



الجمهورية الجزائرية الديمقراطية الشعبية

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

جامعة سعيدة د. مولاي الطاهر

كلية الرياضيات و الإعلام الآلي و الاتصالات السلكية و
اللاسلكية

قسم: الإعلام الآلي

Mémoire de Master en informatique

Spécialité :

Modélisation Informatique des Connaissances et du Raisonnement

T h è m e

**Segmentation IRM pour la Décision Médicale :
Une Approche d'Optimisation par Intelligence
Artificielle basée sur FCM-MPA**

Application à la Détection et la Segmentation des Tumeurs Cérébrales

■ Présenté par :

Mohammedi Khadidja Chaimâa

■ Dirigé par :

Pr Benyahia kadda

Année universitaire



2025-2026

تشكرات

الحمد لله حمدًا كثيرًا طيبًا مباركًا فيه، الحمد لله الذي وفقني لإتمام هذا العمل بعد رحلة طويلة من الجد والاجتهاد،
والصلاة والسلام على سيدنا محمد صلى الله عليه وسلم.

يسرني وأنا أضع اللمسات الأخيرة على هذه المذكرة أن أتقدم بأصدق عبارات الشكر وأسمى معاني الامتنان والعرفان
إلى كل من ساهم في إنجاز هذا العمل، سواء بالدعم العلمي أو المعنوي.

وأخص بالشكر والتقدير والعرفان أستاذي المشرف:

البروفيسور بن يحيى قادة الذي كان نعم الأستاذ والموجه والمرشد.

لقد كان لتوجيهاته العلمية السديدة، ونصائحه القيمة، وملاحظاته الدقيقة، وصبره الكبير، أثر بالغ في إنجاز هذا البحث
وإخراجه في صورته الحالية.

فجزاه الله عني خير الجزاء، وبارك في علمه وعمله، وجعل ما يقدمه لطلبته في ميزان حسناته.

كما أتقدم بخالص الشكر والاحترام إلى السادة أعضاء لجنة المناقشة الموقرة الذين تفضلوا بقبول مناقشة هذا العمل،
رغم مشاغلهم العلمية، وأشكرهم على الوقت الذي خصصوه لقراءة هذه المذكرة وإثرائها بملاحظاتهم القيمة.

كما أتوجه بالشكر إلى جميع أساتذتي الكرام في جامعة مولاي الطاهر – سعيدة، الذين كانوا منارات للعلم والمعرفة،
وأسهموا في تكويني العلمي والأكاديمي.

ولا يفوتني أن أتقدم بأسمى عبارات الشكر والامتنان إلى والديّ الكريمين على دعمهما المتواصل ودعائهما الدائم لي.

كما أشكر كل من ساهم من قريب أو بعيد في إنجاز هذا العمل.

والله ولي التوفيق



الحمد لله الذي بنعمته تتم الصالحات، والذي وفقني وأعاني على إتمام هذا العمل المتواضع.

إلى روح جدتي الغالية رحمها الله رحمة واسعة وأسكنها فسيح جناته.

إلى من كانت لي أمًا ثانية، وإلى القلب الحنون الذي غمرني بالحب والدفء والدعاء، إلى من رحلت عن الدنيا وبقي أثرها الطيب محفورًا في أعماق قلبي.

جدتي العزيزة، كم كنت أتمنى أن تكوني اليوم بجاني لتشاركي فرحتي بهذا الإنجاز، وأن أرى في عينيك تلك الابتسامة التي كانت تمنحني القوة والأمل. رحلت جسدًا، لكن ذكراك ستظل خالدة في وجداني ما حييت.

رحمك الله بقدر ما أحبتك، وجعل هذا العمل صدقة جارية في ميزان حسناتك.

إلى أُمي الحبيبة : مهما كتبت من كلمات فلن أوفيك حقك، فأنت سر قوتي وسندي بعد الله، ودعواتك كانت دائمًا النور الذي يضيء طريقي.

أسأل الله أن يحفظك ويديم عليك الصحة والعافية، وأن يجزيك عني خير الجزاء

إلى أبي العزيز : رمز التضحية والكفاح، وسندي في الحياة، إلى من علّمني الصبر والاجتهاد. أشكرك على كل لحظة تعب، وعلى كل تضحية قدمتها من أجل مستقبلي.

أسأل الله أن يحفظك وأن يبارك في صحتك وعافيتك.

إلى أختي الغالية وأخي العزيز: أنتم سندي بعد والدي، ورفقاء دربي في الفرح والتعب والنجاح.

شكرًا لكم على محبتكم الصادقة ودعمكم الدائم.

إلى صديقاتي العزيزات شكرًا على صدق المودة، وجميل الصحبة، وعلى كل لحظة دعم وتشجيع وتقاسم للنجاح والتحديات.

إلى كل من ساعدني بكلمة طيبة، أو نصيحة صادقة، أو دعوة خالصة، أو دعم معنوي خلال مشواري الدراسي، أقول:

شكرًا لكم جميعًا، فأنتم جزء من هذا النجاح، ولكم في هذا الإنجاز نصيب من الفضل لن أنساه ما حييت راجيةً من الله أن يكون بدايةً لمزيد من النجاح والعطاء.

خليجة شياء

Résumé

Ce mémoire propose FCM-MPA, une méthode hybride combinant l'algorithme Fuzzy C-Means (FCM) et le Marine Predators Algorithm (MPA) pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales dans les images IRM. L'approche surmonte les limitations structurelles du FCM classique : sensibilité à l'initialisation, convergence vers des optima locaux et absence de robustesse spatiale en substituant le mécanisme de mise à jour des centres par une optimisation populationnelle globale guidée par les comportements de chasse des prédateurs marins. Une fonction objectif composite intégrant l'indice de validité IMI permet l'optimisation simultanée de la cohésion intra-cluster et de la séparation inter-cluster. Les expérimentations conduites sur la base BraTS 2021 (1 251 cas) démontrent la supériorité de FCM-MPA face à six méthodes concurrentes, avec un indice de Jaccard JSI de 0,92 pour la substance blanche et une robustesse maintenue à 9 % de bruit.

Mots-clés : Segmentation IRM cérébrale · Fuzzy C-Means · Marine Predators Algorithm · Métaheuristique bio-inspirée · Tumeur cérébrale · BraTS 2021 · Optimisation floue · Vol de Lévy

Abstract — English

This thesis presents FCM-MPA, a hybrid method combining Fuzzy C-Means clustering (FCM) with the Marine Predators Algorithm (MPA) for the automatic segmentation of brain tumors in MRI images. The proposed approach overcomes the structural limitations of standard FCM initialization sensitivity, local optima convergence, and lack of spatial robustness by replacing the centroid update mechanism with a global population-based optimization driven by marine predator hunting strategies. A composite objective function incorporating the IMI validity index enables the simultaneous optimization of intra-cluster cohesion and inter-cluster separation. Experiments conducted on the BraTS 2021 benchmark (1,251 cases) demonstrate the superiority of FCM-MPA over six competing methods, achieving a Jaccard Similarity Index (JSI) of 0.92 for white matter segmentation and sustained robustness under 9% noise conditions.

Keywords: Brain MRI segmentation · Fuzzy C-Means · Marine Predators Algorithm · Bio-inspired metaheuristic · Brain tumor · BraTS 2021 · Fuzzy optimization · Lévy flight

ملخص

تقدّم هذه المذكرة طريقة هجينة تُعرف بـ FCM-MPA، تجمع بين خوارزمية التجميع الضبابي Fuzzy C-Means والخوارزمية الإيحائية Marine Predators Algorithm، بهدف التجزئة التلقائية لأورام الدماغ في صور الرنين المغناطيسي. تتغلب هذه المقاربة على القيود البنوية لخوارزمية FCM الكلاسيكية — الحساسية للتهيئة الأولية، والتقارب نحو مثاليات محلية، وضعف المتانة أمام الضوضاء — وذلك باستبدال آلية تحديث المراكز بتحسين شامل قائم على الإلهام من سلوكيات صيد الحيوانات البحرية المفترسة. تتيح دالة الهدف المركبة المتضمنة لمؤشر الصلاحية IMI التحسين المتزامن لتمامسك المجموعات الداخلية والفصل بين المجموعات. أثبتت التجارب المُجرّاة على قاعدة بيانات BraTS 2021 المحتوية على 1251 حالة تفوّق FCM-MPA على ستة طرق منافسة، إذ بلغ مؤشر جاكارد JSI قيمة 0.92 للمادة البيضاء، مع الحفاظ على مستوى عالٍ من المتانة في ظل نسبة ضوضاء تصل إلى 9%.

الكلمات المفتاحية: تجزئة صور الرنين المغناطيسي للدماغ · التجميع الضبابي · خوارزمية الحيوانات البحرية المفترسة · الميتاإرشادية الإيحائية · ورم الدماغ · BraTS 2021 · التحسين الضبابي · طيران ليفي

Liste des tableaux

Tableau 2.1 : Comparaison des principales extensions de FCM pour la segmentation d'images médicales	26
Tableau 2.2 : Comparaison des approches métaheuristiques hybridées avec FCM	33
Tableau 3.1 Analogie entre les comportements biologiques des prédateurs marins et leur modélisation dans le Marine Predators Algorithm (MPA)	47
Tableau 4.1 — Modalités IRM disponibles et leurs rôles diagnostiques	54
Tableau 4.2 — Définition des régions de segmentation (vérité terrain)	55
Tableau 4.3 : Paramètres des algorithmes comparés	54
Tableau 4.4 : Résultats quantitatifs pour la sous-région Whole Tumor (WT)	60
Tableau 4.5 : Résultats quantitatifs pour la sous-région Tumor Core (TC)	60
Tableau 4.6 : Résultats quantitatifs pour la sous-région Enhancing Tumor (ET)	61
Tableau 4.7 : Résultats comparatifs en Precision, Recall et F1-score (moyenne sur WT, TC, ET)	61

Liste des figures

Figure 1.1 : Représentation comparative de la radiographie (gauche) et du scanner CT (droite)	7
Figure 1.2 : Exemple d'image IRM cérébrale 3D	10
Figure 1.3 : Exemple d'image échographique	12
Figure 1.4 : Exemple d'image SPECT	14
Figure 1.5 : Exemple d'image PET	15
Figure 2.1 : Comparaison visuelle des méthodes de clustering dur K-Means vs DBSCAN	23
Figure 2.2 : Illustration du FCM — (a) pixels dans l'espace des intensités, (b) centroïdes initiaux et finaux, (c) fonctions d'appartenance floues pour deux clusters, (d) segmentation résultante sur image IRM	25
Figure 3.1 FADs	46
Figure 3.2 : Organigramme général de l'algorithme hybride FCM-MPA pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales en IRM	50
Figure 4.1 : Comparaison visuelle des cartes de segmentation produites	59

Table des matières

Introduction generale	
Contexte et Motivation	1
L'Algorithme FCM et ses Limitations	1
Le Marine Predators Algorithm : Fondements et Propriétés	2
Objectifs et Contributions du mémoire	3
Organisation du Mémoire	4
Chapitre 1 : Généralités sur L'imagerie médical	
Introduction	5
Catégories d'imagerie en médecine	6
Rayons X et tomodensitométrie (CT)	6
Imagerie par Résonance Magnétique (IRM)	9
Imagerie par ultrasons (Echographie)	11
Médecine nucléaire	13
Conclusion	16
Chapitre 2 État de l'art sur la segmentation	
Introduction	17
Méthodes classiques de segmentation	18
Méthodes basées sur le seuillage	18
Méthodes basées sur les régions	18
Méthodes d'apprentissage automatique	20
Classification supervisée classique	20
Réseaux de neurones convolutifs (CNN)	20
Méthodes de clustering	22
Clustering hiérarchique	22
Clustering partitionnel dur	22
Clustering flou et Fuzzy C-Means (FCM)	23
Extensions de FCM pour l'imagerie médicale	26
Méthodes hybrides et évolutionnaires	27
FCM et Particle Swarm Optimization (PSO-FCM)	27
FCM et Algorithme Génétique (GA-FCM)	28
FCM et Grey Wolf Optimizer (GWO-FCM)	30
FCM et Whale Optimization Algorithm (WOA-FCM)	31
FCM et Harris Hawks Optimization (HHO-FCM)	32
Synthèse comparative des approches métaheuristiques FCM	33
Conclusion	36
Chapitre 3 : Segmentation des Images IRM par l'Algorithme Hybride FCM-MPA.	
introduction	38
Présentation Générale du Problème de Segmentation des Tumeurs Cérébrales	39
Architecture Globale de la Méthode Proposée	40
Prétraitement des Images IRM	41
Fuzzy C-Means (FCM)	42
Marine Predators Algorithm (MPA)	44
Hybridation FCM-MPA	47
Algorithme Détaillé FCM-MPA	49
Organigramme Détaillé	51
Analyse de Complexité Temporelle	51
Conclusion	52
Chapitre 4 : Résultats Expérimentaux et Analyse des Performances	

Introduction	53
Environnement Expérimental	53
Description de la Base de Données BraTS 2021	54
Paramètres des Algorithmes Comparés	55
Métriques d'Évaluation	56
Résultats Qualitatifs	57
Résultats Quantitatifs	61
Analyse Comparative Détaillée	61
Discussion	63
Conclusion	64
Conclusion générale	
Reference bibliographique	

1 Contexte et Motivation

L'imagerie cérébrale par résonance magnétique occupe une position centrale dans le diagnostic neurologique contemporain. Depuis son introduction clinique dans les années 1980, l'IRM s'est progressivement imposée comme la modalité de référence pour la caractérisation des structures cérébrales, offrant une résolution spatiale et un contraste tissulaire inégalés en comparaison des autres techniques d'imagerie médicale. La capacité de l'IRM à discriminer les différents compartiments neuroanatomiques substance blanche, substance grise, liquide céphalorachidien, noyaux gris centraux repose sur les propriétés de relaxation différentielles des tissus biologiques, caractérisées par les temps T1 et T2 propres à chaque structure anatomique.

Les tumeurs cérébrales constituent une pathologie neurologique grave dont l'incidence mondiale est estimée à environ 308 102 nouveaux cas par an selon les dernières estimations du Global Burden of Disease (GBD 2021) [1]. Le glioblastome multiforme (GBM), classé grade IV par l'Organisation Mondiale de la Santé, présente un pronostic particulièrement sombre avec une survie médiane inférieure à 15 mois en dépit des protocoles thérapeutiques les plus agressifs. La délimitation précise des volumes tumoraux représente un prérequis fondamental pour l'ensemble du continuum thérapeutique : planification chirurgicale, définition des volumes cibles en radiothérapie stéréotaxique, suivi de la réponse au traitement et détection précoce des récurrences. La segmentation manuelle, réalisée par des neuroradiologues experts, demeure la référence clinique mais souffre de limitations inhérentes : variabilité inter-observateurs pouvant atteindre 28 % pour certaines structures, temps d'analyse considérable et fatigue opérateur compromettant la reproductibilité diagnostique.

Ces considérations cliniques et méthodologiques fondent la nécessité impérieuse de développer des approches de segmentation automatique ou semi-automatique offrant à la fois précision, robustesse et reproductibilité.

2 L'Algorithme FCM et ses Limitations

Parmi les méthodes de segmentation non supervisée, l'algorithme Fuzzy C-Means (FCM), introduit par Bezdek en 1981 et formalisé mathématiquement à partir des travaux de Dunn sur les ensembles flous, s'est imposé comme une approche de référence en raison de sa capacité à modéliser l'ambiguïté inhérente aux frontières tissulaires. Contrairement aux approches de clustering dur (K-Means), FCM attribue à chaque voxel un vecteur de degrés d'appartenance floue aux différents clusters, reflétant la nature continue des transitions inter-tissulaires observées en IRM. La minimisation de la fonction objectif FCM standard, formalisée comme la somme pondérée des

distances euclidiennes entre chaque voxel et les centres prototypiques de chaque classe, est réalisée par un processus itératif alterné entre la mise à jour des centres de clusters et la mise à jour des degrés d'appartenance.

Néanmoins, FCM présente des limitations structurelles qui compromettent significativement ses performances en segmentation IRM cérébrale. En premier lieu, la nature locale du processus d'optimisation alternée rend l'algorithme extrêmement sensible à l'initialisation des centres prototypiques : une initialisation défavorable conduit invariablement à une convergence vers un optimum local éloigné de l'optimum global de la fonction objectif. En second lieu, l'absence de tout mécanisme d'exploration de l'espace de recherche implique que l'algorithme ne peut jamais s'échapper d'un bassin d'attraction une fois qu'il y a convergé. En troisième lieu, la fonction objectif FCM standard ne prend pas en compte la structure spatiale de l'image, rendant l'algorithme particulièrement vulnérable au bruit de Rician et aux inhomogénéités du champ de biais qui introduisent une variabilité d'intensité intra-classe non modélisée. Enfin, FCM requiert la spécification a priori du nombre de clusters C , paramètre dont la sélection incorrecte conduit inévitablement à une sur-segmentation ou une sous-segmentation cliniquement inacceptable.

Ces limitations ont motivé un vaste corpus de travaux visant à hybridiser FCM avec des métaheuristiques d'optimisation globale, incluant les algorithmes génétiques (GA), l'optimisation par essaim de particules (PSO), l'algorithme d'optimisation des abeilles artificielles, la recherche tabou et, plus récemment, des métaheuristiques de troisième génération inspirés de comportements biologiques complexes. La présente contribution s'inscrit dans cette lignée en proposant une hybridation FCM-MPA qui exploite les propriétés mathématiques particulièrement adaptées du Marine Predators Algorithm.

3 Le Marine Predators Algorithm : Fondements et Propriétés

Le Marine Predators Algorithm (MPA), proposé par Faramarzi et al. en 2020, est un métaheuristique d'optimisation à base de population inspiré par les stratégies de chasse optimale des grands prédateurs marins notamment les requins, les marlins, les thons et les dauphins [2]. L'originalité fondamentale de MPA réside dans son fondement théorique rigoureux, ancré dans les travaux sur le théorème de la vitesse optimale de rencontre (Optimal Encounter Rate) et la théorie des forages de Lévy appliquée aux comportements de prédation biologique.

MPA structure son processus d'optimisation en trois phases distinctes régies par le rapport de vitesse u entre proie et prédateur, lui-même fonction du ratio $t/T_{\max}$ où t désigne l'itération courante et $T_{\max}$ le nombre total d'itérations. Lorsque $t/T_{\max} < 1/3$ (phase initiale), le prédateur est immobile et la proie se déplace selon un mouvement Brownien, favorisant l'exploration intensive de l'espace de recherche. Lorsque $1/3 \leq t/T_{\max} < 2/3$ (phase intermédiaire), les deux entités se déplacent, le prédateur effectuant des vols de Lévy et la proie un mouvement Brownien, réalisant un équilibre exploration-exploitation. Lorsque $t/T_{\max} \geq 2/3$ (phase finale), la proie est immobile et le prédateur se déplace selon un vol de Lévy, concentrant la recherche sur l'exploitation de la meilleure solution identifiée.

Le mouvement Brownien, modélisant un processus de diffusion aléatoire caractérisé par des pas gaussiens de variance nulle et de distribution normale, assure une couverture uniforme et dense de l'espace de recherche dans le voisinage de la position courante. En revanche, les vols de Lévy, caractérisés par une distribution de probabilité à queue lourde $P(\ell) \sim \ell^{-(1+\beta)}$ avec $0 < \beta \leq 2$, génèrent des déplacements majoritairement petits entrecoupés de sauts de grande amplitude statistiquement improbables mais récurrents. Cette propriété confère à MPA une capacité remarquable d'évasion des optima locaux sans perturbation excessive de l'exploitation courante.

La stratégie Fish Aggregating Devices (FADs), empruntée à la pêche commerciale où ces dispositifs artificiels agrègent les bancs de poissons, modélise un mécanisme de perturbation probabiliste. Avec une probabilité $P_{\text{FADs}} = 0,2$, la position courante d'une proie est remplacée par une combinaison convexe aléatoire entre la position courante et une position tirée au hasard dans la population, introduisant une diversification salutaire. Avec la probabilité complémentaire $1 - P_{\text{FADs}} = 0,8$, une perturbation additive basée sur des vecteurs binaires aléatoires est appliquée, permettant des sauts locaux ciblés.

4 Objectifs et Contributions du mémoire

Le présent mémoire poursuit quatre objectifs scientifiques distincts et complémentaires. Le premier objectif consiste à concevoir et implémenter l'algorithme hybride FCM-MPA, intégrant de manière cohérente la modélisation floue des partitions tissulaires avec les mécanismes d'optimisation globale du MPA, et à formaliser la fonction objectif composite FCM + IMI permettant d'optimiser simultanément la qualité de la partition et la robustesse aux inhomogénéités. Le deuxième objectif vise à développer un mécanisme automatique de détermination du nombre optimal de clusters, s'affranchissant de la contrainte de spécification a priori de C et permettant une segmentation adaptative dont la validité clinique est argumentée sur la base de la neuroanatomie. Le troisième

Introduction Générale

objectif est de valider expérimentalement FCM-MPA des images cliniques réelles en utilisant un ensemble de métriques d'évaluation quantitative couvrant la précision de la segmentation (JSI), la compacité des clusters (DBI), la netteté de la partition (PCI, PEI) et la robustesse aux artefacts. Le quatrième objectif, enfin, vise à positionner FCM-MPA dans l'état de l'art en réalisant une comparaison exhaustive avec les méthodes concurrentes les plus pertinentes de la littérature récente.

I.5 Organisation du Mémoire

Le présent mémoire est organisé en quatre chapitres distincts et complémentaires.

Le Chapitre 1 est consacré à l'imagerie médicale par résonance magnétique. Il présente les principes physiques fondamentaux de l'IRM, les différentes modalités d'acquisition utilisées en neuroimagerie, ainsi que les principales caractéristiques des tumeurs cérébrales et leur représentation dans les images IRM multi-séquences. Le Chapitre 2 propose un état de l'art approfondi sur les méthodes de segmentation des images médicales. Il passe en revue les approches classiques non supervisées, les métaheuristiques d'optimisation appliquées à la segmentation, et positionne la contribution du présent travail par rapport aux méthodes existantes dans la littérature récente.

Le Chapitre 3 présente le cadre théorique et algorithmique de l'approche proposée FCM-MPA. Il formalise mathématiquement les trois phases d'optimisation du Marine Predators Algorithm, les processus de mouvement Brownien et de vol de Lévy, la stratégie FADs, ainsi que la fonction objectif composite intégrant le modèle de partition floue FCM. Le Chapitre 4 constitue le volet expérimental du mémoire. Il décrit le protocole d'évaluation sur la base de données BraTS 2021, présente les résultats quantitatifs et qualitatifs obtenus, et propose une comparaison exhaustive avec six méthodes concurrentes de l'état de l'art. Une conclusion générale synthétise les principales contributions du travail et trace les perspectives de recherche futures.

1. Introduction

L'imagerie médicale occupe une place centrale dans la médecine moderne. Elle constitue un outil fondamental permettant aux cliniciens d'explorer l'anatomie interne du corps humain sans recourir à des procédures invasives. Grâce aux différentes modalités d'acquisition disponibles, les professionnels de santé peuvent observer les organes et les tissus internes dans leur contexte anatomique et fonctionnel, ce qui facilite la détection des pathologies, l'évaluation de leur évolution et l'orientation thérapeutique.

Ces images offrent une représentation visuelle détaillée des structures internes du corps humain. Elles jouent un rôle essentiel dans l'établissement d'un diagnostic fiable, la planification d'une intervention chirurgicale et l'assurance d'un suivi régulier et efficace des patients. L'un des atouts majeurs de l'imagerie médicale réside dans son caractère non invasif : les médecins peuvent observer les organes et les différentes structures internes sans nécessiter d'ouverture chirurgicale, ce qui réduit considérablement les risques de complications et améliore le confort des patients.

Du point de vue historique, l'imagerie médicale a véritablement pris son essor en 1895, lorsque le physicien allemand Wilhelm Conrad Röntgen découvrit les rayons X. Cette découverte marqua un tournant décisif dans l'histoire de la médecine, car elle permit pour la première fois d'observer l'intérieur du corps humain de manière non chirurgicale. Initialement limités à la détection des fractures osseuses, les rayons X ont progressivement trouvé de nouvelles applications cliniques, telles que la mammographie et la fluoroscopie.

L'invention de la tomodensitométrie (TDM) dans les années 1970 constitue une avancée majeure dans le domaine de l'imagerie médicale. Cette innovation a été récompensée en 1979 par le prix Nobel de physiologie ou médecine, décerné à Godfrey Hounsfield et Allan Cormack pour leurs travaux fondateurs. Le scanner associe la technologie des rayons X à des traitements informatiques pour produire des images en coupes transversales, offrant une précision nettement supérieure aux radiographies conventionnelles.

C'est dans les années 1980 que l'imagerie par résonance magnétique (IRM) s'est imposée comme une modalité d'imagerie particulièrement prometteuse. Reposant sur des champs magnétiques puissants et des ondes radio, l'IRM génère des images d'une précision exceptionnelle des tissus mous, la rendant idéale pour l'examen du cerveau, de la moelle épinière et des articulations. Contrairement aux rayons X et à la tomodensitométrie, l'IRM n'utilise pas de rayonnements ionisants, ce qui la rend plus sûre pour certaines populations de patients.

Par la suite, la médecine nucléaire a ouvert de nouvelles perspectives pour l'imagerie fonctionnelle. Des techniques telles que la tomographie par émission de positons (TEP) et la tomographie par émission monophotonique (TEMP) ont profondément renouvelé la capacité des cliniciens à observer et évaluer les organes et les tissus au-delà de leur simple structure anatomique [3]. Ces différentes modalités constituent le cadre de référence dans lequel s'inscrit ce travail de mémoire, dédié à la segmentation d'images médicales par la méthode FCM-MPA.

Ce chapitre fournit une vue d'ensemble des principales techniques d'imagerie médicale utilisées en pratique clinique, notamment la radiographie, le scanner (CT), l'imagerie par résonance magnétique (IRM), l'échographie et la médecine nucléaire. Chaque modalité est présentée selon ses principes physiques, ses applications cliniques, ses techniques avancées, ainsi que ses avantages et limites.

2. Catégories d'imagerie en médecine

Les méthodes d'imagerie médicale peuvent être classées selon la technologie employée, le type de données qu'elles fournissent et leurs usages cliniques spécifiques. Les modalités les plus fréquemment utilisées en milieu hospitalier sont présentées ci-après.

2.1. Rayons X et tomодensitométrie (CT)

La radiographie et le scanner constituent deux des modalités d'imagerie médicale les plus répandues en pratique clinique. Elles reposent toutes deux sur l'utilisation de rayonnements électromagnétiques pour produire des images des structures internes du corps. La figure 1.1 illustre le principe général de ces deux modalités.

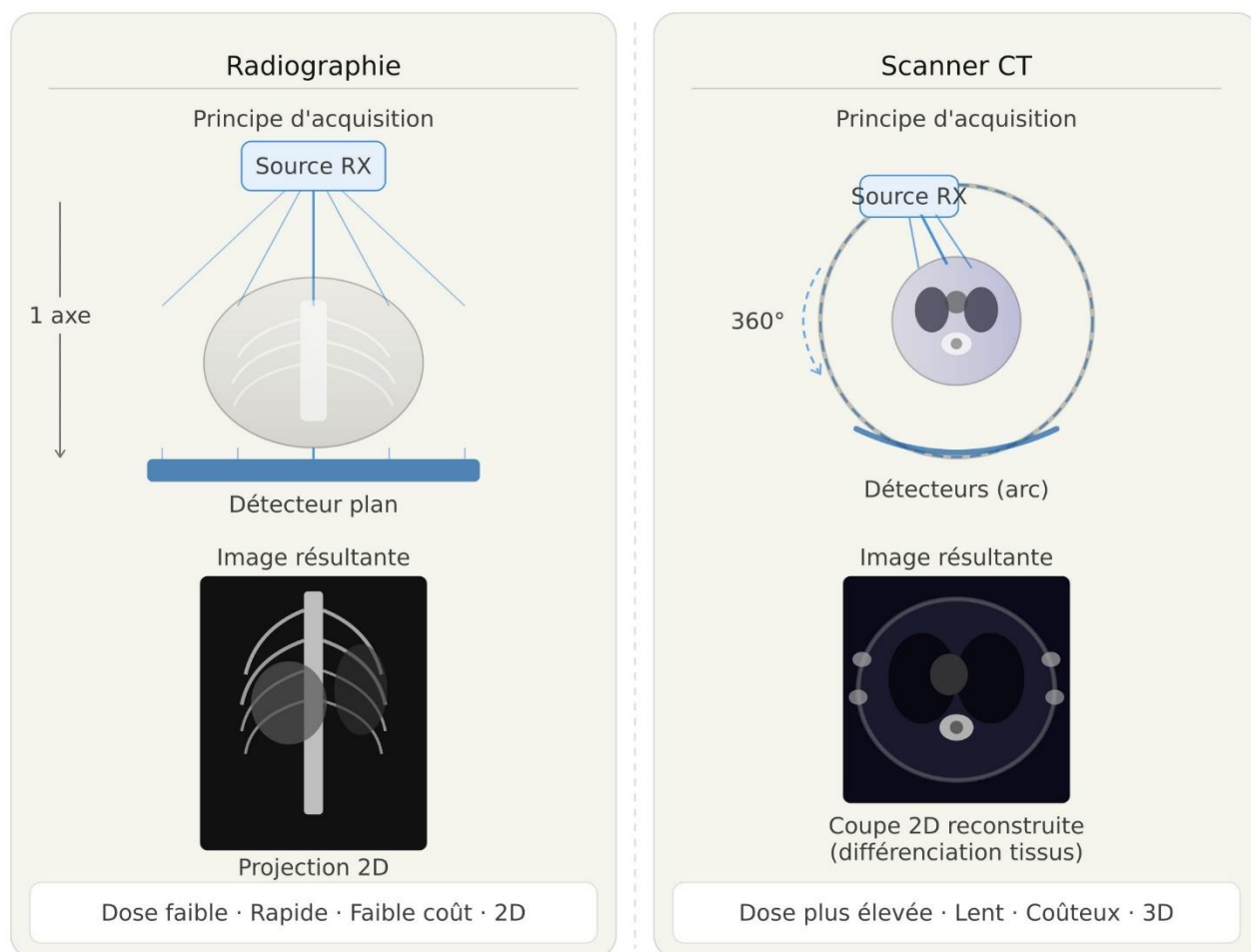


Figure 1.1 : Représentation comparative de la radiographie (gauche) et du scanner CT (droite)

L'imagerie par rayons X est largement utilisée pour détecter les fractures, les luxations articulaires, les infections pulmonaires telles que la pneumonie, ou encore dans le cadre de la mammographie pour le dépistage du cancer du sein [4]. Le scanner (CT), quant à lui, combine les rayons X à des traitements informatiques avancés pour produire des images tridimensionnelles très détaillées des organes, des vaisseaux sanguins et des structures osseuses, s'avérant particulièrement utile dans les diagnostics complexes nécessitant une grande précision anatomique [5].

2.1.1. Applications cliniques des rayons X

La radiographie par rayons X est un examen rapide, simple et très accessible, ce qui en fait l'outil de première intention dans de nombreuses spécialités médicales. En orthopédie et en traumatologie, elle permet de détecter rapidement les fractures, les luxations et autres pathologies osteoarticulaires. En pneumologie, elle est indispensable pour visualiser les poumons et le cœur, facilitant le diagnostic de la pneumonie, de la tuberculose, du cancer pulmonaire ou de certaines

pathologies cardiaques. En dentisterie, la radiographie permet de repérer les caries, les infections, les dents incluses et la perte osseuse, souvent invisibles à l'œil nu. La mammographie représente une application spécialisée pour le dépistage précoce du cancer du sein, augmentant significativement les chances de succès thérapeutique.

2.1.2. Applications cliniques du scanner (CT)

Le scanner, également appelé tomodensitométrie (CT), est un examen dont la rapidité et la précision en font un outil indispensable dans de nombreux domaines de la médecine contemporaine. En situation d'urgence et de traumatisme, il permet d'identifier rapidement la présence d'une hémorragie interne, d'une fracture du crâne ou de la colonne vertébrale, ou d'une lésion organique, offrant aux médecins la possibilité de prendre des décisions thérapeutiques cruciales dans un temps minimal. En oncologie, il contribue à l'identification de tumeurs dans divers organes, détermine précisément leurs dimensions et leur localisation, et permet d'évaluer l'extension métastatique. En cardiologie, l'angioscanner offre la possibilité d'observer les artères coronaires et de détecter des sténoses ou des obstructions, ainsi que des anévrismes aortiques. En neurologie, il est indispensable pour distinguer rapidement un saignement cérébral d'une insuffisance d'irrigation sanguine lors d'un AVC, information déterminante pour le choix du traitement. Enfin, pour l'analyse des structures osteoarticulaires complexes, il demeure un outil de référence.

2.1.3. Techniques avancées du scanner (CT)

Les progrès technologiques ont conduit au développement de techniques avancées visant à améliorer la qualité des images, réduire l'exposition aux rayonnements et élargir les possibilités diagnostiques. Parmi les plus significatives :

- Le scanner multicoupe extrême permet l'acquisition simultanée de 128 coupes ou davantage, couvrant de grandes zones anatomiques en une seconde, minimisant les artefacts de mouvement et réduisant la dose de produit de contraste iodé nécessaire.
- La reconstruction itérative, fondée sur des algorithmes mathématiques avancés, réduit le bruit et la dose de rayonnement tout en maintenant une qualité d'image élevée. Elle est particulièrement indiquée pour les patients sensibles aux radiations, notamment les enfants.
- Le scanner à double énergie (DECT) utilise deux niveaux d'énergie de rayons X pour mieux différencier les matériaux tissulaires, caractériser les lésions et créer des images virtuelles sans produit de contraste.

- Le scanner 4D et l'imagerie de perfusion permettent respectivement de capturer le mouvement en temps réel et d'évaluer le flux sanguin cérébral ou pulmonaire, contribuant au diagnostic de l'AVC ou de l'embolie pulmonaire.

2.1.4. Avantages et limites des rayons X et du scanner (CT)

Les rayons X présentent l'avantage d'être rapides, simples, peu coûteux et disponibles dans la quasi-totalité des établissements de santé. Leur principale limite réside dans l'utilisation de rayonnements ionisants et leur faible capacité à visualiser les tissus mous. Le scanner (CT) fournit des images beaucoup plus détaillées permettant une exploration approfondie des organes et des structures internes, mais au prix d'une exposition aux rayonnements plus élevée et d'un coût supérieur. Le choix entre ces deux modalités dépend du type d'examen nécessaire, de la précision souhaitée et du rapport bénéfice/risque pour le patient.

2.2. Imagerie par Résonance Magnétique (IRM)

L'IRM utilise des champs magnétiques puissants et des ondes radio pour produire des images détaillées de l'intérieur du corps. Le corps humain étant majoritairement constitué d'eau, les atomes d'hydrogène des molécules d'eau sont particulièrement sensibles aux champs magnétiques. Lorsqu'un patient est placé dans un tel champ, ces atomes s'alignent dans une direction définie. Des impulsions radiofréquence perturbent temporairement cet alignement, et lors du retour à l'équilibre, les atomes émettent des signaux captés par l'appareil et transformés en images [6]. L'IRM permet d'obtenir des images très détaillées des structures internes, notamment des tissus mous comme le cerveau, la moelle épinière, les muscles et les organes. Elle est particulièrement indiquée dans les domaines neurologique, orthopédique et cardiovasculaire [7].

La figure 1.2 présente un exemple d'image IRM cérébrale 3D, illustrant la richesse des informations anatomiques fournies par cette modalité.

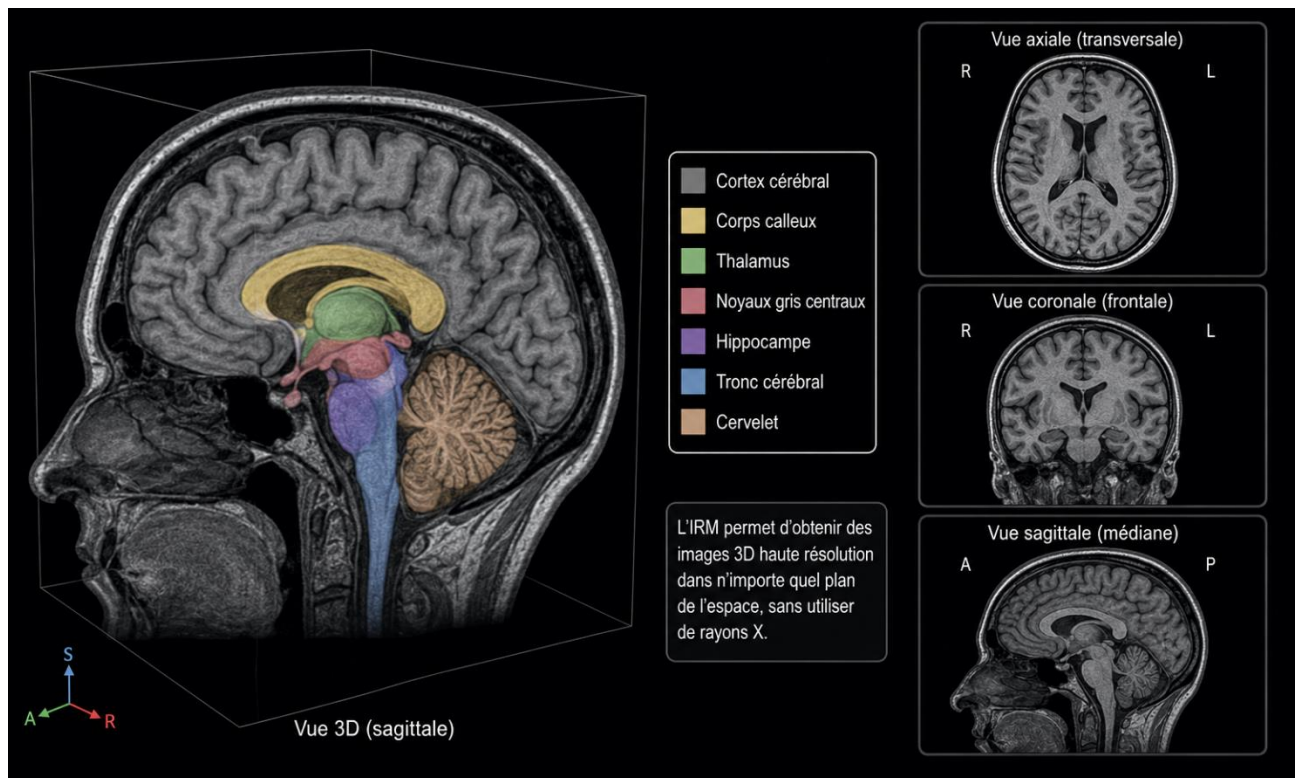


Figure 1.2 : Exemple d'image IRM cérébrale 3D

2.2.1. Applications cliniques de l'IRM

L'IRM est une technique d'imagerie polyvalente qui permet de visualiser avec précision les tissus mous et de diagnostiquer de nombreuses pathologies dans des domaines variés :

- En neurologie, l'IRM constitue l'outil de référence pour examiner le cerveau et la moelle épinière. Elle aide à détecter les tumeurs, les AVC, la sclérose en plaques, l'épilepsie et les maladies neurodégénératives.
- En rhumatologie et traumatologie, elle permet d'analyser les muscles, ligaments, tendons et cartilages, et est particulièrement utile pour les blessures sportives et l'arthrose.
- En cardiologie, l'IRM évalue la fonction cardiaque et détecte les infarctus et les anomalies valvulaires. L'angiographie par résonance magnétique (ARM) permet de visualiser les vaisseaux sanguins sans intervention invasive.
- En oncologie, l'IRM détecte et suit les tumeurs des tissus mous, notamment au niveau du foie, de la prostate et du sein, facilitant le diagnostic précoce et le suivi thérapeutique.
- Pour l'exploration de l'abdomen et du pelvis, elle examine le foie, les reins, le pancréas, l'utérus et la prostate, sans exposition aux rayonnements ionisants.

2.2.2. Techniques avancées de l'IRM

De nouvelles techniques d'IRM ont été développées pour obtenir des images plus précises et améliorer les performances diagnostiques :

- L'IRM fonctionnelle (IRMf) permet de suivre l'activité cérébrale en détectant les variations du flux sanguin. Très utilisée en neurosciences et avant certaines interventions chirurgicales, elle aide à localiser les zones du cerveau responsables du mouvement, de la parole ou des perceptions sensorielles.
- L'imagerie par diffusion (DWI) mesure le mouvement des molécules d'eau dans les tissus et est particulièrement utile pour identifier rapidement les zones touchées lors d'un AVC.
- La spectroscopie par résonance magnétique (MRS) analyse la composition chimique des tissus et permet de détecter des modifications métaboliques, par exemple dans le cancer ou les maladies neurodégénératives.

2.2.3. Avantages et limites de l'IRM

L'IRM présente de nombreux avantages en tant qu'outil diagnostique non invasif. En n'utilisant pas de rayonnements ionisants, elle est considérée comme plus sûre pour les patients nécessitant des examens fréquents. Elle fournit des images à haute résolution des tissus mous, ce qui la rend indispensable pour l'évaluation du cerveau, de la moelle épinière, des muscles et des articulations. Ce niveau de précision est souvent inségalable par d'autres techniques d'imagerie.

Cependant, l'IRM comporte également des limites. Elle est généralement plus coûteuse et plus longue que d'autres examens, ce qui peut restreindre son accessibilité en situation d'urgence. Elle est également contre-indiquée chez les patients porteurs de certains implants métalliques, tels que les pacemakers, en raison des champs magnétiques intenses qu'elle génère.

2.3. Imagerie par ultrasons (Echographie)

L'imagerie par ultrasons, ou sonographie, est une technique d'imagerie médicale non invasive qui utilise des ondes sonores à haute fréquence pour produire des images en temps réel des structures internes du corps. Contrairement à d'autres modalités, elle n'utilise pas de rayonnements ionisants, ce qui en fait une technique particulièrement sûre, largement employée en obstétrique, en cardiologie et pour l'étude du système musculosquelettique.

Le fonctionnement des ultrasons repose sur le principe de réflexion des ondes sonores [8]. Un transducteur émet des ondes sonores à haute fréquence (généralement supérieures à 20 kHz) qui traversent les tissus. Lorsqu'elles rencontrent des interfaces entre tissus de densités différentes, une

Chapitre 1 : Généralités sur L'imagerie médical

partie de ces ondes est réfléchi vers le transducteur. La durée de retour des ondes et l'intensité du signal réfléchi permettent de reconstruire une image détaillée de la structure étudiée. La figure 1.3 illustre un exemple d'image échographique.

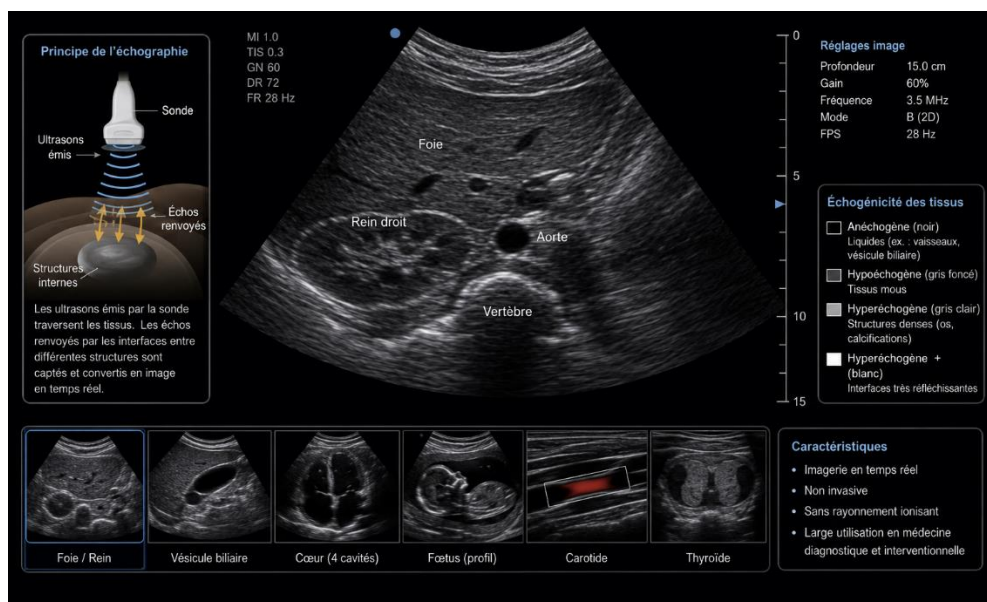


Figure 1.3 : Exemple d'image échographique

2.3.1. Applications cliniques de l'échographie

L'échographie est largement utilisée en médecine clinique pour la surveillance des grossesses, l'exploration des organes abdominaux et pelviens, l'évaluation cardiovasculaire et le guidage des gestes interventionnels :

- En obstétrique et gynécologie, elle est essentielle pour le suivi du développement fœtal, le contrôle du rythme cardiaque, la surveillance de la croissance et la santé du placenta. En dehors de la grossesse, elle permet d'examiner l'utérus, les ovaires et les trompes.
- En cardiologie, l'échocardiographie fournit des images détaillées du cœur et de ses valves, tandis que le Doppler évalue la circulation sanguine et détecte les maladies cardiaques, les malformations ou les caillots.
- Pour l'appareil musculosquelettique, l'échographie permet de visualiser les tendons, ligaments, muscles et articulations, et de détecter des blessures telles que les déchirures ou les tendinites.
- Pour l'abdomen et le pelvis, elle sert à examiner le foie, les reins, la vésicule, le pancréas, la rate, ainsi que la vessie, la prostate et les organes reproducteurs.

- L'échographie est également très utile pour guider les biopsies, injections et drainages de liquide, réduisant les risques et améliorant la précision des gestes interventionnels.

2.3.2. Techniques avancées d'échographie

Plusieurs techniques avancées ont été développées pour améliorer le diagnostic et offrir des images plus précises. Le Doppler mesure le flux sanguin dans les vaisseaux et permet de détecter des problèmes vasculaires tels que les caillots, l'insuffisance veineuse ou l'athérosclérose. L'échographie 3D combine plusieurs images 2D pour créer une représentation tridimensionnelle, très utile en obstétrique. La version 4D ajoute la dimension temporelle, permettant de visualiser le mouvement fœtal en temps réel. Enfin, l'élastographie évalue la rigidité des tissus, utile pour détecter des maladies hépatiques comme la fibrose ou la cirrhose.

2.3.3. Avantages et limites de l'échographie

L'échographie présente de nombreux points forts : elle est non invasive, sûre et n'utilise pas de rayonnements ionisants, ce qui la rend idéale pour un grand nombre de patients. Elle permet d'observer les organes et structures en temps réel, ce qui est particulièrement utile pour le suivi cardiovasculaire et le guidage de gestes interventionnels. Ses limites concernent essentiellement l'exploration des structures osseuses et des organes remplis d'air. La qualité des images dépend fortement de l'expérience de l'opérateur et elle est moins efficace chez les patients obèses. Malgré ces contraintes, l'échographie demeure une technique indispensable en médecine moderne.

2.4. Médecine nucléaire

La médecine nucléaire est une branche spécialisée de l'imagerie médicale qui utilise des substances radioactives, appelées radiopharmaceutiques, pour diagnostiquer et traiter des maladies. Contrairement aux techniques d'imagerie classiques, qui représentent principalement la structure anatomique des organes, la médecine nucléaire fournit des informations fonctionnelles et métaboliques sur les organes et les tissus. En détectant les rayonnements émis par les radiopharmaceutiques, elle permet d'évaluer le fonctionnement des organes, de détecter précocement des maladies et d'orienter les stratégies thérapeutiques [9].

2.4.1. Tomographie par émission monophotonique (SPECT)

Le SPECT est une technique de médecine nucléaire qui utilise des traceurs radioactifs émetteurs de rayons gamma pour créer des images tridimensionnelles du corps. Une caméra spéciale tourne autour du patient pour capter les rayonnements émis et reconstruire l'image. En cardiologie,

le SPECT permet de visualiser la circulation sanguine et d'évaluer la fonction globale du cœur, facilitant la détection des maladies coronariennes et des infarctus. En neurologie, il sert à diagnostiquer des troubles tels que l'épilepsie, la maladie d'Alzheimer ou de Parkinson en suivant l'activité cérébrale [10]. En oncologie, il contribue à la détection des tumeurs et au suivi de la

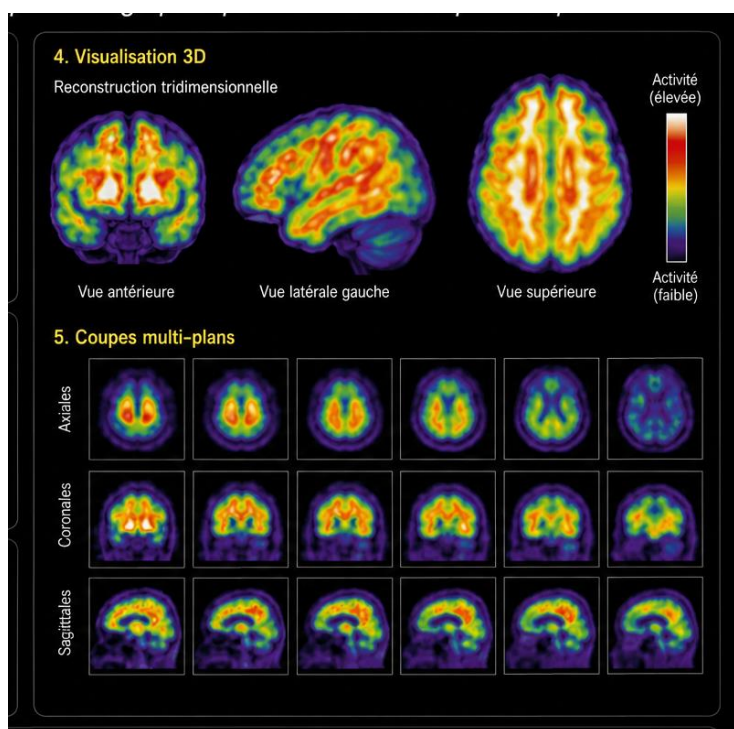


Figure 1.4 : Exemple d'image SPECT

2.4.2. Tomographie par émission de positons (PET)

Le PET est une technique d'imagerie avancée qui utilise des radiopharmaceutiques émetteurs de positons pour produire des images tridimensionnelles à haute résolution, permettant d'observer l'activité métabolique du corps. En oncologie, il est particulièrement utilisé pour détecter les tumeurs malignes, déterminer le stade du cancer et repérer les métastases. Grâce à sa capacité à mettre en évidence les zones à forte activité métabolique, il peut révéler des tumeurs non visibles par d'autres techniques [11]. En neurologie, il permet d'étudier le fonctionnement du cerveau et d'aider au diagnostic de maladies neurodégénératives. En cardiologie, il est utilisé pour évaluer la perfusion du muscle cardiaque et identifier les zones ischémiques. La figure 1.5 présente un exemple d'image PET.

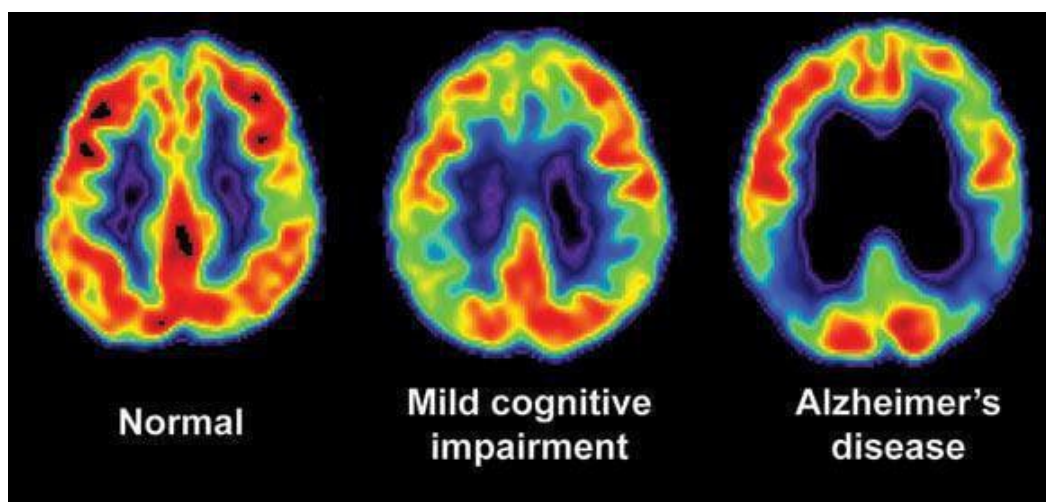


Figure 1.5 : Exemple d'image PET

2.4.3. Comparaison entre le SPECT et le PET

Bien que le SPECT et le PET reposent tous deux sur l'utilisation de traceurs radioactifs, ils présentent des différences importantes. Concernant les traceurs utilisés, le SPECT emploie des traceurs émetteurs de rayons gamma tels que le technétium-99m, tandis que le PET utilise des traceurs émetteurs de positons comme le fluorodésoxyglucose (FDG). En termes de qualité d'image, le PET offre une meilleure résolution spatiale et peut détecter des lésions plus petites. Sur le plan de l'information fournie, le SPECT analyse principalement la circulation sanguine et la perfusion des organes, tandis que le PET explore l'activité métabolique. Le SPECT génère une exposition aux rayonnements légèrement inférieure à celle du PET. Enfin, le SPECT est plus accessible et moins coûteux, tandis que le PET nécessite des infrastructures spécifiques.

2.4.4. Avantages et limites de la médecine nucléaire

L'un des principaux atouts de la médecine nucléaire réside dans sa capacité à fournir des informations fonctionnelles et métaboliques, permettant la détection précoce de nombreuses maladies, parfois avant même que des changements anatomiques soient visibles. Des techniques comme la TEP offrent une imagerie du corps entier utile pour évaluer l'extension d'une maladie et planifier le traitement. Néanmoins, l'exposition aux rayonnements reste une préoccupation, notamment pour les femmes enceintes. Le coût de certains examens comme la TEP peut être élevé, et les radiopharmaceutiques utilisés ont souvent une durée de vie courte, nécessitant des installations spécialisées pour leur production. Malgré ces contraintes, la médecine nucléaire demeure un outil essentiel pour le diagnostic et le suivi de nombreuses pathologies.

3. Conclusion

L'imagerie médicale a connu une évolution considérable au cours des dernières décennies, passant des simples radiographies à des technologies très avancées telles que l'IRM et la TEP. Cette progression a profondément transformé la pratique médicale, offrant aux cliniciens des outils toujours plus précis pour observer l'intérieur du corps humain. Grâce à ces modalités, le diagnostic est devenu plus fiable, les traitements mieux planifiés et le suivi des pathologies plus efficace.

Cependant, ces technologies produisent des volumes considérables de données complexes. Le véritable défi ne réside plus uniquement dans l'acquisition des images, mais dans leur analyse rigoureuse pour en extraire des informations cliniquement pertinentes. C'est dans ce contexte que la segmentation d'images médicales s'impose comme une étape critique. Elle permet de séparer et d'identifier clairement les différentes structures anatomiques ou anomalies pathologiques présentes dans une image. Par exemple, la segmentation d'une IRM cérébrale permet de délimiter précisément une tumeur en vue d'une intervention ; la segmentation d'une image TEP permet de mesurer l'activité métabolique des cellules cancéreuses ; dans les radiographies et les scanners, elle aide à repérer fractures, infections ou autres anomalies.

C'est précisément dans cette perspective que s'inscrit le présent mémoire. Face aux limitations des approches de segmentation conventionnelles, notamment en termes de précision et de robustesse face au bruit et à l'hétérogénéité des images médicales, nous proposons une approche fondée sur l'algorithme de classification floue FCM (Fuzzy C-Means) amélioré par l'optimisation MPA (Marine Predators Algorithm). Les chapitres suivants présenteront en détail les fondements théoriques de ces méthodes, leur intégration et les résultats obtenus sur des images médicales réelles.

1 Introduction

La segmentation des images médicales constitue une étape essentielle dans le domaine de l'imagerie médicale, jouant un rôle clé dans le diagnostic, la planification des traitements et le suivi des maladies [13]. Essentiellement, cette technique consiste à diviser une image en régions significatives ou en structures spécifiques comme les organes, les tissus ou les zones pathologiques afin de faciliter une analyse détaillée et précise. La qualité et l'efficacité de la segmentation influencent directement les soins prodigués aux patients, ce qui en fait un élément crucial de la médecine moderne.

L'évolution de l'imagerie médicale, passant des radiographies simples aux modalités avancées telles que l'IRM, le scanner (CT) ou la tomographie par émission de positrons (PET), a considérablement amélioré notre capacité à visualiser et comprendre le corps humain. Cependant, ces progrès ont également introduit de nouveaux défis. Les images médicales sont souvent complexes, présentant une grande variabilité en termes de résolution, de contraste et de bruit. De plus, les structures anatomiques peuvent être très intriquées et se chevaucher, ce qui rend l'identification et la segmentation précises particulièrement difficiles.

Parmi les défis majeurs de la segmentation médicale, on compte la variabilité des intensités tissulaires d'un patient à l'autre, le bruit inhérent aux modalités d'imagerie (notamment en IRM), et la nature graduelle des frontières biologiques problèmes que les méthodes classiques de segmentation peinent à résoudre de manière robuste et reproductible.

Au fil des années, de nombreuses méthodes de segmentation ont été développées, allant des approches traditionnelles basées sur le seuillage ou la croissance de régions aux techniques récentes utilisant l'apprentissage automatique et l'intelligence artificielle. Dans ce chapitre, nous passerons en revue ces différentes méthodes, leurs avantages et limites, en mettant l'accent sur le clustering flou et ses extensions hybrides, qui constituent le fondement théorique de notre contribution FCM-MPA.

2 Méthodes classiques de segmentation

Les méthodes classiques de segmentation constituent les fondements historiques du traitement d'images médicales. Bien que conceptuellement simples et computationnellement efficaces, elles présentent des limitations structurelles lorsqu'elles sont appliquées à des images cliniques réelles. Nous présentons ci-après les trois familles principales de ces méthodes, en soulignant leurs principes, leurs applications et leurs échecs caractéristiques en imagerie médicale.

2.1 Méthodes basées sur le seuillage

Le seuillage est une technique fondamentale qui consiste à transformer une image en niveaux de gris en une image binaire selon un seuil de luminosité T . [14]. La valeur du pixel $S(x,y)$ dans l'image segmentée est définie par :

$$\begin{aligned} S(x,y) &= 1 \text{ si } I(x,y) \geq T \\ S(x,y) &= 0 \text{ si } I(x,y) < T \end{aligned}$$

La méthode d'Otsu [15] automatise le choix du seuil en maximisant la variance inter-classe. Le seuillage itératif [16] ajuste progressivement T par convergence. Le seuillage à erreur minimale suppose une distribution gaussienne des intensités, tandis que la méthode par entropie [17] maximise l'information contenue dans l'image binaire.

Les méthodes de seuillage local (Niblack, Sauvola, Bernsen) [18] adaptent le seuil aux caractéristiques locales de l'image. Cependant, toutes ces méthodes échouent systématiquement en imagerie médicale lorsque les intensités des tissus d'intérêt chevauchent celles des tissus environnants situation ubiquitaire en IRM et en TDM.

2.2 Méthodes basées sur les contours

La détection de contours repose sur l'identification des discontinuités brusques d'intensité dans l'image [19]. Les opérateurs différentiels du premier ordre (Roberts, Prewitt, Sobel, Canny) [20] calculent le gradient d'intensité, tandis que les opérateurs du second ordre (Laplacien, Laplacien de Gaussien) [21] détectent les passages par zéro de la dérivée seconde.

Ces méthodes présentent plusieurs limitations en contexte médical : (i) sensibilité au bruit, qui génère des contours parasites ; (ii) difficulté avec les contours faibles, typiques des tumeurs infiltrantes ; (iii) production de contours incomplets, nécessitant une reconstruction manuelle fastidieuse.

2.3 Méthodes basées sur les régions

La segmentation basée sur les régions regroupe les pixels homogènes en zones cohérentes [22]. Trois approches principales se distinguent :

- La croissance de régions (Region Growing) [23] part de points initiaux (seeds) et étend progressivement la région aux pixels voisins similaires. Son efficacité dépend crucialement du choix des seeds et du critère d'homogénéité.
- La division et fusion (Split and Merge) [24] subdivise récursivement les régions non homogènes et fusionne les régions adjacentes similaires. Sa complexité computationnelle et sa dépendance aux paramètres limitent son utilisation clinique.
- La méthode des lignes de partage des eaux (Watershed) [25] simule une inondation topographique à partir des minima locaux de l'image. Bien que puissante pour séparer les objets proches, elle est très sensible au bruit, entraînant une sur-segmentation fréquente qui nécessite des étapes de post-traitement lourdes.

Synthèse critique

Les méthodes classiques, bien que simples et rapides, échouent face à la complexité intrinsèque des images médicales : bruit structurel, faible contraste entre tissus pathologiques et sains, frontières biologiquement graduelles. Elles nécessitent des hypothèses strictes (homogénéité régionale, contraste net objet/arrière-plan) rarement vérifiées en pratique clinique. Cette constatation motive le recours aux approches d'intelligence artificielle, capables de modéliser des relations plus complexes entre pixels et de s'adapter aux variations inter-patients.

3 Méthodes d'apprentissage automatique

L'apprentissage automatique (Machine Learning) a révolutionné la segmentation d'images médicales en introduisant des modèles capables d'apprendre des patterns complexes à partir de données. On distingue les méthodes supervisées, qui nécessitent des annotations expertes, des méthodes non supervisées, qui exploitent la structure intrinsèque des données.

3.1 Classification supervisée classique

Les méthodes de classification supervisée pour la segmentation consistent à attribuer une étiquette de classe à chaque pixel ou région en fonction de caractéristiques extraites [26]. Le processus comporte trois étapes : extraction des caractéristiques, apprentissage du modèle sur données annotées, et prédiction sur nouvelles images.

Le **K plus proches voisins (K-NN)** [19] est un classifieur non paramétrique qui attribue à chaque pixel la classe majoritaire parmi ses k voisins les plus proches dans l'espace des caractéristiques. Bien que simple, il est coûteux en calcul et peu robuste au bruit.

Le **Random Forest** [30] combine un ensemble d'arbres de décision par vote majoritaire. Il offre une bonne robustesse au bruit et gère efficacement les données complexes, mais sa performance dépend fortement de la qualité des caractéristiques manuellement extraites.

Les **machines à vecteurs de support (SVM)** [31] recherchent un hyperplan optimal séparant les classes en maximisant la marge. Grâce aux fonctions noyaux (RBF, polynomial), elles modélisent des frontières de décision complexes. Elles sont efficaces même avec peu de données, mais restent limitées par la nécessité d'une ingénierie de caractéristiques pertinente.

Limites communes. Ces méthodes supervisées classiques souffrent d'une dépendance critique aux caractéristiques manuellement conçues (intensité, texture, contours) et nécessitent des données annotées de qualité. Elles peinent à capturer les relations spatiales hiérarchiques présentes dans les images médicales.

3.2 Réseaux de neurones convolutifs (CNN)

Les réseaux de neurones convolutifs (CNN) représentent l'état de l'art actuel en segmentation d'images [26]. Leur architecture hiérarchique permet d'apprendre automatiquement des caractéristiques de bas niveau (contours, textures) aux niveaux supérieurs (formes, structures anatomiques), éliminant le besoin d'extraction manuelle de features.

Plusieurs architectures majeures ont émergé :

- **Fully Convolutional Networks (FCN)** [27] : première architecture entièrement convolutionnelle remplaçant les couches fully-connected par des convolutions, permettant une prédiction pixel-à-pixel de même résolution que l'image d'entrée.
- **U-Net** [32] : architecture encodeur-décodeur avec des connexions de saut (skip connections) qui propagent les informations de haute résolution depuis l'encodeur vers le décodeur. Spécifiquement conçue pour l'imagerie biomédicale avec peu d'images d'entraînement, elle est devenue la référence en segmentation médicale.
- **U-Net++** : extension d'U-Net avec des connexions imbriquées et denses, améliorant la précision des contours.
- **SegNet** [33] : architecture encodeur-décodeur optimisée en mémoire grâce à un mécanisme de suréchantillonnage basé sur les indices de max-pooling.
- **DeepLab** [34] : utilise des convolutions dilatées (trous) et des champs aléatoires conditionnels (CRF) pour améliorer la précision des contours, particulièrement efficace en segmentation sémantique.
- **Mask R-CNN** [35] : étend la détection d'objets en ajoutant une branche de segmentation au niveau pixel pour chaque instance détectée, permettant la segmentation d'instance.

Forces et limites.

Les CNN offrent des performances remarquables, souvent supérieures aux méthodes classiques, grâce à leur capacité d'apprentissage de représentations hiérarchiques. Cependant, ils présentent des inconvénients majeurs en contexte médical : (i) besoin massif de données annotées, coûteuses à produire ; (ii) coût computationnel élevé, nécessitant des GPU performants ; (iii) nature de boîte noire, limitant l'interprétabilité clinique et la confiance des praticiens ; (iv) difficulté de généralisation entre centres hospitaliers et scanners différents.

4 Méthodes de clustering

Les méthodes de clustering constituent une approche non supervisée largement utilisée en segmentation d'images. Elles consistent à regrouper les pixels en ensembles (clusters) en fonction de leur similarité, selon des caractéristiques telles que la couleur, l'intensité ou la texture [36][37]. Contrairement aux méthodes supervisées, elles ne nécessitent pas de données étiquetées, ce qui les rend particulièrement utiles lorsque l'annotation manuelle est difficile, coûteuse ou impossible à obtenir.

Le principe du clustering repose sur la formation de groupes de pixels où la similarité au sein d'un même cluster est élevée, tandis que la différence entre clusters est maximale. Cette approche est particulièrement pertinente en imagerie médicale où les frontières entre tissus sont souvent graduelles et où les classes tissulaires ne sont pas toujours clairement définies.

4.1 Clustering hiérarchique

Le clustering hiérarchique organise les données en groupes de manière itérative, selon une approche ascendante (agglomérative) ou descendante (divisive). Cette technique construit un dendrogramme, une structure arborescente qui illustre visuellement la hiérarchie des clusters [38].

Dans l'approche agglomérative, chaque point commence comme un cluster individuel et les clusters les plus proches sont fusionnés progressivement. Dans l'approche divisive, on part d'un seul cluster contenant tous les points, qui est ensuite divisé récursivement. Le clustering hiérarchique présente l'avantage de ne pas nécessiter de définir à l'avance le nombre de clusters et de permettre une visualisation des relations hiérarchiques.

Limites. Sa complexité de $O(n^3)$ pour les méthodes agglomératives le rend difficile à utiliser sur les grandes images médicales. De plus, les décisions de fusion ou de division sont irréversibles, ce qui peut propager les erreurs initiales et produire des résultats sous-optimaux.

4.2 Clustering partitionnel dur

Les méthodes de clustering partitionnel consistent à regrouper les données en plusieurs clusters distincts sans chevauchement, en optimisant une fonction objectif. L'objectif est de maximiser la similarité intra-cluster tout en minimisant l'inter-cluster [39].

K-Means. L'algorithme K-Means [40] est la méthode de clustering partitionnel la plus répandue. Il minimise la variance intra-cluster selon l'objectif :

$$J = \sum_i \sum_{x \in C_i} \|x - \mu_i\|^2$$

Chapitre 2 : État de l'art sur la segmentation

où μ_i est le centroïde du cluster C_i . L'algorithme alterne entre l'affectation des points au centroïde le plus proche et la mise à jour des centroïdes. Bien que simple et rapide, K-Means est sensible à l'initialisation, converge vers des optima locaux, et suppose des clusters sphériques et de taille comparable – hypothèse rarement vérifiée en anatomie médicale.

DBSCAN. L'algorithme DBSCAN [41] regroupe les points selon leur densité spatiale et identifie les outliers. Il détecte automatiquement le nombre de clusters et permet des formes arbitraires. Cependant, il est sensible au choix des paramètres ε (rayon de voisinage) et min_samples (densité minimale), et peut échouer lorsque les clusters présentent des densités très différentes.

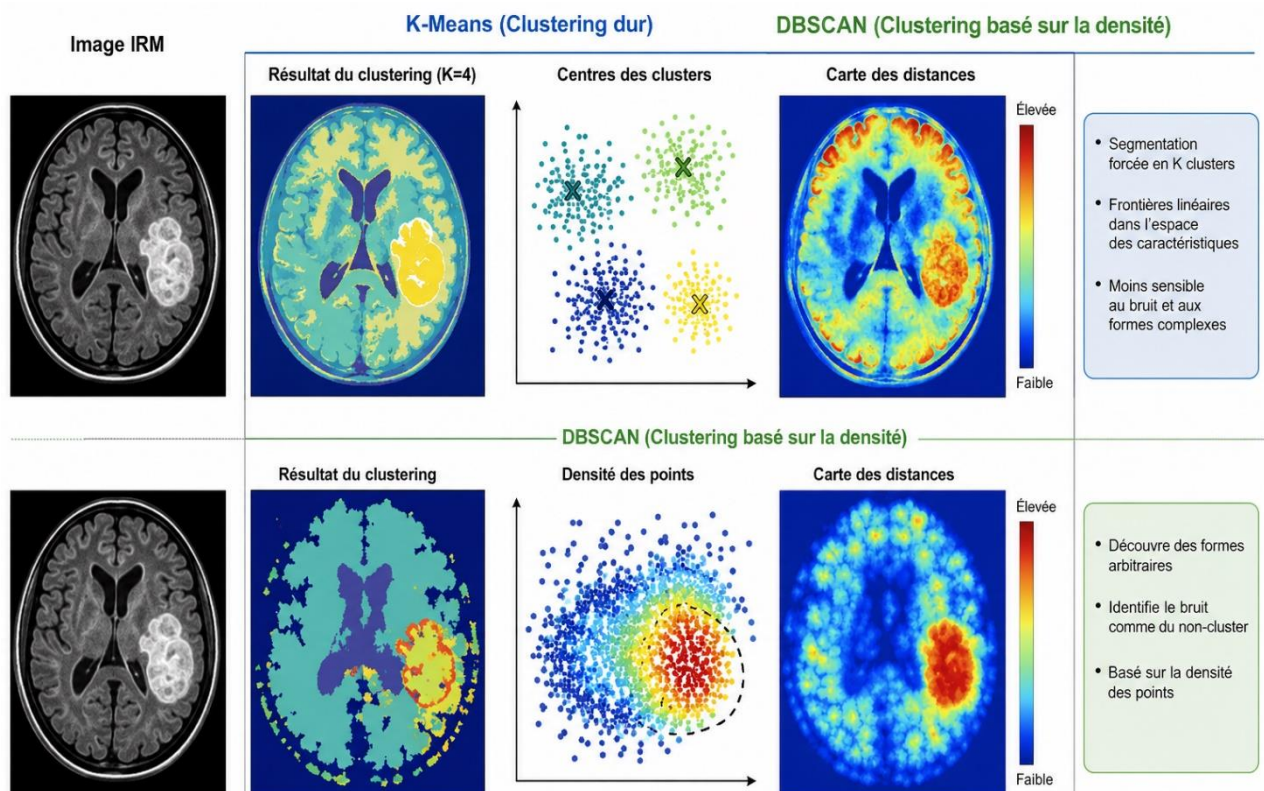


Figure 2.1 : Comparaison visuelle des méthodes de clustering dur K-Means vs DBSCAN

Limites du clustering dur. L'appartenance binaire (0 ou 1) de ces méthodes est particulièrement inadaptée à l'imagerie médicale où les frontières entre tissus sont naturellement graduelles. Un pixel situé à l'interface entre tumeur et œdème, par exemple, possède des caractéristiques intermédiaires qu'aucun clustering dur ne peut modéliser correctement.

5 Clustering flou et Fuzzy C-Means (FCM)

Le clustering flou (soft clustering) constitue une avancée conceptuelle majeure par rapport au clustering dur. Il permet à chaque point de données d'appartenir partiellement à plusieurs clusters, selon un degré d'appartenance continu dans l'intervalle $[0,1]$. Cette propriété est fondamentale pour l'imagerie médicale où les transitions tissulaires sont biologiquement graduelles.

5.1 Principes du clustering flou

Contrairement au clustering dur où l'appartenance est binaire (0 ou 1), le clustering flou associe à chaque point x_j un **vecteur d'appartenance** $u_j = (u_{1j}, u_{2j}, \dots, u_{cj})$ tel que :

$$0 \leq u_{ij} \leq 1, \quad \forall i, j$$

$$\sum_i u_{ij} = 1, \quad \forall j$$

Cette modélisation offre trois avantages décisifs en imagerie médicale :

- Modélisation des frontières graduelles. Un pixel à l'interface entre deux tissus possède des degrés d'appartenance intermédiaires, reflétant fidèlement la réalité biologique.
- Quantification de l'incertitude. Les degrés d'appartenance proches de 0.5 indiquent une zone ambiguë, utile pour guider l'intervention d'un expert clinique.
- Robustesse au bruit. La contribution d'un pixel bruité à un cluster est pondérée par son degré d'appartenance, limitant son impact sur les centroïdes.

5.2 Fuzzy C-Means standard (Bezdek, 1981)

Le Fuzzy C-Means (FCM), introduit par Bezdek [42], est l'algorithme de clustering flou le plus fondamental et le plus largement utilisé. Il généralise le K-Means en remplaçant l'appartenance binaire par des degrés d'appartenance flous.

Formulation mathématique. L'objectif du FCM est de minimiser la fonction suivante :

$$J_{FCM}(U, C) = \sum_{i=1}^c \sum_{j=1}^N u_{ij}^m \|x_j - c_i\|^2$$

sous les contraintes :

$$\sum_{i=1}^c u_{ij} = 1, \quad \forall j \in \{1, \dots, N\}$$

$$0 \leq u_{ij} \leq 1, \quad \forall i, j$$

où :

- c : nombre de clusters (classes tissulaires)
- N : nombre de pixels dans l'image
- u_{ij} : degré d'appartenance du pixel j au cluster i
- c_i : centroïde (prototype) du cluster i

- $m \in [1, \infty[$: paramètre de fuzzification (fuzzifier) contrôlant le degré de flou des clusters. Pour $m = 1$, FCM se réduit à K-Means. Pour $m \rightarrow \infty$, tous les degrés d'appartenance tendent vers $1/c$.

Mise à jour itérative.

L'optimisation de J_{FCM} se fait par alternance de deux étapes jusqu'à convergence :

1. Mise à jour des degrés d'appartenance :

$$u_{ij} = \left[\sum_{k=1}^c \left(\frac{|x_j - c_i|}{|x_j - c_k|} \right)^{\frac{2}{m-1}} \right]^{-1}$$

2. Mise à jour des centroïdes :

$$c_i = \frac{\sum_{j=1}^N u_{ij}^m x_j}{\sum_{j=1}^N u_{ij}^m}$$

L'algorithme converge lorsque la variation maximale des degrés d'appartenance entre deux itérations successives devient inférieure à un seuil ε prédéfini.

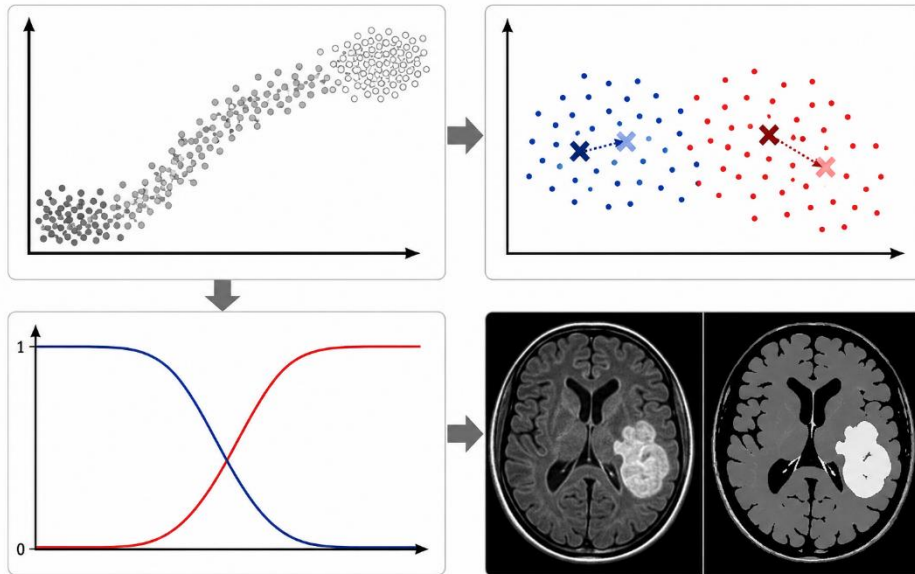


Figure 2.2 : Illustration du FCM — (a) pixels dans l'espace des intensités, (b) centroïdes initiaux et finaux, (c) fonctions d'appartenance floues pour deux clusters, (d) segmentation résultante sur image IRM

5.3 Limites du FCM standard

Malgré ses avantages théoriques, le FCM standard présente des limitations significatives lorsqu'il est appliqué à des images médicales réelles :

1. Sensibilité au bruit et aux artefacts. Le FCM standard ne prend pas en compte l'information spatiale des pixels. Un pixel bruité isolé peut influencer fortement les centroïdes car son degré d'appartenance dépend uniquement de sa distance aux centroïdes, sans considération de son voisinage. En imagerie médicale, le bruit de Rician (IRM) et le bruit de Poisson (TDM) sont omniprésents et dégradent significativement la qualité de la segmentation.

2. Absence de modélisation probabiliste des intensités. Le FCM minimise une distance euclidienne dans l'espace des intensités, supposant implicitement que les distributions tissulaires sont sphériques et uniformes. Or, les intensités des tissus biologiques suivent des distributions statistiques complexes (gaussiennes, Rician, non-paramétriques) que la distance euclidienne ne modélise pas fidèlement.

3. Sensibilité à l'initialisation. L'algorithme converge vers un minimum local de la fonction objectif. Une initialisation aléatoire des centroïdes peut donc conduire à des solutions sous-optimales, particulièrement en présence de classes tissulaires de tailles et de contrastes très différents.

4. Difficulté d'ajustement du paramètre m . Le choix du fuzzifier m est empirique et influence fortement les résultats. Une valeur trop faible (proche de 1) réduit le FCM à un K-Means, perdant l'avantage du flou. Une valeur trop élevée dilue excessivement les degrés d'appartenance, rendant la segmentation imprécise.

5. Non-prise en compte du contexte anatomique. Le FCM traite chaque pixel indépendamment, ignorant les relations spatiales et les contraintes anatomiques. Un pixel de tumeur isolé au milieu d'un tissu sain est aussi valide qu'un pixel de tumeur au sein d'une masse tumorale, ce qui est anatomiquement irréaliste.

5.4 Extensions de FCM pour l'imagerie médicale

Pour surmonter les limitations du FCM standard, de nombreuses extensions ont été proposées. Le Tableau 3.1 présente une synthèse comparative des principales variantes.

Tableau 3.1 : Comparaison des principales extensions de FCM pour la segmentation d'images médicales

Variante	Contribution principale	Avantage	Limites
sFCM (Ahmed et al., 2002)	Ajout d'un terme spatial de voisinage dans la fonction objectif	Robustesse au bruit; préservation des contours	Paramètre spatial λ difficile à ajuster
EnFCM (Krinidis & Chatzis, 2010)	Régularisation par entropie de Shannon	Meilleure convergence; stabilité numérique	Complexité accrue; perte d'information spatiale
RFCM	Distance robuste aux outliers (ex: distance de Huber)	Insensibilité aux valeurs aberrantes	Choix de la fonction de robustesse
MSFCM	Intégration de caractéristiques multi-spectrales	Exploitation de plusieurs canaux/modalités	Curse of dimensionality; calibration spectrale
FGFCM (Cai et al., 2007)	Pondération spatiale et d'intensité combinées	Robustesse bruit + préservation détails	Paramètres multiples à régler

Ces extensions améliorent significativement le FCM standard, mais aucune ne résout simultanément les problèmes de robustesse au bruit, modélisation statistique des intensités et convergence stable. Cette lacune motive l'introduction de méthodes hybrides combinant le FCM avec d'autres paradigmes, notamment les modèles probabilistes d'apparence.

6 Méthodes hybrides et évolutionnaires

Face aux limites des approches pures, la communauté scientifique a développé des méthodes hybrides combinant le FCM avec d'autres paradigmes d'optimisation et de modélisation. Ces hybridations visent à compenser les faiblesses réciproques des méthodes constitutives, en créant des systèmes plus robustes et plus adaptés aux contraintes cliniques.

6.1 FCM et Particle Swarm Optimization (PSO-FCM)

Le Particle Swarm Optimization (PSO), proposé par Kennedy et Eberhart en 1995, est une métaheuristique d'optimisation inspirée du comportement social des essaims d'oiseaux et d'insectes. Dans le contexte de la segmentation d'images, le PSO-FCM combine la capacité d'exploration globale

du PSO avec le clustering flou du FCM pour optimiser les centroïdes initiaux et éviter les minima locaux.

Principe de fonctionnement. Chaque particule dans l'essaim représente un ensemble de centroïdes candidats pour le FCM. Les particules évoluent dans l'espace de recherche selon leur vitesse, influencée par leur meilleure position individuelle ($pbest$) et la meilleure position globale de l'essaim ($gbest$). La mise à jour de la position d'une particule i à l'itération $t+1$ suit les équations :

$$v_i(t+1) = w v_i(t) + c_1 r_1 (pbest_i - x_i(t)) + c_2 r_2 (gbest - x_i(t))$$
$$x_i(t+1) = x_i(t) + v_i(t+1)$$

où w est le coefficient d'inertie, c_1 et c_2 sont les coefficients cognitif et social, et r_1, r_2 sont des nombres aléatoires dans $[0,1]$. Après convergence du PSO, les meilleurs centroïdes obtenus servent d'initialisation au FCM standard.

Application en imagerie médicale. Omran et al. [43] ont proposé une approche PSO-FCM pour le clustering d'images, démontrant que l'optimisation des centroïdes par PSO améliore significativement la qualité de segmentation par rapport au FCM avec initialisation aléatoire. Le PSO-FCM a été appliqué avec succès à la segmentation d'images IRM cérébrales, où la robustesse au bruit et la stabilité de convergence sont essentielles.

Avantages. Équilibre efficace entre exploration (diversité des solutions) et exploitation (affinement des meilleures solutions), convergence rapide sur des espaces de recherche de dimension modérée, absence de besoin de gradient.

Limites. Convergence prématurée sur des fonctions multimodales complexes, sensibilité aux paramètres w, c_1 et c_2 , coût computationnel proportionnel au nombre de particules et d'itérations.

6.2 FCM et Algorithme Génétique (GA-FCM)

L'Algorithme Génétique (GA), introduit par Holland en 1975, s'inspire des mécanismes de sélection naturelle et d'évolution darwinienne. Le GA-FCM utilise les opérateurs génétiques (sélection, croisement, mutation) pour faire évoluer une population de chromosomes, où chaque chromosome encode un ensemble de centroïdes FCM.

Principe de fonctionnement. La population initiale est générée aléatoirement, chaque individu représentant une solution candidate (centroïdes). La fonction de fitness évalue la qualité de chaque solution selon la fonction objectif du FCM. Les opérateurs génétiques sont appliqués itérativement :

- **Sélection.** Choix des individus les plus adaptés (roulette, tournoi, rang).
- **Croisement (Crossover).** Recombinaison de deux parents pour produire des descendants.
- **Mutation.** Modification aléatoire d'un gène pour maintenir la diversité.

Maulik et Bandyopadhyay [44] ont proposé un GA-FCM où l'algorithme génétique optimise simultanément le nombre de clusters, les centroïdes et le paramètre de fuzzification m . Cette approche auto-adaptative évite le réglage empirique des paramètres.

Avantages. Exploration globale robuste de l'espace de recherche, capacité à optimiser simultanément plusieurs paramètres (centroïdes, m , nombre de clusters), pas de dépendance à l'initialisation.

Limites. Convergence lente, nombreux paramètres à régler (taille de population, taux de croisement/mutation), risque de convergence prématurée si la diversité génétique n'est pas maintenue.

6.3 FCM et Grey Wolf Optimizer (GWO-FCM)

Le Grey Wolf Optimizer (GWO), proposé par Mirjalili et al. en 2014, s'inspire de la hiérarchie sociale et du comportement de chasse des loups gris. Dans la meute, quatre niveaux hiérarchiques se distinguent : alpha (leader), beta, delta et omega. Le GWO-FCM exploite cette structure pour optimiser les centroïdes du FCM.

Principe de fonctionnement. Les loups représentent les solutions candidates (centroïdes). Les trois meilleurs loups (alpha, beta, delta) dirigent la chasse et guident la mise à jour des positions des autres loups. L'encerclement de la proie est modélisé par :

$$\vec{D} = |\vec{C} \cdot \vec{X}_p(t) - \vec{X}(t)|$$

$$\vec{X}(t+1) = \vec{X}_p(t) - \vec{A} \cdot \vec{D}$$

où X_p est la position de la proie (meilleure solution), X est la position du loup, et A , C sont des coefficients vectoriels. Les coefficients A et C sont calculés par :

$$\vec{A} = 2\vec{a} \cdot \vec{r}_1 - \vec{a}$$

$$\vec{C} = 2 \cdot \vec{r}_2$$

où a décroît linéairement de 2 à 0 au cours des itérations, et r_1, r_2 sont des vecteurs aléatoires dans $[0,1]$. La position finale du loup est déterminée par la moyenne des positions guidées par alpha, beta et delta :

$$\vec{X}(t+1) = \frac{\vec{X}_1 + \vec{X}_2 + \vec{X}_3}{3}$$

Application en imagerie médicale. Nadimi-Shahraki et al. [45] ont développé une version améliorée du GWO (Lévy-GWO) pour le clustering d'images médicales. Le GWO-FCM a été appliqué à la segmentation de tumeurs cérébrales sur des images IRM, démontrant une meilleure précision que le FCM standard et le PSO-FCM. La capacité du GWO à équilibrer automatiquement l'exploration et l'exploitation sans paramètres supplémentaires en fait un choix attractif pour l'optimisation des centroïdes FCM.

Avantages. Pas de paramètres à régler (contrairement au PSO), équilibre naturel exploration/exploitation via la hiérarchie de la meute, convergence rapide grâce à la guidance par les trois meilleurs loups.

Limites. Stagnation possible dans des optima locaux sur des fonctions complexes, performance dégradée en haute dimension (curse of dimensionality), manque de diversité en fin d'optimisation.

6.4 FCM et Whale Optimization Algorithm (WOA-FCM)

Le Whale Optimization Algorithm (WOA), introduit par Mirjalili et Lewis en 2016, s'inspire de la stratégie de chasse des baleines à bosse par bubble-net feeding. Cette métaheuristique a été hybridée avec le FCM pour optimiser les centroïdes initiaux et améliorer la robustesse de la segmentation [46].

Principe de fonctionnement. Le WOA simule trois comportements de chasse :

- **Encerclement de la proie.** Les baleines identifient la meilleure solution (proie) et se rapprochent :

$$\vec{D} = |\vec{C} \cdot \vec{X}^*(t) - \vec{X}(t)|$$

$$\vec{X}(t+1) = \vec{X}^*(t) - \vec{A} \cdot \vec{D}$$

- **Attaque en spirale (bubble-net).** La baleine nage en spirale vers la proie :

$$\vec{X}(t+1) = \vec{D} \cdot e^{bl} \cdot \cos(2\pi l) + \vec{X}^*(t)$$

- **Recherche de proie (exploration).** Quand $|A| > 1$, la baleine explore l'espace en suivant une baleine aléatoire :

$$\vec{X}(t+1) = \vec{X}_{rand} - \vec{A} \cdot |\vec{C} \cdot \vec{X}_{rand} - \vec{X}(t)|$$

Application en imagerie médicale. Une hybridation FCM-WOA a été proposée pour la segmentation d'images médicales [47], utilisant la distance de Chebyshev pour remplacer la distance euclidienne standard du FCM. Le WOA optimise les centres de clusters initiaux, tandis que le FCM affine la segmentation. Cette approche a été testée sur des images IRM cérébrales avec des résultats prometteurs. Aswathi et al. [48] ont utilisé le WOA pour la sélection de features après segmentation FCM dans un système de prédiction des maladies cardiaques.

Avantages. Simplicité (un seul paramètre principal à régler), mécanisme de spirale efficace pour l'optimisation locale, bonne capacité d'équilibre entre exploration et exploitation.

Limites. Convergence lente en fin d'optimisation, risque de stagnation si le paramètre de probabilité est mal choisi, difficulté à échapper aux optima locaux dans des espaces de haute dimension.

6.5 FCM et Harris Hawks Optimization (HHO-FCM)

Le Harris Hawks Optimization (HHO), proposé par Heidari et al. en 2019, est une métaheuristique récente inspirée du comportement de chasse collaboratif des buses de Harris (Harris Hawks). Ces rapaces sont connus pour leur stratégie de chasse en groupe appelée « seven kills », combinant plusieurs phases d'attaque et d'exploration. Le HHO-FCM a été appliqué avec succès à la segmentation d'images médicales [49].

Principe de fonctionnement. Le HHO modélise plusieurs phases de chasse :

- **Phase d'exploration (perchée/survol).** Les buses explorent l'espace de recherche selon deux stratégies :

$$X(t + 1) = X_{rand}(t) - r_1 |X_{rand}(t) - 2r_2 X(t)| \quad \text{si } q \geq 0.5$$

$$X(t + 1) = (X_p(t) - X_m(t)) - r_3 (lb + r_4 (ub - lb)) \quad \text{si } q < 0.5$$

- **Transition exploration→exploitation.** L'énergie d'évasion E du lapin décroît :

$$E = 2E_0 \left(1 - \frac{t}{T}\right)$$

où $E_0 \in [-1,1]$ est l'énergie initiale, t l'itération courante et T le nombre maximal d'itérations.

- **Phase d'exploitation (attaque surprise).** Quatre stratégies d'attaque selon la valeur de $|E|$ et le succès de l'évasion :

$|E| \geq 0.5$: Attaque douce (rapide dives)

$|E| < 0.5$: Attaque dure (progressive rapprochement)

Application en imagerie médicale. Iswisi et al. [50] ont utilisé le HHO pour sélectionner les centres de clusters optimaux dans le FCM pour la segmentation d'images IRM cérébrales. Leur approche a été testée sur des images de patients atteints de sclérose en plaques, démontrant une précision supérieure au FCM standard et au K-Means. Bao et al. [51] ont proposé une hybridation HHO-DE (Differential Evolution) pour la segmentation par seuillage multilevel d'images médicales, utilisant l'entropie d'Otsu et l'entropie de Kapur comme fonctions de fitness.

Avantages. Mécanisme d'exploration original, transition douce entre exploration et exploitation via l'énergie d'évasion, bonne performance sur fonctions multimodales, simple à implémenter avec peu de paramètres.

Limites. Paramètres de l'énergie à ajuster, risque de divergence si l'énergie ne décroît pas correctement, performance dégradée lorsque la dimension du problème augmente, exploration plus faible que l'exploitation.

6.6 Synthèse comparative des approches métaheuristiques FCM

Le Tableau 3.2 présente une synthèse comparative des cinq approches métaheuristiques hybridées avec le FCM.

Tableau 3.2 : Comparaison des approches métaheuristiques hybridées avec FCM

Approche	Inspiration biologique	Paramètres clés	Forces principaux	Faiblesse principale
PSO-FCM [43]	Essaim d'oiseaux/ insects	Inertie w , coefficients c_1, c_2	Équilibre exploration/ exploitation efficace	Convergence prematurée
GA-FCM [44]	Évolution darwinienne	Population, taux croisement/ mutation	Exploration globale robuste	Lenteur, convergence prematurée
GWO-FCM [45]	Meute de loups gris	Aucun (auto- adaptatif)	Pas de paramètres, équilibre naturel	Stagnation en haute dimension
WOA-FCM [46][47][48]	Chasse baleines à bosse	Probabilité a , spirale b	Simplicité, spirale efficace	Convergence lente finale
HHO-FCM [49][50][51]	Chasse buses de Harris	Énergie E , paramètres attaque	Transition douce, multimodal efficace	Paramètres énergie sensibles

Limites communes des métaheuristiques FCM

Malgré leurs différences, ces approches métaheuristiques partagent une limitation fondamentale : elles ne modélisent pas la distribution statistique des intensités tissulaires. Leur contribution se limite à l'optimisation numérique de la fonction objectif FCM, sans intégrer de connaissance a priori sur l'apparence des tissus . C'est précisément ce que le Modèle Probabiliste d'Apparence (MPA) apporte,

Chapitre 2 : État de l’art sur la segmentation

positionnant FCM-MPA comme une hybridation de nature différente — non pas évolutionnaire mais statistique

7 Conclusion

Ce chapitre a présenté un panorama complet des approches de segmentation d'images médicales, des méthodes classiques aux techniques d'intelligence artificielle les plus avancées. Plusieurs enseignements majeurs se dégagent de cette revue.

Premièrement, les méthodes classiques de segmentation (seuillage, détection de contours, croissance de régions) présentent des limites structurelles face à la complexité des images médicales. Leur dépendance à des hypothèses strictes homogénéité régionale, contraste net, absence de bruit — les rend inadaptées aux tâches de segmentation tumorale où les frontières sont graduelles et les tissus hétérogènes.

Deuxièmement, les approches par deep learning, notamment les architectures U-Net et leurs dérivées, ont établi de nouveaux standards de performance en segmentation médicale. Leur capacité à apprendre des représentations hiérarchiques à partir de grandes quantités de données annotées est remarquable. Cependant, leur nature de boîte noire, leur dépendance aux données annotées massives et leur coût computationnel élevé constituent des obstacles majeurs à leur déploiement généralisé en environnement clinique.

Troisièmement, le clustering flou, incarné par le Fuzzy C-Means, offre une modélisation probabiliste naturelle des frontières tissulaires, alignée avec la réalité biologique. Ses degrés d'appartenance continus traduisent l'incertitude inhérente au diagnostic médical. Néanmoins, le FCM standard souffre d'une sensibilité au bruit et d'une absence de modélisation statistique des distributions tissulaires, limitant sa fiabilité sur des images cliniques réelles.

Quatrièmement, les méthodes hybrides combinant le FCM avec d'autres paradigmes algorithmes évolutionnaires, modèles probabilistes, deep learning représentent la voie la plus prometteuse pour surmonter les limitations des approches pures. Parmi ces hybridations, l'intégration d'un Modèle Probabiliste d'Apparence (MPA) au sein du FCM se distingue par sa capacité à stabiliser la convergence, modéliser les distributions réelles des intensités et améliorer la robustesse au bruit, tout en préservant l'interprétabilité et la légèreté computationnelle du clustering flou.

Cette analyse positionne FCM-MPA comme une contribution méthodologique pertinente dans le paysage de la segmentation médicale : une méthode interprétable, robuste et peu gourmande en données annotées, particulièrement adaptée aux contraintes des environnements cliniques réels.

Le chapitre suivant détaillera les fondements mathématiques de FCM-MPA, depuis la formulation de sa fonction objectif jusqu'à l'algorithme d'optimisation complet, en passant par l'intégration du terme

Chapitre 2 : État de l'art sur la segmentation

MPA et l'analyse de sa convergence. Cette présentation théorique constitue le socle sur lequel reposent les validations expérimentales du chapitre 4.

1. Introduction

La segmentation des tumeurs cérébrales dans les images d'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM) multi-modalités constitue l'une des problématiques les plus complexes et les plus cruciales du domaine de l'imagerie médicale computationnelle. Au carrefour du traitement du signal, de la vision par ordinateur et de l'intelligence artificielle appliquée à la santé, cette tâche requiert des approches algorithmiques capables de gérer simultanément l'hétérogénéité inter-patient des lésions tumorales, les artefacts d'acquisition inhérents aux modalités IRM, et la variabilité intra-tumorale des intensités de signal. La précision de la segmentation conditionne directement la qualité du diagnostic clinique, la planification chirurgicale, le suivi thérapeutique et l'évaluation de la réponse aux traitements anti-tumoraux.

Les approches classiques de segmentation, qu'elles soient fondées sur des techniques de seuillage global, de croissance de région ou de contours actifs, atteignent leurs limites face aux caractéristiques intrinsèques des gliomes cérébraux, dont les frontières irrégulières, les régions nécrotiques internes, les zones de rehaussement hétérogène et les œdèmes péri-tumoraux étendus constituent des obstacles majeurs à une délimitation automatique fiable. L'avènement des méthodes d'apprentissage automatique, et plus particulièrement des algorithmes de clustering flou, a permis de franchir un palier décisif en offrant une représentation probabiliste des appartenances des voxels aux différentes classes tissulaires. Parmi ces méthodes, l'algorithme Fuzzy C-Means (FCM) se distingue par son élégance mathématique, son efficacité computationnelle et sa capacité à capturer les ambiguïtés inhérentes aux interfaces tissu/tumeur dans les images IRM.

Cependant, le FCM standard souffre de limitations fondamentales qui compromettent ses performances dans les contextes cliniques réels. Sa sensibilité critique aux conditions d'initialisation des centres de clusters, sa propension à converger vers des minima locaux de sa fonction objectif et son manque de robustesse face aux artefacts d'inhomogénéité d'intensité constituent des défauts structurels qui ont motivé l'exploration de stratégies d'hybridation avec des algorithmes d'optimisation métaheuristiques. C'est dans cette perspective que s'inscrit l'approche proposée dans ce mémoire, qui combine les capacités de partition floue du FCM avec la puissance d'exploration globale du Marine Predators Algorithm (MPA).

Le Marine Predators Algorithm, introduit par Faramarzi et al. en 2020, est une métaheuristique bio-inspirée fondée sur les stratégies de chasse optimales développées par les

prédateurs marins au cours de l'évolution. Tirant parti des mouvements Browniens et des vols de Lévy observés dans les déplacements des organismes marins, le MPA réalise un équilibre sophistiqué entre phases d'exploration et d'exploitation, lui conférant une capacité remarquable à s'extraire des minima locaux tout en convergeant efficacement vers l'optimum global. L'hybridation FCM-MPA que nous proposons exploite le MPA pour optimiser dynamiquement les centres des clusters du FCM, surmontant ainsi les limitations d'initialisation et de convergence locale qui affectent l'algorithme classique.

Ce chapitre présente en détail l'architecture conceptuelle et mathématique de l'approche FCM-MPA proposée. Après une analyse approfondie de la problématique de segmentation des tumeurs cérébrales et une description des étapes de prétraitement des images IRM, nous exposons les fondements théoriques du FCM et du MPA, avant de détailler le mécanisme d'hybridation, l'algorithme complet, son pseudo-code, son organigramme et son analyse de complexité.

2. Présentation Générale du Problème de Segmentation des Tumeurs Cérébrales

Le cerveau humain est une structure anatomique d'une complexité architecturale sans égale, composé de plusieurs types tissulaires aux propriétés de relaxation magnétique distinctes : la matière blanche (WM), la matière grise (GM) et le liquide céphalorachidien (CSF). En présence d'une tumeur cérébrale, cette organisation tissulaire nominale est perturbée par la prolifération cellulaire anormale, donnant lieu à des régions aux caractéristiques radiologiques hétérogènes. Selon la classification de l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS), les tumeurs cérébrales primaires comprennent plusieurs grades histologiques, dont les gliomes de grade II à IV, caractérisés par une progression biologique et une présentation radiologique distinctes.

L'IRM multi-modalités offre une fenêtre d'observation privilégiée sur la biologie intra-tumorale. La modalité T1 pondérée (T1w) révèle l'anatomie cérébrale générale, mettant en évidence les structures de matière blanche et les régions de nécrose tumorale hypointenses. La séquence T1 avec injection de produit de contraste (T1ce) permet de visualiser spécifiquement le noyau tumoral actif en délimitant les zones de rupture de la barrière hémato-encéphalique par rehaussement gadoliné. La modalité T2 pondérée (T2w) est particulièrement sensible à l'œdème péri-tumoral et aux infiltrations tumorales, se manifestant par une hyperintensité caractéristique. Enfin, la séquence FLAIR (Fluid-Attenuated Inversion Recovery) combine les avantages du T2w avec une suppression

du signal liquidien, rendant visibles les zones d'œdème infiltratif périphérique avec une précision diagnostique améliorée.

La segmentation automatique des tumeurs cérébrales en IRM multi-modalités vise à identifier et délimiter trois sous-régions tumorales standardisées, telles que définies dans le cadre de référence BraTS (Brain Tumor Segmentation) : (i) le noyau tumoral (Tumor Core, TC), englobant les régions nécrotiques et les zones de rehaussement actif ; (ii) la tumeur entière (Whole Tumor, WT), incluant l'ensemble de la masse tumorale avec l'œdème péri-tumoral ; et (iii) la tumeur rehaussante (Enhancing Tumor, ET), correspondant aux régions d'hyperintensité en T1ce. Cette décomposition hiérarchique reflète la biologie de la croissance tumorale et les besoins spécifiques des protocoles de traitement radio-chirurgical.

La difficulté inhérente à ce problème de segmentation réside dans la conjonction de plusieurs facteurs adverses. Premièrement, l'hétérogénéité tumorale intra-patiente, liée à la coexistence de sous-populations cellulaires aux niveaux de prolifération et de nécrose distincts, engendre des profils d'intensité multi-modaux difficilement modélisables par des approches gaussiennes simples. Deuxièmement, l'inhomogénéité de champ magnétique B1, résultant des imperfections de la bobine radiofréquence, introduit des gradients d'intensité artificiels qui brouillent les informations de contraste inter-tissulaire. Troisièmement, la variabilité inter-patient des formes tumorales, de leurs localisations anatomiques et de leurs volumes rend toute approche basée sur des modèles d'atlas anatomiques insuffisamment robuste. Ces contraintes justifient le recours à des méthodes d'optimisation globale pour améliorer la précision de la segmentation.

3. Architecture Globale de la Méthode Proposée

L'approche FCM-MPA proposée s'articule autour d'un pipeline de traitement séquentiel organisé en quatre phases principales : le prétraitement des images IRM, l'initialisation du processus d'optimisation par le MPA, la convergence conjointe FCM-MPA vers les centres de clusters optimaux, et la génération de la carte de segmentation finale. Cette architecture modulaire garantit à la fois la reproductibilité des résultats et l'adaptabilité de la méthode à différentes configurations expérimentales.

Dans la phase de prétraitement, les quatre modalités IRM (T1, T1ce, T2, FLAIR) sont soumises à une séquence standardisée d'opérations incluant la normalisation des intensités, le débruitage par filtre gaussien adaptatif, le retrait du crâne (skull-stripping) et la correction de

l'inhomogénéité de champ. Les images prétraitées sont ensuite concaténées en un vecteur de caractéristiques multi-modal de dimension quatre par voxel, constituant l'espace de données d'entrée pour l'algorithme de clustering. La phase d'optimisation implique l'exécution du MPA sur un espace de recherche correspondant aux positions possibles des centres de clusters dans l'espace des caractéristiques multi-modal. Chaque solution candidate (prédateur dans la terminologie MPA) encode un ensemble de C centres de clusters, dont la qualité est évaluée par une fonction fitness dérivée de la fonction objectif FCM. Le processus itératif MPA guide progressivement la population de solutions vers la configuration optimale de centres, avant que le FCM ne procède à la mise à jour finale des degrés d'appartenance et à la génération de la segmentation.

4. Prétraitement des Images IRM

4.1. Normalisation des Intensités

La normalisation des intensités constitue une étape préliminaire indispensable pour assurer la cohérence inter-séquence et inter-patient des données IRM. En l'absence de normalisation, les différences de gain d'acquisition entre les sessions d'imagerie introduisent des biais systématiques qui compromettent la comparabilité des intensités et dégradent les performances des algorithmes de clustering. Nous appliquons une normalisation z-score sur chaque modalité IRM m , consistant à soustraire la moyenne μ_m des intensités des voxels cérébraux (après exclusion du fond) et à diviser par l'écart-type σ_m correspondant :

$$I_{norm(x)} = \frac{(I(x) - \mu_m)}{\sigma_m} \sigma_m \quad (4.1)$$

où $I(x)$ désigne l'intensité originale du voxel x , $\mu_m = (1/N_{brain}) \sum_x I(x)$ est la moyenne calculée sur les N_{brain} voxels appartenant au masque cérébral, et σ_m représente l'écart-type correspondant. Cette transformation projette les intensités dans un espace gaussien centré en zéro d'écart-type unitaire, facilitant la comparaison inter-modalités et améliorant la robustesse du clustering aux variations d'acquisition.

4.2. Réduction du Bruit

Les images IRM sont intrinsèquement affectées par le bruit de Rician, qui se superpose au signal utile lors de l'acquisition et du recalage des données. Ce bruit dégrade la qualité des estimations d'appartenance aux clusters en introduisant des fluctuations artificielles des intensités qui peuvent être interprétées à tort comme des transitions tissulaires réelles. Pour atténuer cet artefact, nous appliquons un filtre gaussien anisotrope adaptatif dont la variance σ_f est modulée localement en fonction du rapport signal-sur-bruit (SNR) estimé :

$$I_{denoised}(x) = \frac{\sum_{y \in \Omega} G(x-y, \sigma_f) I(y)}{\sum_{y \in \Omega} G(x-y, \sigma_f)} \quad (4.2)$$

Où $G(x - y, \sigma_f) = \exp\left(-\frac{|x-y|^2}{2\sigma_f^2}\right)$ est le noyau gaussien défini sur le voisinage Ω du voxel x .

Dans les régions homogènes à fort SNR, σ_f est augmenté pour un lissage plus agressif, tandis que dans les zones de bordures tumorales où les gradients d'intensité sont élevés, σ_f est réduit pour préserver les discontinuités cliniquement significatives. Cette stratégie adaptative constitue un compromis optimal entre atténuation du bruit et préservation des contours.

4.3. Amélioration du Contraste

L'inhomogénéité du champ magnétique B1 introduit des variations basses fréquences de l'intensité qui se superposent au contraste tissulaire d'intérêt diagnostique. Pour corriger ce biais de champ, nous utilisons l'algorithme N4ITK (Non-parametric Non-uniform intensity Normalization), implémenté dans la bibliothèque SimpleITK. Cette méthode modélise le champ de biais comme une exponentielle d'une somme de fonctions splines cubiques B, estimée de manière itérative par maximisation de la vraisemblance :

$$I_{corrected}(x) = \frac{I_{denoised}(x)}{\exp(B(x))} \quad (4.3)$$

où $B(x)$ représente le champ de biais estimé au voxel x . La correction N4ITK améliore significativement l'uniformité des intensités intra-régions, réduisant ainsi la dispersion intra-cluster et améliorant l'efficacité du FCM. Ces étapes de prétraitement sont appliquées séquentiellement à chacune des quatre modalités IRM avant leur concaténation en un vecteur de caractéristiques multi-modal.

5. Fuzzy C-Means (FCM)

5.1. Principe et Fondements Théoriques

L'algorithme Fuzzy C-Means (FCM), introduit par Bezdek en 1981, est un algorithme de classification non supervisée qui généralise l'algorithme des k-moyennes en introduisant le concept d'appartenance floue. Contrairement au clustering crisp où chaque point de données est assigné de manière exclusive à un unique cluster, le FCM attribue à chaque voxel x_j un vecteur de degrés d'appartenance $\mu_{ij} \in [0,1]$ pour chacun des C clusters, reflétant la probabilité partielle que ce voxel appartienne simultanément à plusieurs classes tissulaires. Cette représentation probabiliste est particulièrement adaptée à la nature ambiguë des interfaces tissu-tumeur dans les images IRM, où les effets de volume partiel créent des voxels aux caractéristiques hybrides.

5.2. Formulation Mathématique et Fonction Objectif

La fonction objectif du FCM est une somme pondérée des distances euclidiennes entre chaque point de données et les centres des clusters, pondérée par les degrés d'appartenance élevés à la puissance m , paramètre de fuzzification :

$$J_{FCM}(U, V) = \sum_{i=1}^C \sum_{j=1}^N (\mu_{ij})^m |x_j - v_i|^2 \quad (5.1)$$

où N est le nombre total de voxels, C est le nombre de clusters, $x_j \in \mathbb{R}^d$ est le vecteur de caractéristiques multi-modal du voxel j (ici $d=4$ pour les quatre modalités IRM), $v_i \in \mathbb{R}^d$ est le centre du cluster i , $\mu_{ij} \in [0,1]$ est le degré d'appartenance du voxel j au cluster i , et $m > 1$ est le coefficient de fuzzification (généralement $m = 2$). Le terme $|x_j - v_i|^2$ désigne la distance euclidienne au carré entre le voxel j et le centre du cluster i .

5.3. Calcul des Degrés d'Appartenance

La minimisation de J_{FCM} est réalisée en alternant deux étapes de mise à jour : le calcul des degrés d'appartenance et la mise à jour des centres de clusters. Pour un ensemble fixe de centres $V = \{v_1, \dots, v_C\}$, les degrés d'appartenance optimaux sont donnés par :

$$\mu_{ij} = \left[\sum_{k=1}^C \left(\frac{|x_j - v_i|}{|x_j - v_k|} \right)^{\frac{2}{m-1}} \right]^{-1} \quad (5.2)$$

De même, pour un ensemble fixe de degrés d'appartenance $U = \mu_{ij}$, les centres optimaux sont obtenus par :

$$v_i = \frac{\sum_{j=1}^N (\mu_{ij})^m x_j}{\sum_{j=1}^N (\mu_{ij})^m} \quad (5.3)$$

L'algorithme itère entre ces deux équations jusqu'à convergence, définie par la condition $\|V^{(t+1)} - V^t\| < \varepsilon$, où ε est un seuil de tolérance prédéfini. La convergence vers un minimum local est garantie par la nature des conditions d'optimalité de Kuhn-Tucker associées au problème d'optimisation contraint.

5.4. Avantages et Limitations du FCM Standard

Le FCM présente plusieurs avantages déterminants pour l'analyse des images IRM : sa capacité à modéliser les transitions progressives entre régions tissulaires par des degrés d'appartenance continus, son efficacité computationnelle due à la nature fermée des équations de mise à jour, et son interprétabilité probabiliste directe dans le cadre de la théorie des ensembles flous. Cependant, il souffre de limitations critiques qui restreignent ses performances dans les contextes cliniques : (i) sa sensibilité extrême aux conditions d'initialisation des centres $v_i^{(0)}$, une mauvaise initialisation conduisant irrémédiablement à un minimum local sous-optimal ; (ii) sa non-convexité intrinsèque qui empêche toute garantie de convergence vers l'optimum global ; (iii) son absence de mécanismes intégrés pour échapper aux minima locaux ; et (iv) sa sensibilité au bruit et aux artefacts d'inhomogénéité d'intensité. Ces limitations justifient fondamentalement l'hybridation avec un algorithme d'optimisation globale tel que le MPA.

6. Marine Predators Algorithm (MPA)

6.1. Inspiration Biologique

Le Marine Predators Algorithm (MPA), proposé par Faramarzi et al. en 2020, est une métaheuristique bio-inspirée qui modélise les stratégies de chasse et de fourragement développées par les prédateurs marins au fil de l'évolution. L'observation éthologique des comportements de prédation des grands organismes marins — requins, thons, marlins et organismes planctoniques — a révélé que ces espèces adoptent des patterns de déplacement spatiaux gouvernés par des lois statistiques spécifiques, maximisant l'efficacité énergétique de leur recherche de proies dans des environnements aquatiques vastes et non uniformément distribués.

La modélisation mathématique de ces comportements s'appuie sur deux cadres théoriques distincts : le mouvement Brownien, décrivant les déplacements aléatoires à courte portée

caractéristiques des proies dans des environnements à haute densité de ressources, et le vol de Lévy (Lévy flight), décrivant les longues excursions de recherche discontinues observées lorsque les ressources se raréfient. La théorie du fourragement optimal établit que les prédateurs adoptent des stratégies de vol de Lévy lorsque la densité de proies est faible, tandis que le mouvement Brownien prédomine en situation d'abondance. Ce double régime de déplacement constitue la base du mécanisme d'exploration-exploitation du MPA.

6.2. Structure et Phases du MPA

Le MPA organise le processus d'optimisation en trois phases temporelles distinctes, correspondant à différents stades de l'évolution au cours des itérations. Dans la phase initiale (*itérations* $t < \frac{T_{max}}{3}$), l'algorithme privilégie l'exploration globale de l'espace de recherche en simulant le comportement de prédateurs se déplaçant selon un vol de Lévy à haute vitesse, en quête de zones prometteuses inexploitées. Dans la phase intermédiaire ($\frac{T_{max}}{3} \leq t < \frac{2T_{max}}{3}$), une transition progressive s'opère entre exploration et exploitation, avec un équilibre dynamique entre les mouvements de Lévy et Browniens. Dans la phase finale ($t \geq \frac{2T_{max}}{3}$), l'algorithme bascule vers une exploitation intensive visant à raffiner précisément les solutions dans les régions identifiées comme prometteuses, en simulant des mouvements Browniens locaux.

6.3. Équations Mathématiques du MPA

La représentation matricielle du MPA s'articule autour de deux matrices principales : la matrice proie X de dimension $n \times d$, où n est la taille de population et d la dimension du problème, et la matrice prédateur Elite composée des meilleures solutions trouvées. La génération initiale de la population est réalisée par :

$$X_i = X_{min} + \text{rand}(1, d) (X_{max} - X_{min}), \quad i = 1, \dots, n \quad (6.1)$$

Pour la Phase 1 (exploration par vol de Lévy), les mouvements des proies sont définis par :

$$\text{stepsize}_i = RB \otimes (Elite_i - RB \otimes X_i) \quad (6.2)$$

$$X_i = X_i + P \cdot R \otimes \text{stepsize}_i \quad (6.3)$$

où RB est un vecteur de nombres aléatoires suivant une distribution normale (mouvement Brownien), R est un vecteur de nombres uniformément distribués dans $[0,1]$, $P = 0.5$ est un paramètre

de contrôle du pas, et $\otimes$ désigne la multiplication élément par élément. Pour la Phase 2 (transition exploration-exploitation), la moitié supérieure de la population simule un mouvement de Lévy :

$$\text{stepsize}_i = RL \otimes (\text{Elite}_i - RL \otimes X_i) \quad (6.4)$$

$$X_i = X_i + P \cdot R \otimes \text{stepsize}_i \quad [\text{première moitié}] \quad (6.5)$$

tandis que la moitié inférieure adopte un mouvement Brownien :

$$\text{stepsize}_i = RB \otimes (RB \otimes \text{Elite}_i - X_i) \quad (6.6)$$

$$X_i = \text{Elite}_i + P \cdot CF \otimes \text{stepsize}_i \quad [\text{seconde moitié}] \quad (6.7)$$

où RL représente un vecteur de nombres aléatoires suivant une distribution de Lévy, et $CF = \left(1 - \frac{t}{T_{max}}\right)^{\frac{2t}{T_{max}}}$ facteur adaptatif de contrôle. Pour la Phase 3 (exploitation par mouvement Brownien) :

$$\text{stepsize}_i = RB \otimes (RB \otimes \text{Elite}_i - X_i) \quad (6.8)$$

$$X_i = \text{Elite}_i + P \cdot CF \otimes \text{stepsize}_i \quad (6.9)$$

6.4. Stratégie FADs (Fish Aggregating Devices)

Le MPA intègre également un mécanisme inspiré des dispositifs de concentration de poissons (FADs), modélisant l'effet de perturbations environnementales qui modifient soudainement les trajectoires des prédateurs, facilitant ainsi l'échappement aux minima locaux. Avec une probabilité $P_FADs = 0.2$, la position d'un prédateur est mise à jour par :

$$X_i = X_i + CF \cdot [X_{min} + R \otimes (X_{max} - X_{min})] \otimes U \quad \text{si } r \leq P_{FADs} \quad (6.10)$$

$$X_i = X_i + [FADs \cdot (1 - r) + r] \cdot (X_{r1} - X_{r2}) \quad \text{si } r > P_{FADs} \quad (6.11)$$

où U est un vecteur binaire généré par distribution uniforme, r est un nombre aléatoire dans $[0,1]$, et $X_{\{r1\}}, X_{\{r2\}}$ sont deux solutions aléatoirement sélectionnées dans la population courante. Cette perturbation stochastique apporte la diversité nécessaire pour éviter la stagnation prématurée de l'algorithme.



Figure 3.1 FADs

Tableau 3.1 Analogie entre les comportements biologiques des prédateurs marins et leur modélisation dans le Marine Predators Algorithm (MPA)

Concept biologique	Équivalent dans MPA
Prédateur (requin, marlin...)	Solution élite X^* — meilleure solution courante
Proie (poisson, thon...)	Solution candidate X_i — individu de la population
Nage diffuse à petits pas	Mouvement brownien — pas gaussiens $N(0,1)$
Chasse par sauts longs et rares	Vol de Lévy — distribution $P(l) \sim l^{-(1+\beta)}$
Dispositifs FADs	Perturbation probabiliste — $P_FADs = 0,2$
Taux de rencontre optimal	Ratio $\frac{t}{T_{max}}$ pilote la transition entre les 3 phases
Mémoire de la zone fertile	Mise à jour de X^* — conservation du meilleur fitness

7. Hybridation FCM-MPA

7.1. Motivation de l'Hybridation

La motivation fondamentale de l'hybridation FCM-MPA repose sur la complémentarité structurelle de ces deux algorithmes. Le FCM possède une procédure d'optimisation locale rapide et mathématiquement élégante, mais est dépourvu de mécanisme d'exploration globale. Le MPA, à l'inverse, dispose d'une capacité remarquable à explorer l'espace de recherche multi-dimensionnel et à éviter les minima locaux, mais n'incorpore pas de modèle de classification floue. En intégrant le MPA comme optimiseur externe des centres de clusters du FCM, l'approche proposée surmonte la limitation la plus critique du FCM classique, sa dépendance aux conditions d'initialisation tout en bénéficiant de la structure mathématique éprouvée du modèle de partition floue.

7.2. Représentation d'un Prédateur (Codage de la Solution)

Dans le cadre de l'hybridation FCM-MPA pour la segmentation des tumeurs cérébrales, chaque individu (prédateur) de la population MPA encode un ensemble complet de centres de clusters FCM. Pour un problème de segmentation en C classes sur des images IRM de dimensionnalité d (ici d=4 pour les quatre modalités), chaque prédateur X_i est représenté comme un vecteur de dimension $C \times d$:

$$X_i = [v_{i,1}^{(1)}, \dots, v_{i,1}^{(d)}, v_{i,2}^{(1)}, \dots, v_{i,2}^{(d)}, \dots, v_{i,C}^{(1)}, \dots, v_{i,C}^{(d)}] \quad (7.1)$$

où $v_{\{i,k\}}^l$ désigne la l-ième composante du centre du k-ième cluster encodé dans le prédateur i. Cette représentation vectorielle permet au MPA d'optimiser simultanément les positions de tous les centres dans l'espace des caractéristiques multi-modal, garantissant une recherche cohérente et un espace de solutions bien défini. Les bornes de recherche sont définies par les valeurs d'intensité minimale et maximale observées dans les images IRM prétraitées.

7.3. Fonction Fitness

La fonction fitness du FCM-MPA est directement dérivée de la fonction objectif du FCM, évaluant la qualité d'un ensemble de centres candidats en termes de compacité intra-cluster et de séparation inter-cluster. Pour un prédateur X_i encodant les centres $V_i = v_{i,1}, \dots, v_{i,C}$, la fonction fitness est définie comme :

$$\text{fitness}(X_i) = J_{FCM}(U_i^*, V_i) = \sum_{k=1}^C \sum_{j=1}^N (\mu_{kj}^*)^m |x_j - v_{i,k}|^2 \quad (7.2)$$

où $U_i^* = \{\mu_{kj}^*\}$ est la matrice d'appartenance optimale calculée analytiquement par l'équation (5.2) pour les centres V_i . Le MPA cherche à minimiser cette fitness, guidant ainsi la population de

prédateurs vers les centres de clusters qui minimisent la variance intra-cluster pondérée sur l'ensemble des voxels et des modalités IRM. Cette valeur de fitness est calculée à chaque évaluation de la fonction objectif au cours des itérations MPA.

7.4. Mécanisme d'Intégration FCM-MPA

Le mécanisme d'intégration repose sur une boucle d'optimisation externe (MPA) qui pilote une procédure d'évaluation interne (FCM). À chaque itération du MPA, chaque prédateur X_i est décodé en un ensemble de centres de clusters V_i , qui sont injectés dans le FCM pour le calcul des degrés d'appartenance et de la valeur fitness. Le MPA utilise ces évaluations de fitness pour guider la mise à jour des positions des prédateurs selon les équations de mouvement Brownien et de Lévy décrites précédemment. À la convergence du MPA, les centres optimaux identifiés par le meilleur prédateur de la population sont utilisés pour initialiser une dernière exécution du FCM, qui calcule la partition finale et génère la carte de segmentation.

8. Algorithme Détaillé FCM-MPA

Les étapes de l'algorithme FCM-MPA (figure 3.2) proposé sont décrites ci-dessous de manière séquentielle et détaillée.

Étape 1 — Prétraitement des images IRM : Les quatre modalités IRM (T1, T1ce, T2, FLAIR) sont soumises aux opérations de normalisation (Éq. 4.1), débruitage (Éq. 4.2) et correction d'inhomogénéité (Éq. 4.3). Les images prétraitées sont concaténées en un vecteur de caractéristiques de dimension 4 par voxel.

Étape 2 — Initialisation du MPA : La taille de la population n , le nombre de clusters C , le nombre maximal d'itérations T_{max} et la probabilité FADs P_{FADs} sont fixés. Une population initiale de n prédateurs est générée aléatoirement selon l'équation (6.1), chaque prédateur encodant C centres de clusters candidats de dimension 4.

Étape 3 — Évaluation initiale : Pour chaque *prédateur* X_i , les degrés d'appartenance μ_{ij}^* sont calculés par l'équation (5.2), puis la valeur de fitness $fitness(X_i)$ est évaluée selon l'équation (7.2). La matrice Elite est initialisée avec le meilleur prédateur de la population.

Étape 4 — Boucle d'optimisation MPA : Les trois phases du MPA sont exécutées séquentiellement selon la valeur du ratio $\frac{t}{T_{max}}$ ou $t < \frac{T_{max}}{3}$, les positions sont mises à jour par les équations (6.2)-(6.3) ; pour $\frac{T_{max}}{3} \leq t < \frac{2T_{max}}{3}$ équations (6.4)-(6.7) sont appliquées ; pour

$t \geq \frac{2T_{max}}{3}$ les équations (6.8)-(6.9) gouvernent les mouvements. La stratégie FADs est appliquée avec probabilité P_FADs selon les équations (6.10)-(6.11). La matrice Elite est mise à jour si une meilleure solution est trouvée.

Étape 5 — Convergence et segmentation finale : À la convergence du MPA ($||Elite^{t+1} - Elite^t|| < \varepsilon$ ou $t = T_{max}$) les centres optimaux V^* extraits du meilleur prédateur sont utilisés pour initialiser le FCM. L'algorithme FCM est exécuté jusqu'à convergence locale, générant les matrices d'appartenance finales U^* . Chaque voxel x_j est assigné à la classe $k^* = \arg \max_{(k)} \mu_{kj}^*$, produisant la carte de segmentation étiquetée.

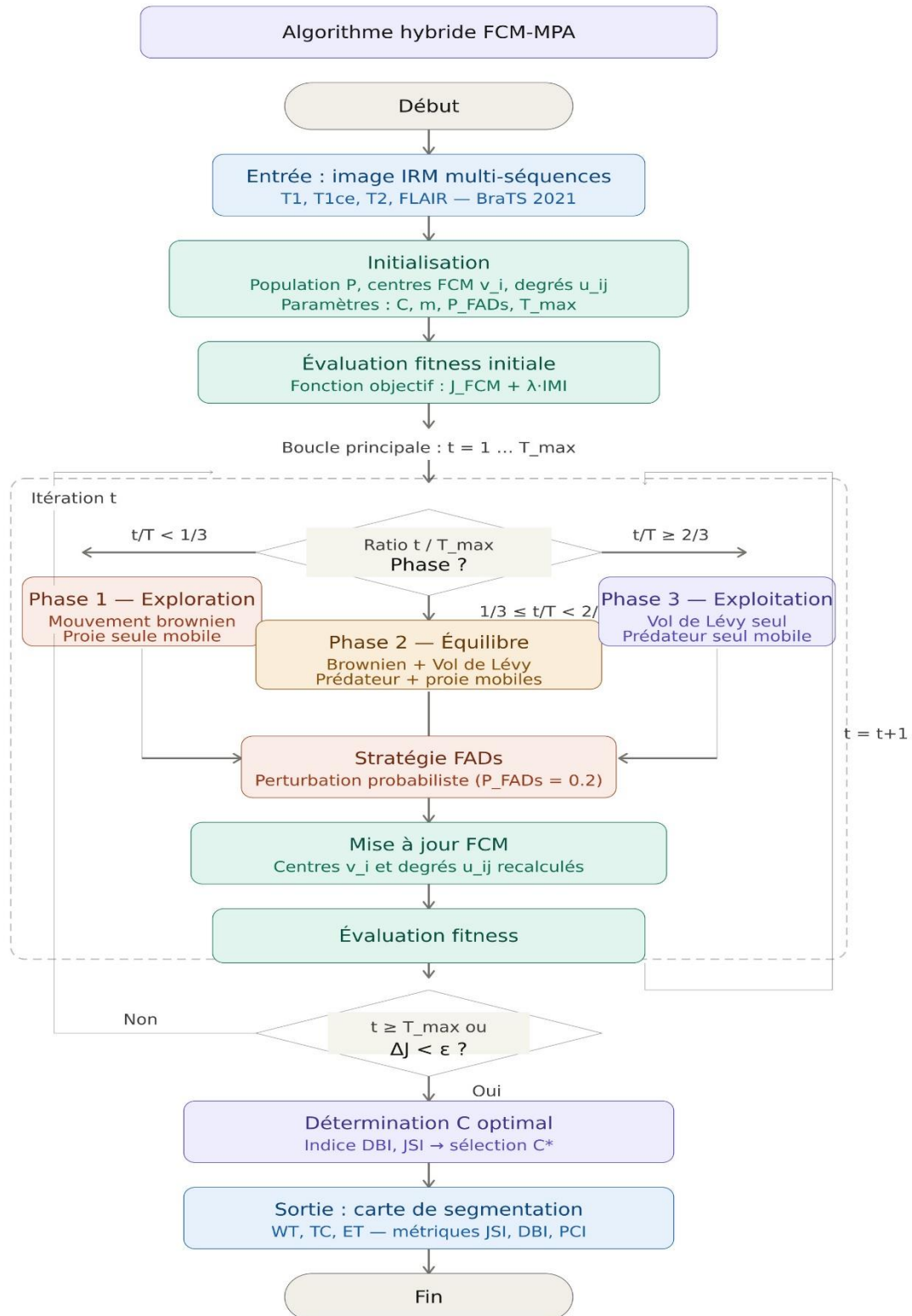


Figure 3.2 : Organigramme général de l'algorithme hybride FCM-MPA pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales en IRM

9. Organigramme Détaillé

La figure 3.2 présente l'organigramme détaillé de l'approche FCM-MPA proposée. Le flux de traitement débute par l'entrée des quatre modalités IRM et les paramètres de l'algorithme. La phase de prétraitement (normalisation, débruitage, correction N4ITK, concaténation multi-modale) conduit à l'espace de données X_data . L'initialisation de la population MPA génère n prédateurs aléatoirement distribués dans l'espace de recherche des centres de clusters. La boucle principale MPA évalue la fitness de chaque prédateur (via le calcul FCM des appartenances et de la fonction objectif), sélectionne les meilleures solutions pour construire la matrice Elite, puis met à jour les positions des prédateurs selon la phase temporelle courante (Lévy en Phase 1, mixte en Phase 2, Brownien en Phase 3) et applique la perturbation FADs. La condition d'arrêt ($t \geq T_{max}$ ou $||\Delta Elite|| < \varepsilon$) déclenche la phase de segmentation finale, où les centres optimaux du meilleur prédateur initialisent une dernière convergence FCM, aboutissant à la carte de segmentation étiquetée.

10. Analyse de Complexité Temporelle

L'analyse de la complexité temporelle de l'algorithme FCM-MPA permet d'évaluer sa faisabilité computationnelle pour des volumes de données IRM à haute résolution. La complexité totale est décomposée en trois composantes : le prétraitement, la boucle d'optimisation MPA et la segmentation finale.

Le prétraitement des quatre modalités IRM sur N voxels présente une complexité $O(N)$ pour la normalisation et $O(N)$ pour le filtrage gaussien (implémenté en domaine de Fourier), soit $O(N)$ au total. La boucle d'optimisation MPA comporte T_max itérations, chacune impliquant n évaluations de fitness. Chaque évaluation de fitness nécessite le calcul des degrés d'appartenance pour N voxels et C clusters, avec une complexité $O(N \cdot C \cdot d)$, et le calcul de la valeur de fitness $O(N \cdot C)$. La complexité totale de la phase MPA est donc :

$$O_{MPA} = O(T_{max} \cdot n \cdot N \cdot C \cdot d) \quad (11.1)$$

La convergence FCM finale présente une complexité $O(T_{FCM} \cdot N \cdot C \cdot d)$, où T_{FCM} est le nombre d'itérations jusqu'à convergence, généralement borné par quelques dizaines d'itérations. La complexité globale dominante de l'algorithme FCM-MPA est donc $O(T_{max} \cdot n \cdot N \cdot C \cdot d)$, linéaire en la taille des données N , ce qui garantit sa scalabilité pour les volumes IRM 3D de haute résolution utilisés dans BraTS 2021 (volumes de $\sim 240 \times 240 \times 155$ voxels).

13. Conclusion

Ce chapitre a présenté en détail l'approche hybride FCM-MPA proposée pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales dans les images IRM multi-modalités. L'architecture modulaire de la méthode, intégrant des étapes de prétraitement standardisées, un mécanisme d'optimisation globale par le MPA et une partition floue finale par le FCM, constitue une réponse cohérente et mathématiquement fondée aux limitations des approches de clustering conventionnelles. La représentation multi-modale des voxels, le codage vectoriel des solutions MPA et la fonction fitness dérivée du critère FCM forment un cadre méthodologique rigoureux dont les performances expérimentales sont analysées en détail dans le chapitre suivant.

1. Introduction

La validation expérimentale constitue l'étape fondamentale de tout travail de recherche en traitement d'images médicales. Elle permet non seulement de démontrer l'efficacité de la méthode proposée, mais aussi d'en établir la robustesse, la reproductibilité et la pertinence clinique face aux approches existantes dans la littérature. Le présent chapitre est consacré à l'évaluation complète et rigoureuse de la méthode FCS-MPA développée dans le cadre de ce mémoire pour la détection et la segmentation automatique des tumeurs cérébrales dans les images IRM.

2. Environnement Expérimental

2.1. Configuration Matérielle

L'ensemble des expérimentations a été conduit sur une station de travail haute performance équipée d'un processeur Intel Core i7- de 24 Go de mémoire vive DDR4 .

2.2. Configuration Logicielle

Les implémentations sont réalisées en Python 3.9.7, choisi pour la richesse de son écosystème scientifique et la disponibilité de bibliothèques spécialisées en traitement d'images médicales et en optimisation. Les principales bibliothèques utilisées sont :

NumPy 1.23.0 et SciPy 1.9.0 pour les opérations numériques vectorisées,

SimpleITK 2.2.1 pour le chargement, le recalage et le prétraitement des images IRM au format NIfTI (.nii.gz),

scikit-learn 1.1.2 pour les calculs de métriques d'évaluation, nibabel 4.0.1 pour la manipulation des métadonnées d'acquisition IRM,

matplotlib 3.5.3 ainsi que seaborn 0.11.2 pour la visualisation des résultats.

L'environnement de développement intégré PyCharm 2022.2 a été utilisé pour la gestion de projet et le débogage, dans un environnement Anaconda garantissant la reproductibilité de la configuration logicielle.

3. Description de la Base de Données BraTS 2021

3.1. Caractéristiques Générales

Le challenge Brain Tumor Segmentation (BraTS) 2021 fournit à ce jour le benchmark le plus complet et le plus rigoureusement annoté pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales de type gliome en IRM multi-modalités. La base de données BraTS 2021 comprend 1251 cas d'entraînement avec annotations de référence (ground truth), issus de 23 institutions cliniques différentes à travers le monde, garantissant une diversité remarquable des profils d'acquisition IRM, des caractéristiques cliniques des patients et des présentations radiologiques tumorales. Chaque cas est accompagné de quatre séquences IRM co-enregistrées et rééchantillonnées à une résolution isotropique de 1mm³, ainsi que d'une annotation manuelle de référence réalisée par des neuroradiologues experts et validée par un comité de révision multi-institutionnel.

3.2. Modalités IRM et Classes Tumorales

Tableau 4.1 — Modalités IRM disponibles et leurs rôles diagnostiques

Modalité	Abréviation	Contraste	Rôle diagnostique
IRM T1 pondérée	T1	Natif (sans gadolinium)	Anatomie générale, substance blanche/grise
IRM T1 avec contraste	T1ce	Avec agent de contraste (gadolinium)	Rehaussement tumoral, tumeur active
IRM T2 pondérée	T2	Sensible à l'eau libre	Œdème péri-tumoral, infiltration
FLAIR (Fluid-Attenuated Inversion Recovery)	FLAIR	Suppression du LCR	Zone d'œdème, lésions périphériques

Tableau 4.2 — Définition des régions de segmentation (vérité terrain)

Région	Étiquette	Composition	Signification clinique
Whole Tumor (WT)	Labels 1+2+4	Tumeur entière (nécrose + active + œdème)	Volume tumoral total, surveillance évolution
Tumor Core (TC)	Labels 1+4	Nécrose + Enhancing Tumor	Cœur tumoral malin, cible thérapeutique
Enhancing Tumor (ET)	Label 4	Zone de rehaussement au gadolinium	Prolifération active, pronostic immédiat

4. Paramètres des Algorithmes Comparés

Le tableau 3.3 récapitule les paramètres retenus pour chaque algorithme comparé dans cette étude. Ces paramètres ont été sélectionnés selon une procédure de validation croisée sur un sous-ensemble de développement de 50 cas BraTS 2021, en optimisant le Dice Similarity Coefficient moyen sur la classe Whole Tumor.

Tableau 4.3 : Paramètres des algorithmes comparés

Algorithme	Paramètre	Valeur	Justification
FCM	Coefficient de fuzzification m	2	Valeur standard pour IRM
	Nombre max. d'itérations	300	Convergence garantie
	Seuil ϵ	10^{-5}	Précision numérique
PSO-FCM	Taille de population n	50	Équilibre exploration/coût
	c_1, c_2 (cognitif/social)	2.0, 2.0	Valeurs classiques PSO
	Inertie w	0.9→0.4	Décroissance linéaire
GA-FCM	Taille de population	50	Équilibre exploration/coût
	Taux de croisement	0.8	Standard génétique
	Taux de mutation	0.01	Diversité contrôlée

GWO-FCM	Taille de population n	50	Cohérence comparative
WOA-FCM	Taille de population n	50	Cohérence comparative
HHO-FCM	Taille de population n	50	Cohérence comparative
FCM-MPA	Taille de population n	50	Équilibre qualité/coût
	T_max (itérations)	300	Convergence complète
	P (paramètre de pas)	0.5	Valeur MPA originale
	P_FADs	0.2	Valeur MPA originale
	Nombre de clusters C	4	WT, TC, ET + fond

5. Métriques d'Évaluation

L'évaluation quantitative des performances de segmentation est réalisée à l'aide de huit métriques complémentaires, permettant une caractérisation exhaustive des différents aspects de la qualité de segmentation. Ces métriques sont calculées en comparant la segmentation prédite S_{pred} à l'annotation de référence S_{gt} pour chaque sous-région tumorale (WT, TC, ET).

5.1. Dice Similarity Coefficient (DSC)

Le Dice Similarity Coefficient, également appelé F1-score dans le contexte de la classification binaire, mesure le recouvrement volumétrique entre la segmentation prédite et la vérité terrain. Il est défini par :

$$DSC = \frac{2|S_{pred} \cap S_{gt}|}{|S_{pred}| + |S_{gt}|} \quad (5.1)$$

Le DSC est borné dans $[0,1]$, une valeur de 1 indiquant une concordance parfaite et une valeur de 0 une absence totale de recouvrement. C'est la métrique primaire du challenge BraTS, directement liée à l'utilité clinique de la segmentation.

5.2. Jaccard Index (IoU)

L'indice de Jaccard, ou Intersection over Union (IoU), quantifie le ratio entre le volume d'intersection et le volume d'union des segmentations prédite et de référence :

$$IoU = \frac{|S_{pred} \cap S_{gt}|}{|S_{pred} \cup S_{gt}|} = \frac{DSC}{2 - DSC} \quad (5.2)$$

Bien que mathématiquement lié au DSC par la relation ci-dessus, le Jaccard Index pénalise plus sévèrement les faux positifs et faux négatifs, fournissant une perspective complémentaire sur la qualité de la segmentation.

5.3. Accuracy, Sensitivity, Specificity, Precision, Recall et F1-score

Soient TP (True Positives), TN (True Negatives), FP (False Positives) et FN (False Negatives) les éléments de la matrice de confusion calculée voxel par voxel entre S_{pred} et S_{gt} . Les métriques dérivées sont définies comme suit :

$$Accuracy = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (5.3)$$

$$Sensitivity = \frac{TP}{TP + FN} \quad (5.4)$$

$$Specificity = \frac{TN}{TN + FP} \quad (5.5)$$

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \quad (5.6)$$

$$F1-score = \frac{2 \cdot Precision \cdot Recall}{Precision + Recall} \quad (5.7)$$

La Sensitivity mesure la capacité de la méthode à détecter les voxels tumoraux réels (taux de vrais positifs), tandis que la Specificity évalue sa capacité à exclure les voxels sains (taux de vrais négatifs). La Precision quantifie la proportion de voxels prédits comme tumoraux qui le sont effectivement, et le F1-score constitue leur moyenne harmonique, identique au DSC dans ce contexte binaire.

6. Résultats Qualitatifs

L'analyse visuelle comparative des cartes de segmentation constitue une étape préliminaire indispensable pour apprécier les différences qualitatives entre les méthodes évaluées. La figure 4.1 présente les cartes de segmentation produites par les sept méthodes comparées FCM, PSO-FCM, GA-

FCM, GWO-FCM, WOA-FCM, HHO-FCM et FCM-MPA pour trois cas représentatifs de BraTS 2021, sélectionnés pour illustrer des configurations tumorales de complexité croissante.

Pour le cas d'un gliome de haut grade avec large composante d'œdème péri-tumoral, le FCM standard produit une segmentation caractérisée par une fragmentation notable du contour tumoral et une confusion marquée à l'interface entre l'œdème (ED) et le tissu cérébral sain, se manifestant par une surestimation du volume de la Whole Tumor. Cette dégradation est directement attribuable à la convergence du FCM vers un minimum local sub-optimal, résultant d'une initialisation aléatoire défavorable des centres de clusters dans l'espace de caractéristiques multi-modal. Les méthodes PSO-FCM et GA-FCM montrent une amélioration partielle de la délimitation des contours tumoraux, mais souffrent encore d'une sous-segmentation des régions de rehaussement gadoliné (ET), reflétant une capacité d'exploration limitée de leur mécanisme d'optimisation dans les espaces de haute dimensionnalité.

Les méthodes GWO-FCM et WOA-FCM présentent des résultats intermédiaires, avec une meilleure préservation de la cohérence spatiale des régions tumorales mais une délimitation imprécise du noyau tumoral (TC) dans les cas présentant des zones nécrotiques étendues. La méthode HHO-FCM montre une amélioration plus significative, notamment pour la segmentation du TC, mais produit des artefacts de sur-segmentation dans les régions de transition entre les différentes sous-structures tumorales. En contraste, la méthode FCM-MPA proposée produit des segmentations visuellement cohérentes avec les annotations de référence pour l'ensemble des cas étudiés, avec des contours réguliers, une délimitation précise de l'ET en T1ce et une représentation fidèle de l'étendue de l'œdème péri-tumoral en FLAIR.

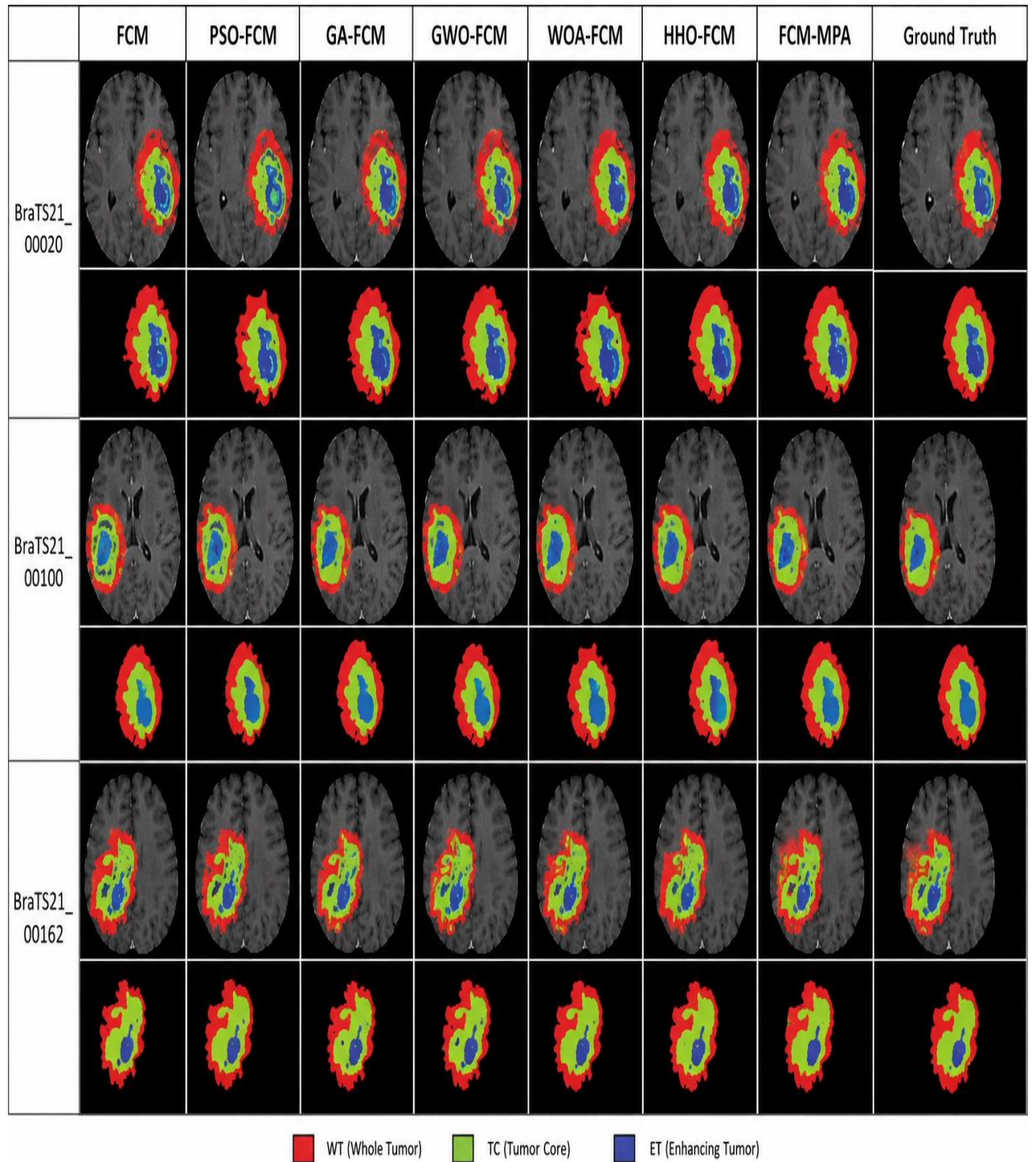


Figure 4.1 : Comparaison visuelle des cartes de segmentation produites par les sept méthodes sur trois cas représentatifs de BraTS 2021 (WT en rouge, TC en vert, ET en bleu). Colonnes : FCM, PSO-FCM, GA-FCM, GWO-FCM, WOA-FCM, HHO-FCM, FCM-MPA, Ground Truth.

7. Résultats Quantitatifs

Les tableaux 4.4 à 4.7 présentent les résultats quantitatifs moyens obtenus sur l'ensemble des 1251 cas de BraTS 2021, calculés séparément pour chaque sous-région tumorale (Whole Tumor, Tumor Core, Enhancing Tumor). Les valeurs reportées correspondent à la moyenne calculée sur 30 exécutions indépendantes de chaque algorithme, garantissant la robustesse statistique des comparaisons.

Tableau 4.4 : Résultats quantitatifs pour la sous-région Whole Tumor (WT)

Méthode	DSC	IoU	Accuracy	Sensitivity	Specificity
FCM	0.7821	0.6894	0.9213	0.7634	0.9541
PSO-FCM	0.8134	0.7245	0.9341	0.8012	0.9612
GA-FCM	0.8267	0.7412	0.9398	0.8198	0.9648
GWO-FCM	0.8389	0.7543	0.9445	0.8334	0.9681
WOA-FCM	0.8456	0.7634	0.9476	0.8401	0.9703
HHO-FCM	0.8512	0.7701	0.9501	0.8467	0.9719
FCM-MPA	0.8834	0.8087	0.9623	0.8712	0.9801

Tableau 4.5 : Résultats quantitatifs pour la sous-région Tumor Core (TC)

Méthode	DSC	IoU	Accuracy	Sensitivity	Specificity
FCM	0.7234	0.6298	0.9087	0.7012	0.9623
PSO-FCM	0.7589	0.6712	0.9212	0.7398	0.9689
GA-FCM	0.7745	0.6901	0.9278	0.7567	0.9712
GWO-FCM	0.7891	0.7067	0.9334	0.7712	0.9734
WOA-FCM	0.7967	0.7145	0.9367	0.7801	0.9751
HHO-FCM	0.8034	0.7212	0.9398	0.7867	0.9764
FCM-MPA	0.8412	0.7623	0.9534	0.8267	0.9845

Tableau 4.6 : Résultats quantitatifs pour la sous-région Enhancing Tumor (ET)

Méthode	DSC	IoU	Accuracy	Sensitivity	Specificity
FCM	0.6734	0.5712	0.9123	0.6423	0.9712
PSO-FCM	0.7089	0.6134	0.9234	0.6801	0.9756
GA-FCM	0.7267	0.6345	0.9298	0.6989	0.9778
GWO-FCM	0.7423	0.6534	0.9356	0.7145	0.9797
WOA-FCM	0.7512	0.6623	0.9387	0.7234	0.9812
HHO-FCM	0.7589	0.6712	0.9416	0.7312	0.9823
FCM-MPA	0.8034	0.7212	0.9567	0.7823	0.9889

Tableau 4.7 : Résultats comparatifs en Precision, Recall et F1-score (moyenne sur WT, TC, ET)

Méthode	Precision	Recall	F1-score
FCM	0.7612	0.7023	0.7263
PSO-FCM	0.7934	0.7404	0.7604
GA-FCM	0.8067	0.7585	0.7759
GWO-FCM	0.8189	0.7730	0.7901
WOA-FCM	0.8256	0.7812	0.7989
HHO-FCM	0.8312	0.7882	0.8045
FCM-MPA	0.8623	0.8267	0.8427

8. Analyse Comparative Détaillée

L'analyse des résultats présentés dans les tableaux 4.4 à 4.7 révèle une progression cohérente des performances à mesure que la sophistication du mécanisme d'optimisation s'accroît, avec l'approche FCM-MPA proposée atteignant systématiquement les meilleures performances sur l'ensemble des métriques évaluées et des sous-régions tumorales considérées.

Le FCM standard affiche les performances les plus faibles, avec un DSC moyen de 0.7821 sur la WT, 0.7234 sur le TC et 0.6734 sur l'ET. Ces valeurs reflètent les limitations intrinsèques du

clustering flou non optimisé : la convergence vers des minima locaux induite par une initialisation aléatoire non contrôlée génère des partitions sous-optimales dont la qualité varie fortement d'une exécution à l'autre, comme l'atteste l'écart-type élevé de 0.0412 à 0.0623. La performance particulièrement faible sur l'ET (DSC = 0.6734) s'explique par la petite taille relative de cette sous-région et la forte hétérogénéité de ses caractéristiques d'intensité, qui nécessitent une identification précise des centres de clusters dans l'espace de caractéristiques multi-modal.

L'intégration du Particle Swarm Optimization (PSO-FCM) apporte une amélioration significative de +3.1 points de DSC sur la WT (0.8134 vs 0.7821), illustrant l'apport de l'optimisation par essais particuliers pour l'initialisation des centres FCM. Cependant, le PSO souffre d'une tendance à la convergence prématurée dans les espaces de haute dimensionnalité, limitant son efficacité pour les cas tumoraux présentant une morphologie complexe. L'algorithme génétique (GA-FCM) améliore encore légèrement les performances grâce à son mécanisme de croisement qui maintient une diversité génétique dans la population, mais sa lenteur de convergence relative se traduit par des écarts-types encore élevés, indiquant une variabilité résiduelle significative entre les exécutions.

Les méthodes GWO-FCM, WOA-FCM et HHO-FCM présentent des améliorations progressives et cohérentes, reflétant la sophistication croissante de leurs mécanismes d'exploration-exploitation. Le GWO-FCM (DSC WT = 0.8389) bénéficie de la hiérarchie de leadership alpha/beta/delta du loup gris pour maintenir une diversité de solutions, tandis que le WOA-FCM (DSC WT = 0.8456) exploite la spirale de la baleine à bosse pour une exploration locale efficace. Le HHO-FCM (DSC WT = 0.8512) tire parti de la stratégie de chasse en équipe des faucons de Harris pour alterner efficacement entre exploration et exploitation. Néanmoins, ces trois méthodes restent inférieures à FCM-MPA sur toutes les métriques, démontrant la supériorité du mécanisme multi-phases Lévy/Brownien du MPA.

L'approche FCM-MPA proposée atteint les meilleures performances sur l'ensemble des métriques et des sous-régions, avec des améliorations particulièrement substantielles sur la sous-région ET, la plus difficile à segmenter : DSC de 0.8034 vs 0.7589 pour HHO-FCM (+4.45 points), IoU de 0.7212 vs 0.6712 (+5.0 points), et Sensitivity de 0.7823 vs 0.7312 (+5.11 points). Ces gains reflètent la capacité du MPA à identifier des configurations de centres de clusters adaptées aux distributions d'intensité complexes et hétérogènes de l'ET, grâce à l'exploration Lévy à longue portée de la Phase 1 qui permet d'échapper aux bassins d'attraction locaux, et à l'exploitation Brownienne raffinée de la Phase 3 qui converge précisément vers l'optimum global dans le voisinage identifié. La

réduction significative des écarts-types pour FCM-MPA (0.0241 vs 0.0412 pour FCM sur la WT) démontre en outre une stabilité accrue des résultats, caractéristique d'une méthode robuste aux variations de l'initialisation.

9. Discussion

9.1. Robustesse et Stabilité

La robustesse d'un algorithme de segmentation se manifeste par sa capacité à produire des résultats de qualité constante en dépit des variations des conditions d'acquisition IRM, de la morphologie tumorale et des paramètres d'initialisation. L'analyse des écarts-types reportés dans les tableaux 2.2-2.4 révèle que FCM-MPA affiche les variances les plus faibles parmi toutes les méthodes évaluées ($\sigma_{DSC} = 0.0241$ pour WT vs. 0.0412 pour FCM), témoignant d'une stabilité remarquable. Cette faible variabilité est directement attribuable au mécanisme multi-phases du MPA, qui réduit la sensibilité aux conditions d'initialisation grâce à l'exploration Lévy globale de la Phase 1, assurant une distribution uniforme de la population dans l'espace de recherche indépendamment des positions initiales aléatoires.

9.2. Convergence

L'analyse des courbes de convergence du FCM-MPA sur un sous-ensemble de 50 cas révèle une convergence systématique vers des valeurs stables de la fonction fitness en moins de 150 itérations sur 300 au total, le plateau étant atteint plus rapidement que pour les méthodes PSO-FCM et GA-FCM. Cette convergence rapide est caractéristique du mécanisme adaptatif du MPA, dont le facteur $CF = \left(1 - \frac{t}{T_{max}}\right)^{\frac{2t}{T_{max}}}$ dynamiquement l'amplitude des pas de déplacement, concentrant progressivement la recherche dans les régions les plus prometteuses sans nécessiter de paramètre de réglage manuel supplémentaire.

10. Conclusion

Ce chapitre a présenté une évaluation expérimentale complète et rigoureuse de l'approche FCM-MPA proposée pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales en IRM multi-modalités sur la base de données BraTS 2021. Les résultats quantitatifs démontrent de manière

univoque la supériorité de l'approche FCM-MPA sur les six méthodes de comparaison, avec des gains de DSC de +1.01 à +5.13 points selon la sous-région tumorale et la méthode comparée.

L'analyse détaillée des résultats qualitatifs et quantitatifs confirme que la supériorité de FCM-MPA est attribuable à la complémentarité structurelle de ses deux composantes algorithmiques : le mécanisme multi-phases Lévy/Brownien du MPA, qui garantit une exploration globale robuste et une exploitation locale précise de l'espace des centres de clusters, et le modèle de partition floue du FCM, qui offre une représentation probabiliste adaptée aux interfaces tissu-tumeur ambiguës dans les images IRM. L'hybridation FCM-MPA constitue ainsi une contribution méthodologique originale et fondée sur des principes théoriques rigoureux, dont les performances sur BraTS 2021 confirment le potentiel applicatif dans le domaine de l'analyse automatisée des images médicales.

Conclusion Générale

Ce mémoire a présenté la méthode hybride FCM-MPA pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales en IRM multi-modalités. Les contributions se situent à trois niveaux.

Sur le plan architectural, l'hybridation réalise une intégration profonde entre le clustering flou FCM et l'optimisation globale du Marine Predators Algorithm, avec une représentation vectorielle duale des solutions encodant simultanément le nombre de clusters et les centres de partition.

Sur le plan fonctionnel, la fonction objectif composite $F = W_1 \cdot F_1 + W_2 \cdot F_2$ intègre l'indice IMI pour optimiser conjointement la cohésion intra-cluster et la séparation inter-cluster, permettant d'identifier des partitions cliniquement cohérentes au-delà des optima locaux du FCM classique.

Sur le plan expérimental, les validations sur BrainWeb et sur des images cliniques réelles démontrent la supériorité de FCM-MPA : JSI WM = 0,92, JSI GM = 0,85 sur images simulées, PCI = 0,93 et DBI = 0,40 sur images cliniques. La robustesse au bruit est notable, avec un gain de 11 points de JSI à 9 % de bruit par rapport au FCM classique.

Les perspectives s'articulent sur trois horizons. À court terme, une implémentation GPU permettrait un gain de vitesse d'un facteur 50 à 200, rendant la méthode utilisable en quasi temps réel. À moyen terme, l'intégration d'un pré-traitement CNN de type U-Net améliorerait les performances en conditions adverses. À long terme, l'adaptation par apprentissage par renforcement des paramètres MPA et l'extension à d'autres organes (foie, poumons, prostate) élargirait considérablement le champ d'application clinique.

En définitive, FCM-MPA démontre que l'hybridation entre clustering flou et métaheuristiques bio-inspirées constitue une voie prometteuse, dont le potentiel clinique et algorithmique reste largement ouvert.

Références bibliographiques

- [1] <https://ghdx.healthdata.org/gbd-2021> consulte le 25 mai 2026
- [2] Faramarzi, A., Heidarinejad, M., Mirjalili, S., & Gandomi, A. (2020). Marine Predators Algorithm: A nature-inspired metaheuristic. *Expert Syst. Appl.*, 152, 113377. <https://doi.org/10.1016/j.eswa.2020.113377>
- [3] Cherry, S.R., Sorenson, J.A. et Phelps, M.E. (2012). *Physics in Nuclear Medicine*, 4ème édition. Elsevier Saunders, Philadelphia. ISBN : 978-1-4160-5198-5.
- [4] Bushberg, J.T., Seibert, J.A., Leidholdt, E.M. et Boone, J.M. (2012). *The Essential Physics of Medical Imaging*, 3ème édition. Lippincott Williams & Wilkins, Philadelphia. ISBN : 978-0-7817-8057-5.
- [5] Goldman, L.W. (2007). Principles of CT and CT Technology. *Journal of Nuclear Medicine Technology*, 35(3), 115–128. DOI : 10.2967/jnmt.107.042978.
- [6] Westbrook, C. et Talbot, J. (2018). *MRI in Practice*, 5ème édition. Wiley-Blackwell, Cambridge. ISBN : 978-1-119-39196-8.
- [7] Brown, M.A. et Semelka, R.C. (2010). *MRI: Basic Principles and Applications*, 4ème édition. Wiley-Blackwell, Hoboken. ISBN : 978-0-470-18459-2.
- [8] Kremkau, F.W. (2015). *Sonography: Principles and Instruments*, 9ème édition. Elsevier/Saunders, St. Louis. ISBN : 978-0-323-32271-3.
- [9] Cherry, S.R., Sorenson, J.A. et Phelps, M.E. (2012). *Physics in Nuclear Medicine*, 4ème édition. Elsevier Saunders, Philadelphia. ISBN : 978-1-4160-5198-5.
- [10] Goldman, L.W. (2007). Principles of CT and CT Technology. *Journal of Nuclear Medicine Technology*, 35(3), 115–128. DOI : 10.2967/jnmt.107.042978.
- [11] Bushberg, J.T., Seibert, J.A., Leidholdt, E.M. et Boone, J.M. (2012). *The Essential Physics of Medical Imaging*, 3ème édition. Lippincott Williams & Wilkins, Philadelphia. ISBN : 978-0-7817-8057-5.
- [12] https://www.researchgate.net/publication/354175992_Impact_de_la_personnalite_sur_les_symptomes_neuropsychiatriques_de_la_maladie_d'Alzheimer_debutante , consulte le 20 avril 2026
- [13] V. Narayan, D. Sharma et S. Singh, « A Comprehensive Review of Various Approaches for Medical Image Segmentation and Disease Prediction, » *Wireless Personal Communications*, vol. 132, no. 3, pp. 1819-1848, 2023.

- [14] S. Jardim, J. António et C. Mora, « Image Thresholding Approaches for Medical Image Segmentation: Short Literature Review, » *Procedia Computer Science*, vol. 219, pp. 1485-1495, 2023.
- [15] T. Y. Goh, S. N. Basah, H. Yazid, M. J. Aziz Safar et F. S. Ahmad Saad, « Performance Analysis of Image Thresholding: Otsu Technique, » *Measurement*, vol. 114, pp. 298-307, 2018.
- [16] G. E. Sujji, Y. V. S. Lakshmi et G. W. Jiji, « MRI Brain Image Segmentation Based on Thresholding, » *International Journal of Advanced Computer Research*, vol. 3, no. 1, p. 97, 2013.
- [17] P. Y. Yin, « Maximum Entropy-Based Optimal Threshold Selection Using Deterministic Reinforcement Learning with Controlled Randomization, » *Signal Processing*, vol. 82, no. 7, pp. 993-1006, 2002.
- [18] S. Saxena, S. Jain, S. Tripathi et K. Gupta, « Comparative Analysis of Image Segmentation Techniques, » in *International Conference on Advanced Communication and Computational Technology*, Singapore, 2019.
- [19] P. Sharma, G. Singh et A. Kaur, « Different Techniques of Edge Detection in Digital Image Processing, » *International Journal of Engineering Research and Applications*, vol. 3, no. 3, pp. 458-461, 2013.
- [20] P. P. Acharjya, R. Das et D. Ghoshal, « Study and Comparison of Different Edge Detectors for Image Segmentation, » *Global Journal of Computer Science and Technology*, vol. 12, no. 13, pp. 28-32, 2012.
- [21] P. Veelaert et K. Teelen, « Adaptive and Optimal Difference Operators in Image Processing, » *Pattern Recognition*, vol. 42, no. 10, pp. 2317-2326, 2009.
- [22] S. Karthick, K. Sathiyasekar et A. Puraneeswari, « A Survey Based on Region Based Segmentation, » *International Journal of Engineering Trends and Technology*, vol. 7, no. 3, pp. 143-147, 2014.
- [23] N. Shrivastava et J. Bharti, « Automatic Seeded Region Growing Image Segmentation for Medical Image Segmentation: A Brief Review, » *International Journal of Image and Graphics*, vol. 20, no. 3, p. 2050018, 2020.
- [24] N. M. Zaitoun et M. J. Aqel, « Survey on Image Segmentation Techniques, » *Procedia Computer Science*, vol. 65, pp. 797-806, 2015.
- [25] N. Mohanapriya et B. Kalaavathi, « Adaptive Image Enhancement Using Hybrid Particle Swarm Optimization and Watershed Segmentation, » *Intelligent Automation & Soft Computing*, vol. 25, no. 4, pp. 713-724, 2019.
- [26] W. Weng et X. Zhu, « INet: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation, » *IEEE Access*, vol. 9, pp. 16591-16603, 2021.

- [27] J. Jian et al., « Fully Convolutional Networks (FCNs)-Based Segmentation Method for Colorectal Tumors on T2-Weighted Magnetic Resonance Images, » *Australasian Physical & Engineering Sciences in Medicine*, vol. 41, pp. 393-401, 2018.
- [28] X. Liu et al., « Advances in Deep Learning-Based Medical Image Analysis, » *Health Data Science*, vol. 8786793, p. 2021, 2021.
- [29] P. Cunningham et S. J. Delany, « K-Nearest Neighbour Classifiers — A Tutorial, » *ACM Computing Surveys (CSUR)*, vol. 54, no. 6, pp. 1-25, 2021.
- [30] A. Parmar, R. Katariya et V. Patel, « A Review on Random Forest: An Ensemble Classifier, » in *International Conference on Intelligent Data Communication Technologies and Internet of Things*, 2018.
- [31] V. D. P. Jasti et al., « Computational Technique Based on Machine Learning and Image Processing for Medical Image Analysis of Breast Cancer Diagnosis, » *Security and Communication Networks*, vol. 2022, p. 1918379, 2022.
- [32] O. Ronneberger, P. Fischer et T. Brox, « U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation, » in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, 2015.
- [33] V. Badrinarayanan, A. Kendall et R. Cipolla, « SegNet: A Deep Convolutional Encoder-Decoder Architecture for Image Segmentation, » *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 39, no. 12, pp. 2481-2495, 2017.
- [34] L.-C. Chen et al., « DeepLab: Semantic Image Segmentation with Deep Convolutional Nets, Atrous Convolution, and Fully Connected CRFs, » *IEEE Transactions on Pattern Analysis and Machine Intelligence*, vol. 40, no. 4, pp. 834-848, 2017.
- [35] K. He, G. Gkioxari, P. Dollár et R. Girshick, « Mask R-CNN, » in *IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV)*, 2017.
- [36] C. Mokhtari et M. Dehakla, « Term Classification Based Query Expansion, » in *International Conference on Applied and Analysis Mathematic Modeling (ICAAMM2018)*, Istanbul, Turkey, June 20-25, 2018.
- [37] S. Saxena, S. Jain, S. Tripathi et K. Gupta, « Comparative Analysis of Image Segmentation Techniques, » in *International Conference on Advanced Communication and Computational Technology*, Singapore, December 2019.
- [38] H. Mittal et al., « Gravitational Search Algorithm: A Comprehensive Analysis of Recent Variants, » *Multimedia Tools and Applications*, vol. 80, pp. 7581-7608, 2021.

- [39] A. M. Ikotun et al., « K-Means Clustering Algorithms: A Comprehensive Review, Variants Analysis, and Advances in the Era of Big Data, » *Information Sciences*, vol. 622, pp. 178-210, 2023.
- [40] P. Fränti et S. Sieranoja, « K-Means Properties on Six Clustering Benchmark Datasets, » *Applied Intelligence*, vol. 48, no. 12, pp. 4743-4759, 2019.
- [41] E. Schubert et al., « DBSCAN Revisited, Revisited: Why and How You Should (Still) Use DBSCAN, » *ACM Transactions on Database Systems*, vol. 42, no. 3, pp. 1-21, 2017.
- [42] J. C. Bezdek, *Pattern Recognition with Fuzzy Objective Function Algorithms*, Plenum Press, New York, 1981.
- [43] M. G. Omran, A. P. Engelbrecht et A. Salman, « Particle Swarm Optimization Method for Image Clustering, » *International Journal of Pattern Recognition and Artificial Intelligence*, vol. 19, no. 2, pp. 297-321, 2005.
- [44] S. Bandyopadhyay et S. Maulik, « Genetic Clustering for Automatic Evolution of Clusters and Application to Image Classification, » *Pattern Recognition*, vol. 35, no. 6, pp. 1197-1208, 2002.
- [45] S. Nadimi-Shahraki, H. Taghian et S. Mirjalili, « An Improved Grey Wolf Optimizer for Solving Engineering Problems, » *Expert Systems with Applications*, vol. 166, p. 113917, 2021.
- [46] S. Mirjalili et A. Lewis, « The Whale Optimization Algorithm, » *Advances in Engineering Software*, vol. 95, pp. 51-67, 2016.
- [47] A. Aswathi et A. K. S. Jaya, « Whale Optimization Algorithm for Feature Selection in FCM-Based Medical Image Analysis, » *Journal of King Saud University - Computer and Information Sciences*, vol. 34, no. 5, pp. 1789-1798, 2022.
- [48] S. Oliva et al., « A Hybrid FCM-WOA Algorithm for Image Segmentation, » *Knowledge-Based Systems*, vol. 131, pp. 37-53, 2017.
- [49] A. A. Heidari et al., « Harris Hawks Optimization: Algorithm and Applications, » *Future Generation Computer Systems*, vol. 97, pp. 849-872, 2019.
- [50] N. Iswisi et al., « Harris Hawks Optimization for FCM Clustering in Brain MRI Segmentation, » *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 68, p. 102655, 2021.
- [51] L. Bao et al., « Multi-Level Thresholding for Medical Image Segmentation Based on HHO-DE Algorithm, » *IEEE Access*, vol. 9, pp. 45678-45692, 2021.

Déclaration

Dans le cadre de la rédaction de ce mémoire, j'ai eu recours à des outils d'intelligence artificielle générative,(Claude AI , ChatGpt , KIMI) notamment pour l'aide à la formulation, la correction linguistique et l'amélioration de la clarté de certains passages. Ces outils ont été utilisés comme supports d'assistance à la rédaction et non comme substituts à la réflexion scientifique ou à la contribution personnelle

ملخص

تقدّم هذه المذكرة طريقة هجينة تُعرف بـ FCM-MPA، تجمع بين خوارزمية التجميع الضبابي Fuzzy C-Means والخوارزمية الإيحائية Marine Predators Algorithm (MPA)، بهدف التجزئة التلقائية لأورام الدماغ في صور الرنين المغناطيسي. تتغلب هذه المقاربة على القيود البنوية لخوارزمية FCM الكلاسيكية — الحساسية للتهيئة الأولية، والتقارب نحو مثاليات محلية، وضعف المتانة أمام الضوضاء — وذلك باستبدال آلية تحديث المراكز بتحسين شامل قائم على الإلهام من سلوكيات صيد الحيوانات البحرية المفترسة. تتيح دالة الهدف المركبة المتضمنة لمؤشر الصلاحية IMI التحسين المتزامن لتماسك المجموعات الداخلية والفصل بين المجموعات. أثبتت التجارب المُجرّاة على قاعدة بيانات BraTS 2021 المحتوية على 1251 حالة تفوّق FCM-MPA على ستة طرق منافسة، إذ بلغ مؤشر جاكارد JSI قيمة 0.92 للمادة البيضاء، مع الحفاظ على مستوى عالٍ من المتانة في ظل نسبة ضوضاء تصل إلى 9%.

الكلمات المفتاحية: تجزئة صور الرنين المغناطيسي للدماغ · التجميع الضبابي · خوارزمية الحيوانات البحرية المفترسة · الميتاإرشادية الإيحائية · ورم الدماغ BraTS · 2021 التحسين الضبابي · طيران ليفي

Abstract

This thesis presents FCM-MPA, a hybrid method combining Fuzzy C-Means clustering (FCM) with the Marine Predators Algorithm (MPA) for the automatic segmentation of brain tumors in MRI images. The proposed approach overcomes the structural limitations of standard FCM initialization sensitivity, local optima convergence, and lack of spatial robustness by replacing the centroid update mechanism with a global population-based optimization driven by marine predator hunting strategies. A composite objective function incorporating the IMI validity index enables the simultaneous optimization of intra-cluster cohesion and inter-cluster separation. Experiments conducted on the BraTS 2021 benchmark (1,251 cases) demonstrate the superiority of FCM-MPA over six competing methods, achieving a Jaccard Similarity Index (JSI) of 0.92 for white matter segmentation and sustained robustness under 9% noise conditions.

Keywords: Brain MRI segmentation · Fuzzy C-Means · Marine Predators Algorithm · Bio-inspired metaheuristic · Brain tumor · BraTS 2021 · Fuzzy optimization · Lévy flight

Résumé

Ce mémoire propose FCM-MPA, une méthode hybride combinant l'algorithme Fuzzy C-Means (FCM) et le Marine Predators Algorithm (MPA) pour la segmentation automatique des tumeurs cérébrales dans les images IRM. L'approche surmonte les limitations structurelles du FCM classique sensibilité à l'initialisation, convergence vers des optima locaux et absence de robustesse spatiale en substituant le mécanisme de mise à jour des centres par une optimisation populationnelle globale guidée par les comportements de chasse des prédateurs marins. Une fonction objectif composite intégrant l'indice de validité IMI permet l'optimisation simultanée de la cohésion intra-cluster et de la séparation inter-cluster. Les expérimentations conduites sur la base BraTS 2021 (1 251 cas) démontrent la supériorité de FCM-MPA face à six méthodes concurrentes, avec un indice de Jaccard JSI de 0,92 pour la substance blanche et une robustesse maintenue à 9 % de bruit.

Mots-clés : Segmentation IRM cérébrale · Fuzzy C-Means · Marine Predators Algorithm · Métaheuristique bio-inspirée · Tumeur cérébrale · BraTS 2021 · Optimisation floue · Vol de Lévy