الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية
République Algérienne Démocratique et Populaire
وزارة التعليم العالي والبحث العلمي
Ministère de l'enseignement supérieur et de la recherche scientifique

Université Mohamed Khider – Biskra
Faculté des sciences et de la technologie
Département : Génie électrique
Ref : …….



جامعه محمد خيضر بسكرة
كلية العلوم التكنولوجيا
قسم : الهندسة الكهربائية
المرجع:

Thèse présentée en vue de l'obtention du diplôme de

Doctorat LMD en électronique

Spécialité : électronique

Option : signaux et communications

Linéarisation d'un modèle non linéaire pour la détection de lésions par la technique ANOVA sur des images IRM

Présentée par :

ATIA Naoual

Soutenue publiquement le : **21/06/2026**

Devant le jury composé de :

BAARIR Zine-Eddine	Professeur	Président	Université de Biskra
TOUBA Mostefa Mohamed	MCA	Directeur	Université de Biskra
TERKI Nadjiba	Professeur	Examinateur	Université de Biskra
CHAFAA Kheireddine	Professeur	Examinateur	Université de Batna 2

Dédicace

Je dédie cette thèse à…

Mon cher père

Ma chère mère

À mon mari

À ma fille Assil et mon fils Ishak

Ma chère sœur Sara et Mon cher frère Djamel et Belgacem et Tarek et Othmane

Toute la famille

Mes chères amies

Tous mes enseignants

Et enfin à toutes celles et ceux qui ont participé de près ou de loin à la réalisation de ce projet.

Remerciements

Je tiens premièrement à prosterner remerciant **ALLAH** le tout puissant de m'avoir donné le courage et la patience pour terminer cette thèse.

Je remercie toute ma famille pour leur encouragement, leur soutien durant toutes mes années d'étude.

Je tiens à exprimer ma profonde gratitude et mes remerciements sincères à mon directeur de recherche, le professeur **TOUBA Mostefa Mohamed,** pour son soutien constant, ses conseils précieux et ses orientations qui ont largement contribué à l'aboutissement de ce travail.

Mes remerciements vont aussi vers les membres de jury pour avoir acceptés de m'honorer avec leur présence et m'accorder de précieux remarques.

Mes remerciements vont également au professeur **Abdeldjalil Ouahabi** en reconnaissances de l'apport très précieux ainsi que le suivi très rigoureux qui m'ont permis l'achèvement de ce travail.

Mes sincères remerciements et respects au professeur **Madina Hamiane** et **Kaouther El Kourd** pour sa contribution dans ce travail ainsi que ses remarques précieuses.

Mon profond remerciement à ma très chère sœur **Sara Atia**.

Je remercie également docteur **Abir Betka** pour sa présence durant la mise en valeur de cette thèse.

Résumé

Une tumeur cérébrale est un groupe de cellules cancéreuses incontrôlables qui se développent dans ou autour du cerveau. La segmentation de la tumeur cérébrale à partir des images IRM est l'un des enjeux majeurs de nos jours, pour aider les médecins à la détection précoce de la tumeur. La technique statistique d'analyse de variance ANOVA permet d'évaluer la similarité des moyennes dans différents groupes, en comparant les variances. L'aspect important de cette méthode est la simplicité d'utilisation et son efficacité à comparer des groupes avec différents nombres d'observations. Les méta-heuristiques sont des techniques d'optimisation capables de trouver des résultats optimaux avec une complexité de calcul réduite. Dans cette thèse, nous proposons une nouvelle approche de segmentation de la tumeur cérébrale à partir des images IRM, basée sur la technique d'optimisation par essaim de particules (PSO) et en utilisant la technique de ANOVA bidirectionnelle fixe comme fonction de fitness. L'algorithme proposé est composé de trois étapes principales. Premièrement, un prétraitement pour supprimer les os du crâne et éliminer les informations inutiles. Dans la deuxième étape, qui représente notre contribution principale, la technique PSO a été appliquée, pour détecter le bloc dans l'image cérébrale qui contient la lésion. La technique ANOVA fixe bidirectionnelle a été utilisée comme une fonction de fitness pour évaluer les blocs candidats. Enfin, la méthode de clustering K-means est appliqué au bloc lésionnel, pour le classer en deux classes ; tumoral ou non tumoral. Les résultats ont été obtenu en utilisant deux base de données ; des données privées fournie par le centre d'imagerie de Kouba, Alger (KICA), et une base de données publique appelé BraTS 2015. Les résultats obtenus prouvent la supériorité de notre approche proposée par rapport aux autres méthodes d'état de l'art.

Mots clés : Tumeur cérébrale, Segmentation d'image, IRM, ANOVA, PSO, K-means

Abstract

A brain tumor is a group of out-of-control cancer cells that grow in or around the brain. The segmentation of the brain tumor from MRI images is one of the major challenges nowadays, to help doctors in the early detection of the tumor. The statistical technique of analysis of variance ANOVA is used to assess the similarity of means in different groups, by comparing the variances. The important aspect of this method is the simplicity of use and its efficiency in comparing groups with different numbers of observations. Meta-heuristics are optimization techniques capable of finding optimal results with reduced computational complexity. In this thesis, we propose a new approach to brain tumor segmentation from MRI images, based on the Particle Swarm Optimization (PSO) technique and using the fixed two-way ANOVA technique as a fitness function. The proposed algorithm is composed of three main steps. First, a pre-processing to remove the skull bones and eliminate unnecessary information. In the second step, which represents our main contribution, the PSO technique was applied, to detect the block in the brain image that contains the lesion. The two-way fixed ANOVA technique was used as a fitness function to assess candidate blocks. Finally, the K-means clustering method is applied to the lesion al block, to classify it into two classes; tumor or non-tumor. The results were obtained using two databases; private data provided by the Kouba Imaging Center, Algiers (KICA), and a public database called BraTS 2015. The results obtained prove the superiority of our proposed approach compared to other state-of-the-art methods.

Keywords: Brain tumor, Image segmentation, MRI, ANOVA, PSO, K-means

ملخص

ورم المخ هو مجموعة من الخلايا السرطانية الخارجة عن السيطرة والتي تنمو في الدماغ أو حوله. تعد تجزئة ورم الدماغ من صور التصوير بالرنين المغناطيسي أحد التحديات الرئيسية في الوقت الحاضر لمساعدة الأطباء في الكشف المبكر عن الورم. يتم استخدام التقنية الإحصائية أنوفا لتحليل التباين لتقييم تشابه القيم الوسيطة في مجموعات مختلفة، من خلال مقارنة الفروق. يتمثل الجانب المهم في هذه الطريقة في بساطة الاستخدام وكفاءتها في مقارنة المجموعات بأعداد مختلفة من الملاحظات. الطرق الاستكشافية هي تقنيات تحسين قادرة على إيجاد أفضل النتائج مع أقل التعقيد الحسابي. في هذه الأطروحة، نقترح نهجًا جديدًا لتجزئة ورم الدماغ من صور التصوير بالرنين المغناطيسي، استنادًا إلى تقنية تحسين حشد الجسيمات واستخدام تقنية أنوفا الثابتة ثنائية الاتجاه كدالة موضوعية. تتكون الخوارزمية المقترحة من ثلاث خطوات رئيسية. أولاً، معالجة مسبقة لإزالة عظام الجمجمة وإزالة المعلومات غير الضرورية، وفي الخطوة الثانية، والتي تمثل مساهمتنا الرئيسية، تم تطبيق تقنية تحسين بحشد الجزيئات للكشف عن الكتلة في صورة الدماغ التي تحتوي على الآفة. تم استخدام تقنية أنوفا الثابتة ثنائية الاتجاه كدالة موضوعية لتقييم الكتل المرشحة. أخيرًا، يتم تطبيق طريقة التجميع (ك-وسائط) على الكتلة المريضة، لتصنيفها إلى فئتين؛ ورم أو غير ورم. تم الحصول على النتائج باستخدام قاعدتي بيانات؛ البيانات الخاصة المقدمة من مركز تصوير القبة، الجزائر العاصمة، وقاعدة بيانات عامة تسمى (براتس 2015). تثبت النتائج التي تم الحصول عليها تفوق نهجنا المقترح مقارنة بأحدث الأساليب الأخرى.

كلمات مفتاحية: ورم الدماغ، تجزئة الصور، صور التصوير بالرنين المغناطيسي، أنوفا، تحسين بحشد جزيئات، ك-وسائط

Production scientifique

Atia, Naoual, Amir Benzaoui, Sébastien Jacques, Madina Hamiane, Kaouther El Kourd, Ayache Bouakaz, and Abdeldjalil Ouahabi. "Particle swarm optimization and two-way fixed-effects analysis of variance for efficient brain tumor segmentation." *Cancers* 14, no. 18 (2022): 4399.

Naoual Atia, Kaouther El Kourd. 'Novel Brain Tumor Segmentation Method Based on Black Hole Algorithm and using a Statistical Technique'. The 2nd International Conference on Electrical Engineering, ICEEB'2018.

Kaouther El Kourd, **A. Naouel**, A. MAlki. 'Comparison from Accuracy Time between Artificial Neural Networks (ANN) of Matlab & Iterative Resolution with Gauss Seidal to Detect the Lesion'. American Scientific Research Journal for Engineering, Technology, and Sciences (ASRJETS) ISSN (Print) 2313-4410, ISSN (Online) 2313-4402 © Global Society of Scientific Research and Researchers. http://asrjetsjournal.org/

Kaouther El kourd, **Atia Naoual,** Abdenour Bouaicha, Souleyman Benkraouda. 'Diagnosis of lesion with statistical method of Anova1 & two ways for multi-MRI images with format. Dicom'. International Journal of Science, Engineering and Management (IJSEM). Vol 2, Issue 12, December 2017.

Kaouther El Kourd, **Atia Naoual**, Abdenour Bouaicha, Souleyman Benkraouda. 'Diagnosis of lesion with statistical method of Anova1 & two ways for multi-MRI images with format. Dicom'. International Journal of Engineering &Technology, 7 (1.2) (2018) 235-238.

Kaouther El kourd, **Atia Naoual,** Abd El Rahman Malki. 'Gauss Seidal Method to Detect the lesion with Accuracy Time in Front of Student Test for MR Images'. International Journal of Electronics and Electrical Engineering, DOI: 10.18178/ijeee.5.2.144-147, January 2017.

Table des matières

Introduction générale……..……1

Chapitre I : Tumeur cérébrale et segmentation d'images IRM

I.1 Introduction :..... 8

I.2 Tumeurs : 8

I.2.1. Définition de tumeur : 8

I.2.2. Classification des tumeurs :..... 9

I.2.2. 1. La classification bas/haut grade :..... 9

I.2.2.2. Classification malignes / non malignes : 9

I.2.2.3. Classification selon l'Organisation mondiale de la Santé (OMS) :..... 9

I.3. Tumeur cérébrale : 10

I.3.1. La localisation de la tumeur : 11

I.3.2. Type de tumeur : 11

I.3.3. Le degré d'agressivité de la tumeur : 12

I.3.4. Le diagnostic d'une tumeur cérébrale : 12

I.4. Examens para-cliniques préopératoires : 12

I.4.1. La TDM cérébrale : 12

I.4.2. IRM cérébrale :..... 13

I.4.3 Tractographie : 14

I.5 L'image IRM cérébrale :..... 14

I.5.1 L'IRM cérébrales normales :..... 15

I.5.2. L'IRM d'un cerveau tumoral : 16

I.6 La détection de la tumeur cérébrale : 17

I.6.1. Les techniques de prétraitement : 17

I.6.1.1. Les méthodes de débruitage existantes :..... 17

I.6.1.2. Amélioration et filtrage des images:..... 18

I.6.2. La segmentation : 20

I.6.2.1 Méthodes conventionnelles : 20

I.6.2.2 Méthodes supervisées : 21

I.6.2.3 Méthodes non supervisées : 24

I.6.2.4 Méthodes hybrides :..... 25

I.6.3. Post-traitement : 25

I.6.3.1 Dilation : 25

I.6.3.2 Erosion : 25
I.6.3.3 Ouverture : 26
I.6.3.4 Fermeture : 26
I.7 Avantages et inconvénients de la segmentation des images IRM 28
I.7.1 Avantages de la segmentation des images IRM 26
I.7.2 Inconvénients de la segmentation des images IRM 26
I.8 Conclusion 28
Chapitre II : Analyse de variance : ANOVA
II.1 Introduction : 30
II.2 Histoire : 30
II .3 La variance : 30
II.4 Hypothèses fondamentales : 31
II.4.1 Hypothèses à tester : 31
II.4.2 Etude de quelques lois de probabilités : 31
II.4.2.1 Loi de Gauss (Loi Normale et Loi Normale Réduite) : 32
II.4.2.2. Loi de Student : 32
II.4.2.3 Loi de Fisher-Snédecor : 33
II.4.2.4 Loi du Khi-deux : 34
II.5. Analyse de variance : 35
II.6. Les modèles de la technique ANOVA : 36
II.6.1. ANOVA à effets fixes à un facteur : 36
II.6.2. ANOVA à effets fixes à deux facteurs : 37
II. 7 Les avantage de la technique ANOVA : 39
II.8 Conclusion : 39
Chapitre III : L'optimisation et l'algorithme d'optimisation par essaims particulaires
III.1 Introduction : 41
III.2 Définition d'optimisation : 41
III.3 Problèmes d'optimisation : 41
III.4 Classification des problèmes d'optimisation : 42
III.4.1. Les problèmes d'optimisation mono-objectifs : 43
III.4.2. Les problèmes d'optimisation Multi-objectifs : 43
III.4.3 La fonction objective : 44
III.4.4 Les contraintes : 44

III. 5 les méthodes d'optimisation : 44
III.5.1 les méthodes exactes : 45
III.5.2 Les méthodes approchées : 45
III. 6. Méta-heuristiques : 46
III.6.1 Principe de méthodes méta-heuristiques : 46
III.7 Quelques techniques métaheuristiques : 47
III.7.1 Les Algorithmes Génétiques : 47
III.7.2 Recuit simulé : 48
III.7.3 La Recherche Tabou : 49
III.8 L'optimisation par essaims de particules PSO : 50
III.9 L'algorithme de base de la PSO : 53
III.10 Notion de voisinage : 54
III.11Configuration des paramètres : 56
III.11.1 Nombre de particules : 56
III.11.2 Vitesse maximale : 56
III.11.3 coefficients de confiance : 57
III.11.4 Coefficient de constriction : 57
III.11.5 Critère d'arrêt : 57
III.12 Les avantages et les inconvénients de la PSO: 58
III.13 Conclusion : 58
Chapitre IV : Conception et validation d'une nouvelle approche pour la segmentation de la tumeur cérébrale
IV.1 Introduction : 60
IV.2 La méthode de segmentation proposée : 60
IV.2.1 Prétraitement des images : 61
IV.2.2 Détection de la région d'intérêt : 62
IV.2.3 Segmentation tumorale : 64
IV.3 Résultats expérimentale : 66
IV.3.1 Expériences sur la base de données KICA : 66
IV.3.1.1Description de la base de données : 66
IV.3.1.2 Expériences : 66
IV.3.2. Expériences sur la base de données BraTS 2015 : 75
IV.3.2.1 Description de la base de données : 76
IV.3.2.2 Expériences : 76

IV. 4 Conclusion : 79
Conclusion générale 80
Bibliographie……82

Listes des figures

Figure I. 1. TDM cérébrale en coupe axiale chez un patient de 22 ans révélant une lésion hypodense, frontale droite ne prenant pas le contraste 13

Figure I. 2. IRM cérébrale en coupe axiale et en séquence pondérée T1 avec injection de Gadolinium chez un patient de 22 ans, objectivant un processus frontal droit en hyposignal hétérogène sans réhaussement à l'injection de produit de contraste et exerçant un effe 13

Figure I. 3. Images IRM cérébrales : (b) plan axial, (c) plan sagittal et (d) plan coronaire 15

Figure I. 4. Données IRM brutes originales du centre Pioneer Diagnostic. Image de balayage axial T1-w, (b) Image de balayage axial T2-w. 16

Figure I. 5. Caractéristiques d'intensité de la région tumorale, données d'IRM brutes originales du centre de diagnostic Pioneer. (a) et (c) images T2-w, (b) et (d) images T1-w. Région tumorale a) Faible intensité, b) Haute intensité, c) Haute intensité et d) Faibl. 17

Figure I. 6. Exemple de dilation 25

Figure I. 7**.** Exemple d'érosion 26

Figure I. 8. Exemple d'ouverture 26

Figure I. 9. Exemple de fermeture 26

Figure II. 1. Représentation graphique de la loi normale réduite et valeur des surfaces f(z) . 32

Figure II. 2. Représentation graphique de la loi de student 33

Figure II. 3. Représentation de graphique de la loi de fisher-snedecor 34

Figure II. 4. Représentation graphique de la loi du khi-deux 35

Figure III. 1. Les optima locaux vs. L'optimum global 42

Figure III. 2. Classification des problèmes d'optimisation 43

Figure III. 3. Classification les méthodes d'optimisation 45

Figure III. 4. Les fonctions principales des méthodes d'optimisation méta-heuristiques. 46

Figure III. 5. principe et démarche des algorithmes génétiques 48

Figure III. 6. Stratégie de déplacement d'une particule. 50

Figure III. 7. Organigramme de la PSO standard 53

Figure III. 8. Voisinage géographique (x : les particules, → le voisinage) 55

Figure III. 9. Un voisinage en cercle 56

Figure IV. 1. Schéma de l'approche proposée 61
Figure IV. 2. Organigramme de la méthode de segmentation proposée. 61
Figure IV. 3. Étape de prétraitement : (a) image cérébrale originale ; (b) image cérébrale après prétraitement 62
Figure IV. 4. Identification de la ROI, à l'aide de PSO et ANOVA : (a) blocs candidats (en rouge) après 5 itérations ; (b) blocs candidats après 15 itérations ; (c) blocs candidats après 35 itérations ; (d) candidat blocs après 50 itérations. 63
Figure IV. 5. Segmentation de la ROI à l'aide de K-means : (a) ROI identifiée ; (b) ROI segmenté avec K-means. 64
Figure IV. 6. Comparaison des performances entre la segmentation des tumeurs cérébrales proposée et Ground Truth : (a) segmentation à l'aide de notre méthode ; (b) Ground truth. 65
Figure IV. 7. L'efficacité de la segmentation des tumeurs cérébrales sur l'ensemble de données KICA : comparaison des méthodes ANOVA et SAD. (a) Images originales. (b) Pré-traitement. (c) Notre méthode avec ANOVA. (d) Notre méthode avec SAD 68
Figure IV. 8. Comparaison entre notre méthode basée sur l'ANOVA et d'autres méthodes de segmentation bien connues sur l'ensemble de données KICA 71
Figure IV. 9. Comparaison des résultats de segmentation sur l'ensemble de données CIKA basé sur : (a) le coefficient de similarité Dice; (b) Distance de Jaccard ; (c) coefficient de corrélation; (d) Métrique RMSE. 75
Figure IV. 10. Les trois modalités des régions tumorales : tumeurs complètes, centrales et rehaussées 77
Figure IV. 11. L'efficacité de notre méthode de segmentation des tumeurs cérébrales…..…77

Liste des tableaux

Tableau I. 1. Les grades de la tumeur……..10

Tableau I. 2. Différentes localisations tumorales visées par la TDM cérébrale. 12

Tableau II. 1. Calcul ANOVA unidirectionnel..... 37

Tableau II. 2. Calcul ANOVA bidirectionnel…….38

Tableau IV. 1 Les résultats de notre méthode de segmentation sur l'ensemble de données KICA, en utilisant le coefficient de similarité de Dice, la distance de Jaccard, le coefficient de corrélation et la métrique RMSE avec deux fonctions de fitness : ANOVA et SAD..... 69

Tableau IV. 2. Résultats de Dice obtenus avec notre méthode et d'autres techniques de segmentation bien connues, en utilisant la base de données KICA. 72

Tableau IV. 3. Résultats de la distance de Jaccard obtenus avec notre méthode et d'autres techniques de segmentation bien connues, en utilisant la base de données KICA. 72

Tableau IV. 4. Résultats du coefficient de corrélation obtenus avec notre méthode et d'autres techniques de segmentation bien connues, en utilisant la base de données KICA. 73

Tableau IV. 5. Résultats de RMS Eobtenus avec notre méthode et d'autres techniques de.. 73

Tableau IV. 6. Les résultats de notre méthode de segmentation sur le jeu de données BraTS 2015, en utilisant le coefficient de similarité de Dice appliqué sur les tumeurs complètes, centrales et rehaussées, et la comparaison avec l'état de l'art 78

Liste d'abréviation

ANOVA	Analysis of Variance
BRATS	Multimodal Brain Tumor Segmentation Challenge
CNN	Convolution al Neural Networks
CSF	Cerebrospinal Fluid
DICOM	Digital Imaging and Communications in Medicine
FCM	Fuzzy C-Means
FLAIR	Fluid Attenuated Inversion Recovery
FN	False Negatives
FP	False Positives
GA	Genetic Algorithm
Gd	Gadolinium-based Contrast Agents
HGG	High-Grade Gliomas (HGG)
LGG	Low-Grade Gliomas (LGG)
KICA	Kouba Imaging Center - Algiers
MRI	Magnetic Resonance Imaging
RMSE	Root Mean Squared Error
PSO	Particle Swarm Optimization
ROI	Region of Interest
RMSE	Root mean square error
DICOM	Digital Imaging and Communications in Médecine
OMS	L'Organisation mondiale de la Santé
TDM	Technique d'imagerie
K-NN	k-Nearest Neighbor
MICCAI	Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention
SVM	Support Vector Machines
SA	Simulated Annealing
SAD	Sum-of-Absolute-Differences
SSE	Error Sum of Squares
SSF	Factorial Sum of Squares
SSR	Residual Sum of Squares
SST	Total Sum of Squares
T1	T1-Weighted Imaging Sequence

T2	T2-Weighted Imaging Sequences
T1C	T1-Weighted Contrast-Enhanced
TE	Echo Time
TR	Repetition Time
TP	True Positives
WHO	World Health Organization

Introduction générale

1. Définition d'une tumeur cérébrale

Une tumeur cérébrale est un groupe de cellules cancéreuses incontrôlables qui se développent dans ou autour du cerveau. Les tumeurs cérébrales sont divisées en deux catégories : les tumeurs primaires, originaires du cerveau ou moelle épinière et tumeurs secondaires, également appelées métastases cérébrales, qui se développent ailleurs dans le corps et se propagent au cerveau [1].

Dans la première catégorie (c'est-à-dire les tumeurs primaire), la probabilité qu'une personne sera affecté par ce type de tumeur au cours de sa vie est moindre de 1% [2]. Cette probabilité est faible ; cependant en 2020, plus de 308 000 personnes ont diagnostiqué dans le monde [3]. Le chiffre qui devrait également nous alerter est l'augmentation de l'incidence des tumeurs cérébrales à tous les âges au cours des 20 dernières années, l'augmentation dépasse 40% chez les adultes.

Dans la deuxième catégorie (c'est-à-dire les tumeurs secondaire), les cancers qui se propagent le plus souvent au cerveau sont les cancers du sein, des reins et des poumons, ainsi que la leucémie, le lymphome et le mélanome [4].

Une tumeur cérébrale peut prendre de nombreuses formes ; il est donc difficile pour les radiologues et les médecins à diagnostiquer incontestablement, car les images d'imagerie médicale peuvent varier en intensité. Plusieurs approches pour détecter et segmenter les tumeurs cérébrales a partir d'imagerie de la résonance magnétique (IRM) ont été proposées dans la littérature, pour aider les praticiens à faire leurs diagnostics [5,6].

En plus de l'IRM, l'échographie fonctionnelle est une modalité de plus en plus reconnue en médecine. Néanmoins, une telle modalité nécessite de longues acquisitions ultrasonores à haute fréquence, pour avoir une sensibilité acceptable ; donc des contraintes matérielles sont nécessaires [7].

La segmentation des tumeurs cérébrales est un domaine clé en imagerie médicale, visant à améliorer le diagnostic et le traitement des maladies neurologiques. Depuis les années 1980, l'avènement de techniques d'imagerie telles que l'IRM et le scanner a ouvert la voie à une meilleure visualisation des anomalies cérébrales. Initialement, les méthodes de segmentation reposaient sur des approches manuelles, souvent sujettes à des erreurs et

consommant beaucoup de temps. Avec l'essor des outils statistiques comme l'ANOVA (Analyse de la Variance), introduite dans les années 1910 par Fisher et adaptée par la suite à des applications biomédicales, des avancées significatives ont été réalisées. Ces techniques permettent d'évaluer les variations entre différents tissus ou zones d'intérêt dans les images médicales. Aujourd'hui, l'ANOVA est intégrée dans des pipelines modernes pour affiner la segmentation, notamment en combinant son efficacité statistique avec des approches de machine learning. Cette évolution marque une étape cruciale dans l'amélioration des résultats cliniques et la prise en charge des patients.

2. Les séquences IRM pour les tumeurs cérébrales

L'IRM cérébrale, avec ou sans injection de produits de contraste comme le gadolinium, est systématique en cas de suspicion de tumeur cérébrale. L'IRM cérébrale permet de localiser le processus expansif de la tumeur, spécifier son extension et ses caractéristiques. Les séquences IRM les plus courantes sont les séquences pondérées en T1, T2 et aussi la séquence FLAIR.

3. L'importance de la segmentation des tumeurs cérébrales

La segmentation d'image est l'action de regrouper des pixels selon des critères prédéfinis, afin de construire des régions ou des classes de pixels. Il existe plusieurs méthodes de segmentation d'images : méthodes basées sur les contours, les régions, la classification, ou hybrides. La segmentation et son automatisation est aujourd'hui l'un des enjeux majeurs en IRM, principalement en relation avec les images de tumeurs cérébrales, afin d'aider les médecins dans leur pratique quotidienne, en présence d'un énorme volume d'images. Ces méthodes de segmentation ont longtemps été manuelles ou semi-automatiques mais, avec l'avènement de nouvelles méthodes, certaines sont désormais entièrement automatisées.

La segmentation des tumeurs cérébrales est vitale, car la vie du patient en dépend ; l'implication directe de nos recherches est de proposer des méthodes efficaces et sûres pour répondre à cette opération entièrement délicate. En effet, la segmentation des tumeurs cérébrales à partir des images IRM, présentée dans notre travail, a des implications pratiques directes pour établir un diagnostic efficace, suivre l'évolution de la tumeur, ou pour évaluer la pertinence du traitement et de la thérapeutique prescrits. Il est bien connu que la segmentation et l'analyse manuelles d'images IRM structurelles de tumeurs cérébrales sont fastidieuses ; par conséquent, une segmentation automatisée et robuste des tumeurs cérébrales aura un impact

significatif sur la gestion de la maladie, en fournissant des informations essentielles sur la nature, le volume, l'emplacement et la forme de la tumeur [8,9].

4. Algorithmes de segmentation des tumeurs cérébrales

Les algorithmes de segmentation des tumeurs cérébrales sont nombreux, on trouve les l'approche de seuillage Otsu combinée avec certaines opérations morphologiques (dilatation et l'érosion) qui a été proposée dans [10], pour détecter la tumeur cérébrale à partir d'images IRM. Une méthode étendue qui donnerait des performances de seuillage plus précises a été proposée dans [11]. Dans un autre travail, [12], les auteurs ont présenté une approche de croissance de région basée sur une valeur seuil fixe pour la segmentation IRM, renforcée par un cadre de prétraitement efficace.

Dans la catégorie des techniques de classification et de clustering, il existe plusieurs techniques telles que les K-means, les machines à vecteurs de support (SVM), les champs aléatoires de Markov, les réseaux de neurones artificiels, les algorithmes convolutifs. Un cadre non supervisé, basé sur des forêts aléatoires, a été proposé dans [13], pour localiser la tumeur, suivi d'une phase de classification des motifs. Pour définir la zone tumorale, 86 caractéristiques ont été utilisées pour créer un ensemble de données d'apprentissage.

Une autre catégorie d'algorithmes de segmentation des tumeurs cérébrales basés sur des modèles déformables, paramétriques et géométriques, ont été proposés, pour soutenir l'interaction intuitive et la grande variabilité des mécanismes.

Les techniques méta-heuristiques ont également été utilisées pour la segmentation des tumeurs cérébrales, exploitant leur capacité à résoudre des problèmes d'optimisation en un temps raisonnable, tout en évitant les optima locaux. Plusieurs techniques de segmentation des tumeurs cérébrales basées sur des méta-heuristiques ont été rapportées dans la littérature [14,15]. Dans [14], l'algorithme de recherche de coucou a été appliqué pour la segmentation des tumeurs cérébrales, à partir d'images IRM. La méta-heuristique d'optimisation des colonies de fourmis et une approche de classification floue ont été combinées dans [15], pour segmenter et extraire la région suspecte à partir de l'image IRM.

Dans un article récent [6], les auteurs ont proposé une nouvelle méthode de segmentation des tumeurs cérébrales basée sur la région d'intérêt (ROI). La région d'intérêt a d'abord été identifiée, à l'aide de la décomposition en grille, puis seule la région d'intérêt a été segmentée,

en utilisant la méthode de regroupement spectral. La segmentation de la tumeur cérébrale à partir d'une région d'intérêt, plutôt qu'à partir de l'image entière, est un concept attrayant. Néanmoins, cette approche était limitée par la complexité de calcul accrue résultant de l'étape d'identification du ROI.

Dans cette thèse, nous avons appliqué la technique d'analyse de variance (ANOVA) sur les données, pour quantifier les différences entre les images. L'ANOVA est une méthode statistique généralement utilisée pour évaluer la similarité des moyennes dans différents groupes, en comparant les variances [16,17]. Les principaux avantages de l'ANOVA par rapport aux autres méthodes statistiques résident dans les quatre points suivants :

1. Elle est facile à mettre en œuvre, en utilisant une algèbre simple.

2. Elle peut être utilisé pour comparer plus de deux échantillons.

3. Elle peut être appliqué à des groupes avec différents nombres d'observations.

4. Elle a été largement utilisée et s'est avéré efficace dans divers domaines de recherche, tels que la pharmacologie et la médecine.

5. Notre contribution

Cette thèse propose une méthode originale de segmentation des tumeurs cérébrales, basée sur la technique d'optimisation par essaim de particules (PSO), en utilisant la technique de ANOVA bidirectionnelle fixe comme fonction de fitness. La segmentation d'une tumeur cérébrale est vitale, car la vie du patient en dépend, et donc la motivation fondamentale de notre travail était d'identifier des moyens efficaces et sûrs pour répondre pleinement à cette opération délicate, cet objectif a été atteint par notre choix de PSO avec ANOVA.

L'algorithme proposé est composé de trois étapes principales :

1. La première étape consiste à supprimer les os du crâne de l'image, pour éliminer les informations inutiles.
2. Dans la deuxième étape, qui représente notre contribution principale, la technique PSO a été appliquée, pour détecter le bloc dans l'image cérébrale qui contient la lésion. La technique ANOVA fixe bidirectionnelle a été utilisée comme une fonction de fitness pour évaluer les blocs candidats.

Pour surmonter la complexité de calcul, la technique méta-heuristique PSO a été utilisée pour identifier le bloc de la tumeur, dans un temps minimal. Le choix de PSO était basé sur les hautes performances de cette technique d'optimisation, lorsqu'elle est appliquée à de nombreuses applications du monde réel. Elle a donnée des solutions satisfaisantes à des problèmes d'optimisation complexe, qui comprend de nombreuses solutions sous-optimales. En plus, l'algorithme PSO est simple à comprendre, à programmer et à utiliser, et particulièrement efficace pour une optimisation pratique, tels que la segmentation d'image [18].

Le problème a été posé comme une maximisation d'une fonction de fitness, et la méthode bien connue ANOVA a été choisie pour mesurer la variance entre le bloc candidat et le bloc non malade.

3. Dans la dernière étape, la méthode de clustering K-means, reconnues par son efficacité et simplicité, a été appliqué au bloc lésionnel, pour le classer en deux classes ; tumoral ou non tumoral.

Les points forts de notre approche sont **l'originalité** et la **qualité des résultats** obtenus. Pour illustrer le rôle essentiel de l'ANOVA dans l'algorithme proposé, les résultats expérimentaux obtenus avec la fonction de fitness basée sur l'ANOVA ont été comparés à ceux obtenus avec le critère de dissemblance bien connu, la somme des différences absolues (SAD). Les résultats de la comparaison entre notre approches et d'autres algorithmes de segmentation classiques et à des articles récemment publiés, tout en utilisant d'une base de données privée fournie par le centre d'imagerie de Kouba, Alger (KICA), et la base de données publique du défi de segmentation multimodale des tumeurs cérébrales (BraTS) 2015, a démontré l'efficacité et la robustesse de l'ANOVA et de notre approche.

6. Organisation de la thèse

Cette thèse est organisée comme suit :

Chapitre 1 : ce chapitre donne une description générale sur la tumeur cérébrale. Il présente ensuite l'image IRM et les différentes techniques de segmentation de la tumeur cérébrale à partir de l'image IRM.

Chapitre 2 : est consacré à la technique d'analyse de variance ANOVA. Nous décrivons tout d'abord la variance, les lois de probabilités utilisées, ensuite, nous présentons la méthode ANOVA a un effet et a deux effets.

Chapitre 3 : dans ce chapitre, nous donnons une description sur le problème d'optimisation, ensuite, nous nous concentrons sur les techniques d'optimisation approchées méta-

heuristiques, en citant quelques techniques connues dans la littérature. En mettant l'accent ensuite sur la technique d'optimisation par essaim particulaire (PSO).

Chapitre 4 : dans ce chapitre, nous proposons notre nouvelle méthode de segmentation de la tumeur cérébrale basée sur la technique d'optimisation PSO qui utilise la méthode statistique ANOVA comme fonction de fitness afin de comparer l'image IRM avec et sans tumeur et mesurer la différence ; les résultats expérimentaux obtenus sont comparés avec différentes techniques de l'état de l'art.

Chapitre I :

Tumeur cérébrale et segmentation d'images IRM

I.1 Introduction

L'image médicale IRM procure des vues en deux ou trois dimensions de l'intérieur de différent organe du corps, elle peut contenir des informations très importantes pour la prise en charge des patients. Récemment, les techniques automatiques d'analyse et de traitement d'images médical sont très utilisées pour aider les experts à analyser et interpréter des images médicales, et donner un diagnostic de différentes maladies, en complément d'autres test et examens.

Une tumeur cérébrale est une croissance cancéreuse ou non cancéreuse de cellules anormales dans le cerveau. La détection de tumeurs cérébrales à partir d'images médicales est une étape fondamentale pour améliorer la précision du diagnostic des radiologues, et pour l'analyse quantitative, la planification opérationnelle. [19]

De nombreuses techniques de détection de l'image médicale cérébrale sont proposées, Dans ce chapitre, nous donnerons d'abord une définition de la tumeur cérébrale, ainsi que leur classification. Nous expliquerons ensuite la différence entre l'image RM normale et anormale. Nous terminerons ce chapitre avec un aperçu général sur les différentes techniques de détection de la tumeur cérébrale.

I.2 Tumeurs

I.2.1. Définition de tumeur

La cellule est l'unité fondamentale de tout organisme vivant. Dans le corps, on peut trouver plus de deux cents types différents de cellules : les cellules osseuses, musculaires, nerveuses, …etc. Chaque cellule a une fonction précise et une durée de vie limitée. Lorsque la cellule vieillit, elle meurt et elle est remplacée par une autre cellule. Dans certains cas, et pour des raisons inconnues, certaines cellules se changent et au lieu de disparaître, elles continuent de se diviser et se multiplier jusqu'à la formation une tumeur. La tumeur peut être aussi appelée une lésion ou masse, lorsque sa pathologie est inconnue. [20]

Donc, on peut définir la tumeur comme une masse plus ou moins grande, due à une multiplication excessive de cellules.

I.2.2. Classification des tumeurs

Les tumeurs peuvent être classées de plusieurs manières. Soit en deux classes : bas grade et haut grade, ou en trois classes : bénignes, non malignes et malignes, ou en quatre classes de grade I à IV, selon la classification de l'Organisation mondiale de la Santé (OMS). On peut aussi classer les tumeurs selon qu'elles sont primaires ou secondaires. [21]

I.2.2. 1. La classification bas/haut grade

a). Tumeurs de bas grade : elles sont formées de cellules à croissance lente, et elles peuvent être complètement retirée par la chirurgie, il n'y a pas un risque de récidive. Mais, lorsque la tumeur est située près d'une région vitale comme le cerveau, elle ne puisse pas être retirée entièrement, et dans ce cas la tumeur peut croitre de nouveau, et mettre la vie de personne en danger.

b). Tumeurs de haut grade : elles sont formées de cellules à croissance rapide, et elles sont considérées comme des tumeurs agressives, puisqu'elles se reproduisent et entraînent des symptômes d'une manière rapide. Le retirement de ces tumeurs par la chirurgie est difficile.

I.2.2.2. Classification malignes / non malignes

Comme mentionner précédemment, la tumeur bénigne est non agressive et ne mettre pas la vie du patient en danger, mais avec la tumeur cérébrale, même la tumeur bénigne peut causer des graves complications de santé. Pour cela, il est plus convenable d'utiliser la classification : maligne/ non malignes.

Tumeurs malignes : elles sont des tumeurs cancéreuses, souvent très agressives, leur développement est rapide, et elles peuvent se propager à d'autres zones dans le cerveau ou du corps.

Tumeurs non malignes : elles sont des tumeurs moins dangereuses, leur croissance n'est pas rapide, généralement, elles n'attaquent pas d'autres endroit dans le cerveau, et elles peuvent être enlevées par la chirurgie.

I.2.2.3. Classification selon l'Organisation mondiale de la Santé (OMS)

Selon l'origine des cellules qui forment la tumeur et leur comportement, l'OMS a regroupé les tumeurs cérébrales en quatre groupes, de la tumeur moins agressive à la plus agressive. Un

grade est associé à chaque type de tumeur pour montrer leur degré de maladie et pour donner le plan de traitement approprié.

Tumeur de grade I : la croissance des cellules est lente, l'apparence des cellules au microscope est normale, la tumeur n'est pas très maligne, et ne mettre pas la vie du patient en danger. Exemple de ce type de tumeur : astrocytome, pilocytique et juvénile

Tumeur de grade II : la croissance des cellules est lente, l'apparence des cellules au microscope est moins normale, cette tumeur peut attaquer d'autres endroits sains à proximité. Exemple de ce type de tumeur : astrocytome diffus

Tumeur de grade III : la croissance des cellules est active, l'apparence des cellules au microscope est anormale, cette tumeur attaque d'autres endroits sains à proximité. Exemple de ce type de tumeur : astrocytome de type anaplasique

Tumeur de grade IV : la croissance des cellules est rapide, l'apparence des cellules au microscope est clairement anormale, cette tumeur est très maligne, elle forme des vaisseaux sanguins pour pouvoir croître rapidement. Exemple de ce type de tumeur : médulloblastome beaucoup de tumeurs non malignes sont classifiées au grade I ou II, alors que des tumeurs malignes sont classifiées au grade III ou IV, il existe aussi des tumeurs mixtes.

Généralement, les tumeurs de bas grade sont classifiées au grade I ou II, alors que des tumeurs de haut grade sont classifiées au grade III ou IV. [22]

Tableau I. 1. *Les grades de la tumeur*

OMS	**Grade I**	**Grade II**	**Grade III**	**Grade IV**
De bas grade	✓	✓		
De haut grade			✓	✓

I.3. Tumeur cérébrale

Une tumeur cérébrale est une masse de cellules anormales, située dans le cerveau ou autour de celle-ci. Les tumeurs cérébrales sont classifiées dans plusieurs classes ; de nature primitive/ secondaire de bas/ haut grade, ainsi que de bénignes/ non malignes/ malignes. Les tumeurs cérébrales sont classifiées selon de trois caractéristiques : [23][24]

I.3.1. La localisation de la tumeur

Les tumeurs du cerveau peuvent se développer dans n'importe quelle zone du cerveau ; dans les hémisphères (gauche ou droit), dans le cervelet, dans le tronc cérébral, etc. Chaque hémisphère contrôle une fonction mentale spéciale, pour cela, les symptômes des tumeurs cérébrales sont différents selon la localisation de la tumeur, et le traitement aussi.

I.3.2. Type de tumeur

Dans le cerveau, il y a différents types de cellules qui peuvent se modifier et former différents types de tumeurs. Généralement, les tumeurs sont nommées selon les cellules à partir desquelles elles se développent.

a). Les gliomes : elles se développent à partir des cellules gliales. Il y a trois types de cellules gliales : les astrocytes, les oligodendrocytes et les cellules épendymaires

Les gliomes formés à partir des cellules astrocytes sont appelés astrocytomes

Les gliomes formés à partir des cellules oligodendrocytes sont appelés oligodendrogliomes.

On trouve aussi des gliomes mixtes, où les deux types de cellules astrocytes et oligodendrocytes sont atteints.

Les gliomes formés à partir des cellules épendymaires sont appelés épendymomes, plus rares.

Environ trois sur dix tumeurs sont classifiées des gliomes et elles ont une croissance rapide.

b). Les médulloblastomes : elles se développent dans le cervelet, ensuite elles s'étendent dans les hémisphères cérébraux. Elles sont des tumeurs malignes, et touchent particulièrement les enfants.

c). Les méningiomes : elles se développent à partir des cellules composant les méninges (enveloppe du cerveau), et elles touchent beaucoup plus les femmes.

Il se trouve aussi d'autres tumeurs cérébrales, qui s'apparaissent très rares comme les hémangioblastomes, neurinomes, craniopharyngiomes, gangliogliomes, hémangiopéricytomes, neurocytomes, germinomes, pinéalomes…etc.

I.3.3. Le degré d'agressivité de la tumeur

Les tumeurs cérébrales sont classées, de classes I jusqu'à IV, selon leur agressivité, c'est-à-dire leur rapidité de développement. Tumeurs classe I ou bas grade : elles sont moins agressives Tumeurs classe IV ou haut grade : elles sont plus agressives

I.3.4. Le diagnostic d'une tumeur cérébrale

Le diagnostic passe par plusieurs étapes :

Après l'apparition des symptômes, le médecin réalise un examen neurologique et clinique complet, pour connaitre la région de cerveau atteint. Ensuite, il réalise des examens d'imagerie (IRM, scanner) pour détecter la tumeur cérébrale. Pour confirmer le diagnostic, le médecin prélève et analyse un échantillon de la tumeur cérébrale.

I.4. Examens para-cliniques préopératoires

I.4.1. La TDM cérébrale

La TDM est une technique d'imagerie, permet de réaliser une approche lésionnelle chez les patients, elle détecte le processus tumoral devant les premiers symptômes, plus précisément, la nature et la topographie de la lésion. Les processus tumoraux révélés par la TDM étaient de localisation intra-axiale, en précisant en sus-tentorie. [23]

Tableau I. 2. *Différentes localisations tumorales visées par la TDM cérébrale.*

Topographie	Nombre	Pourcentage
Localisation frontale gauche	**11**	**55%**
Localisation insulaire gauche	**1**	**5%**
Localisation fronto-temporale gauche	**4**	**20%**
Localisation frontale droite	**4**	**20%**

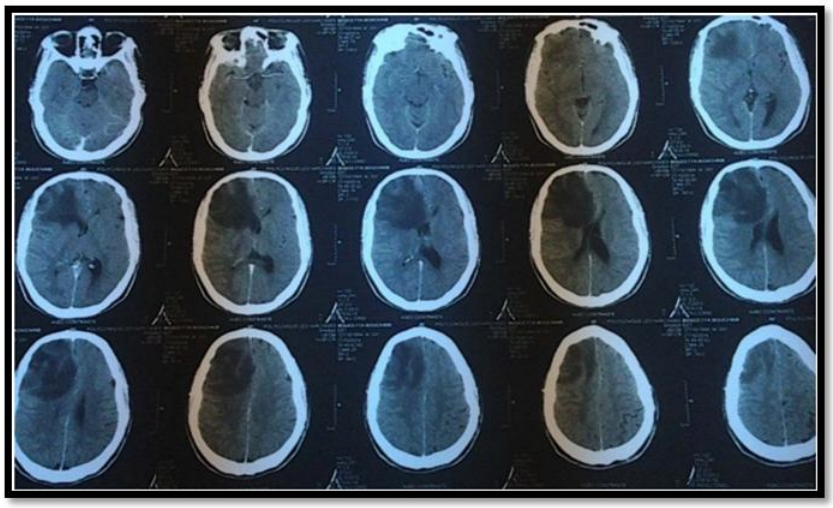

Figure I. 1. *TDM cérébrale en coupe axiale chez un patient de 22 ans révélant une lésion hypodense, frontale droite ne prenant pas le contraste*

I.4.2. IRM cérébrale

a). IRM morphologique

L'IRM est une autre technique d'imagerie pour explorer les tumeurs cérébrales. Cette technique est plus avantageuse par rapport à la technique TDM, surtout dans le cas des tumeurs iso denses, les tumeurs de la fosse postérieure et celles de la ligne médiane.

L'IRM est réalisée avec l'injection de Gadolinium, qui augmente la densité cellulaire (Hyposignal T1 et Hypersignal T2 variable).

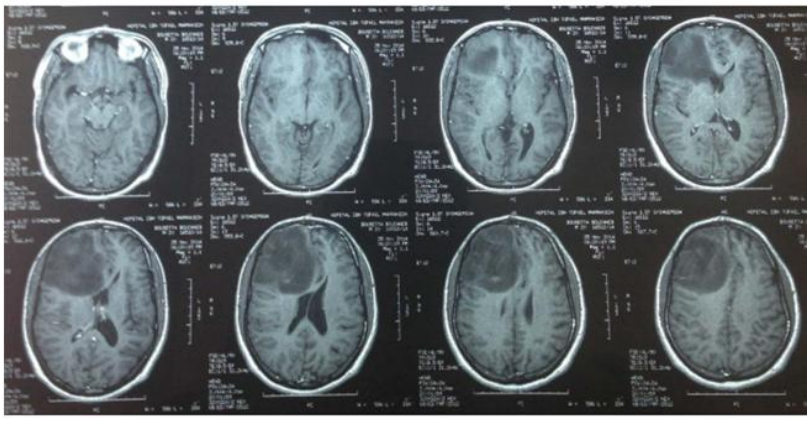

Figure I. 2. *IRM cérébrale en coupe axiale et en séquence pondérée T1 avec injection de Gadolinium chez un patient de 22 ans, objectivant un processus frontal droit en hyposignal hétérogène sans rehaussement à l'injection de produit de contraste et exerçant un effe*

b). IRM métabolique : Spectroscopie

Dans certain cas, l'IRM cérébrale est complétée par la spectroscopie sur la zone d'intérêt par la résonnance magnétique. Cette technique permet d'examiner le métabolisme du parenchyme sain, plus particulièrement les métabolites suivants : la choline, myo-inositol, N-acétylaspartate, la créatinine, les lactates et les lipides libres. Généralement, dans tous les processus tumoraux, la choline est augmentée. Le myo-inositol est très élevé par contre les lipides libres qui sont faibles, dans le cas des gliomes de grades II et III.

c). IRM fonctionnelle

C'est une technique d'imagerie neuro-fonctionnelle, pour réaliser une cartographie non invasive de l'ensemble du cerveau. Cette méthode estime la localisation des aires éloquentes, qui jouent des rôles importants dans les plusieurs activités : visuelle, sensori-motrices, langagière ....

I.4.3 Tractographie

Les techniques de tractographie, sont très utiles pour mettre en évidence des faisceaux de la substance blanche et leurs connexions, elle sert également d'obtenir d'une cartographie cérébrale non invasive. Cette technique d'imagerie est réalisée par tenseur de diffusion et stimulation transcrânienne. [23]

I.5 L'image IRM cérébrale

L'image IRM peut fournir des images pour le cerveau, les muscles, le cœur et les tissus cancéreux de très bonne qualité pour par rapport à d'autres techniques d'imagerie médicale.

En IRM, le traitement du signal prend en compte les émissions de signaux. Celles-ci sont caractérisées par différent pondération des signaux magnétiques avec des valeurs particulaires du temps d'écho (Tg) et du temps de répétition (Tr). Trois types d'images différentes peuvent être obtenues à partir du même corps : pondérée T1 (en anglais T1-weighted), pondérée T2 (en anglais T2-weighted) et pondérée PD (densité de protons) (en anglais PD-weighted)

La figure 3 (a) montre l'observation dans un diagnostic clinique de la tête d'un patient à partir de trois plans : plan axial, plan sagittal et plan coronaire. En plus, les images IRM cérébrales, de type T1-weighted, provenant de divers plans sont présentées sur la figure I.3 (b), (c) et (d).

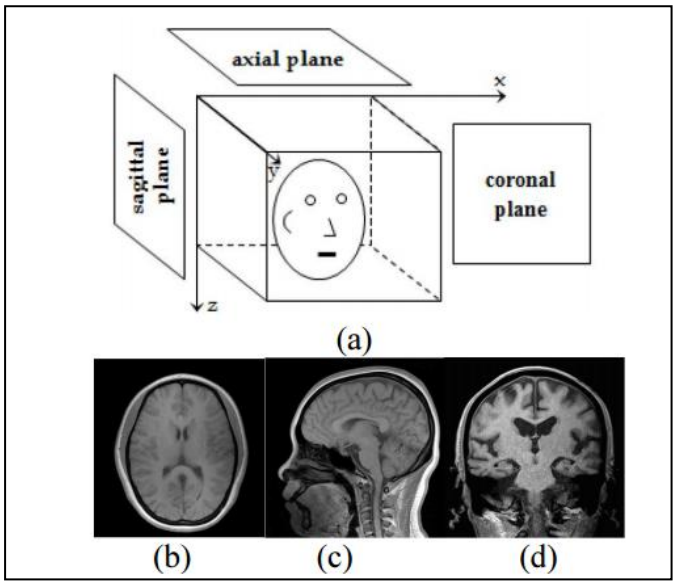

Figure I. 3. *Images IRM cérébrales : (b) plan axial, (c) plan sagittal et (d) plan coronaire [25]*

Il y'a deux grandes familles de séquences d'imagerie RM, selon le type d'écho enregistré : séquence d'écho de spin et séquences d'écho de gradient. La séquence d'écho de spin (SE) avec sa variante de séquence d'écho de spin rapide (FSE) a été la séquence d'impulsions IRM standard pour les détails anatomiques et pathologiques

Les images cérébrales en IRM peuvent être normales ou anormales. Le cerveau normal est caractérisé par des tissus de matière grise (GM), de substance blanche (WM) et de liquide céphalo-rachidien (CSF). Le cerveau anormal contient généralement une tumeur active, une nécrose et un œdème en plus des tissus cérébraux normaux. La nécrose est une cellule morte située à l'intérieur d'une tumeur active, tandis que l'œdème est situé près des frontières de la tumeur active. Les œdèmes, qui résultent d'une perturbation locale de la barrière hémato-encéphalique, se chevauchent souvent avec les tissus normaux et il est toujours difficile de les distinguer des autres tissus [25]

I.5.1 L'IRM cérébrales normales

Une image IRM est composée de valeurs d'intensité de niveau de gris dans les espaces de pixels. Les valeurs d'intensité du niveau de gris dépendent de la concentration de la cellule dans le volume scanné. Une région plus sombre indique la présence d'une anomalie. Dans les images IRM cérébrales normales, le niveau d'intensité de l'image pour les tissus cérébraux est

de l'ordre de la luminosité croissante de CSF, GM à WM en T1 pondérée (T1-w) et de WM, GM à CSF en T2 (T2-w) image. Ceci est illustré à la figure I.4.

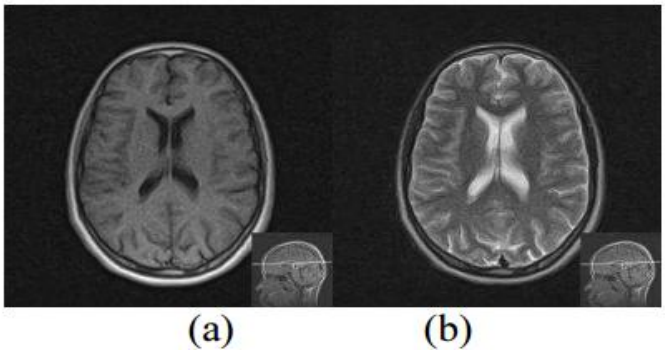

Figure I. 4. *Données IRM brutes originales du centre Pioneer Diagnostic. Image de balayage axial T1-w, (b) Image de balayage axial T2-w [25]*

I.5.2. L'IRM d'un cerveau tumoral

Dans le cerveau tumoral, le niveau d'intensité des images IRM des tissus tumoraux présente un niveau d'intensité différent sur les images T1-w et T2-w en fonction du type de tumeur. Sur T1-w, la plupart des tumeurs ont une intensité de signal faible ou intermédiaire, mais pour certaines tumeurs, cela n'est pas vrai, par exemple, une tumeur glioblastoma multiforme a une intensité de signal élevée. Au T2-w, la plupart des tumeurs ont une intensité lumineuse mais il existe des tumeurs de faible intensité, les exemples classiques sont les tumeurs lymphomateuses. La figure I.5 montre un exemple de caractéristiques du niveau d'intensité des tumeurs en IRM.

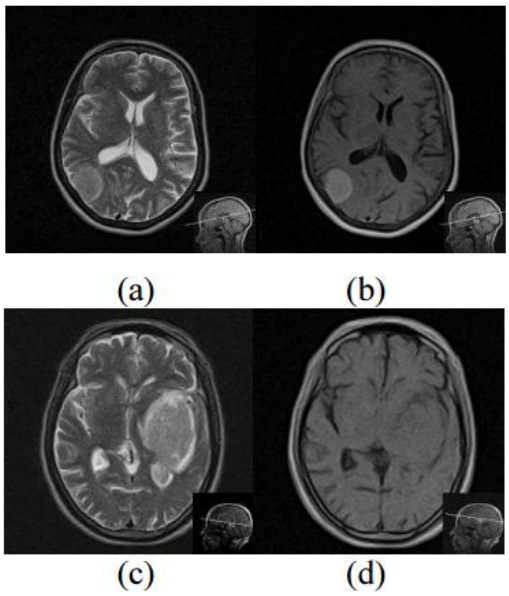

Figure I. 5. *Caractéristiques d'intensité de la région tumorale, données d'IRM brutes originales du centre de diagnostic Pioneer. (a) et (c) images T2-w, (b) et (d) images T1-w. Région tumorale a) Faible intensité, b) Haute intensité, c) Haute intensité et d) Faibl [25]*

I.6 La détection de la tumeur cérébrale

La détection de la tumeur cérébrale a partir d'une IRM est un système automatisé appelé aussi un système de diagnostic assisté par ordinateur **(Computer-Aided Diagnosis : CAD).** Le système CAD peut fournir avec précision la détection précoce des tumeurs. Il se compose de deux ou plusieurs étapes ; un prétraitement, une segmentation, extraction des caractéristiques, sélection des caractéristiques, la classification. [26] [27]

I.6.1. Les techniques de prétraitement

Les différentes techniques de prétraitement proposées dans la littérature sont généralement exploitées pour améliorer la qualité de l'image et réduire les petits artefacts et le bruit, afin de procurer une détection précise des régions anormales en IRM.

I.6.1.1. Les méthodes de débruitage existantes

Elles consistent à supprimer le bruit et les éléments indésirables. Malgré le nombre important des méthodes de dé bruitage existantes, mais le dé bruitage des images RM, reste toujours un défi. L'utilisation des filtres linéaires, en mettant à jour la valeur des pixels par la moyenne pondérée du voisinage, peut réduire le bruit, mais dégradent considérablement la qualité de l'image. D'autre part, les filtres non linéaires préservent les bords mais dégradent

les structures fines. Donc, toutes les techniques de dé bruitage ont des avantages et inconvénients, donc le domaine de dé bruitage est toujours ouvert, et les méthodes de suppression du bruit doivent être améliorées. [26] Parmi ces méthodes, on peut citer :

a). Méthode non local (NL) : elle exploite les informations redondantes dans les images, et change les valeurs de pixel par une moyenne pondérée de localité semblable au voisinage proche de l'image. Ce type de méthode peut réduite les détails non répétés dans l'IRM Les images IRM, dus au bruit, aux structures complexes, au frottis lors de l'acquisition et à l'effet de volume partiel provenant de la faible résolution du capteur.

b). Méthode de correction analytique : elle vise à estimer quel est le bruit et quel est le signal réel à partir de l'image observée. Pour cela, elle fait une estimation du maximum de vraisemblance. Le lissage de voisinage est aussi utilisé pour réduire le bruit, mais le lissage cause des dégradations au niveau des bords de l'image.

c). Méthode de champ aléatoire de Markov (MRF) : elle utilise les informations de corrélation spatiale pour préserver les détails fins. La méthode MRF, met à jour la valeur du pixel avec des modes conditionnels itérés et un recuit simulé avec la maximisation d'une estimation postérieure.

d). Méthode basée sur les ondelettes : elle est utilisée dans le domaine temps-fréquence pour éliminer le bruit et préserver le signal réel. L'application de méthodes basées sur des ondelettes sur des images IRM peut rendre les ondelettes et les coefficients de mise à l'échelle biaisée. Pour résoudre ce problème l'image IRM est cadrée par la méthode de distribution non centrale du chi carré (chi-square). Cette dernière rend les coefficients de mise à l'échelle indépendants du signal et peuvent donc être facilement éliminés. En cas d'images à faible SNR, les détails les plus fins ne sont pas conservés.

I.6.1.2. Amélioration et filtrage des images

Il existe plusieurs technologies de filtrage qui peuvent améliorer la qualité de l'image IRM, chacune d'elles présente des avantages et inconvénients :

a). Filtre médiane

Le filtre médian élimine le bruit avec les composants de haute fréquence de l'IRM sans perturber les bords, il est utilisé pour réduire le bruit « sel et poivre ». Pour déterminer la

nouvelle valeur du pixel sans bruit, cette méthode calcule la valeur médiane des pixels environnants.

$$f(x,y) = median_{(i,j)\in N}\{g(i,j)\} \quad \text{(I.1)}$$

Où f est l'image filtrée et g est l'image originale.

Ce filtre peut supprime le bruit isolé sans brouiller les bords nets. Il produit de très bons résultats, moins sensible aux valeurs extrêmes.

b). Filtre moyen

Le filtre moyen remplace le pixel central par la valeur moyenne des pixels voisins.

$$f(x,y) = \frac{1}{K}\sum_{i=1}^{K} g_i(x,y) \quad \text{(I.2)}$$

Où f est l'image filtrée et g est l'image originale.

c). Filtre passe bas

Le filtre passe-bas permet le passage seulement les composants de faible fréquence. Ce filtre calcule la transformée de Fourier discrète 2D de l'image, puis il supprime toutes les fréquences supérieures à la fréquence de coupure et laisse les fréquences plus petites inchangées. Ensuite, il calcule la transformée de Fourier discrète 2D inverse du résultat.

Ce filtre peut diminuer le bruit mais atténue les détails de l'image (flou plus prononcé)

d). Filtre passe haut

Le filtre passe haut permet le passage des hautes fréquences et bloque les basses fréquences. Filtre passe haut = original – filtre passe bas.

Ce filtre accentue les contours et les détails de l'image mais amplifie le bruit.

e). Filtre gaussien

Le filtre gaussien, peut être vu comme un opérateur de lissage gaussien qui permet de flouter les images, en supprimant le bruit et certains détails. Il donne un résultat proche de celui du filtre moyen, mais avec quelques différences.

$$G(x,y) = \frac{1}{2\pi\sigma^2} e^{-\frac{x^2+y^2}{2\sigma^2}} \quad \text{(I.3)}$$

[26][28]

I.6.2. La segmentation

I.6.2.1 Méthodes conventionnelles

a). Seuillage

Le seuillage est une méthode de segmentation simple, rapide, facile à mettre en œuvre et à comprendre. Elle consiste à convertir une image scalaire en une image binaire, dans laquelle une valeur de seuil est déterminée en fonction des valeurs d'intensité des pixels dans l'image. Les valeurs d'intensité des pixels sont comparées à la valeur de seuil. Les pixels avec une valeur d'intensité identique ou supérieure à la valeur de seuil reçoivent la valeur 1, tandis que les pixels avec des valeurs d'intensité inférieures sont changés à 0, séparant ainsi le premier plan (pixels blancs) et la région d'arrière-plan (pixels noirs), respectivement.

$$f(x,y) = \begin{cases} 1 & si \quad g(x,y) \geq T \\ 0 & si \quad g(x,y) < T \end{cases} \tag{I.4}$$

Où T représente la valeur de seuil. [29].

Lorsqu'une seule valeur de seuil est choisie pour l'image complète, on parle de seuil global. C'est la technique de seuillage la plus intuitive. La méthode d'Otsu [30] suppose que l'histogramme est bimodal, pour trouver le seuil optimal qui sépare l'objet de l'arrière plant de l'image. Malheureusement, cette technique ne donne pas de bons résultats si les deux classes sont de tailles différentes ou l'éclairage est variable sur l'image

Les auteurs de la référence [31] ont tenté de trouver un seuil global pour la segmentation des régions tumorales et non tumorales. L'efficacité de cette méthode n'est pas très élevée, si la différence entre les niveaux d'intensité des régions tumorales et non tumorales est faible.

En général, les performances de l'approche de seuillage global se détériorent si l'intensité des pixels d'image est de faible contraste et non homogène ou le niveau de bruit est élevé.

b) La croissance de région

C'est une méthode de segmentation d'images très populaire, elle consiste à segmenter les régions homogènes qui ont les mêmes valeurs d'intensité. Cette méthode impose que chaque pixel doit être dans une région, les pixels d'une région doivent être connectés et doivent satisfaire certaines conditions de similarité spécifiques, les régions doivent être disjointes et deux régions différentes ne doivent pas avoir les mêmes propriétés [32].

Elle commence avec un point de départ dans chaque région d'intérêt, ces points sont sélectionnés manuellement ou automatiquement. Ensuite, les pixels voisins sont connectés progressivement, aux points de départ, selon certains critères de similarité prédéfinis. La méthode continue de même manière jusqu'à ce que tous les pixels soient classés dans l'une des régions, en gardant toujours la connectivité de tous les pixels développés à partir du point de départ.

Le principal avantage de cette méthode est la simplicité de calcul ; cependant, elle est sensible à l'initialisation des points de départ, et au bruit. En plus, elle ne donne pas de très bons résultats pour les images avec des régions voisines partageant des intensités similaires. Dans le cas d'une variation importante d'éclairage, un prétraitement d'image est nécessaire, avant l'utilisation de cette méthode. [29]

Les auteurs dans la référence [33] ont utilisés la méthode de croissance de région pour la segmentation de la tumeur avec un certain prétraitement, les résultats obtenus ont été satisfaisants.

I.6.2.2 Méthodes supervisées

Les méthodes supervisées utilisent les données classées avec précision obtenues dans la phase d'apprentissage, pour classer dans la phase de test, les données non-classées. Il comporte deux phases : L'apprentissage et le test. Dans la phase d'apprentissage, un modèle est construit qui décrit les caractéristiques de données de chaque classe. Ce modèle est ensuite utilisé dans la phase de test, pour déterminer les classes des données non classées. Parmi ces méthodes, on peut citer :

a). L'algorithme de k plus proches voisins (k-Nearest Neighbor : k-NN)

C'est un algorithme d'apprentissage supervisé basé sur la mémoire qui compare directement les nouvelles instances non classées avec les instances déjà classées dans l'ensemble d'entraînement. La classification k-NN est effectuée en deux étapes :

Dans la première étape, les voisins les plus proches d'une instance non classée sont identifiés.

Puis dans la deuxième étape, la classe de l'instance est déterminée à l'aide de ces voisins.

Le principe de base de cet algorithme consiste à stocker les vecteurs de caractéristiques et les classes des instances classées dans la phase d'apprentissage. Puis, la

similitude ou la distance entre la nouvelle donnée de test non classée et les instances d'apprentissage est calculée pour prédire la classe du point de test. Les k plus proches voisins de la donnée de test, sont identifiées à partir de l'ensemble d'apprentissage et leurs classes sont utilisées pour attribuer la classe du point de test par vote à la majorité.

La méthode k-NN a été utilisée dans la référence [34] pour segmenter les anomalies claires et sombres dans les niveaux de gris des images cérébrales FLAIR-MRI. Une amélioration significative de la segmentation des lésions de substance blanche a été notée dans la référence. [35] en raison de l'inclusion de type de tissu dans l'ensemble de caractéristiques et de l'utilisation de l'échelle de variance pour la normalisation d'intensité.

b). Les machines à vecteurs de support SVM

Ces méthodes divisent l'image en deux classes en trouvant un hyperplan qui classe au mieux les données [36]. Par exemple, l'hyperplan qui a la distance maximale du point de données le plus proche de chaque côté est choisi [37]. SVM vise à résoudre le problème d'optimisation suivant :

$$min_{w,b,\zeta}, \frac{1}{2} w^T w + C \sum_{i=1}^{l} \zeta_i \tag{I.5}$$

Où $y_i(w^T \phi(x_i) + b) \geq 1 - \zeta_i$ et $\zeta_i \geq 0$

(x_i, y_i) Représente un pair de donnée classées, w est le vecteur normal qui sépare le l'hyperplan, ζ est le terme d'erreur, C est le paramètre de pénalité pour le terme d'erreur et b est le décalage de l'hyperplan

Une méthode efficace de classification des tumeurs cérébrales a été proposée dans la référence [38]. Les auteurs ont combiné les deux méthodes k-means et SVM. Ils ont appliqué l'approche de classification k-means avec des propriétés de diffusion isotropes et anisotropes similaires, pour délimiter le volume d'intérêt des tissus anormaux. Alors que la SVM est utilisée pour classer divers types de tumeurs telles que la LGG, les glioblastomes, les métastases et les méningiomes.

c). La forêt aléatoire

C'est une méthode de classification simple et supervisée qui fonctionne efficacement sur de grands ensembles de données, elle gère des milliers de variables d'entrée et estime les

caractéristiques importantes pour la classification. Elle est relativement robuste aux valeurs aberrantes et au bruit.

La méthode de forêt aléatoire peut être définit comme un classificateur consistant en une collection de classificateurs arborescents structurés. Elle utilise le hasard pour améliorer les performances des classificateurs de faibles performances. [39]

Deux variantes de la forêt aléatoire sont implémentées ; Le Bagging (Bootstrap aggregating) proposé par Breiman (1996), et la variante Random Input suggérée par Breiman (2001).

Les auteurs dans [40] ont utilisé la méthode de foret aléatoire pour la classification après l'identification et l'extraction de la zone tumorale. La région tumorale est quantifiée avec 86 caractéristiques pour développer l'ensemble de données d'apprentissage, qui sont ensuite données en entrée au classificateur.

d). Réseaux de neurones artificiels

Le réseau neuronal artificiel imite le comportement des neurones biologiques et vise à atteindre un état optimal. Semblable à une personne qui apprend de ses expériences, la technique est formée pour évaluer les paramètres impliqués dans les opérations mathématiques afin que les erreurs au stade final puissent être minimisées.

Les neurones artificiels traitent les signaux d'entrée puis les transmettent de l'un à l'autre jusqu'à la sortie appropriée à la couche finale, en traversant plusieurs couches intermédiaires cachées.

La sortie de chaque neurone artificiel est une fonction non linéaire de la somme de ses entrées. Au fur et à mesure de l'apprentissage, les poids avec lesquels ces neurones artificiels sont connectés les uns aux autres dans différentes couches varient également. Ces poids sont déterminés à l'aide de méthodes d'optimisation.

Différents types de réseaux de neurones sont actuellement utilisés comme FNN, PNN, DNN, CNN…

Dans la publication [41], la méthode de transformée en ondelettes stationnaire (SWT) a été utilisée pour extraire les caractéristiques des images IRM cérébrales. La méthode Analyse des composants principaux (PCA) a été ensuite employée pour la réduction des

caractéristiques afin de réduire la dimensionnalité et donc le coût de calcul. Puis la méthode FNN pour la classification. Les résultats ont été satisfaisants.

Le classificateur PNN a été aussi utilisé [42] dans la détection de la localisation de la tumeur dans les images IRM cérébrales.

I.6.2.3 Méthodes non supervisées

La segmentation non supervisée ne nécessite pas une étape d'apprentissage pour regrouper les pixels d'images. Le nombre de classes est automatiquement décidé par l'algorithme, en utilisant les différentes caractéristiques de l'image telles que l'intensité, le gradient ou la texture. Ces méthodes peuvent résoudre des problèmes plus complexes, parmi eux, on peut citer :

a). Regroupement (clustering)

C'est une méthode de segmentation non supervisée basée sur les pixels, elle regroupe les pixels en groupes, dans lesquelles les pixels partagent certaines caractéristiques communes. Il existe deux variantes : le regroupement dur et le regroupement souple. Dans le regroupement dur, un pixel appartient à un cluster ou non, les clusters ne se chevauchent pas. Tandis qu'avec le regroupement souple, un pixel appartient à un cluster avec une probabilité, les clusters peuvent se chevaucher. [29]

b). K-moyennes (k-Means clustering)

La méthode k-moyennes segmente l'image en suivant ces étapes :

Initialement, k moyennes ($m_1, m_2, m_3, \dots m_k$) sont considérées comme les centres de chaque cluster de l'image.

Ensuite, la distance entre chaque observation x_i, $i = 1,2, \dots, n$ et les centresm_j, $j = 1,2, \dots, k$

x_i Est un vecteur de caractéristiques

Une observation x_i appartient au groupe dont la distance entre l'observation et le centre correspondant est la plus petite.

A chaque itération, de nouvelles moyennes sont calculées, et les étapes ci-dessus sont répétées jusqu'à ce que les nouveaux moyens ne changent plus. Par conséquent, l'image est finalement partitionnée en k clusters. [43]

c). Modèle de contour actif

C'est une technique de segmentation basée sur un modèle, le modèle construit est connecté et continu spécifique à une structure anatomique. Elle utilise des connaissances a priori de l'objet telles que la forme, l'emplacement et l'orientation.

Une série de points mouvants et distribués sur une courbe en deux dimensions. La courbe est placée autour d'un objet. La courbe se déplace, et forme progressivement les contours des objets. [44]

I.6.2.4 Méthodes hybrides

Les méthodes hybrides combinent deux techniques ou plus pour obtenir une méthode de segmentation plus performante. Les techniques FCM et SVM ont été combinées pour obtenir une classification précise de la zone anormale dans le cerveau [45]. La méthode SVM a été aussi combinée avec l'algorithme k-NN, les résultats obtenus ont été satisfaisants en termes de précision et temps de calcul [46]. Une combinaison de FCNN avec RF a été proposée pour la classification des tissus normaux et tumoraux [47]

I.6.3. Post-traitement

Après la détection, des opérations morphologiques peuvent être utilisées pour supprimer les imperfections de la structure de la zone détectée. Parmi ces opérations, on peut citer :

I.6.3.1 Dilation

Cette opération permet d'augmenter la taille d'un objet.

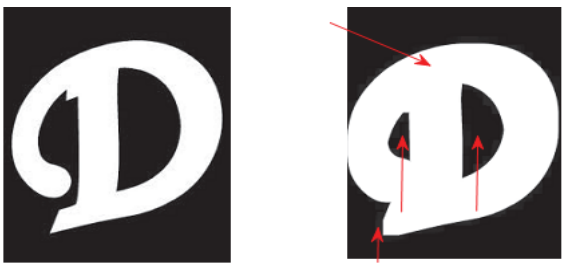

Figure I. 6. *Exemple de dilation*

I.6.3.2 Erosion

Cette opération est le contraire de la dilation, elle permet de diminuer la taille d'un objet.

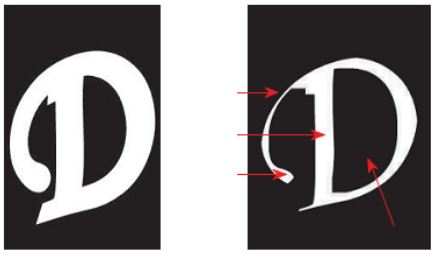

Figure I.7. *Exemple d'érosion*

I.6.3.3 Ouverture

C'est une opération combinatoire d'érosion et de dilatation. Elle permet de adoucit le contour d'un objet, efface les ponts étroits et élimine également les extensions mineures présentes dans l'objet.



Figure I. 8. *Exemple d'ouverture*

I.6.3.4 Fermeture

C'est une opération aussi combinatoire d'érosion et de dilatation. Elle permet d'élimine les petits trous et comble les vides dans les limites des objets.



Figure I. 9. *Exemple de fermeture*

I.7 Avantages et inconvénients de la segmentation des images IRM

La segmentation des images IRM présente à la fois des avantages et des inconvénients, que nous allons explorer ci-dessous :

I.7.1 Avantages de la segmentation des images IRM

1. **Diagnostic et planification du traitement :** Une segmentation minutieuse des images IRM permet aux praticiens d'acquérir une compréhension plus approfondie de la structure anatomique des patients et de localiser avec précision les zones d'intérêt. Cette démarche joue un rôle fondamental dans le processus de diagnostic et de préparation des traitements, particulièrement dans les domaines de l'oncologie, de la neurologie et de la cardiologie.

2. **Suivi de l'évolution des maladies :** La segmentation offre la possibilité de surveiller la progression des affections au fil du temps, telles que l'avancée des tumeurs ou la détérioration du cerveau. Ce processus simplifie la surveillance médicale et la modification des thérapies en conséquence.

3. **Guidage chirurgical :** Au cours des procédures chirurgicales, la segmentation des images IRM a le potentiel d'assister les chirurgiens dans la localisation précise des zones à cibler ou à épargner, ce qui se traduit par une amélioration de la sécurité et de l'efficacité opérationnelle.

4. **Recherche médicale :** Les données segmentées peuvent être utilisées pour mener des études et des recherches, ce qui peut aboutir à de nouvelles découvertes médicales, à une meilleure compréhension des maladies et à l'innovation dans le domaine de la santé.

5. **Personnalisation des traitements :** En identifiant les variations anatomiques d'un patient, la segmentation d'images IRM peut contribuer à adapter les traitements de manière plus personnalisée, améliorant ainsi les résultats cliniques.

I.7.2 Inconvénients de la segmentation des images IRM

1. **Complexité du processus :** La segmentation d'images IRM peut être un processus complexe et laborieux. Les images peuvent contenir des artefacts, des variations de contraste et de résolution, ce qui rend la segmentation automatisée difficile.

2. **Besoin d'expertise :** L'interprétation des images IRM et la réalisation de la segmentation nécessitent une expertise médicale et/ou en traitement d'image. Les erreurs de segmentation peuvent avoir des conséquences graves sur le diagnostic et le traitement.

3. **Variabilité interpatient :** Les variations anatomiques d'un patient à l'autre peuvent rendre difficile l'application de méthodes de segmentation universelles. Les algorithmes doivent être adaptés à chaque cas particulier.

4. **Temps et ressources :** La segmentation manuelle peut être chronophage et exigeante en termes de ressources humaines. Les méthodes automatisées nécessitent également du temps pour le développement, l'entraînement et la validation.

5. **Sensibilité aux paramètres :** Les méthodes de segmentation automatisées dépendent souvent de réglages et de paramètres spécifiques. Ces paramètres doivent être ajustés soigneusement pour obtenir des résultats précis et reproductibles.

La segmentation des images IRM présente des avantages significatifs pour le diagnostic, le traitement et la recherche médicale, mais elle est également confrontée à des défis techniques et à des exigences d'expertise. L'amélioration continue des algorithmes de segmentation et l'intégration de l'intelligence artificielle sont susceptibles d'améliorer l'efficacité et la précision de ce processus critique

I.8 Conclusion

Récemment, avec l'avancée de l'intelligence artificielle, la détection des tumeurs cérébrales par ordinateur attire l'attention des experts et médecins. Elle est devenu l'un des sujets de recherche les plus actifs et beaucoup de techniques de détection des tumeurs cérébrales à partir des images RM sont proposées dans la littérature. Dans ce chapitre, nous avons introduit l'image RM, puis expliqué la différence entre IRM avec tumeur et sans tumeur. Ensuite, nous avons présenté un aperçu général sur les différentes techniques de détection d'image RM. Dans le chapitre deux, nous expliquerons la technique de segmentation à base de l'analyse de variance, qui sera appliquée ensuite dans la détection des tumeurs cérébrales dans l'image IRM.

Chapitre II :

Analyse de variance : ANOVA

II.1 Introduction

L'analyse de la variance (ANOVA) est une technique statistique, développée par Sir Ronald Fisher, elle est souvent utilisée pour tester l'égalité entre plusieurs moyennes en comparant la variance entre les groupes par rapport à la variance dans les groupes. Il y a deux modèles principaux de la technique ANOVA : le premier modèle est l'ANOVA à effets fixes à un facteur (unidirectionnels), le deuxième est ANOVA à effets fixes à deux facteurs.

Récemment, la technique ANOVA est intégrée dans presque dans tous les progiciels statistiques. Il est facile pour chercheurs de saisir un ensemble de données et d'exécuter une ANOVA simple. Elle a été aussi exploitée dans le domaine de la segmentation des images cérébrales.

Dans ce chapitre, nous visons à définir à cette importante méthode et à expliquer ses deux modèles.

II.2 Histoire

Le premier chercheur qui a utilisé le mot de variance est Ronald Aylmer Fisher,[48] dans son article intitulé « The Correlation between Relatives on the Supposition of Mendelian Inheritance » en l'année 1918, il définit la variance comme le carré de l'écart type. Il préférait clairement la variance à l'écart type pour mesurer la variabilité d'un phénomène observé. Il utilise ce terme à nouveau au congrès de mathématiques de Toronto en 1924[49]. C'est lui qui définit aussi l'analyse de variance telle qu'on la pratique aujourd'hui dans son livre de 1925 intitulé « Statistical methods for research workers ».[48] [49] [50]

II .3 La variance

La définition traditionnelle de la variance est la moyenne des carrés des écarts à la moyenne. Il y a n observations d'une variable, chaque observation ayant le potentiel d'être désignée par x_i ; leur moyenne est égale à :

$$\overline{x} = \frac{\sum_{i=1}^{n} x_i}{n} \tag{II.1}$$

Cela signifie que la moyenne est égale au rapport obtenu en divisant la somme de toutes les valeurs observées de la variable par le nombre n de données. Dans cette situation, la

variance est une moyenne différente qui est calculée à partir du carré des différences qui séparent les n observations de la moyenne $\bar{x}$:

$$var\ x = \frac{\sum_{i=1}^{n}(x_i - \bar{x})^2}{n} \quad \text{(II.2)}$$

C'est-à-dire que la variance est égale au rapport obtenu en divisant le carré total de toutes les différences séparant les observations individuelles de leur valeur commune moyenne par le nombre de points de données, n En effet, notamment avec les outils informatiques contemporains, il est beaucoup plus simple de calculer la variance pour des données dont il n'est pas nécessaire de connaître à l'avance la moyenne $\bar{x}$:

$$var\ x = \frac{\sum_{j=1}^{n} x_j^2}{n} - \bar{x}^2 = \frac{1}{2}\left(\sum x_j^2 - \frac{(\sum x_j^2)^2}{n}\right) \quad \text{(II.3)}$$

Autrement dit, on calcule la somme des x et la somme de chacun de leurs carrés. Si nous appelons la somme des x S et la somme de ses carrés SS, nous divisons le carré de S par n et soustrayons le quotient de SS avant de diviser le résultat par n pour obtenir la différence. Les trois formules énumérées ci-dessus sont exactement équivalentes les unes aux autres.

II.4 Hypothèses fondamentales

II.4.1 Hypothèses à tester

L'hypothèse nulle notée $\boldsymbol{H_0}$ est l'hypothèse que l'on désire contrôler : elle consiste à dire qu'il n'existe pas de différence entre les paramètres comparés ou que la différence observée n'est pas significative et est due aux fluctuations d'échantillonnage.
Cette hypothèse est formulée dans le but d'être rejetée

$$\begin{cases} \boldsymbol{H_0}: \boldsymbol{m_1 = m_2 = \cdots = m_k = m} \\ \boldsymbol{H_1}: \quad \exists (\boldsymbol{i,j}) \boldsymbol{tel\ que\ m_i \neq m_j} \end{cases}$$

II.4.2 Etude de quelques lois de probabilités

Il existe différentes lois de probabilités continues souvent utilisées pour l'interprétation de données expérimentale comme loi de Gauss Normale), Test de student,

II.4.2.1 Loi de Gauss (Loi Normale et Loi Normale Réduite)

Expression de la densité de probabilité

Une loi normale est une loi de probabilité absolument continue qui dépend de deux paramètres: son espérance, un nombre réel noté m, et son écart type, un nombre réel positif noté σ. La densité de probabilité de la loi normale d'espérance m, et d'écart type σ est donnée par :

$$g(x) = \frac{1}{\sigma\sqrt{2\pi}} e^{\frac{-(x-\bar{x})^2}{2\sigma^2}} \qquad \text{(II .4)}$$

La loi est donc symétrique et le mode et la médiane sont égaux à la moyenne. La figure II.1 illustre une représentation graphique de la loi normale réduite, l'aplatissement à une valeur $\gamma = 3$ est prise comme référence lorsqu'on veut comparer les autres lois statistiques à la loi Normale. [51]

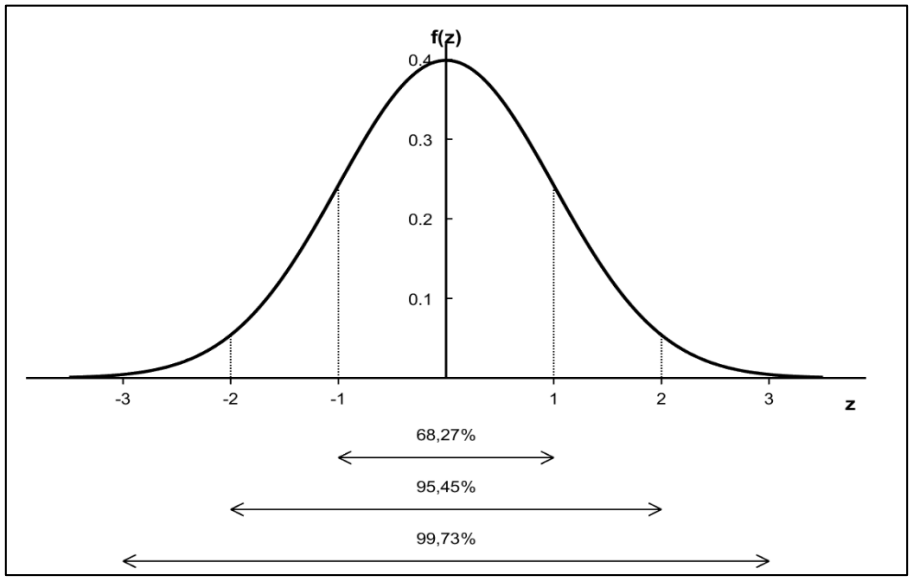

Figure II. 1. *Représentation graphique de la loi normale réduite et valeur des surfaces f(z)* [51]

II.4.2.2. Loi de Student

Sa densité de probabilité dépend généralement au paramètre ν, appelé encore "degrés de liberté". Elle est symétrique et possède une famille de courbes pour la représentation graphique, dont certaines sont présentées ci-dessous **:**

La courbe a le même aspect qu'une courbe gaussienne, mais plus plate. Comme $\nu \to \infty$ (enfait ν> 40) la loi de Student est presque équivalente Loi de Gauss. [51]

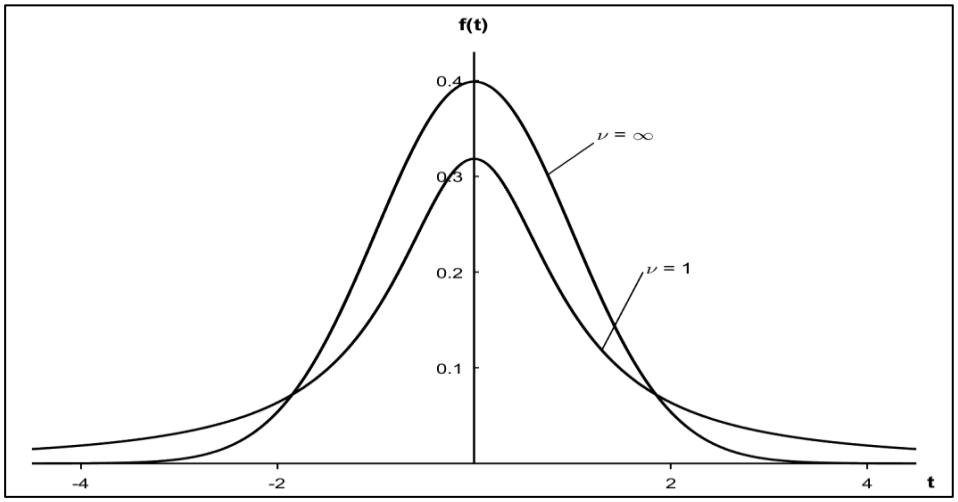

Figure II. 2. *Représentation graphique de la loi de student [51] [52]*

Pour un échantillon de n observations indépendantes d'une quantité X aléatoirement distribuée selon la loi normale, on montre que cette grandeur

$$\frac{\bar{x}-\bar{x}}{s/\sqrt{n}} \; ou \;\; s = \sqrt{\frac{\sum_i (x_i-\bar{x})^2}{n-1}} \qquad \text{(II.5)}$$

Elle suit une distribution de Student avec $v = n - 1$ degrés de liberté. Cette loi est donc très importante dans les tests statistiques impliquant la moyenne de petits échantillons.

II.4.2.3 Loi de Fisher-Snédecor

C'est la loi d'une variable aléatoire continue, appelée F, dont la densité de probabilité dépend de deux paramètres, v_1 et v_2 (degrés de liberté). Une représentation graphique en fonction des deux paramètres$v_1$et v_2 est présentée sur la Figure II.3. La loi est asymétrique, plus elle est plate, plus v_1 et v_2 sont petits. [51]

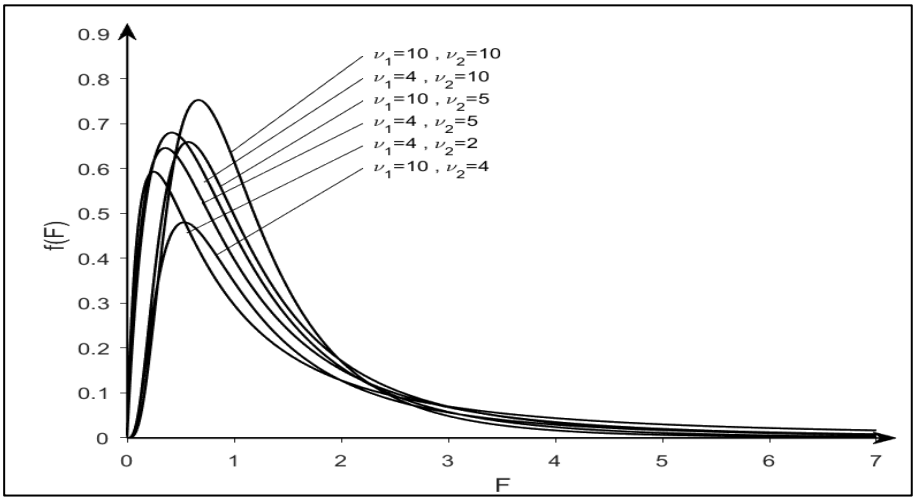

Figure II. 3. *Représentation de graphique de la loi de fisher-snedecor [51]*

Cette loi est très utilisée dans les problèmes où on a besoin de comparer des variances des mesures.

Les valeurs des fractals supérieurs $F(v_1, v_2, 1-a)$sont données par la table, pour une valeur fixe de α. Mais les valeurs fractales inférieures peuvent être calculées par cette équation :

$$F(v_2, v_1, a) = \frac{1}{F(v_1, v_2, 1-a)} \quad \text{(II.6)}$$

II.4.2.4 Loi du Khi-deux

La loi du chi carré, également appelée loi de Pearson, sa densité de probabilité dépend d'un paramètre v appelé le degré de liberté. Elle est tracée en fonction de$v$, la famille de courbes représentée sur la Figure II.4

Contrairement, aux autres lois, cette loi est asymétrique et s'aplatit à v plus élevé.

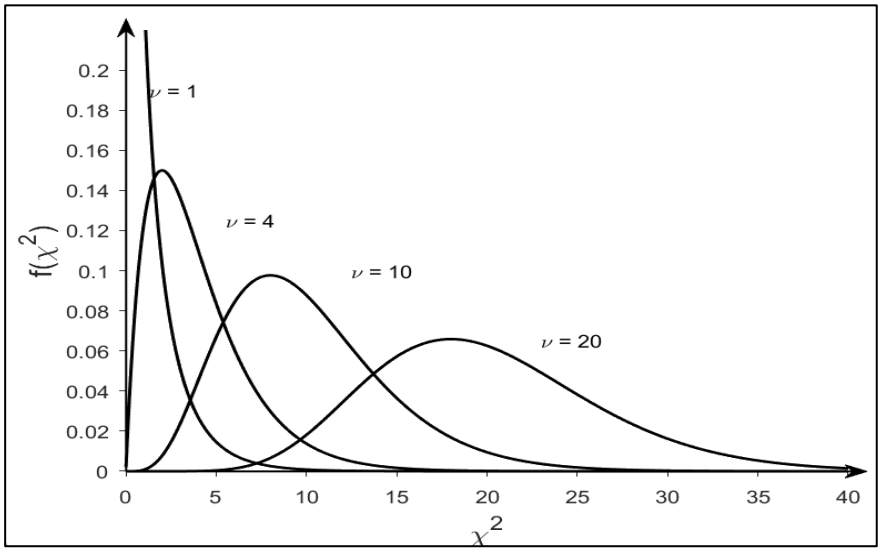

Figure II. 4. *Représentation graphique de la loi du khi-deux [51][52]*

II.5. Analyse de variance

Dans cette section, nous expliquons la terminologie de la technique ANOVA, nous donnons aussi des définitions de quelques termes spécifiques reliés à cette technique.

Unité expérimentale : c'est l'unité la plus petite utilisée dans l'expérience, à laquelle on peut appliquer un facteur ou une combinaison de facteurs. Elle peut être définit aussi comme un organisme (par exemple : humain), qui peut être au différent niveau :

- ✓ Un sous-organisme, par exemple individuels
- ✓ Un supra-organisme, par exemple une institution

La détermination du modèle ANOVA repose sur la connaissance des relations entre les facteurs et les unités expérimentales. Deux types de facteurs sont distingués :

- ✓ Facteurs fixes : C'est un facteur pour lequel les niveaux spécifiques présentent un intérêt. L'expérience pourrait être répéter entièrement, plusieurs fois, en utilisant des niveaux de facteur identiques. Conceptuellement, chaque niveau d'un facteur fixe représente une population distincte avec une moyenne de réponse unique. Le principal objectif de l'ANOVA est de tester si les moyens de réponse sont identiques à tous les niveaux de facteurs.
- ✓ Facteurs aléatoires : c'est un facteur pour lequel les niveaux représentent un échantillon aléatoire d'un nombre potentiellement infini de niveaux. Si l'expérience est répétée, différents niveaux de facteurs seraient choisis au hasard. Dans ce cas,

l'objectif principal de l'ANOVA est de faire une inférence sur la variation aléatoire au sein d'une population

Lorsqu'un niveau de facteur est appliqué à au moins deux unités expérimentales indépendantes, il est « répliqué ». Si les répliques sont en nombre égal pour chaque niveau de facteur, la conception expérimentale est « équilibrée ». Ces concepts se généralisent à des combinaisons de niveaux de facteurs.

Une expérience peut contenir au moins deux facteurs combinés de deux manières différentes, « croisées » ou « imbriquées ».

- Facteurs croisés : avec lequel chaque niveau de facteur A est présent en combinaison avec chaque niveau de facteur B. Par exemple, on a 2 médicaments différents X et Y (les niveaux de facteur A sont les médicaments X et Y), il pourrait être administré à l'une ou l'autre des 2 doses (taux de facteur B sont faibles ou élevés), chaque unité expérimentale recevant 1 médicament à 1 dose.
- Facteur imbriqué : avec lequel chaque niveau apparaît dans un seul niveau du facteur dans lequel il est imbriqué.

Nous nous référons généralement aux modèles ANOVA en utilisant les termes « effets fixes » ou « effets aléatoires ». Cela ne devrait pas prêter à confusion, car les facteurs fixes correspondent aux effets fixes entre les niveaux de facteurs (c'est-à-dire les différences moyennes entre les populations) et les facteurs aléatoires correspondent aux effets aléatoires entre les niveaux (c'est-à-dire les différences aléatoires au sein de la population). Si le plan expérimental comprend des effets fixes et aléatoires, nous utilisons un modèle ANOVA à « effets mixtes »

II.6. Les modèles de la technique ANOVA

L'analyse de variance (ANOVA) est une technique statistique largement utilisée pour mesurer la variance entre les groupes par rapport à la variance au sein des groupes. Elle a deux modèles, ANOVA à effets fixes et un facteur et ANOVA à effets fixes et 2 facteurs [53].

II.6.1. ANOVA à effets fixes à un facteur

Le premier modèle ANOVA unidirectionnel est utilisé pour vérifier s'il y a une vraie différence entre les moyennes de la population ou non, en testant l'hypothèse nulle. L'hypothèse nulle est correcte si la moyenne de la population de tous les traitements est

la même, et ce n'est pas correct si la variabilité entre les moyennes de l'échantillon est ainsi grande. Le tableau II.1 affiche les résultats du calcul ANOVA unidirectionnel.

Tableau II.1. *Calcul ANOVA unidirectionnel*

Source de variation	Df	Sommes de carrés	Carré moyen	Statistique F	P
Traitement	$a-1$	SSA (entre les traitements)	$MSA = \frac{SSA}{(a-1)}$	$\frac{MSA}{MSE}$	P
Erreur	$N-a$	SSE (dans le traitement)	$MSE = \frac{SSE}{(N-a)}$	...	…
Le total	$N-1$	SST	….	…	...

Où

SST (somme totale des carrés) correspond à la variabilité totale des observations à partir de la moyenne globale, elle est égale à **SST = SSA + SSE ;**

SSA (carrés entre les traitements), est la somme des termes

$$(moyennedutraitement - moyenneglobale)^{2}$$

SSE (somme des carrés dans les groupes) est la somme des termes

$$(\text{valeur individuelle} - \text{moyenne du traitement})^{2}$$

Chaque somme de carrés a un degré de liberté spécifique (df); qui représente le nombre d'observations indépendants utilisé pour former cette somme de carrés.

Les valeurs quadratiques moyennes sont obtenues en divisant chaque somme de carré par son df correspondant. La distribution statistique F est égale à MSA/MSE ; grande valeur de F signifie que l'hypothèse nulle n'est pas correcte [53].

II.6.2. ANOVA à effets fixes à deux facteurs

Le deuxième modèle ANOVA bidirectionnelle à 2 facteurs A et B, et chaque niveau de A est croisé avec chaque niveau de B. Ce modèle compare les moyennes entre les niveaux de facteur A et entre les niveaux de facteur B, et testez également les facteurs. Le tableau II.2

affiche les résultats du calcul d'ANOVA bidirectionnelle. Semblable à l'ANOVA à un facteur, nous calculons la somme de carrés liés aux principaux effets du facteur A, du facteur B, les combinaisons de A et B, et l'erreur aléatoire.

Tableau II 2. *Calcul ANOVA bidirectionnel*

Source de variation	Df	Sommes de carrés	Carré moyen	Statistique F	P
Facteur A	$a-1$	SSA	$MSA = \frac{SSA}{(a-1)}$	$\frac{MSA}{MSE}$	P_A
Facteur B	$b-1$	SSB	$MSB = \frac{SSB}{(b-1)}$	$\frac{MSB}{MSE}$	P_B
Interaction AB	$(a-1)(b-1)$	$SSAB$	$MSAB = \frac{SSAB}{(a-1)(b-1)}$	$\frac{MSAB}{MSE}$	P_{AB}
Erreur	$N-ab$	SSE	$MSE = \frac{SSE}{(N-ab)}$	…	…
Le total	$N-1$	SST	…	…	…

Avec,

- La première variable étudiée (souvent appelée facteur A) a « a » modalité (on peut dire aussi que le facteur A contient a niveaux). L'index de modalités de cette première variable catégorielle, notée i, va de 1 à a.

-De même, la deuxième variable étudié (souvent appelé facteur B) a b modalités. L'index de modalités de cette seconde variable, notée i, va de 1 à b.

- Le nombre total d'observations est toujours noté N.

- (a − 1) est le degré de liberté pour les tests liés au facteur A ;

- (b − 1) est le degré de liberté pour les tests liés au facteur B ;

- (a − 1) (b − 1) est le degré de liberté pour les tests liés à l'interaction entre les deux facteurs, A et B.

Comme la méthode ANOVA unidirectionnelle, et comme indiqué dans le tableau II.2, d'ANOVA bidirectionnelle, la technique mesure d'abord la dispersion totale des données en calculant la somme totale des carrés (SST). Cette dernière est décomposée d'une partie attribuée au premier facteur, noté SSA, une part attribuée au second facteur, noté SSB, une partie attribuée à l'interaction entre les deux facteurs, noté SSAB, et une partie SSE de l'erreur.

Ensuite, la valeur F est calculée, qui est le rapport de deux variances, pour évaluer si la variance est significativement ou non. A la fin, il faut calculer la probabilité *p*, sous l'hypothèse nulle H_0. Cette valeur est comparée à un seuil de signification choisi (généralement fixé à 5%), pour décider si elle existe une différence significative entre les échantillons ou non.

II. 7 Les avantage de la technique ANOVA

Les principaux avantages de l'ANOVA par rapport aux autres méthodes statistiques résident dans les quatre points suivants :

1. Elle est facile à mettre en œuvre, en utilisant une algèbre simple.

2. Elle peut être utilisé pour comparer plus de deux échantillons.

3. Elle peut être appliqué à des groupes avec différents nombres d'observations.

4. Elle a été largement utilisée et s'est avéré efficace dans divers domaines de recherche, tels que la pharmacologie et la médecine.

II.8 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons défini d'abord la variance, l'hypothèse nulle et les lois de probabilités couramment utilisées.

Ensuite, nous avons décrit la technique d'analyse de variance (ANOVA) a un effet (unidirectionnelle) et a deux effets (bidirectionnelle). La technique ANOVA est une technique statistique très performante, basée sur les calculs simples et elle peut être facilement employée pour comparer deux ou plus d'échantillons.

Nous visons dans cette thèse à utiliser la technique ANOVA pour comparer entre deux image IRM d'une personne sans et avec une tumeur cérébrale afin de la détecter.

Chapitre III :

L'optimisation et l'algorithme d'optimisation par essaims particulaires

III.1 Introduction

Dans le domaine de la recherche scientifique, l'optimisation est un sujet crucial. En effet, de nombreux problèmes d'aide à la décision peuvent être formulés sous forme de problèmes d'optimisation. Parmi les exemples de problèmes d'optimisation, on peut citer l'identification, l'apprentissage supervisé des réseaux de neurones ainsi que la recherche du plus court chemin, entre autres.

Récemment, les algorithmes d'optimisation par essaim de particules se sont avérés être une technique méta-heuristique efficace pour résoudre ces problèmes d'optimisation. Ils s'inspirent des comportements collectifs et bien organisés des essaims d'oiseaux et de poissons lors de leurs déplacements.

On décrit dans ce chapitre le problème d'optimisation et le principe des méthodes méta-heuristiques dans lequel nous nous plaçons dans ce travail, ensuite on présentera en détail la technique méta-heuristiques appelée 'optimisation par essaim de particules' ou 'essaim particulaire'.

III.2 Définition d'optimisation

Les techniques d'optimisation consistent à déterminer les valeurs des variables qui conduisent à une fonction de réponse optimale, également appelée fonction "objectif". Sur le plan mathématique, cela équivaut à identifier les extrema de fonctions à plusieurs variables. Dans les sciences appliquées, l'objectif est souvent de trouver le point optimal de la réponse d'opérations industrielles ou d'expériences de laboratoire. [54]

III.3 Problèmes d'optimisation

L'optimisation est un modèle qui relève à la fois des mathématiques (en tant que discipline formelle) et de l'informatique. Son objectif est de trouver le minimum ou le maximum d'une fonction objectif en respectant un ensemble de contraintes préétablies.

Soient

$x \in K$: Le domaine K est un sous ensemble $K \subset \mathrm{R}^n$, appelé l'espace de solution ou l'espace de recherche et les éléments de K sont appelés les solutions candidates.

$J: R^n \rightarrow R$: Fonction cout (objectif)

$D \subset \mathrm{R}^n$: Ensemble des contraintes, les variables $x = (x_1, \ldots, x_n)$ devront satisfaire des contraintes.

On écrira les problèmes d'optimisation sous la forme générale suivante :

$$(P) inf_{x \epsilon k}\, J(x) \qquad \text{(III .1)}$$

On dit que le problème (P) admet une solution s'il existe un choix de variables $x_0 \in k$ tel que :

$$\forall\, x \in k\; J(x_0) \leq J(x)$$

On dit alors que x_0 est un minimiser (ou point de minimum ou encore point optimal) de J sur k, et que $J(x_0)$ est un minimum de J sur k [55].

Il est possible que plusieurs solutions intermédiaires soient présentes dans l'espace de recherche, et ces solutions peuvent également être des optimums. Toutefois, ces optimums ne sont valables que pour un sous-espace restreint de l'espace de recherche et sont appelés des "optimums locaux". Cette notion est illustrée sur la Figure III.1.

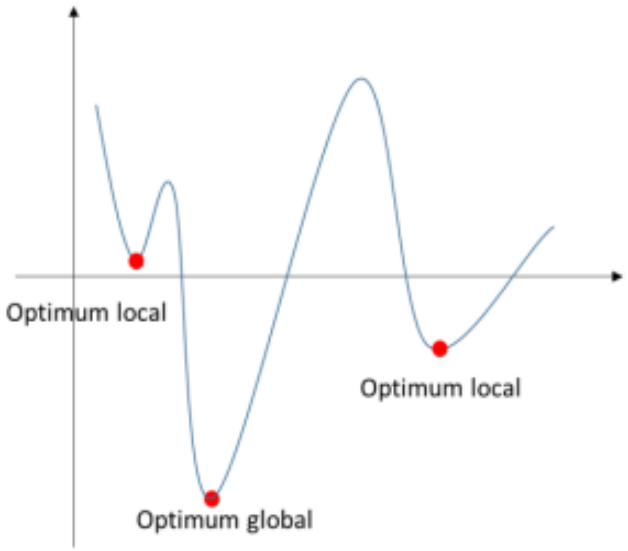

Figure III. 1. *Les optima locaux vs. L'optimum global*

III.4 Classification des problèmes d'optimisation

Il existe différents types de méthodes de classification visant à répondre à des facteurs spécifiques. Le diagramme ci-dessous illustre de manière globale les classifications de problèmes d'optimisation :

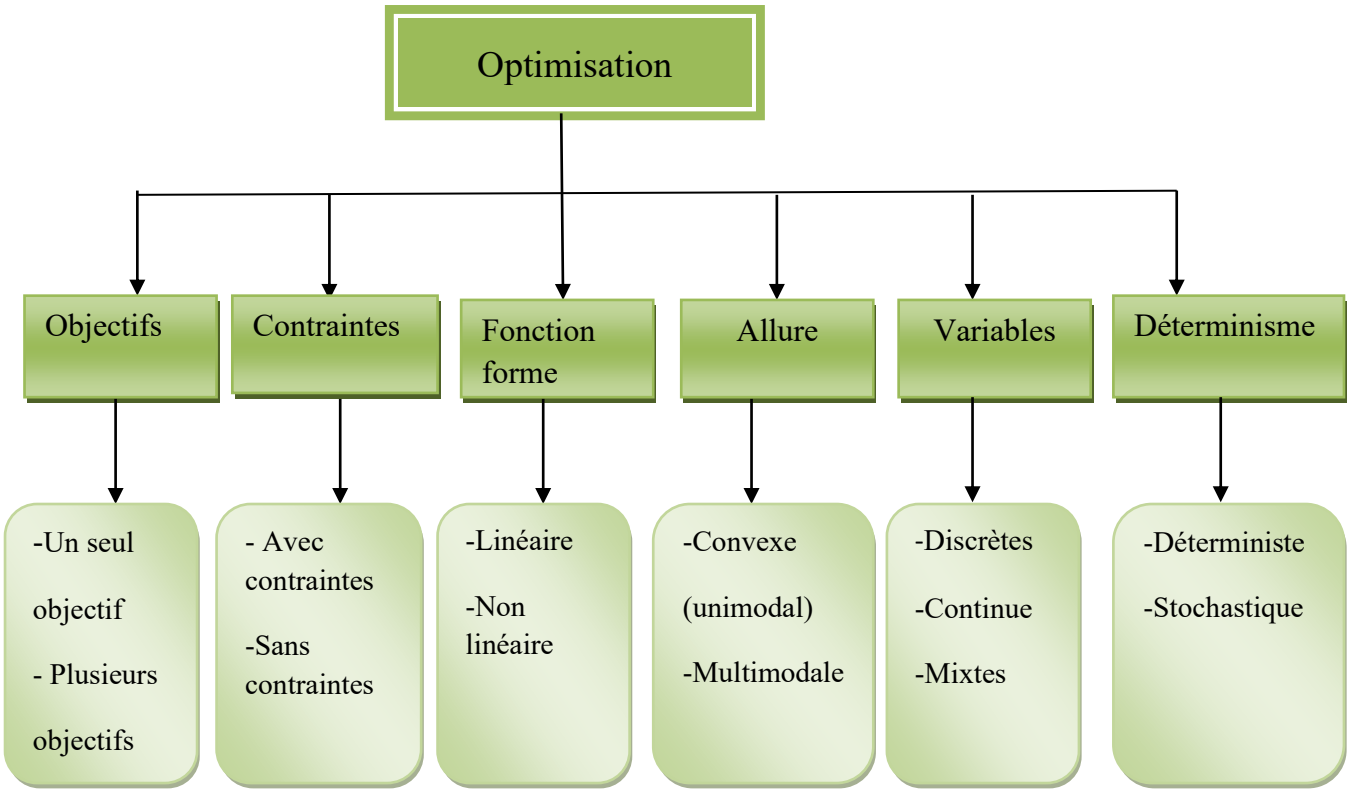

Figure III. 2. *Classification des problèmes d'optimisation [56]*

Selon cette représentation, divers facteurs contribuent à la classification des problèmes d'optimisation, tels que la forme de la fonction, les contraintes, le type de variables et le nombre de fonctions objectifs, entre autres. Ci-dessous, nous nous concentrerons sur la classification en fonction du nombre d'objectifs à atteindre.

III.4.1. Les problèmes d'optimisation mono-objectifs

Si l'optimisation est effectuée sur un problème à objectif unique, une seule fonction est soit minimisée soit maximisée. Pour résoudre un tel problème, il est nécessaire d'optimiser en utilisant un critère donné pour maximiser ou minimiser la fonction. [57]

Cependant, dans la plupart des cas, il n'existe pas qu'une seule solution optimale, mais un ensemble de solutions qui minimisent ou maximisent le critère donné

III.4.2. Les problèmes d'optimisation Multi-objectifs

Le problème mono-objectif est associé à la recherche d'un optimum pour une seule fonction objective. À l'inverse, le problème d'optimisation multi-objectif implique deux objectifs ou plus, avec de nombreuses variables et contraintes de décision. L'objectif de la résolution de ce type de problème est de minimiser ou maximiser plusieurs fonctions objectives. Il convient de

noter que les objectifs peuvent être contradictoires dans un problème d'optimisation multicritère [58] [59].

III.4.3 La fonction objective

Une caractéristique essentielle d'un système à améliorer est définie par une équation mathématique dépendant d'un vecteur de variables de conception.

III.4.4 Les contraintes

Les contraintes représentent des limitations à la résolution du problème d'optimisation et peuvent inclure des variables de conception, des limites physiques, des considérations de sécurité, environnementales et économiques, etc. [60]

III. 5 les méthodes d'optimisation

Il existe plusieurs méthodes d'optimisation, qui peuvent être classées en deux catégories : les méthodes déterministes (exactes) et les méthodes non déterministes (approchées), en fonction de l'utilisation ou non d'un aspect aléatoire.

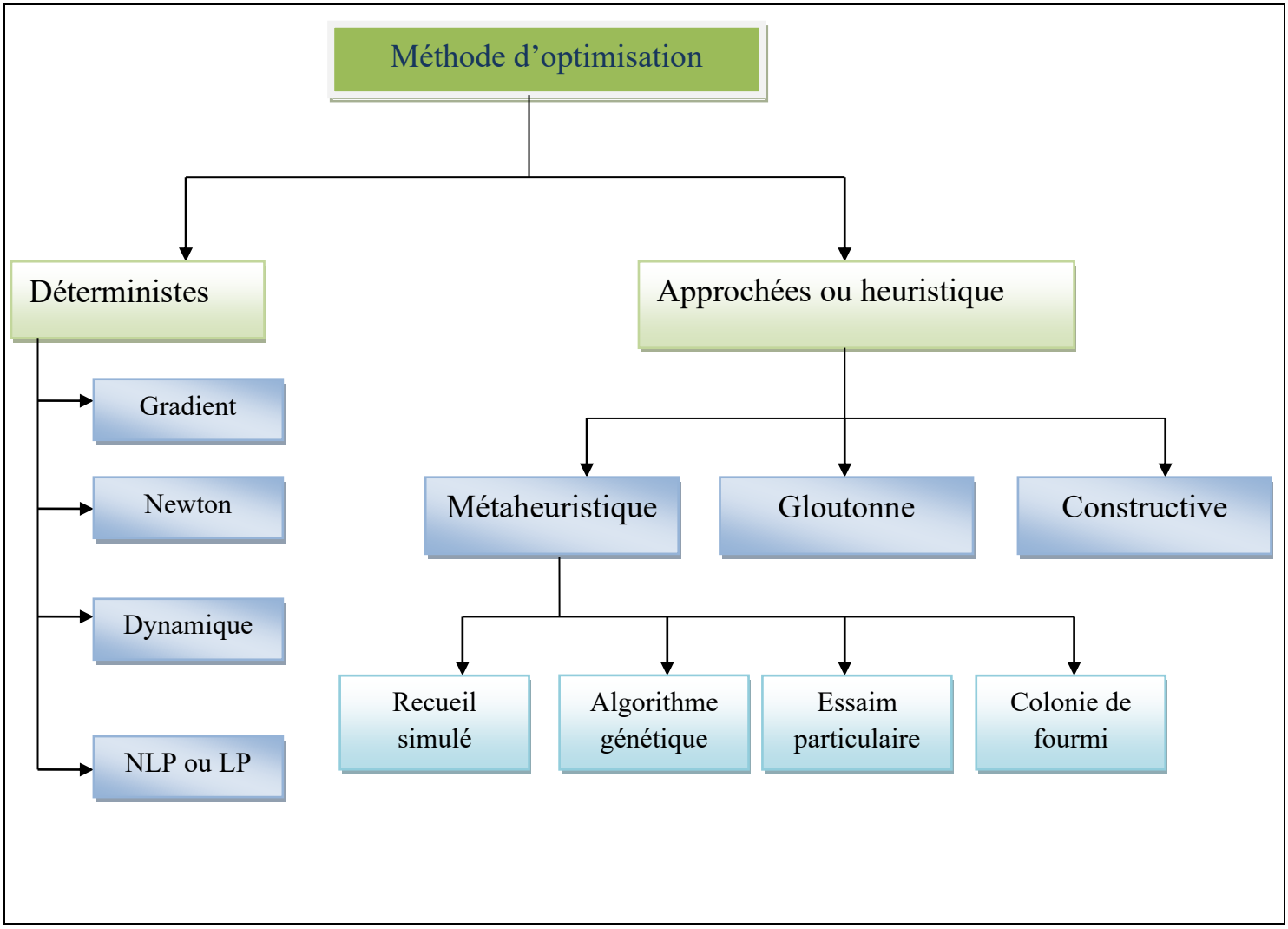

Figure III. 3. *Classification les méthodes d'optimisation*

III.5.1 les méthodes exactes

Les méthodes exactes sont précises et permettent de trouver la solution optimale à un problème, mais peuvent être chronophages pour les problèmes NP-difficiles en raison de la complexité et du temps de traitement. Elles nécessitent que la fonction objective soit convexe, continue et dérivable et peuvent converger vers les minimas locaux.

III.5.2 Les méthodes approchées

Les méthodes approchées (ou heuristiques), en revanche, permettent de trouver rapidement des solutions réalisables mais pas nécessairement optimales.

La qualité d'une heuristique est mesurée par l'écart entre sa solution et l'optimale, avec des techniques méta-heuristiques faisant partie de cette classe d'heuristiques.

III. 6. Méta-heuristiques

Dans les années 1980, une famille d'algorithmes d'optimisation appelée méta-heuristiques est apparue. Leur but est de résoudre des problèmes d'optimisation difficiles pour lesquels aucune méthode classique plus efficace n'est connue. Les méta-heuristiques sont couramment utilisées comme des méthodes génériques qui peuvent optimiser une large gamme de problèmes différents sans nécessiter de changements majeurs dans l'algorithme utilisé. Elles sont souvent inspirées des systèmes naturels tels que le recuit simulé pour la physique, les algorithmes génétiques pour la biologie de l'évolution, ou encore les algorithmes de colonies de fourmis ou de l'optimisation par essaims particulaires pour l'éthologie. [61]

III.6.1 Principe de méthodes méta-heuristiques

Les méthodes méta-heuristiques sont populaires en grande partie grâce à leurs mécanismes d'exploration qui cherchent des zones prometteuses dans l'espace des solutions où la solution optimale pourrait être trouvée. Toutefois, l'algorithme ne doit pas se contenter d'explorer l'espace des solutions, mais doit également exploiter les candidats obtenus pour essayer de les améliorer. L'exploitation et l'exploration ne peuvent être efficaces qu'avec un mécanisme de mémorisation qui permet de conserver des informations sur les solutions passées. Figure III.4 [62]

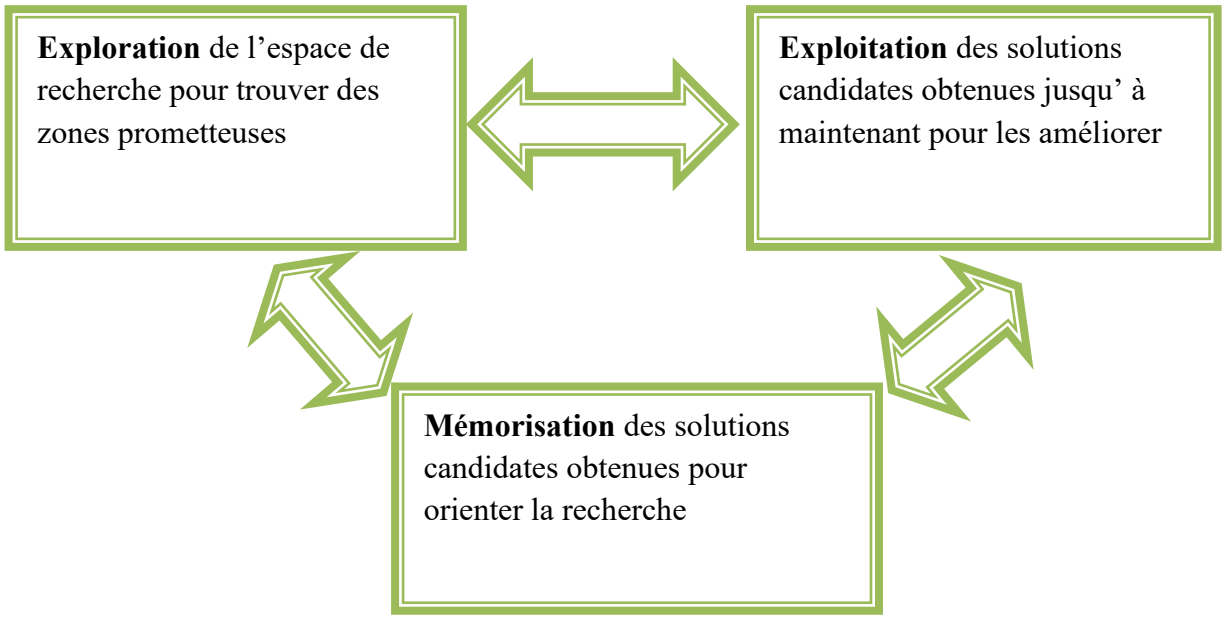

Figure III. 4: *Les fonctions principales des méthodes d'optimisation méta-heuristiques.*

III.7 Quelques techniques méta-heuristiques

III.7.1 Les Algorithmes Génétiques

Les algorithmes génétiques (AG) font partie d'un ensemble de méthodes appelées algorithmes évolutifs, qui sont des méta-heuristiques basées sur le processus d'évolution naturelle. Les AG se composent généralement de trois éléments essentiels : une population d'individus représentant des solutions potentielles, un mécanisme d'évaluation de l'adaptation de chaque individu à son environnement et un mécanisme d'évolution qui utilise des opérateurs tels que la sélection, les croisements et les mutations pour produire de nouveaux individus à partir de ceux sélectionnés. Les AG ont été inventées par John Holland dans les années 60 et ont été développés pour étudier formellement le phénomène de l'adaptation dans la nature et pour importer les mécanismes d'adaptation naturels dans les systèmes informatiques. Dans son livre Adaptation in Natural and Artificiel Systems, publié en 1975, Holland a présenté les AG comme une abstraction de l'évolution biologique et a fourni un cadre théorique pour l'adaptation basé sur les AG. [63][64]

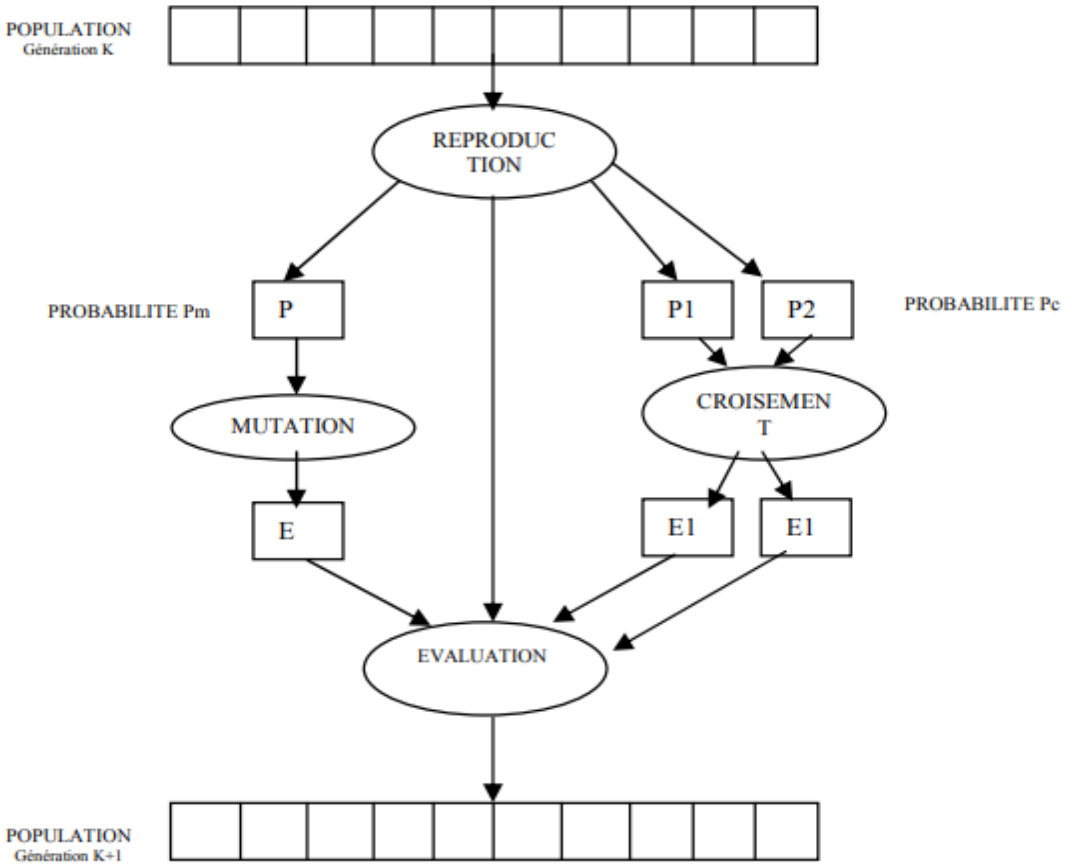

Figure III. 5. *Principe et démarche des algorithmes génétiques*

III.7.2 Recuit simulé

Le Recuit Simulé (Simulated Annealing) est une méthode de recherche locale largement utilisée dans la résolution de problèmes NP-difficiles. Elle a été développée en se basant sur le phénomène thermodynamique de recuit des métaux et imite la procédure utilisée par les métallurgistes pour obtenir un alliage exempt de défauts. Lorsque la température baisse lentement, les atomes ont le temps de s'ordonner régulièrement. Cependant, une baisse de température trop rapide peut entraîner des défauts dans l'alliage. L'algorithme du recuit simulé s'appuie sur l'évolution d'un système thermodynamique et accepte, pour sortir d'un minimum local, une dégradation de la fonction de coût avec une certaine probabilité. Cette méthode a été efficace pour résoudre de nombreux problèmes NP-difficiles. [65] et [66] [67][68]

L'algorithme de la méthode de recuit simulé

Initialisation d'une configuration aléatoire et une température T,

Tant que (Le critère d'arrêt n'est pas atteint) **faire**

    Tant que (L'équilibre n'est pas atteint) **faire**

        Tirer une nouvelle configuration,

        Appliquer la règle de Metropolis,

        Décroître la température T.

    Fait

Fai

III.7.3 La Recherche Tabou

La Recherche Tabou est une méthode de recherche locale itérative qui se base sur la construction et l'évaluation d'un voisinage de solutions à chaque itération. Cette méthode permet d'éviter les minimums locaux en acceptant des solutions détériorées avec une probabilité donnée. Pour éviter les cycles et diriger l'exploration vers des régions non encore visitées, la Recherche Tabou utilise une liste Taboue pour conserver les informations sur les solutions déjà visitées. Un critère d'aspiration permet de lever l'interdiction de revisiter une solution Taboue lorsque cette solution est meilleure que toutes celles du voisinage courant. La Recherche Tabou a été appliquée avec succès pour résoudre de nombreux problèmes NP-difficiles, tels que les problèmes de routage de véhicules, les problèmes d'affectation quadratique, les problèmes d'ordonnancement, les problèmes de coloration de graphes et les problèmes de planification intégré. La méthode a été développée par Glover dans les années 1980 et a depuis été largement utilisée en pratique [65, 66, 69-71].

L'algorithme de la recherche tabou

Initialisation d'une configuration aléatoire et une liste vide de tabou,

Tant que (Le critère d'arrêt n'est pas atteint) **faire**

    Perturbation de la configuration,

    Évaluation de voisinage,

    Mise à jour de la meilleure solution,

    Mise à jour de la liste tabou.

Fait

III.8 L'optimisation par essaims de particules PSO

L'algorithme PSO, qui signifie "Particle Swarm Optimization" en anglais, a été proposé en 1995 par Kennedy et Eberhart. Il s'inspire du comportement social des animaux évoluant en groupe, tels que les oiseaux en vol. Bien que chaque individu dans le groupe ait une "intelligence" limitée et ne dispose que d'une connaissance locale de sa situation dans l'essaim, on peut observer des dynamiques de déplacement relativement complexes chez ces animaux. Dans l'algorithme PSO, la population est appelée "essaim" et chaque individu du groupe est appelé "particule". Les mouvements de chaque particule sont régis par des règles et des conditions spécifiques, qui sont influencées par les mouvements des autres particules de son voisinage. L'objectif du PSO est de chercher un optimum dans un voisinage donné, en déplaçant chaque particule selon trois composantes spécifiques. Ce déplacement est influé par les trois composantes suivantes : [72]

1. **La composante d'inertie** qui pousse chaque particule à continuer dans sa direction courante de déplacement.
2. **La composante cognitive** qui incite chaque particule à se diriger vers le meilleur site qu'elle a déjà visité.
3. **La composante sociale** qui encourage chaque particule à se fier à l'expérience de ses congénères et à se diriger vers le meilleur site atteint par les autres particules.

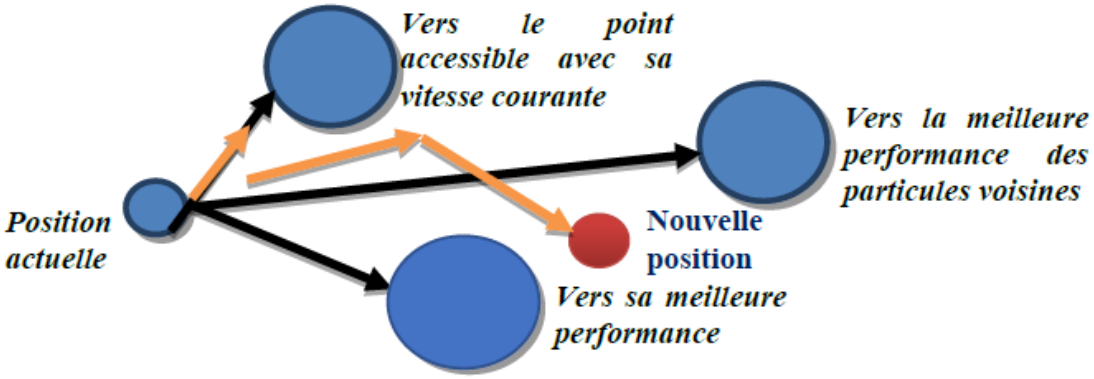

Figure III. 6. *Stratégie de déplacement d'une particule.*

Formulation mathématique

Dans un espace de recherche de dimension D, la particule *i* de l'essaim est modélisée à l'instant *t*, par [73] :

Son vecteur de position dans l'espace de recherche :

$$\vec{x}_{i,j}(t) = (x_{i1}, x_{i2}, \dots x_{iD}) \qquad j \in \{1,2, \dots D\}$$

Son vecteur de vitesse :

$$\vec{v}_{i,j}(t) = (v_{i1}, v_{i2}, \dots v_{iD}) \qquad j \in \{1,2, \dots D\}$$

La position de la meilleure solution par laquelle elle est passée :

$$\vec{p}_{best_{i,j}} = (p_{best_{i,1}}, p_{best_{i,2}}, \dots p_{best_{i,D}}) \qquad \text{(III 2)}$$

La position de la meilleure solution connue de son voisinage. Nous nous référons à la version globale de PSO :

$$\vec{g}_{best_j} = (g_{best_1}, g_{best_2}, \dots g_{best_D}) \qquad \text{(III 3)}$$

La valeur de fitness de sa meilleure solution

$$f(p_{best_i})$$

La valeur de fitness de la meilleure solution connue du voisinage. [73]

$$f(g_{best_i})$$

Au départ de l'algorithme, les particules de l'essaim sont initialisées d'une manière aléatoire. Ensuite, à chaque itération, chaque particule se déplace, en combinant linéairement les trois composantes citées ci-dessus. En effet, à l'itération$t + 1$, le vecteur de la vitesse et le vecteur de la position sont calculés à partir des équations (III 4) et (III 5), respectivement.

La formulation mathématique de ce comportement est la suivante :

$$v_{i,j}(t+1) = \omega\, v_{i,j}(t) + c_1 r_1[\, p_{best_{i,j}}(t) - x_{i,j}(t)] + c_2 r_2[\, g_{best_j}(t) - x_{i,j}(t)] \qquad \text{(III 4)}$$



Où ω est une constante, appelée *coefficient d'inertie,* c_1 et c_2 sont deux constantes, appelées *coefficients d'accélération* ; r_1 et r_2 sont deux nombres aléatoires tirés uniformément dans [0,1], à chaque itération t et pour chaque dimension j [74][75].

Les trois composantes mentionnées ci-dessus sont représentées dans l'équation (III 4) par les termes suivants :

$\omega\ v_{i,j}(t)$Correspond à la composante physique du déplacement, où le paramètre ω contrôle l'influence de la direction de déplacement sur le déplacement futur. Il est à noter que dans certaines applications, le paramètre ω peut être variable.

$c_1 r_1[\ p_{best_{i,j}}(t) - x_{i,j}(t)]$ Correspond à la composante conservatrice du déplacement de la particule, où le paramètre c_1 contrôle ce comportement.

$c_2 r_2[\ g_{best_j}(t) - x_{i,j}(t)]$ Correspond à la composante sociale du déplacement de la particule, où le paramètre $c_2$contrôle cette tendance.

La position au temps t de la particule i est définie alors par :

$$x_{i,j}(t+1) = x_{i,j}(t) + v_{i,j}(t+1) \qquad \text{(III 5)}$$

Nouvelle position

Une fois le déplacement des particules effectué, les nouvelles positions sont évaluées et les deux vecteurs $\vec{p}_{best_{i,j}}$ et $\vec{g}_{best_j}$ sont mis à jour, à l'itération $t+1$, suivant les deux équations (III 6) (dans le cas d'une minimisation) et (III 7) (dans une version globale de PSO), respectivement [74][75][76].

$$p_{best_{i,j}}(t+1) = \begin{cases} p_{best_{i,j}}(t) & si\ f(\vec{x}_{i,j}(t+1)) \geq f(p_{best_{i,j}}(t)) \\ \vec{x}_{i,j}(t+1) & sinon \end{cases} \qquad \text{(III 6)}$$

$$g_{best_j}(t+1) = \arg min_{p_{best_{i,j}}}\ f\left(p_{best_{i,j}}(t+1)\right),\ \ 1 \leq i \leq N \qquad \text{(III 7)}$$

III.9 L'algorithme de base de la PSO

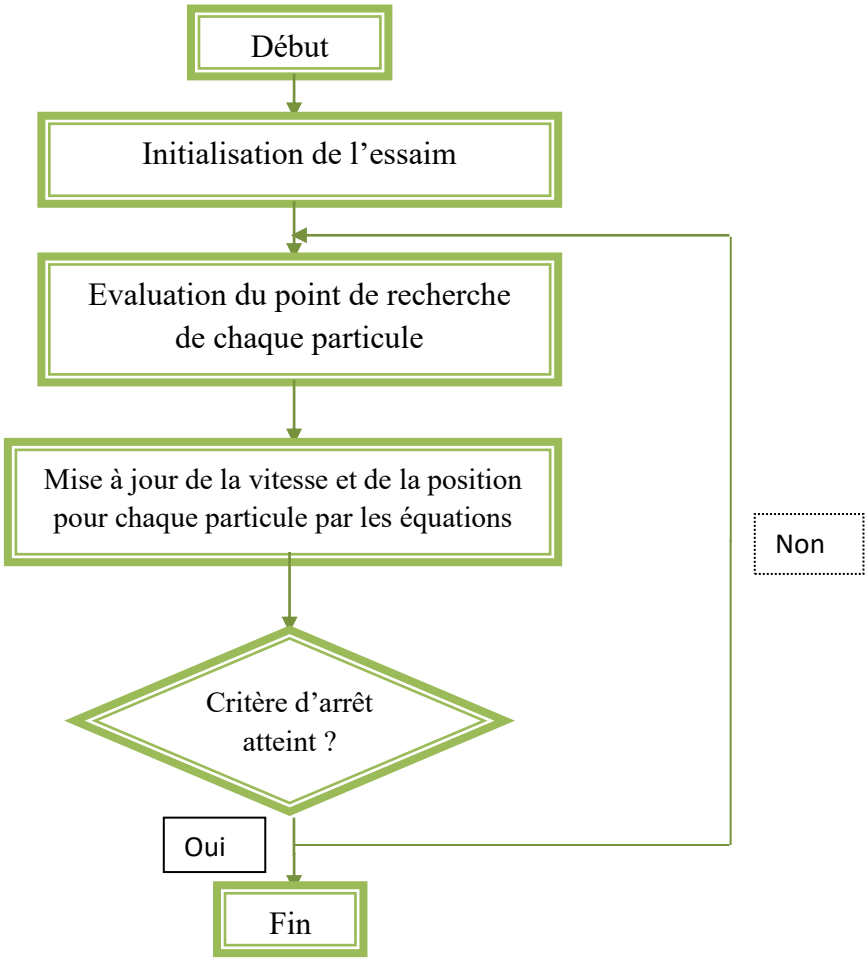

Figure III. 7. *Organigramme de la PSO standard*

Ces étapes sont présentées dans l'algorithme de base suivant :[73] [76]

Déclarations

N : nombre de particule

Nombre d'itération maximale

Les coefficients d'accélération, et d'inertie

Initialisation

Des positions et des vitesses de chaque particule d'une façon aléatoire.

Pour chaque particule i,$\vec{p}_{best_{i,j}} = \vec{x}_{i,j}(t)$

Traitements

Tant que le critère d'arrêt n'est pas atteint **faire**

Pour i=1 à N **faire**

Déplacement de la particule à l'aide de (III 4) et (III 5)

Evaluation des positions

Si $f(\vec{x}_{i,j}) < f(p_{best_i})$

$p_{best_i} = \vec{x}_{i,j}$

Fin Si

Si $f(p_{best_i} < f(\mathrm{Pop}_{-\mathrm{g}})$

$g_{best_i} = p_{best_i}$

Fin Si

Fin Pour

Fin Tant que

III.10 Notion de voisinage

Les particules de l'essaim sont en interaction avec un sous-ensemble d'autres particules, formant ainsi leur voisinage. Cette configuration d'interactions entre toutes les particules est comparable à la sociométrie ou à la topologie de l'essaim. Il existe deux types de voisinage

Voisinage géographique : Le premier type de voisinage est le voisinage géographique, qui est basé sur la proximité géographique entre les particules. C'est la notion la plus naturelle du voisinage pour les essaims particulaires, où les voisins sont définis comme les particules les plus proches. Toutefois, à chaque itération, les nouveaux voisins doivent être recalculés en fonction d'une distance prédéfinie dans l'espace de recherche. Par conséquent, il s'agit d'un voisinage dynamique qui doit être défini et mis à jour à chaque itération.

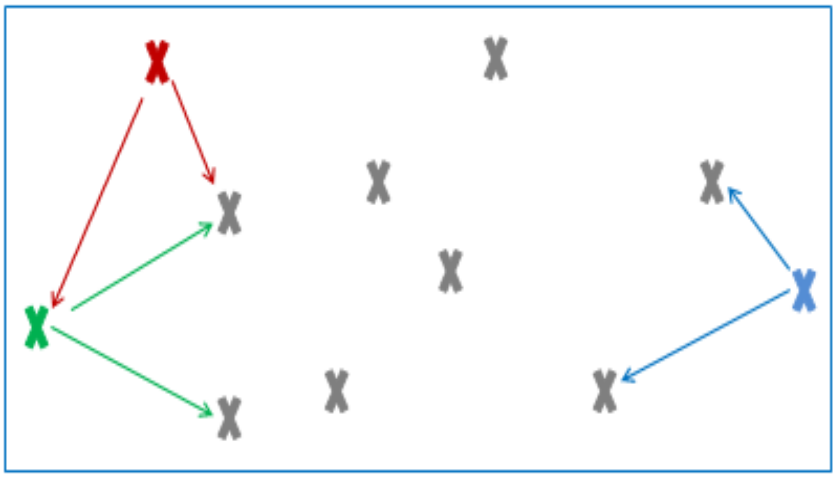

Figure III. 8. *Voisinage géographique (x : les particules, → le voisinage)*

Les voisinages sociaux : Le deuxième type de voisinage est le voisinage social, où les voisins sont définis à l'initialisation et ne sont pas modifiés par la suite. C'est le type de voisinage le plus couramment utilisé pour plusieurs raisons :

- ❖ Il est plus simple à programmer.
- ❖ Il nécessite moins de temps de calcul.
- ❖ En cas de convergence, un voisinage social tend à se comporter comme un voisinage géographique.

Pour construire le voisinage social, les particules sont disposées (virtuellement) en cercle, puis pour chaque particule, les informatrices sont choisies progressivement en commençant par elle-même, puis les particules les plus proches à sa droite et à sa gauche sont incluses, jusqu'à atteindre la taille désirée. Il est également possible de choisir les informatrices de manière aléatoire.

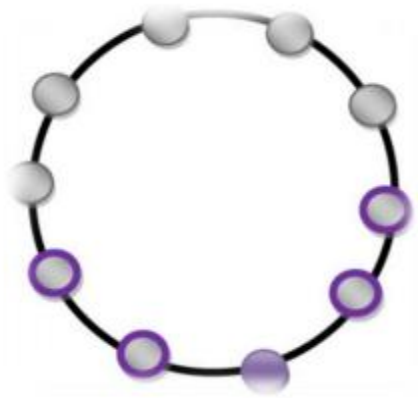

Figure III. 9. *Un voisinage en cercle [77]*

Dans cette figure III.9, la particule principale est en bas et ses informatrices correspondent aux deux particules directement à sa droite et à sa gauche

III.11Configuration des paramètres

III.11.1 Nombre de particules

Le choix du nombre de particules utilisées pour résoudre un problème dépend principalement de deux facteurs :

- La taille de l'espace de recherche.
- Le rapport entre les capacités de calcul de la machine et le temps maximal alloué à la recherche.

Il n'existe pas de règle générale pour déterminer ce paramètre et des expérimentations répétées sont nécessaires pour acquérir l'expérience suffisante pour l'estimer. Généralement, le choix est fait de manière aléatoire. [78]

III.11.2 Vitesse maximale

Il peut arriver que lors du déplacement d'une particule, en tenant compte de sa position et de sa vitesse actuelle, celle-ci risque de sortir de l'espace de recherche défini. Dans de tels cas, l'algorithme utilise un mécanisme de confinement appelé confinement d'intervalle pour gérer le déplacement de la particule et s'assurer qu'elle reste dans l'espace de recherche. En règle générale, ce mécanisme consiste à amener la particule sur le point le plus proche de l'espace de recherche, qui est également un point valide pour la particule. [79]

$$\textbf{Si} v_{i,j}(t) > V_{max} \textbf{ alors } v_{i,j}(t) = V_{max} \textbf{ et}$$

$$\textbf{Si } v_{i,j}(t) < -V_{max} \textbf{ alors } v_{i,j}(t) = -V_{max}$$

Où : V_{max} et $-V_{max}$sont les valeurs limites du paramètre$v_{i,j}$

III.11.3coefficients de confiance

Les coefficients de confiance sont des paramètres variables utilisés dans la formule de déplacement des particules de l'algorithme PSO. Ils permettent de pondérer les tendances de la particule à suivre son instinct de conservation ou son panurgisme. Ces paramètres sont des constantes positives déterminées empiriquement, sous la contrainte que leur somme soit inférieure ou égale à 4. Étant donné leur importance dans l'itération de l'algorithme PSO, des études ont été menées pour trouver leurs valeurs optimales. [80] [81]

Le coefficient d'inertie, noté ω, est également un paramètre important dans la formule de déplacement des particules. Il permet de définir la capacité d'exploration de chaque particule pour améliorer la convergence de la méthode. Fixer ce paramètre revient à trouver un compromis entre une exploration globale ($\omega > 1$) et une exploration locale ($\omega < 1$), et il représente l'instinct aventureux de la particule.

III.11.4 Coefficient de constriction

La recherche de solutions visant à éviter la divergence de l'algorithme lors de l'étude de la dynamique des particules au sein de l'essaim a conduit à l'introduction du paramètreV_{max}, que nous avons vu dans le paragraphe précédent. De nombreuses études ont été menées sur la dynamique des particules afin d'analyser les conditions de convergence de l'essaim. En ajustant les paramètresω, $c1$et$c2$, il est possible d'équilibrer les phases de diversification et d'intensification du processus de recherche. L'utilisation d'un facteur de constriction $\boldsymbol{k}$ permet également de mieux contrôler la divergence de l'essaim, tout en évitant de définir une limiteV_{max}. Cette variante de PSO, appelée canonical PSO [82], a été largement utilisée dans la littérature. En utilisant ce coefficient, l'équation se présente comme suit :

$$v_{i,j}(t+1) = \boldsymbol{k}\left(v_{i,j}(t) + \rho_1 rand_1\left[p_{best_{i,j}}(t) - x_{i,j}(t)\right] + \rho_2 rand_2\left[g_{best_j}(t) - x_{i,j}(t)\right]\right) \quad \text{(III 8)}$$

Avec :

$$k = \frac{2}{\rho - 2 + \sqrt{\rho^2 - 4\rho}}, \quad \rho = \rho_1 + \rho_2, \quad \text{(III 9)}$$

III.11.5 Critère d'arrêt

Le critère d'arrêt permet de déterminer le moment où l'on considère que la solution trouvée est suffisamment de bonne qualité pour être acceptable. Il existe plusieurs façons de

définir ce critère, par exemple en fixant un nombre maximal d'itérations, en arrêtant la recherche après un certain nombre d'étapes sans amélioration de la solution $\boldsymbol{s}$, ou encore en fixant une limite de temps après laquelle la recherche doit s'arrêter.[83]

III.12 Les avantages et les inconvénients de la PSO

Les avantages de PSO sont nombreux. Tout d'abord, il est facile à programmer dans n'importe quel langage de programmation. De plus, il est efficace sur un espace de recherche continu et peut être appliqué dans différents domaines de recherche scientifique grâce à son intelligence artificielle. La technique PSO s'adapte facilement à un environnement en cours d'évolution, dispose d'une simple implémentation et peu de paramètres à ajuster, ce qui permet une vitesse de recherche très rapide et une grande efficacité dans la recherche d'optimalité. Enfin, l'analyse de la PSO a prouvé qu'elle peut être appliquée dans des environnements statiques et dynamiques où la solution optimale change.

Cependant, la méthode PSO présente également des inconvénients. Tout d'abord, il y a un risque d'explosion du système si une particule utilise une vitesse très grande et sort de l'espace de recherche. De plus, la PSO est influencée par la topologie de voisinage choisie, ce qui peut affecter les performances. La convergence prématurée est également un problème courant, qui survient lorsque les individus attirent l'essaim vers un optimum local ou lors d'une mauvaise initialisation de l'essaim. Enfin, trouver les meilleures valeurs de certains paramètres n'est pas une tâche facile et peut varier d'un problème à un autre. [84][85]

III.13 Conclusion

Ce chapitre a présenté une introduction générale aux problèmes d'optimisation et aux différentes méthodes de résolution. Nous avons ensuite introduit les techniques d'optimisation méta-heuristiques, qui sont des méthodes de recherche heuristiques permettant de trouver des solutions optimales à des problèmes complexes. Enfin, nous nous sommes concentrés sur la technique PSO en particulier, qui est connue pour sa simplicité, sa rapidité et son efficacité à résoudre des problèmes d'optimisation difficiles, tels que les problèmes à variables continues ou discrètes dans des domaines réels tels que le traitement de signaux et d'images, la conception et la modélisation.

Chapitre IV :

Conception et validation d'une nouvelle approche pour la segmentation de la tumeur cérébrale

IV.1 Introduction

La segmentation d'images des tumeurs cérébrales issues de l'imagerie par résonance magnétique (IRM) est un sujet difficile à traiter ; car d'une part la tumeur cérébrale peut prendre plusieurs formes, et d'autre part, les images IRM varient considérablement en intensité, ce qui rend la détection des lésions difficile pour les radiologues. Ce chapitre propose une nouvelle approche de segmentation de la tumeur cérébrale, composée de trois étapes ; (1) le prétraitement, basé sur des opérations morphologiques, est appliqué pour supprimer l'os du crâne de l'image; (2) l'optimisation par essaim particulaire (PSO), avec une fonction de fitness basée sur une analyse à effets fixes bidirectionnelle de la variance (ANOVA),est utilisé pour trouver le bloc optimal contenant la lésion cérébrale ; (3) l'algorithme de clustering K-means est employé, pour classer le bloc détecté comme tumoral ou non tumoral.

Une analyse expérimentale approfondie, comprenant des évaluations visuelles et statistiques, a été menée, à l'aide de deux bases de données IRM : une base de données fournie par le centre d'imagerie de Kouba - Alger (KICA), et la base de sonnée de la tumeur cérébrale multimodale (BraTS) 2015. Les résultats montrent que la méthodologie proposée atteint des performances impressionnantes, par rapport à plusieurs approches concurrentes.

IV.2 La méthode de segmentation proposée

La méthode de segmentation proposée comprend trois étapes principales. Dans un premier temps, un pré-traitement de l'image est effectué, pour éliminer toute donnée inutile. Ensuite, PSO est appliqué pour identifier la ROI et K-means est utilisé pour segmenter la ROI. Un schéma illustratif est représenté sur la figure IV. 1, et un organigramme simple de la méthode proposée est présenté sur la figure IV.2 où la détection et la localisation de la tumeur sont marquées par le carré rouge.

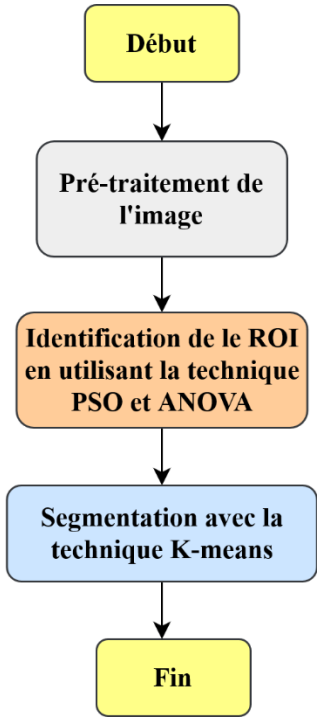

Figure IV. 1. *Schéma de l'approche proposée*

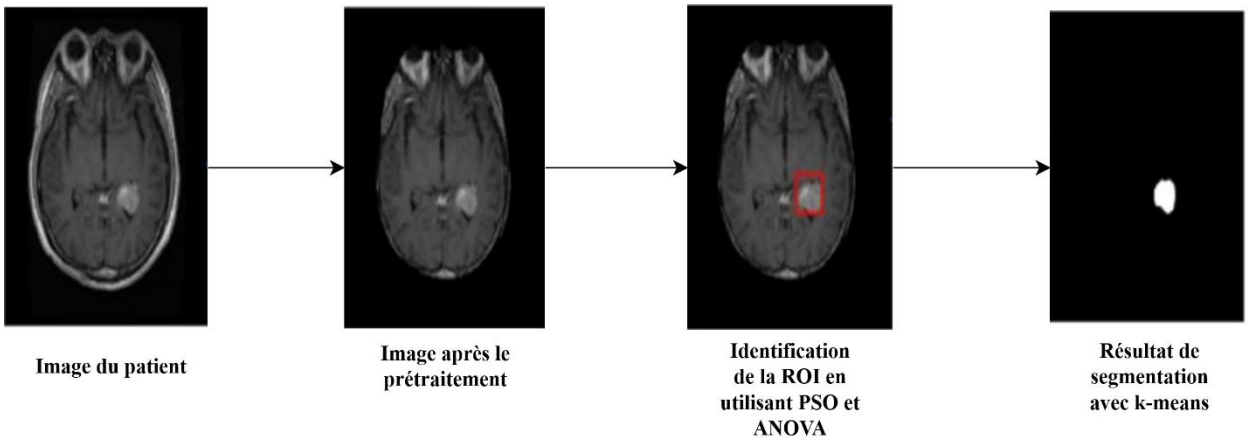

Figure IV. 2. *Organigramme de la méthode de segmentation proposée.*

IV.2.1 Prétraitement des images

Le prétraitement des images est essentiel pour supprimer les données bruyantes, incohérentes, incomplètes et non pertinentes [86]. Plusieurs approches peuvent améliorer la qualité de l'image lors de sa transmission ou de son stockage [87]. On citera par exemple ceux basés sur le concept de détection compressée, où le rehaussement de l'image est réalisé lors de l'acquisition [88–89]. Une approche alternative consiste à effectuer un débruitage simple et efficace en utilisant les ondelettes de première ou deuxième génération [90–91]. Enlèvement du crâne est une étape cruciale pour éliminer de l'image cérébrale tous les tissus

non cérébraux, tels que l'os du crâne, la graisse, la peau, etc. [92]. Pour cela, plusieurs approches ont été développées [93,94].

La première étape de la technique proposée est une procédure d'enlèvement du crâne, dans laquelle l'image en niveaux de gris est convertie en une image binaire, en utilisant un seuil fixe. Ensuite, deux opérations morphologiques - remplissage et érosion - sont appliquées à l'image binaire. Enfin, l'image originale est masquée par l'image binaire obtenue ; l'image générée est l'image dépouillée du crâne (voir Figure IV.3) [95–97].

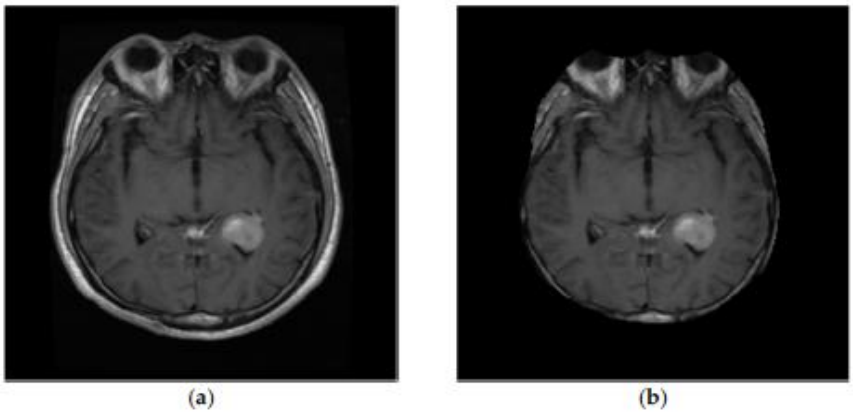

Figure IV. 3. *Étape de prétraitement : (a) image cérébrale originale ; (b) image cérébrale après prétraitement*

IV.2.2 Détection de la région d'intérêt

PSO est une technique méta-heuristique puissante, conçue pour résoudre des problèmes d'optimisation complexes. L'algorithme proposé utilise PSO pour chercher le bloc optimal contenant la tumeur dans l'image IRM. Le concept principal de cette étape est décrit comme suit. Tout d'abord, plusieurs blocs candidats sont initialisés de manière aléatoire dans l'image IRM, chaque bloc candidat est évalué avec une fonction de fitness, pour déterminer les meilleurs blocs (voir Figure IV.4). La fonction de fitness utilisée dans l'algorithme proposé est basée sur la technique d'analyse la variance à deux facteurs ANOVA. Les données utilisées sont le bloc candidat et l'image IRM d'un cerveau sain. La fonction de fitness utilisée est donnée par expression (Equation IV. 1).

$$fitness = \frac{MSA}{MSE} + \frac{MSB}{MSE} \qquad \text{(IV .1)}$$

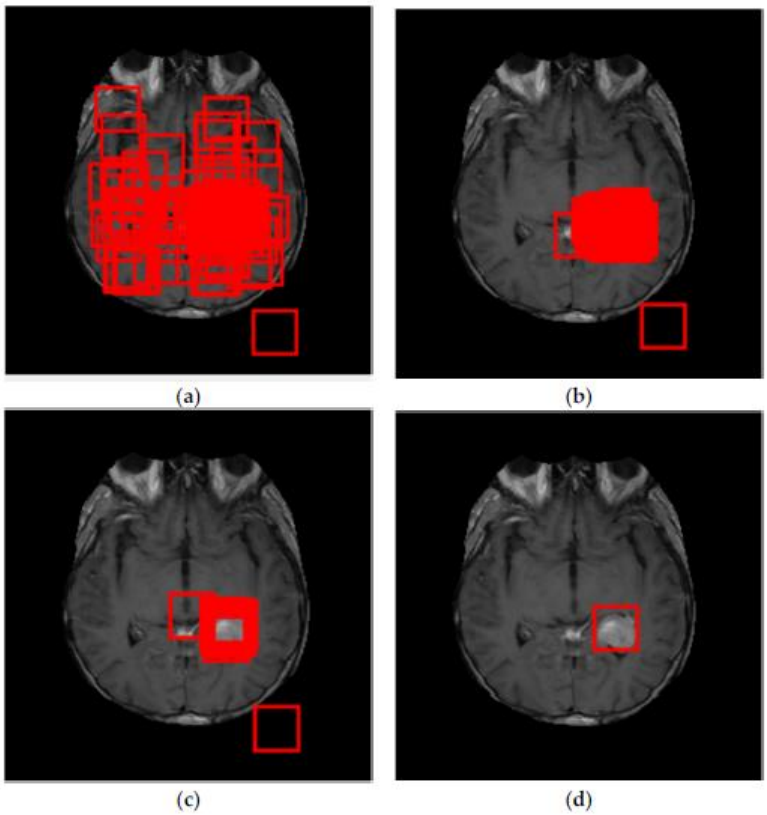

Figure IV. 4. *Identification de la ROI, à l'aide de PSO et ANOVA : (a) blocs candidats (en rouge) après 5 itérations ; (b) blocs candidats après 15 itérations ; (c) blocs candidats après 35 itérations ; (d) candidat blocs après 50 itérations.*

Les termes MSA et MSB représentent la variabilité entre les moyennes de groupe, et MSE représente la variabilité au sein du groupe, divisée par le degré de liberté. Des valeurs élevées de MSA et MSB correspondent à une variabilité significative entre le bloc candidat et l'image cérébrale sans maladie, ce qui signifie qu'il y a un tissu anormal dans ce bloc. Autrement dit, la grande variabilité entre le bloc candidat et l'image cérébrale sans maladie signifie que ce bloc candidat contient une tumeur. Par conséquent, le bloc candidat qui correspond à une valeur maximale de la fonction de fitness est considéré comme le meilleur bloc trouvé.

Une fois que l'évaluation des blocs est effectuée a travers la fonction de fitness et les meilleurs blocs globaux et individuels ont été mis à jour, les positions des blocs candidats sont également mises à jour, en utilisant les équations de mise à jour de la méthode PSO (Equation III.4 et III.5).

L'évaluation de la fonction de fitness et les processus de bloc de mise à jour sont répétés, jusqu'à un nombre d'itérations maximal.

Comme certaines solutions peuvent être évaluées plus d'une fois dans une technique méta-heuristique, la valeur de la fonction de fitness et les positions de chaque solution candidate sont stockées dans une matrice, pour réduire le temps de calcul. Ensuite, si l'algorithme PSO tente d'évaluer une solution déjà évaluée, sa valeur de fitness est tirée directement de la matrice. Cette idée a diminué la complexité de calcul des problèmes d'appariement de blocs [94].

IV.2.3 Segmentation tumorale

Dans cette phase, la technique de clustering K-means est appliquée au meilleur bloc global, trouvé dans l'étape de détection ROI et contenant la tumeur. Pour classer les pixels comme tumoraux ou non tumoraux, la méthode K-means utilise deux clusters. La figure IV.5 illustre la ROI identifié et sa segmentation à l'aide de K-means

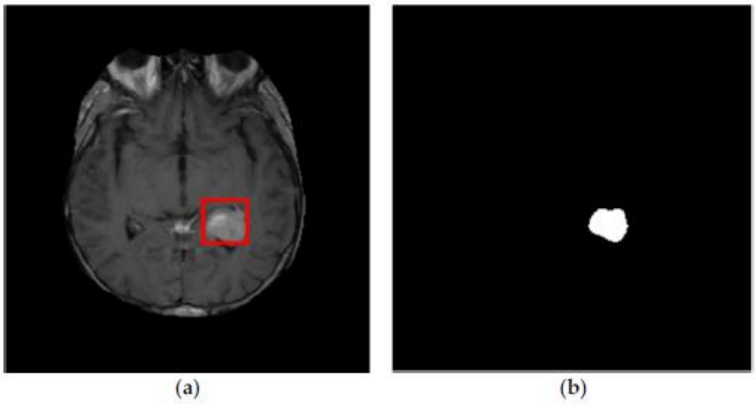

Figure IV. 5. *Segmentation de la ROI à l'aide de K-means : (a) ROI identifiée ; (b) ROI segmenté avec K-means.*

Les résultats de la segmentation sont ensuite évalués, en mesurant la similarité ou la dissemblance entre eux et la Ground Truth (la segmentation vraie). La figure IV.6 illustre le résultat de la segmentation de notre approche et le Ground Truth.

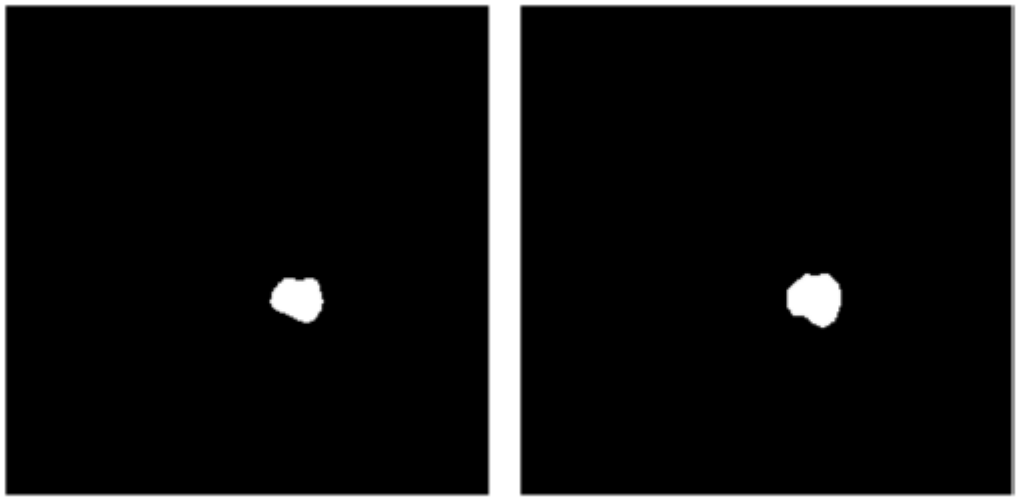

Figure IV. 6. *Comparaison des performances entre la segmentation des tumeurs cérébrales proposée et Ground Truth : (a) segmentation à l'aide de notre méthode ; (b) Ground truth.*

Au fil des ans, plusieurs métriques de similarité et de dissemblance ont été formulées et rapportées dans la littérature. Pour évaluer notre algorithme, nous avons utilisé les métriques suivantes [98] :

1. Coefficient de similarité des dés :

$$\frac{2TP}{2TP+FP+FN} \qquad \text{(IV .2)}$$

2. Distance Jaccard:

$$\frac{TP}{TP+FP+FN} \qquad \text{(IV. 3)}$$

3. Coefficient de corrélation :

$$\frac{1}{M\times N}\sum_{i=1}^{M}\sum_{J=1}^{N}\left(\frac{I_{Si,j}-I_S}{\sigma I_S}\right)\left(\frac{I_{gi,j}-I_g}{\sigma I_g}\right) \qquad \text{(IV .4)}$$

4. Erreur quadratique moyenne (RMSE):

$$\frac{1}{M\times N}\sum_{i=1}^{M}\sum_{J=1}^{N}(I_{Si,j}-I_{gi,j})^2 \qquad \text{(IV. 5)}$$

Où FP TP et FB représentent le nombre de faux positifs, le nombre de vrais positifs, et le nombre de faux négatifs respectivement. I_SEt I_g indiquent aux images segmentées avec notre technique et l'image de Ground Truth, M et N représentent la taille de l'image.

Comme le coefficient de Dice et la distance de Jaccard sont deux métriques de similarité, une méthode puissante devrait maximiser ces critères. Le critère de corrélation est aussi une métrique de similarité, et varie entre -1 et +1 ; la corrélation positive parfaite est obtenue lorsque le coefficient est égal à +1. RMSE est une métrique de dissimilitude ; la valeur minimale de RMSE indique sue une technique de segmentation est robuste [99].

IV.3 Résultats expérimentale

L'approche proposée de segmentation des tumeurs cérébrales a été évaluée en utilisant des bases de données privées CIKA [100] et BraTS 2015 [101]. Cette section présente les spécifications de chaque base de données. De plus, nous analysons les résultats obtenus avec notre approche proposée et ceux obtenus avec d'autres techniques classiques.

IV.3.1 Expériences sur la base de données KICA

IV.3.1.1Description de la base de données

L'algorithme proposé est évalué sur différentes images IRM de tumeurs cérébrales et les Ground Truth correspondantes, fournie par le centre d'imagerie de Kouba - Alger (KICA) [100]. Au total, 223 personnes ont contribué à la constitution de la base de données (120 Train/103 Test). Les images cérébrales sans maladie utilisées étaient au format Digital Imaging and Communications in Médecine (DICOM) et ont été sélectionnées de mêmes sections que les images de tumeurs cérébrales. Nous avons sélectionné plusieurs images IRM, pour réaliser nos différentes expériences.

IV.3.1.2 Expériences

Cette section est divisée en deux parties. La première partie illustre le rôle essentiel de l'ANOVA dans notre algorithme. Les résultats avec la fonction de fitness à base d'ANOVA ont été comparés à ceux obtenus avec la fonction de fitness à base de SAD. Suivant le même concept de variabilité expliqué ci-dessus, le bloc candidat qui a donné une valeur SAD maximale est considéré comme le bloc tumoral.

Dans la deuxième partie de ce travail, nous avons comparé les résultats expérimentaux de notre algorithme avec ceux obtenus avec plusieurs d'autres techniques de segmentation

classiques, telles que les C-moyennes floues (FCM), les K-moyennes, le seuillage Otsu, le seuillage local et la segmentation des bassins versants.

A. Expérience #1

La robustesse de toute technique basée sur les méta-heuristiques dépend de la fonction de fitness utilisée : cette dernière est un paramètre décisif pour évaluer toutes les solutions candidates et déterminer la solution globale optimale. Dans notre technique de segmentation, la fonction de fitness mesure la variabilité ou la différence entre les blocs candidats dans l'image de la tumeur cérébrale et l'image sans maladie ; une différence significative entre eux indique l'existence d'une tumeur. Notre fonction de fitness repose sur la méthode statistique ANOVA, en utilisant la formule exprimée en (Equation. IV.1).

Comme la différence pouvait également être mesurée avec n'importe quel critère de dissemblance, nous avons changé la fonction de fitness utilisée (Equation. IV.1) et l'avons remplacée par le critère SAD, afin de prouver l'efficacité de notre fonction de fitness basée sur l'ANOVA. La métrique SAD, aussi appelée norme L1 ou norme Manhattan, est un critère de dissemblance, utilisé pour comparer les intensités de deux blocs ou images [99], et est définie comme suit :

$$SAD = \sum_{i=1}^{M} \sum_{j=1}^{N} \left| I_{1i,j} - I_{2i,j} \right| \quad \text{(IV.6)}$$

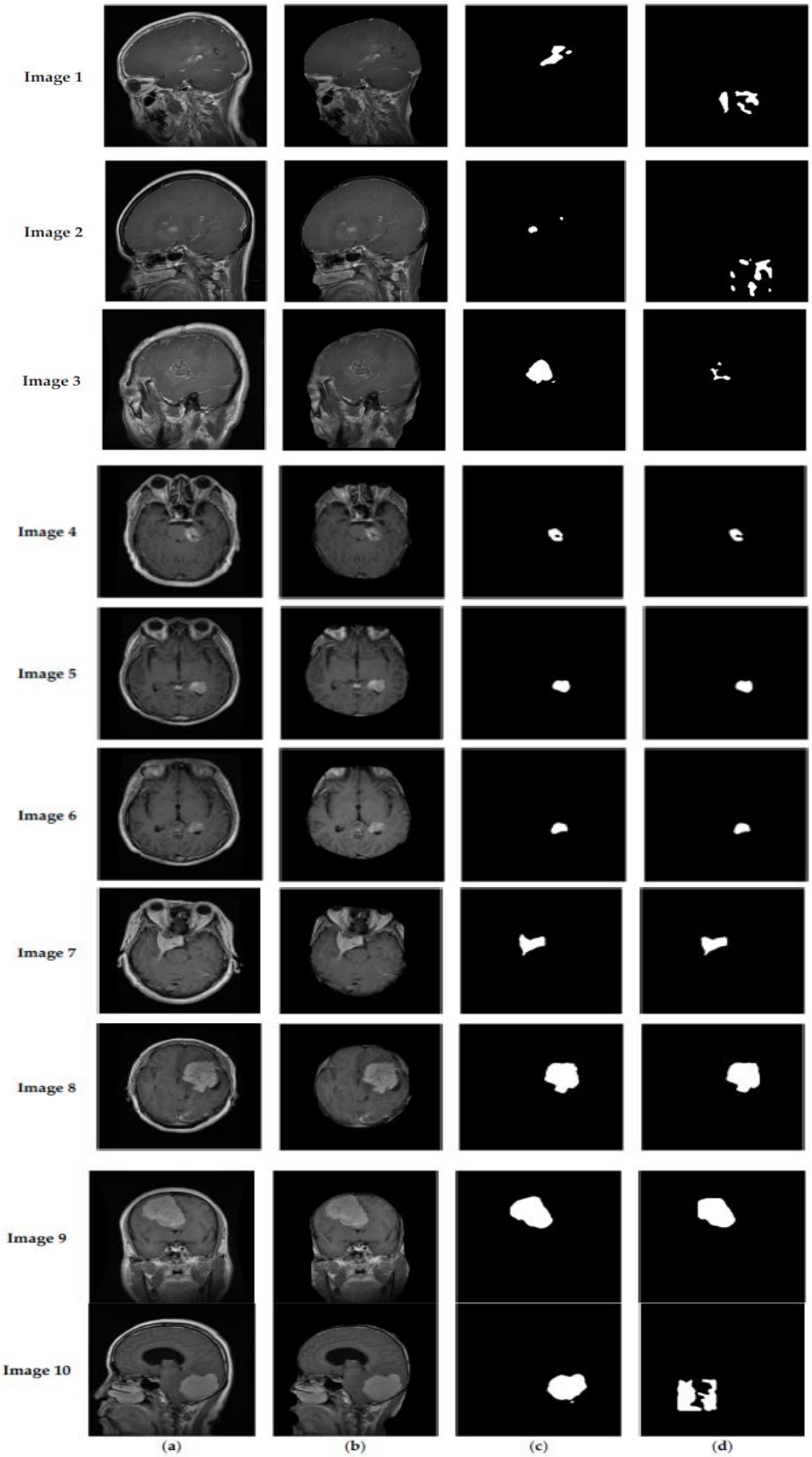

Figure IV. 7. *L'efficacité de la segmentation des tumeurs cérébrales sur l'ensemble de données KICA : comparaison des méthodes ANOVA et SAD. (a) Images originales. (b) Pré-traitement. (c) Notre méthode avec ANOVA. (d) Notre méthode avec SAD*

A partir de la figure IV.7, nous pouvons observer que l'utilisation de SAD comme fonction de fitness a donné des résultats de segmentation non pertinents dans plusieurs cas ; cependant, les résultats de segmentation avec ANOVA étaient proches des Ground Truths dans la plupart des images testées.

Tableau 4. Montre les résultats du coefficient de similarité de Dice, la distance Jaccard, la corrélation et les valeurs RMSE obtenues par notre méthode de segmentation avec les deux fonctions de fitness testées. À partir de ce tableau nous constatons que les résultats de la segmentation avec ANOVA étaient plus élevés, et proches de 100 % dans la plupart des cas testés, en utilisant le coefficient de similarité de Dice, la distance de Jaccard et le coefficient de corrélation, et proches de 0 % avec le métrique RMSE.

En revanche, SAD a donné des résultats prometteurs, mais la majorité n'étaient pas satisfaisants. En récapitulant, il est clair que l'utilisation de l'ANOVA comme fonction de fitness a donné de meilleurs résultats que ceux obtenus avec la fonction de fitness SAD, démontrant la robustesse et l'efficacité de la technique ANOVA dans l'évaluation des blocs candidats.

Tableau IV. 1. *Les résultats de notre méthode de segmentation sur l'ensemble de données KICA, en utilisant le coefficient de similarité de Dice, la distance de Jaccard, le coefficient de corrélation et la métrique RMSE avec deux fonctions de fitness : ANOVA et SAD*

Images	**Coefficient de similarité Dice**		**distance Jaccard**		**coefficient de correlation**		**Métrique RMSE**	
	ANOVA	**SAD**	**ANOVA**	**SAD**	**AVOVA**	**SAD**	**ANOVA**	**SAD**
Images 1	62.008%	NRS	44.936%	NRS	0.673064	0.475478	0.0006647	0.0010605
Images 2	78.997%	NRS	65.285%	NRS	0.790116	0.386167	0.0000158	0.00144934
Images 3	73.276%	24.432%	57.823%	13.916%	0.761069	0.532032	0.0003579	0.0005049
Images 4	83.265%	78.242%	71.329%	64.26%	0.870553	0.820469	0.0000657	0.0001091
Images 5	88.252%	87.581%	78.974%	77.907%	0.897922	0.888510	0.0000398	0.0000464
Images 6	87.844%	85.748%	78.323%	75.051%	0.891440	0.865518	0.0000243	0.00003361
Images 7	91.919%	88.809%	85.046%	79.871%	0.925806	0.903027	0.000686	0.0001323
Images 8	94.535%	93.593%	89.637%	87.959%	0.952524	0.942536	0.0001223	0.0002402
Images 9	96.211%	90.469%	92.699%	82.5998%	0.953663	0.66343	0.0000498	0.0004337
Images10	95.154%	NRS	90.756%	NRS	0.950669	0.94286	0.0000414	0.0133088

NRS signifie << segmentation non pertinente >>

B. Expérience #2

Dans la deuxième expérience, nous comparons l'efficacité de notre algorithme par rapport à plusieurs d'autres techniques de segmentation bien connues. Les images segmentées obtenues avec notre méthode et d'autres méthodes de segmentation sont présentées à la figure IV.8. De plus, les tableaux 5 à 8 mettent en évidence les résultats statistiques de toutes les méthodes, en utilisant les métriques suivantes : Coefficient de similarité Dice ; Distance de Jaccard ; Coefficient de corrélation ; et la métrique RMSE

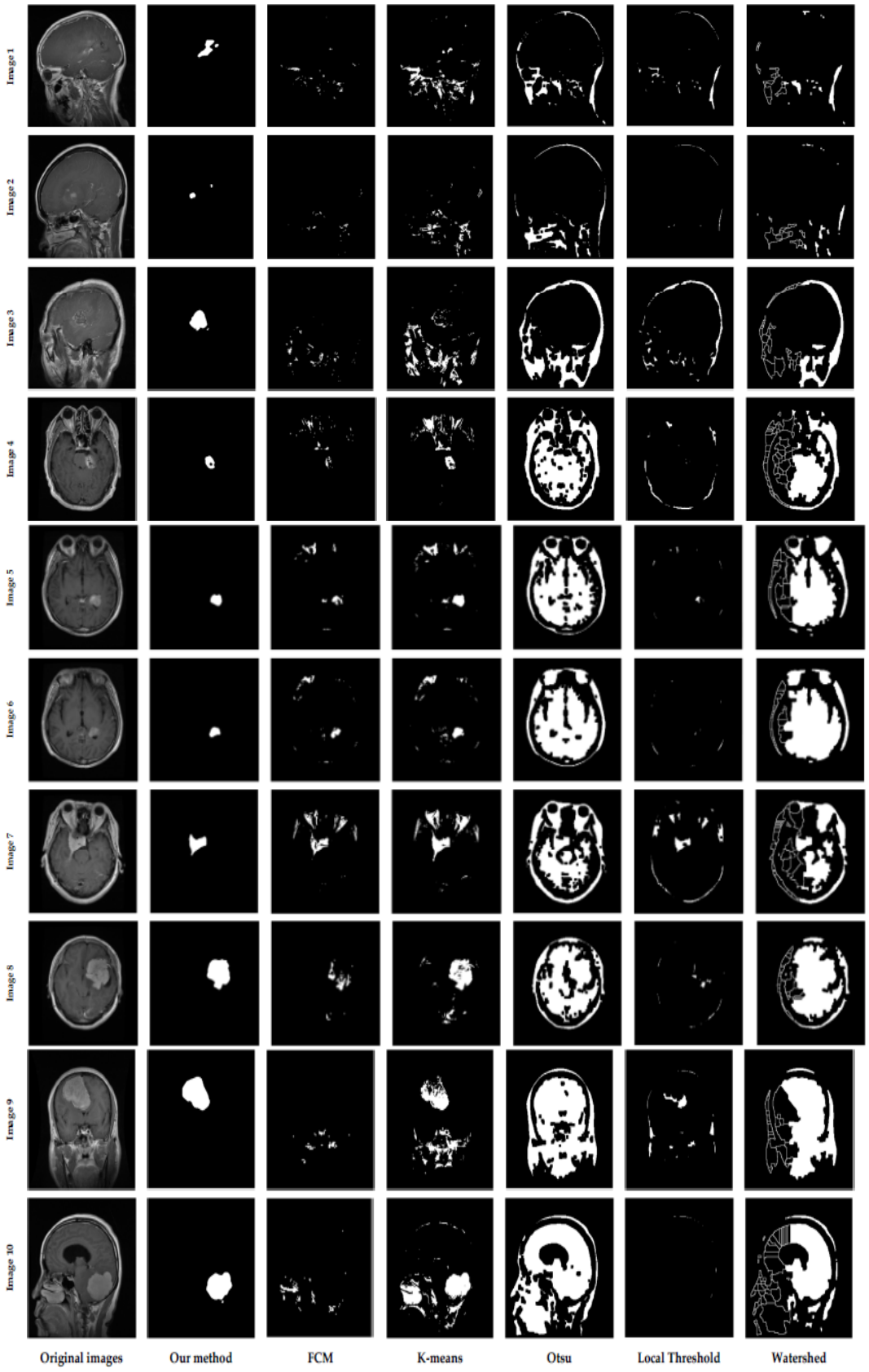

Figure IV. 8. *Comparaison entre notre méthode basée sur l'ANOVA et d'autres méthodes de segmentation bien connues sur l'ensemble de données KICA*

Tableau IV. 2. *Résultats de Dice obtenus avec notre méthode et d'autres techniques de segmentation bien connues, en utilisant la base de données KICA.*

Image	Notre méthode	FCM	K-Means	Otsu thresholding	seuillage local	seuillage des bassins versants
Image1	62.008%	2.9106%	6.858%	0.044%	0.303%	NRS
Image2	78.997%	NRS	NRS	NRS	NRS	NRS
Image3	73.276%	1.127%	6.690%	NRS	NRS	NRS
Image4	83.265%	25.948%	24.823%	5.750%	0.906%	8.297%
Image5	88.252%	38.213%	38.137%	6.130%	20.762%	7.738%
Image6	87.844%	42.716%	35.910%	4.683%	4.088%	5.357%
Image7	91.919%	44.635%	40.291%	10.921%	35.751%	13.968%
Image8	94.535%	50.052%	79.763%	25.940%	11.712%	27.638%
Image9	96.211%	1.476%	56.53%	25.038%	23.014%	25.643%
Image10	95.154%	0.810%	48.957%	18.978%	NRS	28.530%

Tableau IV. 3. *Résultats de la distance de Jaccard obtenus avec notre méthode et d'autres techniques de segmentation bien connues, en utilisant la base de données KICA.*

Image	notre méthode	FCM	K-Means	Otsu thresholding	seuillage local	seuillage des bassins versants
Image1	44.936%	1.4768%	3.551%	0.022%	0.151%	NRS
Image2	65.285%	NRS	NRS	NRS	NRS	NRS
Image3	57.823%	0.566%	3.461%	NRS	NRS	NRS
Image4	71.329%	14.908%	14.17%	2.96%	0.455%	4.328%
Image5	78.974%	23.619%	23.561%	3.161%	11.583 %	4.025%
Image6	78.323%	27.159%	21.885%	2.398%	2.087%	2.752%
Image7	85.046%	28.729%	25.228%	5.776%	21.766%	7.508%
Image8	89.637%	33.38%	66.339%	14.903%	6.220%	16.035%
Image9	92.699%	0.7438%	39.402%	14.310%	13.003%	14.707%
Image10	90.756%	0.406%	32.413%	10.423%	NRS	16.639%

Tableau IV. 4. *Résultats du coefficient de corrélation obtenus avec notre méthode et d'autres techniques de segmentation bien connues, en utilisant la base de données KICA.*

Image	notre méthode	FCM	K-Means	Otsu thresholding	seuillage local	seuillage des bassins versants
Image1	0.673064	0.157563	0.293867	0.275414	0.196262	0.214095
Image2	0.790116	0.239039	0.250315	0.219895	0.138782	0.160484
Image3	0.761069	0.182389	0.253495	0.243609	0.129738	0.243366
Image4	0.870553	0.289513	0.417104	0.159479	0.175391	0.192943
Image5	0.897922	0.378542	0.561895	0.164128	0.249723	0.177235
Image6	0.891440	0.502674	0.557390	0.135842	0.154660	0.142385
Image7	0.925806	0.537026	0.560681	0.224682	0.356487	0.281344
Image8	0.952524	0.474860	0.822597	0.328776	0.188492	0.3892
Image9	0.966158	0.255578	0.593773	0.333411	0.236488	0.3951
Image10	0.953663	0.300080	0.602117	0.271452	0.084133	0.3824

Tableau IV. 5. *Résultats de RMSE obtenus avec notre méthode et d'autres techniques de Segmentation bien connues, en utilisant la base de données KICA.*

Image	notre method	FCM	K-Means	Otsu thresholding	seuillage local	seuillage des bassins versants
Image1	0.0006647	0.0012972	0.0021345	0.0057836	0.002078	0.0031144
Image2	0.0000158	0.0000920	0.0005815	0.0040139	0.0001327	0.0011636
Image3	0.0003579	0.0008458	0.0046264	0.0242370	0.0024103	0.0155236
Image4	0.0000657	0.0005798	0.0013554	0.0915980	0.0010545	0.058936
Image5	0.0000399	0.0005223	0.0006572	0.0973590	0.0006525	0.0915326
Image6	0.0000243	0.0002296	0.0003564	0.1246628	0.0005443	0.1213210
Image7	0.0000686	0.0007301	0.0018533	0.0672948	0.005184	0.0423277
Image8	0.0001223	0.0049038	0.0004566	0.0636407	0.0068672	0.0722
Image9	0.0000498	0.0073548	0.0018346	0.1033327	0.0065827	0.0887
Image10	0.0000414	0.0060980	0.0040885	0.1220065	0.0062485	0.0533

On peut observer, à partir des comparaisons qualitatives et quantitatives, que la méthode proposée permet de segmenter la tumeur cérébrale de manière très efficace, contrairement aux certaines méthodes classiques, où leurs segmentations ne sont pas pertinentes ou pas satisfaisantes dans la majorité des cas. La puissance de notre méthode réside principalement dans le point suivant : notre algorithme, qui détermine premièrement la ROI, segmente ensuite uniquement cette région, ce qui rend les résultats de la segmentation

de la tumeur cérébrale ne contient pas beaucoup information non pertinente, comme l'os du crâne. Contrairement à d'autres techniques de segmentation, telles que celles basées sur Otsu ou le seuillage local, certaines informations superflues restent sur l'image segmentée.

Pour compléter les résultats ci-dessus, la figure IV.9 met en évidence la robustesse et l'efficacité de notre méthode proposée. Comme le montre la figure IV.9 a–d, les résultats de notre algorithme (barres bleues sur chaque figure) sont les plus élevés en Dice, Jaccard et corrélation, et les plus bas en RMSE, par rapport aux autres techniques concurrentes, ce qui prouve l'efficacité et la robustesse de notre méthode.

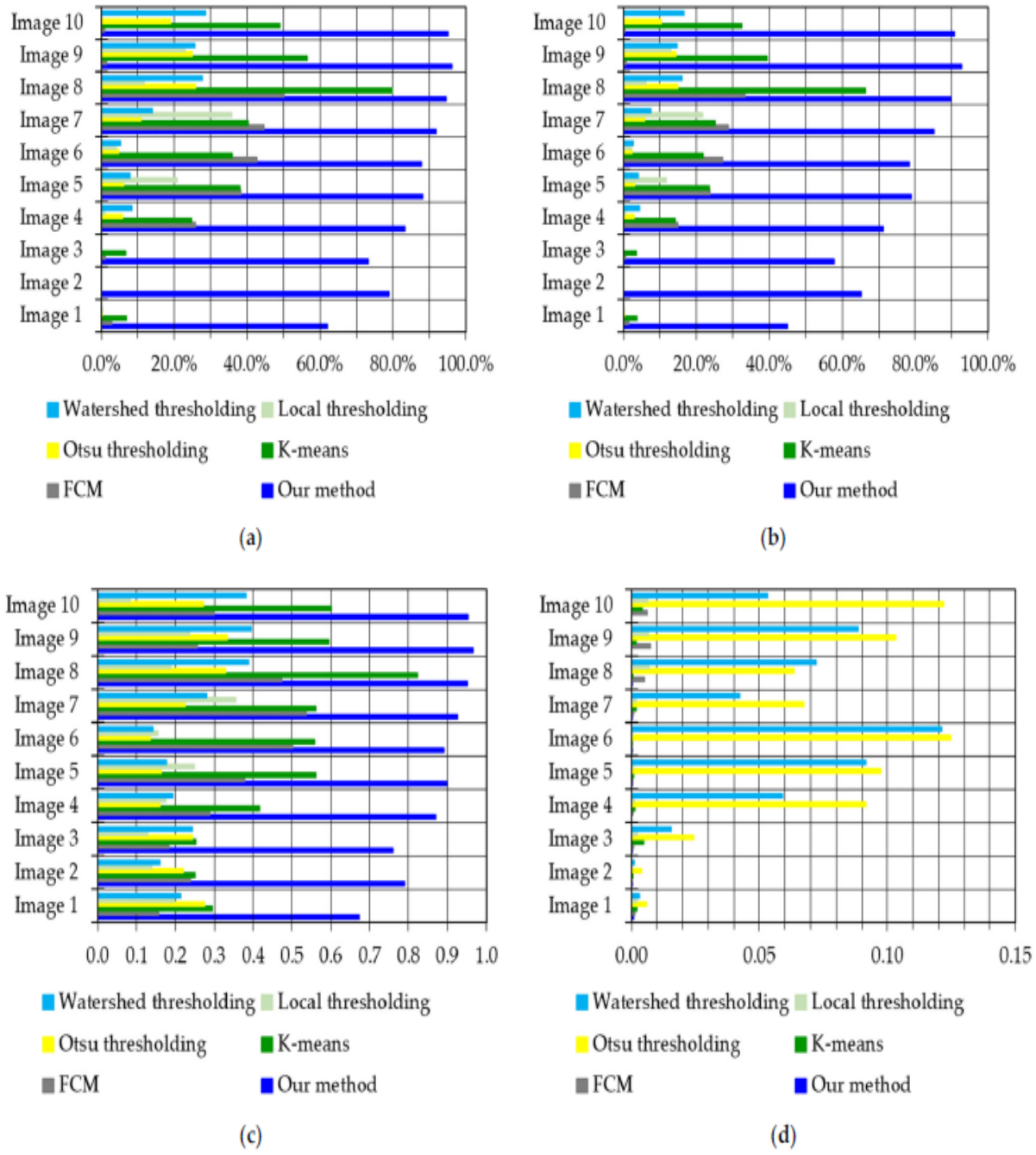

Figure IV. 9. *Comparaison des résultats de segmentation sur l'ensemble de données CIKA basé sur : (a) le coefficient de similarité Dice ; (b) Distance de Jaccard ; (c) coefficient de corrélation ; (d) Métrique RMSE*

IV.3.2. Expériences sur la base de données BraTS 2015

Pour nous assurer que les performances de notre approche de segmentation basée sur PSO-ANOVA peuvent être généralisées, nous avons utilisé un ensemble de données externe et très difficile à tester.

IV.3.2.1 Description de la base de données

La conférence MICCAI (Medical Image Computing and Computer Assisted Intervention) a fourni la base de données BraTS [101] ; il s'agit d'une base de données officielle pour le défi de segmentation des tumeurs cérébrales à partir des images IRM, elle est très utilisée par les chercheurs travaillant sur la segmentation d'images IRM des tumeurs cérébrales. La base de données BraTS est mise à jour chaque année depuis le lancement du défi en 2012.

L'ensemble de données BraTS 2015 consiste d'une 54 image IRM de gliomes de bas grade (LGG) et de 220 gliomes de haut grade (HGG). Ces 274 images sont réservées à l'ensemble d'entraînement, tandis que 110 images sont destinées à l'ensemble de test. La taille totale de toutes les images IRM est de 240 × 240 × 155. Les quatre modalités d'IRM sont T1, T1c, T2 et T2 FLAIR. Quatre classes intra tumorales - œdème, tumeur rehaussée, tumeur non rehaussée et nécrose - ont été fournies sous forme de « ground truth » segmentée. Le coefficient de similarité Dice a été utilisé dans cette expérience pour évaluer et comparer les résultats de segmentation avec certaines méthodes de pointe récemment publiées.

Les trois modalités des régions tumorales - complètes, les tumeurs centrales et les tumeurs rehaussées ont été prises en compte dans nos expériences. La zone tumorale complète (ou entière) comprenait des noyaux rehaussés et non rehaussés, des œdèmes et des nécroses. Les nécroses et les cœurs rehaussés et non rehaussés se trouvaient tous dans la région centrale. Seule la zone de la région rehaussée a été appelée tumeur rehaussée. La figure IV.10 met en évidence les trois modalités de régions tumorales.

IV.3.2.2 Expériences

Comme nous l'avons fait avec l'ensemble de données KICA, nous avons mené des expériences visuelles et quantitatives sur l'ensemble de données BraTS 2015, afin d'évaluer les performances de notre approche proposée de segmentation des tumeurs cérébrales. Un sous-ensemble de quatre images T2-FLAIR, représentant le plus cliniquement tumeurs rencontrées, a été choisi, pour mettre en évidence l'évaluation visuelle ; La figure IV.11 montre les résultats de notre approche sur des images IRM HGG et LGG. Selon l'OMS, les grades I et II sont considérés comme des gliomes de bas grade (LGG), tandis que les grades III et IV sont hautement malins et sont appelés gliomes de haut grade (HGG). Nous notons que le type de segmentation considéré dans cette démonstration est basé sur des tumeurs complètes, qui comprennent la nécrose, l'œdème et les noyaux rehaussés et non rehaussés.

De plus, le tableau 9 présente les performances de notre approche, en utilisant le coefficient de similarité de Dice comme critère statistique, et compare nos résultats aux résultats d'autres approches publiées récemment et qui travaillent sur l'ensemble de données difficile BraTS 2015.

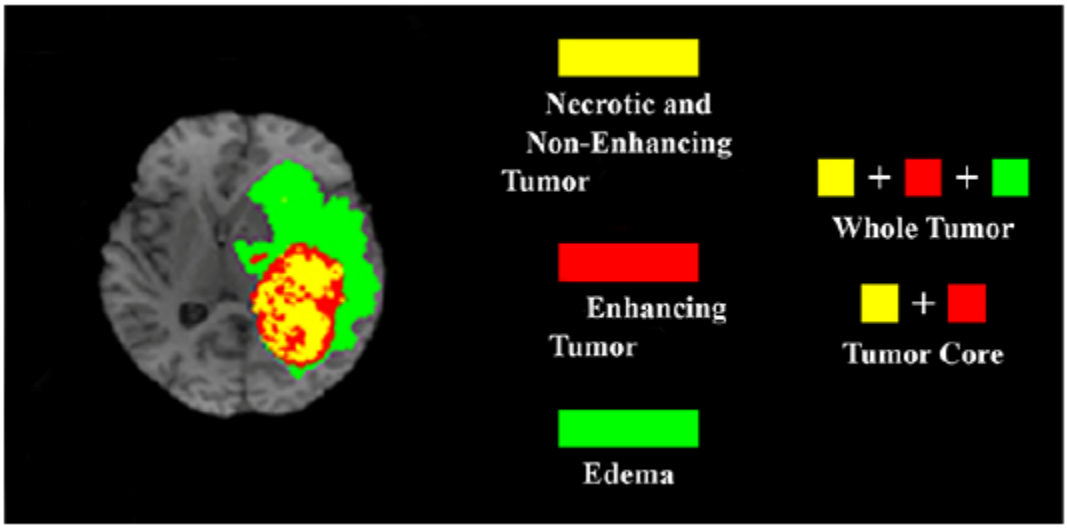

Figure IV. 10. *Les trois modalités des régions tumorales : tumeurs complètes, centrales et rehaussées*

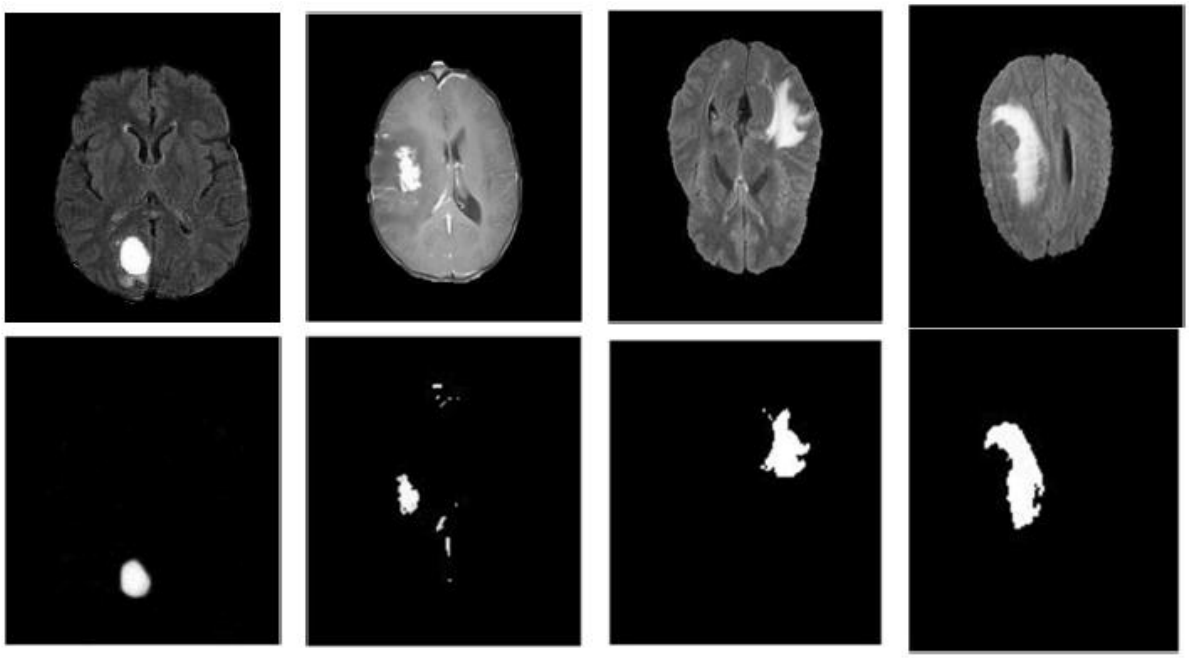

Figure IV. 11. *L'efficacité de notre méthode de segmentation des tumeurs cérébrales*

Tableau IV. 6. *Les résultats de notre méthode de segmentation sur le jeu de données BraTS 2015, en utilisant le coefficient de similarité de Dice appliqué sur les tumeurs complètes, centrales et rehaussées, et la comparaison avec l'état de l'art*

Auteures	**Année**	**Méthode**	**Dice**		
			Complète	Noyau	Rehaussé
Havaei et al. [102]	2016	CNN (procédure de formation Patch-Wise en deux phases)	88%	79%	73%
Pereira et al. [103]	2016	CNN	87%	73%	68%
Tseng et al. [104]	2017	CNN (architecture codeur-décodeur)	85%	68%	68%
Hussain et al. [105]	2018	ILinéaire	86%	87%	90%
Iqbal et al. [106]	2018	CNN (couches séquentielles multiples de réseau de neurones)	87%	86%	79%
Liu et al. [107]	2018	CNN (ResNet-50)	87%	62%	68%
Hu and Deng [108]	2019	MCCNN + CRFs	87%	76%	75%
Li et al. [109]	2019	CNN (architecture U-Net modifiée)	89%	73%	73%
Elmezain et al.[110]	2022	CapsNet + LDCRF + Post-traitement	91%	86%	85%
Atia et al. [111]	2022	Notre method	91%	87%	86%

À partir des évaluations visuelles et statistiques, nous pouvons observer que notre approche a donné des résultats de segmentation pertinents dans la plupart des cas testés, et que les résultats de segmentation étaient proches des images Ground Truth. Par ailleurs, nous pouvons observer à partir du tableau IV.6 que les résultats de segmentation étaient plus élevés (moyenne 87%) avec les trois modalités de régions tumorales.

Selon les résultats sur les régions complètes, notre approche a surpassé toutes les approches de pointe citées, comme CNN [102–104] et ILinear [105], tout en produisant des résultats équivalents et compétitifs aux régions tumorales noyaux et rehaussés. Enfin, comme les résultats obtenus étaient similaires aux résultats obtenus avec l'ensemble de données CIKA, nous pouvons en déduire que notre approche a base des techniques PSO et ANOVA est une technique robuste et efficace, et elle procure des résultats satisfaisants avec des données privés et publics, et nous sommes convaincus qu'elle peut être mise en œuvre dans des applications réelles, pour aider médecins dans la prise de décisions cliniques.

IV. 4 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons proposé une nouvelle méthode de segmentation de la tumeur cérébrale. Elle est composée de trois étapes ; un prétraitement pour exclure les données non pertinentes. La technique d'optimisation par essaim particulaires (PSO) est ensuite appliquée pour identifier la région d'intérêt (ROI) qui contient la lésion cérébrale. La fonction de fitness utilisée pour évaluer les blocs candidats est basée sur une analyse de variance à effets fixes (ANOVA). Enfin, la méthode de segmentation K-means est utilisée dans le bloc lésionnel, pour le classer en deux classes tumorale et non tumorale.

Notre méthode a été évaluée sur différentes bases de données d'imagerie par résonance magnétique (IRM) ; quartes mesures quantatives ont été rapportées. Les images représentant les positions les plus rencontrées cliniquement ont été utilisées pour l'évaluation qualitative.

Les résultats montrent que la méthode proposée donne une précision de segmentation tumorale de 96%, surpassant plusieurs d'autres méthodes d'état de l'art. Ce qui confirme l'efficacité et la robustesse de notre méthode de segmentation

.

Conclusion générale

L'objectif de cette thèse était l'introduction d'une nouvelle technique de segmentation des tumeurs cérébrales à partir des images IRM. Les motivations des choix des méthodes simulées sont les suivantes : d'une part, les techniques d'optimisation métaheuristiques représentent des outils puissants permettant la résolution d'un grand nombre de problèmes d'optimisation difficile dans un temps de calcul réduite. D'autre part, la technique d'analyse de variance ANOVA est une méthode statistique très performante pour comparer plus de deux échantillons, en plus elle est facile à mettre en œuvre, en utilisant une algèbre simple. La méthode de segmentation K-means est une technique très simple et efficace, et elle a été utilisée avec succès dans plusieurs applications médicales.

De ce fait, nous avons développé dans notre travail une nouvelle méthode performante de segmentation de la tumeur cérébrale qui combine la technique méta-heuristique PSO avec la méthode statistique ANOVA et de segmentation K-means.

La méthode de segmentation proposée se compose de trois étapes :

1) L'os du crâne est retiré de l'image IRM, pour exclure les données non pertinentes.
2) La technique d'optimisation par essaim particulaire (PSO) est appliquée pour détecter la région d'intérêt (ROI) qui contient la lésion cérébrale. La fonction de fitness utilisée pour évaluer les blocs candidats est basée sur la méthode d'analyse de variance à effets fixes (ANOVA).
3) Dans la dernière étape, la méthode de segmentation K-means est utilisée dans le bloc lésionnel, pour le classer en deux classes : tumeur et non tumeur.

Evaluation de notre méthode a été réalisée à l'aide de deux bases de données d'imagerie par résonance magnétique (IRM) ; base de données privée CIKA [75] et une autre base publique BraTS 2015. Les images représentant les tumeurs dont les positions les plus rencontrées cliniquement ont été utilisées pour l'évaluation qualitative. Pour évaluation quantative, quatre critères statistiques ont été utilisées pour mesurer la similarité et dis similarité entre le résultat de segmentation obtenus et le Ground Truth, qui sont ; le coefficient de similarité Dice, distance de Jaccard, coefficient de corrélation et le critère RMSE.

Pour montrer le rôle de la méthode ANOVA dans l'étape d'identification de ROI, nous avons comparé les résultats obtenus avec notre méthode en utilisant la technique ANOVA

comme une fonction de fitness et les résultats obtenus en utilisant le critère de dis similarité SAD.

D'après les résultats obtenus, nous avons constaté que l'utilisation de la technique ANOVA, pour l'évaluation des bloc candidats dans PSO, a procuré des valeurs très élevés en Dice, Jaccard et corrélation ; proche de 100 % et des valeurs presque 0 pour le critère RMSE. Contrairement au cas d'utiliser le critère SAD comme une fonction de fitness, où les résultats étaient très faibles, ce qui démontre la robustesse et l'efficacité de la technique ANOVA.

Les résultats obtenus, avec les deux bases de données utilisées, montrent la supériorité de notre méthode par rapport à plusieurs d'autres approches d'état de l'art, et confirment que notre approche est une solution prometteuse pour l'aide à la décision clinique et un outil utile pour la détection, le diagnostic et la planification du traitement par radiothérapie du cancer du cerveau.

Perspectives

Comme perspectives, nous proposons d'utiliser notre méthode pour la segmentation non supervisée.

Nous proposons aussi la combinaison de notre technique PSO-ANOVA avec un modèle CNN.

Des travaux futurs pourraient s'intéresser à l'introduction de nouvelles techniques de prétraitement, pour coloriser, corriger et améliorer les images avant de les présenter à l'algorithme de segmentation.

Bibliographie

[1] Park, J.H.; de Lomana, A.L.G.; Marzese, D.M.; Juarez, T.; Feroze, A.; Hothi, P.; Cobbs, C.; Patel, A.P.; Kesari, S.; Huang, S.; et al. A Systems Approach to Brain Tumor Treatment. Cancers 2021, 13, 3152. [CrossRef] [PubMed]

[2] Sandler, C.X.; Matsuyama, M.; Jones, T.L.; Bashford, J.; Langbeker, D.; Hayes, S.C. Physical activity and exercise in adults diagnosed with primary brain cancer: A systematic review. J. Neuro-Oncol. 2021, 153, 1–14. [CrossRef] [PubMed]

[3] Kanmounye, U.S.; Karekezi, C.; Nyalundja, A.S.; Awad, A.K.; Laeke, T.; Balogun, J.A. Adult brain tumors in Sub–Saharan Africa: A scoping review. Neuro-Oncol. 2022, noac098. [CrossRef] [PubMed]

[4] Ali, S.; Li, J.; Pei, Y.; Khurram, R.; Rehman, K.U.; Mahmood, T. A Comprehensive Survey on Brain Tumor Diagnosis Using Deep Learning and Emerging Hybrid Techniques with Multi–modal MR Image. Arch. Computat. Methods Eng. 2022. [CrossRef]

[5] Bai, X.; Zhang, Y.; Liu, H.; Wang, Y. Intuitionistic Center–Free FCM Clustering for MR Brain Image Segmentation. IEEE J. Biomed. Health Inform. 2019, 23, 2039–2051. [CrossRef]

[6] Li, S.; Liu, J.; Song, Z. Brain tumor segmentation based on region of interest–aided localization and segmentation U–Net. Int. J. Mach. Learn. Cyber. 2022, 13, 2435–2445. [CrossRef]

[7] Di Ianni, T.; Airan, R.D. Deep–fUS: A Deep Learning Platform for Functional Ultrasound Imaging of the Brain Using Sparse Data. IEEE Trans. Med. Imaging 2022, 41, 1813–1825. [CrossRef]

[8] Le, N.Q.K.; Hung, T.N.K.; Do, D.T.; Lam, L.H.T.; Dang, L.H.; Huynh, T.T. Radiomics–based machine learning model for efficiently classifying transcriptome subtypes in glioblastoma patients from MRI. Comput. Biol. Med. 2021, 132, 104320. [CrossRef]

[9] Lam, L.H.T.; Do, D.T.; Diep, D.T.N.; Nguyet, D.L.N.; Truong, Q.D.; Tri, T.T.; Thanh, H.N.; Le, N.Q.K. Molecular subtype classification of low–grade gliomas using magnetic resonance imaging–based radiomics and machine learning. NMR Biomed. 2022, e4792. [CrossRef]

[10] Sujan, M.; Alam, N.; Abdullah, S.; Jahirul, M. A segmentation based automated system for brain tumor detection. Int. J. Comput. Appl. 2016, 153, 41–49. [CrossRef]

[11] Ilhan, U.; Ilhan, A. Brain tumor segmentation based on a new threshold approach. Procedia Comput. Sci. 2017, 120, 580–587. [CrossRef]

[12] Węgliński, T.; Fabijańska, A. Brain tumor segmentation from MRI data sets using region growing approach. In Proceedings of the 2011 Perspective Technologies and Methods in MEMS Design, Polyana, Ukraine, 11–14 May 2011; pp. 185–188.

[13] Koley, S.; Sadhu, A.K.; Mitra, P.; Chakraborty, B.; Chakraborty, C. Delineation and diagnosis of brain tumors from post contrast T1–weighted MR images using rough granular computing and random forest. Appl. Soft Comput. 2016, 41, 453–465. [CrossRef]

[14] Ben George, E.; Rosline, G.; Rajesh, D. Brain tumor segmentation using Cuckoo search optimization for magnetic resonance images. In Proceedings of the 2015 IEEE 8th GCC Conference & Exhibition, Muscat, Oman, 1–4 February 2015; pp. 1–6.

[15] Karnan, M.; Logheshwari, T. Improved implementation of brain MRI image segmentation using ant colony system. In Proceedings of the 2010 IEEE International Conference on Computational Intelligence and Computing Research (ICCIC), Coimbatore, India, 28–29 December 2010; pp. 1–4.

[16] Larson, M.G. Analysis of variance. Circulation 2008, 117, 115–121. [CrossRef] [PubMed]

[17] Sun, H.; Wang, W. A new algorithm for unsupervised image segmentation based on D–MRF model and ANOVA. In Proceedings of the 2009 IEEE International Conference on Network Infrastructure and Digital Content (IC–NIDC), Beijing, China, 6–8 November 2009; pp. 754–758.

[18] Farshi, T.R.; Drake, J.H.; Özcan, E. A multimodal particle swarm optimization–based approach for image segmentation. Expert Syst. Appl. 2020, 149, 113233. [CrossRef]

[19] Taillia, H.; Léger, I.; Moroni, I.; et al. La batterie du Grec-Onco (Groupe de Réflexion sur les Évaluations Cognitives en ONCOlogie). Gremoire 2, Tests et échelles des maladies neurologiques avec symptomatologie cognitive. Sous la direction de Laurence Hugonot-Diener, Catherine Thomas-Antérion et Francois Sellal. REVUE DE NEUROPSYCHOLOGIE. Paris : De Boeck-Solal, pp. 33-37.

[20] Hahn, CA.; Dunn, R.H.; Logue, P.E.; et al. Prospective study of neuropsychologic testing and quality-of-life assessment of adults with primary malignant brain tumors. International Journal of Radiation Oncology, Biology, Physics, 2003, 55, 992-9.

[21] Meyers, C.A.; Rock, E.P.; Fine, H.A. Refining endpoints in brain tumor clinical trials. Journal of Neurooncology. 2012, 108, 227-30.

[22] Taphoorn, M.J.B.; Klein, M. Cognitive deficits in adults with brain tumours. The Lancet Neurology. 2004, 3, 159-68.

[23] Tucha, O.; Smely, C.; Preier, M.; et al. Cognitive deficits before treatment among patients with brain tumors. Neurosurgery. 2000, 47 , 324-33.

[24] Les tumeurs du cerveau chez l'adulte, info cancer 95, décembre 2018.

[25] www.teamrads.com/Cases/Neuroanatomy/MRI, Accessed on: January, 12, 2012

[26] Roy, S.; Nag, S.; Maitra, I.K.; & Bandyopadhyay, S.K. A Review on Automated Brain Tumor Detection and Segmentation from MRI of Brain. arXiv preprint arXiv: 1312. 6150, 2013.

[27] El-Dahshan, E.S.A.; Mohsen, H.M.; Revett, K.; & Salem, A.B.M. Computer-aided diagnosis of human brain tumor through MRI: A survey and a new algorithm. Expert systems with Applications. 2014, 41, 5526-5545.

[28] Bergounioux, M. Quelques méthodes de filtrage en Traitement d'Image. 2011.

[29] Wadhwa, A.; Bhardwaj, A.; & Verma, V.S. A review on brain tumor segmentation of MRI images. Magnetic resonance imaging. 2019, 61, 247-259.

[30] Otsu, N. A threshold selection method from gray-level histograms. IEEE Trans Syst Man Cybern. Automatica. 1979, *11*, 285-296.

[31] Taheri, S.; Ong, S.; Chong, V. Level-set segmentation of brain tumors using a threshold-based speed function. Image and Vision Computing. 2010, 28, 26-37.

[32] Adams, R.; Bischof, L. Seeded region growing. IEEE Transactions on pattern analysis and machine intelligence. 1994, 16, 641-647.

[33] Węgliński, T.; & Fabijańska, A. Brain tumor segmentation from MRI data sets using region growing approach. In Perspective Technologies and Methods in MEMS Design. IEEE. 2011, 185-188.

[34] Khali, N.E.A.; Ibrahim, S.; & Haniff, P.N. M. MRI segmentation des anomalies cérébrales en utilisant les voisins les plus clairs (k-NN). International Journal on Computer Science and Engineering. 2011 3, 980-990.

[35] Steenwijk, M.D.; Pouwels, P.J.; Daams, M.; van Dalen, J.W.; Caan, M.W.; Richard, E.; ... & Vrenken, H. Accurate white matter lesion segmentation by k nearest neighbor classification with tissue type priors (kNN-TTPs). NeuroImage: Clinical. 2013, 3, 462-469.

[36] Kumar, T.S.; Rashmi, K.; Ramadoss, S.; Sandhya, L.K.; & Sangeetha, T.J. Brain

tumor detection using SVM classifier.Third International Conference on Sensing, Signal Processing and Security (ICSSS). (2017, May), pp. 318-323. IEEE.

[37] Al-Tamimi, M.S.H.; & Sulong, G. TUMOR BRAIN DETECTION THROUGH MR IMAGES: A REVIEW OF LITERATURE. Journal of Theoretical & Applied Information Technology. 2014, 62(2).

[38] Jones, T.L.; Byrnes, T.J.; Yang, G.; Howe, F.A.; Bell, B.A.; Barrick, T.R. Classification des tumeurs cérébrales en utilisant la technique de segmentation de l'image du tenseur de diffusion (D-SEG). Neurooncologie 2014, 17 (3), 466 –476.

[39] Breiman, L. Random forests. Mach Learn 2001, 45(1), 5 –32.

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

[41] Wang, S.; Zhang, Y.; Dong, Z.; Du, S.; Ji, G.; Yan, J.; ... & Phillips, P. Feed-forward neural network optimized by hybridization of PSO and ABC for abnormal brain detection. International Journal of Imaging Systems and Technology. 2015, 25(2), 153-164.

[42] Georgiadis, P.; Cavouras, D.; Kalatzis, I.; Daskalakis, A.; Kagadis, G.C.; Sifaki, K.; ... & Solomou, E. Improving brain tumor characterization on MRI by probabilistic neural networks and non-linear transformation of textural features. Computer methods and programs in biomedicine. 2008, 89(1), 24-32.

[43] Vijay, J.; & Subhashini, J. An efficient brain tumor detection methodology using K-means clustering algoriftnn. International conference on communication and signal processing. 2013, April, pp. 653-657. IEEE.

[44] Chang, H.H.; & Valentino, D.J. An electrostatic deformable model for medical image segmentation. Computerized Medical Imaging and Graphics. 2008, 32(1), 22-35.

[45] Singh, A. Detection of brain tumor in MRI images, using combination of fuzzy c-means and SVM. 2nd international conference on signal processing and integrated networks (SPIN). 2015, February, pp. 98-102. IEEE.

[46] Pratondo, A.; Chui, C.K.; & Ong, S.H. Integrating machine learning with region-based active contour models in medical image segmentation. Journal of Visual Communication and Image Representation. 2017, 43, 1-9.

[47] Soltaninejad, M.; Zhang, L.; Lambrou, T.; Yang, G.; Allinson, N.; & Ye, X. MRI brain tumor segmentation and patient survival prediction using random forests and fully convolutional networks. In International MICCAI brain lesion workshop. 2017, September, pp. 204-215. Cham: Springer International Publishing.

[48] Ronald, A. Fisher. The Correlation between Relatives on the Supposition of Mendelian Inheritance. Philosophical Transactions of the Royal Society of Edinburgh. 1918, 52, p. 399–433. PDF.

[49] Benzécri, J.P. Histoire et Préhistoire de l'Analyse des données : Partie 3. Les Cahiers de l'analyse des données. 1976, 1(3), 221-241.

[50] Faverge, J.M. III. - L'analyse de la variance en psychologie. L'année psychologique. 1948, 49(1), p. 341-358. PDF.

[51] http://infochimie.u-strasbg.fr/master/Cours_stat_pdf/PROBA.PDF

[52] Veysseyre, R.; & VEYSSEYRE, R. Statistique et probabilités pour l'ingénieur. Paris, France: Dunod. 2006, pp 186-191.

[53] Guetbi, C.; Kouamé, D.; Ouahabi, A.; Remenieras, J.P. New emboli detection methods [Doppler ultrasound]. In Proceedings of the 1997 IEEE Ultrasonics Symposium Proceedings, An International Symposium (Cat. No.97CH36118), Toronto, ON, Canada, 5–8 October 1997; pp. 1119–1122.

[54] PORTE, C. Méthodes directes d'optimisation : Méthodes à une variable et simplex. Date de publication : 10 juil. 2017.

[55] Hachimi, H. Hybridations d'algorithmes Méta-heuristiques en Optimisation Globale et Leurs Applications. Thèse de doctorat. INSA de Rouen, École Mohammadia d'ingénieurs, Rabat, Maroc, 2013.

[56] Labed, S. Méthodes bio-inpirées hybrides pour la résolution de problèmes complexes. Université Constantine. 2013, 2.

[57] Donoso, Y.; & Fabregat, R. Multi-objective optimization in computer networks using metaheuristics. Auerbach Publications. 2016.

[58] Collette, Y.; & Siarry, P. Multiobjective optimization: principles and case studies. Springer Science & Business Media. 2004.

[59] Rangaiah, G.P. Multi-objective optimization: techniques and applications in chemical engineering. world scientific. 2016, 5.

[60] Lobato, F. S.; & Steffen, Jr.V. Multi-objective optimization problems: concepts and self-adaptive parameters with mathematical and engineering applications. 2017, Springer.

[61] Bouri, S. optimisation de la production et de la structure d'énergie électrique par les colonies de fourmis. Thèse de doctorat, Sidi Bel-Abbes, 2008.

[62] Ben Mazouz, M.; & Khouani, A. Optimisation paramétrique d'un classifieur neuronale par méta-heuristiques : Application données médicales. Mémoire de master, Université Abou Bekr Belkaid, Département de Génie Bio Médical, 2015.

[63] Hao, J.K.; Galinier, P.; & Habib, M. Méthaheuristiques pour l'optimisation combinatoire et l'affectation sous contraintes. Revue d'intelligence artificielle,1999, 13(2), 283-324.

[64] Melanie, M. An Introduction to Genetic Algorithms. A Bradford Book The MIT Press Cambridge, Massachusetts. London, England Fifth printing, 1999.

[65] Dréo, J.; Pétrowski, A.; Siarry, P.; Taillard, E. Métaheuristiques pour l'optimisation difficile. Editions Eyrolles, Paris, France,2003.

[66] Karray, A.; Laabidi, K.; Ksouri, M. Métaheuristiques pour la commande des systèmes non linéaires. CIFA Conférence International Francophone d'Automatique, 3-5 Septembre 2008, Bucarest.

[67] Kirkpatrick, S.; Gelatt Jr, C.D.; Vecchi, M.P. Optimization by simulated annealing. Science, 1983, 220(4598), pp 671-680.

[68] Glover, F. Tabu search. part I. ORSA Journal of Computing. 1989, 1(3), pp 190-206.

[69] Glover, F. Tabu search. part II. ORSA Journal of Computing. 1990, 2(1), pp 4-32.

[70] Kammarti, R.; Hammadi, S.; Borne, P.; Ksouri, M. Special Tabu Search in an Hybrid Evolutionary Approach for the PDPTW. SCI IEEE International Conference, Orlando (USA), Juillet 2005, pp 148-153.

[71] Glover, F. Tabu Thresholding: Improved Search by Nonmonotonic Trajectories. ORSA Journal on Computing. 1995, 7(4), pp 426-442.

[72] Souier, M. Investigations sur la sélection de routages alternatifs en temps réel basées sur les métaheuristiques, les essaims particulaires**.** TShèse doctorat de l'université de Tlemcen, Mardi 27 Novembre 2012.

[73] Cooren, Y. Perfectionnement d'un algorithme adaptatif d'optimisation par Essaim particulaire, Application en génie médical et en électronique**.** Thèse doctorat de l'université de PARIS 12 VAL de MARNE, le 27 novembre 2008.

[74] El Dor, A. Perfectionnement des algorithmes d'Optimisation par Essaim Particulaire. Applications en segmentation d'images et en électronique. Thèse doctorat présenté de l'université PARIS-EST, le 5 décembre 2012.

[75] Gad, A.G. Particle Swarm Optimization Algorithm and Its Applications: A Systematic

Review. Archives of computational methods in engineering, 2022, 29(5), 2531-2561.

[76] Cai, M. An improved particle swarm optimization algorithm and its application to the extreme value optimization problem of multivariable function. Computational Intelligence and Neuroscience, 2022, 1, 1935272.

[77] Rioland, A.; & Eudes, A. Optimisation par essaim particulaire pour un problème d'ordonnancement et d'affectation de ressources. Rapport de Projet 3eme année Modélisation et Calcul Scientifique, Institut Supérieur d'Informatique de Modélisation et de Leurs Applications Complexe des Cezeaux, AUBIERE CEDEX. 2007.

[78] Berkani, A. Métaheuristique Hybride Réseaux de Neurones Artificiels-PSO du Recuit Simulé pour la Commande d'un Procédé Industriel Non-linéaire. Thèse de Magistère en Electronique Option : Contrôle Industriel. Université de Batna 2. 2013, p8, p25.

[79] Maurice Clerc et Patrick Siarry. Une nouvelle métaheuristique pour l'optimisation difficile : la méthode des essaims particulaires. J3eA, 2004, 3, 007.

[80] Ratnaweera, A.; Halgamuge, S.K.; Watson, H.C. Self-organising hierarchical particle swarm optimizer with time-varying acceleration coefficients. IEEE Transactions on evolutionary computation. 2004, 8(3), 240-255.

[81] Kuo, I-H.; Horng, S-J.; Kao, T-W.; Lin, T-L.; Fan, P. An Efficient Flow-Shop Scheduling Algorithm Based on a Hybrid Particle Swarm Optimization Model. New Trends in Applied Artificial Intelligence. pp. 303-312, Springer. 2007.

[82] Freitas, D.; Lopes, L.G.; & Morgado-Dias, F. Particle swarm optimization: a historical review up to the current developments. Entropy 2020, 22(3), 362.

[83] Khanafer, A. Algorithmes pour des problèmes de bin packing mono- et multi-objectif. Thèse doctorat. Université de Lille. 2010.

[84] Bai, Q. Analysis of Particle Swarm Optimization Algorithm. Computer and information science. Ferbruary 2010, 3(1), 180.

[85] Toumi, A. Restauration adaptative d'image par les méthodes intelligentes. Thèse doctorat de l'université Mohammed Kheider, Biskra, le février 2013.

[86] Girault, J.M.; Kouame, D.; Ouahabi, A. Analytical formulation of the fractal dimension of filtered stochastic signals. Signal Processing 2010, 90, 2690–2697. [CrossRef]

[87] Ferroukhi, M.; Ouahabi, A.; Attari, M.; Habchi, Y.; Taleb–Ahmed, A. Medical video coding based on 2nd–generation wavelets: Performance evaluation. Electronics 2019, 8, 88. [CrossRef]

[88] Mahdaoui, A.E.; Ouahabi, A.; Moulay, M.S. Image Denoising Using a Compressive Sensing Approach Based on Regularization

Constraints. Sensors 2022, 22, 2199. [CrossRef]

[89] Kim, J.;Wang, Q.; Zhang, S.; Yoon, S. Compressed Sensing–Based Super–Resolution Ultrasound Imaging for Faster Acquisition and High Quality Images. IEEE Trans. Biomed. Eng. 2021, 68, 3317–3326. [CrossRef]

[90] Ouahabi, A. A review of wavelet denoising in medical imaging. In Proceedings of the 2013 8th International Workshop on Systems, Signal Processing and their Applications (WoSSPA), Algiers, Algeria, 12–15 May 2013; pp. 19–26.

[91] Ouahabi, A. Signal and Image Multiresolution Analysis, 1st ed.; ISTE–Wiley: London, UK, 2012.

[92] Demirhan, A.; Törü, M.; Güler, I. Segmentation of tumor and edema along with healthy tissues of brain using wavelets and neural networks. IEEE J. Biomed. Health Inform. 2015, 19, 1451–1458. [CrossRef]

[93] Smith, S.M. Fast robust automated brain extraction. Hum. Brain Mapp. 2002, 17, 143–155. [CrossRef]

[94] Iglesias, J.E.; Liu, C.Y.; Thompson, P.M.; Tu, Z. Robust brain extraction across datasets and comparison with publicly available methods. IEEE Trans. Med. Imaging 2011, 30, 1617–1634. [CrossRef]

[95] Haneche, H.; Ouahabi, A.; Boudraa, B. New mobile communication system design for Rayleigh environments based on compressed sensing–source coding. IET Commun. 2019, 13, 2375–2385. [CrossRef]

[96] Ashburner, J.; Friston, K.J. Unified segmentation. Neuroimage 2005, 26, 839–851. [CrossRef]

[97] Akkus, A.; Galimzianova, A.; Hoogi, A.; Rubin, D.L.; Erickson, B.J. Deep learning for brain MRI segmentation: State of the art and future directions. J. Digit Imaging 2017, 30, 449–459. [CrossRef]

[98] Cai, J.; Pan,W.D. On fast and accurate block–based motion estimation algorithms using particle swarm optimization. Inf. Sci. 2012, 197, 53–64. [CrossRef]

[99] Goshtasby, A. Image Registration: Principles, Tools and Methods. Springer Science & Business Media: Berlin/Heidelberg, Germany, 2012.

[100] Center of Imaging of Kouba, Algeria Database. Available online:

https://figshare.com/articles/brain_tumor_dataset/1512427 (accessed on 24 March 2022).

[101] Menze, B.H.; Jakab, A.; Bauer, S.; Kalpathy-Cramer, J.; Farahani, K.; Kirby, J.; Burren, Y.; Porz, N.; Slotboom, J.; Wiest, R.; et al. The Multimodal Brain Tumor Image Segmentation Benchmark (BRATS). IEEE Trans. Med. Imaging 2015, 34, 1993–2024. [CrossRef]

[102] Havaei, M.; Dutil, F.; Pal, C.; Larochelle, H.; Jodoin, P.M. A Convolutional Neural Network Approach to Brain Tumor Segmentation. In Brainlesion: Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries; Springer: Cham, Switzerland, 2016; pp. 195–208.

[103] Pereira, S.; Pinto, A.; Alves, V.; Silva, C.A. Deep Convolutional Neural Networks for the Segmentation of Gliomas in Multisequence MRI. In Brainlesion: Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries; Springer: Cham, Switzerland, 2016; pp. 131–143.

[104] Tseng, K.L.; Lin, Y.L.; Hsu, W.; Huang, C.Y. Joint Sequence Learning and Cross–Modality Convolution for 3D Biomedical Segmentation. In Proceedings of the IEEE Conference on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR), Honolulu, HI, USA, 21–26 July 2017.

[105] Hussain, S.; Anwar, S.M. Segmentation of Glioma Tumors in Brain Using Deep Convolutional Neural Network. Neurocomputing 2018, 282, 248–261. [CrossRef]

[106] Iqbal, S.; Ghani, M.U.; Saba, T.; Rehman, A. Brain Tumor Segmentation in Multi–spectral MRI Using Convolutional Neural Networks (CNN). Microsc. Res. Technol. 2018, 81, 419–427. [CrossRef]

[107] Liu, D.; Zhang, H.; Zhao, M.; Yu, X.; Yao, S.; Zhou, W. Brain Tumor Segmentation Based on Dilated Convolution Refine Networks. In Proceedings of the 16th IEEE International Conference on Software Engineering Research, Management and Application, Kunming, China, 13–15 June 2018; pp. 113–120.

[108] Hu, K.; Deng, S.H. Brain Tumor Segmentation Using Multi–Cascaded Convolutional Neural Networks and Conditional Random Field. IEEE Access 2019, 7, 2615–2629. [CrossRef]

[109] Li, H.C.; Li, A.; Wang, M.H. A Novel End–to–end Brain Tumor Segmentation Method Using Improved Fully Convolutional Networks. Comput. Biol. Med. 2019, 108, 150–160. [CrossRef]

[110] Elmezain, M.; Mahmoud, A.; Mosa, D.T.; Said, W. Brain Tumor Segmentation Using Deep Capsule Network and Latent–Dynamic Conditional Random Fields. J. Imaging

2022, 8, 190. [CrossRef]

[111] Atia, N.; Benzaoui, A.; Jacques, S.; Hamiane, M.; El Kourd, K.; Bouakaz, A.; & Ouahabi, A. Particle swarm optimization and two-way fixed-effects analysis of variance for efficient brain tumor segmentation. Cancers 2022, 14(18), 4399.