennie d'applications médicales. Le principe repose sur des couches de convolution qui extraient des caractéristiques locales à différentes échelles, des couches de pooling qui réduisent la dimension spatiale, et des couches entièrement connectées qui produisent la décision finale.

Deux innovations architecturales ont permis d'aller plus profond. He et al. [7] introduisent les connexions résiduelles (ResNet) : chaque bloc apprend la différence par rapport à l'identité, ce qui élimine la disparition du gradient dans les réseaux très profonds. Huang et al. [53] proposent DenseNet, où chaque couche reçoit en entrée les cartes de caractéristiques

de toutes les couches précédentes, réduisant fortement le nombre de paramètres.

Pour la classification, les CNN atteignent des performances élevées. Hammad et al. [54] proposent un CNN léger de bout en bout pour la classification binaire (tumeur ou normal) et multi-classe (méningiome, gliome, adénome hypophysaire). Entraîné sur deux bases publiques (Figshare et Kaggle, 17 556 images T1-CE), le modèle atteint 98,8 % de précision et 97,8 % sur BraTS. Kesav et Jibukumar [55] utilisent un CNN à deux canaux combiné à VGG16 pour distinguer gliome et cerveau sain : la double voie d'entrée extrait simultanément des caractéristiques locales (7×7) et globales (13×13), atteignant 100 % de précision sur Figshare et 97,8 % sur BraTS.

Pour la segmentation, U-Net de Ronneberger et al. [6] est devenu le standard en imagerie médicale. Sa structure encodeur-décodeur avec connexions de saut (*skip connections*) préserve les détails spatiaux fins tout en exploitant le contexte global. Elle permet une segmentation pixel par pixel sans perdre la localisation fine des structures. Des variantes récentes comme MDFU-Net [20] intègrent des convolutions dilatées multi-échelles pour traiter des données hétérogènes.

Les CNN exigent des bases de données annotées de grande taille et des ressources GPU importantes pour l'entraînement. Ils fonctionnent comme des boîtes noires : ils produisent un résultat sans expliquer quelles caractéristiques ont guidé la décision, ce qui reste un frein dans le contexte du diagnostic médical [52].

La figure 2.1 compare une architecture de CNN classique, utilisée pour la classification, à l'architecture U-Net, conçue spécifiquement pour la segmentation d'images grâce à sa structure symétrique et ses connexions de saut.

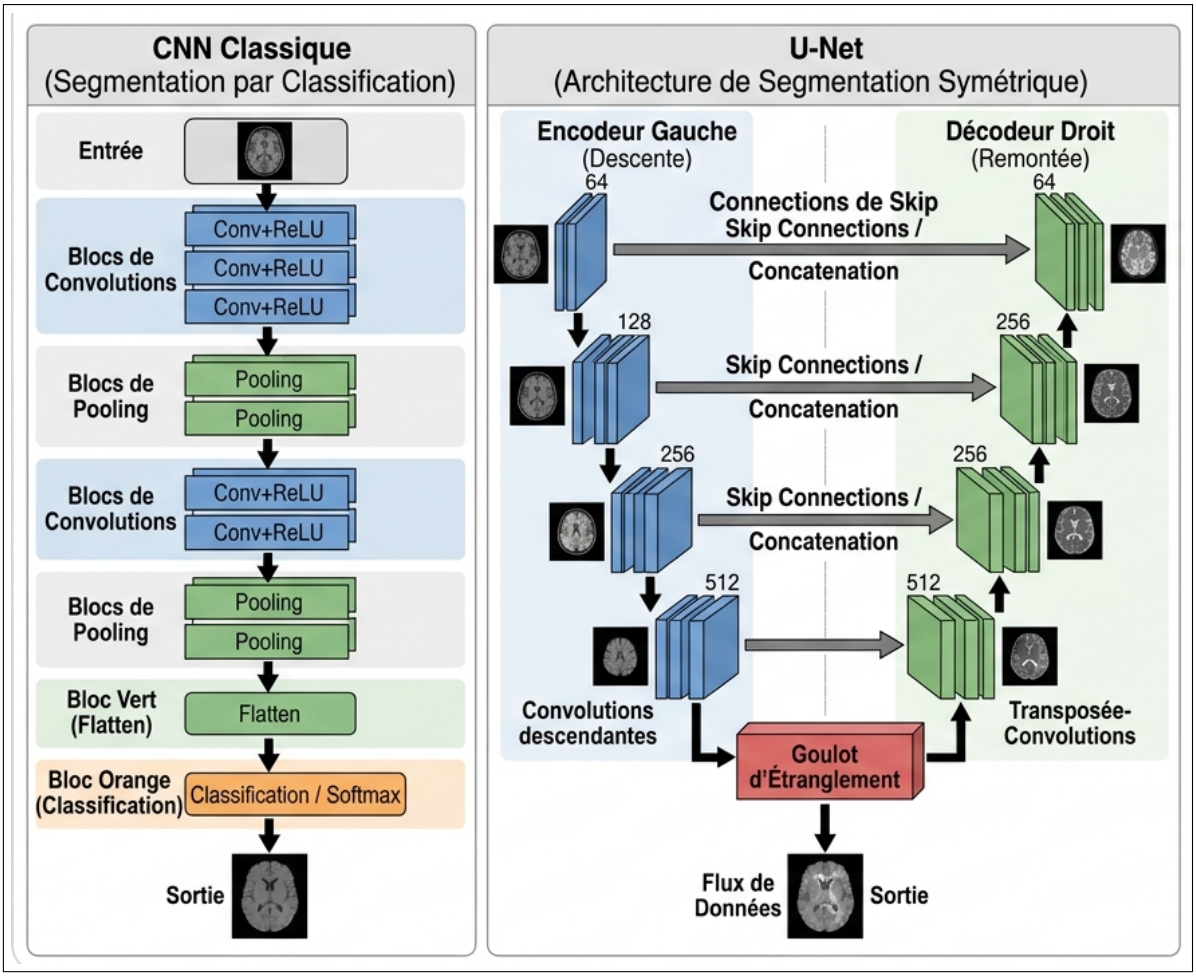


FIGURE 2.1 – Comparaison de trois architectures CNN pour la segmentation d'images IRM cérébrales : CNN classique, U-Net.

2.4.3 Approches récentes

Deux directions nouvelles dominent la littérature depuis 2020 : le transfert d'apprentissage et les architectures basées sur les mécanismes d'attention.

2.4.3.1 Transfert d'apprentissage

Les CNN pré-entraînés sur de grandes bases d'images naturelles (ImageNet) sont adaptés aux images médicales par un affinage fin sur les données IRM. Cette approche compense le manque de données annotées. Khan et al. [56] fusionnent 23 couches convolutives avec un backbone VGG16 pré-entraîné pour pallier le surapprentissage sur un petit dataset de 152 images IRM : 100 % de précision sur Figshare et 97,8 % sur BraTS.

2.4.3.2 Vision Transformers

L'architecture Transformer a été adaptée à la vision par Dosovitskiy et al. [57], à partir des travaux de Vaswani et al. [58] sur le traitement du langage naturel. Au lieu de convolutions locales, le Vision Transformer (ViT) découpe l'image en patchs et applique un mécanisme d'auto-attention globale : chaque patch peut interagir directement avec tous les autres, sans contrainte de voisinage. Cela permet de capturer des dépendances à longue portée, utiles pour des lésions dispersées ou hétérogènes. Jun et Zheng [59] combinent un mécanisme d'attention guidé avec un réseau multi-chemin : 98,61 % de précision sur 3064 images Figshare.

2.4.3.3 Architectures hybrides CNN-Transformer

Wang et al. [60] proposent TransBTS, où l'encodeur 3D CNN extrait des caractéristiques volumétriques, puis deux blocs Transformer exploitent les dépendances globales entre voxels. Sur BraTS 2019 et BraTS 2020, TransBTS obtient un coefficient Dice de 90,09 %.

Ces avancées convergent vers un constat : ni les CNN purs ni les Transformers purs ne dominent universellement. Les meilleures performances s'obtiennent par des architectures hybrides [60]. La limite fondamentale reste l'accès à des bases annotées volumineuses : les modèles les plus performants exigent des milliers d'images avec masques de segmentation [56].

Sous-famille	**Méthodes représentatives**	**Tâche**	**Performance**	**Limites**
Auto-encodeurs	CAE multi-tâche [49], AE+attention [50], AE+BFC [51]	Classification	97–99,7 %	Peut reconstruire l'anomalie ; sensibilité réduite aux lésions discrètes
CNN	U-Net [6], ResNet [7], DenseNet [53], CNN léger [54]	Classif. / Segm.	98–100 %	Boîte noire, grandes bases annotées requises
Transfert	VGG16 affiné [56]	Classification	97,8–100 %	Domaine source (ImageNet) différent de l'IRM
Transformers	ViT [57], TransBTS [60], CNN-Trans [59]	Classif. / Segm.	90–99 %	Très gourmand en données annotées

TABLE 2.3 – Synthèse comparative des méthodes par apprentissage profond pour la détection d'anomalies IRM cérébrales.

Avant de passer à la synthèse, la Figure 2.2 donne une vue d'ensemble des trois familles parcourues dans ce chapitre. On y retrouve les méthodes classiques, l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond, avec leurs principales variantes. Cette carte servira de repère pour situer les comparaisons qui suivent.

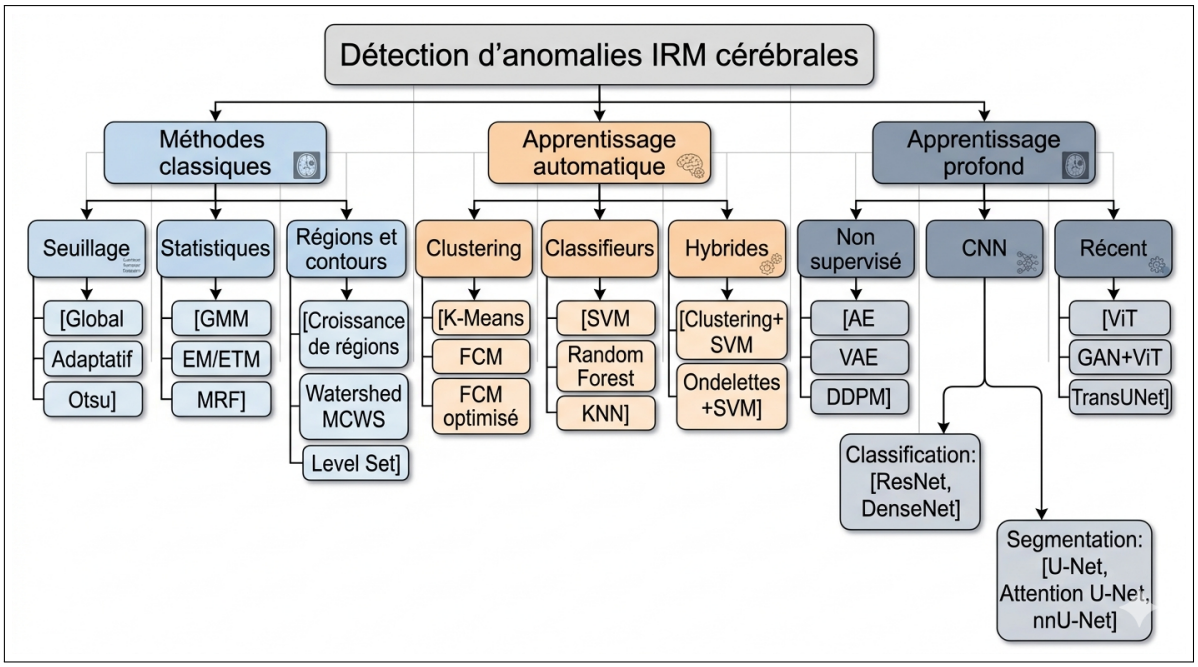


FIGURE 2.2 – Classification hiérarchique des techniques de détection d'anomalies dans les images IRM cérébrales, regroupées en méthodes classiques, apprentissage automatique et apprentissage profond.

La figure 2.3 illustre l'évolution temporelle des méthodes d'analyse d'images médicales, montrant la transition des méthodes classiques vers la dominance actuelle de l'apprentissage profond (Deep Learning), avec l'émergence de modèles de plus en plus sophistiqués comme les Transformers (ViT) et les modèles de diffusion (DDPM).

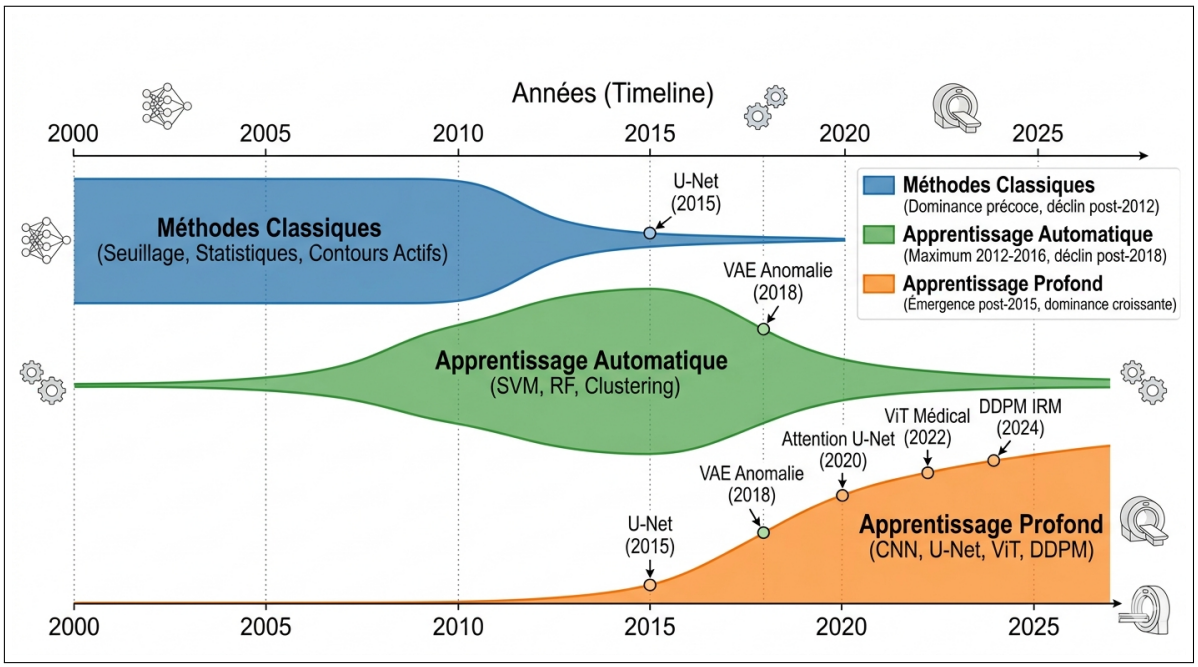


FIGURE 2.3 – Évolution chronologique des méthodes de détection d'anomalies IRM cérébrales.

2.5 Synthèse comparative et limites

Les sections précédentes ont présenté les méthodes famille par famille. Trois observations transversales se dégagent :

1. Chaque génération a résolu les limites de la précédente au prix de nouvelles contraintes, les méthodes classiques sont rapides et n'exigent aucune annotation, mais échouent dès que les frontières sont floues [26]. Le passage aux méthodes par apprentissage automatique a introduit la capacité d'apprendre depuis des exemples, au prix d'une ingénierie manuelle des caractéristiques [40]. Le passage à l'apprentissage profond a automatisé cette extraction directement depuis les pixels, au prix d'une dépendance à des bases de données volumineuses et annotées [52].
2. Les performances sur les benchmarks progressent régulièrement, les méthodes classiques atteignaient 80–95 % de précision sur des datasets restreints [21]. Les classifieurs ML ont poussé cette barre à 97–100 % [43]. Les CNN récents et les architectures hybrides CNN-Transformer atteignent 98–100 % en classification et 88–90 % de Dice en segmentation sur BraTS [55, 60].
3. Aucune architecture ne domine universellement, les performances varient selon le type de tumeur, la modalité IRM, la taille du dataset et le protocole d'acquisition. Bouhafra et El Bahi [20] notent que parmi 60 articles DL publiés entre 2020 et 2024, les résultats les plus élevés sont presque toujours obtenus sur des datasets fermés et homogènes.

Trois problèmes restent insuffisamment résolus :

1. **dépendance aux annotations** : Les méthodes les plus performantes (CNN, U-Net, Transformers) requièrent des segmentations manuelles pixel par pixel. Ces annotations exigent l'intervention d'un neuroradiologue expert et sont coûteuses à produire. Les approches non supervisées (auto-encodeurs) tentent de contourner ce problème, mais leur sensibilité reste inférieure pour les lésions discrètes [49].
2. **généralisation inter-sites**. Un réseau entraîné sur les images d'un centre hospitalier peut échouer sur des images d'un autre centre, d'un autre constructeur ou d'un autre protocole d'acquisition [56]. La variabilité intra- et inter-sites est une réalité clinique que les benchmarks standardisés masquent.

3. **détection des anomalies subtiles**, celles dont les modifications tissulaires sont encore trop faibles pour être visibles à l'œil nu. La majorité des travaux évaluent leurs méthodes sur des tumeurs développées, volumineuses et bien délimitées. Les lésions naissantes, qui n'occupent que quelques pixels dans l'image, restent un angle mort de la littérature [21]. Une méthode capable de modéliser précisément la distribution des intensités normales et de quantifier la déviation de chaque pixel par rapport à cette distribution répondrait à cette lacune sans nécessiter de grandes bases annotées.

2.6 Conclusion

Ce chapitre a parcouru les principales familles de méthodes proposées pour la détection automatique d'anomalies dans les images IRM cérébrales. Les méthodes classiques (seuillage, modèles statistiques, croissance de régions, contours actifs) ont établi les bases conceptuelles. Elles sont rapides, interprétables et ne nécessitent aucune annotation. Leur performance se dégrade cependant dès que les images deviennent complexes : biais de champ, bruit, hétérogénéité tumorale [26].

L'apprentissage automatique a permis aux algorithmes d'apprendre depuis des exemples. Les classifieurs comme le SVM [40] ou les approches hybrides [44] améliorent les performances, mais restent tributaires d'une extraction manuelle de caractéristiques. L'apprentissage profond a résolu ce problème en automatisant cette extraction directement depuis les pixels. U-Net [6], ses variantes, et les architectures CNN-Transformer [60] obtiennent les meilleurs résultats sur les jeux de données publics. Mais ils exigent des milliers d'images annotées, des ressources GPU importantes, et restent mal adaptés aux anomalies précoces et aux données hors-distribution.

Les trois lacunes identifiées en section 2.5 constituent notre point de départ. Il faut y ajouter une contrainte pratique : les réseaux récents exigent des GPU puissants et de longues heures d'entraînement que tous les centres hospitaliers ne peuvent pas fournir. Le chapitre 3 présente l'algorithme IBIGP, qui répond à ces limites sur plusieurs plans : il s'affranchit des données annotées, travaille directement sur la structure statistique locale de l'image, et s'exécute sur du matériel ordinaire.

CHAPITRE 3

Méthodologie proposée

Chapitre 3

Méthodologie proposée

3.1 Introduction

Le chapitre précédent a montré que les méthodes existantes de détection d'anomalies dans les images IRM cérébrales se répartissent en trois familles. Les méthodes classiques sont rapides et n'exigent aucune donnée annotée, mais elles peinent dès que les anomalies sont subtiles ou peu contrastées. Les méthodes par apprentissage automatique améliorent les performances, au prix d'une extraction manuelle de caractéristiques. Les méthodes par apprentissage profond donnent les meilleurs résultats sur les grandes bases de données publiques, mais elles nécessitent des milliers d'images annotées par des experts, un GPU puissant et un temps d'entraînement significatif. La synthèse comparative a mis en évidence un angle mort commun à la majorité des travaux : la détection des anomalies subtiles, celles qui sont encore invisibles à l'oeil nu et qui précèdent les lésions visibles. C'est précisément là que les méthodes les plus performantes montrent leurs limites.

Notre contribution dans ce travail est l'algorithme IBIGP. Il répond à ces limites par une approche probabiliste. Au lieu d'apprendre à partir d'exemples annotés, il construit un modèle statistique gaussien à partir d'une seule image IRM normale de référence. La phase de détection calcule ensuite l'inverse des probabilités gaussiennes sur l'image à examiner : un pixel qui s'écarte du comportement normal reçoit un score élevé, et l'anomalie ressort clairement sur la carte produite. Cette logique d'inversion probabiliste permet de détecter des anomalies naissantes sans base de données volumineuse ni apprentissage supervisé au sens classique.

Pour évaluer la pertinence d'IBIGP, il faut des points de comparaison issus des méthodes qui dominent l'état de l'art. Nous choisissons deux architectures d'apprentissage profond comme baselines. La première est un CNN avec backbone ResNet18 : elle aborde le problème comme une classification binaire de l'image entière et constitue une ligne de base solide avec une architecture bien établie. La seconde est un U-Net avec encodeur ResNet34 :

elle produit une carte de segmentation pixel par pixel, ce qui permet une comparaison directe avec la matrice IBIGP qui localise les anomalies dans l'espace. Le choix de ces deux modèles suit une progression logique, du score global vers la carte spatiale, pour aller vers une comparaison de plus en plus rigoureuse.

Ce chapitre est organisé en trois sections. La section 3.2 présente l'algorithme IBIGP en détail : la phase de modélisation, la phase de détection et le pipeline complet. La section 3.3 décrit les deux modèles d'apprentissage profond utilisés pour la comparaison et le protocole d'entraînement commun qui garantit une évaluation équitable. La section 3.4 conclut le chapitre.

3.2 L'algorithme IBIGP

L'algorithme IBIGP repose sur un principe simple : toute anomalie cérébrale est un événement rare par rapport au tissu sain de l'image IRM de référence. L'algorithme opère en deux phases successives. La première, dite de modélisation, construit un modèle statistique gaussien à partir d'une image IRM normale. La seconde, dite de détection, applique ce modèle à une image potentiellement anormale et calcule l'inverse des probabilités gaussiennes. Les pixels qui s'écartent du comportement normal reçoivent une probabilité très faible, donc un inverse très élevé. L'anomalie apparaît ainsi comme des points lumineux sur un fond sombre.

3.2.1 Phase de modélisation

La phase de modélisation construit un modèle gaussien fidèle de l'image IRM normale. Elle se déroule en quatre étapes [8].

1. **Segmentation de l'image**

   Chaque ligne i ($i = 1, \ldots, I$) de la matrice image X contient $N \cdot L$ pixels et est découpée en N intervalles de L pixels. Sur un intervalle aussi court, les pixels sont supposés stationnaires, c'est-à-dire que leur moyenne et leur variance restent constantes. Cette hypothèse est vérifiée a posteriori par l'erreur de reconstruction (étape 4). La structure de la matrice est la suivante [8] :

$$X = \begin{bmatrix} \overbrace{x_1(0)\, x_1(1) \cdots x_1(L-1)}^{L \text{ samples}} & \cdots & \cdots & \cdots & \cdots & x_1(N\cdot L-1) \\ x_2(0) & x_2(1) & \cdots & x_2(L-1) & \cdots & x_2(N\cdot L-1) \\ \vdots & \vdots & & \vdots & & \vdots \\ x_I(0) & x_I(1) & \cdots & x_I(L-1) & \cdots & x_I(N\cdot L-1) \end{bmatrix} \tag{1}$$

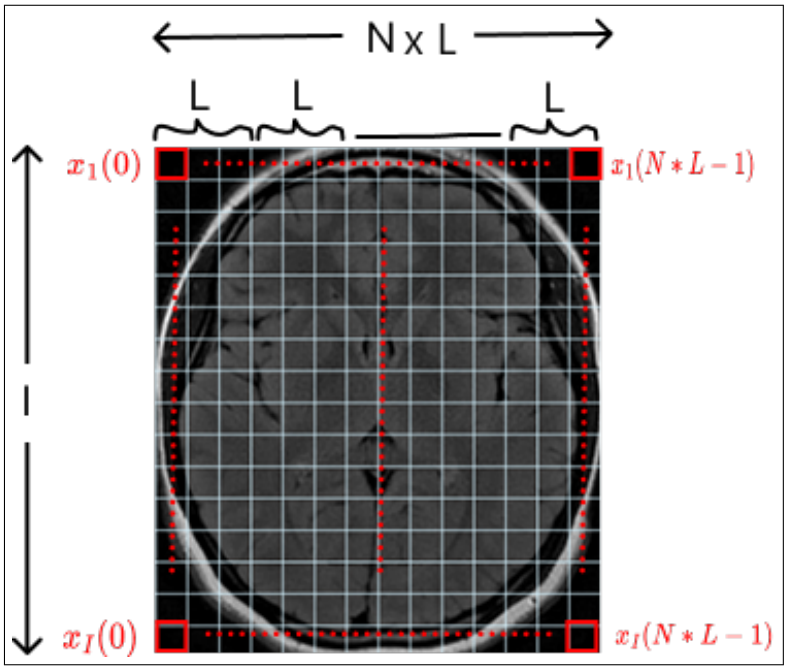


FIGURE 3.1 – Segmentation de l'image IRM normale en intervalles stationnaires de taille L

2. **Estimation des paramètres gaussiens**

   Pour chaque intervalle j de chaque ligne i, nous estimons la moyenne $\hat{m}_{i,j}$ et la variance $\hat{\sigma}^2_{i,j}$:

$$\hat{m}_{i,j} = \frac{1}{L} \sum_{n=(j-1)L}^{jL-1} x_i(n) \tag{2}$$

$$\hat{\sigma}^2_{i,j} = \frac{1}{L} \sum_{n=(j-1)L}^{jL-1} \big(x_i(n) - \hat{m}_{i,j}\big)^2 \tag{3}$$

où $x_i\big((j-1)L\big), \ldots, x_i(jL-1)$ désignent les valeurs du j-ième intervalle ($j = 1,2,\ldots,N$) de la ligne i. Chaque intervalle de L pixels est ainsi résumé par deux valeurs seulement, $(\hat{m}_{i,j}, \hat{\sigma}^2_{i,j})$, soit une réduction du volume de données à stocker d'un facteur $L/2$. Ces paramètres ne permettent pas de retrouver les valeurs exactes

des pixels, mais seulement leur distribution statistique dans chaque intervalle, ce qui suffit pour la reconstruction.

3. **Reconstruction des intervalles bruit blanc gaussien**

   À partir des paramètres estimés, chaque intervalle est reconstruit par génération de bruit blanc gaussien (GWN). La reconstruction de chaque intervalle normal en bruit blanc gaussien peut être réalisée à l'aide de la fonction intégrée `randn` (Scilab, Python ou Matlab), qui génère un intervalle GWN de L échantillons [8].

4. **Validation de la qualité du modèle**

   Les intervalles reconstruits sont rassemblés dans l'ordre pour reconstruire l'image modèle complète. Sa qualité est vérifiée en comparant l'image reconstruite à l'image originale. Si les deux images sont suffisamment proches, les paramètres du modèle $(\hat{m}_{i,j}, \hat{\sigma}^2_{i,j})$ sont sauvegardés. Sinon, la longueur L des intervalles est réduite progressivement et le processus reprend à l'étape 2. Les étapes 2, 3 et 4 sont répétées jusqu'à obtenir une erreur quadratique moyenne (Mean Square Error, MSE) inférieure à 0,01 :

$$\text{MSE} = \frac{1}{I \cdot N \cdot L} \sum_{i=1}^{I} \sum_{n=0}^{N \cdot L - 1} \left(x_i(n) - \hat{x}_i(n) \right)^2$$

   où $x_i(n)$ est la valeur du pixel n de la ligne i de l'image originale, $\hat{x}_i(n)$ celle de l'image reconstruite, et $I \cdot N \cdot L$ le nombre total de pixels. Une MSE inférieure à 0,01 correspond à une reconstruction acceptable (Figure 3.2). Le seuil de 0,01 a été fixé empiriquement.

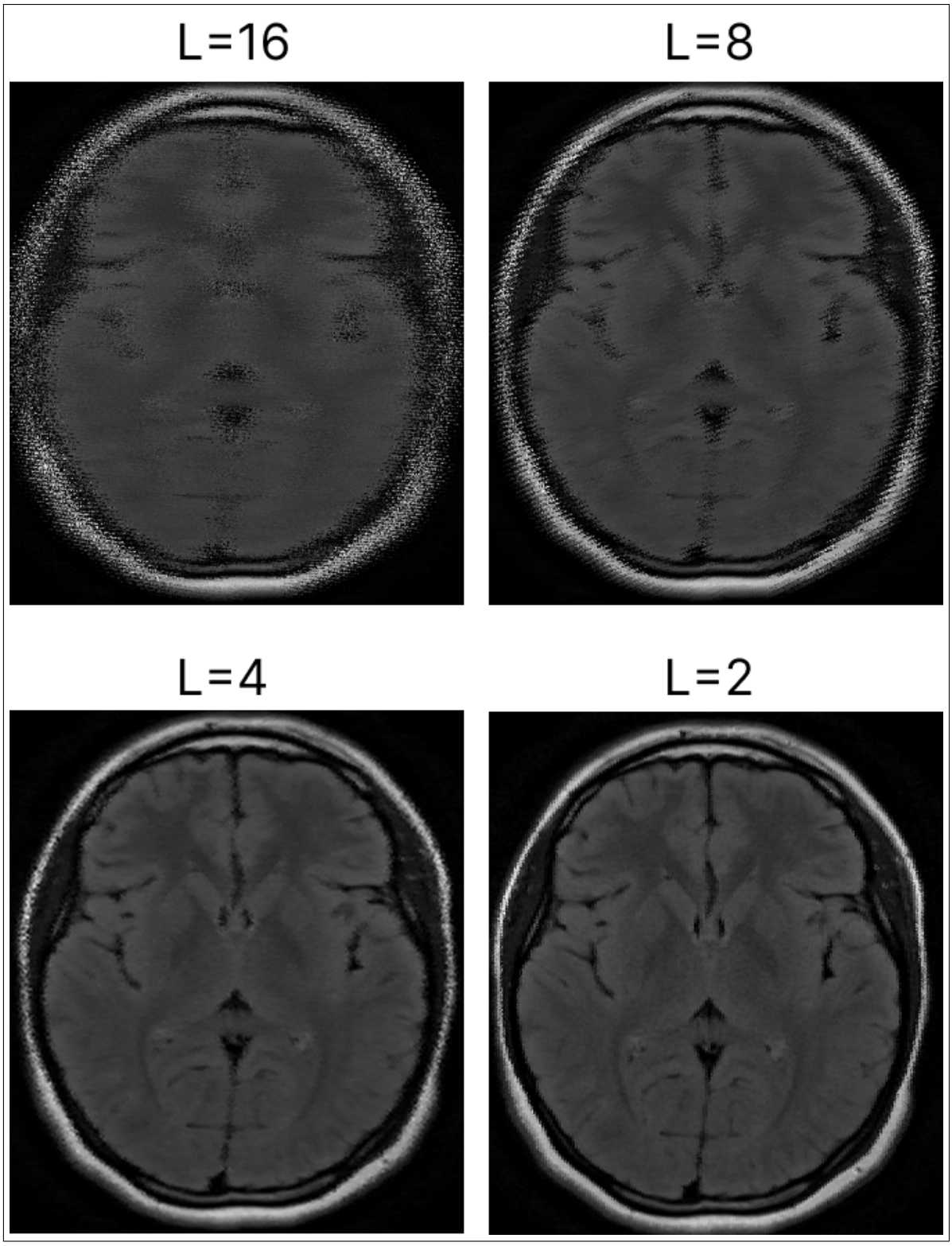


FIGURE 3.2 – Effet de la réduction de L sur la qualité de reconstruction du modèle gaussien

3.2.2 Phase de détection

Une fois le modèle construit, nous pouvons analyser toute image IRM suspecte. La phase de détection applique les paramètres $(\hat{m}_{i,j}, \hat{\sigma}^2_{i,j})$ du modèle normal à l'image anormale. Pour

chaque échantillon n de l'intervalle j de la ligne i de l'image anormale, nous calculons la probabilité individuelle gaussienne (IBIGP) :

$$p_{i,j}(n) = \frac{1}{\hat{\sigma}_{i,j}\sqrt{2\pi}} \exp\left[-\frac{(y_i(n) - \hat{m}_{i,j})^2}{2\hat{\sigma}_{i,j}^2}\right] \tag{4}$$

L'inverse de cette probabilité est ensuite calculé selon :

$$\frac{1}{p_{i,j}(n)} = \hat{\sigma}_{i,j}\sqrt{2\pi} \exp\left[\frac{(y_i(n) - \hat{m}_{i,j})^2}{2\hat{\sigma}_{i,j}^2}\right] \tag{5}$$

La matrice IBIGP complète de l'image anormale est alors construite comme suit :

$$\text{IBIP} = \begin{bmatrix} \frac{1}{p_{11}} & \cdots & \frac{1}{p_{1N}} \\ \vdots & \ddots & \vdots \\ \frac{1}{p_{I1}} & \cdots & \frac{1}{p_{IN}} \end{bmatrix} \tag{6}$$

Le principe est le suivant. La loi gaussienne est symétrique par rapport à la moyenne. Un pixel appartenant au tissu normal suit bien la distribution du modèle : sa probabilité gaussienne est élevée, et son inverse est proche de zéro. Un pixel anormal, lui, se trouve dans les queues de la distribution gaussienne : c'est un événement rare. Sa probabilité est très faible et son inverse devient très grand.

Ce processus est illustré dans la Figure 3.3. Ce principe d'inversion de probabilité a d'abord été développé dans des travaux fondateurs sur les processus non stationnaires [61], puis appliqué à la détection de feux de forêt [62] et à la détection multi-défauts dans les processus aléatoires [63]. L'algorithme IBIGP adapte et étend cette approche au domaine de l'imagerie IRM cérébrale.

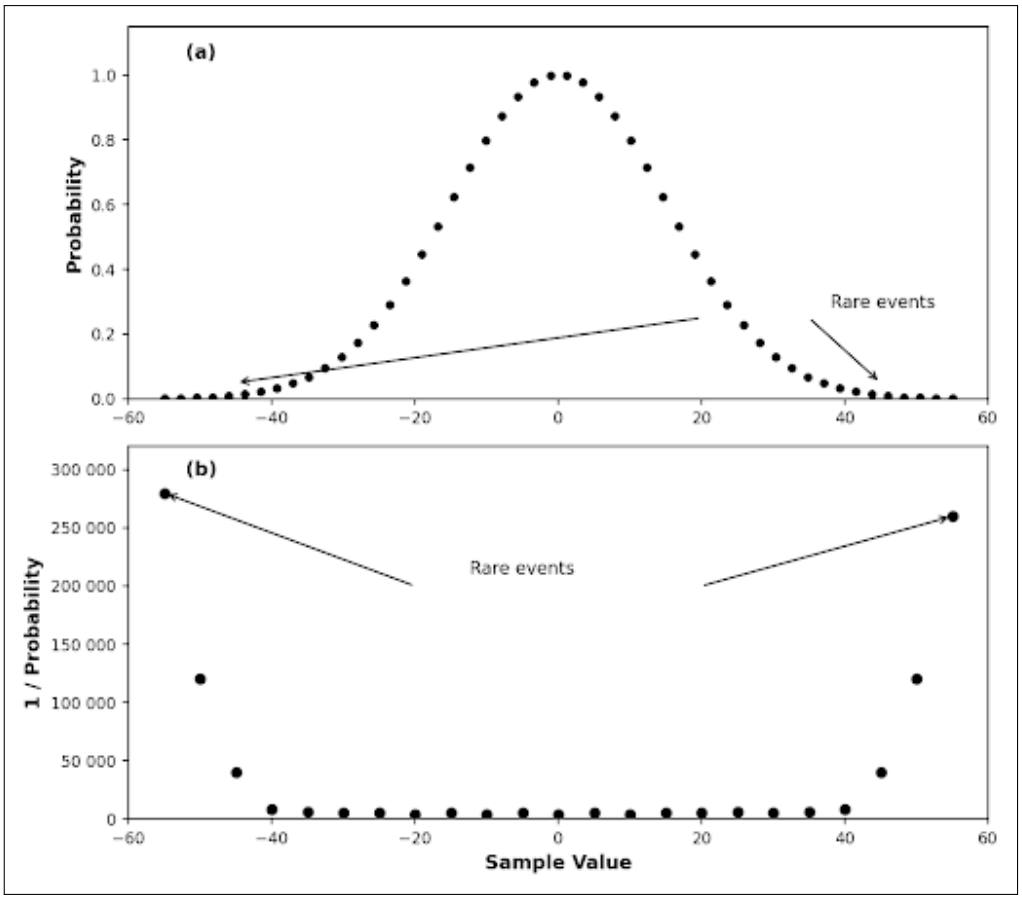


FIGURE 3.3 – a) Loi gaussienne et b) son inverse modifié. Les événements rares, situés dans les queues, produisent des pics élevés dans l'inverse

3.2.3 Pipeline complet

Le pipeline de l'algorithme IBIGP enchaîne les deux phases de manière séquentielle. La phase de modélisation prend en entrée une image IRM normale et produit les paramètres gaussiens $(\hat{m}_{i,j}, \hat{\sigma}^2_{i,j})$. La phase de détection utilise ces paramètres pour analyser une image IRM à examiner et génère la matrice IBIGP en sortie. La Figure 3.4 présente le diagramme complet de cet enchaînement.

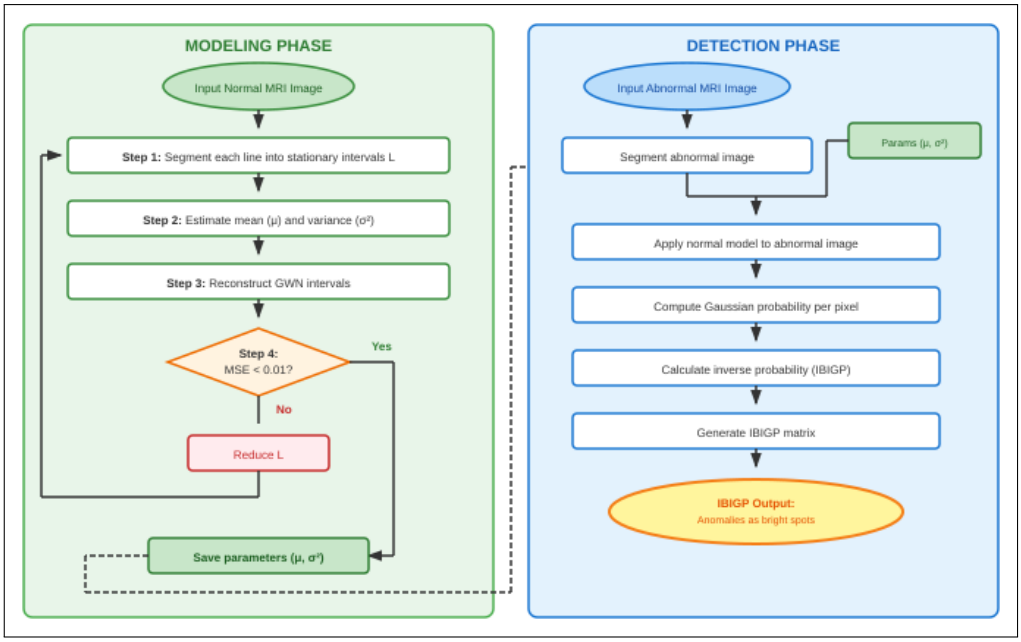


FIGURE 3.4 – Diagramme de l'algorithme IBIGP

Les entrées du pipeline sont deux images IRM : une image de référence saine et une image à analyser. La sortie est la matrice IBIGP, dans laquelle les anomalies apparaissent sous forme de points lumineux sur fond sombre.

L'algorithme présente plusieurs avantages identifiés dans l'article. Il ne nécessite pas de grandes bases de données annotées, car il ne s'appuie sur aucun apprentissage supervisé au sens classique. Son coût de calcul est faible : les opérations se limitent à des estimations de moyenne et de variance par intervalles, suivies d'une inversion de probabilité. Il est donc exécutable sur du matériel ordinaire, sans processeur graphique dédié. L'algorithme est aussi capable de détecter des anomalies subtiles, encore invisibles à l'œil nu au stade précoce de leur développement. Enfin, le stockage des paramètres gaussiens à la place des valeurs brutes des pixels réalise une compression naturelle de l'image.

3.3 Modèles d'apprentissage profond utilisés pour la comparaison

Pour évaluer les performances de l'algorithme IBIGP, nous avons besoin de points de comparaison issus de l'apprentissage profond. Nous choisissons deux architectures complémentaires. La première, CNN-ResNet18, aborde le problème comme une classification binaire de l'image entière. La seconde, U-Net avec encodeur ResNet34, produit une carte de segmentation pixel par pixel. Cette progression du général vers le local n'est pas arbitraire : elle permet d'aller vers une comparaison de plus en plus directe avec le resultat d'IBIGP. Le protocole expérimental est identique pour les deux modèles, ce qui garantit une comparaison

équitable.

3.3.1 Architecture CNN-ResNet18 (première approche : classification)

La première approche que nous adoptons est la classification binaire. Le réseau reçoit une image IRM en entrée et produit un score de probabilité unique indiquant si l'image est normale ou contient une anomalie. Cette approche ne localise pas l'anomalie dans l'espace, mais elle établit une première ligne de base baseline solide avec une architecture éprouvée.

3.3.1.1 Principe de ResNet et des connexions résiduelles

Quand on empile de nombreuses couches dans un réseau de neurones, le gradient calculé lors de la rétropropagation tend à diminuer à mesure qu'il remonte vers les premières couches. Ce phénomène, appelé disparition du gradient (*vanishing gradient*), freine l'apprentissage des couches profondes. He et al. ont proposé une solution en 2016 : les connexions résiduelles [64].

Le principe est le suivant. Au lieu d'apprendre directement la transformation souhaitée $\mathscr{H}(x)$, chaque bloc résiduel apprend seulement la différence $\mathscr{F}(x) = \mathscr{H}(x) - x$, appelée résidu, où x est l'entrée du bloc. La sortie du bloc est alors $\mathscr{F}(x) + x$. Une connexion directe (*skip connection*) court-circuite les couches convolutives et transmet x directement à la sortie. Si les dimensions d'entrée et de sortie sont identiques, la connexion est une simple identité. Quand les dimensions changent (passage d'un niveau au suivant), une convolution 1×1 adapte les dimensions avant l'addition [63]. La Figure 3.5 compare ces deux types de blocs.

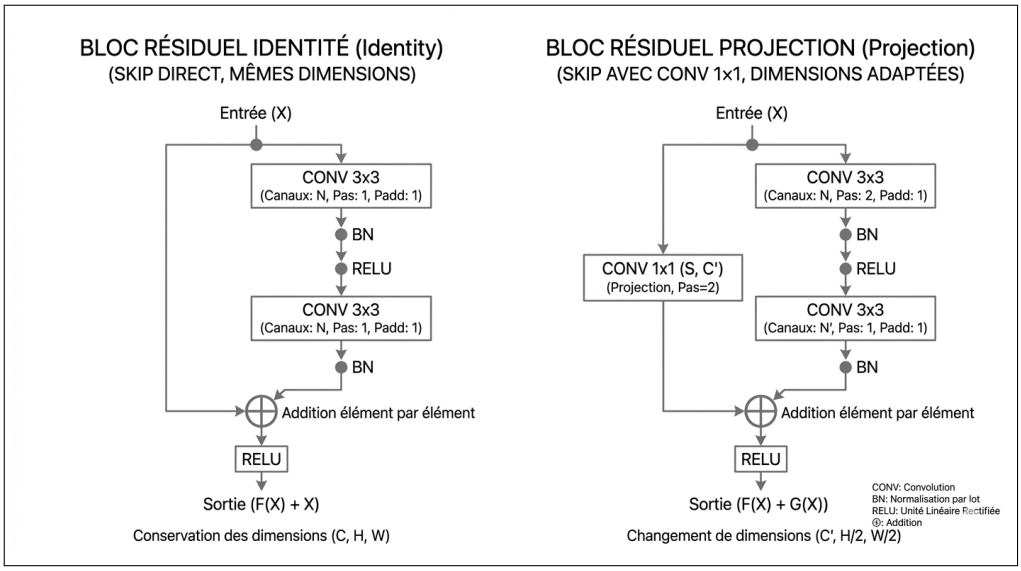


FIGURE 3.5 – Blocs résiduels : identité (gauche) et projection avec convolution 1×1 (droite)

3.3.1.2 Choix de ResNet18

ResNet existe en plusieurs variantes selon la profondeur. ResNet18 compte environ 11 millions de paramètres, contre 21 millions pour ResNet34 et 25 millions pour ResNet50. Avec un dataset de 1000 images, entraîner un réseau trop profond augmente le risque de surapprentissage. ResNet18 offre un bon compromis entre capacité d'apprentissage et sobriété pour cette taille de données. Le temps d'entraînement sur GPU Kaggle reste également acceptable.

3.3.1.3 Transfert d'apprentissage depuis ImageNet

Nous utilisons un backbone ResNet18 pré-entraîné sur ImageNet, une base de 1,2 million d'images appartenant à 1000 catégories. Les premières couches d'un tel réseau apprennent des caractéristiques génériques (contours, textures, motifs) qui se transfèrent bien à d'autres domaines, y compris l'imagerie médicale. Alzubaidi et al. ont montré que le pré-entraînement ImageNet surpasse généralement les réseaux entraînés depuis zéro, même quand le domaine cible est éloigné du domaine source [65].

Nous optons pour un fine-tuning complet : toutes les couches du backbone sont affinées sur les données IRM, sans aucune couche gelée. Les IRM sont suffisamment différentes des images naturelles pour bénéficier d'un ajustement de l'ensemble du réseau.

Nous conservons le backbone ResNet18 pré-entraîné et remplaçons uniquement sa tête de classification. La nouvelle tête comprend une couche Dropout (taux 0,5) pour la régularisation, suivie d'une couche entièrement connectée de 512 vers 1 neurone, et d'une activation Sigmoid qui produit un score entre 0 et 1. Les images IRM en niveaux de gris sont redimensionnées à 224×224 pixels et dupliquées sur 3 canaux pour compatibilité avec le backbone pré-entraîné. La normalisation applique les valeurs standard ImageNet (moyenne [0,485; 0,456; 0,406], écart-type [0,229; 0,224; 0,225]).

La fonction de perte est la Binary Cross-Entropy. L'optimiseur est Adam avec un taux d'apprentissage de 10^{-4}. L'entraînement dure 50 époques, sans arrêt anticipé. L'augmentation de données comprend des retournements horizontaux et verticaux, des rotations aléatoires de $\pm 15°$ et des ajustements de contraste, appliqués uniquement sur l'ensemble d'entraînement. Cette augmentation est appliquée à la volée : la base d'entraînement reste de 800 images, mais chaque image est transformée aléatoirement à chaque époque. Sur 50 époques, le modèle voit ainsi 40 000 images, presque toutes différentes, ce qui limite le surapprentis-

sage sans toutefois remplacer de nouvelles données réelles. La Figure 3.6 illustre ce pipeline de classification de bout en bout, et la Figure 3.7 détaille la structure complète du réseau avec ses quatre niveaux de blocs résiduels et la tête de classification modifiée.

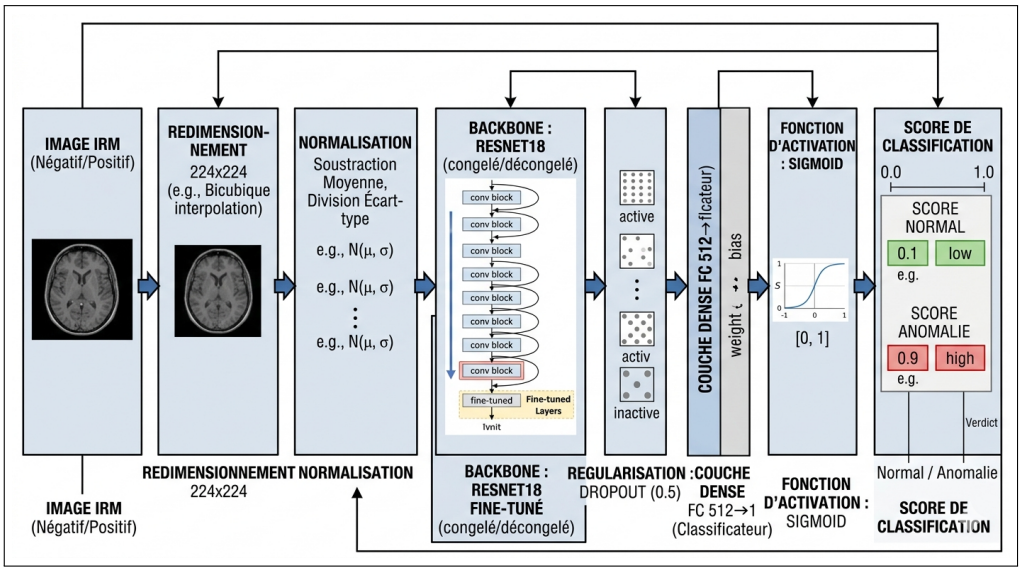


FIGURE 3.6 – Pipeline complet du modèle de classification CNN-ResNet18.

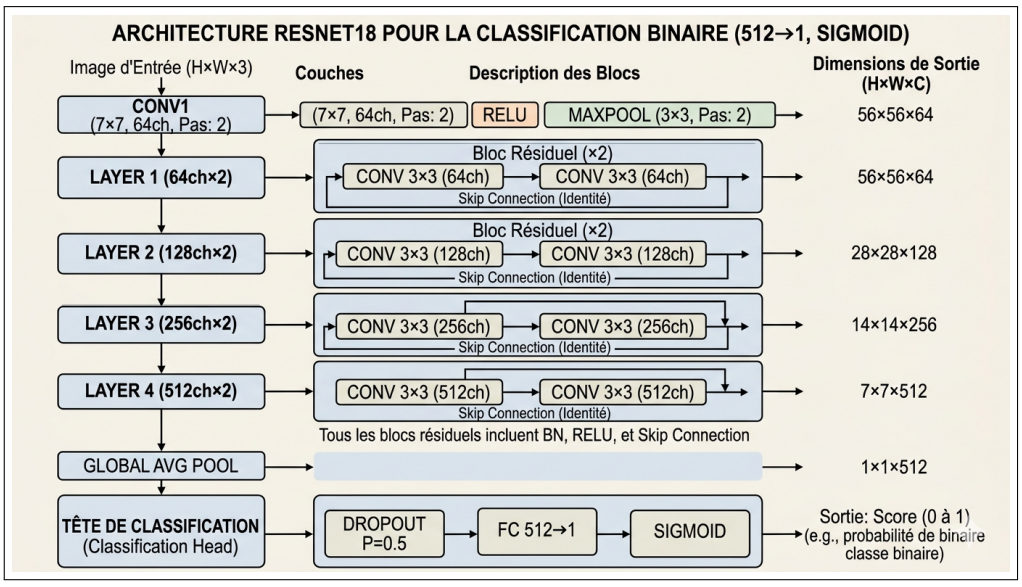


FIGURE 3.7 – Architecture ResNet18 adaptée pour la classification binaire.

3.3.1.4 Visualisation par Grad-CAM

Pour interpréter les décisions du modèle, nous générons des cartes Grad-CAM [68]. Le principe est de pondérer les cartes d'activation de la dernière couche convolutive (`layer4[-1]` de ResNet18) par les gradients de la classe prédite. Les régions qui ont le plus contribué à la décision ressortent en surbrillance sur l'image originale (prédiction du CNN avec la carte Grad-CAM superposée (40% heatmap et 60% image originale). La Figure 3.8 présente un exemple de cette visualisation avec, à gauche, l'image IRM originale et, à droite, la carte

Grad-CAM superposée.

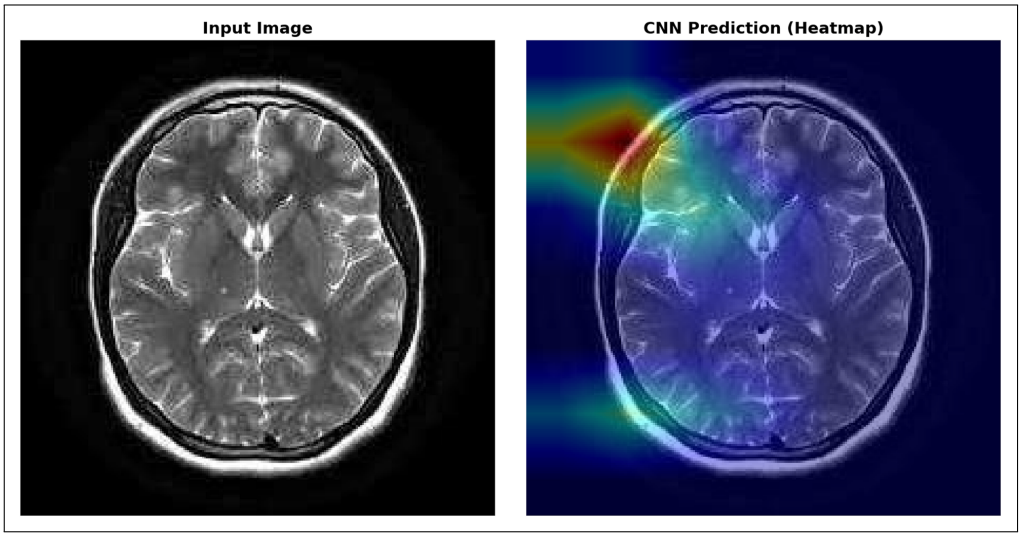


FIGURE 3.8 – Visualisation Grad-CAM. De gauche à droite : image IRM originale, prédiction CNN avec carte Grad-CAM superposée.

3.3.1.5 Limites de l'approche classification

Le CNN-ResNet18 produit un score par image, sans localisation précise de l'anomalie dans l'espace. Grad-CAM donne une approximation visuelle des zones d'intérêt, mais reste une heatmap grossière qui ne délimite pas les contours de la tumeur. Cette absence de localisation fine rend la comparaison directe avec IBIGP, qui produit une carte spatiale complète, difficile à établir. C'est pourquoi nous adoptons une seconde approche de segmentation.

3.3.2 Architecture U-Net avec encodeur ResNet34 (seconde approche : segmentation)

La seconde approche vise la segmentation pixel par pixel. Le réseau produit un masque binaire qui délimite précisément la région anormale. Cette sortie spatiale est directement comparable à la matrice IBIGP, qui localise les anomalies dans l'espace de l'image. En contrepartie, la segmentation exige des annotations plus coûteuses : un masque annoté manuellement pixel par pixel pour chaque image anormale.

3.3.2.1 Principe de U-Net

U-Net est une architecture en forme de U proposée par Ronneberger et al. pour la segmentation d'images biomédicales [6]. Elle comprend un encodeur, un décodeur et des connexions directes entre les deux. L'encodeur réduit progressivement la résolution spatiale tout en augmentant le nombre de canaux de caractéristiques, permettant une extraction multi-échelle.

Le décodeur remonte vers la résolution originale par suréchantillonnage. Les **skip connections** transfèrent les détails spatiaux fins de l'encodeur vers le décodeur correspondant, ce qui donne au réseau une précision de localisation que les CNN de classification n'ont pas [66].

3.3.2.2 Choix de ResNet34 comme encodeur

Nous utilisons la bibliothèque `segmentation_models_pytorch` (smp), qui permet de substituer l'encodeur standard de U-Net par un backbone pré-entraîné. Nous choisissons ResNet34, avec environ 21 millions de paramètres. La segmentation est une tâche plus exigeante que la classification : elle demande une extraction de caractéristiques multi-échelle plus riche. ResNet34 offre une profondeur supérieure à ResNet18 tout en restant raisonnable en calcul. L'association d'U-Net avec des encodeurs résiduels pré-entraînés a montré de bonnes performances pour la segmentation médicale [67]. Le pré-entraînement ImageNet est conservé.

3.3.2.3 Architecture exacte implémentée

Le modèle est instancié via `smp.Unet` avec l'encodeur ResNet34 pré-entraîné sur ImageNet, 3 canaux d'entrée et 1 canal de sortie pour la segmentation binaire. Les images IRM en niveaux de gris sont dupliquées sur 3 canaux pour compatibilité avec l'encodeur. La Figure 3.9 représente l'architecture complète, avec l'encodeur ResNet34 à gauche, les connexions de saut en pointillés et le décodeur à droite.

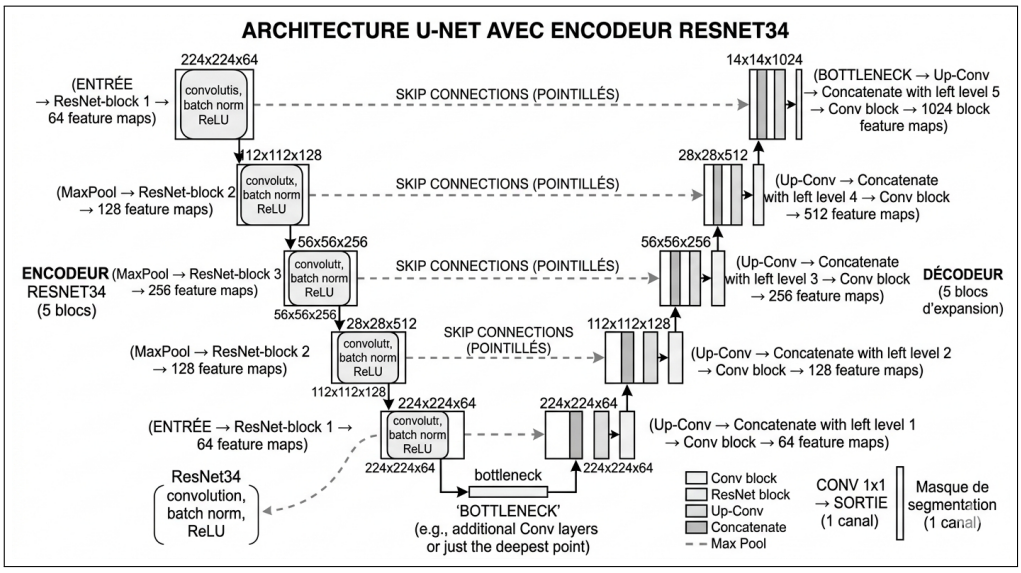


FIGURE 3.9 – Architecture U-Net avec encodeur ResNet34.

3.3.2.4 Prétraitement

U-Net exige que les dimensions de l'image soient un multiple de 32, à cause de ses cinq niveaux de pooling. Chaque image est complétée par padding à droite et en bas jusqu'au multiple de 32 supérieur. Le padding des images utilise la réflexion des bords pour ne pas introduire d'artefacts ; celui des masques utilise des zéros. La normalisation applique les mêmes valeurs ImageNet que pour le CNN. Les masques de segmentation sont binarisés avec un seuil de 127 : tout pixel supérieur à 127 est étiqueté tumeur (1), les autres représentent le fond (0).

3.3.2.5 Fonction de perte DiceBCELoss

La fonction de perte combine deux composantes. La première est une BCE pondérée avec `pos_weight = 10.0` : les pixels tumoraux reçoivent un poids dix fois supérieur aux pixels sains. Ce choix compense le fort déséquilibre spatial des images IRM, où les tumeurs n'occupent qu'une petite fraction des pixels. La seconde composante est la Dice Loss, définie comme $1 - \text{DSC}$, calculée après l'activation Sigmoid. La perte totale est leur somme :

$$\mathscr{L} = \mathscr{L}_{\text{BCE pondérée}} + (1 - \text{DSC}) \tag{3.1}$$

Cette combinaison est utile car la BCE traite le déséquilibre au niveau de chaque pixel, tandis que la Dice Loss optimise directement le recouvrement spatial global entre le masque prédit et le masque de vérité.

3.3.2.6 Paramètres d'entraînement

L'optimiseur est Adam avec un taux d'apprentissage initial de 10^{-4}. Un scheduler `ReduceLROnPlateau` divise ce taux par 2 si la perte de validation ne diminue pas pendant 5 époques consécutives. La taille de lot est fixée à 1, imposée par la variabilité des dimensions des images. L'entraînement dure 50 époques. Le meilleur modèle est sauvegardé à chaque amélioration du coefficient Dice sur l'ensemble de validation.

3.3.2.7 Augmentation de données

L'augmentation appliquée est proche de celle du CNN, à une différence près pour la rotation : $\pm 15°$ pour le CNN contre des multiples de 90° pour le U-Net. Elle comprend des retournements horizontal et vertical (probabilité 0,5), une rotation d'un multiple de 90°

choisi au hasard (probabilité 0,5) et un ajustement de luminosité et de contraste de $\pm 10\%$ (probabilité 0,5). Aucune augmentation n'est appliquée sur les ensembles de validation et de test. Comme pour le CNN, le modèle voit ainsi 40 000 images transformées aléatoirement sur les 50 époques.

3.3.2.8 Métriques d'évaluation

Les performances sont mesurées par le coefficient de similarité de Dice (Dice Similarity Coefficient, DSC) et l'indice d'intersection sur union (Intersection over Union, IoU), les deux calculés avec un seuil de binarisation de 0,5. Ces métriques sont calculées uniquement sur les images contenant une tumeur (masque non nul), pour éviter de biaiser les résultats avec les images normales dont le DSC est indéfini.

3.3.3 Protocole d'entraînement commun

Le dataset comprend des images IRM cérébrales réparties équitablement entre deux classes : images normales et images présentant une anomalie. Les images ont été collectées et annotées par l'auteur. Pour le CNN, les annotations sont au format COCO-JSON avec une boîte englobante et le centre de la tumeur. Pour le U-Net, chaque image anormale est accompagnée d'un masque de segmentation annoté pixel par pixel. Le découpage suit un ratio 80/10/10 entre les ensembles d'entraînement, de validation et de test, avec une répartition équilibrée entre les deux classes dans chaque ensemble.

3.3.3.1 Environnement d'exécution

Les deux modèles sont entraînés sur la plateforme Kaggle GPU, qui donne accès à un GPU sans coût pour la recherche académique. Le framework principal est PyTorch. La bibliothèque "segmentation_models_pytorch" est utilisée pour U-Net. Cette approche cloud garantit la reproductibilité de l'environnement et évite toute dépendance à du matériel local spécifique.

3.3.3.2 Différences clés entre les deux approches

3.3.3.3 Positionnement par rapport à IBIGP

Les deux modèles d'apprentissage profond nécessitent des données annotées et une phase d'entraînement. IBIGP, lui, construit son modèle à partir d'une seule image IRM normale de référence, sans aucun apprentissage supervisé. Cette différence fondamentale entre les

Aspect	CNN-ResNet18	U-Net (ResNet34)
Tâche	Classification binaire	Segmentation pixel par pixel
Sortie	1 score par image	1 carte de segmentation
Backbone	ResNet18	ResNet34
Fonction de perte	BCE	BCE pondérée + Dice Loss
Scheduler	Aucun	ReduceLROnPlateau
Supervision requise	Label image	Masque pixel par pixel

TABLE 3.1 – Comparaison des approches de classification et de segmentation pour la détection d'anomalies IRM.

approches probabiliste et supervisées sera analysée en détail dans le Chapitre 4.

3.4 Environnement de développement et description du dataset

3.4.1 Environnement et outils utilisés

Les deux modèles d'apprentissage profond ont été entraînés sur la plateforme Kaggle, qui fournit un accès gratuit à des ressources GPU pour la recherche académique. Le Tableau 3.2 récapitule l'environnement logiciel et matériel utilisé.

Composant	Version / Détail	Rôle
Python	3.12.12	Langage de programmation principal
PyTorch	2.10.0+cu128	Framework d'apprentissage profond
Torchvision	0.25.0+cu128	Modèles pré-entraînés et transformations d'images
`segmentation_models_pytorch`	0.5.0	Architecture U-Net avec encodeur ResNet34
GPU	NVIDIA Tesla T4	Accélération du calcul pendant l'entraînement
CUDA	12.8	Interface de calcul GPU
Système d'exploitation	Linux (Ubuntu, GCC 11.4.0)	Environnement d'exécution Kaggle
Plateforme	Kaggle Notebooks	Environnement cloud pour l'entraînement

TABLE 3.2 – Environnement logiciel et matériel utilisé pour l'entraînement des modèles d'apprentissage profond.

3.4.2 Description du dataset

Le dataset est composé d'images IRM cérébrales collectées et annotées par l'auteur. Chaque image anormale est accompagnée d'un masque de segmentation annoté pixel par pixel. La Figure 3.10 présente un exemple représentatif : l'image IRM originale et son masque d'annotation correspondant.

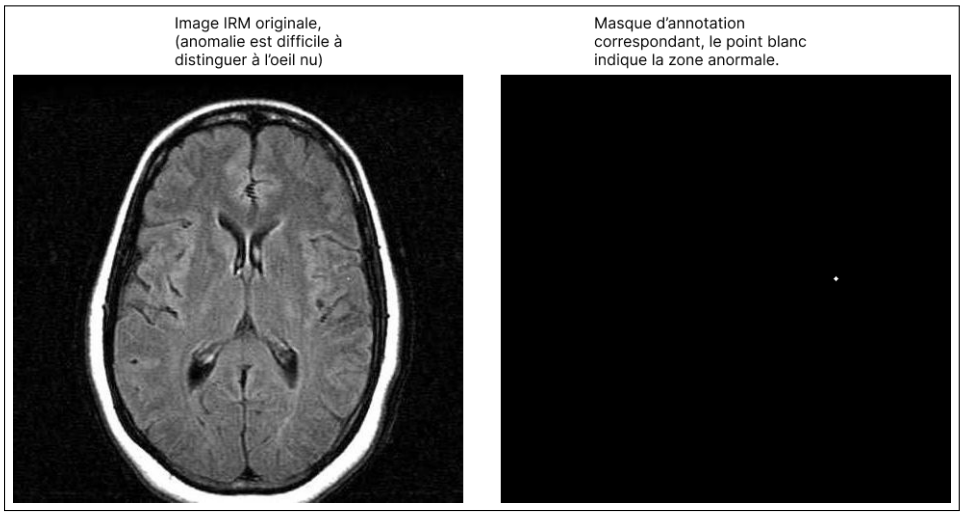


FIGURE 3.10 – Exemple d'image IRM cérébrale et son masque de segmentation annoté.

Le masque montre que l'anomalie n'occupe que quelques pixels dans l'image. C'est précisément ce type de lésion précoce que l'algorithme IBIGP est conçu pour détecter, là où les méthodes supervisées peinent à produire un signal suffisant.

3.4.3 Format des annotations (COCO-JSON)

Les annotations des images anormales sont stockées dans un fichier au format COCO-JSON, un standard reconnu en vision par ordinateur. Pour chaque image anormale, l'annotation contient une boîte englobante (*bounding box*) qui encadre la zone anormale, ainsi que les coordonnées du centre de la lésion. Voici un exemple réel tiré du fichier d'annotations :

```
{
  "id": 1,
  "image_id": 1,
  "bbox": [146, 50, 3, 3],
  "center": [148, 53]
}
```

Les champs se lisent comme suit. `image_id` est l'identifiant de l'image dans le dataset.

`bbox` contient quatre valeurs : les coordonnées x et y du coin supérieur gauche de la boîte englobante, suivies de sa largeur et de sa hauteur en pixels. Dans cet exemple, la boîte fait 3×3 pixels, ce qui illustre concrètement la taille très réduite des anomalies précoces annotées. `center` donne les coordonnées du pixel central de la lésion.

3.5 Courbes d'entraînement des modèles

3.5.1 Définitions des métriques

3.5.1.1 Perte (Loss)

Valeur numérique que le modèle cherche à minimiser pendant l'entraînement. Elle mesure l'écart entre les prédictions et les vraies étiquettes. Pour le CNN, la perte est la Binary Cross-Entropy (BCE). Pour le U-Net, c'est une combinaison de BCE pondérée et de Dice Loss.

3.5.1.2 Score F1

Moyenne harmonique entre la précision (proportion des anomalies détectées qui sont vraiment des anomalies) et le rappel (proportion des anomalies réelles détectées). Un F1 proche de 1 indique que le modèle détecte bien les anomalies sans produire trop de fausses alarmes.

3.5.1.3 Coefficient de Dice (DSC)

Mesure le chevauchement entre le masque prédit par le U-Net et le masque de vérité terrain. Une valeur de 1 signifie une superposition parfaite, une valeur de 0 signifie aucun chevauchement. Il est calculé uniquement sur les images contenant une tumeur.

Indice IoU (*Intersection over Union*). Similaire au Dice, il mesure le rapport entre la surface commune (intersection) des deux masques et leur surface totale (union). Il est généralement plus strict que le Dice et donne des valeurs un peu plus basses pour les mêmes prédictions.

3.5.2 CNN-ResNet18 (classification binaire)

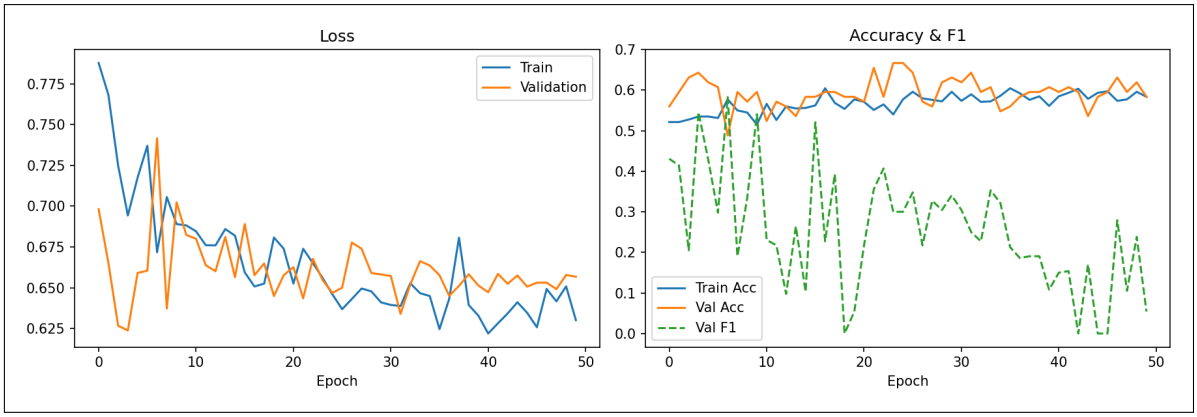


FIGURE 3.11 – Courbes d'entraînement du CNN-ResNet18 sur 50 époques. À gauche : évolution de la perte (BCE) sur les ensembles d'entraînement et de validation. À droite : évolution de la précision et du score F1 de validation.

La perte diminue régulièrement sur les deux ensembles, de 0,78 à environ 0,63, sans écart important entre train et validation. Cela indique que le modèle n'a pas souffert de surapprentissage. La précision se stabilise autour de 60 % et le score F1 de validation reste instable tout au long de l'entraînement. Ce comportement est cohérent avec les résultats du chapitre 4 : le modèle classe correctement une partie des images mais produit des faux négatifs sur les anomalies les plus subtiles, ce qui affecte le F1.

3.5.3 U-Net avec encodeur ResNet34 (segmentation)

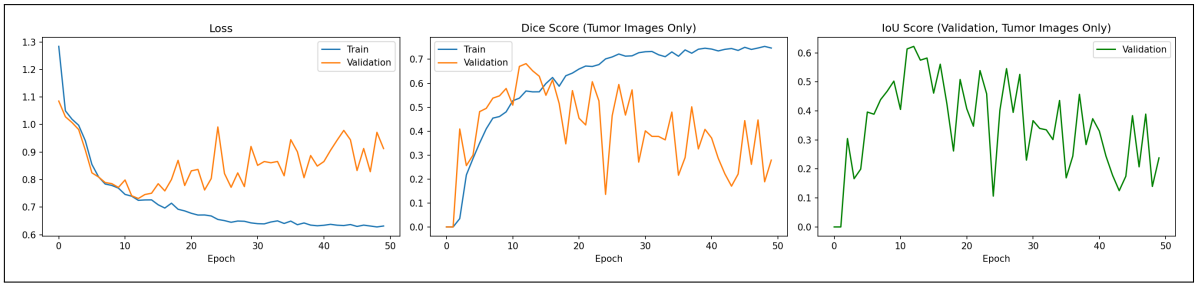


FIGURE 3.12 – Courbes d'entraînement du U-Net (ResNet34) sur 50 époques. De gauche à droite : perte combinée (BCE pondérée + Dice Loss), coefficient de Dice sur les images tumorales, indice IoU sur la validation.

La perte d'entraînement descend de 1,3 à 0,6, et le Dice d'entraînement monte progressivement jusqu'à 0,75. Les courbes de validation sont plus irrégulières : le Dice et l'IoU de validation oscillent fortement entre les époques. Cette instabilité reflète la difficulté du modèle à généraliser sur les petites lésions du dataset. Les anomalies précoces occupent très peu de pixels, ce qui rend la tâche de segmentation sensible aux variations d'un lot à l'autre.

3.6 Conclusion

L'algorithme IBIGP repose sur un principe probabiliste : les pixels anormaux sont des événements rares dans la distribution gaussienne du tissu sain. La phase de modélisation construit un modèle statistique à partir d'une seule image IRM normale de référence. La phase de détection calcule ensuite l'inverse des probabilités gaussiennes sur l'image à examiner et produit une carte spatiale où les anomalies ressortent clairement. Cette approche ne requiert ni grande base de données annotée, ni entraînement supervisé. Son coût de calcul est faible, et elle est capable de révéler des anomalies encore invisibles à l'œil nu.

Pour évaluer IBIGP, nous utilisons deux architectures d'apprentissage profond comme baselines. La première, CNN-ResNet18, traite chaque image comme un problème de classification binaire et produit un score global. Elle établit une première ligne de base avec une architecture bien maîtrisée. La seconde, U-Net avec encodeur ResNet34, produit une carte de segmentation pixel par pixel. Cette sortie spatiale se prête à une comparaison plus directe avec la matrice IBIGP. Les deux modèles bénéficient du transfert d'apprentissage depuis ImageNet et suivent une stratégie de fine-tuning complet sur les données IRM.

Les trois approches sont évaluées sur le même dataset d'images IRM cérébrales, réparti selon un ratio 80/10/10 entre entraînement, validation et test. Les classes sont équilibrées entre images normales et images anormales. Les expériences ont toutes été conduites sur la plateforme Kaggle GPU avec PyTorch, ce qui garantit des conditions d'entraînement et d'évaluation identiques. Cette cohérence du protocole expérimental est la condition nécessaire pour que la comparaison des performances soit significative. Le chapitre suivant présente les résultats obtenus par ces trois approches et leur analyse comparative sur un ensemble de test commun.

CHAPITRE 4

Résultats et Discussion

Chapitre 4

Résultats et Discussion

4.1 Introduction

Le chapitre précédent a présenté les trois approches retenues dans ce travail pour la détection d'anomalies dans les images IRM cérébrales. La première est l'algorithme IBIGP, une méthode probabiliste qui construit un modèle gaussien à partir d'une seule image IRM normale et calcule l'inverse des probabilités sur l'image à examiner. La deuxième est un CNN-ResNet18 qui traite le problème comme une classification binaire et produit un score par image, complété par une carte Grad-CAM pour visualiser les zones d'activation. La troisième est un U-Net avec encodeur ResNet34 qui produit un masque de segmentation pixel par pixel.

Ces trois approches ont des sorties de nature différente. IBIGP génère une carte de probabilité inverse où les anomalies ressortent comme des points lumineux sur fond sombre. Le CNN produit un score global accompagné d'une heatmap approximative. Le U-Net produit un masque binaire qui délimite la région anormale. Cette hétérogénéité des sorties rend toute comparaison par une métrique unique difficile à justifier. Nous adoptons donc une évaluation principalement visuelle : nous observons les sorties de chaque méthode sur les mêmes images IRM et nous les comparons à la vérité terrain. Cette approche permet d'évaluer la capacité de localisation qualitative de chaque méthode, ce qui est l'aspect le plus pertinent pour la détection des anomalies précoces.

Ce chapitre est organisé en six sections. La section 4.2 présente les résultats d'IBIGP sur des images avec et sans anomalie. La section 4.3 présente les résultats des deux modèles d'apprentissage profond, avec une comparaison directe avec IBIGP sur les mêmes images. La section 4.4 offre une synthèse comparative des trois approches. La section 4.5 discute les résultats et leurs implications. La section 4.6 identifie les limites de cette étude et les perspectives de recherche. La section 4.7 conclut le chapitre.

4.2 Résultats de l'algorithme IBIGP

Cette section présente les résultats obtenus par l'algorithme IBIGP sur des images IRM cérébrales. L'évaluation est visuelle : nous observons les images produites par l'algorithme et nous les interprétons à la lumière du principe probabiliste décrit au chapitre 3. Deux cas représentatifs sont examinés, tous deux tirés de notre article [8] : une image IRM sans anomalie, et une image IRM contenant une anomalie précoce encore invisible à l'oeil nu.

4.2.0.1 Résultat sur une image sans anomalie

Le premier cas concerne une image IRM cérébrale de référence, prise avant tout développement anormal de tissu [8]. La Figure 4.1 présente cette image originale à gauche et l'image IBIGP correspondante à droite.

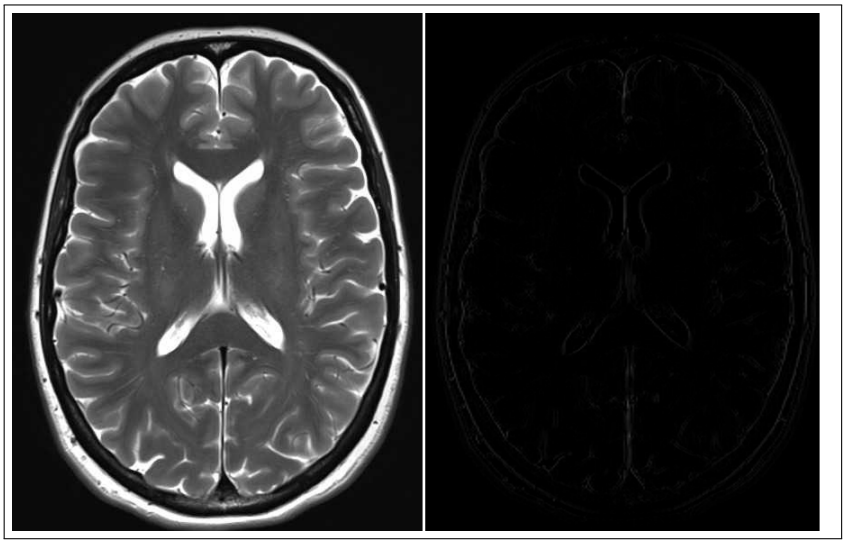


FIGURE 4.1 – IRM cérébrale normale (gauche) et son image IBIGP correspondante (droite). L'image IBIGP est quasi entièrement sombre, confirmant l'absence d'événement rare.

L'image IBIGP obtenue est presque entièrement noire. Ce résultat découle directement du principe de l'algorithme. Chaque pixel d'un cerveau sain suit la distribution gaussienne du modèle construit à partir de cette image de référence. Sa probabilité gaussienne est élevée, et son inverse reste proche de zéro [8]. Aucun pixel ne constitue un événement rare.

4.2.0.2 Résultat sur une image avec anomalie précoce

Le second cas est plus révélateur. L'image IRM de la Figure 4.2 (A) contient une anomalie précoce de tissu cérébral. Sur l'image originale, cette anomalie est difficile à repérer : elle n'occupe que quelques pixels et se distingue peu du tissu voisin. Sa position, indiquée par la flèche rouge, provient de l'annotation de l'image.

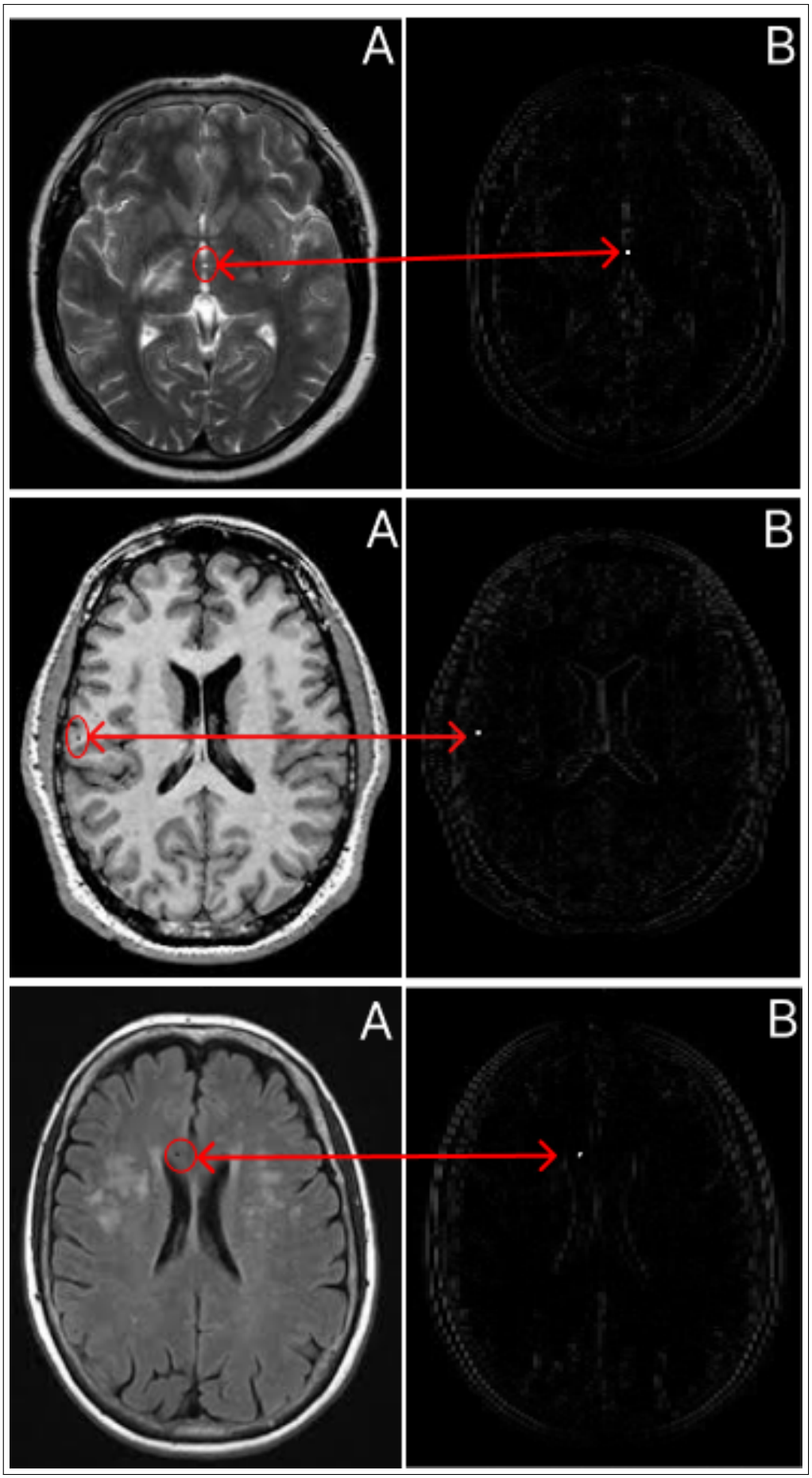


FIGURE 4.2 – (A) IRM cérébrale avec une anomalie précoce indiquée par la flèche rouge, (B) image IBIGP correspondante où l'anomalie apparaît comme un point lumineux distinct.

L'image IBIGP (B) offre un contraste frappant. Les pixels de la région anormale se situent dans les queues de la distribution gaussienne du modèle normal. Ce sont des événements rares : leur probabilité gaussienne est très faible, et l'inversion de cette probabilité produit une valeur très élevée [8]. Ces pixels ressortent donc comme un point lumineux concentré sur le fond sombre de l'image IBIGP. L'anomalie, difficile à repérer sur l'IRM originale, devient clairement localisable sur l'image produite par l'algorithme.

4.2.0.3 Forces observées

Ces deux résultats font ressortir plusieurs caractéristiques de l'algorithme IBIGP. La première concerne la sensibilité aux anomalies subtiles. Sur l'IRM originale, les changements précoces de tissu se confondent avec les structures normales. L'inversion probabiliste les amplifie de façon exponentielle, les rendant visibles là où la perception visuelle directe échoue.

La deuxième caractéristique est l'absence de faux positifs sur les images saines. L'image IBIGP d'un cerveau normal est quasi noire, sans points lumineux parasites. L'algorithme ne signale rien là où il n'y a rien à signaler.

La troisième concerne la précision spatiale. L'anomalie apparaît sous la forme d'un point lumineux concentré, pas d'une zone diffuse. Cette localisation spatiale est produite sans aucune annotation manuelle ni masque de segmentation.

Enfin, tout ce comportement est obtenu à partir d'une seule image IRM normale de référence. L'algorithme ne nécessite ni base de données volumineuse, ni phase d'apprentissage supervisé au sens classique. C'est un avantage concret dans les contextes cliniques où les données annotées sont rares ou difficiles à obtenir.

4.3 Résultats des modèles CNN-ResNet18 et U-Net

Cette section présente les résultats visuels obtenus par les deux modèles d'apprentissage profond. Pour chaque modèle, nous examinons trois exemples représentatifs, chacun affiché en quatre panneaux : l'image IRM originale, la vérité terrain avec boîte englobante, la sortie du modèle, et l'image IBIGP de la même image. Cette mise en parallèle permet une comparaison directe des deux approches sur les mêmes données.

4.3.1 Résultats du CNN-ResNet18 avec Grad-CAM

Le CNN-ResNet18 produit un score de classification par image. Pour visualiser les zones qui ont guidé la décision du modèle, nous générons des cartes Grad-CAM superposées à

l'image originale [68]. La Figure 4.3 présente trois exemples issus de l'ensemble de test.

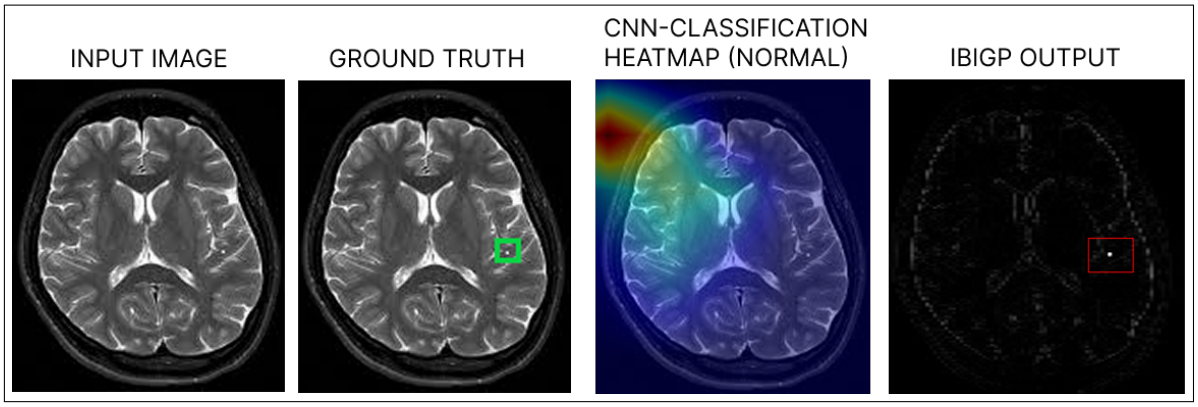


FIGURE 4.3 – De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain avec boîte englobante verte, carte Grad-CAM du CNN-ResNet18 (classifiée NORMALE), image IBIGP. L'anomalie encadrée en vert n'est pas détectée par le CNN.

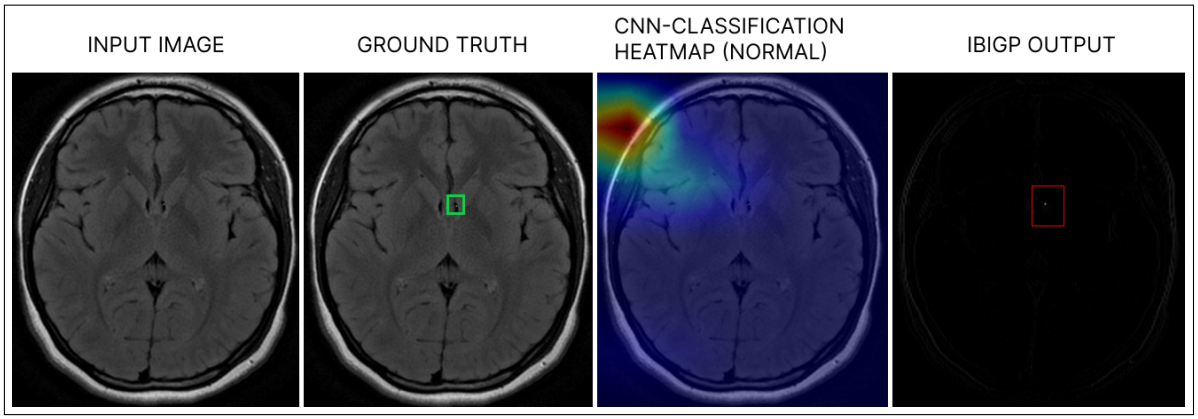


FIGURE 4.4 – De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain avec boîte englobante verte, carte Grad-CAM (classifiée NORMALE), image IBIGP.

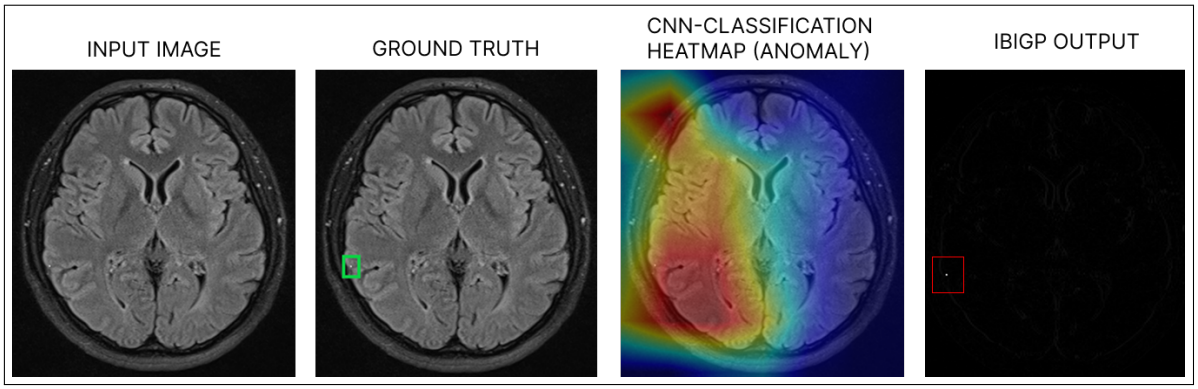


FIGURE 4.5 – De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain avec boîte englobante verte, carte Grad-CAM (classifiée ANOMALIE), image IBIGP.

Sur les deux premiers exemples (Figures 4.3 et 4.4), le CNN-ResNet18 prédit une image normale alors que la vérité terrain indique la présence d'une anomalie. Ces deux cas sont des faux négatifs : l'anomalie précoce, de petite taille et peu contrastée, ne déclenche pas le seuil de classification du modèle. La carte Grad-CAM, dans ces deux cas, reflète les activations associées à une image normale et ne cible pas la zone anormale.

Sur le troisième exemple (Figure 4.5), le CNN classe correctement l'image comme anormale. Cependant, la carte Grad-CAM couvre une large portion de l'hémisphère droit, bien au-delà de la petite zone réellement affectée. La zone chaude est diffuse et ne permet pas de localiser précisément l'anomalie. En comparaison, l'image IBIGP du même exemple montre un point lumineux concentré, directement superposable à la boîte englobante de la vérité terrain.

Cette tendance se confirme sur d'autres échantillons : Grad-CAM donne une indication générale de la région d'intérêt, mais pas une localisation fine. C'est une limite connue de cette technique de visualisation, qui approxime les zones d'activation sans produire une carte de détection précise [68].

4.3.2 Résultats du U-Net avec encodeur ResNet34

Le U-Net est conçu pour produire un masque de segmentation pixel par pixel. Sa sortie devrait délimiter précisément la région anormale. La Figure 4.6 présente trois exemples issus de l'ensemble de test.

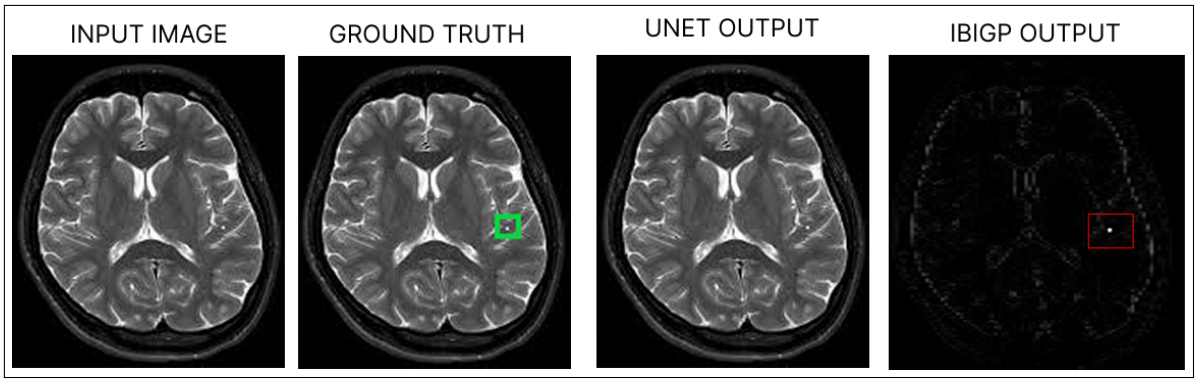


FIGURE 4.6 – De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain avec boîte englobante verte, sortie U-Net, image IBIGP. Le U-Net ne produit aucune segmentation visible sur cet exemple.

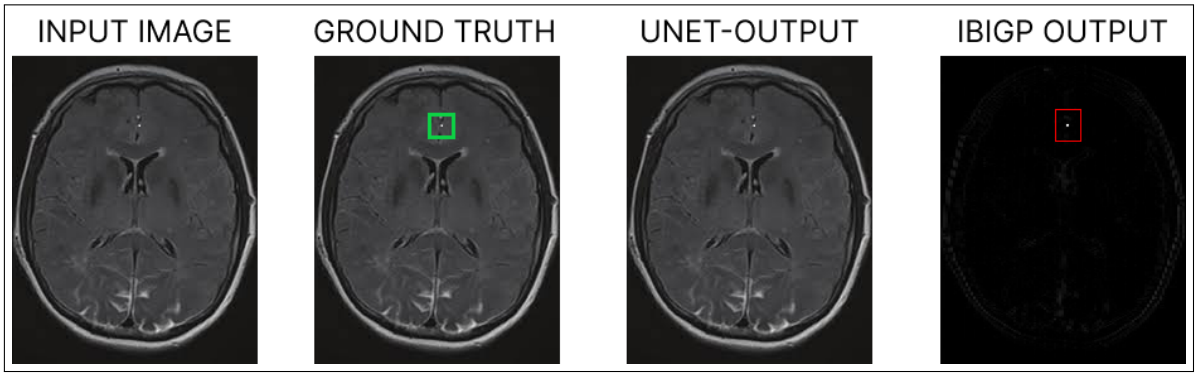


FIGURE 4.7 – De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain, sortie U-Net, image IBIGP. Le masque U-Net est absent sur cet exemple.

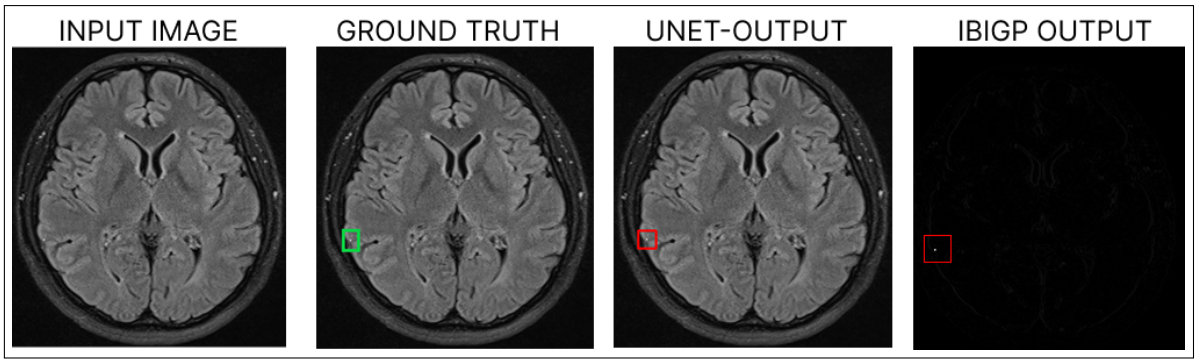


FIGURE 4.8 – De gauche à droite : IRM originale, vérité terrain, sortie U-Net avec région segmentée visible, image IBIGP.

Sur les deux premiers exemples (Figures 4.6 et 4.7), le U-Net ne produit aucun masque visible. L'anomalie est de très petite taille et peu contrastée par rapport au tissu environnant. Ces cas illustrent la difficulté de la segmentation face aux anomalies précoces : le modèle, malgré son entraînement sur le dataset disponible, ne détecte pas des lésions qui n'occupent que quelques pixels dans l'image. IBIGP localise pourtant l'anomalie avec un point lumineux distinct sur ces mêmes images.

Sur le troisième exemple (Figure 4.8), le U-Net produit une région segmentée dans une zone approximativement correcte. Le masque prédit se situe dans le même quadrant que la boîte englobante de la vérité terrain, ce qui indique que le modèle a bien identifié la région à risque. La segmentation reste imprécise dans ses contours. L'image IBIGP correspondante montre également un signal dans cette zone.

Ces résultats s'expliquent en partie par la nature des données. Le U-Net a été conçu initialement pour des lésions plus larges, où les caractéristiques spatiales sont suffisamment riches pour guider la segmentation [6]. Les anomalies naissantes de notre dataset, qui n'occupent qu'une fraction infime de l'image, restent difficiles à segmenter même avec une architecture aussi précise.

4.4 Comparaison visuelle des trois approches

Les résultats des sections précédentes permettent de comparer les trois approches sur plusieurs dimensions. Cette comparaison reste visuelle et qualitative, dans la mesure où l'évaluation d'IBIGP est fondamentalement basée sur l'observation des images produites [8].

4.4.0.1 Localisation spatiale

IBIGP produit une carte de probabilité inverse où les anomalies ressortent comme des points lumineux concentrés. La localisation correspond visuellement à la boîte englobante de la vérité terrain sur l'ensemble des exemples examinés. Grad-CAM fournit une approximation de la zone d'intérêt, mais la heatmap est diffuse et couvre souvent une surface bien supérieure à l'anomalie réelle. Le U-Net, lorsqu'il segmente, délimite une région dans le bon quadrant, mais ses contours restent imprécis pour les petites lésions.

4.4.0.2 Sensibilité aux anomalies précoces

IBIGP amplifie exponentiellement les écarts au modèle gaussien normal, ce qui lui permet de détecter des changements subtils encore invisibles à l'oeil nu [8]. Le CNN-ResNet18 produit des faux négatifs sur les exemples où l'anomalie est particulièrement discrète : le changement précoce de tissu ne franchit pas le seuil de classification du modèle. Le U-Net manque également les anomalies les plus petites, dont la taille est insuffisante pour être capturée par la segmentation.

4.4.0.3 Dépendance aux données

IBIGP construit son modèle à partir d'une seule image IRM normale de référence, sans aucune annotation [8]. Le CNN-ResNet18 nécessite des images avec des labels binaires. Le U-Net requiert les mêmes images auxquelles s'ajoutent des masques de segmentation annotés pixel par pixel, ce qui représente un coût d'annotation nettement plus élevé. Cette différence est significative dans les contextes où les données annotées sont rares ou coûteuses à produire.

4.4.0.4 Coût computationnel

IBIGP repose sur des opérations arithmétiques simples (estimations de moyenne et de variance, inversion de probabilité) et s'exécute sur un ordinateur standard, sans processeur graphique dédié [8]. Le CNN-ResNet18 et le U-Net ont tous deux été entraînés sur la plateforme Kaggle GPU. L'inférence est rapide une fois les modèles entraînés, mais la phase d'apprentissage exige du matériel spécialisé.

Le Tableau 4.1 résume ces observations.

Critère	IBIGP	CNN-ResNet18	U-Net (ResNet34)
Type de sortie	Carte de probabilité inverse	Score + Grad-CAM	Masque de segmentation
Localisation	Précise (point lumineux concentré)	Approximative (heatmap diffuse)	Variable selon la taille de l'anomalie
Anomalies précoces	Détecte	Peut manquer (faux négatifs)	Peut manquer (petites lésions)
Données requises	1 image normale	plusieurs images annotées	plusiers images + masques pixel par pixel
GPU requis	Non	Oui (entraînement)	Oui (entraînement)

TABLE 4.1 – Comparaison des trois approches selon cinq critères.

Ces résultats ne remettent pas en cause la valeur des modèles d'apprentissage profond. Le CNN-ResNet18 et le U-Net sont des architectures éprouvées qui donnent d'excellents résultats sur des bases de données volumineuses avec des lésions de taille suffisante [6, 7]. Leur point faible sur ce dataset tient à la nature des données : des anomalies précoces, petites et peu contrastées, qui représentent précisément le cas d'usage pour lequel IBIGP a été conçu [8].

4.5 Discussion

Les résultats présentés dans ce chapitre appellent quelques réflexions sur les raisons pour lesquelles IBIGP se comporte différemment des modèles d'apprentissage profond face aux anomalies précoces.

L'efficacité d'IBIGP dans ce contexte tient à son principe même. L'inversion gaussienne est conçue pour amplifier les événements rares : plus un pixel s'écarte du comportement normal, plus sa valeur inverse croît de façon exponentielle [8]. Cette propriété est intrinsèquement adaptée aux anomalies naissantes, qui sont précisément des déviations subtiles par rapport au tissu sain. Les modèles d'apprentissage profond, en revanche, apprennent à partir d'exemples vus pendant l'entraînement. Leur décision repose sur des patterns statistiques extraits d'images annotées. Une anomalie précoce, quasi invisible et peu représentée dans les données d'entraînement, peut passer sous leur seuil de détection. IBIGP ne nécessite jamais d'avoir vu une anomalie auparavant : il détecte tout ce qui s'écarte du normal, quelle que soit

la forme ou la taille de l'anomalie.

Les limites observées sur les modèles DL s'expliquent aussi par des contraintes architecturales. Grad-CAM n'est pas un outil de localisation : c'est une technique d'interprétabilité qui pondère les cartes d'activation de la dernière couche convolutive [68]. La résolution spatiale de ces cartes est nécessairement inférieure à celle de l'image d'entrée, ce qui produit des heatmaps diffuses. Il ne faut donc pas attendre de Grad-CAM une précision de détection comparable à un algorithme de localisation. Pour le U-Net, la difficulté vient de la taille des anomalies. Cette architecture a été conçue pour segmenter des structures de taille significative dans l'image [6]. Les lésions de quelques pixels représentent un cas limite où le déséquilibre spatial est extrême et où l'information disponible pour guider la segmentation reste très faible. Le dataset, bien qu'équilibré entre classes, reste modeste pour entraîner un modèle de segmentation robuste aux cas les plus difficiles.

Ces observations suggèrent que IBIGP et les modèles d'apprentissage profond ne s'opposent pas nécessairement. IBIGP pourrait servir d'étape de prétraitement : en amplifiant les zones anormales avant de soumettre l'image à un classificateur ou à un segmenteur DL, on renforcerait le signal disponible pour ces modèles. Cette complémentarité entre l'approche probabiliste et les approches supervisées ouvre des perspectives de recherche que nous développons dans la section suivante.

4.6 Limites et perspectives

4.6.0.1 Limites de cette étude

Cette étude présente plusieurs limites qu'il convient d'identifier clairement. La première concerne la taille du dataset. Le dataset utilisé pour évaluer les modèles DL constitue une base d'entraînement modeste. Une validation sur des benchmarks reconnus dans la communauté, comme BraTS, renforcerait la portée des conclusions et permettrait une comparaison standardisée avec l'état de l'art.

La deuxième limite concerne le traitement 2D d'IBIGP. L'algorithme traite l'image IRM ligne par ligne, dans le plan axial. Les volumes IRM sont des données tridimensionnelles : les informations de continuité entre les coupes successives ne sont pas exploitées. Une anomalie peut se manifester sur plusieurs coupes adjacentes, ce que le traitement 2D ne capture pas. De même, la modélisation gaussienne repose sur l'hypothèse de stationnarité par intervalles. Cette hypothèse est raisonnable pour le tissu cérébral normal, mais peut être limitante dans

des régions à fort gradient d'intensité ou pour certains types de tissus pathologiques.

4.6.0.2 Perspectives de recherche

Ces limites tracent plusieurs directions pour la suite de ce travail. L'extension d'IBIGP au traitement 3D des volumes IRM est la perspective la plus directe : en modélisant chaque volume comme un processus tridimensionnel, l'algorithme pourrait exploiter la continuité entre les coupes et améliorer sa sensibilité. L'intégration d'IBIGP comme étape de prétraitement dans un pipeline hybride représente une autre direction prometteuse : la carte IBIGP amplifie les zones anormales et peut guider un classificateur ou un segmenteur DL vers les régions d'intérêt, ce qui combinerait la sensibilité probabiliste d'IBIGP avec la puissance de représentation des architectures profondes. Une validation sur des benchmarks publics standardisés permettrait enfin une comparaison rigoureuse avec les méthodes de l'état de l'art. L'ajout de métriques quantitatives de détection et de segmentation (DSC, IoU, sensibilité, spécificité) compléterait l'évaluation visuelle présentée dans ce travail.

4.7 Conclusion

Ce chapitre a présenté les résultats des trois approches évaluées dans ce travail : l'algorithme IBIGP, le CNN-ResNet18 et le U-Net avec encodeur ResNet34.

Sur le plan visuel, IBIGP détecte les anomalies précoces avec une localisation spatiale précise. L'image produite fait ressortir les zones anormales sous forme de points lumineux concentrés sur fond sombre, sans faux positifs sur les images saines, et sans aucune donnée annotée ni ressource GPU. Les deux modèles d'apprentissage profond montrent des résultats plus variables sur ce type d'anomalies. Le CNN-ResNet18 produit des faux négatifs sur les cas les plus subtils, et sa carte Grad-CAM fournit une localisation approximative plutôt que précise. Le U-Net ne segmente pas les anomalies les plus petites, bien qu'il donne un résultat plus exploitable lorsque la lésion est suffisamment marquée. Ces observations ne reflètent pas une faiblesse intrinsèque des architectures DL, mais les limites de leur application à des anomalies précoces sur un dataset de taille modeste.

Au-delà de la détection, IBIGP présente d'autres caractéristiques pratiques. Sa précision spatiale est directe : le point lumineux apparaît à l'emplacement exact de l'anomalie, sans post-traitement supplémentaire. Son temps de calcul est faible, car les seules opérations impliquées sont l'estimation de la moyenne et de la variance par intervalles, suivie d'une

inversion de probabilité pixel par pixel. Ces opérations s'exécutent rapidement sur un ordinateur standard. La simplicité de l'algorithme est aussi un avantage concret : il ne comporte que deux phases séquentielles, sans optimisation de paramètres, sans phase d'entraînement et sans hyperparamètres à ajuster. Enfin, la phase de modélisation offre un avantage supplémentaire pour l'archivage. Chaque intervalle de L pixels est représenté par deux valeurs seulement, la moyenne et la variance estimées. Stocker ces paramètres à la place des valeurs brutes compresse l'image d'un facteur $L/2$. Cette propriété peut être utile dans les systèmes de stockage d'images médicales où la capacité est limitée.

Le tableau synthétique de la section 4.4 résume les différences entre les trois approches selon cinq critères : type de sortie, qualité de la localisation, sensibilité aux anomalies précoces, quantité de données requises et besoin en GPU. IBIGP se distingue par sa capacité à détecter des changements subtils avec des ressources minimales. Les modèles DL se distinguent par leur robustesse sur les cas standard avec des lésions plus larges. La complémentarité entre ces deux familles de méthodes constitue la perspective principale identifiée dans ce travail. La conclusion générale revient sur cette perspective et sur les contributions de la thèse dans leur ensemble.

Conclusion Générale

Conclusion Générale

Les anomalies cérébrales occupent une place particulière parmi les maladies graves. Elles touchent le cerveau, organe dont dépendent la pensée, la mémoire, le mouvement, la parole. Leur impact sur la qualité de vie du patient est immédiat et souvent irréversible. À l'échelle mondiale, GLOBOCAN recense 321 000 nouveaux cas de tumeurs du cerveau et du système nerveux central en 2022, pour 248 000 décès la même année [1]. Les projections sont préoccupantes : ce nombre pourrait augmenter de 47% d'ici 2050 avec le vieillissement de la population [2]. Le taux de survie à cinq ans pour les tumeurs malignes comme le glioblastome ne dépasse pas 7%, mais un diagnostic posé tôt peut améliorer les chances de survie de 20% [3]. Le défi n'est pas seulement de détecter la maladie, c'est de la détecter avant qu'elle ne soit visible, avant que les symptômes n'apparaissent.

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est aujourd'hui la modalité de référence pour l'exploration du cerveau. Elle offre un contraste entre les tissus mous bien supérieur à celui du scanner, sans recourir aux radiations ionisantes. Ses différentes séquences (T1, T2, FLAIR, diffusion) permettent de caractériser les structures cérébrales avec une résolution spatiale élevée. Mais la quantité d'examens à analyser ne cesse d'augmenter. Un service de radiologie reçoit des dizaines, parfois des centaines d'IRM par jour. Dans ce contexte de forte charge de travail, la fatigue et la pression du temps favorisent les erreurs. Des études estiment le taux de faux négatifs pour les petites lésions à 30% [4]. La subtilité des anomalies précoces aggrave encore la difficulté : une lésion naissante peut n'occuper que quelques pixels dans l'image, sans caractéristique visuelle claire qui la distingue du tissu sain environnant.

Pour répondre à ce défi, les chercheurs ont développé des systèmes de diagnostic assisté par ordinateur (DAO). Ces systèmes analysent les images de façon automatique et signalent les zones suspectes pour guider le regard du radiologue [5]. Au fil des années, les méthodes proposées ont évolué des approches classiques de traitement d'images vers l'apprentissage automatique, puis vers l'apprentissage profond. Les architectures de réseaux de neurones convolutifs (CNN) et en particulier U-Net [6] ont montré des performances élevées sur des bases de données publiques comme BraTS. Des variantes comme ResNet [7] permettent d'atteindre des précisions de classification remarquables. Ces méthodes sont aujourd'hui

considérées comme l'état de l'art pour la détection et la segmentation de tumeurs cérébrales visibles.

Ces succès ont cependant une condition : la disponibilité de grandes bases de données annotées. Entraîner un réseau de neurones profond exige des milliers d'images avec des masques de segmentation dessinés pixel par pixel par des experts médicaux. Cette annotation est longue, coûteuse, et nécessite une expertise rare. Par ailleurs, ces modèles apprennent à reconnaître les anomalies qu'ils ont vues pendant l'entraînement. Une anomalie au stade précoce, quasi invisible et différente en apparence des lésions annotées dans les jeux d'entraînement, peut échapper à leur détection. C'est un angle mort commun à la plupart des méthodes supervisées : elles sont entraînées sur des anomalies visibles et peinent à détecter celles qui ne le sont pas encore. Cet angle mort définit précisément le problème que ce travail cherche à résoudre.

Notre contribution dans cette thèse est l'algorithme IBIGP [8]. Il repose sur un principe probabiliste : toute anomalie cérébrale est un événement rare par rapport au tissu sain de l'image de référence. L'algorithme construit d'abord un modèle statistique gaussien à partir d'une seule image IRM normale. Il estime, ligne par ligne et par intervalles, la moyenne et la variance du signal. Lors de la phase de détection, il calcule pour chaque pixel de l'image à analyser l'inverse de sa probabilité gaussienne d'appartenance au tissu normal. Les pixels normaux, bien conformes au modèle, obtiennent une valeur proche de zéro. Les pixels anormaux, qui s'écartent du modèle gaussien, obtiennent une valeur très élevée. L'image produite, appelée image IBIGP, fait ressortir les anomalies comme des points lumineux sur fond sombre. Cette approche ne nécessite ni base de données annotée, ni entraînement supervisé, ni processeur graphique dédié. Pour évaluer sa pertinence, nous la comparons à deux architectures d'apprentissage profond : un CNN avec backbone ResNet18 pour la classification binaire, et un U-Net avec encodeur ResNet34 pour la segmentation pixel par pixel [7, 6].

Ce travail poursuit quatre objectifs. Le premier est de développer et d'appliquer l'algorithme IBIGP à la détection d'anomalies précoces dans les images IRM cérébrales. Le deuxième est de comparer visuellement les résultats d'IBIGP avec ceux des deux modèles d'apprentissage profond sur les mêmes images IRM. Le troisième est d'évaluer la capacité de localisation spatiale de chaque méthode, en observant comment chacune identifie et délimite la zone anormale par rapport à la vérité terrain. Le quatrième est d'analyser les avantages et les limites de l'approche probabiliste face aux approches supervisées, pour comprendre dans

quels cas chaque famille de méthodes est la plus adaptée.

Ce manuscrit est organisé en quatre chapitres. Le Chapitre 1 pose les bases contextuelles : épidémiologie des anomalies cérébrales, principes physiques de l'IRM et de ses séquences, puis présentation des systèmes de diagnostic assisté par ordinateur et de leurs limites actuelles. Le Chapitre 2 dresse l'état de l'art des méthodes de détection d'anomalies dans les images IRM cérébrales, des approches classiques de seuillage et de segmentation jusqu'aux méthodes par apprentissage automatique et par apprentissage profond, en soulignant les lacunes qui motivent notre approche. Le Chapitre 3 détaille la méthodologie proposée : la description complète de l'algorithme IBIGP avec ses deux phases de modélisation et de détection, puis la présentation des deux architectures d'apprentissage profond utilisées comme points de comparaison et leur protocole d'entraînement commun. Le Chapitre 4 présente les résultats obtenus par les trois approches et leur analyse comparative visuelle. La Conclusion Générale synthétise les contributions de ce travail, en reconnaît les limites, et ouvre les perspectives de recherche.

ANNEXE A

Glossaire des termes médicaux

Annexe A

Glossaire des termes médicaux

Ce glossaire regroupe les termes médicaux et anatomiques utilisés dans ce manuscrit. Les définitions sont volontairement concises et orientées vers leur usage en imagerie cérébrale.

Anévrisme Dilatation localisée de la paroi d'une artère cérébrale. Peut rester silencieux ou provoquer une hémorragie sous-arachnoïdienne en cas de rupture. Apparaît en IRM comme un vide de signal en flux sur les séquences angiographiques.

AVC Accident vasculaire cérébral. Interruption brutale de la circulation sanguine dans une zone du cerveau, par obstruction (AVC ischémique) ou rupture vasculaire (AVC hémorragique). Provoque un œdème cytotoxique visible en hypersignal T2.

Barrière hémato-encéphalique Interface sélective entre la circulation sanguine et le tissu cérébral. Sa rupture, souvent autour d'une tumeur, permet l'infiltration de fluides et génère un œdème vasogénique détectable en T2 et FLAIR.

Chimiothérapie Traitement médicamenteux visant à détruire les cellules tumorales. Son efficacité dépend de la taille et du grade de la tumeur. Plus efficace quand la masse tumorale est réduite, ce qui justifie la détection précoce.

Gadolinium Agent de contraste paramagnétique injecté par voie intraveineuse avant certaines séquences IRM (T1 avec injection). Il s'accumule dans les zones où la barrière hémato-encéphalique est rompue, révélant les tumeurs malignes actives.

Glioblastome Tumeur cérébrale primitive de grade IV selon la classification OMS. C'est la forme la plus agressive des gliomes : survie médiane de 8 mois, taux de survie à cinq ans inférieur à 7 %. Apparaît en IRM comme une masse hétérogène avec nécrose centrale.

Gliome Tumeur issue des cellules gliales du système nerveux central. Regroupe plusieurs types selon le grade (I à IV) et la cellule d'origine (astrocytome, oligodendrogliome, glioblastome). Représente environ 30 % des tumeurs cérébrales primitives.

Grade tumoral (OMS) Classification de la malignité d'une tumeur sur une échelle de I (bénin, croissance lente) à IV (malin, croissance rapide). Le grade guide le choix du traitement et conditionne le pronostic.

Hydrocéphalie Accumulation excessive de liquide céphalo-rachidien dans les ventricules cérébraux, provoquant une augmentation de la pression intracrânienne. Peut être causée par une tumeur obstruant la circulation du LCR. Se traite par dérivation chirurgicale.

Lésion de la substance blanche Zone de démyélinisation ou d'atteinte vasculaire dans la substance blanche cérébrale. Apparaît en hypersignal T2 et FLAIR. Peut être liée à la sclérose en plaques, à l'hypertension artérielle chronique ou au diabète.

LCR Liquide céphalo-rachidien (*Cerebrospinal Fluid*, CSF). Fluide clair qui entoure et protège le cerveau et la moelle épinière. Apparaît en hypersignal T2 et en hyposignal T1. Sert de repère anatomique en segmentation IRM.

MAV Malformation artério-veineuse (*Arteriovenous Malformation*, AVM). Connexion anormale entre artères et veines cérébrales, sans capillaires intermédiaires. Risque d'hémorragie intracérébrale. Souvent découverte fortuitement en IRM.

Méningiome Tumeur bénigne (grade I ou II) des méninges, membranes entourant le cerveau. C'est la tumeur cérébrale primitive la plus fréquente. Croissance lente, souvent asymptomatique, parfois découverte fortuitement lors d'un examen IRM.

Métastase cérébrale Tumeur secondaire du cerveau, issue de la dissémination d'un cancer primaire (poumon, sein, mélanome). Contrairement aux tumeurs primitives, les métastases sont souvent multiples et localisées à la jonction substance blanche-substance grise.

Nécrose Mort cellulaire dans une zone tumorale, résultant d'une croissance trop rapide sans vascularisation suffisante. Caractéristique des glioblastomes. Apparaît en hyposignal T1 avec une couronne rehaussée par le gadolinium.

Œdème cérébral Accumulation anormale de liquide dans le tissu cérébral. Deux types : l'œdème vasogénique (rupture de la barrière hémato-encéphalique, souvent péri-tumoral) et l'œdème cytotoxique (gonflement cellulaire, typique de l'AVC ischémique). Les deux apparaissent en hypersignal T2.

Radiothérapie Traitement par rayonnements ionisants ciblant les cellules tumorales.

Utilisée seule ou en combinaison avec la chimiothérapie. Plus efficace sur les tumeurs de petite taille, détectées à un stade précoce.

Relaxation (T1, T2) Phénomène physique par lequel les protons reviennent à leur état d'équilibre après excitation par une impulsion radiofréquence. T1 est le temps de relaxation longitudinale, T2 le temps de relaxation transversale. Ces deux constantes déterminent le contraste des tissus en IRM.

Résection Ablation chirurgicale d'une tumeur ou d'une partie du tissu cérébral. La résection complète améliore le pronostic mais peut être compromise si la tumeur envahit des zones éloquentes (langage, motricité).

Sclérose en plaques Maladie auto-immune démyélinisante du système nerveux central. Provoque des lésions focales de la substance blanche visibles en hypersignal T2/FLAIR. La détection précoce des lésions permet d'initier un traitement de fond ralentissant la progression.

Substance blanche Région du cerveau composée principalement d'axones myélinisés. Apparaît en hypersignal T1 et en hyposignal T2 relatif. Siège fréquent de lésions vasculaires, démyélinisantes et métastatiques.

Substance grise Région du cerveau composée de corps cellulaires de neurones. Forme le cortex cérébral et les noyaux gris centraux. Apparaît en hyposignal T1 relatif et en signal intermédiaire T2.

Tumeur bénigne Tumeur à croissance lente, bien délimitée, qui n'envahit pas les tissus voisins et ne produit pas de métastases. Exemples : méningiome (grade I), gliome de bas grade. Le pronostic après résection est généralement favorable.

Tumeur maligne Tumeur à croissance rapide, invasive, avec risque de récidive et de métastases. Exemples : glioblastome (grade IV), métastases cérébrales. Le pronostic reste sombre malgré les traitements combinés.

Voxel Unité volumique élémentaire d'une image IRM 3D, analogue au pixel en 2D. Ses dimensions (typiquement $1 \times 1 \times 1\,\text{mm}^3$) déterminent la résolution spatiale de l'image. L'algorithme IBIGP traite l'image coupe par coupe, chaque coupe étant une grille de voxels projetés en 2D.

Bibliographie

[1] F. Bray, M. Laversanne, H. Sung, J. Ferlay, R. L. Siegel, I. Soerjomataram, and A. Jemal, "Global cancer statistics 2022 : GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries," *CA : A Cancer Journal for Clinicians*, vol. 74, no. 3, pp. 229–263, 2024.

[2] S. Kim, Y. Son, J. Oh, S. Kim, W. Jang, and S. Lee, "Global burden of brain and central nervous system cancer in 185 countries, and projections up to 2050 : a population-based systematic analysis of GLOBOCAN 2022," *Journal of Neuro-Oncology*, vol. 175, no. 2, pp. 673–685, 2025.

[3] American Cancer Society, "Survival rates for selected adult brain and spinal cord tumors," 2024. [En ligne]. Disponible : `https://www.cancer.org`

[4] E. A. Krupinski, "Current perspectives in medical image perception," *Attention, Perception, & Psychophysics*, vol. 72, no. 5, pp. 1205–1217, 2010.

[5] K. Doi, "Computer-aided diagnosis in medical imaging : Historical review, current status and future potential," *Computerized Medical Imaging and Graphics*, vol. 31, no. 4, pp. 198–211, 2007.

[6] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox, "U-Net : Convolutional networks for biomedical image segmentation," in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, vol. 9351, pp. 234–241, 2015.

[7] K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun, "Deep residual learning for image recognition," in *Proc. IEEE Conf. Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, pp. 770–778, 2016.

[8] M. H. Nait Chalal, B. Yagoubi, and S. Henni, "Incipient anomalous detection in a brain using the IBIGP algorithm," *Indonesian Journal of Electrical Engineering and Computer Science*, vol. 41, no. 1, pp. 119–127, 2026.

[9] D. N. Louis et al., "The 2021 WHO Classification of Tumors of the Central Nervous System : a summary," *Neuro-Oncology*, vol. 23, no. 8, pp. 1231–1251, 2021.

[10] N. Sarbu, R. Y. Shih, R. V. Jones, I. Horkayne-Szakaly, L. Oleaga, and J. G. Smirniotopoulos, "White matter diseases with radiologic-pathologic correlation," *Radiographics*, vol. 36, no. 5, pp. 1426–1447, 2016.

[11] S. Weidauer, M. Wagner, and M. Nichtweiß, "White matter lesions in adults — a differential diagnostic approach," *RöFo*, vol. 192, no. 12, pp. 1154–1173, 2020.

[12] V. A. Reddy, "How important is early detection in treating brain tumors ?" *DrVijayAnandReddy.com*, 2024. [Online]. Available : `https://drvijayanandreddy.com/how-important-is-early-detection-in-treating-brain-tumors/` (accessed Dec. 10, 2024).

[13] M. Mahesh, "The essential physics of medical imaging, third edition" (book review), *Medical Physics*, vol. 40, no. 7, 2013.

[14] E. M. Haacke, R. W. Brown, M. R. Thompson, and R. Venkatesan, *Magnetic Resonance Imaging : Physical Principles and Sequence Design*, 2nd ed. Wiley, 2014.

[15] D. W. McRobbie, E. A. Moore, M. J. Graves, and M. R. Prince, *MRI from Picture to Proton*, 2nd ed. Cambridge University Press, 2006.

[16] M. A. Bernstein, K. F. King, and X. J. Zhou, *Handbook of MRI Pulse Sequences*. Academic Press, 2004.

[17] J. Zhuo and R. P. Gullapalli, "MR artifacts, safety, and quality control," *Radiographics*, vol. 26, no. 1, pp. 275–297, 2006.

[18] H. Mzoughi, I. Njeh, M. Ben Slima, and A. Ben Hamida, "Review of computer aided-diagnosis CAD systems for MRI gliomas brain tumors explorations based on machine learning and deep learning," in *2022 6th Intl. Conf. Advanced Technologies for Signal and Image Processing (ATSIP)*, pp. 1–6, 2022.

[19] Z. Li and O. Dib, "Empowering brain tumor diagnosis through explainable deep learning," *Machine Learning and Knowledge Extraction*, vol. 6, no. 4, pp. 2248–2281, 2024.

[20] S. Bouhafra and H. El Bahi, "Deep learning approaches for brain tumor detection and classification using MRI images (2020 to 2024) : A systematic review," *Journal of Imaging Informatics in Medicine*, vol. 38, pp. 1403–1433, 2025.

[21] P. K. Chahal, S. Pandey, and S. Goel, "A survey on brain tumor detection techniques for MR images," *Multimedia Tools and Applications*, vol. 79, pp. 21771–21814, 2020.

[22] P. Dvořák, K. Bartošek, W. G. Kropatsch, and Z. Smékal, "Automated multi-contrast brain pathological area extraction from 2D MR images," *Journal of Applied Research and Technology*, vol. 13, no. 1, pp. 58–69, 2015.

[23] U. Ilhan and A. Ilhan, "Brain tumor segmentation based on a new threshold approach," *Procedia Computer Science*, vol. 120, pp. 580–587, 2017.

[24] S. Koley, A. K. Sadhu, P. Mitra, B. Chakraborty, and C. Chakraborty, "Delineation and diagnosis of brain tumors from post contrast T1-weighted MR images using rough granular computing and random forest," *Applied Soft Computing*, vol. 41, pp. 453–465, 2016.

[25] N. M. Saad, S. A. R. Abu-Bakar, S. Muda, and M. Mokji, "Segmentation of brain lesions in diffusion-weighted MRI using thresholding technique," in *2011 IEEE Intl. Conf. Signal and Image Processing Applications (ICSIPA)*, pp. 249–254, 2011.

[26] K. P. Wong, "Medical image segmentation : methods and applications in functional imaging," in *Handbook of Biomedical Image Analysis*. Springer, 2005, pp. 111–182.

[27] K. Held, E. R. Kops, B. J. Krause, W. M. Wells, R. Kikinis, and H. W. Muller-Gartner, "Markov random field segmentation of brain MR images," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 16, no. 6, pp. 878–886, 1997.

[28] R. Donoso, A. Veloz, and H. Allende, "Modified expectation maximization algorithm for MRI segmentation," in *Progress in Pattern Recognition, Image Analysis, Computer Vision, and Applications (CIARP)*, pp. 63–70, 2010.

[29] Z. Ji, Y. Huang, Q. Sun, and G. Cao, "A spatially constrained generative asymmetric Gaussian mixture model for image segmentation," *Journal of Visual Communication and Image Representation*, vol. 40, pp. 611–626, 2016.

[30] Y. M. Salman, M. Assal, A. Badawi, S. Alian, and M. E. M. El Bayome, "Validation techniques for quantitative brain tumors measurements," in *28th Annual Intl. Conf. IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBS)*, pp. 7048–7051, 2006.

[31] Y. M. Salman, "Modified technique for volumetric brain tumor measurements," *Journal of Biomedical Science and Engineering*, vol. 2, no. 1, pp. 16–19, 2009.

[32] S. Pandav, "Brain tumor extraction using marker controlled watershed segmentation," *International Journal of Engineering Research and Technology*, vol. 3, no. 6, 2014.

[33] M. R. Kaus, S. K. Warfield, A. Nabavi, P. M. Black, F. A. Jolesz, and R. Kikinis, "Automated segmentation of MR images of brain tumors," *Radiology*, vol. 218, no. 2, pp. 586–591, 2001.

[34] T. McInerney and D. Terzopoulos, "Deformable models in medical image analysis : a survey," *Medical Image Analysis*, vol. 1, no. 2, pp. 91–108, 1996.

[35] C. Li, C. Xu, C. Gui, and M. D. Fox, "Level set evolution without re-initialization : a new variational formulation," in *Proc. IEEE Conf. Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, vol. 1, pp. 430–436, 2005.

[36] A. Rajendran and R. Dhanasekaran, "Fuzzy clustering and deformable model for tumor segmentation on MRI brain image : a combined approach," *Procedia Engineering*, vol. 30, pp. 327–333, 2012.

[37] W. Cai, S. Chen, and D. Zhang, "Fast and robust fuzzy C-means clustering algorithms incorporating local information for image segmentation," *Pattern Recognition*, vol. 40, no. 3, pp. 825–838, 2007.

[38] M. N. Ahmed, S. M. Yamany, N. Mohamed, A. A. Farag, and T. Moriarty, "A modified fuzzy C-means algorithm for bias field estimation and segmentation of MRI data," *IEEE Transactions on Medical Imaging*, vol. 21, no. 3, pp. 193–199, 2002.

[39] G. Vishnuvarthanan, M. P. Rajasekaran, P. Subbaraj, and A. Vishnuvarthanan, "An unsupervised learning method with a clustering approach for tumor identification and tissue segmentation in magnetic resonance brain images," *Applied Soft Computing*, vol. 38, pp. 190–212, 2016.

[40] C. Cortes and V. Vapnik, "Support-vector networks," *Machine Learning*, vol. 20, no. 3, pp. 273–297, 1995.

[41] L. Clarke, "MR image segmentation using MLM and neural networks," *Medical Physics*, vol. 18, no. 3, p. 673, 1991.

[42] M. Maitra and A. Chatterjee, "A slantlet transform based intelligent system for magnetic resonance brain image classification," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 1, no. 4, pp. 299–306, 2006.

[43] E. S. A. El Dahshan, T. Hosny, and A. B. M. Salem, "Hybrid intelligent techniques for MRI brain images classification," *Digital Signal Processing*, vol. 20, no. 2, pp. 433–441, 2010.

[44] E. Abdel-Maksoud, M. Elmogy, and R. Al-Awadi, "Brain tumor segmentation based on a hybrid clustering technique," *Egyptian Informatics Journal*, vol. 16, no. 1, pp. 71–81, 2015.

[45] S. Chaplot, L. M. Patnaik, and N. R. Jagannathan, "Classification of magnetic resonance brain images using wavelets as input to support vector machine and neural network," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 1, no. 1, pp. 86–92, 2006.

[46] A. Kharrat, K. Gasmi, M. B. Messaoud, N. Benamrane, and M. Abid, "A hybrid approach for automatic classification of brain MRI using genetic algorithm and support vector machine," *Leonardo Journal of Sciences*, vol. 17, no. 1, pp. 71–82, 2010.

[47] H. Al-Dmour and A. Al-Ani, "A clustering fusion technique for MR brain tissue segmentation," *Neurocomputing*, vol. 275, pp. 546–559, 2018.

[48] G. E. Hinton and R. R. Salakhutdinov, "Reducing the dimensionality of data with neural networks," *Science*, vol. 313, no. 5786, pp. 504–507, 2006.

[49] F. Bashir-Gonbadi and H. Khotanlou, "Brain tumor classification using deep convolutional autoencoder-based neural network : multi-task approach," *Multimedia Tools and Applications*, vol. 80, pp. 19909–19929, 2021.

[50] S. S. Waghere and J. P. Shinde, "A robust classification of brain tumor disease in MRI using twin-attention based dense convolutional auto-encoder," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 92, p. 106088, 2024.

[51] P. M. S. Raja, "Brain tumor classification using a hybrid deep autoencoder with Bayesian fuzzy clustering-based segmentation approach," *Biocybernetics and Biomedical Engineering*, vol. 40, no. 1, pp. 440–453, 2020.

[52] A. Krizhevsky, I. Sutskever, and G. E. Hinton, "ImageNet classification with deep convolutional neural networks," in *Advances in Neural Information Processing Systems (NeurIPS)*, vol. 25, pp. 1097–1105, 2012.

[53] G. Huang, Z. Liu, L. van der Maaten, and K. Q. Weinberger, "Densely connected convolutional networks," in *Proc. IEEE Conf. Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, pp. 4700–4708, 2017.

[54] M. Hammad et al., "Efficient brain tumor detection with lightweight end-to-end deep learning model," *Cancers*, vol. 15, no. 10, p. 2837, 2023.

[55] N. Kesav and M. G. Jibukumar, "Efficient and low complex architecture for detection and classification of brain tumor using RCNN with two channel CNN," *Journal of King Saud University – Computer and Information Sciences*, vol. 33, pp. 1–14, 2021.

[56] M. S. I. Khan et al., "Accurate brain tumor detection using deep convolutional neural network," *Computational and Structural Biotechnology Journal*, vol. 20, pp. 4733–4745, 2022.

[57] A. Dosovitskiy et al., "An image is worth 16x16 words : Transformers for image recognition at scale," arXiv preprint arXiv :2010.11929, 2020.

[58] A. Vaswani et al., "Attention is all you need," in *Advances in Neural Information Processing Systems (NeurIPS)*, vol. 30, 2017.

[59] W. Jun and Z. Liyuan, "Brain tumor classification based on attention guided deep learning model," *International Journal of Computational Intelligence Systems*, vol. 15, no. 1, p. 35, 2022.

[60] W. Wang et al., "TransBTS : Multimodal brain tumor segmentation using transformer," in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, pp. 109–119, 2021.

[61] B. Yagoubi, "A geometric approach to a non stationary process," in *Proc. 2nd Int. Conf. Mathematical Models for Engineering Science (MMES'11/DEEE'11/COMATIA'11)*, Puerto De La Cruz, Tenerife, Spain, World Scientific and Engineering Academy and Society (WSEAS), 2011, pp. 179–183. doi : 10.5555/2183109.2183143

[62] S. Benkraouda, B. Yagoubi, M. Rebhi, and A. Bouziane, "Belonging probability inverse image approach for forest fire detection," *African Journal of Ecology*, vol. 52, pp. 363–369, 2014. doi : 10.1111/aje.12128

[63] B. Yagoubi, "Multi-faults detection in random processes using the PSD and the IBIP hybrid technique," *Mechatronic Systems and Control*, vol. 46, pp. 150–156, 2018.

[64] K. He, X. Zhang, S. Ren, and J. Sun, "Deep residual learning for image recognition," in *Proc. IEEE Conf. Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, pp. 770–778, 2016.

[65] L. Alzubaidi, M. A. Fadhel, O. Al-Shamma, J. Zhang, and Y. Duan, "Deepening into the suitability of using pre-trained models of ImageNet against a lightweight convolutional neural network in medical imaging : an experimental study," *PeerJ Computer Science*, vol. 7, p. e715, 2021.

[66] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox, "U-Net : Convolutional networks for biomedical image segmentation," in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, vol. 9351, pp. 234–241, 2015.

[67] D. Jha, P. H. Smedsrud, M. A. Riegler, D. Johansen, T. de Lange, P. Halvorsen, and H. D. Johansen, "ResUNet++ : An advanced architecture for medical image segmentation," in *2019 IEEE Intl. Symposium on Multimedia (ISM)*, pp. 225–230, 2019.

[68] R. R. Selvaraju, M. Cogswell, A. Das, R. Vedantam, D. Parikh, and D. Batra, "Grad-CAM : Visual explanations from deep networks via gradient-based localization," *International Journal of Computer Vision*, vol. 128, no. 2, pp. 336–359, 2020.

[69] H. Negi, A. Bhatt, S. Dimri, and B. Kumar, "A comparative analysis on machine learning based brain tumor detection techniques," in *Proc. 7th Int. Conf. Trends Electron. Inform. (ICOEI)*, Tirunelveli, India, 2023, pp. 1181–1187. doi : 10.1109/ICOEI56765.2023.10125667

[70] R. Kirtania, S. Mitra, and B. U. Shankar, “A novel adaptive k-NN classifier for handling imbalance : application to brain MRI,” *Intelligent Data Analysis*, vol. 24, no. 4, pp. 909–924, 2020. doi : 10.3233/IDA-194647

[71] H. H. Jabbar, R. M. Muttasher, and A. F. Dakhil, “Segmentation of brain tissue using improved kernelized rough-fuzzy C-means technique,” *Indonesian Journal of Electrical Engineering and Computer Science*, vol. 32, no. 1, pp. 216–226, Oct. 2023. doi : 10.11591/ijeecs.v32.i1.pp216-226

[72] S. Jayachitra and A. Prasanth, “Multi-feature analysis for automated brain stroke classification using weighted Gaussian Naive Bayes classifier,” *Journal of Circuits, Systems and Computers*, vol. 30, no. 10, art. no. 2150178, Oct. 2021. doi : 10.1142/S0218126621501784

[73] K. Narayanasamy, Elangovan, S. K. L, M. Maragatharajan, and D. Deepa, “CNN-based deep learning approach for MRI-based brain tumor detection,” in *Proc. 4th Int. Conf. Smart Electron. Commun. (ICOSEC)*, Trichy, India, Sep. 2023, pp. 875–879. doi : 10.1109/ICOSEC58147.2023.10276086

[74] A. Ramanagiri, M. Mukunthan, and G. Balamurugan, “Enhanced brain tumor detection using ResNet-50,” in *Proc. 10th Int. Conf. Commun. Signal Process. (ICCSP)*, Melmaruvathur, India, 2024, pp. 1708–1711. doi : 10.1109/ICCSP60870.2024.10543742

[75] Y. M. Ropa, K. R. Moon, and T. Singh, “Deep learning-based hybrid framework utilizing OpenCV and CNN for automated brain tumor detection and MRI image classification,” in *Proc. 4th Int. Conf. Sustainable Expert Syst. (ICSES)*, Kaski, Nepal, 2024, pp. 1674–1682. doi : 10.1109/ICSES63445.2024.10762991

[76] S. Saeedi, S. Rezayi, H. Keshavarz, S. R. N. Kalhori, and M. Ghazisaeedi, “MRI-based brain tumor detection using convolutional deep learning methods and chosen machine learning techniques,” *BMC Medical Informatics and Decision Making*, vol. 23, no. 1, art. no. 16, Jan. 2023. doi : 10.1186/s12911-023-02114-6

[77] R. Giancotti, U. Lomoio, P. Veltri, P. H. Guzzi, and P. Vizza, “A machine-learning based tool for bioimages managing and annotation,” in *Proc. IEEE Int. Conf. Bioinform. Biomed. (BIBM)*, Las Vegas, NV, USA, Dec. 2022, pp. 2589–2594. doi : 10.1109/BIBM55620.2022.9995608

[78] M. Mujahid, A. Rehman, F. S. Alamri, S. Alotaibi, and T. Saba, "Brain tumor detection through novel feature selection using deep EfficientNet-CNN-based features with supervised learning and data augmentation," *Physica Scripta*, vol. 99, no. 7, art. no. 075002, May 2024. doi : 10.1088/1402-4896/ad4f2d

[79] K. Sakpal, M. Syed, A. Shaikh, and K. Pathan, "Anomaly detection in healthcare : Brain tumor," *International Journal of Scientific Research in Engineering and Management (IJSREM)*, vol. 9, no. 1, Jan. 2025. doi : 10.55041/IJSREM41228

[80] M. Baali, N. Bourbia, K. Messaoudi, and E.-B. Bourennane, "Efficient deep learning approach for brain tumor detection and segmentation based on advanced CNN and U-Net," *Indonesian Journal of Electrical Engineering and Computer Science*, vol. 37, no. 2, pp. 1365–1375, Feb. 2025. doi : 10.11591/ijeecs.v37.i2.pp1365-1375

[81] J. Bao, H. Sun, H. Deng, Y. He, Z. Zhang, and X. Li, "BMAD : Benchmarks for medical anomaly detection," in *Proc. IEEE/CVF Conf. Comput. Vis. Pattern Recognit. Workshops (CVPRW)*, Seattle, WA, USA, 2024, pp. 4042–4053. doi : 10.1109/CVPRW63382.2024.00408

[82] A. Bharali, L. Dihingia, S. Shome, and A. Ganguly, "Machine learning based brain tumor detection and classification system," in *Proc. 6th Int. Conf. Energy, Power Environ. (ICEPE)*, Shillong, India, 2024, pp. 1–5. doi : 10.1109/ICEPE63236.2024.10668916

[83] A. A. Asiri, T. A. Soomro, A. A. Shah, G. Pogrebna, M. Irfan, and S. Alqahtani, "Optimized brain tumor detection : a dual-module approach for MRI image enhancement and tumor classification," *IEEE Access*, vol. 12, pp. 42868–42887, 2024. doi : 10.1109/ACCESS.2024.3379136

[84] National Brain Tumor Society, "Brain tumor facts," Feb. 2024. [Online]. Available : `https://braintumor.org/brain-tumors/about-brain-tumors/brain-tumor-facts/` (accessed Dec. 1, 2024).

[85] Q. T. Ostrom et al., "CBTRUS statistical report : primary brain and other central nervous system tumors diagnosed in the United States in 2015–2019," *Neuro-Oncology*, vol. 24, no. suppl. 5, pp. v1–v95, Oct. 2022. doi : 10.1093/neuonc/noac202

[86] H. A. Shah, F. Saeed, S. Yun, J.-H. Park, A. Paul, and J.-M. Kang, "A robust approach for brain tumor detection in magnetic resonance images using finetuned EfficientNet," *IEEE Access*, vol. 10, pp. 65426–65438, 2022. doi : 10.1109/ACCESS.2022.3184113

[87] C. Han et al., "MADGAN : unsupervised medical anomaly detection GAN using multiple adjacent brain MRI slice reconstruction," *BMC Bioinformatics*, vol. 22, suppl. 2, art. no. 31, Apr. 2021. doi : 10.1186/s12859-020-03936-1

[88] G. Pang, C. Shen, L. Cao, and A. van den Hengel, "Deep learning for anomaly detection : a review," *ACM Computing Surveys*, vol. 54, no. 2, art. no. 38, pp. 1–38, Mar. 2021. doi : 10.1145/3439950

[89] N. Zangrando, P. Fraternali, M. Petri, N. O. P. Vago, and S. Herrera, "Anomaly detection in quasi-periodic energy consumption data series : a comparison of algorithms," *Energy Informatics*, vol. 5, no. S4, art. no. 62, 2022. doi : 10.1186/s42162-022-00230-7

[90] A. B. Abdusalomov, M. Mukhiddinov, and T. K. Whangbo, "Brain tumor detection based on deep learning approaches and magnetic resonance imaging," *Cancers*, vol. 15, no. 16, art. no. 4172, Aug. 2023. doi : 10.3390/cancers15164172

[91] S. M. Rasa, M. M. Islam, M. A. Talukder et al., "Brain tumor classification using fine-tuned transfer learning models on magnetic resonance imaging (MRI) images," *Digital Health*, vol. 10, 2024. doi : 10.1177/20552076241286140

[92] W. H. L. Pinaya, P.-D. Tudosiu, R. Gray, G. Rees, P. Nachev, S. Ourselin, and M. J. Cardoso, "Unsupervised brain anomaly detection and segmentation with transformers," in *Proc. 4th Conf. Medical Imaging with Deep Learning (MIDL)*, ser. Proceedings of Machine Learning Research, vol. 143, PMLR, Jul. 2021, pp. 596–617. [Online]. Available : `https://proceedings.mlr.press/v143/pinaya21a.html`

[93] G. Luo, W. Xie, R. Gao, T. Zheng, L. Chen, and H. Sun, "Unsupervised anomaly detection in brain MRI : learning abstract distribution from massive healthy brains," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 154, p. 106610, 2023. doi : 10.1016/j.compbiomed.2023.106610

[94] F. J. Dorfner, J. B. Patel, J. Kalpathy-Cramer et al., "A review of deep learning

for brain tumor analysis in MRI," *npj Precision Oncology*, vol. 9, p. 2, 2025. doi : 10.1038/s41698-024-00789-2

[95] G. Ziegler, G. R. Ridgway, R. Dahnke, and C. Gaser, "Individualized Gaussian process-based prediction and detection of local and global gray matter abnormalities in elderly subjects," *NeuroImage*, vol. 97, pp. 333–348, 2014. doi : 10.1016/j.neuroimage.2014.04.018

[96] H. Jokinen et al., "Early-stage white matter lesions detected by multispectral MRI segmentation predict progressive cognitive decline," *Frontiers in Neuroscience*, vol. 9, 2015. doi : 10.3389/fnins.2015.00455

[97] C. Baur, B. Wiestler, S. Albarqouni, and N. Navab, "Deep autoencoding models for unsupervised anomaly segmentation in brain MR images," in *Brainlesion : Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries (BrainLes 2018)*, ser. Lecture Notes in Computer Science, vol. 11383. Cham : Springer, 2019. doi : 10.1007/978-3-030-11723-8_16

[98] C. Baur, S. Denner, B. Wiestler, N. Navab, and S. Albarqouni, "Autoencoders for unsupervised anomaly segmentation in brain MR images : a comparative study," *Medical Image Analysis*, vol. 69, p. 101952, 2021. doi : 10.1016/j.media.2020.101952

[99] C. Baur, B. Wiestler, S. Albarqouni, and N. Navab, "Scale-space autoencoders for unsupervised anomaly segmentation in brain MRI," in *Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention (MICCAI 2020)*, ser. Lecture Notes in Computer Science, vol. 12264. Cham : Springer, 2020. doi : 10.1007/978-3-030-59719-1_54

[100] K. Kamnitsas, C. Ledig, V. F. J. Newcombe, J. P. Simpson, A. D. Kane, D. K. Menon, D. Rueckert, and B. Glocker, "Efficient multi-scale 3D CNN with fully connected CRF for accurate brain lesion segmentation," *Medical Image Analysis*, vol. 36, pp. 61–78, 2017. doi : 10.1016/j.media.2016.10.004