

RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE
MINISTÈRE DE L'ENSEIGNEMENT SUPÉRIEUR ET DE LA RECHERCHE SCIENTIFIQUE
UNIVERSITÉ ABDERRAHMANE MIRA DE BÉJAÏA



جامعة بجاية
Tasdawit n Bgayet
Université de Béjaïa

Université A. Mira de Béjaïa
Faculté des Sciences Exactes
Département d'Informatique

MÉMOIRE DE MASTER RECHERCHE

EN INFORMATIQUE

SPÉCIALITÉ

INTELLIGENCE ARTIFICIELLE

Thème

APPRENTISSAGE PROFOND POUR LA
DÉTECTION DES TUMEURS
CÉRÉBRALES

Présenté par :

CHIKH AMER Chiraz & DJELOUAH Manal

Soutenu devant le jury composé de :

<i>Président</i>	Mr FARAH Zoubeyr	M.C.A	U. A/Mira de Béjaïa
<i>Examineur</i>	Mr BOUCHEBAH Fatah	M.C.B	U. A/Mira de Béjaïa
<i>Encadrant</i>	Mme YOUNSI Zineb	M.C.B	U. A/Mira de Béjaïa

Béjaïa, Juin 2024.

Remerciements

Nous tenons tout d'abord à exprimer notre gratitude et nos remerciements au Dieu tout puissant, pour nous avoir accordé la santé, la sagesse et la persévérance nécessaires pour accomplir ce travail.

Nous voudrions adresser des remerciements spéciaux à notre encadrant, Mme Zineb YOUNSI, dont l'expertise, la patience et les conseils avisés ont été inestimables pour l'aboutissement de ce mémoire.

Nous adressons nos sincères remerciements à nos familles, nos amis et tous ceux qui nous ont soutenus tout au long de cette expérience.

Enfin, nous souhaitons exprimer notre reconnaissance envers tous les enseignants, les membres du jury et toutes les personnes qui ont contribué de près ou de loin à la réalisation de ce travail. Leurs conseils, leurs remarques constructives et leur intérêt pour notre projet ont été d'une grande importance.

TABLE DES MATIÈRES

Table des matières	III
Table des figures	V
Liste des tableaux	VI
Liste des acronymes	VII
Introduction Générale	1
1 Approches de détection des tumeurs cérébrales	3
1.1 Introduction	3
1.2 IA	3
1.2.1 Définition de l'IA	3
1.2.2 Domaine de l'IA	3
1.3 Apprentissage automatique (ML)	4
1.3.1 Définition de ML	4
1.3.2 Fonctionnement de ML	4
1.3.3 Etapes d'apprentissage automatique	4
1.3.3.1 Préparation des données	4
1.3.3.2 Choix et implémentation de modèles	5
1.3.3.3 Entraînement du modèle	5

1.3.3.4	Évaluation du modèle	5
1.3.4	Types de ML	5
1.3.4.1	Apprentissage supervisé (AS)	5
1.3.4.2	Apprentissage non supervisé	6
1.3.4.3	Apprentissage semi-supervisé	8
1.3.4.4	Apprentissage par renforcement	8
1.4	Apprentissage profond	8
1.4.1	Définition de l'apprentissage profond	8
1.4.2	Fonctionnement du DL	8
1.4.2.1	Importance des fonctions d'activation dans les réseaux de neurones	9
1.4.2.2	Principaux types d'algorithmes utilisés en DL	10
1.5	Réseaux de neurones convolutifs	10
1.5.1	Définition	10
1.5.2	Architectures du CNN	12
1.6	Métriques d'évaluations	13
1.7	Détection de tumeurs cérébrales en imagerie médicale	14
1.7.1	Architecture détaillée de U-Net	14
1.8	Conclusion	15
2	Les tumeurs cérébrales	17
2.1	Introduction	16
2.2	Cancer	16
2.2.1	Définition du cancer	16
2.2.2	Causes et types du cancer	16
2.3	Tumeurs cérébrales	17
2.3.1	Définition de la tumeur	17
2.3.2	Définition de la tumeur cérébrale	17
2.3.3	Localisation de la tumeur cérébrale	18
2.3.4	Symptômes d'une tumeur cérébrale	19
2.3.5	Processus de formation des tumeurs cérébrales	19
2.3.6	Classification des tumeurs cérébrales	19
2.4	Visualisation médicale	20
2.4.1	Qu'est-ce que la visualisation médicale ?	20

2.4.2	Pourquoi visualiser?	20
2.4.3	Techniques de visualisation	21
2.5	Conclusion	23
3	Etat de l'art	24
3.1	Introduction	23
3.2	Travaux connexes	23
3.3	Synthèse	26
3.4	Conclusion	29
4	Conception et implémentation	30
4.1	Introduction	31
4.2	Approche proposée	31
4.2.1	Contribution 1 : Classification	32
4.2.1.1	Architecture détaillée du CNN proposé	32
4.2.1.2	Prétraitement de données :	34
4.2.1.3	Entraînement du modèle	34
4.2.2	Contribution 2 : Segmentation	36
4.2.2.1	Architecture détaillée de U-Net	36
4.2.2.2	Préparation de données	37
4.2.2.3	Entraînement du modèle	38
4.3	Expérimentations	39
4.3.1	Dataset	39
4.3.2	Discussions et résultats	40
4.3.2.1	Contribution 1 : Classification	40
4.3.2.2	Contribution 2 : Segmentation	43
4.4	Présentation du prototype	45
4.4.1	Interface d'accueil	46
4.4.2	Interface de détection	46
4.4.3	Interface de localisation	47
4.5	Conclusion	47
	Conclusion Générale & Perspectives	49

TABLE DES FIGURES

1.1	Un exemple d'un réseau de neurone	9
1.2	Principe de fonctionnement du CNN	11
1.3	Exemple de max pooling avec une fenêtre de taille 2x2	12
1.4	L'architecture U-Net [42].	15
2.1	Une tumeur cérébrale	18
2.2	Les parties du cerveau et leurs fonctionnements	18
2.3	Radiologie conventionnelle	21
2.4	Tomographie par ordinateur	22
2.5	Imagerie par résonance magnétique	22
2.6	Échographie	22
2.7	Tomographie par émission de positrons	23
4.1	Processus de conception.	32
4.2	Exemple de masque.	38
4.3	Exemple d'image IRM avec tumeurs.	38
4.4	Résultat de test.	41
4.5	Graphe d'évolution de la perte d'entraînement et de validation.	41
4.6	Graphe d'évolution de la précision d'entraînement et de validation.	41
4.7	La matrice de confusion du modèle de détection.	43
4.8	Le résultat sur les données de test.	44

4.9	Graphe d'évolution de la Perte d'Entraînement et de Validation.	44
4.10	Graphe d'évolution de la Précision d'Entraînement et de Validation.	44
4.11	Interface d'accueil.	46
4.12	Boîte de dialogue de confirmation de sortie.	46
4.13	Tumeur détectée.	47
4.14	Aucune tumeur détectée.	47
4.15	Résultat de la localisation d'une seule tumeur.	47
4.16	Résultat de la localisation de plusieurs tumeurs.	47

LISTE DES TABLEAUX

3.1	Tableau comparatif.	27
4.1	Répartition des données pour la classification.	35
4.2	Répartition de données pour la segmentation.	38

LISTE DES SIGLES ET ACRONYMES

IRM	imagerie par résonance magnétique
TDM	tomodensitométrie ou tomographie par ordinateur
TEP	tomographie par émission de positrons
SVM	machine à vecteurs de support
KNN	K Plus Proches Voisins
ML	machine learning
CNN	réseau neuronal convolutif
FCM	Fuzzy C-Means
ROI	région d'intérêt
LDA	analyse discriminante linéaire
VGG16	Visual Geometry Group 16
ConvNet	Convolutional Network
YOLO	You Only Look Once
iLYOLOv4-RNN	Lightweight Neural Network version 4
LSTM	Long Short-Term Memory
MobileNetV2	Mobile Network version 2
InceptionResNetv2	Inception Residual Network version 2
Inceptionv3	Inception version 3

ResNet50	Residual Network avec 50 couches
RepTree	Reduced Error Pruning Tree
LMT	Logistic Model Trees
AFPNet	adjacent feature propagation network
Mask R-CNN	mask region-based CNN
YOLOv5	You Only Look Once version 5
FCNN	Fully Convolutional Neural Network
DCNN	Deep Convolutional Neural Network

INTRODUCTION GÉNÉRALE

Le cancer figure parmi les maladies les plus meurtrières de ces dernières années, avec environ 50 000 nouveaux cas chaque année en ALGERIE [36]. Parmi ces affections, le cancer du cerveau, également connu sous le nom de *tumeurs cérébrales*, suscite une préoccupation particulière en raison de sa gravité et de sa complexité. Seulement environ 25% des personnes diagnostiquées avec une tumeur cérébrale survivent cinq ans ou plus après le diagnostic.

Le diagnostic et le suivi des tumeurs cérébrales représentent un défi majeur en santé publique, où l'imagerie médicale, notamment l'imagerie par résonance magnétique (IRM), joue un rôle crucial dans la détection et la caractérisation de ces tumeurs. Cependant, l'analyse manuelle des images IRM par les cliniciens peut s'avérer complexe, chronophage retardant parfois le traitement des patients.

Dans cette perspective, l'intelligence artificielle offre des solutions prometteuses pour améliorer la précision, l'efficacité et la rapidité du diagnostic des tumeurs cérébrales. Les techniques d'apprentissage automatique (machine learning) et d'apprentissage profond (deep learning), en particulier, ont démontré des résultats très prometteurs dans l'analyse automatisée d'images médicales.

Nous avons exploré quelques approches de détection et de segmentation des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM, en mettant l'accent sur les modèles les plus récents basés sur l'apprentissage profond.

Nous présentons dans ce mémoire une approche de détection et de segmentation de tumeurs cérébrales, en se basant sur les techniques d'apprentissage profond. Nous avons proposé deux contributions à savoir : la détection à base d'un réseau de neurones convolutif et la localisation des tumeurs détectées en utilisant l'apprentissage par transfert du modèle U-Net original(2015). Les résultats obtenus lors des expériences menées avec ces deux contributions sont très satisfaisants.

Ces deux contributions sont intégrées dans un prototype baptisé "*Brain Tumor Detection And Localisation*".

Le premier chapitre de notre mémoire aborde les différentes approches de détection et de classification des tumeurs cérébrales. Nous commencerons par introduire les concepts fondamentaux de l'intelligence artificielle, de l'apprentissage automatique et de l'apprentissage profond. Ensuite, nous nous concentrerons sur les réseaux de neurones convolutifs (CNN), en expliquant leur importance et leur fonctionnement. Enfin, nous décrirons les étapes clés de l'apprentissage automatique, telles que la préparation des données, le choix des modèles, leur entraînement et leur évaluation à l'aide de métriques spécifiques.

Le deuxième chapitre est dédié à une présentation détaillée des tumeurs cérébrales. Nous

définirons d'abord le cancer en général, avant de spécifier ce qu'est une tumeur cérébrale. Nous explorerons les causes, les symptômes, la localisation et la classification des tumeurs cérébrales. De plus, nous discuterons des techniques de visualisation médicale utilisées pour diagnostiquer ces tumeurs.

Dans le troisième chapitre, nous passerons en revue les travaux existants dans le domaine de la détection et de la segmentation des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM. Nous comparerons différentes méthodes et approches proposées dans la littérature scientifique, en synthétisant les avantages et les inconvénients de chaque méthode.

Ensuite, le quatrième chapitre sera consacré à la conception et à l'implémentation de notre approche pour la détection et la segmentation des tumeurs cérébrales. Nous décrirons le dataset utilisé, les architectures de réseaux de neurones proposées (CNN et U-Net), et les étapes d'entraînement de nos modèles. Nous présenterons ensuite les résultats obtenus et discuterons de leur signification.

Enfin, nous terminerons par une conclusion ainsi que quelques perspectives futures.

CHAPITRE

1

APPROCHES DE DÉTECTION DES
TUMEURS CÉRÉBRALES

1.1 Introduction

Le diagnostic et la classification des tumeurs cérébrales constituent un enjeu majeur de santé publique. L'imagerie médicale, telle que l'IRM et le scanner, joue un rôle crucial dans la détection et la caractérisation de ces tumeurs. Cependant, l'analyse manuelle des images médicales est complexe, sujette à l'erreur humaine et parfois inexacte.

L'intelligence artificielle(IA) offre des solutions prometteuses pour améliorer la précision, l'efficacité et la rapidité du diagnostic des tumeurs cérébrales.

Ce chapitre donne un aperçu des différentes techniques d'IA, en mettant l'accent sur les modèles d'apprentissage automatique les plus récents. Plus précisément, les méthodes de détection et de classification des tumeurs cérébrales.

Dans la première partie, nous examinerons l'intelligence artificielle ainsi que ses diverses applications. Dans la seconde partie, nous allons nous intéresser aux différentes méthodes d'apprentissage automatique en examinant en détail leurs différents types et les modèles les plus fréquemment utilisés. Dans la troisième partie, nous allons passer en revue les étapes d'apprentissage automatique ainsi que les métriques utilisées pour évaluer leur performance.

Enfin, nous verrons en détails le principe de la classification ainsi que la segmentation dans le domaine médical. Nous terminerons par une conclusion.

1.2 IA

1.2.1 Définition de l'IA

L'intelligence artificielle (IA, ou AI en anglais pour Artificial Intelligence) consiste à mettre en œuvre un certain nombre de techniques visant à permettre aux machines d'imiter une forme d'intelligence réelle [30].

1.2.2 Domaine de l'IA

L'IA est un domaine très vaste et complexe qui englobe de nombreux sous-domaines. Les principaux domaines comprennent : l'apprentissage automatique, vision par ordinateur, robotique, apprentissage profond.

1.3 Apprentissage automatique (ML)

1.3.1 Définition de ML

L'apprentissage automatique (ML pour Machine Learning en anglais) est une branche de l'IA permettant aux ordinateurs d'apprendre à partir des données et de s'améliorer à partir de leurs expériences antérieures sans être explicitement programmés. En d'autres termes, le ML entraîne les systèmes à raisonner et à comprendre de manière similaire aux humains, en acquérant des connaissances à partir des données existantes [28].

1.3.2 Fonctionnement de ML

Le fonctionnement du machine learning implique plusieurs étapes, débutant par la collecte des données, suivie par leur prétraitement et leur transformation. Ensuite, un modèle approprié est choisi parmi une variété de types, tels que le supervisé, le non supervisé, le semisupervisé et par renforcement, en fonction des caractéristiques des données et des objectifs de la tâche à accomplir. Chacun de ces types de modèles peut utiliser une multitude de techniques algorithmiques adaptées aux données et aux objectifs spécifiques de la tâche. Les algorithmes de l'apprentissage automatique sont conçus pour classer des éléments, identifier des motifs, prédire des résultats et prendre des décisions éclairées. Ils peuvent être utilisés individuellement ou en combinaison pour obtenir la meilleure précision possible, notamment avec des données complexes et imprévisibles. Les étapes du processus d'apprentissage peuvent donc varier en fonction des objectifs spécifiques de chaque modèle et de la nature des données traitées [28].

1.3.3 Etapes d'apprentissage automatique

Le ML permet aux machines d'acquérir des connaissances et d'améliorer leurs performances en analysant des données. Ce processus se déroule à travers différentes étapes clés qui transforment ces données en informations exploitables. Dans cette section, nous allons présenter les principales étapes de ce processus d'apprentissage [39].

1.3.3.1 Préparation des données

- Rassembler un ensemble de données d'entraînement représentatif du problème à résoudre ;
- Nettoyer et prétraiter les données (gestion des valeurs manquantes, normalisation, etc.) ;

1.3.3.2 Choix et implémentation de modèles

- Sélectionner un type d'algorithme d'apprentissage automatique adapté au problème et aux données (régression, classification, apprentissage non supervisé, etc.);
- Choisir l'architecture du modèle (réseau de neurones, arbre de décision, etc.) et ses hyperparamètres ;

1.3.3.3 Entraînement du modèle

- Diviser les données en ensembles d'entraînement, de validation et de test ;
- Entraîner le modèle sur les données d'entraînement en ajustant ses paramètres pour minimiser une fonction de coût ;
- Utiliser les données de validation pour régler les hyperparamètres du modèle ;

1.3.3.4 Évaluation du modèle

- Tester les performances du modèle entraîné sur les données de test indépendantes ;
- Calculer des métriques d'évaluation appropriées (précision, rappel, F1-score, etc.)

1.3.4 Types de ML

Plusieurs modèles de ML peuvent être envisagés. Chacun de ces modèles a ses spécificités et permet de répondre à des objectifs précis. Ces modèles peuvent mettre en œuvre un algorithme, ou en combiner plusieurs (ensemble learning) [28].

1.3.4.1 Apprentissage supervisé (AS)

L'AS consiste à développer des algorithmes capables de concevoir un modèle de prédiction à partir de données annotées. Ce modèle de prédiction se base sur l'apprentissage et la maîtrise d'une fonction de mapping entre des variables d'entrées (X) et d'une variable à prédire (Y). Les données sont présentées avec des exemples de ce que l'on veut prédire (comme "malade" ou "pas malade"), et l'algorithme ajuste ses paramètres pour mieux correspondre à ces exemples. C'est le modèle le plus utilisé en ML et il produit généralement de bons résultats, mais il nécessite beaucoup de données annotées pour fonctionner efficacement [2].

Il existe deux sous-catégories au sein de l'apprentissage supervisé [2] :

1. **La classification** : On parle d'un problème de classification quand la variable à prédire est une variable discrète (variable ne pouvant prendre qu'un nombre fini de valeurs, exemple : malade ou pas malade)

La classification supervisée est la catégorisation algorithmique d'objets. En se basant sur des modèles statistiques, l'algorithme développé doit prédire à quelle classe appartient la donnée. Cette classification peut compter deux dimensions (binaires) ou plus (multi-classes).

Exemples d'applications

- Identifier des cellules cancéreuses ;
- Orienter vers une recommandation de traitement ;

Exemples de modèles statistiques et mathématiques mobilisés

- Classification Logistique ;
- K Plus Proches Voisins (KNN) ;
- machine à vecteurs de support (SVM) ;
- Arbres de Décision pour la Classification ;

2. **Régression** : La régression en apprentissage supervisé consiste à prédire une valeur continue (comme un prix ou une température) à partir des données d'entrée. Les modèles de régression cherchent à trouver la relation entre les variables d'entrée et la variable de sortie afin de produire des prédictions précises.

Exemples d'applications

- Prédire l'évolution d'une grandeur (température, pression sanguine...);
- Prédire la diffusion d'une épidémie ;

Exemples de modèles statistiques et mathématiques mobilisés

- Régression linéaire simple ;
- Régression linéaire multiple ;
- Régression polynomiale ;

1.3.4.2 Apprentissage non supervisé

L'apprentissage non supervisé est utilisé lorsque les données d'entraînement ne sont ni classifiées ni étiquetées. Le modèle en question étudie ses données d'entraînement dans le but de déduire une fonction pour décrire une structure cachée à partir ces données. À aucun moment

le système ne connaît la sortie correcte avec certitude. Au lieu de cela, il tire des inférences des ensembles de données quant à ce que la sortie devrait être [3].

L'apprentissage non supervisé comprend deux principales catégories d'algorithmes : les algorithmes de clustering et d'association.

1. **Clustering** : le clustering est un processus qui permet de rassembler des données similaires. En appliquant des techniques d'apprentissage, l'algorithme de clustering va trouver certaines similarités entre les données permettant de classer celle-ci. Ce type d'analyse permet de mettre en évidence des groupes aux profils différents. Cela permet donc de simplifier l'analyse des données en faisant ressortir les points communs et les différences et en réduisant ainsi le nombre de variables des données.

Exemples d'applications

- Clustering de données génomiques pour identifier des sous-populations ;
- Détermination de zones d'activation dans le cerveau ;

Exemples de modèles statistiques et mathématiques mobilisés

- K-Means Clustering ;
- Hierarchical Clustering ;

2. **Association** : La recherche des règles d'association est une méthode dont le but est de découvrir des relations ayant un intérêt entre deux ou plusieurs variables stockées dans de très importantes bases de données. Les algorithmes d'association sont particulièrement adaptés pour explorer des bases de données volumineuses ou complexes. Par exemple, ils peuvent identifier la probabilité de cooccurrence d'éléments dans une collection de données.

Exemples d'applications

- Association entre alimentation et apparition de maladies ;
- Association entre activations de neurones et comportement ;

Exemples de modèles statistiques et mathématiques mobilisés

- Principal Component Analysis ;
- Linear Discriminant Analysis ;
- Kernel Principal Component Analysis ;

1.3.4.3 Apprentissage semi-supervisé

Les algorithmes sont conçus pour apprendre à la fois des données étiquetées et non-étiquetées, dans le but de créer un modèle d'analyse mixte. Le principal avantage de ce modèle réside dans sa capacité à utiliser seulement quelques données étiquetées, ce qui permet de réduire la charge de préparation des données, qui peut être longue et coûteuse lorsque les sources de données à exploiter sont volumineuses et complexes [4].

1.3.4.4 Apprentissage par renforcement

L'apprentissage par renforcement fait référence à une classe de problèmes d'apprentissage automatique, dont le but est d'apprendre, à partir d'expériences successives, ce qu'il convient de faire de façon à trouver la meilleure solution. L'apprentissage par renforcement diffère des problèmes supervisés et non supervisés par ce côté itératif. L'algorithme exploite en continu les résultats de ses explorations [5].

Cette méthode a été testée sur des applications telles que :

- L'accompagnement au développement de l'activité physique chez les patients diabétiques ;
- La programmation des ressources des plateaux techniques hospitaliers ;
- La personnalisation du contrôle glycémique ;

1.4 Apprentissage profond

1.4.1 Définition de l'apprentissage profond

L'apprentissage profond (ou DL pour le Deep Learning en anglais) est une branche du ML qui vise à développer des systèmes autonomes capables d'apprendre, de prédire et de prendre des décisions. Cette forme d'intelligence artificielle repose sur des algorithmes qui imitent le fonctionnement du cerveau humain en utilisant un large réseau de neurones artificiels, lesquels sont entraînés à partir de grandes quantités de données [29].

1.4.2 Fonctionnement du DL

Le DL se base sur un réseau de neurones artificiels imitant le cerveau humain. Cette structure est disposée en plusieurs couches inter-connectées entre elles. La première couche correspond aux neurones d'entrée et la dernière transmet les résultats de sortie. Entre les deux se

trouvent plusieurs couches intermédiaires par lesquelles l'information est traitée. Cette architecture propre au DL permet à chaque couche d'analyser de manière plus précise les données d'entrée grâce à l'application de fonctions d'activations non linéaires telle que ReLU(Rectified Linear Unit) qui sont cruciales pour permettre aux réseaux de modéliser efficacement des relations complexes.

Plus le réseau de neurones artificiels est profond, c'est à dire qu'il contient plusieurs couches, plus le système est capable d'accomplir des tâches complexes. il peut autonomement déterminer une présentation des données qu'il reçoit, que ce soit une image, du texte ou une vidéo [29].

La figure 1.1 représente un exemple simple d'un réseau de neurones.

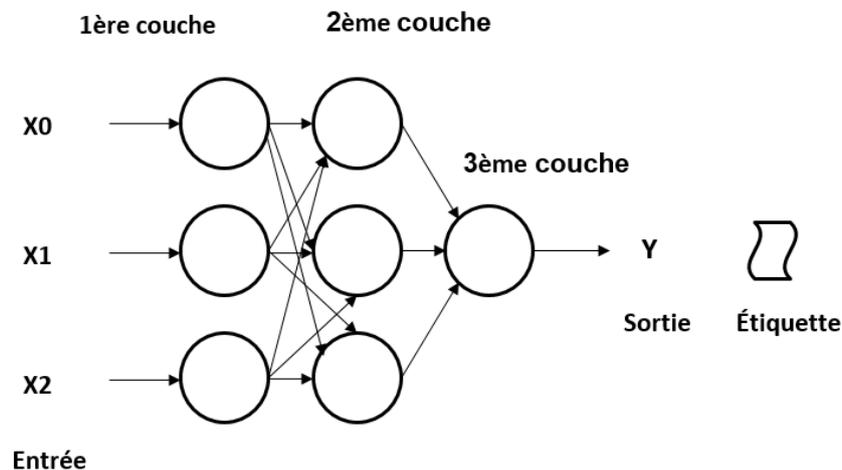


FIGURE 1.1 – Un exemple d'un réseau de neurone.

1.4.2.1 Importance des fonctions d'activation dans les réseaux de neurones

Les fonctions d'activation introduisent la non-linéarité, permettant aux réseaux neuronaux de capturer des modèles complexes et de faire des prédictions précises. Les fonctions d'activation les plus utilisées pour la détection d'objets médicaux sont :

ReLU (Unité Linéaire Rectifiée) :

$$\text{ReLU}(x) = \max(0, x)$$

x : la valeur d'entrée.

Sigmoïde :

$$\sigma(x) = \frac{1}{1 + e^{-x}}$$

$\sigma(x)$: la sortie de la fonction sigmoïde pour l'entrée x .

x : la valeur d'entrée.

e : la base du logarithme naturel, environ égale à 2.718.

Softmax :

$$\text{Softmax}(x_i) = \frac{e^{x_i}}{\sum_{j=1}^n e^{x_j}}$$

x_i : la i -ème valeur d'entrée.

n : le nombre total de valeurs d'entrée.

e : la base du logarithme naturel.

$\sum_{j=1}^n e^{x_j}$: la somme des exponentielles de toutes les valeurs d'entrée.

1.4.2.2 Principaux types d'algorithmes utilisés en DL

Plusieurs types d'algorithmes sont utilisés en DL parmi eux [29] :

- Réseaux neuronaux convolutifs (CNN);
- Réseaux neuronaux récurrents (RNN);
- Réseaux de mémoire à long et court terme(LSTM);

Dans ce qui suit, nous allons se concentrer particulièrement sur les CNNs

1.5 Réseaux de neurones convolutifs

1.5.1 Définition

Le réseau de neurones convolutif (CNN) est un modèle mathématique inspiré des neurones biologiques, utilisé efficacement pour la segmentation et la classification des images médicales.

Il se compose de plusieurs couches qui permettent de réaliser deux étapes importantes [40] :

- L'extraction des caractéristiques : Cette étape consiste à appliquer plusieurs filtres pour réduire la résolution de chaque image. À la fin, on obtient une carte de convolution, qui est une nouvelle image. Cette carte est ensuite mise à plat et concaténée avec un vecteur de caractéristiques. Cette étape peut se répéter plusieurs fois pour extraire des caractéristiques de plus en plus abstraites.
- La classification : se trouve à la fin de chaque réseau convolutif, consiste à exploiter le vecteur de caractéristique comme entrée et d'utiliser un classificateur bien déterminé qui permettra d'obtenir une sortie finale qui comportera les différentes classes de ces images.

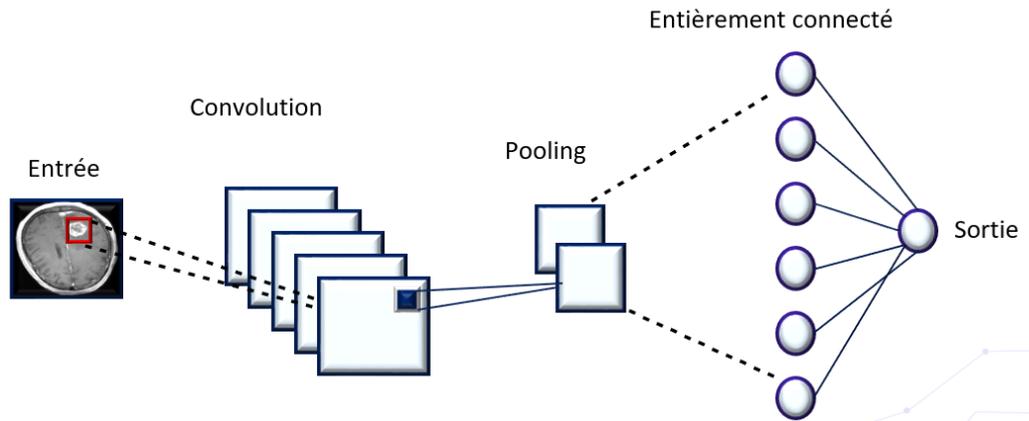


FIGURE 1.2 – Principe de fonctionnement du CNN.

La figure 1.2 représente l'architecture d'un CNN utilisé pour la classification d'images.

D'après l'image, on peut voir que les couches cachées d'un réseau de neurones convolutif se décomposent principalement en trois types [40] :

Les couches de convolution : Dans un CNN pour la classification des tumeurs cérébrales, les couches de convolution sont utilisées pour extraire des caractéristiques pertinentes des images IRM du cerveau, ce qui permet au modèle de détecter efficacement les tumeurs. Ces couches appliquent des filtres de convolution sur l'image d'entrée IRM. Un filtre est une petite matrice de poids appris qui balaie l'image et calcule la somme des produits élément par élément à chaque position, capturant ainsi des motifs particuliers. Plusieurs filtres différents sont utilisés en parallèle pour détecter divers types de caractéristiques (contours, textures, etc.).

En ajustant le padding de manière appropriée, il est possible de préserver les dimensions d'origine de l'image traitée. Dans le contexte spécifique de la détection des tumeurs cérébrales, les filtres sont conçus pour apprendre à identifier efficacement motifs caractéristiques des tumeurs et des tissus sains.

Les couches de pooling : Typiquement elles suivent les couches de convolution. Leur rôle est crucial pour réduire la dimension spatiale des caractéristiques extraites, en ne conservant que les valeurs maximales (max pooling) ou moyennes dans un voisinage donné. Cela rend les caractéristiques plus robustes aux petites translations. Leur fonctionnement consiste à diviser l'image en régions locales et à ne conserver que les valeurs maximales (max pooling) ou moyennes dans chaque région. Par exemple, dans le cas du max pooling, la valeur maximale dans chaque région est conservée, tandis que les autres valeurs sont ignorées. On utilise une petite fenêtre (généralement 2 ou 3 pixels de côté) qui glisse pas à pas sur l'image et prend la valeur maximale de chaque fenêtre. En pratique. Dans le contexte de la détection de tumeurs cérébrales, les couches de pooling sont particulièrement utiles pour capturer les carac-

téristiques distinctives tout en réduisant la complexité du modèle. Par exemple, elles peuvent aider à mettre en évidence les régions les plus importantes de l'image, telles que les zones où les tumeurs sont susceptibles d'apparaître, tout en réduisant les coûts de calcul et en rendant le modèle plus robuste aux petites translations de l'image.

La figure 1.3 représente un exemple d'application du max pooling.

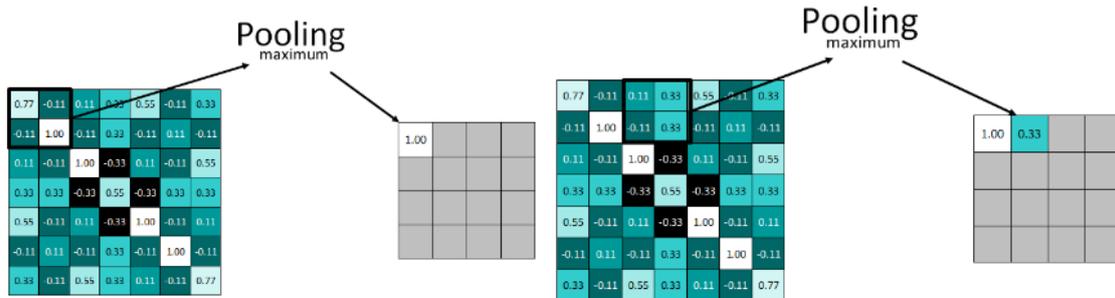


FIGURE 1.3 – Exemple de max pooling avec une fenêtre de taille 2x2 [41].

Les couches entièrement connectées : Après les étapes convolutives et pooling, les caractéristiques sont aplaties en un vecteur 1D. Ce vecteur est ensuite utilisé comme entrée pour les couches entièrement connectées, qui combinent ces informations de manière non-linéaire à l'aide d'une fonction d'activation finale pour classifier l'image.

Chaque neurone de ces couches est connecté à tous les neurones de la couche précédente, permettant d'apprendre des motifs complexes à partir des caractéristiques extraites. Pour la classification tumeur et non-tumeur, par exemple, la dernière couche aurait deux neurones produisant les scores respectifs.

1.5.2 Architectures du CNN

Différents efforts ont été déployés pour l'amélioration des performances des CNN, cela a contribué à avoir de nombreuses architectures, nous mentionnant quelques-unes :

1. *AlexNet* : Développé par Alex Krizhevsky, Ilya Sutskever et Geoffrey Hinton, *AlexNet* a révolutionné le domaine du deep learning en remportant le concours ImageNet en 2012. Il a été largement utilisé pour la classification d'images médicales.
2. *ResNet(Residual Network)* : Connue pour ses blocs résiduels qui facilitent l'entraînement de réseaux très profonds. Utilisé pour la segmentation et la détection d'objets dans les images médicales. Créé par Microsoft Research.

3. *DenseNet* : *DenseNet* est une architecture qui connecte chaque couche à toutes les autres couches situées en aval dans un bloc dense. Cela favorise le flux d'informations et encourage le partage des caractéristiques, ce qui permet d'obtenir de bonnes performances avec un nombre réduit de paramètres.
4. *U-Net* : Conçu spécifiquement pour la segmentation d'images biomédicales, se compose d'un encodeur pour extraire les caractéristiques de l'image et d'un décodeur pour reconstruire l'image segmentée. Utilisé dans les tâches de segmentation d'organes et de lésions dans les images médicales.

Ces architectures sont souvent utilisées comme points de départ dans le développement de modèles de DL pour la détection d'objets dans les images médicales. En fonction de la tâche spécifique et des données disponibles, des modifications et des ajustements peuvent être apportés à ces architectures pour obtenir les meilleurs résultats [40].

1.6 Métriques d'évaluations

Les métriques d'évaluation de performances sont utilisées dans les modèles de ML pour évaluer la qualité et la précision des prédictions du modèle. Elles fournissent des indications quantitatives sur l'exactitude, la précision et la fiabilité du modèle [19].

Exemples de métriques d'évaluation couramment utilisées pour la prédiction :

1. **Sensibilité (ou rappel)** : C'est la proportion de tumeurs réellement positives que le modèle a correctement identifiées. Elle se calcule par la formule :

$$\text{Sensibilité} = \frac{\text{Vrais positifs}}{\text{Vrais positifs} + \text{Faux négatifs}} \quad (1.1)$$

2. **Spécificité** : C'est la proportion de tumeurs réellement négatives que le modèle a correctement identifiées. Elle se calcule par la formule :

$$\text{Spécificité} = \frac{\text{Vrais négatifs}}{\text{Vrais négatifs} + \text{Faux positifs}} \quad (1.2)$$

3. **Précision** : C'est la proportion de tumeurs détectées par le modèle qui sont réellement positives. Elle se calcule par la formule :

$$\text{Précision} = \frac{\text{Vrais positifs}}{\text{Vrais positifs} + \text{Faux positifs}} \quad (1.3)$$

4. **Score F1** : C'est une moyenne harmonique entre la sensibilité et la précision. Il fournit un équilibre entre les deux. Il se calcule par la formule :

$$\text{Score F1} = 2 \times \frac{\text{Précision} \times \text{Sensibilité}}{\text{Précision} + \text{Sensibilité}} \quad (1.4)$$

5. **Score Dice** : Le score dice est une mesure de la précision de la segmentation d'images médicales. Il compare la segmentation automatique d'une structure, comme une tumeur, avec la segmentation manuelle réalisée par des experts. Un score proche de 1 indique une bonne correspondance entre la segmentation automatique et celle des experts, ce qui signifie une segmentation précise. Un score proche de 0 indique une discordance, indiquant des erreurs dans la segmentation automatique. En résumé, le score dice évalue à quel point la segmentation automatique est précise par rapport à la référence humaine [19].

1.7 Détection de tumeurs cérébrales en imagerie médicale

La détection de tumeurs cérébrales sur les images IRM reposent sur des techniques avancées de traitement d'images et de ML. La première étape consiste à classifier les IRM en deux classes (la présence ou l'absence d'une tumeur) en analysant les caractéristiques des images telles que l'intensité des pixels, la texture et les contours. Des algorithmes de DL, comme les CNN, sont entraînés sur de grandes bases de données d'images annotées pour apprendre à reconnaître les motifs associés aux tumeurs.

Une fois la tumeur détectée, des algorithmes de segmentation sont appliqués pour délimiter précisément ses contours. Les méthodes de segmentation par contours actifs font évoluer une courbe ou une surface initiale vers les bords de la tumeur en minimisant une fonction d'énergie. Les CNN encodeurs-décodeurs sont particulièrement performants pour la segmentation en "pixellisant" la tumeur. La précision de la segmentation est cruciale pour guider les décisions thérapeutiques comme la chirurgie, la radiothérapie ciblée et le suivi longitudinal du patient.

parmi les architectures les plus couramment utilisées pour la segmentation sémantique on trouve [42] :

1.7.1 Architecture détaillée de U-Net

U-Net est une architecture de CNN largement utilisée pour la segmentation d'images, en particulier dans le domaine médical. Cette architecture en forme de U est composée d'un en-

codeur qui extrait les caractéristiques de l'image à différents niveaux, et d'un décodeur qui combine ces caractéristiques pour produire une carte de segmentation précise [42].

L'image 1.11 représente l'architecture U-Net avec ses différentes étapes de convolution, de pooling et de up-convolution, ainsi que les nombres de filtres utilisés à chaque niveau.

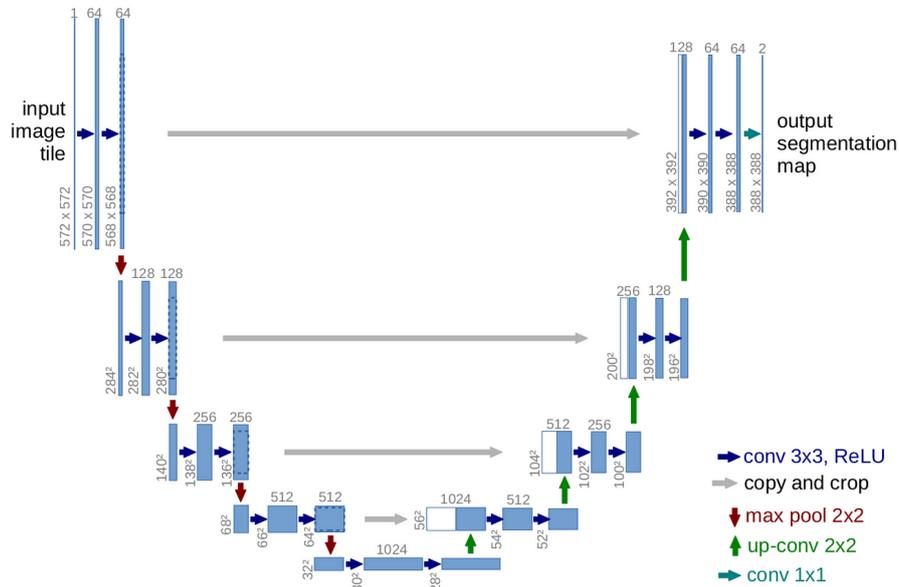


FIGURE 1.4 – L'architecture U-Net [42].

Au niveau de l'encodeur, l'image d'entrée subit d'abord deux convolutions 3x3 avec 64 filtres chacune, suivies d'une opération ReLU et d'un max-pooling 2x2 pour réduire les dimensions spatiales. Ce processus se poursuit avec des nombres croissants de filtres (128, 256, 512) et des opérations de max-pooling supplémentaires, capturant des informations de plus en plus sémantiques et contextuelles. Le décodeur effectue l'opération inverse, upéchantillonnant les cartes de caractéristiques à l'aide d'une up-convolution 2x2, puis les concaténant avec les cartes de même taille de l'encodeur (skip connections). Deux convolutions 3x3 et une ReLU sont appliquées aux cartes concaténées, et ce processus est répété avec une diminution progressive du nombre de filtres. La dernière couche est une convolution 1x1 avec 2 filtres pour produire la carte de segmentation finale [42].

1.8 Conclusion

Nous avons présentés dans ce chapitre les fondements essentiels de l'IA, de l'apprentissage automatique et du DL, en mettant un accent particulier sur leur application à la détection de tumeurs cérébrales. Nous avons présenté diverses méthodes de détection utilisées en science des données, en mettant en lumière les spécificités de la détection de tumeurs cérébrales.

Dans la première partie, nous avons passé en revue l'IA ainsi que ses multiples domaines d'application.

Nous avons ensuite approfondi les méthodes d'apprentissage automatique dans la deuxième partie, en explorant en détail les étapes et les types de modèles les plus couramment utilisés. Une attention particulière a été accordée aux architectures de réseaux de neurones convolutifs, essentielles pour l'imagerie médicale.

Enfin, nous avons étudié les méthodes d'évaluation et les métriques permettant d'apprécier la performance des modèles d'apprentissage automatique dans le contexte spécifique de la détection de tumeurs cérébrales. Cette analyse nous permettra de choisir les méthodes de détection d'objet les plus adaptées en fonction de nos objectifs et des données disponibles.

CHAPITRE

2

LES TUMEURS CÉRÉBRALES

2.1 Introduction

Le cerveau est un organe vital qui contrôle la pensée, la mémoire, les émotions, ainsi que de nombreux autres processus régulant notre corps. En raison du problème de santé majeur que représentent les tumeurs cérébrales à tous les âges, susceptibles d'affecter les fonctions essentielles du cerveau, une détection précoce est nécessaire pour une intervention efficace. Dans ce contexte, imagerie par résonance magnétique (IRM) joue un rôle essentiel dans le diagnostic et la caractérisation des tumeurs.

Dans ce chapitre, nous allons définir les notions de base sur le cancer, par la suite, nous présenterons en détail la tumeur cérébrale, enfin nous aborderons les techniques de visualisation médicales qui sont utilisées pour la diagnostiquer.

2.2 Cancer

2.2.1 Définition du cancer

Le cancer englobe un vaste groupe de maladies qui peuvent apparaître dans presque tous les organes ou tissus du corps, lorsque des *cellules*¹ anormales se développent de manière incontrôlée et se répandent au-delà de leurs limites habituelles pour envahir des régions voisines du corps et se propager à d'autres organes. Si les *cellules cancéreuses*² ne sont pas éliminées, l'évolution de la maladie va mener plus ou moins rapidement au décès de la personne touchée [10].

2.2.2 Causes et types du cancer

La compréhension des causes du cancer et de sa diversité de types est cruciale pour aborder cette maladie complexe. Bien que peu de cancers aient une cause unique, la plupart sont le résultat d'un ensemble complexe de facteurs de risque, comprenant le vieillissement, le tabagisme, l'exposition au soleil, des altérations génétiques, l'obésité, une alimentation déséquilibrée, le manque d'activité physique, la consommation d'alcool, et l'exposition à des produits chimiques toxiques. Ces facteurs de risque peuvent contribuer au développement de divers types de cancer, tels que le cancer du poumon, du sein, de la thyroïde, du col de l'utérus, de l'endomètre,

1. Une cellule est l'unité de base de la vie, jouant un rôle essentiel dans les fonctions vitales des organismes vivants.

2. Une cellule cancéreuse est une cellule anormale qui se divise de manière incontrôlée et peut envahir les tissus environnants, formant ainsi une tumeur.

des ovaires, du rein, du foie, de la prostate, des os, de la peau et du cerveau [23].

2.3 Tumeurs cérébrales

Avant d'approfondir le sujet, il est important de définir ce qu'est une tumeur.

2.3.1 Définition de la tumeur

Une tumeur est une croissance importante due à une multiplication excessive de cellules normales (tumeur bénigne) ou anormales (tumeur maligne). Les tumeurs bénignes (comme les grains de beauté, les verrues, etc.) se développent localement sans altérer les tissus voisins. Les tumeurs malignes telles que le cancer ont tendance à envahir les tissus voisins et à migrer vers d'autres parties du corps, créant ainsi des *métastases*³ [12].

2.3.2 Définition de la tumeur cérébrale

Une tumeur cérébrale est une croissance anormale de cellules dans le cerveau ou à proximité. Les tumeurs cérébrales peuvent se produire dans le tissu cérébral et aussi près du tissu cérébral, y compris les *nerfs*⁴, la *glande pituitaire*⁵, la *glande pinéale*⁶ et les *membranes*⁷ qui recouvrent la surface du cerveau [24].

Cette image représente une illustration d'une tumeur cérébrale.

3. Les métastases sont des cellules cancéreuses qui se sont propagées à partir d'une tumeur primaire vers d'autres parties du corps.

4. Les nerfs sont les voies de communication du système nerveux, permettant le transfert d'informations entre le cerveau et le reste du corps.

5. La glande pituitaire est une petite glande endocrine, contrôlant la libération d'hormones qui régulent diverses fonctions comme la croissance.

6. La glande pinéale est une petite glande qui contrôle la production d'une hormone appelée mélatonine. Cette hormone aide à réguler notre sommeil et nos rythmes quotidiens.

7. Les membranes sont des structures minces et flexibles composées de tissus ou de couches de cellules qui recouvrent ou séparent différentes parties du corps.

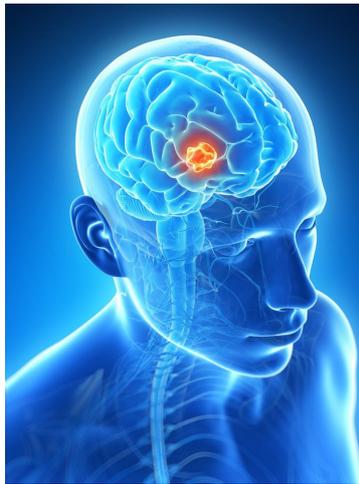


FIGURE 2.1 – Une tumeur cérébrale [1].

2.3.3 Localisation de la tumeur cérébrale

Le cerveau est structuré en différentes régions, chacune responsable de fonctions spécifiques telles que le langage, l'équilibre, le contrôle du cœur, la circulation sanguine, la mémoire, etc. Ainsi, les symptômes causés par une tumeur cérébrale peuvent varier considérablement en fonction de la localisation de la tumeur dans le cerveau.

Cette image illustre les différentes régions du cerveau et leurs fonctions respectives [13].

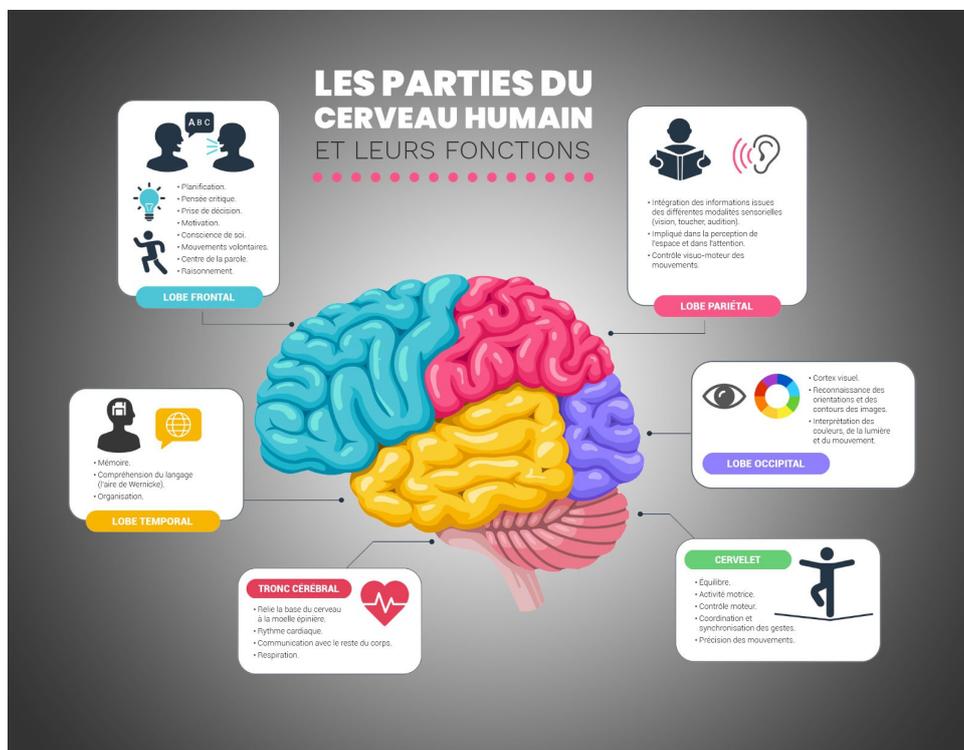


FIGURE 2.2 – Les parties du cerveau et leurs fonctionnements [18].

2.3.4 Symptômes d'une tumeur cérébrale

Les signes et symptômes d'une tumeur cérébrale varient en fonction de sa taille, de son emplacement et de sa vitesse de croissance. Ils peuvent comprendre des maux de tête persistants, souvent plus intenses le matin et ne cédant pas aux médicaments en vente libre, une faiblesse dans les membres, le visage ou un côté du corps, des problèmes de coordination entraînant des difficultés à marcher ou à maintenir l'équilibre, des difficultés dans les activités quotidiennes comme la lecture et la parole, des altérations des sens comme le goût et l'odorat, des changements d'humeur, de personnalité ou de comportement, des nausées et des vomissements, surtout le matin, ainsi que des troubles de la mémoire [8].

2.3.5 Processus de formation des tumeurs cérébrales

Les tumeurs cérébrales peuvent débiter directement dans le cerveau, ce qui les qualifie de tumeurs cérébrales primaires. Alternativement, le cancer peut se propager vers le cerveau à partir d'autres régions du corps, ce qui donne lieu à des tumeurs cérébrales secondaires, également désignées sous le terme de *métastases* cérébrales [9].

2.3.6 Classification des tumeurs cérébrales

On distingue deux principaux types de tumeurs cérébrales : Primaires, et Secondaire.

- Primitives : Ces tumeurs ont pour origine des cellules intracrâniennes ou des cellules de structures voisines du cerveau. Elles peuvent être bénignes ou malignes. Parmi les tumeurs primitives les plus fréquentes, on trouve les *gliomes*⁸ (notamment les *astrocytomes*, les *oligodendrogliomes* et les *glioblastomes*)⁹, les *épendymomes*¹⁰, les *médulloblastomes*¹¹, les *méningiomes*¹² et les *neurinomes de l'acoustique*.¹³ Les *gliomes* représentent 65 % de toutes les tumeurs cérébrales primitives [25].

8. Les gliomes sont des tumeurs qui se développent à partir des cellules gliales, qui sont les cellules de soutien du cerveau.

9. Les astrocytomes, oligodendrogliomes et glioblastomes sont tous des types de tumeurs cérébrales qui se développent à partir des cellules gliales.

10. Les épendymomes sont des tumeurs du système nerveux central qui se forment à partir des cellules épendymaires.

11. Les médulloblastomes sont des tumeurs cérébrales malignes qui se forment dans la partie inférieure du cerveau, appelée le cervelet.

12. Les méningiomes sont des tumeurs généralement bénignes qui se développent à partir des membranes entourant le cerveau et la moelle épinière, appelées méninges.

13. Les neurinomes de l'acoustique sont des tumeurs bénignes qui se forment à partir des cellules du nerf vestibulocochléaire, qui est responsable de l'audition et de l'équilibre.

- Secondaire : Ces tumeurs sont connues sous le nom de *métastases* cérébrales, sont des cancers qui proviennent d'autres parties du corps et se sont ensuite propagés vers le cerveau. Ces tumeurs sont toujours malignes. Les *métastases* cérébrales sont bien plus courantes que les tumeurs primitives, avec plus de 80 % des patients ayant plusieurs métastases. Elles peuvent se propager dans une seule zone ou à plusieurs endroits du cerveau. De nombreux types de cancers ont la capacité de métastaser vers le cerveau, notamment ceux du sein, du poumon, du rein, le *mélanome*¹⁴ et la thyroïde [25].

Les tumeurs cérébrales bénignes ont généralement une croissance lente, tandis que les tumeurs cérébrales malignes ont tendance à se développer rapidement.

2.4 Visualisation médicale

2.4.1 Qu'est-ce que la visualisation médicale ?

La visualisation médicale est un domaine spécialisé de l'imagerie médicale qui utilise diverses techniques et technologies pour créer des représentations visuelles des structures internes du corps humain. Ces techniques sont essentielles pour les professionnels de la santé afin d'observer et d'analyser des conditions médicales, telles que les tumeurs, les fractures et d'autres anomalies.

2.4.2 Pourquoi visualiser ?

La visualisation médicale vise plusieurs objectifs essentiels dans le domaine de la santé, dont [21] :

- Diagnostic : les images médicales permettent aux médecins de diagnostiquer les maladies en visualisant les structures internes du corps. Cela peut inclure la détection de fractures osseuses, de tumeurs, d'infections, de maladies cardiaques, etc.
- Surveillance : Une fois qu'une condition médicale est mesurée, la visualisation médicale est utilisée pour surveiller l'évolution de la maladie, évaluer l'efficacité du traitement et détecter toute progression ou complication éventuelle.

14. Le mélanome est un type de cancer de la peau qui se développe à partir des cellules produisant de la mélanine, appelées mélanocytes.

- Planification du traitement : les images médicales fournissent aux médecins à planifier les traitements chirurgicaux ou les interventions médicales en fournissant des informations précises sur la structure anatomique et la localisation des anomalies ou des lésions.
- Éducation : les images médicales sont également des outils pédagogiques précieux pour former les étudiants en médecine, les résidents et d'autres professionnels de la santé à l'anatomie normale et pathologique, ainsi qu'à l'interprétation des résultats d'imagerie.
- Communication avec les patients : les images médicales offrent aux médecins un moyen de visualiser et d'expliquer les conditions médicales aux patients de manière plus claire et compréhensible, ce qui peut contribuer à une prise de décision éclairée.

2.4.3 Techniques de visualisation

Les méthodes de visualisation médicale comprennent :

- Radiographie (ou radiologie conventionnelle) : Utiliser des rayons X pour produire des images bidimensionnelles des structures internes du corps. C'est souvent utilisé pour détecter des fractures osseuses, des infections pulmonaires, etc [21].

La figure 2.3 présente un exemple de radiographie.



FIGURE 2.3 – Radiologie conventionnelle [26].

- Tomographie par ordinateur (scanner) : Utiliser des rayons X pour créer des images en coupe transversale du corps. Il est plus détaillé que la radiographie et est utilisé pour visualiser les organes internes, les vaisseaux sanguins, les tumeurs, etc [21].

La figure 2.4 présente un exemple de scanner.

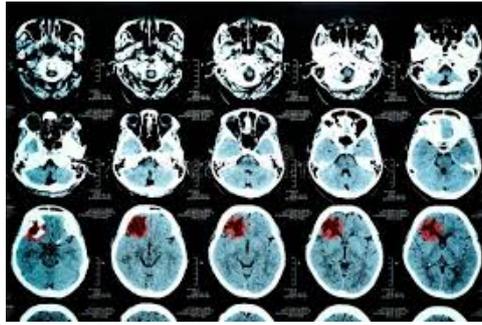


FIGURE 2.4 – Tomographie par ordinateur [11].

- Imagerie par résonance magnétique (IRM) : Utiliser un champ magnétique puissant et des ondes radio pour produire des images détaillées des tissus mous, comme le cerveau, la moelle épinière, les muscles, etc. Elle est souvent utilisée lorsque des détails précis sont nécessaires sans exposition aux rayons X [21].

La figure 2.5 présente un exemple d'IRM.

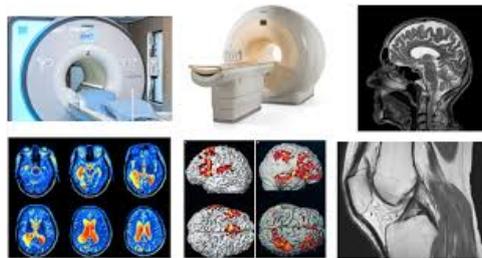


FIGURE 2.5 – Imagerie par résonance magnétique [32].

- Échographie : Utiliser des ondes sonores pour produire des images en temps réel des organes internes. C'est une technique sûre et non intrusif souvent utilisée pour examiner les organes abdominaux, le cœur, le fœtus pendant la grossesse, etc.

La figure 2.6 présente un exemple d'échographie.



FIGURE 2.6 – Échographie [43].

- Tomographie par émission de positrons (tomographie par émission de positrons (TEP)) : Utiliser une substance radioactive pour produire des images tridimensionnelles du métabolisme cellulaire. Elle est utilisée en oncologie pour détecter et évaluer les tumeurs [21].

La figure 2.7 présente un exemple de TEP.

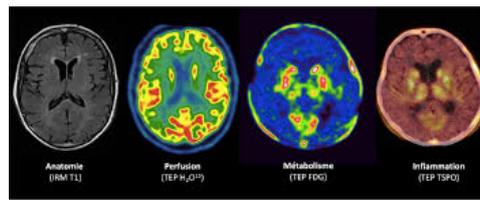


FIGURE 2.7 – Tomographie par émission de positrons [34].

L'IRM est largement utilisé comme méthode d'imagerie pour identifier et caractériser les tumeurs cérébrales en raison de plusieurs avantages, notamment [31] :

1. Haute résolution : L'IRM fournit des images détaillées des tissus mous du cerveau, ce qui permet une visualisation précise des tumeurs.
2. Absence de rayonnement ionisante : Contrairement au scanner, qui utilise des rayons X, l'IRM n'émet pas de rayonnement ionisante, ce qui en fait une option plus sûre pour les examens répétés et pour les populations sensibles.
3. Contraste amélioré : l'IRM peut utiliser différents types de séquences d'imagerie pour améliorer le contraste entre les tissus normaux et pathologiques, ce qui permet de mieux caractériser les tumeurs et de différencier les différentes composantes tumorales.
4. Évaluation fonctionnelle : l'IRM fonctionnel (IRMf) peut être utilisé pour cartographier les zones du cerveau impliquées dans des fonctions spécifiques, ce qui peut être utile pour planifier la chirurgie afin de minimiser les dommages aux zones fonctionnelles du cerveau.

2.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté une étude des tumeurs cérébrales, abordant leur définition, leur formation, leur impact sur la santé humaine, leurs symptômes. Nous avons également examiné la localisation des tumeurs cérébrales dans différentes régions du cerveau, ainsi que leur classification en fonction de leur origine et de leurs caractéristiques. De plus, nous avons exploré les techniques de visualisation médicale utilisées pour le diagnostic et la surveillance de ces tumeurs.

Cette analyse approfondie souligne l'importance primordiale d'une prise en charge précoce et multidisciplinaire pour améliorer les résultats cliniques et la qualité de vie des patients atteints de tumeurs cérébrales.

CHAPITRE

3

ETAT DE L'ART

3.1 Introduction

Le problème principal abordé dans notre projet est la difficulté de catégoriser manuellement les cellules tumorales par rapport aux cellules non tumorales dans les images par résonance magnétique (IRM) du cerveau en raison de la grande quantité de données recueillies. Plusieurs méthodes ont été proposées dans la littérature pour résoudre ce problème, néanmoins ces méthodes traditionnelles ne peuvent pas toujours prendre en charge automatiquement cette catégorisation, d'où la nécessité de combiner avec des méthodes plus avancées comme l'apprentissage automatique qui sont largement utilisées dans ce domaine.

Ce chapitre vise à explorer l'état de l'art de la classification et la segmentation des tumeurs cérébrales à l'aide d'IRM en utilisant les techniques de machine learning et des méthodes statistiques. Pour ce faire, nous avons étudié certains travaux connexes en identifiant les méthodes utilisées, les facteurs pris en compte et les résultats obtenus. Notre constat révèle que la plupart de ces travaux mettent l'accent sur la combinaison des algorithmes de machine learning et des méthodes statistiques pour la classification. Nous avons ensuite établi un tableau comparatif des travaux connexes en tenant compte de la technique utilisée dans chaque travail et le point fort de la technique utilisée. Enfin, nous avons établi une synthèse de cette comparaison en expliquant les méthodes les plus efficaces pour détecter et localiser la tumeur dans une image.

3.2 Travaux connexes

De nombreuses approches ont été proposées dans la littérature pour la classification et la segmentation automatique des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM, exploitant diverses techniques de traitement d'images, d'apprentissage machine et d'apprentissage profond. Nous en citons quelques uns dans cette partie :

M. Elseddik et al. ont proposé une approche hybride combinant le prétraitement d'images médicales et les réseaux de neurones convolutionnels profonds (DCNN) pour la classification des tumeurs cérébrales. La méthode commence par détecter et extraire la région d'intérêt (ROI) de la tumeur en fusionnant les résultats de deux techniques de segmentation (Watershed et la croissance de région), obtenant une précision moyenne de segmentation de 98,67%. Ensuite, une architecture DCNN personnalisée est construite, entraînée et optimisée sur ces régions de tumeur extraites pour la tâche de classification. Les expériences ont été menées sur un ensemble de données en ligne, divisé en 75% pour l'entraînement et 25% pour les tests. Le modèle

DCNN proposé a atteint un faible taux d'erreur moyen de 0,4 pour la classification, démontrant les performances prometteuses de cette approche hybride exploitant à la fois le prétraitement d'images et l'apprentissage profond [14].

D.Jyostna et al. ont utilisé un ensemble de données de référence de Kaggle contenant 253 images IRM du cerveau, dont 155 présentant une tumeur et 98 sans tumeur. Leur approche propose d'exploiter l'apprentissage par transfert en extrayant les caractéristique les plus profondes à partir d'un réseau convolutionnel pré-entraîné Visual Geometry Group 16 (VGG16), puis de projeter ces dernières à l'aide de l'analyse discriminante linéaire (LDA) pour rendre le modèle robuste. Les caractéristiques projetées sont ensuite utilisées pour entraîner divers modèles de classification conventionnels tels que la régression logistique, KNN, le perceptron et SVM, ce dernier a eu les meilleurs résultats avec un taux de 84%. Les résultats expérimentaux ont montré que l'approche proposée atteint une précision de classification de 100% en utilisant les projections LDA, dépassant les performances des projections par ACP ou noyau ACP, et démontrant ainsi l'efficacité des caractéristiques profondes combinées à la réduction de dimension discriminante pour la classification robuste des tumeurs cérébrales [7].

T. Hossain et al. ont proposé deux approches pour la classification de tumeurs cérébrales. La première combinait l'algorithme de segmentation Fuzzy C-Means (FCM) avec des techniques d'apprentissage machine classiques comme les KNN, la régression logistique, le perceptron multicouche, le naïf Bayes, les forêts aléatoires et le SVM. Parmi ces modèles, SVM a obtenu les meilleurs résultats avec une précision de 92,2%. La deuxième approche se concentrait sur l'apprentissage profond en introduisant une architecture de Convolutional Network (ConvNet). cette méthode a atteint un taux de précision de 97,87%. Les deux approches ont été évaluées sur l'ensemble de données BRATS. Bien que la segmentation FCM offre de meilleurs résultats pour les ensembles de données bruités, elle requiert un temps de calcul plus long comparé aux techniques d'apprentissage profond [17].

A. Gurunathan a proposé une méthode pour détecter les tumeurs cérébrales. Cette méthode comprend trois étapes principales : le prétraitement des données avec une augmentation des données, l'utilisation de l'apprentissage par transfert sur LeNet pour la classification entre images normales et anormales, Ensuite, une segmentation basée sur la morphologie mathématique est appliquée pour détecter précisément les limites internes et externes des tumeurs. Une seconde classification CNN sur les résultats segmentés pour déterminer la gravité (légère ou sévère). Les performances de cette approche ont été comparées à celles des méthodes Fuzzy C-mean (92,5%), algorithme génétique (91,7%) et forêt aléatoire (98,01%). L'approche proposée les surpasse, atteignant un taux de classification de 98,59% [16].

L.MA et al. ont proposé une nouvelle approche de classification de tumeurs cérébrales en utilisant un réseau de neurone combiné à l'intelligence edge. Le dataset utilisé est un ensemble d'images IRM de tumeurs cérébrales provenant de Kaggle. La méthode proposée, appelée Lightweight Neural Network version 4 (iLYOLOv4-RNN), est un réseau de neurones de type You Only Look Once (YOLO) couplé à un réseau Long Short-Term Memory (LSTM) pour la génération de rapports textuels. Cette architecture est déployée sur des dispositifs edge pour assurer des traitements en temps réel. Les résultats expérimentaux montrent que cette approche atteint une précision de 97% avec un temps de traitement rapide de 208 images par seconde, ce qui est prometteur pour un diagnostic de tumeurs cérébrales en pratique clinique [22].

RAMIN et al. ont proposé un réseau CNN en cascade à deux voies, précédé d'une étape de pré-traitement pour localiser la région tumorale. Ce réseau, structuré par tâches, exploite un mécanisme d'attention basé sur la distance(DWA) pour extraire simultanément des caractéristiques locales et globales pertinentes à partir des différentes modalités IRM. Ils ont utilisé le dataset BRATS 2018 contenant 285 examens IRM multiparamétriques (FLAIR, T2, T1 avec/sans contraste) de tumeurs cérébrales. Les résultats montrent que cette approche basée sur une architecture C-CNN relativement simple surpasse plusieurs méthodes de leur état de l'art en termes de métriques standards, tout en étant plus rapide que des architectures plus lourdes [33].

A. Kishore kumar et al. ont proposé un CNN pour la classification d'images de tumeurs cérébrales, utilisant de petits noyaux de convolution pour capturer efficacement les caractéristiques. Les expériences sur leur dataset ont montré une précision de 93% avec une complexité calculatoire plus faible que d'autres méthodes de pointe J48¹, Reduced Error Pruning Tree (RepTree) et Logistic Model Trees (LMT) [20].

D. Santos et al. ont utilisé un CNN appelé Mobile Network version 2 (MobileNetV2), conçu pour les appareils mobiles, pour classer des images cérébrales en tumorales ou saines. Leur dataset contenait 3762 images IRM, dont 1683 avec tumeurs et 2079 saines. MobileNetV2, a été entraîné en utilisant 80% des données pour l'entraînement et 20% pour la validation et test. Les résultats ont montré une précision d'entraînement de 91,72%, de validation de 89,24% et de test de 89%. Bien que prometteur, le modèle pourrait être amélioré avec plus de données et des techniques avancées de prétraitement [35].

Taher et al. ont proposé une approche efficace pour la classification de tumeurs cérébrales à partir d'images d'IRM en utilisant différentes techniques d'apprentissage profond. Ils introduisent des modèles basés sur le transfert d'apprentissage, notamment Inception Residual

1. J48 est un algorithme de génération d'arbres de décision

Network version 2 (InceptionResNetv2), Inception version 3 (Inceptionv3) et Residual Network avec 50 couches (ResNet50), ainsi qu'un modèle CNN entraîné à partir de zéro appelé BRAIN-TUMOR-net. L'approche est évaluée sur trois ensembles de données publics d'IRM cérébrales. Les résultats montrent que le modèle BRAIN-TUMOR-net atteint la plus haute précision de 100% sur le troisième ensemble de données et des niveaux de précision de 97% et 84,78% sur les deuxième et premier ensembles de données respectivement. En outre, une validation croisée stratifiée k-fold est utilisée pour obtenir une erreur stable. Après cela, la zone suspecte est segmentée par clustering (K-means, fuzzy C-means) [38].

A.Nayan et al. ont proposé un CNN modifiée pour classifier les tumeurs cérébrales à partir d'images d'IRM. Une nouvelle architecture "recto-triangulaire" a été proposée pour la couche cachée, combinant les formes triangulaire et rectangulaire. Un ensemble de données de 30 000 images d'IRM, comprenant des images saines et des images avec tumeur cérébrale, a été utilisé pour l'entraînement et l'évaluation. Le modèle proposé a atteint une précision de 98,6 %, surpassant d'autres approches telles que adjacent feature propagation network (AFPNet), mask region-based CNN (Mask R-CNN), You Only Look Once version 5 (YOLOv5) et Fully Convolutional Neural Network (FCNN) [27].

3.3 Synthèse

Nous synthétisons les travaux présentés précédemment dans le tableau 3.1.

Num	Auteurs	Dataset	Objectif	Approches	Résultats
1	M. Elseddik et al.(2018)	Dataset en ligne (non spécifié)	Classification	Prétraitement + DCNN	Erreur moyen :0.4 %
2	Jyostna et al.(2019)	Kaggle (253 images, 2D)	Détection	VGG16 + LDA	Précision : 100%
3	T. Hossain et al.(2019)	BRATS (3D)	Classification	FCM + SVM et ConvNet	Précision : 92,2% (FCM+SVM), 97,87% (ConvNet)
4	A. Gurunathan (2020)	BRATS 2015 (3D)	Détection	LeNet + Morphologie mathématique et un 2ème CNN	Précision : 98,59%
5	L. Ma et al.(2021)	Kaggle (2D)	Classification	iLYOLOv4 RNN + Edge computing	Précision : 97%
6	RAMIN et al.(2021)	BRATS 2018 (285 images, 3D)	Segmentation	CNN en cascade + DWA	Précision : non précisé
7	A. Kishore kumar et al.(2022)	Kaggle (2D)	Classification	CNN	Précision : 93%
8	D. Santos et al.(2022)	Dataset en ligne (3762 images, 2D)	Classification	MobileNetV2	Précision : entraînement : 91,72%, validation : 89,24%, test : 89%
9	Taher et al.(2022)	3 datasets de Kaggle (2D)	Détection	Inception-ResNetv2, Inceptionv3, ResNet50, BRAIN-TUMOR-net, clustering	Précision : pour chaque dataset 100%, 97%, 84,78%
10	A. Nayan et al.(2023)	BRATS 2018-2019-2020 (3000 images, 3D)	Classification	CNN modifié (architecture recto-triangulaire)	Précision : 98,6%

TABLE 3.1 – Tableau comparatif.

Notre étude comparative montre une évolution dans les méthodes utilisées pour la détection des tumeurs cérébrales à partir d'IRM entre 2018 et 2023. Les travaux publiés en 2018 (M.Elseddik et al.) et 2019 (Jyostna et al.) utilisent des approches plus traditionnelles, telles que la croissance de région et SVM. Ces méthodes ont permis d'obtenir de bon résultats.

Cependant, à mesure que nous avançons dans le temps, les travaux ultérieurs adoptent des approches plus avancées basées sur l'apprentissage profond. Par exemple, les travaux de 2019 (T.Hossain al.) et 2020 (A.Gurunathan) combinent des techniques traditionnelles de segmentation avec des CNN, améliorant ainsi les performances.

Ensuite, les travaux de 2021 (L.Ma et al.) et 2022 (Zhang et al.) utilisent des architectures CNN plus complexes, comme des modèles YOLO ou des réseaux de segmentation structurés par tâche. Ces approches permettent de prendre en compte le contexte global et local dans l'image pour une meilleure classification.

Enfin, les travaux plus récents de 2022 (A.Kishore kumar et al.) et 2023 (A.Nayan et al.) soulignent l'utilisation de CNN spécialement conçus et entraînés sur de large dataset pour une plus grande précision. Nous observons ainsi une évolution vers des méthodes de deep learning de plus en plus poussée.

Les facteurs clés considérés dans ces études pour la classification des tumeurs cérébrales en IRM sont : les données d'entraînement utilisées (taille, variabilité, annotation), les étapes de prétraitement appliquées, l'architecture des réseaux de neurones (nombre de couches, types de couches, connectivités, les hyperparamètres), et l'optimisation du processus de classification (rapidité, robustesse).

En combinant ces facteurs de manière optimale, les chercheurs parviennent à concevoir des systèmes de détection de tumeurs cérébrales de plus en plus performants, précis et robustes. Nous observons ainsi une tendance vers des approches intégrant toujours plus ses différents facteurs clés au sein du processus automatisés basés sur le deep learning.

3.4 Conclusion

Au cours de ce chapitre, nous avons passé en revue différentes approches récentes pour la classification et la localisation automatique de tumeurs cérébrales à partir d'images IRM.

Les études présentées couvrent des travaux de 2018 à 2023. Nous constatons sur cette période une nette transition des techniques conventionnelles de traitement d'images et de ML vers l'utilisation prédominante des DCNN.

En effet, les CNN ont démontré leurs capacités à capturer des caractéristiques discriminantes de haut niveau pour la classification et la localisation des tumeurs. Ils permettent d'atteindre des précisions de classification et de segmentation bien supérieures aux méthodes non basées sur le DL.

En conclusion, les méthodes reposant sur le deep learning représentent désormais la pointe de la technologie pour la classification assistée par ordinateur des tumeurs cérébrales.

CHAPITRE

4

CONCEPTION ET IMPLÉMENTATION

4.1 Introduction

L'objectif principal de notre travail est d'améliorer la détection des tumeurs cérébrales. Notre approche repose sur l'utilisation avancée des techniques du DL appliquées aux images IRM des patients. Nous sommes en mesure de présenter notre démarche à travers deux contributions majeures à savoir :

- La classification de tumeurs cérébrales en utilisant un CNN.
- La segmentation de tumeurs cérébrales en utilisant L'apprentissage par transfert de U-Net original(2015).

Pour l'implémentation de notre approche nous avons exploité des images IRM issue du dataset médical obtenu sur le lien :

`https://github.com/AhmedHamada0/Brain-Tumor-Detection-Dataset/tree/master`.

Après avoir détaillé les architectures et les méthodologies employées pour ces deux contributions, nous présentons et discutons les résultats obtenus, en évaluant les performances de nos modèles en termes de précision, de rappel et d'autres métriques pertinentes.

4.2 Approche proposée

Notre approche consiste en la proposition de deux contributions pour l'analyse d'images IRM, en particulier pour la classification et la segmentation des tumeurs cérébrales. La première contribution repose sur l'utilisation d'un modèle de classification basé sur le DL. Ce modèle utilise un CNN pour classer les images cérébrales en présence ou en absence de tumeur. La seconde utilise une technique appelée « apprentissage par transfert » sur un modèle U-Net. Son objectif est de segmenter avec précision la tumeur présente sur les images IRM. Cette segmentation précise est cruciale pour une évaluation plus approfondie et un suivi de l'évolution de la tumeur.

La figure 4.1 représente les différentes étapes du processus de conception notre approche.

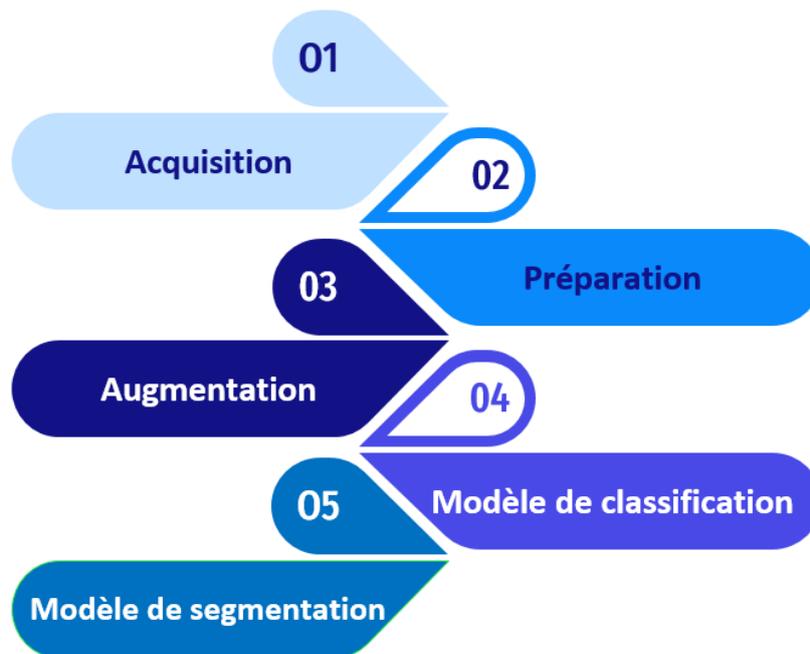


FIGURE 4.1 – Processus de conception.

4.2.1 Contribution 1 : Classification

La classification des tumeurs cérébrales vise à identifier la présence de tumeurs dans les images médicales du cerveau. Pour cette tâche, nous avons choisi d'utiliser un CNN en raison de ses capacités avérées :

- Extraire des caractéristiques hiérarchiques à différents niveaux d'abstraction.
- Être invariant aux transformations telles que l'échelle, la rotation et la translation.
- Gérer efficacement de grandes quantités de données médicales.
- Être flexible et adaptable à différentes tailles de données et complexités de tâches.
- Avoir démontré des succès antérieurs dans des tâches similaires de détection d'objets et de segmentation d'images médicales.

4.2.1.1 Architecture détaillée du CNN proposé

Le CNN est structuré en plusieurs couches, chacune ayant un rôle spécifique dans le traitement et l'analyse des images médicales pour la classification des tumeurs cérébrales, voici les détails :

Couche d'entrée (256, 256, 1) : L'entrée est une image en niveaux de gris de taille 256 x 256 pixels.

Couches Convolutionnelles (Conv2D) : Nous avons utilisé plusieurs couches de convolutions avec un nombre de neurones différent, détaillées comme suit :

- Conv2D (16) : La première couche convolutive utilise 16 filtres de taille (3, 3) avec une fonction d'activation ReLU. Elle prend en entrée une image de taille (256, 256, 1) et produit une carte des caractéristiques de taille (254, 254, 16). Cette couche vise à extraire des caractéristiques bas-niveau de l'image.
- Conv2D (32) : La deuxième et troisième couche convolutive utilise 32 filtres de taille (3, 3) avec une fonction d'activation ReLU. Cette fonction introduit une non-linéarité dans le modèle en remplaçant les valeurs négatives par zéro, permettant ainsi au modèle de capturer des caractéristiques non linéaires dans les données.

Couches de pooling (MaxPool2D) : Nous avons utilisé plusieurs couche de pooling de tailles différentes, détaillées comme suit :

- MaxPool2D (2, 2) : Après chaque paire de couches convolutives, une couche de pooling MaxPool2D avec un pool size de (2, 2) est utilisée pour réduire la dimensionnalité des cartes des caractéristiques tout en conservant les caractéristiques les plus importantes.
- MaxPool2D (4, 4) : Une deuxième couche de pooling MaxPool2D avec un pool size de (4, 4) est utilisée pour réduire davantage la taille des cartes des caractéristiques avant la couche entièrement connectée.

Couches Entièrement Connectées : Nous avons utilisé trois couches entièrement connectées, détaillées comme suit :

- Flatten : Avant de passer aux couches entièrement connectées, les cartes des caractéristiques sont aplaties dans un vecteur uni-dimensionnel.
- Dense (64), Dense (32), Dense (16) : Trois couches entièrement connectées avec respectivement 64, 32, et 16 neurones sont utilisées pour intégrer les caractéristiques extraites localement par les couches précédentes. Les fonctions d'activation ReLU sont appliquées à ces couches.

Couche de Régularisation (Dropout) : Une couche de Dropout avec un taux de 0.5 est ajoutée pour réduire le surajustement en désactivant aléatoirement la moitié des neurones de la couche précédente pendant l'entraînement.

Couche de Sortie " Dense (1, sigmoid)" : La dernière couche Dense avec une fonction d'activation sigmoïde est utilisée pour prédire la probabilité qu'une région d'intérêt soit une tumeur. La fonction d'activation sigmoïde comprime les valeurs en une plage de 0 à 1, représentant la probabilité que la région contienne une tumeur.

4.2.1.2 Prétraitement de données :

Le prétraitement des données constitue une phase indispensable dans le processus de traitement pour la classification des tumeurs cérébrales. Voici les étapes clés qui le composent :

1. **Lecture des images** : Les images sont lues à partir des répertoires à l'aide de la fonction `cv2.imread` de la bibliothèque OpenCV, et en niveaux de gris en utilisant le mode `cv2.IMREAD_GRAYSCALE`.
2. **Redimensionnement des images** :
 - Les images originales de 400×400 pixels sont redimensionnées à une taille de 256×256 pixels à l'aide de la fonction `cv2.resize`.
 - L'interpolation utilisée est `cv2.INTER_CUBIC`, qui est une méthode d'interpolation bicubique qui préserve mieux les détails de l'image lors du redimensionnement.
3. **Normalisation des images** : Les valeurs des pixels des images, initialement dans la plage $[0, 255]$, sont normalisées en divisant par 255 pour les ramener dans la plage $[0, 1]$. Cette opération est importante pour éviter les problèmes d'échelle lors de l'entraînement du modèle.
4. **Conversion en type de données flottant** : Les images normalisées sont converties en type de données `np.float32` pour une meilleure précision lors de l'entraînement du modèle.
5. **Attribution des étiquettes** : Pour chaque image, une étiquette est attribuée : 1 pour les images provenant du répertoire "Images_YES" (présence de tumeur) et 0 pour les images provenant du répertoire "Images_NO" (absence de tumeur).

4.2.1.3 Entraînement du modèle

Avant de passer à l'entraînement de notre modèle, il est essentiel de diviser les données et de fixer les hyperparamètres, qui sont des paramètres préalablement déterminés et qui influencent directement le processus d'apprentissage et la performance du modèle.

1. **Division des données** : Après avoir prétraité les images, la prochaine étape cruciale consiste à les diviser en trois sous-ensembles distincts : entraînement, validation et test. Cette division est essentielle pour évaluer et optimiser la performance d'un modèle de machine learning. Les sous-ensembles sont généralement créés à l'aide de la fonction `split_data` assurant ainsi une répartition équilibrée et représentative des données pour chaque étape du processus d'apprentissage et d'évaluation. Voici comment les images sont réparties dans notre cas :

Ensemble	Pourcentage	Nombre d'Images
Entraînement (Train)	70%	5806
Test	15%	1244
Validation	15%	1244

TABLE 4.1 – Répartition des données pour la classification.

2. Les hyperparamètres :

Optimiseur : Nous avons choisi l'optimiseur Adam (`optimizer='adam'`), un choix courant pour ajuster les poids du réseau neuronal.

Fonction de perte : La fonction de perte de crossentropie (`loss="binary_crossentropy"`) binaire est utilisée, ce qui est typique pour les problèmes de classification binaire, elle permet de mesurer l'erreur entre les prédictions et les vraies valeurs.

Métriques : La précision (`metrics=['accuracy']`) est utilisée comme métrique pour évaluer la performance du modèle pendant l'entraînement.

Nombre d'époques : Nous avons fixé le nombre d'époques à 30 (`epochs = 30`). Ce paramètre détermine combien de fois l'ensemble des données d'entraînement est passé à travers le modèle, influençant ainsi la durée de l'entraînement et la capacité du modèle à apprendre des données.

Notre modèle a été entraîné à trois reprises, chaque entraînement comprenant 30 époques.

Taille du lot : Nous avons défini la taille du lot à 128 (`batch_size=128`). Ce paramètre indique combien d'exemples d'entraînement sont traités ensemble avant de mettre à jour les poids du modèle, ce qui peut affecter la convergence et la performance du modèle

4.2.2 Contribution 2 : Segmentation

Afin de localiser les tumeurs cérébrales, nous avons choisi d'utiliser l'architecture U-Net en raison de ses nombreux avantages spécifiques :

- Architecture U-Net : Le modèle U-Net est spécialement conçu pour la segmentation sémantique des images médicales.
- Capacité à segmenter les bords : U-Net est efficace pour détecter les contours et les bords des tumeurs cérébrales. Sa structure de réseau permet de préserver les détails fins, ce qui est crucial pour la précision de la segmentation.
- Réutilisation des caractéristiques : U-Net utilise des connexions résiduelles entre les couches d'encodeur et de décodeur. Cela permet de réutiliser les caractéristiques apprises, améliorant ainsi la performance du modèle.
- Adaptabilité : U-Net peut être adapté à différentes tailles d'images et à diverses modalités d'imagerie (IRM, scanner, etc.). Il est également robuste face aux variations de contraste et de luminosité.
- Performance prouvée : De nombreux travaux de recherche ont montré que U-Net offre de bons résultats pour la localisation des tumeurs cérébrales.

4.2.2.1 Architecture détaillée de U-Net

L'architecture de U-Net que nous avons utilisée est composée de plusieurs couches. Nous présentons ci-dessous les détails, accompagnés d'une comparaison par rapport au U-Net original.

1. Encodeur

Blocs de convolution double : Chaque bloc de convolution est composé de deux couches de convolution 3×3 , suivies chacune de normalisation par lot (Batch Normalization) et d'activation ReLU. Le nombre de filtres dans ces blocs double à chaque étape du chemin descendant, ce qui permet d'intensifier la capture des caractéristiques à mesure que les données se contractent spatialement. Ce design aide à extraire de façon efficace des détails fins et des textures de l'image.

Une couche de dropout spatial : À la fin de chaque bloc de convolution, une couche de SpatialDropout2D est appliquée. Cette couche aide à prévenir le surapprentissage en désactivant aléatoirement des canaux complets de la carte de caractéristiques, ce qui as-

sure que le modèle n'est pas trop dépendant de certaines caractéristiques locales spécifiques.

Couches de Pooling (MaxPooling2D) : Le MaxPool2D est utilisé après chaque bloc de convolution. Les tailles de pooling sont uniformément (2, 2), ce qui réduit systématiquement la taille de l'image par un facteur de deux tout en conservant les caractéristiques importantes, permettant ainsi de réduire les dimensions et de concentrer l'apprentissage sur les attributs essentiels.

2. Décodeur

Couches de Convolution Transposée (Conv2DTranspose) : Ces couches augmentent la taille des représentations compressées issues de l'encodeur en utilisant des filtres de convolution appliqués de manière transposée. Chaque étape du chemin ascendant double la résolution spatiale tout en réduisant le nombre de filtres de moitié, permettant ainsi une reconstruction précise de l'image vers sa résolution d'origine. Cette configuration facilite la restitution des détails fins et des textures de l'image.

Concaténation : Après chaque couche de convolution transposée, la sortie est fusionnée avec les caractéristiques correspondantes de l'encodeur via la concaténation. Cette étape est cruciale car elle réintroduit des informations de contexte qui aident à restaurer la résolution d'origine et les détails de l'image, compensant ainsi la perte de données due au pooling.

Couches de Sortie : La segmentation de l'image est finalisée par une couche convolutive qui utilise un filtre 1x1 avec une activation sigmoïde. Cette couche produit une carte de probabilités, où chaque pixel a une valeur indiquant la probabilité d'appartenir à une partie de la tumeur.

4.2.2.2 Préparation de données

La préparation des données est une phase fondamentale dans tout projet de traitement d'images médicales. Elle englobe un ensemble d'étapes essentielles visant à transformer et à structurer les données brutes en formats adaptés pour l'entraînement et l'évaluation des modèles. Voici les étapes clés qui la caractérisent :

Création de masques : Un masque est une image binaire qui permet d'identifier spécifiquement la zone où la tumeur est présente.

Nous avons généré les masques en exploitant les annotations fournies dans un fichier JSON, qui détaille les emplacements des tumeurs sur les images IRM.

La figure 4.2 représente le masque de l'image IRM de la figure 4.3.

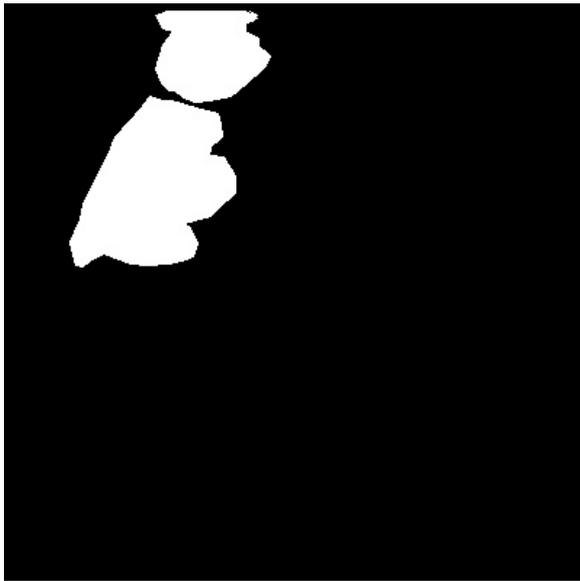


FIGURE 4.2 – Exemple de masque.

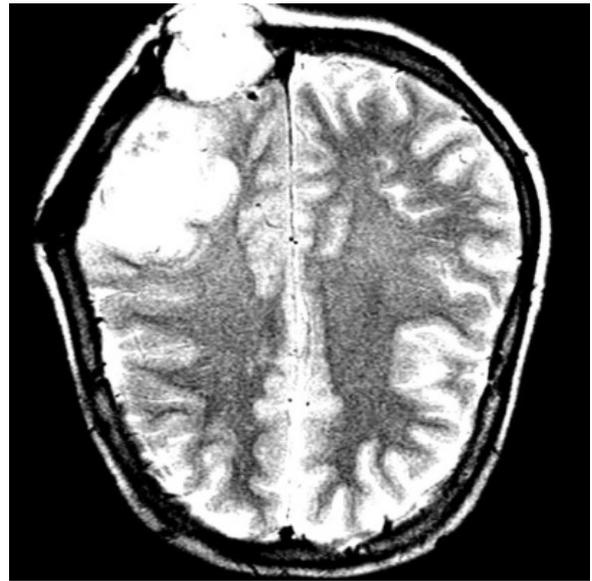


FIGURE 4.3 – Exemple d'image IRM avec tumeurs.

Prétraitement de données : Les principaux prétraitements appliqués sont :

1. **Redimensionnement des images et des masques :** à une taille fixée de (256, 256) en utilisant `cv2.resize`.
2. **Normalisation des valeurs de pixels :** Les valeurs de pixels des images et des masques sont normalisées pour être comprises entre 0 et 1 en les divisant par 255.
3. **Conversion en tableau NumPy :** Les images et les masques sont convertis en tableaux NumPy de type `float32`.

4.2.2.3 Entraînement du modèle

1. **Division des données :** Nous avons divisé les données en ensembles d'entraînement, de test et de validation selon les proportions suivantes :

Ensemble	Pourcentage	Nombre d'échantillons
Entraînement	70%	2822
Test	15%	605
Validation	15%	605

TABLE 4.2 – Répartition de données pour la segmentation.

2. **Les hyperparamètres :** Les hyperparamètres fixés avant l'entraînement du modèle sont les suivants :

Fonction de perte

- Utilisation d'une fonction de perte combinée (`combined_loss`) qui est une combinaison de la dice loss et de l'entropie croisée binaire (`binary_crossentropy`).
- La dice loss est calculée en utilisant le coefficient de dice.
- Poids de la fonction de perte combinée : 0.5, ce qui signifie que la perte est une combinaison égale de la dice loss et de l'entropie croisée binaire.

Optimiseur : utilisation de l'optimiseur *Adam*.

Métriques : Utilisation du coefficient de dice (`Dice_Coefficient`) et de la précision binaire (`binary_accuracy`) comme métriques pour évaluer la performance du modèle.

Callbacks

- `EarlyStopping` surveille `val_loss`, avec une patience de 15 époques, en mode minimaliste, et restaure les poids de la meilleure performance observée.
- `CSVLogger` pour enregistrer les logs de l'entraînement dans un fichier CSV spécifié (`my_new_log_3.csv`).

Nombre d'epochs :

Notre modèle a été entraîné à trois reprises, comptant respectivement 30, 30 et 50 époques chacune(`epochs=50`).

Taille du lot : `batch_size=16`.

4.3 Expérimentations

4.3.1 Dataset

1. **Acquisition de données :**

Afin de réaliser ce projet de détection de tumeurs cérébrales, il était nécessaire de constituer une base de données contenant des images IRM. Notre ensemble de données a été obtenu à partir de GitHub. Il est composé d'environ 2301 images IRM au format JPG et PNG, réparties en deux dossiers :

- Dossier 1 : 801 images présentant la présence d'une tumeur, accompagnées de fichiers JSON d'annotation.

— Dossier 2 : 1500 images ne présentant pas de tumeur, sans fichiers d’annotation.

Bien que le nombre d’images soit de 2301, il reste relativement faible pour entraîner efficacement nos réseaux de neurones. Afin de pallier ce manque, nous avons eu recours à une technique de traitement d’image appelée « Data augmentation ». Cette technique permet de générer d’avantage de données à partir des données originales, en appliquant diverses transformations. Elle sera expliquée plus en détail dans la partie qui suit.

2. Augmentation de données : La technique d’augmentation de données est utilisée efficacement en apprentissage profond, pour augmenter artificiellement la taille du jeu de données d’entraînement. Cela permet d’améliorer les performances des modèles en les exposant à une plus grande variété d’exemples, ce qui réduit le risque de sur-apprentissage (overfitting).

Dans notre cas, étant donné le nombre limité d’images IRM, nous avons appliqué différentes transformations géométriques aux images originales pour en générer de nouvelles. Ces transformations comprennent :

- Rotation : Chaque image a été pivotée selon différents angles 90° , 180° , 270° , créant ainsi plusieurs versions rotatives de la même image.
- Retournement vertical (flip vertical) : Les images ont été inversées verticalement, comme si nous les regardions dans un miroir posé horizontalement.
- Retournement horizontal (flip horizontal) : De manière similaire, les images ont été inversées horizontalement, comme si nous les regardions dans un miroir posé verticalement.

En appliquant ces transformations aux 2301 images, nous avons pu augmenter considérablement la taille de notre jeu de données d’entraînement. Cette augmentation du nombre d’exemples a permis d’améliorer la capacité de généralisation de notre modèles de détection de tumeurs.

4.3.2 Discussions et résultats

4.3.2.1 Contribution 1 : Classification

Après avoir entraîné notre modèle, nous avons procédé à son évaluation sur l’ensemble d’images de test. Cette évaluation nous a permis de mesurer objectivement la capacité du modèle à généraliser et à fournir des prédictions précises sur des données qu’il n’avait pas vues pendant l’entraînement.

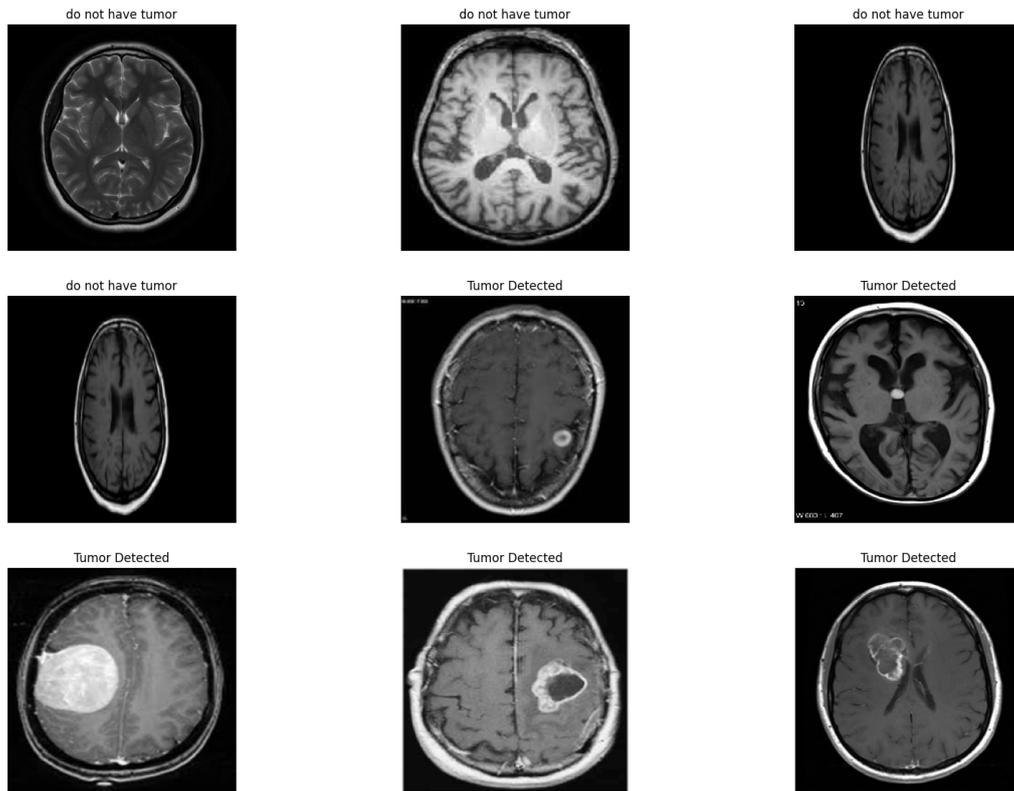


FIGURE 4.4 – Résultat de test.

La figure 4.4 illustre la capacité du modèle à détecter avec précision différentes tailles et types de lésions cérébrales.

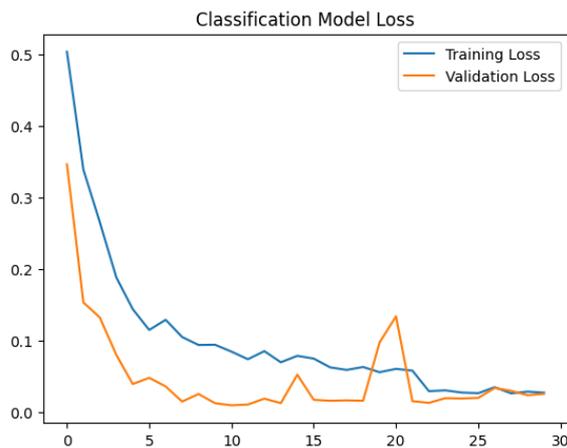


FIGURE 4.5 – Graphe d'évolution de la perte d'entraînement et de validation.

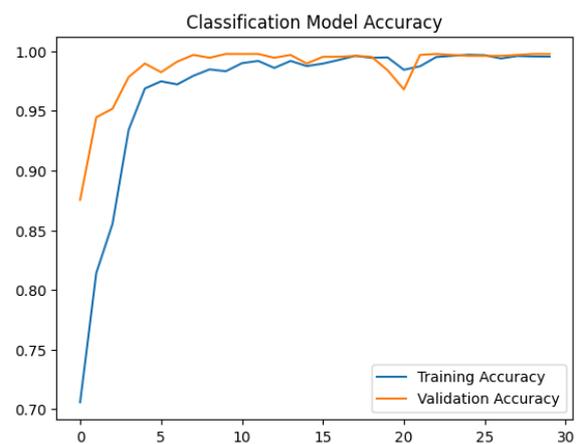


FIGURE 4.6 – Graphe d'évolution de la précision d'entraînement et de validation.

Les figures 4.5 et 4.6 montrent respectivement deux graphiques : le premier représente l'évolution de la perte et le second illustre l'évolution de la précision de notre modèle au fil des époques d'entraînement.

- La perte d'entraînement(Training loss) : La courbe bleu montre la perte du modèle sur les données d'entraînement. Au début, la perte diminue rapidement, et se stabilise ensuite,

indiquant un processus d'apprentissage efficace (car une diminution rapide de la perte suggère que le modèle est capable d'adapter ses paramètres pour réduire l'erreur entre les prédictions et les valeurs réelles).

- La perte de validation (Validation Loss) : La courbe orange représente la perte sur un ensemble de données de validation (qui n'a pas été utilisé pour l'entraînement). Elle suit une tendance similaire au début, mais on observe des pics intermittents au niveau de l'époch 20.
- La précision d'entraînement (Training accuracy) : La courbe bleue montre la précision du modèle sur les données d'entraînement. Au début, la précision augmente rapidement, ce qui indique que le modèle commence à bien classifier les données au fur et à mesure de l'ajustement de ses paramètres internes. Cette augmentation initiale suivie d'une stabilisation de la précision suggère que le modèle a appris efficacement à partir des données d'entraînement en capturant les motifs et les caractéristiques importantes. Cela témoigne d'un processus d'apprentissage efficace, où le modèle est capable de maintenir des performances élevées et cohérentes tout au long de l'entraînement.
- La précision de validation (Validation accuracy) : La courbe orange représente la précision sur un ensemble de données de validation. Elle suit une tendance similaire au début, mais nous observons un pic au niveau de l'époch 20.

En résumé, malgré un bref moment de surapprentissage, notre modèle semble bien performant et stable.

Evaluation du modèle sur les données de test :

1. Précision du modèle : La précision atteinte est de 99.5%, ce qui indique que le modèle a correctement prédit la majorité des étiquettes de l'ensemble de test.
2. Perte du modèle : La valeur de la perte est de 2,7%, montrant que l'erreur entre les prédictions du modèle et les vraies valeurs est minime.
3. Rappel très élevé de 0,9983 (99,83%), Cela montre que le modèle détecte correctement la quasi-totalité des tumeurs.
4. Score F1 combine à la fois précision et rappel est de 0,9909 (99,09%) , ce qui indique d'excellentes performances globales sur ces deux aspects.
5. La matrice de confusion permet d'évaluer les performances en comparant les classes prédites à celles réelles.

La figure 4.7 représente la matrice de confusion de notre modèle de classification.

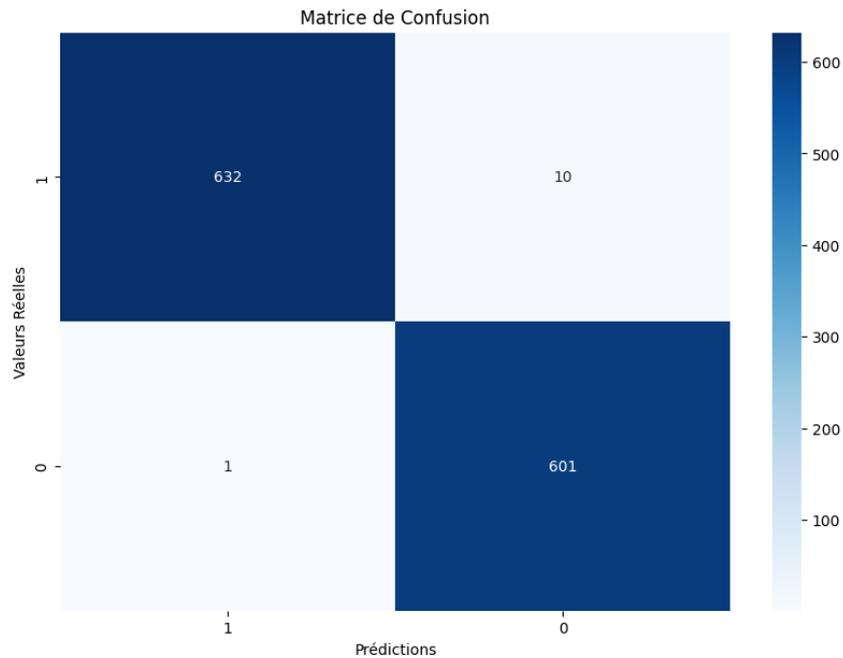


FIGURE 4.7 – La matrice de confusion du modèle de détection.

- Le modèle a correctement prédit 632 instances de la classe 1 (valeur réelle = 1, prédiction = 1).
- Le modèle a mal prédit 10 instances comme appartenant à la classe 0 alors que leur valeur réelle était 1.
- Le modèle a correctement prédit 601 instances de la classe 0 (valeur réelle = 0, prédiction = 0).
- Le modèle a mal prédit 1 instance comme appartenant à la classe 1 alors que sa valeur réelle était 0.

En résumé, bien que le modèle tende légèrement à prédire plus souvent la présence de tumeurs, la matrice de confusion indique une approche prudente dans la détection des cas positifs. Globalement, ces résultats montrent que le modèle est à la fois précis et sensible dans ses prédictions.

4.3.2.2 Contribution 2 : Segmentation

Après avoir entraîné notre modèle, nous avons procédé à son évaluation sur l'ensemble d'images de test pour mesurer sa performance.

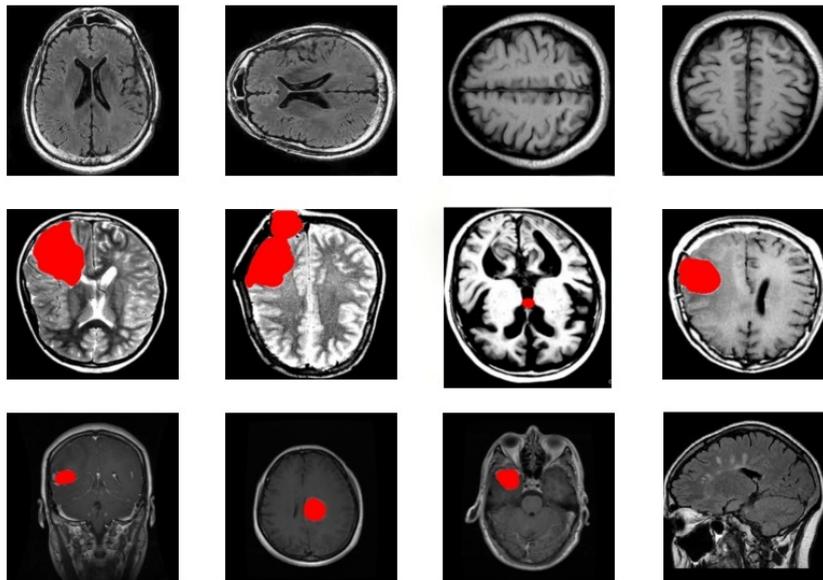


FIGURE 4.8 – Le résultat sur les données de test.

La figure 4.8 illustre la capacité du modèle à identifier et segmenter avec précision différentes lésions cérébrales. Les images montrent diverses coupes d'IRM avec des segments rouges indiquant les tumeurs détectées. Le modèle parvient à repérer et délimiter des tumeurs de tailles et de formes variées, démontrant ainsi sa robustesse et son efficacité.

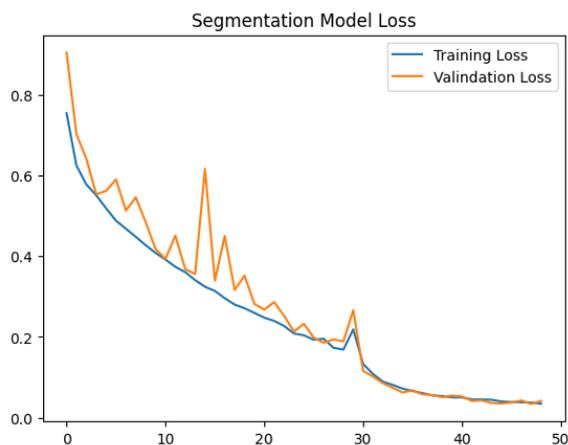


FIGURE 4.9 – Graphe d'évolution de la Perte d'Entraînement et de Validation.

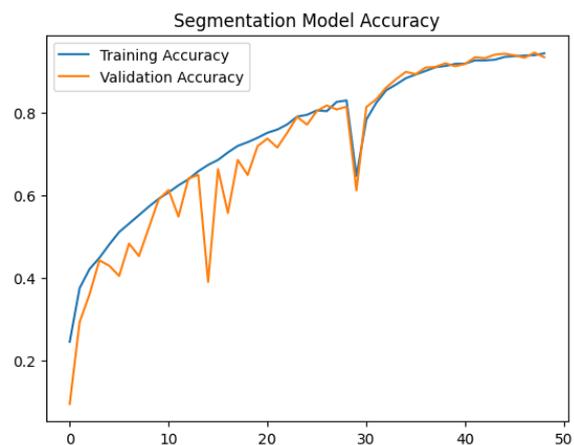


FIGURE 4.10 – Graphe d'évolution de la Précision d'Entraînement et de Validation.

Les figures 4.9 et 4.10 montrent respectivement deux graphiques : le premier représente l'évolution de la perte et le second illustre l'évolution de la précision de notre modèle au fil des époques d'entraînement.

- **Précision d'entraînement** : La courbe bleue de précision montre une augmentation progressive, indiquant que le modèle apprend bien au fil du temps. Vers la fin de l'entraînement, elle se stabilise, indiquant que le modèle atteint un bon niveau de performance.

- **Précision de validation** : La courbe orange de précision montre des fluctuations, suggérant une certaine variabilité dans la performance du modèle sur différents échantillons de validation. Vers la fin de l'entraînement, elle se stabilise et converge vers des valeurs similaires à celles de l'entraînement, indiquant un bon équilibre entre l'entraînement et la validation.
- **Perte d'entraînement** : La courbe bleue de perte montre une diminution progressive, ce qui indique que le modèle s'améliore au fur et à mesure de l'entraînement. Cette diminution continue jusqu'à la fin de l'entraînement, où la courbe de perte se stabilise.
- **Perte de validation** : La courbe orange de perte montre également des fluctuations, suggérant une variabilité des performances sur différents échantillons de validation. À la fin de l'entraînement, la courbe se stabilise et converge vers des valeurs similaires à celles de la perte d'entraînement, ce qui est un signe de bonne convergence du modèle.

Evaluation du modèle sur les données de test

- Précision du modèle : Une précision de 0.9713, cela indique une bonne capacité du modèle à identifier correctement les pixels de tumeur.
- Perte du modèle : une perte de 0.0184(1,84%) est relativement basse, ce qui indique que le modèle a une bonne performance en termes de précision sur l'ensemble de données de test.
- Rappel du modèle : un rappel de 0.9938, Cela indique une excellente capacité du modèle à capturer presque tous les pixels pertinents, minimisant ainsi le risque de manquer des zones de tumeur.
- F1 score : un score F1 de 0.9149 est considéré comme très bon, indiquant que le modèle est robuste à la fois en termes de précision et de rappel.
- Dice Coefficient (Dice score) : un score de dice de 0,97 indique que notre modèle a une excellente capacité à identifier précisément les régions de tumeur dans les images médicales.

4.4 Présentation du prototype

Après avoir créé nos deux contributions, à savoir la détection de tumeurs et leur localisation, nous avons conçu un prototype intégrant ces fonctionnalités. Ce prototype comprend plusieurs interfaces interactives décrites ci-dessous :

4.4.1 Interface d'accueil

La première fenêtre de notre prototype est l'interface d'accueil. Cette fenêtre comprend deux boutons principaux :

- Bouton "Détecter la tumeur" : En cliquant sur ce bouton, l'utilisateur est dirigé vers le répertoire de fichiers où il peut sélectionner une image IRM.
- Bouton "Quitter" : Ce bouton permet de fermer l'application.

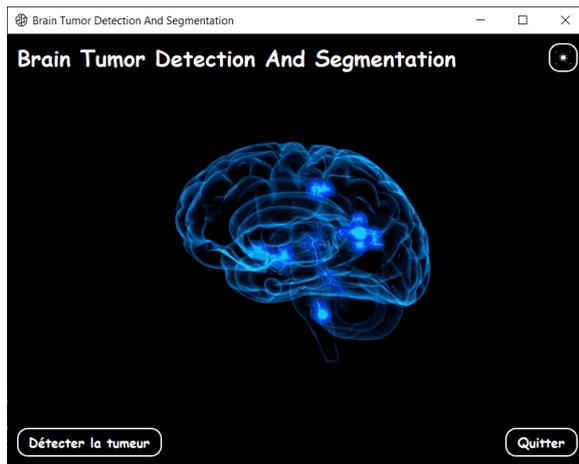


FIGURE 4.11 – Interface d'accueil.

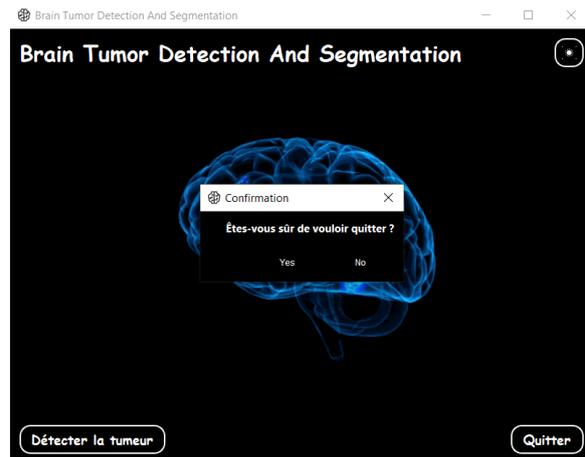


FIGURE 4.12 – Boîte de dialogue de confirmation de sortie.

4.4.2 Interface de détection

Après avoir sélectionné une image IRM, l'utilisateur est redirigé vers une deuxième fenêtre qui affiche les résultats de la détection. Cette interface comprend :

- Message de résultat : Un message indiquant si une tumeur a été détectée ou non, affiché en rouge en cas de détection de tumeur et en vert si aucune tumeur n'est trouvée.
- Affichage de l'image : L'image IRM sélectionnée est affichée pour référence.
- Bouton "Localiser la tumeur" : En cliquant sur ce bouton, si une tumeur est détectée, l'utilisateur peut voir la localisation précise de la tumeur sur l'image. Si aucune tumeur n'est détectée, ce bouton reste désactivé, empêchant toute action.

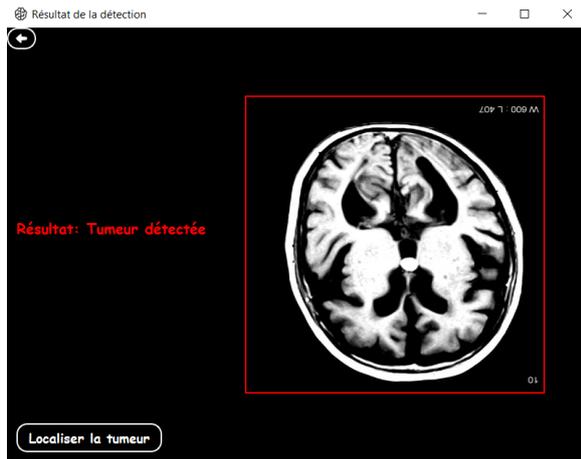


FIGURE 4.13 – Tumeur détectée.

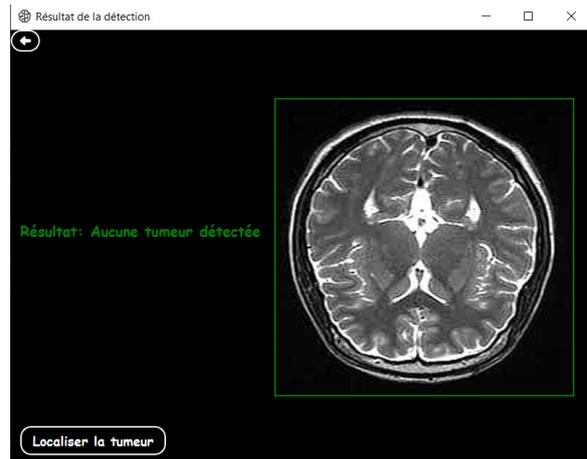


FIGURE 4.14 – Aucune tumeur détectée.

4.4.3 Interface de localisation

La troisième fenêtre présente la localisation de la tumeur sur l'image IRM. Cette interface montre visuellement la tumeur détectée, permettant ainsi à l'utilisateur de voir clairement la zone affectée. Un bouton de retour est également disponible, permettant de revenir à l'interface précédente (fenêtre 2).

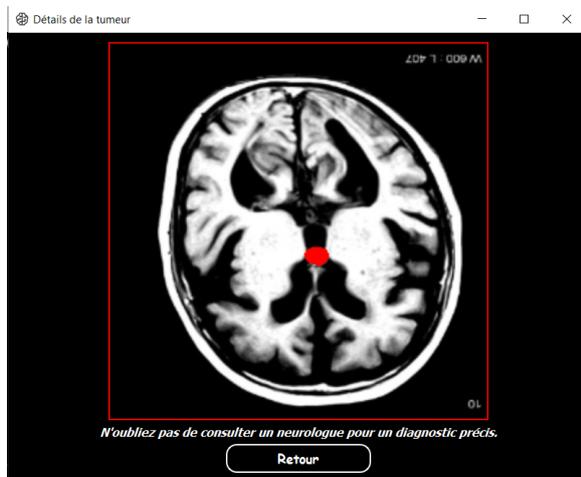


FIGURE 4.15 – Résultat de la localisation d'une seule tumeur.

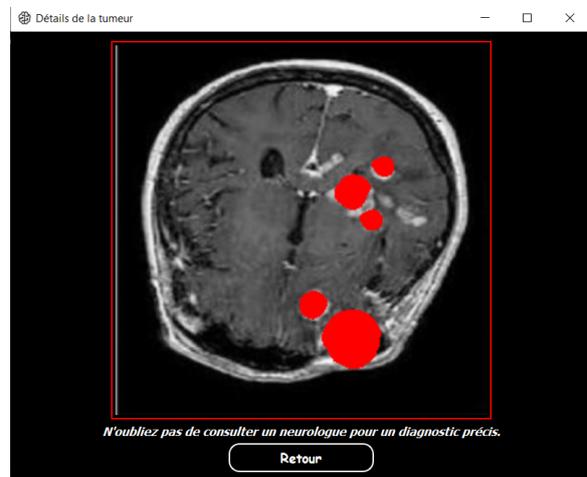


FIGURE 4.16 – Résultat de la localisation de plusieurs tumeurs.

4.5 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté une approche complète pour la détection et la localisation de tumeurs cérébrales à partir d'images IRM. Nous avons d'abord décrit le jeu de données utilisé et les techniques de prétraitement et d'augmentation des données employées.

Notre première contribution a porté sur la détection de tumeurs cérébrales à l'aide d'un

modèle CNN entraîné sur les images IRM. Ce modèle s'est avéré performant avec une précision de 99,5 % et un rappel de 99,83 % sur les données de test.

Notre seconde contribution a consisté à localiser précisément les tumeurs détectées grâce à un modèle U-Net pour la segmentation. En transférant les poids d'un modèle pré-entraîné, nous avons obtenu un score Dice de 97 % pour la segmentation des tumeurs.

Les performances obtenues par ces deux modèles sont encourageantes et démontrent le potentiel de ces approches pour l'analyse automatique des images IRM de tumeurs cérébrales.

CONCLUSION GÉNÉRALE &
PERSPECTIVES

Dans ce mémoire, nous avons exploré et mis en œuvre des techniques avancées de détection et de segmentation de tumeurs cérébrales à partir d'images IRM en utilisant des réseaux de neurones profonds. Nos travaux s'inscrivent dans le cadre des avancées récentes en intelligence artificielle, visant à améliorer la précision, la rapidité et l'efficacité du diagnostic médical.

Nous avons commencé par une revue de la littérature, mettant en lumière la transition des méthodes traditionnelles de traitement d'images et de machine learning vers l'utilisation prédominante des réseaux de neurones convolutionnels (CNN). Ces réseaux ont prouvé leur capacité à extraire des caractéristiques discriminantes de haut niveau, surpassant ainsi les approches classiques en termes de précision de détection et de segmentation des tumeurs cérébrales.

Notre étude a été structurée autour de deux principales contributions. Premièrement, nous avons développé un modèle de CNN pour la détection des tumeurs cérébrales. Ce modèle a démontré une grande efficacité, atteignant une précision et un rappel élevés, témoignant de sa robustesse et de sa capacité à généraliser sur des données non vues. Deuxièmement, nous avons utilisé une approche d'apprentissage par transfert avec le modèle U-Net pour la segmentation précise des tumeurs. Cette approche nous a permis de délimiter avec précision les contours des tumeurs, un aspect crucial pour une évaluation et un suivi cliniques approfondis.

L'ensemble de notre travail a été validé à travers une série d'expériences, utilisant des métriques pertinentes pour évaluer les performances de nos modèles. Les résultats obtenus montrent une convergence satisfaisante des courbes de perte et d'exactitude, indiquant une bonne adéquation entre les phases d'entraînement et de validation.

En conclusion, nos travaux confirment le potentiel des approches basées sur le DL pour améliorer significativement le diagnostic assisté par ordinateur des tumeurs cérébrales. Nous soulignons que l'accès à des jeux de données annotées de grande taille reste un facteur clé pour continuer à améliorer ces modèles. Nous espérons que nos contributions pourront servir de base pour des recherches futures et aider à intégrer ces technologies dans des applications cliniques pratiques, offrant ainsi des outils plus performants aux professionnels de la santé pour le diagnostic et le traitement des tumeurs cérébrales.

Sans être exhaustive, nous proposons les perspectives suivantes pour ce travail :

- Augmentation du nombre de données en intégrant des images provenant de diverses sources et en incluant une plus grande variété.
- Exploration de différentes prises de vue, telles que les vues de face, de profil et en vue de haut, pour enrichir l'analyse et la compréhension des données.
- Exploitation de la puissance des GPU (Graphics Processing Unit) lors de l'apprentissage afin d'accélérer le processus et d'améliorer la formation du modèle.

BIBLIOGRAPHIE

- [1] Admaconcology. <https://www.admaconcology.com/2021/04/29/various-risk-factors-for-brain-tumor/>. Consulté le 22/02/2024.
- [2] GT2 ARIIS. <https://gt2.ariis.fr/les-algorithmes-dexploitation/lapprentissage-supervise/>. Consulté le 07/03/2024.
- [3] GT2 ARIIS. <https://gt2.ariis.fr/les-algorithmes-dexploitation/lapprentissage-non-supervise/>. Consulté le 07/03/2024.
- [4] GT2 ARIIS. <https://gt2.ariis.fr/les-algorithmes-dexploitation/lapprentissage-semi-supervise/>. Consulté le 07/03/2024.
- [5] GT2 ARIIS. <https://gt2.ariis.fr/les-algorithmes-dexploitation/lapprentissage-par-renforcement/>. Consulté le 08/03/2024.
- [6] GT2 ARIIS. <https://gt2.ariis.fr/>. Consulté le 07/03/2024.
- [7] Jyostna Devi Bodapati, Annepu Vijay, and Veeranjanyulu Naralasetti. Brain tumor detection using deep features in the latent space. *Ingénierie des Systèmes d'Information*, 25(2) :259–265, 2020.
- [8] Société canadienne du cancer. <https://cancer.ca/fr/cancer-information/cancer-types/brain-and-spinal-cord/signs-and-symptoms>. Consulté le 22/02/2024.
- [9] Société canadienne du cancer. <https://cancer.ca/fr/cancer-information/cancer-types/metastatic/brain-metastases>. Consulté le 20/02/2024.

- [10] Organisation Mondiale de la Santé. https://www.who.int/fr/health-topics/cancer#tab=tab_1. Consulté le 15/02/2024.
- [11] dreamstime. <https://thumbs.dreamstime.com/z>. Consulté le 06/04/2024.
- [12] Institut National du Cancer. <https://www.e-cancer.fr/Dictionnaire/Tumeur>. Consulté le 20/02/2024.
- [13] Institut National du Cancer. <https://www.e-cancer.fr/Patients-et-proches/Les-cancers/Tumeurs-du-cerveau/Les-tumeurs-du-cerveau>. Consulté le 22/02/2024.
- [14] Rashad Magdy Elseddik Marwa, Reda Reham. Deep convolutional neural networks for brain tumor classification. *Journal of Next Generation Information Technology*, 9(2) :1–11, 2018.
- [15] Cancer Environnement. <https://www.cancer-environnement.fr/fiches/cancers/cancer-du-cerveau/>. Consulté le 22/02/2024.
- [16] Akila Gurunathan and Batri Krishnan. Detection and diagnosis of brain tumors using deep learning convolutional neural networks. *International Journal of Imaging Systems and Technology*, 31(1) :1–11, 2021.
- [17] Tonmoy Hossain, Fairuz Shadmani Shishir, and Mohsena Ashraf. Brain tumor detection using convolutional neural network. *IEEE Xplore*, 2019.
- [18] Infographies. <https://www.indexsante.ca/infographies/les-parties-du-cerveau-et-leurs-fonctions.php>. Consulté le 22/02/2024.
- [19] Kobia. <https://kobia.fr/classification-metrics-sensitivity-specificity-1>. Consulté le 20/04/2024.
- [20] Kishore kumar A and Murugarajan A Poonguzhali P.K. An non-invasive brain disease detection using deep learning techniques. *Research Square*, 2022.
- [21] Commissariat à l'énergie atomique et aux énergies alternatives. <https://www.cea.fr/comprendre/Pages/sante-sciences-du-vivant/essentiel-sur-imagerie-medicale.aspx>. Consulté le 22/02/2024.
- [22] Linjuan Ma and Fuquan Zhang. End-to-end predictive intelligence diagnosis in brain tumor using lightweight neural network. *Applied Soft Computing*, 111 :107666, 2021.
- [23] Votre Santé Magazine. www.votresante-magazine.com. Consulté le 15/02/2024.

- [24] MSD Manuals. <https://www.msmanuals.com>. Consulté le 20/02/2024.
- [25] MSD Manuals. <https://www.msmanuals.com/fr/accueil/troubles-du-cerveau,-de-la-moelle-%C3%A9pini%C3%A8re-et-des-nerfs/tumeurs-du-syst%C3%A8me-nerveux/pr%C3%A9sentation-des-tumeurs-c%C3%A9r%C3%A9brales>. Consulté le 22/04/2024.
- [26] Media. https://media.licdn.com/dms/image/D4D12AQFdbRGFQ-_9vQ/article-inline_imageshrink_1000_1488/0/1697020135633e=2147483647&v=beta&t=KUQNmpzINylEh9aPgcG7pPJSuYeSV69_IwrJgTslY6k. Consulté le 06/04/2024.
- [27] Al-Akhir Nayan, Ahamad Nokib Mozumder, Md. Rakibul Haque, Fahim Hossain Sifat, Khan Raqib Mahmud, Abul Kalam Al Azad, and Muhammad Golam Kibria. Brain tumor detection and classification using deep learning. *International Journal of Electrical and Computer Engineering (IJECE)*, 13(1) :1039–1047, 2023.
- [28] Data Science Nest. <https://datascientest.com/machine-learning-tout-savoir>. Consulté le 06/03/2024.
- [29] Data Science Nest. <https://datascientest.com/deep-learning-definition>. Consulté le 09/03/2024.
- [30] OpenAI. <https://www.netapp.com/fr/artificial-intelligence/what-is-artificial-intelligence/>. Consulté le 06/03/2024.
- [31] Radiologie Paris Ouest. <https://www.radiologieparisouest.com/irm/difference-scanner-irm/>. Consulté le 22/02/2024.
- [32] pluriprofessionnelsdesante. https://www.hug.ch/sites/interhug/files/structures/pluriprofessionnels_de_sante/images/irm.png. Consulté le 06/04/2024.
- [33] Ramin Ranjbarzadeh, Abbas Bagherian Kasgari, Saeid Jafarzadeh Ghouschi, Shokofeh Anari, Maryam Naseri, and Malika Bendeche. Brain tumor segmentation based on deep learning and an attention mechanism using mri multi-modality brain images. *Scientific Reports*, 11(10930) :1–11, 2021.
- [34] researchgate.net. <https://www.researchgate.net/profile/Svend-Engelholm/publication/51500300/figure/fig1/AS:276952658268176@1443042067581/>

- Transversal-images-through-the-level-of-the-basal-ganglia-of-a-patient-
W640.jpg. Consulté le 06/04/2024.
- [35] Dheiver Santos and Ewerton Santos. Brain tumor detection using deep learning. *medRxiv preprint*, 2022.
- [36] Algérie Presse Service. <https://www.aps.dz/sante-science-technologie/135029-cancer-1-algerie-enregistre-pres-de->
Consulté le 09/03/2024.
- [37] Frédéric Sur. https://members.loria.fr/FSur/enseignement/apprauto/poly_apprauto_FSur.pdf. Consulté le 07/03/2024.
- [38] Fatma Taher, Mohamed R. Shoaib, Heba M. Emara, Khaled M. Abdelwahab, Fathi E. Abd El-Samie, and Mohammad T. Haweel. Brain tumor classification using deep learning models and radiomics features. *Frontiers in Public Health*, 10, 2022.
- [39] Talend. <https://www.talend.com/fr/resources/etapes-machine-learning/>. Consulté le 11/05/2024.
- [40] Data Science Today. <https://www.datasciencetoday.net/index.php/en-us/deep-learning/173-les-reseaux-de-neurones-convolutifs>.
Consulté le 11/04/2024.
- [41] Data Science Today. <https://www.datasciencetoday.net/images/2018/08/cnn1/image016.png>. Consulté le 20/03/2024.
- [42] U-net. <https://towardsdatascience.com/unet-line-by-line-explanation-9b191c76baf5>. Consulté le 23/05/2024.
- [43] youtube. <https://www.youtube.com/watch?v=-BgDZDy6Rck>. Consulté le 06/04/2024.

Résumé

ce mémoire explore une approche basé sur l'apprentissage profond pour la détection des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM. Principalement, nous proposons deux contributions : un modèle de détection de tumeurs basé sur un CNN et un modèle de segmentation de tumeurs utilisant l'architecture U-Net avec apprentissage par transfert. Pour la détection de tumeurs, notre CNN a atteint une précision de 99,5 %, une perte de 2,7 % et un score F1 de 99,09 %. Pour la segmentation de tumeurs, notre modèle U-Net a atteint une précision de 97,13 %, et une perte de 1,8 %. Nos résultats démontrent l'efficacité de notre approche pour détecter avec précision la présence de tumeurs cérébrales et délimiter de manière fiable leurs contours.

Mots clés = Tumeurs cérébrales, IRM, Réseaux de neurones convolutionnels, Apprentissage par transfert, Segmentation d'images, U-Net.

Abstract

This thesis explores a deep learning-based approach for the detection of brain tumors from MRI images. Primarily, we propose two contributions : a tumor detection model based on a CNN and a tumor segmentation model using the U-Net architecture with transfer learning. For tumor detection, our CNN achieved a precision of 99.5 %, a loss of 2.7 %, and an F1 score of 99.09 %. For tumor segmentation, our U-Net model reached a precision of 97.13 %, and a loss of 1.8 %. Our results demonstrate the effectiveness of our approach in accurately detecting the presence of brain tumors and reliably delineating their contours.

Key words =Brain tumors, MRI, Convolutional neural networks, Transfer learning , Image segmentation, U-Net.