



HAL
open science

Modélisation et exploration de graphes d'IRMs cérébrales sans a priori anatomiques

Antoine Bourlier, Mohamed Slimane, Jean-Yves Ramel, Elodie Chaillou

► **To cite this version:**

Antoine Bourlier, Mohamed Slimane, Jean-Yves Ramel, Elodie Chaillou. Modélisation et exploration de graphes d'IRMs cérébrales sans a priori anatomiques. 2025. <hal-05127135>

HAL Id: hal-05127135

<https://hal.science/hal-05127135v1>

Submitted on 8 Oct 2025

HAL is a multi-disciplinary open access archive for the deposit and dissemination of scientific research documents, whether they are published or not. The documents may come from teaching and research institutions in France or abroad, or from public or private research centers.

L'archive ouverte pluridisciplinaire **HAL**, est destinée au dépôt et à la diffusion de documents scientifiques de niveau recherche, publiés ou non, émanant des établissements d'enseignement et de recherche français ou étrangers, des laboratoires publics ou privés.



HAL Authorization

Modélisation et exploration de graphes d'IRMs cérébrales sans *a priori* anatomiques

ANTOINE BOURLIER^{1,2}, MOHAMED SLIMANE², JEAN-YVES RAMEL³, ELODIE CHAILLOU¹

¹, INRAE, CNRS, Université de Tours, UMR PRC. ², Université de Tours, LIFAT.

³, Université Savoie-Mont-Blanc, LISTIC

1. Introduction

Un des objectifs de l'exploration des IRMs (imagerie par résonance magnétique) cérébrales est d'extraire divers critères morphologiques et structuraux de l'ensemble ou d'une partie de l'encéphale. Pour se faire, plusieurs étapes automatisées de prétraitements permettent d'améliorer la qualité et l'interprétabilité des images. Ces étapes incluent notamment le débruitage, le recalage et la normalisation en intensité. Souvent ces prétraitements précèdent la segmentation et la labellisation des régions d'intérêt (ROIs). La segmentation, basée sur le contraste des intensités des voxels de l'image et sur des connaissances expertes, peut être réalisée manuellement (1) ou automatiquement (2). Lorsque la segmentation est manuelle, elle est extrêmement chronophage et très dépendante des opérateurs, même s'ils sont experts en neuroanatomie (3). Pour la segmentation automatique, il faut disposer d'atlas anatomiques digitaux tels qu'il en existe pour l'humain (4), le macaque (5), la souris (6) et quelques espèces non-conventionnelles comme l'ovine (7). Qu'elle soit manuelle ou automatique, cette étape est dirigée par des *a priori* anatomiques, taille, forme ou position des ROIs (structures anatomiques, tissus etc.), et exige donc de connaître l'anatomie cérébrale de l'espèce étudiée (1).

A partir d'IRMs cérébrales segmentées et labellisées, il est possible d'extraire différentes mesures pour caractériser les ROIs et les comparer entre elles (6,8). La modélisation sous forme de graphes associée à l'intelligence artificielle est une autre option pour analyser et explorer les images segmentées. Les graphes permettent de représenter l'organisation d'objets en

fonction des relations qui existent entre eux. Beaucoup utilisée pour représenter les réseaux sociaux, la modélisation sous forme de graphe est tout à fait adaptée à l'encéphale. En effet, il est aisé d'assimiler les différentes régions cérébrales à des nœuds et les connexions à des arêtes. Les nœuds et les arêtes qui composent le graphe sont caractérisés par des attributs. Pour un graphe d'encéphale, les attributs des nœuds peuvent être des volumes ou des intensités de signal, et les attributs des arêtes peuvent être des densités ou des longueurs de fibres blanches par exemple. Mais là encore, il est nécessaire de connaître l'anatomie des encéphales étudiés. Afin d'apporter un autre point de vue, nous proposons d'explorer les IRMs cérébrales sans *a priori* anatomiques lors des étapes de segmentation et de modélisation sous forme de graphes, avant de déployer des approches d'intelligence artificielle pour analyser et comparer les graphes. Notre volonté de s'affranchir des connaissances en neuroanatomie peut paraître surprenante. Néanmoins, celle-ci n'est pas si différente de celle prônée par les chercheurs utilisant des approches à base de réseaux de neurones convolutifs¹.

2. Algorithme de segmentation automatique sans *a priori* anatomiques

Pour s'affranchir de tous les prérequis neuroanatomiques, nous avons adapté un algorithme de segmentation automatique uniquement basée sur les informations contenues dans l'image telles que l'intensité de signal. Il existe de nombreux algorithmes de segmentation automatique avec des niveaux de complexité variables.

¹ Un réseau de neurones convolutif, ou Convolutional Neural Network (CNN) en anglais, est une architecture spécifique de réseaux de

neurones artificiels utilisée en apprentissage automatique sur des images.

Dans notre démarche, nous avons opté pour un algorithme naïf qui ne requiert pas d'autres paramètres qu'un critère d'homogénéité et de taille minimale d'une région : le « split and merge ». Cet algorithme fonctionne en deux phases distinctes : d'abord une division (« split ») du volume en cubes homogènes, puis une fusion (« merge ») pour regrouper certains cubes homogènes voisins. Lors du « split », l'algorithme découpe récursivement l'image en cubes de plus en plus petits jusqu'à obtenir une intensité homogène. Pour le « merge », l'algorithme fusionne les cubes adjacents dès lors que leur intensité de signal satisfait un second critère d'homogénéité. Pour cet algorithme, l'opérateur a donc 3 critères à définir : la taille minimale d'un cube, l'homogénéité pour le « split », et l'homogénéité entre deux cubes adjacents pour le « merge ». Le nombre final de régions obtenues dépend directement de ces trois paramètres de segmentation (Figure 1). Les paramètres qui imposent des régions plus homogènes (image de gauche de la Figure 1) produisent des régions segmentées plus petites, comme constaté au niveau du cervelet. L'ensemble des régions ainsi segmentées peut alors être utilisé pour modéliser l'encéphale sous forme de graphe.

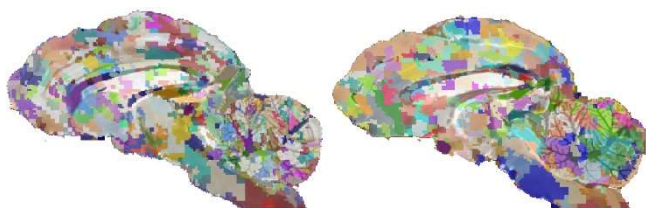


Figure 1 : Résultats de deux segmentations automatiques "split and merge" d'une IRM cérébrale de mouton (vue sagittale). À gauche : paramètres [homogénéité split : 10, homogénéité merge : 40, taille minimale d'un cube : 1] ; À droite, paramètres [homogénéité split : 10, homogénéité merge : 60, taille minimale d'un cube : 1].

3. Modélisation de l'organisation cérébrale sous forme de graphe

La modélisation de l'encéphale sous forme de graphe présente une forte flexibilité permettant d'explorer différentes représentations. Le choix de la construction des arêtes du graphe et de ses attributs (descripteurs) permet d'obtenir une diversité de représentations qui révèlent différents niveaux de relations entre les structures. De plus, la théorie des graphes et les techniques d'analyse de graphes peuvent être utilisées pour explorer et comparer des graphes entre eux. Des classes spécifiques d'encéphales, comme différents profils de pathologie (9), peuvent ainsi être identifiées. Par ailleurs, les approches d'intelligence artificielle

accroissent encore l'intérêt d'utiliser des graphes pour explorer l'organisation cérébrale.

Pour créer les graphes sans *a priori* anatomique, chaque région obtenue après la segmentation automatique « split and merge » génère un nœud du graphe (Figure 2).

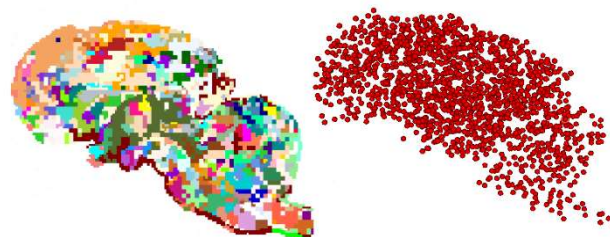


Figure 2 : Création des nœuds du graphe. Chaque région segmentée à l'issue de la segmentation « split and merge » (à gauche) représente un nœud du graphe (à droite).

Les arêtes² du graphe sont également indépendantes des relations anatomofonctionnelles connues entre les régions. Nous avons exploré plusieurs stratégies de création de graphes. Des graphes dans lesquels tous les nœuds sont reliés entre eux (graphe complet). Des graphes dans lesquels les nœuds sont reliés entre eux en fonction de leur similarité en termes d'intensité de signal, de quantité de surface de contact et/ou de la distance qui les sépare (Figure 3). A ce stade, selon les stratégies choisies pour construire les graphes, ils peuvent avoir un sens biologique. Le critère de seuil d'intensité peut rendre compte de l'organisation tissulaire, et celui de la distance entre deux nœuds peut rendre compte de la plasticité morphologique de l'encéphale. En fonction du seuil choisi pour la similarité d'intensité ou la distance entre les bords

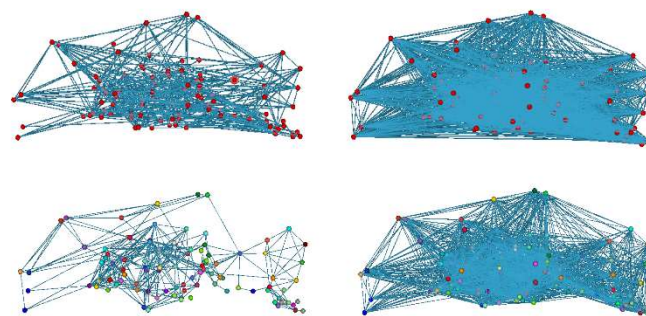


Figure 3 : Création des arêtes du graphe en fixant un seuil sur l'intensité (en haut) et sur la distance (en bas) à partir d'une image segmentée manuellement (pour une meilleure visibilité). Pour le seuil d'intensité, une arête est créée entre deux nœuds si la différence d'intensité entre les deux régions, qu'ils représentent, est inférieure à 1 (en haut à gauche) ou à 10 (en haut à droite). Pour le seuil de distance, une arête est créée entre deux nœuds si les régions, qu'ils représentent, se touchent (seuil de distance = 0mm, en bas à gauche) ou si la distance entre elles est inférieure à 50mm, en bas à droite).

² Le terme « arêtes » est utilisé lorsque les graphes sont dits non dirigés (les connexions se font dans les deux sens). Pour un graphe dirigé, le terme « arcs » sera privilégié.

externes de deux nœuds, les graphes obtenus sont très différents et peuvent mettre en évidence différentes facettes de l'encéphale.

Cette méthode ouvre un vaste panel de possibilités, et ce notamment grâce au choix des attributs à calculer et à stocker dans les nœuds et les arêtes des graphes générés. Pour les nœuds, la position calculée à partir de leur centre de gravité, le volume, la surface et la forme caractérisée par la sphéricité sont quelques possibilités. Les arêtes peuvent servir à stocker des informations de connexité et proximité entre régions. A ces attributs topologiques, peuvent être ajoutés des attributs d'intensité de signal et de descripteurs de texture. Enfin, il est encore possible d'enrichir le graphe en incluant des attributs issus de la théorie des graphes tels que le coefficient de clustering, la détection de communautés, la centralité³ etc. En créant des graphes contenant le maximum de descripteurs, l'exploration de l'organisation cérébrale à partir d'IRMs anatomiques gagne en flexibilité, et n'est pilotée que par les données et/ou par des mesures et non par l'état des connaissances actuelles des opérateurs.

L'analyse et la comparaison de ces graphes peuvent ensuite être réalisées par des réseaux neuronaux sur graphes (GNN), qui permettent d'exploiter la structure des graphes pour des tâches de classification ou de prédiction. Des auto-encodeurs variationnels sur graphes (VGAE) peuvent également être utilisés pour apprendre des représentations latentes et générer de nouvelles structures de graphes.

4. Classification et comparaison de graphes

Dans notre étude, nous avons choisi d'utiliser les GNN ou les VGAE pour comprendre l'impact du mode d'élevage sur le développement cérébral des ovins. En effet, il a été montré que l'allaitement artificiel altère la maturation cérébrale des agneaux (8) et nous cherchons à évaluer l'impact de stratégies d'enrichissement (maternage, prébiotiques, musique) pour contrecarrer ces effets délétères sur le développement cérébral. Dans leur ensemble, ces connaissances participent à une meilleure compréhension de l'adaptation des agneaux aux contraintes d'élevage et, par conséquent, à améliorer leur bien-être.

Pour produire et exploiter des GNN ou des VGAE, il convient de disposer d'un jeu de graphes dédié à l'apprentissage et d'un jeu de graphes dédié aux tests. Il

est alors possible de développer un GNN cherchant à résoudre une tâche de classification d'encéphales selon le mode d'élevage. Un VGAE permettra de générer des représentations vectorielles des graphes, représentatifs des encéphales, afin de pouvoir comparer indirectement leur structure.

4.1. Classification des graphes avec les GNN

Les GNN sont conçus de manière à identifier les relations complexes dispersées dans les nœuds et les arêtes des graphes. Ils peuvent détecter divers types de relations selon la stratégie choisie lors de la création des arêtes dans les graphes (cf. section 3). Pour cela, les GNN exploitent principalement 2 types de couches de réseaux de neurones dans les architectures : la couche de convolution et la couche de pooling. La couche de convolution a pour rôle de propager et d'agréger les informations contenues dans les nœuds du graphe. Cela permet à chaque nœud de mettre à jour sa représentation (appelé embedding) en combinant ses propres caractéristiques avec celles de ses voisins. L'intérêt est d'identifier les relations locales dans le graphe tout en respectant sa structure. La couche de pooling, quant à elle, permet de réduire la taille du graphe et de produire une représentation globale et résumée. Les GNN incluent généralement des couches « denses » chargées de produire un résultat de classification en synthétisant les embeddings produits par les autres couches du réseau de neurones artificiels. Par exemple, l'architecture GNN dédiée à la classification se compose de deux couches de convolution, deux couches de pooling et de couches « denses » constituant un « classifieur » (Figure 4). Il est courant d'alterner entre des couches de convolution et de pooling afin de produire progressivement des descripteurs de plus en plus complexes tout en s'assurant de rendre le modèle robuste aux variations.

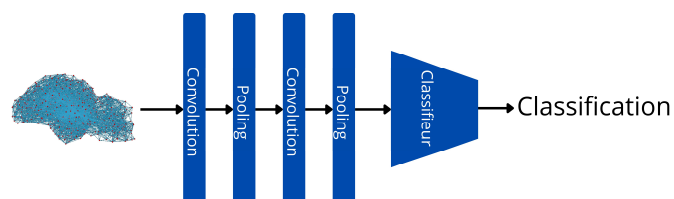


Figure 4 : Exemple d'architecture de GNN pour résoudre une tâche de classification. Le classifieur se compose de plusieurs couches « denses ».

En résumé, l'intérêt est de compresser des graphes de grande taille et de créer des représentations compactes. Dans une étude préliminaire, nous avons appliqué les GNN sur des graphes construits à partir d'images segmentées avec l'algorithme « split and merge », ce qui

³ Le coefficient de clustering mesure la probabilité que deux nœuds soient connectés sachant qu'ils ont un voisin en commun. La détection de communauté consiste à trouver des groupes de nœuds fortement

liés entre eux. La centralité capture la notion d'importance dans un graphe.

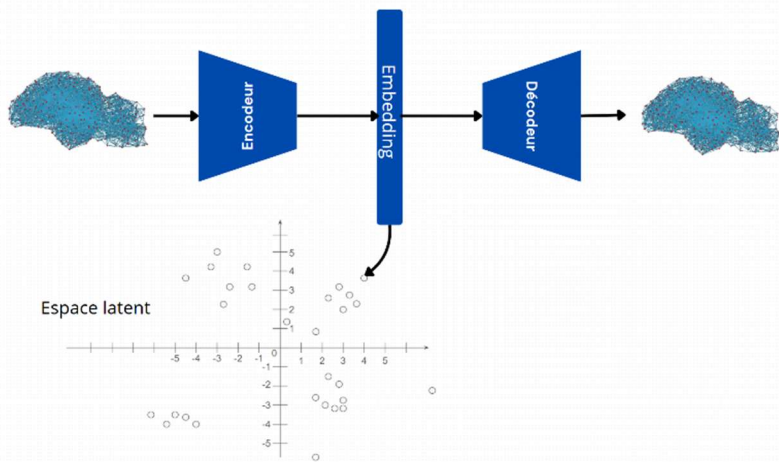


Figure 5 : Architecture simplifiée d'un VGAE (encodeur + décodeur). Celui-ci apprend à représenter un graphe en un vecteur latent. Chaque graphe peut donc être visualisé comme un point dans un espace (espace latent). Deux points proches dans cet espace représentent deux graphes qui se ressemblent.

a permis de résoudre une tâche de classification d'âge et de confirmer la pertinence de notre méthode (10).

4.2. Comparaison de graphes et/ou de nœuds avec les VGAE

Les VGAE sont utilisés pour créer des espaces de représentations vectoriels appelés espaces latents interprétables par des experts. L'objectif est de pouvoir transformer les graphes (ou les nœuds des graphes) en des points dans un espace euclidien de plus ou moins grande dimension pour faciliter leur comparaison. Par exemple, deux graphes similaires seront représentés par deux points proches dans l'espace. Les VGAE sont composés d'un encodeur et d'un décodeur (Figure 5). L'encodeur transforme le graphe en un vecteur. Le décodeur apprend ensuite à reconstruire le graphe initial à partir de cette représentation latente. Les VGAE permettent de compresser un graphe en un vecteur de dimension n tout en conservant l'information utile à la tâche, comme du clustering de graphes ou de nœuds (les graphes ou les nœuds sont regroupés par similarité).

5. Plateforme 3DBrainMiner

Pour créer et visualiser des graphes, nous avons développé la plateforme *3DBrainMiner*, disponible en accès libre (Figure 6, <https://scm.univ-tours.fr/projetspublics/lifat/3dbrainminer>).

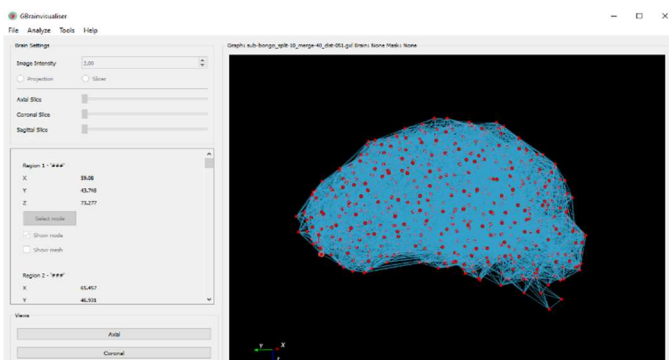


Figure 6 : Interface de la plateforme 3DBrainMiner avec un graphe d'encéphale de cerf-souris.

La plateforme 3DBrainMiner peut être utilisée avec tout type de résultats de segmentation manuelle ou automatique (obtenus avec split and merge ou d'autres algorithmes de segmentation). Cette segmentation, couplée à une IRM, permet de créer autant de graphes que nécessaires en utilisant un jeu de paramètres quasiment infinis. Les graphes peuvent être visualisés et sauvegardés dans divers formats (.gxl, .graphml, .pt) constituant des ensembles de données inédits pouvant être diffusés et exploités pour entraîner diverses architectures d'apprentissage profond sur graphes (GNN ou VGAE).

Comme nous l'avons vu précédemment, notre objectif est d'utiliser cette approche sans *a priori* pour identifier, si elles existent, des différences et des similarités entre les graphes d'encéphales d'agneaux élevés dans des conditions différentes, et ce de manière plus exhaustive (8). De plus, une telle approche nous semble pertinente pour comparer l'organisation cérébrale de différentes espèces animales et initier ainsi des approches comparatives sans *a priori*. En effet, si de plus en plus d'IRMs cérébrales d'espèces animales non conventionnelles sont disponibles (DigitalBrainBank <https://open.win.ox.ac.uk/DigitalBrainBank/#/>, braincatalogue.org), leur exploration reste limitée du fait du manque de connaissances anatomiques.

Comme exemple, nous avons appliqué notre méthode de segmentation « split & merge » sur des IRMs d'encéphale de bongo (*Tragelaphus eurycerus*) et de cerf-souris (*Tragulus javanicus*) et créé des modélisations sous forme de graphes (Figure 7). En appliquant des GNN et des VGAE sur ces graphes, nous espérons mettre en évidence des particularités d'organisation d'encéphale qui pourraient être examinées sous le pan des caractéristiques comportementales propres aux espèces (approche neuroéthologique). De telles relations cerveau-comportement ont déjà été observées à l'échelle de structures (substance grise périaqueducule (11)) ou de connexions cérébrales (caillies d'émotivités différentes (12)).

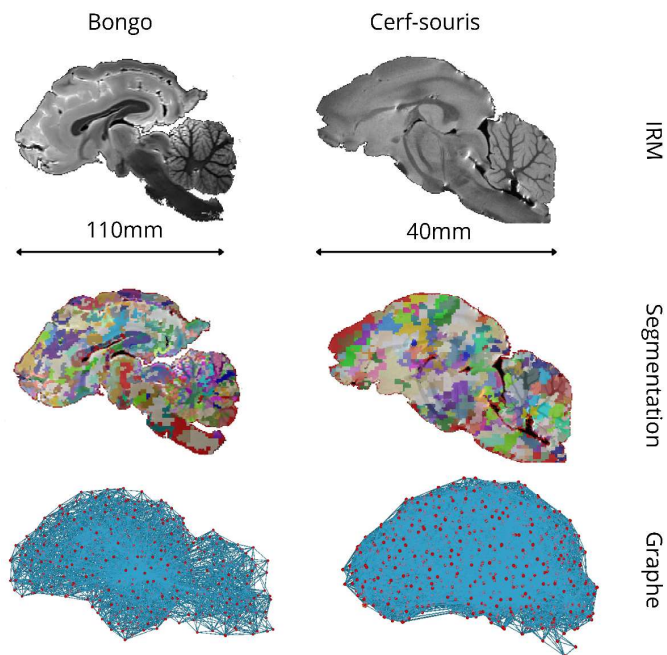


Figure 7 : Segmentation "split and merge" puis modélisation sous forme de graphes d'un encéphale de bongo et de cerf-souris. Les représentations sont produites avec les mêmes paramètres (homogénéité du split : 10, homogénéité du merge : 40, taille minimale des cubes : 1) et les graphes sont construits en connectant deux nœuds si les régions sont adjacentes.

6. Conclusions et perspectives.

L'exploration des IRMs cérébrales sans *a priori* anatomiques que nous proposons repose, au départ, uniquement sur les informations contenues dans l'image, permettant ainsi de s'affranchir de toute connaissance ou prérequis anatomiques. Dans cette démarche, nous avons développé une méthode pour segmenter automatiquement des images IRM, pour ensuite les modéliser sous forme de graphes. Nous développons ensuite des architectures de réseaux de neurones sur graphes pour analyser et comparer les graphes. Les avancées récentes faites sur les GNN offrent un large panel de possibilités d'analyses allant de la classification de graphes (encéphales) à la prédiction d'arêtes (relations) en passant par la détection de motifs (sous-graphes) particuliers. Quant à l'utilisation des VGAE, elle ouvre des opportunités d'interprétabilité sans nécessiter

de grosses cohortes annotées manuellement du fait qu'elle fonctionne de manière non supervisée. Cette approche pourrait également être utilisée dans le cas où l'anatomie de l'encéphale est connue. Il serait alors possible d'utiliser ces connaissances *a posteriori* pour nommer et/ou comprendre les zones d'intérêts de nos segmentations et graphes.

antoine.bourlier@inrae.fr

elodie.chailou@inrae.fr

jean-yves.ramel@univ-smb.fr

mohand.slimane@univ-tours.fr

Références

- (1) Darrault F. et al. (2025) *J Anat.* 246(5):819-828. doi: 10.1111/joa.14167.
- (2) Noorizadeh N. et al. (2024) *Sci Rep.* 14(1), 19114. <https://doi.org/10.1038/s41598-024-69995-z>
- (3) Collier D. C. et al. (2003) *J Appl Clin Med Phys.* 4(1), 17–24. <https://doi.org/10.1120/jacmp.v4i1.2538>
- (4) Shi L. et al. (2017) *Front Hum Neurosci.* 17;11:414. doi: 10.3389/fnhum.2017.00414.
- (5) Seidlitz J. et al. (2018), *NeuroImage*, 170, 121–131. <https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2017.04.063>.
- (6) Barrière D. A. et al. (2021) *NeuroImage*, 230, 117776. <https://doi.org/10.1016/j.neuroimage.2021.117776>
- (7) Ella A. et al. *J Comp Neurol.* (2017) 525(3):676-692. doi: 10.1002/cne.24079.
- (8) Love S. et al. (2022) *Dev Neurobiol.* 82(2), 214–232. <https://doi.org/10.1002/dneu.22869>
- (9) Fornito, A., Zalesky, A., & Breakspear, M. (2015) *Nat Rev Neurosci.* 16(3), 159–172. <https://doi.org/10.1038/nrn3901>
- (10) Bourlier A. et al. (2025). Comparison between CNN and GNN pipelines for analysing the brain in development. In *Proceedings of the 20th International Joint Conference on Computer Vision, Imaging and Computer Graphics Theory and Applications - Volume 3: VISAPP*, ISSN 2184-4321, pages 475-482.
- (11) Menant O. et al. (2018) *Brain Struct Funct.* 223(7), 3297–3316. <https://doi.org/10.1007/s00429-018-1689-y>
- (12) Yebga Hot R. et al. (2022) *Brain Struct Funct.* 227(5), 1577–1597. <https://doi.org/10.1007/s00429-022-02457-2>