



REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTERE DE L'ENSEIGNEMENT SUPERIEURE ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE

UNIVERSITE IBN KHALDOUN - TIARET

MEMOIRE

Présenté à :

FACULTÉ DES MATHÉMATIQUES ET DE L'INFORMATIQUE
DÉPARTEMENT D'INFORMATIQUE

Pour l'obtention du diplôme de :

MASTER

Spécialité : Génie Logiciel

Par :

M. MAHLOUL Ahmed
M. MECIEB Seifeddine

Sur le thème

Systeme d'aide au diagnostic du cancer du cerveau

Soutenu publiquement le 10/07/2023 à Tiaret devant le jury composé de :

Mr Zioual Tahar	MAA Université Ibn Khaldoun Tiaret	Président
Mr Merati Medjeded	MCA Université Ibn Khaldoun Tiaret	Encadrant
Mr Baghdadi Mohamed	MCB Université Ibn Khaldoun Tiaret	Co-encadrant
Mr Belarbi Mostefa	Prof Université Ibn Khaldoun Tiaret	Examineur

2022-2023

Dédicace

“

Je dédie ce modeste travail :

Chers parents, frères et amis,

En cette journée si spéciale de ma soutenance de fin d'études, je tenais à vous adresser ma profonde gratitude et mon amour sincère.

À mes parents,

je suis infiniment reconnaissant(e) pour votre soutien indéfectible, votre amour inconditionnel et vos encouragements constants tout au long de mon parcours académique. Votre dévouement et vos sacrifices ont été une source d'inspiration inégalée.

À mes frères,

votre soutien inconditionnel, vos mots d'encouragement et notre complicité ont été essentiels pour surmonter les moments de doute et de stress. Je suis reconnaissant(e) de vous avoir à mes côtés.

À mes amis,

votre amitié sincère, votre présence réconfortante et votre soutien inébranlable ont illuminé les moments les plus sombres. Vous avez été mes compagnons de route, mes sources d'inspiration et mes partenaires de rire.

Je suis reconnaissant(e) de vous avoir dans ma vie sans oublié mon binôme *Seifeddine*

Avec toute ma gratitude,

Ahmed

Dédicace

“

Je dédie ce modeste travail.

À ma chère mère

Quoi que je fasse ou je dise, je ne saurai point te remercier comme il se doit. Ton affection me couvre, ta bienveillance me guide et ta présence à mes côtés a toujours été ma source de force pour affronter les différents obstacles

À mon très cher père "Abdelkader"

Tu as toujours été à mes côtés pour me soutenir et m'encourager. Que ce travail traduise ma gratitude et mon affection

À mes très chers frères Abderrahim, Amine et Youcef. À ma princesse, ma très chère sœur Safia et à ma belle sœur et mes neveux.

À mes très chers amis qui m'ont toujours encouragé, et à qui je souhaite plus de succès. À ma famille, mes proches et à ceux qui me donnent de l'amour et de la vivacité. À ceux qui ont partagé avec moi tous les moments d'émotion lors de la réalisation de ce travail. Et à l'ensemble des étudiants de la promotion Master 2 de l'année 2022/2023 en Génie logiciel.

À tous ceux que j'aime

. Puisse Dieu vous donner santé, bonheur, courage et surtout réussite. tous ceux que j'aime. Puisse Dieu vous donner santé, bonheur, courage et surtout réussite. .

”

- Seifeddine

Remerciements

Tout d'abord, nous exprimons notre gratitude envers Allah, le Tout-Puissant et Miséricordieux, pour nous avoir accordé la force, le courage et la patience nécessaires pour mener à bien ce modeste travail.

Ensuite, nous souhaitons adresser nos sincères remerciements à notre Encadrant, **Mr « Merati Medjeded »**, et notre Co-encadrant **Mr « Baghdadi Mohamed »** pour leurs précieux conseils, leur aide inestimable tout au long de cette période de travail, ainsi que pour leur soutien et leurs orientations.

Nous exprimons notre profond respect envers les membres honorables du jury « **Zioual Tahar** » et « **Belarbi Mostefa** » qui ont accepté d'évaluer ce travail.

Nos remerciements vont également à nos parents et à nos proches pour leur amour et leur soutien constants tout au long de notre parcours. Nous sommes reconnaissants envers nos amis pour leurs encouragements.

Enfin, nous souhaitons exprimer notre gratitude envers toutes les personnes qui ont participé de près ou de loin à la réalisation de ce travail.

Résumé

La détection des tumeurs cérébrales à l'aide de l'apprentissage profond (deep learning) représente un domaine essentiel et prometteur. En exploitant les avancées de l'apprentissage profond, il est désormais possible d'améliorer considérablement le diagnostic précoce des tumeurs cérébrales en analysant avec précision les images médicales et en identifiant les altérations associées à la maladie. De plus, cette approche permet de classifier efficacement les différents types de tumeurs cérébrales, facilitant ainsi la prise de décisions cliniques appropriées en matière de diagnostic et de traitement. Grâce à l'apprentissage profond, il devient possible d'analyser les données des patients, de prédire la réponse aux traitements et d'anticiper les résultats potentiels. Cette capacité offre aux médecins la possibilité de prendre des décisions plus précises concernant les traitements, tout en améliorant la rapidité et la précision des processus de diagnostic et de classification. Par conséquent, l'utilisation de l'apprentissage profond dans la détection du cancer du cerveau permet de réduire les délais et les coûts associés à cette maladie. De plus, cette approche améliore la qualité des soins aux patients et contribue à améliorer les résultats thérapeutiques en adaptant les traitements de manière personnalisée pour chaque individu. Les avancées technologiques continues laissent présager de nouvelles améliorations et applications pratiques de l'apprentissage profond dans le domaine de la détection du cancer du cerveau.

Notre objectif principal dans notre travail était d'appliquer l'apprentissage profond à l'analyse d'images d'IRM médicales afin de classifier et détecter le cancer du cerveau. Pour cela, nous avons utilisé des réseaux de neurones convolutionnels (CNN), une méthode largement utilisée dans le domaine de l'apprentissage profond basé sur les réseaux neuronaux. Les CNN ont la capacité d'extraire automatiquement des caractéristiques de haut niveau à partir des données, nécessitant peu de prétraitement par rapport à d'autres algorithmes de classification et de détection d'images.

Dans notre travail, nous avons proposé une architecture personnalisée de CNN englobant plusieurs idées originales. Notre architecture utilise des branches parallèles, des opérations de contours et de régions, en plus du transfert learning. Notre modèle proposé a montré des résultats extrêmement prometteurs, ce qui permettra aux médecins de prendre des décisions de diagnostic plus précises en fournissant des solutions d'imagerie médicale d'une grande précision.

Mots clés : Tumeur cérébrale, apprentissage automatique, apprentissage profond, réseaux de neurones convolutifs, diagnostic assisté par ordinateur.

Abstract

Brain tumor detection using deep learning is a crucial and promising field. By harnessing the advancements in deep learning, it is now possible to significantly improve early diagnosis of brain tumors by accurately analyzing medical images and identifying disease-related alterations. Moreover, this approach enables efficient classification of different types of brain tumors, facilitating appropriate clinical decision-making regarding diagnosis and treatment. With deep learning, it becomes possible to analyze patient data, predict treatment response, and anticipate potential outcomes, providing physicians with the ability to make more precise treatment decisions while enhancing the speed and accuracy of diagnostic and classification processes. Consequently, the use of deep learning in brain cancer detection helps reduce delays and costs associated with the disease. Furthermore, this approach enhances the quality of patient care and contributes to improving therapeutic outcomes by tailoring treatments on a personalized basis for each individual. Continuous technological advancements hold the promise of further improvements and practical applications of deep learning in the field of brain cancer detection.

Our main objective in this study was to apply deep learning to the analysis of medical MRI images for brain cancer classification and detection. To achieve this, we utilized convolutional neural networks (CNN), a widely used method in deep learning based on neural networks. CNNs have the ability to automatically extract high-level features from data, requiring minimal preprocessing compared to other algorithms for image classification and detection.

In our work, we proposed a customized CNN architecture incorporating several original ideas. Our architecture employs parallel branches, contour and region operations, in addition to transfer learning. Our proposed model demonstrated extremely promising results, enabling physicians to make more accurate diagnostic decisions by providing high-precision medical imaging solutions.

Keywords: Brain tumor, machine learning, deep learning, convolutional neural networks, computer-aided diagnosis.

Table des matières

Dédicace.....	I
Dédicace.....	II
Remerciements	III
Résumé	IV
Abstract.....	V
Introduction générale.....	1
1 Imagerie par Résonance magnétique Cérébrale	3
1.1 Introduction	3
1.2 Notions élémentaires d'anatomie cérébrale	4
1.2.1 Cerveau humain.....	4
1.2.2 Structure du cerveau.....	4
1.3 L'encéphale.....	5
1.3.1 Structure de l'encéphale.....	5
1.3.2 Substances principales	5
1.3.3 Structures cérébrales d'intérêt	6
1.4 Observation du cerveau avec l'imagerie médicale	7
1.5 L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM).....	9
1.5.1 Structures cérébrales d'intérêts	10
1.5.2 Particularité des images IRM.....	11
1.5.3 Les Artefacts courants d'IRM.....	13
1.5.4 Types Des Artefacts En IRM	14
1.6 Tumeurs cérébrales en IRM.....	15
1.6.1 Tumeurs de l'hypophyse (Pituitary).....	16
1.6.2 Méningiomes (Meningioma)	16
1.6.3 Gliomes	16
1.7 Conclusion	16
2 Apprentissage profond « Deep Learning »	18
2.1 Introduction	18
2.2 Histoire du Deep learning	18
2.3 Apprentissage automatique (Machine learning).....	19
2.3.1 Définition	19

2.3.2	Types de machine learning :	20
2.4	l'apprentissage profond	21
2.4.1	Comment fonctionne	21
2.5	Domaine d'application de l'apprentissage	22
2.6	Architectures de réseaux de neurones profonds	23
2.6.1	Réseau de neurones récurrent (RNN, recurrent neural network)	23
2.6.2	Les réseaux de neurones convolutifs (CNN)	24
2.7	Les couches de CNN	25
2.7.1	La couche de convolution	25
2.7.2	La couche de pooling	26
2.7.3	La couche de correction ReLU	27
2.7.4	La couche fully-connected	27
2.7.5	Couche Flatten	28
2.8	Les Architecteurs de cnn :	28
2.8.1	AlexNet :	28
2.8.2	VGG-16 :	30
2.8.3	GoogLeNet :	30
2.8.4	ResNet	30
2.9	Transfer learning avec deep learning	31
2.10	Conclusion	32
3	Etat de l'art sur la détection des tumeurs cérébrales	33
3.1	Introduction	33
3.2	Travaux connexes	33
3.2.1	Travail de Khan et al	33
3.2.2	Travail de Chattopadhyay et Maitra	35
3.2.3	Travail de Saeedi et al	36
3.2.4	Travail de Tiwari et al.	38
3.2.5	Travail de Mahmud et al.	39
3.2.6	Travail de Siddique et al.	39
3.2.7	Travail de Alsubai et al.	40
3.2.8	Travail de Hossain et al.	41
3.2.9	Travail de Ranjbarzadeh et al.	41
3.2.10	synthèse des travaux	43
3.3	Conclusion	43
4	Expériences et résultats	44
4.1	Introduction	44
4.2	Bases d'images utilisées	44
4.3	Métriques d'évaluation	46
4.4	Division de la base d'images	46
4.5	Augmentation des données	47
4.6	Logiciels et bibliothèques utilisés	48
4.6.1	Python	48
4.6.2	Bibliothèques Python	48
4.7	Architectures des modèles proposés	50

Table des matières

4.7.1	Modèle 1 (le modèle de base).....	50
4.7.2	Modèle 2	51
4.7.3	Modèle 3	52
4.7.4	Modèle 4 (Amélioration du modèle 1 en ajoutant le transfer learning)	53
4.8	Tests et résultats des différents modèles	54
4.8.1	Modèle 1.....	54
4.8.2	Modèle 2	56
4.8.3	Modèle 3	57
4.8.4	Modèle 4	57
4.8.5	Modèle 4 pour la classification en 3 classes	59
4.9	Interface de notre application.....	60
4.10	Conclusion	61
	Conclusion	61
	Bibliographie	64

Table des figures

1.1	Le cerveau et les organes qui l'entourent -	6
1.2	Vue coronale du cerveau et localisation des principaux noyaux gris.....	6
1.3	Principe d'acquisition des volumes IRM	11
1.4	Différents types d'acquisition en IRM.....	13
1.5	Coupes du cerveau sur des volumes IRM pondérés en T1 (à gauche) et T2 (à droite).	14
1.6	Artefacts dû au mouvement de la tête sur une IRM. La flèche montre la position de ce type d'artefacts.....	15
2.1	Réseau de neurones multicouche.....	21
2.2	Exemple de fonctionnement du Deep Learning.....	22
2.3	Architecture d'un réseau RNN simple.	24
2.4	Représentation d'un réseau de neurones convolutif.....	25
2.5	Exemple de produit de convolution.....	25
2.6	Exemple de pooling (Max pooling et Average pooling).....	26
2.7	Représentation de la fonction ReLU.	27
2.8	Opération de Flattering.	28
2.9	Architecture d'AlexNet.	29
2.10	Architecture de VGG-16.	30
2.11	Différence entre le transfer learning et l'apprentissage machine.	31
3.1	Stratégie proposée pour la détection des tumeurs cérébrales [13].	34
3.2	Méthodologie proposée pour la détection des tumeurs à l'aide d'un CNN à 9 couches [14]	36
3.3	Les différentes étapes de la méthodologie proposée dans [15].....	37
3.4	Architecture du modèle CNN proposé dans [17].	39
3.5	Architecture du modèle CNN proposé dans [18].	40
3.6	Architecture du modèle hybride CNN-LSTM proposé dans [19].	41
3.7	Architecture du modèle CNN à 5 couches utilisé dans [20].A	42
3.8	Structure en cascade utilisée dans [21].	42
4.1	Exemples d'images IRM de la première base de la classe « Yes »	45
4.2	Exemples d'images IRM de la première base de la classe « No »	45
4.3	Exemples d'images IRM de la deuxième base.....	45
4.4	Division de la base d'images.....	47
4.5	Division de la base d'images.....	47
4.6	Différents types de techniques d'augmentation utilisées.....	48
4.7	Architecture du modèle 1.	51

4.8	Architecture du modèle 2.	52
4.9	Architecture du modèle 3.	53
4.10	Architecture du modèle 4.	54
4.11	Entraînement du modèle 01.	55
4.12	Précision et Perte du modèle 01.	55
4.13	Entraînement du modèle 02.	56
4.14	Précision et Perte du modèle 02.	56
4.15	Entraînement du modèle 03.	57
4.16	Précision et Perte du modèle 03.	57
4.17	Entraînement du modèle 04.	58
4.18	Précision et Perte du modèle 04.	58
4.19	Résultats finaux du modèle 04.	59
4.20	Entraînement du modèle 04 pour une classification en 3 classes.	59
4.21	Précision et Perte du modèle 04 pour une classification en 3 classes.	60
4.22	Résultats finaux du modèle 04 pour une classification en 3 classes.	60
4.23	Interface de notre logiciel de détection des tumeurs cérébrales.	61

Liste des tableaux

1.1	Valeurs des temps de relaxation longitudinale (T1) et transverse (T2) pour quelques tissus pour un champ magnétique de 1,5 Tesla	12
3.1	Description du modèle CNN proposé dans [16].	38
3.2	Comparaisons entre les différentes études	43

Introduction générale

Les tumeurs cérébrales sont des problèmes de santé majeure, avec un taux de mortalité élevée et un impact important sur la qualité de vie des patients. La détection précoce et précise des tumeurs cérébrales joue un rôle crucial dans la fourniture d'interventions thérapeutiques opportunes et efficaces. Au fil des ans, les techniques d'imagerie médicale, en particulier l'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM), se sont révélées des outils précieux pour la visualisation et le diagnostic des tumeurs cérébrales. Cependant, l'interprétation manuelle des images IRM est une tâche laborieuse et chronophage pour les radiologues, sujette aux erreurs humaines et à la subjectivité. Pour surmonter ces défis et améliorer l'efficacité et la précision de la détection des tumeurs cérébrales, des méthodes automatisées basées sur les techniques d'apprentissage automatique ont suscité un intérêt considérable. Parmi ces techniques, les Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN) se sont révélés être des modèles puissants pour analyser des motifs complexes et extraire des caractéristiques significatives à partir d'images médicales. Les CNN ont connu un succès remarquable dans diverses tâches de vision par ordinateur et ont été largement adoptés dans l'analyse d'images médicales, y compris la détection des tumeurs cérébrales.

L'objectif principal de notre travail est de développer une méthode automatisée pour la détection des tumeurs cérébrales sur les images IRM en utilisant les CNN. Cette approche vise à exploiter les capacités des réseaux de neurones convolutifs pour apprendre à reconnaître et à distinguer les caractéristiques spécifiques des tumeurs cérébrales à partir des images IRM. En fournissant une détection automatique et précise des tumeurs cérébrales, cette méthode pourrait aider les radiologues et les cliniciens à prendre des décisions éclairées et à fournir des traitements adaptés aux patients. Dans notre travail, nous introduisons une architecture personnalisée des CNN en exploitant la méthode du Transfer Learning.

Cette approche consiste à transférer les connaissances préalablement acquises par des réseaux pré-entraînés vers notre modèle, afin de traiter et de classifier efficacement les images d'IRM cérébrale. Pour ce faire, nous utilisons des outils tels que la plateforme Colab, le langage de programmation Python et ses bibliothèques, notamment Keras.

Notre modèle proposé démontre une capacité exceptionnelle à extraire automatiquement des représentations de haut niveau à partir d'un grand volume de données, nécessitant peu de prétraitement par rapport à d'autres algorithmes de classification et de détection d'images. Cette avancée permettra aux cliniciens de prendre des décisions diagnostiques plus éclairées, en leur fournissant des solutions précises pour l'imagerie médicale. De plus, cela contribuera à améliorer la précision et la fiabilité des diagnostics de cancer du cerveau, ce qui aura un impact significatif sur les soins et les traitements des patients.

Ce mémoire se compose de quatre chapitres qui couvrent différents aspects de la détection automatique des tumeurs cérébrales sur les images IRM en utilisant CNN.

- Le premier chapitre jette les bases en fournissant une compréhension approfondie du cerveau biologique et de l'imagerie médicale. Nous examinons les caractéristiques anatomiques du cerveau, les types de tumeurs cérébrales courantes et l'importance de l'imagerie médicale, en mettant l'accent sur l'IRM, dans le diagnostic et le suivi de ces tumeurs.
- Le deuxième chapitre se concentre sur l'apprentissage profond, également connu sous le nom de "Deep Learning". Nous explorons les concepts fondamentaux de cette approche révolutionnaire, y compris les réseaux de neurones convolutionnels (CNN), qui jouent un rôle central dans notre méthodologie. Nous discutons également des architectures de CNN populaires et de leurs applications dans le domaine médical, en mettant l'accent sur la détection des tumeurs cérébrales.
- Le troisième chapitre de ce mémoire se consacre à un état de l'art approfondi des techniques de détection des tumeurs cérébrales en utilisant l'apprentissage profond, avec un accent particulier sur les réseaux de neurones convolutionnels (CNN).
- Le quatrième chapitre est dédié à l'implémentation concrète de notre approche et aux résultats obtenus. Nous décrivons en détail notre architecture personnalisée de CNN, en mettant en évidence les idées originales que nous avons intégrées. Nous présentons les détails de l'entraînement du modèle, les hyperparamètres utilisés et les métriques d'évaluation de la performance. Enfin, nous analysons les résultats obtenus sur notre jeu de données d'IRM cérébrale et nous discutons de leur pertinence et de leur applicabilité dans le contexte clinique.

Chapitre 1

Imagerie par Résonance magnétique Cérébrale

1.1 Introduction

Le cerveau est l'organe le plus important du corps humain en raison de ses diverses fonctions vitales et de son rôle principal dans le fonctionnement de tous les autres organes. Ces dernières années, d'énormes progrès ont été réalisés pour comprendre les structures et les fonctions cérébrales, facilitant ainsi leur étude. Cela est en grande partie dû au développement de techniques d'imagerie médicale non invasives telles que l'imagerie par résonance magnétique (IRM). L'IRM cérébrale est largement utilisée dans la pratique clinique pour le diagnostic, le suivi des patients, l'évaluation du traitement et la cartographie du cerveau humain. Elle présente de nombreux avantages, notamment sa non-invasivité, sa résolution spatiale élevée, sa vitesse d'acquisition et ses excellentes performances dans la visualisation des différences entre les différents tissus du corps humain.

La détection automatique des tumeurs dans les images cérébrales en IRM constitue une tâche cruciale dans le domaine médical. Cependant, cette tâche peut être complexe en raison de divers artefacts d'image tels que les inhomogénéités d'intensité et les effets de volume partiel. De plus, différentes structures anatomiques peuvent présenter le même contraste tissulaire, voire avoir des intensités similaires aux tumeurs, ce qui rend la détection encore plus délicate. Afin d'effectuer cette tâche avec précision, il est essentiel de comprendre le processus d'acquisition des images IRM, ainsi que les différentes caractéristiques du cerveau humain et de ces structures.

Dans ce chapitre, nous présentons une description de la technique d'imagerie par résonance magnétique, tout en abordant deux autres concepts fondamentaux liés à notre travail, à savoir l'anatomie cérébrale et les tumeurs cérébrales.

1.2 Notions élémentaires d'anatomie cérébrale

1.2.1 Cerveau humain

Le cerveau joue un rôle essentiel en tant qu'organe chef d'orchestre pour tous les membres et organes du corps humain. Il assume la centralisation des informations et envoie des messages aux différentes parties du corps. Associé à la moelle épinière, il forme le système nerveux central, responsable de l'intégration des informations, du contrôle de la motricité et de l'exécution des fonctions cognitives. Le cerveau pèse environ 1,3 kg, dont 75% est constitué d'eau, et il est l'organe le mieux protégé. D'une part, il baigne dans le liquide céphalorachidien, ce qui réduit les effets des chocs, et d'autre part, il est enveloppé par trois membranes appelées méninges. Le cerveau consomme entre 15 et 20% de l'énergie produite par l'organisme, principalement sous forme de glucose, un sucre simple fourni par l'alimentation. Il est parcouru par un vaste réseau de vaisseaux sanguins qui assurent un apport en oxygène considérable. [1]

1.2.2 Structure du cerveau

Le cerveau est composé de deux hémisphères (droit et gauche) qui sont reliés par le corps calleux. Chaque hémisphère cérébral comprend plusieurs lobes. Le lobe frontal est responsable du raisonnement, des fonctions du langage et de la coordination motrice volontaire. Le lobe pariétal joue un rôle dans la conscience du corps et de l'espace environnant. Le lobe occipital est impliqué dans l'intégration des informations visuelles. Le lobe temporal est le centre de l'audition, de la mémoire et des émotions. Le lobe limbique traite les informations liées aux émotions, aux affects et à la mémoire. Enfin, le lobe de l'insula est responsable du traitement de la douleur, des odeurs et du goût.

Le cervelet est responsable du contrôle de l'équilibre et de la coordination des mouvements. Le tronc cérébral fait office de passerelle entre les hémisphères cérébraux et la moelle épinière.

Le cerveau est composé de 100 milliards de cellules nerveuses appelées "neurones", qui forment un réseau câblé très précis. La myéline, présente le long des axones des neurones, est une gaine protectrice qui facilite la propagation de l'influx nerveux. Elle est formée par les oligodendrocytes, qui, avec les astrocytes et la microglie, constituent un groupe de cellules gliales aussi nombreuses que les neurones.

Le cerveau contient également le cortex, également connu sous le nom de substance grise. Il s'agit de la partie la plus superficielle du cerveau, où l'on retrouve les corps cellulaires des neurones. Il renferme également la substance blanche, où se trouvent les prolongements des neurones (axones) entourés d'une gaine de myéline. Le cerveau comprend également quatre ventricules cérébraux, qui sont des cavités dans lesquelles circule le liquide cébrospinal. Enfin, au centre du cerveau, on trouve les noyaux gris centraux, également appelés ganglions de la base, qui jouent un rôle dans le contrôle du comportement et dans l'apprentissage.

1.3 L'encéphale

L'encéphale désigne la partie supérieure du système nerveux central, comprenant le tronc cérébral, le cervelet et le cerveau. Il joue un rôle essentiel dans le contrôle de l'ensemble de l'organisme.

Position : L'encéphale est situé à l'intérieur de la boîte crânienne, une structure osseuse qui le protège.

1.3.1 Structure de l'encéphale

Le cerveau : occupe la majeure partie de la boîte crânienne. Il est composé de deux hémisphères cérébraux, à savoir le droit et le gauche. Sa surface présente de nombreuses convolutions délimitées par des sillons profonds. Ces sillons divisent le cerveau en quatre lobes : le lobe frontal, le lobe pariétal, le lobe temporal et le lobe occipital. Chaque lobe comprend des régions spécifiques qui jouent des rôles distincts dans des fonctions telles que la motricité, la sensibilité, etc.

Le cervelet : est situé à l'arrière du cerveau et est parallèle à deux principales voies neuronales : celles qui transportent les informations sensorielles vers les zones corticales responsables de leur analyse, et celles qui partent du cortex et descendent vers les muscles pour provoquer leur contraction.

Le tronc cérébral : est responsable de la régulation de la respiration et du rythme cardiaque. Il sert également de centre de relais pour les voies motrices et sensorielles, ainsi que de centre de contrôle de la douleur. Toutes ces structures sont entourées d'une mince couche de liquide appelée liquide céphalo-rachidien (LCR) ou liquide cébrospinal.

1.3.2 Substances principales

L'encéphale contient trois substances principales : le liquide céphalo-rachidien (LCR), la matière grise (MG) et la matière blanche (MB).

Le liquide céphalo-rachidien (LCR) : Également connu sous le nom de liquide cébrospinal, il s'agit du liquide dans lequel baignent le système nerveux central, c'est-à-dire l'encéphale et la moelle épinière. C'est un liquide biologique clair et incolore dont la composition est partiellement constante. Il est sécrété et résorbé en continu et est entièrement renouvelé 3 à 4 fois par jour. Le liquide céphalo-rachidien circule dans deux compartiments distincts :

- **Le système externe :** l'espace sous-arachnoïdien, qui est situé à l'extérieur du système nerveux central, se trouve dans la colonne vertébrale et entoure la moelle épinière.
- **Le système interne :** le compartiment intra-encéphalique, composé de cavités épendymaires ou ventricules.

Le liquide céphalo-rachidien est fréquemment renouvelé et son volume varie de 60 à 150 ml selon les individus. [2]

Chapitre 1. Imagerie par Résonance magnétique Cérébrale

La matière grise :se trouve principalement à la surface externe du cerveau, formant une couche épaisse de 2 à 5 mm appelée cortex. Elle est majoritairement constituée de cellules neuronales. On trouve également de petites masses de matière grise à l'intérieur de l'encéphale, appelées noyaux gris. La figure 1.3 montre une vue coronale des principaux noyaux gris.

La matière blanche :du cerveau est composée de fibres nerveuses, qui sont les prolongements des cellules nerveuses (neurones) appelés axones. Ces fibres, qui constituent le "câblage" du cerveau, ont pour fonction de transmettre les informations entre les cellules des différentes régions du cerveau. Elles sont entourées d'une gaine protectrice appelée myéline, qui donne sa couleur blanche. Cette gaine agit comme un isolant, facilitant la transmission des signaux le long des fibres nerveuses.



FIG. 1.1 : Le cerveau et les organes qui l'entourent -

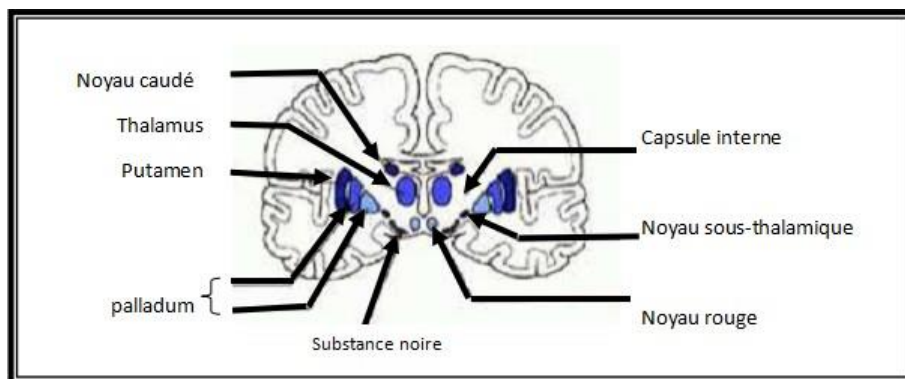


FIG. 1.2 : Vue coronale du cerveau et localisation des principaux noyaux gris

1.3.3 Structures cérébrales d'intérêt

Dans cette section, nous décrivons brièvement le cortex ainsi que quelques structures cérébrales qui revêtent un grand intérêt et jouent des rôles importants dans le fonctionnement cognitif, sensoriel, moteur et émotionnel du cerveau humain.

Le cortex cérébral est la mince couche superficielle de matière grise qui recouvre le cerveau (cortex cérébral) et le cervelet (cortex cérébelleux). Il est présent au niveau des deux hémisphères cérébraux, gauche et droit. Le cortex présente de multiples replis, dont les sillons (partie profonde) et les circonvolutions (replis en surface). On distingue 3

”niveaux” de cortex, dont la complexité augmente, et qui se différencient par leur structure observable au microscope électronique ainsi que par leur rôle :

- L’archicortex permettant la survie de l’organisme et ses comportements élémentaires.
- Le paléocortex, comprenant l’hippocampe, est le siège de la mémoire, de l’attention, des émotions et des comportements en fonction de l’expérience passée.
- Le néocortex, constitué de petites zones appelées aires corticales primaires, permet au cerveau d’organiser son fonctionnement et est responsable de certains types d’activités.

Le système ventriculaire est la structure centrale dans laquelle circule le liquide céphalo-rachidien. Il comprend principalement quatre ventricules (cavités) : les deux ventricules latéraux, un dans chaque hémisphère cérébral, le troisième ventricule dans le diencephale et le quatrième ventricule situé entre le cervelet et le bulbe. Le système ventriculaire est responsable de la production et de la circulation du liquide céphalo-rachidien.

Le thalamus : est constitué de deux gros noyaux gris symétriques. Il joue un rôle essentiel dans la transmission des informations sensorielles (visuelles, auditives, tactiles et gustatives) vers le cortex cérébral, et intervient dans la régulation des signaux qui atteignent la conscience. Il est également impliqué dans les échanges moteurs entre le cortex, les ganglions de la base et le cervelet. De plus, le thalamus est impliqué dans la perception de la douleur et dans l’attention.

Les ganglions : de la base sont constitués de multiples structures de matière grise, dont le pallidum, le striatum (qui comprend le noyau caudé et le putamen) et le globus pallidus, entre autres. En collaboration avec le cortex cérébral et le thalamus, les ganglions de la base forment un circuit appelé le circuit striato-thalamo-cortical. Ce circuit joue un rôle crucial dans la motricité volontaire, ainsi que dans de nombreuses autres fonctions cognitives telles que l’apprentissage, la mémoire et les émotions.

L’hippocampe : est une structure cérébrale impliquée dans la mémorisation des informations. Il constitue la première destination des informations à mémoriser, puis les transmet au cortex pour leur stockage à long terme et leur récupération ultérieure lors de la remémoration. L’hippocampe possède de nombreuses connexions avec les aires sensorielles du cortex, ce qui permet d’encoder tout le contexte associé à un événement.

L’amygdale : située près de l’hippocampe, a une forme d’amande et joue un rôle dans la mémoire, l’apprentissage et la régulation des émotions. Elle est particulièrement impliquée dans les réactions agressives et les réactions de peur.

1.4 Observation du cerveau avec l’imagerie médicale

L’imagerie médicale est de plus en plus courante dans le diagnostic de nombreuses maladies, en complément des examens cliniques et d’autres investigations telles que les analyses biologiques ou les tests neuropsychologiques.

L'imagerie médicale joue également un rôle essentiel dans la recherche clinique, l'étude des maladies et le développement de nouveaux traitements. Il existe de nombreuses techniques d'imagerie complémentaires, qui englobent une grande variété de technologies développées grâce aux grandes découvertes de la physique du 20^e siècle. [3]

Parmi ces techniques, on retrouve l'utilisation des ondes radio, des rayons X, de la radioactivité de certains éléments et des champs magnétiques. L'objectif de ces techniques est non seulement de diagnostiquer les maladies, de suivre leur évolution et de découvrir leur fonctionnement, mais aussi de les traiter de manière plus efficace. Des techniques sont développées pour localiser les foyers d'infection, les cibler et activer les principes actifs des médicaments uniquement à l'endroit souhaité. Il est même possible de détruire des cellules spécifiques à l'aide d'ondes de cisaillement émises par un échographe, sans nécessiter d'intervention chirurgicale. Le développement de l'IRM a ouvert de nouvelles perspectives pour la recherche sur le cerveau, permettant une compréhension de plus en plus fine de cet organe complexe.

Les modalités d'imagerie médicale sont généralement regroupées en deux familles :

L'imagerie anatomique également appelée imagerie structurelle, permet d'observer l'anatomie cérébrale. Les modalités d'imagerie anatomique les plus connues sont :

- L'ultrasonographie, qui se base sur les propriétés acoustiques et fournit des images de qualité relativement faible mais suffisantes pour de nombreuses applications. Elle est largement utilisée en raison de son faible coût et de son innocuité connue.
- La tomodensitométrie (scanner X), qui se base sur les propriétés d'atténuation des rayons X et est adaptée à l'observation des tissus durs.
- L'imagerie optique, qui se base sur les propriétés optiques et utilise généralement des techniques de diffusion de la lumière pour obtenir des informations sur la structure cérébrale.
- L'imagerie par résonance magnétique (IRM), qui se base sur les propriétés magnétiques et est adaptée à l'observation des tissus mous, fournissant des images de haute résolution.

L'imagerie fonctionnelle : permet d'étudier l'activité cérébrale et met en évidence les mécanismes du fonctionnement cérébral. Les modalités d'imagerie fonctionnelle les plus connues sont :

- La tomographie par émission de positons (TEP) et la tomographie par émission monophotonique (TEMP), qui sont des modalités invasives reposant sur le suivi d'un traceur radioactif. Ces modalités sont souvent utilisées dans des contextes de recherche et nécessitent des installations lourdes.
- L'électroencéphalogramme (EEG), qui permet une observation non invasive des signaux électriques à la surface du cerveau. Cette modalité mesure les fluctuations électriques liées à l'activité neuronale.

- La magnétoencéphalographie (MEG), qui se base sur les champs magnétiques induits par l'activité électrique des neurones. Cette modalité permet d'observer l'activité cérébrale avec une grande résolution temporelle.
- L'IRM fonctionnelle (IRMf), qui repose sur une mesure indirecte de l'activité cérébrale à partir de l'effet BOLD (Blood Oxygen Level-Dependent). Cette modalité met en évidence les changements de flux sanguin et d'oxygénation associés à l'activité neuronale.

L'IRM anatomique est la modalité non invasive qui permet la meilleure caractérisation des tissus. Elle est donc la plus adaptée pour observer les tissus et les structures du cerveau. Elle offre une résolution fine (1 mm) pour des temps d'acquisition de 1 à 20 minutes.

1.5 L'Imagerie par Résonance Magnétique (IRM)

L'IRM, ou Imagerie par Résonance Magnétique, est l'une des techniques d'imagerie médicale les plus récentes. Elle permet une visualisation précise des organes et des tissus mous dans différents plans de l'espace, permettant ainsi de localiser avec précision des lésions autrement invisibles. Cet examen, réalisé sous la supervision d'un médecin radiologue, ne provoque aucune irradiation, car il exploite uniquement les propriétés des champs magnétiques. [4] L'appareil d'IRM crée un champ magnétique puissant (B_0) à l'aide d'une bobine. Le patient est positionné au centre de ce champ magnétique, et les molécules d'eau présentes dans son corps s'alignent selon B_0 . Une antenne placée sur la zone du corps étudiée (dans ce cas, la tête) émet et reçoit certaines fréquences. Lors de l'émission, la fréquence induite fait pivoter les molécules dans un plan perpendiculaire à B_0 . Lorsque l'antenne cesse d'émettre, les molécules reviennent à leur position initiale en émettant à leur tour une fréquence captée par l'antenne. Ce signal est ensuite traité comme un signal électrique et analysé par des logiciels. Le signal diffère en fonction de la quantité d'eau présente dans les tissus observés. Parmi les avancées les plus importantes de l'IRM, on distingue :

L'IRM fonctionnelle (IRMf) : Cette technique, développée en 1992, permet l'observation en temps réel de l'activation neuronale. La localisation des zones cérébrales activées repose sur l'effet BOLD (Blood Oxygen Level Dependent), qui est lié à l'oxygénation de l'hémoglobine présente dans les globules rouges du sang. L'hémoglobine existe sous deux formes : l'oxyhémoglobine, une molécule diamagnétique présente dans les globules rouges oxygénés par les poumons, et la désoxyhémoglobine, une molécule paramagnétique présente dans les globules rouges désoxygénés par les tissus. L'IRM peut détecter ces différences et localiser les régions du cerveau activées.

L'imagerie du tenseur de diffusion (DTI) : Cette technique permet de visualiser la position, l'orientation et l'anisotropie des faisceaux de matière blanche du cerveau. Elle se base sur la mesure des mouvements de diffusion des molécules d'eau le long des fibres nerveuses, fournissant ainsi des informations sur la connectivité et l'intégrité des voies de matière blanche.

L'IRM par transfert d'aimantation (MTR) : Cette modalité fournit des informations physiologiques supplémentaires concernant les échanges d'aimantation entre les

protons libres et fixes. Elle présente des perspectives prometteuses pour diverses pathologies, notamment la sclérose en plaques, car elle permet de quantifier la perte de myéline, entraînant une réduction de la masse axonale. Cependant, elle est peu utilisée en pratique clinique à l'heure actuelle.

1.5.1 Principe d'acquisition de l'IRM

Lors de l'examen IRM, le patient est placé dans un champ magnétique très puissant qui aligne les noyaux des atomes de son corps, tels que les protons dans les molécules d'eau. Ensuite, des ondes radio sont envoyées à travers le corps, perturbant la résonance magnétique des noyaux atomiques alignés. Lorsque les ondes radio sont retirées, les noyaux atomiques retournent à leur position d'équilibre et émettent un signal qui peut être détecté par les récepteurs de l'appareil IRM. Les signaux produits par différents types de tissus, tels que le sang, la graisse, le liquide céphalorachidien, etc., peuvent être utilisés pour produire des images détaillées de l'intérieur du corps. L'analyse de la résonance magnétique des noyaux atomiques peut également être utilisée pour produire des images détaillées de la circulation sanguine en mesurant le temps nécessaire pour que le sang traverse les vaisseaux sanguins.

En conclusion, l'IRM est une technique très sensible qui permet de produire des images détaillées de la structure interne du corps sans utiliser de rayons X nocifs. Les images obtenues par l'IRM peuvent être utilisées pour aider les médecins à mieux comprendre et diagnostiquer de nombreuses conditions médicales, notamment les troubles du cerveau, les anomalies vasculaires, les troubles du système nerveux, etc.

Pour obtenir une image IRM, il est nécessaire de repérer la position des spins dans l'espace. Ainsi, on n'applique plus un champ constant H , mais un champ variable qui croît linéairement dans les trois directions de l'espace. La fréquence de résonance, dépendant du champ magnétique, dépend également de la position dans l'espace. En chaque point, on obtient un signal qui dépend à la fois de sa position et de la quantité de spins qui émettent le signal, c'est-à-dire de la quantité d'eau présente dans le tissu en ce point. En décomposant les fréquences du signal par transformée de Fourier, on reconstruit donc une image dont les niveaux de gris dépendent de la composition des tissus visualisés.

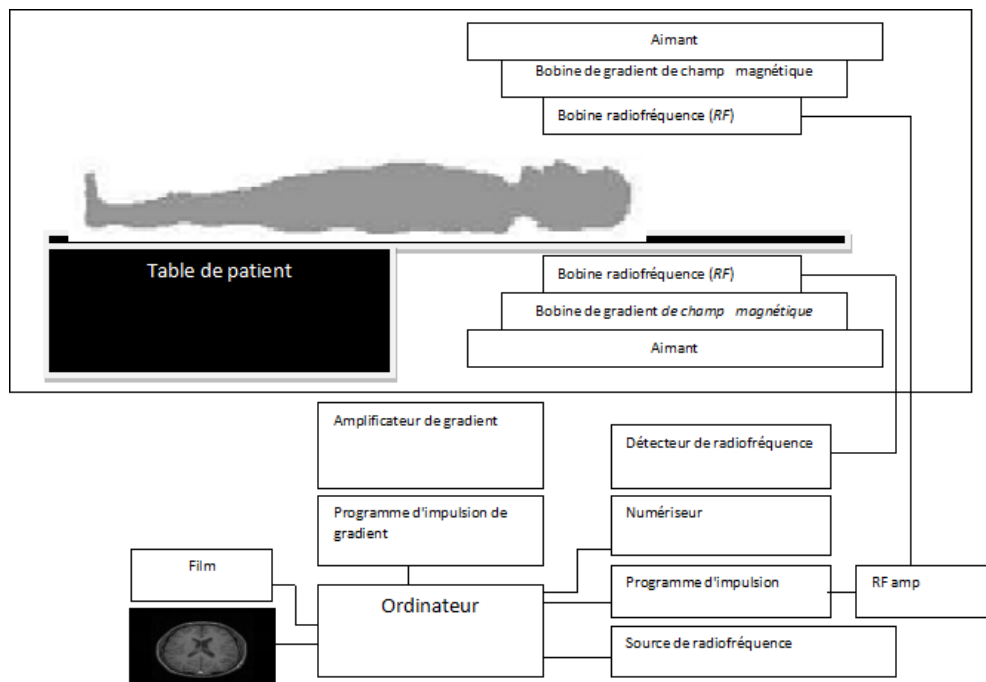


FIG. 1.3 : Principe d'acquisition des volumes IRM .

1.5.2 Particularité des images IRM

En IRM, le contraste des images est principalement influencé par trois propriétés physiques : la densité des protons, ainsi que les temps de relaxation longitudinale (T_1) et transversale (T_2). En réalité, la relaxation de l'aimantation longitudinale et de l'aimantation transverse est caractérisée par des phénomènes physiques distincts. Ces phénomènes sont régis par deux échelles temporelles définies par les constantes de temps T_1 et T_2 . Pour les tissus biologiques, les valeurs typiques des temps de relaxation T_1 varient généralement de 50 ms à quelques secondes. En revanche, les temps de relaxation T_2 sont généralement plus courts, allant de quelques microsecondes pour les tissus solides à quelques secondes pour les liquides. Toutefois, ces valeurs peuvent varier en fonction de la puissance du champ magnétique utilisé. Le tableau 1.1 présente quelques exemples de valeurs pour un champ magnétique de 1,5 Tesla.

Tissus	T ₁ (ms)	T ₂ (ms)
Muscle	870	45
Coeur	865	55
Foie	490	50
Rein	650	60
Rate	650	58
Graisse	262	85
Matière grise du cerveau	920	100
Matière blanche du cerveau	785	90

TAB. 1.1 : Valeurs des temps de relaxation longitudinale (T₁) et transversale (T₂) pour quelques tissus pour un champ magnétique de 1,5 Tesla .

La capacité de IRM à produire des images cérébrales avec un fort contraste dépend de la différence entre les temps de relaxation longitudinale (T₁) et transversale (T₂) des structures cérébrales. En utilisant ces paramètres propres aux tissus, l'utilisateur peut manipuler le contraste des images en IRM en ajustant à la fois l'intervalle entre les impulsions et le temps d'écho (TE).

L'intervalle de temps entre deux impulsions est appelé temps de répétition (TR). Le TR représente le temps accordé aux tissus pour récupérer partiellement ou complètement leur aimantation. Bien que le TR ne soit pas le seul paramètre en jeu, son choix est essentiel pour obtenir des images avec une dominante T₁ ou T₂. Un autre paramètre ajustable par le radiologue pour favoriser un temps de relaxation plutôt qu'un autre est le temps d'écho (TE). L'écho permet de mesurer la véritable valeur de T₂, contrairement à celle émise directement par les spins, appelée T₂*. Le TE représente la durée pendant laquelle le signal diminue avant d'être enregistré. Le temps d'écho influence la différence des temps de relaxation T₂ des tissus .

La figure 1.4 présente un exemple des différents types d'acquisition en IRM : une image pondérée en T₁ (figure 1.4a), une image T₁ après injection de gadolinium (figure 1.4d), une image pondérée en T₂ (figure 1.4b) et enfin une image à densité de protons (DP) (figure 1.4c).

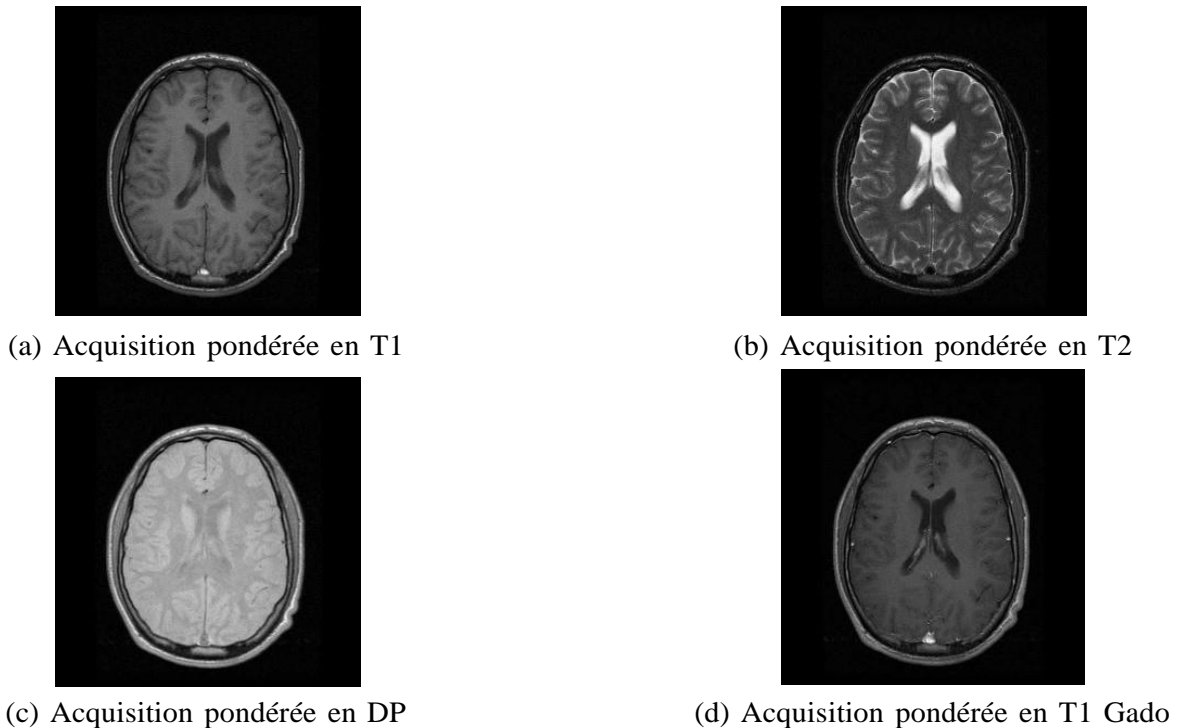


FIG. 1.4 : Différents types d'acquisition en IRM .

1.5.3 Intérêt des volume IRM

Les volumes d'IRM sont extrêmement utiles pour obtenir des informations anatomiques détaillées. Ils offrent un bon contraste entre les tissus mous, un rapport signal/bruit élevé et une résolution précise. Il est courant de travailler avec des volumes où les coupes sont espacées d'un mm seulement, ce qui permet de visualiser des structures fines. De plus, il est possible de travailler simultanément avec plusieurs séquences qui présentent des caractéristiques de contraste différentes, fournissant ainsi des informations complémentaires. Ces séquences correspondent à différentes propriétés physiques du signal radiofréquence et permettent de visualiser les tissus en fonction de trois principales caractéristiques : les temps de relaxation T1 et T2, qui décrivent le temps nécessaire au vecteur d'aimantation des spins pour revenir à l'alignement du champ magnétique lorsque le signal radiofréquence est supprimé, selon deux axes différents, ainsi que la densité de protons (PD).

En ce qui concerne la neuro-imagerie, les volumes pondérés en T1 mettent en évidence les principales classes de tissus constituant le cerveau, à savoir la matière blanche, la matière grise et le liquide céphalorachidien, avec une résolution précise de 1 mm par voxel. Les volumes pondérés en T2, quant à eux, présentent une distinction moins nette entre la matière grise et la matière blanche, mais permettent d'observer d'autres caractéristiques telles que des lésions. Le contraste est inversé par rapport aux volumes pondérés en T1. La figure 1.5 présente deux exemples de coupes extraites des volumes pondérés en T1 et en T2.

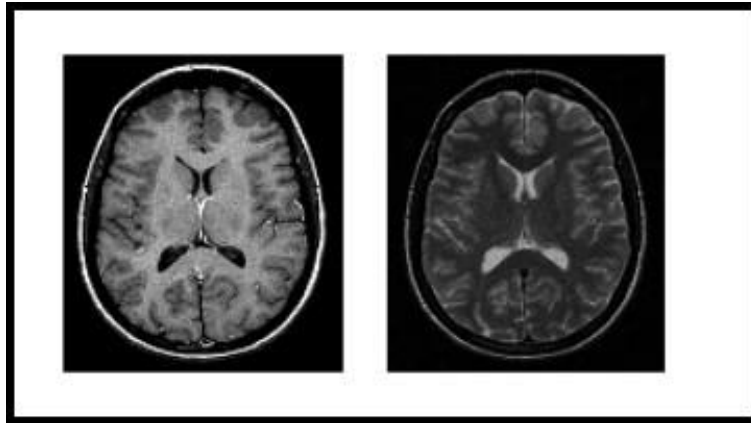


FIG. 1.5 : Coupes du cerveau sur des volumes IRM pondérés en T1 (à gauche) et T2 (à droite).

1.5.4 Les Artefacts En d'IRM

Les artefacts font généralement référence à des éléments visibles sur une image qui ne sont pas présents dans la réalité, mais qui apparaissent en raison de particularités propres à la modalité d'imagerie. Les artefacts peuvent également être causés par des éléments extérieurs au patient, tels que des vêtements, des fils d'un moniteur cardiaque externe, des parties du corps du personnel médical, etc.

On distingue trois types d'artefacts en IRM :

Les artefacts de mouvement

sont des anomalies visibles sur les images causées par des mouvements physiologiques périodiques et non périodiques pendant l'acquisition de l'image. Les mouvements physiologiques périodiques incluent les battements cardiaques et la respiration, tandis que les mouvements non périodiques sont involontaires et spontanés, tels que la déglutition, les péristaltismes et les mouvements oculaires. Ces artefacts se traduisent par un flou et une erreur de codage spatial, créant des images fantômes. Heureusement, les techniques d'imagerie ultra-rapide par résonance magnétique à écho-planar permettent une acquisition d'image rapide, réduisant ainsi considérablement les artefacts de mouvement. L'utilisation de l'acquisition hélicoïdale d'image permet également d'éviter certains artefacts de mouvement courants dans d'autres modes d'acquisition d'images.

Le bruit aléatoire

Le bruit aléatoire est un problème fréquent dans les données générées par les imageurs IRM. Il est causé à la fois par les perturbations thermiques des protons du patient et par la chaîne de mesure. Le rapport signal sur bruit (SNR) est utilisé pour évaluer les interférences de bruit dans les images IRM, et il dépend de l'amplitude du signal et du niveau de bruit. Pour améliorer le SNR et la qualité de l'image, différentes techniques peuvent être appliquées, telles que l'utilisation d'antennes différentes, l'augmentation de la puissance du champ magnétique, l'utilisation de matrices de résolution moins fines et

la multiplication des mesures. Cependant, il est inévitable d'avoir une présence de bruit dans l'image finale reconstruite. Le bruit aléatoire gaussien est le type de bruit le plus couramment rencontré en IRM, et il apparaît généralement dans le domaine de Fourier de l'image après la transformée inverse de Fourier. La figure 1.9 illustre l'effet du bruit aléatoire sur une image IRM.

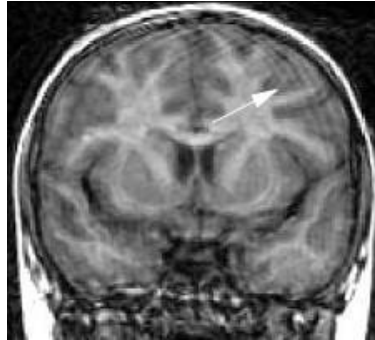


FIG. 1.6 : Artefacts dû au mouvement de la tête sur une IRM. La flèche montre la position de ce type d'artefacts.

L'artefact de volume partiel

L'artefact de volume partiel se produit lorsque l'épaisseur de la coupe en imagerie est importante par rapport aux structures étudiées. Cela affecte la résolution spatiale et la résolution en densité de l'image. Par exemple, lors de l'acquisition hélicoïdale, les coupes présentent un profil élargi en fonction de la vitesse de déplacement de la table et du mode d'interpolation, ce qui amplifie l'effet de volume partiel. Cela entraîne une diminution du contraste des petites lésions qui occupent une portion réduite dans chaque coupe. De plus, lorsque la structure à représenter ne remplit pas entièrement un voxel en raison de l'effet de volume partiel, la densité de ce voxel ne reflète plus fidèlement cette structure. Cet artefact est plus marqué lorsque la coupe est épaisse et traverse des milieux très différents, par exemple du tissu musculaire et du tissu adipeux, ce qui se traduit par un signal intermédiaire entre ces deux types de tissus. [5]

1.6 Tumeurs cérébrales en IRM

Les tumeurs cérébrales sont des anomalies ou des croissances anormales qui se développent dans le cerveau. L'IRM est une modalité couramment utilisée pour l'évaluation des tumeurs cérébrales en raison de sa capacité à fournir des images détaillées et multi-planaires du cerveau. Il existe différents types de tumeurs cérébrales, chacun ayant des caractéristiques distinctes en IRM. Trois types de tumeurs cérébrales couramment observés en IRM sont les tumeurs de l'hypophyse (pituitary), les méningiomes (meningioma) et les gliomes.

1.6.1 Tumeurs de l'hypophyse (Pituitary)

Les tumeurs de l'hypophyse, également appelées adénomes hypophysaires, se forment dans la glande pituitaire située à la base du cerveau. En IRM, les tumeurs de l'hypophyse apparaissent généralement comme des lésions arrondies et bien circonscrites. Elles peuvent présenter une intensité variable selon leur composition, par exemple, elles peuvent être hypointenses en T1 et hyperintenses en T2. L'IRM est également utilisée pour évaluer l'extension de la tumeur et son éventuel effet de masse sur les structures voisines.

1.6.2 Méningiomes (Meningioma)

Les méningiomes sont des tumeurs qui se développent à partir des cellules des méninges, les membranes qui recouvrent le cerveau et la moelle épinière. En IRM, les méningiomes apparaissent généralement comme des lésions bien délimitées avec un contraste marqué par rapport aux tissus environnants. Ils peuvent présenter différentes caractéristiques selon leur localisation et leur histologie. L'IRM joue un rôle essentiel dans la localisation précise et la détermination de l'extension des méningiomes.

1.6.3 Gliomes

Les gliomes sont des tumeurs qui se développent à partir des cellules gliales du cerveau. Ils peuvent être de différents types, tels que le glioblastome, l'astrocytome, l'oligodendrogliome, etc. En IRM, les gliomes se présentent généralement comme des lésions infiltrantes avec des contours flous et des caractéristiques variables en termes d'intensité de signal et de prise de contraste. L'IRM permet d'évaluer l'emplacement, la taille et l'extension des gliomes, ainsi que de surveiller leur évolution au fil du temps.

1.7 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons abordé plusieurs points essentiels pour notre sujet qui est la détection des tumeurs cérébrales sur les images IRM. Nous avons examiné la structure du cerveau humain, les différentes modalités d'imagerie, en mettant un accent particulier sur l'IRM, ainsi que les tumeurs cérébrales elles-mêmes.

Il convient de souligner l'importance cruciale de l'IRM dans l'évaluation des tumeurs cérébrales, y compris les tumeurs de l'hypophyse, les méningiomes et les gliomes.

Grâce à ses capacités d'imagerie avancées, l'IRM offre une caractérisation précise de ces tumeurs, ce qui s'avère extrêmement utile pour les cliniciens dans leur diagnostic, leur planification du traitement et leur suivi des patients atteints de tumeurs cérébrales. En combinant les informations fournies par l'IRM avec les connaissances médicales et les avancées de l'intelligence artificielle, de nouvelles perspectives s'ouvrent dans le domaine de la détection précoce, de la classification et de la surveillance des tumeurs cérébrales. Ces avancées contribuent à améliorer la prise en charge des patients et à augmenter les chances de succès dans le traitement de ces affections complexes. La combinaison de

Chapitre 1. Imagerie par Résonance magnétique Cérébrale

l'IRM et des avancées en intelligence artificielle offre des opportunités prometteuses pour l'amélioration de la détection et de la caractérisation des tumeurs cérébrales. Ces avancées ont le potentiel d'avoir un impact significatif sur la pratique médicale, en permettant une prise de décision plus précise et en améliorant les résultats pour les patients atteints de ces affections.

Chapitre 2

Apprentissage profond « Deep Learning »

2.1 Introduction

L'informatique a eu un impact majeur dans de nombreux domaines, notamment dans le domaine de la santé. Les avancées de l'informatique et de la technologie ont permis le développement de matériel médical plus sophistiqué, de logiciels de surveillance médicale avancés et d'outils d'analyse médicale précis. Cela a conduit à des améliorations significatives dans la détection précoce des maladies, le diagnostic précis, le suivi des patients et la recherche médicale. Le développement de l'informatique et de la technologie a considérablement amélioré le domaine de la santé. Les outils informatiques avancés, tels que l'intelligence artificielle, les systèmes experts, l'apprentissage automatique (Machine Learning) et l'apprentissage profond (Deep Learning), ont permis des avancées significatives dans le diagnostic, la surveillance médicale et la recherche médicale, conduisant ainsi à de meilleurs soins et à de meilleurs résultats pour les patients.

L'apprentissage profond, également appelé Deep Learning, est une branche de l'intelligence artificielle qui utilise des réseaux de neurones artificiels pour apprendre à partir des données. L'apprentissage profond est une réalisation majeure dans le domaine de l'intelligence artificielle, qui a conduit à des progrès significatifs dans de nombreux domaines, en particulier dans la classification des images et la détection d'objets.

2.2 Histoire du Deep learning

L'histoire du Deep Learning remonte à plusieurs décennies, marquée par les contributions de chercheurs et scientifiques dans le domaine des réseaux neuronaux et de l'intelligence artificielle. Voici une chronologie des principaux contributeurs et de leurs apports :

- En 1873, Alexander Bain a introduit le concept de clustering neuronal, considéré comme le premier modèle de neurone.
- En 1943, Warren McCulloch et Walter Pitts ont publié le premier modèle ma-

thématique et informatique du neurone formel, jetant ainsi les bases des réseaux neuronaux.

- En 1949, Donald Hebb a introduit la règle d'apprentissage de Hebb, utilisée dans les réseaux de neurones modernes.
- En 1957, Frank Rosenblatt a présenté le premier perceptron, un modèle de réseau neuronal à une seule couche.
- Dans les années 1974-1980, Paul Webos et Teuvo Kohonen ont introduit la rétro-propagation, une technique d'apprentissage utilisée dans les réseaux de neurones, ainsi que les cartes auto-organisatrices.
- Dans les années 1982-1985, John Hopfield et Hilton Sejnowski ont introduit les réseaux de Hopfield, un type de réseau neuronal récurrent, ainsi que les machines de Boltzmann.
- Dans les années 1986-1990, Michael I. Jordan et Yann LeCun ont défini et introduit les réseaux de neurones récurrents, en mettant en évidence les capacités des réseaux neuronaux profonds. Yann LeCun a également développé LeNet, un modèle de réseau neuronal convolutif.
- En 1997, Schuster and Paliwal ainsi que Hochreiter and Schmidhuber ont introduit les réseaux de neurones récurrents bidirectionnels et ont résolu le problème du gradient qui s'estompe dans les réseaux de neurones récurrents.
- En 2006, Geoffrey Hinton a introduit les Deep Belief Networks, une architecture profonde d'apprentissage automatique.
- En 2009, Salakhutdinov and Hinton ont présenté les Deep Boltzmann Machines, un type de modèle probabiliste profond.
- En 2012, Alex Krizhevsky a introduit AlexNet, un réseau neuronal convolutif qui a remporté le défi ImageNet, marquant ainsi un tournant dans la reconnaissance d'images.

Ces différentes contributions ont posé les bases du Deep Learning tel que nous le connaissons aujourd'hui, ouvrant la voie à de nombreuses avancées dans la classification, la reconnaissance d'images et de sons, ainsi que dans de nombreux autres domaines de l'intelligence artificielle. [6]

2.3 Apprentissage automatique (Machine learning)

2.3.1 Définition

Le Machine Learning (ML) est une forme d'intelligence artificielle (IA) axée sur la création de systèmes capables d'apprendre ou d'améliorer leurs performances en fonction des données qu'ils traitent. L'IA est un terme générique qui englobe les systèmes ou les

machines qui simulent une forme d'intelligence humaine. Le ML et l'IA sont souvent abordés ensemble, et ces termes sont parfois utilisés de manière interchangeable, bien qu'ils ne désignent pas exactement la même chose. Il est important de noter que, même si le ML repose entièrement sur l'IA, l'IA ne se limite pas au ML.

Aujourd'hui, le ML est largement utilisé dans tous les domaines. Lorsque nous interagissons avec les banques, effectuons des achats en ligne ou utilisons les médias sociaux, des algorithmes de ML entrent en jeu pour optimiser, faciliter et sécuriser notre expérience. Le ML et la technologie qui l'entoure sont en constante évolution, et nous commençons tout juste à en entrevoir les capacités.

2.3.2 Types de machine learning :

Il existe trois principaux types d'apprentissage en machine learning, qui sont les suivants :

Machine learning supervisé : Les algorithmes de machine learning supervisé sont les plus couramment utilisés. Dans ce modèle, un data scientist joue le rôle de guide et enseigne à l'algorithme les conclusions qu'il doit tirer. C'est similaire à un enfant qui apprend à identifier les fruits en les mémorisant à partir d'un imagier. En apprentissage supervisé, l'algorithme apprend à partir d'un jeu de données pré-étiqueté, où le résultat souhaité est déjà défini. Des exemples d'algorithmes de machine learning supervisé incluent la régression linéaire et logistique, la classification en plusieurs catégories et les machines à vecteurs de support.

Machine learning non supervisé : Le machine learning non supervisé adopte une approche plus indépendante, dans laquelle un ordinateur apprend à identifier des processus et des schémas complexes sans un guidage humain constant et rigoureux. Il s'agit d'une formation basée sur des données non étiquetées et sans résultat spécifique défini. Pour poursuivre avec l'analogie de l'enseignement scolaire, le machine learning non supervisé ressemble à un enfant qui apprend à identifier un fruit en observant ses couleurs et motifs, plutôt qu'en mémorisant les noms avec l'aide d'un enseignant. L'enfant cherche des similitudes entre les images et les regroupe, en attribuant à chaque groupe sa propre étiquette. Des exemples d'algorithmes de machine learning non supervisé sont la mise en cluster de k-moyennes, l'analyse de composants principaux et indépendants, ainsi que les règles d'association.

Apprentissage par renforcement : L'apprentissage par renforcement est une méthode de plus en plus utilisée en machine learning. Elle permet aux ordinateurs d'apprendre de leur expérience à travers un système de récompenses ou de punitions. Cela ressemble à un processus d'apprentissage basé sur des incitations, où l'algorithme cherche à maximiser les récompenses et à minimiser les punitions pour améliorer ses performances. Ces différents types d'apprentissage en machine learning offrent des approches variées pour résoudre des problèmes complexes et tirer des conclusions à partir des données.

2.4 l'apprentissage profond

Le deep learning, également connu sous le nom d'apprentissage profond, est l'une des technologies clés du machine learning. Il fait référence à des algorithmes capables d'imiter les actions du cerveau humain en utilisant des réseaux de neurones artificiels. Ces réseaux sont constitués de plusieurs couches de neurones, allant de dizaines à même des centaines, où chaque couche reçoit et interprète les informations provenant de la couche précédente (Figure 2.1).

Dans le domaine du deep learning, l'objectif est de créer des modèles de réseau neuronal profond qui peuvent apprendre et extraire des caractéristiques complexes à partir de grandes quantités de données. Ces modèles sont conçus pour être capables de reconnaître des motifs et de prendre des décisions autonomes, en utilisant des techniques d'apprentissage automatique pour ajuster les poids et les connexions entre les neurones.

Grâce à sa capacité à traiter des données complexes et non structurées, le deep learning a connu des avancées significatives dans des domaines tels que la vision par ordinateur, la reconnaissance vocale et la traduction automatique et en particulier l'imagerie médicale. Il a permis d'obtenir des résultats remarquables dans des tâches telles que la classification d'images, la détection d'objets et la génération de texte.

En exploitant les capacités du deep learning, nous pouvons obtenir des systèmes capables d'apprendre de manière autonome et d'effectuer des tâches complexes avec une précision et une efficacité accrues. Cela ouvre de nouvelles perspectives dans de nombreux domaines, de la médecine à l'industrie, en passant par la finance et les sciences.

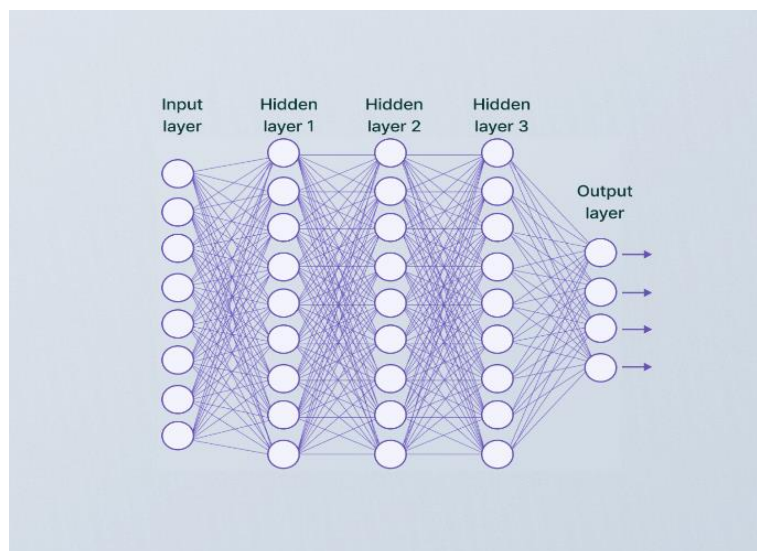


FIG. 2.1 : Réseau de neurones multicouche.

2.4.1 Fonctionnement de deep learning

Les réseaux de neurones profonds sont un domaine d'étude et de développement majeur dans le domaine de l'intelligence artificielle. Leur conception vise à reproduire les

mécanismes de traitement de l'information du cerveau humain, en utilisant des structures de données et des algorithmes inspirés du fonctionnement des neurones biologiques.

Ces réseaux, également appelés réseaux neuronaux artificiels, sont conçus pour traiter de grandes quantités de données en parallèle et extraire des informations utiles à partir de celles-ci. Ils sont particulièrement adaptés pour des tâches complexes telles que la reconnaissance d'images, la compréhension du langage naturel, la traduction automatique et bien d'autres.

La structure des réseaux de neurones profonds est caractérisée par une architecture en couches, où chaque couche est composée de nœuds interconnectés appelés neurones. Les données d'entrée sont transmises à travers ces différentes couches, où chaque neurone effectue des calculs sur les données en fonction des poids et des biais associés. Ces poids et biais sont ajustés lors de l'apprentissage du réseau, afin d'optimiser sa capacité à effectuer des prédictions précises et des classifications pertinentes.

Le processus de calcul à travers le réseau, du début à la fin, est appelé propagation directe. Les données d'entrée sont transmises couche par couche, chaque couche contribuant à l'élaboration d'une représentation plus abstraite et complexe des informations. Finalement, la couche de sortie produit la prédiction ou la classification finale en se basant sur les informations traitées par les couches précédentes.



FIG. 2.2 : Exemple de fonctionnement du Deep Learning.

Les couches d'entrée et de sortie jouent un rôle crucial dans le fonctionnement des réseaux de neurones profonds. La couche d'entrée est le point d'entrée des données, où elles sont transmises pour être traitées par le réseau. La couche de sortie est le point final du processus, où les résultats finaux, tels que des prédictions ou des classifications, sont produits. [7]

2.5 Domaine d'application de l'apprentissage

Le deep learning offre de vastes possibilités dans un large éventail de domaines d'application. Il se révèle particulièrement utile lorsque des tâches de reconnaissance et de classification complexes doivent être accomplies.

L'apprentissage profond trouve des applications particulièrement adaptées dans le domaine médical et dans des secteurs impliquant des produits complexes. Ces domaines

présentent souvent plusieurs dimensions et nécessitent une analyse approfondie des données. Par exemple, dans le secteur médical et les sciences de la vie, l'apprentissage profond peut être utilisé pour détecter automatiquement des cellules spécifiques de manière très précise. C'est pourquoi cette technique est déjà utilisée dans la recherche sur le cancer, où elle contribue à des avancées significatives. Un autre exemple d'application de l'apprentissage profond se trouve dans le contrôle de la qualité. Dans le cadre de l'automatisation des processus de production, les produits qui ne répondent pas aux normes de qualité requises peuvent être identifiés et triés automatiquement. Cela permet d'améliorer l'efficacité et d'éviter des erreurs coûteuses.

Il convient de noter que le deep learning peut être utilisé dans de nombreux autres domaines, tels que la reconnaissance d'images, la compréhension du langage naturel, la traduction automatique, la prédiction de tendances et bien d'autres encore. Sa flexibilité et sa capacité à extraire des informations pertinentes à partir de grandes quantités de données en font un outil puissant pour de nombreuses industries [8]

2.6 Architectures de réseaux de neurones profonds

2.6.1 Réseau de neurones récurrent (RNN, recurrent neural network)

Les réseaux de neurones récurrents (RNN) sont un type spécifique de réseau de neurones qui possède une architecture adaptée au traitement de séquences de données. Contrairement aux réseaux de neurones classiques, les RNN sont conçus pour traiter des données séquentielles en prenant en compte les informations contextuelles précédentes.

Dans un RNN, chaque neurone est connecté à lui-même, permettant ainsi la rétroaction de l'information d'une étape de temps à une autre. Cela signifie que les RNN peuvent conserver et utiliser des informations sur les états antérieurs lorsqu'ils traitent de nouvelles entrées.

L'une des principales utilisations des RNN est la modélisation du langage naturel, où les séquences de mots sont analysées et générées. Grâce à leur capacité à comprendre le contexte et les dépendances temporelles, les RNN sont également utilisés dans des domaines tels que la traduction automatique, la reconnaissance de la parole, la prédiction de séquences et la génération de texte.

Les RNN présentent toutefois certains défis, notamment le problème du "vanishing gradient" (gradient qui tend à disparaître) lors de l'apprentissage sur de longues séquences. Cela peut entraîner une perte d'informations sur les états antérieurs et une difficulté à apprendre des dépendances à long terme. Pour surmonter ces limitations, des variantes de RNN ont été développées, telles que les LSTM (Long Short-Term Memory) et les GRU (Gated Recurrent Units), qui intègrent des mécanismes de mémoire et de gestion du gradient améliorés.

Les RNN ont révolutionné le traitement des données séquentielles en permettant la modélisation et la prédiction de séquences complexes. Leur utilisation continue à se développer et à trouver des applications dans de nombreux domaines, contribuant ainsi à

l'avancement de l'apprentissage automatique et de l'intelligence artificielle [10]. La figure 2.3 présente une architecture basique d'un réseau RNN simple. [9]

La figure 2.3 présente une architecture basique d'un réseau RNN simple.

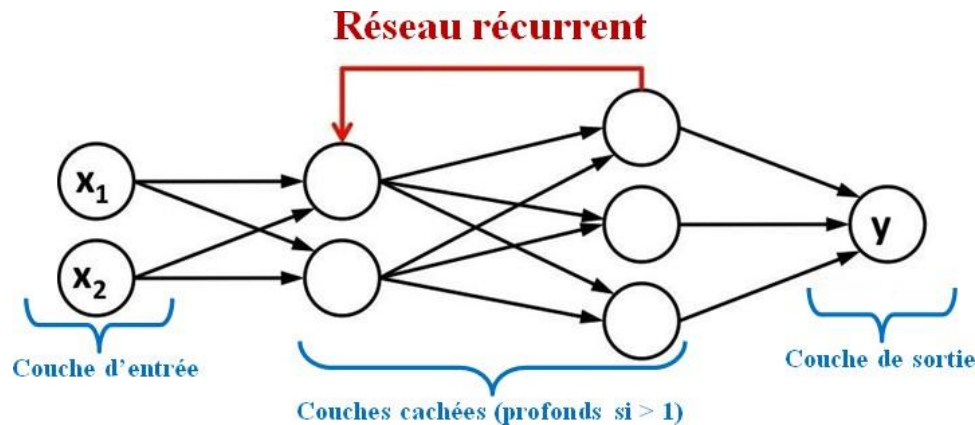


FIG. 2.3 : Architecture d'un réseau RNN simple.

2.6.2 Les réseaux de neurones convolutifs (CNN)

Inspiré du cortex visuel des vertébrés, un réseau de neurones convolutif, également appelé Convolutional Neural Network (CNN), est composé de couches successives de neurones artificiels. Les réseaux de neurones à convolution sont des modèles classiques d'apprentissage automatique. Les neurones de traitement d'un CNN appliquent d'abord une fonction de convolution à une partie de l'image appelée tuile.

Ensuite, des neurones de mise en commun, également connus sous le nom de neurones de pooling, réduisent la taille des images intermédiaires, ce qui réduit le nombre de paramètres et la puissance de calcul associée. Cela permet d'optimiser l'efficacité du réseau et d'éviter le sur-apprentissage. Entre chaque couche, un traitement correctif non linéaire et local peut être appliqué pour améliorer la pertinence des résultats.

En termes d'apprentissage automatique, un réseau de neurones à convolution fait partie des modèles d'apprentissage non supervisé. Il est capable de découvrir de manière autonome les caractéristiques de chaque image provenant de l'ensemble de données d'apprentissage. Chacun des filtres, ou noyaux de convolution, dans le réseau identifie un motif spécifique. Au fil du temps, la reconnaissance d'image devient de plus en plus précise. La technique des réseaux de neurones à convolution a été inventée par le chercheur français Yann LeCun dans les années 1990.

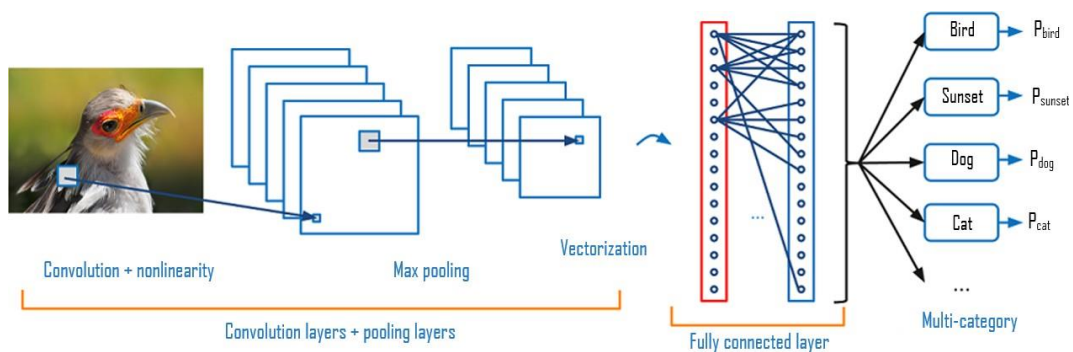


FIG. 2.4 : Représentation d'un réseau de neurones convolutif

2.7 Différentes couches de CNN

2.7.1 Couche de convolution

La couche de convolution est une composante clé des CNN et constitue généralement la première couche. Son rôle est de détecter la présence d'un ensemble de caractéristiques dans les images en entrée. Pour ce faire, on applique un filtre de convolution : **le principe est de faire "glisser" une fenêtre représentant la caractéristique sur l'image et de calculer le produit de convolution entre la caractéristique et chaque portion de l'image balayée. Dans ce contexte, une caractéristique est considérée comme un filtre, les deux termes étant équivalents.**

L'opération de convolution permet de mettre en évidence les régions de l'image qui correspondent à la caractéristique recherchée. Plus précisément, elle calcule la similarité entre la caractéristique et chaque partie de l'image, générant ainsi une carte d'activation. Cette carte d'activation met en évidence les zones où la caractéristique est présente, ce qui permet au réseau de neurones de localiser et d'extraire les informations pertinentes.

La couche de convolution est caractérisée par plusieurs paramètres importants, tels que la taille du filtre, le pas (stride) de glissement de la fenêtre, et la quantité de filtres utilisés. Ces paramètres déterminent la complexité et la capacité du réseau à capturer différentes caractéristiques à différentes échelles.

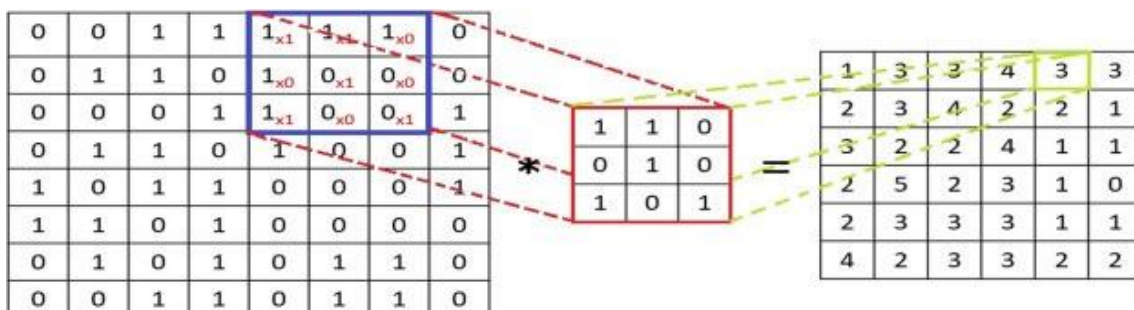


FIG. 2.5 : Exemple de produit de convolution.

En utilisant des couches de convolution successives, le réseau de neurones convolutifs peut apprendre à reconnaître des motifs de plus en plus complexes et abstraits dans les images. Cela lui permet d'effectuer des tâches de classification, de détection d'objets,

de segmentation et d'autres tâches liées à la vision par ordinateur de manière efficace et précise. La couche de convolution est donc fondamentale dans l'architecture des réseaux de neurones convolutifs, fournissant une base solide pour l'apprentissage des caractéristiques visuelles et la prise de décision ultérieure.

2.7.2 Couche de pooling

La couche de pooling est fréquemment utilisée entre deux couches de convolution. Elle reçoit en entrée plusieurs cartes de caractéristiques (feature maps) et applique l'opération de pooling à chacune d'entre elles. L'opération de pooling a pour but de réduire la taille des images tout en préservant les caractéristiques essentielles.

L'opération de pooling peut être réalisée de différentes manières, les plus courantes étant le max pooling et le average pooling. Le max pooling sélectionne la valeur maximale dans une région donnée de l'image, tandis que l'average pooling calcule la moyenne des valeurs de la région. Ces opérations permettent de réduire la dimension spatiale des cartes de caractéristiques, ce qui conduit à une économie de mémoire et à une diminution de la complexité du réseau. En réduisant la taille des images, le pooling permet également de réaliser une invariance aux petites translations ou déformations dans les images. Cela signifie que même si un objet se déplace légèrement ou subit une légère déformation, le pooling permettra de conserver les caractéristiques importantes de l'objet, facilitant ainsi la tâche de classification ultérieure. La taille et le pas (stride) du pooling sont des paramètres importants qui déterminent la réduction de taille et l'invariance aux translations du réseau. Une taille de pooling plus grande entraînera une plus grande réduction de taille, tandis qu'un pas plus grand permettra une réduction plus importante des dimensions.

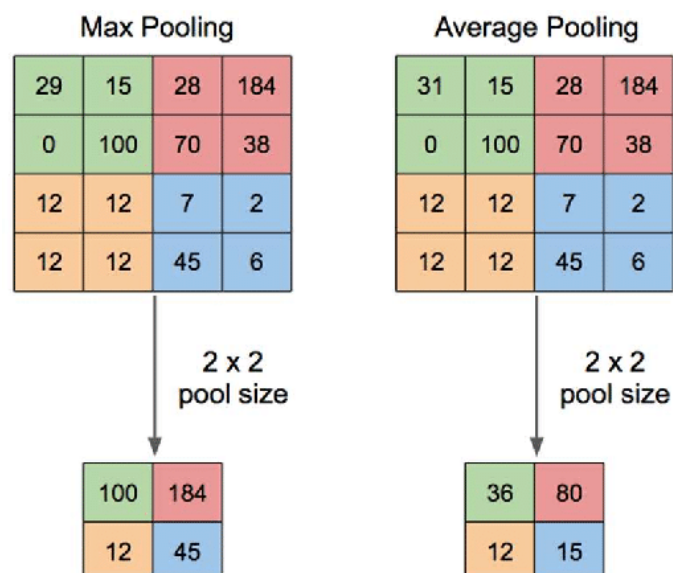
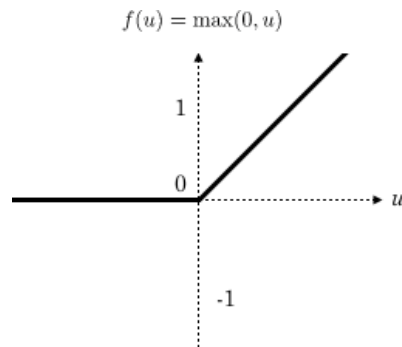


FIG. 2.6 : Exemple de pooling (Max pooling et Average pooling).

La combinaison de couches de convolution et de couches de pooling dans les CNN permet d'extraire progressivement des caractéristiques de plus en plus abstraites des images. Les couches de pooling jouent un rôle essentiel en réduisant la complexité du réseau et en

préservant les informations pertinentes pour la tâche de reconnaissance ou de classification.

2.7.3 Couche de correction ReLU



La couche de correction ReLU, également connue sous le nom de Rectified Linear Units, est une fonction non linéaire essentielle dans les réseaux de neurones convolutifs. La fonction ReLU, définie par :

$$\mathbf{ReLU}(\mathbf{x}) = \max(\mathbf{0}, \mathbf{x}). \quad (2.1)$$

FIG. 2.7 : Représentation de la fonction ReLU.

Cette fonction est utilisée comme fonction d'activation dans la couche de correction ReLU. Son rôle consiste à remplacer toutes les valeurs négatives reçues en entrée par des zéros. Ainsi, les neurones qui reçoivent des valeurs négatives sont désactivés, tandis que ceux qui reçoivent des valeurs positives sont activés. Cette fonction non linéaire permet d'introduire de la non-linéarité dans le réseau, ce qui est essentiel pour le traitement de données complexes. Elle aide à capturer des relations non linéaires entre les caractéristiques extraites des images, ce qui améliore la capacité du réseau à apprendre et à représenter des motifs plus complexes.

En remplaçant les valeurs négatives par des zéros, la couche de correction ReLU permet également de résoudre le problème de la disparition du gradient, qui peut survenir lors de l'entraînement du réseau. En effet, la fonction ReLU a une dérivée constante de 1 pour les valeurs positives, ce qui facilite la propagation du gradient et évite son affaiblissement.

La couche de correction ReLU est simple et efficace, ce qui en fait un choix populaire dans de nombreux modèles de réseaux de neurones convolutifs. Elle contribue à introduire de la non-linéarité, à améliorer la capacité d'apprentissage du réseau et à atténuer les problèmes liés au gradient.

2.7.4 Couche fully-connected

La couche fully-connected, également appelée couche entièrement connectée, est généralement la dernière couche d'un réseau de neurones, qu'il soit convolutif ou non. Elle n'est donc pas spécifique à un CNN. Cette couche prend en entrée un vecteur et produit en sortie un nouveau vecteur. Pour cela, elle effectue une combinaison linéaire des valeurs reçues en entrée, suivie éventuellement d'une fonction d'activation.

La dernière couche fully-connected joue un rôle crucial dans la classification de l'image en entrée du réseau. Elle renvoie un vecteur de taille N, où N représente le nombre de

classes dans notre problème de classification d'images. Chaque élément du vecteur indique la probabilité que l'image en entrée appartienne à une classe spécifique.

En d'autres termes, la couche fully-connected effectue la tâche finale de classification en assignant des probabilités aux différentes classes possibles. Cette couche est essentielle pour prendre une décision finale sur la classe à laquelle appartient l'image analysée. L'utilisation d'une combinaison linéaire et d'une fonction d'activation dans cette couche permet d'introduire de la non-linéarité dans le processus de classification, ce qui améliore la capacité du réseau à discriminer entre différentes classes et à produire des résultats plus précis. [10]

2.7.5 Couche Flatten

Après l'obtention des cartes de caractéristiques dans la dernière couche de convolution, une opération appelée "Flattening" est appliquée. Cette opération permet de convertir les données multidimensionnelles en un seul vecteur, qui est ensuite utilisé en tant qu'entrée pour la première couche "Fully connected".

L'opération de Flattening est essentielle pour transformer les informations contenues dans les cartes de caractéristiques en un format adapté à l'utilisation de couches fully connected. En convertissant les données en un vecteur, chaque élément du vecteur peut représenter une caractéristique spécifique extraite des cartes de caractéristiques.

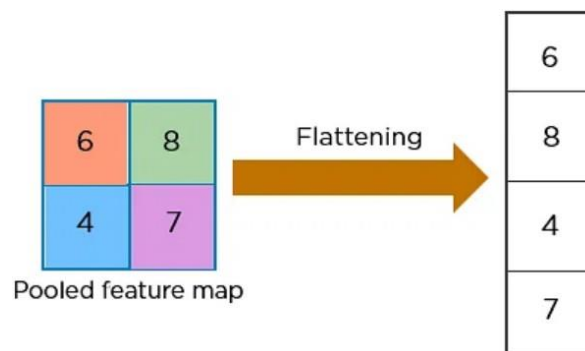


FIG. 2.8 : Opération de Flattening.

2.8 Quelques architectures connues de cnn :

2.8.1 AlexNet :

L'architecture AlexNet est un réseau de neurones convolutif développé en 1998 par Yann LeCun, Léon Bottou, Yoshua Bengio et Patrick Haffner. Il a été utilisé pour la reconnaissance de chiffres manuscrits dans le cadre de la compétition MNIST, et a été l'un des premiers modèles à démontrer des performances élevées dans cette tâche.

AlexNet commence avec des images de taille 227 x 227 x 3, et la couche de convolution suivante applique un filtre de 96 de dimension 11 x 11 avec un pas de 4. Cela réduit

la dimension du volume de sortie à 55×55 . Ensuite, une couche de regroupement est appliquée, utilisant un filtre de taille 3×3 avec un pas de 2 pour effectuer un "pooling" maximum. Le réseau continue ainsi et atteint finalement une couche fully connected (FC) avec 9216 nœuds, suivie de deux autres couches FC avec 4096 nœuds chacune. Enfin, il utilise la fonction Softmax avec 1000 classes de sortie pour effectuer la classification. Le modèle AlexNet compte au total 60 millions de paramètres.

L'architecture d'AlexNet a marqué une avancée significative dans le domaine de la vision par ordinateur et de la reconnaissance d'images. Ses performances remarquables sur le jeu de données MNIST ont contribué à l'essor des réseaux neuronaux convolutifs et à leur utilisation dans de nombreux domaines, tels que la détection d'objets, la reconnaissance faciale et la classification d'images à grande échelle.

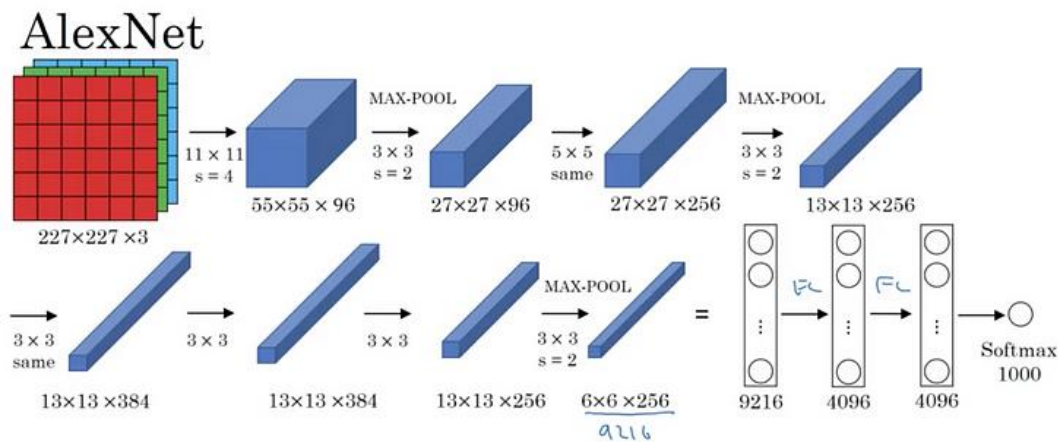


FIG. 2.9 : Architecture d'AlexNet.

2.8.2 VGG-16 :

C'est un modèle d'architecture plus simple car il n'utilise pas de nombreux hyperparamètres. Il utilise constamment des filtres de dimension 3×3 avec un pas de 1 dans la couche de convolution, et il applique le même padding dans les couches de pooling de dimension 2×2 avec un pas de 2.

Ce modèle suit une approche simplifiée en utilisant des filtres de petite taille et en effectuant des opérations de convolution et de pooling de manière cohérente. Cette approche permet de réduire la complexité du modèle et de faciliter l'apprentissage des caractéristiques importantes des données. En utilisant des filtres 3×3 et des couches de pooling 2×2 , il est capable de capturer des motifs locaux tout en réduisant progressivement la taille des caractéristiques extraites. La simplicité de cet modèle lui permet d'être efficace en termes de calcul et de mémoire, tout en maintenant de bonnes performances de reconnaissance et de classification. C'est une approche populaire dans de nombreux problèmes de vision par ordinateur, car elle offre un bon équilibre entre la précision et l'efficacité des ressources.

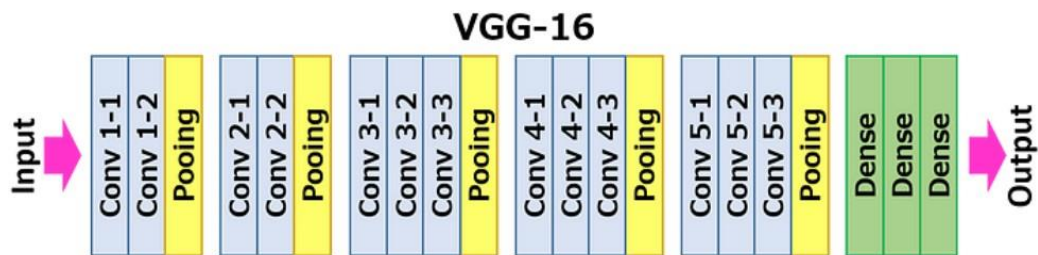


FIG. 2.10 : Architecture de VGG-16.

2.8.3 GoogLeNet :

Le modèle GoogLeNet, également appelé module d'Inception, a remporté le concours ILSVRC 2014. Il se distingue par son approche novatrice utilisant des chemins parallèles avec des tailles de champ réceptif variées. Grâce à cette architecture, il a réussi à obtenir un taux d'erreur top-5 de seulement 6,67% . [11]

2.8.4 ResNet

Le modèle ResNet (Residual Network), développé par Kaiming, a remporté le concours l'ILSVRC 2015. Ce modèle a révolutionné l'architecture des réseaux neuronaux. Une de ses principales caractéristiques est l'introduction du concept de "sauts de connexion". Contrairement aux architectures traditionnelles, où les informations traversent plusieurs couches de transformations linéaires, dans ResNet, une partie des informations est directement copiée et ajoutée à la sortie suivante. Cela permet de préserver les informations précédentes et facilite l'apprentissage en profondeur en évitant les problèmes de dégradation du gradient. Ce concept a considérablement amélioré les performances des réseaux

neuronaux profonds, ouvrant la voie à de nouvelles avancées dans le domaine de la vision par ordinateur.

2.9 Transfer learning avec deep learning

Le Transfer Learning, connu également sous le nom d'apprentissage par transfert en français, désigne un ensemble de méthodes permettant de transférer les connaissances acquises lors de la résolution d'un problème donné vers le traitement d'un autre problème. Le Transfer Learning a connu un succès remarquable avec l'émergence du Deep Learning. En effet, les modèles utilisés dans ce domaine nécessitent souvent des temps de calcul élevés et des ressources substantielles. Cependant, en utilisant des modèles pré-entraînés comme point de départ, le Transfer Learning offre la possibilité de développer rapidement des modèles performants et de résoudre efficacement des problèmes complexes en vision par ordinateur ou en traitement du langage naturel (NLP). [12]

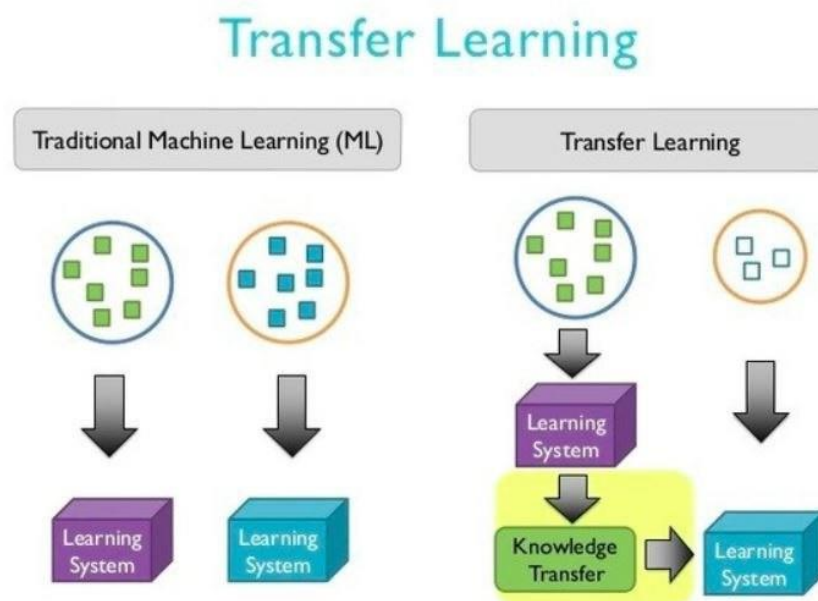


FIG. 2.11 : Différence entre le transfer learning et l'apprentissage machine.

Avec le Transfer Learning, nous avons la capacité d'utiliser un modèle pré-entraîné qui a été entraîné sur un large ensemble de données, mais pour une tâche complètement différente avec une sortie différente. L'objectif est alors d'identifier les couches du modèle qui produisent des caractéristiques réutilisables. La sortie de ces couches est utilisée comme caractéristiques d'entrée pour entraîner un réseau beaucoup plus petit, nécessitant moins de paramètres. Ce réseau plus petit n'a besoin d'apprendre que les relations spécifiques au problème traité, puisqu'il a déjà acquis les schémas et les motifs des données grâce au modèle pré-entraîné.

2.10 Conclusion

Ce chapitre sur le deep learning nous a permis de découvrir les principes fondamentaux de cette branche de l'intelligence artificielle. Nous avons abordé des concepts clés tels que la couche de convolution, la couche de pooling, la couche de correction ReLU et la couche fully-connected. Chacune de ces couches joue un rôle essentiel dans l'extraction des caractéristiques et la prise de décision des réseaux neuronaux. De plus, nous avons exploré les différents types de réseaux neuronaux convolutifs, tels que LeNet, AlexNet, GoogleLeNet, VGGNet et ResNet. Nous avons également découvert l'importance du Transfer Learning dans le développement de modèles performants tout en réduisant le temps de calcul et les ressources nécessaires. En utilisant des modèles pré-entraînés comme point de départ, nous pouvons exploiter les connaissances acquises sur des problèmes similaires et les adapter à de nouveaux problèmes, ce qui ouvre la voie à des avancées rapides et efficaces en vision par ordinateur, en traitement du langage naturel et en imagerie médicale en particulier. En effet, le deep learning offre des opportunités sans précédent pour résoudre des problèmes complexes, tels que la détection des tumeurs cérébrales, en utilisant des réseaux neuronaux profonds.

Chapitre 3

Etat de l'art sur la détection des tumeurs cérébrales

3.1 Introduction

Les modèles de deep learning, tels que les réseaux de neurones convolutifs (CNN), ont démontré une efficacité remarquable dans l'analyse des images médicales, en particulier les images d'IRM. Ces modèles ont la capacité d'extraire des caractéristiques significatives à partir des images et de les utiliser pour détecter et classifier les tissus cancéreux. Grâce à leur capacité d'apprentissage à partir de vastes ensembles de données d'entraînement, ils sont capables de généraliser et de classifier de nouvelles images avec précision. De nombreux travaux ont été réalisés dans le domaine médical en utilisant des modèles de deep learning pour la détection et la classification des tumeurs cérébrales. Dans ce chapitre, nous présenterons certaines techniques qui se révèlent pertinentes pour notre étude. Nous exposerons les principes de base de ces techniques, leurs résultats obtenus, et nous procéderons à une comparaison entre les différentes approches abordées. Cette revue des travaux existants nous permettra de mieux appréhender les avancées récentes dans le domaine de la détection et de la classification des tumeurs cérébrales en utilisant des modèles de deep learning. En analysant les différentes méthodes et résultats présentés, nous serons en mesure d'identifier les forces et les limites de chaque approche. Cette évaluation comparative nous aidera à guider nos propres choix méthodologiques et à proposer une approche adaptée à notre problématique spécifique.

3.2 Travaux connexes

3.2.1 Travail de Khan et al

Cette étude présente deux modèles d'apprentissage profond pour la détection de tumeurs cérébrales, en utilisant une classification binaire (normales et anormales) et une classification multiclassées (méningiome, gliome et hypophyse). Les auteurs ont utilisé deux ensembles de données accessibles au public, comprenant respectivement 3064 et 152 images d'IRM. [13] Pour construire leurs modèles, ils ont d'abord appliqué un CNN à 23 couches

sur le premier ensemble de données, en raison du grand nombre d'images d'IRM disponibles pour l'entraînement. Cependant, lorsqu'ils ont travaillé avec des volumes de données plus restreints, comme dans le deuxième ensemble de données, leur architecture "CNN à 23 couches" a rencontré un problème de surapprentissage. Afin de résoudre ce problème, les auteurs ont adopté une approche d'apprentissage par transfert, en combinant l'architecture VGG16 avec leur architecture proposée. Cette fusion d'architectures leur a permis de bénéficier des capacités de représentation des caractéristiques apprises par le modèle VGG16 tout en conservant les particularités de leur modèle de base. Ensuite, ils ont procédé à une comparaison de leurs modèles proposés avec ceux présentés dans la littérature.

Les résultats expérimentaux ont démontré que leurs modèles atteignaient une précision de classification allant jusqu'à 97,8 % et 100 % pour les ensembles de données utilisés. La Figure 3.1 illustre l'architecture proposée pour la détection des tumeurs cérébrales.

En utilisant des ensembles de données variés et en combinant différentes architectures de réseaux neuronaux, les auteurs ont pu obtenir des résultats prometteurs dans la détection des tumeurs cérébrales. Ces résultats démontrent l'efficacité de l'apprentissage profond dans ce domaine et soulignent l'importance de trouver des solutions adaptées aux différentes contraintes des ensembles de données. Leur approche de fusion d'architectures a permis de surmonter les limitations du modèle initial et d'améliorer les performances de classification. Ces résultats encourageants ouvrent la voie à de futures recherches et développements dans le domaine de la détection et de la classification des tumeurs cérébrales en utilisant des techniques d'apprentissage profond. Il reste cependant des défis à relever, tels que l'obtention de données d'IRM plus diversifiées et l'optimisation des architectures de réseaux neuronaux pour une meilleure généralisation.

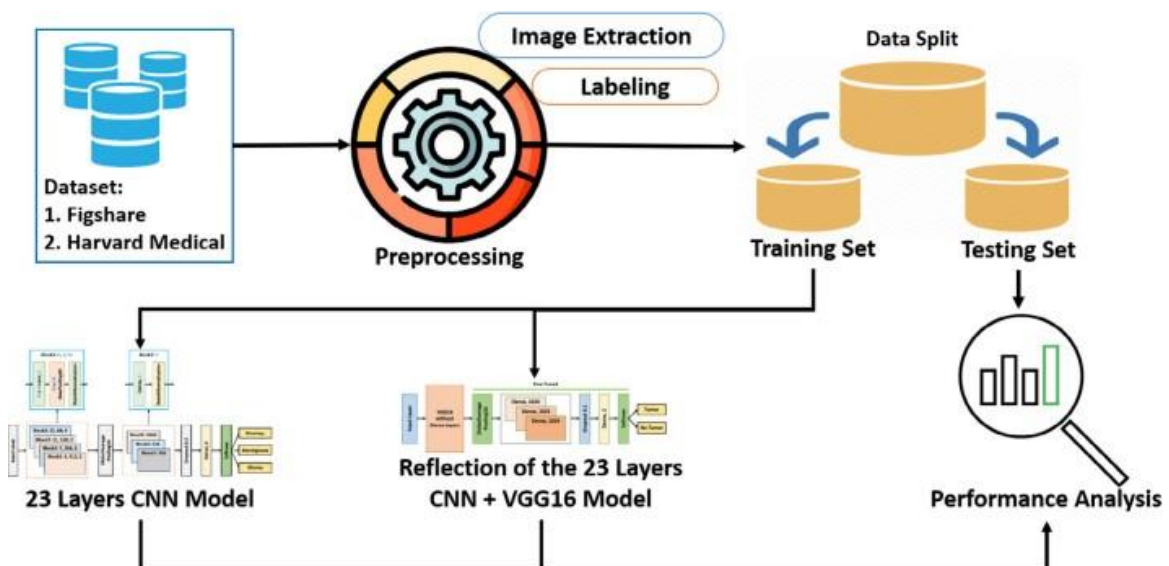


FIG. 3.1 : Stratégie proposée pour la détection des tumeurs cérébrales [13].

3.2.2 Travail de Chattopadhyay et Maitra

De nos jours, la vérification d'un grand nombre d'images d'IRM et la recherche manuelle d'une tumeur cérébrale par un être humain sont des tâches très fastidieuses et peu précises. Cela peut avoir un impact sur le bon traitement médical du patient et représente une activité chronophage en raison du grand nombre de jeux de données d'images impliqués. La similarité entre les tissus normaux et les cellules tumorales du cerveau rend la segmentation des régions tumorales difficile à réaliser. Il est donc essentiel de disposer d'une méthode de détection automatique de tumeurs hautement précise.

Dans cette deuxième étude, les auteurs ont proposé un algorithme pour segmenter les tumeurs cérébrales à partir d'images IRM cérébrales en 2D en utilisant un réseau de neurones convolutifs, suivi de classificateurs traditionnels et de méthodes d'apprentissage profond. Ils ont utilisé différentes images d'IRM présentant des tailles, des emplacements, des formes et des intensités d'image de tumeur diverses pour bien entraîner le modèle. De plus, ils ont appliqué un classificateur SVM et d'autres algorithmes d'activation tels que softmax, RMSProp et sigmoïde pour vérifier leur travail. Ils ont mis en œuvre leur méthode proposée en utilisant "TensorFlow" et "Keras" et le langage de programmation "Python".

Dans cette étude, les auteurs ont apporté une amélioration significative au modèle de base du CNN et ont développé une version considérablement améliorée. Leur modèle CNN à 9 couches comprend quatorze étapes, y compris des couches cachées, qui fournissent des résultats remarquables pour la détection des tumeurs. La Figure 3.2 présente le schéma de la méthodologie proposée.

Pour leur expérience, les auteurs ont utilisé l'ensemble de données BraTS 2020. Ils ont collecté un total de 2892 images avec différents types de séquences, tels que T1, T2 et FLAIR. Cet ensemble de données est composé de deux classes : la classe 1 correspond aux images tumorales et la classe 0 correspond aux images non tumorales. Initialement, les auteurs ont tenté d'implémenter SVM sur le CNN, mais ils ont obtenu une faible précision de seulement 20,83 %. Ensuite, ils ont essayé différentes combinaisons de paramètres. En modifiant le paramètre de la couche finale en softmax et l'optimiseur en AdaMax, ils ont obtenu une précision de 98,10 %. Lorsqu'ils ont changé l'optimiseur en RMSProp, la précision est montée à 99,74 %. Ces résultats ont été obtenus en utilisant 2473 images pour l'entraînement et 273 images pour les tests, avec un ratio de division de 9:1. De plus, les auteurs ont exclu environ 5 % des images de l'ensemble de données initial, qui comptait 2892 images, afin de prévenir le surajustement. [14]

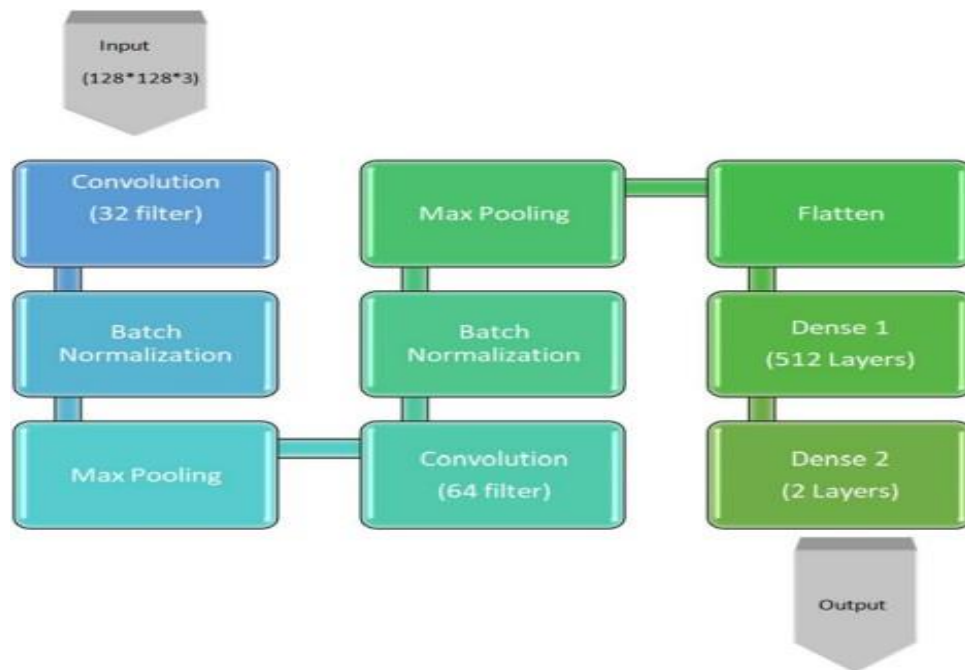


FIG. 3.2 : Méthodologie proposée pour la détection des tumeurs à l'aide d'un CNN à 9 couches [14].

3.2.3 Travail de Saeedi et al

Dans cette étude, les auteurs ont proposé deux méthodes d'apprentissage profond et plusieurs approches d'apprentissage automatique pour diagnostiquer trois types de tumeurs, à savoir les gliomes, les méningiomes et les tumeurs de l'hypophyse, ainsi que les cerveaux sains sans tumeurs, en utilisant des images IRM cérébrales afin de permettre aux médecins de détecter avec une grande précision les tumeurs à un stade précoce [15].

Un ensemble de données contenant 3264 images IRM cérébrales comprenant des images de gliomes, de méningiomes, de tumeurs de l'hypophyse et de cerveaux sains a été utilisé dans cette étude. Tout d'abord, des algorithmes de prétraitement et d'augmentation ont été appliqués aux images. Ensuite, les auteurs ont développé un nouveau réseau CNN 2D et un réseau auto-encodeur convolutif, tous deux entraînés avec des hyperparamètres définis.

Le CNN proposé comprend plusieurs couches de convolution ; toutes les couches de ce réseau hiérarchique avaient une fonction de noyau 2×2 . Ce réseau était composé de huit couches de convolution et de quatre couches de pooling, et après toutes les couches de convolution, des couches de normalisation par lots ont été appliquées. Le réseau auto-encodeur modifié comprenait un réseau auto-encodeur convolutif et un réseau convolutif pour la classification qui utilisait la dernière couche d'encodeur de sortie de la première partie (voir Figure 3.3).

De plus, six techniques d'apprentissage automatique qui avaient été utilisées pour classer les tumeurs cérébrales ont également été comparées dans cette étude.

L'accuracy de l'entraînement du CNN proposé et celle du réseau auto-encodeur pro-

posé étaient respectivement de 96,47 % et 95,63 %. Les valeurs moyennes de rappel pour le CNN et les réseaux auto-encodeurs étaient respectivement de 95 % et 94 %. Les courbes ROC pour les deux réseaux étaient de 0,99 ou 1. Parmi les méthodes d'apprentissage automatique utilisées, le perceptron multicouche (MLP) (28 %) et les k plus proches voisins (KNN) (86 %) avaient obtenu les taux de précision les plus bas et les plus élevés, respectivement. Des tests statistiques avaient montré une différence significative entre les moyennes des deux méthodes développées dans cette étude et plusieurs méthodes d'apprentissage automatique (valeur $p < 0,05$).

Cette étude a montré que le CNN proposé présentait une précision optimale dans la classification des tumeurs cérébrales. La comparaison des performances de différents CNN et méthodes d'apprentissage automatique dans le diagnostic des trois types de tumeurs cérébrales avait révélé que le CNN proposé avait présenté des performances exemplaires et un temps d'exécution optimal sans latence. Ce réseau proposé était moins complexe que le réseau auto-encodeur et pouvait être utilisé par les radiologues et les médecins dans les systèmes cliniques de détection des tumeurs cérébrales.

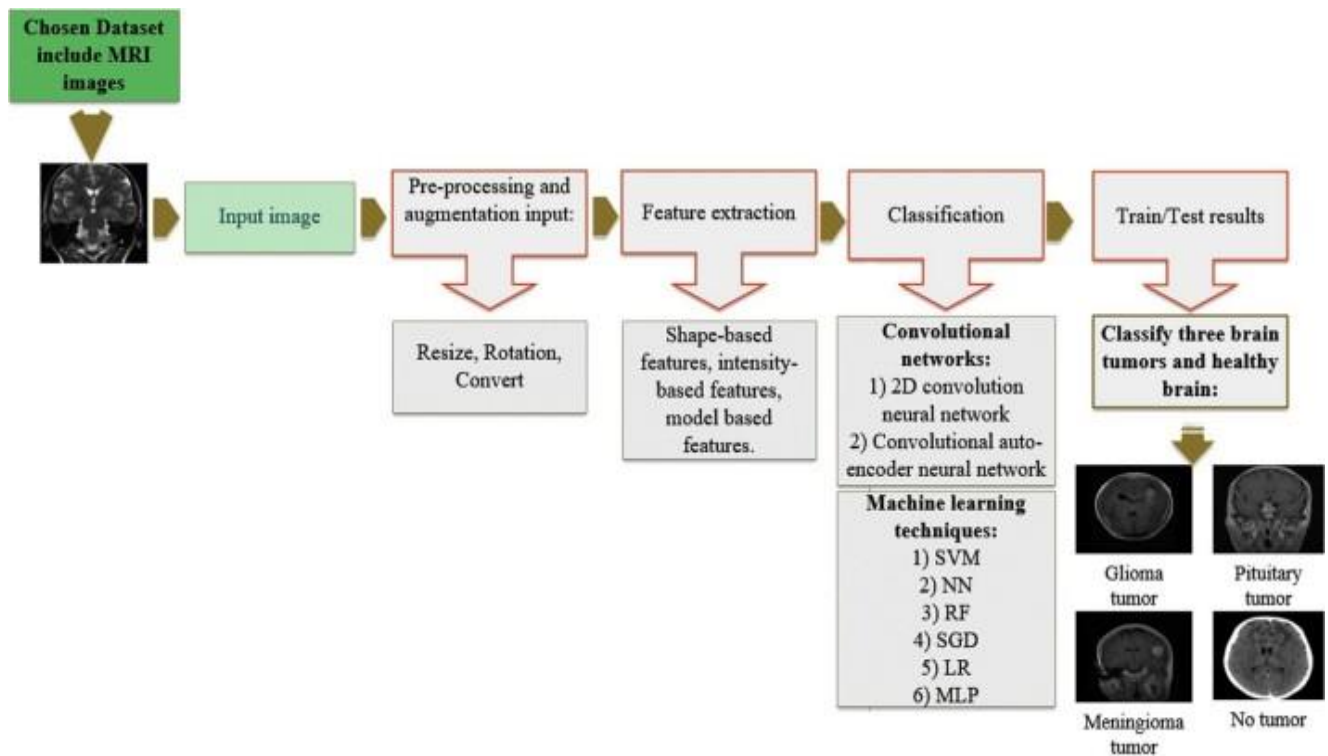


FIG. 3.3 : Les différentes étapes de la méthodologie proposée dans [15].

3.2.4 Travail de Tiwari et al.

Le modèle CNN proposé dans cette étude était composé de 6 couches, dont 4 couches de convolution, 1 couche entièrement connectée et 1 couche de sortie pour la classification. Il comprenait également 6 couches de normalisation par lots (BN), une activation ReLU, 3 couches d'abandon (dropout), une couche Flatten et une couche de mise en commun maximale (max pooling) [16]. Ce modèle apprenait automatiquement à extraire des caractéristiques hiérarchiques en utilisant une succession de couches cachées. La couche de sortie générait un vecteur quadridimensionnel correspondant à 4 classes de tumeur cérébrale (Glioma, Meningioma, Pituitary, Normal), et une fonction softmax était appliquée aux sorties de cette couche pour obtenir l'étiquette de classe finale. L'objectif de la construction de ce réseau personnalisé était de réduire le taux d'apprentissage et le nombre de paramètres tout en préservant une précision de détection élevée.

Layer type	Filter	Kernel size	Output shape	Param#
Input layer	—	—	$224 \times 224 \times 3$	0-
Convolution	64	3×3	$224 \times 224 \times 64$	1792
Activation	—	—	$224 \times 224 \times 64$	0
BN	—	—	$224 \times 224 \times 64$	256
Convolution	64	3×3	$222 \times 222 \times 64$	36928
Activation	—	—	$222 \times 222 \times 64$	0
Max pooling	1	2×2	$111 \times 111 \times 64$	0
BN	—	—	$111 \times 111 \times 64$	256
Dropout	—	—	$111 \times 111 \times 64$	0
Convolution	64	3×3	$109 \times 109 \times 64$	36928
Activation	—	—	$109 \times 109 \times 64$	0
Max pooling	1	2×2	$54 \times 54 \times 64$	0
BN	—	—	$54 \times 54 \times 64$	256
Dropout	—	—	$54 \times 54 \times 64$	0
Convolution	64	3×3	$54 \times 54 \times 64$	36928
Activation	—	—	$54 \times 54 \times 64$	0
BN	—	—	$54 \times 54 \times 64$	256
Flatten	—	—	186624	0
Dropout	—	—	186624	0
FC	—	—	512	95552000
Activation	—	—	512	0
BN	—	—	512	2048
Output layer	—	—	4	2052
Total params: 95,706,884				
Trainable params: 95,705,220				
Nontrainable params: 1,664				

TAB. 3.4 : Description du modèle CNN proposé dans [16].

Pour tester l'exactitude et les performances du modèle, l'ensemble de données utilisé était le jeu de données de classification des tumeurs cérébrales (IRM) de l'Open Cancer Consortium (OCC) disponible sur Kaggle, en licence publique. Cet ensemble de données contenait au total 3264 IRM, divisées en un ensemble d'entraînement et un ensemble de test. Ce modèle obtenait une précision de 99 % lors des tests sur cet ensemble de données. La figure 3.4 donne une description du modèle proposé dans cette étude.

3.2.5 Travail de Mahmud et al.

Dans cette étude, les auteurs ont utilisé une architecture CNN personnalisée pour la détection des tumeurs cérébrales (Glioma, Meningioma, Pituitary, Normal).

L'image d'entrée, de taille 32 x 32 pixels, a été soumise à une couche convolutive initiale comprenant 16 filtres de taille 3 x 3 afin d'extraire des caractéristiques génériques. La sortie de cette couche a ensuite été soumise à une couche de mise en commun maximale, réduisant de moitié la taille des données spatiales. Cette procédure a été répétée avec une autre couche convolutive et de mise en commun.

Finalement, une couche convolutive finale a été appliquée, générant une carte de caractéristiques de taille 4 x 4 x 64. Cette sortie a été aplatie et transmise à une couche entièrement connectée composée de 4160 neurones, suivie d'une couche de sortie avec une activation softmax (Voir Figure 3.5). Pour leur ensemble de données, les auteurs ont utilisé des données en ligne accessibles au public sur Kaggle.com afin de détecter les tumeurs cérébrales. Les quatre types de tumeurs cérébrales utilisés dans cette étude étaient le méningiome (937 images), l'absence de tumeur (500 images), la tumeur de l'hypophyse (900 images) et la tumeur de gliome (926 images). Au total, les auteurs ont utilisé 3264 images d'IRM. Le modèle CNN proposé dans cette étude a obtenu une précision de 93,3 %, une SSC de 98,43 %, un rappel de 91,19 % et une perte de 0,25. [17]

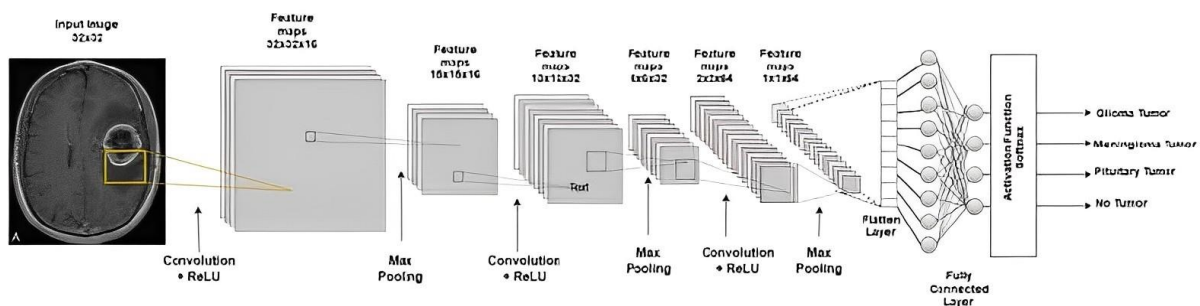


FIG. 3.5 : Architecture du modèle CNN proposé dans [17].

3.2.6 Travail de Siddique et al.

Cette étude de recherche s'est concentrée sur le développement et l'utilisation d'un réseau DCNN dans le but de diagnostiquer les tumeurs cérébrales à partir d'images de spectroscopie par résonance magnétique (MRS). L'ensemble de données utilisé dans cette

étude comprenait 253 images IRM du cerveau, dont 155 images contenaient des tumeurs. Le modèle proposé a démontré un haut niveau de précision, atteignant un taux remarquable de 96 % pour identifier les images IRM avec des tumeurs [18]. La Figure 3.6 donne une description du modèle CNN utilisé dans cette étude.

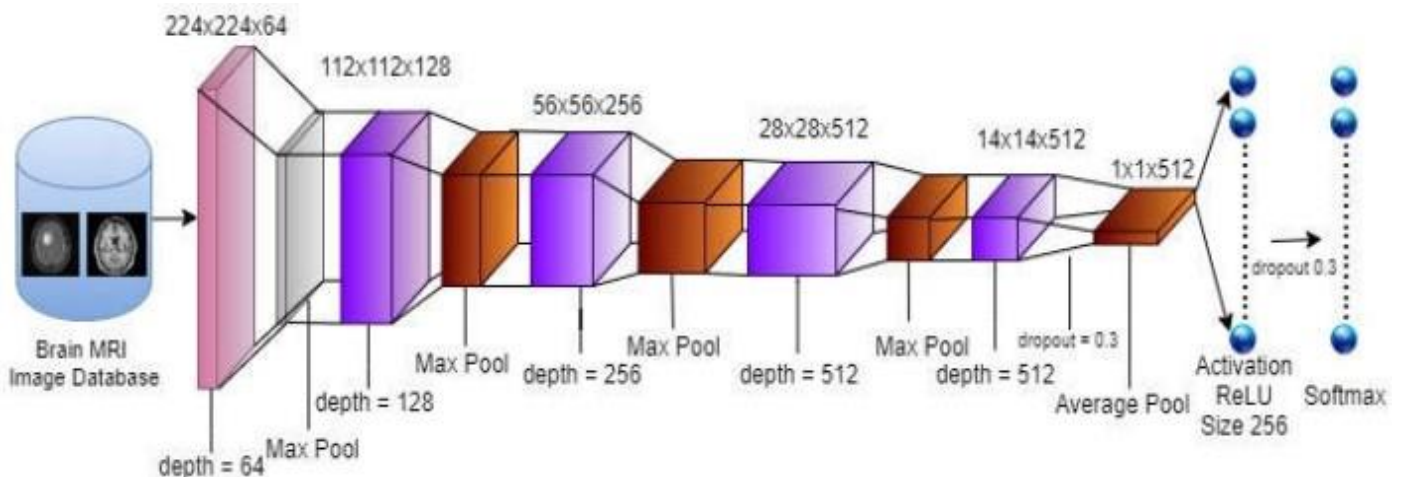


FIG. 3.6 : Architecture du modèle CNN proposé dans [18].

3.2.7 Travail de Alsubai et al.

Cette étude a proposé un modèle hybride d'apprentissage profond appelé Réseau de Neurones Synthétiques avec Mémoire à Court Terme (CNN-LSTM) pour classifier et prédire les tumeurs cérébrales à partir d'images IRM [19].

Des expériences ont été menées avec un ensemble de données d'images IRM cérébrales. Tout d'abord, les données ont été prétraitées de manière efficace, puis le réseau de neurones synthétiques (CNN) a été utilisé pour extraire les caractéristiques importantes des images. Le modèle proposé a prédit les tumeurs cérébrales avec une précision de 99,1 %, une exactitude de 98,8 %, un rappel de 98,9 % et une mesure F1 de 99,0 % (voir Figure 6). La figure 3.7 présente l'architecture du modèle proposé dans cette étude.

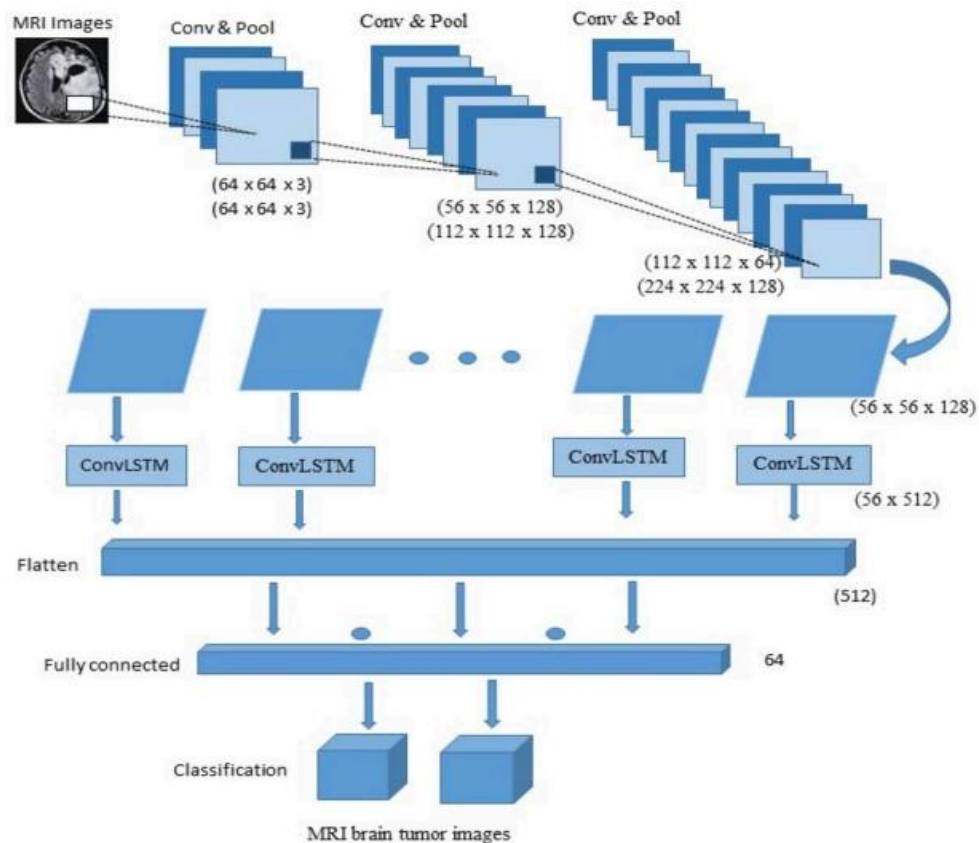


FIG. 3.7 : Architecture du modèle hybride CNN-LSTM proposé dans [19].

3.2.8 Travail de Hossain et al.

L'objectif principal de cette étude a été de distinguer les pixels normaux des pixels anormaux en se basant sur des caractéristiques basées sur la texture et des caractéristiques statistiques. Dans cette étude, une méthode pour extraire les tumeurs cérébrales à partir d'images IRM cérébrales a été proposée en utilisant l'algorithme de clustering Fuzzy C-Means, suivi de classifications conventionnelles et d'un réseau CNN. L'étude expérimentale a été réalisée sur un ensemble de données en temps réel comprenant différentes tailles, localisations, formes et intensités de tumeurs cérébrales. Dans la partie de classification traditionnelle, six classifications traditionnelles ont été appliquées : Machine à Vecteurs de Support (SVM), K plus Proches Voisins (KNN), Perceptron Multicouche (MLP), Régression Logistique, Bayes Naïf et Forêt Aléatoire, qui ont été mises en œuvre in situ. Ensuite, les auteurs ont utilisé un modèle CNN personnalisé (voir Figure 3.8) mis en œuvre avec Keras et Tensorflow, car il offrait de meilleures performances que les méthodes traditionnelles. Le modèle CNN a atteint une précision de 97,87% [20].

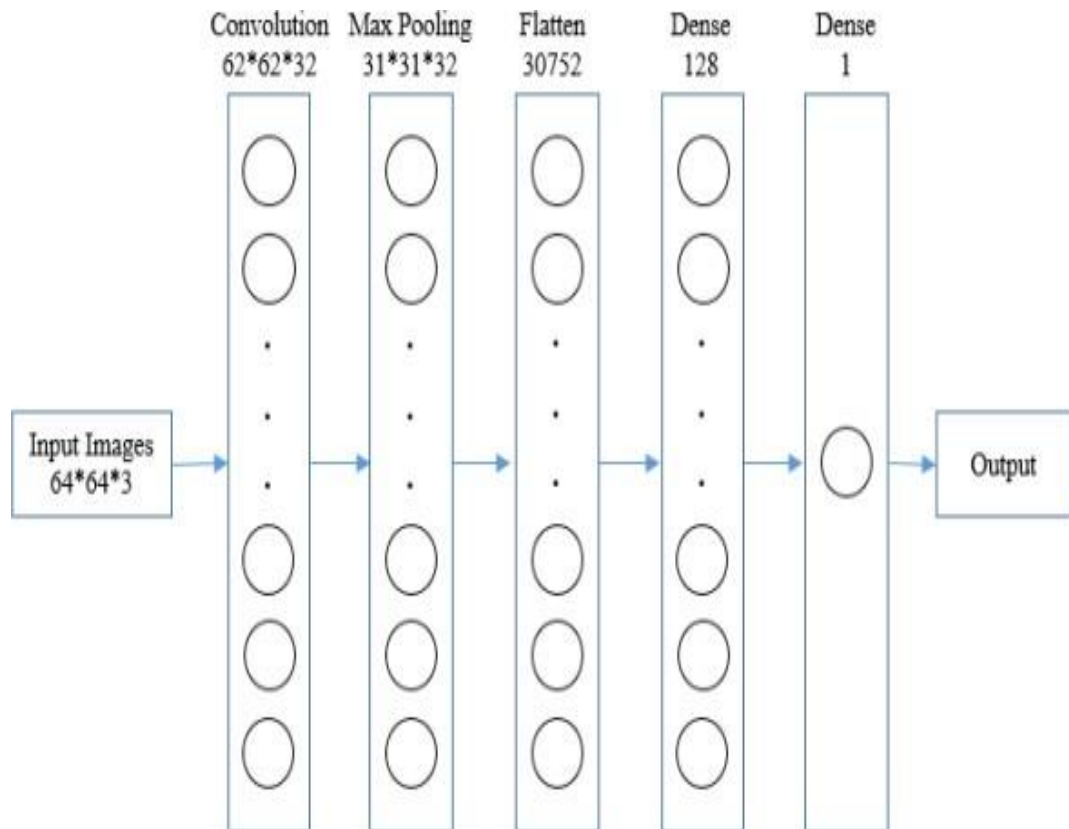


FIG. 3.8 : Architecture du modèle CNN à 5 couches utilisé dans [20].

3.2.9 Travail de Ranjbarzadeh et al.

La localisation et la segmentation des tumeurs cérébrales à partir des images IRM sont des tâches difficiles et importantes pour plusieurs applications dans le domaine de l'analyse médicale. Étant donné que chaque modalité d'imagerie cérébrale fournit des détails uniques et essentiels liés à chaque partie de la tumeur, de nombreuses approches récentes utilisent quatre modalités : T1, T1c, T2 et FLAIR. Bien que beaucoup d'entre elles aient obtenu des résultats prometteurs en termes de segmentation sur l'ensemble de données BRATS 2018, elles souffrent d'une structure complexe qui nécessite plus de temps pour l'entraînement et les tests. L'étude proposée par Ranjbarzadeh et al. [21]

avait pour objectif la construction d'un système de segmentation des tumeurs cérébrales flexible et efficace. Les auteurs ont tout d'abord proposé une approche de prétraitement pour travailler uniquement sur une petite partie de l'image plutôt que sur la totalité de l'image. Cette méthode a permis de réduire le temps de calcul et de surmonter les problèmes de surajustement dans un modèle d'apprentissage profond en cascade. Dans la deuxième étape, étant donné que le but était de traiter une partie plus petite des images cérébrales dans chaque coupe, les auteurs ont proposé un modèle simple et efficace de Réseau de Convolution en Cascade (C-ConvNet/C-CNN). Ce modèle C-CNN exploite à la fois des caractéristiques locales et globales dans deux itinéraires différents. De plus, pour améliorer la précision de la segmentation des tumeurs cérébrales, les auteurs ont introduit un nouveau mécanisme d'Attention basé sur la Distance (DWA). Le mécanisme DWA prend en compte l'effet de l'emplacement central de la tumeur et du cerveau à l'intérieur du modèle. Des expériences exhaustives ont été réalisées sur l'ensemble de données BRATS 2018 et montrent que le modèle proposé obtient des résultats importants : la méthode proposée atteint respectivement des scores Dice moyens pour l'ensemble de la tumeur, la tumeur en rehaussement et le noyau de la tumeur de 0,9203, 0,9113 et 0,8726.

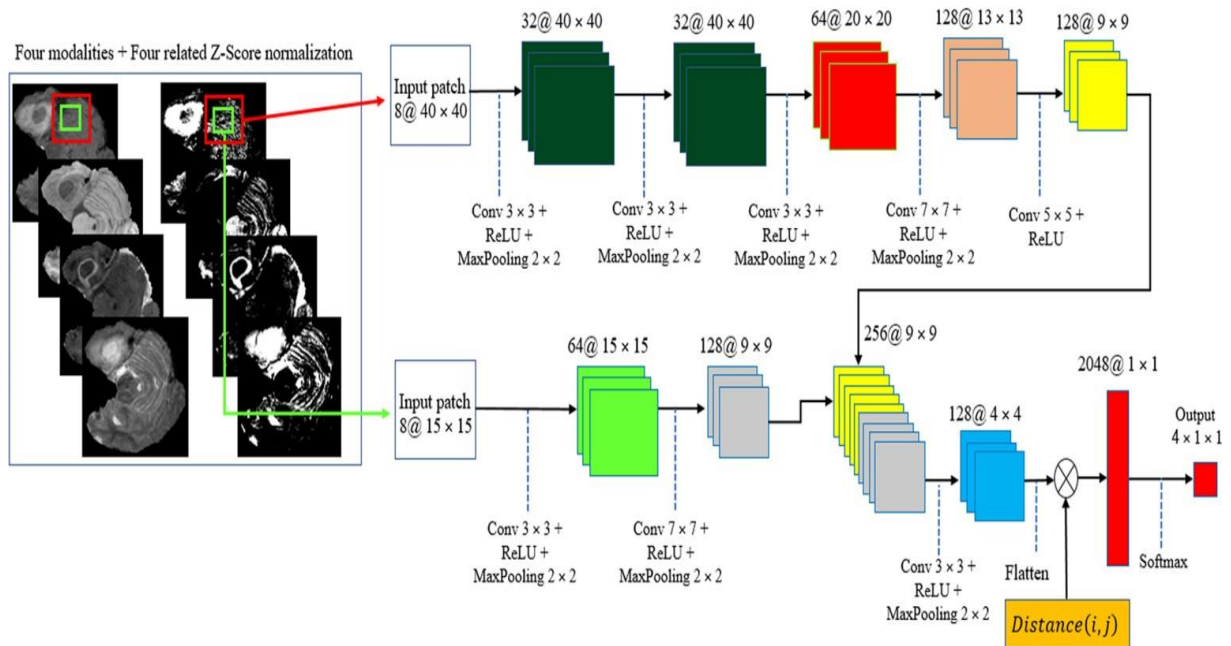


FIG. 3.9 : Structure en cascade utilisée dans [21].

3.2.10 Synthèse des travaux

Le tableau ci-dessous présente une comparaison en termes de la métrique de précision (accuracy) entre les différentes études abordées dans ce chapitre :

Etude	Accuracy
Khan et al. [13]	97,8 %
Chattopadhyay et Maitra [14]	99,74%
Saeedi et al. [15]	96,47%
Tiwari et al. [16]	99 %
Mahmud et al. [17]	98,43%
Siddique et al. [18]	96 %
Alsubai et al. [19]	98,8%
Hossain et al. [20]	97,87%
Ranjbarzadeh et al. [21]	92,03% (Dice)

TAB. 3.2 : Comparaisons entre les différentes études.

3.3 Conclusion

L'état de l'art des méthodes utilisées pour la détection et la classification du cancer du cerveau repose sur l'utilisation de l'imagerie médicale, en particulier l'imagerie par résonance magnétique (IRM), combinée à des techniques d'apprentissage automatique telles que les réseaux de neurones profonds. Ces approches ont démontré des résultats encourageants et continuent d'être étudiées et améliorées afin d'améliorer le diagnostic et le traitement du cancer du cerveau. Au cours de ce chapitre, nous avons examiné quelques méthodes existantes pour la détection et la classification des tumeurs cérébrales. Nous avons souligné l'importance de l'imagerie médicale, notamment l'IRM, dans la visualisation et la compréhension des tumeurs cérébrales. De plus, nous avons exploré l'utilisation des techniques d'apprentissage profond, en mettant l'accent sur les CNN, pour analyser les images d'IRM et extraire des informations diagnostiques précieuses. Il est important de noter que malgré les avancées significatives dans ce domaine, il reste encore des défis à relever. Par exemple, l'amélioration de la précision et de la fiabilité des méthodes de détection et de classification, la gestion des données volumineuses et hétérogènes, ainsi que l'intégration des résultats dans la pratique clinique sont des aspects sur lesquels les chercheurs continuent de se concentrer. En fin de compte, l'objectif ultime de ces recherches est d'améliorer les soins aux patients atteints de cancer du cerveau en fournissant des outils de diagnostic plus précis et en aidant les cliniciens à prendre des décisions éclairées.

Chapitre 4

Expériences et résultats

4.1 Introduction

Les techniques d'apprentissage automatique sont largement utilisées dans le domaine de la recherche en imagerie médicale, où elles sont utilisées pour des tâches de classification binaire et multiclassées. Les cliniciens reconnaissent depuis longtemps l'efficacité des classificateurs tels que les machines à vecteurs de support (SVM) et les algorithmes de classification tels que k-Nearest Neighbors (k-NN). Cependant, récemment, le Deep Learning est apparu comme une méthode fondamentale pour améliorer considérablement les performances des techniques d'apprentissage automatique existantes et pour résoudre des problèmes qui étaient auparavant considérés comme insolubles. De plus, le deep learning a un impact sur de nombreux autres domaines de la science. Par conséquent, il est essentiel que les chercheurs en imagerie médicale adoptent les techniques de deep learning à tous les niveaux. Dans ce chapitre, nous allons appliquer les techniques d'apprentissage profond à la classification des images pathologiques, et plus spécifiquement à la détection des tumeurs cérébrales. Nous utiliserons plusieurs architectures de modèles CNN pour cette tâche.

4.2 Bases d'images utilisées

Pour mener à bien notre projet de détection des tumeurs cérébrales, nous avons utilisé plusieurs bases d'images IRM cérébrales. Afin de construire notre base de données pour l'apprentissage, la validation et les tests de nos modèles CNN, nous avons exploré différentes plateformes spécialisées dans la recherche médicale, telles que la plateforme "OASIS-Brains", ainsi que des plateformes open source, notamment la plateforme "Github". Ces plateformes présentent l'avantage de ne poser aucune condition ni obligation quant à l'utilisation des données. Il est important de souligner que les données utilisées sont entièrement anonymes et ne contiennent aucune autre information que les images elles-mêmes.

Pour entraîner et tester nos modèles, nous avons utilisé deux bases d'images. La première base est composée d'environ 2577 images IRM au format JPEG, réparties en deux

classes :

- Classe 1 : présence de la tumeur, désignée par "Yes", avec 1253 images.
- Classe 2 : absence de la tumeur, désignée par "No", avec 1324 images. La deuxième base contient 3064 images et est composée de trois classes correspondant aux trois types de tumeurs :
 - Classe 1 : tumeur de type Glioma.
 - Classe 2 : tumeur de type Meningioma.
 - Classe 3 : tumeur de type Pituitary.

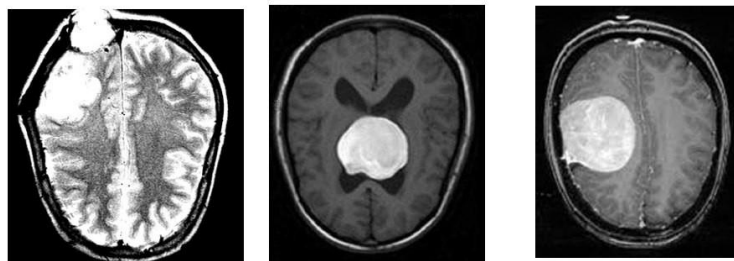


FIG. 4.1 : Exemples d'images IRM de la première base de la classe « Yes ».

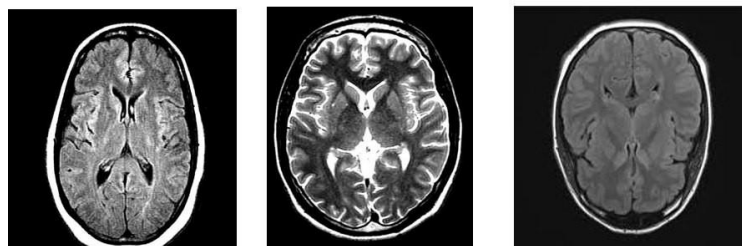


FIG. 4.2 : Exemples d'images IRM de la première base de la classe « No »

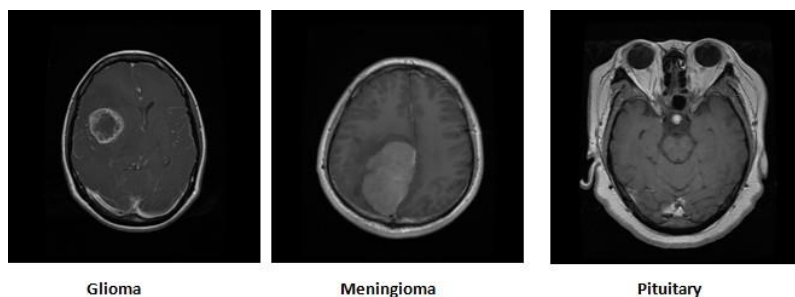


FIG. 4.3 : Exemples d'images IRM de la deuxième base.

L'apprentissage des modèles de deep learning nécessite généralement de vastes bases d'images. Plus la base d'images est grande, meilleure est la qualité de l'apprentissage.

Cependant, le nombre d'images dont nous disposions était insuffisant pour entraîner efficacement nos réseaux de neurones. Afin de remédier à ce problème, nous avons opté pour une solution pratique : la "Data augmentation", une technique de traitement d'image qui nous a permis de générer davantage de données/images à partir des données originales. Dans la suite, nous présenterons cette technique et expliquerons son fonctionnement.

4.3 Métriques d'évaluation

La métrique la plus couramment utilisée pour évaluer les modèles de classification en apprentissage automatique est l'accuracy. Cette métrique est définie comme le pourcentage de prédictions correctes effectuées par un modèle, calculé en divisant le nombre de prédictions correctes par le nombre total de prédictions. En plus de l'accuracy, d'autres métriques telles que la sensibilité et la spécificité sont également utilisées pour l'évaluation. Ces métriques sont calculées en fonction de quatre paramètres de performance : vrai positif (TP), vrai négatif (TN), faux positif (FP) et faux négatif (FN). Les détails de ces calculs sont présentés dans les Équations 4.1, 4.2 et 4.3.

$$acc = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (4.1)$$

$$spe = \frac{TN}{TN + FP} \quad (4.2)$$

$$sens = \frac{TP}{TP + FN} \quad (4.3)$$

4.4 Division de la base d'images

La division de l'ensemble de données en apprentissage profond est couramment réalisée en le séparant en trois parties : un ensemble d'entraînement, un ensemble de validation et un ensemble de test. En général, on réserve environ 70% des données pour l'ensemble d'entraînement, 20% pour l'ensemble de test et 10% pour l'ensemble de validation. Cette répartition permet d'utiliser la majorité des données pour entraîner le modèle et évaluer sa performance sur l'ensemble de test. L'ensemble de validation est utilisé pour ajuster les hyperparamètres du modèle et prendre des décisions concernant son architecture ou ses paramètres afin d'optimiser ses performances. Il est important de noter que ces pourcentages peuvent varier en fonction du contexte et de la taille de l'ensemble de données. Certaines tâches ou domaines spécifiques peuvent nécessiter des répartitions différentes afin d'adapter au mieux le modèle aux caractéristiques des données.

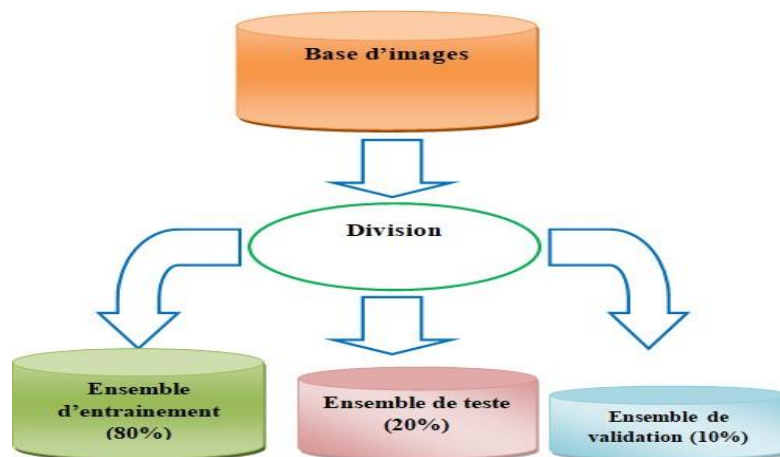


FIG. 4.4 : Division de la base d'images.

4.5 Augmentation des données

L'augmentation est le processus consistant à augmenter la taille ou la quantité de quelque chose. En apprentissage profond, les réseaux de neurones convolutifs nécessitent une quantité importante de données d'entraînement pour généraliser efficacement et atteindre une précision élevée. Cependant, il arrive que les données d'images disponibles ne soient pas en quantité suffisante. Dans de tels cas, nous recourons à des techniques permettant d'augmenter notre ensemble de données d'entraînement. Cela implique de créer artificiellement de nouvelles données en manipulant les données existantes à l'aide de techniques telles que la rotation aléatoire, les décalages, le cisaillement et les retournements (nous examinerons certaines de ces techniques ultérieurement). L'augmentation d'images est le processus de génération de nouvelles images pour l'entraînement de notre modèle d'apprentissage profond. Ces nouvelles images sont générées à partir des images d'entraînement existantes, ce qui nous dispense de collecter manuellement de nouvelles données. [1]

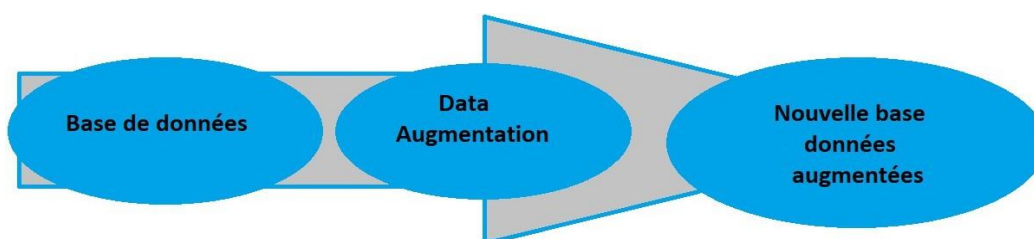


FIG. 4.5 : Division de la base d'images.

Lors de l'entraînement d'un modèle, la bibliothèque de Deep Learning Keras offre une fonctionnalité intéressante connue sous le nom d'augmentation automatique des données. Cette fonctionnalité est rendue possible grâce à la classe `ImageDataGenerator`. Ainsi, il est possible d'instancier cette classe et de configurer les différentes techniques d'augmentation des données en fournissant des arguments au constructeur de la classe. La figure 4.6 présente les techniques d'augmentation utilisées lors de la phase d'apprentissage de nos

modèles.

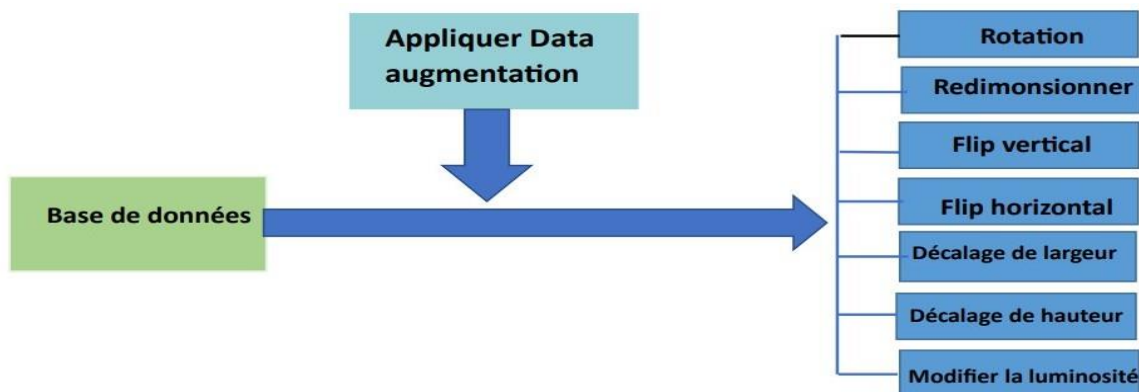


FIG. 4.6 : Différents types de techniques d'augmentation utilisées

4.6 Logiciels et bibliothèques utilisés

4.6.1 Python

Python est le langage de programmation le plus largement utilisé dans le domaine de l'intelligence artificielle, en particulier dans le domaine de l'apprentissage profond. Sa popularité s'explique par sa simplicité, sa lisibilité du code et sa vaste communauté de développeurs.

Python dispose d'un écosystème riche en bibliothèques spécialisées pour le traitement de l'image, la manipulation des données et la mise en œuvre des réseaux neuronaux. Certaines des bibliothèques les plus utilisées dans le deep learning incluent TensorFlow, Keras, PyTorch et scikit-learn. La syntaxe claire et expressive de Python facilite le développement et la compréhension des algorithmes de deep learning. De plus, la disponibilité d'outils de visualisation tels que Matplotlib permet d'analyser les résultats et de mieux comprendre le fonctionnement des modèles. En outre, Python bénéficie d'une large base de connaissances grâce à une communauté active et engagée.

4.6.2 Bibliothèques Python

a) TensorFlow :

TensorFlow est une bibliothèque de deep learning développée par l'équipe Google Brain. C'est une boîte à outils qui permet de résoudre des problèmes mathématiques complexes. Elle facilite le développement d'architectures d'apprentissage expérimentales.

b) Keras :

Keras est une interface de réseau neuronal de haut niveau écrite en Python. Elle peut s'exécuter sur TensorFlow, CNTK ou Theano. Keras a été développé pour permettre une expérimentation rapide. Il prend en charge les réseaux convolutifs, récurrents et leurs

combinaisons. Keras est compatible avec Python 2.7/3.6 et les versions ultérieures. À l'origine, Keras a été développé dans le cadre du projet de recherche ONEIROS (Open Integrated Neuro-Electronic Intelligent Robot Operating System).

c) NumPy :

NumPy est l'une des bibliothèques les plus importantes lorsque l'on travaille sur des projets Python. Elle permet de manipuler de grands tableaux, d'effectuer des opérations arithmétiques, des conversions, etc.

d) Pandas :

Pandas est utilisé pour organiser les données et les rendre plus faciles à utiliser et à comprendre. Il permet de les structurer sous forme de "dataframes" qui offrent une représentation claire des données et des options de personnalisation.

e) Matplotlib :

Pandas est utilisé pour organiser les données et les rendre plus faciles à utiliser et à comprendre. Il permet de les structurer sous forme de "dataframes" qui offrent une représentation claire des données et des options de personnalisation.

f) Matplotlib :

Tkinter (Tool kit interface) est une bibliothèque graphique libre et originale pour Python. Elle permet de créer facilement des interfaces graphiques de manière intuitive.

g) Google Colab :

Google Colab, ou "Colaboratory", est un service cloud gratuit proposé par Google. Il est spécialement conçu pour favoriser la recherche en apprentissage profond et en intelligence artificielle, en éliminant la nécessité de calculs lourds sur les ordinateurs locaux. La plateforme permet de développer et d'entraîner des modèles d'apprentissage profond directement dans le cloud. Ainsi, il n'est pas nécessaire d'installer des logiciels sur votre ordinateur, à l'exception d'un navigateur web. Les avantages de Google Colab sont les suivants :

- Développement d'applications d'apprentissage en profondeur en utilisant des bibliothèques Python populaires telles que Keras, TensorFlow, PyTorch et OpenCV.
- Utilisation d'un environnement de développement (Jupyter Notebook) qui ne nécessite aucune configuration.
- Utilisation gratuite des GPU et des TPU (Tensor Processing Units). Google Colaboratory fonctionne sur les serveurs de Google, ce qui signifie que nous n'avons rien à installer. De plus, les documents Colab (Jupyter Notebook) sont enregistrés directement sur notre compte Google Drive.

4.7 Architectures des modèles proposés

4.7.1 Modèle 1 (le modèle de base)

L'architecture du Modèle 1 est un CNN avec plusieurs idées novatrices et performantes. La première idée est l'utilisation de branches parallèles pour extraire plusieurs types de cartes de caractéristiques. Une deuxième idée consiste à alterner entre max pooling et average pooling au lieu d'utiliser uniquement le max pooling, ce qui permet d'extraire des cartes de caractéristiques basées à la fois sur l'information de contour et de région. L'idée de fusion est également utilisée pour augmenter le nombre d'informations générées. La couche de sortie de ce modèle est composée de deux neurones pour permettre la classification en tumeur ou non tumeur. La Figure 4.7 présente une description de l'architecture du Modèle 1. Le modèle 1 utilise une entrée avec une forme de (224, 224, 3), ce qui signifie que les images en entrée doivent avoir une taille de 224x224 pixels avec 3 canaux de couleur (RGB). Le modèle commence par le bloc A, qui comprend deux couches de convolution avec une fonction d'activation ReLU, suivies de la normalisation par lot (BatchNormalization) et une autre fonction d'activation ReLU. Ensuite, il applique une couche de max pooling pour réduire la taille spatiale des caractéristiques. Le bloc B est une couche de convolution suivie de la normalisation par lot, de l'activation ReLU et d'une couche de pooling moyenne pour réduire la taille. Le bloc C est similaire au bloc B, mais avec une taille de filtre différente. Le bloc D est également similaire au bloc B, mais avec une taille de filtre différente. Le bloc E est composé de deux couches de convolution avec une activation ReLU, suivies de la normalisation par lot et d'une activation ReLU supplémentaire. Enfin, il applique une opération de pooling global moyenne pour obtenir une représentation globale des caractéristiques. Après le bloc E, il y a deux couches entièrement connectées (Dense) avec des activations ReLU. La première couche compte 64 neurones et la deuxième en compte 32. Un dropout de 0.4 est appliqué entre les deux couches pour éviter le surapprentissage. Enfin, le modèle se termine par une couche de sortie avec 2 neurones et une activation sigmoïde pour la classification binaire.

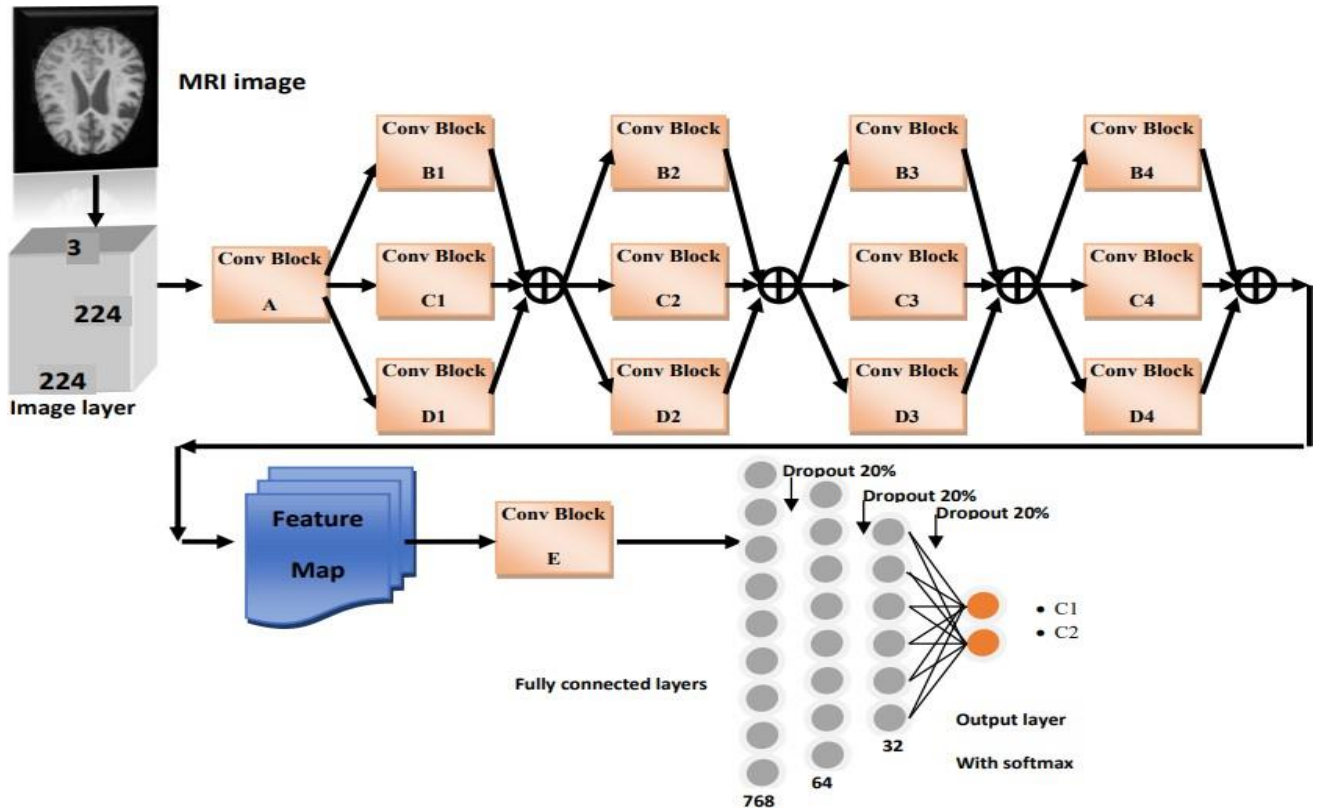


FIG. 4.7 : Architecture du modèle 1.

4.7.2 Modèle 2

Le modèle 2 est une architecture de réseau CNN composée de plusieurs blocs : blockA, blockB, blockC et blockD. Ces blocs sont combinés pour former le modèle CNN. Le blockA effectue deux convolutions successives avec 64 filtres en utilisant des noyaux de taille 3x3 et une fonction d'activation ReLU. Après chaque convolution, il applique également une normalisation par lots (batch normalization) et une activation ReLU. Ensuite, il effectue une opération de pooling moyenne avec une taille de fenêtre de 2x2. Le blockB est similaire au blockA, mais avec 128 filtres et une opération de pooling maximale avec une taille de fenêtre de 2x2. Le block C suit un schéma similaire avec 256 filtres et une opération de pooling moyenne avec une taille de fenêtre de 3x3. Le block D est également similaire, mais avec 512 filtres de et une opération de pooling maximale avec une taille de fenêtre de 3x3. Les couches entièrement connectées du modèle comprennent une couche dense de 1000 neurones avec une activation ReLU, suivie d'une couche de dropout pour prévenir le surapprentissage. Ensuite, il y a une autre couche dense de 64 neurones avec une activation ReLU, ainsi qu'une autre couche de dropout. Enfin, la couche de sortie est composée de 2 neurones avec une activation sigmoïde pour la classification binaire. La Figure 4.8 présente une description de l'architecture du Modèle 1.

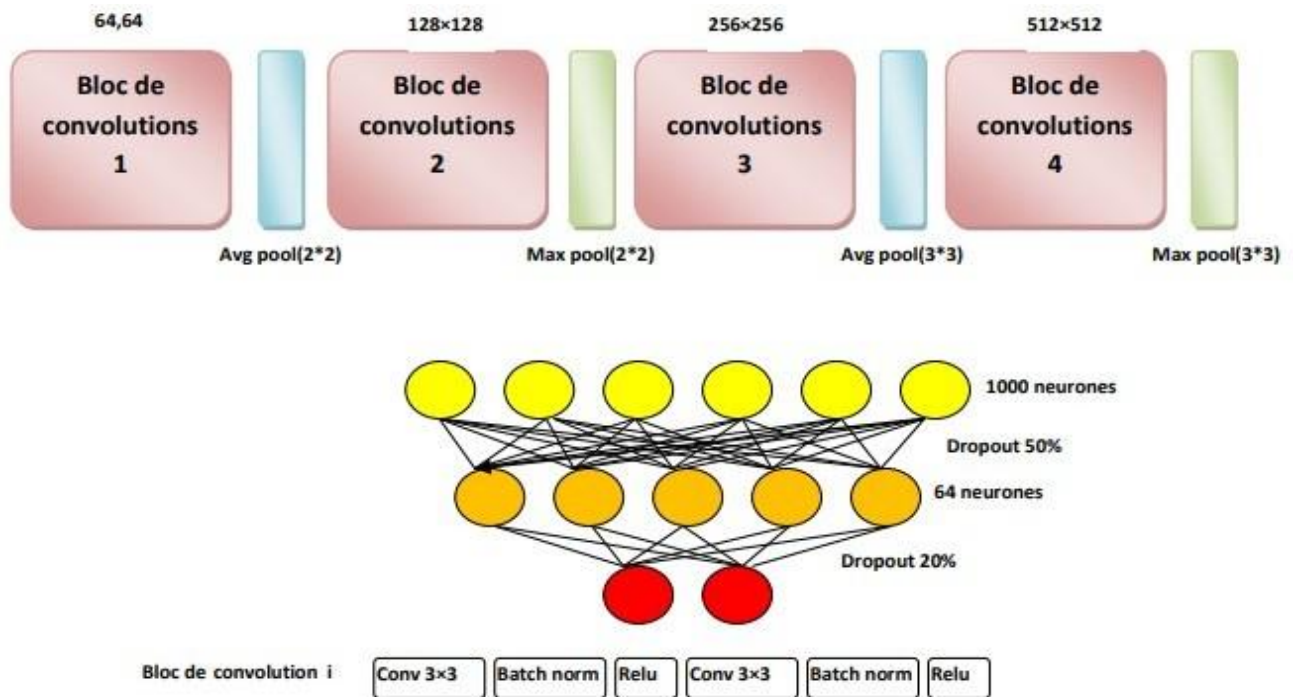


FIG. 4.8 : Architecture du modèle 2.

4.7.3 Modèle 3

Le modèle 3 présente quelques modifications par rapport à l'architecture du modèle 2. Les blocs A et B restent similaires, mais les blocs C et D ont été modifiés. Dans le bloc C, après la première convolution avec 256 filtres, une activation ReLU est appliquée. Ensuite, une autre convolution avec 256 filtres est effectuée, suivie d'une activation ReLU. Enfin, une troisième convolution avec 256 filtres est réalisée, toujours suivie d'une activation ReLU. Une opération de pooling moyenne avec une taille de fenêtre de 3x3 est ensuite appliquée. Le bloc D suit un schéma similaire. Après la première convolution avec 256 filtres, une activation ReLU est appliquée. Ensuite, une autre convolution avec 256 filtres est effectuée, suivie d'une activation ReLU. Enfin, une troisième convolution avec 256 filtres est réalisée, toujours suivie d'une activation ReLU. Une opération de pooling maximale avec une taille de fenêtre de 3x3 est ensuite appliquée. Le reste du modèle reste inchangé, avec la configuration des couches entièrement connectées et l'ajout de couches de dropout pour la régularisation. La Figure 4.9 présente une description de l'architecture du Modèle 3.

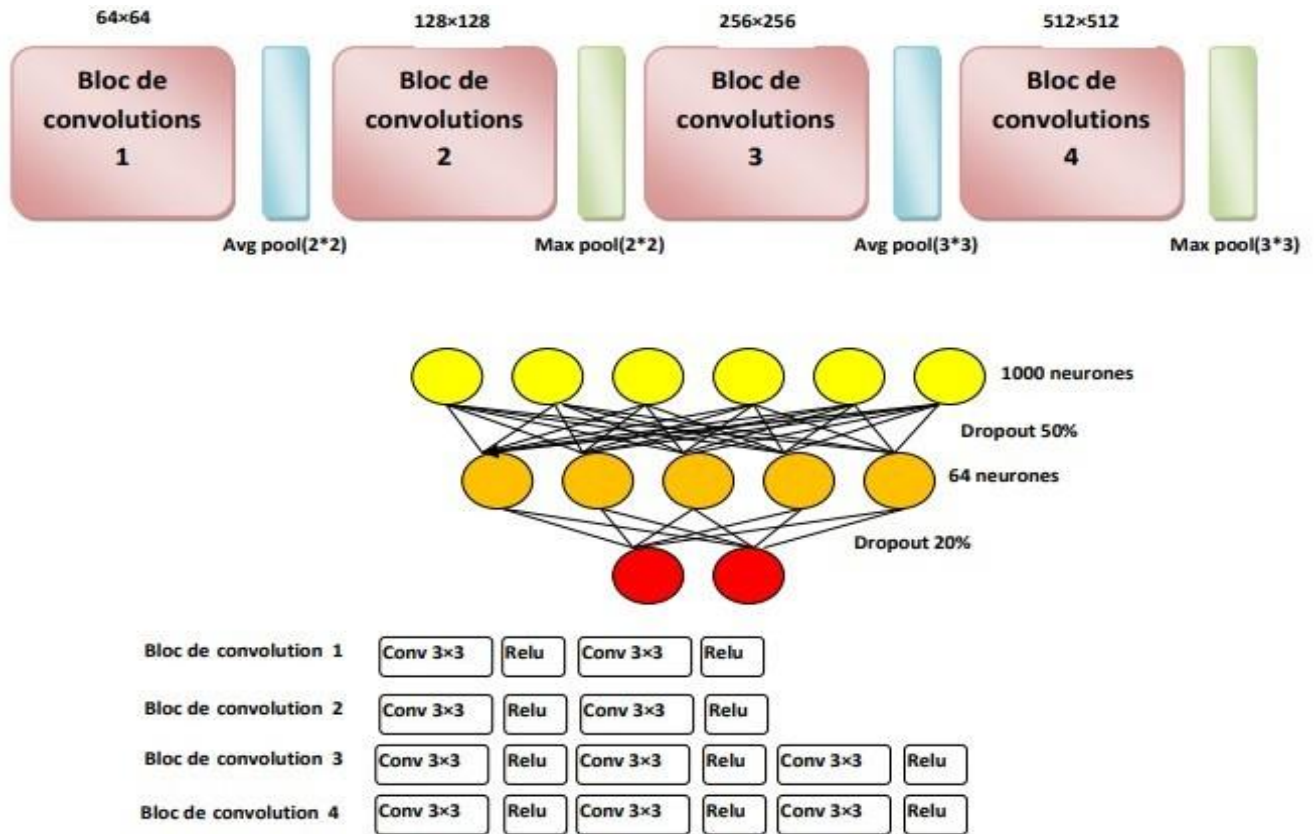


FIG. 4.9 : Architecture du modèle 3.

4.7.4 Modèle 4 (Amélioration du modèle 1 en ajoutant le transfer learning)

Le modèle de base (Modèle 1) est amélioré en utilisant le transfert learning. Pour cela, les cartes de caractéristiques générées par Les modèles pré-entraînés VGG19 et ResNet50, sont fusionnées avec celles du modèle de base. Cette fusion permet d'augmenter les capacités du modèle et d'améliorer ses performances. La Figure 4.10 présente une description de l'architecture du Modèle 3.

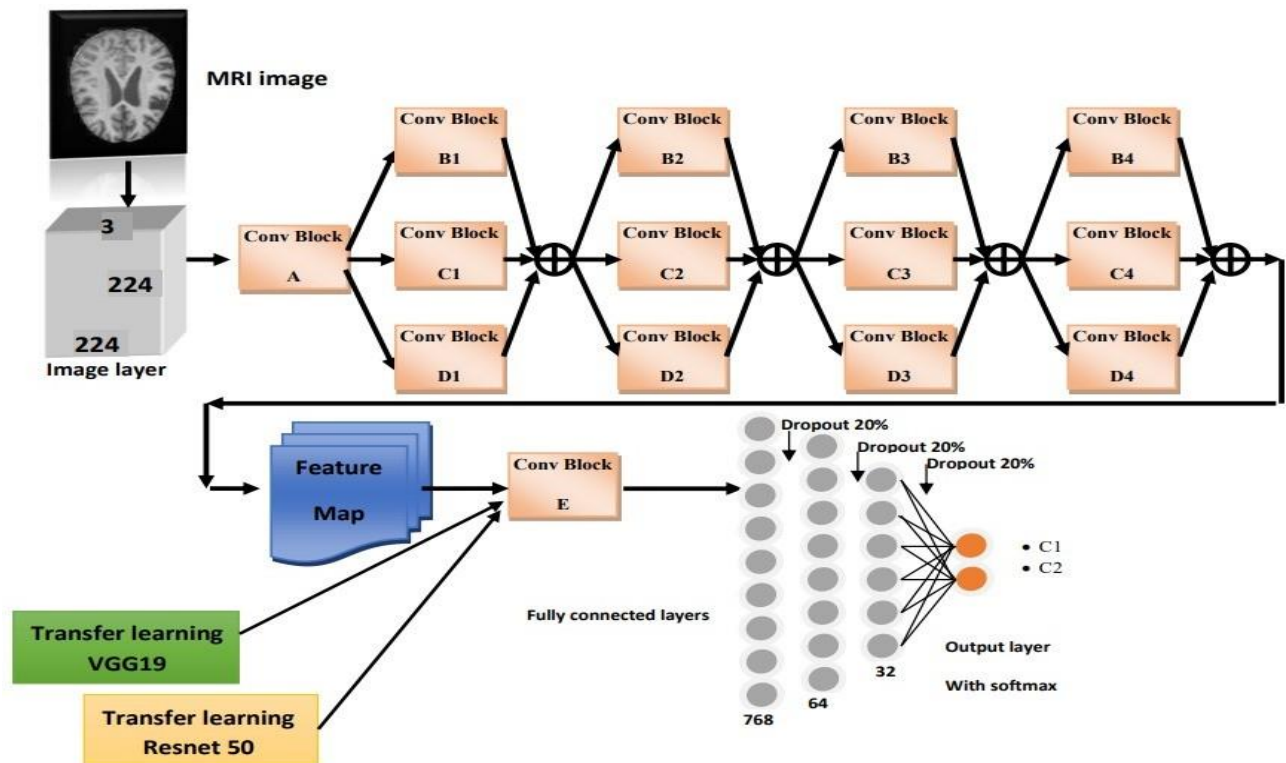


FIG. 4.10 : Architecture du modèle 4.

4.8 Tests et résultats des différents modèles

4.8.1 Modèle 1

Le Modèle 1 est utilisé pour la classification binaire (tumeur, non tumeur). Nous avons entraîné ce modèle sur la base d'images 1. Après avoir testé plusieurs nombres d'époques, le nombre d'époques 32 nous a donné les meilleurs résultats. La figure 4.11 présente les résultats obtenus pour les différentes époques. Le Modèle 1 nous a donné les résultats suivants :

- Sur l'ensemble d'entraînement, nous avons obtenu une perte (loss) de 0.1918 et une précision (accuracy) de 0.9340.
- Sur l'ensemble de validation, nous avons obtenu une perte de 0.2055 et une précision de 0.9377.
- Sur l'ensemble de données de test, nous avons obtenu une perte de 0.2891 et une précision de 0.9306.

La figure 4.12 illustre les graphiques d'apprentissage du modèle proposé, montrant l'accuracy et l'erreur pour les étapes d'entraînement et de validation. Les graphiques d'apprentissage indiquent que le modèle proposé converge rapidement vers des valeurs optimales, atteignant d'excellents résultats.

```

56/56 [=====] - 32s 566ms/step - loss: 0.3401 - accuracy: 0.8639 - val_loss: 0.4197 - val_accuracy: 0.8047
Epoch 14/32
56/56 [=====] - 32s 564ms/step - loss: 0.3054 - accuracy: 0.8803 - val_loss: 0.7002 - val_accuracy: 0.7578
Epoch 15/32
56/56 [=====] - 32s 568ms/step - loss: 0.2794 - accuracy: 0.8905 - val_loss: 1.9069 - val_accuracy: 0.5208
Epoch 16/32
56/56 [=====] - 31s 547ms/step - loss: 0.2805 - accuracy: 0.9001 - val_loss: 1.1025 - val_accuracy: 0.6328
Epoch 17/32
56/56 [=====] - 32s 564ms/step - loss: 0.2580 - accuracy: 0.8995 - val_loss: 0.5727 - val_accuracy: 0.7318
Epoch 18/32
56/56 [=====] - 31s 561ms/step - loss: 0.2529 - accuracy: 0.9074 - val_loss: 0.3811 - val_accuracy: 0.8464
Epoch 19/32
56/56 [=====] - 32s 555ms/step - loss: 0.2473 - accuracy: 0.9068 - val_loss: 0.2742 - val_accuracy: 0.8958
Epoch 20/32
56/56 [=====] - 32s 569ms/step - loss: 0.2310 - accuracy: 0.9108 - val_loss: 0.2560 - val_accuracy: 0.9089
Epoch 21/32
56/56 [=====] - 33s 576ms/step - loss: 0.2269 - accuracy: 0.9108 - val_loss: 1.1485 - val_accuracy: 0.6146
Epoch 22/32
56/56 [=====] - 32s 565ms/step - loss: 0.2487 - accuracy: 0.9113 - val_loss: 0.2541 - val_accuracy: 0.9062
Epoch 23/32
56/56 [=====] - 32s 560ms/step - loss: 0.2238 - accuracy: 0.9187 - val_loss: 0.2817 - val_accuracy: 0.9062
Epoch 24/32
56/56 [=====] - 32s 568ms/step - loss: 0.2247 - accuracy: 0.9215 - val_loss: 0.6198 - val_accuracy: 0.7344
Epoch 25/32
56/56 [=====] - 32s 564ms/step - loss: 0.2129 - accuracy: 0.9170 - val_loss: 0.9686 - val_accuracy: 0.6667
Epoch 26/32
56/56 [=====] - 31s 545ms/step - loss: 0.2065 - accuracy: 0.9255 - val_loss: 2.3575 - val_accuracy: 0.6068
Epoch 27/32
56/56 [=====] - 31s 559ms/step - loss: 0.2063 - accuracy: 0.9238 - val_loss: 0.8063 - val_accuracy: 0.6771
Epoch 28/32
56/56 [=====] - 31s 546ms/step - loss: 0.2087 - accuracy: 0.9260 - val_loss: 0.3692 - val_accuracy: 0.8594
Epoch 29/32
|
56/56 [=====] - 32s 565ms/step - loss: 0.1967 - accuracy: 0.9266 - val_loss: 2.5315 - val_accuracy: 0.5625
Epoch 30/32
56/56 [=====] - 32s 562ms/step - loss: 0.1997 - accuracy: 0.9277 - val_loss: 0.6839 - val_accuracy: 0.8177
Epoch 31/32
56/56 [=====] - 32s 572ms/step - loss: 0.2124 - accuracy: 0.9260 - val_loss: 0.8758 - val_accuracy: 0.7266
Epoch 32/32
56/56 [=====] - 32s 575ms/step - loss: 0.1701 - accuracy: 0.9308 - val_loss: 0.2748 - val_accuracy: 0.8906
accuracy and validation accuracy

```

FIG. 4.11 : Entraînement du modèle 01

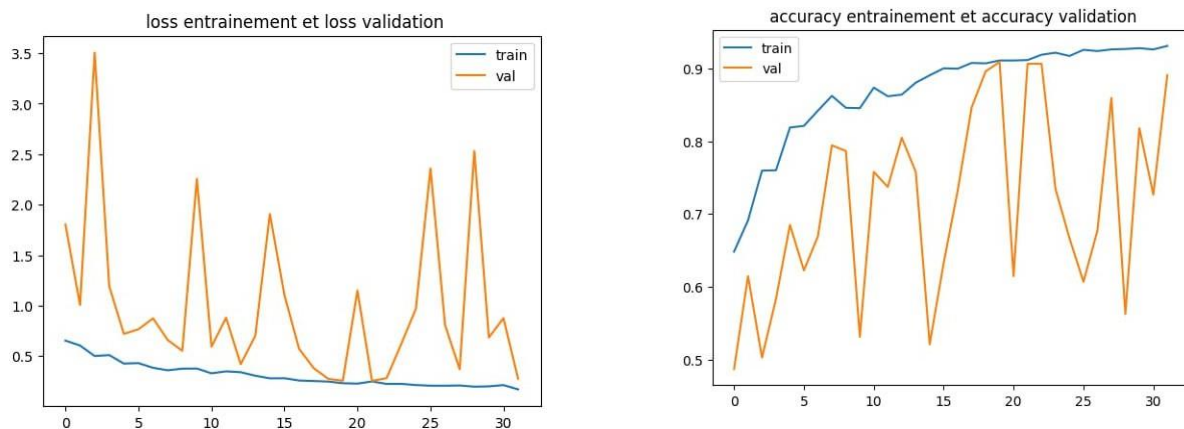


FIG. 4.12 : Précision et Perte du modèle 01.

4.8.2 Modèle 2

Le Modèle 2 est utilisé pour effectuer une classification binaire entre les catégories "tumeur" et "non tumeur". Nous avons entraîné ce modèle en utilisant la base d'images 1. Pour ce modèle, nous avons utilisé 12 époques, ce qui a donné des résultats satisfaisants avec une précision (Accuracy) de 0,74 et une perte (Loss) de 0,52. La figure 4.13 présente les résultats obtenus pour les différentes époques, tandis que la figure 4.14 illustre les graphiques d'apprentissage du modèle proposé, montrant la précision et la perte pour les étapes d'entraînement et de validation.

```
Epoch 1/12
56/56 [=====] - 93s 1s/step - loss: 1.2825 - accuracy: 0.6132 - val_loss: 0.6948 - val_accuracy: 0.4643
Epoch 2/12
56/56 [=====] - 73s 1s/step - loss: 0.6048 - accuracy: 0.7064 - val_loss: 0.6991 - val_accuracy: 0.4704
Epoch 3/12
56/56 [=====] - 72s 1s/step - loss: 0.5820 - accuracy: 0.7182 - val_loss: 0.7518 - val_accuracy: 0.4096
Epoch 4/12
56/56 [=====] - 57s 1s/step - loss: 0.5957 - accuracy: 0.6996 - val_loss: 0.7287 - val_accuracy: 0.5692
Epoch 5/12
56/56 [=====] - 73s 1s/step - loss: 0.5749 - accuracy: 0.6968 - val_loss: 0.7239 - val_accuracy: 0.5329
Epoch 6/12
56/56 [=====] - 73s 1s/step - loss: 0.5698 - accuracy: 0.7154 - val_loss: 2.1637 - val_accuracy: 0.5128
Epoch 7/12
56/56 [=====] - 58s 1s/step - loss: 0.5179 - accuracy: 0.7465 - val_loss: 0.9208 - val_accuracy: 0.5536
Epoch 8/12
56/56 [=====] - 57s 1s/step - loss: 0.5272 - accuracy: 0.7420 - val_loss: 0.9213 - val_accuracy: 0.6032
Epoch 9/12
56/56 [=====] - 73s 1s/step - loss: 0.5291 - accuracy: 0.7487 - val_loss: 1.2706 - val_accuracy: 0.5977
Epoch 10/12
56/56 [=====] - 74s 1s/step - loss: 0.5239 - accuracy: 0.7453 - val_loss: 0.8641 - val_accuracy: 0.5854
accuracy and validation accuracy]
```

FIG. 4.13 : Entraînement du modèle 02.

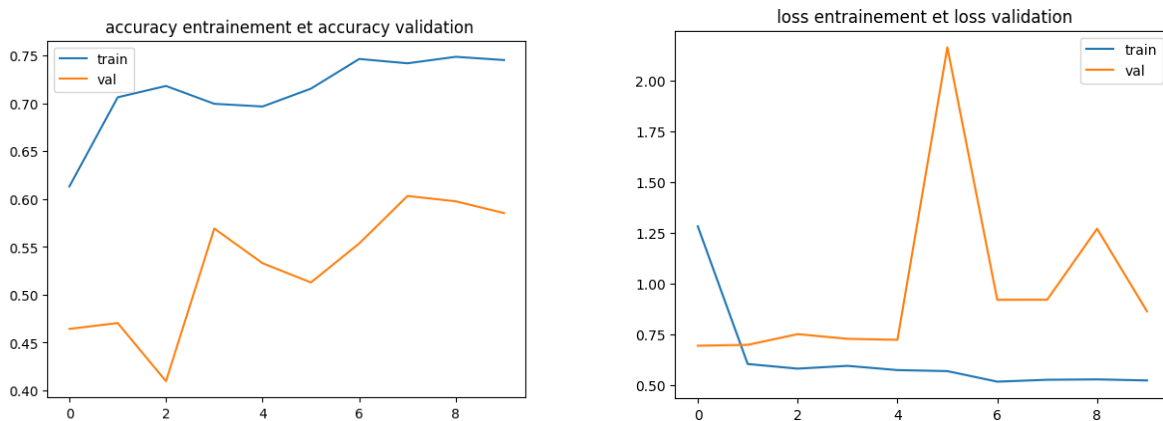


FIG. 4.14 : Précision et Perte du modèle 02.

4.8.3 Modèle 3

Le Modèle 3 est utilisé pour effectuer une classification binaire entre les catégories "tumeur" et "non tumeur". Nous avons entraîné ce modèle en utilisant la base d'images 1. Pour ce modèle, nous avons utilisé 64 époques, ce qui a donné des résultats satisfaisants avec une précision (Accuracy) de 0,72 et une perte (Loss) de 0,53. La figure 4.15 présente les résultats obtenus pour les différentes époques, tandis que la figure 4.16 illustre les graphiques d'apprentissage du modèle proposé, montrant la précision et la perte pour les étapes d'entraînement et de validation.

```
Epoch 1/64
56/56 [=====] - 74s 1s/step - loss: 0.6843 - accuracy: 0.5488 - val_loss: 0.7046 - val_accuracy: 0.4922
Epoch 2/64
56/56 [=====] - 72s 1s/step - loss: 0.6570 - accuracy: 0.6194 - val_loss: 0.6594 - val_accuracy: 0.6083
Epoch 3/64
56/56 [=====] - 71s 1s/step - loss: 0.6609 - accuracy: 0.6047 - val_loss: 0.6370 - val_accuracy: 0.6456
Epoch 4/64
56/56 [=====] - 56s 995ms/step - loss: 0.6160 - accuracy: 0.6680 - val_loss: 0.5972 - val_accuracy: 0.6908
Epoch 5/64
56/56 [=====] - 72s 1s/step - loss: 0.5976 - accuracy: 0.6911 - val_loss: 0.5922 - val_accuracy: 0.7087
Epoch 6/64
56/56 [=====] - 72s 1s/step - loss: 0.5906 - accuracy: 0.6861 - val_loss: 0.6047 - val_accuracy: 0.6981
Epoch 7/64
56/56 [=====] - 71s 1s/step - loss: 0.5930 - accuracy: 0.6951 - val_loss: 0.5752 - val_accuracy: 0.7076
Epoch 8/64
56/56 [=====] - 55s 994ms/step - loss: 0.5922 - accuracy: 0.7058 - val_loss: 0.5600 - val_accuracy: 0.7305
Epoch 9/64
56/56 [=====] - 71s 1s/step - loss: 0.5724 - accuracy: 0.7182 - val_loss: 0.5474 - val_accuracy: 0.7232
Epoch 10/64
56/56 [=====] - 71s 1s/step - loss: 0.5690 - accuracy: 0.7165 - val_loss: 0.5432 - val_accuracy: 0.7333
Epoch 11/64
56/56 [=====] - 71s 1s/step - loss: 0.5701 - accuracy: 0.7154 - val_loss: 0.5356 - val_accuracy: 0.7461
Epoch 12/64
56/56 [=====] - 56s 1s/step - loss: 0.5827 - accuracy: 0.7007 - val_loss: 0.5869 - val_accuracy: 0.7003
Epoch 13/64
56/56 [=====] - 71s 1s/step - loss: 0.6115 - accuracy: 0.6923 - val_loss: 0.5291 - val_accuracy: 0.7193
```

FIG. 4.15 : Entraînement du modèle 03

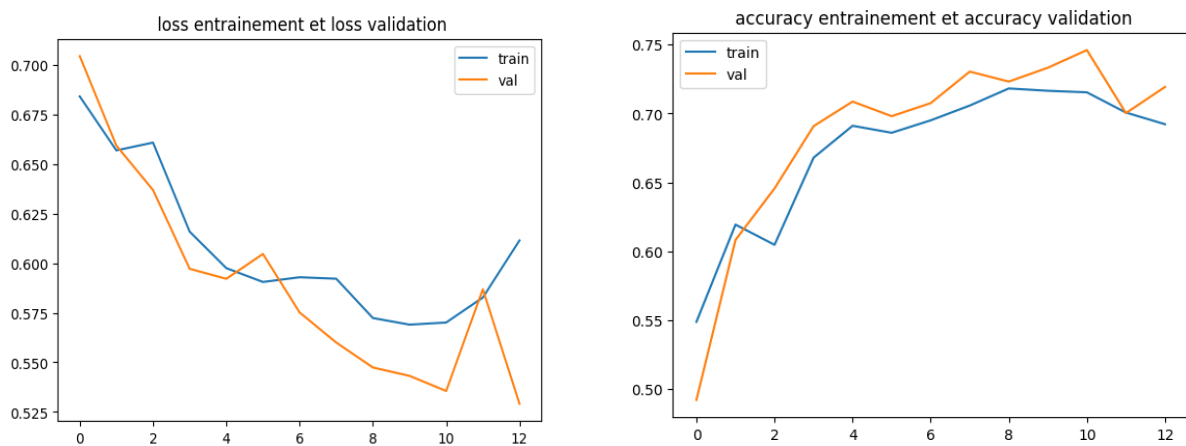


FIG. 4.16 : Précision et Perte du modèle 03.

4.8.4 Modèle 4

Le Modèle 4 est utilisé pour effectuer une classification binaire entre les catégories "tumeur" et "non tumeur". Nous avons entraîné ce modèle en utilisant la base d'images 1 pendant 32 époques. Les résultats obtenus pour chaque époque sont présentés dans la

Chapitre 4. Expériences et résultats

figure 4.17. La figure 4.18 illustre les graphiques d'apprentissage du modèle, montrant la précision et l'erreur lors des étapes d'entraînement et de validation. Ces graphiques indiquent que le modèle converge rapidement vers des valeurs optimales, atteignant d'excellents résultats. Le Modèle 4 s'est avéré être le meilleur parmi les autres modèles. Il a atteint une précision d'entraînement de 95,58 %, une précision de validation de 95,72 % et une précision de test de 95,37 %. Les valeurs de perte pour les ensembles de test, de validation et d'entraînement sont respectivement de 0,1648, 0,1389 et 0,2059, comme le montre la figure 4.19.

```
Epoch 1/32  
65/65 [=====] - 52s 704ms/step - loss: 0.1864 - accuracy: 0.9476 - val_loss: 0.1797 - val_accuracy: 0.9533  
Epoch 2/32  
65/65 [=====] - 43s 660ms/step - loss: 0.1781 - accuracy: 0.9500 - val_loss: 0.1766 - val_accuracy: 0.9494  
Epoch 3/32  
65/65 [=====] - 43s 655ms/step - loss: 0.1797 - accuracy: 0.9495 - val_loss: 0.1615 - val_accuracy: 0.9650  
Epoch 4/32  
65/65 [=====] - 45s 688ms/step - loss: 0.1982 - accuracy: 0.9423 - val_loss: 0.1653 - val_accuracy: 0.9650  
Epoch 5/32  
65/65 [=====] - 43s 653ms/step - loss: 0.1967 - accuracy: 0.9423 - val_loss: 0.2376 - val_accuracy: 0.9144  
Epoch 6/32  
65/65 [=====] - 43s 662ms/step - loss: 0.1985 - accuracy: 0.9403 - val_loss: 0.2492 - val_accuracy: 0.9261  
Epoch 7/32  
65/65 [=====] - 43s 655ms/step - loss: 0.1711 - accuracy: 0.9495 - val_loss: 0.2375 - val_accuracy: 0.9377  
Epoch 8/32  
65/65 [=====] - 43s 658ms/step - loss: 0.1974 - accuracy: 0.9418 - val_loss: 0.1979 - val_accuracy: 0.9650  
Epoch 9/32  
65/65 [=====] - 43s 655ms/step - loss: 0.1813 - accuracy: 0.9423 - val_loss: 0.2103 - val_accuracy: 0.9494
```

FIG. 4.17 : Entraînement du modèle 04.

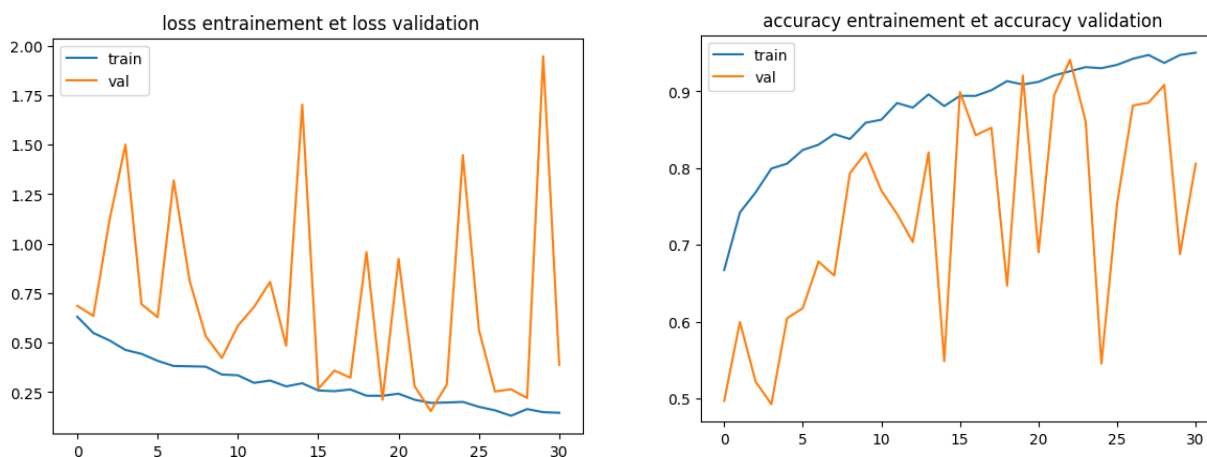


FIG. 4.18 : Précision et Perte du modèle 04.

```
65/65 [=====] - 36s 554ms/step - loss: 0.1648 - accuracy: 0.9558
9/9 [=====] - 3s 285ms/step - loss: 0.1389 - accuracy: 0.9572
9/9 [=====] - 5s 527ms/step - loss: 0.2059 - accuracy: 0.9537
```

	Train	Validation	Testing
Loss	0.164820	0.138898	0.205896
Accuracy	0.955847	0.957198	0.953668

FIG. 4.19 : Résultats finaux du modèle 04.

4.8.5 Modèle 4 pour la classification en 3 classes

Puisque le Modèle 4 nous a donné les meilleurs résultats, nous l'avons également utilisé pour la détection des trois classes de tumeurs : Gliome, Méningiome et Adénome hypophysaire. Pour cela, nous avons modifié la coche de sortie du modèle en utilisant 3 neurones au lieu de deux, tout en conservant le reste de la configuration. Nous avons entraîné ce modèle en utilisant la base d'images 2, en utilisant 32 époques. Les résultats obtenus pour chaque époque sont présentés dans la figure 4.20. La figure 4.21 illustre les graphiques d'apprentissage du modèle, montrant la précision et l'erreur lors des étapes d'entraînement et de validation. Ce modèle a atteint une précision d'entraînement de 96,33%, une précision de validation de 96,02 % et une précision de test de 96,31 %. Les valeurs de perte pour les ensembles de test, de validation et d'entraînement sont respectivement de 0,1177, 0,0972 et 0,0913. comme le montre la figure 4.22.

```
Epoch 1/32
59/59 [=====] - 67s 923ms/step - loss: 0.1416 - accuracy: 0.9528 - val_loss: 0.1059 - val_accuracy: 0.9553
Epoch 2/32
59/59 [=====] - 42s 700ms/step - loss: 0.1295 - accuracy: 0.9559 - val_loss: 0.1397 - val_accuracy: 0.9256
Epoch 3/32
59/59 [=====] - 42s 702ms/step - loss: 0.1328 - accuracy: 0.9528 - val_loss: 0.2405 - val_accuracy: 0.9380
Epoch 4/32
59/59 [=====] - 41s 698ms/step - loss: 0.1277 - accuracy: 0.9570 - val_loss: 0.0972 - val_accuracy: 0.9603
Epoch 5/32
59/59 [=====] - 41s 698ms/step - loss: 0.1360 - accuracy: 0.9512 - val_loss: 0.1416 - val_accuracy: 0.9553
Epoch 6/32
59/59 [=====] - 41s 698ms/step - loss: 0.1239 - accuracy: 0.9586 - val_loss: 0.1691 - val_accuracy: 0.9305
Epoch 7/32
59/59 [=====] - 42s 706ms/step - loss: 0.1240 - accuracy: 0.9581 - val_loss: 0.1487 - val_accuracy: 0.9256
Epoch 8/32
59/59 [=====] - 43s 728ms/step - loss: 0.1285 - accuracy: 0.9512 - val_loss: 0.2103 - val_accuracy: 0.9404
Epoch 9/32
59/59 [=====] - 42s 708ms/step - loss: 0.1316 - accuracy: 0.9597 - val_loss: 0.3425 - val_accuracy: 0.9404
Epoch 10/32
59/59 [=====] - 43s 722ms/step - loss: 0.1409 - accuracy: 0.9517 - val_loss: 0.2434 - val_accuracy: 0.9330
```

FIG. 4.20 : Entraînement du modèle 04 pour une classification en 3 classes.

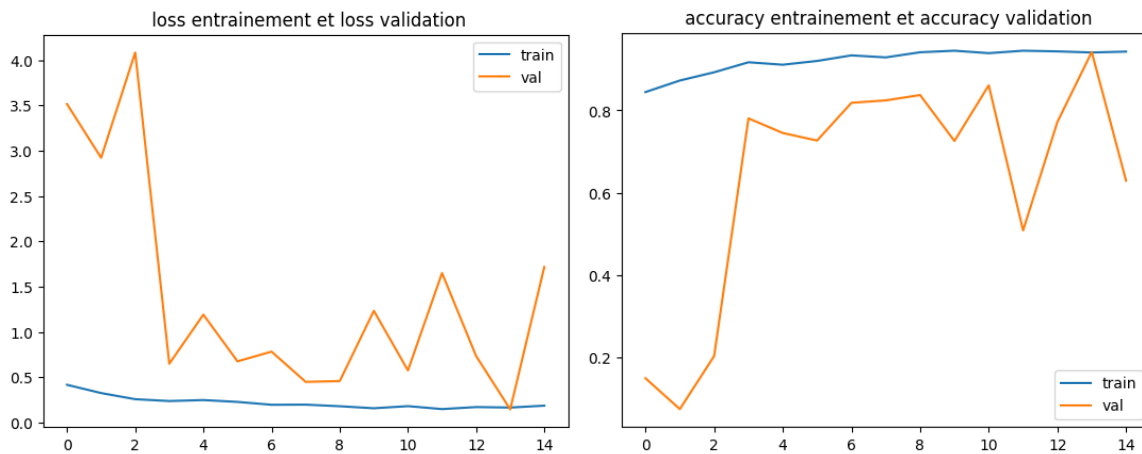


FIG. 4.21 : Précision et Perte du modèle 04 pour une classification en 3 classes.

	Train	Validation	Testing
Loss	0.101651	0.097227	0.091314
Accuracy	0.963376	0.960298	0.963145

FIG. 4.22 : Résultats finaux du modèle 04 pour une classification en 3 classes.

4.9 Interface de notre application

Pour construire l'interface de notre système, nous avons choisi un design simple et convivial, facilitant ainsi son utilisation par les médecins. Nous avons privilégié une structure claire et intuitive. Pour développer notre application de bureau, nous avons utilisé la bibliothèque Tkinter. La figure 4.22 présente l'interface de notre logiciel de détection des tumeurs cérébrales.

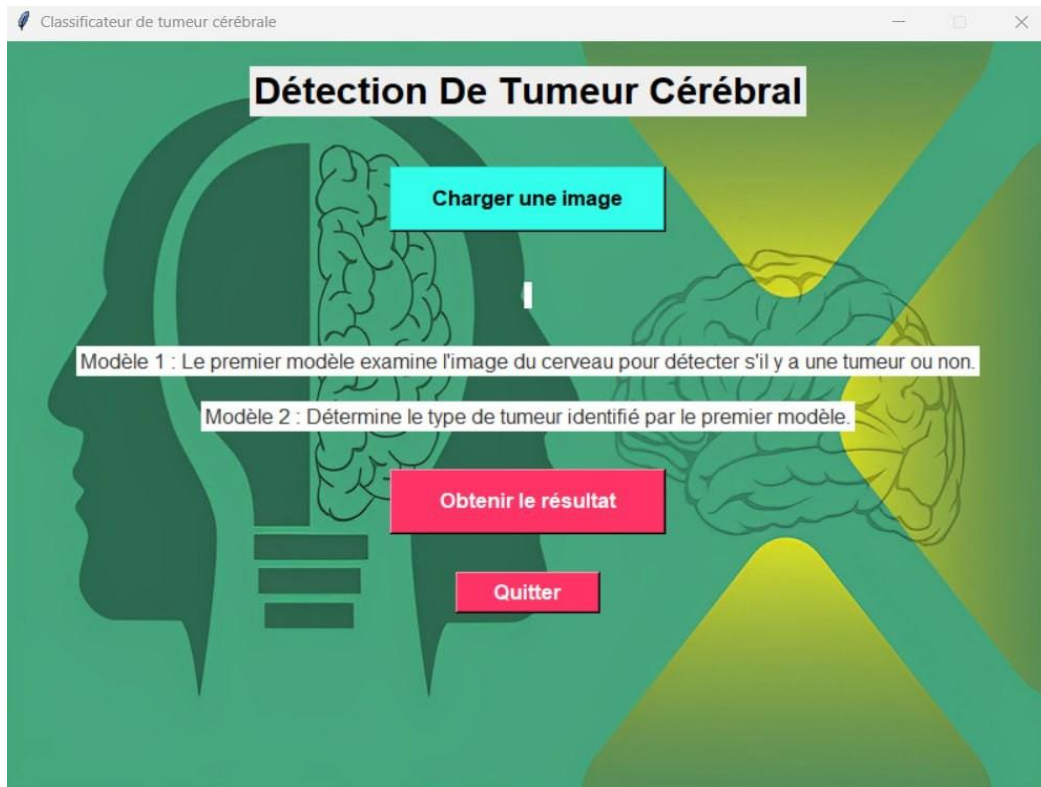


FIG. 4.23 : Interface de notre logiciel de détection des tumeurs cérébrales.

4.10 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les résultats et les tests de notre système pour la détection des tumeurs cérébrales sur les images IRM. Nous avons entraîné différents modèles de classification binaire et de détection de classes de tumeurs en utilisant des ensembles de données spécifiques. Les modèles ont été évalués en termes de précision, de perte. Nous avons observé que le Modèle 4 a donné les meilleurs résultats par rapport aux autres modèles, atteignant des niveaux élevés de précision sur les ensembles d'entraînement, de validation et de test. Ces résultats et tests démontrent l'efficacité de notre système dans la classification binaire et la détection de classes de tumeurs.

Conclusion générale

Dans ce mémoire, nous avons exploré et étudié en détail la détection des tumeurs cérébrales sur les images par résonance magnétique (IRM) en utilisant des réseaux de neurones convolutifs (CNN). Notre objectif principal était de développer une méthode efficace et précise pour la détection précoce des tumeurs cérébrales, ce qui est crucial pour améliorer les résultats cliniques et la prise en charge des patients.

Au cours de notre recherche, nous avons examiné l'état de l'art des méthodes existantes pour la détection des tumeurs cérébrales sur les images IRM. Nous avons constaté que l'utilisation des CNN, en raison de leur capacité à extraire automatiquement des caractéristiques pertinentes à partir des images, a conduit à des avancées significatives dans ce domaine.

Les CNN ont démontré leur potentiel pour une détection précise et une classification des tumeurs cérébrales, offrant ainsi une aide précieuse aux cliniciens dans la prise de décisions diagnostiques et thérapeutiques. Dans le cadre de notre étude, nous avons mis en pratique et évalué différentes architectures de CNN, en proposant spécifiquement quatre architectures personnalisées. Chaque architecture propose des concepts novateurs, notamment notre quatrième architecture qui intègre plusieurs idées originales. La quatrième architecture se distingue par l'utilisation de branches parallèles, permettant ainsi une analyse multi-échelle des images. En capturant des informations à différentes résolutions, nous améliorons la capacité de détection des tumeurs cérébrales. De plus, cette architecture exploite les informations de contours et de régions. Une autre caractéristique clé de notre quatrième architecture est l'utilisation du transfert learning en s'appuyant sur des modèles pré-entraînés tels que VGG19 et ResNet. En transférant les connaissances déjà acquises par ces modèles, nous pouvons accélérer le processus d'apprentissage et améliorer les performances de détection des tumeurs. De plus, nous avons incorporé des apprenants auxiliaires pour renforcer la capacité discriminative du modèle.

Enfin, nous avons introduit la concaténation des cartes de caractéristiques, une technique innovante qui permet de fusionner les informations extraites à différentes étapes du réseau. Cette concaténation offre une représentation plus riche des caractéristiques des tumeurs, renforçant ainsi la capacité de notre modèle à détecter de manière précise et fiable les différentes classes de tumeurs cérébrales.

Nous avons évalué ces quatre architectures sur des ensembles de données variés, comprenant à la fois des images de deux classes (tumeur et non tumeur) et de trois classes correspondant aux types de tumeurs spécifiques (Glioma, Meningioma et Pituitary). Nos résultats ont démontré que notre quatrième architecture obtenait de bons résultats de détection pour toutes ces configurations, démontrant ainsi son efficacité et sa capacité à traiter des tâches de détection complexes.

Bibliographie

- [1] Comprendre le cerveau et son fonctionnement. https://institutducerveau-icm.org/fr/actualite/comprendre-le-cerveau-et-son-fonctionnement/?fbclid=IwAR2i_mA50_0aKT1GotBVb0xLnfzr_AvcK5Y0y3waZhUT5G214l3puhFtd_4, 2020. Consulté le jour mois année.
- [2] Angéline Galinier-Warrain. Liquide céphalorachidien : définition, composition, rôle. Technical report, PasseportSanté.net, 05 mai 2021.
- [3] L'imagerie médicale : principes et applications. <https://www.cea.fr/comprendre/Pages/sante-sciences-du-vivant/essentiel-sur-imagerie-medicale.aspx>, 7 mars 2022.
- [4] Médecine. Irm : définition et fonctionnement. <https://www.futura-sciences.com/sante/definitions/medecine-irm-8096/>.
- [5] Office québécois de la langue française. Artefact de volume partiel, 2000.
- [6] H. Wang, B. Raj, and E. P. Xing. On the origin of deep learning, 2017.
- [7] IBM. What is deep learning ? <https://www.ibm.com/cloud/learn/deep-learning>.
- [8] CHROMOS Group AG. Qu'est-ce que l'apprentissage profond ?, 2023.
- [9] Technologie. Réseaux de neurones récurrents et lstm. *Réseaux de neurones récurrents et LSTM*, 2021. Consulté le jour mois année.
- [10] OpenClassrooms. Découvrez les différentes couches d'un cnn - classez et segmentez des données visuelles. <https://openclassrooms.com/fr/courses/4470531-classez-et-segmentez-des-donnees-visuelles/4752211-decouvrez-les-differentes-couches-d-un-cnn>, 2022.
- [11] Architectures cnn - lenet, alexnet, vgg, googlenet et resnet. *ichi.pro*, 2020-2023. Consulté le jour mois année. [Architectures CNN - LeNet, AlexNet, VGG, GoogLeNet et ResNet \(ichi.pro\)](#)
- [12] Transfer learning. <https://datascientest.com/transfer-learning>.
- [13] M.S.I Khan , A. Rahman, T. Debnath, M.R. Karim, M.K. Nasir, S.S. Band, A. Mosavi, I. Dehzangi. Accurate brain tumor detection using deep convolutional neural network. Computational and Structural biotechnology Journal. vol. 20, pp. 4733-4745, 2022.
- [14] A. Chattopadhyay, M. Maitra. MRI-based brain tumour image detection using CNN based deep learning method. Neuroscience Informatics, vol. 2, no. 4, 100060, 2022.
- [15] S. Saeedi, S. Rezayi, H. Keshavarz, et al. MRI-based brain tumor detection using convolutional deep learning methods and chosen machine learning techniques. BMC Medical

Informatics and Decision Making, vol. 23, no. 16, 2023.

- [16] P. Tiwari, B. Pant, M.M. Elarabawy, M. Abd-Elnaby, N. Mohd, G. Dhiman, S. Sharma. CNN Based Multiclass Brain Tumor Detection Using Medical Imaging. *Computational Intelligence and Neuroscience*, vol. 2022, Article ID 1830010, 2022.
- [17] M.I. Mahmud, M. Mamun, A. Abdelgawad. A Deep Analysis of Brain Tumor Detection from MR Images Using Deep Learning Networks. *Algorithms*. vol. 16, no. 4, pp. 176, 2023.
- [18] M. A. Bakr Siddique, S. Sakib, M. M. Rahman Khan, A. K. Tanzeem, M. Chowdhury , N. Yasmin. Deep Convolutional Neural Networks Model-based Brain Tumor Detection in Brain MRI Images. 2020 Fourth International Conference on I-SMAC (IoT in Social, Mobile, Analytics and Cloud) (I-SMAC), pp. 909-914, 2020.
- [19] S. Alsubai, H. U. Khan, A. Alqahtani, M. Sha1, S. Abbas, U. G. Mohammad. Ensemble deep learning for brain tumor detection. *Frontiers in Computational Neuroscience*. vol. 16, 2022.
- [20] T. Hossain, F. S. Shishir, M. Ashraf, M. A. Al Nasim, F. Muhammad Shah. Brain Tumor Detection Using Convolutional Neural Network. 2019 1st International Conference on Advances in Science, Engineering and Robotics Technology (ICASERT), pp. 1-6, 2019.
- [21] R. Ranjbarzadeh, A. B. Kasgari, S. J. Ghouschi. Brain tumor segmentation based on deep learning and an attention mechanism using MRI multi-modalities brain images. *Scientific Reports*, vol. 11, 10930, 2021.