

**République Algérienne Démocratique et Populaire**  
**Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique**  
**Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou**  
**Faculté De Génie Electrique et d'Informatique**  
**Département de Génie Biomédical**



**Mémoire de fin d'études**  
**En vue de l'obtention du diplôme de MASTER en**  
**Génie Biomédical**  
**Spécialité : Instrumentation Biomédicale**

**Présenté par :**

- RABAHALLAH Sabrina
- MEDDOUR Ouardia

---

**Analyse de la Progression des Maladies Pulmonaires à partir de**  
**la Tomodensitométrie TDM**

---

Soutenu publiquement, le 29 / 06 / 2025, devant le jury composé de :

M. OULD OUALI Samy Hassani	MCB	UMMTO	<b>Président</b>
M. BOURKACHE Nouredine	MCB	UMMTO	<b>Examineur</b>
M. BOUZID-DAHO Abdellatif	MCB	UMMTO	<b>Encadrant</b>
M. YOUNSI Merzouk	PhD	UMMTO	<b>Co-encadrant</b>

**Année Universitaire : 2024-2025**

# Remerciements

Nous tenons tout d'abord à remercier **ALLAH**, le Tout-Puissant, de nous avoir donné la force, le courage et la patience pour mener à bien ce travail.

Nous souhaitons remercier notre encadrant, **Dr. Abdellatif BOUZID-DAHO**, ainsi que notre co-encadrant **Dr. Merzouk YOUNSI**, pour leur accompagnement, leurs conseils avisés et leur disponibilité sans faille tout au long de notre travail. Leur expertise et leur soutien ont grandement contribué à la qualité de notre mémoire.

Nous remercions également **les membres du jury** pour avoir examiné ce travail, et nous adressons nos sincères remerciements à **tout le personnel** qui nous a aidés à la réalisation de ce travail.

Nous tenons également à exprimer notre reconnaissance envers les enseignants qui nous ont transmis leur savoir et leur expérience durant notre formation. Leur enseignement nous a permis de développer les compétences nécessaires à la réalisation de ce travail et de mieux comprendre les enjeux de notre domaine de recherche.

Nos sincères sentiments vont à tous ceux qui, de près ou de loin, ont contribué à la réalisation de ce travail qui clôture nos 5 années d'études en cycle master. En particulier nos chères familles.

## **Dédicace**

Je dédie ce mémoire à mes parents, les premières personnes à croire en moi, même lorsque moi-même j'en doutais. Leur amour m'a porté dans les moments de doute, leur confiance m'a donné la force d'avancer, et leur présence, même silencieuse, a été mon ancrage. À eux, je dois bien plus que ce travail : je leur dois ma persévérance, mon courage, et cette fierté d'arriver au bout.

Je souhaite également dédier ce travail à mes frères, mes sœurs et mes chères cousines en particulier LYTICIA, SONIA ET YASMINE pour leur soutien et leur encouragement constants.

Je dédie aussi ce mémoire à mes amis et camarades en particulier MELISSA, avec qui j'ai partagé de nombreux moments inoubliables tout au long de mes études. Leur amitié sincère, leur soutien constant et les souvenirs que nous avons créés ensemble ont été pour moi une véritable source d'inspiration, de réconfort et de motivation.

A ma chère amie et binôme Ouardia et à toute sa famille.

A toutes les personnes que j'aime et qui m'aiment. À vous, je dois une part de ce chemin, car c'est dans l'amour partagé que j'ai puisé la force de continuer.

**SABRINA**

## **Dédicace**

Avec toute ma gratitude, mes plus profonds sentiments de respect et de reconnaissance, je dédie cette étape importante de ma vie, ma remise de diplôme, à tous ceux qui ont contribué à sa réalisation.

A mon paradis, à la prunelle de mes yeux à la source de ma joie et mon bonheur, ma lune et le fil d'espoir qui allumer mon chemin, ma moitié mama.

A celui qui m'a fait une femme, ma source de vie, d'amour et d'affection, à mon support qui était toujours à mes cotes pour me soutenir et m'encourager, mon prince papa.

A mes bras droits SALIM, YANIS et KAMEL pour leur affection, leur confiance et leur présence rassurante à chaque instant et pour l'amour qu'ils me réservent.

A ma chère sœur KENZA qui n'ont pas cessé de me conseiller, encourager et soutenir tout au long de mes études.

A mon adorable oncle HAKIM, pour sa bienveillance et sa présence à mes côtés.

A tous les membres de ma grande famille, mes oncles, mes cousins et mes cousines pour leur affection et leur présence chaleureuse.

À mes chères copines et à mes précieux amis, je tiens à exprimer toute ma reconnaissance pour les instants de joie, de partage et de complicité vécus à vos côtés. Vos paroles réconfortantes, votre présence, vos sourires et votre amitié sincère ont illuminé mon parcours. Ces moments inoubliables resteront à jamais gravés dans mon cœur, comme des trésors de tendresse et de soutien.

Sans oublier ma binôme SABRINA pour son soutien moral sa patience et sa compréhension tout au long de ce projet.

A tout ce qui m'aiment et qui ont contribué, de près ou de loin, à ma réussite.

**OUARDIA**

## Résumé

Ce projet de fin d'étude porte sur l'analyse de la progression des maladies pulmonaires à partir d'images médicales issues de la tomodensitométrie (TDM). L'objectif principal est de développer une méthode automatique capable de détecter, segmenter et suivre l'évolution de lésions pulmonaires (nodules, infections, fibroses, etc.) à travers une série d'images TDM. Après une phase de prétraitement des données, une méthode de segmentation basée sur la croissance de région a été mise en œuvre, suivie d'une étape de caractérisation pour analyser la progression des anomalies dans le temps. Les résultats obtenus montrent une segmentation fiable et une visualisation claire des évolutions pathologiques, ce qui peut constituer une aide précieuse au diagnostic médical et au suivi thérapeutique. Des perspectives d'amélioration sont également discutées, notamment l'intégration de l'intelligence artificielle pour une meilleure précision et automatisation.

**Mots-clés :** Analyse, Maladies Pulmonaires, Tomodensitométrie (TDM), Segmentation, Intelligence Artificielle (IA).

---

## Abstract

This final year project focuses on analyzing the progression of pulmonary diseases using medical images obtained from computed tomography (CT). The main objective is to develop an automatic method for detecting, segmenting, and tracking the evolution of lung abnormalities (such as nodules, infections, or fibrosis) across a sequence of CT scans. After an initial preprocessing phase, a region growing-based segmentation approach was implemented, followed by a characterization step to assess disease progression over time. The results demonstrate reliable segmentation and a clear visualization of pathological changes, providing valuable support for medical diagnosis and treatment monitoring. Future improvements are also discussed, including the integration of artificial intelligence to enhance accuracy and automation.

**Keywords:** Analyzing, Pulmonary Diseases, Computed Tomography (CT), Segmentation, Artificial Intelligence (AI).

# Table des matières

Liste des figures

Liste des tableaux

Introduction générale.....	1
CHAPITRE 01 : Contexte médical .....	2
1 Introduction.....	3
2 Anatomie et physiologie des poumons.....	3
2.1 Anatomie des poumons .....	3
2.1.1 Structure des poumons .....	4
2.1.2 Voies respiratoires .....	4
2.2 Physiologie des poumons .....	6
2.2.1 Mécanique respiratoire .....	6
3 Maladies pulmonaires .....	7
3.1 Maladies respiratoires chroniques .....	8
3.1.1 Broncho-pneumopathie chronique obstructive.....	8
3.1.1.1 Etiologie et facteurs de risque .....	9
3.1.1.2 Physiopathologie .....	9
3.1.2 L'asthme .....	10
3.1.2.1 Epidémiologie de l'asthme .....	11
3.1.2.2 Facteurs de risque de l'asthme.....	11
3.2 Maladies infectieuses pulmonaires .....	11
3.2.1 Tuberculose pulmonaire .....	11
3.2.1.1 Epidémiologie.....	12
3.2.1.2 Physiopathologie .....	13
3.2.1.3 Nouvelles souches résistantes de la tuberculose.....	13
3.2.1.4 Les facteurs de risque .....	13
3.2.2 Coronavirus .....	14
3.2.2.1 Impact du coronavirus sur les poumons .....	15
3.2.2.2 Diagnostic radiologique.....	16
3.3 Pathologies tumorales pulmonaires .....	17
3.3.1 Le cancer des poumons.....	17
3.3.1.1 Épidémiologie.....	18
3.3.1.2 Type histologique .....	19
3.3.1.3 Facteur de risque du cancer pulmonaire .....	20

4	Imagerie médicale par tomодensitométrie dans le contexte pulmonaire .....	21
4.1	Définition de la tomодensitométrie (TDM) .....	21
4.2	Principe de fonctionnement du scanner à rayons X .....	22
4.3	Déroulement de l'examen TDM thoracique .....	23
4.4	Acquisition et formation des images CT .....	24
4.4.1	Mode séquentiel.....	24
4.4.2	Mode hélicoïdal .....	24
4.4.3	Images tomодensitométriques pulmonaires .....	25
5	Conclusion.....	25
CHAPITRE 02 : Méthodes de segmentation en imagerie médicale - Théorie et mise en œuvre de la croissance de région.....		27
1	Introduction .....	28
2	Aperçu des méthodes de segmentation d'images médicales.....	28
2.1	Méthodes basées sur le seuillage .....	29
2.1.1	Seuillage local .....	30
2.1.2	Seuillage global .....	30
2.2	Segmentation par région.....	30
2.2.1	Segmentation par croissance de région (region growing) .....	30
2.2.2	Segmentation par division de région .....	31
2.2.3	Segmentation par fusion de régions .....	31
2.2.4	Segmentation par fusion et diffusion.....	32
2.3	Méthodes basées sur le contour .....	32
2.3.1	Contours actifs (snakes) .....	33
2.4	Segmentation par classification .....	33
2.4.1	Classification supervisée .....	34
2.4.2	Classification non supervisée .....	35
2.5	Segmentation par apprentissage profond (deep learning) .....	36
2.5.1	Réseaux entièrement convolutionnels .....	37
2.5.2	L'architecture U-Net.....	38
2.6	Méthodes de segmentation par graphes (graph cuts).....	38
2.7	Avantages et limites des approches classiques.....	39
2.7.1	Avantages .....	39
2.7.2	Limites .....	40
2.7.2.1	Limite avec des images complexes .....	40
3	Principes de la méthode de croissance de région .....	41

3.1	Définition et fonctionnement général .....	41
3.2	Méthodes de sélection des pixels graines .....	41
3.3	Critères d'homogénéité.....	42
3.4	Processus itératif.....	43
3.5	Stratégies de croissance et d'arrêt .....	43
3.6	Algorithme général pas à pas.....	44
4	Conclusion.....	46
CHAPITRE 03 : Résultats expérimentaux .....		47
1	Introduction .....	48
2	Configuration matérielle et logicielle.....	48
3	Base de données .....	49
4	Prétraitement .....	49
5	Implémentation de la méthode .....	51
5.1	Algorithme de croissance de région utilisé.....	51
5.2	Paramétrage et critères d'arrêt.....	53
6	Évaluation de la segmentation.....	53
6.1	Critères d'évaluation.....	53
6.2	Résultats et discussion .....	54
6.3	Comparaison visuelle des performances des méthodes de segmentation selon les moyennes des coefficients de Dice et de Jaccard .....	76
6.4	Influence du seuil sur la segmentation par croissance de région.....	78
6.5	Influence de nombres des seeds et leur position.....	79
7	Conclusion.....	82
	.....	83
	Conclusion Générale.....	83
	Références bibliographiques.....	85

# LISTE DES FIGURES

## CHAPITRE 01 : Contexte médical

<b>Figure 1.1</b> : Vue de face des poumons humains.....	4
<b>Figure 1.2</b> : Arbre broncho-pulmonaire.....	5
<b>Figure 1.3</b> : Structure des poumons.....	6
<b>Figure 1.4</b> : Position du diaphragme lors de la respiration.....	7
<b>Figure 1.5</b> : La bronchopneumopathie chronique obstructive (BPCO).....	8
<b>Figure 1.6</b> : Bronches normales et asthmatiques.....	10
<b>Figure 1.7</b> : Bacille de Koch en microscope électronique.....	12
<b>Figure 1.8</b> : Structure du coronavirus .....	14
<b>Figure 1.9</b> : Technique de prélèvement nasopharyngé.....	17
<b>Figure 1.10</b> : Cancer du poumon.....	18
<b>Figure 1.11</b> : Répartition de l'incidence mondiale de cancer de poumon.....	19
<b>Figure 1.12</b> : Sous types du cancer du poumon.....	20
<b>Figure 1.13</b> : Le scanner (ou "tomodensitométrie", TDM).....	22
<b>Figure 1.14</b> : Principe de fonctionnement du TDM .....	23
<b>Figure 1.15</b> : Déroulement de l'examen TDM.....	24
<b>Figure 1.16</b> : (a) Acquisition du scanner séquentiel, (b) Acquisition hélicoïdal.....	25

## CHAPITRE 02 : Méthodes de segmentation en imagerie médicale – Théorie et mise en œuvre de la croissance de région

<b>Figure 2.1</b> : Techniques de segmentation d'image médicale.....	29
<b>Figure 2.2</b> : (a) Exemple d'image médicale, (b) Résultat de la segmentation par croissance de région.....	31
<b>Figure 2.3</b> : Exemple de segmentation par division et fusion.....	32
<b>Figure 2.4</b> : Modèles de contours.....	32
<b>Figure 2.5</b> : Approches de segmentation par classification .....	34
<b>Figure 2.6</b> : Exemple de segmentation d'image médicale par la méthode K-means.....	36
<b>Figure 2.7</b> : Exemple de segmentation d'une image thoracique à l'aide de Deep Learning.....	37
<b>Figure 2.8</b> : Exemple d'un graphe.....	39
<b>Figure 2.9</b> : Processus de croissance de région.....	41
<b>Figure 2.10</b> : Organigramme général de l'algorithme de croissance de régions.....	45

## CHAPITRE 03 : Résultats expérimentaux

<b>Figure 3.1</b> Exemple d'images CT-scan de la base de données LIDC-IDR.....	49
<b>Figure 3.2</b> (a) Image originale, (b) Image filtrée .....	50
<b>Figure 3.3</b> (a) image filtrée, (b) image après CLAHE.....	51
<b>Figure 3.4</b> : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-00130.....	56
<b>Figure 3.5</b> : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-0077.....	58
<b>Figure 3.6</b> : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-00217.....	60
<b>Figure 3.7</b> : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-0078.....	63
<b>Figure 3.8</b> : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-0050.....	65
<b>Figure 3.9</b> : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-00250.....	67
<b>Figure 3.10</b> : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-0014.....	69
<b>Figure 3.11</b> : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-00115.....	71
<b>Figure 3.12</b> : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-0061.....	73
<b>Figure 3.13</b> : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-00140.....	75
<b>Figure 3.14</b> : Indice de Dice, moyen $\pm$ écart-type, pour la segmentation automatique par croissance de région comparée aux annotations de quatre experts et aux stratégies de fusion.....	77
<b>Figure 3.15</b> : Indice de Jaccard (IoU), moyen $\pm$ écart-type, pour la segmentation automatique par croissance de région comparée aux annotations de quatre experts et aux stratégies de fusion.....	77
<b>Figure 3.16</b> Évolution des scores de similarité de Dice en fonction du seuil.....	79
<b>Figure 3.17</b> Évolution des scores de similarité de Jaccard (IoU) en fonction du seuil.....	79
<b>Figure 3.18</b> Résultats de segmentation selon différentes configurations de graines.....	80

# LISTE DES TABLEAUX

## Chapitre 03 : Résultats expérimentaux

<b>Tableau 3.1 :</b> Configuration du matériel utilisé.....	48
<b>Tableau 3.2 :</b> Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-00130.....	57
<b>Tableau 3.3 :</b> Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-0077.....	59
<b>Tableau 3.4 :</b> Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-00217.....	61
<b>Tableau 3.5 :</b> Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-0078.....	64
<b>Tableau 3.6 :</b> Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-0050.....	66
<b>Tableau 3.7 :</b> Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-00250.....	68
<b>Tableau 3.8 :</b> Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-0014.....	70
<b>Tableau 3.9 :</b> Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-00115.....	72
<b>Tableau 3.10 :</b> Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-0061.....	74
<b>Tableau 3.11 :</b> Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-00140.....	76
<b>Tableau 3.12 :</b> Évolution du coefficient de Dice (%) selon le nombre de graines utilisées.....	81
<b>Tableau 3.13 :</b> Évolution du coefficient de Jaccard(IoU) (%) selon le nombre de graines utilisées.....	81

## **ABREVIATION**

**TDM** : tomodensitométrie (scanner a rayon X)

**BPCO** : broncho-pneumopathie chronique obstructive

**TVO** : trouble ventilatoire obstructif

**OMS** : organisation mondiale de la santé

**Covid-19** : corona virus disease 2019

**VIH//sida** : Virus de l'Immunodéficience Humaine/Syndrome de l'Immuno Déficience Acquise

**TB** : tuberculose

**TB-MR** : tuberculose multirésistante

**TB-XDR** : tuberculose ultrarésistante

**COV** : coronavirus

**SARS-COV** : Coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère.

**SDRA** : syndrome de détresse respiratoire

**RT-PCR** : Reverse Transcription quantitative Polymerase Chain Reaction

**CPNPC** : Cancer de Poumon Non à Petit Cellules

**CPPC** : cancer de poumon à petit cellule

**CT-scan** : Computed Tomography scanner

**IRM** : imagerie par résonance magnétique

**SVM** : Support Vector Machines

**CNN** : Convolutional Neural Network

**ANN** : Artificial Neural Network

**KNN** : K-Nearest Neighbors

**FCN** : Fully convolutional Network

**3D** : 3 dimensions

**LIDC-IDRI** : Lung Image Database Consortium et Image Database Resource Initiative

**DSC** : Dice Similarity Coefficient

# Introduction générale

Au cours de la dernière décennie, le domaine du traitement d'images a connu des avancées remarquables, notamment dans les applications médicales. L'amélioration des systèmes d'acquisition numérique, la qualité croissante des images générées, ainsi que la puissance toujours plus grande des ordinateurs ont fortement contribué au développement des systèmes d'aide au diagnostic, en particulier ceux dédiés à l'analyse d'images médicales.

Ces systèmes ont pour objectif de fournir une interprétation fiable et rapide des images, adaptée aux besoins cliniques. Au cœur de ces outils, la segmentation d'image joue un rôle central : elle permet de diviser une image en régions homogènes selon des critères spécifiques, facilitant ainsi l'identification des structures d'intérêt. Dans le contexte médical, la segmentation est essentielle pour isoler les organes, les tissus et surtout pour détecter des anomalies telles que les tumeurs.

Ce travail s'inscrit dans le cadre de la segmentation pulmonaire à partir d'images médicales issues de la tomodensitométrie (CT). Le poumon, organe vital, fait l'objet d'une attention particulière en imagerie médicale pour le diagnostic de diverses pathologies respiratoires. Cependant, l'analyse manuelle de ces images reste fastidieuse et sujette à l'erreur, d'où la nécessité de développer des méthodes automatiques, rapides et fiables.

Dans ce mémoire, nous avons étudié la méthode de croissance de région, une approche intuitive et simple, consistant à regrouper les pixels présentant des caractéristiques similaires à partir de points de départ appelés « graines ». Cette technique présente l'avantage d'être facile à implémenter, peu coûteuse en calcul, et adaptée à la variabilité anatomique rencontrée dans les images médicales.

Le présent mémoire est structuré en trois chapitres :

**Chapitre I :** Contexte médical. Ce chapitre aborde les notions anatomiques et fonctionnelles des poumons, les principales pathologies pulmonaires, ainsi que l'intérêt de l'imagerie CT pour leur détection.

**Chapitre II :** Méthodes de segmentation. Nous y détaillons la technique de croissance de région, ses fondements théoriques, ses variantes et son application aux images pulmonaires.

**Chapitre III :** Expérimentation. Ce dernier chapitre présente les résultats obtenus à partir d'images réelles, une discussion critique sur les performances de la méthode, ainsi que des pistes d'amélioration pour des cas plus complexes.

À travers ce travail, nous cherchons à démontrer que même une méthode simple comme la croissance de région peut constituer un outil efficace et pertinent pour la segmentation des poumons, contribuant ainsi à alléger la charge de travail des radiologues et à améliorer la rapidité du diagnostic.

## **CHAPITRE 01 : Contexte médical**

---

## **1 Introduction**

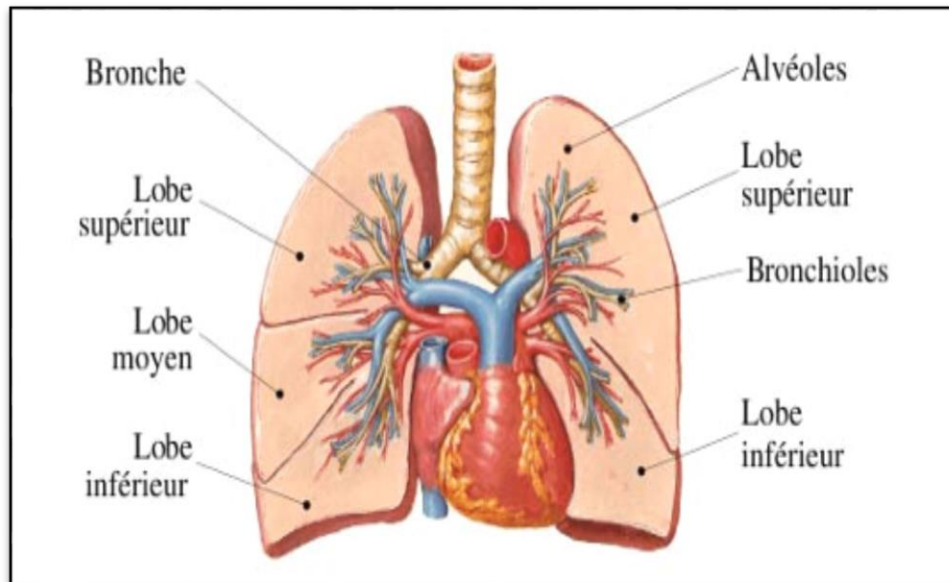
Les poumons représentent un rôle essentiel dans le corps humain, car ils travaillent en permanence tout au long de sa vie, de la naissance à la mort, pour fournir à l'organisme l'oxygène qu'il prélève dans le milieu extérieur. Aujourd'hui, les maladies pulmonaires sont très fréquentes et peuvent parfois mettre en danger la vie du patient si elles ne sont pas détectées à temps. Pour poser un diagnostic, les médecins utilisent souvent la tomodensitométrie (TDM) (scanner à rayons X), qui est un examen simple, rapide et efficace pour observer les poumons.

Dans ce chapitre, nous allons explorer l'anatomie et physiologie des poumons, ainsi que les maladies qui peuvent les affecter. Ensuite, nous verrons comment le scanner à rayons X permet de les examiner.

## **2 Anatomie et physiologie des poumons**

### **2.1 Anatomie des poumons**

Les poumons sont des organes vitaux spongieux et volumineux. Ils sont le siège des échanges gazeux entre l'air et le sang, responsable de l'apport en oxygène à l'organisme. Les deux poumons sont séparés par le médiastin. Ils sont posés sur le diaphragme et protégés par la cage thoracique. La plèvre est une mince membrane à deux feuillets, dont l'un tapisse la paroi intérieure du thorax et l'autre enveloppe les poumons. Entre les deux feuillets, une petite quantité de liquide permet aux poumons de glisser à l'intérieur de la cage thoracique. Le poumon est divisé en différentes sections, nommés lobes pulmonaires. Il y a trois lobes dans le poumon droit et deux dans le poumon gauche dont la face interne présente un emplacement pour le cœur. Les lobes sont séparés par des scissures. Chaque lobe est divisé en plusieurs segments comportant des bronchioles respiratoires, des conduits alvéolaires et des alvéoles à paroi très fine. Les poumons sont donc constitués de l'ensemble de ces alvéoles, accolées entre elles. La figure 1.1 présente un schéma des principaux éléments des poumons [1].



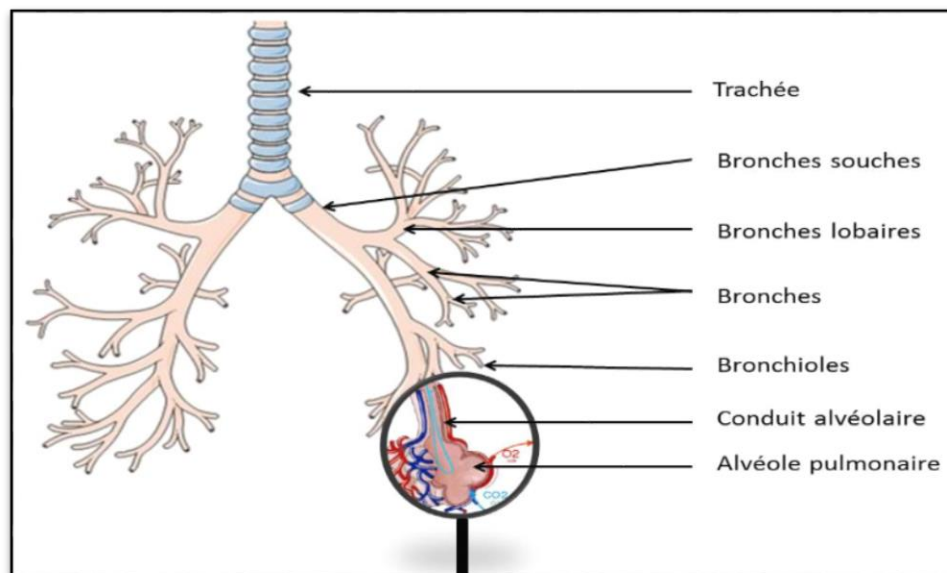
**Figure 1.1** : Vue de face des poumons humains [1].

### 2.1.1 Structure des poumons

Les deux poumons se trouvent dans la cage thoracique, délimités par les côtes à l'extérieur, le diaphragme en bas et la ceinture scapulaire en haut. Entre les deux poumons se trouve le médiastin, qui contient le cœur, les gros vaisseaux sanguins, la trachée et les bronches principales. Ils sont responsables des échanges gazeux entre l'air et le sang, permettant l'oxygénation de l'organisme et l'élimination du dioxyde de carbone. Le poumon gauche est légèrement plus petit que le droit en raison de la position du cœur sur le côté gauche. Il est composé de deux lobes, supérieur et inférieur. Quant au poumon droit, il est formé de trois lobes, supérieur, moyen et inférieur. Les deux poumons sont irrigués par des vaisseaux sanguins issus des artères pulmonaires, qui assurent les échanges gazeux, tandis que leur alimentation en oxygène est fournie par les artères bronchiques, dérivées de l'aorte [1].

### 2.1.2 Voies respiratoires

Les voies respiratoires inférieures sont composées de trois organes, comme l'illustre la Figure 1.2: la trachée, les bronches et les poumons droit et gauche. La trachée est la voie conductrice de l'appareil respiratoire qui permet de situer une limite virtuelle entre voies aériennes supérieures (nez, pharynx, larynx) et inférieures (poumons). Dans le médiastin, la trachée se divise en bronches principales, qui se ramifient en bronches segmentaires puis en bronchioles. Chaque bronchiole se ramifie en 5 à 7 bronchioles terminales, qui sont les segments terminaux de la partie de conduction de l'appareil respiratoire. L'ensemble de cette arborisation constitue l'arbre bronchique [2].



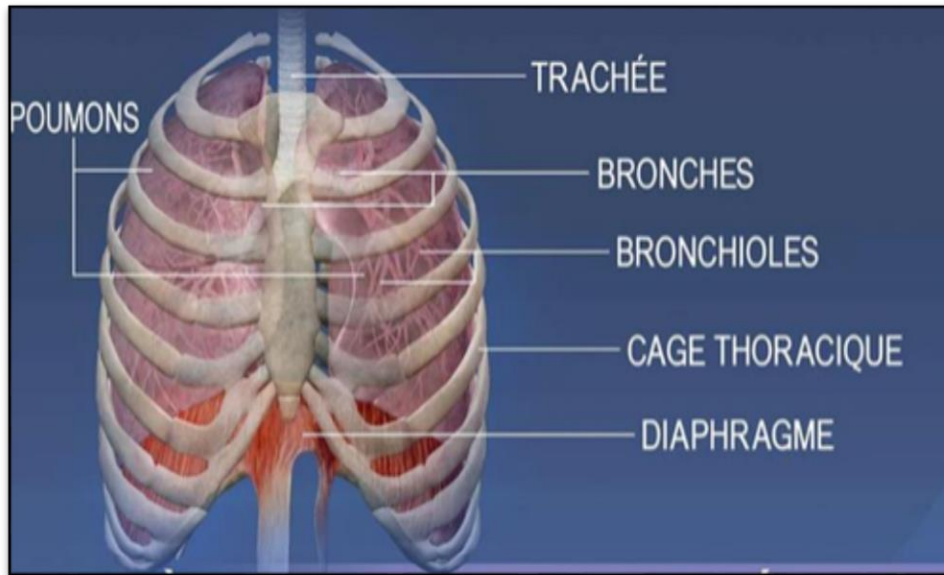
**Figure 1.2 :** Arbre broncho-pulmonaire [3].

Les bronches sont les voies respiratoires qui mènent de la trachée aux poumons, se ramifiant en structures de plus en plus petites jusqu'à ce qu'elles atteignent les alvéoles, les minuscules sacs qui permettent l'échange d'oxygène et de dioxyde de carbone dans les poumons [4]. Les deux grands organes de la respiration situés dans la cavité thoracique et chargés d'ajouter de l'oxygène et d'éliminer le dioxyde de carbone du sang. Chaque poumon est enfermé dans un mince sac membraneux appelé plèvre, et chacun est relié à la trachée par sa bronche principale (grand passage d'air) et au cœur par les artères pulmonaires.

Les poumons sont des organes mous, légers, spongieux, élastiques, contiennent toujours de l'air [5]. La fonction principale des poumons est le processus d'échange de gaz appelé respiration. Lors de la respiration, l'oxygène de l'air entrant pénètre dans le sang et le dioxyde de carbone quitte le sang. Une fonction pulmonaire réduite signifie que la capacité des poumons à échanger des gaz est réduite [6]. Les bronchioles se ramifient à leur tour en de plus petites bronches microscopiques qui aboutissent directement dans les alvéoles pulmonaires.

Les deux poumons sont entourés d'une fine enveloppe composée de deux feuillets. La première, appelée plèvre viscérale, recouvre étroitement les poumons, tandis que l'autre, appelée plèvre pariétale, est en contact avec la paroi thoracique. Entre ces deux feuillets (l'espace pleural) se trouve un liquide aqueux qui agit comme un lubrifiant permettant aux poumons de glisser sans frottements lors des mouvements respiratoires. De plus, une

pression négative règne dans cet espace, maintenant les poumons collés contre la paroi thoracique et favorisant ainsi leur expansion (expansion pulmonaire).



**Figure 1.3 :** Structure des poumons [11].

## **2.2 Physiologie des poumons**

Les poumons sont des organes faisant partie du système respiratoire. Leur rôle est donc d'apporter de l'oxygène au niveau des tissus via le sang et d'assurer l'élimination du dioxyde de carbone. Ils reçoivent l'air provenant de la trachée qui se divise en bronches souches au niveau de l'angle sternal. Les poumons sont constitués de lobes divisés par des scissures (3 lobes pour le poumon droit et 2 pour le gauche). Les lobes sont eux-mêmes subdivisés en segments et chaque segment est relié à une veine, une artère et un conduit aérien, permettant l'indépendance des différents lobes. Ainsi, le poumon est un organe en parallèle car il est constitué de sous-unités fonctionnelles indépendantes. La plus petite unité est appelée lobule ou alvéole pulmonaire et c'est là que s'effectuent les échanges gazeux.

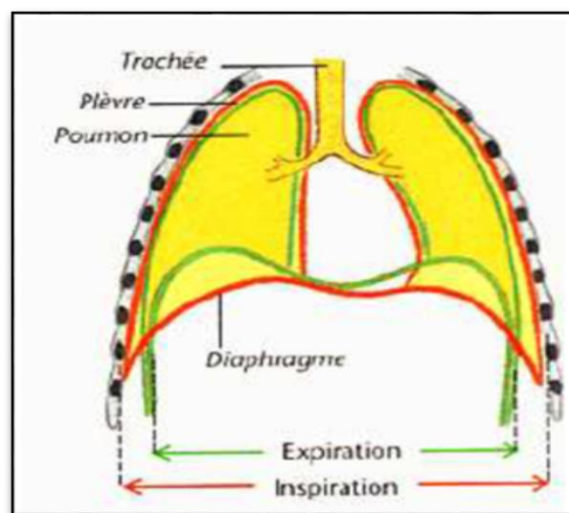
### **2.2.1 Mécanique respiratoire**

La respiration est une succession de contractions du diaphragme et des muscles intercostaux externes. Suite à la contraction du diaphragme, un muscle plat, large et arrondi qui forme une coupole séparant la cage thoracique de la cavité abdominale, celui-ci assure à lui seul la mobilisation d'environ les trois quarts de l'air inspiré lors d'une respiration de repos. Sa contraction permet un élargissement du thorax dans ses 3 dimensions, les côtes se soulèvent, les organes de l'abdomen sont abaissés et la cage thoracique augmente en volume.

Les poumons sont étirés vers le bas et un appel d'air se fait dans les voies respiratoires, c'est l'inspiration [8].

Lors de l'expiration, les muscles et le diaphragme se relâchent et l'air est éjecté (Figure 1.4). Elle est liée au simple relâchement des muscles inspiratoires. La respiration est un processus en 4 étapes :

- Ventilation pulmonaire : l'air externe est amené jusqu'aux alvéoles pulmonaires.
- Respiration externe : échanges de gaz au niveau transalvéolaire avec le sang.
- Transport des gaz : l'oxygène est transporté dans les vaisseaux sanguins.
- Respiration interne : échanges de gaz au niveau intracellulaire.



**Figure 1.4 :** Position du diaphragme lors de la respiration [8].

### **3 Maladies pulmonaires**

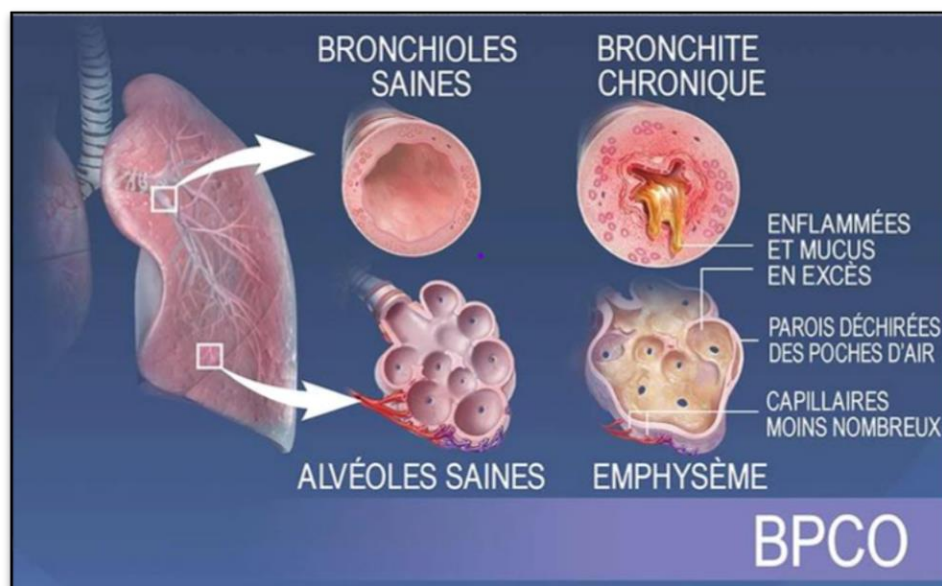
La bonne santé de l'organisme humain repose sur le fonctionnement correct des cellules individuelles. Comme tout organe, l'appareil respiratoire est exposé à des troubles. Les maladies des voies respiratoires sont des pathologies affectant les voies de passage de l'air, notamment les voies nasales, les bronches et les poumons. Les maladies respiratoires englobent les infections respiratoires aiguës ainsi que les maladies respiratoires chroniques telles que l'asthme, la bronchopneumopathie chronique obstructive et le cancer du poumon.

### 3.1 Maladies respiratoires chroniques

#### 3.1.1 Broncho-pneumopathie chronique obstructive

La bronchopneumopathie chronique obstructive, également connue sous le nom BPCO, est une maladie inflammatoire chronique, lentement progressive, atteignant les bronches. Elle se caractérise par une diminution non complètement réversible du débit d'air et touche principalement les personnes âgées de 45 ans et plus. Cette maladie pulmonaire chronique est fréquente, représente l'un des principaux problèmes de santé globale et entraîne un degré d'invalidité significatif à l'échelle mondiale. Au début, elle n'entraîne pas toujours de symptômes et ne provoque qu'un handicap minime chez de nombreux patients. Cependant, la maladie tend à s'aggraver avec le temps [9].

La bronchite chronique a longtemps été considérée comme le stade initial de la BPCO. Elle est définie par la présence d'une toux et d'une expectoration chronique évoluant pendant plus de 3 mois par an. Ces symptômes, généralement sous-estimés par les fumeurs et parfois également par le corps médical (toux du fumeur), sont souvent les premiers signes d'une BPCO. Ils traduisent l'inflammation des voies respiratoires de conduction, et n'impliquent aucune altération de la fonction respiratoire [10].



**Figure 1.5 :** La bronchopneumopathie chronique obstructive (BPCO) [11].

Par ailleurs, la BPCO est caractérisée par une augmentation permanente des espaces aériens situés au-delà de la bronchiole pulmonaire. Ce phénomène, connu sous le nom d'emphysème, entraîne une dégradation des parois alvéolaires sans présence notable de

fibrose [12]. Celui-ci favorise le développement d'un syndrome obstructif par diminution de la réaction élastique du poumon. On distingue principalement deux types d'emphysème :

- L'emphysème centro-lobulaire, caractérisé par une dilatation des espaces aériens et une destruction des parois alvéolaires situées au centre du lobule. Il se distribue généralement dans l'ensemble du parenchyme pulmonaire ;
- L'emphysème panlobulaire (ou primitif), plus rare, correspond à une dilatation plus distale des espaces aériens [13].

### **3.1.1.1 Etiologie et facteurs de risque**

La BPCO est une maladie aux causes multiples, mais elle est le plus souvent liée au tabac, qu'il soit consommé activement ou passivement. Le tabagisme constitue le principal facteur de risque : plus de 80 % des cas lui sont attribuables. D'autres facteurs peuvent également intervenir, tels que la pollution de l'air (intérieure et extérieure), les expositions professionnelles ou domestiques à certaines substances (silice, poussières de charbon ou végétales, moisissures), ainsi qu'une prédisposition génétique.

On estime qu'environ 50 % des fumeurs développent un trouble ventilatoire obstructif (TVO), et 10 à 20 % d'entre eux évoluent vers une BPCO [14]. Le risque augmente avec la quantité de tabac consommée, mais aussi selon l'âge de début du tabagisme et sa durée. Bien que plus rare, la BPCO peut également toucher des non-fumeurs [15]. La fumée de tabac contient plus de 1 000 substances toxiques, responsables d'une inflammation chronique des bronches et d'une altération de l'épithélium bronchique [15].

### **3.1.1.2 Physiopathologie**

La BPCO est définie comme une maladie évitable et traitable, caractérisée par une obstruction ventilatoire non complètement réversible, souvent progressive et associée à une réponse inflammatoire anormale et chronique des bronches [16]. Selon l'organisation mondiale de la santé (OMS), cette maladie évolue en deux phases :

- maladie des grosses bronches avec diminution du nombre des cellules ciliées, prolifération des cellules à mucus, hypertrophies des glandes séro-muqueuses.
- maladie des petites bronches avec sténose inflammatoire, obstruction, puis emphysème centro-lobulaire.

L'inhalation de fumée de tabac, de gaz nocifs et d'autres particules provoque un rétrécissement des bronches, ainsi qu'une obstruction liée à des sécrétions épaisses. Cette maladie se caractérise par une diminution des débits aériens, partiellement réversible [17].

Au cours de la BPCO, des anomalies morphologiques peuvent être observées à tous les niveaux de l'arbre bronchique, dans le parenchyme pulmonaire, ainsi que dans la vascularisation pulmonaire [18].

### 3.1.2 L'asthme

L'asthme est une affection inflammatoire bronchique chronique qui se manifeste par des crises de toux sèche, des sifflements, des difficultés respiratoires et un essoufflement qui surviennent lors d'une exacerbation transitoire du processus inflammatoire entraînant une obstruction bronchique. Cette maladie fréquente touche plus de 2.5 millions de personnes en Algérie. Ses premières manifestations surviennent le plus souvent pendant l'enfance [19].

Chez une personne asthmatique, les bronches sont anormalement sensibles à certains facteurs comme l'exercice physique, le froid, la fumée de cigarette ou l'exposition à des substances responsables de réaction allergique (allergènes). Cette plus grande sensibilité (hyper-réactivité) des bronches est la conséquence de leur inflammation permanente. Lorsque les bronches enflammées sont agressées (par les allergènes, la fumée, le froid, l'air sec, la pollution, etc.), elles réagissent en se contractant et en produisant du mucus. Cette réaction gêne le passage de l'air dans les bronches : c'est ce qu'on appelle une crise d'asthme [20].

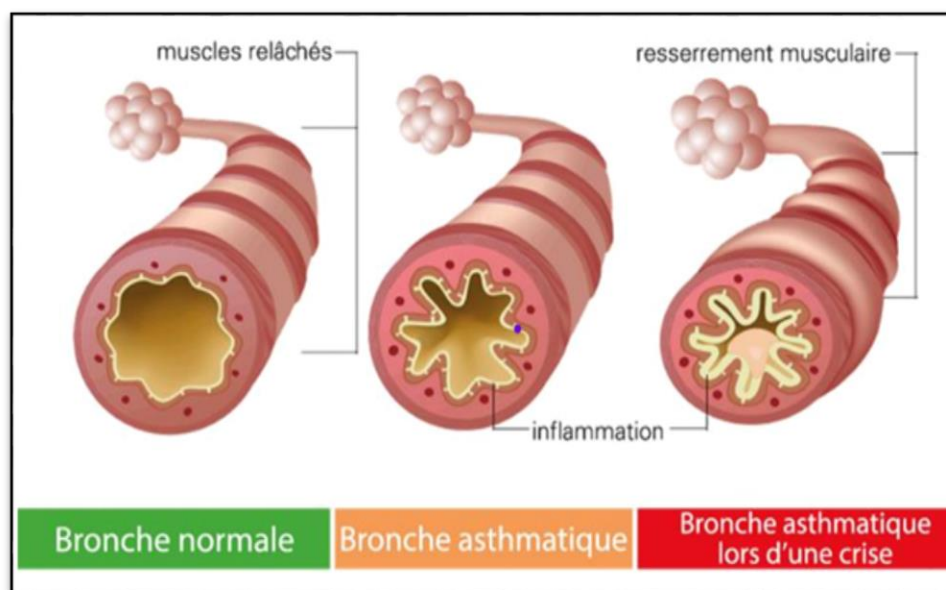


Figure 1.6 : Bronches normales et asthmatiques [21].

**3.1.2.1 Épidémiologie de l'asthme**

L'asthme est une affection chronique qui représente une charge importante pour les individus, leurs proches et les systèmes de santé. Entre 1990 et 2019, son impact global a légèrement diminué, essentiellement grâce à une baisse de la mortalité plutôt qu'à une diminution de sa prévalence [22]. Il demeure, cependant, la maladie respiratoire chronique la plus fréquente, affectant plus de 262,4 millions de personnes en 2019 [23], et ce chiffre pourrait avoir atteint ou dépassé les 360 millions en 2026, en raison des changements de mode de vie et de l'urbanisation [24].

Sur le plan épidémiologique, les définitions de l'asthme varient selon l'âge. Chez les enfants de moins de 6 ans, il est souvent identifié par la survenue d'épisodes de sifflements [26]. Pour les enfants de 6 à 18 ans, on recense jusqu'à 60 définitions différentes, la plupart reposant sur un diagnostic médical, parfois associé à des symptômes ou à la prise de traitements [27]. Chez l'adulte, les critères sont également multiples, principalement fondés sur des questionnaires standardisés [25].

**3.1.2.2 Facteurs de risque de l'asthme**

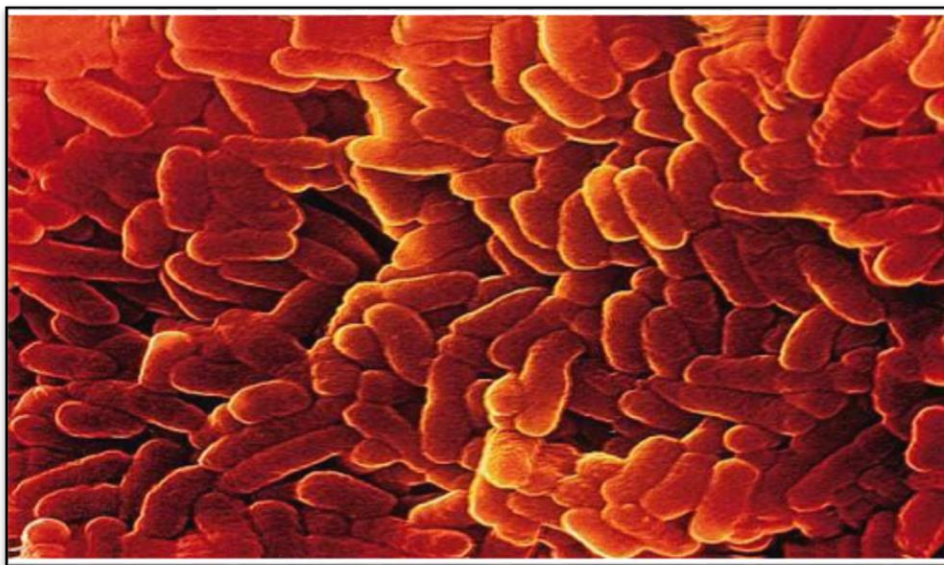
L'asthme résulte de multiples facteurs mêlant génétique, environnement, comportements et conditions sociales [28]. Certains de ces éléments, comme le tabac ou l'alimentation, sont modifiables, ce qui en fait des leviers clés pour la prévention. La composante héréditaire est importante [29], et certaines prédispositions génétiques influencent non seulement l'apparition de la maladie, mais aussi sa gravité et la réponse aux traitements [30]. Le stress et la dépression [31] sont aussi des facteurs susceptibles d'aggraver ou de déclencher l'asthme. D'autres facteurs de risques bien connus, comme le tabagisme, un faible poids de naissance, une mauvaise alimentation, l'obésité, la pollution ou les moisissures, touchent davantage les populations socialement défavorisées [32]. Le mode de vie joue donc un rôle majeur. L'obésité, en particulier, est reconnue comme un type spécifique d'asthme [33], associée à un risque accru d'apparition et de complications chez l'adulte [34]. Parmi les facteurs de risque environnementaux, la pollution de l'air extérieur reste un élément majeur dans le développement de l'asthme et le déclenchement de ses symptômes.

**3.2 Maladies infectieuses pulmonaires****3.2.1 Tuberculose pulmonaire**

La tuberculose est une maladie contagieuse qui constitue l'une des principales causes de mauvaise santé et figure parmi les premières causes de mortalité à l'échelle mondiale. Avant

l'apparition de la pandémie de COVID-19, elle était la première cause de décès liée à un agent infectieux unique, surpassant le VIH/sida [36].

La maladie est provoquée par le bacille *Mycobacterium tuberculosis*, aussi nommée bacille de Koch, qui se transmet par voie aérienne lorsque des individus infectés libèrent la bactérie dans l'air, notamment en toussant. Bien que la tuberculose touche principalement les poumons (tuberculose pulmonaire), elle peut également atteindre d'autres organes. Environ 90 % des personnes qui développent la maladie sont des adultes, avec une prévalence plus élevée chez les hommes que chez les femmes. On estime qu'environ un quart de la population mondiale est porteur de *M. tuberculosis*.



**Figure 1.7 :** Bacille de Koch en microscope électronique [37].

### **3.2.1.1 Epidémiologie**

La tuberculose est une affection contagieuse, endémique dans le monde entier [38]. Elle est l'une des 10 premières causes de mortalité dans le monde. Parmi les maladies dues à un agent infectieux unique, la tuberculose est celle qui est à l'origine du plus grand nombre de décès (plus que le VIH/sida). Au total, 1,4 million de personnes sont mortes de la tuberculose en 2019 [39]. De plus on estime que 1,1 million d'enfants (âgés de 0 à 14 ans) ont fait une tuberculose et que 251 000 en sont morts. Elle touche de façon inégale les différentes collectivités selon leur niveau socio-économique et médical, principalement les pays en voie de développement.

L'OMS estime qu'il y a au moins 10 à 20 millions de cas de tuberculose active dans le monde, dont les trois quarts se trouvent dans les pays en développement [38].

### **3.2.1.2 Physiopathologie**

La tuberculose est une maladie principalement pulmonaire qui débute généralement par l'inhalation de gouttelettes contaminées par *M. tuberculosis*, émises dans l'air par un individu malade, en toussant ou en parlant [39]. La transmission de la maladie est un processus très efficace. En effet, les gouttelettes contaminées peuvent rester dans l'air pendant plusieurs heures et la dose infectieuse minimale peut être très faible, de 1 à 10 bactéries [39]. L'homme constitue le réservoir naturel du germe, et la transmission inter-espèce reste exceptionnelle [40]. L'infection d'une personne en contact avec le germe correspond à la primo-infection tuberculeuse. Une certaine immunité se développe alors, empêchant, dans la majorité des cas, l'apparition de la maladie. S'ensuit une phase de latence, puis une éventuelle phase de maladie, due à la réactivation des germes ou réinfection exogène. La personne développe alors la maladie et devient éventuellement bacillifère [40].

### **3.2.1.3 Nouvelles souches résistantes de la tuberculose**

Certaines formes de tuberculose posent aujourd'hui de sérieux défis en santé publique en raison de leur résistance aux traitements classiques. La tuberculose multirésistante (TB-MR), qui ne répond plus à l'isoniazide et à la rifampicine, nécessite des protocoles thérapeutiques plus lourds et moins efficaces. Une forme encore plus grave, la tuberculose ultrarésistante (TB-XDR), montre une résistance à plusieurs antituberculeux de seconde ligne [75]. Ces résistances sont souvent causées par des traitements mal suivis ou interrompus. Pour mieux détecter ces cas, des outils diagnostiques rapides, tels que le GeneXpert, ont été introduits, tandis que de nouvelles molécules, telles que la bédaquiline, ont permis d'améliorer les options thérapeutiques [76].

### **3.2.1.4 Les facteurs de risque**

La tuberculose (TB) est une maladie influencée par des facteurs environnementaux, génétiques et sociaux [41]. Elle touche principalement les populations précaires (migrants, personnes âgées, populations urbaines en situations de vulnérabilité), avec une incidence deux fois plus élevée chez les hommes [42]. La promiscuité et la durée d'exposition augmentent considérablement le risque de transmission [43].

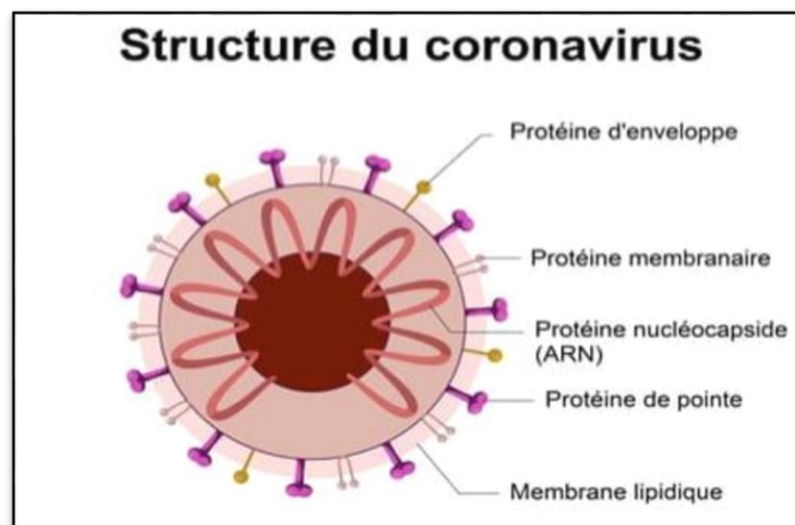
Certaines affections, telles que le VIH, le diabète ou la malnutrition, favorisent le développement de la tuberculose. Les variations génétiques contribuent à la diversité des

formes cliniques observées [44], et les femmes semblent bénéficier d'une certaine protection, possiblement liée à des facteurs hormonaux et métaboliques.

Le tabagisme, l'exposition aux fumées de biomasse [45], ainsi qu'une carence en vitamine D [46], sont également des facteurs de risque reconnus.

### 3.2.2 Coronavirus

Les coronavirus forment une famille de virus variés (Coronavirales) qui peuvent infecter aussi bien l'homme que l'animal. Leur nom signifie "virus en couronne" et vient du fait qu'ils possèdent tous un aspect en forme de couronne lorsqu'ils sont observés au microscope. Les coronavirus ont été identifiés pour la première fois chez l'humain dans les années 1960. Il s'agit de virus causant des maladies émergentes, c'est-à-dire des infections nouvelles dues à des modifications ou à des mutations du virus. Les coronavirus humains provoquent principalement des infections respiratoires, allant du rhume bénin à des pneumopathies sévères, parfois létales. Ils peuvent également s'accompagner de troubles digestifs, tels que des gastro-entérites [49]. Leur présentation clinique peut prendre la forme illustrée à la Figure 1.8.



**Figure 1.8** : Structure du coronavirus [50].

Le temps d'incubation d'un coronavirus correspond à la période entre l'exposition au virus et à la l'apparition des premiers symptômes. En général, il varie entre 3 et 5 jours, mais peut parfois aller jusqu'à 12 et 14 jours.

Les coronavirus sont regroupés en quatre sous-groupes : alpha, bêta, gamma et delta. Parmi eux, sept formes différentes infectent l'être humain. Quatre sont courantes et généralement peu graves : 229E (alpha coronavirus), NL63 (alpha coronavirus), OC43 (bêta-coronavirus), HKU1 (bêta-coronavirus). Trois autres, plus sévères, ont provoqué des épidémies notables :

- SARS-CoV (bêta-coronavirus responsable du syndrome respiratoire aigu sévère ou SARS, identifié en Chine en 2002).
- MERS-CoV (bêta-coronavirus à l'origine du syndrome respiratoire du Moyen-Orient ou MERS, découvert en Arabie Saoudite en 2012).
- SARS-CoV-2 (bêta-coronavirus responsable de la maladie Covid-19).

En décembre 2019, des cas de pneumonie, parfois mortelles, ont été signalés pour la première fois à Wuhan, capitale de la province du Hubei en Chine. Peu de temps après, le nombre de cas a rapidement augmenté, se propageant à travers la Chine puis dans le reste du monde. Au 25 mars 2020, plus de 400 000 cas de la maladie ont été confirmés avec plus de 18 000 décès. L'agent causal de la maladie a été confirmé comme étant un nouveau coronavirus (CoV). L'OMS a officiellement nommé la maladie « maladie à coronavirus 2019 (COVID-19) » et désigne désormais le virus sous le nom de « virus de la COVID-19 » (anciennement appelé « 2019-nCoV » ou « Coronavirus de Wuhan »). L'analyse du génome viral a révélé que le nouveau coronavirus est relativement proche du coronavirus du syndrome respiratoire aigu sévère (SARS-CoV) [51]. Cette maladie (virus), nouvellement reconnu, est récemment arrivée en tête de liste des maladies pulmonaires, car il est hautement transmissible et aucun vaccin ou médicament antiviral cliniquement approuvé n'est encore disponible. Depuis son apparition, le nombre d'infections a atteint 506 700 624 cas, dont 6 207 035 décès dans tout le monde [52], et ces nombres indiquent la gravité de cette maladie.

### **3.2.2.1 Impact du coronavirus sur les poumons**

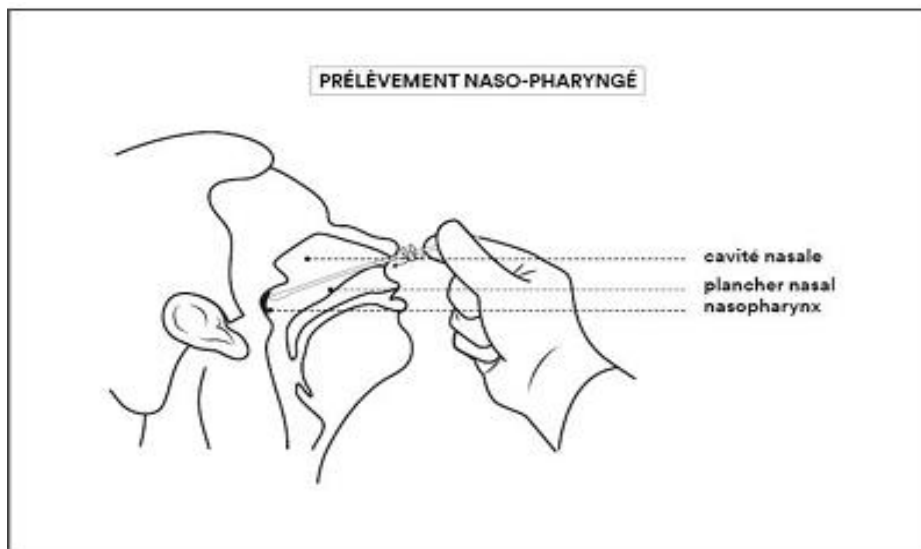
L'infection par le SARS-CoV-2, le virus responsable de la COVID-19, affecte principalement le système respiratoire, avec des atteintes parfois graves au niveau des poumons. Dans les formes légères à modérées, le virus provoque généralement une inflammation transitoire. En revanche, dans les cas sévères, il peut entraîner une pneumonie virale diffuse pouvant évoluer vers un syndrome de détresse respiratoire aiguë (SDRA). Ce dernier constitue une urgence médicale nécessitant souvent une hospitalisation en soins intensifs avec assistance respiratoire [66].

Dans les cas les plus graves, l'inflammation prolongée du tissu pulmonaire peut conduire à une fibrose pulmonaire, une affection caractérisée par une rigidification et une perte d'élasticité des poumons. Cette complication se manifeste par une dyspnée persistante (essoufflement) et une réduction importante de la qualité de vie. Ce type de séquelle est principalement observé chez les personnes ayant présenté une atteinte pulmonaire sévère [67]. Par ailleurs, chez les personnes atteintes de maladies respiratoires chroniques, telles que l'asthme, la COVID-19 peut aggraver les symptômes existants, provoquer des exacerbations et compliquer la prise en charge de la maladie [68].

### **3.2.2.2 Diagnostic radiologique**

Le diagnostic de l'infection à SARS-CoV-2 repose principalement sur des tests virologiques. Parmi eux, la réaction de transcription inverse suivie d'une réaction de polymérisation en chaîne quantitative en temps réel (RT-qPCR) constitue la méthode de référence pour confirmer la présence du virus. Le test de diagnostic rapide basé sur la détection de l'antigène spécifique du SARS-CoV-2 est également utilisé, notamment en phase précoce de l'infection. En phase ultérieure, ou après la guérison, des tests sérologiques, tels que le test ELISA ou le test de flux latéral permettent de détecter les anticorps spécifiques produits par l'organisme en réponse à l'infection [65].

L'imagerie thoracique, en particulier la tomodensitométrie (TDM ou scanner thoracique), constitue un outil essentiel pour évaluer les atteintes pulmonaires, notamment en contexte d'urgence. Elle s'est avérée efficace pour orienter les patients vers des unités COVID-19 ou non, en attendant les résultats de la RT-PCR. En cas de pneumopathie à COVID-19, la TDM présente une sensibilité élevée, bien que non spécifique. Les signes radiologiques les plus fréquents sont des opacités en verre dépoli, bilatérales, périphériques, plurilobaires et prédominant dans les régions postérieures. L'extension des lésions est généralement corrélée à la gravité clinique, et ces anomalies peuvent apparaître avant même l'apparition des symptômes, ce qui souligne la grande sensibilité de cette méthode [66].



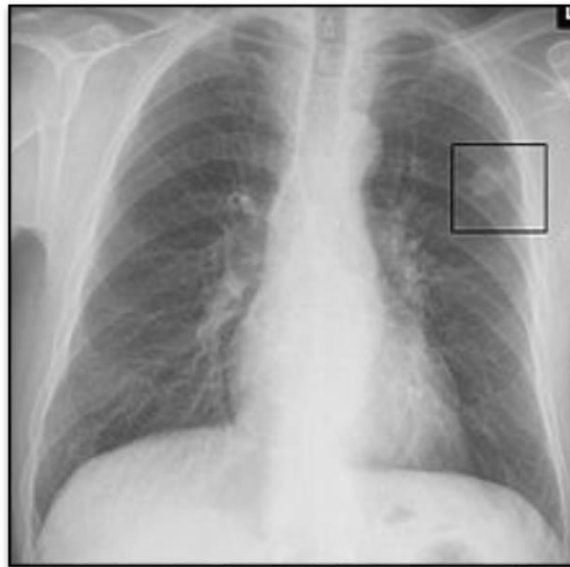
**Figure 1.9 :** Technique de prélèvement nasopharyngé [66].

### 3.3 Pathologies tumorales pulmonaires

#### 3.3.1 Le cancer des poumons

Le cancer du poumon est l'un des cancers les plus courants et les plus mortels. Selon l'OMS, c'est la cause la plus fréquente de décès par cancer chez les hommes, et, après le cancer du sein, chez les femmes. Il est la cause de 1,3 million de décès par an dans le monde. La maladie affectant les cellules des bronches et des poumons. Il se développe à partir d'une cellule initialement normale qui subit une transformation, puis se multiplie de façon anarchique, jusqu'à former une masse appelée tumeur maligne.

Les tumeurs cancéreuses malignes peuvent métastaser, c'est-à-dire se propager à d'autres parties du corps. On distingue deux types de cancer du poumon : le cancer bronchique primaire et le cancer bronchique secondaire [53]. La grande majorité de ces tumeurs malignes primitives sont des cancers (malignités épithéliales). Les métastases pulmonaires secondaires correspondent à la présence de cellules cancéreuses provenant d'un cancer initialement localisé dans un autre organe. Ces cellules peuvent se propager vers les poumons par voie sanguine ou lymphatique, la lymphe représentant une voie fréquente de dissémination des cellules cancéreuses [54].



**Figure 1.10 :** Cancer du poumon.

Le cancer pulmonaire peut se localiser dans la trachée, les bronches et les voies aériennes ou le tissu pulmonaire. Le cancer bronchique est la forme la plus fréquente de cancer du poumon. Il se divise en deux grandes catégories : les cancers dits non à petites cellules, qui représentent près de 85% des cas, et les cancers dits à petites cellules, qui représentent environ 15%. Le premier est la forme la plus répandue ; il se développe localement durant une période prolongée. Contrairement au premier type, le cancer CBPC se développe rapidement et forme dans la plupart du temps, très précocement, des tumeurs- filles (métastases) et se propage souvent à d'autres parties du corps [55].

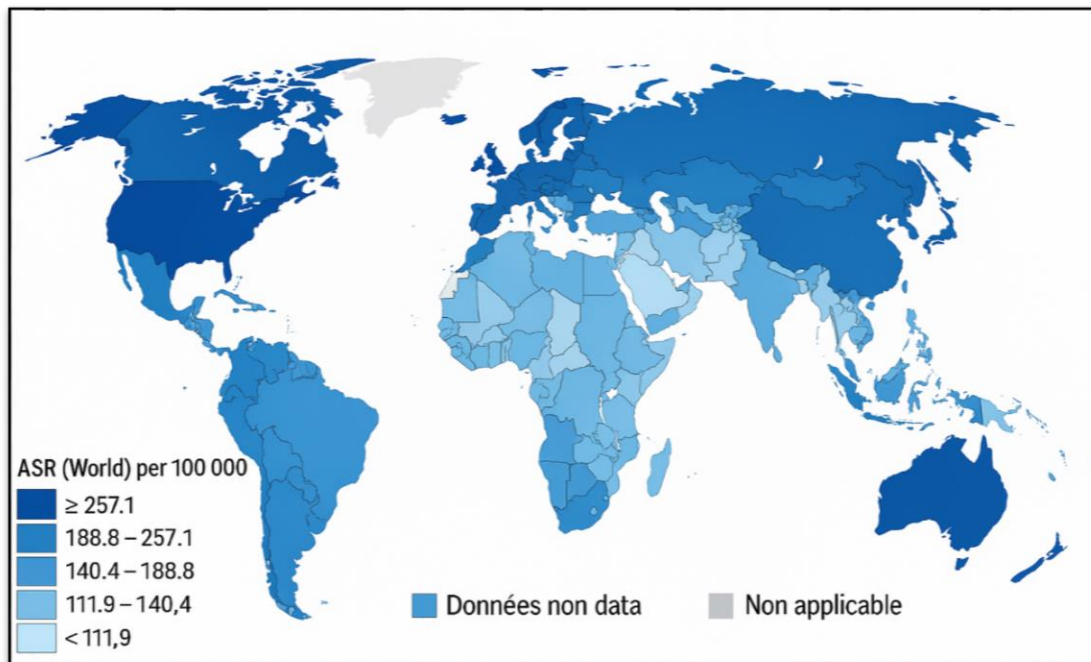
### 3.3.1.1 Épidémiologie

Le cancer du poumon fait partie des cancers les plus fréquents, avec plus de deux millions de nouveaux cas dans le monde en 2020, avec 1.4 millions nouveaux cas pour les hommes (1er rang) et 772800 nouveaux cas pour les femmes (2ème range).

Et le nombre de décès par cancer pulmonaire dans le monde est estimé à 1.80 millions soit

:

- Chez les hommes : 1.18 millions décès (1er rang).
- Chez les femmes : 602 800 décès (2ème rang) [56].



**Figure 1.11** : Répartition de l'incidence mondiale de cancer de poumon [62].

En Algérie le cancer du poumon est le plus meurtrier des cancers dont le premier facteur de risque prépondérant est le tabagisme selon les spécialistes. Ils affirment que le cancer du poumon occupe dans notre pays la deuxième position après le cancer du sein [57].

Selon les données de l'observatoire mondial du cancer (GLOBOCAN) 2020 [57], l'Algérie a enregistré 58 418 nouveaux cas de cancer, toutes localisations confondues, dont 4 744 cas de cancer du poumon, répartis comme suit :

- 4 159 nouveaux cas chez les hommes.
- 615 nouveaux cas chez les femmes.

Le nombre de décès par cancer du poumon en Algérie est estimé à 4 333, ce qui représente 13.2% du nombre total de décès par cancer [57].

### 3.3.1.2 Type histologique

Les tumeurs malignes peuvent se développer dans divers organes et sont classées selon leur origine, leur type histologique et leur degré de malignité. Les principaux types de cancer du poumon sont le carcinome épidermoïde, l'adénocarcinome, le carcinome à grandes cellules et le carcinome à petites cellules. Les trois premiers sont regroupés sous l'appellation de cancers du poumon non à petites cellules. L'adénocarcinome est en augmentation chez les deux sexes. Le carcinome épidermoïde, généralement associé à une métaplasie épidermoïde, provient le plus souvent des bronches proximales [59].

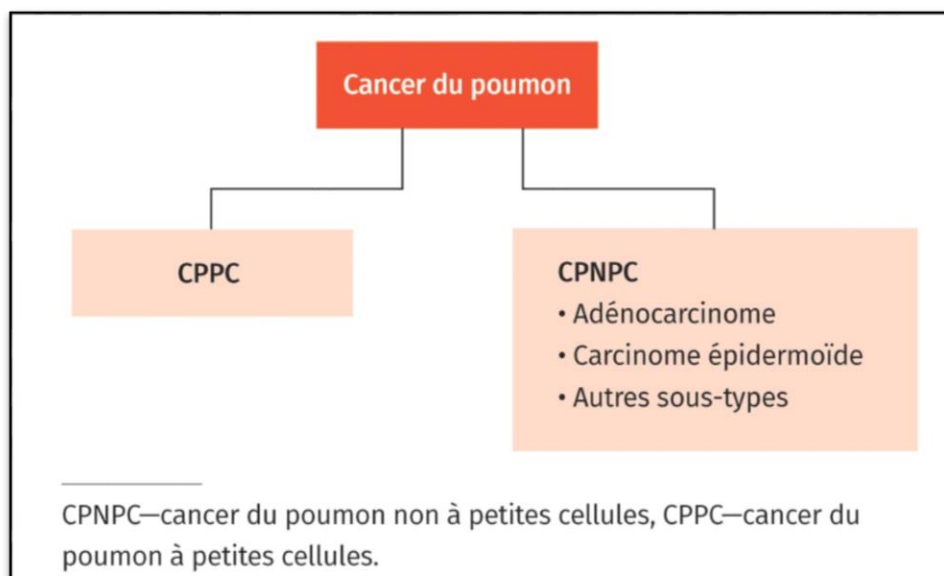
On distingue également les cancers primitifs, qui apparaissent initialement dans les poumons, des cancers secondaires, qui se développent ailleurs dans l'organisme avant d'atteindre les poumons. Dans le cas des cancers primitifs, l'examen histopathologique permet de différencier les types [60].

Les principaux types de cancers primitifs du poumon sont :

- Les cancers épidermoïdes (35-40 %) ;
- Les adénocarcinomes (25-35 %) ;
- Les carcinomes à grandes cellules (10-15 %) ;
- Les carcinomes à petites cellules (20-25 %).

Ces quatre catégories représentent près de 95 % des cancers du poumon. Elles se répartissent en deux grandes familles : le cancer du poumon non à petites cellules (CPNPC) et le cancer du poumon à petites cellules (CPPC) [60].

Les cancers non à petites cellules sont souvent traités par chirurgie, tandis que le carcinome à petites cellules n'est généralement pas opérable et fait l'objet d'un traitement par chimiothérapie et radiothérapie.



**Figure 1.12** : Sous types du cancer du poumon [61].

### 3.3.1.3 Facteur de risque du cancer pulmonaire

Un facteur de risque est un comportement, une substance ou une condition qui augmente la probabilité de développer un cancer. La majorité des cancers résultent de l'influence combinée de plusieurs facteurs de risque. Le tabagisme est le facteur de risque le plus important dans le développement du cancer du poumon [54]. Le risque de développer

un cancer du poumon augmente également avec l'âge. Plus de la moitié des nouveaux cas sont diagnostiqués chez des hommes âgés de 60 ans ou plus. Les hommes présentent d'ailleurs un risque plus élevé que les femmes de développer cette maladie. Les facteurs de risque sont souvent classés du plus important au moins important. Cependant, dans la plupart des cas, il est difficile de les catégoriser avec une certitude absolue [54].

D'autres facteurs peuvent également augmenter le risque de cancer du poumon, notamment :

- La consommation d'alcool et du cannabis ;
- Une mauvaise alimentation ;
- L'exposition au radon ;
- L'exposition à certains produits chimiques, tels que l'arsenic, le chrome, le nickel ;
- La pollution atmosphérique.

#### **4 Imagerie médicale par tomодensitométrie dans le contexte pulmonaire**

C'est au début des années 1970 que Godfrey Hounsfield, un chercheur anglais, a inventé une technologie qui a révolutionné le domaine du diagnostic médical.

De nos jours, plusieurs technologies sont employées en tomographie, mais la plus répandue reste la tomographie à rayons X, celle que Hounsfield a employée pour développer le premier système. Cette technique porte plusieurs appellations : scanner X, scanographie, scanneur, tomодensitométrie, ou encore, en anglais, Computed Tomography (CT).

##### **4.1 Définition de la tomодensitométrie (TDM)**

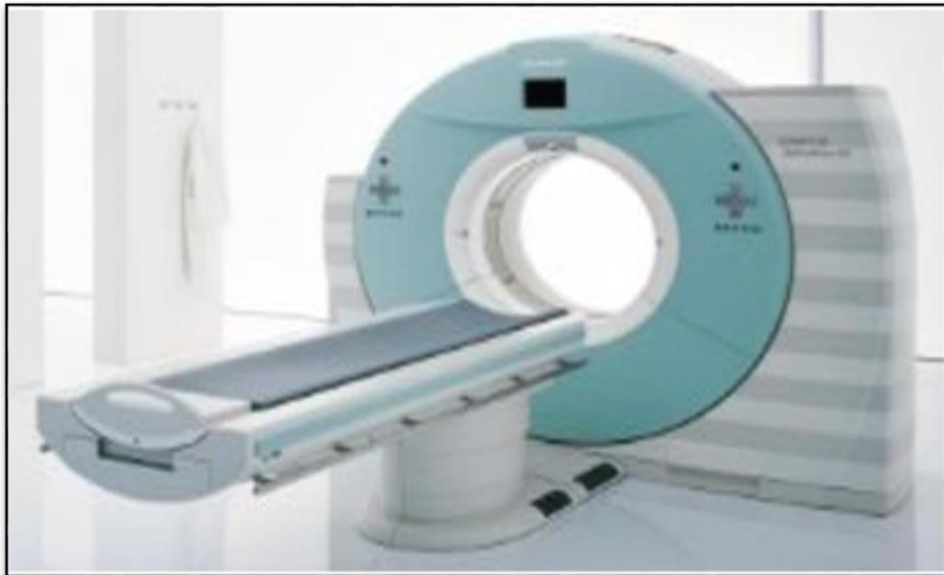
Le scanner, également appelé scanner X, tomодensitométrie (TDM) ou CT-scan, est une technique d'imagerie médicale qui permet de visualiser en détail une région spécifique du corps. Il repose sur l'utilisation de rayons X à faible dose, dirigés vers la zone à examiner [69]. De nos jours, la majorité des grands établissements hospitaliers sont équipés de scanners, capables de détecter des tumeurs cancéreuses au niveau du foie, du cerveau, des poumons, des reins, ainsi que des hernies discales [70].

Le scanner constitue un outil de dépistage particulièrement sensible pour la détection des nodules pulmonaires. Le scanner thoracique permet de repérer avec précision la taille et la localisation des anomalies ou des nodules, y compris ceux de très petite taille (inférieure ou égale à 3 millimètres). Il est indispensable de réaliser au minimum un scanner afin de déterminer les dimensions du nodule, son caractère unique ou multiple, sa localisation, et

surtout d'en analyser la morphologie. Cette analyse permet de d'évaluer si le nodule présente un aspect rassurant ou s'il nécessite des investigations supplémentaires [100].

Un scanner est constitué des éléments suivants :

- Un générateur de haute puissance, fournissant un courant élevé (200 à 500mA) ;
- Un tube à rayon X, émettant un faisceau de photons qui traverse le corps du patient ;
- Un collimateur primaire, situé à la sortie de tube à rayon X, qui définit la largeur de la coupe ;
- Un collimateur secondaire, positionné à l'entrée de du détecteur, destiné à réduire le rayonnement diffusé ;
- Un détecteur, qui convertit les rayons X en signal électrique [100].

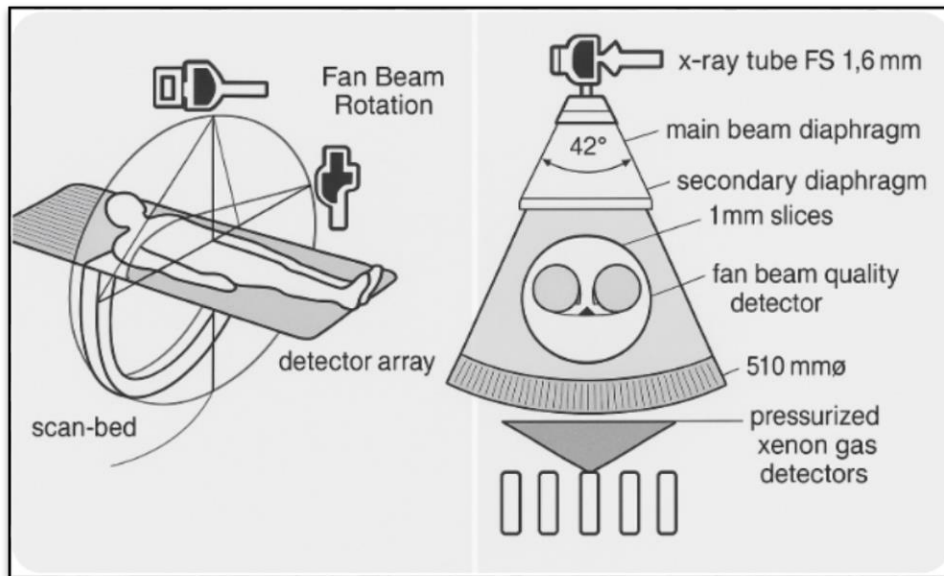


**Figure 1.13** : Le scanner (ou "tomodensitométrie", TDM) [71].

## **4.2 Principe de fonctionnement du scanner à rayons X**

Le scanner est constitué d'un anneau muni d'un tube émetteur de rayons X et de capteurs numériques, qui balayent la zone du corps à étudier en effectuant des rotations. L'appareil émet des rayons X à faible dose, Son principe repose sur l'atténuation et l'absorption de ces rayons. Le tube à rayons X tourne autour du patient en même temps qu'une série de détecteurs, qui mesurent la quantité de rayons X résiduels après leur traversée du corps. Les images projetées des structures, à différents niveaux du corps, varient selon leur vitesse de déplacement et leur densité [72].

En effet, une partie du rayonnement incident entrant en contact avec le corps est absorbée par les tissus traversés. Le rayonnement émergent est capté par des détecteurs électroniques, qui tournent simultanément avec le tube à rayons X. Ces détecteurs recueillent le rayonnement résiduel après avoir sa traversé de l'organe à étudier et mesurent l'atténuation des rayons X. Le signal capté est ensuite converti en signal électrique, puis transformé en données numériques exploitables par les logiciels de l'ordinateur. La figure 1.14 illustre le principe du TDM.



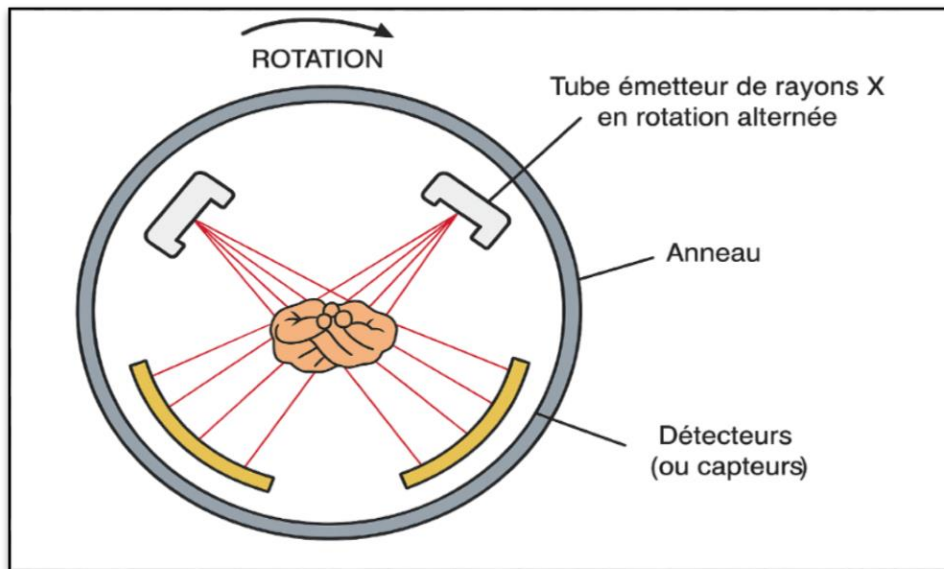
**Figure 1.14 :** Principe de fonctionnement du TDM [73].

### 4.3 Déroulement de l'examen TDM thoracique

Le scanner permet de visualiser les structures anatomiques internes du corps et d'évaluer les processus pathologiques en cours. L'appareil utilisé pour un scanner (TDM) se compose d'un large anneau contenant un émetteur de rayons X et un détecteur, ainsi qu'une table mobile sur laquelle le patient est allongé. Pendant l'examen, la table se déplace progressivement à travers l'anneau.

Lorsque l'utilisation d'un produit de contraste est nécessaire, celui-ci est injecté par voie intraveineuse, souvent à l'aide d'un petit cathéter. Cette injection peut provoquer une sensation de chaleur et un goût métallique temporaire. Une surveillance médicale de 30 minutes est requise après l'injection afin de détecter d'éventuelles réactions allergiques (symptômes à signaler : gonflement, démangeaisons, rougeurs, etc.).

Pendant l'examen, le patient reste immobile (parfois en apnée), allongé sur le dos. La position des bras varie selon la zone du corps à examiner. L'examen n'est pas douloureux, ne nécessite pas d'anesthésie et dure généralement moins de 30 minutes [101].



**Figure 1.15 :** Déroulement de l'examen TDM [74].

#### **4.4 Acquisition et formation des images CT**

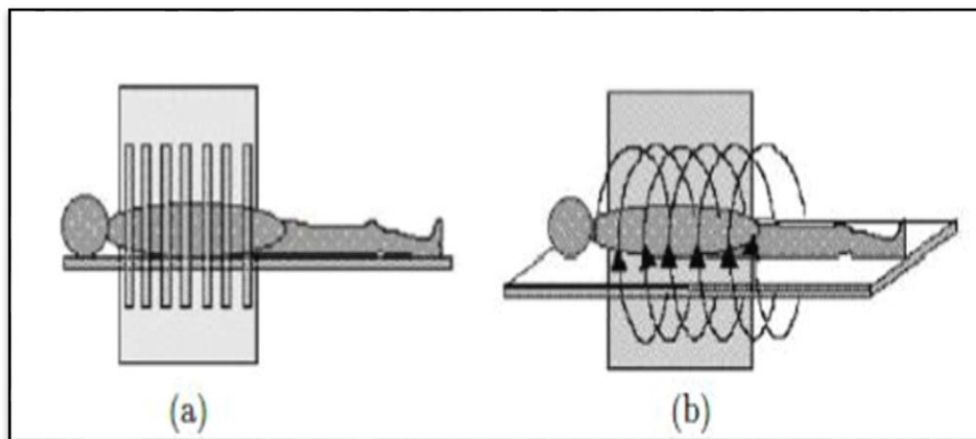
Le mouvement de la table d'examen, combiné ou non à la rotation du tube à rayons X, permet d'utiliser différents modes d'acquisition, selon les besoins cliniques.

##### **4.4.1 Mode séquentiel**

Dans ce mode d'examen, le tube à rayons X et le détecteur restent fixes, et seule la table se déplace pour balayer le corps du patient à l'aide d'un faisceau de rayons X. L'image obtenue, appelée topogramme, ressemble à une radiographie classique et sert à localiser les zones à explorer plus en détails. Elle permet également de moduler la dose de rayons X en fonction de l'atténuation à travers les différentes structures du corps, en ajustant l'intensité des rayons afin d'optimiser la qualité de l'image tout en réduisant l'exposition du patient [101].

##### **4.4.2 Mode hélicoïdal**

Ce mode, utilisé principalement avec les anciens scanners, fonctionne de manière discontinue. Lors de l'acquisition, la table reste immobile tandis que le tube à rayons X et le détecteur tournent autour du patient, produisant une série d'images (ou "coupes") d'une section précise du corps. Une fois la rotation terminée, la table avance d'un cran afin de positionner une nouvelle zone à explorer, et une nouvelle acquisition est réalisée. Ce processus se répète palier par palier, d'où le nom de mode "step and shoot" (pas à pas) [101].



**Figure 1.16 :** (a) Acquisition du scanner séquentiel, (b) Acquisition hélicoïdale [102].

#### 4.4.3 Images tomodensitométriques pulmonaires

Lors d'un examen scanner thoracique, un faisceau de rayons X traverse le thorax du patient. En traversant les différentes structures (air, poumons, vaisseaux, os, etc.), les rayons subissent une atténuation variable selon la densité et la composition des tissus. Les capteurs enregistrent cette atténuation, et un système informatique reconstruit une image en coupe du thorax. Cette image met en évidence les différences de densité, ce qui permet de visualiser clairement les poumons, d'identifier des anomalies comme des nodules, infiltrats ou lésions, et d'évaluer l'état du parenchyme pulmonaire.

## 5 Conclusion

Ce chapitre nous a permis de mieux comprendre la structure des poumons ainsi que les différentes maladies pouvant les affecter. Organe complexe et vital, le poumon peut être affecté par des pathologies parfois difficiles à identifier. Avant l'apparition des techniques modernes d'imagerie, le diagnostic reposait principalement sur l'observation clinique, ce qui prenait du temps et entraînait souvent des retards dans la prise en charge des patients.

La complexité croissante des examens d'imagerie médicale, notamment les scanners thoraciques, représente un défi majeur pour les cliniciens, tant en termes de temps d'analyse que de précision diagnostique. Grâce aux avancées technologiques, la tomographie assistée par ordinateur (TDM) permet aujourd'hui d'examiner rapidement et sans douleur l'état des poumons, facilitant ainsi le diagnostic et le suivi des patients. Face à la quantité importante de données générées, il devient essentiel de recourir à des outils automatisés pour localiser, délimiter et caractériser les structures anatomiques ou pathologiques. La segmentation d'images médicales répond à ce besoin croissant en apportant une assistance précieuse aux professionnels de santé. Dans le chapitre suivant, nous présenterons les différentes méthodes de segmentation appliquées aux images issues du scanner.

**CHAPITRE 02 : Méthodes de segmentation en imagerie  
médicale - Théorie et mise en œuvre de la croissance de région**

---

## **1 Introduction**

La segmentation d'image est une étape essentielle dans le traitement d'images, visant à diviser une image en régions homogènes selon des critères prédéfinis comme la couleur ou l'intensité.

Dans le domaine médical, la segmentation prend une importance encore plus grande. Elle permet d'isoler des structures anatomiques spécifiques (comme les organes, les tissus ou les vaisseaux sanguins) à partir d'images issues de modalités variées comme l'IRM, le scanner (CT) ou la radiographie. Une bonne segmentation est indispensable pour permettre un diagnostic précis, pour assister les cliniciens dans la planification des traitements, ou encore pour suivre l'évolution d'une pathologie au cours du temps. Ainsi, la fiabilité et la précision de cette étape conditionnent directement la qualité de l'analyse médicale et peuvent influencer les décisions cliniques.

Dans ce chapitre, nous aborderons les principes fondamentaux de la segmentation des images médicales, ainsi que les différentes approches existantes, et nous nous intéresserons à la segmentation des images de scanner thoracique à l'aide de la méthode de segmentation par croissance de région (region growing). Pour cela, nous allons donner un aperçu détaillé sur cette méthode et ses différents paramètres.

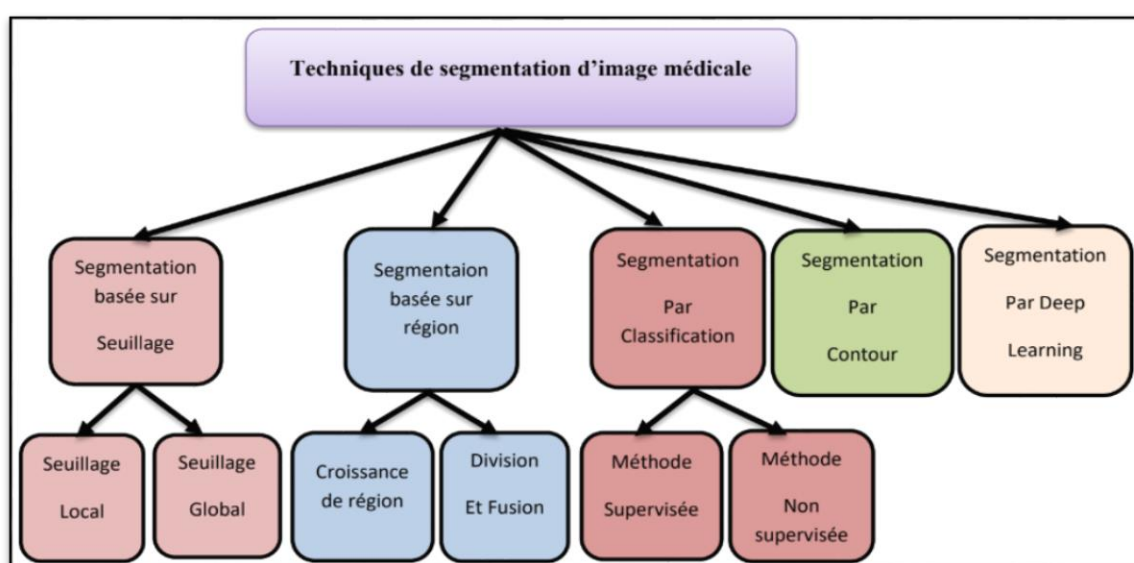
## **2 Aperçu des méthodes de segmentation d'images médicales**

La segmentation est l'une des étapes les plus importantes pour l'analyse des données d'images. Elle consiste à regrouper les pixels qui ont les mêmes propriétés afin de former des régions connexes.

En imagerie médicale, cela revient souvent à séparer différentes structures anatomiques ou à isoler des anomalies pathologiques. L'objectif principal est de simplifier la représentation d'une image afin d'en faciliter l'analyse et l'interprétation [77]. Parmi les approches de segmentation les plus connues, on distingue la segmentation basée sur le seuillage, la segmentation basée sur les régions, la segmentation basée sur la classification, la segmentation basée sur les contours, ainsi que la segmentation fondée sur l'apprentissage profond [78] (voir Figure 2.1). Les approches par contours définissent les régions d'intérêt en détectant les discontinuités d'intensité ou de texture, ce qui permet de délimiter les objets par leurs frontières. Les méthodes basées sur les régions regroupent les pixels partageant des

## Chapitre 2 Méthodes de segmentation en imagerie médicale - Théorie et mise en oeuvre de la croissance de région

caractéristiques homogènes, telles que la couleur ou la texture, à l'aide de critères d'agrégation. Les approches par seuillage, quant à elles, segmentent l'image en comparant l'intensité des pixels à un ou plusieurs seuils, permettant de distinguer les objets du fond. Les méthodes fondées sur la classification, qu'elles soient supervisées (comme les SVMs) ou non supervisées (comme les k-means), attribuent à chaque pixel une étiquette correspondant à une classe prédéfinie ou découverte automatiquement. Enfin, les approches basées sur l'apprentissage profond, notamment celles utilisant des réseaux de neurones convolutifs (CNN), permettent une segmentation plus fine et hiérarchique grâce à l'extraction automatique de caractéristiques complexes directement à partir des données d'entrée.



**Figure 2.1** : Techniques de segmentation d'image médicale [78].

### 2.1 Méthodes basées sur le seuillage

Le seuillage d'une image est la méthode la plus simple de segmentation. C'est une technique qui repose sur une mesure quantitative d'une grandeur. Il permet de classer les pixels selon un seuil fixé. Si un pixel a une valeur supérieure au seuil fixé, il prendra la valeur 1 (blanc), et si sa valeur est inférieure au seuil fixé, il prendra la valeur zéro (noir).

Les méthodes de seuillage peuvent être réparties en deux catégories : le seuillage global et le seuillage local ou adaptatif.

### **2.1.1 Seuillage local**

Le seuillage local ou adaptatif consiste à appliquer un seuil variable à une portion de l'image. Les méthodes de seuillage local prennent en considération la valeur des pixels voisins pour le calcul des seuils.

### **2.1.2 Seuillage global**

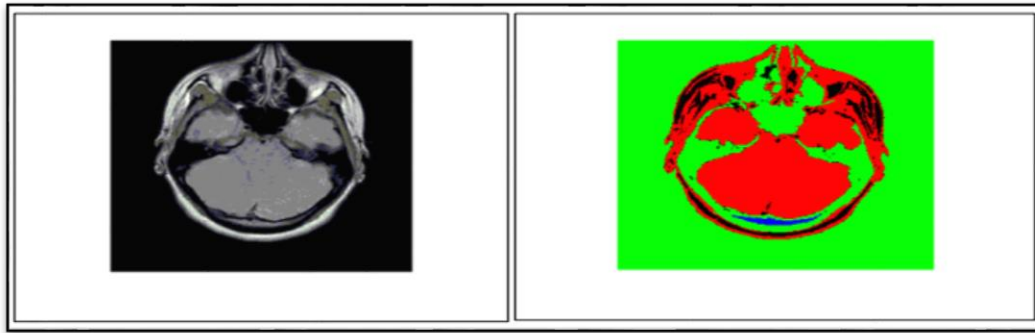
Le seuillage global utilise un seuil unique appliqué à toute l'image. Cette méthode ne tient pas compte des valeurs des pixels voisins : elle compare chaque pixel à un seuil fixe, déterminé à partir de l'histogramme global de l'image.

## **2.2 Segmentation par région**

La segmentation d'image par l'approche basée région consiste à découper l'image en régions. Les pixels adjacents sont regroupés en régions distinctes selon un critère d'homogénéité ou de similarité donné. Ce critère peut être, par exemple, le niveau de gris, la couleur, la texture, etc. Un processus de groupement est répété jusqu'à ce que tous les pixels dans l'image soient inclus dans des régions. Cette approche vise, donc, à segmenter l'image en se basant sur des propriétés intrinsèques des régions [78].

### **2.2.1 Segmentation par croissance de région (region growing)**

Ce type de segmentation permet de sélectionner un pixel ou un ensemble de pixels de l'image, appelé « germe », autour duquel on fait croître une région. Les régions sont construites en ajoutant successivement à chaque germe les pixels qui lui sont connexes et qui vérifient un critère de similarité. La croissance s'arrête lorsque tous les pixels ont été traités. La littérature en traitement d'images est riche en méthodes de segmentation par croissance de région. Témeau et Borel [91] proposent un algorithme de segmentation qui combine une croissance de régions suivie d'un processus de fusion des régions. Cet algorithme procède par un balayage séquentiel de l'image et considère le premier pixel comme un germe. Il tente alors de faire croître ce germe le plus longtemps possible en y agrégeant les pixels voisins. L'avantage des méthodes de croissance de régions est de préserver la forme de chaque région de l'image. Cependant une mauvaise sélection des pixels de départ, un mauvais choix du critère de similarité, ainsi qu'un ordre inadapté selon lequel les pixels voisins sont examinés peuvent entraîner des phénomènes de sous segmentation ou de sur segmentation [91].



(a)

(b)

**Figure 2.2 :** (a) Exemple d'image médicale, (b) Résultat de la segmentation par croissance de région [80].

### **2.2.2 Segmentation par division de région**

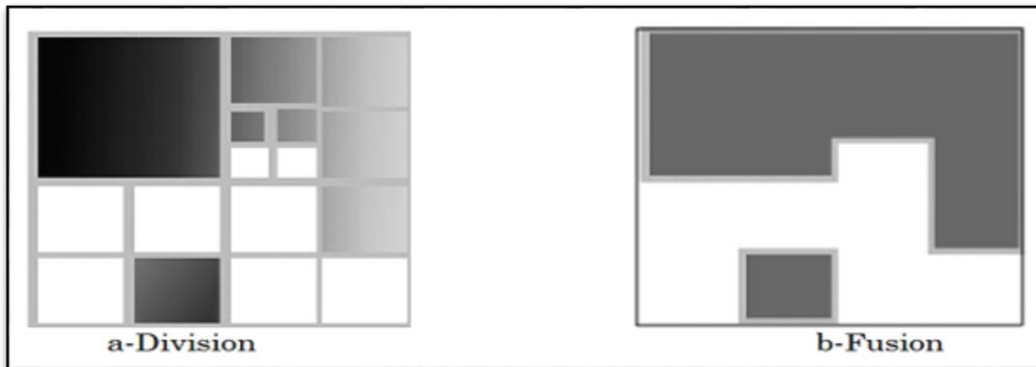
Ce sont des approches qui opèrent en découpant l'image originale en régions plus petites suivant un critère d'hétérogénéité. Le découpage s'arrête quand il n'y a plus de régions inhomogènes. Le principe de cette technique est de considérer l'image elle-même comme région initiale, qui, par la suite est divisée en sous-régions. Le processus de division est répété sur chaque nouvelle région (issue de la division) jusqu'à l'obtention des classes homogènes [83].

### **2.2.3 Segmentation par fusion de régions**

Les techniques de fusion (region merging) sont des méthodes ascendantes où tous les pixels sont visités. Ces méthodes opèrent en regroupant des pixels ou des groupes de pixels selon un critère d'homogénéité pour obtenir un ensemble de régions homogènes [83]. Elles suivent une hiérarchie arborescente. Plusieurs règles de regroupement ont été proposées dans la littérature. Certaines de ces règles mettent en jeu : des propriétés statistiques, telles que la moyenne ou la variance des niveaux de gris des régions, le gradient moyen des frontières des régions, le contraste maximum des régions, ou d'autres statistiques locales qui expriment l'état de la surface des régions ; des propriétés géométriques ou morphologiques, telle que l'élongation ou la compacité des régions. Deux régions sont regroupées si par exemple un facteur de forme est conservé ou amélioré après leur fusion [83].

### 2.2.4 Segmentation par fusion et diffusion

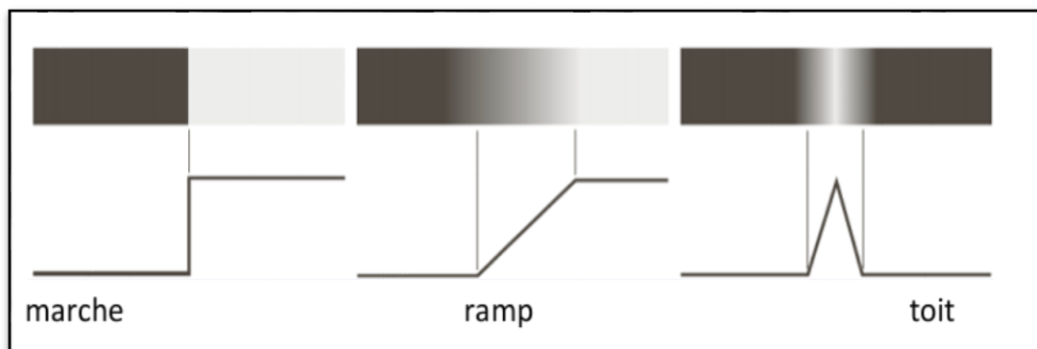
Cette méthode a été présentée pour la première fois en 1974 par Pavlidis et Horowitz. Son principe consiste à combiner les deux méthodes, la division et la fusion de régions de la manière suivante : une première étape de division donne comme résultat une image divisée en plusieurs régions. Par la suite, une étape de fusion intervient afin de corriger les résultats obtenus par la première étape, en regroupant les régions similaires. Ce procédé est répété jusqu'à l'obtention d'une segmentation satisfaisante [81].



**Figure 2.3** : Exemple de segmentation par division et fusion [81].

### 2.3 Méthodes basées sur le contour

En cette approche, on s'intéresse au passage d'une région à une autre ; autrement dit, au contour, qui est l'ensemble des pixels qui appartiennent aux frontières de deux ou plusieurs régions ; la frontière d'une telle région est l'endroit où la différence d'intensité de lumière ou de couleur (ou niveau de gris) est très élevée [78]. Cependant ce passage se trouve sous divers types, comme illustré sur la Figure 2.4.



**Figure 2.4** : Modèles de contours [78].

- Type marche d'escalier : le passage d'une couleur (niveau de gris) à une autre est très clair et facile à détecter (un contour idéal).

## Chapitre 2 Méthodes de segmentation en imagerie médicale - Théorie et mise en oeuvre de la croissance de région

- Type rampe : le passage d'une région à une autre se fait progressivement, avec une dégradation graduelle de la couleur.
- Type toit : le contour se réalise par une différence entre des régions de mêmes types.

Cette méthode peut être regroupée en plusieurs catégories :

- Les méthodes basées sur les dérivées, telles que les opérateurs de Sobel ou de Roberts.
- Les méthodes utilisant les contours actifs.
- Les techniques morphologiques, comme l'érosion et la dilatation.

Ces approches sont particulièrement efficaces pour les images présentant des régions uniformes en termes de niveaux de gris.

### **2.3.1 Contours actifs (snakes)**

Les contours actifs sont définis par une courbe continue, fermée ou ouverte, à extrémités fixes ou non. Ils se déforment à partir d'une position d'initialisation située près de l'objet d'intérêt. Le modèle est soumis à des forces qui le déforment et le déplacent dans l'image telles que :

- Une énergie interne  $E_{interne}$  permettant de régulariser le contour.
- Une énergie potentielle  $E_{image}$  liée à l'image dont l'objectif est de plaquer la courbe sur le contour à détecter.
- Une énergie externe  $E_{externe}$  introduite par l'utilisateur pour traduire les contraintes spécifiques du problème posé [96].

Ces énergies vont permettre au contour actif d'évoluer pour prospecter la position d'énergie minimale qui sera ainsi un arrangement entre les diverses contraintes du problème.

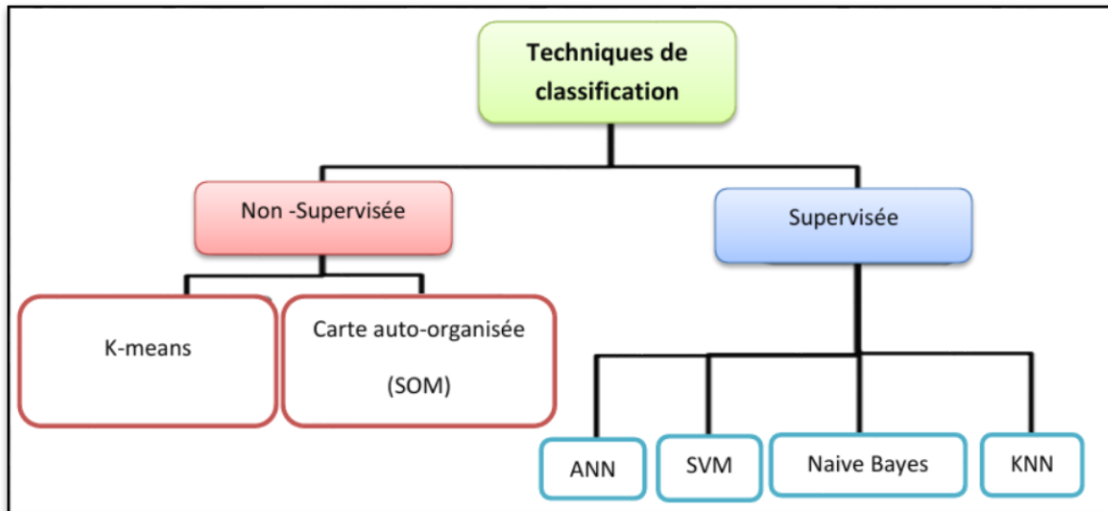
Le principe de cette méthode est de déplacer les points pour les rapprocher des zones de fort gradient tout en conservant les caractéristiques initiales comme la courbure, changement de forme du contour ou d'autres contraintes liées au positionnement des points.

### **2.4 Segmentation par classification**

Les méthodes de segmentation par classification sont issues du domaine de classification de données multidimensionnelles. Elles définissent une partition de l'image en un ensemble de classes, de telle sorte que chaque classe rassemble des pixels ayant des vecteurs de caractéristiques souvent réduits au niveau de gris aussi similaire que possible, tandis que les classes sont aussi distinctes les unes des autres. Généralement, ces méthodes de segmentation ne prennent pas en compte la disposition spatiale des pixels et ne considèrent que le vecteur de caractéristiques utilisé. Elles identifient des classes de pixels

présentes dans l'image et affectent à chaque pixel une étiquette indiquant la classe à laquelle il appartient. Ainsi, les pixels appartenant à une classe peuvent former plusieurs régions non adjacentes dans l'image mais partagent les mêmes propriétés statistiques. Une segmentation en régions n'est obtenue qu'après analyse de la connexité des pixels dans l'image étiquetée [82].

Les approches de segmentation par classification peuvent être divisées en deux grandes catégories : approches supervisées et approches non supervisées (voir Figure 2.5).



**Figure 2.5 :** Approches de segmentation par classification [82].

### 2.4.1 Classification supervisée

C'est une approche qui consiste à élaborer des règles de décision permettant d'affecter des individus à des classes connues à l'avance. Elle repose sur l'utilisation d'un ensemble de données d'apprentissage, dans lequel chaque exemple est déjà associé à une étiquette de classe. L'objectif est de construire un modèle général à partir de ces exemples, afin de pouvoir prédire avec précision la classe d'appartenance de nouvelles données non encore observées [92].

Ci-dessous, nous présentons quelques algorithmes de classification supervisée les plus connus, à savoir : l'algorithme "Support Vector Machine" ou "Séparateur à Vaste Marge" (SVM), les K plus proches voisins (KNN), Naïve Bayes, et enfin les réseaux de neurones artificiels (ANN).

**Séparateur à Vaste Marge (SVM) :** Le "Support Vector Machine" ou "Séparateur à Vaste Marge" (SVM), est un classifieur discriminant paramétrique établissant un hyperplan séparateur de marge maximale entre les exemples représentants de

chacune des classes des données d'apprentissage. SVM est un classifieur linéaire binaire qui, pour chaque donnée d'entrée donnée, prédit une classe spécifique à un nouveau vecteur de caractéristiques inconnu. L'idée de base de SVM est de trouver un hyperplan optimal qui sépare parfaitement des données (exemple : caractéristiques d'une image) en deux classes, en maximisant la taille de la marge.

**Les K plus proches voisins (K-NN) :** Le classifieur des K plus proches voisins (K-NN) est un algorithme d'apprentissage automatique à la fois simple et performant. C'est une méthode non paramétrique fondée sur le principe de voisinage. Elle classe une nouvelle observation en fonction des K instances les plus proches issues de l'ensemble d'apprentissage, en lui attribuant la classe la plus représentée parmi ces dernières. Lorsque K est égal à 1, l'observation est directement assignée à la classe de son voisin le plus proche [97].

**La classification naïve bayes :** C'est une méthode probabiliste simple, fondée sur le théorème de Bayes, et constitue une référence parmi les approches statistiques de classification. Son principal avantage réside dans le faible besoin en données d'entraînement, grâce à l'hypothèse d'indépendance des variables, qui permet d'estimer uniquement les moyennes et variances pour chaque classe sans calcul de la matrice de covariance [93].

**Réseaux de neurones artificiels :** Un neurone formel est une fonction non linéaire bornée, dont la sortie dépend des entrées et de coefficients appelés poids. L'apprentissage consiste à ajuster ces poids afin que les sorties du réseau correspondent aux valeurs attendues, dans une marge d'erreur acceptable [93].

#### **2.4.2 Classification non supervisée**

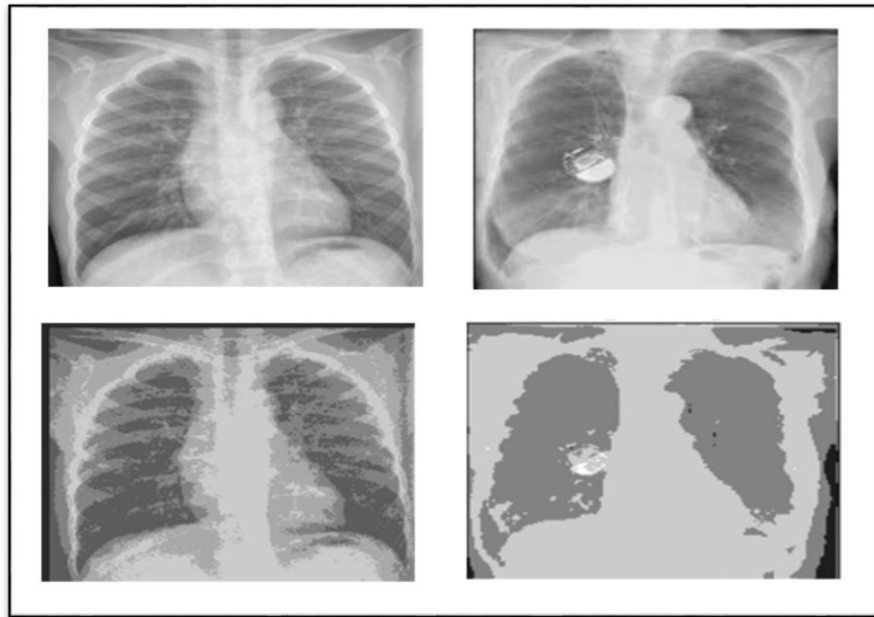
À la différence de la classification supervisée, la classification non supervisée n'utilise pas d'ensemble d'apprentissage préalablement étiqueté. Elle a pour objectif de regrouper des objets ou des individus similaires (clusters) à partir d'un ensemble de données dont la structure interne est inconnue. L'objectif est alors de segmenter et d'organiser les données de manière à obtenir des groupes aussi homogènes que possible.

Parmi les méthodes de classification non supervisées les plus connues et les plus utilisés figure l'algorithme des K-moyennes (K-means), principalement en raison de sa simplicité de mise en œuvre. Il permet de répartir un ensemble de données en classes homogènes. La plupart des images, telles que les images médicales ou satellitaires, présentent des propriétés d'homogénéité, notamment en termes d'intensité lumineuse.

## Chapitre 2 Méthodes de segmentation en imagerie médicale - Théorie et mise en oeuvre de la croissance de région

L'algorithme des K-means constitue ainsi une solution efficace pour la segmentation d'images [90]. Il consiste à attribuer à chaque pixel dans l'image une classe (étiquette). Ce type de méthode considère une région comme un ensemble de pixels appartenant à une même classe et formant un nuage de points. Ces pixels présentent des caractéristiques similaires ; le rôle de la classification est de faire apparaître ses nuages et séparer chaque classe des autres [90].

La Figure 2.6 représente un exemple de segmentation d'image médicale par la méthode K-means.



**Figure 2.6 :** Exemple de segmentation d'image médicale par la méthode K-means [89].

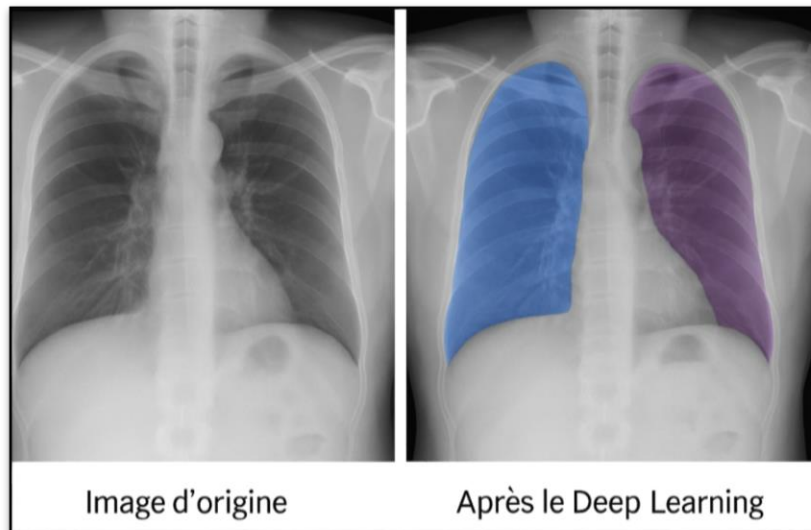
### 2.5 Segmentation par apprentissage profond (deep learning)

Le Deep Learning, selon Deng L et al. [94], regroupe des techniques de Machine Learning utilisant des architectures hiérarchiques à plusieurs couches pour apprendre des représentations à différents niveaux d'abstraction, aussi bien dans des contextes supervisés que dans des algorithmes non supervisés dédiés à l'analyse et à la classification.

L'apprentissage profond repose principalement sur l'extraction de caractéristiques hiérarchiques au sein des réseaux de neurones artificiels, afin de produire des représentations vectorielles des données d'entrée ou d'observation. Aujourd'hui, la famille des méthodes d'apprentissage profond s'est considérablement élargie, incluant les réseaux de neurones, les

modèles probabilistes hiérarchiques, ainsi que divers algorithmes d'apprentissage de représentations, qu'ils soient supervisés ou non supervisés [94].

La Figure 2.7 représente un exemple de segmentation d'une image médicale thoracique à l'aide de Deep Learning [84].



**Figure 2.7 :** Exemple de segmentation d'une image thoracique à l'aide de Deep Learning [84].

Certaines architectures de deep learning, comme les réseaux Fully Convolutional Networks (FCN) et l'architecture U-Net, ont été développées spécifiquement pour les tâches de segmentation d'images. Elles se sont révélées particulièrement efficaces dans le domaine de l'imagerie médicale.

### **2.5.1 Réseaux entièrement convolutionnels**

Les réseaux entièrement convolutionnels (Fully Convolutional Networks, FCN) ont été introduits par Long et al. [103], en 2015, parmi les premières architectures de deep learning conçues pour la segmentation d'images, comme une adaptation des réseaux de classification classiques pour les tâches de segmentation sémantique. La principale innovation de FCN est la suppression des couches entièrement connectées au profit de couches convolutionnelles et de couches de transposition de convolution (ou upsampling), permettant une sortie de même dimension que l'image d'entrée, avec une prédiction pixel par pixel. Cependant, cette méthode produit souvent des segmentations floues en raison de la perte d'information spatiale causée par le sous-échantillonnage [103].

### **2.5.2 L'architecture U-Net**

U-Net est une architecture de réseaux de neurones convolutionnels introduite en 2015, spécifiquement pour les images biomédicales. Son nom vient de sa forme symétrique en "U", composée de deux parties : un encodeur (qui compresse l'image pour en extraire les caractéristiques importantes) et un décodeur (qui reconstruit une image segmentée à la même taille que l'originale).

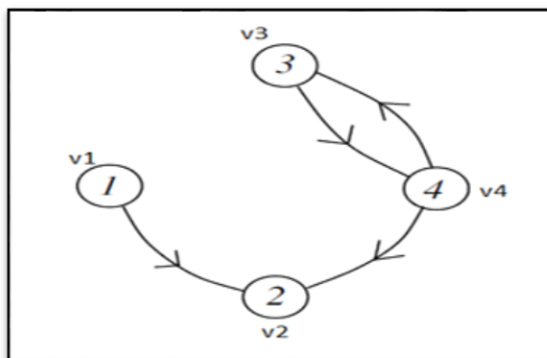
Ce qui distingue U-Net des autres architectures est la présence de connexions de saut (skip connections) entre les couches correspondantes de l'encodeur et du décodeur. Ces connexions permettent de transférer directement les détails fins perdus lors de la compression, ce qui améliore considérablement la précision de la segmentation [104].

Dans le domaine de l'imagerie, le modèle U-Net a été spécifiquement développé pour répondre aux besoins de la segmentation d'images médicales. Il intervient dans la détection de cellules, la segmentation d'organes, la localisation de tumeurs, en ophtalmologie, ou encore dans l'analyse d'images de tomographie par ordinateur (TDM) ou d'imagerie par résonance magnétique (IRM).

## **2.6 Méthodes de segmentation par graphes (graph cuts)**

La méthode de segmentation par Graph-Cut repose sur une approche d'optimisation énergétique, où l'image est modélisée sous forme d'un graphe. Dans ce graphe, chaque pixel de l'image est représenté par un nœud, et les relations entre pixels, notamment leur voisinage ou similarité, sont représentées par des arêtes pondérées. Deux nœuds terminaux sont ajoutés au graphe : la source, associée à l'objet à segmenter, et le puits, représentant le fond. Les connexions entre pixels voisins sont appelées "n-links", tandis que celles reliant les pixels aux nœuds terminaux sont appelées "t-links". L'objectif est de trouver une coupe minimale du graphe, c'est-à-dire un ensemble d'arêtes à supprimer pour séparer la source du puits, de manière à minimiser une fonction d'énergie. Cette coupe délimite ainsi l'objet du fond.

La segmentation par Graph-Cut permet donc de classifier les pixels en deux classes (objet ou fond) en s'appuyant sur des critères à la fois locaux (intensité, voisinage) et globaux (cohérence de la segmentation), offrant ainsi une solution robuste et efficace, notamment dans les images médicales [105]. La Figure 2.8 ci-dessous montre un exemple d'un graphe.



**Figure 2.8 :** Exemple d'un graphe [105].

## **2.7 Avantages et limites des approches classiques**

### **2.7.1 Avantages**

- **Simplicité et efficacité**

Les méthodes classiques de segmentation, telles que le seuillage, la détection de contours, ou la segmentation par régions, sont simples à mettre en œuvre et peu gourmandes en ressources informatiques. Cela les rend particulièrement adaptées aux environnements où les ressources sont limitées et où des résultats rapides sont nécessaires. Par exemple, dans un cadre clinique, la segmentation doit être réalisée rapidement pour permettre un diagnostic en temps réel, surtout dans les situations d'urgence [85].

- **Facilité d'interprétation**

L'un des grands avantages des approches classiques de segmentation est leur interprétabilité. Étant donné que ces méthodes reposent sur des principes mathématiques simples et bien établis, elles sont facilement compréhensibles pour les professionnels de la santé. Cela permet aux radiologues et autres spécialistes de comprendre directement les processus sous-jacents à la segmentation des images, facilitant ainsi leur prise de décision.

- **Adaptabilité**

Certaines méthodes classiques de segmentation, comme la croissance de régions, peuvent être adaptées pour segmenter des zones spécifiques dans des images médicales. Par exemple, si l'on souhaite isoler les zones affectées par un cancer dans une radiographie pulmonaire, la

croissance de régions peut être ajustée en fonction des spécificités du cas. Ces méthodes permettent d'adapter la segmentation à des besoins particuliers, en tenant compte des structures visibles dans les images.

### **2.7.2 Limites**

- **Sensibilité aux variations de luminosité et au bruit**

Les approches classiques de segmentation, en particulier celles qui reposent sur un seuil fixe (comme le seuillage), sont très sensibles aux variations d'illumination dans les images. Cela peut entraîner une mauvaise segmentation si l'image contient des artefacts ou si sa luminosité varie. De plus, le bruit (comme des pixels corrompus ou des artefacts d'acquisition) peut perturber ces méthodes et conduire à des résultats erronés. Par exemple en radiologie, une variation d'illumination due à un mauvais réglage du contraste peut rendre difficile la détection de certaines pathologies, comme des nodules pulmonaires, en utilisant des méthodes basées sur le seuillage [86].

- **Dépendance aux réglages manuels**

L'une des principales limitations des approches classiques est qu'elles dépendent souvent des réglages manuels de certains paramètres, comme les seuils pour la segmentation. Si ces paramètres ne sont pas choisis correctement, la segmentation peut être incohérente et produire des résultats incorrects. Cela nécessite un certain degré de subjectivité et d'expérience de la part de l'utilisateur.

#### **2.7.2.1 Limite avec des images complexes**

Les images modernes, comme celles obtenues par scanner 3D ou imagerie multimodale, contiennent des informations très complexes qui ne peuvent pas toujours être efficacement traitées par des méthodes classiques. Les techniques de segmentation classiques ne sont pas bien adaptées pour gérer ces types d'images volumétriques ou multi-spectrales, ce qui nécessite des approches plus avancées, telles que l'apprentissage profond.

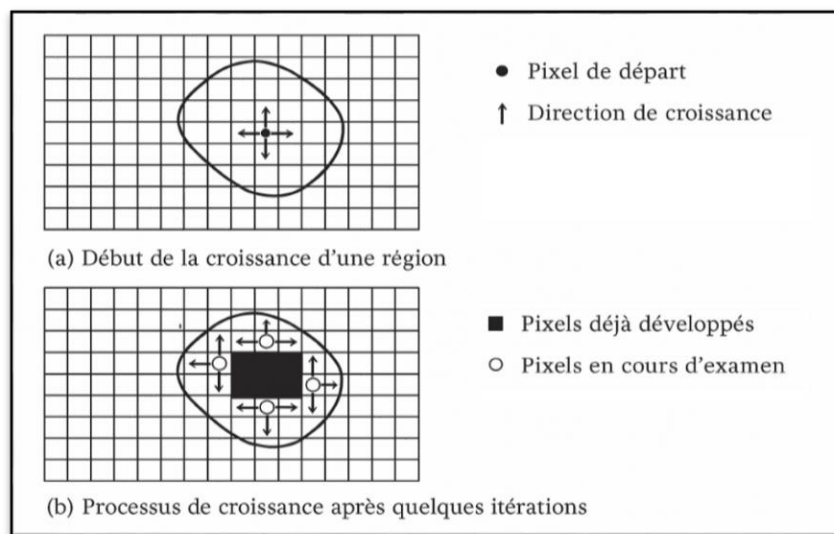
Par exemple dans un scan thoracique 3D, les images sont souvent volumineuses et contiennent des détails fins sur plusieurs plans, ce qui rend difficile l'application de techniques classiques sans des ajustements très fins et des prétraitements [87].

### 3 Principes de la méthode de croissance de région

#### 3.1 Définition et fonctionnement général

La croissance de région (ou region growing en anglais) est une méthode de segmentation d'image qui consiste à regrouper des pixels adjacents partageant des caractéristiques communes telles que la couleur, l'intensité ou la texture. Cette technique démarre à partir d'un ou plusieurs points de départ appelés germes ou semences (ou graines), qui sont placés sur l'image soit manuellement par l'utilisateur, soit automatiquement par l'algorithme selon un critère défini [90].

Une illustration du processus de croissance de région est montrée sur la figure 2.9.



**Figure 2.9 :** Processus de croissance de région.

#### 3.2 Méthodes de sélection des pixels graines

Le choix du germe initial est une étape cruciale dans la segmentation. Il faut commencer par un germe tel que la région puisse croître facilement dans toutes les directions. Ce choix influence directement les résultats finaux.

La sélection peut être faite manuellement, mais l'œil humaine ne garantit pas la précision requise. Pour cette raison, des outils sont proposés, basés sur le choix aléatoire du germe. A partir de ce germe, une première région est construite. Lorsque la croissance de cette région est terminée, la méthode sélectionne un nouveau germe parmi les pixels non segmentés [88].

Le résultat de cette méthode contient des régions de petites tailles et qui partagent un critère commun. C'est pourquoi une étape supplémentaire de fusion des régions adjacentes présentant les mêmes caractéristiques (couleur, intensité, texture, etc.) est nécessaire, afin de réduire le nombre total de régions obtenues [88].

### **3.3 Critères d'homogénéité**

La croissance d'une région est basée sur l'évaluation des pixels à ajouter. Cette évaluation mesure l'homogénéité locale entre le germe initial et un pixel candidat (non évalué) ou bien global entre les points constituant la région et un pixel candidat. En pratique, cette mesure est souvent une distance entre la valeur de l'intensité ou une autre grandeur propre à l'espace utilisé (niveau de gris, couleur, texture, etc.). Si cette distance est inférieure à un seuil, ou si cette distance est la plus petite des distances obtenues avec tout autre pixel candidat à l'agglomération, alors le point est ajouté à la région [90].

Le principe de l'agrégation de pixels est le suivant : on choisit un germe (le point de départ est le choix d'un ensemble de pixels « germes ») et on fait croître ce germe tant que des pixels de son voisinage vérifient le test d'homogénéité. Lorsqu'il n'y a plus de pixels candidats dans le voisinage, on choisit un nouveau germe et on itère le processus.

Parmi les mesures d'homogénéité les plus couramment utilisées dans les algorithmes de croissance de région [90], on trouve :

- La distance euclidienne : l'une des mesures les plus simples et les plus répandues pour évaluer la dissimilarité entre deux pixels. Dans le cas d'une image en niveaux de gris.

Cette distance est définie par la formule suivante :

$$d(p,q) = |I(p) - I(q)|$$

où  $I(p)$  et  $I(q)$  représentent les intensités des pixels  $p$  et  $q$ . Lorsque cette distance est inférieure à un seuil prédéfini, le pixel  $q$  est considéré comme suffisamment homogène pour être intégré à la région.

- La similarité de texture : La texture correspond à l'apparence locale d'une région (régularité, répétition, motif). Elle consiste à comparer les motifs locaux d'un pixel à ceux de la région pour vérifier s'ils ont une apparence semblable., si la texture locale du pixel est proche de celle de la région, il est ajouté.

- La similarité de voisinage : consiste à comparer l'environnement local d'un pixel avec celui des pixels déjà dans la région pour s'assurer qu'ils ont une structure similaire.

### **3.4 Processus itératif**

Le processus de croissance de région est itératif, ce qui signifie qu'il se répète jusqu'à la segmentation complète de toutes les régions homogènes. Il débute par la sélection des points de départ « germes », qui sont des pixels ou des zones spécifiques de l'image d'origine. Ensuite, le processus ajoute progressivement, de manière itérative, les pixels similaires à ces germes pour former des régions homogènes plus étendues. Cette démarche répétitive peut être réalisée selon différentes méthodes [95].

### **3.5 Stratégies de croissance et d'arrêt**

La convergence et les critères d'arrêt constituent des éléments essentiels dans le processus itératif de croissance de région en imagerie. La convergence est atteinte lorsque plus aucun pixel ne peut être ajouté à la région en expansion, autrement dit, lorsque tous les pixels similaires aux germes initiaux ont été incorporés. Les critères d'arrêt permettent de définir le moment où cette convergence est atteinte, évitant ainsi que le processus ne se prolonge indéfiniment [95].

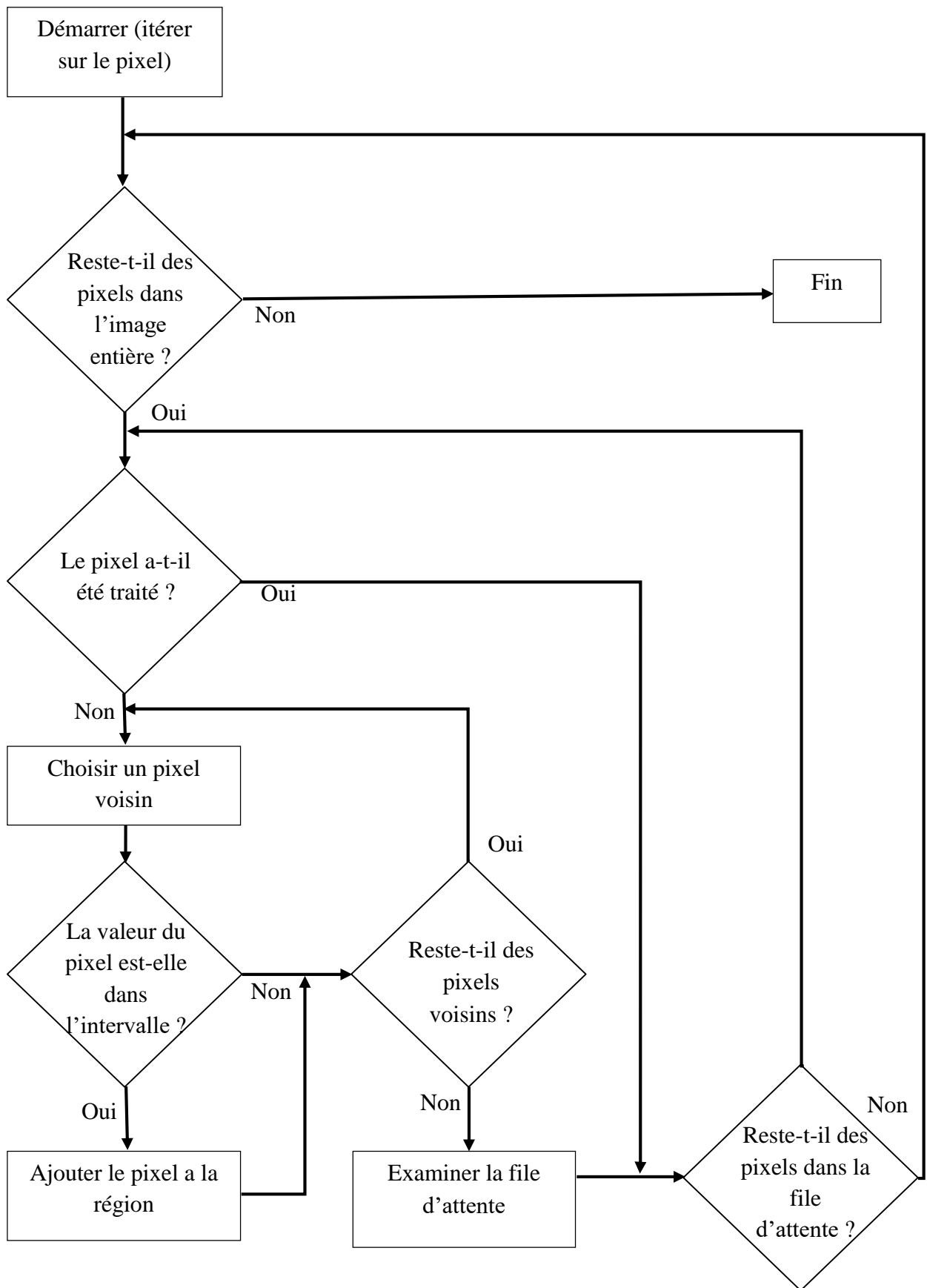
Parmi les critères d'arrêt les plus fréquemment utilisés dans la méthode de croissance de région, on peut citer :

- Le critère de taille : La croissance s'arrête dès que la région atteint une taille maximale fixée à l'avance (un nombre précis de pixels). Ce critère est utile lorsqu'on cherche à segmenter des structures dont on connaît la taille approximative.
- Le critère de seuil : Il consiste à comparer les pixels voisins à ceux déjà présents dans la région. Si la différence (d'intensité, de couleur, etc.) dépasse un certain seuil, le pixel est rejeté. Cela permet de garantir que les pixels de la région restent homogènes.
- Le critère de stabilité : Ce critère repose sur l'observation de l'évolution de la région. Si, au fil des étapes, très peu de pixels sont ajoutés ou si la région ne change presque plus, on considère qu'elle est stable et on arrête la croissance.
- Le critère temporel : Il fixe une limite dans le temps (ou dans le nombre d'itérations) pour arrêter le processus. Cela permet de garantir un temps de traitement raisonnable, même si la région n'est pas entièrement formée.

### **3.6 Algorithme général pas à pas**

Le principe de l'algorithme de croissance de région (region growing) est basé sur l'idée de former une région homogène à partir de points initiaux (les graines). L'algorithme fonctionne en ajoutant progressivement des pixels voisins à la région initiale, si ceux-ci répondent à un critère de similarité, souvent basé sur l'intensité des pixels ou d'autres caractéristiques, comme la texture.

L'organigramme général de la méthode de segmentation par croissance de région est montré sur la Figure 2.10.



**Figure 2.10 :** Organigramme général de l'algorithme de croissance de régions [98].

## **4 Conclusion**

La segmentation des images pulmonaires thoraciques par la méthode de croissance de région constitue une technique largement employée en imagerie médicale. Elle permet d'identifier et de délimiter les régions d'intérêt au sein des images thoraciques, en s'appuyant sur les caractéristiques locales de l'image. Elle trouve des applications variées en clinique, notamment dans l'analyse de la structure pulmonaire, la détection des nodules, l'identification des infections pulmonaires, ainsi que la mise en évidence des atteintes interstitielles.

Le choix de cette méthode dans notre travail se justifie par plusieurs avantages, notamment sa simplicité, sa capacité à exploiter les propriétés locales d'homogénéité des images (en termes d'intensité ou de texture), et son indépendance vis-à-vis d'une base d'apprentissage. Contrairement à certaines méthodes, telles celles basées sur les contours actifs, qui sont sensibles aux conditions initiales, au bruit et aux faibles contrastes, la croissance de région peut fournir des résultats plus robustes dans des contextes où les bords ne sont pas bien définis. De même, des méthodes, telles que celles de classification non supervisée, bien qu'utiles pour regrouper les pixels selon leurs caractéristiques, ne tiennent pas toujours compte de la connectivité spatiale, ce qui peut conduire à des segmentations moins cohérentes spatialement. Quant aux méthodes basées sur l'apprentissage profond (deep learning), elles offrent une grande précision mais requièrent d'importantes bases de données annotées pour l'entraînement, ce qui constitue une contrainte majeure dans le domaine médical, où l'acquisition de données étiquetées est coûteuse, chronophage et souvent limitée par des considérations éthiques et réglementaires. Par ailleurs, ces approches nécessitent des ressources computationnelles importantes et peuvent se comporter comme des "boîtes noires", rendant l'interprétation des résultats plus difficile. En comparaison, la croissance de région représente une solution plus simple, plus interprétable, et mieux adaptée aux contextes cliniques où les données sont limitées.

Dans le chapitre suivant, nous mettrons en œuvre cette méthode sur des images CT-scan pulmonaires afin d'évaluer ses performances en termes de segmentation, en détaillant les résultats obtenus et les critères utilisés pour les analyser.

## **CHAPITRE 03 : Résultats expérimentaux**

---

## 1 Introduction

Dans le chapitre précédent, nous avons présenté de manière théorique et détaillée les différentes méthodes de segmentation d'images, en mettant particulièrement l'accent sur la croissance de région (region growing), qui constitue notre méthode de segmentation principale.

Dans ce chapitre, nous abordons la partie expérimentale de notre travail, à travers des tests pratiques de la méthode region growing appliquée à des images thoraciques issues de scanners CT, extraites d'une base de données publique.

## 2 Configuration matérielle et logicielle

Nos tests ont été réalisés en utilisant l'environnement **Matlab**. Ce choix s'explique par la souplesse de l'outil et la facilité qu'il offre pour le développement et la mise en œuvre d'algorithmes. Matlab (*Matrix Laboratory*) est un environnement de calcul numérique très riche et simple à utiliser. Il nous a permis d'exploiter ses fonctions intégrées, de manipuler des matrices, d'afficher des courbes et des données, et de mettre en œuvre efficacement nos algorithmes.

Quant à la partie matérielle, nous avons utilisé un PC portable standard, dont les caractéristiques sont présentées dans le tableau 3.1

**Tableau 3.1** Configuration du matériel utilisé.

Catégorie	Détail
Processeur (CPU)	AMD Ryzen 5 5500U with Radeon Graphics 2.10 GHz
Mémoire vive (RAM)	8 Go DDR4
Carte graphique (GPU)	Radeon Graphics intégrée
Système d'exploitation	Windows 11 Famille (64 bits) – Version 24H2
Environnement de développement	MATLAB R2014a
Boîtes à outils utilisées	Image Processing Toolbox, Statistics and Machine Learning Toolbox

### 3 Base de données

Dans notre projet de fin d'études, nous avons utilisé la base de données LIDC-IDRI (Lung Image Database Consortium and Image Database Resource Initiative), un ensemble de données en libre accès disponible sur le site [<https://www.kaggle.com/>] [99]. Cette base contient un grand nombre d'images CT thoraciques annotées par plusieurs radiologues experts. Elle comprend 1012 cas (patients), chacun contenant plusieurs images (coupes). Dans le cadre de cette étude, nous avons téléchargé un échantillon de 10 images au format PNG, chacune ayant une taille de 128x128 pixels. Ces images sont accompagnées d'annotations manuelles de nodules pulmonaires réalisées par quatre radiologues indépendants.

Les tailles des nodules annotés sont variables, avec des diamètres allant généralement de 3 mm à 30 mm. Dans notre échantillon, la taille des nodules est estimée en nombre de pixels, ce qui permet une évaluation relative de leur surface.

Pour chaque image, une coupe spécifique (slice) est utilisée, accompagnée de quatre masques d'annotation distincts (*mask0* à *mask3*), représentant les délimitations des zones anormales selon chaque expert.

La figure 3.1 montre un exemple d'image de cette base de données avec les différentes annotations.



Figure 3.1 Exemple d'images CT-scan de la base de données LIDC-IDR [99].

### 4 Prétraitement

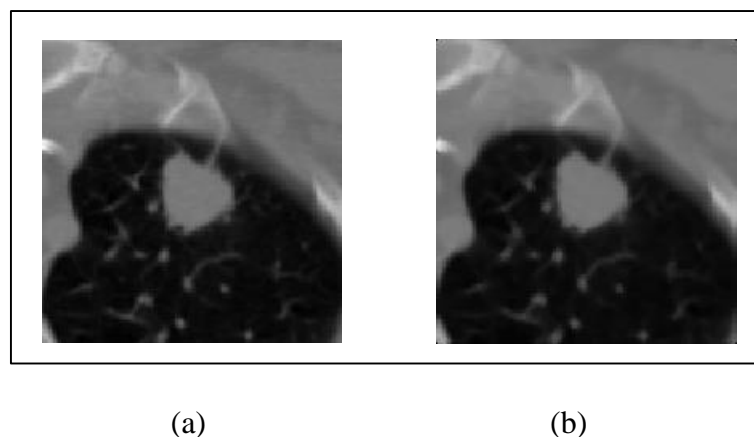
Avant de passer à l'étape de segmentation, les images sont d'abord soumises à une phase de prétraitement. Celle-ci consiste à appliquer des techniques de filtrage afin d'éliminer le bruit et les imperfections introduits par les défauts liés à l'acquisition TDM, notamment en raison de l'éclairage ou du processus d'enregistrement. Il s'agit d'une étape essentielle pour garantir une analyse d'images fiable, qui doit être réalisée sans perte d'informations utiles. Cette phase de prétraitement se décompose en plusieurs étapes :

- **Filtrage**

Le filtrage constitue une étape essentielle, couramment utilisée dans le traitement d'images afin de réduire le bruit. Il permet d'améliorer la qualité des données visuelles avant leur analyse, tout en préservant les informations importantes. Selon le type de filtre appliqué, il est possible soit de lisser l'image pour atténuer ses irrégularités (filtres passe-bas, tels que le filtre gaussien), soit d'accentuer les contours afin de faciliter la détection de structures anatomiques (filtres passe-haut, tels que les filtres de Sobel ou de Laplace).

Dans ce travail, un filtre médian de taille  $3 \times 3$  a été utilisé pour supprimer les bruits ponctuels. Ce filtre remplace la valeur de chaque pixel par la médiane de son voisinage, ce qui permet de préserver les contours nets des nodules.

La figure 3.2 illustre un exemple d'image CT-scan filtrée à l'aide du filtre médian.



**Figure 3.2** (a) Image originale, (b) Image filtrée

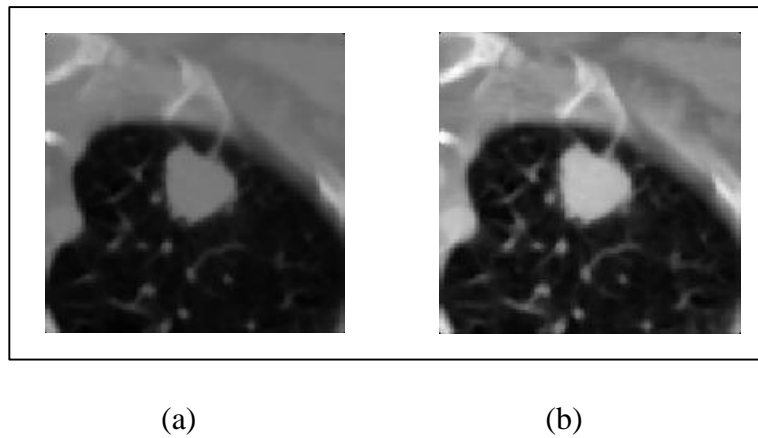
- **Rehaussement de contraste**

Cette étape vise à améliorer la visualisation de l'image et à en renforcer les performances, en éliminant les objets indésirables et en appliquant certaines améliorations, afin d'obtenir une meilleure qualité globale. En raison du faible contraste naturel entre certains tissus pulmonaires, notamment entre les zones normales et les lésions subtiles, les niveaux de gris de l'image sont étendus de manière linéaire.

Pour cela, nous avons utilisé la méthode d'égalisation d'histogramme CLAHE (Contrast Limited Adaptive Histogram Equalization), qui permet d'améliorer le contraste de manière locale, tout en limitant l'amplification du bruit, souvent présent dans les images CT

thoraciques. Cette opération est particulièrement utile pour mettre en évidence les zones d'intérêt peu visibles sur les radiographies.

La figure 3.3 montre l'exemple d'image de la figure 3.2 améliorée par la méthode CLAHE.



**Figure 3.3** (a) image filtrée, (b) image après CLAHE.

- **Normalisation**

Les valeurs d'intensité sont normalisées entre 0 et 1, pour faciliter l'évaluation des critères de similarité, ce qui permet d'uniformiser l'analyse des images et d'améliorer la robustesse des critères d'homogénéité.

## 5 Implémentation de la méthode

### 5.1 Algorithme de croissance de région utilisé

L'algorithme de croissance de région utilisé dans ce travail pour segmenter les images CT-scan est le suivant :

Algorithme Croissance\_Region

*Entrées :*

- *image* : matrice 2D contenant les intensités des pixels (niveaux de gris)
- *graine* : coordonnées du point de départ ( $y, x$ )
- *seuil* : valeur réelle positive définissant la tolérance d'intensité

*Sortie :*

- *segmentée* : matrice booléenne de même taille que l'image, où vrai (ou 1) indique les pixels appartenant à la région.

*Début*

```

// Étape 1 : Initialisations
Lignes, colonnes ← dimensions de l'image
Segmentée ← matrice booléenne [lignes x colonnes] initialisée à Faux
Visitée ← matrice booléenne [lignes x colonnes] initialisée à Faux
y ← graine [0] // ligne de la graine
x ← graine [1] // colonne de la graine
moyenne_région ← image [y, x] // intensité du pixel graine
taille_région ← 1
segmentée [y, x] ← Vrai
visitée [y, x] ← Vrai
pile ← liste contenant le point (y, x)
    // Définition des 8 voisins (connexité 8)
voisins ← [(-1, -1), (-1, 0), (-1, 1), (0, -1), (0, 1), (1, -1), (1, 0), (1, 1)]
    // Étape 2 : Parcours des pixels voisins
    Tant que pile n'est pas vide faire
        courant ← dernier élément de pile
            Retirer le dernier élément de pile
            Pour chaque direction dans voisins faire
                n_y ← courant [0] + direction [0]
                n_x ← courant [1] + direction [1]
                    Si n_y ≥ 0 et n_y < lignes et n_x ≥ 0 et n_x < colonnes et visitée [n_y, n_x] = Faux
                        alors
                            visitée [n_y, n_x] ← Vrai
                            Valeur ← image [n_y, n_x]
                                Si |valeur - moyenne_région| < seuil alors
                                    segmentée [n_y, n_x] ← Vrai
                                    taille_région ← taille_région + 1
                                    moyenne_région ← (moyenne_région × (taille_région - 1) + valeur) ÷ taille_région
                                    Ajouter (n_y, n_x) à pile
                                Fin Si
                            Fin Si
                        Fin Pour
                    Fin Tant que
                Retourner segmentée
            Fin

```

## 5.2 Paramétrage et critères d'arrêt

Le paramètre de contrôle principal est le seuil d'intensité, qui détermine le degré d'homogénéité requis : un pixel n'est ajouté à une région que si sa valeur est suffisamment proche de celle des pixels déjà inclus. Le processus de croissance s'arrête automatiquement lorsqu'aucun pixel voisin ne satisfait plus cette condition, assurant ainsi une convergence naturelle. Ce mécanisme permet d'éviter la sur-segmentation et garantit que chaque région reste bien centrée autour de la graine initiale.

## 6 Évaluation de la segmentation

### 6.1 Critères d'évaluation

L'évaluation de la segmentation a été réalisée selon deux approches complémentaires : quantitative et qualitative, afin d'obtenir une analyse à la fois numérique et visuelle des performances de l'algorithme. Elle s'est appuyée sur différentes vérités de terrain, créées à partir d'annotations manuelles effectuées par des experts.

Deux métriques standards ont été utilisées :

- **Indice de Dice (DSC - Dice Similarity Coefficient)** : cette mesure estime la similarité entre la région segmentée automatiquement et la vérité de terrain (masque de référence). Une valeur proche de 1 indique un fort recouvrement.

$$\text{DSC} = \frac{2|A \cap B|}{|A| + |B|} \quad (3.1)$$

Où A est le masque de la segmentation automatique et B celui de la référence. Un indice de Dice de 1 signifie une correspondance parfaite.

- **IoU (Intersection over Union) ou Indice de Jaccard** : elle représente la proportion d'intersection par rapport à l'union des deux régions.

$$\text{IoU} = \frac{|A \cap B|}{|A \cup B|} \quad (3.2)$$

Cet indice est couramment utilisé pour des comparaisons précises. Une valeur proche de 1 reflète une bonne correspondance entre la segmentation automatique et la vérité de terrain.

Ces deux indices permettent de quantifier la précision de la détection des structures d'intérêt, en comparant les pixels détectés automatiquement avec ceux définis par les experts.

Les métriques décrites ont été calculées pour les trois types de vérités de terrain combinées (*union*, *intersection*, *vote majoritaire*), ainsi que pour chaque annotation individuelle (*mask0*, *mask1*, *mask2*, *mask3*). Cette évaluation détaillée permet d'analyser la robustesse, la cohérence et la précision de la segmentation automatique.

## **6.2 Résultats et discussion**

Afin d'évaluer la performance de l'approche de segmentation proposée, plusieurs tests ont été réalisés sur des images CT-scan issues de la base LIDC-IDRI. Les résultats présentés ci-après permettent d'apprécier l'efficacité des masques générés, ainsi que l'impact des différentes méthodes de combinaison (*union*, *intersection*, *vote majoritaire*) sur la qualité de la segmentation. Un seuil de tolérance de 0.04 a été appliqué lors de l'évaluation.

Cette section présente les résultats obtenus pour un échantillon de 10 patients, sélectionnés pour leur caractère représentatif des cas rencontrés dans la base de données. Ces résultats sont suivis d'une discussion visant à dégager des conclusions sur la robustesse, la cohérence et les limites de l'algorithme proposé.

**Test 1 : Patient LIDC-IDRI-00130**

Le premier cas étudié concerne le patient identifié par LIDC-IDRI-00130. Les résultats de segmentation obtenus à l'aide de la méthode de croissance de région, accompagnés des annotations fournies par les différents experts (*mask0*, *mask1*, *mask2* et *mask3*), ainsi que de leurs combinaisons (*union*, *intersection*, *vote majoritaire*), sont présentés dans la figure 3.4. Les valeurs des indices de Dice et de Jaccard correspondant à ces segmentations sont regroupées dans le tableau 3.2.

Ces résultats indiquent une bonne qualité globale de la segmentation, avec des valeurs de l'indice de Dice comprises entre 84.21 % et 88.34 %, et des coefficients de Jaccard variant de 72.73 % à 79.12 %. Parmi les différentes annotations testées, le masque *mask2* se distingue en fournissant les meilleures performances, avec un Dice de 88,34 % et un Jaccard de 79.12 %, ce qui traduit une excellente correspondance avec la vérité terrain.

Lorsque les masques sont combinés, la méthode par *intersection* produit les meilleurs scores (Dice = 88.62 %, Jaccard = 79.56 %), ce qui indique que les zones communes entre les différentes annotations sont particulièrement bien détectées. La méthode de *vote majoritaire* offre également de bons résultats (Dice = 85.56 %), représentant ainsi un bon compromis entre précision et couverture. En revanche, la fusion par *union*, qui intègre l'ensemble des zones détectées, se révèle légèrement moins précise (Dice = 82.90 %), en raison de l'inclusion de régions moins consensuelles, susceptibles d'introduire des erreurs.

Le tableau 3.2 présente de manière synthétique les performances quantitatives associées à chaque masque individuel, ainsi qu'aux méthodes de combinaison, en s'appuyant sur les coefficients de Dice et de Jaccard (IoU) pour évaluer la similarité avec la vérité terrain.

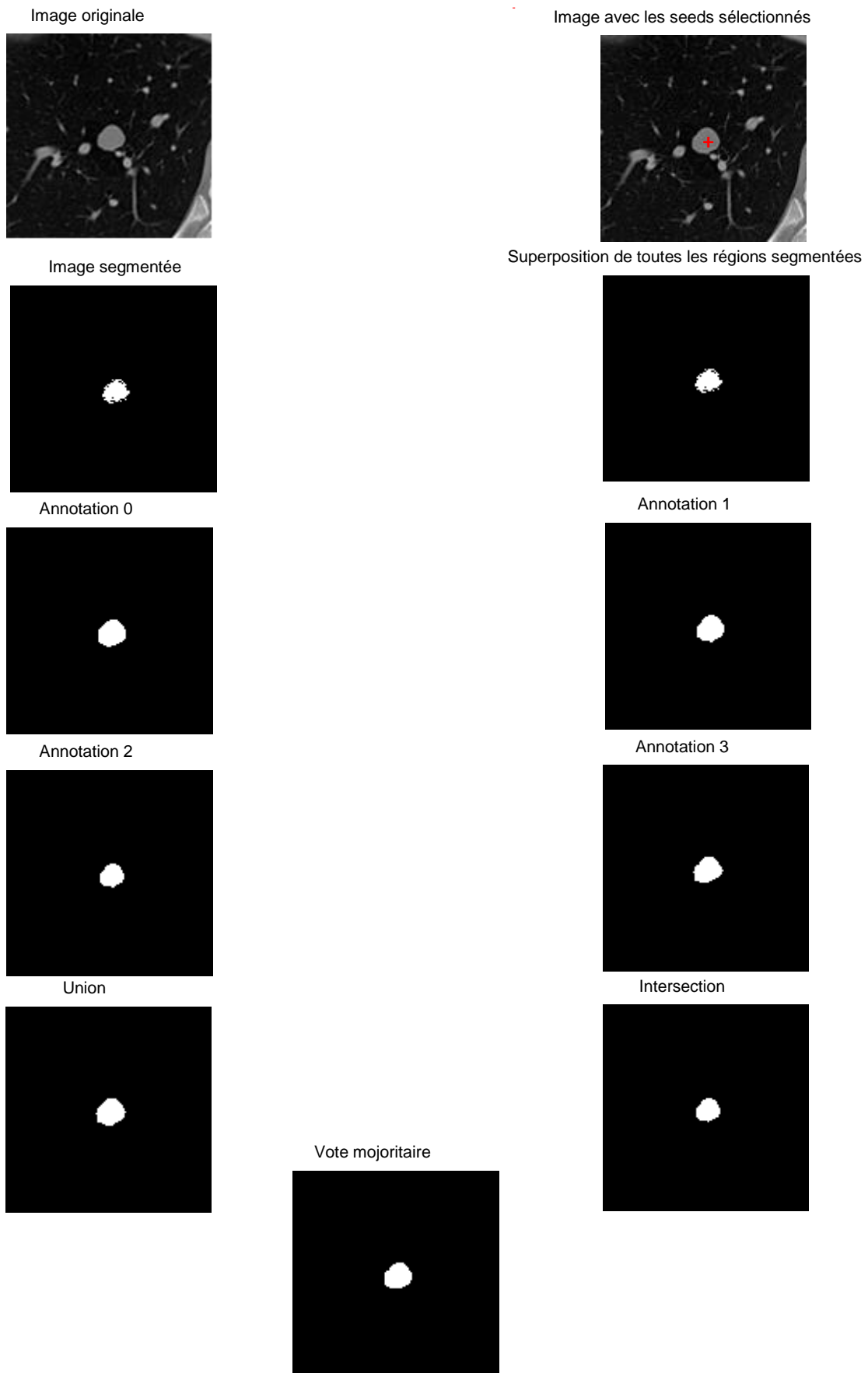


Figure 3.4 : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-00130

(Seuil de tolérance = 0.04)

**Tableau 3.2 :** Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-00130

(Seuil de tolérance = 0.04)

Mask	Référence	Coefficient de Dice (%)	Coefficient de Jaccard (%)
<i>mask0</i>		84.21	72.73
<i>mask1</i>		86.02	75.47
<i>mask2</i>		88.34	79.12
<i>mask3</i>		85.18	74.18
	<i>union</i>	82.90	70.80
	<i>inter</i>	88.62	79.56
	<i>vote</i>	85.56	74.77

**Test 2 :** Patient LIDC-IDRI-0077

Ce test porte sur le patient portant l'identifiant LIDC-IDRI-0077. Il permet d'évaluer les performances de segmentation à l'aide des différents masques générés. Les résultats de segmentation obtenus sur ce patient par la méthode de croissance de région sont montrés dans la figure 3.5.

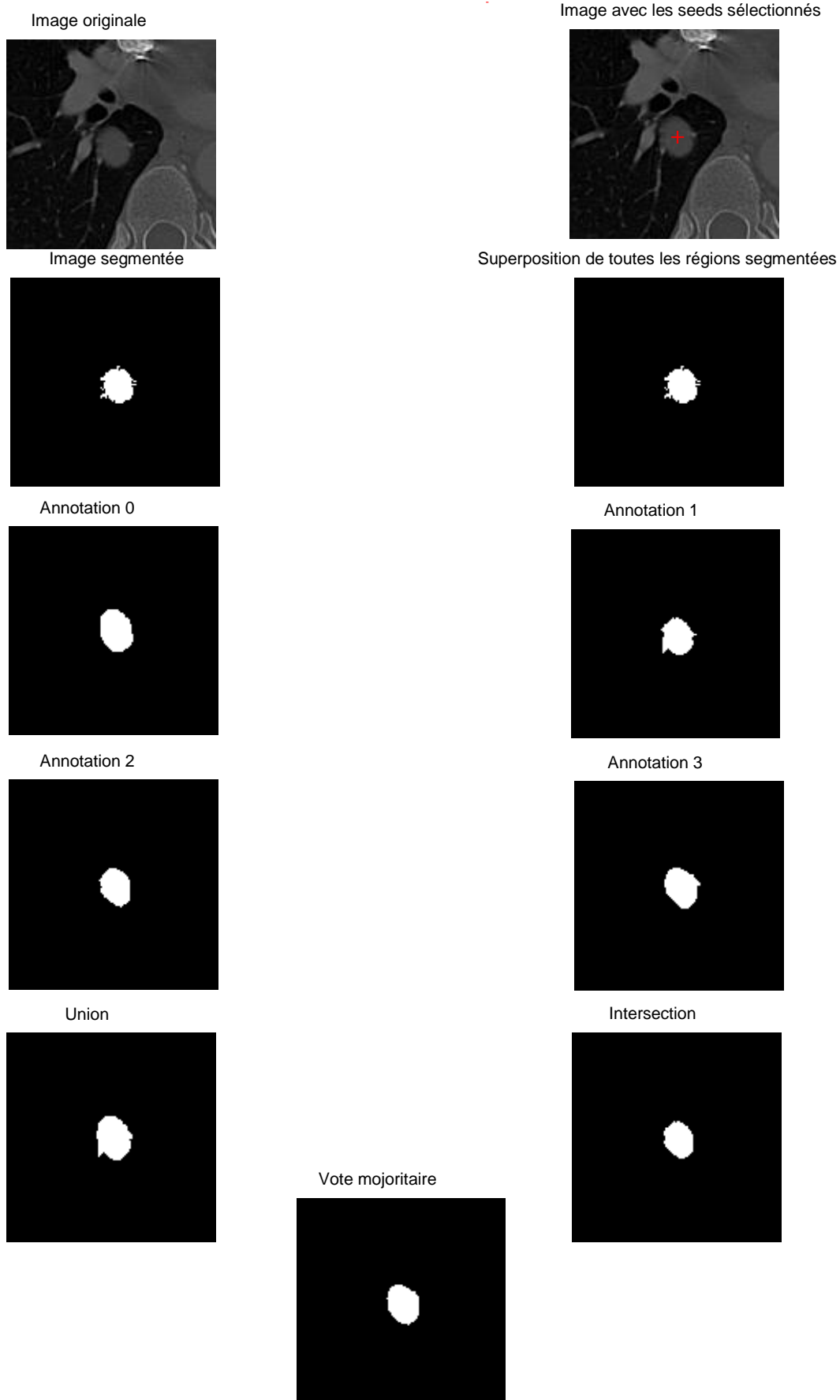


Figure 3.5 : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-0077

(Seuil de tolérance = 0.04)

**Tableau 3.3 :** Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-0077  
(Seuil de tolérance = 0.04)

Mask	Référence	Coefficient de Dice (%)	Coefficient de Jaccard (%)
<i>mask0</i>		83.90	72.26
<i>mask1</i>		92.22	85.56
<i>mask2</i>		91.46	84.27
<i>mask3</i>		87.85	78.34
	<i>union</i>	83.05	71.02
	<i>inter</i>	91.37	84.10
	<i>vote</i>	89.27	80.62

Les métriques d'évaluation obtenues lors de la segmentation, notamment les coefficients de Dice et de Jaccard, sont présentées dans le tableau 3.3 pour le cas étudié.

Les résultats pour ce patient indiquent une segmentation de bonne qualité, avec des coefficients de Dice compris entre 83,05 % et 92,22 %, et des indices de Jaccard allant de 71,02 % à 85,56 %. Parmi les masques individuels, *mask1* se distingue comme le plus performant, avec un Dice de 92,22 % et un Jaccard de 85,56 %, ce qui reflète une excellente concordance avec la vérité terrain. Concernant les méthodes de combinaison, la méthode par *intersection* fournit des résultats très proches de ceux de *mask2* (Dice = 91,37 %, Jaccard = 84,10 %), ce qui montre que les zones communes entre les masques sont efficacement identifiées. La méthode par *vote majoritaire* donne également d'excellents résultats (Dice = 89,27 %, Jaccard = 80,62 %), confirmant sa fiabilité. En revanche, la méthode par *union* enregistre les scores les plus faibles parmi les méthodes combinées (Dice = 83,05 %), probablement en raison de l'inclusion de zones moins précises.

### Test 3 : Patient LIDC-IDRI-00217

L'exemple présenté concerne le patient identifié par LIDC-IDRI-00217. Il sert à analyser l'efficacité de la segmentation à partir des différents masques produits. Les résultats issus de l'application de la méthode de croissance de région sur ce cas sont illustrés dans la figure 3.6, et les valeurs des coefficients de Dice et de Jaccard obtenues sont présentées dans le tableau 3.4.

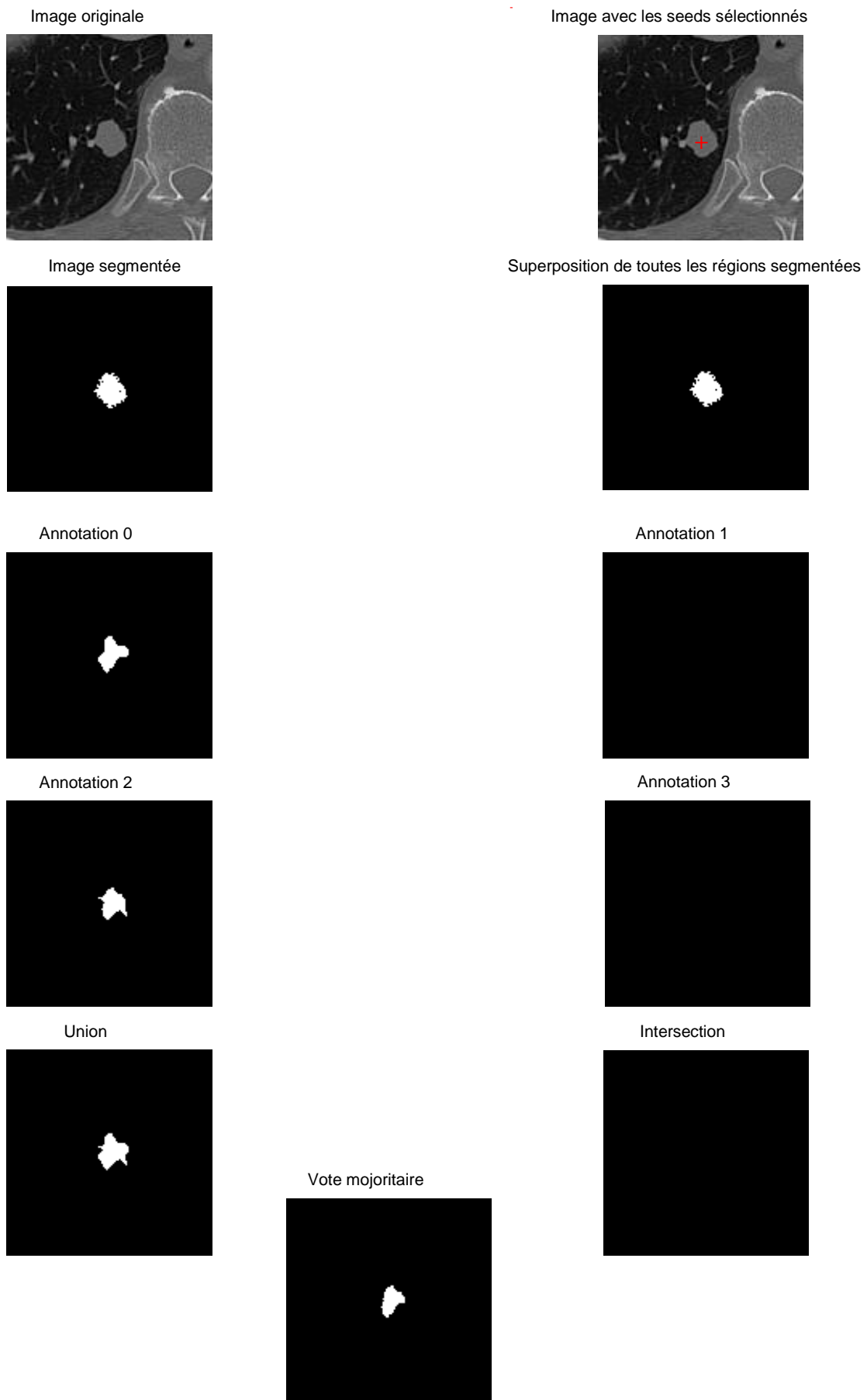


Figure 3.6 : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-00217

(Seuil de tolérance = 0.04)

**Tableau 3.4 :** Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-00217 (Seuil de tolérance = 0.04)

Mask	Référence	Coefficient de Dice (%)	Coefficient de Jaccard (%)
<i>mask0</i>		72.65	57.05
<i>mask1</i>		00.00	00.00
<i>mask2</i>		77.05	62.67
<i>mask3</i>		00.00	00.00
	<i>union</i>	78.86	65.09
	<i>inter</i>	00.00	00.00
	<i>vote</i>	70.00	53.85

Les résultats de segmentation obtenus pour ce patient sont globalement inférieurs à ceux observés précédemment. Les coefficients de Dice varient de 0 % à 78,86 %, et les indices de Jaccard de 0 % à 65,09 %, ce qui témoigne de difficultés marquées pour certains masques à identifier correctement les structures ciblées.

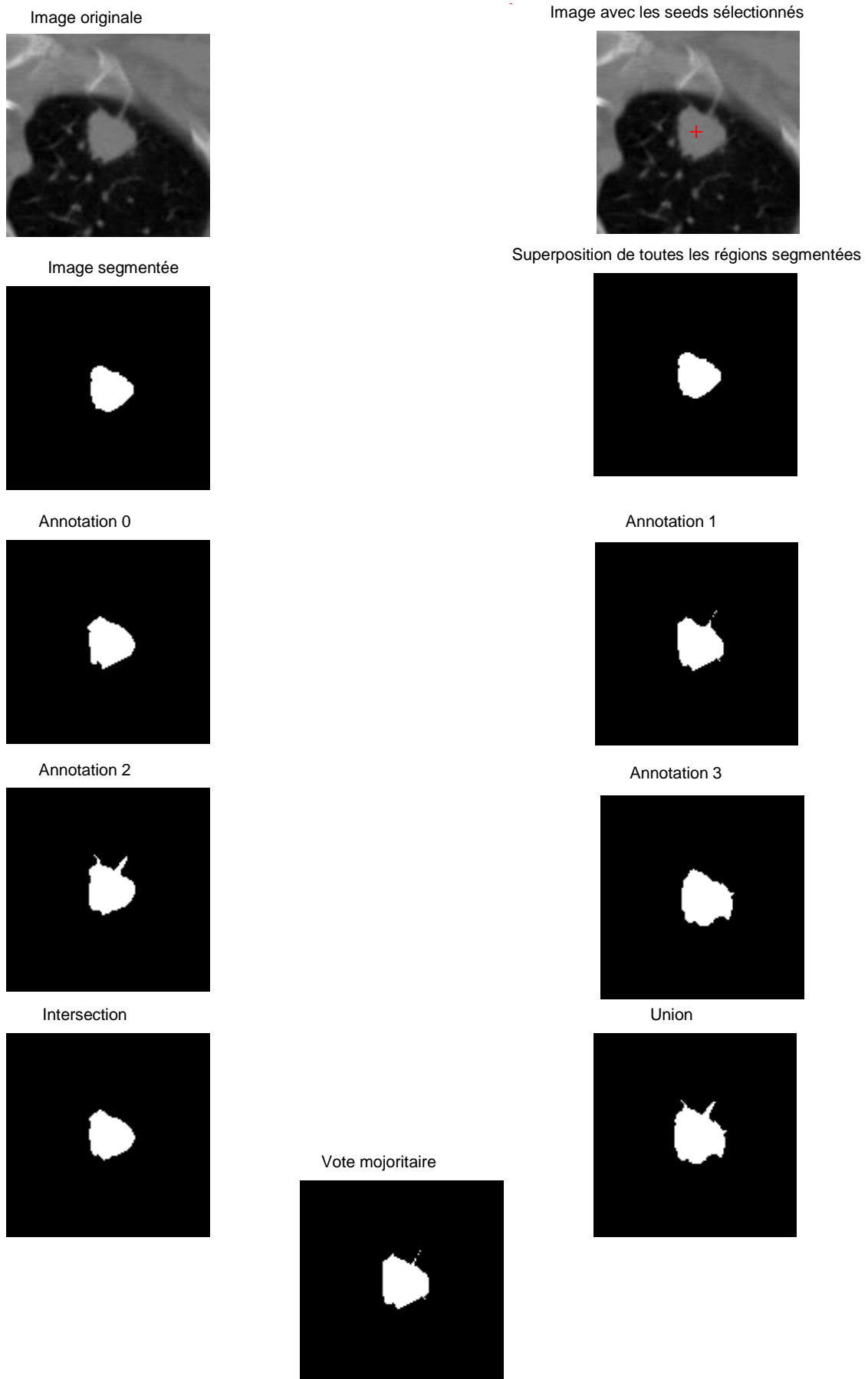
Parmi les masques individuels, *mask2* est le seul à produire des résultats satisfaisants (Dice = 77,05 %, Jaccard = 62,67 %). En revanche, *mask1* et *mask3* affichent des scores nuls, indiquant une absence totale de détection de la région d'intérêt. La méthode par *union* donne ici les meilleurs résultats globaux (Dice = 78,86 %, Jaccard = 65,09 %), en raison de sa capacité à intégrer les zones détectées par au moins un des masques, en l'occurrence *mask2*.

À l'opposé, la méthode par *intersection* présente des scores nuls, ce qui est attendu dans ce contexte : aucun pixel n'a été identifié simultanément par l'ensemble des masques. La méthode par *vote majoritaire* obtient des performances plus faibles (Dice = 70,00 %), probablement parce qu'elle repose sur une concordance entre plusieurs masques. Or, deux masques sur quatre ayant échoué, cette condition n'est pas remplie.

Ce cas met en évidence une segmentation particulièrement complexe, en partie expliquée par l'absence des annotations des radiologues 1 et 3. Dans ces conditions, il est normal d'observer des valeurs faibles pour les coefficients de Dice et de Jaccard. Bien que la méthode par union permette de limiter partiellement les pertes, la fiabilité globale demeure réduite dans ce scénario.

**Test 4 : Patient LIDC-IDRI-0078**

Un autre exemple, correspondant au patient LIDC-IDRI-0078, est utilisé pour évaluer la performance de la segmentation à partir des différents masques générés. Les résultats obtenus avec la méthode de croissance de région sont illustrés dans la figure 3.7, tandis que les coefficients de Dice et de Jaccard associés sont présentés dans le tableau 3.5.



**Figure 3.7 :** Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-0078  
(Seuil de tolérance = 0.04)

**Tableau 3.5** : Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-0078  
(Seuil de tolérance = 0.04)

Mask	Référence	Coefficient de Dice (%)	Coefficient de Jaccard (%)
<i>mask0</i>		91.82	84.87
<i>mask1</i>		89.35	80.75
<i>mask2</i>		87.48	77.75
<i>mask3</i>		80.81	67.79
	<i>union</i>	77.84	63.72
	<i>inter</i>	93.62	88.01
	<i>vote</i>	87.47	77.73

Les résultats obtenus pour ce patient révèlent une segmentation globalement très satisfaisante, avec des coefficients de Dice variant entre 77,84 % et 93,62 %, et des coefficients de Jaccard allant de 63,72 % à 88,01 %.

Parmi les masques individuels, *mask0* se distingue avec les meilleures performances (Dice = 91,82 %, Jaccard = 84,87 %), traduisant une excellente concordance avec la vérité terrain. Concernant les méthodes combinées, l'*intersection* donne les scores les plus élevés (Dice = 93,62 %, Jaccard = 88,01 %), ce qui suggère que les zones communes entre tous les masques sont très bien localisées. La méthode par *vote majoritaire* affiche des résultats proches de ceux de *mask2* (Dice = 87,47 %), reflétant une bonne stabilité globale. À l'inverse, la méthode par *union* présente les performances les plus faibles (Dice = 77,84 %, Jaccard = 63,72 %), probablement en raison de l'inclusion de régions non pertinentes, ce qui diminue la précision.

La segmentation pour ce cas se révèle donc très précise, en particulier avec *mask0* et la méthode par *intersection*, qui offrent les meilleurs résultats parmi tous les cas analysés jusqu'à présent. Cela confirme que lorsque les masques sont cohérents entre eux, leur combinaison permet d'améliorer significativement la qualité de la détection.

#### Test 5 : Patient LIDC-IDRI-0050

Les résultats de segmentation par la méthode de croissance de région sur ce patient portant l'identifiant LIDC-IDRI-0050 sont illustrés dans la figure 3.8. Les coefficients de Dice et de Jaccard correspondants sont présentés dans le tableau 3.6.

Image originale

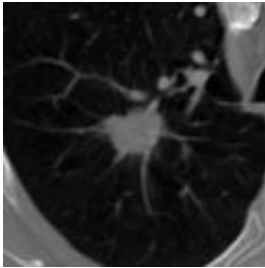


Image avec les seeds sélectionnés

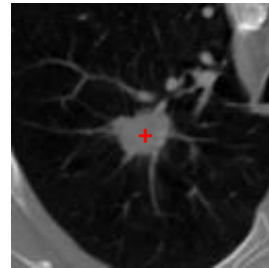
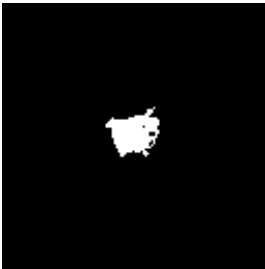


Image segmentée



Superposition de toutes les régions segmentées



Annotation 0



Annotation 1



Annotation 2



Annotation 3



Union



Intersection



Vote majoritaire



**Figure 3.8** : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-0050

(Seuil de tolérance = 0.04)

**Tableau 3.6** : Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-0050

(Seuil de tolérance = 0.04)

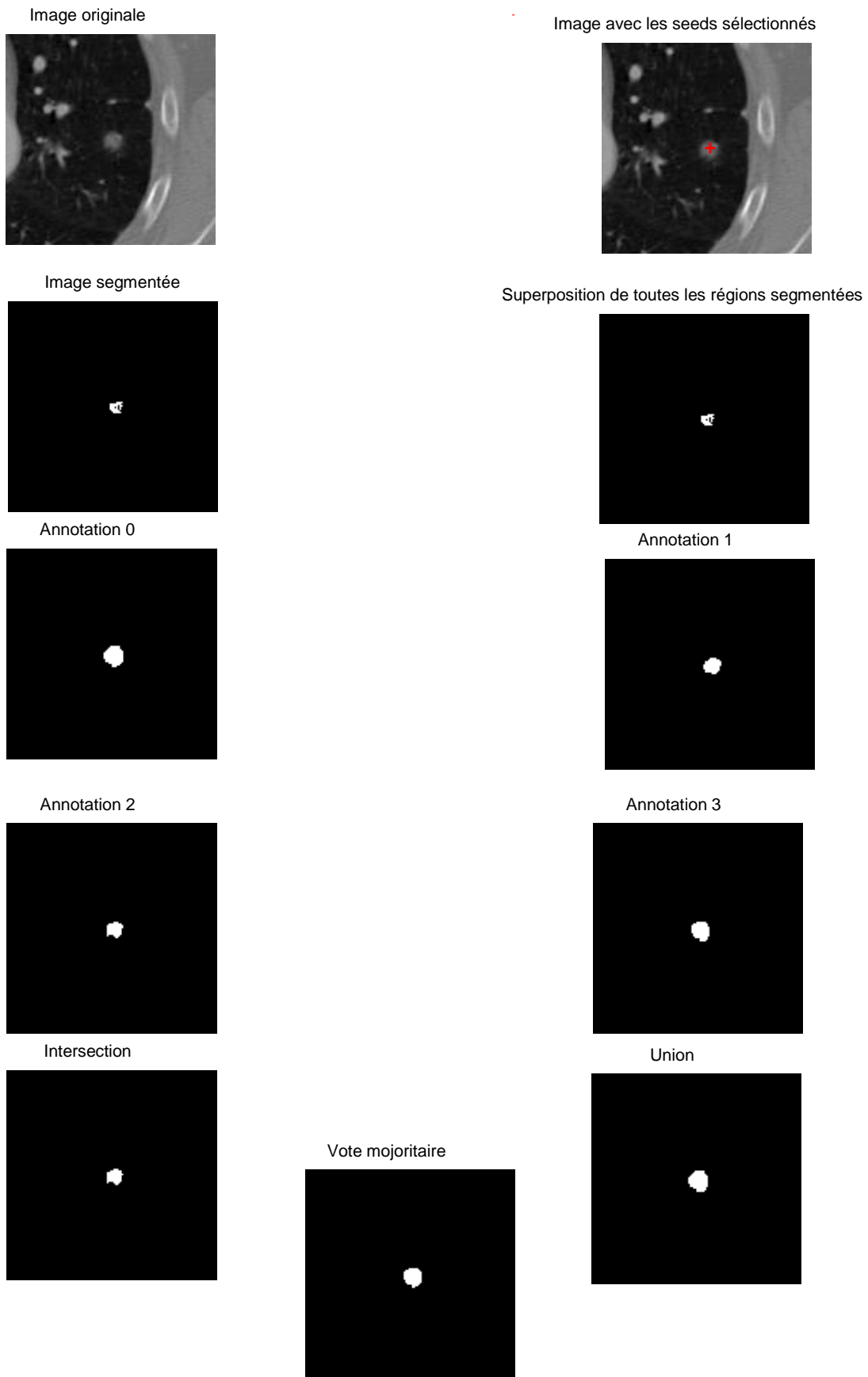
Mask	Référence	Coefficient de Dice (%)	Coefficient de Jaccard (%)
<i>mask0</i>		74.13	58.89
<i>mask1</i>		72.11	56.39
<i>mask2</i>		84.61	73.32
<i>mask3</i>		86.70	76.52
	<i>union</i>	67.85	51.35
	<i>inter</i>	87.47	77.73
	<i>vote</i>	78.74	64.93

Pour ce patient, les résultats de segmentation sont globalement satisfaisants, notamment avec *mask2* et *mask3*, qui atteignent des coefficients de Dice de 84,61 % et 86,70 %, traduisant une bonne concordance avec la vérité terrain. En revanche, *mask0* et *mask1* présentent des performances plus modestes, avec des Dice avoisinant les 72 %, indiquant une précision moindre. Parmi les méthodes combinées, l'*intersection* se démarque avec les meilleurs résultats (Dice = 87,47 %), suggérant une détection efficace des zones communes entre les masques. La méthode par *vote majoritaire* offre un score intermédiaire (Dice = 78,74 %), tandis que la méthode par *union* enregistre les performances les plus faibles, en raison de l'ajout de régions non pertinentes.

Ainsi, ce cas bénéficie d'une bonne qualité de segmentation globale, principalement grâce à *mask2*, *mask3* et à la méthode par *intersection*, qui optimise la précision en s'appuyant sur les détections cohérentes entre les différents masques.

**Test 6** : Patient LIDC-IDRI-00250

La figure 3.9 illustre les résultats obtenus par la méthode de croissance de région pour le patient identifié sous LIDC-IDRI-00250, tandis que le tableau 3.7 présente les valeurs des indices de Dice et de Jaccard associés.



**Figure 3.9** : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-00250  
 (Seuil de tolérance = 0.04)

**Tableau 3.7 :** Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-00250

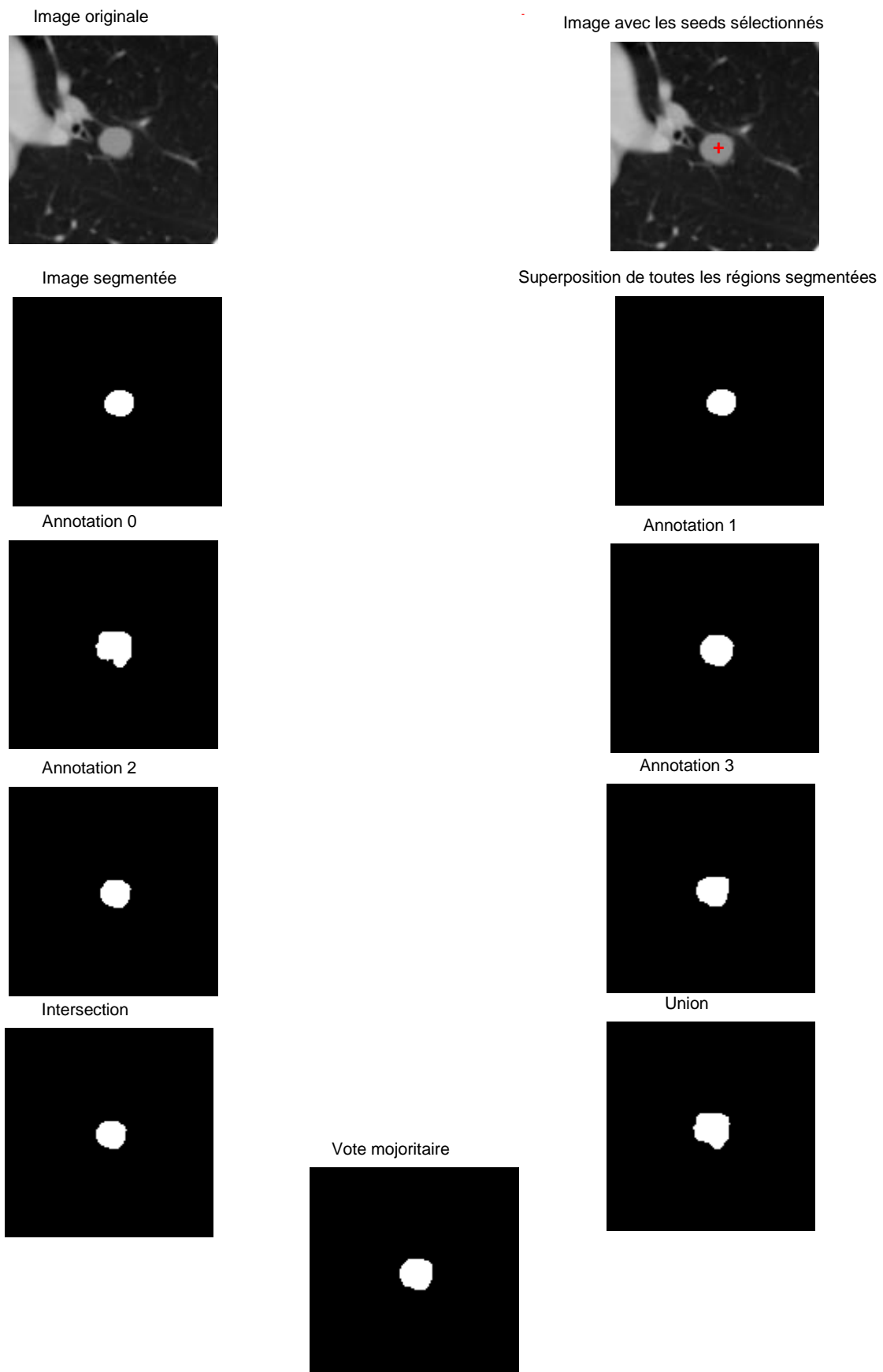
(Seuil de tolérance = 0.04)

Mask	Référence	Coefficient de Dice (%)	Coefficient de Jaccard (%)
<i>mask0</i>		49.37	32.77
<i>mask1</i>		64.46	47.56
<i>mask2</i>		69.03	52.70
<i>mask3</i>		53.79	36.79
	<i>union</i>	48.45	31.97
	<i>inter</i>	70.27	54.17
	<i>vote</i>	54.55	37.50

D'après les résultats sur ce patient, nous pouvons observer que la qualité de segmentation est globalement faible. Les scores de Dice varient entre 48,45 % et 70,27 %, ce qui traduit une difficulté à bien délimiter la zone d'intérêt. *mask2* obtient les meilleures performances (Dice = 69,03 %), suivi de près par *mask1*. En revanche, *mask0* et *mask3* présentent des résultats nettement inférieurs, avec des scores avoisinant les 50 %, indiquant une mauvaise qualité de segmentation. Parmi les méthodes combinées, l'*intersection* offre les meilleurs résultats (Dice = 70,27 %), en s'appuyant sur les zones correctement détectées par l'ensemble des masques. À l'inverse, les méthodes par *vote majoritaire* et, surtout, par *union* affichent des performances plus faibles, suggérant que l'inclusion de zones imprécises dégrade la qualité de la segmentation. Dans l'ensemble, la segmentation reste peu fiable pour ce patient, à l'exception de l'intersection et du masque le plus performant (*mask2*).

**Test 7 :** Patient LIDC-IDRI-0014

Un autre cas, relatif au patient LIDC-IDRI-0014, est examiné afin d'évaluer la performance de la segmentation à partir des masques générés. Les résultats issus de la méthode de croissance de région sont représentés dans la figure 3.10, et les indices de Dice et de Jaccard correspondants figurent dans le tableau 3.8.



**Figure 3.10** : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-0014  
 (Seuil de tolérance = 0.04)

**Tableau 3.8 :** Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-0014  
Seuil de tolérance = 0.04)

Mask	Référence	Coefficient de Dice (%)	Coefficient de Jaccard (%)
<i>mask0</i>		76.97	62.57
<i>mask1</i>		85.56	74.76
<i>mask2</i>		95.51	91.41
<i>mask3</i>		87.31	77.48
	<i>union</i>	76.22	61.58
	<i>inter</i>	95.71	91.76
	<i>vote</i>	84.78	73.58

Les résultats de segmentation pour ce patient sont globalement très satisfaisants, avec des coefficients de Dice allant de 76,97 % à 95,51 %, ce qui témoigne d'une bonne détection de la zone d'intérêt par la majorité des masques. *mask2* se distingue par les meilleures performances (Dice = 95,51 %, Jaccard = 91,41 %), suivi de *mask3* (Dice = 87,31 %) et *mask1* (Dice = 85,56 %). En ce qui concerne les méthodes combinées, l'*intersection* des masques fournit les scores les plus élevés (Dice = 95,71 %, Jaccard = 91,76 %), révélant une forte cohérence entre les différentes annotations.

La méthode par *union* affiche des performances plus faibles (Dice = 76,22 %), probablement en raison de l'inclusion de zones non pertinentes. Quant à la méthode par *vote majoritaire*, elle représente un bon compromis (Dice = 84,78 %, Jaccard = 73,58 %), indiquant une performance robuste.

Dans l'ensemble, ces résultats montrent une segmentation fiable pour ce patient, en particulier avec l'*intersection* ou les masques les plus précis.

#### Test 8 : Patient LIDC-IDRI-00115

Les résultats issus de la méthode de croissance de région appliquée sur ce patient, portant l'identifiant LIDC-IDRI-00115, sont présentés dans la figure 3.11, tandis que le tableau 3.9 en expose les indices de Dice et de Jaccard correspondants.

Image originale

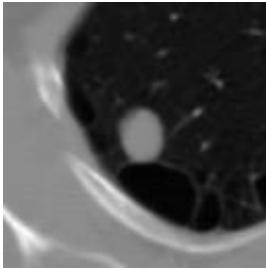


Image avec les seeds sélectionnés

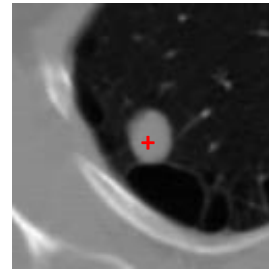
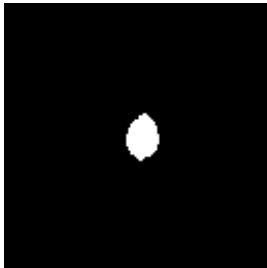
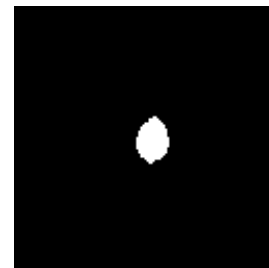


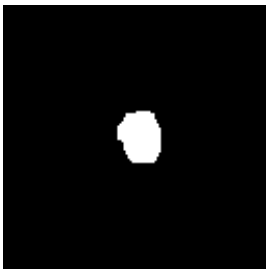
Image segmentée



Superposition de toutes les régions segmentées



Annotation 0



Annotation 1



Annotation 2



Annotation 3



Union



Intersection



Vote majoritaire



**Figure 3.11** : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-00115

(Seuil de tolérance = 0.04)

**Tableau 3.9** : Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-00115

(Seuil de tolérance = 0.04)

Mask	Référence	Coefficient de Dice (%)	Coefficient de Jaccard (%)
<i>mask0</i>		75.91	61.18
<i>mask1</i>		81.25	68.42
<i>mask2</i>		66.24	49.52
<i>mask3</i>		75.69	60.89
	<i>union</i>	65.24	48.42
	<i>inter</i>	81.89	69.33
	<i>vote</i>	75.04	60.05

Pour ce patient, la segmentation s'avère globalement satisfaisante. Le masque *mask1* se montre le plus précis (Dice = 81,25 %), suivi de *mask0* et *mask3*, tandis que *mask2* présente les performances les plus faibles. Parmi les méthodes combinées, l'*intersection* offre les meilleurs résultats globaux (Dice = 81,89 %), traduisant une bonne cohérence entre les masques les plus performants. À l'inverse, la méthode par *union* donne des scores plus faibles en raison de l'intégration de zones imprécises. La méthode par *vote majoritaire* fournit des résultats intermédiaires.

Ainsi, la segmentation peut être considérée comme fiable dans ce cas, en particulier en utilisant l'*intersection* ou le masque *mask1*.

**Test 9** : Patient LIDC-IDRI-0061

La figure 3.12 présente les résultats de segmentation obtenus par la méthode de croissance de région pour le patient LIDC-IDRI-0061, tandis que le tableau 3.10 affiche les valeurs correspondantes des indices de Dice et de Jaccard

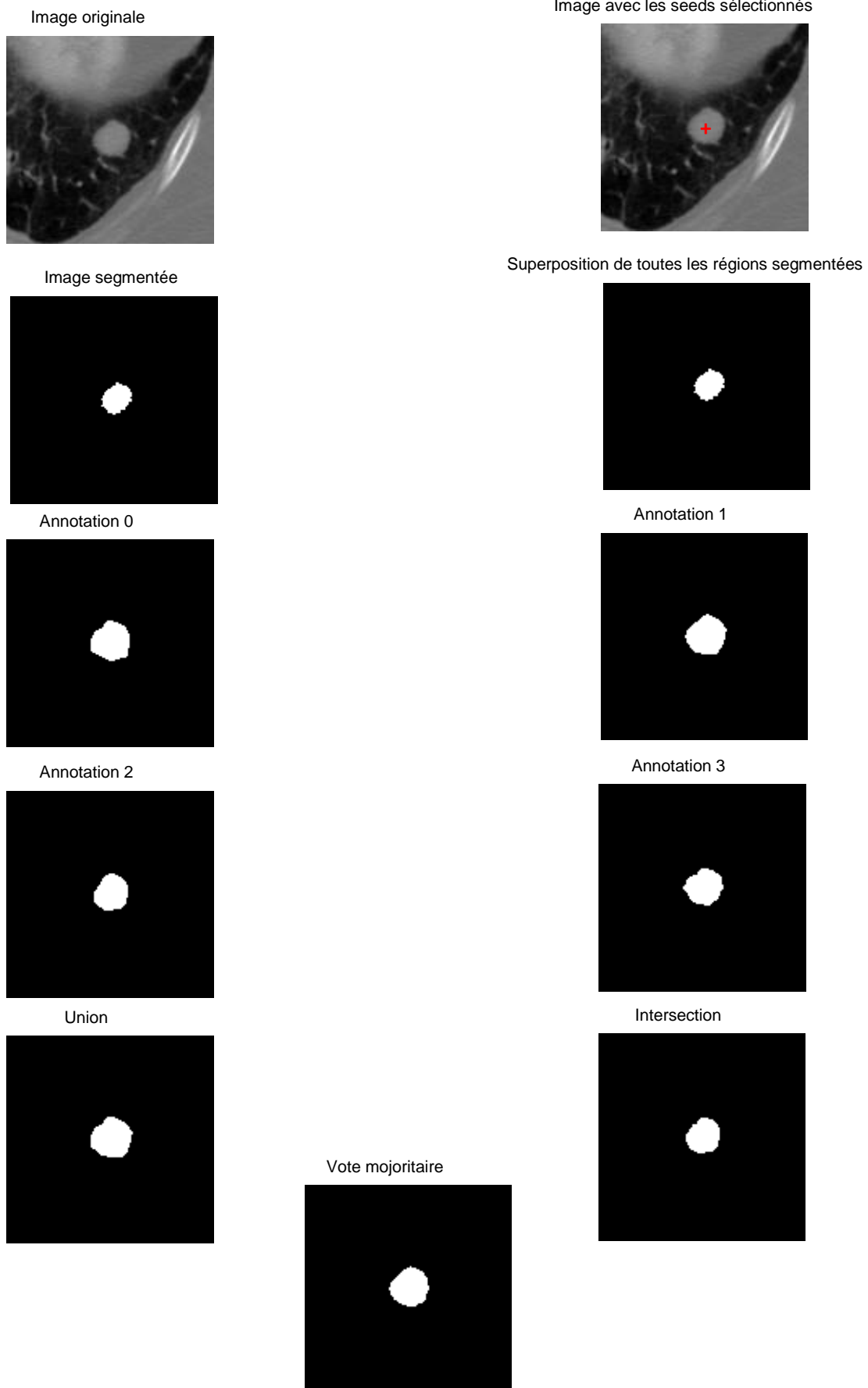


Figure 3.12 : Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-0061

(Seuil de tolérance = 0.04)

**Tableau 3.10** : Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-0061

(Seuil de tolérance = 0.04)

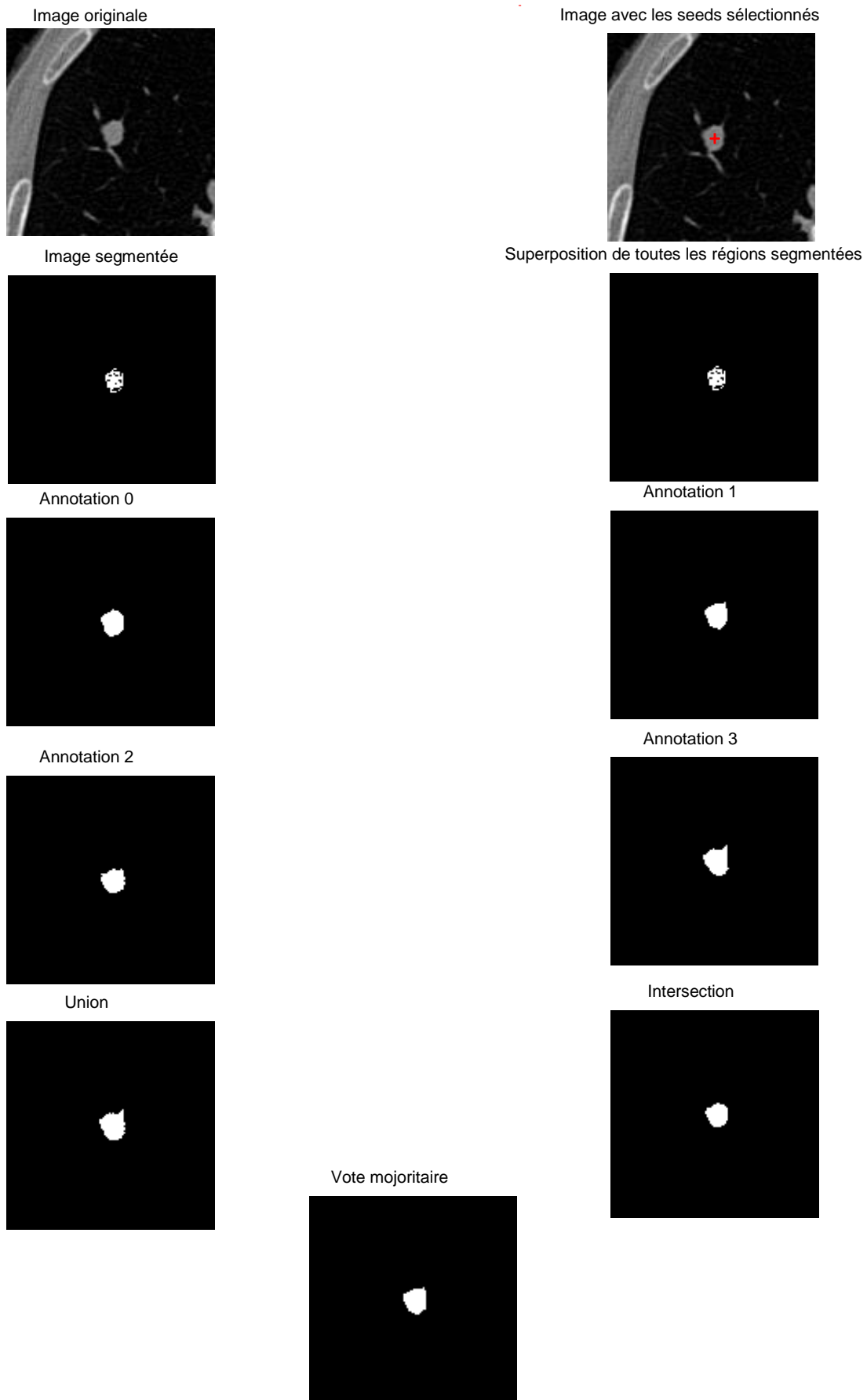
Mask	Référence	Coefficient de Dice (%)	Coefficient de Jaccard (%)
<i>mask0</i>		71.29	55.38
<i>mask1</i>		70.89	54.90
<i>mask2</i>		80.90	67.92
<i>mask3</i>		77.42	63.16
	<i>union</i>	68.29	51.85
	<i>inter</i>	83.17	71.19
	<i>vote</i>	72.94	57.40

Les résultats de segmentation pour ce patient sont globalement satisfaisants. *mask2* enregistre les meilleures performances (Dice = 80,90 %, Jaccard = 67,92 %), suivi de près par *mask3*. *mask0* et *mask1* produisent des résultats corrects, mais légèrement inférieurs, avec des scores de Dice avoisinant les 71 %. Parmi les méthodes combinées, l'*intersection* offre les meilleurs résultats globaux (Dice = 83,17 %), indiquant une bonne concordance entre les zones correctement détectées par les différents masques. La méthode par *vote majoritaire* donne des performances acceptables (Dice = 72,94 %), tandis que l'*union* s'avère la moins précise (Dice = 68,29 %), probablement en raison de l'intégration de zones non pertinentes.

Dans l'ensemble, la segmentation peut être considérée comme fiable pour ce patient, en particulier grâce à *mask2*, *mask3* et à la méthode par *intersection*.

**Test 10** : Patient LIDC-IDRI-00140

Pour ce dernier patient, pourtant l'identifiant LIDC-IDRI-00140, les résultats de la segmentation par croissance de région sont présentés dans la figure 3.13, tandis que le tableau 3.10 rassemble les indices de Dice et de Jaccard correspondants.



**Figure 3.13 :** Résultats de segmentation pour le patient ID = LIDC-IDRI-00140  
(Seuil de tolérance = 0.04)

**Tableau 3.11** : Coefficient de Dice et de Jaccard (IoU) pour le patient ID = LIDC-IDRI-00140

(Seuil de tolérance = 0.04)

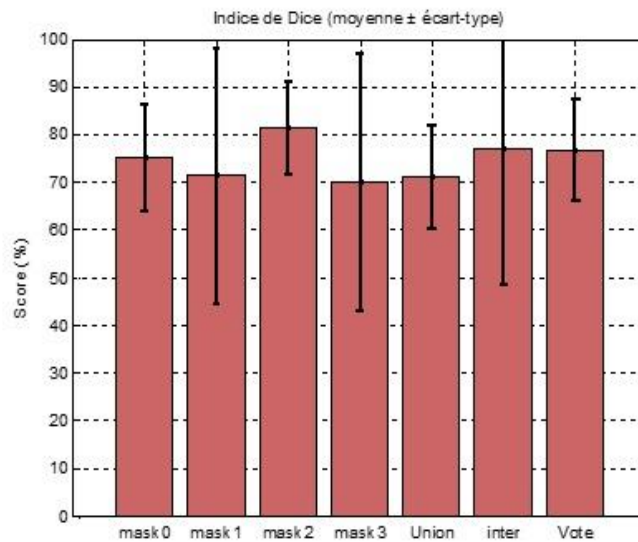
Mask	Référence	Coefficient de Dice (%)	Coefficient de Jaccard (%)
<i>mask0</i>		72.12	56.40
<i>mask1</i>		72.39	56.73
<i>mask2</i>		72.93	57.40
<i>mask3</i>		65.54	48.74
	<i>union</i>	63.19	46.19
	<i>inter</i>	76.98	62.58
	<i>vote</i>	70.29	54.19

Pour ce patient, la segmentation est globalement satisfaisante. Les masques *mask0*, *mask1* et *mask2* fournissent des résultats similaires et corrects, avec des scores de Dice autour de 72 %. *mask3* présente des performances inférieures. La méthode par *intersection* offre les meilleurs résultats globaux, démontrant que les zones détectées en commun sont fiables. La méthode par *vote majoritaire* fournit des résultats acceptables, tandis que la méthode par *union* reste la moins précise.

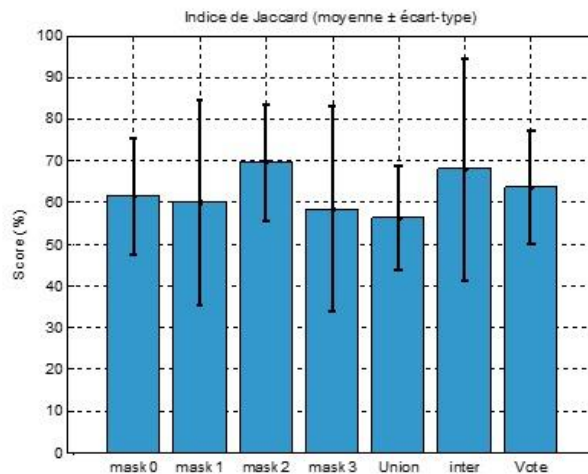
Ainsi, la segmentation montre une bonne précision, notamment lorsque l'on utilise l'*intersection* ou les masques les plus performants.

### 6.3 Comparaison visuelle des performances des méthodes de segmentation selon les moyennes des coefficients de Dice et de Jaccard

Après avoir analysé les résultats de segmentation pour chacun des 10 patients individuellement, nous présentons dans cette section une synthèse globale sous forme de moyennes et d'écart types des coefficients de Dice et de Jaccard, calculés sur l'ensemble des patients testés. Les figures 3.14 et 3.15 illustrent ces valeurs en fonction des différentes méthodes de segmentation utilisées (masques individuels et méthodes de combinaison).



**Figure 3.14 :** Indice de Dice, moyen  $\pm$  écart-type, pour la segmentation automatique par croissance de région comparée aux annotations de quatre experts et aux méthodes de combinaison.



**Figure 3.15 :** Indice de Jaccard (IoU), moyen  $\pm$  écart-type, pour la segmentation automatique par croissance de région comparée aux annotations de quatre experts et aux méthodes de combinaison.

Dans l'ensemble, nous pouvons observer que les indices de Dice (figure 3.14) oscillent principalement entre 70 % et 80 %, tandis que les indices de Jaccard (figure 3.15) varient entre 60 % et 70 %. Ces scores indiquent une correspondance modérée à bonne entre la segmentation automatique par croissance de région et les annotations humaines, avec des performances meilleures en Dice, ce qui est attendu puisque l'indice de Dice est plus tolérant aux petites différences que l'indice de Jaccard.

Parmi les annotations individuelles, *mask2* se démarque avec les scores moyens les plus élevés dans les deux figures, ce qui suggère une meilleure concordance de la méthode de

segmentation automatique avec cette annotation. À l’opposé, *mask3* présente des performances plus faibles, traduisant une variabilité inter-observateur significative.

En ce qui concerne les fusions, l’intersection donne systématiquement les meilleurs scores, tant en Jaccard qu’en Dice, ce qui montre que les zones détectées en commun par tous les masques sont les plus fiables et correspondent bien à la vérité terrain. Le vote majoritaire fournit également de bonnes performances, ce qui indique qu’un consensus partiel entre les masques permet d’obtenir une segmentation robuste. En revanche, l’union, méthode plus permissive incluant toutes les régions détectées, donne les résultats les plus faibles, traduisant une baisse de précision due à l’inclusion de régions erronées ou moins pertinentes.

Enfin, les barres d’erreur (écarts-types) sont relativement larges, surtout pour certaines annotations individuelles, ce qui reflète une **variabilité inter-patient** marquée. Cela souligne que la fiabilité de la segmentation automatique par croissance de région dépend fortement des caractéristiques propres à chaque cas clinique.

#### 6.4 Influence du seuil sur la segmentation par croissance de région

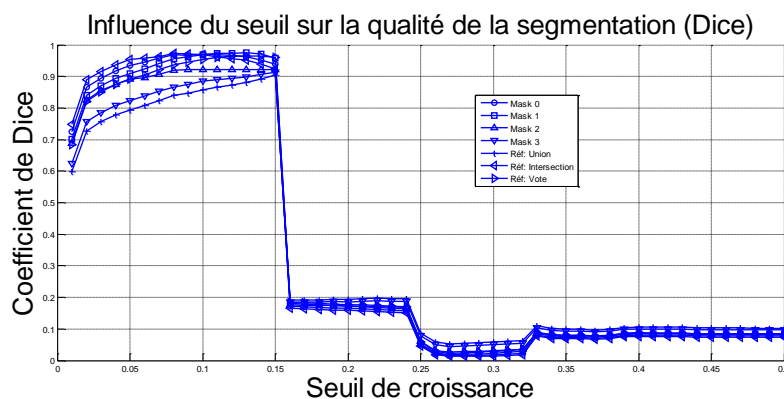
Le choix du seuil est un paramètre déterminant qui influence directement la qualité des résultats obtenus. Il contrôle l’inclusion des pixels dans la région d’intérêt, en fonction de leur intensité relative à celle de la graine initiale.

Les figures 3.16 et 3.17 illustrent l’effet de la variation du seuil de croissance sur la qualité de la segmentation de l’image CT-scan d’un exemple d’un patient (LIDC-IDRI-0078). Comme on peut l’observer, pour des valeurs de seuil faibles, les masques présentent une bonne correspondance avec les références, notamment celle par vote majoritaire. Cela s’explique par le fait qu’à seuil faible, seuls les pixels dont l’intensité est très proche de celle du point de départ sont intégrés, ce qui limite la croissance à une région homogène et bien définie.

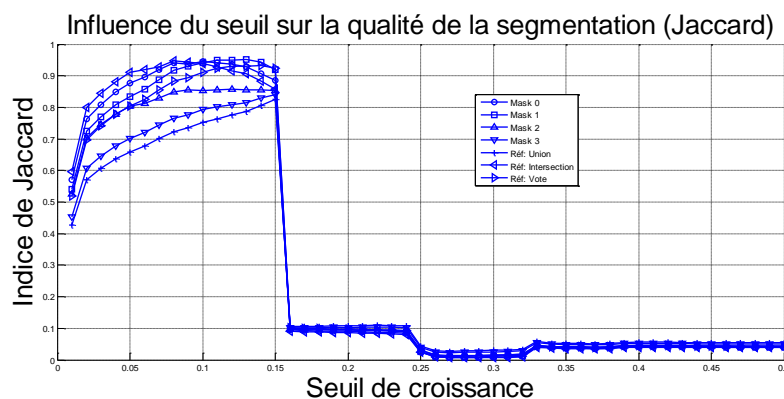
Cependant, un seuil critique clairement visible dans les deux graphes marque un point de bascule à partir duquel la croissance devient trop permissive, englobant des régions hétérogènes éloignées de la structure initiale. Cette dérive entraîne une détérioration significative de la qualité des masques, quel que soit le masque de référence considéré. Au-delà de ce seuil, les scores restent faibles et stables, traduisant une perte de contrôle dans le processus de segmentation due à l’inclusion excessive de pixels non pertinents.

Bien que ces courbes soient issues d’un seul cas (patient LIDC-IDRI-0078), elles reflètent une tendance générale observée sur l’ensemble des données. Sur la base de ces observations,

et après validation expérimentale sur un ensemble de plusieurs patients, le seuil de 0.04 a été retenu comme un compromis optimal entre précision et stabilité. Bien qu'il n'atteigne pas systématiquement les scores maximaux observés aux alentours de 0.13–0.15 sur certains cas particuliers, il permet d'éviter la zone critique de chute brutale des performances. Il garantit une segmentation précise, contenue dans des régions homogènes, tout en assurant une reproductibilité satisfaisante des résultats face à la variabilité inter-patients. Ce choix s'est révélé robuste, notamment vis-à-vis du risque de sur-segmentation, tout en conservant des scores de similarité élevés avec les références, en particulier celle obtenue par vote majoritaire.



**Figure 3.16** Évolution des scores de similarité de Dice en fonction du seuil



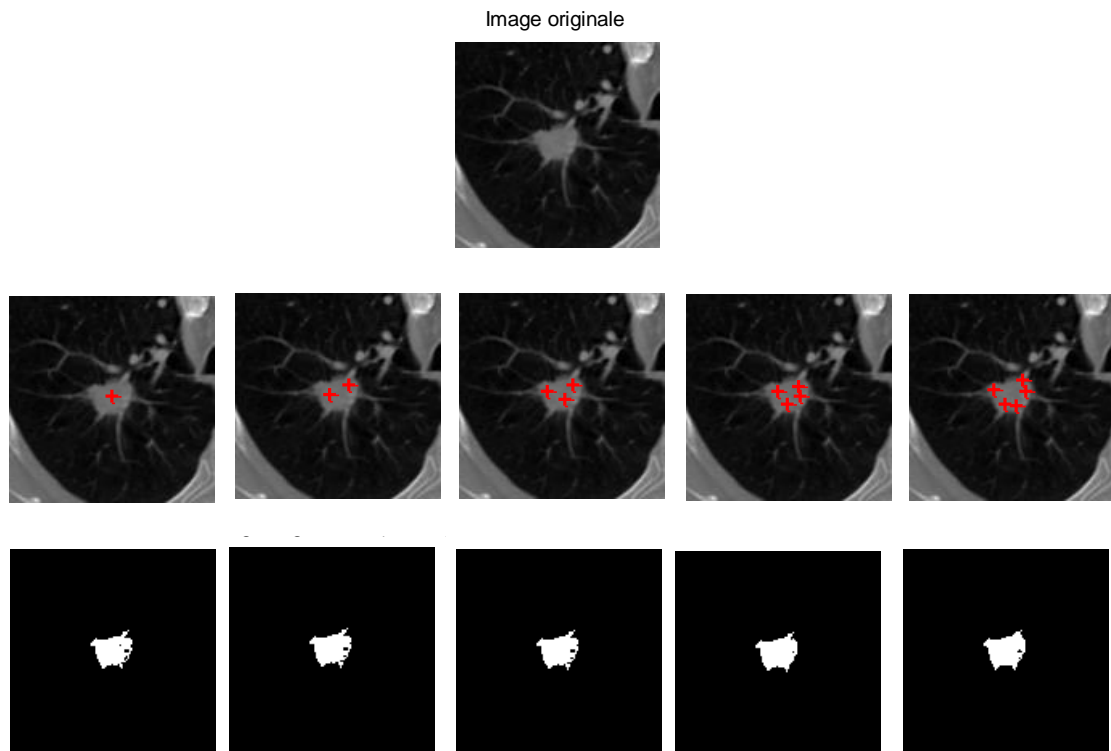
**Figure 3.17** Évolution des scores de similarité de Jaccard (IoU) en fonction du seuil

## 6.5 Influence de nombres des seeds et leur position

Pour évaluer davantage les performances de l'algorithme, il est important d'analyser l'impact du nombre de graines et de leur emplacement sur le processus de segmentation. Le nombre de graines utilisées peut affecter la capacité de l'algorithme à couvrir l'ensemble de la région d'intérêt, tandis que leur position influence directement la direction et l'étendue de la croissance.

Ainsi pour évaluer l'influence du nombre de graines sur la qualité de la segmentation, on a réalisé un test sur un exemple d'une image d'un patient (LIDC-IDRI-0050). Cinq configurations ont été testées : la première avec une seule graine, puis progressivement deux, trois, quatre et cinq graines. Cette approche permet d'analyser l'effet du nombre croissant de points de départ sur l'étendue et la précision de la région segmentée.

La figure 3.18 illustre les résultats de segmentation obtenus selon différents cas de configuration des graines.



**Figure 3.18** Résultats de segmentation selon différentes configurations de graines.

Les tableaux 3.12 et 3.13 présentent l'évolution des performances de la segmentation en fonction du nombre de graines utilisées, mesurées à l'aide des deux métriques : le coefficient de Dice et l'indice de Jaccard. Les résultats montrent une amélioration progressive des performances de la segmentation ce qui indique une meilleure correspondance avec la vérité terrain lorsque le nombre de graines augmente. Cette tendance est observable aussi bien pour les masques de référence (*mask0* à *mask3*) que pour les méthodes combinées (*union*, *inter*, *vote*). Les meilleures performances sont obtenues avec les méthodes *inter* et *vote*, qui dépassent souvent les scores des masques individuels. Ces résultats indiquent clairement que l'ajout de graines permet une meilleure couverture de la région d'intérêt et une segmentation plus précise. Toutefois, à partir de 4 graines, les gains deviennent moins significatifs,

traduisant une stabilisation des performances, ce qui suggère qu'un nombre modéré de graines bien positionnées est suffisant pour obtenir des résultats satisfaisants. Ces observations confirment l'importance d'un bon choix du nombre de graines dans la méthode de croissance de région.

Référence	Nombre de seed				
	1	2	3	4	5
<i>mask0</i>	74.26	74.95	75.08	76.83	77.25
<i>mask1</i>	72.24	73.12	73.25	74.98	75.58
<i>mask2</i>	84.99	85.47	85.61	87.26	87.22
<i>mask3</i>	87.08	87.32	87.45	89.34	89.29
<i>union</i>	67.98	68.84	68.96	70.64	71.23
<i>inter</i>	87.86	88.09	88.23	89.89	89.83
<i>vote</i>	78.87	79.57	79.70	81.49	81.90

**Tableau 3.12** Évolution du coefficient de Dice (%) selon le nombre de graines utilisées

Référence	Nombre de seed				
	1	2	3	4	5
<i>mask0</i>	59.05	59.93	60.10	62.38	62.93
<i>mask1</i>	56.54	57.63	57.79	59.97	60.75
<i>mask2</i>	73.89	74.63	74.84	77.41	77.34
<i>mask3</i>	77.12	77.49	77.71	80.74	80.65
<i>union</i>	51.49	52.48	52.62	54.61	55.32
<i>inter</i>	78.35	78.71	78.94	81.64	81.54
<i>vote</i>	65.11	66.07	66.25	68.76	69.35

**Tableau 3.13** Évolution du coefficient de Jaccard (IoU) (%) selon le nombre de graines utilisées

Les tableaux 3.12 et 3.13 présentent respectivement l'évolution du coefficient de Dice et de l'indice de Jaccard (IoU) en fonction du nombre de graines utilisées, allant de 1 à 5. Les résultats montrent une amélioration progressive des performances de la segmentation ce qui indique une meilleure correspondance avec la vérité de terrain lorsque le nombre de graines augmente.

Cette tendance est observable aussi bien pour les masques de référence (Mask 0 à Mask 3) que pour les méthodes combinées (Union, Inter, Vote). Les meilleures performances sont

obtenues avec les méthodes Inter et Vote, qui dépassent souvent les scores des masques individuels. Ces résultats indiquent clairement que l'ajout de graines permet une meilleure couverture de la région d'intérêt et une segmentation plus précise. Toutefois, à partir de 4 graines, les gains deviennent moins significatifs, traduisant une stabilisation des performances, ce qui suggère qu'un nombre modéré de graines bien positionnées est suffisant pour obtenir des résultats satisfaisants.

Ces observations confirment l'importance d'un bon choix de graines dans la méthode de croissance de région.

## **7 Conclusion**

Dans ce chapitre, nous avons évalué la méthode proposée pour la segmentation des images CT-scan par croissance de région sur des cas réels issus de la base de données **LIDC-IDRI**, en la comparant aux annotations de quatre radiologues. Les indices de Dice et de Jaccard (Intersection over Union, IoU) ont été calculés en s'appuyant sur différentes stratégies de vérité terrain : annotations individuelles, union, intersection et vote majoritaire. L'analyse qualitative a mis en évidence une bonne couverture des zones d'intérêt, tandis que l'évaluation quantitative a montré une performance globalement stable, notamment vis-à-vis du vote majoritaire, avec un Dice moyen de  $78.86 \% \pm 11.32$ .

Par ailleurs, des expériences complémentaires ont été menées afin d'étudier l'influence du nombre de graines sur la qualité de la segmentation. Les résultats indiquent qu'une augmentation progressive du nombre de graines améliore la couverture et la précision, jusqu'à atteindre une stabilité à partir de quatre ou cinq graines. Cela suggère qu'un nombre modéré de graines bien réparties est suffisant pour garantir une segmentation efficace, sans compliquer inutilement le processus.

En parallèle, le seuil de croissance a été fixé à 0.04, à la suite de tests réalisés sur plusieurs cas. Ce seuil a été retenu comme un bon compromis entre précision et stabilité, permettant de limiter la propagation à des régions homogènes, tout en évitant les effets de sur-segmentation observés à des seuils plus élevés.

## **Conclusion Générale**

Ce travail s'inscrit dans le domaine du traitement d'images médicales, et porte plus précisément sur la segmentation automatique des nodules pulmonaires à partir d'images CT-scan. L'objectif principal était de développer une méthode simple, efficace et suffisamment automatique, capable de détecter et d'isoler ces nodules tout en s'adaptant à la variabilité des images médicales.

La méthode étudiée repose sur l'algorithme de croissance de région, appliqué après un prétraitement adapté visant à préparer les images à une segmentation plus précise et cohérente.

L'algorithme a été testé sur des images réelles issues de la base LIDC-IDRI, et les résultats ont été évalués à l'aide de métriques reconnues telles que le coefficient de Dice et l'IoU. Les performances ont été comparées aux annotations fournies par plusieurs experts. De manière générale, la méthode a montré de bons résultats, en particulier lorsque les annotations étaient cohérentes entre elles. Les résultats indiquent également que la méthode est capable de s'adapter à différents cas cliniques, avec des performances satisfaisantes.

En revanche, certaines limites ont été observées, notamment en présence de divergences entre les masques de référence ou lorsque la qualité des images était insuffisante. Dans l'ensemble, ce travail montre qu'une approche simple comme la croissance de région peut constituer une solution efficace pour la segmentation des nodules pulmonaires, tout en ouvrant des perspectives d'amélioration en vue d'une future application en pratique médicale.

## Références bibliographiques

- [1] : Z. Ouksili, *Compensation du mouvement respiratoire dans les images TEP/TDM*, Thèse de doctorat, Institut National Polytechnique de Toulouse, Université de Toulouse, spécialité Informatique, 26 mai 2010.
- [2] : W. Raoul, *Effets des facteurs angiogéniques et des cellules progénitrices dans la réparation de la barrière alvéolo-capillaire au cours des agressions pulmonaires aiguës*, Thèse de doctorat, 2005.
- [3] : E. N. Marieb, *Biologie humaine : principes d'anatomie et de physiologie*, 8<sup>e</sup> éd., Paris: Pearson Education, 2008.
- [4]: A. Patwa and A. Shah, "Anatomy and physiology of respiratory system relevant to anaesthesia," *Indian Journal of Anaesthesia*, vol. 59, no. 9, pp. 533–541, 2015.
- [5]: E. R. Weibel, D. H. Elliott, and D. Klocke, "Human respiratory system," *Encyclopædia Britannica*. 22 avril, 2025.
- [6]: C. Marcus, "The respiratory system: not just the lungs," *Paediatric Respiratory Reviews*, vol. 11, no. 4, pp. 191–192, 2010.
- [8] : M. Ayadi, *Mesures et intégration des marges de conformation et de mouvement dans le plan de traitement des cancers bronchiques non à petites cellules*, Thèse de doctorat, Université Claude Bernard-Lyon1, 2007.
- [9]: L. W. Ochoa, *Anatomy & Pathology*, 5<sup>e</sup> éd., Baltimore: Lippincott Williams & Wilkins / Wolters Kluwer Health, 2008.
- [10] : C. Fuhrman, N. Roche, A. Vergnenegre, C. Chouaid, M. Zureik, and C. Delmas, "Bronchite chronique : prévalence et impact sur la vie quotidienne – Analyse des données de l'enquête santé Insee 2002-2003," *Institut de veille sanitaire, Saint-Maurice*, février 2008.
- [11] : Visible Body, *Système respiratoire*. [En ligne]. Disponible sur : [visiblebody.com](http://visiblebody.com).
- [12] : G. Bonnaud, "L'emphysème pulmonaire," *Pneumocourlancy*, Polyclinique de Courlancy, Reims, sept. 2009.
- [13] : B. M. Smith, J. H. M. Austin, J. D. Newell, B. M. D'Souza, A. Rozenshtein, E. A. Hoffman, F. Ahmed, et R. G. Barr, "Pulmonary Emphysema Subtypes on Computed Tomography in Smokers," *The American Journal of Medicine*, vol. 127, no. 1, pp. 94.e7–94.e23, janv. 2014.
- [14] : G. Devereux, "ABC of chronic obstructive pulmonary disease: Definition, epidemiology, and risk factors," *BMJ*, vol. 332, no. 7550, pp. 1142–1144, 13 mai 2006. Disponible sur : [pubmed.ncbi.nlm.nih.gov](http://pubmed.ncbi.nlm.nih.gov).
- [15] : B. Planquette, *Médecine KB : Pneumologie*, 3<sup>e</sup> éd., Paris : Vernazobres-Gregio, 2014.
- [16] : K. Atsou, I. Annesi-Maesano, et C. Chouaid, "BPCO : définition, prévalence, étiologie et évaluation médico-économique," *Journal Franco-Vietnamien de Pneumologie*, vol. 3, no. 8, pp. 12–26, 2012.
- [17] : C. Préfaut, "Physiopathologie de la bronchopneumopathie chronique obstructive – BPCO," *Journal Franco-Vietnamien de Pneumologie*, vol. 4, no. 13, pp. 6–13, 2013.

- [18] : T. Similowski, J.-F. Muir, et J.-P. Derenne, *La bronchopneumopathie chronique obstructive*, Paris : John Libbey Eurotext, 2004.
- [19] : "Maladies respiratoires : prévention et prise en charge," *Agence Régionale de Santé Auvergne-Rhône-Alpes*, 2021.
- [20] : "Asthme – symptômes, causes, traitements et prévention," VIDAL. [En ligne]. Disponible sur : <https://www.vidal.fr/maladies/appareil-respiratoire/asthme.html>.
- [21] : D. L. Quenum, *L'asthme : l'essentiel et les bons réflexes pendant la crise*, MonMedMag. [En ligne]. Disponible sur : <https://monmedenligne.com/Blog/sante/lasthme-lessentiel-et-les-bons-reflexespendant-la-crise/>.
- [22] : S. Safiri, K. Carson-Chahhoud, N. Karamzad, M. J. M. Sullman, S. A. Nejadghaderi, A. Taghizadieh, *et al.*, "Prevalence, deaths, and disability-adjusted life-years due to asthma and its attributable risk factors in 204 countries and territories, 1990–2019: A systematic analysis for the Global Burden of Disease Study 2019," *The Lancet Respiratory Medicine*, vol. 10, no. 5, pp. 407–418, 2022.
- [23] : S. Momtazmanesh, S. S. Moghaddam, S. H. Ghamari, E. M. Rad, N. Rezaei, P. Shobeiri, *et al.*, "Global burden of chronic respiratory diseases and risk factors, 1990–2019: An update from the Global Burden of Disease Study 2019," *eClinicalMedicine*, vol. 45, 101313, 2022.
- [24] : M. Masoli, D. Fabian, S. Holt, R. Beasley, and the GINA Dissemination Committee, "The global burden of asthma: Executive summary of the GINA Dissemination Committee Report," *Allergy*, vol. 59, no. 5, pp. 469–478, 2004.
- [25] : S. C. Dharmage, J. L. Perret, and A. Custovic, "Epidemiology of asthma in children and adults," *Frontiers in Pediatrics*, vol. 7, article 246, 2019.
- [26] : G. Dutau, « Asthma in infants and young children: definitions and epidemiology », *Arch Pediatr*. vol. 9, suppl. 3, pp. 402s–407s, 2002.
- [27] : K. E. Van Wonderen, L. B. Van Der Mark, J. Mohrs, P. J. E. Bindels, W. M. C. Van Aalderen, et G. Ter Riet, « Different definitions in childhood asthma: how dependable is the dependent variable? », *Eur Respir J*.
- [28] : M. E. Kuruvilla, K. Vanijcharoenkarn, J. A. Shih, et F. E. H. Lee, « Epidemiology and risk factors for asthma », *Respiratory Medicine*, vol. 149, pp. 16–22, 1 mars 2019.
- [29] : M. F. Moffatt, I. G. Gut, F. Demenais, D. P. Strachan, E. Bouzigon, S. Heath, et al., « A Large-Scale, Consortium-Based Genomewide Association Study of Asthma », *New England Journal of Medicine*, vol. 363, no 13, pp. 1211–1221, 23 sept. 2010.
- [30] : E. Toskala et D. W. Kennedy, « Asthma risk factors », *International Forum of Allergy & Rhinology*, vol. 5, Suppl 1, p. S11, sept. 2015.
- [31] : M. A. Stubbs, V. L. Clark, P. G. Gibson, J. Yorke, et V. M. McDonald, « Associations of symptoms of anxiety and depression with health-status, asthma control, dyspnoea, dysfunction breathing and obesity in people with severe asthma », *Respiratory Research*, vol. 23, no 1, p. 341, 12 déc. 2022.

## Références bibliographiques

- [32] : S. Temam, *Déterminants sociaux et asthme : approche épidémiologique* [phdthesis], Université Paris-Saclay, 2017. [En ligne]. Disponible sur : <https://theses.hal.science/tel-01821462> (consulté le 3 sept. 2023).
- [33] : L. Guillemainault, « Asthme et obésité de l'adulte », *Médecine des Maladies Métaboliques*, vol. 16, no 1, pp. 89–97, 1 févr. 2022.
- [34] : A. Bédard, Z. Li, W. Ait-hadad, C. A. Camargo, B. Leynaert, C. Pison, et al., « The Role of Nutritional Factors in Asthma: Challenges and Opportunities for Epidemiological Research », *Int J Environ Res Public Health*, vol. 18, no 6, p. 3013, 15 mars 2021.
- [36] : H. Jabri, N. Lakhdar, W. El Khattabi, et H. Afif, « Les moyens diagnostiques de la tuberculose », *Revue de pneumologie clinique*, vol. 72, no 5, pp. 320–325, 2016.
- [37] : Larousse-France, « Bacille de Koch », 2021. [En ligne]. Disponible sur : [https://www.larousse.fr/encyclopedie/images/Bacille\\_de\\_Koch/1012395](https://www.larousse.fr/encyclopedie/images/Bacille_de_Koch/1012395).
- [38] : J. Prignot, *Pathologie interne, maladies de l'appareil respiratoire*, Louvain : Fonteyn Medical Books, 1970.
- [39] World Health Organisation, *Global Tuberculosis Report 2020*, p. 208.
- [40] : C. Leblanc, *Rôle de la 4'-phosphopantéthéinyl transférase PptT dans la multiplication et la persistance de Mycobacterium tuberculosis et mise en place d'un test d'activité enzymatique pour la recherche de nouveaux antituberculeux*, Université de Toulouse, Université Toulouse III-Paul Sabatier, 2012.
- [41] : A. T. Daix et al., « Effets de la guerre sur le contrôle de la tuberculose en Côte d'Ivoire de 2002 à 2007 », *Rev Pneumol Clin*, 2013.
- [42] : A. Tanné, *Etude du rôle des homologues de DC-SIGN dans le modèle murin d'infection par Mycobacterium tuberculosis*, thèse de doctorat, Université de Toulouse III-Paul Sabatier, 2009, p. 14.08.
- [43] : E. W. P. Yone et al., « Impact de l'infection à VIH sur l'évolution de la tuberculose de l'adulte à Yaoundé, Cameroun », *Rev Pneumol Clin*, 2012.
- [44] : N. Valin et al., « Tuberculosis in France in 2010: epidemiology, clinical presentation and microbiology », *Rev Mal Respir*, 2012.
- [45] : L. M. Almeida et al., « Use of purified protein derivative to assess the risk of infection in children in close contact with adults with tuberculosis in a population with high Calmette-Guerin bacillus coverage », *Pediatr Infect Dis J*, 2001.
- [46] : M. Murray et al., « Molecular epidemiology of tuberculosis: achievements and challenges to current knowledge », *Bull World Health Organ*, 2002.
- [48] : H. Botella, *Étude du zinc et des ATPases de type P dans l'interaction entre Mycobacterium tuberculosis et les cellules hôtes*, thèse de doctorat, Université de Toulouse, 2011, p. 03.
- [49] : F. Z. Boukhalfa, *Deep learning approche pour identifier/détection COVID-19 basse (images X-ray)*, mémoire de Master, Université Larbi Tebessi, Tébessa, Algérie, 2021.

## Références bibliographiques

- [50] : « C'est quoi un coronavirus : origine, nom, mutation, symptômes », *Journal des Femmes Santé*. [En ligne]. Disponible sur : <https://sante.journaldesfemmes.fr/fiches-maladies/2607859-definition-signification-famillecoronavirus-origine-nom-virus-symptome-incubation-traitement-transmission/> (consulté le 7 juin 2022).
- [51] : R. Lu et al., « Genomic characterisation and epidemiology of 2019 novel coronavirus: implications for virus origins and receptor binding », *Lancet*, vol. 395, no 10224, pp. 565–574, févr. 2020, doi: 10.1016/S0140-6736(20)30251-8.
- [52] : « COVID-19 Map - Johns Hopkins Coronavirus Resource Center ». [En ligne]. Disponible sur : <https://coronavirus.jhu.edu/map.html> (consulté le 22 avr. 2022).
- [53] : « Cancer secondaire », *Doctissimo*. [En ligne]. Disponible sur : [https://www.doctissimo.fr/html/sante/encyclopedie/sa\\_1569\\_cancer\\_second.htm](https://www.doctissimo.fr/html/sante/encyclopedie/sa_1569_cancer_second.htm).
- [54] : Société canadienne du cancer, « Cancer du poumon », [En ligne]. Disponible sur : <https://www.cancer.ca/fr-ca/cancer-information/cancer-type/lung/lung-cancer/cancerous-tumours/?region=on>.
- [55] : H. Batatia et Z. Ouksili, *Compensation du mouvement respiratoire dans les images TEP/TDM thoraciques, thèse de doctorat, Université de Toulouse, INPT, 2010*.
- [56] : J. Ferlay, M. Colombet, I. Soerjomataram, D. M. Parkin, M. Piñeros, A. Znaor, et al., « Cancer statistics for the year 2020: An overview », *International Journal of Cancer*, vol. 149, no 4, pp. 778–789, 25 mars 2021.
- [57] : Globocan, « Algeria. Globocan 2020 » [Internet]. Disponible sur : <https://gco.iarc.fr/today/data/factsheets/populations/12-algeria-fact-sheets.pdf>.
- [58] : Collège Français des Pathologistes (CoPath), « Généralités sur les tumeurs », 2012. [En ligne]. Disponible sur : [http://campus.cerimes.fr/anatomie-pathologique/enseignement/anapath\\_7/site/html/cours.pdf](http://campus.cerimes.fr/anatomie-pathologique/enseignement/anapath_7/site/html/cours.pdf).
- [59] : L. M. Montuenga et J. L. Mulshine, « New molecular strategies for early lung cancer detection », *Cancer Investigation*, vol. 18, no 6, pp. 555–563, 2000.
- [60] : J. Cardenas, Institut National Du Cancer, « Cancer traitement », Doctissimo, 2018. [En ligne]. Disponible sur : [https://www.doctissimo.fr/html/sante/principalespatho/sa\\_121\\_cancer\\_trait.htm](https://www.doctissimo.fr/html/sante/principalespatho/sa_121_cancer_trait.htm).
- [61] The College of Family Physicians of Canada, « Cours accéléré sur le cancer du poumon ». [En ligne]. (lien non précisé)
- [62] : H. Sung, J. Ferlay, R. L. Siegel, M. Laversanne, I. Soerjomataram, A. Jemal, et F. Bray, « Global cancer statistics 2020: GLOBOCAN estimates of incidence and mortality worldwide for 36 cancers in 185 countries », *CA: A Cancer Journal for Clinicians*, vol. 71, no 3, pp. 209–249, 2021.
- [64] : Benutzer Lange123, « Konventionelles Röntgenbild des Thorax (der Lunge) mit rundlicher Verdichtung in der linken Lunge », Wikimedia Commons, 11 nov. 2004.
- [65] : World Health Organization, « Coronavirus pandemic », 13 avr. 2021.
- [66] : A. Mahsouli, M. Grillo, N. Amini, S. Acid, E. Coche, et B. Ghaye, « Imagerie thoracique du COVID-19 », *Louvain Médical*, vol. 139, no 05-06, pp. 360–367, 2020.

## Références bibliographiques

- [67] : P. M. George, A. U. Wells, et R. G. Jenkins, « Pulmonary fibrosis and COVID-19: the potential role for antifibrotic therapy », *The Lancet Respiratory Medicine*, 2020.
- [68] : D. J. Jackson, W. W. Busse, L. B. Bacharier, et al., « Association of respiratory allergy, asthma, and expression of the SARS-CoV-2 receptor ACE2 », *Journal of Allergy and Clinical Immunology*, 2020.
- [69] : P.-Y. Bondiau, *Thèse de doctorat en informatique*, préparée à l'INRIA Sophia Antipolis (équipe Epidaure) dirigée par Nicholas Ayache, Université de Nice.
- [70] : A. B. M. Réda, *Reconstruction tomographique sur échantillonné par interpolation spectrale : application au scanner de basse résolution angulaire*, thèse de doctorat, Département de génie physique, Université USTO-MB, Oran, 2015.
- [71] : F. Adrey et Favre, *Les corps Humains – Incroyable RX*, PAUL.Bech, 25 oct. 2012.
- [72] : G. S. Sawhney, *Fundamentals of Biomedical Engineering*, New Age International, 2007.
- [73] : H. Amara, « Développement d'un système d'aide au diagnostic pour la détection et classification du cancer du poumon », mémoire de master, Université Aboubakr Belkaïd – Tlemcen, Département de Génie Biomédical, 2023.
- [74] : Lycée Desfontaines, *Le scanner* [PDF]. Disponible sur : [http://lycee-desfontaines.eu/sciences/IMG/pdf/scanner\\_a2.pdf](http://lycee-desfontaines.eu/sciences/IMG/pdf/scanner_a2.pdf) (consulté en 2024).
- [75] : World Health Organization (WHO), *Global Tuberculosis Report 2024*.
- [76] : S. D. Lawn et A. I. Zumla, « Tuberculosis », *The Lancet*, vol. 378, no 9785, pp. 57–72, 2011.
- [77] : B. Haouzi, « Extraction de réseaux linéiques à partir des images à haute résolution », mémoire de magister en Télécommunications et Informatique Spatiales, 2012.
- [78] : C. Houassine, « Segmentation d'images par une approche biomimétique hybride », mémoire, Université M'Hamed Bougara – Boumerdes, 2012.
- [80] : A. Capri, *Caractérisation des objets dans une image en vue d'une aide à l'interprétation et d'une compression adaptée au contenu : application aux images échographiques*, thèse de doctorat, Université d'Orléans, Faculté des Sciences et Technologies Industrielles, 2007.
- [81] : H. Samet, « Region representation: quadtree from binary arrays », *Computer Graphics and Image Processing*, vol. 13, no 2, pp. 129–147, 1980.
- [82] : J.-C. Atine, *Méthodes d'apprentissage flou : application à la segmentation d'images biologiques*, thèse de doctorat, Institut National des Sciences Appliquées de Toulouse, 2005.
- [83] : O. Assas, « Classification floue des images », thèse de doctorat en sciences, Université de Batna, 2013.
- [84] : Docteur Imago, « Une IA de Google trie les radios thoraciques pour améliorer le flux de travail » [Photographie], 28 avr. 2025.
- [85] : R. C. Gonzalez et R. E. Woods, *Digital Image Processing*, 3e éd., Prentice Hall, 2008.
- [86] : J. Kittler et J. Illingworth, « Minimum error thresholding », *Pattern Recognition*, vol. 18, no 3, pp. 273–280, 1985.

## Références bibliographiques

- [87] : R. P. W. Duin et D. M. J. Tax, « Experiments with the Fisher linear discriminant », *Pattern Recognition Letters*, vol. 21, no 3, pp. 1–6, 2000.
- [88] : L. Guillaume, « Segmentation d'objets : approches par analyse de forme et apprentissage probabiliste », mémoire de master, Université du Québec en Outaouais, 2012.
- [89] : I. Abdiche et Y. Neghli, « Extraction de la région d'intérêt à partir d'images par les techniques de segmentation », mémoire de fin d'études, Université Ibn Khaldoun, Tiaret, 2021.
- [90] : R. C. Gonzalez et R. E. Woods, *Digital Image Processing*, 4e éd., Pearson, 2018.
- [91] : A. Téméau et N. Borel, « Region growing algorithms for color image segmentation », *Pattern Recognition Letters*, 2001.
- [92] : « Sérialisation du k-means pour la segmentation des images en couleur: Application aux images de documents et autres », *Albert Einstein*, [année manquante].
- [93] : O. Assas, « Classification floue des images », thèse de doctorat en sciences, Université de Batna.
- [94] : F. Z. Boukhalfa, « Deep learning approche pour identifier/détection COVID-19 basse (images X-ray) », mémoire de master en informatique, option Système et multimédia, Université Larbi Tébessi-Tébessa, 2021.
- [95] : A. Tabti et Y. Aiboud, « Segmentation des structures cérébrales en IRM par la méthode de Chan-Vese », mémoire de master, Université de Mouloud Mammeri Tizi-Ouzou, 2014.
- [96] : A. Tabti et Y. Aiboud, « Segmentation des structures cérébrales en IRM par la méthode de Chan-Vese », mémoire de fin d'études, Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou, 28 sept. 2014.
- [97] : M. D. Zeiler et R. Fergus, « Visualizing and Understanding Convolutional Networks », in *Computer Vision – ECCV 2014*, Springer, Cham, 2014, pp. 818–833.
- [98] : T. Güngör, "Image Segmentation – Region Growing Algorithm," *Taner Güngör's Blog*, Oct. 9, 2015. [Online]. Disponible sur : <https://tanergungor.blogspot.com/2015/10/image-segmentation-region-growing.html>
- [99] : [LIDC-IDRI], disponible sur : [https://www.kaggle.com/].
- [100] : M. Lounis et M. Menhouk, « Étude d'un scanner médical », mémoire de fin d'études, Master Académique, Université de Mouloud Mammeri Tizi-Ouzou, 2018.
- [101] : Vidal, « Scanner (tomodensitométrie) », [en ligne]. Disponible sur : <https://www.vidal.fr/sante/examens-tests-analyses-medicales/scanner.tomodensitometrie.html>.
- [102] : K. Hassani et F. Z. Boulassel, « Détection automatique des nodules pulmonaires dans les images scanner », mémoire de projet de fin d'étude, Université Abou Bakr Belkaïd de Tlemcen, 2015.
- [103] : J. Long, E. Shelhamer, et T. Darrell, « Fully Convolutional Networks for Semantic Segmentation », in *Proc. IEEE Conf. on Computer Vision and Pattern Recognition (CVPR)*, 2015, pp. 3431–3440.

## **Références bibliographiques**

[104] : O. Ronneberger, P. Fischer, et T. Brox, « U-Net: Convolutional Networks for Biomedical Image Segmentation », in *Int. Conf. on Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, 2015, pp. 234–241.

[105] : T. Baakek, « Segmentation et classification intelligente des images cérébrales (identification des tumeurs) », thèse de doctorat, Faculté de Technologie, Université Aboubekr Belkaid Tlemcen, Département de Génie Biomédical, soutenue le 25 juin 2015.