



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 Informatique

Par :

BOUDALI Abdellah
BENCHAIIB Aymen Abdelfetah

Sur le thème

Détection précoce de la maladie d'Alzheimer sur les images IRM

Soutenu publiquement le .. /09/2022 à Tiaret devant le jury composé de :

Mme. LAAREDJ Zohra	Grade	Université	Mcb	Président
Mr. BAGHDADI Mohamed	Grade	Université	Mcb	Encadrant
Mr. MEZZOUG Karim	Grade	Université	Maa	Examineur

2021 - 2022

Remerciements :

Nous remercions Dieu le tout puissant de nous avoir donné la santé et la volonté d'entamer et de terminer ce mémoire.

Tout d'abord, ce travail ne serait pas aussi riche et n'aurait pas pu avoir le jour sans l'aide et l'encadrement de Mr. Baghdadi Mohamed nous le remercions pour la qualité de son encadrement exceptionnel, pour sa patience, sa rigueur et sa disponibilité durant notre préparation de ce mémoire

Nous tenons également à remercier les membres du jury Mme. LAAREDJ Zohra, Mr. MEZZOUG Karim qui ont bien voulu lire et examiner notre travail.

Un merci spécial à tous ceux qui nous ont soutenus pour terminer ce travail.

Dédicace :

Nous dédions ce modeste travail à l'ensemble de nos familles pour leur soutien indéniable et incontestable, pour leur amour inconditionnel en particulier, nos pères qui étaient les piliers sur lesquels on s'est appuyés tout au long de ce parcours pour y arriver à ce moment-là. Nos chères mères, la quintessence de l'amour, étaient le refuge de toutes les déceptions lors de ce parcours. À nos sœurs, nos frères, nos neveux et nos nièces.

Résumé

Le diagnostic des maladies neurodégénératives comme la maladie d'Alzheimer est un défi en médecine. Il repose principalement sur l'interprétation des symptômes par les médecins. Afin d'améliorer la qualité de vie des patients, une prise en charge et un diagnostic précoce sont primordiaux. L'expertise des médecins joue un rôle important pour la détection des signes précoces. Cependant, il y a un manque d'outils automatiques pouvant assister les médecins dans leur prise de décision. Dans ce contexte, l'objectif de ce travail est de développer une méthode de diagnostic de la maladie d'Alzheimer à partir des images IRM. Plus particulièrement le but de ce projet est de concevoir un système intelligent capable de distinguer les images médicales IRM afin d'aider les médecins à classifier et de détecter automatiquement les cas présentant une maladie d'Alzheimer. Le système proposé permet de classifier une image en quatre classes (Pas de démence, Démence très légère, Démence légère, et Alzheimer). Notre approche de détection de la maladie d'Alzheimer est basée sur le deep learning en particulier sur les réseaux de neurones convolutionnels (CNN), ces réseaux ont prouvés leur capacité ces dernières années en particulier dans le domaine médical, en remportant le premier prix dans diverses compétitions dédiées à la classification des images médicales. Dans ce travail nous avons utilisé un puissant modèle CNN avec une architecture spécifique. Le modèle proposé a donné des résultats satisfaisants, ces résultats confirment la performance de la méthode développée. Celle-ci pourrait être utilisée en milieu clinique dans le but d'effectuer des tests précoces pour identifier les patients qui peuvent être atteints de la maladie d'Alzheimer.

Mots-clés: Deep Learning, Réseaux de neurones convolutionnels (CNN), Alzheimer, démence, Images IRM, Tensorflow, Keras.

Abstract

The diagnosis of neurodegenerative diseases such as Alzheimer's disease is a challenge in medicine. It is mainly based on the interpretation of symptoms by doctors. In order to improve the quality of life of patients, early management and diagnosis are essential. The expertise of doctors plays an important role in detecting early signs. However, there is a lack of automatic tools that can assist physicians in their decision making. In this context, the objective of this work is to develop a diagnostic method for Alzheimer's disease from MRI images. More specifically, the aim of this project is to design an intelligent system capable of distinguishing MRI medical images in order to help doctors to classify and automatically detect cases presenting with Alzheimer's disease. The proposed system makes it possible to classify an image into four classes (No dementia, Very mild dementia, Mild dementia, and Alzheimer). Our approach to detecting Alzheimer's disease is based on deep learning; in particular on convolutional neural networks (CNN), these networks have proven their capacity in recent years, particularly in the medical field, winning the first prize in various competitions dedicated to the classification of medical images. In this work we used a powerful CNN model with a specific architecture. The proposed model gave satisfactory results; these results confirm the performance of the developed method. This could be used in a clinical setting to perform early tests to identify patients who may have Alzheimer's disease.

Keywords: Deep Learning, Convolutional Neural Networks (CNN), Alzheimer, dementia, MRI Images, Tensorflow, Keras.

TABLE DES MATIERES

Introduction générale.....	1
----------------------------	---

CHAPITRE I (Généralités sur la maladie d'Alzheimer)

I.1 Introduction	4
I.2 Différents types des images médicales.....	4
I.2.1 Images Ultrasonores (Echographie).....	4
I.2.2 Radiographie.....	5
I.2.3 Tomodensitométrie (scanner).....	6
I.2.4 Imagerie par Résonance Magnétique (IRM).....	7
I.2.4.1 Anatomie IRM du cerveau.....	7
I.2.4.2 Particularité des images IRM.....	8
I.3 Anatomie cérébrale	10
I.3.1 Structures et tissus cérébraux.....	11
I.3.2 Cortex cérébral.....	12
I.4 Maladie d'Alzheimer.....	14
I.4.1 Symptômes.....	14
I.4.2 Causes.....	15
I.4.3 Prévalence.....	15
I.4.4 Phases cliniques de la maladie d'Alzheimer.....	15
I.4.5 Imagerie médicale pour le diagnostic de la maladie d'Alzheimer.....	17
I.5 Conclusion.....	18

CHAPITRE II (Deep learning)

II.1 Introduction	20
II.2 Réseaux de neurones	20
II.2.1 Neurone artificiel.....	21
II.2.1.1 Réseaux "Feed-Forward".....	22
II.2.1.2 Réseaux "Feed-Back"	23
II.2.2 Apprentissage.....	23

II.2.2.1 Apprentissage supervisé.....	24
II.2.2.2 Apprentissage non-supervisé (ou auto-organisationnel)	24
II.2.2.3 Apprentissage hybride	25
II.2.2.4 Apprentissage par renforcement	25
II.2.3 Neurone formel	25
II.2.3.1 Interprétation mathématique	26
II.2.3.2 Fonctions d'activation	26
II.2.4 Le réseau de neurone multi couche	27
II.3 Apprentissage profond (deep learning)	29
II.3.1 Histoire du Deep Learning.....	30
II.3.2 Applications du Deep Learning	30
II.3.3 Principe de fonctionnement du deep learning.....	31
II.4 Réseaux de neurones convolutionnels	32
II.4.1 Architecture des CNNs.....	32
II.4.1.1 Convolution.....	33
II.4.1.2 Pooling.....	34
II.4.1.3 Flattening	35
II.4.1.4 Couche entièrement connectée.....	36
II.4.1.5 Couche de sortie	36
II.4.2 Autres outils des CNNs	37
II.4.2.1 Padding	37
II.4.2.2 Fonctions d'activation	37
II.4.2.3 Fonction d'erreur	39
II.4.2.5 Normalisation par lots.....	40
II.4.2.6 Arrêt anticipé.....	40
II.4.2.7 Augmentation des données.....	41
II.4.2.8 Optimisation.....	41
II.5 Conclusion	42

CHAPITRE III (Etat de l'art)

III.1 Introduction	44
III.2 Travaux connexes.....	44
III.2.1 Travail de Soliman et al.....	44
III.2.2 Travail de Dhinagar et al.....	47
III.2.3 Travail de Martin et al.....	48
III.2.4 Travail de Jalindre et al.....	50
III.3 Conclusion.....	51

CHAPITRE IV (Expériences et résultats)

IV.1 Introduction	53
IV.2 Environnement du travail	53
IV.2.1 Environnement matériel	53
IV.2.2 Langage de programmation Python.....	53
IV.2.3 Google Colab.....	54
IV.2.4 Navigateur Anaconda.....	54
IV.2.5 Jupyter Notebook	55
IV.2.6 Keras.....	55
IV.2.7 TensorFlow.....	56
IV.3 Base de données utilisée.....	56
IV.4 Métriques d'évaluation.....	57
IV.5 Prétraitement des images.....	57
IV.6 Augmentation des données.....	58
IV.7 Architecture du modèle de détection et de classification de la maladie d'Alzheimer	59
IV.8 Résultats obtenus et discussion.....	59
IV.9 Conclusion.....	60
Conclusion générale.....	61
Références bibliographiques.....	62

LISTE DES FIGURES

Figure I.1 : Image échographique de grossesse.....	5
Figure I.2 Appareil de l'imagerie par résonance magnétique.....	7
Figure I.3 : Trois séquences cérébrales (Coupes IRM T1 du cerveau), (a) Coupe axiale, (b) Coupe sagittale, (c) Coupe coronale.....	8
Figure I.4 : Différents types d'acquisition en IRM.....	10
Figure I.5 : Vue coronale du cerveau et localisation des principaux noyaux gris.....	11
Figure I.6 : Principaux tissus du cerveau sur une image IRM pondéré en T1.....	12
Figure I.7 : Cortex cérébral.....	12
Figure I.8 : Différent lobes cérébraux.....	13
Figure I.9 : Exemple de rétrécissement cérébral pour deux sujets : à gauche cerveau normal et à droite cerveau atteint de la maladie d'Alzheimer [6].....	16
Figure II.1 : Connexions inter neuronales chez l'humain.....	20
Figure II.2 : Neurone biologique (à gauche) et neurone artificiel (à droite).....	21
Figure II.3 : Neurone artificiel.....	22
Figure II.4 : Neurone formel.....	25
Figure II.5 : Représentation mathématique du neurone formel.....	26
Figure II.6 : Fonctions d'activation : à seuil (a) par morceaux (b), des sigmoïdes (c) et des gaussiennes (d).....	27
Figure II.7 : Architectures des réseaux de neurones multi couches.....	28
Figure II.8 : Représentation d'un nœud unique sur le réseau MLP.....	28
Figure II.9 : MLP avec une couche cachée.....	29
Figure II.10 : Réseaux de neurones convolutionnels.....	32
Figure II.11 : Différentes couches des CNNs.....	33
Figure II.12 : Etapes de la convolution.....	34
Figure II.13 : Différence entre max pooling et mean pooling.....	35
Figure II.14 : Principe de fonctionnement du flattening [23].....	35
Figure II.15 : Exemple de la distribution des couches entièrement connectées [24].....	36
Figure II.16 : Padding de 2 sur une matrice de taille 32×32.....	37
Figure II.17 : Fonctions d'activation ReLU et LeakyReLU et la différence entre elles [28]...	39

Figure II.18 : L'utilisation de l'arrêt anticipé dans la phase d'entraînement d'un modèle.....	40
Figure III.1: Schéma général du modèle proposé pour le diagnostic de la maladie d'Alzheimer [32].....	46
Figure III.2. Modèle basé sur l'apprentissage automatique pour la prédiction des maladies neurodégénératives [38].....	47
Figure III.3 : Architecture du réseau de neurones convolutionnel 3D [38].....	48
Figure III.4 : Modèle CNN 2D randomisé [39].....	49
Figure III.5. Approche de l'utilisation de VGG [40].....	50
Figure III.6. Approche de l'utilisation de ResNet50 [40].....	50
Figure III.7 : Précision de l'entraînement et de la validation de CNN, VGG 16 et Resnet 50 [40].....	51
Figure IV.1 : Logo Python.....	53
Figure IV.2 : Interface de google Colab.....	54
Figure IV.3 : Navigateur Anaconda.....	55
Figure IV.4 : Jupyter notebook.....	55
Figure IV.5 : Logo Keras.....	56
Figure IV.6: Logo TensorFlow.....	56
Figure IV.7 : Valeurs de précision et de perte pour le modèle proposé.....	60

LISTE DES TABLEAUX

Tableau I.1 : Valeurs des temps de relaxation longitudinale (T1) et transversale (T2) pour quelques tissus pour un champ magnétique de 1,5 Tesla.....	9
Tableau III.1 : Travaux connexes en apprentissage profond pour la classification AD [32]...	45
Tableau III.2 : Performances du modèle proposé [32].....	47
Tableau III.3. Performances du classifieur random forest et du CNN 3D pour la classification AD [38].....	48
Tableau III.4 : Comparaison des métriques de performance des trois modèles proposés (CNN personnalisé, VGG16, ResNet50) [40].....	51
Tableau IV1 : La classification de la base de données utilisée selon CDR.....	57
Tableau IV.2 : Paramètres utilisés pour l'augmentation des données.....	58

Liste des abréviations

MA	Maladie d'Alzheimer
OMS	Organisation mondiale de la santé
TEP	Tomographie par émission de positrons
CAD	Diagnostic assisté par ordinateur
CNN	Réseaux de neurones convolutiennels (convolutional neural networks).
IA	Intelligence artificielle
ML	Machine learning
DL	Deep learning
TAO	Tomographe axial assisté par ordinateur
IRM	Imagerie par Résonance Magnétique
RMN	Résonance magnétique nucléaire
voxel	Elément de volume
DP	Densité de protons
FLAIR	Fluid Attenuated Inversion Recovery
TAU	Tubulin-associated unit
RNA	Réseau de Neurones Artificiels
MLP	Multi layer perceptron
RBF	Réseaux à fonction radiale
tanh	Fonction tangente hyperbolique
DNN	Réseau de neurones profond (Deep Neural Networks)
FCC	Couche entièrement connectée (fully connected layer)
ReLU	Unité linéaire rectifiée (Rectified Linear Unit)
Adam	Adaptive Moment Estimation

Introduction Générale

La recherche en imagerie médicale est une des disciplines les plus actives en traitement d'images. Ses récentes découvertes permettent non seulement un meilleur diagnostic mais offrent aussi de nouveaux espoirs de traitement pour de nombreuses pathologies.

La maladie d'Alzheimer (MA), la forme la plus courante de démence, est le défi majeur pour les soins de santé au XXI^e siècle. Aujourd'hui, nous estimons que plus de 44 millions de personnes sont touchées par la maladie dans le monde, et il y a environ 7,7 millions de nouveaux cas chaque année. Selon les prévisions de l'organisation mondiale de la santé (OMS), ce nombre va presque doubler tous les 20 ans, pour atteindre 75 millions en 2030 et 131,5 millions en 2050 [1]. Autrement, toutes les 67 secondes, quelqu'un dans le monde développe MA. La croissance des soins de santé de la MA, outre le fait qu'elle constitue un important problème social et économique, est une source de préoccupation due au fait que la maladie dévaste non seulement les personnes touchées, mais également la famille et les aides-soignants. Ces derniers ont la lourde tâche de prendre soin du patient.

La MA est une maladie cérébrale progressive et irréversible caractérisée par un déclin du fonctionnement cognitif sans traitement éprouvé pour corriger la maladie. Ainsi, beaucoup d'efforts ont été faits pour développer des stratégies de détection précoce, en particulier aux stades pré-symptomatiques afin de ralentir ou d'empêcher la progression de la maladie.

En particulier, des techniques avancées de neuroimagerie, telles que l'imagerie par résonance magnétique (IRM) et la tomographie par émission de positrons (TEP), ont été développées et utilisées pour identifier les biomarqueurs structuraux et moléculaires liés à la maladie d'Alzheimer. Ces dernières années de nombreux chercheurs ont recherché le développement de technologies nouvelles ou améliorées de diagnostic assisté par ordinateur (CAD) pour détecter avec précision la maladie d'Alzheimer. Les approches CAD visent à aider le radiologue à augmenter la précision du diagnostic et à réduire les faux positifs.

Dans ce sens, l'objectif principal de ce projet est de construire un système capable de classer les images médicales IRM pour détecter la maladie d'Alzheimer et de donner des décisions correctes avec un grand pourcentage. Pour atteindre nos objectifs nous utilisons

l'apprentissage profond (deep learning) et en particulier les réseaux de neurones convolutifs (convolutional neural networks ou CNN).

Ce mémoire comprend quatre chapitres :

- ✓ Dans le premier chapitre nous parlerons des éléments essentiels de notre travail à savoir l'imagerie par résonance magnétique (IRM), le cerveau humain, et la maladie d'Alzheimer, ses différentes lésions, les moyens de sa détection, et de son diagnostic.
- ✓ Dans le deuxième chapitre nous présenterons l'apprentissage profond et nous expliquerons l'architecture des réseaux neuronaux convolutifs (Convolutional Neural network ou CNNs). Dans ce chapitre, nous apprendrons plus sur l'architecture d'un réseau neuronal convolutif et sur toutes ses propriétés telles que les couches, les fonctions, les optimiseurs et tous les paramètres qui contrôlent la qualité du réseau.
- ✓ Dans le troisième chapitre nous présenterons un état de l'art des travaux sur la détection de la maladie d'Alzheimer.
- ✓ Le quatrième chapitre concerne notre application de la classification et la méthodologie suivie pour y parvenir. Nous allons aborder l'aspect d'implémentation de ce projet et de tous les moyens qui ont été adoptés pour réaliser cette application, depuis l'environnement de développement et les bibliothèques utilisées jusqu'aux détails des tests et des résultats obtenus.

Chapitre I

Généralités sur la maladie d'Alzheimer

I.1 Introduction

La maladie d'Alzheimer (MA) est la première cause de démence dans le monde, touchant plus de 44 millions de personnes. Son diagnostic précoce est essentiel pour assurer une prise en charge adéquate des patients ainsi que pour développer et tester de nouveaux traitements. La MA est une maladie complexe qui nécessite différentes mesures pour être caractérisée : tests cognitifs et cliniques, neuroimagerie, notamment l'imagerie par résonance magnétique (IRM). Ce chapitre présente des généralités importantes sur la maladie d'Alzheimer. Nous aborderons trois points essentiels pour bien comprendre cette maladie : l'imagerie par résonance magnétique (IRM), le cerveau humain et ensuite nous détaillerons cette maladie.

I.2 Différents types des images médicales

L'imagerie médicale est un ensemble de techniques consistant à détecter et visualiser les différentes régions ou différents organes de l'organisme. Il existe plusieurs types d'imageries médicales qui sont plus ou moins adaptées en fonction des zones à étudier. On distingue en particulier la radiologie, qui utilise les rayons X pour explorer les os, les poumons, l'abdomen ou le système digestif, l'échographie, qui se sert des ultrasons pour explorer les organes pleins et qui permet d'observer le fœtus au cours de la grossesse, l'imagerie par résonance magnétique (IRM) qui permet d'obtenir des images en coupes du corps, le scanner qui donne également des images en coupe et qui permet de réaliser la représentation d'organes en 3D.

I.2.1 Images Ultrasonores (Echographie)

L'Echographie est une technique médicale consistant à visualiser certains organes à l'aide de sons à haute fréquence (les Ultrasons). Les sons réfléchis par les organes sont analysés par ordinateur de façon à produire une image sur un écran ou une photographie. Les sons sont émis par un cristal à oscillation rapide dont la fréquence se situe entre 18 et 20 KHz. Ces vibrations de sonde, en contact étroit avec la peau, pour émettre les sons et recevoir les échos.

La peau est également enduite de gel pour améliorer l'acoustique. L'air, les os et les tissus calcifiés absorbent la quasi-totalité des faisceaux d'ultrasons, cet examen n'est donc pas utile pour diagnostiquer les atteintes osseuses ou pulmonaires. En revanche, les fluides sont de bons conducteurs d'ultrasons, si bien que cette technique est utilisée pour examiner les kystes et des organes tels la vessie, le système biliaire ou visualiser le fœtus dans le sac amniotique. L'échographie peut également servir aux examens du réseau artériel, du cœur du pancréas, de la cavité péritonéale, de l'appareil urinaire, des ovaires, du système veineux, du cerveau et de

la moelle épinière. L'examen du fœtus pendant la grossesse est pourtant son utilisation la plus courante (figure I.1). L'échocardiographie est l'application de la technique des ultrasons à l'examen du cœur. Elle est utilisée pour étudier les maladies cardiaques congénitales, les affections coronariennes, les tumeurs cardiaques et d'autres troubles du cœur. L'échographie est également utilisée pour guider les interventions chirurgicales comme l'amniocentèse ou au cours des biopsies délicates. A la différence des rayons X, l'échographie n'est pas contre-indiquée pendant la grossesse puisqu'elle ne présente aucun risque, ni pour la mère, ni pour l'enfant. Elle permet de suivre la croissance et le développement du fœtus, de s'assurer de sa bonne santé et de préciser l'évolution du bébé car il est possible de déterminer l'âge exact du fœtus en mesurant son tour de tête [2].



Figure I.1 : Image échographique de grossesse.

I.2.2 Radiographie

La radiographie est un examen d'imagerie médicale qui utilise les rayons x pour visualiser des parties du corps humain (os et certains organes). Sur une radiographie, les os apparaissent blancs et les tissus mous apparaissent en gris.

Les rayons X sont le test d'imagerie diagnostique le plus utilisé et sont largement disponibles. Ils sont une forme de rayonnement, et lorsqu'ils traversent le corps, les os et autres objets denses bloquent le rayonnement et paraissent blancs sur le film de la radiographie. Les tissus moins denses sont difficiles à voir et apparaissent gris. Le médecin positionne la partie du corps à numériser entre le capteur de rayons X numérique ou le film photographique et l'appareil à rayons X. Pendant que la machine envoie brièvement le rayonnement à travers le

corps, le patient doit rester immobile. Les médecins utilisent les rayons X pour diagnostiquer et évaluer : maladie ou dégénérescence osseuse par exemple : luxations, fractures, tumeurs, infections.

Les séances de radiographie ne durent généralement pas plus de 10 minutes et cela dépend de la partie du corps que le médecin examine. Dans certaines circonstances, un colorant de contraste peut être injecté dans une articulation pendant la séance radiographique. Cette procédure (également appelée arthrogramme) aide à définir les structures des tissus mous de l'articulation. Cela peut également aider à placer l'aiguille dans une articulation lors de l'injection de médicaments ou de l'élimination de liquide. Les images des rayons X peuvent ne pas être aussi détaillées que celles produites avec des méthodes sophistiquées. Cependant, ils sont l'outil important pour évaluer un problème orthopédique et sont généralement disponibles directement dans le cabinet du médecin. Les radiographies sont le plus souvent utilisées pour diagnostiquer les fractures. Cependant, elles sont également utilisées pour détecter des types de cancer, de pneumonie et d'autres maladies.

I.2.3 Tomodensitométrie (scanner)

Le scanner appelé tomographe axial assisté par ordinateur (TAO), est un dispositif de radiographie associant rayon X et une image des plans de coupe d'un objet, en particulier du corps humain. Inventé par le Britannique Godfrey Hounsfield dans les années 1970, le scanner est une technique permettant d'établir une succession d'images (de coupe) de la zone scannée. Ces images sont le résultat d'un traitement et d'une reconstruction informatique de l'information reçue par les capteurs de l'appareil. Le scanner permet de visualiser des modifications de volume ainsi que des anomalies de structure au niveau des tissus ou des organes. Cette technique est utilisée dans divers domaines d'application :

- ✓ La cancérologie pour la détection de nodules, le contrôle de la réponse à la chimiothérapie et le bilan d'extension des cancers (pulmonaires, bronchiques, pelviens, ORL),
- ✓ La chirurgie pour localiser précisément la zone où l'on envisage l'intervention,
- ✓ La traumatologie pour l'étude de traumatismes et de fractures.

Le scanner aujourd'hui continue à évoluer pour tenter d'aller plus loin dans le diagnostic médical. Afin d'avancer vers cet objectif, cette modalité a du s'ouvrir à la présentation en trois dimensions. Cette nouvelle visualisation apporte beaucoup de bénéfices en faveur du diagnostic médical. Mais cette nouvelle technologie n'est possible qu'avec l'utilisation de

consules de post-traitement. Ces consoles sont des ordinateurs utilisant des algorithmes spécifiques afin de pouvoir reconstruire les images scannées en trois dimensions. Elles ont aujourd'hui, un rôle de plus en plus important et sont à la base de l'exploitation des données acquises par le scanner.

I.2.4 Imagerie par Résonance Magnétique (IRM)

L'IRM est une technique de diagnostic médical puissante qui fournit des images tridimensionnelles et en coupe (figure I.2), de grande précision anatomique. L'IRM est une technique radiologique récente, non invasive et sans effets secondaires connus, basée sur le phénomène physique de résonance magnétique nucléaire. Il s'agit simplement d'observer la résonance magnétique nucléaire (RMN) des protons de l'eau contenus dans l'organisme, c'est à dire la réponse des noyaux soumis à un champ magnétique extérieur et à une excitation électromagnétique. L'intensité recueillie pour un élément de volume (voxel) dépend de la concentration de l'eau à l'endroit considéré et on obtient ainsi une image tridimensionnelle de la répartition de l'eau dans le corps d'un patient. Selon la méthode utilisée, le contraste entre deux voxels peut être augmenté si les temps de relaxation des spins nucléaires (décrivant le retour à l'équilibre des noyaux après l'excitation) diffèrent dans les deux zones. Il est donc possible d'observer des altérations des tissus (telles que des tumeurs) grâce aux différences de densité et de relaxation de l'eau.



Figure I.2 Appareil de l'imagerie par résonance magnétique.

I.2.4.1 Anatomie IRM du cerveau

En imagerie par résonance magnétique (IRM), le cerveau peut être examiné selon les trois plans de l'espace: coupes axiales, sagittales, et coronales (figure I.3).

Le cerveau peut être également examiné en fonction de paramètres qui font varier les champs magnétiques. Certaines séquences IRM permettent de rendre les liquides brillants (hyper-intenses) ou sombres (hypo-intenses). Les différents comportements des tissus observés durant les séquences IRM permettent leurs caractérisations. De plus, le comportement des lésions est en général différent de celui du tissu sain. Les informations ainsi recueillies sur le comportement des tissus pathologiques permettent de poser un diagnostic différentiel.

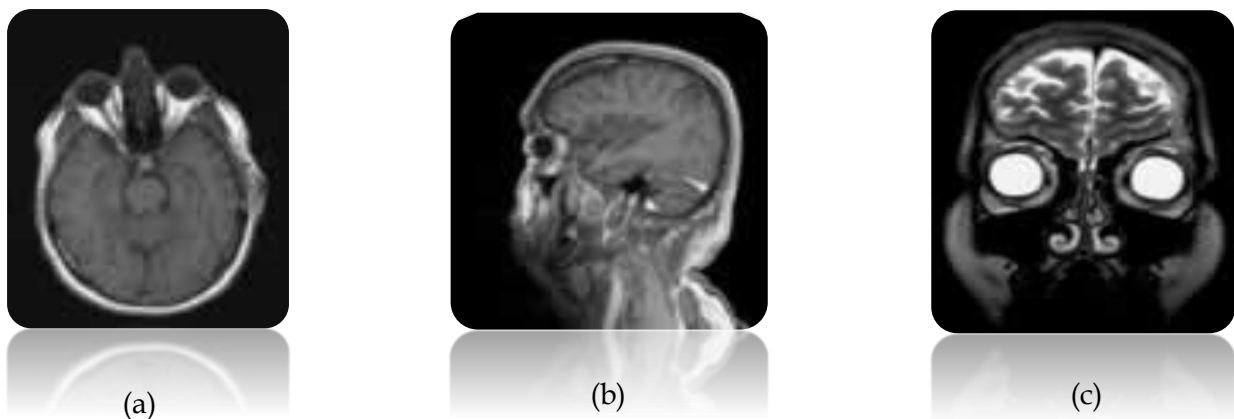


Figure I.3 : Trois séquences cérébrales (Coupes IRM T1 du cerveau), (a) Coupe axiale, (b) Coupe sagittale, (c) Coupe coronale.

I.2.4.2 Particularité des images IRM

En IRM, le contraste est dominé par trois principales propriétés physiques, la densité de protons, et les temps de relaxation longitudinale (T1) et transversale (T2). Plus précisément, il se trouve que des phénomènes physiques différents caractérisent la relaxation de l'aimantation longitudinale et de l'aimantation transverse. Ces phénomènes sont caractérisés par deux échelles temporelles qui sont paramétrés par deux constantes de temps T1 et T2. Pour les tissus biologiques, les valeurs typiques des temps de relaxation T1 vont d'environ 50 ms à quelques secondes. En général les temps de relaxation T2 sont plus petits et vont de quelques microsecondes pour les tissus biologiques solides à quelques secondes pour les liquides. Ces valeurs dépendent de la puissance du champ magnétique. La table I.1 présente, à titre d'exemple, quelques valeurs pour un champ de 1,5 Tesla.

Tissus	T1 (ms)	T2 (ms)
Muscle	870	45
Cœur	865	55
Foie	490	50
Rein	650	60
Graisse	262	85
Cerveau- matière grise	920	100
Cerveau- matière blanche	785	90

Tableau I.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 l'imagerie par résonance magnétique à créer des images de cerveau de fort contraste dépend de la différence entre les temps de relaxation longitudinale et transversale des structures cérébrales. Basé sur ces paramètres inhérents aux tissus, le contraste des images par résonance magnétique peut être manipulé par l'utilisateur en choisissant, d'une part, l'intervalle entre les impulsions et d'autre part, le temps d'écho (TE). L'intervalle de temps qui sépare deux impulsions est appelé temps de répétition ou TR. TR est le temps qu'on laisse aux tissus pour récupérer totalement ou partiellement leur magnétisation. Bien que le TR ne soit pas le seul paramètre qui entre en jeu, son choix est donc fondamental pour obtenir des images à dominante T1 ou T2. L'autre paramètre réglable par le radiologue pour favoriser un temps de relaxation par rapport à l'autre est le temps d'écho ou TE. L'écho permet de mesurer la véritable valeur de T2, et non pas celle qui est émise directement par les spins, appelée T2*. Le TE est le temps pendant lequel on laisse le signal décroître avant de l'enregistrer. Le temps d'écho influence la différence T2 des tissus.

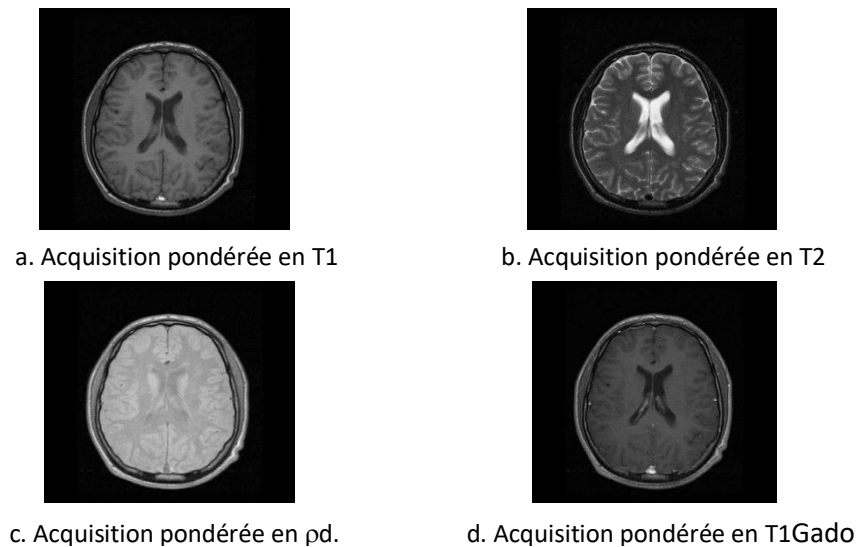


Figure I.4 : Différents types d'acquisition en IRM.

Lorsque le contraste est à dominante T1, les images sont dites pondérées en T1 (figure I.4 a). Cette pondération est aussi parfois appelée anatomique parce qu'elle permet de bien distinguer les différentes structures cérébrales. Sur ces images, la matière blanche apparaît plus claire que la matière grise. Le liquide céphalo-rachidien apparaît lui nettement plus foncé. Ces séquences sont également utilisées après injection d'un produit de contraste tel que le Gadolinium (figure I.4 d) pour caractériser une anomalie. A l'inverse, lorsque le contraste est à dominante T2, les images sont dites pondérées en T2 (figure I.4 b). Cette pondération est aussi parfois appelée tissulaire. Le contraste est inversé par rapport aux images pondérées en T1. La matière blanche et la matière grise apparaissent presque confondues mais d'autres caractéristiques peuvent être observées, comme les lésions. En effet, l'eau et l'œdème apparaissent en hypersignal. Enfin, les images appelées à densité de protons (DP) (figure I.4 c) sont obtenues en minimisant les effets des contrastes T1 et T2, notamment en baissant le temps d'écho par rapport aux images pondérées en T2. A partir de ces pondérations, les recherches en radiologie ont introduit d'autres types de séquences, basées sur l'une ou l'autre des pondérations. Les séquences FLAIR (Fluid Attenuated Inversion Recovery) par exemple, séquences en inversion-récupération, permettent d'obtenir des images pondérées en T2 tout en supprimant la contribution du signal hyper-intense du liquide céphalo-rachidien.

I.3 Anatomie cérébrale

Le cerveau est l'organe humain qui fascine le plus. De nombreuses recherches essaient d'en élucider le fonctionnement. Nous n'allons pas dresser ici un atlas complet du cerveau, mais plutôt souligner les structures qui jouent un rôle important lors de la classification du cerveau.

I.3.1 Structures et tissus cérébraux

Le cerveau occupe la majeure partie de la boîte crânienne, avec le cervelet et le tronc cérébral. Il est composé de deux hémisphères. Tous ces éléments sont environnés d'une mince couche de liquide appelé liquide céphalo-rachidien (LCR) ou liquide cérébro-spinal.

Deux grandes classes de tissus composent le cerveau : la matière grise et la matière blanche. La matière grise se trouve en grande partie sur la couche externe du cerveau, épaisse de 2 à 5mm, appelée cortex et constituée majoritairement de cellules neuronales. On trouve aussi de petites masses de matière grise à l'intérieur de l'encéphale, appelées noyaux gris. La figure I.5 montre une vue coronale des principaux noyaux gris.

La matière blanche est située à l'intérieur du cortex et est constituée de fibres nerveuses reliant les neurones de la matière grise entre eux. Elle fait notamment la liaison entre les deux hémisphères grâce à un faisceau de fibres central : le corps calleux. Au centre du cerveau, on trouve également des cavités remplies de liquide céphalo-rachidien appelées ventricules cérébraux.

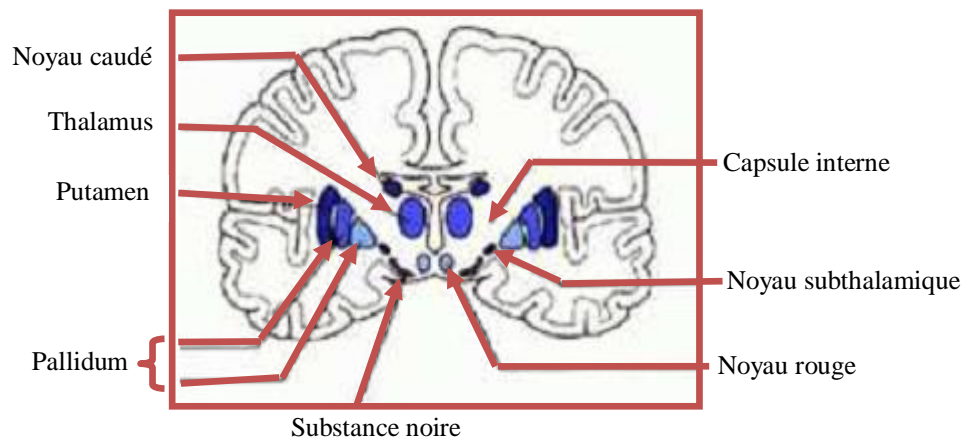


Figure I.5 : Vue coronale du cerveau et localisation des principaux noyaux gris.

La figure I.6 montre comment apparaissent ces différentes structures anatomiques sur un image IRM pondéré en T1. La matière blanche est le tissu le plus clair, la matière grise présente un niveau de gris moyen et le LCR est le plus foncé. On note qu'on observe en général assez facilement les ventricules latéraux du cerveau, mais plus difficilement les troisième et quatrième ventricules, plus minces, en raison de la résolution des images.

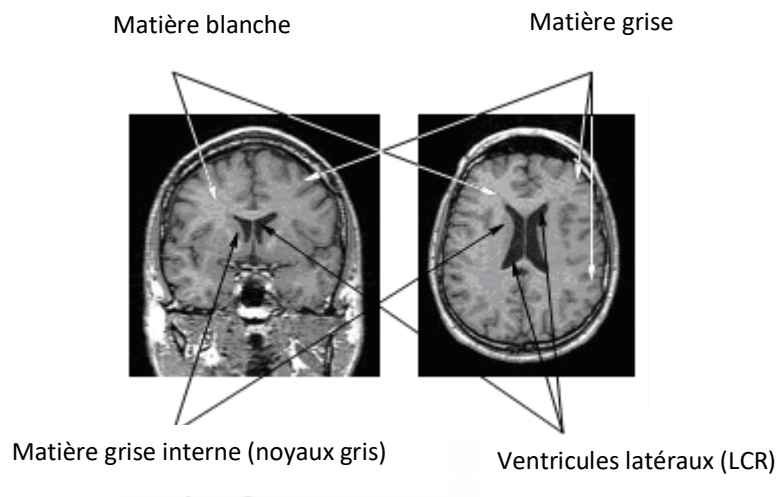


Figure I.6 : Principaux tissus du cerveau sur une image IRM pondéré en T1.

I.3.2 Cortex cérébral

Le cortex cérébral est la partie périphérique des hémisphères cérébraux (figure I.7). Le cortex cérébral est le siège des fonctions neurologiques élaborées. Il s'agit de l'intelligence, du mouvement volontaire, de la conscience, de la sensibilité etc.

Le cortex joue un rôle primordial en ce qui concerne les fonctions nerveuses de base. Il s'agit des différentes modalités que sont la motricité, la sensibilité, la sensorialité. D'autre part le cortex tient également le rôle indispensable dans d'autres fonctions supérieures que sont le langage et la mémoire etc.



Figure I.7 : Cortex cérébral.

Le cerveau est contenu dans le crâne avec le cervelet et le tronc cérébral. Il est constitué de deux hémisphères liés entre eux par plusieurs commissures dans la plus importante est le corps calleux. Chaque hémisphère est constitué par une zone superficielle, la substance grise

que l'on appelle le cortex et par une zone profonde ou substance blanche elle-même constituée par des fibres nerveuses ou axone. Ces axones relient le cortex à des régions sous corticales ou à la moelle épinière et à des amas de substance gris appelés noyaux gris centraux ou ganglions de la base dont le rôle est d'intégrer et de contrôler l'activité motrice et sensitive que celle-ci soit inconsciente ou automatique. Il s'agit par exemple de la coordination des réflexes etc. Le cortex cérébral est constitué de plusieurs couches dont le nombre est variable selon la zone du cerveau et selon l'ancienneté du cortex. le cortex cérébral est comme un ensemble de circuits électroniques bien qu'il soit plus complexe dans sa structure et son fonctionnement

Chaque hémisphère cérébral comprend quatre lobes : le lobe frontal, pariétal, temporal et occipital (figure I.8).

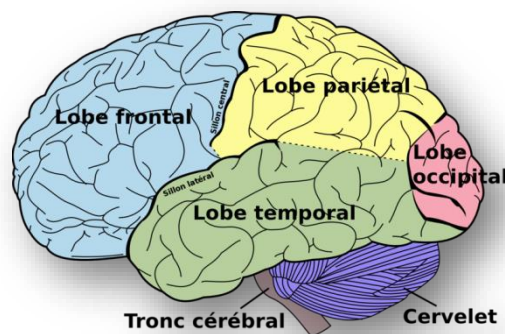


Figure I.8 : Différent lobes cérébraux.

Le cortex cérébral est constitué d'aires d'association situées autour de toutes les aires primaires. Ces aires d'association ont la capacité essentiellement de permettre la coordination des fonctions de base. La perception et la compréhension des images et du son fait intervenir les aires d'association. D'autres parts les aires d'association ou aire secondaires, situées au voisinage des précédentes traitent les informations qui sont fournies par celle-ci. Leur rôle est essentiel en ce qui concerne la reconnaissance des objets perçue par la voie sensorielle correspondante. Les agnosies qui sont les incapacités ou l'impossibilité de reconnaître, de façon générale, correspondent à des troubles d'intégration à ce niveau.

Les aires tertiaires pariéto-temporale et frontales reçoivent, quant à elles, des informations en provenance de plusieurs aires secondaires. Ces aires assurent les fonctions supérieures comme le langage, les fonctions intellectuelles, l'organisation dans l'espace et le contrôle du comportement.

Chaque hémisphère joue un rôle particulier. L'hémisphère gauche est le siège de la parole, des mouvements, de la sensibilité de la moitié gauche du corps. Il existe un phénomène de croisement c'est-à-dire que l'hémisphère droit assure certaines fonctions à gauche et inversement pour l'hémisphère gauche. Ceci est une règle générale sauf chez certains gauchers.

On parle de dominance hémisphérique chez les droitiers qui possèdent donc un hémisphère gauche dominant. Le langage, dans ce cas, est assuré par le fonctionnement de l'hémisphère dominant donc le gauche chez le droitier et généralement le droit chez le gaucher.

L'hémisphère droit quant à lui joue un rôle très important, il assure les différentes fonctions essentielles comme la prosodie (la tonalité du discours), le contenu émotionnel et l'organisation du discours ainsi que la reconnaissance de l'humour et la compréhension des métaphores, du sens et des images des mots. Enfin l'hémisphère droit possède des capacités de récupération après une atteinte lésionnelle de l'hémisphère gauche.

I.4 Maladie d'Alzheimer

Le développement d'outils de diagnostic requiert d'abord une compréhension de la maladie traitée. La présente section est consacrée à une présentation de la maladie d'Alzheimer.

La maladie d'Alzheimer est la maladie neurodégénérative la plus fréquente chez les personnes âgées. L'allongement de la durée de vie moyenne, à cause de l'amélioration des conditions de vie, est une des raisons qui expliquent l'augmentation du nombre de personnes concernées par cette pathologie. La maladie d'Alzheimer est caractérisée par l'accumulation anormale des protéines TAU (en anglais : tubulin-associated unit) dans les neurones conduisant à leur dégénérescence et de protéines beta-amyloïdes, constituant les plaques amyloïdes (ou plaques séniles).

I.4.1 Symptômes

La perte de mémoire est souvent le premier symptôme de la maladie d'Alzheimer qui permet d'orienter le diagnostic. Ensuite, surviennent des troubles des fonctions exécutives, des troubles de l'orientation spatio-temporelle, puis progressivement s'installent des troubles du langage (aphasie), de l'écriture (dysorthographe), du mouvement (apraxie), du comportement, des troubles de l'humeur (anxiété, dépression, irritabilité) et des troubles du sommeil avec une insomnie.

I.4.2 Causes

La dégénérescence des neurones qui survient dans la maladie d'Alzheimer est le résultat de la progression de deux types de lésions : d'une part l'accumulation anormale à l'extérieur des cellules nerveuses d'une protéine appelée peptide β -amyloïde (ou encore peptide A-bêta ou peptide A β) conduisant à la formation de plaques amyloïdes encore appelées « plaques séniles », et d'autre part l'accumulation anormale de la protéine TAU dans les neurones conduisant à leur dégénérescence.

I.4.3 Prévalence

Aujourd'hui, on estime que 55 millions personnes souffrent de démences de type Alzheimer dans le monde. Alors que sa survenue avant 65 ans est rare (0,5 %), sa fréquence est de 2 à 4 % une fois passé cet âge. Ensuite, elle augmente proportionnellement avec celui-ci, pour dépasser 15 % à 80 ans. Cette maladie touche de plus en plus de femmes (1 femme sur 4 et 1 homme sur 5 après 85 ans) [3].

I.4.4 Phases cliniques de la maladie d'Alzheimer

L'évaluation de la progression de la maladie d'Alzheimer montre que le patient passe par trois étapes différentes avant d'être converti en maladie d'Alzheimer [4]. Cependant, nous pouvons diagnostiquer le sujet en utilisant différentes méthodes et outils pour identifier le degré de gravité de la maladie. En effet, le diagnostic précoce de la maladie peut aider les cliniciens à prescrire des traitements pour aider les patients à préserver le fonctionnement quotidien ou réduire les risques de la maladie pendant un certain temps. Médicalement parlant, le patient MA a une accumulation d'une protéine appelée bêta-amyloïde dans les neurones sains [5], ce processus rend les neurones plus faibles et par conséquent les neurones perdent leur capacité à communiquer avec d'autres neurones. Finalement, au fur et à mesure que la maladie progresse, ces neurones s'affaiblissent et meurent. Ainsi, cela donne lieu à ce qu'on appelle une atrophie causée par la perte de cellules cérébrales (rétrécissement). La figure I.9 illustre la différence entre un cerveau normal et un cerveau affecté.

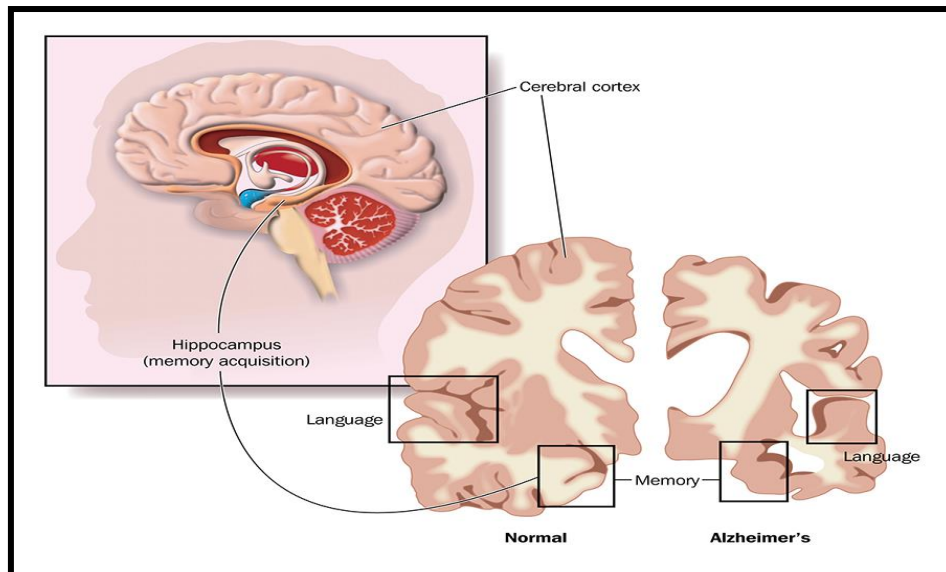


Figure I.9 : Exemple de rétrécissement cérébral pour deux sujets : à gauche cerveau normal et à droite cerveau atteint de la maladie d'Alzheimer [6].

Nous pouvons définir les trois phases cliniques de la maladie d'Alzheimer comme suit:

MA préclinique: Les personnes à ce stade ne signalent aucun symptôme de troubles cognitifs. Néanmoins, certains changements structurels peuvent se produire dans des régions spécifiques du cerveau, comme dans le sang et le liquide céphalo-rachidien (LCR). En effet, cette phase n'est pas encore évidente à détecter car la dégénérescence des cellules pertinentes pour la MA peut commencer des années, voire des décennies, avant l'apparition des premiers symptômes.

Troubles cognitifs légers (Mild Cognitive Impairment ou MCI): Avec l'âge, certaines personnes éprouvent des difficultés de mémoire plus importantes que celles prévues pour leur âge. Ces personnes peuvent être atteintes de la maladie MCI. La MCI est une phase de transition au cours de laquelle les sujets commencent à développer un certain déclin des fonctions cognitives avant de devenir atteints de la maladie d'Alzheimer [7]. À ce stade, les symptômes liés à la capacité de mémoire et à la réflexion apparaissent progressivement chez les patients eux-mêmes, sans pour autant influencer leur vie quotidienne.

MA Diagnostiquée cliniquement : C'est le dernier stade du diagnostic de la maladie d'Alzheimer, où les sujets souffrent d'une diminution de leurs capacités de réflexion et de comportement. À ce stade, les symptômes sont déjà lucides et évidents en raison de la dégénérescence des cellules du cerveau, en particulier dans les zones considérées comme atteintes par la MA.

I.4.5 Imagerie médicale pour le diagnostic de la maladie d'Alzheimer

Nous pouvons diagnostiquer la personne atteinte de la maladie d'Alzheimer en utilisant différentes méthodes et outils pour déterminer le degré de gravité de la pathologie : (1) Tests d'évaluation basés sur les scores : (MMSE, ADAS-Cog, CDR-SB etc...), (2) ou par l'analyse de l'imagerie cérébrale: (IRM, PET, etc...).

Dans ce mémoire, nous nous intéressons seulement sur les méthodes basées sur l'imagerie cérébrale. Le choix d'une modalité d'imagerie médicale pour un diagnostic d'une telle maladie nécessite une connaissance biologique préalable de la pathologie, et aussi une connaissance approfondie de l'imagerie médicale.

Les examens d'imagerie cérébrale sont une autre façon d'évaluer les changements physiques, structurels et fonctionnels dans le cerveau. Puisque la MA est une dégénérescence progressive qui endommage les cellules du cerveau et peut survenir dans différentes régions, les méthodes de neuroimagerie sont des outils prometteurs pour étudier efficacement la maladie, en particulier pour la détection précoce de la MA. Les méthodes d'imagerie permettent d'observer et de suivre les variations dans les zones du cerveau, censées être affectées avant l'apparition de tout symptôme cognitif. Par conséquent, un diagnostic précoce peut aider à empêcher la progression de la maladie de s'étendre à d'autres régions vulnérables. Contrairement au test de l'état mental, les méthodes d'imagerie aideraient les professionnels de la santé à désigner des médicaments pour ralentir la progression de la maladie à son stade le plus initial. Les outils d'imagerie cérébrale entre autre peuvent détecter d'autres causes de maladies du cerveau, telles que les tumeurs cérébrales ou la distinction de différentes maladies dégénératives, et fournir une base du degré de dégénérescence.

Les modalités d'imagerie cérébrale les plus utilisées pour cette maladie sont :

- ✓ Imagerie par résonance magnétique (IRM) : L'IRM utilise de puissantes ondes radio et des aimants pour produire des images détaillées du cerveau. Il est considéré comme faisant partie des examens sûrs et indolores par rapport aux autres méthodes d'imagerie.
- ✓ Tomodensitométrie (Computerized tomography ou CT) : les tomodensitogrammes utilisent des rayons X, qui visent à générer des images en coupe (ou tranches) du cerveau. Ces tranches sont appelées images tomographiques et sont rassemblées pour former des images 3D.
- ✓ Tomographie par émission de positrons (TEP) : des scanners ont récemment été développés pour détecter des amas de protéines amyloïdes (plaques), qui sont associés

à la démence d'Alzheimer ; cependant, ce type de PET scan est généralement utilisé dans le cadre de la recherche.

I.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté les différentes notions liées au contexte de notre étude, à savoir, L'IRM, l'anatomie cérébrale, et la maladie d'Alzheimer. Après avoir rappelé brièvement les différents types des images médicales et décrit un peu plus en détails les images obtenues en imagerie par résonance magnétique (IRM), une description de la maladie d'Alzheimer a été présentée. Cette maladie touche une grande partie des personnes âgées et parfois des personnes moyennes ou jeunes. La détection automatique de cette maladie, en particulier à son stade précoce, peut contribuer à retarder son développement et sa progression et à conduire un meilleur traitement.

Chapitre II

Deep learning

II.1 Introduction

Le but de notre travail est la détection de la maladie d'alzheimer, cette détection est réalisée par la classification des différents niveaux de démence du cerveau. Pour atteindre cet objectif nous allons se baser sur les puissants outils du deep learning (apprentissage profond) et en particulier sur les modèles puissants des réseaux de neurones convolutionnels (CNN). Ce chapitre présente donc les principes de base du deep learning et détaille les CNNs mais avant cela nous allons expliquer les réseaux de neurones qui constituent le socle des CNNs, leur principes de fonctionnement et leur différents types.

II.2 Réseaux de neurones

Daté de millions d'années d'existence, le cerveau humain est la machine de traitement de l'information la plus performante. En effet, la lecture d'un texte, la reconnaissance d'un visage ou la résolution d'un problème (prise de décision) sont des opérations propres au cerveau. L'élément de base constituant le cerveau est le neurone (nom attribué par les biologistes à cet élément) (voir la figure II.1). Le réseau de neurones peut être vu comme un modèle du fonctionnement d'une partie du cerveau, lequel se compose d'environ 10^{11} cellules appelées neurones. Ces neurones sont connectés entre eux par des liens entre l'axone d'un neurone et la dendrite d'un autre neurone. On estime qu'un cerveau humain comporte environ 10^{15} liens inter-neuronaux. L'axone est un prolongement du neurone émetteur qui transmet un signal à la dendrite du neurone récepteur. Il y a des liens entre les neurones qui sont forts et des liens plus faibles. Mais lorsque la quantité combinée de matériel chimique provenant des différents axones atteint un certain seuil, le neurone récepteur émettra à son tour un signal de sortie via son axone, à l'intention des autres neurones auxquels il est connecté [8].

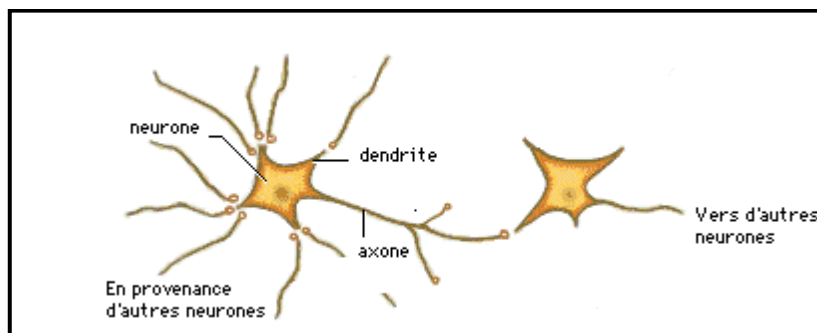


Figure II.1 : Connexions inter neuronales chez l'humain.

L'activité collective et simultanée des milliards de ces neurones ou cellules nerveuses, confère au cerveau des capacités inaccessibles aux ordinateurs (même les plus puissants), et pourtant

chaque neurone effectue une opération simple sur l'ensemble des signaux qu'il reçoit des autres neurones par le biais des dendrites. En effet, suivant l'intensité de ses signaux le neurone va décider d'envoyer ou non un signal à ses congénères le long de son axone. Cependant, la communication entre axones et dendrites s'effectue en des points appelés synapses. Les réseaux de neurones artificiels (détaillés dans la section suivante) est une architecture artificielle inspirée à partir d'un tel fonctionnement (du cerveau). La figure II.2 présente les deux réseaux neuronaux biologiques et artificiels.

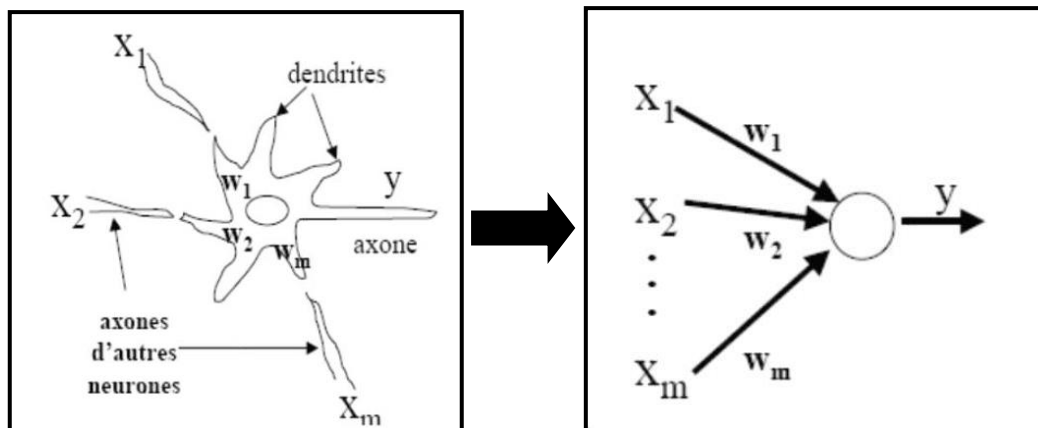


Figure II.2 : Neurone biologique (à gauche) et neurone artificiel (à droite).

II.2.1 Neurone artificiel

Un réseau de neurones artificiels (RNA) est un ensemble de neurones formels (d'unités de calcul simples, de noeuds processeurs) associés en couches (ou sous-groupes) et fonctionnant en parallèle (figure II.3). Dans un réseau, chaque sous-groupe fait un traitement indépendant des autres et transmet le résultat de son analyse au sous-groupe suivant. L'information donnée au réseau va donc se propager couche par couche, de la couche d'entrée à la couche de sortie, en passant soit par une ou plusieurs couches intermédiaires (couches cachées). Il est à noter qu'en fonction de l'algorithme d'apprentissage, il est aussi possible d'avoir une propagation de l'information à en arrière (back propagation).

Les RNA ont la capacité de stocker de la connaissance empirique et de la rendre disponible à l'usage. Les habiletés de traitement (et donc la connaissance) du réseau vont être stockées dans les poids synaptiques, obtenus par des processus d'adaptation ou d'apprentissage. En ce sens, les RNA ressemblent donc au cerveau car non seulement, la connaissance est acquise au travers d'un apprentissage mais de plus, cette connaissance est stockée dans les connexions entre les entités, soit dans les poids synaptiques.

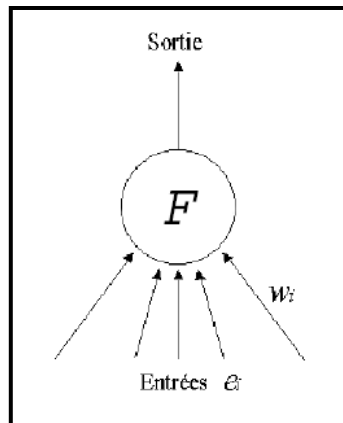


Figure II.3 : Neurone artificiel.

On peut classer les RNA en deux grandes catégories : Les réseaux "Feed-Forward" et Les réseaux "Feed-Back".

II.2.1.1 Réseaux "Feed-Forward"

Ces réseaux sont appelés aussi « réseaux de type Perceptron », ce sont des réseaux dans lesquels l'information se propage de couche en couche sans retour en arrière possible. Ils sont divisés en trois classes :

Le perceptron monocouche : C'est historiquement le premier RNA, c'est le Perceptron de « Rosenblatt ». C'est un réseau simple, puisqu'il ne se compose que d'une couche d'entrée et d'une couche de sortie. Il est calqué, à la base, sur le système visuel et de ce fait a été conçu dans un but premier de reconnaissance des formes. Cependant, il peut aussi être utilisé pour faire de la classification et pour résoudre des opérations logiques simples (telle "ET" ou "OU"). Sa principale limite est qu'il ne peut résoudre que des problèmes linéairement séparables. Il suit généralement un apprentissage supervisé selon la règle de correction de l'erreur.

Le perceptron multicouche (PMC) : C'est une extension du précédent, avec une ou plusieurs couches cachées entre l'entrée et la sortie. Chaque neurone dans une couche est connecté à tous les neurones de la couche précédente et de la couche suivante (excepté pour les couches d'entrée et de sortie) et il n'y a pas de connexions entre les cellules d'une même couche. Les fonctions d'activation utilisées dans ce type de réseaux sont principalement les fonctions à seuil ou sigmoïdes. Il peut résoudre des problèmes non-linéairement séparables et des problèmes logiques plus compliqués, et notamment le fameux problème du XOR. Il suit aussi un apprentissage supervisé selon la règle de correction de l'erreur.

Les réseaux à fonction radiale : Ce sont les réseaux que l'on nomme aussi RBF. L'architecture est la même que pour les PMC cependant, les fonctions de base utilisées ici sont des fonctions Gaussiennes. Les RBF seront donc employés dans les mêmes types de problèmes que les PMC à savoir, en classification et en approximation de fonctions, particulièrement. L'apprentissage le plus utilisé pour les RBF est le mode hybride et les règles sont soit la règle de correction de l'erreur soit la règle d'apprentissage par compétition.

II.2.1.2 Réseaux "Feed-Back"

Ces réseaux sont appelés aussi « réseaux récurrents », ce sont des réseaux dans lesquels il y a un retour en arrière de l'information.

Les cartes auto-organisatrices de Kohonen : Ce sont des réseaux à apprentissage non-supervisé qui établissent une carte discrète, ordonnée topologiquement, en fonction de patterns d'entrée. Le réseau forme ainsi une sorte de treillis dont chaque nœud est un neurone associé à un vecteur de poids. La correspondance entre chaque vecteur de poids est calculée pour chaque entrée. Par la suite, le vecteur de poids ayant la meilleure corrélation, ainsi que certains de ses voisins, vont être modifiés afin d'augmenter encore cette corrélation.

Les réseaux de Hopfield : Les réseaux de Hopfield sont des réseaux récurrents et entièrement connectés. Dans ce type de réseau, chaque neurone est connecté à chaque autre neurone et il n'y a aucune différenciation entre les neurones d'entrée et de sortie. Ils fonctionnent comme une mémoire associative non-linéaire et sont capables de trouver un objet stocké en fonction de représentations partielles ou bruitées. L'application principale des réseaux de Hopfield est l'entrepôt de connaissances mais aussi la résolution de problèmes d'optimisation. Le mode d'apprentissage utilisé ici est le mode non-supervisé.

II.2.2 Apprentissage

Pour un RNA, l'apprentissage peut être considéré comme le problème de la mise à jour des poids des connexions au sein du RNA, afin de réussir la tâche qui lui est demandée. Il est la caractéristique principale des RNA et il peut se faire de différentes manières et selon différentes règles. En effet, les réseaux de neurones peuvent trouver le lien qui unit des valeurs de sortie à celles en entrée, et ce, même lorsqu'on ne connaît pas cette fonction a priori. Afin de parvenir à ce résultat, il faut entraîner le modèle, à l'aide d'un jeu de données initiales. Celui-ci est alors divisé en deux parties : une pour l'apprentissage, l'autre pour tester le réseau. Dans un premier temps, on va donc soumettre des données d'entraînement au

programme, qui comprennent des valeurs d'entrée, ainsi que les valeurs de sortie attendues. Au début, le réseau de neurones va tenter de calculer les résultats, mais avec peu d'informations, et va donc commettre des erreurs. On va ensuite ajuster ses paramètres, de sorte à réduire ces écarts à chaque itération. Par exemple, un réseau de neurones peut être utilisé pour prévoir les risques d'apparition d'une maladie chez certains individus. En lui soumettant les caractéristiques de patients, le modèle va d'abord effectuer des prédictions aléatoires. Puis, en apprenant de ses erreurs, il sera de plus en plus pertinent dans son analyse [9]. Il existe quatre types d'apprentissages :

II.2.2.1 Apprentissage supervisé

Dans ce type d'apprentissage, le réseau s'adapte par comparaison entre le résultat qu'il a calculé, en fonction des entrées fournies, et la réponse attendue en sortie. Ainsi, le réseau va se modifier jusqu'à ce qu'il trouve la bonne sortie, c'est-à-dire celle attendue, correspondant à une entrée donnée. La majorité des apprentissages automatiques utilisent un apprentissage supervisé (supervised learning) [10].

L'apprentissage supervisé consiste en des variables d'entrée (x) et une variable de sortie (y). Nous utilisons un algorithme pour apprendre la fonction de mapping de l'entrée à la sortie $y = f(x)$. Lorsque nous avons de nouvelles données d'entrée (x), cette fonction nous permet de prédire les variables de sortie (y) pour ces données. Ce type d'apprentissage est appelé supervisé car le processus d'un algorithme tiré de l'ensemble de données d'entraînement (training set) peut être considéré comme un contrôleur supervisant le processus d'apprentissage. Nous connaissons les réponses correctes, l'algorithme effectue des prédictions itératives sur les données d'apprentissage et est corrigé par le contrôleur. L'apprentissage s'arrête lorsque l'algorithme atteint un niveau de performance acceptable.

II.2.2.2 Apprentissage non-supervisé (ou auto-organisationnel)

L'apprentissage non supervisé est basé sur des probabilités. Le réseau va se modifier en fonction des régularités statistiques de l'entrée et établir des catégories, en attribuant et en optimisant une valeur de qualité, aux catégories reconnues. Il consiste à ne disposer que de données d'entrée (x) et pas de variables de sortie correspondantes. L'objectif de l'apprentissage non supervisé est de modéliser la structure ou la distribution sous-jacente dans les données afin d'en apprendre davantage sur les données. On l'appelle apprentissage non supervisé car, contrairement à l'apprentissage supervisé, il n'y a pas de réponse correcte ni de

contrôleur. Les algorithmes sont laissés à leurs propres mécanismes pour découvrir et présenter la structure intéressante des données. L'apprentissage non supervisé comprend deux catégories d'algorithmes : Algorithmes de regroupement et d'association [11].

II.2.2.3 Apprentissage hybride

Le mode hybride reprend en fait les deux autres approches, puisqu'une partie des poids vont être déterminés par apprentissage supervisé et l'autre partie par apprentissage non-supervisé.

II.2.2.4 Apprentissage par renforcement

Le renforcement est en fait une sorte d'apprentissage supervisé et certains auteurs le classe d'ailleurs, dans la catégorie des modes supervisés. Dans cette approche le réseau doit apprendre la corrélation entrée/sortie via une estimation de son erreur, c'est-à-dire du rapport échec/succès. Le réseau va donc tendre à maximiser un index de performance qui lui est fourni, appelé signal de renforcement. Le système étant capable ici, de savoir si la réponse qu'il fournit est correcte ou non, mais il ne connaît pas la bonne réponse [12].

II.2.3 Neurone formel

Le premier neurone formel est développé en 1943 par Mac Culloch et Pitts. La figure II.4 présente un schéma de leur modèle de neurone formel.

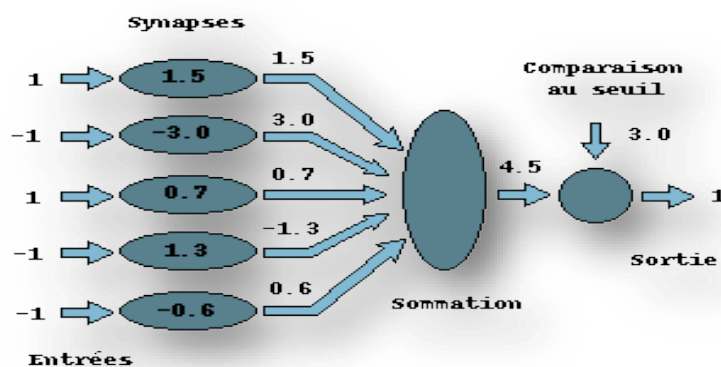


Figure II.4 : Neurone formel.

Le neurone formel est donc une modélisation mathématique qui reprend les principes du fonctionnement du neurone biologique, en particulier la sommation des entrées. Sachant qu'au niveau biologique, les synapses n'ont pas toutes la même valeur (les connexions entre les neurones étant plus ou moins fortes), les auteurs ont donc créé un algorithme qui pondère la

somme de ses entrées par des poids synaptiques (coefficients de pondération). De plus, les 1 et les -1 en entrée sont là pour figurer une synapse excitatrice ou inhibitrice.

II.2.3.1 Interprétation mathématique

D'un point de vue mathématique, le neurone formel peut être représenté comme le montre la figure II.5.

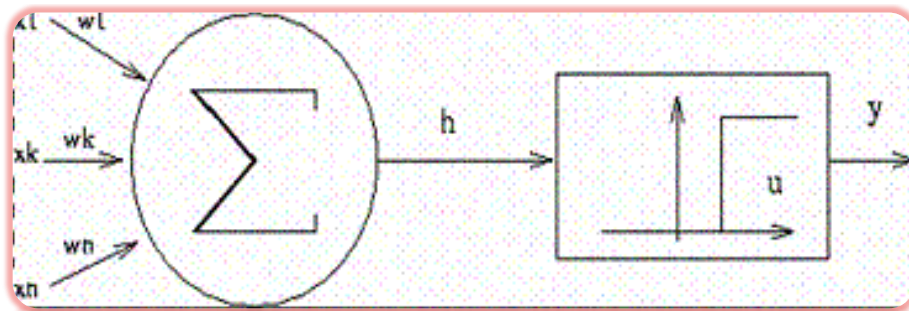


Figure II.5 : Représentation mathématique du neurone formel.

Pour un nombre compris entre j ($=1$) et un nombre quelconque n , le neurone formel va calculer la somme de ses entrées (x_1, \dots, x_n), pondérées par les poids synaptiques (w_1, \dots, w_n), et la comparer à son seuil. Si le résultat est supérieur au seuil, alors la valeur renvoyée est 1, sinon la valeur renvoyée est 0. D'où la formule (avec f = fonction seuil et θ le biais) :

$$y = f \sum_{j=1}^n w_j x_i - \theta \quad (\text{II.1})$$

II.2.3.2 Fonctions d'activation

Dans sa première version, le neurone formel était implémenté avec une fonction à seuil (figure II.6 a), mais de nombreuses versions existent. Ainsi le neurone de McCulloch et Pitts a été généralisé de différentes manières, en choisissant d'autres fonctions d'activations, comme les fonctions linéaires par morceaux (figure II.6 b), des sigmoïdes (figure II.6 c) ou des gaussiennes (figure II.6 d) par exemples.

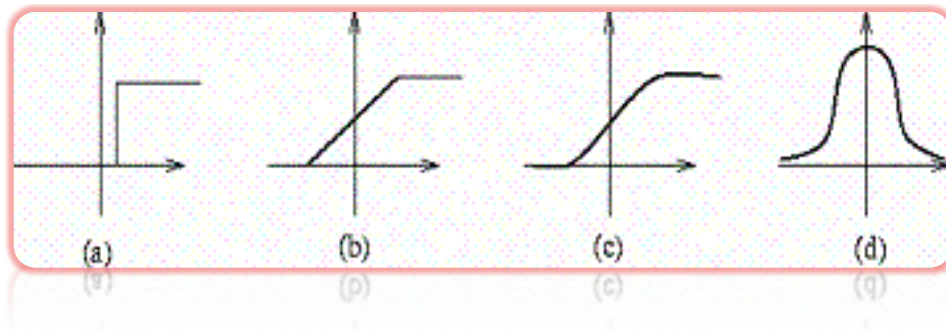


Figure II.6 : Fonctions d’activation : à seuil (a) par morceaux (b), des sigmoïdes (c) et des gaussiennes (d).

II.2.4 Le réseau de neurone multi couche

Le réseau de neurones multi couche (Multi layer perceptron ou MPL) est le réseau de neurones le plus connu et le plus simple à comprendre et qui donne généralement de bons résultats de classification. Il contient une couche d’entrée, une ou plusieurs couches cachées et une seule couche de sortie. Chaque couche peut avoir un nombre différent de neurones et chaque couche est entièrement connectée à la couche adjacente [13]. C’est un modèle créé pour imiter les fonctions d’apprentissage du cerveau humain. Dans MLP, les neurones sont regroupés en couches, et chaque neurone d’une couche est connecté à tous les neurones de ses couches arrière et avant (à l’exception de l’entrée et de la sortie). L’information envoyée se propage de couches par des couches allant de l’entrée à la sortie sans ou à travers une ou plusieurs couches cachées. Selon l’algorithme utilisé, l’information peut également être propagée vers l’arrière (rétro-propagation). La figure II.7 donne un aperçu de l’architecture d’un réseau MLP avec une seule couche cachée, et la figure II.8 montre l’architecture d’un seul nœud de ce réseau. Le point i dans la figure II.8 signifie le numéro de neurone dans le réseau et g est sa fonction d’activation.

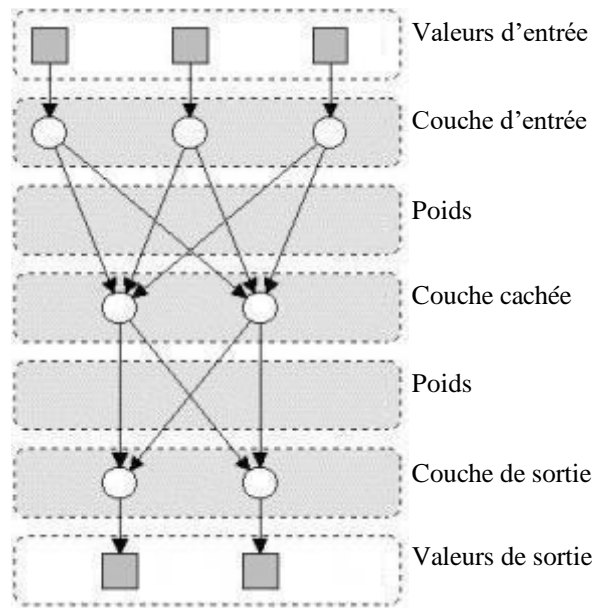


Figure II.7 : Architectures des réseaux de neurones multi couches.

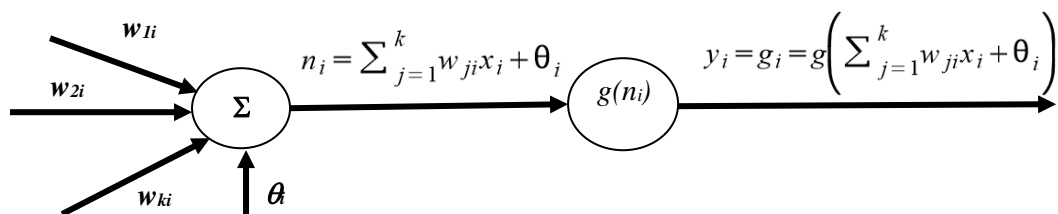


Figure II.8 : Représentation d'un nœud unique sur le réseau MLP.

Avec $x_j, j=1\dots, k$ est l'entrée du modèle, W la matrice des poids et θ le biais. Le résultat n_i est une entrée pour activer la fonction d'activation g . il existe plusieurs fonctions d'activation mais les deux couramment utilisées en MLP sont : la fonction tangente hyperbolique (\tanh) et la fonction sigmoïde. Les tangentes hyperboliques sont définies comme suit:

$$\tanh(x) = \frac{1 - e^{-x}}{1 + e^{-x}} \quad (\text{II.2})$$

Ainsi, le point de sortie devient comme ceci :

$$y_i = g_i = g\left(\sum_{j=1}^k w_{ji}x_j + \theta_i\right) \quad (\text{II.3})$$

En connectant plusieurs points en série et en parallèle, le réseau MLP sera formé comme à la figure II.9.

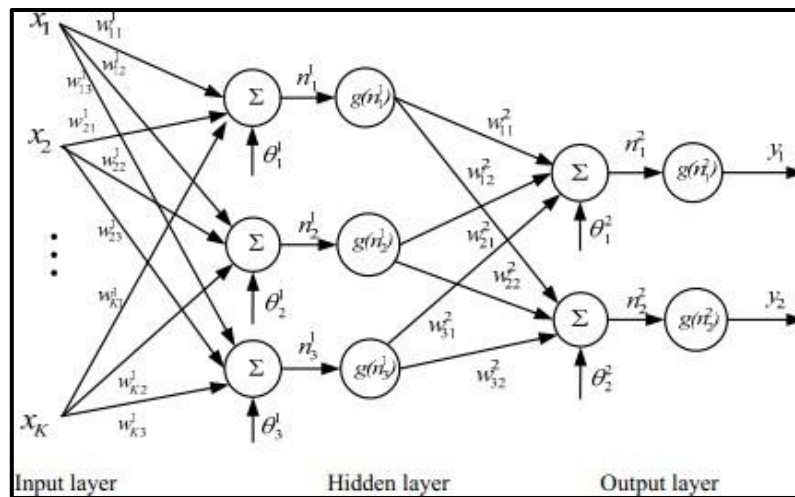


Figure II.9 : MLP avec une couche cachée.

La sortie $y_i, i=1,2,\dots$ du MLP est donnée comme suit :

$$y_i = g \left(\sum_{j=1}^3 w_{ji}^2 g(n_j^1) + \theta_j^2 \right) = g \left(\sum_{j=1}^3 w_{ji}^2 g \left(\sum_{k=1}^K w_{kj}^1 x_k + \theta_j^1 \right) + \theta_j^2 \right) \quad (\text{II.4})$$

À partir de l'équation ci-dessus, on peut conclure que le réseau MLP est un réseau avec des paramètres non linéaires. Les paramètres sont les poids w_k et les biais θ_k . La fonction d'activation g est généralement supposée être la même sur chaque couche.

Enfin, il existe un type particulier des réseaux de neurones appelé réseau de neurones profond (Deep Neural Networks DNN), le terme « profond » se rapporte généralement au nombre de couches cachées du réseau de neurones. Les réseaux de neurones classiques ne comportent que 2 à 3 couches cachées, tandis que les réseaux profonds peuvent comporter jusqu'à 150. L'idée est d'utiliser la structure de couche de réseau neuronal en empilant plusieurs couches les unes sur les autres, de manière à faciliter le mécanisme de décomposition. Par conséquent, chaque couche d'un réseau de neurones profonds fonctionne comme une seule transformation pour extraire davantage les données.

II.3 Apprentissage profond (deep learning)

Le deep learning est un ensemble de techniques d'apprentissage automatique (machine learning) qui a permis des avancées importantes en intelligence artificielle. Dans l'apprentissage automatique, un programme analyse un ensemble de données afin de tirer des règles qui permettront de tirer des conclusions sur de nouvelles données. L'apprentissage profond est basé sur des réseaux de neurones artificiels, composés de milliers d'unités (les

neurones) qui effectuent chacune de petites opérations simples. Les résultats d'une première couche de neurones servent d'entrée aux calculs d'une deuxième couche et ainsi de suite [14]. Par exemple, pour la reconnaissance visuelle, des premières couches d'unités identifient des lignes, des courbes, des angles. Des couches supérieures identifient des formes, des combinaisons de formes, des objets, des contextes. Les progrès de l'apprentissage profond ont été possibles notamment grâce à l'augmentation de la puissance des ordinateurs et au développement de grandes bases de données [15].

II.3.1 Histoire du Deep Learning

Le deep learning a été formalisé en 2007 à partir des nouvelles architectures de réseaux de neurones. Le début des réseaux de neurones comme nous l'avons déjà mentionné était le modèle de McCulloch et Pitts en 1943, ce modèle est suivi par de nombreux développements comme le perceptron, les réseaux de neurones convolutifs de Yann Le Cun et Yoshua Bengio en 1998 et les réseaux de neurones profonds qui en découlent en 2012 et ouvrent la voie à de nombreux champs d'application comme la vision, le traitement du langage ou la reconnaissance de la parole [16].

Depuis 2012, les algorithmes à base de deep learning ont pu résoudre plusieurs problèmes : reconnaître des visages comme le propose DeepFace, vaincre des joueurs de go ou de poker et permettre la conduite de voitures autonomes ou encore la recherche de cellules cancéreuses. Actuellement, le deep learning est en plein essor, et cela est dû au fait que ces nouvelles techniques de machine learning profitent de données massives (big data) que l'on est capables d'analyser ainsi que de capacités de calcul phénoménales notamment grâce aux processeurs graphiques. Afin de pouvoir utiliser les immenses promesses du deep learning Google a mis au point les accélérateurs TPU ce qui a donné des résultats immenses dans ce domaine [17].

II.3.2 Applications du Deep Learning

Les applications du deep learning sont très prometteuses, que ce soit pour reconnaître des visages sur des images, analyser des textes et les interpréter automatiquement, avoir des voitures qui conduisent toutes seules, ou encore détecter et classifier des maladies. Les applications du Deep Learning sont nombreuses [18], par exemple :

- ✓ La reconnaissance faciale : l'algorithme de Deep Learning va apprendre à détecter les différentes caractéristiques du visage sur une photo telles que les yeux, le nez, la bouche. Il va s'agir en premier lieu à donner un certain nombre d'images à

l'algorithme, puis à force d'entraînement, l'algorithme va être en mesure de détecter un visage sur une image.

- ✓ La détection d'objets : Sur une image complexe où il y a plusieurs éléments, les algorithmes de détection d'objets vont être capables d'identifier et de localiser un élément ou une personne. Par exemple l'algorithme Deep Learning de facebook est capable d'identifier telle ou telle personne sur une photo dès lors qu'elle est chargée sachant que 800 millions d'images sont chargées chaque jour sur facebook.
- ✓ Le traitement automatique du langage naturel (*Natural Language Processing*): Son but est l'extraction du sens des mots ou des phrases pour faire de l'analyse de sentiments. L'algorithme va par exemple comprendre ce qui est dit dans un avis Google, ou va communiquer avec des personnes via des chatbots. La lecture et l'analyse automatique de textes est aussi un des champs d'application du Deep Learning avec le Topic Modeling (tel texte aborde tel sujet).

II.3.3 Principe de fonctionnement du deep learning

Pour comprendre comment fonctionne le Deep Learning, nous allons utiliser un exemple concret de reconnaissance faciale. Imaginons que notre objectif soit de lui faire reconnaître les photos qui comportent une voiture. Pour pouvoir reconnaître une voiture, l'algorithme doit d'une part savoir distinguer tous les types de voitures existantes, mais aussi savoir identifier une voiture de manière précise et autonome, quel que soit l'angle sous lequel elle se trouve. Pour atteindre cet objectif le réseau de neurones artificiels est entraîné en analysant des milliers d'images de voitures et apprend à les reconnaître au milieu de photos d'autres objets. Ces données vont ensuite être assignées à différentes informations permettant à l'algorithme intelligent de déduire si oui ou non se trouve une voiture sur l'image qu'il est en train d'analyser. Le réseau artificiel va également comparer cette réponse aux bonnes réponses indiquées par les humains. S'il a vu juste, l'algorithme de reconnaissance garde cette réussite en mémoire, et la bonne réponse va servir plus tard pour reconnaître des voitures. Au contraire, s'il s'est trompé, il en prend note et corrige son erreur de lui-même la fois suivante. C'est en répétant ce système d'entraînement des milliers de fois que le réseau de neurones finit par être capable de reconnaître une voiture dans toutes circonstances (avec un degré de réussite proportionnel à la durée d'entraînement du réseau et au nombre de couches qu'il possède) [19].

II.4 Réseaux de neurones convolutionnels

Le réseau de neurones convolutionnels (Convolutional neural network ou CNN) est entraîné à l'aide de mégadonnées et possède la capacité d'extraire des caractéristiques des données par convolutions sans extraction manuelle de caractéristiques. Il est composé de plusieurs types de couches : une couche d'entrée, une couche de sortie et des couches cachées. Les couches cachées sont constituées de couches de convolution, de couches de regroupement (pooling) et de couches entièrement connectées. Le CNN est l'une des architectures de deep learning les plus populaires, utilisées pour la classification et la reconnaissance des images, des textes et des sons [20].

La classification est une approche d'apprentissage supervisé dans laquelle le programme informatique tire des informations des données d'entrée, puis utilise cet apprentissage pour classer les nouvelles données d'observation. La classification d'image consiste à attribuer une ou plusieurs étiquettes à une image en fonction d'une catégorie prédéfinie suivant un algorithme qui détermine à quelle catégorie appartient l'image. La figure II.10 présente l'architecture générale des CNNs.

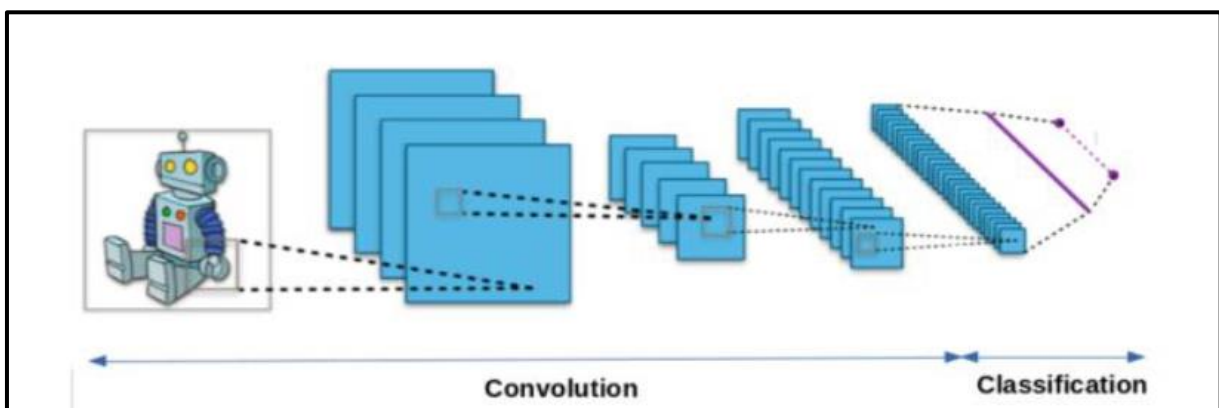


Figure II.10 : Réseaux de neurones convolutionnels.

II.4.1 Architecture des CNNs

Les CNNs sont actuellement les réseaux profonds les plus efficaces pour la classification des données d'images. Leurs architectures à plusieurs couches sont inspirées de la science de la biologie. À travers ces réseaux, les caractéristiques invariantes sont apprises hiérarchiquement et automatiquement. Ces réseaux permettent de reconnaître et de combiner ces caractéristiques pour apprendre de modèles plus compliqués.

L'architecture des CNNs contient de nombreuses couches comme le montre la figure II.11, allant de la couche d'entrée à la couche de sortie en passant par de nombreuses étapes nécessaires et importantes qui peuvent être répétées, chacune de ces étapes a un rôle dans la réussite de la fonction de CNN.

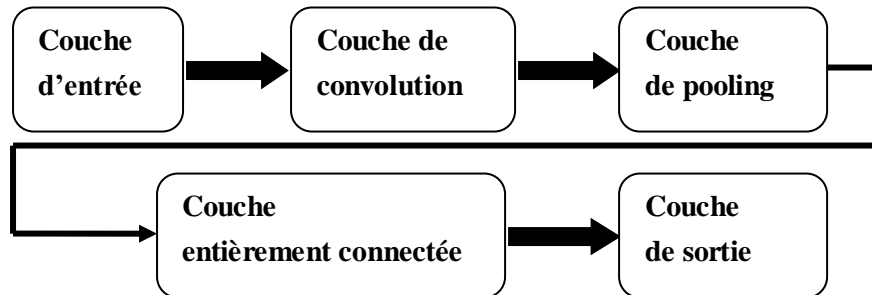


Figure II.11 : Différentes couches des CNNs.

II.4.1.1 Convolution

La convolution est le cœur du réseau de neurones convolutionnels, c'est une opération mathématique basée sur la multiplication de la matrice des nombres avec un filtre (également connu sous le nom de kernel), son rôle est de déterminer la présence de certaines caractéristiques ou motifs dans l'image d'origine. L'utilisation de plusieurs filtres de convolution permet d'extraire différentes caractéristiques. La convolution produit une nouvelle matrice avec des dimensions inférieures par rapport à l'image d'origine [20]. Les figures II.12 et II.13 présentent un des exemples de l'opération de convolution. Sur le côté gauche de la figure II.12 se trouve l'entrée de la couche de convolution, par exemple l'image d'entrée, et à droite se trouve le filtre de convolution. C'est ce qu'on appelle une convolution 3x3 en raison de la forme du filtre. L'opération de convolution est effectuée plusieurs fois en déplaçant le filtre sur toute la matrice ou l'image d'entrée, nous multiplions la matrice avec le filtre et nous additionnons le résultat. Ce processus est répété jusqu'à couvrir toutes les parties de l'image. Les convolutions produisent plusieurs matrices de caractéristiques.

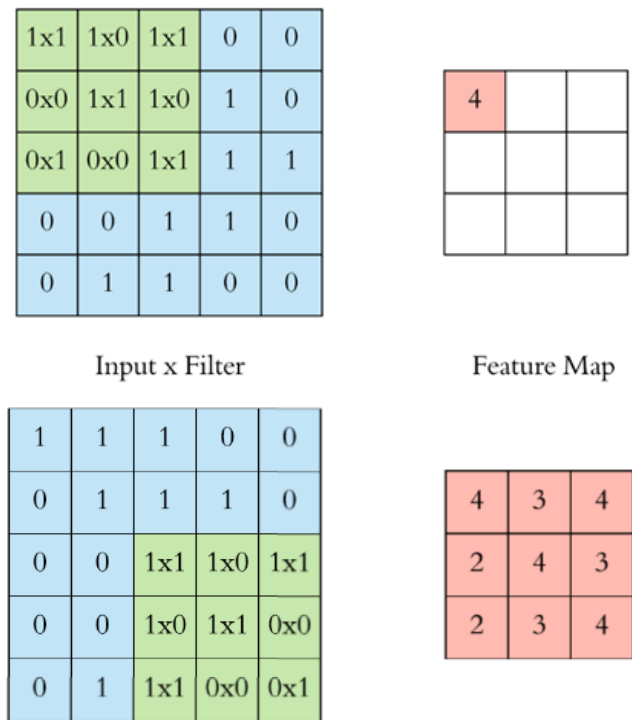


Figure II.12 : Etapes de la convolution

II.4.1.2 Pooling

Le pooling (le regroupement) est une opération simple qui consiste à remplacer un carré de pixels (généralement 2×2 ou 3×3) par une valeur unique. De cette manière, l'image diminue en taille et se retrouve simplifiée, non seulement cela réduit le nombre de calculs nécessaires, mais cela empêche également le sur-apprentissage [21]. Pour appliquer le pooling, on commence par sélectionner un carré de pixels de taille 2×2 par exemple puis on calcule la valeur qui va venir remplacer ce carré, cette valeur est calculée en choisissant la valeur maximale ou la moyenne, ensuite on décale ce carré vers la droite d'une case si le stride (le pas) vaut 1 par exemple (généralement, il vaut 1 ou 2), une fois arrivé au bout à droite, on recommence tout à gauche en décalant une fois vers le bas (d'un pas égal au stride) et en allant de nouveau vers la droite [22].

Les deux types de pooling les plus utilisés sont le max pooling et le mean pooling. Le mean pooling calcule la moyenne des pixels de la sélection, on calcule la somme de toutes les valeurs et on divise par le nombre de valeurs. On obtient ainsi une valeur intermédiaire pour représenter ce lot de pixels [22]. Le max pooling suit le même principe du mean pooling sauf il prend la valeur maximale de la sélection au lieu de la valeur moyenne (voir figure II.13).

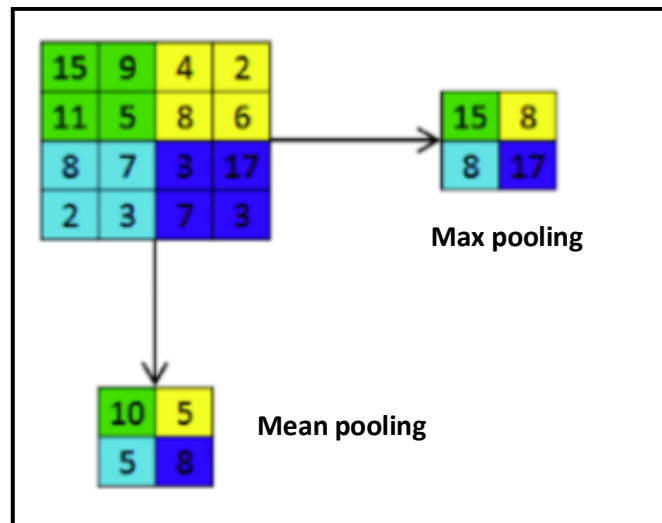


Figure II.13 : Différence entre max pooling et mean pooling.

II.4.1.3 Flattening

Le flattening (ou mise à plat) est la dernière étape de la partie « extraction des caractéristiques ». L'entrée de cette couche est une matrice qui comprend des informations sur les emplacements des formes complexes spécifiques (motifs) dans l'image. Une opération d'aplatissement (flattening) fait de l'entrée (la matrice) que nous avons pour en faire un long vecteur de valeurs, chacune de ces valeurs représente la probabilité d'une classe de l'ensemble de classifications sur lesquelles le réseau est entraîné puis transmis à un réseau de neurones entièrement connecté pour prédire la probabilité de la sortie (voir figure II.14).

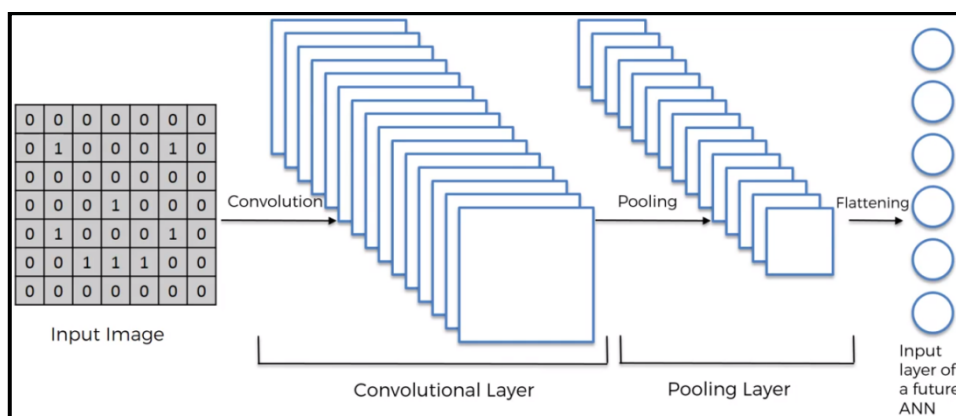


Figure II.14 : Principe de fonctionnement du flattening [23].

II.4.1.4 Couche entièrement connectée

Après plusieurs couches de convolution et de max-pooling, le raisonnement de haut niveau dans le réseau neuronal se fait via des couches entièrement connectées (fully connected layers ou dense), ces couches qui reçoivent un vecteur de valeurs et renvoient des probabilités pour chaque classe de prédiction [24]. Les neurones dans une couche entièrement connectée ont des connexions vers toutes les sorties de la couche précédente. Leurs fonctions d'activations (voir section II.4.2.2) peuvent donc être calculées avec une multiplication matricielle suivie d'un décalage de polarisation (voir figure II.15).

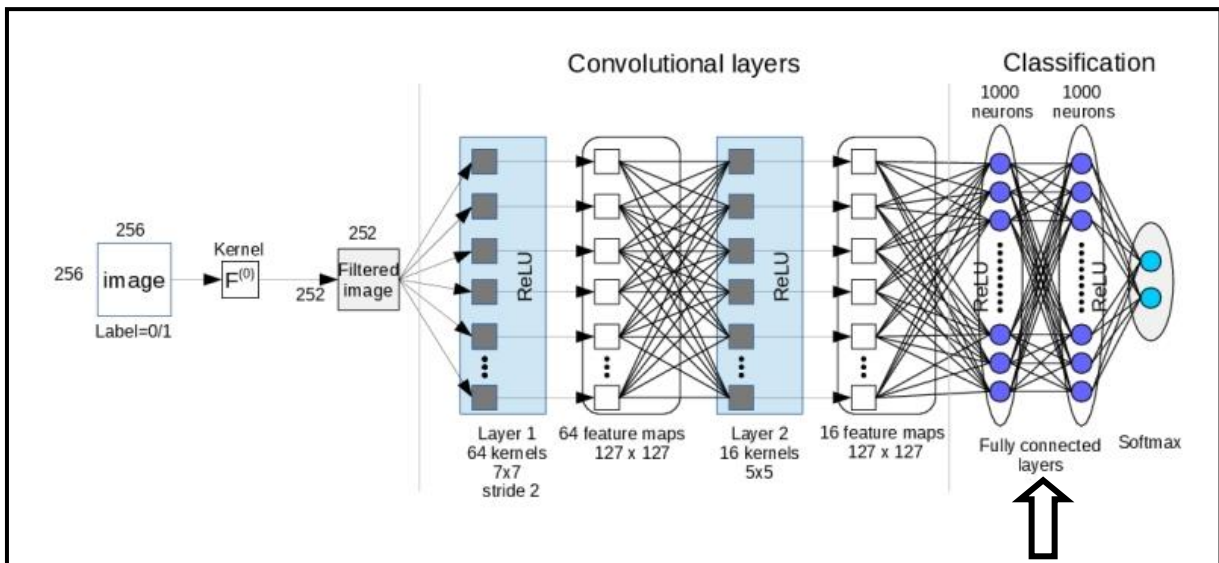


Figure II.15 : Exemple de la distribution des couches entièrement connectées [24].

II.4.1.5 Couche de sortie

La dernière couche du CNN est la couche de sortie, elle est composée de neurones qui reçoivent la somme des signaux pondérés de la dernière couche cachée pour prédire la probabilité de la sortie, et chaque neurone de sortie représente alors une prédiction spécifique. Par exemple, pour un problème de détection du cancer, le premier neurone représente la prédiction « c'est un cancer », le deuxième « ce n'est pas un cancer ». Généralement le nombre de neurones dans cette couche est égal au nombre de classifications, et cela selon le problème auquel nous voulons trouver une solution, et la conclusion de notre réseau dépend de quel neurone de sortie a le signal le plus fort [25].

II.4.2 Autres outils des CNNs

II.4.2.1 Padding

Les opérations de convolution et de pooling peuvent rendre la matrice d'entrée plus petite et cela peut faire disparaître les informations de l'image. Le padding est utilisé pour surpasser ce problème, il consiste simplement à ajouter des zéros tout autour d'une matrice pour en augmenter la taille d'image comme indiqué sur la figure II.16 [26].

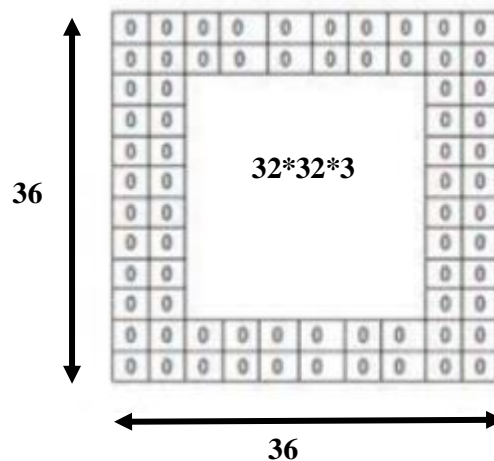


Figure II.16 : Padding de 2 sur une matrice de taille 32×32.

II.4.2.2 Fonctions d'activation

Une fonction d'activation est une fonction mathématique utilisée sur un signal. Elle reproduit le potentiel d'activation que l'on retrouve dans le domaine de la biologie du cerveau humain. Elle permet le passage de l'information si le seuil de stimulation est atteint. Concrètement, elle a pour rôle de décider si on active ou non une réponse du neurone. Les fonctions d'activation les plus utilisées dans CNN sont les suivantes [27]:

La fonction Sigmoid (logistic) : c'est la fonction la plus populaire depuis des décennies. Mais aujourd'hui, elle devient beaucoup moins efficace par rapport à d'autres pour une utilisation dans les couches cachées. Elle perd de l'information due à une saturation que cela soit pour la phase de feed forward ou de back propagation, en donnant des effets non linéaires au réseau due à un paramètre unique. Elle a aussi des soucis de gradient 0 avec des entrées étant très large, même si le souci est minimalisé avec les systèmes utilisant des batch par lots (mini batch). Elle peut être utilisée dans la couche de sortie pour de la classification binaire, son intervalle de sortie est [0, 1]. Elle est donnée par la formule suivante :

$$f(x) = \frac{1}{1+e^x} \quad (\text{II.5})$$

La fonction Softmax : En mathématiques, la fonction softmax, ou fonction exponentielle normalisée, est une généralisation de la fonction logistique qui prend en entrée un vecteur $\sigma(z)$ de K nombres réels et qui en sort un vecteur de K nombres réels strictement positifs et de somme 1. La fonction est définie par :

$$\sigma(z)_j = \frac{e^{z_j}}{\sum_{k=1}^K e^{z_k}} \quad \text{pour tout } j \in \{1, \dots, K\} \quad (\text{II.6})$$

C'est-à-dire que la composante j du vecteur $\sigma(z)$ est égale à l'exponentielle de la composante j du vecteur z divisée par la somme des exponentielles de toutes les composantes de z . En théorie des probabilités, la sortie de la fonction softmax peut être utilisée pour représenter une loi catégorielle c'est-à-dire une loi de probabilité sur K différents résultats possibles. La fonction softmax est également connue pour être utilisée dans diverses méthodes de classification en classes multiples, en particulier dans la couche de sortie des CNNs.

Unité linéaire rectifiée (Rectified Linear Unit ou ReLU) : est la fonction la plus populaire de nos jours. Elle permet un entraînement plus rapide comparé aux fonctions sigmoid et tanh, étant plus légères. Elle est définie par :

$$f(x) = \max(0, x) \quad (\text{II.7})$$

La fonction d'activation ReLU (dite de «correction») est largement utilisée dans le deep learning, c'est plutôt l'une des fonctions les plus utilisées de nos jours en raison de ses caractéristiques les plus importantes:

- ✓ Le fait de ne pas activer tous les neurones en même temps permet d'accélérer les calculs car les valeurs négatives sont mises à zéro, ce qui signifie que toutes les valeurs égales ou inférieures à zéro deviennent nulles, tandis que les valeurs positives restent les mêmes.
- ✓ Une convolution va réaliser des opérations d'additions/multiplications, les valeurs en sorties sont donc linéaires par rapport à celles en entrée.
- ✓ Elle ne modifie pas les données positives, ReLU n'impacte pas les caractéristiques mises en évidence par la convolution, au contraire elle les met davantage en évidence en creusant l'écart (valeurs négatives) entre deux caractéristiques (par exemple le nez

et les yeux). A noter qu'il existe d'autres ReLU comme par exemple Leaky ReLU qui cassent moins la linéarité des données, même si ReLU est très largement préférée et utilisée.

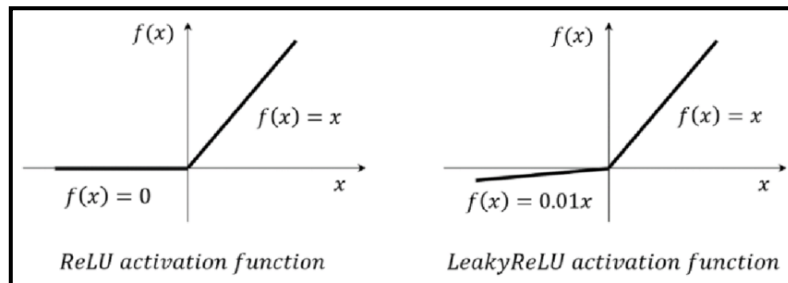


Figure II.17 : Fonctions d'activation ReLU et LeakyReLU et la différence entre elles [28].

II.4.2.3 Fonction d'erreur

La fonction d'erreur (aussi appelée fonction de perte ou fonction coût, en anglais loss function) spécifie comment l'entraînement du réseau pénalise l'écart entre le signal prévu et réel. Elle calcule l'erreur entre la sortie désirée ou connue et la sortie produite par le réseau. Diverses fonctions d'erreur adaptées à différentes tâches peuvent être utilisées. Lorsque la fonction Softmax est utilisée pour prédire une seule classe parmi K classes mutuellement exclusives. La fonction d'erreur par entropie croisée sigmoïde est utilisée pour prédire dans ce cas K valeurs de probabilité indépendante dans $[0,1]$. La fonction d'erreur euclidienne est généralement utilisée pour régresser vers des valeurs réelles [29]. Dans le cas d'une classification en deux classes la fonction d'erreur la plus utilisée est l'entropie croisée binaire (en anglais binary cross entropy). Cette fonction est donnée comme suit :

$$fonction\ d'erreur = - \sum_{i=1}^{C=2} t_i \log(s_i) = t_1 \log(s_1) - (1 - t_1) \log(1 - s_1) \quad (II.8)$$

Où C représente les classes, s_i est la valeur de probabilité prédite pour la classe i , et t est la vraie probabilité pour cette classe.

II.4.2.4 Dropout

Le problème de sur-apprentissage (overfitting en anglais) est généralement engendré lorsque certains neurones sont trop liés entre eux et trop dépendants et ce, au fur et à mesure de

l'apprentissage. Ainsi, le dropout permet d'éviter le problème de sur-apprentissage par la suppression aléatoire de certaines liaisons dépendantes, en spécifiant à chaque fois principalement un paramètre très important qui est le « taux ».

Le paramètre taux : est une valeur comprise entre 0 et 1 et qui implique la probabilité de suppression d'une liaison inter-neuronale. En pratique il est généralement entre 0.2 et 0.75.

II.4.2.5 Normalisation par lots

La normalisation par lots (ou batch normalization en anglais) est une technique qui permet d'améliorer la vitesse et la performance finale d'un réseau de neurones artificiel. Elle est utilisée pour normaliser et mettre à l'échelle les données à l'entrée du réseau de neurone en ajustant toutes les valeurs de la couche d'entrée, ceci permet de régulariser le modèle neuronal et d'éviter que certaines données très élevées dominent les autres. Ceci permet également de profiter des données les plus petites qui peuvent être très importantes au fonctionnement du réseau neuronal.

II.4.2.6 Arrêt anticipé

L'arrêt anticipé (ou early stopping en anglais) est une méthode de régularisation qui implique d'interrompre l'entraînement d'un modèle d'apprentissage lorsque la perte d'un ensemble de donnée de validation commence à augmenter et que les performances de généralisation se dégradent (voir figure II.18).

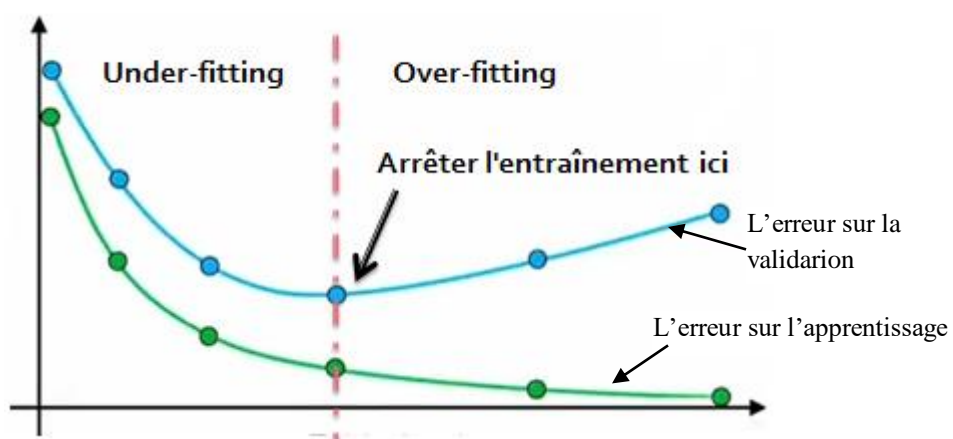


Figure II.18 : L'utilisation de l'arrêt anticipé dans la phase d'entraînement d'un modèle.

II.4.2.7 Augmentation des données

L'augmentation des données dans l'analyse des données est une technique utilisée pour augmenter la quantité de données en ajoutant des copies légèrement modifiées de données déjà existantes ou de données synthétiques nouvellement créées à partir de données existantes. Il agit comme un régulateur et aide à réduire le sur-apprentissage lors de l'entraînement d'un modèle d'apprentissage automatique. Elle est étroitement liée au sur échantillonnage dans l'analyse des données.

II.4.2.8 Optimisation

Nous expliquons dans cette section deux méthodes d'optimisation très utilisées dans les CNNs :

Méthode RMSprop : C'est une méthode d'optimisation développée par le professeur Geoffrey Hinton dans sa classe de filets neuronaux. Au lieu de laisser tous les gradients s'accumuler pour le Momentum, il n'accumule les gradients que dans une fenêtre fixe. RMSprop tente également d'amortir les oscillations, mais d'une manière différente de l'impulsion. RMSprop évite également de devoir ajuster le rythme d'apprentissage, et le fait automatiquement. De plus, RMSprop choisit un taux d'apprentissage différent pour chaque paramètre. Dans RMSprop, chaque mise à jour est effectuée selon des équations précises. Cette mise à jour est effectuée séparément pour chaque paramètre.

Méthode Adam : Adam est l'abréviation de "Adaptive Moment Estimation", c'est la méthode d'optimisation la plus utilisée dans le deep learning. Elle propose une autre façon d'utiliser les gradients passés pour calculer les gradients actuels. Adam utilise également le concept de moment adaptatif en ajoutant des fractions de gradients précédents au gradient actuel. Cette méthode d'optimisation est devenue assez répandue, et est pratiquement acceptée pour être utilisée dans l'entraînement des réseaux neuronaux. Il est facile de se perdre dans la complexité de certains de ces nouveaux optimiseurs. Adam est généralement considéré comme assez robuste dans la sélection d'hyper paramètres, bien que la vitesse d'apprentissage doive parfois être modifiée par rapport à la valeur par défaut suggéré.

II.5 Conclusion

Le deep learning est un vaste domaine qui se développe tous les jours et qui ouvre la voie à l'exploration et à la réponse à de nombreux besoins et problèmes humains, il va au-delà des différentes méthodes d'apprentissage automatique en termes de performances et est largement utilisé pour une variété de tâches différentes. Le deep learning a amélioré la précision par rapport à d'autres tâches telles que la traduction de la langue et la reconnaissance d'images. Il est actuellement une technique à la mode pour la recherche dans plusieurs domaines en particulier dans le domaine médical pour la détection des pathologies ou la classification des maladies telles que l'Alzheimer. Nous avons présenté dans ce chapitre le principe de base du deep learning et ses différents outils, ces notions de base seront très utiles pour comprendre notre approche de détection de la maladie d'Alzheimer qui sera présentée et testée dans le chapitre 4.

Chapitre III

Etat de l'art

III.1 Introduction

Le vieillissement de la population mondiale entraîne une augmentation du nombre de personnes atteintes de démence. Des études récentes indiquent que 55 millions de personnes vivent avec une démence [30], dont 60 à 70 % sont atteintes de la maladie d'Alzheimer (MA) [31]. Connue comme l'une des maladies neurodégénératives les plus courantes, la MA peut entraîner des troubles cognitifs graves et des problèmes de comportement. Avec la progression de la MA, la structure et le métabolisme du cerveau changent. La manifestation de cette maladie comprend le rétrécissement des cortex cérébraux et des hippocampes, l'élargissement des ventricules et la modification de l'absorption régionale du glucose. Ces changements peuvent être quantifiés à l'aide de techniques d'imagerie médicale en particulier grâce à l'imagerie par résonance magnétique (IRM).

Dans ce chapitre nous présenterons un état de l'art des travaux effectués pour la détection (ou la classification) de la maladie de l'Alzheimer en utilisant le deep learning.

III.2 Travaux connexes

III.2.1 Travail de Soliman et al.

Dans cette étude [32], les auteurs ont proposé de prédire la MA avec un réseau de neurones convolutionnels 3D profond (3D-CNN), qui peut apprendre des caractéristiques génériques capturant des biomarqueurs de la MA. Les auteurs ont réussi à classer les données IRM des sujets Alzheimer à partir de témoins normaux à l'aide d'un ensemble de données utilisant 3013 scans où la précision des données d'entraînement a atteint 96,5 % et celle des données de test a atteint 80,6 %.

La méthodologie proposée dans ce travail présente double objectif : (i) développer une technique de modèle qui discrimine efficacement AD de MCI et NC ; et (ii) construire un système de CAD basé sur un réseau de neurones convolutionnels 3D (3D-CNN) et étudier ses performances.

Les auteurs ont réalisé un état de l'art approfondi des techniques de détection d'Alzheimer basées sur CNN, un exemple de leur état de l'art est présenté dans le tableau III.1.

Le modèle proposé dans cette étude est écrit et évalué en Python 3 en utilisant à la fois tensorflow et keras, Comme illustré dans la figure III.1, le modèle proposée comporte plusieurs couches effectuant quatre opérations de base : convolution, maxpooling, flatten, et dense. Les couches du modèle suivent un modèle de connexion particulier appelé connectivité dense, où chaque couche est connectée à toutes les autres couches. Pour la classification finale, il existe

une couche softmax avec trois classes différentes de sortie : cas normal (CN), déficience cognitive légère (MCI) et AD.

Références	Modalité	Taille des données	Architecture DL	classifieur	Accuracy
Weiming Lin et al (2018) [33]	IRM	188 AD, 229 NC, et 401 MCI	CNN	Softmax	79.9%
Jyoti Islam et al (2018) [34]	IRM	416 samples	CNN	Softmax	93%
Yechong Huang et al (2019) [35]	IRM et PET	1355 AD 1506 CN	3D-CNN	Softmax	90%
S.Sambath Kumar et al (2019) [36]	IRM et PET	51 AD, 252 MCI et 228.NC	3D-CNN	Softmax	70%
Alexander Khvostikov et al (2018) [37]	IRM et DTI	48 AD, 108 MCI et 58 NC	3D-CNN	Softmax	95%

Tableau III.1 : Travaux connexes en apprentissage profond pour la classification AD [32].

La taille de la couche d'entrée du modèle proposé est de (96x96x62x1). Tout d'abord, une couche de convolution 3D (3x3x3) avec la fonction d'activation ReLU a été utilisée pour créer 162 cartes de caractéristiques. Cette couche est suivie par un maxpooling de taille (2x2x2). Ce processus a été répété avec deux couches de convolution 3D (3x3x3) avec une taille de noyau de 128, 256 respectivement et la fonction d'activation ReLU et une autre couche de maxpooling. Après cela, il y a deux couches de convolution 3D (3x3x3) avec une taille de noyau de 324, un max pooling (2x2x2) et une couche de convulsion 3D (3x3x3) avec une taille de noyau de 512 et un max pooling de taille (2x2x2). Les 162 cartes de caractéristiques produites ont été données à une couche flatten qui est chargée de transformer les données en un tableau unidimensionnel pour les entrer dans la couche entièrement connectée. Enfin, une couche de sortie avec une activation softmax a été utilisée pour donner des probabilités pour chaque zone, la probabilité maximale dans ce vecteur a été utilisée pour déterminer la classe de l'image.

Le 3D-CNN a été entraîné en utilisant 70 % des données collectées et a été testé en utilisant 30 % des données. La fonction de perte a été définie pour minimiser l'entropie croisée

catégorielle à l'aide de l'optimiseur Adadelta. L'entraînement a été effectué avec une taille de lot de 25 et 55 époques.

Un résumé des résultats expérimentaux est donné dans le tableau III.2. Les auteurs ont obtenu une précision moyenne de 80 %. Une précision de classification de 92 % a été atteinte pour le CN, 80 % pour MCI et AD a atteint une précision de 69 %. Pour améliorer les performances du classifieur, l'optimiseur adadelta a été utilisé afin d'adapter les taux d'apprentissage en fonction d'une fenêtre mobile des mises à jour de gradient, au lieu d'accumuler tous les gradients passés.

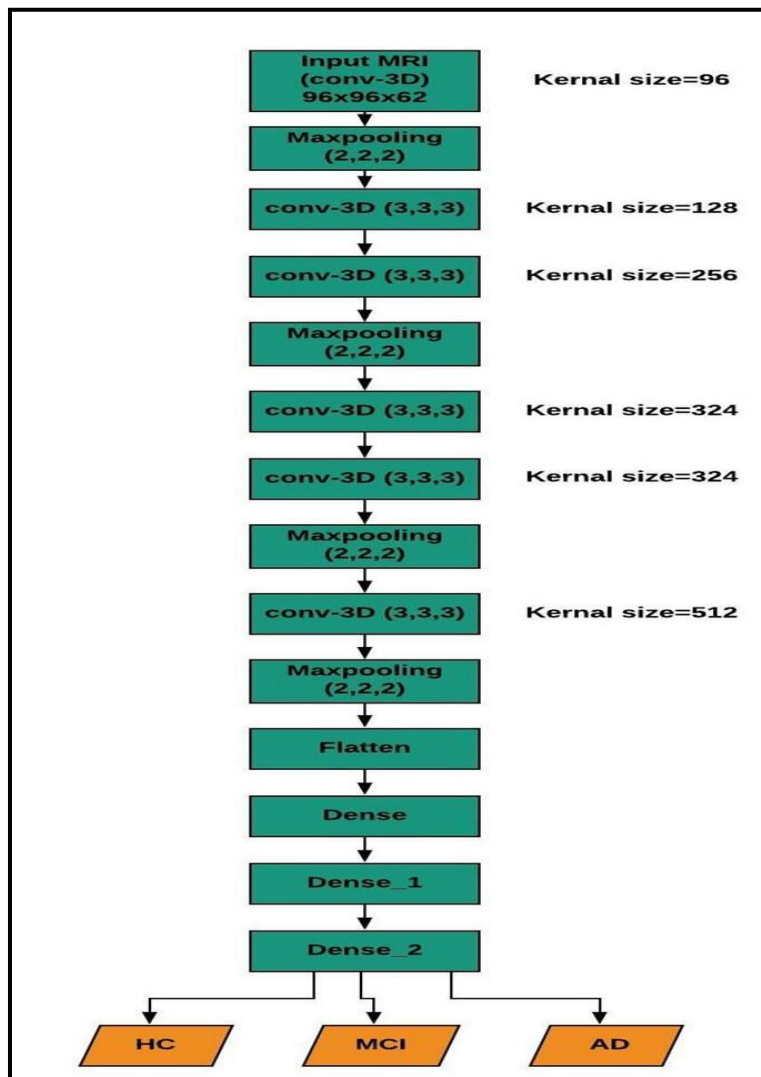


Figure III.1: Schéma général du modèle proposé pour le diagnostic de la maladie d'Alzheimer [32].

Classe	precision	recall	f1-score	Accuracy	support
CN	0.78	0.92	0.84	0.92	159
MCI	0.76	0.80	0.78	0.80	157
AD	0.91	0.70	0.79	0.69	153

Tableau III.2 : Performances du modèle proposé [32].

III.2.2 Travail de Dhinagar et al.

Dans cette étude Dhinagar et al. [38] ont proposé une approche de deep learning pour classer la maladie d'alzheimer en utilisant des images IRM cérébrale 3D pondérée en T1. Ils ont également implémenté un classifieur de random forest comme modèle de référence en extrayant les principales caractéristiques radiomiques des mêmes images IRM pondérées en T1. Leur classifieur random forest est présenté dans la figure III.2.

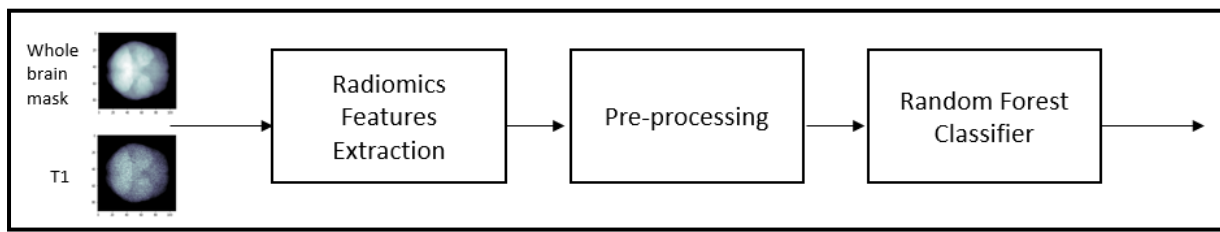


Figure III.2. Modèle basé sur l'apprentissage automatique pour la prédiction des maladies neurodégénératives [38].

L'architecture de leur modèle CNN 3D est illustrée sur la figure III.3. L'entrée de ce modèle est 91x109x91. Le CNN se compose de 4 modules constitués de 3 couches : convolutionnelle (conv), max-pooling (maxpool) et normalisation par lots (BN) pour l'extraction de caractéristiques. Les couches convolutionnelles ont respectivement 64, 64, 128 et 256 filtres. Le bloc d'extraction de caractéristiques est connecté par une couche de mean pooling globale à une couche entièrement connectée (FC) avec 512 neurones, une couche dropout et une couche entièrement connectée avec une fonction d'activation sigmoïde pour le problème de classification binaire. La fonction d'entropie croisée binaire est utilisée comme fonction de perte pour le CNN.

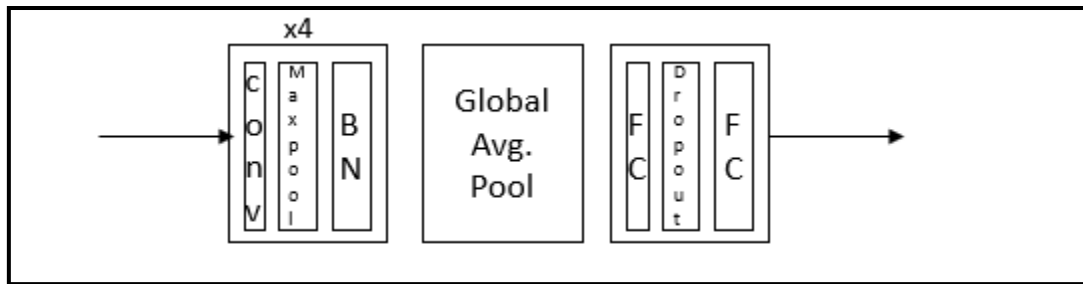


Figure III.3 : Architecture du réseau de neurones convolutionnel 3D [38].

Les performances du CNN 3D et du classifieur random forest sur la base de données OASIS sont résumées en termes de différentes mesures dans le tableau III.3. Les résultats montrent que le CNN 3D proposé surpasse le classifieur random forest pour la classification AD.

Métrique	OASIS	
	Random forest	CNN 3D
ROC- AUC	0.558 (0.038)	0.789 (0.038)
PR AUC	0.556 (0.048)	0.795 (0.042)
Accuracy	0.571 (0.018)	0.742 (0.036)
Precision	0.575 (0.041)	0.724 (0.055)
Recall	0.603 (0.105)	0.793 (0.039)
F1-score	0.580 (0.037)	0.755 (0.029)

Tableau III.3. Performances du classifieur random forest et du CNN 3D pour la classification AD [38].

III.2.3 Travail de Martin et al.

Le modèle proposé dans [39] est une nouvelle architecture de deep learning basée sur un ensemble de blocs randomisés formés par une séquence de couches de convolution 2D, de normalisation par lots et de pooling. Un défi important dans ce travail était d'éviter le sur-apprentissage, car le nombre de caractéristiques était très élevé (25755) par rapport au nombre d'échantillons (132 patients). Pour résoudre ce problème, le modèle utilise un ensemble de

sous-modèles identiques, tous partageants des poids, avec une étape finale qui effectue une moyenne entre les sous-modèles. Pour faciliter l'exploration de l'espace des caractéristiques, chaque sous-modèle reçoit une permutation aléatoire de caractéristiques. Les caractéristiques correspondent à des signaux magnétiques reflétant l'activité neuronale et sont disposées dans une structure matricielle interprétée comme une image 2D qui est traitée par des réseaux convolutionnels 2D.

Le modèle de détection proposé est un classifieur binaire (maladie/non-maladie), qui, par rapport à d'autres architectures de deep learning et classifieurs classiques d'apprentissage automatique, tels que random forest et la machine à vecteurs de support, obtient les meilleurs résultats de performance de classification avec un score F1 moyen de 0,92. Pour effectuer la comparaison, une procédure de validation stricte est proposée, et une étude approfondie des résultats est fournie.

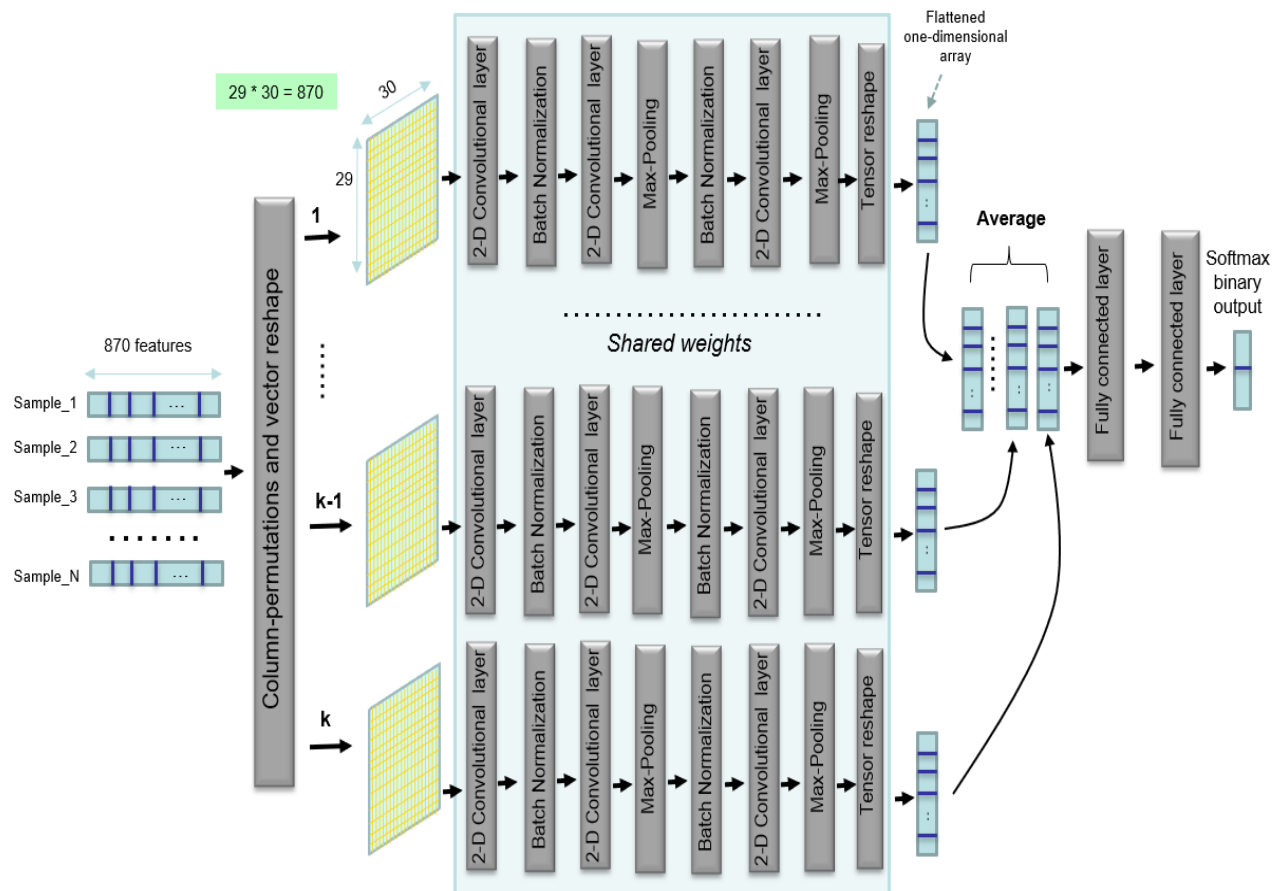


Figure III.4 : Modèle CNN 2D randomisé [39].

III.2.4 Travail de Jalindre et al.

L'objectif principal du travail de Jalindre et al. [40] est de construire un modèle de deep learning puissant pour la détection précoce de la MA et la classification des images médicales pour les différents stades de la MA. Les auteurs sont basés sur le modèle CNN en utilisant des modèles pré-entraînés d'apprentissage par transfert tels que VGG 16 (figure III.5) et ResNet 50 (figure III.6) et CNN personnalisé. Quatre métriques de classification ont été utilisées : déments légers, déments très légers, déments modérés et non déments. Pour le rendre plus pratique pour les patients et les médecins, les auteurs ont créé une application Web pour l'analyse et la vérification à distance de la MA. Elle détermine également le stade de la MA du patient en fonction du spectre de la MA. Les résultats pratiques ont montré que VGG16 et ResNet 50 sont affinés et ont atteint une accuracy de 95 % et 84 % respectivement. Les auteurs ont également construit un modèle personnalisé qui a donné une accuracy de 93% pour la classification des étapes de AD (figure III.7 et tableau III.4).

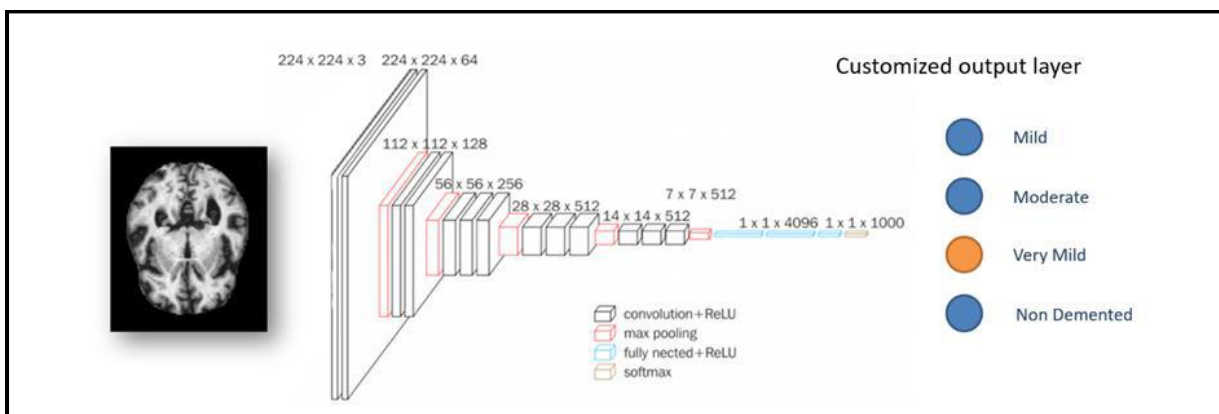


Figure III.5. Approche de l'utilisation de VGG [40].

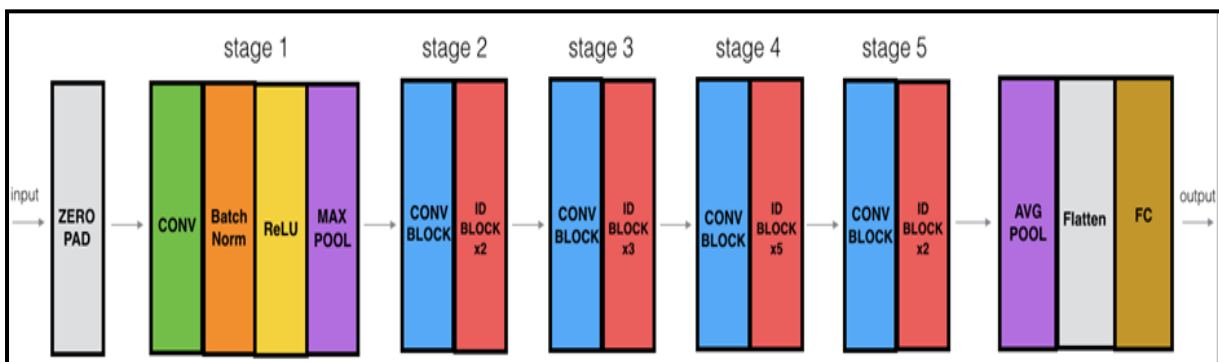


Figure III.6. Approche de l'utilisation de ResNet50 [40].

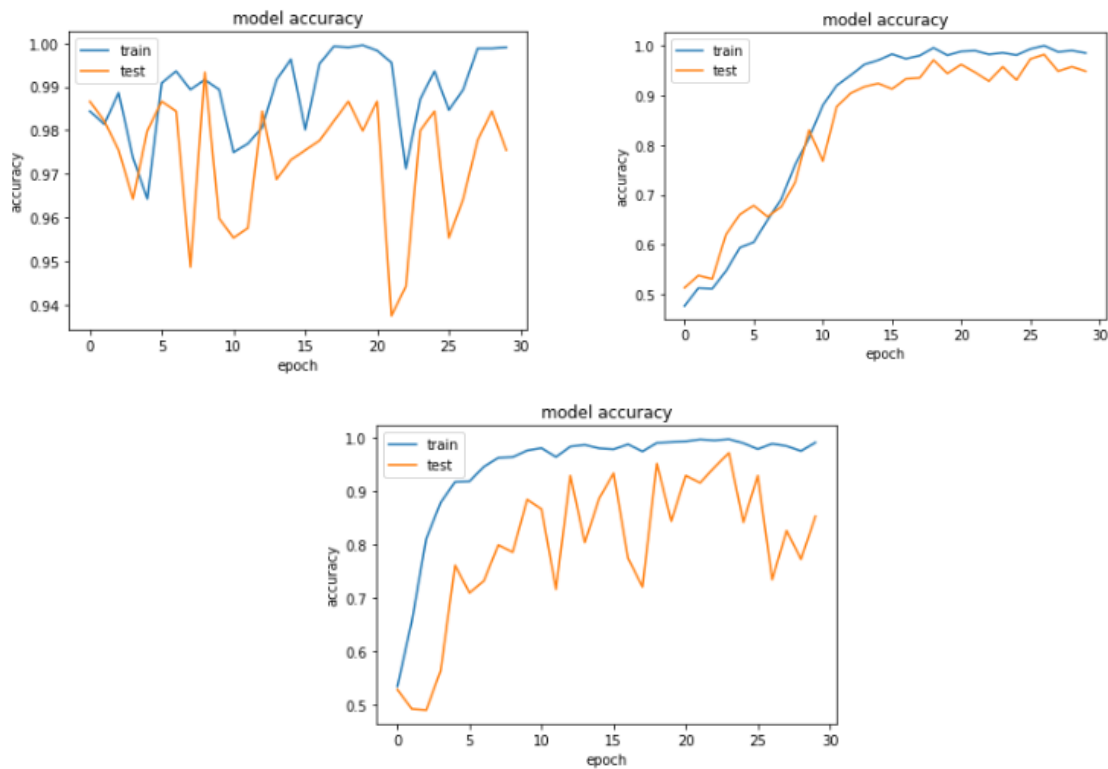


Figure III.7 : Précision de l'entraînement et de la validation de CNN, VGG 16 et Resnet 50 [40].

Modèles	Precision	Recall	F1 Score
CNN personnalisé	93%	93%	93%
VGG16	95 %	95%	95%
ResNet 50	87%	84%	83%

Tableau III.4 : Comparaison des métriques de performance des trois modèles proposés (CNN personnalisé, VGG16, ResNet50) [40].

III.3 Conclusion

L'apprentissage profond est un vaste domaine qui se développe tous les jours et qui ouvre la porte à d'exploration et de réponse à de nombreux besoins et problèmes humains, notamment la classification et la segmentation qui jouent un rôle important dans la facilitation des soins de santé. La maladie d'Alzheimer (MA) est l'une des formes les plus courantes de démence pour laquelle il n'existe pas encore de remède ou de traitement efficace en fait le seul remède est sa détection précoce, de ce fait de nombreuses recherches ont été effectuées pour détecter et contrôler cette maladie en utilisant l'imagerie par résonance magnétique. Nous avons vu dans ce chapitre quelques travaux qui ont utilisés les réseaux de neurones convolutionnels pour la détection de cette maladie.

Chapitre IV

Expériences et résultats

IV.1 Introduction

Après avoir présenté la théorie de l'apprentissage profond dans les chapitres précédents, ce chapitre sera consacré à la mise en œuvre d'un système basé sur l'apprentissage profond pour la détection et la classification de la maladie d'alzheimer. Pour cela, nous allons utiliser une base d'images contenant quatre classes représentant les stades de la démence pour l'alzheimer. Nous allons aussi présenter notre modèle CNN développé pour la classification de cette maladie. Les résultats des tests de notre architecture seront aussi présentés et détaillés dans ce chapitre.

IV.2 Environnement du travail

Dans cette section nous présenterons le matériel et le logiciel utilisés dans notre travail.

IV.2.1 Environnement matériel

Afin de mettre en œuvre ce projet, nous avons utilisé un ensemble de matériel dont les caractéristiques sont les suivantes :

- ✓ Un ordinateur portable Lenovo
- ✓ Processeur : Intel(R) Celeron(R) CPU N3060 @ 1.60GHz 1.60 GHz
- ✓ Mémoire (RAM) : Taille 4Go
- ✓ Système d'exploitation: Microsoft Windows 10 (64bits).

IV.2.2 Langage de programmation Python

Python a été développé à l'institut néerlandais de mathématiques et d'informatique (CWI) à Amsterdam par Guido van Rossum à la fin des années 1980, et sa première annonce remonte à 1991. Le noyau du langage est écrit en langage C. Rossum a appelé son langage "Python" pour exprimer son admiration pour un célèbre groupe de sketches britannique qui s'appelait Monty Python [41]. Python est un langage de programmation de haut niveau conçu pour être facile à lire et à implémenter. Il est open source, ce qui signifie qu'il est gratuit, même pour des applications commerciales. Python peut fonctionner sur les systèmes Mac, Windows et Unix [42].



Figure IV.1 : Logo Python.

IV.2.3 Google Colab

Google Colab ou Colaboratory est un service cloud, offert par Google (gratuit), basé sur Jupyter Notebook et destiné à la formation et à la recherche dans l'apprentissage automatique. Cette plateforme permet d'entraîner des modèles de Machine Learning directement dans le cloud sans donc avoir besoin d'installer quoi que ce soit sur notre ordinateur à l'exception d'un navigateur [43].

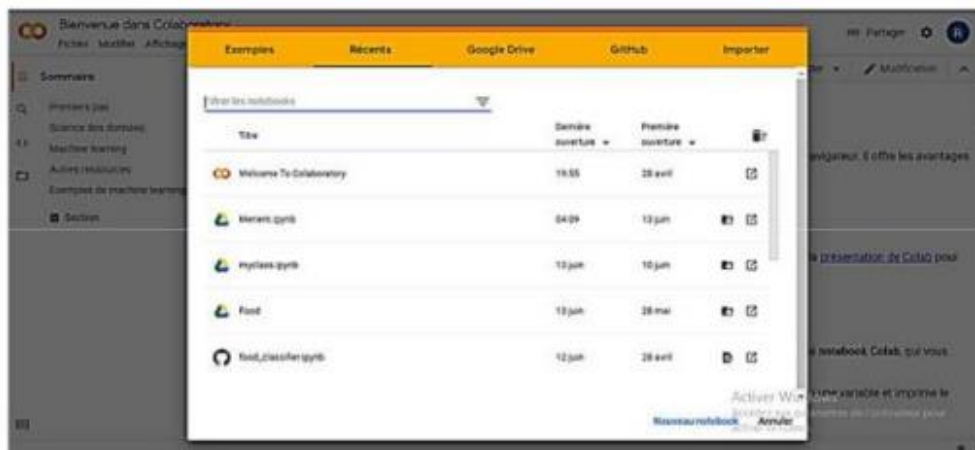


Figure IV.2 : Interface de google Colab.

IV.2.4 Navigateur Anaconda

Le Navigateur Anaconda est une interface graphique (GUI) incluse dans la distribution Anaconda et qui permet aux utilisateurs de lancer des applications, mais aussi de gérer les bibliothèques conda. Le Navigateur peut également accéder à des bibliothèques présentes sur le Cloud Anaconda ou dans un Repository Anaconda local, afin de les installer dans un environnement, les exécuter et les mettre à jour. Il est disponible pour Windows, macOS et Linux [44].



Figure IV.3 : Navigateur Anaconda.

IV.2.5 Jupyter Notebook

Jupyter Notebook est une application web open source qui vous permet de créer et partager des documents contenant du code en direct, des équations, des visualisations et du texte narratif. Les utilisations comprennent : le nettoyage et la transformation des données, la simulation numérique, la modélisation statistique, la visualisation de données, l'apprentissage automatique et bien plus encore [45].

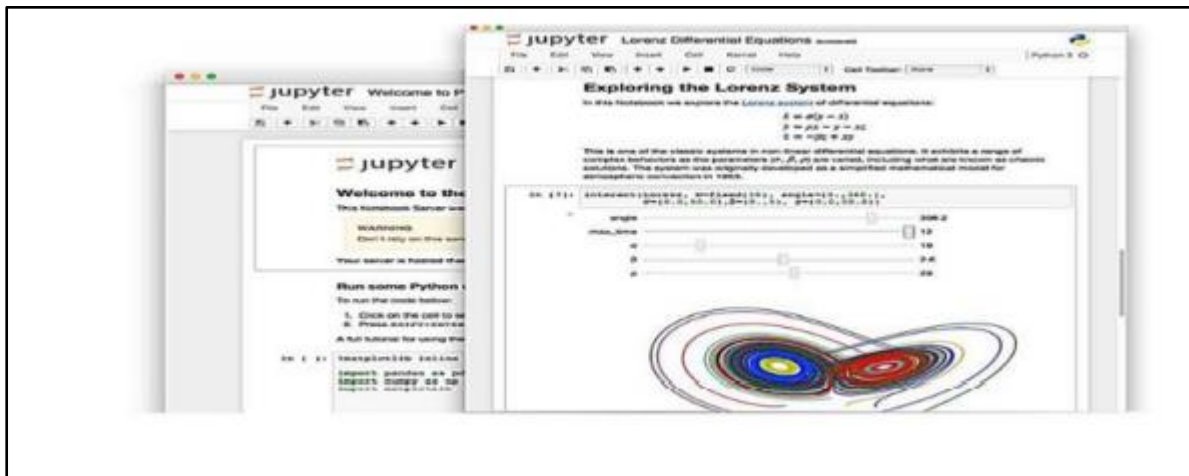


Figure IV.4 : Jupyter notebook.

IV.2.6 Keras

C'est une API de haut niveau permettant de créer et de former des modèles d'apprentissage en profondeur, capable de s'exécuter sur Tensorflow, il est utilisé pour le prototypage rapide, la recherche avancée et la production. Les modèles Keras sont fabriqués en reliant des blocs de construction configurables ensemble, donc Keras nous permet de créer de nouvelles couches, des fonctions et développer des modèles à la pointe de la technologie avec peu de restrictions en quelques lignes de code seulement [46].



Figure IV.5 : Logo Keras.

IV.2.7 TensorFlow

TensorFlow est un outil open source d'apprentissage automatique développé par Google. Le code source a été ouvert le 9 novembre 2015 par Google et publié sous licence Apache. Il est fondé sur l'infrastructure DistBelief, initiée par Google en 2011, et est doté d'une interface pour Python, Julia et R2. TensorFlow est l'un des outils les plus utilisés en IA dans le domaine de l'apprentissage automatique.



Figure IV.6: Logo TensorFlow.

IV.3 Base de données utilisée

Notre modèle vise à classer les images IRM du cerveau en 4 classes différentes d'Alzheimer (Pas de démence, Démence très légère, Démence légère, AD), Le modèle permet ainsi de détecter quatre étapes de la démence dans le dépistage de la maladie d'Alzheimer.

Dans notre travail de recherche, nous avons utilisé la base de données OASIS. Cette base de données est préparée et analysée par dr. Daniel S. Marcus du Neuroimaging Informatics Analysis Center (NIAC) de la faculté de médecine de l'université de Washington. Nous avons 382 images obtenues à partir de la base de données OASIS.

Les données sont divisées en quatre classes (tableau IV.1) basées sur le score d'évaluation clinique de la démence CDR (clinical dementia rating), telles que CDR-0 (pas de démence), CDR-0.5 (démence très légère), CDR-1 (démence légère) et CDR-2 (AD modérée). Les patients atteints de la maladie d'Alzheimer sont âgés de 20 ans à 88 ans. Nous appliquons l'approche d'augmentation pour augmenter le volume de la base et pour créer des données équilibrées afin d'améliorer le taux d'apprentissage du modèle. Le prétraitement des données est la partie principale pour extraire des résultats efficaces et précis pour ces algorithmes basés sur le modèle CNN. La taille de l'image de l'ensemble de données OASIS est de 256×256 , mais le modèle CNN proposé nécessite une taille d'image de 224×224 . À cette fin, la mise à l'échelle des paramètres de dimension de l'image est appliquée à l'ensemble de données OASIS.

Taux de démence clinique (CDR)	Nombre d'échantillons
CDR-0 (Pas de démence)	1670
CDR-0.5 (Démence très légère)	870
CDR-1 (Démence légère)	1050
CDR-2 (AD)	230

Tableau IV1 : La classification de la base de données utilisée selon CDR.

IV.4 Métriques d'évaluation

Afin d'évaluer le modèle de classification d'apprentissage automatique, la métrique la plus utilisée est la précision. La précision est spécifiée comme le pourcentage de prédictions correctes pour un modèle. Cette métrique est calculée comme suit :

$$accuracy = \frac{\text{nombre de prédictions correctes}}{\text{nombre total de prédictions}} \quad (IV.1)$$

En plus de cette métrique, d'autres métriques telles que la sensibilité, la spécificité, la précision et le F1-Score peuvent également être utilisées pour l'évaluation.

IV.6 Prétraitement des images

Pour le modèle proposé, l'entraînement et les tests sur les images médicales passent par les étapes de prétraitement. Les images IRM au cours de leur processus de formation subissent une détérioration, telle que la faible variation due à une mauvaise luminosité produite par les dispositifs visuels. Pour surmonter ce problème pour l'amélioration des IRM, des approches

d'amélioration d'image ont été appliquées pour la mise à niveau de la distribution des pixels sur une large gamme d'intensités, un étirement de contraste linéaire a été appliqué sur les images. Au cours du processus d'acquisition d'image, certaines informations indésirables peuvent être ajoutées à l'image à cause de l'intensité lumineuse non linéaire considérée comme du bruit. Plus précisément, l'intensité lumineuse non linéaire affecte la précision globale des performances du traitement d'image. En raison du réglage incorrect de la fente d'objectif des dispositifs de balayage, une lumière non linéaire introduit et il faut normaliser la distribution inégale de la lumière par des techniques d'amélioration de l'image. La plage de la dynamique de l'intensité lumineuse a été augmentée en utilisant l'étirement du contraste car les images de sortie après ce processus étaient celles ayant un contraste amélioré et une distribution de lumière appropriée.

IV.6 Augmentation des données

En neuro-imagerie, un grand nombre de scans liés à la disponibilité des patients AD est un problème majeur car quelques centaines d'échantillons d'images sont disponibles. Il est courant qu'un modèle d'apprentissage en profondeur fournisse des résultats plus efficaces sur davantage de données. Dans la recherche médicale, en raison de problèmes de confidentialité, l'accès à de grandes données est un gros problème, en particulier, la classification et la détection de la maladie d'Alzheimer est problématique en raison du manque de disponibilité des données. Le petit ensemble de données déséquilibré crée des problèmes de sur-apprentissage lors de l'entraînement du modèle, ce qui affecte l'efficacité du modèle. Pour surmonter ce problème, nous avons besoin de plus de données pour améliorer la précision de notre modèle proposé.

Nous avons utilisé la technique d'augmentation pour créer 10 images supplémentaires sur chaque image IRM disponible. Le Tableau IV.2 donne les paramètres utilisés pour l'augmentation de nos données.

Intervalle de Rotation	10 Degré
Intervalle de décalage en largeur	0.1 Degré
Intervalle de décalage en hauteur	0.1 Degré
Intervalle de cisaillement (Shearing)	0.15 Degré
Intervalle de zoom	[0.5, 1.5]
Interval de décalage de canal	150.0

Tableau IV.2 : Paramètres utilisés pour l'augmentation des données.

IV.7 Architecture du modèle de détection et de classification de la maladie d'Alzheimer

Dans notre modèle nous avons utilisé sept couches de convolutions avec la fonction d'activation ReLU, une couche de maxpooling avec la taille de stride égale à 2 et deux couches fully-connected. Nous avons utilisé l'optimiseur RMSprop avec un taux d'apprentissage de 0,001, et l'entropie croisée catégorielle (categorical cross-entropy) comme fonction de perte (loss function).

- ✓ L'image en entrée est de taille 224*224, elle passe d'abord à la première couche de convolution. Cette couche est composée de 16 filtres de taille 3*3 avec comme fonction d'activation la fonction ReLU afin de forcer les neurones à retourner des valeurs positives. Après cette couche de convolution 16 cartes de caractéristiques de taille 112 * 112 seront créées.
- ✓ Les 16 cartes de caractéristiques obtenues sont données en entrée à la deuxième couche de convolution qui est composée de 32 filtres avec la fonction d'activation ReLU.
- ✓ Nous répétons la même procédure 5 fois avec 32, 64, 64, 64, et 64 filtres de taille 3*3. A la fin de la dernière couche nous aurons 64 carte de caractéristiques de taille 3*3.
- ✓ Le maxpooling est appliqué ensuite pour réduire la taille de l'image et des paramètres, suivi d'une couche de Flatten.
- ✓ Après les couches de convolution, nous utilisons un réseau de neurones composé de deux couches fully-connected qui utilisent la fonction d'activation ReLU. La dernière couche est la couche de sortie, elle utilise la fonction d'activation softmax.

IV.9 Résultats obtenus et discussion

Cette section montre les différents résultats obtenus pour notre modèle. Ce résultat est présenté en termes de précision (accuracy).

Le modèle utilise les paramètres suivants :

- ✓ Algorithme d'apprentissage : RMSprop.
- ✓ Nombre d'époques : 20 époques.
- ✓ Learning rate: 0.001.
- ✓ Fonction de perte : categorical cross-entropy.

Les valeurs de précision et de la fonction de perte pour notre modèle sont illustrées sur la figure IV.7.

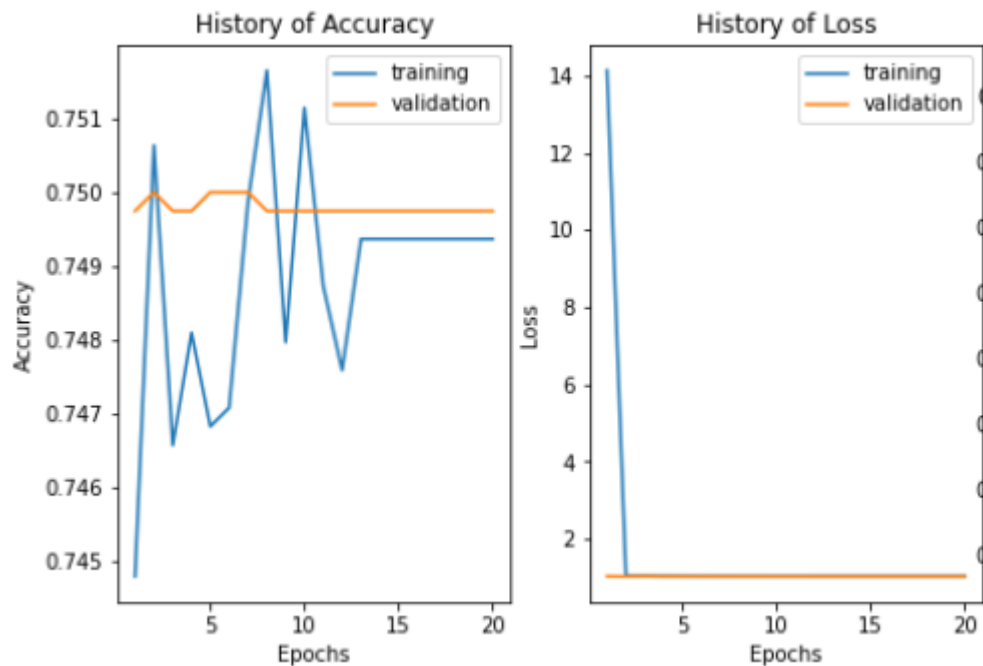


Figure IV.7 : Valeurs de précision et de perte pour le modèle proposé.

Après l'analyse de nos résultats, nous avons constaté les remarques suivantes :

La figure IV.7 montre que la précision du modèle a augmenté avec les époques et que la perte a diminué, la précision de la validation a été supérieure à la précision de l'entraînement pendant de nombreuses époques. Nous avons obtenu un taux d'erreur de 1.04% en entraînement et 1.03 % en validation, et un taux d'accuracy de 74% en entraînement et de 75% en validation.

IV.9 Conclusion

Nous avons présenté dans ce chapitre une approche de classification de la maladie d'Alzheimer basée sur les réseaux de neurones convolutionnels, pour cela nous avons utilisé un modèle spécifique aux images IRM et nous avons montré ses différents résultats en termes de précision et d'erreur. La comparaison des résultats trouvés a montré que le nombre d'époques, la taille de la base de données et la profondeur de réseaux (le nombre de couches), sont des facteurs importants pour obtenir de meilleurs résultats.

Conclusion générale

La classification d'images est une tâche importante dans le domaine de la vision par ordinateur, la reconnaissance d'objets et l'apprentissage automatique. Grâce à l'apprentissage profond (Deep Learning), Les avancés dans l'intelligence artificielle dans le développement de grandes applications sont devenues très rapides.

La classification des maladies neurodégénératives en général par l'intelligence artificielle et l'apprentissage profond est considérée comme une chose indispensable actuellement en raison de l'apparition de plusieurs maladies qui touchent le cerveau mais aussi grâce au grand développement technologique dans tous les domaines, notamment le domaine médical, et de la disponibilité des moyens et équipements nécessaires pour le faire.

Dans ce projet nous avons présenté notre approche de détection de la maladie d'Alzheimer en utilisant des images IRM, pour cela nous avons utilisé le deep learning et en particulier le CNN comme noyau de notre approche qui a montré ses performances ces dernières années. Les CNNs jouent un rôle important dans la compréhension du contenu de l'image et dans les tâches liées à la segmentation, la classification, la détection et l'extraction d'objets.

Le choix des CNNs est justifié par la simplicité et l'efficacité de la méthode. L'objectif de ce projet était de détecter la maladie d'Alzheimer de manière rapide et précise. Nous avons proposé un modèle CNN puissant spécifique aux images IRM, ce modèle a montré son efficacité pour la détection de cette maladie.

Enfin, ce travail a permis de dégager quelques perspectives :

- ✓ Ce projet peut être approuvé au niveau des hôpitaux en raison des données d'entraînement réelles.
- ✓ Il sera intéressant dans le futur d'améliorer ce système pour pouvoir détecter d'autres maladies neurodégénératives.

Références bibliographiques

- [1] Alzheimer's Association et al. "2021 Alzheimer's disease facts and figures". Dans: Alzheimer's & Dementia, vol. 14, no. 3, pp. 367–429, 2021.
- [2] E. Szpieg. Compression contour-texture des images médicales. Mémoire de MASTER, option : Signaux et Images en Biologie et Médecine, université d'Angers, 2007.
- [3] Alzheimer's Disease Statistics : <https://alzheimersnewstoday.com/alzheimers-disease-statistics/> (dernier accès septembre 2022).
- [4] S. Christoffer Rosén et al. Fluid biomarkers in Alzheimer's disease—current concepts. Dans: Molecular neurodegeneration, vol. 8, no. 1, p. 20, 2013.
- [5] M. Esiri et al. Ageing and dementia. Dans: Ageing and dementia, Graham DI, Lantos PL (eds.) Greenfield's Neuropathology (6th ed.) Arnold, vol. 2, pp. 153–233, 1997.
- [6] Brain Atrophy (Cerebral Atrophy) : <https://www.healthline.com/health/brain-atrophy#diagnosis> (dernier accès juillet 2022).
- [7] L. Minati et al. Reviews: current concepts in Alzheimer's disease: a multidisciplinary review. Dans: American Journal of Alzheimer's Disease & Other Dementias, vol. 2, pp. 95–121, 2009.
- [8] S. Boubaya, D. Berbit. Deep learning pour la segmentation d'images. Thèse de doctorat, université de msila, 2021.
- [9] F. Torre. Globo : un algorithme stochastique pour l'apprentissage supervisé et non-supervisé. Dans la Première Conférence d'Apprentissage, Citeseer, pp. 161–168, 1999.
- [10] Apprentissage Supervisé – Introduction : <https://machinelearnia.com/apprentissage-supervise-4-etapes/> (dernier accès avril 2022)
- [11] A. Buhot. Etude de propriétés d'apprentissage supervisé et non supervisé par des méthodes de physique statistique, PhD thesis, Université Joseph-Fourier-Grenoble I, 1999.
- [12] Q-learning – Le Machine Learning avec apprentissage par renforcement : <https://datascientest.com/> (dernier accès juin 2022)
- [13] Introduction aux perceptrons multi-couches : http://www.iro.umontreal.ca/~pift6266/H12/html/mlp_fr.html (dernier accès mai 2022)
- [14] Q. Feng, L. Chen, C. L. Philip Chen, L. Guo. Deep Fuzzy Clustering: A Representation Learning Approach. Dans: IEEE Transactions on Fuzzy Systems, vol. 28, no. 7, pp 1420–1433 , 2020.
- [15] É. Brunet, L. Vanni. Deep learning et authentification des texts. 24 (2019). Texto ! Textes et Cultures, Institut Ferdinand de Saussure, Texto! Textes et cultures, vol. 24, no.1, pp.1-34, 2019.
- [16] Histoire du deep learning : <https://www.natural-solutions.eu/> (dernier accès mai 2022)

- [17] Deep learning vs. machine learning: <https://www.coursera.org/articles/ai-vs-deep-learning-vs-machine-learning-beginners-guide> (dernier accès juillet 2022).
- [18] P. Yao, H. Huang, W. Tang, Q. Shi, R. Wu, C. Zhang, Fuzzing smt solvers via two-dimensional input space exploration. Dans Proceedings of the 30th ACM SIGSOFT International Symposium on Software Testing and Analysis, pp. 322–335, 2021.
- [19] Guide - Comment fonctionne le Deep Learning : <https://moncoachdata.com/blog/comment-fonctionne-le-deep-learning/> (dernier accès juillet 2022)
- [20] Focus : Le Réseau de Neurones Convolutifs : <https://penseeartificielle.fr/focus-reseau-neurones-convolutifs/> (dernier accès juin 2022)
- [21] S. Dupond. A thorough review on the current advance of neural network structures. Annual Reviews in Control. vol. 14, pp. 200–230, 2019.
- [22] Un guide complet pour construire un réseau de neurones convolutifs : <https://www.aliens-sci.com/convolutional-neural-network-cnn/> (dernier accès juin 2022)
- [23] CNN: Step 3 - Flattening : https://medium.com/@PK_KwanG/cnn-step-2-flattening-50ee0af42e3e (dernier accès juillet 2022)
- [24] Steg analysis with deep learning: <https://www.lirmm.fr/> (dernier accès septembre 2022)
- [25] A. Pedraza, J. Gallego, S. Lopez, L. Gonzalez, A. Laurinavicius, G. Glomerulus. Classification with Convolutional Neural Networks. Communications in Computer and Information Science, vol. 10, pp. 839-849, 2017.
- [26] Convolutional neural network: <https://datascientest.com/convolutional-neural-network> (dernier accès mars 2022)
- [27] Fonction d'activation : <https://deeplylearning.fr/cours-theoriques-deep-learning/fonction-dactivation/> (dernier accès mai 2022)
- [28] What is leaky relu: <https://www.quora.com/What-is-leaky-ReLU> (dernier accès juin 2022)
- [29] A. Esteva, K. Chou, S. Yeung, N. Naik, A. Madani, A. Mottaghi, Y. Liu, E. Topol, J. Dean, R. Socher. Deep learning-enabled medical computer vision. Deep learning-enabled medical computer vision. npj Digit. Med. 4, 5 (2021). <https://doi.org/10.1038/s41746-020-00376-2>.
- [30] C. Patterson. World Alzheimer Report 2018 - The state of the art of dementia research: New frontiers. Alzheimer's Disease International (ADI), London, UK, 2018.
- [31] Dementia: a public health priority: <https://www.who.int/publications/i/item/dementia-a-public-health-priority> (dernier accès aout 2022)

- [32] S. A. Soliman, E. A. El-Dahshan, A. M. Salem. Predicting Alzheimer's Disease with 3D Convolutional Neural Networks. *International Journal of Applications of Fuzzy Sets and Artificial Intelligence*, vol. 10, pp. 125-146, 2020 (ISSN 2241-1240).
- [33] W. Lin, T. Tong, Q. Gao, D. Guo, X. Du, Y. Yang, , G. Guo, M. Xiao, M. Du, X. Qu. Convolutional Neural Networks-Based MRI Image Analysis for the Alzheimer's Disease Prediction From Mild Cognitive Impairment. *Frontiers in Neuroscience*, vol 12, Article 777, 2018.
- [34] J. Islam, Y. Zhang. Brain MRI analysis for Alzheimer's disease diagnosis using an ensemble system of deep convolutional neural networks. *Brain Informatics*, vol. 5 , pp. 1-14, 2018.
- [35] Y. Huang, J. Xu, Y. Zhou, T. Tong, X. Zhuang. Diagnosis of Alzheimer's Disease via Multi-Modality 3D Convolutional Neural Network. *Frontiers in Neuroscience*, vol. 13, Article 509, 2019.
- [36] S.S. Kumar, M. Nandhini, Diagnosis and Prognosis of Alzheimer's Disease Via 3D CNN. *International Journal of Recent Technology and Engineering*, vol. 8, no.4, pp. 2277-3878, 2019.
- [37] A. Khvostikov, , K. Aderghalb, , J. Benois-Pineaub, A. Krylova, J. Catheline. 3D CNN-based classification using sMRI and MD-DTI images for Alzheimer disease studies, 2018. *ArXiv*: 1801.05968v1.
- [38] N. J. Dhinagar, S. I. Thomopoulos et al. 3D Convolutional Neural Networks for Classification of Alzheimer's and Parkinson's Disease with T1-Weighted Brain MRI. *Seventeenth International Symposium on Medical Information Processing and Analysis, Campinas, Brazil*, vol. 12088, 2021.
- [39] M. L. Martin, A. Nevado, B. Carro. Detection of early stages of Alzheimer's disease based on MEG activity with a randomized convolutional neural network. *Artificial Intelligence in Medicine*. Vol. 107, 101924, 2020.
- [40] D. Jalindre, D. Gadataranavar, R. Runwal, A. Damam. Early Stage Detection of Alzheimer's Disease Using Deep Learning. *International Research Journal of Engineering and Technology (IRJET)*, vol. 09, no. 08, 2022.
- [41] Python: <https://www.python.org/>. (dernier accès juin 2022)
- [42] Python: <https://techterms.com/definition/python>. (dernier accès juin 2022)
- [43] Multiclass Classification using Keras and TensorFlow on Food-101 Dataset : https://colab.research.google.com/github/theimgclst/examples/blob/MultiClassTF2.0/community/en/multi_class_classification/food_classifier.ipynb. (dernier accès juin 2022)
- [44] Conda: <http://conda.pydata.org/docs/>. (dernier accès juin 2022)
- [45] Outils de développement logiciel : <https://outils-developpement-logiciel.sodevlog.com/2020/10/cest-quoi-loutil-jupyter-notebook.html>. (dernier accès mars 2022)
- [46] Keras: <https://www.tensorflow.org/guide/keras?hl=fr>. (dernier accès juin 2022)