



Université AbdeRahmane Mira de Béjaïa
Faculté de Science Exacte
Département d'Informatique



Mémoire de Fin d'Étude

En vue de l'obtention d'un diplôme de Master en Informatique

Option : Intelligence Artificielle

Analyse des Cellules Spermatozoïdes avec les Techniques d'Intelligence Artificielle

Présenté par :

Mr. TIAB Idir

Mr. HAFSI Nabil

Encadré par :

Mr. BELAID Ahror

Co-encadré par :

Mr.

IGUEROUADA

Mokrane

Soutenu le 02 Juillet 2023, Devant le jury composé de :

Présidente :	Mme. ALOUI	Soraya
Examineur :	Mr. AMROUNE	Kamel
Examineur :	Mr. BOUCHEBBAH	Fatah

Promotion : 2022/2023

Dedicace

“ Je dédie ce mémoire à la mémoire de mes chers grands-parents, **Vava Hamou** et **Yemma Wawa**, qui ont été une source d’inspiration et de sagesse tout au long de ma vie. Leur amour, leur soutien et leurs valeurs ont façonné la personne que je suis devenu. Bien que vous ne soyez plus physiquement présents, votre héritage perdure dans mon cur et guide chacune de mes actions.

Je souhaite également dédier ce mémoire à mes parents, dont l’amour inconditionnel, le soutien constant et les sacrifices ont fait de ce parcours académique une réalité. Votre encouragement et vos conseils précieux ont été la clé de ma réussite. Je suis profondément reconnaissant d’avoir des parents aussi merveilleux et dévoués.

Que cette dédicace soit une humble expression de ma gratitude envers ceux qui ont contribué à mon éducation, mon épanouissement et ma réussite.

”

Idir Tiab

“

*Mes chers parents, ma deuxième Mère **Megdouda**, et mon petit frère **Samir**. À travers ces lignes, je souhaite exprimer toute ma gratitude envers vous pour votre soutien inconditionnel et votre amour indéfectible. Vous avez toujours été mes piliers, ma source de motivation et ma raison de vivre. Aujourd'hui, alors que je termine ce travail, mon plus grand désir est de vous rendre fiers et heureux.*

*Grand-père **Djedi Said**, tu as été le modèle d'un homme de principe pour moi. Ta sagesse et tes conseils avisés ont toujours été de guidance dans ma vie. Grand-mère **Mimmi Ferroudja**, ton amour, ta tendresse, et ta bienveillance infinie ont illuminé ma vie. Que cette dédicace témoigne de mon amour éternel et de ma reconnaissance profonde envers vous deux.*

*Mes amis que je considère comme des frères et sœurs : **Micepsa, Said, Samir, Zaina, Massi, Tarik, Azzedine, Kenza, Slimane, Anis, Khaled, Idir, Mahmoud**. Au fil des années, nous avons partagé des rires, des larmes, des moments de joie et de peine. Vous avez été mes confidents, mes soutiens et mes sources inépuisables de bonheur. Votre amitié véritable et votre présence constante m'ont apporté un réconfort sans faille. Par le biais de cette dédicace, je souhaite exprimer toute ma reconnaissance envers vous, mes chers amis.*

*À travers ces mots empreints d'émotion je rends hommage à mon cher cousin défunt **Alla**, qui nous a quittés bien trop tôt. Son départ a laissé un vide immense dans ma vie, mais son souvenir restera gravé dans mon cœur à jamais. Que Dieu t'accueille dans son vaste paradis.*

Je souhaite également dédier ce mémoire à ma famille élargie, mes oncles, tantes, cousins et cousines.

”

Nabil Hafsi

Remerciements

Tout d'abord je remercie le bon Dieu de tout mon coeur de m'avoir donné le courage et la patience qui m'ont permis d'accomplir ce travail.

Je tiens à exprimer ma profonde gratitude envers mon Encadrant, le Pr. BELAID Ahror, pour sa patience, sa disponibilité et ses conseils avisés qui ont enrichi ma réflexion tout au long de ce travail. Sa guidance éclairée et son soutien constant ont été d'une valeur inestimable et ont joué un rôle essentiel dans la réussite de ce mémoire.

Je souhaite également remercier l'ensemble du personnel du CERIST, en particulier M. YAHLIOUI Saïd et M. Belazzougui Djamel, pour leur accueil chaleureux, leur disponibilité et leur aide précieuse lors de mon stage. Leur expertise et leur soutien ont grandement contribué à l'avancement de mes recherches.

Je désire aussi remercier le professeur IGUEROUADA Mokrane , qui m'a beaucoup aidé dans la réussite de ce travail.

Je remercie mes très chers parents, qui ont toujours été là pour moi Je remercie mes soeurs Yasmine, Imène et Aya ainsi que toute ma famille pour leurs encouragements.

Je tiens également à exprimer ma gratitude envers mes amis et camarades, Salim, Mohand et Rayane, pour leur soutien constant, leurs conseils précieux et les moments de détente partagés tout au long de ce parcours. Leurs encouragements et leur présence ont été une source de motivation essentielle dans la réalisation de ce travail.

Enfin, j'adresse mes plus sincères remerciements à toutes les personnes qui ont contribué de près ou de loin à la réalisation de ce mémoire. Votre appui, vos encouragements et votre confiance ont été d'une importance capitale.

Idir Tiab

Avant tout, je tiens à exprimer ma profonde gratitude envers le Très-Haut pour m'avoir accordé le courage et la patience nécessaires pour mener à bien ce travail.

Je souhaite adresser mes sincères remerciements à mon Encadrant, le Pr. BELAID Ahror, pour sa patience, sa disponibilité et ses conseils éclairés qui ont enrichi ma réflexion tout au long de ce travail. Sa guidance éclairée et son soutien constant ont joué un rôle essentiel dans la réussite de ce mémoire, et je lui suis infiniment reconnaissant.

Mes remerciements s'étendent également à l'ensemble du personnel du CERIST, en particulier à M. YAHIAOUI Saïd et M. Belazzougui Djamel, pour leur accueil chaleureux, leur disponibilité et leur précieuse aide lors de mon stage. Leur expertise et leur soutien ont grandement contribué à l'avancement de mes recherches.

Je tiens également à exprimer ma gratitude envers le Professeur IGUEROUADA Mokrane, dont l'aide a été précieuse pour la réussite de ce travail.

Je remercie mes chers parents, Mon frère, mes amis ainsi que toute ma famille pour leurs soutien et encouragement.

Enfin j'exprime ma gratitude la plus profonde envers toutes les personnes qui ont contribué, de près ou de loin, à la réalisation de ce mémoire.

Nabil Hafsi

Table des matières

Dedicace	I
Remerciements	III
Abstract	V
Résumé	VI
Introduction Générale	1
1 Traitement d'image microscopique	4
1.1 Les fondamentaux de la microscopie	5
1.1.1 Le microscope	5
1.1.2 Les composants de base d'un microscope	5
1.1.3 Origine du microscope	6
1.1.4 Types de microscope	6
1.2 Numérisation de l'image microscopique	7
1.2.1 Image optique	7
1.2.2 Image numérique	8
1.2.3 De l'image optique à l'image numérique	8
1.2.4 Déterminants fondamentaux de la qualité de l'image microscopique	10
1.2.5 Règles pour éviter les facteurs qui affectent le système de numérisation	11
1.3 Technique de traitement d'images de microscope	12
1.3.1 Amélioration de l'image microscopique	12
1.3.2 Traitement d'images par Ondellette	15
1.3.3 Segmentation	16
1.3.4 Mesure de l'objet	19
1.3.5 Classification des objets	19
1.4 Deep learning dans l'analyse d'images microscopiques	19
1.4.1 Amélioration de l'analyse microscopique par le deep learning	20
1.4.2 Classification basée sur le Deep learning	22
1.4.3 Détection d'objet	23
1.4.4 Suivi d'objet	23
1.5 Conclusion	24
2 Analyse des cellules spermatiques	25
2.1 Les spermatozoïdes	26
2.1.1 Discription morphologique	26

2.1.2	Spermatogenèse : processus de production des spermatozoïdes	27
2.1.3	Maturation des spermatozoïdes dans l'épididyme	27
2.2	Reproduction et sélection génétique	28
2.2.1	Utilisation du sperme pour l'insémination artificielle	28
2.2.2	Élevage sélectif et amélioration des caractères génétiques	29
2.3	Analyse Manuelle du sperme	29
2.4	L'analyse du sperme assistée par ordinateur(CASA)	30
2.4.1	Description matérielle d'un système CASA	31
2.4.2	Historique du développement des systèmes CASA	32
2.4.3	Paramètres spermatiques évalués par les systèmes CASA	33
2.4.4	Principes de fonctionnement des systèmes CASA	35
2.4.5	Systmes CASA modernes	37
2.5	Analyse basée sur le deep learning	39
2.6	Conclusion	42
3	Méthodologie approfondie	43
3.1	Ensemble de données et prétraitement	44
3.1.1	Description de l'ensemble de données Multi Species Data MSD	45
3.1.2	Processus d'annotation	46
3.1.3	Aperçu de deux ensembles de données de sperme humain existants	47
3.1.4	Prétraitement des données	48
3.1.5	Utilisation du dataset public Visem-Tracking	49
3.1.6	Division des données (splitting data)	50
3.2	Description de la méthode proposée	51
3.2.1	MobileNetV2 : Algorithme de classification	52
3.2.2	YOLO : Algorithme de détection	54
3.2.3	DeepSORT : Algorithme de suivi	57
3.2.4	Analyse de la motilité des spermatozoïdes	59
3.3	Conclusion	60
4	Expériences et analyses des résultats	61
4.1	Environnement et outils expérimentaux	62
4.2	Entraînement du modèle MobileNetV2	62
4.2.1	Analyse et discussion des résultats	63
4.3	Entraînement et comparaison des différentes versions de YOLO	65
4.3.1	Métries d'évaluation	66
4.3.2	La configuration des modèles	67
4.3.3	Résultats expérimentaux et discussions	67
4.4	Suivi et Analyse des échantillons	79
4.5	Conclusion	81
	Conclusion et perspectives	82

Table des figures

1.1	Digitalisation de l'image microscopique.[59]	9
1.2	Les techniques d'amélioration de l'image microscopique.[30]	13
1.3	Image microscopique améliorée à l'aide d'une égalisation d'hisogramme (image (c) obtenue à partir de l'image (a)) [59]	14
1.4	Élimination des bruits à l'aide d'un filtre Wiener [59].	14
1.5	Une profondeur de champ étendue obtenue grâce à une technique de fusion d'images par ondelettes(image (d) obtenue à partir de des images (a,b,c)) [59].	15
1.6	Résultats d'une ségmentation de chromosomes par seuillage (global(a) ,et adaptif (b)) [59].	16
1.7	Supression des objets touchant les bordures.[59]	17
1.8	Exemple de croissance de région. Les images(a,b,c,d) représentent les dif- férentes étapes du processus [59].	18
1.9	Détection des contours dans la segmentation d'une image des cellules végi- tales.[17]	19
1.10	Quantitative microscopie avec spécification en utilisant la méthodes Deep- Track2 [8].	20
1.11	Classification des cellule basée sur un CNN [33].	23
2.1	Les différentes parties du spermatozoïde [48]	27
2.2	Les différents processus de la spermatogenèse [1]	28
2.3	Chambre de comptages des spermatozoïdes [38]	30
2.4	Analyse automatique des spermatozoïdes [3]	31
2.5	Dispositif matériel d'un système CASA[3]	32
2.6	Types de malformations spermatiques [44]	34
2.7	Terminologies standards des variables cinétiques mesurées par les systèmes CASA [38]	35
2.8	Exemple d'une interface graphique d'une analyse effectuée par un système CASA [3]	37
2.9	SCA Sperm Class Analyzer Scope [3]	37
2.10	CEROS II Sperm Analyzer [2]	38
2.11	IVOS II Sperm Analyzer [2]	38
2.12	SMAS Sperm Analyzer [47]	39
3.1	Image originale du sperme d'Âne.	45
3.2	Image originale du sperme du Belier.	45
3.3	Image originale du sperme du Coq.	46
3.4	Exemple d'image originale du sperme du coq.	49

3.5	L'image du sperme du coq après le prétraitement.	49
3.6	Image du data set VISEM.	50
3.7	Organigramme du processus d'analyse proposé.	52
3.8	Architecture du modèle MobilNetV2.	53
3.9	Architecture du modèle YOLO [41].	54
3.10	Architecture du modèle YOLOv5s.[54]	56
3.11	Architecture du DeepSORT.[24]	58
4.1	Courbe de loss pendant l'entraînement	64
4.2	Courbe d'accuracy pendant l'entraînement	64
4.3	Image testée avec le modèle d'espèce Ane	65
4.4	Image testée avec le modèle d'espèce belier	65
4.5	Courbe de la précision pendant l'entraînement L'Ane	68
4.6	Courbe du rappel pendant l'entraînement sur L'Ane	68
4.7	Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement L'Ane	69
4.8	Courbe de la précision pendant l'entraînement sur belier	70
4.9	Courbe du rappel pendant l'entraînement sur belier	70
4.10	Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement sur belier	70
4.11	Courbe de la précision pendant l'entraînement	71
4.12	Courbe du rappel pendant l'entraînement	71
4.13	Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement	72
4.14	Courbe de la précision pendant l'entraînement	73
4.15	Courbe du rappel pendant l'entraînement	73
4.16	Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement	73
4.17	Courbe de la précision pendant l'entraînement	75
4.18	Courbe du rappel pendant l'entraînement	75
4.19	Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement	75
4.20	Courbe de la précision pendant l'entraînement	76
4.21	Courbe du rappel pendant l'entraînement	76
4.22	Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement	76
4.23	Courbe de la précision pendant l'entraînement	77
4.24	Courbe du rappel pendant l'entraînement	77
4.25	Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement	77
4.26	Courbe de la précision pendant l'entraînement	78
4.27	Courbe du rappel pendant l'entraînement	78
4.28	Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement	78

Liste des tableaux

3.1	Informations globales relatives aux données obtenus.	45
3.2	Informations relatives aux données après l’annotation.	46
3.3	Description des datasets existants.	47
3.4	Informations relatives aux données obtenus après le prétraitement.	48
3.5	Informations relatives au dataset généré de Visem après le prétraitement.	49
3.6	Les sous-ensembles d’entraînement et de validation générés avant le prétraitement.	50
3.7	Les sous-ensembles d’entraînement et de validation générés après le prétraitement.	51
3.8	Hyperparamètres du modèle MobileNetV2.	53
3.9	Informations relatives au dataset généré de Visem après le prétraitement.	57
4.1	Les caractéristiques du matériel utilisé.	62
4.2	L’architecture des version YOLOv5s, YOLOv7, YOLOv8s	67
4.3	Les Hyperparamètres des version YOLOv5s, YOLOv7, YOLOv8s	67
4.4	Utilisation de la GPU et le temps d’exécution par epochs	68
4.5	Résultats de détection sur l’espèce Ane avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s	69
4.6	Résultats de détection sur l’espèce Bélier avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s	71
4.7	Résultats de détection sur l’espèce Coq avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s	72
4.8	Résultats de détection sur l’espèce Humain avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s	74
4.9	Utilisation de la GPU et le temps d’exécution par epochs	74
4.10	Résultats de détection sur l’espèce Ane avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s	75
4.11	Résultats de détection sur l’espèce Bélier avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s	76
4.12	Résultats de détection sur l’espèce Coq avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s	77
4.13	Résultats de détection sur l’espèce Humain avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s	78
4.14	Résultats des métriques d’évaluation obtenus avec DeepSORT	80

list of abbreviations and acronyms

CASA	<i>Computer-Assisted Semen Analysis.</i>
CCD	<i>Charge Coupled Device.</i>
CMOS	<i>Complementary Metal-oxide Semiconductor.</i>
OTF	<i>Optical Transfer Function.</i>
ReLU	<i>Rectified Linear Unit.</i>
CNN	<i>Convolutional Neural Networks.</i>
CPU	<i>Central Process Unit.</i>
RAM	<i>Random Access Memory .</i>
GPU	<i>Graphics Processing Unit.</i>
YOLO	<i>You Only Look Once.</i>
DeepSORT	<i>Deep Simple Online Realtime Tracking.</i>
MOTA	<i>Multi-Object Tracking Accuracy.</i>
MOTP	<i>Multi-Object Tracking Precision.</i>
IOU	<i>Intersection Over Union.</i>
mAP@50	<i>Mean Average Precision at 50.</i>
VSL	<i>Straight-line Velocity</i>
VAP	<i>Average Path Velocity</i>
VCL	<i>Curvilinear Velocity</i>
LIN	<i>Linearity</i>
STR	<i>Straightness</i>

Introduction Générale

L'apprentissage profond (deep learning) a connu un progrès remarquable, largement attribué à l'augmentation de la puissance de calcul et au développement de nouvelles méthodes et architectures. Ce domaine important de l'intelligence artificielle trouve actuellement de multiples applications dans divers domaines. Quelques exemples incluent la robotique, la vidéosurveillance, la télédétection, la médecine et l'aide à la conduite de véhicules. Cette liste n'est pas exhaustive et illustre simplement quelques domaines où l'apprentissage profond trouve des applications concrètes.

L'introduction de cette approche de l'intelligence artificielle dans le domaine biomédical a acquis une importance croissante, en particulier dans le traitement et l'analyse des images microscopiques. L'objectif principal est de fournir aux cliniciens une assistance au diagnostic, à la planification thérapeutique et aux interventions guidées par l'imagerie. L'imagerie microscopique est un domaine qui suscite un intérêt évolutif parmi les scientifiques, car l'étude et l'analyse des cellules filmées au microscope permettent d'extraire des informations et des caractéristiques spécifiques. L'application de l'apprentissage profond dans l'analyse des images microscopiques offre de nouvelles perspectives en termes d'analyse précise et objective des particules. De plus, il permet une meilleure compréhension de leurs caractéristiques, en accélérant ainsi le processus d'évaluation.

Dans le cadre des études cliniques sur l'évaluation du sperme, les techniciens biologistes procèdent à une analyse visuelle (à l'oeil nu) des images microscopiques de l'échantillon de sperme afin d'étudier différents paramètres des spermatozoïdes tels que la densité, la morphologie, la motilité, le suivi et la classification. Cette évaluation de la qualité du sperme est pratiquée dans divers domaines tels que la fertilité, l'insémination artificielle, l'élevage sélectif et l'amélioration des caractéristiques génétiques, entre autres. Cette étude présente des défis à la fois laborieux et subjectifs, ce qui se traduit par des résultats d'analyses très variables entre les laboratoires pour un même échantillon de sperme, ainsi que des délais d'analyse assez longs. Afin de réduire la variabilité des résultats d'un laboratoire à l'autre, des protocoles standards ont été développés pour rendre l'analyse du sperme plus objective et reproductible. L'un des protocoles les plus remarquables est celui fourni par le manuel de l'Organisation Mondiale de la Santé (OMS) pour l'examen et le traitement du sperme humain. Malgré la disponibilité de ces protocoles, des différences persistent entre les laboratoires.

Dans le même esprit, les chercheurs ont cherché à rendre l'analyse du sperme la plus objective possible en minimisant l'intervention humaine dans le processus. Dans les années 80, des systèmes d'analyse du sperme assistés par ordinateur (CASA - Computer Assisted Semen Analysis) ont été introduits. Ces systèmes utilisent des ordinateurs pour

capturer numériquement une séquence vidéo à partir d'un microscope, puis appliquent des algorithmes de traitement d'images numériques pour détecter automatiquement les spermatozoïdes et estimer leurs paramètres. De plus, ces systèmes sont capables de reconstruire les trajectoires de nage des spermatozoïdes sur plusieurs images, ce qui permet de mesurer des paramètres cinétiques et dynamiques impossibles à évaluer visuellement par un observateur humain. Cependant, ces systèmes ne sont pas entièrement automatisés et nécessitent une intervention manuelle. Aujourd'hui même en la présence des systèmes CASA, la méthode prédominante de l'étude du sperme est basée toujours sur l'analyse visuelle et manuelle d'un échantillon vue au microscope dans la plupart des laboratoires d'analyse, en raison des prix des CASA qui demeurent toujours prohibitifs.

La communauté scientifique a publié plusieurs études et approches visant à améliorer les systèmes CASA en utilisant des techniques d'intelligence artificielle, en particulier le deep learning. La plupart de ces méthodes ont obtenu des scores élevés en termes de précision, mais l'apprentissage de leurs modèles a été effectué sur de petites quantités de données d'images microscopiques de sperme. De plus, la majorité de ces études se sont concentrées sur la détection des cellules, ce qui explique le peu de travaux réalisés sur le suivi.

L'utilisation du deep learning dans l'analyse du sperme présente plusieurs défis à relever. Tout d'abord, la disponibilité de données annotées constitue un défi majeur, car la collecte et l'annotation d'un ensemble de données suffisamment grand et précis peuvent être coûteuses et complexes. De plus, la variabilité intra et inter-échantillon du sperme rend l'analyse plus complexe, nécessitant des modèles capables de généraliser à travers différentes variations et de tenir compte des différences individuelles. La définition précise des paramètres d'évaluation, tels que la concentration, la morphologie et la motilité des spermatozoïdes, est également un défi important pour le développement de modèles adaptés. Le prétraitement des images de sperme, comprenant l'amélioration de la qualité, la suppression des artefacts et l'extraction des caractéristiques pertinentes, constitue une autre étape cruciale.

Le but de notre projet est de développer un système CASA performant en termes de précision, fiabilité, rapidité, un système qui automatise la mesure de la concentration, de la motilité et des facteurs cinétiques des spermatozoïdes à partir d'une séquence vidéo microscopique d'échantillons de sperme. Cette automatisation sera réalisée en utilisant des modèles de traitement d'images basés sur le deep learning, notamment la classification, la détection et le suivi.

La travail de recherche présenté est articulé autour de quatre chapitres suivis d'une conclusion générale. Nous commençons par une introduction générale pour montrer la thématique étudiée et situer la problématique traitée, puis nous détaillons les chapitres comme suit :

— **Chapitre 1 : Traitement d'image microscopique**

Dans ce chapitre, nous explorons le domaine de l'imagerie microscopique, et plusieurs techniques de traitement utilisées dans ce domaine en se focalisant sur les techniques basée sur le deep learning.

— **Chapitre 2 : Analyse des cellules spermatiques**

Dans ce deuxième chapitre nous décrivons le contexte biologique de notre projet en rappelant les différentes définitions et terminologies utilisées dans l'analyse du sperme. Nous y présentons aussi les techniques d'analyse manuelle, assisté par ordinateur, et basée sur le deep learning.

— **Chapitre 3 : Mise en oeuvre**

Dans ce chapitre nous allons nous concentrer sur la méthodologie appliquée ainsi que l'approche et l'étude afin de concevoir notre système automatique d'analyse du sperme.

— **Chapitre 4 : Analyse et Résultats**

Suite à la mise en oeuvre de notre approche, nous avons réserver ce chapitre pour l'exposition et l'interprétation des résultats recueillis. Nous avons aussi discuté ces dernières et tiré des perspectives qui sont mentionnées dans la conclusion générale.

Chapitre 1

Traitement d'image microscopique

La microscopie est l'oeil de la recherche scientifique. Elle a contribué à l'évolution du monde des humains en assistant, depuis Le XVI^e siècle, la biologie, la médecine ainsi d'autres domaines. Ces dernières décennies, l'imagerie microscopique a connu un grand développement grâce aux avancées technologiques. De nombreuses techniques ont émergé dans ce domaine, améliorant la qualité, l'analyse et l'interprétation des données microscopiques.

L'importance de ces techniques réside dans leur capacité à explorer et à comprendre le monde microscopique avec une précision et une clarté accrues. Elles permettent d'extraire des informations précieuses à partir d'images brutes, souvent caractérisées par du bruit, des artefacts ou des défauts de contraste et de luminosité. En appliquant des traitements tels que l'amélioration, la correction, la segmentation, la classification et la détection, ces techniques offrent des solutions puissantes.

Dans ce chapitre, nous visons à fournir une vue d'ensemble de l'imagerie microscopique. D'abord nous allons définir la microscopie et ces différents fondamentaux et principes. Ensuite nous allons expliquer le processus de la numérisation de l'image microscopique. Enfin nous proposons une exploration des différentes techniques de traitement d'images disponibles, mettant en évidence les techniques basées sur l'apprentissage profond et leurs contributions significatives dans l'analyse des données microscopiques.

1.1 Les fondamentaux de la microscopie

1.1.1 Le microscope

Un microscope est un dispositif scientifique utilisé pour examiner des objets qui sont trop petits pour être visibles à l'oeil nu. La microscopie est la discipline qui étudie ces petits objets et structures en utilisant un tel instrument. Les microscopes sont des outils essentiels en biologie, en médecine et en science des matériaux, lorsque les capacités de grossissement sont puissantes [56].

1.1.2 Les composants de base d'un microscope

Le microscope est composé des éléments suivants [37] :

- **L'oculaire** est la lentille située au sommet du microscope par laquelle on regarde dans le microscope.
- **L'objectif** est constitué d'un ensemble de lentilles beaucoup plus complexes. il est le composant qui produit l'image en captant la lumière de l'échantillon observé.
- **La platine** est le composant sur lequel les lames et les échantillons sont placés.
- **L'illuminateur** désigne la pièce du microscope à laquelle est fixée la source de lumière
- **Le condenseur** est le composant du microscope qui concentre la lumière traversant l'échantillon sur la platine pour produire des images plus nettes aux forts grossissements.

1.1.3 Origine du microscope

L'origine du microscope revient à la découverte et utilisation de son composant le plus essentiel : les lentilles. Les Romains ont expérimenté les premières lentilles en verre qui permettaient d'agrandir les objets au cours des premiers siècles après Jésus-Christ. Par la suite, les lentilles ont été utilisées dans la fabrication des lunettes de correction des déficiences optiques à partir du 13^{ème} siècle. En 1590, deux fabricants de lunettes néerlandais, Zacharias Janssen et son père Hans, ont réalisé une avancée en fusionnant plusieurs lentilles ensemble, ce qui a considérablement augmenté le grossissement possible. Cette expérience a ouvert la voie à la découverte du monde microscopique et à l'invention du microscope.

Robert Hooke, un physicien anglais, a été le premier à observer des cellules en utilisant des lentilles. Cela s'est produit en 1665 lorsqu'il examinait une tranche de liège. En 1674, le Néerlandais Anton van Leeuwenhoek, par la suite appelé "le père de la microscopie", a réussi à fabriquer de petites lentilles permettant des grossissements allant jusqu'à 270 fois. Il a utilisé son microscope basique pour examiner du sang, du sperme, etc. Il a été la première personne à décrire les cellules et les bactéries dans ses documents et ses nombreux articles de recherche.

Depuis l'époque de ces pionniers, la conception de base du microscope s'est développée de nombreuses façons. Le microscope moderne est utilisé dans de nombreuses modalités d'imagerie différentes et est devenu un outil précieux dans des domaines aussi variés que les sciences des matériaux, la médecine légale, la médecine clinique, et la recherche biomédicale et biologique [57].

1.1.4 Types de microscope

- **Microscope optique** Le microscope optique, également connu sous le nom de microscope photonique, est un dispositif qui permet d'agrandir une image optique d'un objet de petite taille. Il utilise des lentilles optiques pour former l'image en contrôlant le faisceau de lumière, et pour éclairer l'échantillon, permettant ainsi l'observation de la structure globale des cellules eucaryotes. Les microscopes optiques les plus performants sont limités à un grossissement de 2000 fois. Il existe différents types de microscopes photoniques :[9]
 - Le microscope à fond clair/à fond noir.
 - Le microscope à contraste de phase.
 - Le microscope à fluorescence.
 - Le microscope confocal.
- **Microscope électronique** Le microscope électronique est un dispositif qui utilise un faisceau d'électrons pour produire une image. Ce type de microscope utilise des lentilles électrostatiques et des lentilles magnétiques pour former l'image. Le microscope électronique révèle l'ultrastructure des cellules eucaryotes et permet une observation plus détaillée de la structure procaryote. La longueur d'onde d'un faisceau d'électrons est plus courte que celle de la lumière, ce qui se traduit par une meilleure résolution allant jusqu'à 2 millions de fois. Il existe deux types de microscopes électroniques [9] :

- Le microscope à transmission.
- Le microscope à balayage.
- **Microscope à balayage de sonde** le microscope à balayage de sonde, une technique avancée en microscopie, il offre une résolution extrêmement élevée et permet d'observer des structures très petites, même au niveau atomique. Cette technique détermine les caractéristiques de surface en balayant la surface de l'objet avec une sonde ponctuelle. il peut atteindre des grossissements allant jusqu'à 100 millions et permet de visualiser les atomes à la surface d'un solide [9].

1.2 Numérisation de l'image microscopique

De nos jours, il est de plus en plus courant de convertir les images produites par un microscope en format numérique afin de les stocker, les analyser et les traiter avant de les afficher et de les interpréter . Cette transition vers l'imagerie numérique a considérablement amélioré le processus d'extraction d'informations à partir d'une image microscopique. En effet, le traitement numérique des images permet d'obtenir des résultats plus précis et plus significatifs sur l'échantillon observé.

L'imagerie numérique est en train de devenir une composante essentielle de la microscopie, car elle offre de nombreux avantages. Grâce au traitement numérique, il est possible d'extraire des informations quantitatives sur l'échantillon à partir de l'image microscopique. Cela permet d'effectuer des mesures précises, telles que la taille, la forme ou la densité des structures observées. De plus, le traitement numérique peut transformer l'image de manière à rendre sa version affichée beaucoup plus informative que l'image originale. Il permet d'améliorer le contraste, d'éliminer le bruit ou les artefacts indésirables, et de mettre en évidence des détails subtils qui seraient difficilement perceptibles sans cette intervention.

L'objectif de cette section est d'expliquer le processus de numérisation des images microscopiques et des séquences observées à partir d'un microscope. Nous allons décrire la transition d'une image optique à une image numérique en définissant ces termes, ainsi que les composants et les méthodes impliqués dans ce processus. Nous examinerons également les différents facteurs qui déterminent la qualité de l'image et les causes de sa dégradation, tout en présentant plusieurs techniques pour éviter ces dégradations.

1.2.1 Image optique

Les composants optiques du microscope créent une image optique du spécimen sur un capteur d'image, généralement un réseau de dispositifs à transfert de charge. Cette image optique est une distribution continue de l'intensité lumineuse sur une surface bidimensionnelle. Bien qu'elle contienne des informations sur le spécimen, elle ne représente pas entièrement sa réalité. Elle constitue une projection en deux dimensions d'un objet tridimensionnel, limitée en résolution et sujette à des distorsions et des bruits introduits lors du processus d'imagerie. Malgré ses imperfections, c'est la seule représentation dont nous disposons pour observer, analyser, interpréter et comprendre le spécimen [40].

1.2.2 Image numérique

Une image digitale se définit comme une représentation numérique en deux dimensions d'un objet, d'une scène ou d'un phénomène réel qui existe en trois dimensions. Elle est composée d'une multitude de pixels ou d'éléments graphiques qui, une fois assemblés, créent une image affichable sur un écran. Ces pixels sont des points minuscules qui correspondent à différentes couleurs et qui, une fois agencés, donnent naissance à une image que l'on peut observer, éditer et partager [40].

1.2.3 De l'image optique à l'image numérique

La capture de l'image optique conduit à sa conversion en une image numérique, qui est une représentation informatique de l'image "naturelle". La numérisation peut être effectuée après la capture d'une image analogique ou directement par un capteur numérique. Elle consiste à convertir une information analogique en une séquence de nombres organisée dans une matrice à n dimensions. En d'autres termes, une image numérique 2D est essentiellement un tableau composé de lignes et de colonnes, où la valeur numériques discrètes d'intensité d'un pixel est stockées à l'intersection de celles-ci. La numérisation réalise donc une discrétisation dans deux domaines : la discrétisation spatiale, où l'espace continu est converti en l'espace discret du tableau numérique, et la discrétisation dynamique, où les intensités mesurées sont représentées par des valeurs discrètes.

- **Les capteurs**

En microscopie, les niveaux de lumière sont extrêmement faibles, parfois seuls quelques photons sont impliqués. Par conséquent, les capteurs utilisés doivent présenter une sensibilité extrême et offrir un excellent rapport signal sur bruit. Il existe deux grandes catégories de capteurs couramment utilisés : les capteurs ponctuels et les capteurs d'images.

Les capteurs ponctuels, tels que les photomultiplicateurs et les tubes photomultiplicateurs, sont des dispositifs photoélectriques qui peuvent détecter des signaux lumineux à un niveau individuel de photons. Ils sont souvent utilisés dans des applications nécessitant une détection très sensible, notamment dans les expériences de microscopie à fluorescence.

D'autre part, les capteurs d'images, tels que les capteurs CCD (dispositif à transfert de charge) et CMOS (semi-conducteur complémentaire de l'oxyde de métal), sont utilisés pour capturer des images complètes de l'échantillon. Ces capteurs sont composés d'une matrice de pixels, où chaque pixel convertit l'intensité lumineuse en un signal électrique mesurable. Ils sont couramment utilisés dans les microscopes modernes et offrent une résolution et une sensibilité élevées.

Pour améliorer la sensibilité des capteurs, des systèmes d'amplification photoélectrique peuvent être utilisés en conjonction avec les capteurs. Ces systèmes amplifient le signal électrique généré par le capteur, permettant ainsi une meilleure détection des niveaux de lumière faibles.

- **Les amplificateurs de lumières**

Pour surmonter les défis liés aux niveaux de lumière bas en microscopie, il existe une solution alternative à celle décrite précédemment. Cette solution implique l'utilisation d'un capteur de faible sensibilité, tel qu'un tube vidéo ou une

caméra CCD standard, en association avec un système d'amplification de lumière. En d'autres termes, le signal lumineux est amplifié avant d'être mesuré.

Ce type de système d'amplification de lumière permet d'augmenter l'intensité du signal lumineux avant qu'il n'atteigne le capteur. Il peut être réalisé à l'aide de dispositifs tels que des amplificateurs de lumière ou des intensificateurs d'image. L'amplification de lumière augmente la magnitude du signal, ce qui permet au capteur de faible sensibilité de détecter plus facilement et avec une meilleure précision les niveaux de lumière bas.

- **Echantillonnage**

Il existe deux types d'échantillonnage :

- **Echantillonnage spatial** : L'échantillonnage spatial est le processus de découpage d'une image en unités élémentaires appelées pixels. Pour représenter la scène avec le plus de détails possible, il est nécessaire d'utiliser une fréquence d'échantillonnage élevée. Par exemple, si l'on souhaite tirer pleinement parti de la résolution du microscope, la taille d'un pixel doit être au maximum égale à la moitié de la résolution déterminée par l'ouverture numérique de l'objectif. Une bonne pratique consiste à effectuer un échantillonnage de 3 pixels par résolution élémentaire.
- **Echantillonnage dynamique** : L'échelle de numérisation joue un rôle essentiel dans la représentation de la dynamique de l'image numérique, c'est-à-dire la gamme d'intensités allant de la plus faible à la plus élevée (niveaux de gris). Elle détermine également le nombre de valeurs discrètes réparties entre ces deux extrémités.

Dans la pratique, différentes échelles de numérisation peuvent être utilisées. Le plus couramment, une image en noir et blanc est numérisée avec 256 niveaux d'intensité (ou niveaux de gris), qui s'étendent de manière linéaire du noir au blanc. On peut également utiliser des échelles avec un plus grand nombre de niveaux (1024, 2048, etc.) pour obtenir une plus grande finesse dynamique, ce qui permet d'améliorer le rapport signal sur bruit de la chaîne de numérisation. De plus, les niveaux peuvent être répartis de manière non linéaire, par exemple de manière logarithmique.

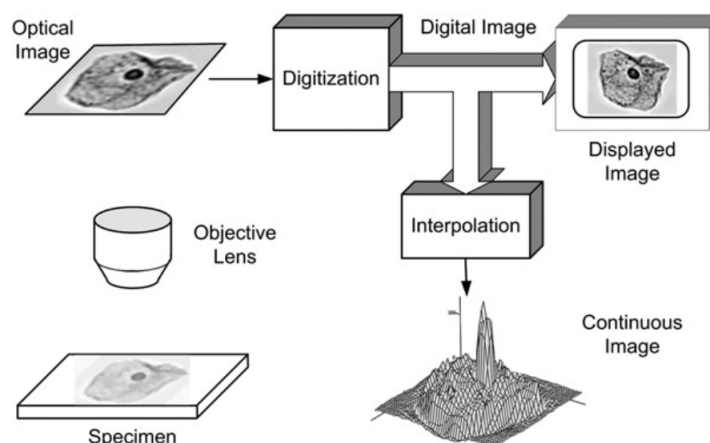


FIG. 1.1 – Digitalisation de l'image microscopique.[59]

1.2.4 Déterminants fondamentaux de la qualité de l'image microscopique

Les déterminants fondamentaux de la qualité de l'image microscopique sont des éléments clés qui influencent la clarté, la résolution et l'exactitude des informations visuelles obtenues à partir d'un microscope.

- **Résolution**

La résolution est une propriété d'un système d'imagerie qui se réfère à sa capacité à reproduire le contraste des objets de différentes tailles. Il est important de noter qu'un objet doit être situé sur un fond pour être visible. Sa visibilité est due à une différence de luminosité, c'est-à-dire à son contraste, par rapport au fond. Les objets plus petits sont généralement reproduits avec un contraste plus faible que les objets plus grands. En dessous d'une certaine taille limite, les objets sont complètement reproduits sans contraste et deviennent indiscernables. La résolution correspond à la plus petite taille d'objet qui peut être distinguée individuellement dans l'image, c'est-à-dire résolue, par rapport aux autres objets présents. La perte de contraste avec la diminution de la taille est un phénomène graduel, ce qui rend impossible de spécifier de manière précise la taille des plus petits objets qui peuvent être distingués [59].

À des niveaux de grossissement élevés, dans un système d'imagerie bien conçu, ce sont généralement les composants optiques, en particulier l'objectif, qui déterminent la résolution globale du système. Cela signifie que la capacité à reproduire le contraste des objets de différentes tailles est principalement influencée par la qualité de l'objectif. En revanche, à des niveaux de grossissement faibles, d'autres composants du système, tels que le capteur d'image, peuvent devenir le facteur limitant de la résolution.

- **Bruit**

Le terme "bruit" est généralement utilisé pour désigner une composante indésirable qui s'ajoute à une image. Ce bruit peut être de nature aléatoire ou périodique. L'une des principales sources de bruit est le bruit aléatoire généré par les circuits d'amplification de la caméra. Le bruit périodique peut quant à lui résulter de signaux parasites périodiques qui se retrouvent dans les circuits de la caméra. Un autre type de bruit, appelé bruit de quantification, se produit lors de la conversion des valeurs de luminosité continues en nombres entiers. En général, le niveau de bruit global est estimé en effectuant la somme en racine carrée des amplitudes des différentes sources de bruit [59].

- **Ombrage**

Dans l'idéal, le contraste d'un objet ne devrait pas changer lorsqu'il se déplace dans l'image, tout comme le niveau de gris de la zone de fond où aucun objet ne réside. Malheureusement, cela n'est jamais le cas. Lorsqu'une zone vide est présente, il y a généralement une variation importante de luminosité qui se manifeste sous la forme d'un motif lentement variable, s'assombrissant vers la périphérie du champ de vision. Ce phénomène est connu sous le nom d'ombrage additif, car il ajoute ou

soustrait de la luminosité à la véritable luminosité de l'objet à différents endroits de l'image. Heureusement, l'ombrage tend à rester constant d'une image à l'autre tant que la configuration du microscope n'est pas modifiée. Ainsi, il est possible de supprimer l'ombrage de chaque image capturée en utilisant un traitement numérique approprié [59].

- **Photométrie**

Dans un scénario idéal, les niveaux de gris d'une image devraient être directement liés de manière linéaire à une propriété photométrique spécifique de l'échantillon. De la même manière, la position des pixels (ligne et colonne) dans l'image numérique devrait correspondre à la position (x, y) de l'échantillon. Ainsi, l'image numérique enregistrée représenterait fidèlement l'échantillon lui-même, et non les caractéristiques du système utilisé pour capturer l'image. La propriété photométrique peut être liée à des mesures telles que la transmittance, la densité optique, la réflectance ou l'intensité de fluorescence [59].

- **Distorsion géométrique**

La distorsion géométrique est une altération indésirable de l'image qui déforme la relation spatiale entre les objets présents dans l'image. Elle peut modifier la taille apparente, la forme et l'espacement des objets, ce qui peut compromettre la précision des mesures spatiales telles que la longueur, la surface, le périmètre, la forme et l'espacement.

Dans la plupart des systèmes d'imagerie modernes utilisant des capteurs d'image à semi-conducteurs, la géométrie des pixels est rigoureusement contrôlée lors du processus de fabrication, ce qui réduit la distorsion géométrique due à cette source à un niveau négligeable. Cependant, d'autres composants, notamment les optiques d'imagerie, peuvent introduire une distorsion géométrique dans l'image [59].

1.2.5 Règles pour éviter les facteurs qui affectent le système de numérisation

Lors du processus de numérisation d'images, il est important de prendre en compte certaines règles afin d'éviter les facteurs qui peuvent altérer la qualité du système. Voici quelques règles essentielles à suivre :

- **Résolution**

Bien que chaque composant contribue, l'ouverture numérique (NA) de l'objectif établit généralement la résolution du système. Pour les objectifs de haute qualité, on peut supposer que la fonction de transfert optique (OTF) respecte les limites de diffraction. Cependant, il est préférable d'obtenir une OTF mesurée, en particulier pour les optiques de qualité inférieure, qui pourraient ne pas atteindre leur plein potentiel. L'OTF de l'objectif devrait permettre le passage des fréquences les plus élevées attendues dans les échantillons d'intérêt. En d'autres termes, la fonction de point de diffusion PSF (Point Spread Function) devrait être inférieure à la moitié de la taille des plus petits objets d'intérêt à être capturés en image [59].

- **Espacement des pixels**

La fréquence de coupure de l'OTF de l'objectif détermine la distance maximale entre les échantillons, mais il est préférable de les suréchantillonner généreusement.

Il est important de sélectionner l'espacement des pixels non seulement pour éviter l'aliasing dans toutes les configurations (puissance de l'objectif, etc.), mais aussi pour garantir la fiabilité du traitement ultérieur. Les configurations à faible grossissement nécessitent une attention particulière, car l'objectif peut ne pas inclure de filtre anti-aliasing, ce qui augmente les risques d'aliasing [59].

- **Bruit**

Le niveau de bruit global est généralement estimé comme la racine carrée de la somme des carrés des différentes sources de bruit individuelles présentes dans le système. Le bruit de quantification doit être inférieur à la moitié du niveau de bruit moyen quadratique (RMS) dû à toutes les autres sources de bruit.

- **Photométrie**

La linéarité photométrique d'une configuration particulière de microscope peut être mesurée à l'aide d'une cible d'étalonnage adaptée (cale d'échelons, billes fluorescentes, etc.). Si une non-linéarité significative est observée, elle peut être corrigée à l'aide d'une transformation de niveaux de gris appropriée. Cette correction peut être réalisée en tant que technique de traitement après du processus de numérisation [59].

- **Distortion**

La mesure du degré de distorsion géométrique dans une configuration spécifique de microscope peut être réalisée à l'aide d'une cible de calibrage comportant une grille. Si la distorsion est importante, on peut utiliser une transformation géométrique pour la corriger dans chaque image numérisée [59].

1.3 Technique de traitement d'images de microscope

1.3.1 Amélioration de l'image microscopique

Les images obtenues à partir de différentes technologies de microscopie fournissent une multitude d'informations. Cependant, les limitations inhérentes des instruments d'imagerie optique et le bruit associé à l'imagerie optique rendent souvent souhaitable une amélioration de l'image dans de nombreuses applications de traitement d'images microscopiques. L'amélioration d'image est un processus visant à améliorer l'apparence d'une image ou d'une partie spécifique de celle-ci, en augmentant le contraste ou en facilitant la visualisation de certaines caractéristiques, afin de permettre une analyse plus précise par la suite. En imagerie microscopique, les images sont souvent acquises à différents plans focaux, à différents intervalles de temps et dans différents canaux spectraux. Par conséquent, la conception d'un algorithme d'amélioration doit exploiter pleinement ces informations multidimensionnelles et multispectrales. Un large éventail d'algorithmes d'amélioration d'image a déjà été développé et utilisé pour des applications de microscopie. Ces algorithmes peuvent être classés en deux catégories principales : les méthodes de domaine spatial, qui agissent directement sur les pixels de l'image, et les méthodes de domaine de transformation, qui modifient l'image en utilisant des transformations mathématiques dans des domaines tels que la fréquence ou la couleur [30].

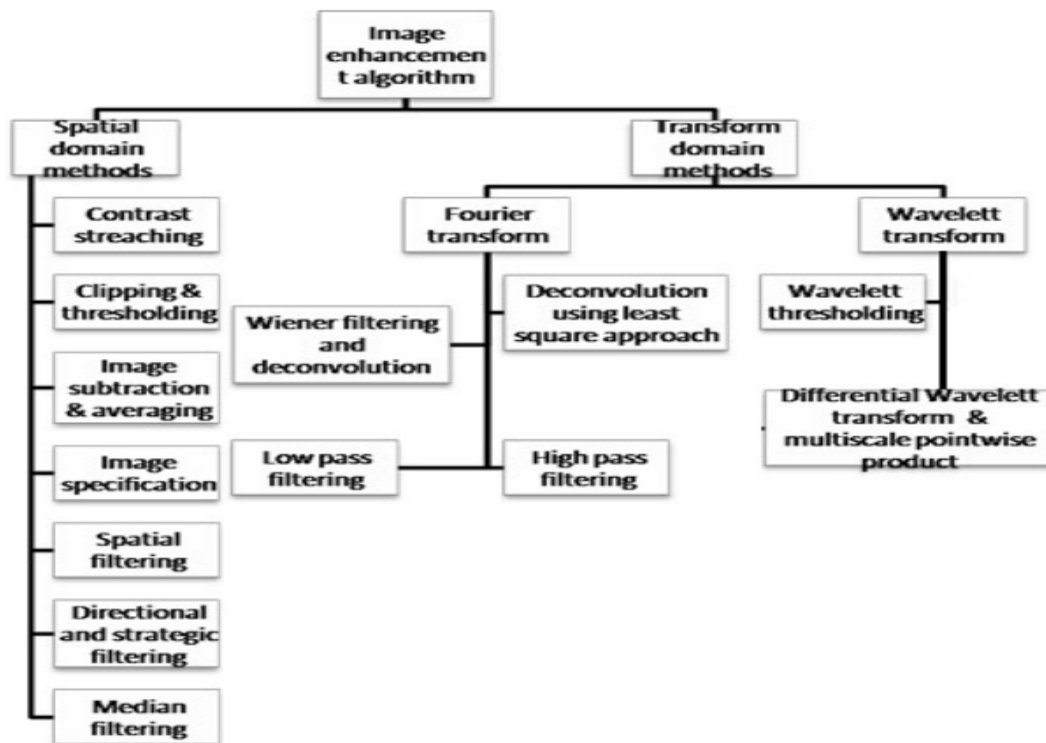


FIG. 1.2 – Les techniques d'amélioration de l'image microscopique.[30]

Méthodes de domaines spatial

Les méthodes du domaine spatial sont utilisées pour améliorer l'image en appliquant soit des opérations globales sur l'ensemble de l'image, soit des opérations locales sur une région voisine de chaque pixel. Ces méthodes comprennent différentes opérations visant à améliorer le contraste de l'image, telles que l'étirement du contraste, l'écrêtage et le seuillage, la soustraction et le calcul de la moyenne de l'image, ainsi que l'égalisation et la spécification de l'histogramme. Elles incluent également des opérations visant à affiner les caractéristiques de l'image et à réduire le bruit, telles que le filtrage passe-bande spatial, le filtrage directionnel et orientable, ainsi que le filtrage médian [30].

Pour réduire efficacement le bruit, notamment si celui-ci suit un processus aléatoire stationnaire, des variantes du filtre de Wiener peuvent être utilisées. Ces filtres adaptatifs permettent de réduire le bruit de manière optimale en prenant en compte les caractéristiques de l'image et du bruit. Les filtres non linéaires, comme le filtre médian, sont également utilisés pour réduire le bruit sans altérer les contours de l'image [59].

Ces différentes méthodes du domaine spatial offrent des outils efficaces pour améliorer la qualité de l'image microscopique, en augmentant le contraste, en réduisant le bruit et en affinant les caractéristiques visuelles. L'utilisation judicieuse de ces techniques permet d'obtenir des images plus claires, plus détaillées et plus adaptées à une analyse précise et approfondie [59].

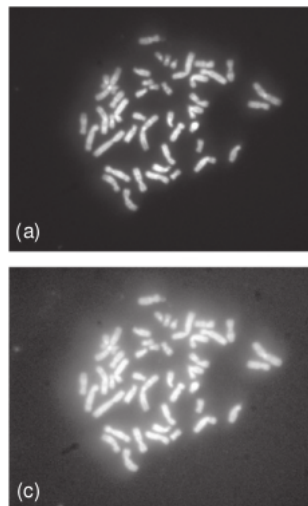


FIG. 1.3 – Image microscopique améliorée à l'aide d'une égalisation d'histogramme (image (c) obtenue à partir de l'image (a)) [59]

Méthodes de domaine de transformation

Les méthodes du domaine de la transformation sont utilisées pour améliorer l'image en se basant sur les calculs effectués dans un domaine de transformation spécifique, tel que la transformée de Fourier ou la transformée en ondelettes. Comparées aux méthodes du domaine spatial, ces approches permettent souvent d'isoler et d'extraire plus facilement les caractéristiques saillantes de l'image [30].

Parmi les méthodes d'amélioration de l'image les plus couramment utilisées dans le domaine de Fourier, on trouve le filtrage de Wiener, la déconvolution par les moindres carrés et le filtrage passe-bande. Le filtrage de Wiener est particulièrement utile pour minimiser l'erreur quadratique moyenne lors de la réduction du bruit. Les méthodes d'enrichissement d'image basées sur les ondelettes exploitent les avantages de la représentation multi-échelle de l'image et du filtrage non linéaire. Une propriété clé sur laquelle ces méthodes s'appuient est la corrélation spatiale des contours de l'image à différentes échelles, contrairement au bruit. Cette corrélation permet d'utiliser des techniques de filtrage non linéaire pour améliorer efficacement les structures des contours tout en supprimant le bruit de l'image [59].

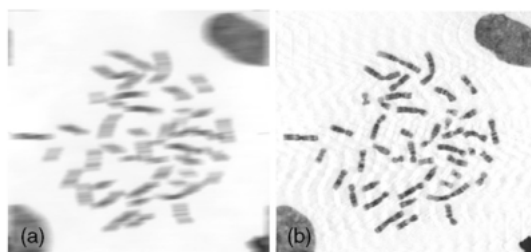


FIG. 1.4 – Élimination des bruits à l'aide d'un filtre Wiener [59].

En utilisant les méthodes du domaine de la transformation, il est possible d'améliorer significativement la qualité de l'image microscopique en accentuant les caractéristiques souhaitées tout en réduisant le bruit indésirable. Ces approches offrent une gamme d'outils puissants pour l'analyse et la visualisation des images microscopiques, permettant ainsi une meilleure compréhension des échantillons étudiés.

1.3.2 Traitement d'images par Ondelette

Au cours des dernières années, les transformées en ondelettes ont gagné en popularité en tant que méthode de représentation multirésolution dans un large éventail d'applications. Elles se sont révélées particulièrement efficaces pour traiter les images. Les ondelettes ont permis de formaliser le concept de traitement multirésolution, largement utilisé dans des domaines tels que la vision par ordinateur, pour la détection, l'analyse et la reconnaissance de caractéristiques d'images et d'objets à différentes échelles.

Dans de nombreuses tâches de traitement d'images, comme la segmentation, il est essentiel d'analyser l'image à partir de voisinages de différentes tailles afin de capturer les caractéristiques et propriétés significatives de l'image qui se manifestent à différentes échelles.

De nos jours, la transformée en ondelettes discrète est devenue un outil mathématique indispensable dans de nombreuses applications de traitement d'images. Elle permet de créer et de manipuler des représentations multirésolution avec une grande précision et flexibilité. Cette approche offre de nombreux avantages pour l'analyse et la manipulation des images, et elle est largement utilisée dans divers domaines tels que la reconnaissance de formes, la compression d'images, la restauration d'images et bien d'autres [30].

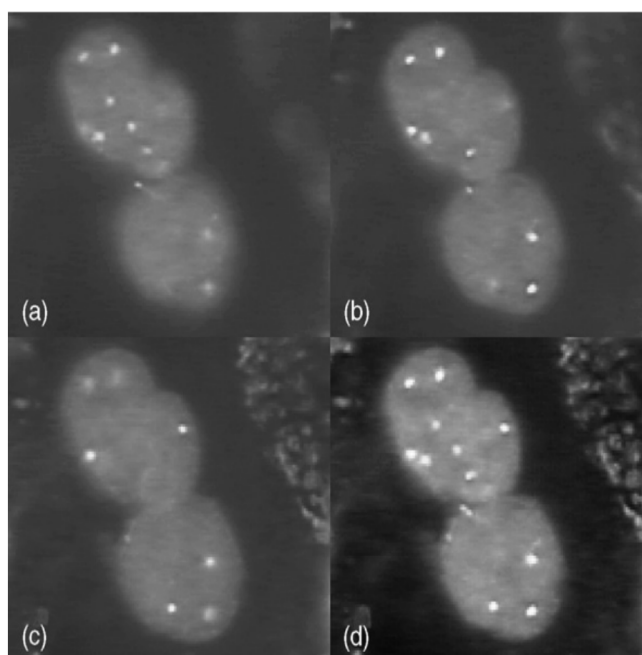


FIG. 1.5 – Une profondeur de champ étendue obtenue grâce à une technique de fusion d'images par ondelettes(image (d) obtenue à partir de des images (a,b,c)) [59].

1.3.3 Segmentation

La segmentation d'image est une étape essentielle dans l'analyse d'images microscopique. Elle consiste à diviser une image en régions disjointes, correspondant généralement à des objets distincts. Une fois ces objets isolés, il est possible de les mesurer et de les classifier. Contrairement à la vision humaine où la segmentation est automatique, le traitement numérique requiert un processus laborieux pour séparer les objets en différentes régions. Des erreurs de segmentation peuvent entraîner des inexactitudes dans les analyses ultérieures. De plus, la détermination précise des limites des objets est souvent subjective, et différents algorithmes de segmentation peuvent produire des résultats légèrement différents mais valides [30]. La segmentation d'image peut être abordée selon deux approches complémentaires :

Approche basée sur les régions

Une région est formée par un groupe de pixels connectés les uns aux autres. Dans l'approche basée sur les régions, chaque pixel de l'image est examiné et assigné à une région spécifique ou à un objet particulier. Les techniques de segmentation basées sur les régions consistent à diviser l'image en ensembles de pixels internes et externes en fonction de la similarité des caractéristiques de l'image. Le seuillage, le traitement morphologique et la croissance de région sont les méthodes fondamentales les plus adaptées pour la segmentation d'image basée sur les régions [30].

- **Seuillage**

Le seuillage est une technique essentielle de segmentation d'image basée sur les régions, particulièrement utile pour les scènes contenant des objets solides reposant sur un arrière-plan contrasté. Elle est calculatoirement simple et permet de définir systématiquement des régions disjointes avec des frontières fermées et connectées. Cette opération est utilisée pour distinguer les objets d'intérêt (également appelés avant-plan) du fond sur lequel ils reposent. Le résultat est soit l'étiquette "objet", soit "arrière-plan", représentée sous forme d'une variable booléenne. Ils existent plusieurs types de seuillage : seuillage global, seuillage adaptif, seuillage de sélection, etc [59].

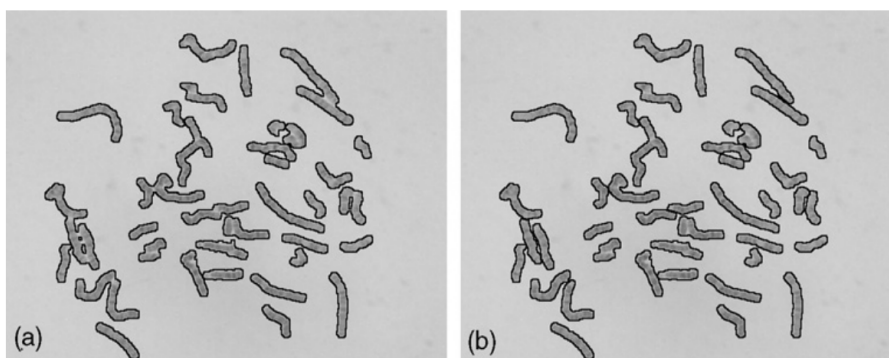


FIG. 1.6 – Résultats d'une segmentation de chromosomes par seuillage (global(a) ,et adaptif (b)) [59].

- **Taitement morphologique**

Une fois le seuillage effectué, l'image donnée est divisée en une image binaire représentant l'objet avant-plan et l'arrière-plan. Si cette segmentation initiale n'est pas satisfaisante, il est possible d'utiliser un ensemble d'opérations morphologiques ou des procédures basées sur ces opérations et leurs variantes pour améliorer les résultats de segmentation. Les techniques de traitement morphologique offrent des outils polyvalents et puissants pour la segmentation d'images. La conception d'algorithmes spécifiques nécessite une connaissance approfondie de l'effet de chaque opération de base sur une image et de leur combinaison adéquate pour obtenir le résultat souhaité. Dans le traitement morphologique ils existent plusieurs techniques tels que : séparation des objet tactile, remplissage des trous, suppression des objets touchant les bordures et le waterched algorithme [59].



FIG. 1.7 – Supression des objets touchant les bordures.[59]

- **Croissance de région**

La méthode de croissance de région exploite le contexte spatial en regroupant les pixels ou les petites régions adjacentes pour former des régions plus grandes. La fusion des régions est basée sur le critère d'homogénéité. Dans cette approche, l'image est initialement divisée en de nombreuses petites régions, pouvant être des quartiers ou même des pixels individuels appelés graines. Dans chaque région, des fonctions sont calculées en utilisant les paramètres des propriétés de l'image afin de déterminer son affiliation à un objet. Les paramètres tels que le niveau moyen de gris, la texture, la couleur, etc..., permettent de distinguer les différents objets. Ainsi, lors de la première étape, chaque région se voit attribuer un ensemble de paramètres dont les valeurs reflètent l'objet auquel elle appartient. Ensuite, toutes les frontières entre les régions adjacentes sont examinées. Une mesure de la force de la frontière est calculée en utilisant les différences des paramètres entre les régions adjacentes. Une frontière est considérée comme forte si les paramètres diffèrent de manière significative de chaque côté de cette frontière, et elle est considérée comme faible sinon. Les frontières fortes sont conservées tandis que les frontières faibles sont dissoutes, permettant ainsi la fusion des régions adjacentes. Ce processus est répété en recalculant alternativement les paramètres d'appartenance à l'objet pour les régions agrandies, et en dissolvant à nouveau les frontières faibles, jusqu'à ce qu'il n'y ait plus de frontières suffisamment faibles pour être dissoutes [59].

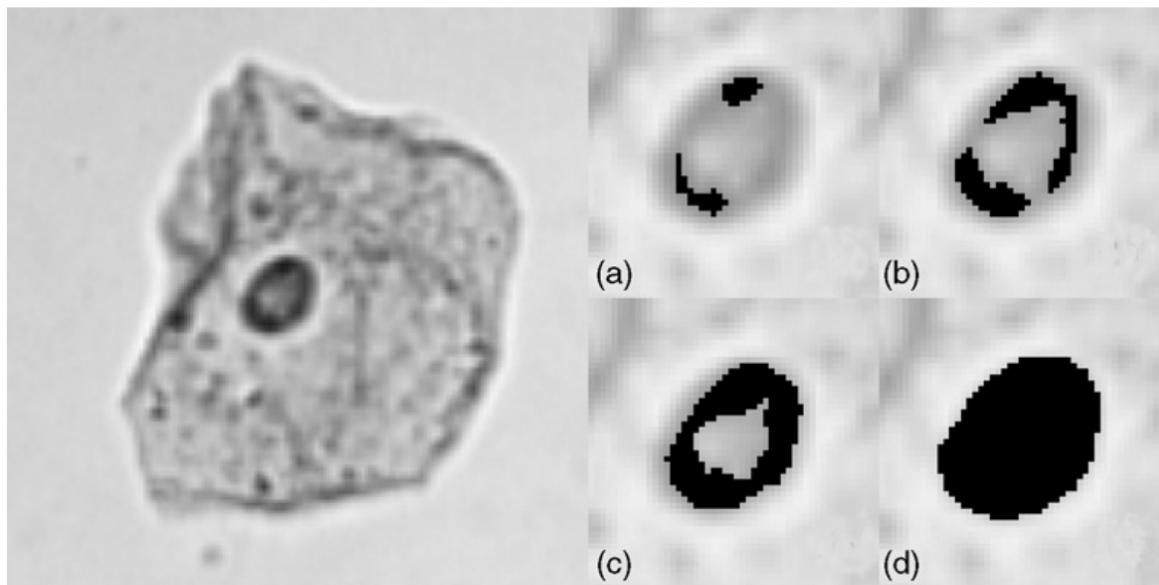


FIG. 1.8 – Exemple de croissance de région. Les images(a,b,c,d) représentent les différentes étapes du processus [59].

Approche basée sur la détection des contours

Appelée aussi approche basée sur les frontières, dans cette approche nous avons deux méthodes pour délimiter les régions dans une image. La première consiste à localiser directement les frontières existantes entre les régions, tandis que la seconde vise à identifier les pixels de bordure et à les connecter pour former les frontières requises [59].

Les techniques basées sur les frontières détectent les pixels de bordure qui présentent des différences dans les propriétés de l'image. Les bords correspondent aux points de l'image où le niveau de gris change brusquement, généralement situés le long des limites des objets. Les points d'arête peuvent être détectés et utilisés pour définir les frontières des objets. Les méthodes basées sur le gradient recherchent les pixels présentant un gradient important pour détecter les bords, tandis que les méthodes basées sur le Laplacien recherchent les passages à zéro dans la dérivée seconde de l'image pour trouver les contours [30].

Les limites des objets peuvent être établies en seuillant l'image de gradient ou l'image de Laplacien, à condition que les bords soient forts et que le niveau de bruit soit faible. Cependant, les points de bord détectés ne forment généralement pas de frontières fermées et connectées, ce qui est nécessaire pour la segmentation de l'image. C'est pourquoi la connexion des bords et l'affinement des limites sont généralement réalisés pour compléter le processus de délimitation des objets. La transformée de Hough est une méthode qui peut ajuster une fonction paramétrée aux points de bord dispersés, permettant ainsi de créer des frontières complètes et connectées. Les contours actifs peuvent également être utilisés pour filtrer les limites trouvées par d'autres méthodes [59].

Le résultat de la segmentation de l'image peut être codé et stocké de manière pratique sous la forme d'une carte d'étiquettes d'objets ou d'un code de chaîne de délimita-

tion. Cela permet de représenter efficacement les régions et leurs frontières dans l'image.

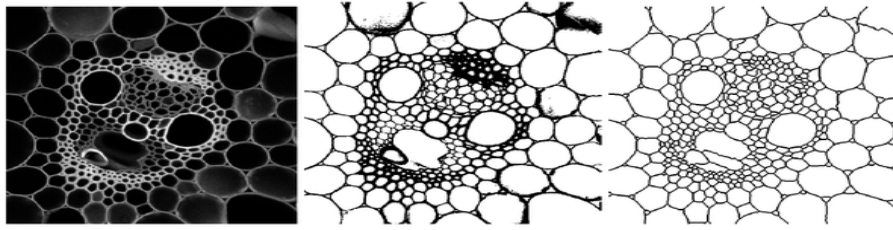


FIG. 1.9 – Détection des contours dans la segmentation d'une image des cellules végétales.[17]

1.3.4 Mesure de l'objet

Les objectifs fondamentaux de la mesure des objets dépendent de l'application. Elle peut être utilisée simplement pour fournir une mesure de la morphologie ou de la structure de l'objet en définissant ses propriétés en termes de surface, de périmètre, d'intensité, de couleur, de forme, etc. Elle peut également être utilisée pour discriminer entre les objets en mesurant et en comparant leurs propriétés. Les mesures des objets peuvent être largement classées en (1) mesures géométriques, (2) mesures basées sur l'histogramme de l'image de l'objet, et (3) mesures basées sur l'intensité de l'objet. Les mesures géométriques, y compris celles qui quantifient la structure de l'objet, peuvent être calculées pour les objets binaires et en niveaux de gris. En revanche, les mesures basées sur l'histogramme et l'intensité sont applicables aux objets en niveaux de gris. Une autre catégorie de mesures, basées sur la distance, peut être utilisée pour calculer la distance entre les objets ou entre deux ou plusieurs composants d'objets [30].

1.3.5 Classification des objets

La classification est l'étape qui nous permet de savoir ce qui se trouve dans l'image. En supposant que les objets de l'image aient été segmentés et mesurés, la classification les identifie en les attribuant à l'une des plusieurs catégories ou classes établies préalablement. La méthode de classification la plus utilisée dans le traitement d'image microscopique et le classificateur du risque Bayes minimum [30].

1.4 Deep learning dans l'analyse d'images microscopiques

Le Deep Learning, une branche puissante de l'intelligence artificielle, aujourd'hui cette approche a révolutionné de nombreux domaines. Il est largement utilisé pour résoudre des problèmes qui étaient autrefois considérés comme difficiles voire impossibles à traiter par des méthodes traditionnelles de l'IA. Il a permis d'obtenir des performances exceptionnelles dans des tâches très complexes.

Comme mentionné précédemment, le traitement d'image microscopique est un domaine très important dans la mikrosopie. Cependant, interpréter avec précision et efficacité ces images représente un défi complexe. En revanche, grâce aux avancées du Deep Learning, de nouvelles opportunités se présentent pour améliorer le traitement et l'analyse d'image microscopique.

1.4.1 Amélioration de l'analyse microscopique par le deep learning

Le deep learning a apporté des améliorations significatives à la microscopie de plusieurs façons. Voici quelques-uns des principaux avantages qu'il a apportés :

- **La microscopie quantitative**

la microscopie quantitative consiste à obtenir des mesures quantitatives précises de paramètres tels que la taille, la forme, la densité et la distribution des objets dans l'échantillon à partir d'images microscopiques. Contrairement à la microscopie optique traditionnelle, qui est souvent qualitative [13].

Le deep learning a amélioré la microscopie quantitative en aidant à reconstruire des paramètres physiques à partir d'informations spectrales incomplètes, ce qui peut réduire la quantité de données nécessaires pour atteindre le même niveau de spécificité et augmenter la résolution temporelle [8].

Plusieur méthodes prouvées efficaces et précises ont été utilisé dans ce sens, comme l'utilisation des réseaux de neurones convolutifs pour classer et prédire des images hyperspectrales de manière automatique, améliorer la détection et la segmentation d'objets dans des vidéos de microscopie et extraire des informations quantitatives à partir d'images de cellules en champ clair [6, 43, 42]. De plus les techniques du deep learning ont été utilisées dans la caractérisation rapide et précise de nanoparticules, ainsi que la caractérisation et le suivi de colloïdes [7, 27].

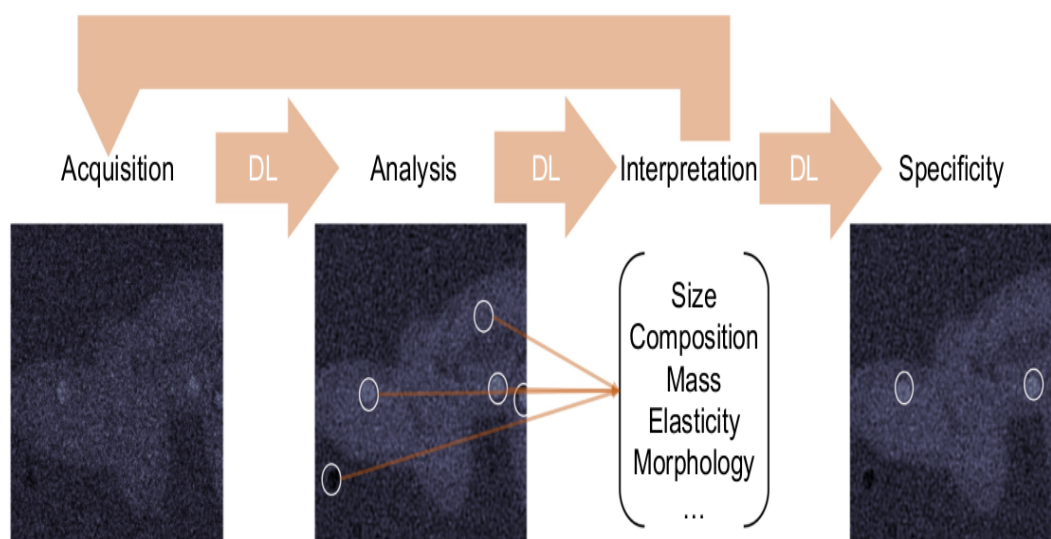


FIG. 1.10 – Quantitative microscopie avec spécification en utilisant la méthodes Deep-Track2 [8].

- **L'amélioration d'image de la microscopie à balayage de points**

la microscopie à balayage de points est une modalité couramment utilisée en microscopie en raison de sa polyvalence et de son accessibilité. Cette technique permet d'acquérir des images en balayant un faisceau de lumière ou d'électrons sur un échantillon, ce qui permet d'obtenir des images en deux ou trois dimensions avec une résolution élevée. Cependant, cette technique présente des compromis entre la vitesse d'imagerie, la résolution et la préservation de l'échantillon, ce qui peut affecter la qualité des images acquises [55].

Le deep learning est une solution prometteuse pour améliorer la qualité des images acquises par les systèmes de microscopie à balayage de points. Les méthodes basées sur l'apprentissage en profondeur peuvent aider à corriger les compromis entre la vitesse d'imagerie, la résolution et la préservation de l'échantillon, en améliorant les composantes négativement affectées de l'image après l'acquisition [55].

les techniques et méthodes de deep learning utilisées pour améliorer la qualité des images acquises par la microscopie à balayage de points comprennent des approches entièrement supervisées, semi-supervisées et entièrement non supervisées. Les approches entièrement supervisées nécessitent l'acquisition ou la génération de paires d'images de haute et de basse qualité du même échantillon pour créer des données d'entraînement [55]. Les approches semi-supervisées et entièrement non supervisées sont des méthodes plus récentes qui permettent aux chercheurs d'éviter le processus coûteux et techniquement difficile d'acquisition de données appariées. Ces approches ont montré des résultats compétitifs pour la restauration et la super-résolution d'images de microscopie à balayage de points, et ont le potentiel de réduire considérablement le temps et les coûts d'imagerie nécessaires pour les expériences scientifiques [23, 26].

- **L'enregistrement d'image multimodale**

L'enregistrement d'image multimodale consiste à combiner plusieurs images provenant de différentes techniques d'imagerie afin d'obtenir une représentation plus complète et holistique d'un échantillon. Les modalités d'imagerie utilisées peuvent inclure la microscopie électronique, la microscopie de fluorescence, la tomographie, l'imagerie par résonance magnétique, etc [5].

L'émergence de l'apprentissage en profondeur a eu un impact incontestable sur cette discipline. Les méthodes traditionnelles d'enregistrement d'image multimodale étaient souvent basées sur des approches semi-automatiques et manuelles, ce qui les rendait longues et fastidieuses. En revanche, les méthodes d'apprentissage en profondeur ont permis d'accélérer le processus en apprenant des mesures de similarité appropriées et en prédisant directement la transformation requise [39].

Les approches basées sur l'apprentissage en profondeur ont également permis de simplifier l'alignement multimodal en le transformant en une tâche monomodale grâce à l'utilisation de techniques de traduction d'image à image. Cette approche a permis d'améliorer la précision et la qualité de l'enregistrement d'image multimodale, tout en réduisant le temps et les efforts nécessaires pour réaliser cette tâche [19].

1.4.2 Classification basée sur le Deep learning

Avec l'avènement de l'apprentissage en profondeur, les classificateurs basés sur les réseaux neuronaux, en particulier les réseaux neuronaux convolutifs (CNN), ont gagné en popularité en raison de leur capacité à extraire automatiquement des caractéristiques pertinentes à partir des images.

Dans le domaine de l'imagerie en microscopie, les chercheurs ont récemment obtenu des résultats prometteurs en utilisant des classificateurs basés sur l'apprentissage en profondeur. Le CNN et ses variantes sont les architectures les plus couramment utilisées pour résoudre des problèmes de classification d'images en microscopie. Dans ces modèles, les images en entrée peuvent provenir de différentes modalités de microscopie, telles que la microscopie électronique, la microscopie de fluorescence, etc. L'objectif est de prédire la probabilité de chaque étiquette prédéfinie correspondant à l'image d'entrée [29].

La plupart des modèles de classification d'images basés sur les CNN sont composés de deux parties principales : le module d'extraction des caractéristiques et le module de classification. Le module d'extraction des caractéristiques utilise des couches de convolution et de regroupement pour apprendre des caractéristiques discriminantes à partir des images. Le module de classification est composé de couches entièrement connectées qui utilisent les caractéristiques extraites pour prédire les étiquettes correspondantes. La complexité des tâches et des données influence le nombre de couches d'extraction des caractéristiques et le nombre de paramètres du modèle [29].

L'évolution des classificateurs CNN a connu plusieurs étapes clés. LeNet a été proposé comme le premier cadre global pour les classificateurs d'images CNN, suivi d'AlexNet qui a introduit des techniques telles que la fonction d'activation ReLU et le dropout pour améliorer les performances et prévenir le surapprentissage. VggNet a été développé pour augmenter la profondeur du réseau en utilisant des séries de convolutions plutôt qu'une grande taille de noyau. GoogLeNet a proposé un module Inception, permettant d'augmenter la complexité du modèle sans augmenter de manière exponentielle le nombre de paramètres. ResNet a introduit des modules résiduels pour résoudre le problème de dégradation du modèle à mesure que le nombre de couches augmente [20].

Au-delà de ResNet, de nombreux autres CNN avancés ont été proposés, chacun apportant des améliorations spécifiques en termes de performances de classification d'images. Grâce à ces développements, les classificateurs CNN basés sur l'apprentissage en profondeur ont obtenu des résultats impressionnants, surpassant souvent les méthodes traditionnelles de classification d'images [20].

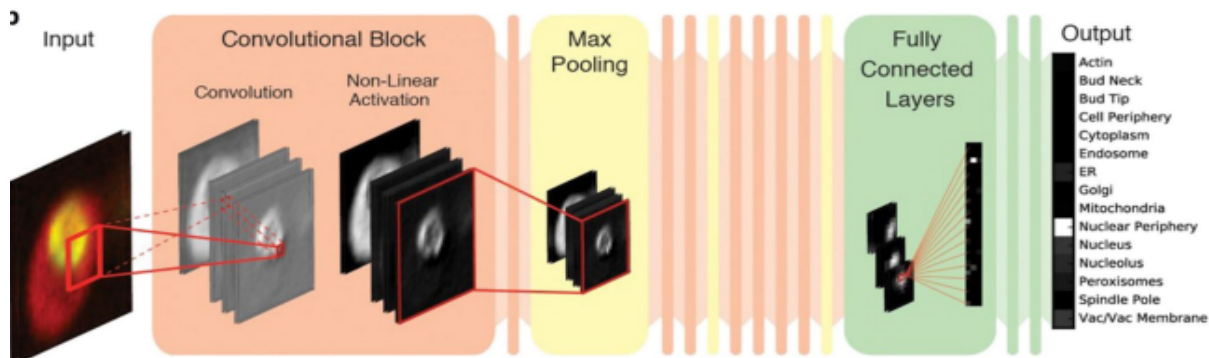


FIG. 1.11 – Classification des cellule basée sur un CNN [33].

1.4.3 Détection d'objet

La détection d'objets fait référence à la tâche de localiser et d'identifier des objets spécifiques dans une image ou une séquence d'images. C'est un domaine de l'apprentissage automatique et de la vision par ordinateur qui vise à automatiser la reconnaissance et la localisation des objets dans des données visuelles. La détection d'objets dans l'imagerie microscopique est largement utilisée dans la recherche en biologie cellulaire, la médecine, l'étude des maladies, la recherche pharmaceutique et d'autres domaines connexe.

Les modèles de détection d'objets utilisés dans les images microscopiques sont généralement classés en deux catégories : les modèles à une seule étape et les modèles à deux étapes. Les modèles à une seule étape, tels que YOLO v1, v2, v3 et v4, sont privilégiés pour leur rapidité et leur efficacité. Ils divisent l'image en grilles et prédisent directement les boîtes englobantes des objets. Cependant, ces modèles peuvent rencontrer des difficultés lorsque plusieurs objets se trouvent sur une même grille. Pour améliorer la précision de détection des petits objets, des modèles comme SSD ont été développés, qui sélectionnent des cadres à plusieurs échelles [20].

Les modèles à deux étapes, tels que RCNN, Fast-RCNN et Faster-RCNN, suivent une approche en plusieurs étapes pour la détection d'objets. Ils créent d'abord des régions candidates, puis extraient les caractéristiques d'apprentissage en profondeur, effectuent la classification et la régression pour localiser les objets. Ces modèles utilisent des techniques telles que la structure de pyramide de fonctionnalités pour améliorer la précision et la vitesse de détection. Faster-RCNN est un algorithme populaire dans cette catégorie et a été amélioré avec Mask R-CNN, qui ajoute une branche de masque pour la segmentation simultanée des objets [20].

1.4.4 Suivi d'objet

Le suivi d'objet est une tâche de vision par ordinateur qui consiste à suivre et localiser un ou plusieurs objets spécifiques dans des séquences d'images ou de vidéos. L'objectif du suivi d'objet est de maintenir une trajectoire continue des objets d'intérêt malgré les variations d'apparence, les changements de pose, les occlusions et les mouvements de la

caméra.

Le suivi d'objet dans l'imagerie microscopique revêt une grande importance pour diverses applications en recherche. Dans le suivi des cellules, il existe plusieurs approches basées sur l'apprentissage en profondeur. Par exemple, l'U-Net, initialement utilisé pour la segmentation d'images, peut également être utilisé pour le suivi des cellules. Des modèles basés sur les CNN ont été développés pour suivre les cellules souches avec précision et détecter la mitose. Un modèle novateur appelé "Cell Topography Reconstruction Learner" (CTRL), basé sur l'U-Net, permet de mesurer le volume des cellules individuelles sur de longues périodes. Des méthodes avancées basées sur l'apprentissage en profondeur ont également été développées pour localiser les événements de mitose et leur stade dans les images de microscopie [29].

Le suivi des particules intracellulaires est un autre domaine d'intérêt. Des logiciels basés sur l'apprentissage en profondeur, tels que "KymoButler", permettent d'analyser la mobilité des particules fluorescentes, des molécules, des vésicules et des organites le long de trajectoires prédéfinies. Les noyaux cellulaires, qui jouent un rôle clé dans la localisation cellulaire et la mitose, sont souvent suivis et détectés à l'aide de méthodes spécifiques telles que NucliTrack et NucleiNet. De même, le suivi des microtubules, qui sont impliqués dans la division cellulaire et le transport des vésicules, peut être réalisé en utilisant des modèles basés sur les RNN. Enfin, l'analyse des événements de fusion vésicule-membrane plasmique est rendue possible grâce à des cadres basés sur les CNN, permettant une analyse quantitative précise [29].

1.5 Conclusion

En conclusion, dans ce chapitre nous avons exploré la microscopie et l'imagerie microscopique. Nous avons décrit le processus et les différentes étapes de la numérisation de l'image microscopique. Nous avons aussi exposé et détaillé les différentes approches et techniques du domaine de traitement d'images microscopiques et l'analyse basée sur le deep learning. Ce chapitre a posé les bases nécessaires pour les prochaines étapes de notre travail de recherche, qui consistera en l'analyse des cellules spermatiques à partir des images microscopiques en utilisant des techniques d'intelligence artificielle.

Chapitre 2

Analyse des cellules spermatiques

L'analyse des spermatozoïdes occupe une place primordiale dans l'évaluation de la fertilité mammifère et la compréhension des problèmes liés à la reproduction. Elle permet d'acquérir des informations essentielles sur la qualité et la quantité des spermatozoïdes présents dans un échantillon de sperme spécifique. Cette analyse englobe divers paramètres tels que la concentration, la motilité, la morphologie et d'autres caractéristiques fonctionnelles des spermatozoïdes.

Au fil des années, l'avancée des technologies et des techniques d'analyse a permis des progrès significatifs dans la compréhension de la physiologie et de la biologie des spermatozoïdes. Les systèmes d'analyse automatisée du sperme, tels que la CASA, ont révolutionné le domaine en offrant des méthodes objectives et reproductibles pour évaluer les paramètres spermatiques.

Dans ce chapitre, nous nous concentrons sur la dimension biologique de notre travail en explorant l'analyse des cellules spermatiques. Nous offrons une vision générale de leurs caractéristiques, des paramètres d'évaluation associés, des domaines d'application, ainsi que des méthodes et outils utilisés dans cette analyse. Une attention particulière est accordée à l'analyse assistée par ordinateur, qui a automatisé cette opération et ouvert de nouveaux horizons pour l'investissement des technologies les plus avancées et développées dans ce domaine, tels que l'intégration des modèles basés sur l'apprentissage profond. Nous allons exposer plusieurs méthodes récentes dans ce domaine.

2.1 Les spermatozoïdes

Le spermatozoïde est une cellule reproductrice mâle produite par les testicules. Il se compose d'une tête et d'un flagelle, et renferme dans son noyau les informations génétiques du père. Son rôle est de transporter ces informations jusqu'à l'ovule, qui contient quant à lui les informations génétiques de la mère [4].

2.1.1 Description morphologique

- **Tête de spermatozoïdes**

La tête contient deux structures étroitement liées : le noyau hyper compacté qui contient le matériel génétique paternel sur lequel est fixée une vésicule géante de sécrétion appelée acrosome [52].

- **pièces intermédiaire**

La pièce intermédiaire du spermatozoïde se compose de deux types de structures distinctes, il y a la gaine de mitochondries, qui est responsable de la production d'une partie de l'énergie nécessaire grâce à la phosphorylation oxydative, ce qui permet de produire de l'ATP. Ensuite, il y a l'axonème, qui se prolonge dans la pièce principale du spermatozoïde et est protégé par une gaine fibreuse [52].

- **Flagelle**

Le flagelle est responsable de la mobilité du spermatozoïde. Il présente trois parties, la pièce intermédiaire (PI), la pièce principale (PP) et la pièce terminale (PT) (Figure 4). La PI se trouve juste derrière la tête et c'est une partie plus épaisse que la PP. La PP se trouve dans le prolongement de la pièce intermédiaire et elle représente 5/6 de la longueur totale du spermatozoïde [52].

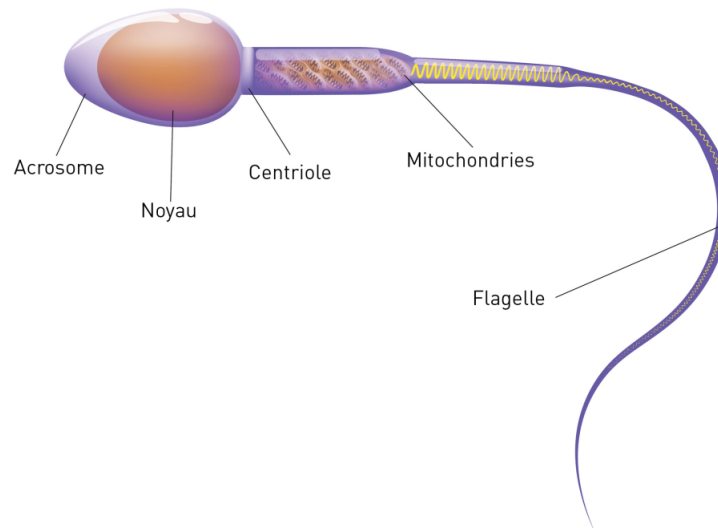


FIG. 2.1 – Les différentes parties du spermatozoïde [48]

2.1.2 Spermatogenèse : processus de production des spermatozoïdes

La spermatogenèse désigne l'ensemble des processus biologiques qui permettent la formation d'un spermatozoïde, une cellule hautement spécialisée, à partir d'une cellule souche germinale. Ce processus se déroule de manière centripète au sein des tubes séminifères des testicules. Elle est constituée de 3 phases successives : la phase mitotique de prolifération, la phase méiotique et la phase de la différenciation en spermatozoïde ou spermiogénèse [52].

2.1.3 Maturation des spermatozoïdes dans l'épididyme

Une fois formés dans les tubules séminifères, les spermatozoïdes sont structurellement complets mais ils ne sont pas encore capables de se déplacer de manière autonome ni d'accomplir la fécondation. Afin d'acquérir ces capacités nécessaires pour féconder un ovocyte, ils doivent subir une série de changements tant sur le plan biologique que fonctionnel. Cette maturation se produit en deux étapes distinctes : lors du transit dans l'épididyme et lors du transit dans le tractus femelle.

Lorsque les spermatozoïdes quittent les tubules séminifères, ils entrent dans l'épididyme, un long conduit enroulé situé sur la face postérieure des testicules. C'est là que se déroule la première phase de maturation. Au cours de cette étape, les spermatozoïdes acquièrent progressivement leur capacité de mobilité. Ils subissent des changements au niveau de leur membrane cellulaire et de leur flagelle, ce qui leur permet de se déplacer de manière autonome grâce à leur flagelle fouettant.

La seconde phase de maturation se produit lors du transit des spermatozoïdes dans le tractus femelle, après l'éjaculation lors d'un rapport sexuel. Le tractus femelle fournit un environnement spécifique et des conditions favorables à la maturation finale des spermatozoïdes. Ce processus de maturation supplémentaire se déroule principalement dans l'utérus et les trompes de Fallope. Les spermatozoïdes subissent des changements

chimiques et biochimiques qui leur confèrent un pouvoir fécondant. Ces modifications comprennent des altérations de la membrane cellulaire, des modifications de la capacité de reconnaissance et de liaison à l'ovocyte, ainsi que des changements dans la composition du liquide séminal qui les entoure [32].

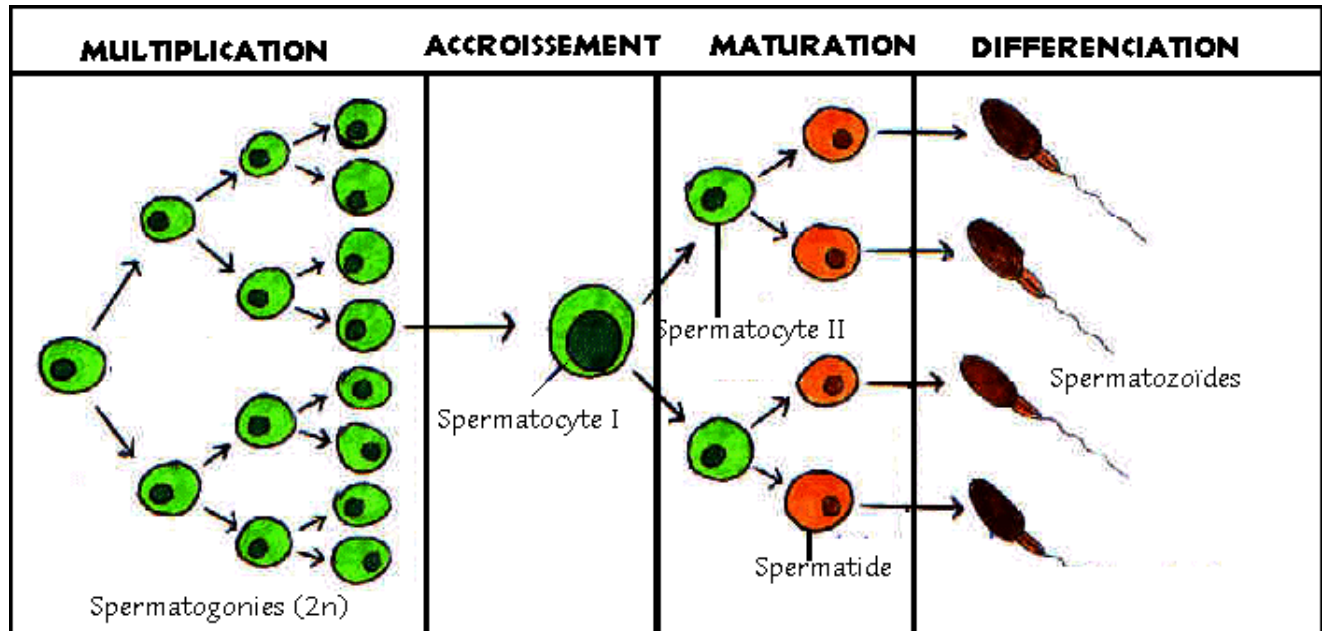


FIG. 2.2 – Les différents processus de la spermatogenèse [1]

2.2 Reproduction et sélection génétique

2.2.1 Utilisation du sperme pour l'insémination artificielle

La technique connue sous le nom d'Insémination Intra-Utérine (IIU), ou insémination artificielle, est utilisée dans de nombreux cas d'infertilité lorsque les trompes de Fallope sont normales. Elle peut être proposée en cas d'infertilité masculine, d'infertilité d'origine cervicale ou d'infertilité inexplicée. L'objectif de cette technique est de favoriser la rencontre des spermatozoïdes les plus féconds, préalablement sélectionnés en laboratoire, avec 2 ou 3 ovocytes présents dans l'appareil génital féminin [25].

Pour optimiser les chances de procréation, l'Insémination Intra-Utérine est souvent associée à une stimulation de l'ovulation. Cette stimulation vise à synchroniser précisément l'insémination intra-utérine avec l'ovulation. Elle peut être réalisée par l'administration de médicaments pour stimuler le développement et la maturation des follicules ovariens, où les ovocytes se trouvent. Cela permet d'obtenir plusieurs ovocytes matures prêts à être fécondés lors de l'insémination.

Une fois que les spermatozoïdes ont été sélectionnés et préparés en laboratoire, ils sont introduits directement dans l'utérus de la femme à l'aide d'un cathéter fin et souple. L'insémination intra-utérine est généralement réalisée au moment optimal, juste avant ou après l'ovulation, afin d'augmenter les chances de fécondation. L'objectif de cette technique est d'améliorer les probabilités de rencontre entre les spermatozoïdes et les ovocytes, en contournant certains obstacles naturels. Elle offre ainsi une approche

moins invasive que d'autres techniques de procréation médicalement assistée, comme la fécondation in vitro.

2.2.2 Élevage sélectif et amélioration des caractères génétiques

L'élevage sélectif des animaux, également connu sous le nom de sélection des animaux domestiques, est une pratique de reproduction largement utilisée dans le domaine de l'élevage pour améliorer les performances zootechniques des animaux domestiques. Cette méthode repose à la fois sur des principes biologiques tels que la reproduction et la génétique, ainsi que sur une organisation spécifique de l'élevage, que ce soit au niveau d'un troupeau, d'une race, d'une entreprise ou même d'une organisation nationale.

L'objectif principal de cette pratique est d'améliorer les résultats globaux d'un groupe d'animaux, que ce soit un cheptel d'élevage, une race spécifique ou une lignée particulière, plutôt que de simplement obtenir des résultats exceptionnels pour un individu isolé. La sélection des animaux domestiques est une pratique qui remonte aux débuts de la domestication et en constitue même l'un des fondements. Elle sert à atteindre divers objectifs en se concentrant sur des caractères spécifiques.

L'élevage sélectif des animaux, ou sélection des animaux domestiques, est étroitement lié à l'analyse des spermatozoïdes dans le domaine de la reproduction animale. L'analyse des spermatozoïdes est primordiale dans le processus de sélection et d'amélioration des performances zootechniques des animaux d'élevage. Lorsqu'il s'agit de sélectionner les animaux reproducteurs, la qualité du sperme est un facteur clé à prendre en compte. L'analyse des spermatozoïdes permet d'évaluer différents paramètres qui sont essentiels pour déterminer la fertilité potentielle d'un animal et sa capacité à transmettre des caractéristiques souhaitables à sa progéniture.

Grâce à des techniques avancées d'analyse du sperme, les éleveurs peuvent évaluer la qualité génétique des animaux et prendre des décisions éclairées sur les croisements et les accouplements pour maximiser les chances de produire une descendance de haute qualité. Par exemple, en identifiant les mâles avec une meilleure qualité de sperme, les éleveurs peuvent sélectionner les reproducteurs les plus performants et améliorer les caractéristiques souhaitées chez leur progéniture, telles que la croissance, la production laitière, la résistance aux maladies, etc.

2.3 Analyse Manuelle du sperme

Dans la majorité des laboratoires d'analyses actuels, les données relatives au sperme ne peuvent être considérées comme précises ni comparables. Cela est dû au fait que l'analyse du sperme implique un ensemble de procédures complexes réalisées en laboratoire, principalement de manière manuelle par des techniciens biologistes qui évaluent la qualité du sperme en utilisant un microscope. Lors de l'interprétation des résultats d'une analyse, il est essentiel de prendre en compte l'erreur de mesure [38].

Les valeurs estimées de la concentration des spermatozoïdes (exprimée en millions par millilitre), de leur motilité et de leur morphologie sont basées sur une évaluation effectuée sur un nombre limité de spermatozoïdes, généralement quelques centaines lorsque

cela est possible. La concentration des spermatozoïdes est généralement mesurée en identifiant et en comptant manuellement les spermatozoïdes à l'aide d'une lentille oculaire du microscope, équipée d'une grille de comptage comprenant 10x10 fenêtres, également appelée chambre de comptage [38].

Le nombre de spermatozoïdes comptés dans la grille est ensuite multiplié par un facteur d'échelle spécifique à chaque microscope, obtenu par étalonnage, qui relie la zone de la grille à un volume fractionné. Cela permet finalement de déterminer une concentration exprimée en millions de spermatozoïdes par millilitre [38]. Le pourcentage de spermatozoïdes mobiles est généralement mesuré visuellement en considérant le nombre de spermatozoïdes présentant un mouvement quelconque (progressif ou non). Cette évaluation est subjective et dépend de l'observation du technicien biologiste [38]. Il existe une certaine marge d'erreur dans l'estimation de ce paramètre, ce qui se traduit par un intervalle de confiance plus ou moins large autour de la valeur fournie. Par exemple, l'erreur de comptage est d'environ 25% pour 50 spermatozoïdes comptés et de 10% pour 400 spermatozoïdes comptés.

Il est important de noter que ces méthodes d'analyse manuelle peuvent varier d'un laboratoire à l'autre, ce qui rend difficile la comparaison directe des résultats entre différentes études ou centres. L'erreur d'estimation doit donc être prise en considération lors de l'interprétation des données sur le sperme.

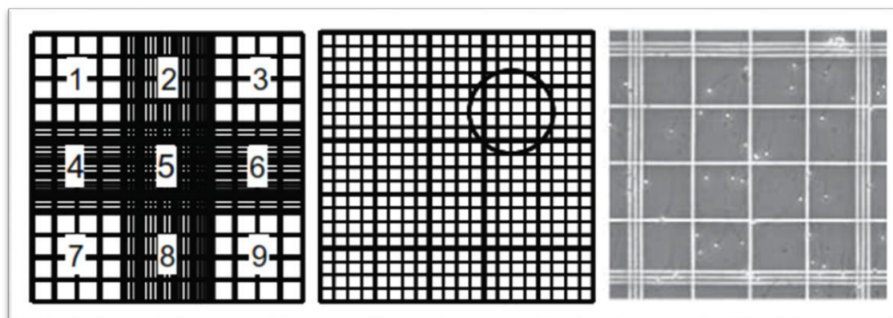


FIG. 2.3 – Chambre de comptages des spermatozoïdes [38]

2.4 L'analyse du sperme assistée par ordinateur(CASA)

Le terme CASA, abréviation de "Computer-Assisted Sperm Analysis" en anglais, désigne une méthode d'analyse automatisée du sperme utilisant des outils informatiques. La CASA fait référence à l'utilisation de systèmes informatiques et de logiciels spécialisés pour évaluer et mesurer les paramètres spermatiques, tels que la motilité des spermatozoïdes, la concentration, la morphologie et d'autres caractéristiques importantes [34].

Les systèmes CASA sont conçus pour capturer des images numériques des échantillons de sperme, segmenter les spermatozoïdes et utiliser des algorithmes pour mesurer différents paramètres. Ces mesures peuvent fournir des informations objectives et quantitatives sur la qualité du sperme, facilitant ainsi l'évaluation de la fertilité masculine, la surveillance des traitements de fertilité, la recherche sur la physiologie spermatique et d'autres applications cliniques et scientifiques.

La CASA offre plusieurs avantages par rapport aux méthodes manuelles traditionnelles, notamment une analyse plus rapide, une réduction de la subjectivité des évaluations et la possibilité de générer des données plus précises et reproductibles. Cependant, il est important de noter que la CASA a également des limitations et nécessite une validation et une utilisation appropriées pour garantir la fiabilité des résultats.

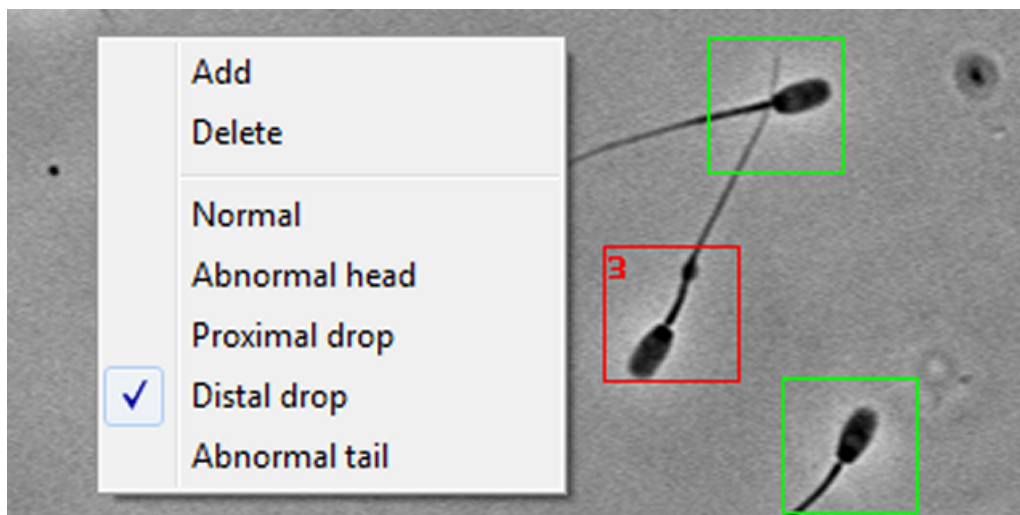


FIG. 2.4 – Analyse automatique des spermatozoïdes [3]

2.4.1 Description matérielle d'un système CASA

Un système CASA est un dispositif matériel automatisé composé des éléments suivants :

- Microscope à fort grossissement (zoom) : Le CASA est équipé d'un microscope de haute qualité capable de fournir un grossissement élevé pour l'observation détaillée des échantillons de sperme.
- Caméra : Le microscope est équipé d'une caméra intégrée qui permet la capture d'images et de séquences vidéo des échantillons de sperme.
- Système informatique : Un ordinateur puissant est essentiel pour le fonctionnement du CASA. Il traite les images et les séquences vidéo capturées par la caméra et exécute les programmes logiciels nécessaires pour analyser les caractéristiques du sperme.
- Logiciels de traitement d'image : Le CASA utilise des programmes spécifiques qui permettent le traitement des images et des séquences vidéo. Ces logiciels utilisent des algorithmes conçus pour détecter et analyser les spermatozoïdes présents dans les échantillons, fournissant ainsi des évaluations et des estimations précises sur leurs caractéristiques.



FIG. 2.5 – Dispositif matériel d'un système CASA[3]

2.4.2 Historique du développement des systèmes CASA

Le développement des systèmes CASA (Computer-Assisted Sperm Analysis) a commencé dans les années 80 avec l'introduction de la micro-informatique. Les premiers systèmes étaient basés sur des algorithmes simples pour mesurer la vitesse et la trajectoire des spermatozoïdes [49].

Au fil du temps, les systèmes CASA ont évolué pour inclure des paramètres supplémentaires tels que la morphologie et la concentration des spermatozoïdes. Les normes de l'OMS ont été introduites dans les années 1990 pour standardiser les méthodes d'analyse du sperme, ce qui a conduit à une plus grande uniformité dans les résultats obtenus par différents systèmes CASA [49].

Les systèmes CASA modernes utilisent une variété de technologies telles que l'imagerie haute résolution, l'apprentissage automatique et l'intelligence artificielle pour améliorer la précision et la fiabilité de l'analyse du sperme. Certains systèmes sont également capables d'analyser d'autres paramètres tels que le potentiel acrosomal et le contenu chromosomique [49].

2.4.3 Paramètres spermatiques évalués par les systèmes CASA

Le système CASA permet d'évaluer une variété de paramètres, parmi lesquels on peut citer :

- **La concentration**

La concentration du sperme est un élément clé de l'analyse du sperme. Elle fait référence au nombre de spermatozoïdes présents dans un échantillon de sperme donné et est mesurée en millions de spermatozoïdes par millilitre (mio/ml). Plusieurs chercheurs ont associé l'infertilité chez de nombreuses espèces à un faible nombre de spermatozoïdes [31]. L'évaluation précise de la concentration de sperme à l'aide des systèmes d'analyse automatique du sperme reste un défi dans les études de toutes les espèces. Effectivement, Une surestimation fréquente de la concentration a été constatée lors de l'utilisation des systèmes CASA [16].

- **La Motilité**

La motilité est le paramètre d'analyse le plus fondamental dans l'évaluation du sperme. Elle représente la compétence fonctionnelle et le potentiel fertilisant d'un spermatozoïde [14].

Les systèmes CASA classifient les cellules en fonction de leur motilité en quatre catégories : progressive rapide (type a), lente progressive (type b), non progressive (type c) et immobile (type d). De plus, il convient de noter que la plupart des systèmes actuels se concentrent principalement sur l'analyse et le suivi de la tête du spermatozoïde pour évaluer la motilité, alors que le comportement du flagelle joue un rôle crucial dans la mobilité effective de la cellule spermatique [11]. En effet, diverses recherches scientifiques sur l'analyse de la motilité du sperme ont révélé que le flagelle se comporte comme un moteur à travers l'axonème.

- **La Morphologie**

La morphologie des spermatozoïdes est un élément essentiel lorsqu'il s'agit d'évaluer la qualité du sperme. Elle est évaluée en examinant les spermatozoïdes sur un frottis, qui est préparé en séchant les échantillons de sperme à l'air, puis en les fixant et en les colorant[46].

L'évaluation de la morphologie classe les spermatozoides en deux catégories : des spermatozoides typiques(normaux), et des spermatozoides atypiques (anormaux).Cez un humain par exemple ,un spermatozoides est dit typique lorsque[18] : La tête du spermatozoïde présente un contour ovale très régulier, avec un grand axe mesurant 5 μm et un petit axe mesurant 3 μm . Le rapport entre le grand axe et le petit axe est généralement de 1,66, mais il peut varier entre 1,33 et 2. De plus, l'acrosome, une structure située à l'extrémité de la tête, doit recouvrir de 40 à 70 % de la surface de la tête. Il doit également avoir un contour régulier et une texture homogène.

La pièce intermédiaire Elle mesure de 1,5 à 2 fois la longueur de la tête et a un diamètre de 0,6 à 0,8 μm . Le grand axe de la pièce intermédiaire est aligné avec le grand axe de la tête. Quant au flagelle, il mesure environ 45 μm de longueur et a un diamètre de 0,4 à 0,5 μm . il présente un contour régulier et un aspect homogène.

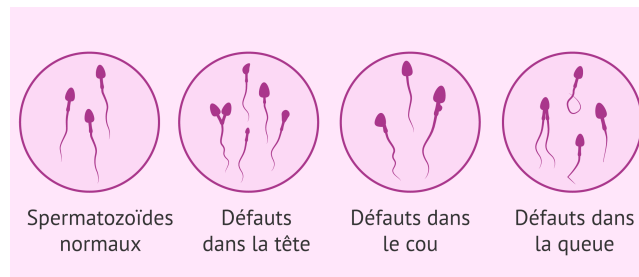


FIG. 2.6 – Types de malformations spermatiques [44]

Cependant, la morphologie est considérée par certains comme l'un des paramètres les plus subjectifs dans l'analyse et l'évaluation de la qualité du sperme [51]. Ce qui est dû à la forte-variabilité inter-laboratoire à laquelle elle est soumise. De plus certains chercheurs biologistes doutent même de son importance [35].

- **Paramètres cinétiques**

Les paramètres cinématiques du sperme se réfèrent aux mesures utilisées par le système CASA pour évaluer les mouvements et le comportement de chaque cellule spermatique existante dans l'échantillon analysé. Selon l'OMS ces mesures sont [38] :

- **VSL (Straight line velocity)** : la vitesse en ligne droite ($\mu\text{m/s}$) correspondant à la trajectoire rectiligne définie à partir de la distance entre la première et la dernière position de la tête.
- **VCL (Curvilinear velocity)** : la vitesse ($\mu\text{m/s}$) calculée selon la trajectoire curvilinéaire (somme des distances entre les différentes positions de la tête sur chaque image).
- **VAP (Average path velocity)** : la vitesse ($\mu\text{m/s}$) selon la trajectoire moyenne.
- **ALH (Amplitude of lateral head displacement)** : l'amplitude de déplacement latéral de la tête (μm) correspondant à la distance maximale obtenue en calculant pour chaque point constituant la trajectoire sa distance par rapport à la position moyenne.
- **LIN (linearity)** : la linéarité correspond au ratio VSL/VCL en pourcentage et illustre la direction de la trajectoire.
- **STR (Straightness)** : la rectitude de trajectoire correspond au ratio VSL/VAP et représente la linéarité de la trajectoire moyenne.

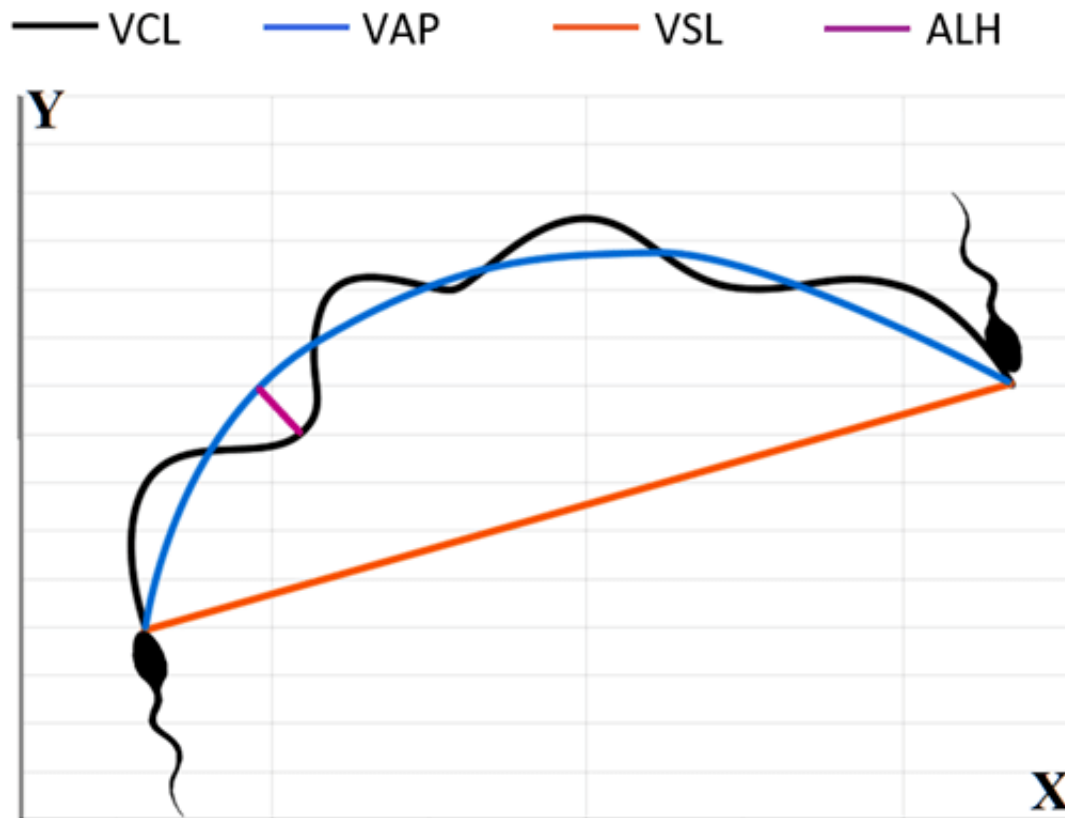


FIG. 2.7 – Terminologies standards des variables cinétiques mesurées par les systèmes CASA [38]

2.4.4 Principes de fonctionnement des systèmes CASA

A)- Enregistrement des sequences vidéos microscopiques

a- Préparation des échantillons

- Les enregistrements doivent être réalisés à une température ambiante d'environ 37°C.
- La concentration de sperme ne doit pas dépasser 50 millions de spermatozoïdes par millilitre. Si les échantillons sont plus concentrés, ils doivent être dilués.
- L'enregistrement vidéo peut être effectué à l'aide d'une chambre de comptage fixe de 20 μm de profondeur (utilisation de 7 μL de sperme) ou avec utilisation d'une lame avec couvre objet de 20mm * 20mm (utilisation de 10 μl de sperme).
- Un réglage du grossissement est demandé pour chaque paramètre évalué : pour la motilité et la concentration, le grossissement nécessaire est de *200 ou bien *400 et pour la morphologie, on adopte le grossissement *1000.

b- Processus d'enregistrement des vidéos

- Les enregistrements doivent être préparés dans une ou plusieurs sessions selon la qualité des échantillons de sperme disponibles.

- Avant de commencer l'enregistrement, une image de codage sera enregistrée pour vérifier la calibration du système pendant 10 secondes avec la vérification des bords (moins de 5 mm).
- L'enregistrement de champ durera 15 secondes chacun avec insertion de blanc, pendant 3 secondes, signifiant la fin de l'enregistrement du champ ou la fin de la vidéo.
- Ce processus est répété jusqu'à ce que le nombre souhaité d'échantillons ait été enregistré sur la vidéo.

B)- Identification et suivi des spermatozoïdes dans les vidéos enregistrées

Les différentes vidéos enregistrées sont capturées à l'aide d'une caméra, puis converties en images numériques. Cette capture d'images est effectuée dans un champ sombre à contraste de phase élevé négatif, ce qui permet d'obtenir des têtes de spermatozoïdes sous la forme d'objets blancs clairs sur un fond noir.

L'utilisation d'un champ sombre à contraste de phase élevé négatif présente plusieurs avantages. Tout d'abord, cela permet d'obtenir une luminosité constante lors du déplacement des spermatozoïdes. En maintenant un fond noir, les têtes des spermatozoïdes sont bien mises en évidence et faciles à distinguer. Cela facilite grandement l'identification et le suivi des spermatozoïdes dans les vidéos.

En capturant les images dans un champ sombre, le contraste entre les têtes des spermatozoïdes et le fond noir est maximisé, ce qui améliore la précision de l'analyse et facilite l'extraction des informations pertinentes. De plus, ce mode de capture permet de minimiser les interférences dues à la lumière ambiante et aux reflets, ce qui peut compromettre la qualité et la clarté des images.

C)- Calcul et estimation des paramètres d'évaluation du sperme

La concentration, la motilité, la morphologie et les paramètres cinétiques du sperme sont estimés à l'aide d'outils et d'algorithmes de traitement d'images spécialisés. L'analyse des images permet de déterminer ces différents paramètres de manière précise et objective.

Pour estimer la concentration du sperme, les logiciels de traitement d'images utilisent des méthodes de comptage automatique des spermatozoïdes présents dans l'échantillon. En détectant et en comptant les têtes des spermatozoïdes dans les images, il est possible d'estimer la concentration en spermatozoïdes par unité de volume.

La motilité des spermatozoïdes, est évaluée en analysant les trajectoires individuelles de chaque spermatozoïde. Les algorithmes de traitement d'images suivent le mouvement des spermatozoïdes d'une image à l'autre dans la séquence vidéo, en utilisant des techniques de suivi des objets. Cela permet de mesurer la vitesse, la trajectoire et d'autres paramètres cinétiques pour évaluer la motilité du sperme.

La morphologie des spermatozoïdes est évaluée en analysant les caractéristiques morphologiques de leur tête. Les logiciels de traitement d'images utilisent des algorithmes de segmentation et de reconnaissance des formes pour extraire et mesurer des paramètres morphologiques tels que la taille, la forme et l'intégrité de la tête du spermatozoïde.

La fréquence de capture vidéo prédéfinie (nombre d'images par seconde) et la marge de valeurs des niveaux de gris (intervalle) des pixels de la tête du spermatozoïde sont des paramètres importants lors de l'analyse de la trajectoire de chaque spermatozoïde. Ces paramètres sont utilisés pour déterminer la précision de la mesure et l'identification des spermatozoïdes individuels dans la séquence vidéo.

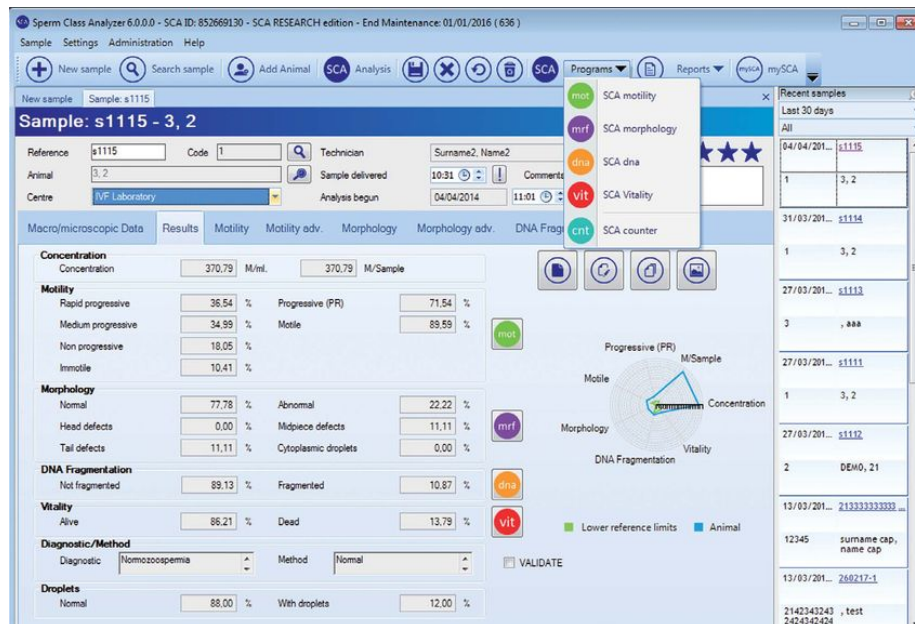


FIG. 2.8 – Exemple d'une interface graphique d'une analyse effectuée par un système CASA [3]

2.4.5 Systèmes CASA modernes

Avec les avancées de l'analyse de sperme assistée par ordinateur, de nombreux fabricants d'équipements d'analyse microscopique se sont lancés dans la conception et la commercialisation de leurs propres systèmes CASA. Voici une liste de quelques-uns des systèmes CASA les plus largement commercialisés dans le monde actuel :

1. SCA (Sperm Class Analyzer) Scope (Microscopic (Espagne), 2019).



FIG. 2.9 – SCA Sperm Class Analyzer Scope [3]

2. CEROS II Clinical(Hamilton Thorne, Inc(USA),2017).

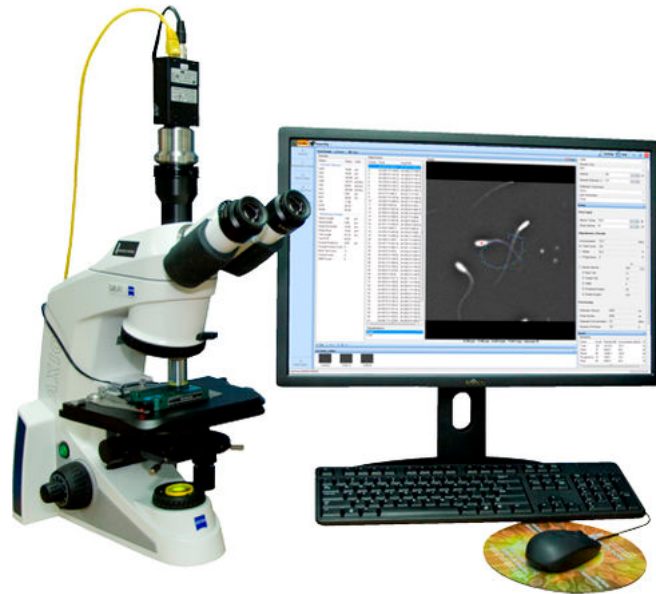


FIG. 2.10 – CEROS II Sperm Analyzer [2]

3. IVOS II Clinical(Hamilton Thorne, Inc(USA),2017).

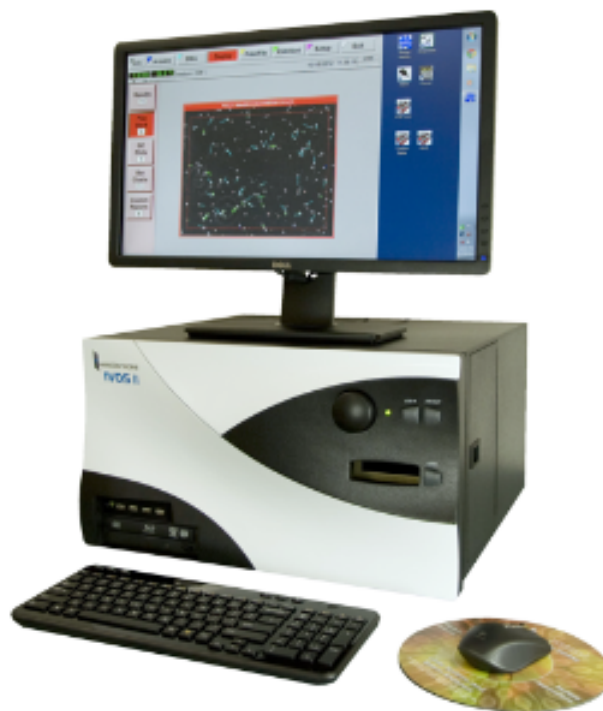


FIG. 2.11 – IVOS II Sperm Analyzer [2]

4. **SMAS (Sperm motility and morphology analysis system)**(Ditect Corporation(Japon),2015).



FIG. 2.12 – SMAS Sperm Analyzer [47]

2.5 Analyse basée sur le deep learning

L'analyse basée sur le deep learning représente une avancée majeure dans l'étude des spermatozoïdes, offrant de nouvelles perspectives pour comprendre leur morphologie et leur mobilité. Des travaux antérieurs ont déjà démontré l'efficacité du deep learning dans l'automatisation de l'analyse des spermatozoïdes, ouvrant ainsi la voie à des méthodes plus précises et rapides pour évaluer la fertilité et les paramètres de la reproduction.

- **Yolov5 dans la détection des cellules spermatiques**

Michal Dobrovolny et al [12], ont décrit une méthode de détection de spermatozoïdes basée sur le model YOLOv5. La méthode utilise un ensemble de données étiquetées pour entraîner le modèle YOLOv5 à détecter les spermatozoïdes dans des images microscopiques.

La première étape consiste à faire un prétraitement des images pour améliorer la qualité et réduire le bruit. Ensuite, une approche hybride est utilisée pour détecter les spermatozoïdes. Cette approche combine plusieurs méthodes de segmentation, notamment la segmentation basée sur la région et la segmentation basée sur les contours, pour détecter avec précision les spermatozoïdes parmi le bruit et les débris. Une fois que les spermatozoïdes ont été détectés, leur concentration est définie en utilisant les caractéristiques géométriques de l'ellipse englobante de la tête du spermatozoïde. La différence inter-trame est ensuite utilisée pour détecter les spermatozoïdes mobiles.

Cette méthode a donné des résultats prometteurs, avec une précision moyenne de 96,7 % pour la détection des spermatozoïdes dans les images microscopiques et une précision moyenne de 94,3 % pour la détection des spermatozoïdes mobiles.

Les avantages de cette méthode sont sa précision et sa rapidité par rapport aux méthodes manuelles. Cependant, elle peut être limitée par la qualité des images microscopiques, qui peuvent contenir du bruit ou des artefacts qui peuvent affecter la précision de la détection. En résumé, cette méthode offre une alternative efficace et rapide à la détection manuelle des spermatozoïdes dans des images microscopiques. Elle peut être utile dans diverses applications liées à la santé reproductive, mais elle nécessite des images microscopiques de haute qualité pour obtenir des résultats précis.

- **Détection et classification basée sur MobilNet**

Hamza O. Ilhan et al [36], ont proposé un système hybride entièrement automatisé pour l'analyse morphologique des spermatozoïdes qui utilise des techniques d'extraction de caractéristiques et d'apprentissage automatique.

Dans la phase de classification, plusieurs approches d'extraction de caractéristiques ont été appliquées, notamment la transformée en ondelettes discrète (DWT), la transformée en ondelettes discrètes à deux temps (DTWT) et la transformée en ondelettes en arbre à coefficients complexes (DTCWT) pour les caractéristiques de texture, ainsi que SURF, MSER et KAZE pour les caractéristiques basées sur des descripteurs. Les sorties de ces approches ont ensuite été alimentées dans des techniques d'apprentissage automatique individuelles et en ensemble. Ensuite, trois architectures de réseaux neuronaux convolutifs (CNN) ont été testées pour la classification de la morphologie des spermatozoïdes : InceptionV3, VGG19 et MobileNets. Le système utilise également une technique de parcimonie de groupe pour améliorer la performance de segmentation. En résumé, le système hybride entièrement automatisé combine différentes techniques d'extraction de caractéristiques et d'apprentissage automatique pour analyser morphologiquement les spermatozoïdes humains.

Il est noté que la performance du système hybride n'est pas directement mesurée sur les patches bruts obtenus à partir du système d'acquisition d'images. Cela peut limiter la capacité du système à traiter des images de qualité inférieure ou des images acquises dans des conditions différentes de celles utilisées dans l'étude. Les méthodes proposées ont produit des résultats de précision de classification allant jusqu'à 87 %.

- **Un CNN pour la détection d'anomalies dans la morphologie des spermatozoïdes**

L.Prabaharan et A.Raghunathan [28], ont présenté une méthode innovante pour la détection d'anomalies dans la morphologie des spermatozoïdes humains mâles, qui peut aider à diagnostiquer l'infertilité chez les couples.

La méthode utilise un réseau neuronal convolutif profond pour détecter les anomalies et une approche améliorée de représentation, de segmentation et de classification d'image pour améliorer les résultats du classificateur. La méthode utilise

également une approche basée sur la morphologie et l'approche du seuillage d'Otsu pour représenter et segmenter l'image.

En entrée, les auteurs ont utilisé un ensemble de données public contenant 20 images, où chaque image contient de 15 à 20 spermatozoïdes. Le modèle proposé dans MATLAB a montré un taux de réussite élevé, allant jusqu'à 98,99 %. Les résultats montrent que la méthode proposée a une performance améliorée par rapport aux approches existantes. Cependant, la méthode présente également certaines limites, notamment sa spécificité aux spermatozoïdes humains mâles et sa dépendance à une base de données d'images de spermatozoïdes humains mâles pour l'entraînement et la validation du modèle.

- **DeepSperm : modèle de détection des spermatozoïdes**

Hidayatullah et al [15] ont développé un modèle de détection des cellules spermatozoïdes du taureau appelé DeepSperm. Dans l'architecture proposée, ils n'ont utilisé qu'une seule couche de détection spécifique aux petits objets. Afin de gérer l'overfitting et d'augmenter la précision, ils ont fixé une résolution d'entrée réseau plus élevée, ajouté une couche d'abandon et procédé à l'augmentation des données sur la saturation et l'exposition.

Plusieurs hyperparamètres ont été réglés pour obtenir de meilleures performances. Ils ont obtenu une précision moyenne de 94,11 % (mAP) sur l'ensemble de données de test, un score F1 de 0,93 et une vitesse de traitement de 51,9 images par seconde. Les auteurs ont comparé DeepSperm avec le modèle de détection YOLOv4, et les résultats ont montré que leur modèle était 2,18 fois plus rapide en test et 2,9 fois plus rapide. De plus, il nécessite 1,07 fois moins d'unités de traitement graphique (GPU) que YOLOv4.

- **TOD-CNN : Détection d'objets minuscules**

Zou et al [60], ont proposer un nouveau modèle, un réseau neuronal convolutif TOD-CNN pour la détection d'objets minuscules dans les vidéos microscopiques de sperme.

Cette méthode utilise une interface utilisateur graphique (GUI) pour faciliter son utilisation et son test. Elle est entraînée à l'aide d'un ensemble de données de vidéos microscopiques de sperme de haute qualité contenant plus de 278 000 objets annotés. TOD-CNN est conçu pour détecter les objets minuscules dans les vidéos microscopiques, en particulier les spermatozoïdes, en surmontant les problèmes de flou, d'irrégularité et de positionnement précis des objets.

D'excellents résultats de détection ont été obtenus et une capacité de détection en temps réel pour la détection d'objets minuscules dans une vidéo microscopique de spermatozoïdes, avec 85,60 % d'AP50 et 35,7 images par seconde (FPS). Cependant, il est important de noter que cette méthode est conçue pour la détection d'objets minuscules dans les vidéos microscopiques de sperme et peut ne pas être adaptée à d'autres types d'objets ou de vidéos. De plus, bien que cette méthode obtienne d'excellents résultats de détection, elle peut encore présenter des limites en termes de précision et de vitesse pour certaines applications spécifiques.

2.6 Conclusion

Dans ce chapitre nous avons mis en évidence le spermatozoïde, qui constitue l'élément fondamental de notre objectif d'analyse d'images microscopiques. Nous avons défini ses caractéristiques et expliqué le processus de sa production dans le système génital. De plus, nous avons décrit l'intérêt et l'apport de l'analyse de cette particule dans différents domaines, tels que la biologie, la médecine et la médecine vétérinaire.

Par ailleurs, nous avons exploré les paramètres, les méthodes et les outils manuels et automatiques d'analyse des cellules spermatiques, en accordant une attention particulière à l'approche de l'analyse assistée par ordinateur et les techniques basée sur le deep learning, qui ont inspiré notre projet. En conclusion, ce chapitre nous permet d'acquérir une compréhension approfondie de l'aspect biologique de notre travail et de l'analyse des spermatozoïdes, et une exploration des méthodes et techniques basées sur l'IA déjà existantes.

Chapitre 3

Méthodologie approfondie

Dans ce chapitre, nous nous penchons sur la mise en oeuvre d'une approche du DeepLearning, en utilisant une technique de détection et suivi d'objets basées sur l'algorithme DeepSORT, ce dernier s'appuie sur YOLO. Avant d'entrer dans les détails de cette méthode, nous commencerons par présenter la dataset que nous avons utilisée et expliquerons comment elle a été préparée pour nos expériences.

Ensuite, nous allons aborder les différentes versions de YOLO et procéder à une comparaison approfondie entre elles. Cette analyse comparative nous permet de sélectionner la version la plus adaptée à notre objectif de détection d'objets en temps réel.

Préalablement à l'étape de détection d'objets, nous effectuons une classification préliminaire des images de la dataset. Cette étape nous permet de regrouper les images selon les catégories d'objets présents, facilitant ainsi la tâche de détection ultérieure.

La détection d'objets constitue une étape cruciale de notre méthode, où nous cherchons à localiser et à identifier les objets d'intérêt dans les vidéos. Pour cela, nous exploitons les capacités de la méthode YOLO, qui permet une détection rapide et précise des objets dans une seule passe sur l'image.

Enfin, nous abordons la question du tracking, qui consiste à suivre les objets détectés au fil des images. Cette étape s'avère essentielle pour analyser le mouvement des objets dans une séquence d'images et permettre des analyses plus approfondies par la suite.

Dans les sections suivantes de ce chapitre, nous détaillons chaque étape de notre méthode, en expliquant les choix que nous avons faits.

3.1 Ensemble de données et prétraitement

Dans cette section, nous aborderons le problème du manque de données dans l'analyse des spermatozoïdes, en mettant l'accent sur deux bases de données existantes, à savoir le Visem et le SVIA, ainsi que leurs limitations ensuite nous passons à la description détaillée de notre dataset.

WISEM [50] et SVIA [10] sont les bases de données les plus utilisées dans le domaine de l'analyse des spermatozoïdes. elles fournissent des images annotées de spermatozoïdes humains, permettant aux chercheurs de développer des algorithmes d'analyse et de classification. Cependant, deux limitations majeures de ces bases de données résident dans leur spécificité à une seule espèce, à savoir l'espèce humaine. Cela restreint la généralisation des modèles développés à d'autres espèces animales, limitant ainsi leur applicabilité dans des études comparatives. Aussi, avec un nombre limité d'instances par image, il devient difficile d'obtenir des modèles d'analyse précis et robustes, car une quantité insuffisante de données peut compromettre la représentativité des caractéristiques morphologiques des spermatozoïdes.

Face à ces limitations, nous développons une nouvelle base de données qui combine une plus grande diversité d'espèces animales tout en garantissant une quantité adéquate d'instances par image.

3.1.1 Description de l'ensemble de données Multi Species Data MSD

Nous avons collecté 60 vidéos de sperme provenant de trois espèces différentes : âne, bélier et coq. Chaque espèce est représentée par 20 séquences. Les enregistrements ont été réalisés au Laboratoire de Biologie animale de l'Université Abderrahmane Mira à Béjaia sous la supervision de Mr IGUEROUDA Mokrane.

Les séquences vidéo ont été capturées à l'aide d'un microscope du système CASA appelé Sperm Class Analyzer. Le microscope utilisé est un Olympus BX 51 équipé d'un objectif à contraste de phase avec une magnification de 10x pour capturer les spermatozoïdes. Les images ont été capturées à l'aide d'une caméra Basler Ace acA1300-200uc.

Chaque vidéo avait une durée d'une seconde. La résolution des vidéos était de 780 x 580 pixels et elles étaient enregistrées à une cadence de 25 images par seconde au format AVI. Il convient de souligner que chaque vidéo a été enregistrée dans des conditions d'éclairage légèrement différentes.

À partir de chaque vidéo, nous avons extrait des images individuelles au format JPG, soit 500 images par espèce. Le Tableau 3.1 suivant nous fournit les informations globales sur ces données :

Espèce	Vidéos	Durée (s)	Images	Résolution
Coq	20	1	500	780*580
Ane	20	1	500	780*580
Belier	20	1	500	780*580
Total	60	–	1500	–

TAB. 3.1 – Informations globales relatives aux données obtenus.

Les figures suivantes représentent des exemples d'images microscopiques selon l'espèce dans notre data set :

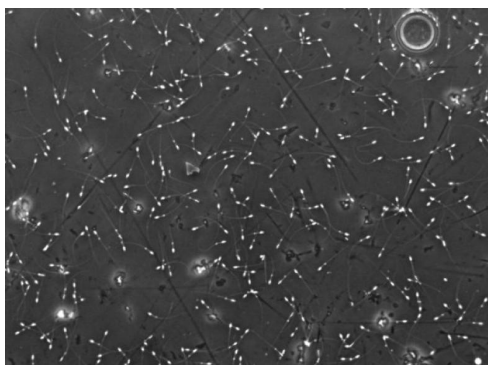


FIG. 3.1 – Image originale du sperme d'Âne.

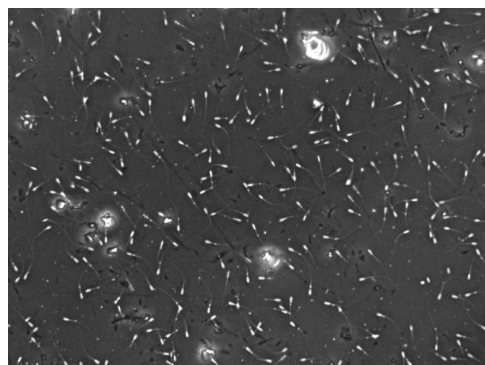


FIG. 3.2 – Image originale du sperme du Belier.

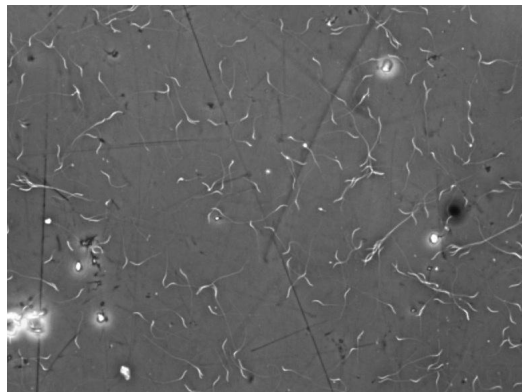


FIG. 3.3 – Image originale du sperme du Coq.

3.1.2 Processus d’annotation

Les données utilisés ont été obtenues à partir de la détection manuelle des spermatozoïdes par nous même. L’ensemble de données de cette étude était relativement petit car il était assez laborieux d’annoter des centaines de cellules spermatiques dans une image vidéo, plusieurs jours ont été nécessaires pour annoter 1500 images. On a annoté ce dernier avec une seule classe qui représente la cellule spermatique en utilisant Roboflow qui est une plateforme de vision par ordinateur qui facilite la gestion et le prétraitement des ensembles de données d’images et de vidéos pour les projets d’apprentissage automatique. C’est l’outil le plus convivial pour annoter de petits objets tels que les cellules spermatiques. Il permet de générer des fichiers d’annotation adaptable aux besoins spécifique de l’usager, dans notre cas il s’agit de fichier texte avec le format suivant :

$$\langle \text{object} - \text{class} \rangle \quad \langle x_{\text{center}}, \quad y_{\text{center}} \rangle \quad \langle \text{width}, \quad \text{height} \rangle$$

où object-class est l’identité de l’objet, un nombre entier allant de 0 à (classes-1), et x-center, y-center, width, height sont les spécifications de la boîte englobante, des nombres flottants relatifs à la largeur et à la hauteur de l’image, allant de 0,0 à 1,0. En tant que note supplémentaire, nous avons évalué les spermatozoïdes qui atteignaient la bordure de l’image. S’ils avaient 50 % de leur tête visible, ils étaient marqués et comptés. Comme nous avons trois espèces de l’ensemble de données, le nombre d’échantillons dans chaque espèces de l’ensemble de données est différent, comme présenté dans le Tableau 3.2 . Au total, 296480 cellules spermatiques ont été annotées.

Espèce	Instances	Instances/Image
Coq	101185	202.3
Ane	98999	197.9
Belier	96296	192.5
Total	296480	197.6

TAB. 3.2 – Informations relatives aux données après l’annotation.

3.1.3 Aperçu de deux ensembles de données de sperme humain existants

Nous présentons le Tableau 3.3 sur un aperçu de deux ensembles de données de sperme humain existants, qui sont essentiels pour le développement de modèles et d’algorithmes de classification et de détection des cellules spermatiques. Ce Tableau fournit une synthèse des caractéristiques clés de ces ensembles de données, offrant ainsi une vue d’ensemble des ressources disponibles dans ce domaine.

Auteur	Nom/Titre	Images	Vidéos	Description
Chen et al.[10]	SVIA :Sperm Videos and Images Analysis dataset	4041	101(1-2s)	L’ensemble de données se compose de 278 000 objets annotés répartis en trois sous-ensembles. Les données peuvent être utilisées pour la définition d’objets, la protection (125 000 annotations), la segmentation (26 000 annotations) et la classification (125 880 objets d’images).
Vajira et al.[50]	VISEM-Tracking	29196	20(30s)	L’ensemble de données contient 656 334 objets annotés. Il peut être utilisé pour la détection et le suivi de cellules spermatiques ainsi que la régression.
Notre dataset	MSD : Multi-species dataset	6000	20(1s)	Notre ensemble de données de trois espèces (âne, bœuf et coq) contient 296 480 objets annotés. Il peut être utilisé pour la détection et le suivi de cellules spermatiques ainsi que la classification par espèce.

TAB. 3.3 – Description des datasets existants.

3.1.4 Prétraitement des données

L'analyse des spermatozoïdes est une tâche complexe qui nécessite une approche précise et détaillée pour extraire des informations pertinentes à partir d'images. Cependant, la taille et la complexité des images de spermatozoïdes peuvent représenter un défi lorsqu'il s'agit d'appliquer des modèles d'analyse. Dans cette section, nous aborderons le problème de la résolution des images de spermatozoïdes, ainsi que la solution proposée.

Lorsque l'on examine une image de spermatozoïde, il peut être difficile de détecter et d'analyser les caractéristiques spécifiques qui jouent un rôle crucial dans l'évaluation de la qualité du sperme. Les spermatozoïdes peuvent être très petits et présenter des détails subtils. Par conséquent, le découpage des images en plusieurs parties peut faciliter l'extraction des caractéristiques et des informations pertinentes. La solution adoptée présente plusieurs avantages. Tout d'abord, il permet de réduire la complexité de l'analyse en se concentrant sur des régions spécifiques de l'image. Deuxièmement, il facilite la détection de caractéristiques spécifiques. Enfin, cela permet également de réduire la taille des données à traiter, ce qui peut être bénéfique en termes de temps de calcul et de ressources nécessaires.

En utilisant cette approche de découpage, il devient possible d'appliquer des modèles d'analyse plus précis et robustes sur chaque partie de l'image, améliorant ainsi la compréhension des caractéristiques morphologiques et de la mobilité des spermatozoïdes.

Processus du prétraitement

Dans notre ensemble de données, nous avons effectué un prétraitement en découpant chaque image en 4 parties égales, ce qui a entraîné une résolution de 390x290 pixels par partie en ajustant les annotations. De plus, nous avons augmenté le nombre d'images par espèce de 500 à 2000 images (voir le Tableau 3.4). Ce prétraitement présente une valeur significative pour la détection de petits objets, car il permet d'améliorer la résolution des images et d'augmenter la diversité des échantillons disponibles, ce qui renforce la capacité du modèle à détecter et classifier avec précision les cellules spermatiques.

Espèce	Vidéos	Durée (s)	Images	Résolution
Coq	20	1	2000	390*290
Ane	20	1	2000	390*290
Belier	20	1	2000	390*290
Total	60	–	6000	–

TAB. 3.4 – Informations relatives aux données obtenus après le prétraitement.

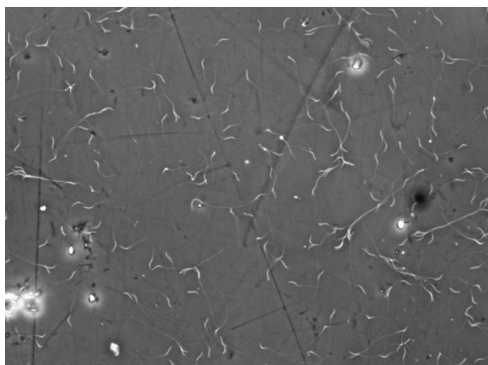


FIG. 3.4 – Exemple d'image originale du sperme du coq.

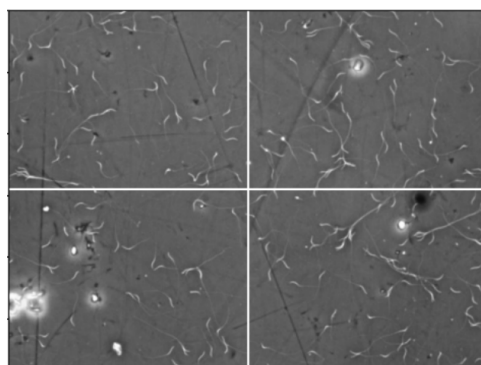


FIG. 3.5 – L'image du sperme du coq après le prétraitement.

3.1.5 Utilisation du dataset public Visem-Tracking

WISEM-Tracking dataset est un ensemble de données qui contient 20 vidéos de 30 secondes chacune, enregistrées à partir de préparations humides de spermatozoïdes. Les vidéos ont été sélectionnées pour leur diversité afin d'obtenir le plus grand nombre possible d'échantillons de suivi différents, puis découpées au Totale de 29196 images soit une moyenne de 1459,8 images par vidéos et d'une résolution de 640*480. Par la suite, ils étaient annotés manuellement avec des coordonnées de boîtes englobantes avec 3 classes (sperm, cluster, small or pinhead) ce qui a donné 656334 instances. WISEM-Tracking dataset peut être utilisée pour l'évaluation de la motilité et de la cinématique des spermatozoïdes.[50]

Dans notre travail nous avons récupéré des données à partir de ce data-set qui est uniquement de l'espèce humaine afin d'avoir une diversité d'espèce. Pour but d'équilibrer notre jeu de données nous avons extrait les 100 premières images consécutives de chaque vidéos en gardant la même résolution pour avoir 2000 images annotées. Ensuite, nous avons gardé uniquement les annotations qui représentent les cellules spermatozoïdes, ce qui nous a permis d'acquérir au Totale 43136 instances, soit en moyenne de 21,5 instances par images, comme présenté dans le Tableau 3.5.

Dataset	Images	Résolution	Instances	Instances/Image
Visem	2000	640*480	43136	21.5

TAB. 3.5 – Informations relatives au dataset généré de Visem après le prétraitement.

La figure 3.6 suivante nous illustre un exemple d'image du data set WISEM-Tracking :

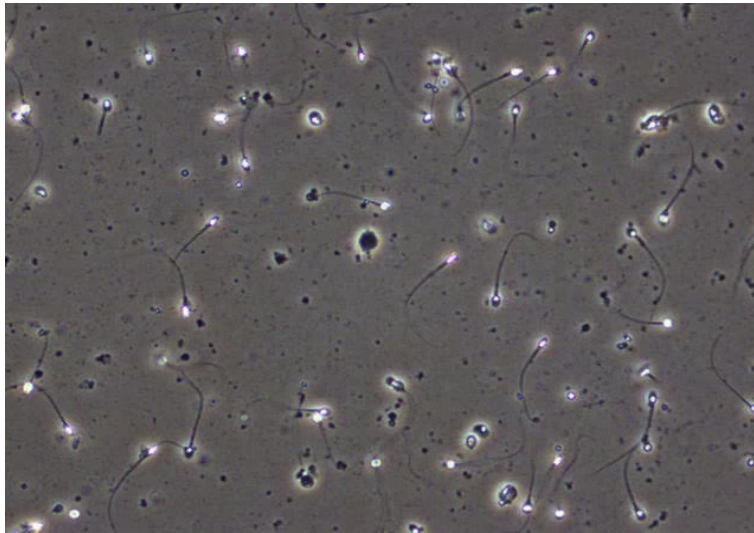


FIG. 3.6 – Image du data set VISEM.

3.1.6 Division des données (splitting data)

Afin d'évaluer les performances de notre Méthodes sur des données indépendantes et de s'assurer de sa capacité à généraliser correctement, nous avons séparé notre ensemble de données en sous-ensembles distincts pour des fins d'entraînement, de validation. Cette division est répartie en pourcentages, tels que 80% pour l'entraînement, 20% pour la validation.

Pour chaque espèces nous avons appliqué la division citée en dessus sur les données avant le prétraitement et après le prétraitement d'une manière à équilibrer le nombre d'images et le nombre classes en respectant le pourcentage, cela nous a permis d'avoir des sous-ensembles bien équilibrés. Le Tableau 3.6 suivant nous montre les informations sur les deux sous-ensembles avant le prétraitement :

Sous-ensemble	Espèces	Images	Résolution	Instances	Instances/Image
Entraînement	Coq	400	780*580	81098	202.7
	Belier	400	780*580	77027	192.5
	Âne	400	780*580	79162	197.9
	Humain	1600	640*480	35021	21.8
Validation	Coq	100	780*580	20087	200.8
	Belier	100	780*580	19269	192.7
	Âne	100	780*580	19837	198.3
	Humain	400	640*480	8115	20.2

TAB. 3.6 – Les sous-ensembles d'entraînement et de validation générés avant le prétraitement.

Le Tableau 3.7 suivant nous montre les informations sur les deux sous-ensembles après le prétraitement :

Sous-ensemble	Espèces	Images	Résolution	Instances	Instances/Image
Entraînement	Coq	1600	390*290	81098	202.7
	Belier	1600	390*290	77027	192.5
	Âne	1600	390*290	79162	197.9
	Humain	1600	640*480	35021	21.8
Validation	Coq	400	390*290	20087	200.8
	Belier	400	390*290	19269	192.7
	Âne	400	390*290	19837	198.3
	Humain	400	640*480	8115	20.2

TAB. 3.7 – Les sous-ensembles d’entraînement et de validation générés après le prétraitement.

3.2 Description de la méthode proposée

Pour l’objectif de notre étude qui est l’analyse des spermatozoïdes avec les techniques d’intelligence artificielle, nous avons mis en œuvre une méthode qui repose sur une combinaison puissante de techniques avancées telles que YOLO, DeepSORT et MobileNetV2.

Tout d’abord, nous utilisons MobileNetV2 pour effectuer une classification précise des espèces de cellules spermatiques, ce qui permet une analyse spécifique et adaptée à chaque espèce. Ensuite, nous utilisons YOLO pour la détection précise des cellules spermatiques dans les vidéos, en identifiant et en localisant chaque cellule avec une grande précision.

Une fois les cellules détectées, nous appliquons DeepSORT pour le suivi et l’association des cellules entre les différents instants de temps, permettant ainsi de suivre le mouvement des cellules à travers les images vidéo. Cette approche de suivi robuste assure une analyse précise de la motilité et de la trajectoire des cellules spermatiques.

Enfin, on passe à l’analyse de motilité des cellules spermatiques en utilisant les résultats du suivi. Cette analyse agit de calculer les paramètres essentiels de motilité qui sont : VAP, VCL, VSL, STR, LIN ainsi que la concentration.

En combinant ces différentes techniques, notre méthode offre une approche complète et performante pour l’analyse des cellules spermatiques, en fournissant des résultats précis pour la détection, la classification et le suivi des cellules à travers les vidéos. Ces avancées sont cruciales pour améliorer la compréhension de la motilité des spermatozoïdes et ouvrent de nouvelles possibilités pour la recherche en biologie de la reproduction et la médecine reproductive. La figure 3.7 nous montre un schéma illustrant cette méthodologie.

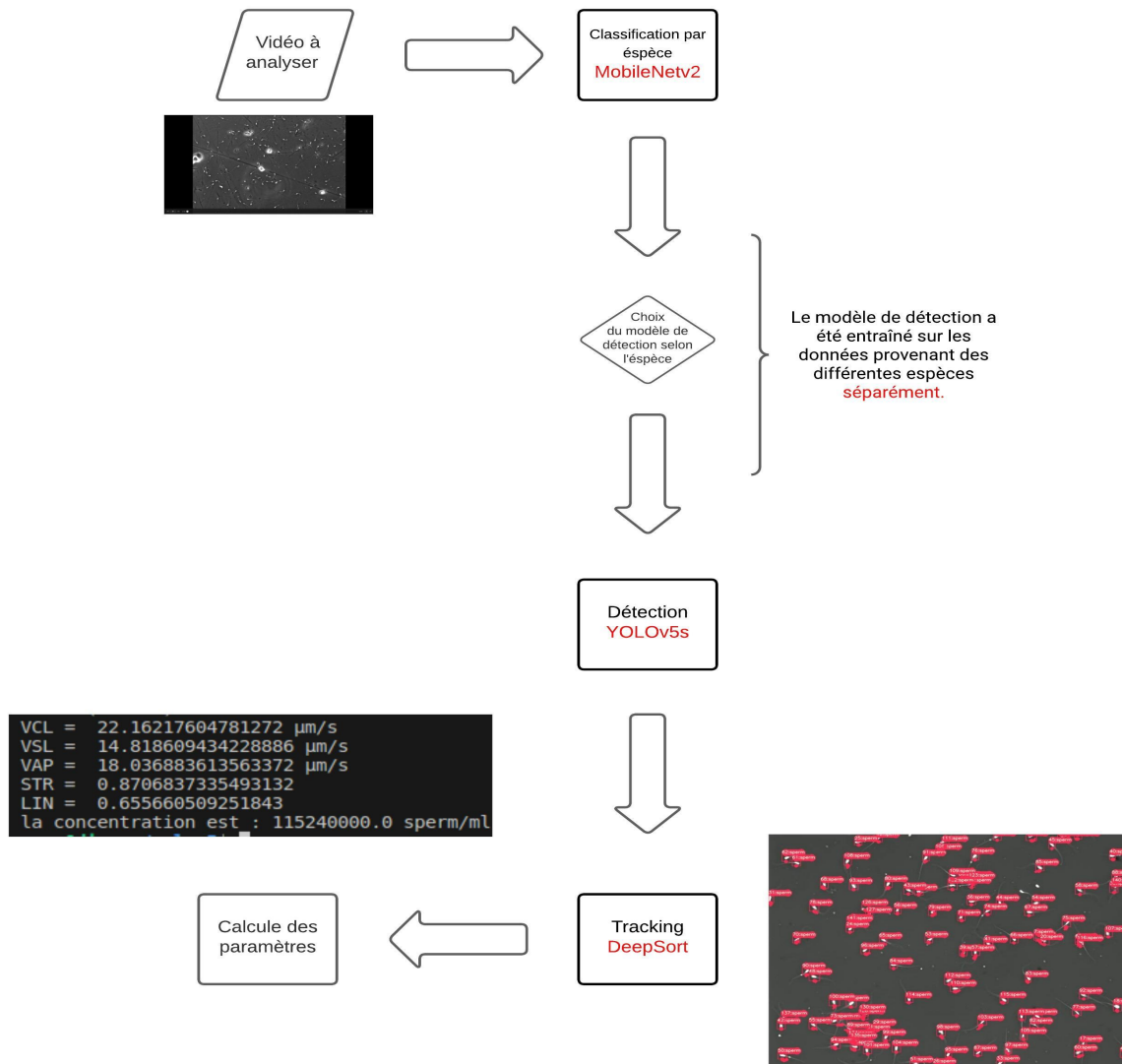


FIG. 3.7 – Organigramme du processus d'analyse proposé.

3.2.1 MobileNetV2 : Algorithme de classification

MobileNetV2 [45] est conçue pour être efficace en termes de ressources tout en maintenant des performances de classification d'images élevées. Il est basée sur des idées clés telles que l'utilisation de couches de convolution légères, de connexions résiduelles et de blocs résiduels inversés.

L'Architecture du modèle MobilNetV2

L'architecture du MobileNetV2 comprend une couche de convolution initiale entièrement convolutive avec 32 filtres, suivie de 19 couches résiduelles de bottleneck avec ReLU6 comme fonction d'activation pour introduire une non-linéarité dans le modèle, ce qui permet au réseau neuronal de capturer des relations complexes et des motifs non linéaires dans les données. La taille de noyau est $3 * 3$ comme c'est la norme pour les réseaux modernes. Le dropout et la normalisation par lots sont utilisés pendant l'entraînement. [45]

La figure 3.8 nous illustre en détails cette architecture.

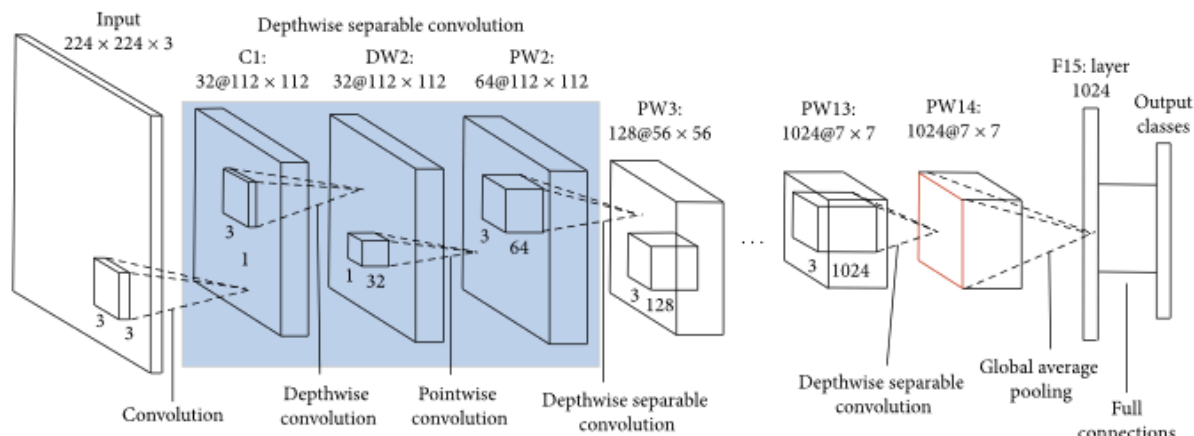


FIG. 3.8 – Architecture du modèle MobilNetV2.

En ce qui concerne les hyperparamètres de compromis, l'architecture est adaptée à différents points de performance en utilisant la résolution de l'image d'entrée et le multiplicateur de largeur comme hyperparamètres ajustables, qui peuvent être modifiés en fonction des compromis souhaités entre précision et performance. Comme nous le montre le Tableau 3.8, chaque ligne décrit une séquence de 1 ou plusieurs couches identiques (modulo le stride), répétées n fois. Toutes les couches dans la même séquence ont le même nombre c de canaux de sortie. La première couche de chaque séquence a un stride s et toutes les autres utilisent un stride de 1. Toutes les convolutions spatiales utilisent des noyaux de taille $3 * 3$. Le facteur d'expansion t est toujours appliqué à la taille d'entrée.

Input	Operator	t	c	n	s
$224^2 \times 3$	conv2d	-	32	1	2
$112^2 \times 32$	bottleneck	1	16	1	1
$112^2 \times 16$	bottleneck	6	24	2	2
$56^2 \times 24$	bottleneck	6	32	3	2
$28^2 \times 32$	bottleneck	6	64	4	2
$14^2 \times 64$	bottleneck	6	96	3	1
$14^2 \times 96$	bottleneck	6	160	3	2
$7^2 \times 160$	bottleneck	6	320	1	1
$7^2 \times 320$	conv2d 1x1	-	1280	1	1
$7^2 \times 1280$	avgpool 7x7	-	-	1	-
$1 \times 1 \times 1280$	conv2d 1x1	-	k	-	-

TAB. 3.8 – Hyperparamètres du modèle MobileNetV2.

Motivation du choix du classifieur MobileNetV2

MobileNetV2 était choisi pour la classification des espèces de cellules spermatiques en raison de ses avantages significatifs en termes de performance et d'efficacité. En utilisant une architecture de réseau neuronal légère, MobileNetV2 permet une classification précise

tout en réduisant la complexité computationnelle, ce qui se traduit par une vitesse de traitement plus rapide.

En outre, Son architecture optimisée permet une exécution rapide et efficace des tâches de classification, tout en nécessitant moins de ressources matérielles. Cela permet une utilisation efficace des capacités de calcul et de stockage, notamment sur des systèmes avec des contraintes de puissance et de mémoire. Ainsi, en utilisant MobileNetV2, notre méthode bénéficie d'une classification précise des espèces de cellules spermatiques tout en maintenant des performances élevées et une faible empreinte mémoire, renforçant ainsi son efficacité et sa pertinence pour notre application.

En choisissant MobileNetV2, nous avons donc pu réaliser une classification précise des espèces de cellules spermatiques tout en garantissant une efficacité et une adaptabilité optimales pour notre application spécifique. Cela renforce la pertinence et l'applicabilité de notre méthode dans des scénarios réels où l'efficacité des ressources est cruciale.

3.2.2 YOLO : Algorithme de détection

YOLO [41] est une méthode de détection d'objets un seul passage sur l'image entière. Il divise l'image en une grille et prédit les boîtes englobantes et les classes d'objets pour chaque cellule de la grille. Cela permet une détection rapide et en temps réel des objets dans une image, avec de bonnes performances en termes de précision et d'efficacité.

L'Architecture du modèle YOLO

YOLO est une architecture de réseau de neurones convolutifs utilisée pour la détection d'objets en vision par ordinateur. Contrairement aux approches traditionnelles qui effectuent la détection d'objets en plusieurs étapes, YOLO réalise la détection en une seule passe. Son architecture se compose de plusieurs couches de convolution, suivies de couches entièrement connectées, qui permettent d'extraire des caractéristiques des images d'entrée(voir la figure 3.9). YOLO divise ensuite l'image en une grille et prédit les boîtes englobantes et les classes d'objets pour chaque cellule de la grille. Cette approche permet une détection rapide et en temps réel des objets dans une image, en obtenant des résultats précis et efficaces.

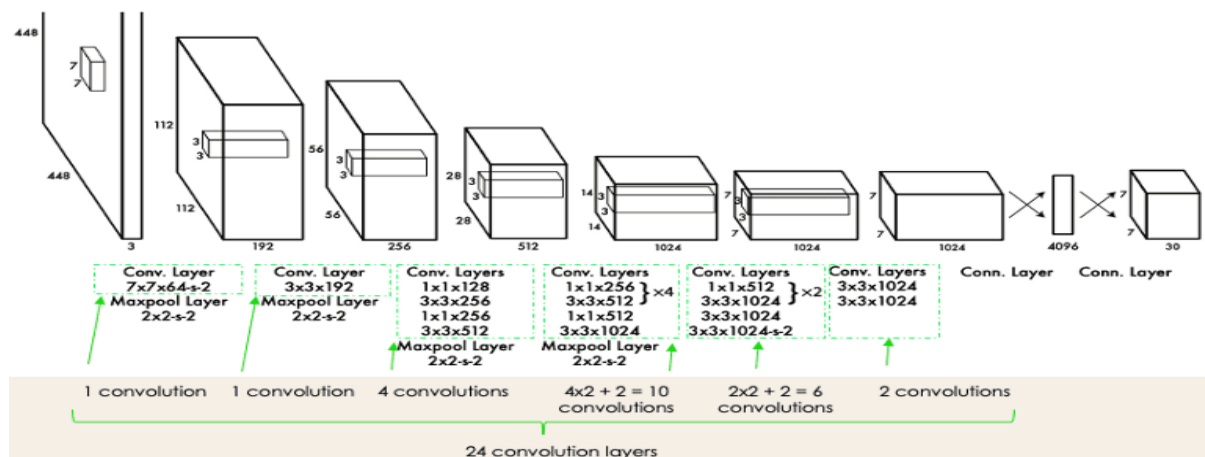


FIG. 3.9 – Architecture du modèle YOLO [41].

Pourquoi YOLO ?

YOLO a gagné en popularité en raison de ses avantages uniques en termes de vitesse et de précision pour la détection d'objets en vision par ordinateur. Voici les raisons pour lesquelles on l'avait choisi :

1. **Rapidité** : YOLO effectue la détection d'objets en un seul passage sur l'image entière, ce qui lui permet d'être extrêmement rapide. Il est capable de détecter des objets en temps réel. Ce qui rend l'analyse des échantillons de spermatozoïdes plus rapide.
2. **Précision** : Malgré sa vitesse élevée, YOLO parvient à maintenir une précision compétitive par rapport à d'autres méthodes de détection d'objets. Il utilise des mécanismes sophistiqués tels que des couches convolutives, des filtres d'attention et des fonctionnalités de régularisation pour améliorer la précision de la détection. Ainsi notre analyse des spermatozoïdes nous donne des résultats plus précis.
3. **Détection multi-objets** : YOLO est capable de détecter plusieurs objets simultanément dans une image, sans avoir besoin d'effectuer plusieurs passages ou de recourir à des techniques de post-traitement complexes. Comme dans le cas de notre étude, il s'agit de cellules microscopiques donc des objets assez petit qui couvre une grande surface. Cela en fait une option attrayante pour des scénarios où la détection de plusieurs objets est cruciale.
4. **Généralisation** : YOLO est conçu pour être généralisable à différents types d'objets et à différentes tâches de détection. Il peut être entraîné sur des ensembles de données variés et adapté à des domaines d'application spécifiques tel le domaine de notre étude qui est la biologie, ça nous a permis de l'adapter facilement à la détection des cellules spermatiques.

En résumé, YOLO offre une combinaison de rapidité, de précision et de capacité à détecter plusieurs objets, ce qui en fait un choix le plus adéquat pour la détection des spermatozoïdes en temps réel.

Comparaison des trois version YOLO : V5s, V7 et V8s

Dans le cadre de notre étude, nous avons comparé trois versions différentes de l'architecture YOLO : YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s. Chaque version apporte des améliorations et des fonctionnalités spécifiques, ce qui nous permet d'évaluer leurs performances et leur pertinence pour notre étude.

- **YOLOv5**

YOLOv5 [21] a été publié en 2020 par Glen Jocher, fondateur et PDG d'Ultralytics. Il est développé en utilisant PyTorch plutôt que Darknet. YOLOv5 intègre un algorithme d'Ultralytics appelé AutoAnchor. Cet outil de pré-entraînement vérifie et ajuste les boîtes d'ancrage si elles ne conviennent pas aux données d'entraînement et aux paramètres tels que la taille de l'image. Il applique d'abord une fonction de k-means aux étiquettes des données pour générer des conditions initiales pour un algorithme d'évolution génétique (GE). L'algorithme GE fait ensuite évoluer ces ancres sur 1000 générations par défaut, en utilisant la perte CIoU et Recall.

YOLOv5s est une version plus légère de YOLOv5, conçue pour les appareils à ressources limitées. Elle offre un bon compromis entre la vitesse d'exécution et la

précision de détection des objets, ce qui la rend adaptée aux applications en temps réel. La figure 3.10 montre l'architecture détaillée de YOLOv5s.

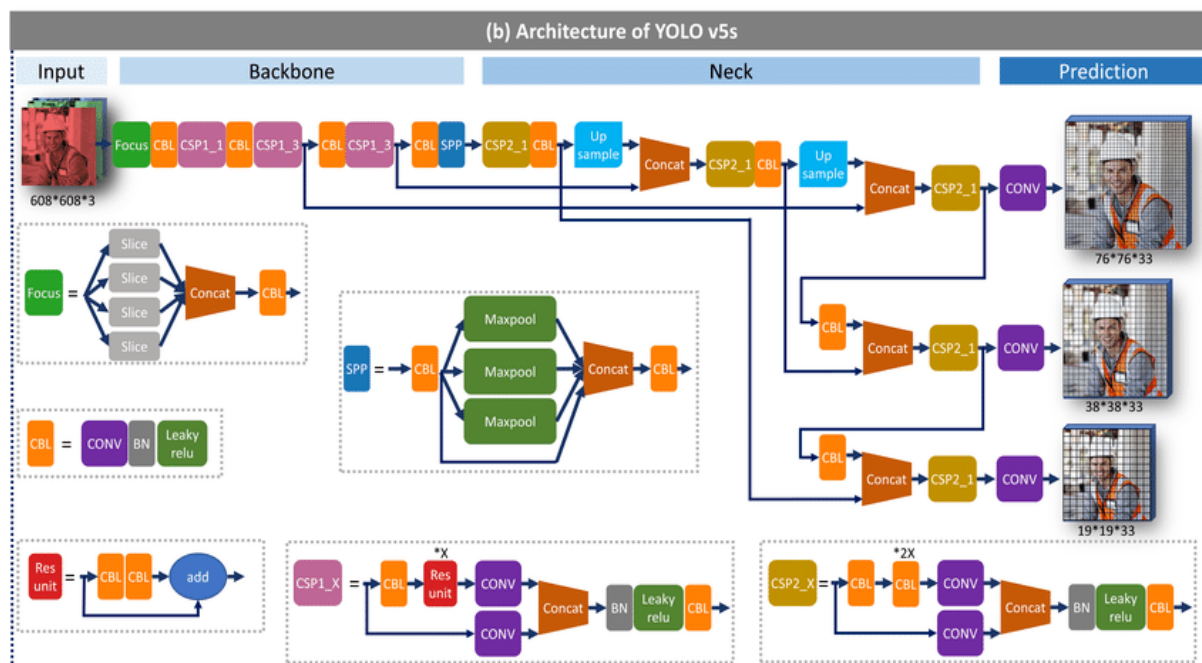


FIG. 3.10 – Architecture du modèle YOLOv5s. [54]

• **YOLOv7**

YOLOv7 [53] a été publié par Chien-Yao Wang et al en juin 2022, l'équipe qui a développé YOLOv4 et YOLOR. Il utilise une architecture de réseau de neurones convolutifs appelée CSPDarknet53 comme backbone. Cette architecture est basée sur un réseau de neurones convolutifs appelé Darknet, qui est utilisé pour extraire des caractéristiques à partir des images d'entrée. CSPDarknet53 est une version améliorée de Darknet qui utilise une technique appelée Cross Stage Partial Network (CSP) pour améliorer la capacité d'apprentissage du réseau.

Ensuite, YOLOv7 utilise une architecture de neck appelée SPP (Spatial Pyramid Pooling) pour améliorer la capacité de représentation du réseau. Cette architecture permet au réseau de prendre en compte des informations à différentes échelles spatiales, ce qui améliore la précision de la détection d'objets.

Enfin, YOLOv7 utilise une architecture de head appelée YOLOv3 Head pour prédire les boîtes englobantes et les classes d'objets. Cette architecture est basée sur une série de couches de convolution et de mise en commun, suivies de plusieurs couches de prédiction qui prédisent les boîtes englobantes et les classes d'objets.

En résumé, YOLOv7 utilise CSPDarknet53 comme backbone, SPP comme neck et YOLOv3 Head comme head pour détecter les objets en temps réel.

• **YOLOv8**

YOLOv8 [22] a été publié en janvier 2023 par Ultralytics, la société qui a développé YOLOv5 et propose cinq versions adaptées : YOLOv8n (nano), YOLOv8s (small), YOLOv8m (medium), YOLOv8l (large) et YOLOv8x (extra large).

YOLOv8 prend en charge plusieurs tâches de vision par ordinateur telles que la détection d’objets, la segmentation, l’estimation de pose, le suivi et la classification.

YOLOv8 utilise un backbone similaire à celui de YOLOv5 avec quelques modifications sur la couche CSPLayer, maintenant appelée module C2f. Le module C2f (bottleneck partiel inter-étapes avec deux convolutions) combine les caractéristiques de haut niveau avec des informations contextuelles pour améliorer la précision de détection.

YOLOv8 utilise un modèle sans ancrage avec une tête découplée pour traiter indépendamment les tâches de détermination d’objet, de classification et de régression. Cette conception permet à chaque branche de se concentrer sur sa tâche et améliore la précision globale du modèle. Dans la couche de sortie de YOLOv8, ils utilisent la fonction sigmoïde comme fonction d’activation pour le score de détermination d’objet, représentant la probabilité que la boîte englobante contienne un objet. Ils utilisent la fonction softmax pour les probabilités de classe, représentant les probabilités d’appartenance des objets à chaque classe possible.

Le Tableau 3.9 suivant représente les paramètres de chaque modèle :

Modèle	Type	Backbone	Neck	head
YOLOv5	FCNN	YOLOv5CSPDarknet53	PANet	YOLOv3 Head
YOLOv7	FCNN	YOLOv7Backbone	SSP	YOLOv3 head
YOLOv8	FCNN	YOLOv8CSPDarknet	SPPF	Est découplée pour traiter indépendamment les tâches de détermination d’objet, de classification et de régression

TAB. 3.9 – Informations relatives au dataset généré de Visem après le prétraitement.

3.2.3 DeepSORT : Algorithme de suivi

DeepSORT [58] est un algorithme de suivi d’objets en temps réel qui combine les capacités de détection d’objets de l’algorithme YOLO avec les techniques de suivi de l’algorithme SORT (Simple Online and Realtime Tracking). Il est largement utilisé dans les domaines de la vision par ordinateur et de l’intelligence artificielle pour suivre et maintenir une trace des objets en mouvement dans des vidéos.

L’algorithme DeepSORT repose sur deux étapes principales : la détection des objets et le suivi des objets détectés. Dans la première étape, l’algorithme utilise YOLO (You Only Look Once) pour détecter les objets dans chaque image de la séquence vidéo.

Une fois que les objets sont détectés, l’algorithme DeepSORT utilise le suivi en ligne et en temps réel (SORT) pour attribuer un identifiant unique à chaque objet détecté et suivre sa trajectoire dans les images successives. SORT est un algorithme de suivi basé

sur le filtrage de Kalman, qui estime et prédit la position des objets dans le temps, tel nous le montre la figure 3.11.

L'une des principales caractéristiques de DeepSORT est son utilisation de descripteurs de features profonds pour améliorer la précision du suivi des objets. Ces descripteurs sont extraits à partir des régions d'intérêt des objets détectés par YOLO. En utilisant des réseaux de neurones profonds, DeepSORT est capable de capturer des caractéristiques discriminantes qui permettent de différencier les objets similaires et de suivre de manière plus précise leur mouvement.

En résumé, DeepSORT est un algorithme de suivi d'objets en temps réel qui combine la détection d'objets de YOLO avec le suivi de SORT. Il utilise des descripteurs de features profonds pour améliorer la précision du suivi des objets et est largement utilisé dans les applications de vision par ordinateur et d'intelligence artificielle pour le suivi d'objets dans les vidéos.

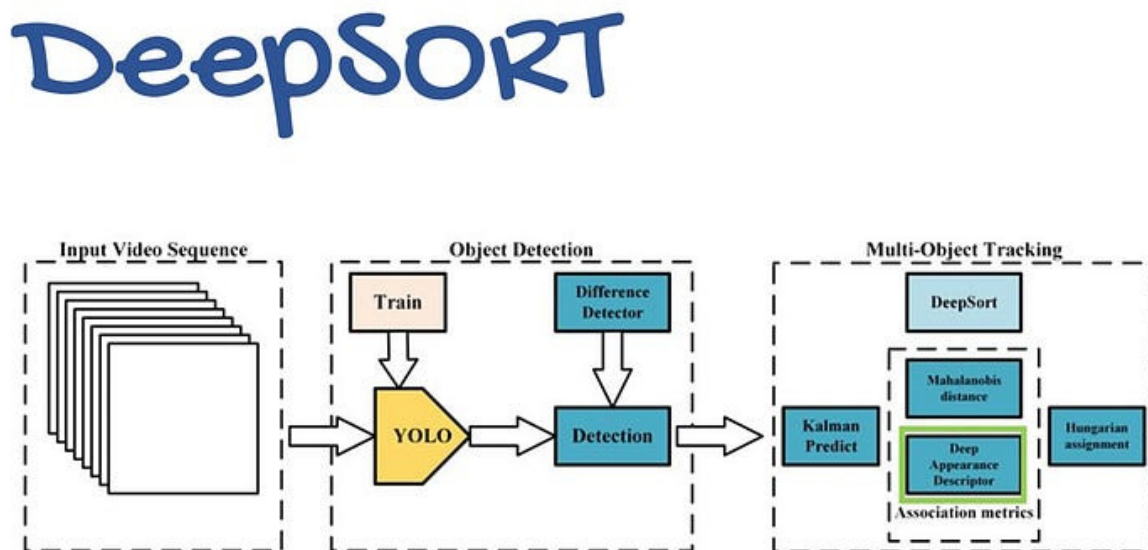


FIG. 3.11 – Architecture du DeepSORT.[24]

Pourquoi DeepSort ?

Afin de perfectionner le suivi des cellules spermatozoïdes, qui est une étape très essentielle pour l'analyse des spermatozoïdes, on a choisi DeepSORT. Un algorithme pertinent pour atteindre l'objectif de notre étude, voici les raisons du choix :

1. **Précision du suivi** : DeepSORT utilise des descripteurs de features profonds pour différencier les objets similaires. Dans le cas des cellules spermatozoïdes, qui peuvent avoir des apparences très similaires, cette capacité de discrimination permet un suivi plus précis et fiable des cellules individuelles.
2. **Robustesse au bruit et aux occlusions** : Le suivi des cellules spermatozoïdes peut être complexe en raison de la présence de bruit dans les images ou de l'occlusion des cellules par d'autres structures. DeepSORT utilise des techniques de filtrage

de Kalman pour prédire la position des cellules, ce qui lui permet de maintenir la continuité du suivi même en présence de perturbations.

3. **Vitesse de traitement en temps réel** : DeepSORT a été conçu pour fonctionner en temps réel, ce qui est essentiel pour l'analyse en direct des images ou des vidéos de microscopie. Sa capacité à traiter efficacement de grandes quantités de données tout en maintenant des performances rapides permet de suivre les cellules spermatiques en temps réel.
4. **Adaptabilité et personnalisation** : DeepSORT est un algorithme flexible qui peut être adapté et personnalisé en fonction des besoins spécifiques de la tâche de suivi des cellules spermatiques. Il est possible d'ajuster les paramètres et les seuils pour optimiser les performances en fonction des caractéristiques des cellules et des conditions d'imagerie.

En combinant la puissance de détection de YOLO avec les capacités de suivi de SORT, DeepSORT offre une solution complète et efficace pour le suivi des cellules spermatiques. Il permet d'analyser de manière précise et fiable le mouvement et le comportement des cellules spermatiques, ce qui peut être d'une grande importance dans les études de biologie de la reproduction et de fertilité.

3.2.4 Analyse de la motilité des spermatozoïdes

Après avoir obtenue les résultats du tracking nous passons vers la dernière étape de notre méthode proposée qui est l'analyse de la motilité des échantillons du sperme. Pour cette dernière nous avons implémenter les paramètres principales de motilité qui sont : VSL, VCL, VAP, LIN et STR, de plus nous avons ajouté la concentration C. Les formules implémentées sont les suivantes :

$$VCL_i(\mu m/s) = \frac{1}{d * n} \sum_{i=1}^{n-1} \sqrt{(x_{i+1} - x_i)^2 + (y_{i+1} - y_i)^2} \quad (3.1)$$

$$VSL_i(\mu m/s) = \frac{1}{d * n} \sum_{i=1}^n \sqrt{(x_f - x_i)^2 + (y_f - y_i)^2} \quad (3.2)$$

$$VAP_i(\mu m/s) = \frac{1}{d * n} \sum_{i=1}^{n-1} \sqrt{(xvap_{i+1} - xvap_i)^2 + (yvap_{i+1} - yvap_i)^2} \quad (3.3)$$

$$LIN = \frac{VSL}{VCL} \quad (3.4)$$

$$STR = \frac{VSL}{VAP} \quad (3.5)$$

$$C(sperm/ml) = \frac{totalcells}{videoduration} * \frac{dilutionfactor}{volume(mm^3)} * 1000mm^3/ml \quad (3.6)$$

où d est la durée de la séquence, n le nombre de coordonnées (x, y) d'une cellule, xvap et yvap sont respectivement $(x_{i+1} + x_i)/2$, $(y_{i+1} + y_i)/2$.

3.3 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons abordé la mise en uvre de notre méthode de détection et de suivi des spermatozoïdes en utilisant l’algorithme de suivi DeepSORT. Nous avons également comparé différentes versions de l’algorithme de détection YOLO (YOLOv5, YOLOv7, YOLOv8) pour sélectionner la meilleure option pour notre tâche.

Nous avons réalisé la mise en uvre en suivant une approche étape par étape. Tout d’abord, nous avons utilisé MobileNetV2 pour classer les vidéos par espèces puis détecter les spermatozoïdes avec YOLO dans une séquence vidéo. Ensuite, nous avons appliqué l’algorithme DeepSORT pour effectuer le suivi des spermatozoïdes dans les frames successives, ce qui nous a permis d’associer les détections à des identités uniques.

Nous avons également pris en compte des paramètres d’analyse tels que VSL (Vitesse de déplacement de la tête), VCL (Vitesse de déplacement de la pièce intermédiaire), VAP (Vitesse de déplacement de la queue), La linéarité (LIN) et la rectitude (STR) pour évaluer l’efficacité de notre méthode. Ces paramètres d’analyse nous ont fourni des informations importantes sur le mouvement et le comportement des spermatozoïdes.

Dans le chapitre suivant, nous allons nous concentrer sur l’entraînement de notre modèle et présenter les résultats obtenus. Nous décrirons en détail les données d’entraînement utilisées, la configuration du modèle, les métriques d’évaluation utilisées et les performances obtenues. Nous discuterons également des défis rencontrés lors de l’entraînement et des améliorations possibles pour l’avenir.

Le chapitre d’entraînement et de résultats nous permettra de fournir une analyse approfondie des performances de notre méthode, de mettre en évidence les réussites et les limites de notre approche, et de tirer des conclusions significatives sur l’applicabilité et l’efficacité de notre méthode de détection et de suivi des spermatozoïdes.

Chapitre 4

Expériences et analyses des résultats

Ce chapitre constitue une étape essentielle de notre étude, où nous présentons en détail les résultats obtenus lors de la classification des espèces animales (âne, bélier, coq et humain) en utilisant l'architecture MobileNetV2. ainsi que, nous analysons les performances de la détection des cellules spermatiques à l'aide de l'algorithme YOLO, ainsi que l'évaluation du suivi des objets avec DeepSort.

Cette partie vise à présenter les conclusions tirées de nos expérimentations, en mettant en évidence les performances des différents modèles et algorithmes utilisés. Nous examinons en détail les courbes selon les différentes métriques pour le modèle de classification, afin de déterminer son efficacité dans la reconnaissance des espèces animales.

De plus, nous analysons les résultats de la détection des cellules spermatiques en examinant les courbes de précision, rappel et mAP@50 pour évaluer la capacité de l'algorithme YOLO à localiser et à détecter ces cellules spécifiques. Enfin, nous évaluons la qualité du suivi des objets réalisé par DeepSort en utilisant des métriques telles que MOTA et MOTP.

Cette section sera l'occasion d'examiner en détail les résultats obtenus, de les interpréter et de les confronter aux objectifs initiaux de notre étude.

4.1 Environnement et outils expérimentaux

Pour bien mener nos expériences d'entraînement et de test, le centre de recherche CERIST a mis à notre disposition une machine avec les caractéristiques mentionnées dans le Tableau 4.1 :

Modèle	RAM	CPU	GPU	OS/Utils
Supermicro SYS-530A-IL	16 Go	Intel ^o Xeon(R) W-1370 @ 2.90GHz \times 16	NVIDIA Corporation GA104 [GeForce RTX 3060 Ti Lite Hash Rate] / Mesa Intel ^o Graphics (RKL GT1)	Ubuntu 22.04.2 LTS/CUDA En- vironnement/Py- thon language

TAB. 4.1 – Les caractéristiques du matériel utilisé.

4.2 Entraînement du modèle MobileNetV2

Dans notre étude, nous avons utilisé le modèle MobileNetV2 pour effectuer une classification par espèces. Le modèle a été entraîné sur un ensemble de données représentées dans le Tableau 3.6 de la section deux du chapitre quatre. Ce tableau contenait des images originales des différentes espèces.

Notre objectif était de classer les images en fonction de l'espèce à laquelle elles appartiennent. Nous avons utilisé un batch size de 16, ce qui signifie que chaque itération d'apprentissage utilisait 16 images à la fois. De plus, nous avons fixé le nombre d'époques à 10, ce qui correspond au nombre de fois où l'ensemble complet de données a été utilisé pour entraîner le modèle.

En utilisant MobileNetV2 comme modèle de base non entraînable, nous avons ajouté

une nouvelle couche de classification au sommet du modèle. Cette couche de classification comportait 4 nuds, correspondant aux 4 espèces que nous souhaitons classer. Pour entraîner le modèle, nous avons utilisé la fonction de perte `categorical_crossentropy` et l'optimiseur Adam.

4.2.1 Analyse et discussion des résultats

Métrics d'évaluation

pour l'évaluation de notre modèle, nous avons utilisés les deux métriques d'évaluation suivantes :

Accuracy : est une métrique couramment utilisée pour évaluer les performances d'un modèle de classification. Elle mesure la proportion de prédictions correctes parmi toutes les prédictions effectuées par le modèle.

La formule mathématique de l'exactitude est la suivante :

$$Accuracy = \frac{\text{correct predictions}}{\text{Total of predictions}} \quad (4.1)$$

Categorical cross-entropy loss : est une fonction de perte couramment utilisée dans les problèmes de classification multiclasse. Elle mesure la divergence entre la distribution de probabilité prédite par le modèle et la distribution de probabilité réelle des étiquettes de classe.

La formule mathématique de la perte de cross-entropy catégorielle est la suivante :

$$L(y, \hat{y}) = - \sum_{i=1}^C y_i \log(\hat{y}_i) \quad (4.2)$$

- **L** représente la perte de cross-entropy catégorielle.
- **y** est le vecteur de distribution de probabilité réelle des étiquettes de classe (one-hot encoding).
- **ŷ** est le vecteur de distribution de probabilité prédite par le modèle.
- **C** est le nombre de classes.

Résultats expérimentaux et discussions

Au cours de l'entraînement, nous avons observé l'évolution de la perte et de l'accuracy du modèle sur les données d'entraînement et de validation. Ces métriques ont été enregistrées à chaque époque et nous les avons utilisées pour évaluer les performances du modèle, les deux figures 4.1 et 4.2 nous montrent le comportement des deux métriques `categorical_crossentropy` et `accuracy` respectivement pendant l'entraînement.

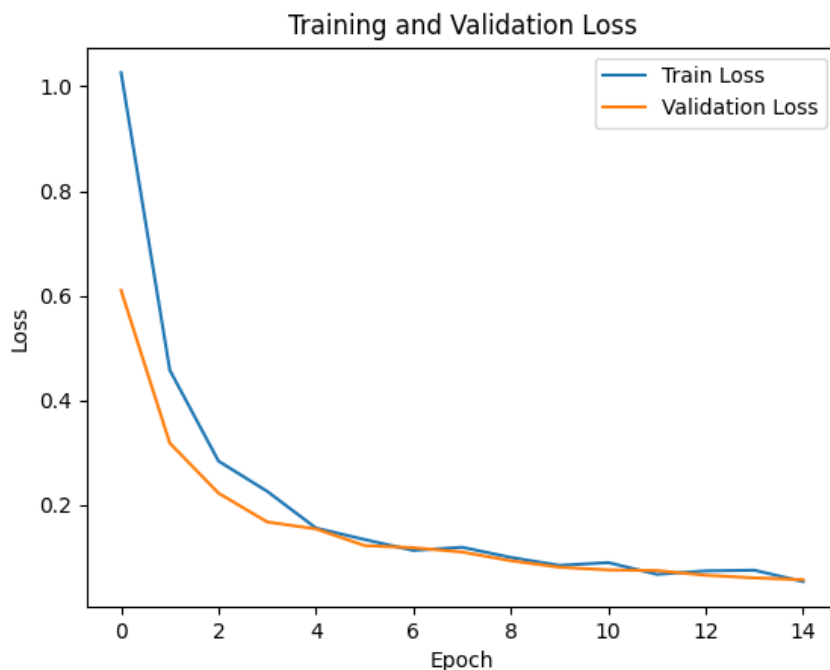


FIG. 4.1 – Courbe de loss pendant l'entraînement

Cette courbe montre comment la valeur de la fonction de perte (categorical cross-entropy) évolue au cours de l'entraînement. on aperçois une diminution progressive de la courbe de loss cela indique que le modèle s'améliore dans sa capacité à effectuer des prédictions précises.

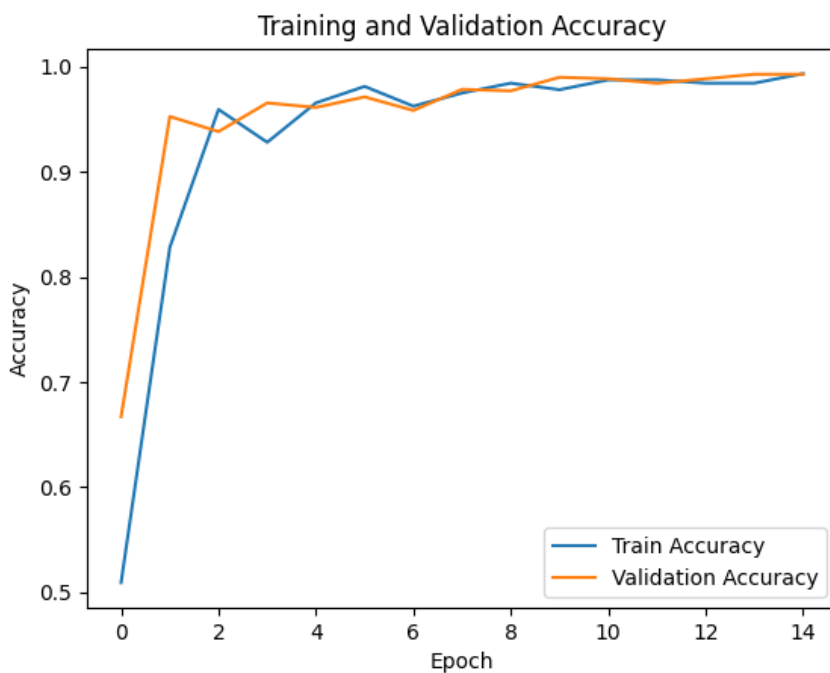


FIG. 4.2 – Courbe d'accuracy pendant l'entraînement

Cette courbe montre comment la précision du modèle (le taux de prédictions correctes) évolue au cours de l'entraînement. On remarque l'augmentation progressive de la courbe d'accuracy et atteint une valeur élevée (proche de 1) à la fin de l'entraînement, cela explique que le modèle s'améliore dans sa capacité à classer correctement les échantillons, aussi capable de bien généraliser et de classer avec précision les données qu'il n'a pas encore vues.

Après avoir entraîné le modèle sur un ensemble de données représentant différentes espèces, on a obtenu une accuracy exceptionnelle de 99.2% et une perte très faible de 0.056. Ces mesures indiquent que notre modèle est hautement précis et capable de prédire avec précision l'espèce correspondante pour la grande majorité des images. De plus, la faible perte obtenue témoigne de la capacité de notre modèle à généraliser les connaissances apprises à partir des données d'entraînement et à effectuer des prédictions précises sur de nouvelles images. Ces résultats sont extrêmement satisfaisants et démontrent l'efficacité de notre modèle dans la tâche de classification par espèces. les deux images 4.3 et 4.4 nous illustrent les sorties de l'application du modèle à de nouvelles données.

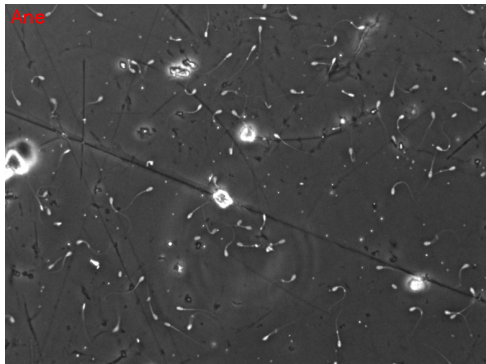


FIG. 4.3 – Image testée avec le modèle d'espèce Ane

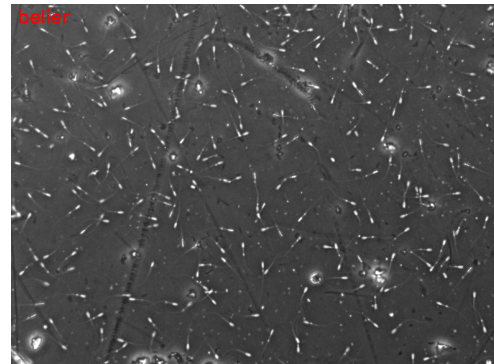


FIG. 4.4 – Image testée avec le modèle d'espèce belier

4.3 Entraînement et comparaison des différentes versions de YOLO

Dans cette section, nous nous concentrons sur l'entraînement par espèces en initialisant le modèle de chaque entraînement avec les paramètres pré-entraînés du modèle entraîné sur deux ensembles de données, le premier comprend les images originales de quatre espèces différentes : l'âne, le bélier, le coq et l'humain et le deuxième comprend les images pré-traitées comme nous les avons montrés dans les Tableau 3.6 et 3.7 respectivement du chapitre précédent.

Au cours de cette section, nous présenterons en détail la méthodologie d'entraînement par espèces, en expliquant les métriques d'évaluation utilisées, la configuration des modèles YOLO, à savoir YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s et les paramètres d'entraînement. Nous analyserons également les résultats obtenus pour chaque version de YOLO, en mettant l'accent sur la précision de détection et la capacité à localiser précisément les cellules spermatiques.

Enfin nous comparons les performances de différentes versions de YOLO. Nous

souhaitons déterminer lequel offre les meilleurs résultats pour notre tâche spécifique.

4.3.1 Métriques d'évaluation

Les Métriques utilisées pour l'évaluation de YOLO sont : Precision, Recall et mAP@50. Ces métriques sont définies comme suit :

Precision : La précision est une métrique qui mesure la proportion des prédictions positives correctes parmi toutes les prédictions positives effectuées par le modèle. En d'autres termes, elle évalue la capacité du modèle à fournir des résultats précis. En utilisant l'IOU, YOLO évalue la précision des détections en fixant un seuil IOU, généralement autour de 0,5. Les détections avec un IOU supérieur au seuil sont considérées comme des vrais positifs, tandis que les détections avec un IOU inférieur sont considérées comme des faux positifs sachant que l'IOU est calculé en trouvant la zone d'intersection entre les deux boîtes englobantes et en la divisant par la zone d'union des deux boîtes. Une valeur élevée d'IOU indique un chevauchement élevé et une meilleure correspondance entre la prédiction et la boîte réelle. Les formule mathématique de la précision et de l'IOU sont les suivantes :

$$Precision = \frac{TP}{TP + FP} \quad (4.3)$$

$$IOU = \frac{AreaofIntersection}{AreaofUnion} \quad (4.4)$$

où **Area of Intersection** est l'intersection des surfaces de la boîte réelle et la boîte prédite et **Area of union** est l'union des surfaces de la boîte réelle et la boîte prédite.

Recall : Le rappel, également connu sous le nom de sensibilité, mesure la proportion des vrais positifs correctement identifiés parmi tous les exemples réels positifs. Le rappel évalue la capacité du modèle à détecter avec succès les instances positives. La formule mathématique du rappel est la suivante :

$$Recall = \frac{TP}{TP + FN} \quad (4.5)$$

mAP@50 : est une mesure de la précision moyenne pour la détection d'objets. Elle évalue la capacité du modèle à détecter avec précision les objets dans une image en utilisant un seuil de confiance de 50%. La mAP@50 est calculée en comparant les boîtes englobantes prédites par le modèle avec les boîtes englobantes réelles. La formule mathématique de la mAP@50 dans YOLO est la suivante :

$$mAP@50 = \frac{1}{N} \sum_{i=1}^N AP@50_i \quad (4.6)$$

Où AP@50 est la précision moyenne pour chaque classe d'objets, calculée en utilisant les scores de précision et de rappel à un seuil de confiance de 50%, qui peut être exprimée comme suit :

$$AP@50 = \frac{1}{n_{\text{pos}}} \sum_{r=1}^{n_{\text{pos}}} P(r) \times \delta(r) \quad (4.7)$$

où :

- n_{pos} est le nombre total d'objets positifs dans le jeu de données.
- $P(r)$ est la précision au rang r , qui est le rapport entre le nombre de vrais positifs jusqu'au rang r et le nombre total de prédictions jusqu'au rang r .
- $\delta(r)$ est une fonction indicatrice qui vaut 1 si la prédiction au rang r est un vrai positif, et 0 sinon.

La mAP@50 est ensuite obtenue en moyennant les précisions moyennes pour toutes les classes d'objets (n)

4.3.2 La configuration des modèles

L'architecture des version YOLOv5s, YOLOv7, YOLOv8s

Le Tableau 4.2 montre les différences dans l'architecture de chaque versions, notamment le nombre de couches, le nombre de paramètres et taille des images d'entrée :

Modèle	Nbr.couches	Nbr.paramètres(M)	image d'entrée
YOLOv5s	214	7.3	640
YOLOv7	415	37.2	640
YOLOv8s	225	11.2	640

TAB. 4.2 – L'architecture des version YOLOv5s, YOLOv7, YOLOv8s

Les Hyperparamètres des version YOLOv5s, YOLOv7, YOLOv8s

Pour une comparaison précise des trois versions, nous avons configuré les modèles avec les mêmes hyper-paramètres qui sont déjà par défaut. Le Tableau 4.3 nous montre les valeurs attribuées à chaque hyper-paramètre :

Modèle	Lr	Epochs	Optimizer
tous les modèles	0.01	50	SGD

TAB. 4.3 – Les Hyperparamètres des version YOLOv5s, YOLOv7, YOLOv8s

4.3.3 Résultats expérimentaux et discussions

Nous avons réalisé l'entraînement en tenant compte de chaque espèce, ce qui signifie que les résultats obtenus seront analysés et discutés individuellement pour chaque espèce. Cette approche nous permettra de comprendre les performances spécifiques du modèle pour chaque catégorie et d'évaluer sa capacité à détecter correctement les différentes espèces. En analysant les résultats par espèce, nous serons en mesure de déterminer les forces et les faiblesses du modèle pour chaque catégorie, ce qui contribuera à une évaluation plus complète de son efficacité globale.

Résultats des entraînements sur les données originales

Nous avons réduit batch-size à 2 en raison de la resolution de l'image du dataset qui est 780*580 qui provoque une insuffisance de performances de nos ressources citées dans la première section de ce chapitre si le batch est plus élevé. Pendant cet entraînement nous avons observé l'utilisation de la GPU et le temps d'entraînement par epoch, et le Tableau 4.4 nous résume les valeurs pour chaque modèle.

Modèle	GPU	T/Epoch (s)
YOLOv5s	0.642	11
YOLOv7	4.3	20
YOLOv8s	5.37	11.7

TAB. 4.4 – Utilisation de la GPU et le temps d'exécution par epochs

Nous présentons ci-dessous les courbes d'évolution des métriques d'évaluation ,et les résultats des entraînements effectués sur les données de chaque espèces :

L'espèce Ane

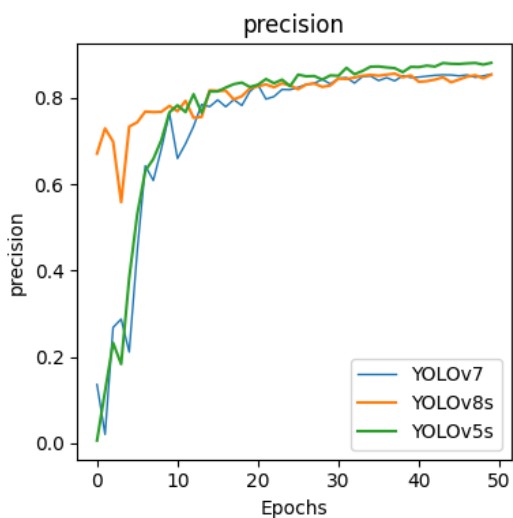


FIG. 4.5 – Courbe de la précision pendant l'entraînement L'Ane

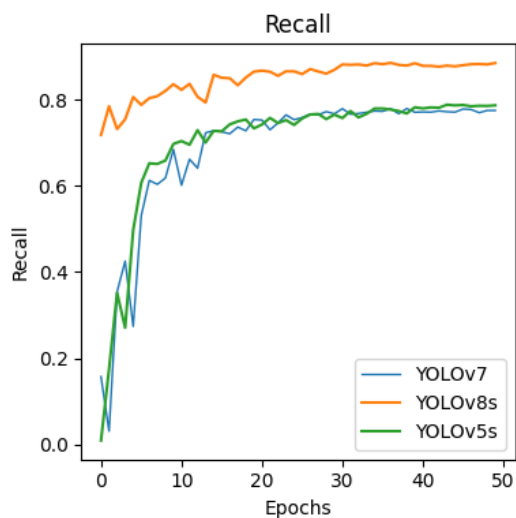


FIG. 4.6 – Courbe du rappel pendant l'entraînement sur L'Ane

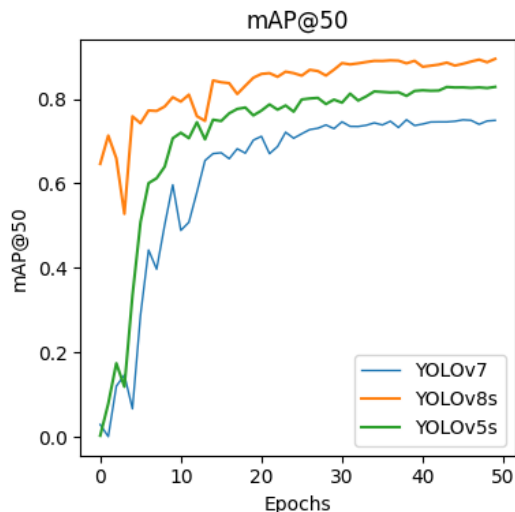


FIG. 4.7 – Courbe de mAP@50 pendant l’entraînement L’Ane

En analysant les courbes représenté dans les figures 4.5, 4.6, 4.7, il est clair que le modèle YOLOv8s présente des performances supérieures en termes de recall et de mAP@50 par rapport aux modèles YOLOv7 et YOLOv5s.

En revanche, la précision de YOLOv8s est légèrement inférieure à celle de YOLOv5 mais légèrement supérieure à celle de YOLOv7. Bien que la précision de YOLOv8s soit légèrement inférieure à celle de YOLOv5 mais elle reste supérieure à celle de YOLOv7.

Le Tableau suivant nous montre les résultats finaux de l’entraînement sur l’espèce âne :

Modèle	Précision	Recall	mAP@50
YOLOv5s	87.6	73.4	78.8
YOLOv7	84.5	77.0	73.5
YOLOv8s	85.4	88.5	89.5

TAB. 4.5 – Résultats de détection sur l’espèce Ane avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s

En résumé, le modèle YOLOv8s se distingue par son meilleur recall et son meilleur score d’average precision par rapport à YOLOv7 et YOLOv5s. Cependant, sa précision est légèrement inférieure à celle de YOLOv5. Ces résultats indiquent que YOLOv8s est plus performant pour détecter un plus grand nombre de vrais positifs, mais il peut également générer un nombre légèrement plus élevé de faux positifs par rapport à YOLOv5.

L'espèce belier

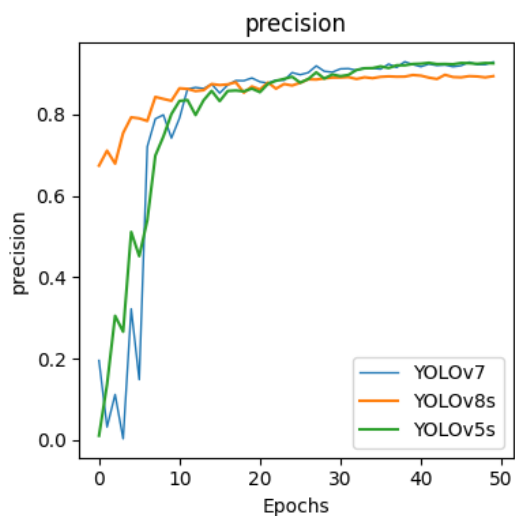


FIG. 4.8 – Courbe de la précision pendant l'entraînement sur belier

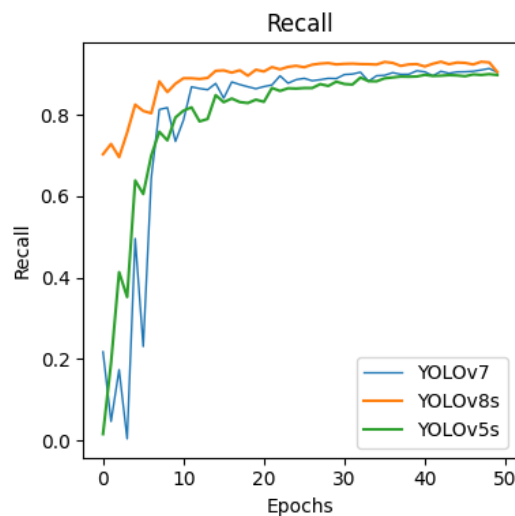


FIG. 4.9 – Courbe du rappel pendant l'entraînement sur belier

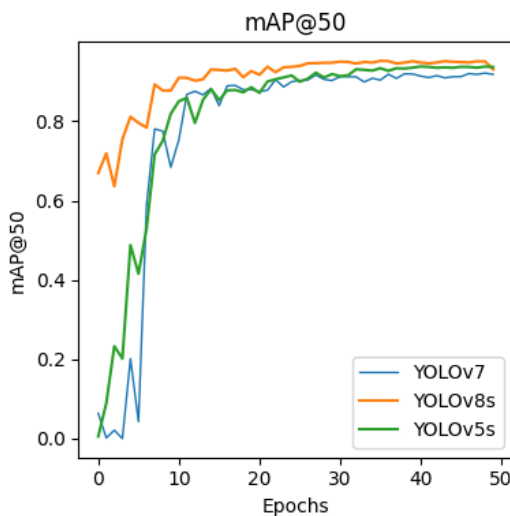


FIG. 4.10 – Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement sur belier

L'analyse de ces courbes 4.8, 4.9, 4.10, de précision, rappel (recall) et de mAP@50 montre que la courbe du modèle YOLOv8s se situe systématiquement au-dessus de celles des modèles YOLOv7 et YOLOv5s en termes de rappel et de mAP@50.

D'autre part, la courbe de précision du modèle YOLOv8s est légèrement inférieure à celles des modèles YOLOv5s et YOLOv7.Or, le modèle YOLOv5s se distingue par une meilleure précision par rapport aux autres modèles.

Ces résultats représentés dans le Tableau 4.6 qui suit mettent en évidence un compromis entre la précision et le rappel dans les performances des différents modèles. Le

YOLOv8s excelle en termes de rappel et de mAP@50, ce qui indique sa capacité à détecter un plus grand nombre d'objets avec précision. Cependant, il présente une précision légèrement inférieure, ce qui peut entraîner une légère augmentation des faux positifs. D'un autre côté, le YOLOv5s offre une meilleure précision, mais il peut manquer certains objets lors de la détection.

Modèle	Précision	Recall	mAP@50
YOLOv5s	92.5	85.8	91.0
YOLOv7	91.1	90.8	91.4
YOLOv8s	89.4	93.0	95.1

TAB. 4.6 – Résultats de détection sur l'espèce Bélier avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s

L'espèce Coq

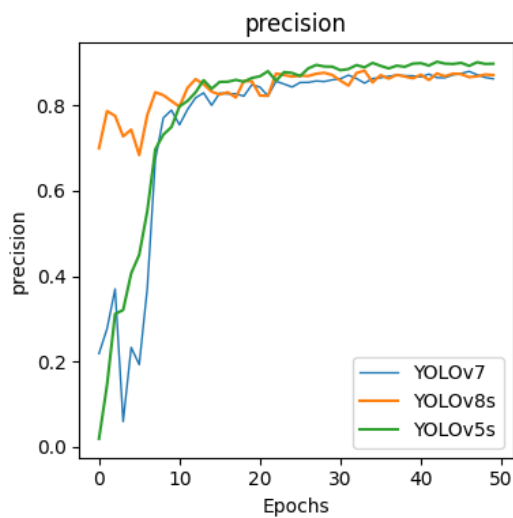


FIG. 4.11 – Courbe de la précision pendant l'entraînement

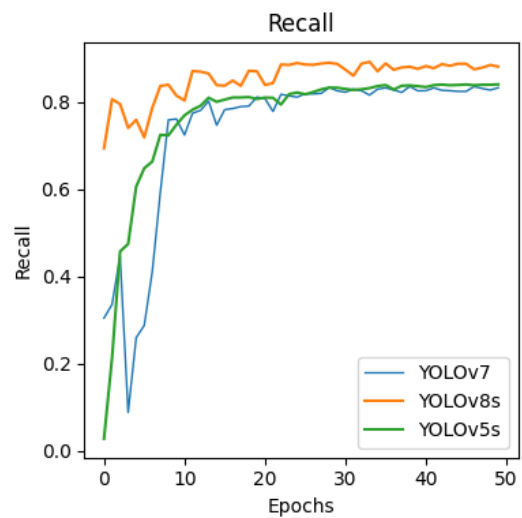


FIG. 4.12 – Courbe du rappel pendant l'entraînement

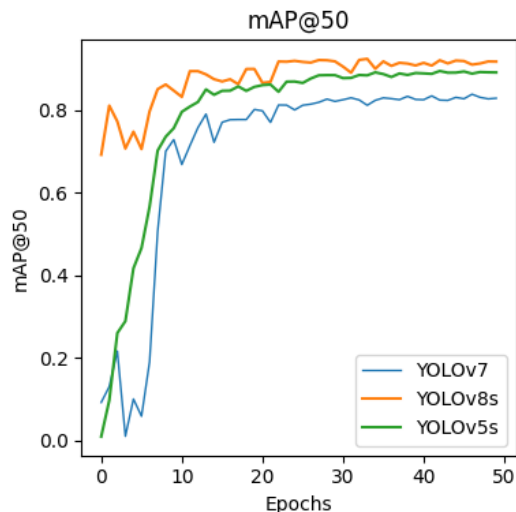


FIG. 4.13 – Courbe de mAP@50 pendant l’entraînement

L’analyse des courbes 4.12, 4.11, 4.13 révèle que le modèle YOLOv8s affiche de meilleures performances que les modèles YOLOv7 et YOLOv5s. En termes de rappel, le YOLOv8s présente une amélioration par rapport au YOLOv7 et au YOLOv5s. Cela signifie que le modèle YOLOv8s est capable de détecter un pourcentage plus élevé d’objets réels dans les images.

De même, en termes de mAP@50, le YOLOv8s montre une amélioration par rapport au YOLOv7 et au YOLOv5s. Cela indique que le modèle YOLOv8s est plus précis dans la localisation et la classification des objets détectés, ce qui se traduit par une meilleure performance globale de détection.

Cependant, la précision du YOLOv8s est légèrement inférieure à celle du YOLOv5s mais supérieure au YOLOv7. Cela signifie que le modèle YOLOv8s peut générer plus de faux positifs que le YOLOv5s, mais moins que le YOLOv7.

Modèle	Précision	Recall	mAP@50
YOLOv5s	90.2	88.3	88.0
YOLOv7	87.5	83.5	83.0
YOLOv8s	88.3	89.3	92.5

TAB. 4.7 – Résultats de détection sur l’espèce Coq avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s

D’après le Tableau 4.7 en-dessus le modèle YOLOv8s présente des améliorations significatives en termes de rappel et de mAP@50 par rapport aux modèles YOLOv7 et YOLOv5s. Bien que sa précision soit légèrement inférieure à celle du YOLOv5s, il offre une meilleure capacité de détection des objets réels dans les images. Il s’agit donc d’une version améliorée et plus performante du modèle YOLO pour la détection d’objets.

L'espèce humaine

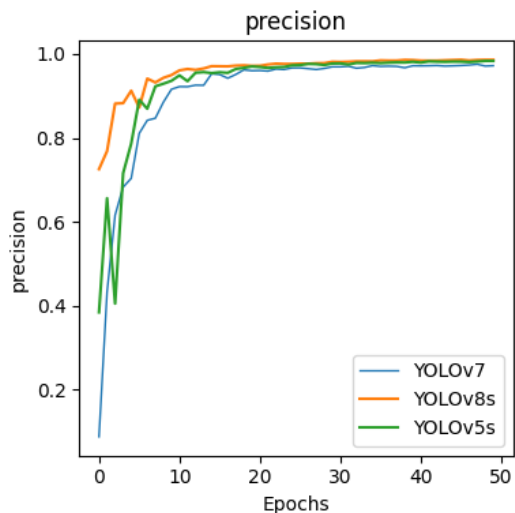


FIG. 4.14 – Courbe de la précision pendant l'entraînement

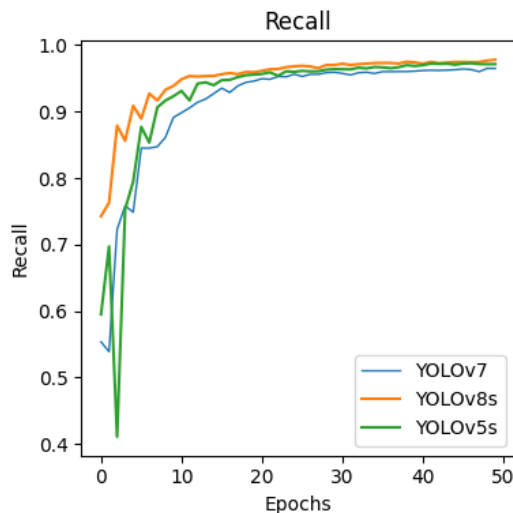


FIG. 4.15 – Courbe du rappel pendant l'entraînement

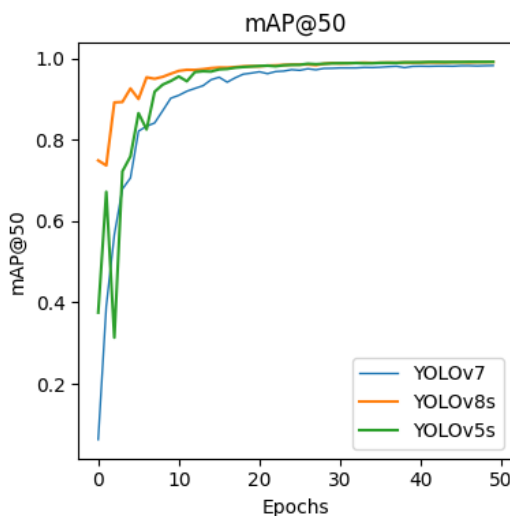


FIG. 4.16 – Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement

L'analyse des courbes montre que le modèle YOLOv8s présente des performances supérieures en termes de recall et de précision par rapport aux modèles YOLOv7 et YOLOv5s.

En revanche, malgré des performances légèrement inférieures en termes de recall et de précision, le modèle YOLOv5 présente une mAP@50 plus élevée que YOLOv7 et YOLOv8s.

Les résultats du Tableau 4.8 mettent en évidence les performances élevées du modèle YOLOv8s en termes de précision et de rappel. Cela indique que YOLOv8s est capable de détecter un plus grand nombre de vrais positifs tout en minimisant les faux positifs.

D'autre part, le modèle YOLOv5s affiche une mAP@50 plus élevée que les autres modèles, ce qui signifie qu'il parvient à maintenir une précision globalement élevée sur l'ensemble des classes d'objets à un seuil de confiance de 50

Modèle	Précision	Recall	mAP@50
YOLOv5s	97.2	97.2	99.1
YOLOv7	97.5	96.3	97.8
YOLOv8s	98.6	97.4	98.9

TAB. 4.8 – Résultats de détection sur l'espèce Humain avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s

Discussion

Suite aux analyses des résultats des courbes et tableaux des métriques d'évaluation des différentes espèces, on a obtenu des résultats qui semblent contradictoires et démontrent que YOLOv8s et YOLOv5s ont des forces différentes en termes de détection du sperme. YOLOv8s semble être plus performant dans la détection précise de ces cellules, tandis que YOLOv5s parvient à maintenir une précision élevée globalement sur un ensemble varié d'espèces, par contre YOLOv7 ne montre aucun résultat pertinent.

D'un autre côté, on observe la déstabilisation de l'évolution des courbes pendant l'entraînement, et cela est dû à la haute résolution des images en entrée qui peut être quelques fois désavantageuse pour la détection de petits objets.

Ainsi, ces observations soulignent l'importance de choisir le modèle YOLO en fonction des exigences spécifiques de l'application. Si la précision est primordiale, YOLOv5s peut être plus approprié, or que si la détection d'un maximum d'objets est essentielle, YOLOv8s peut offrir de meilleures performances, ce qui est complètement pas satisfaisant à nos besoins.

Afin de faire l'analyse d'un échantillon de sperme, nous avons besoin d'un modèle avec des performances très élevées en terme de précision, rappel et mAP@50. Cela nous a motivé à expérimenter la technique de découpage d'images. L'expérience et les résultats de cette technique seront présentés dans l'étape suivante de cette section.

Résultats des entraînements sur les données prétraitées

La basse résolution des images prétraitées (390*290) , nous a permis d'entraîner les modèles avec un batch-size qui est égale à 16 en utilisant les mêmes ressources. Le Tableau 4.9 résume la consommation des ressources et le temps d'entraînement par epoch de chaque modèle.

Modèle	GPU	T/Epoch (s)
YOLOv5s	3.81	10
YOLOv7	6.53	46
YOLOv8s	6.71	11

TAB. 4.9 – Utilisation de la GPU et le temps d'exécution par epochs

Nous présentons ci-dessous les courbes d'évolution des métriques d'évaluation ,et les résultats des entraînements effectués sur les données prétraitées de chaque espèce :

L'espèce Ane

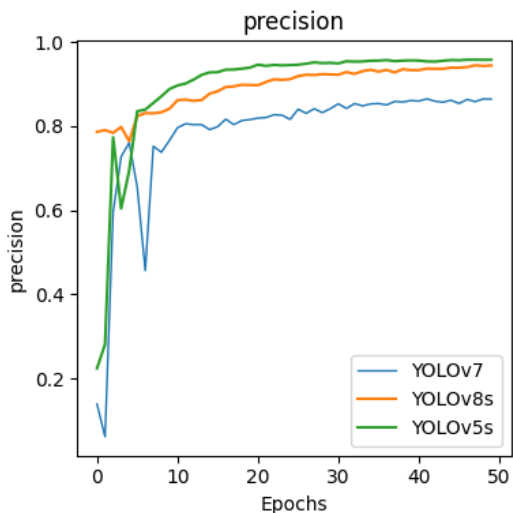


FIG. 4.17 – Courbe de la précision pendant l'entraînement

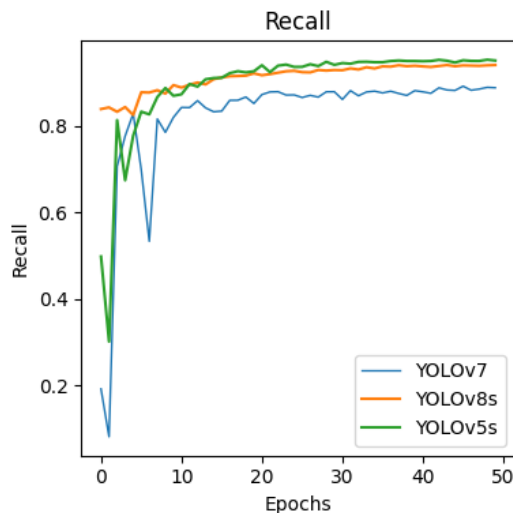


FIG. 4.18 – Courbe du rappel pendant l'entraînement

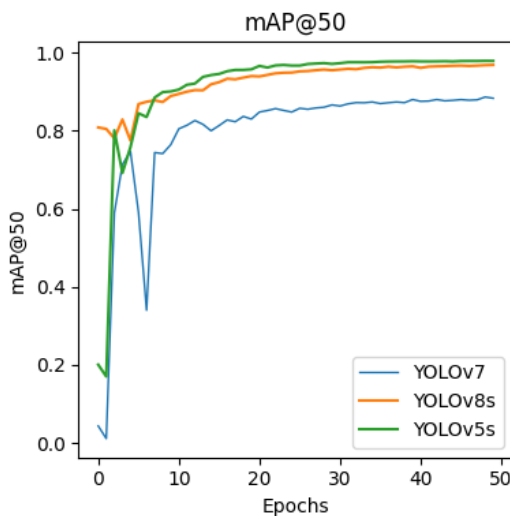


FIG. 4.19 – Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement

Modèle	Précision	Recall	mAP@50
YOLOv5s	95.7	95.2	97.9
YOLOv7	86.6	89.1	88.9
YOLOv8s	94.3	94.1	96.8

TAB. 4.10 – Résultats de détection sur l'espèce Ane avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s

L'espèce belier

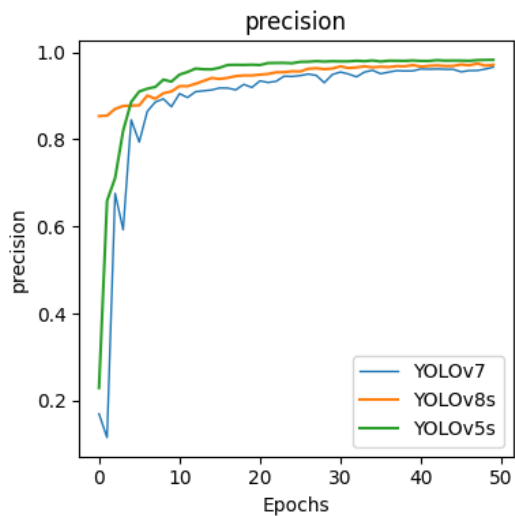


FIG. 4.20 – Courbe de la précision pendant l'entraînement

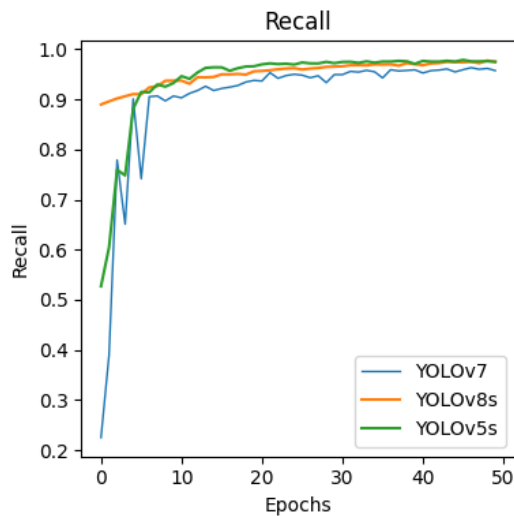


FIG. 4.21 – Courbe du rappel pendant l'entraînement

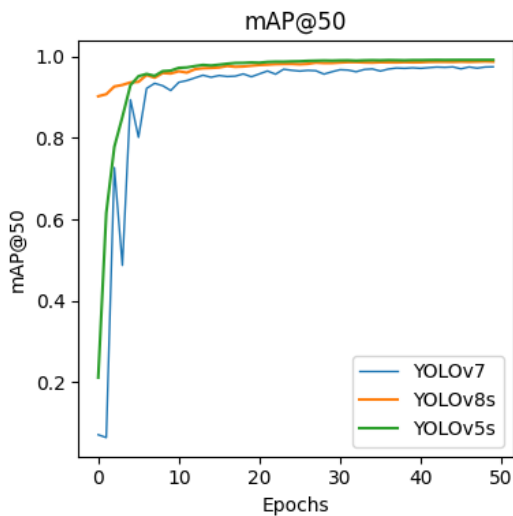


FIG. 4.22 – Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement

Modèle	Précision	Recall	mAP@50
YOLOv5s	98.2	97.5	99.2
YOLOv7	96.6	96.4	97.5
YOLOv8s	97.1	97.5	98.7

TAB. 4.11 – Résultats de détection sur l'espèce Bélier avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s

L'espèce Coq

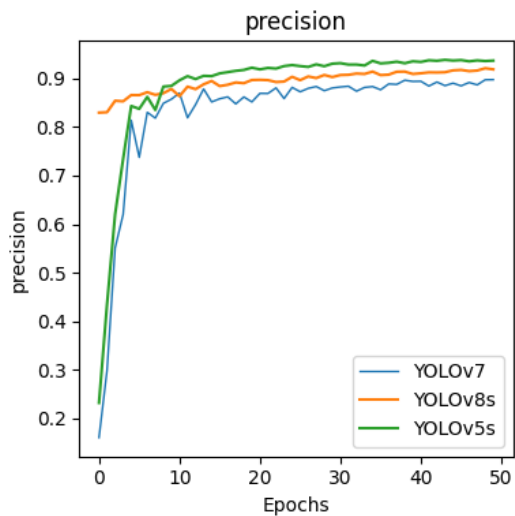


FIG. 4.23 – Courbe de la précision pendant l'entraînement

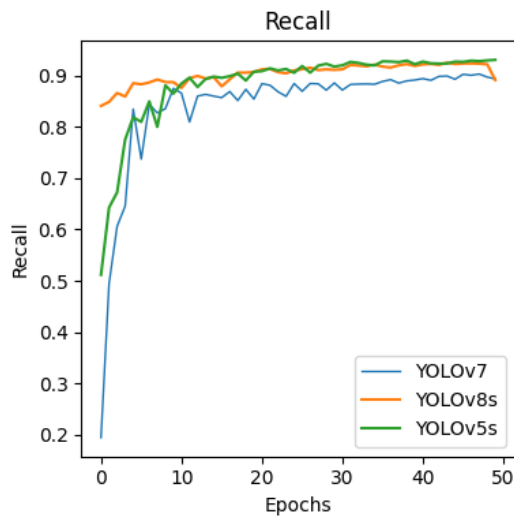


FIG. 4.24 – Courbe du rappel pendant l'entraînement

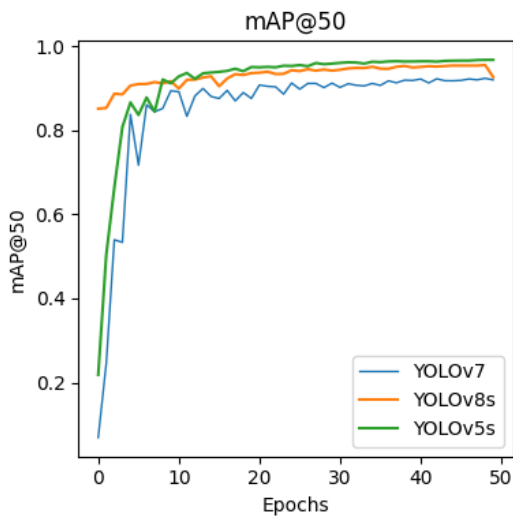


FIG. 4.25 – Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement

☉ Modèle	Précision	Recall	mAP@50
YOLOv5s	93.7	93.1	96.7
YOLOv7	89.8	89.7	92.4
YOLOv8s	92.2	92.2	95.5

TAB. 4.12 – Résultats de détection sur l'espèce Coq avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s

L'espèce humaine

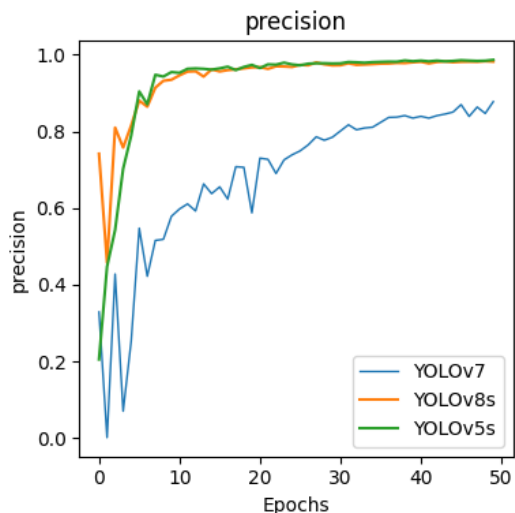


FIG. 4.26 – Courbe de la précision pendant l'entraînement

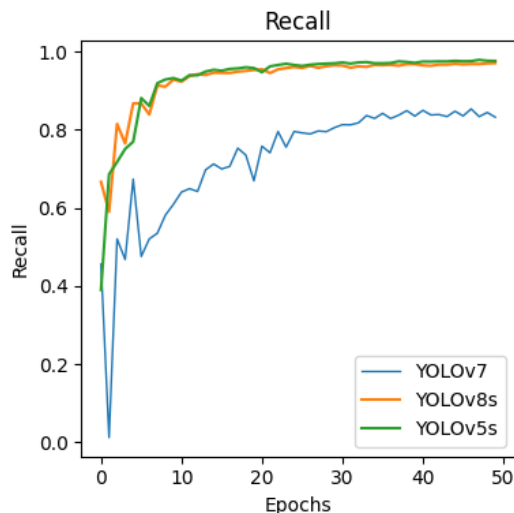


FIG. 4.27 – Courbe du rappel pendant l'entraînement

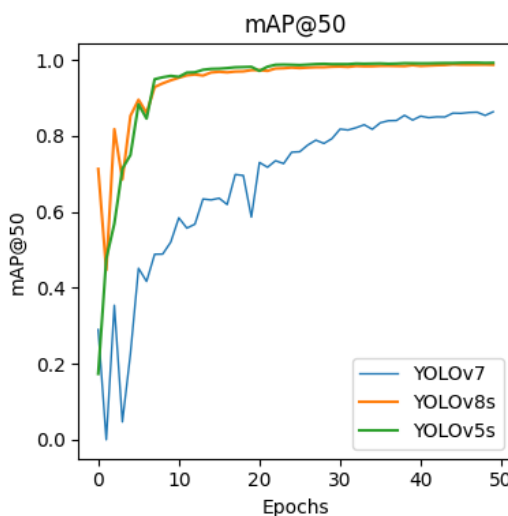


FIG. 4.28 – Courbe de mAP@50 pendant l'entraînement

Modèle	Précision	Recall	mAP@50
YOLOv5s	98.7	97.6	99.3
YOLOv7	85.0	86.1	85.4
YOLOv8s	98.3	97.0	98.8

TAB. 4.13 – Résultats de détection sur l'espèce Humain avec les versions YOLOv5s, YOLOv7 et YOLOv8s

Lors des analyses des courbes 4.17, 4.20, 4.23, 4.26, 4.18, 4.21, 4.24, 4.27, 4.19, 4.22, 4.25, 4.28, de rappel, précision et mAP@50 pendant les entraînements des modèles sur

les données propres à chaque espèce nous avons déduit que les résultats étaient en faveur du modèle YOLOv5s en raison de la stabilité et la signification du comportement de ces courbes par rapport aux autres modèles. D'abord nous avons constaté qu'il présente des valeurs de rappel plus élevées pendant l'entraînement, ce qui démontre qu'il est plus performant dans la détection des objets positifs. Ensuite nous avons observé qu'il présente aussi des valeurs de précision supérieures, cela indique que le modèle est plus précis et détecte moins de faux positifs. Enfin, YOLOv5s atteint un meilleur équilibre entre rappel et précision en décrochant un meilleur score mAP. Les Tableaux 4.10, 4.11, 4.12, 4.13, illustrent les résultats finaux des entraînements. Ces résultats confirment les observations et les interprétations précédentes.

Discussion

Après avoir appliqué des traitements aux données lors de l'entraînement, nous avons constaté des améliorations significatives dans nos résultats. Ces modifications ont été bénéfiques pour la suite de notre travail d'expérimentation. Nous sommes parvenus à atteindre notre objectif de faire démarquer un modèle de manière exceptionnelle dans tous les aspects, avec des scores élevés en matière de précision, de rappel et de mAP.

En découpant les images et en diminuant leur résolution, nous avons augmenté la diversité des exemples d'entraînement. Cela a pu aider le modèle à mieux généraliser et à capturer des motifs plus variés. De plus nous avons potentiellement réduit la complexité et la densité de l'ensemble des données ce qui a facilité l'apprentissage en lui fournissant des exemples moins denses en terme d'instances. La réduction de la résolution des images nous a permis d'entraîner les modèles en augmentant le batch size de 2 à 16. Cette augmentation du batch-size a facilité une meilleure exploitation des ressources matérielles, permettant ainsi aux modèles de traiter davantage d'exemples en parallèle et d'accélérer le processus d'apprentissage. De plus, en utilisant un batch size plus grand, nous avons obtenu une estimation plus précise des gradients, ce qui a conduit à une convergence plus rapide des modèles.

Parmi les modèles que nous avons entraînés sur nos propres données, le modèle le plus performant était YOLOv5s avec un taux de mAP@50 maximal de 99,3%. YOLOv5s a surpassé les autres modèles sur tous les plans. Les résultats des entraînements ont démontré qu'il était plus précis, stable et équilibré. Donc nous avons opté pour l'utilisation de ce modèle dans la phase de détection de notre méthode d'analyse des spermatozoïdes.

4.4 Suivi et Analyse des échantillons

Dans cette section, nous avons utilisé l'algorithme de suivi d'objets DeepSORT en combinaison avec le modèle de détection YOLOv5s choisi qui a montré des performances pertinentes dans la section précédente pour effectuer le suivi et l'analyse des échantillons.

Métriques d'évaluation DeepSort

Pour évaluer les performances du système de suivi DeepSort en termes de précision d'identification, de capacité à détecter et suivre les objets réels, nous avons utilisé les

métriques MOTA et MOTP. MOTA permet d'obtenir une mesure globale de l'exactitude du suivi en tenant compte des fausses détections, des détections manquées et des erreurs d'identification et MOTP évalue la distance moyenne entre les positions prédites et les positions réelles des objets suivis, elle mesure à quel point les prédictions du système sont proches des véritables positions des objets. leurs formules sont les suivantes :

$$MOTA = 1 - \frac{\sum_i (FN_i + FP_i + IDSW_i)}{\sum_i GT_i} \quad (4.8)$$

où :

FP : représente le nombre de fausses détections (False Positives).

FN : représente le nombre de détections manquées (False Negatives).

IDSW : représente le nombre de substitutions d'identité (ID Switches).

GT : représente le nombre total d'objets réels dans la séquence vidéo.

$$MOTP = \frac{\sum_{t,i} (d_{t,i})}{\sum_t C_t} \quad (4.9)$$

où :

d : représente la distance entre la position prédite et la position réelle d'un objet suivi.

C_t : désigne le nombre de correspondances dans le Frame t.

d_{t,i} : est le chevauchement de la boîte englobante de l'objet suivi i avec son objet Réel assigné.

Résultats du suivi avec DeepSort

Le Tableau 4.14 représente les résultats du suivi avec DeepSORT

	MOTA	MOTP
Résultats	88.1 %	99 %

TAB. 4.14 – Résultats des métriques d'évaluation obtenus avec DeepSORT

Discussion

Le score MOTA de 88.1% indique une précision globale élevée du système de suivi DeepSort. Cela signifie que le système parvient à suivre avec précision la plupart des objets dans la séquence vidéo, en évitant les fausses détections, les détections manquées et les substitutions d'identité. Le score MOTP de 99% indique également une précision élevée des prédictions spatiales du système. Cela signifie que les positions prédites des objets suivis sont très proches de leurs positions réelles, avec une faible erreur de localisation. Ces résultats montrent que le système DeepSort est performant en termes de suivi précis des objets dans la séquence vidéo, avec une bonne précision des prédictions spatiales. Cela renforce la fiabilité et l'efficacité du système pour les tâches de suivi d'objets.

4.5 Conclusion

Pour récapituler, ce chapitre était l'occasion de présenter les résultats expérimentaux obtenus lors de la classification des espèces animales (âne, bœuf, coq et humain), également les résultats de la détection des cellules spermatiques et du suivi.

En effet, ces résultats ont démontré l'efficacité des modèles de classification (MobileNetV2), de détection (YOLOv5s) et de suivi (DeepSort) pour l'analyse des cellules spermatiques.

Conclusion et perspectives

Conclusion Générale

En conclusion, notre étude sur l'analyse des spermatozoïdes à l'aide des techniques d'intelligence artificielle a révélé des résultats prometteurs et ouvert de nombreuses perspectives. Grâce à l'utilisation de modèles d'apprentissage profond tels que YOLO pour la détection des spermatozoïdes et DeepSort pour le suivi des cellules, nous avons pu obtenir des résultats encourageants dans l'automatisation et l'efficacité de l'analyse des échantillons.

L'application de l'intelligence artificielle à l'analyse des spermatozoïdes présente plusieurs avantages. Tout d'abord, elle permet une détection précise et rapide des cellules, offrant ainsi un moyen efficace d'évaluer la qualité du sperme. De plus, l'utilisation de techniques d'apprentissage profond permet une analyse objective et reproductible, réduisant ainsi la dépendance aux évaluations manuelles sujettes à des variations d'interprétation.

Nos résultats ont démontré la capacité des modèles d'apprentissage profond à détecter et à suivre les spermatozoïdes avec une précision satisfaisante. Cependant, il est important de noter que des défis persistent. Certains spermatozoïdes peuvent être de petite taille ou présenter des formes atypiques, ce qui peut rendre leur détection et leur suivi plus difficiles. De plus, des limitations peuvent survenir dans des conditions de faible contraste ou de bruit dans les images.

En termes de perspectives, il est possible d'explorer davantage l'utilisation de réseaux de neurones plus avancés et de techniques de traitement d'images pour améliorer la précision de la détection et du suivi des spermatozoïdes. De plus, il est essentiel de développer des bases de données plus larges et diversifiées pour entraîner les modèles et les rendre plus robustes afin de généraliser l'analyse sur plusieurs d'autres espèces. L'intégration de méthodes d'analyse de la morphologie, vitalité et de caractéristiques spécifiques des spermatozoïdes peut également enrichir les résultats et les interprétations.

En conclusion, l'application des techniques d'intelligence artificielle à l'analyse des spermatozoïdes représente un domaine de recherche prometteur qui peut avoir un impact significatif dans le domaine de la santé reproductive et de l'andrologie. Cependant, il est important de poursuivre les travaux de recherche pour surmonter les défis techniques et valider les résultats à grande échelle avant une adoption clinique généralisée.

Bibliographie

- [4] Benidir AHMED et Belaid AHROR. “Analyse de spermatozodes avec les techniques d’intelligence artificielle”. Université abderrahmane mira-Béjaia, 2021.
- [5] Walter ANDREAS, Mannheim Julia G et Caruana Carmel J. “Imaging Modalities for Biological and Preclinical Research : A Compendium”. In : *in vivo biological imaging* (2021). DOI : <https://doi:10.1088/978-0-7503-3059-6>.
- [6] Manifold B et al. “A versatile deep learning architecture for classification and label-free prediction of hyperspectral images.” In : *Nature Machine Intelligence* 3.4 (2021), p. 306-315. DOI : <https://doi.org/10.1038/nmi.2021.00309-y>.
- [7] Midtvedt B et al. “Fast and Accurate Nanoparticle Characterization Using Deep-Learning-Enhanced Off-Axis Holography”. In : *ACS Nano* 15.2 (2021). DOI : <https://doi.org/10.1021/acsnano.0c06902>.
- [8] Midtvedt B et al. “Quantitative digital microscopy with deep learning”. In : *Applied Physics Reviews* 8.1 (2021), p. 011310. DOI : <https://doi.org/10.1038/apr.2021.00309-y>.
- [10] Ao CHEN et al. “Svia dataset : A new dataset of microscopic videos and images for computer-aided sperm analysis”. In : *Biocybern.Biomed.Eng* 42 (2022), p. 204-214. DOI : [10.1016/j.bbe.2021.12.010](https://doi.org/10.1016/j.bbe.2021.12.010).
- [11] BOURAHMOUNE DALIA. “UTILISATION DE L’ANALYSE SPERMATIQUE ASSISTÉE PAR ORDINATEUR (CASA) EN REPRODUCTION DES ANIMAUX DOMESTIQUES”. Institut des Sciences Vétérinaires- Blida, Université Saad Dahlab-Blida 1-, 2020.
- [12] Michal DOBROVOLNY et al. “Study on Sperm-Cell Detection Using YOLOv5 Architecture with Labeled Dataset”. In : *Genes* 14 (2023). DOI : <https://doi.org/10.3390/genes14020451>.
- [13] Young G et al. “Quantitative mass imaging of single biological macromolecules.” In : *Science (New York, N.Y.)* 360.6387 (2018), p. 423-427. DOI : <https://doi.org/10.1126/science.aar5839>.
- [14] Buck Louis GM et al. “Semen quality and time to pregnancy : the Longitudinal Investigation of Fertility and the Environment Study. Fertil Steril”. In : *Fertil Steril* 101.2 (2014), p. 453-462. DOI : <https://doi.org/10.1016/j.fertnstert.2013.10.022>.
- [15] Priyanto HIDAYATULLAH et al. “DeepSperm : A robust and real-time bull sperm-cell detection in densely populated semen videos”. In : *Elsevier* 209 (2021). DOI : <https://doi.org/10.1016/j.cmpb.2021.106302>.

- [16] M. IGUER-OUADA et J.P. VERSTEGEN. “Evaluation of the Hamilton Thorn computer-based automated system for dog semen analysis”. In : *Theriogenology* 55.3 (2001), p. 733-749. DOI : [https://doi.org/10.1016/S0093-691X\(01\)00440-X](https://doi.org/10.1016/S0093-691X(01)00440-X).
- [18] Auger J, Eustache F et David G. “Standardisation de la classification morphologique des spermatozoïdes humains selon la méthode de David modifiée”. In : *Andrology* 10 (2000), p. 358-373. DOI : <https://doi.org/10.1007/BF03034491>.
- [19] Lu J et al. “Is image-to-image translation the panacea for multimodal image registration? A comparative study”. In : *PLoS One* 17.11 (2022). DOI : <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0276196>.
- [20] Huiyan JIANG et al. “A review of deep learning-based multiple-lesion recognition from medical images : classification, detection and segmentation”. In : *Computers in Biology and Medicine* 157 (2023). DOI : <https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2023.106726>.
- [23] Justin JOHNSON, Alexander ALAHI et Li FEI-FEI.. “Perceptual Losses for Real-Time Style Transfer and Super-Resolution”. In : *arXiv* (2016). DOI : <https://doi.org/10.48550/arXiv.1603.08155>.
- [25] BOUMAZA KARIMA. “Détection et Estimation de Mouvement dans une Séquence d’Images Microscopiques : Application à l’Analyse des spermatozodes humains”. Thèse de doct. Université des sciences et technologie d’Oran, 2021.
- [26] Alexander KRULL, Tim-Oliver BUCHNOLZ et Florian JUG. “Noise2Void - Learning Denoising from Single Noisy Images”. In : *arXiv* (2019). DOI : <https://doi.org/10.48550/arXiv.1811.10980>.
- [27] Altman L.E et Grier D.G. “CATCH : Characterizing and Tracking Colloids Holographically Using Deep Neural Networks”. In : *J. Phys. Chem. B* 124.9 (2020). DOI : <https://doi.org/10.1021/acs.jpcc.9b10463>.
- [28] L.PRABAHARAN et A.RAGHUNATHAN. “An improved convolutional neural network for abnormality detection and segmentation from human sperm images”. In : *Journal of Ambient Intelligence and Humanized Computing* 12 (2021), p. 3341-3352. DOI : <https://doi.org/10.1007/s12652-020-02773-7>.
- [29] Zhichao LIU et al. “A survey on applications of deep learning in microscopy image analysis”. In : *Computers in Biology and Medicine* 134 (2021). DOI : <https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2021.104523>.
- [30] M.A.BIELSA et al. “Microscope Image Processing : An Overview”. In : *International Journal of Computer Applications* 124.12 (2015), p. 23-28. DOI : <http://dx.doi.org/10.5120/ijca2015905689>.
- [31] M.A.BIELSA et al. “Which semen parameters have a predictive value for pregnancy in infertile couples?” In : *Human Reproduction* 9.10 (1994), p. 1887-1990. DOI : <https://doi.org/10.1093/oxfordjournals.humrep.a138353>.
- [32] Andréane MARTIN. “La capacitation des spermatozodes porcins et équins : une question de protéines”. Université Laval, 2015.
- [33] Sindhoora Kaniyala MELANTHOTA et al. “Deep learningbased image processing in optical microscopy”. In : *Biophysical Reviews* 14 (2022). DOI : <https://doi.org/10.1007/s12551-022-00949-3>.
- [34] MORTIMER. “CASAPractical Aspects”. In : *Journal of Andrology* 12.4 (2000), p. 515-524. DOI : <https://doi.org/10.1002/j.1939-4640.2000.tb02116.x>.

- [35] Gatimel N et al. “Sperm morphology : assessment, pathophysiology, clinical relevance, and state of the art in 2017.” In : *Andrology* 5.5 (2017), p. 845-862. DOI : <https://doi.org/10.1111/andr.12389>.
- [36] Hamza O.ILHAN et al. “A fully automated hybrid human sperm detection and classification system based on mobile-net and the performance comparison with conventional methods”. In : *Medical Biological Engineering Computing* 58 (2020), p. 1047-1068. DOI : <https://doi.org/10.1007/s11517-019-02101-y>.
- [38] WORLD HEALTH ORGANIZATION. *WHO laboratory manual for the examination and processing of human semen*. 2010.
- [39] Nicolas PIELAWSKI et al. “ICoMIR : Contrastive Multimodal Image Representation for Registration”. In : *Advances in neural information processing systems* 33 (2020).
- [40] Richard E. Woods RAFAEL C. GONZALEZ. *Digital Image Processing Second Edition*. Tom Robbins, 2002.
- [41] Joseph REDMON et al. “You Only Look Once : Unified, Real-Time Object Detection”. In : *arXiv preprint* (2016). DOI : <https://doi.org/10.48550/arXiv.1506.02640>.
- [42] Helgadottir S et al. “Extracting quantitative biological information from bright-field cell images using deep learning.” In : *Biophysics Reviews* 2.3 (2021). DOI : <https://doi.org/10.1063/5.0044782>.
- [43] Aykut Argun SAGA HELGADOTTIR et Giovanni VOLPE. “Digital video microscopy enhanced by deep learning”. In : *Optica* 6.4 (2019), p. 506-513. DOI : <https://doi.org/10.1364/OPTICA.6.000506>.
- [45] Mark SANDLER et al. “MobileNetV2: Inverted Residuals and Linear Bottlenecks”. In : *Conference on Computer Vision and Pattern Recognition*. 2018.
- [46] Julien SIGALA. “QUALITÉ DU PROTÉOME DU SPERMATOZOÏDE HUMAIN ET INFERTILITÉ”. Thèse de doct. UNIVERSITÉ LILLE - NORD DE FRANCE UNIVERSITÉ DROIT ET SANTÉ DE LILLE 2, 2016.
- [49] Mortimer ST, van der HORST G et Mortimer D. “The future of computer-aided sperm analysis.” In : *Asian Journal of Andrology* 17.4 (2015), p. 545-553. DOI : <https://doi.org/10.4103/1008-682x.154312>.
- [50] Vajira THAMBAWITA et al. “VISEM-Tracking : Human Spermatozoa Tracking Dataset”. In : *Scientific data* 10 (2023). DOI : <https://doi.org/10.1038/s41597-023-02173-4>.
- [51] Punjabi U et al. “Fifteen years of Belgian experience with external quality assessment of semen analysis.” In : *Andrology* 4.6 (2016), p. 1084-1093. DOI : <https://doi.org/10.1111/andr.12230>.
- [52] PIERRE VIRGINIE et Christophe ARNOULT. “Lacrosome du spermatozode ,de sa biogenèse à son rôle physiologique.” Thèse de doct. Université de Grenoble, 2013.
- [53] Chien-Yao WANG et al. “Yolov7: Trainable bag-of-freebies sets new state-of-the-art for real-time object detectors,” in : *arXiv preprint* (2022). DOI : <https://doi.org/10.48550/arXiv.2207.02696>.
- [54] Zijian WANG et al. “Fast Personal Protective Equipment Detection for Real Construction Sites Using Deep Learning Approaches”. In : *Sensors* 21 (2021). DOI : <https://doi.org/10.3390/s21103478>.

- [55] M WEIGERT et al. “Content-aware image restoration : pushing the limits of fluorescence microscopy”. In : *Nat Methods* 15.9 (2018). DOI : <https://doi.org/10.1038/s41592-018-0216-7>.
- [58] Nicolai WOJKE, Alex BEWLEY et Dietrich PAULUS. “SIMPLE ONLINE AND REALTIME TRACKING WITH A DEEP ASSOCIATION METRIC”. In : *arXiv preprint* (2017). DOI : <https://doi.org/10.48550/arXiv.1703.07402>.
- [59] Qiang WU, Fatima MERCHANT et Kenneth R.CASTLEMAN. *Microscope Image Processing*. ELSEVIER, 2010.
- [60] Shuojia ZOU et al. “TOD-CNN : Un réseau neuronal convolutionnel efficace pour la détection d’objets minuscules dans les vidéos de sperme”. In : *ScienceDirect* 146.105543 (2022). DOI : <https://doi.org/10.1016/j.combiomed.2022.105543>.

Webography

- [1] "La spermatogenèse". <https://biologie-maroc.com/cours-d-embryologie-s1-spermatologenes/>. consulté le 09 mai 2023.
- [2] "Site officiel de Hamilton Thorne, Inc". <https://www.hamiltonthorne.com/index.php>. consulté le 06 juin 2023.
- [3] "Site officiel de Microptic company". <https://www.micropticsl.com/>. consulté le 06 juin 2023.
- [9] BIOFACULTÉ. *Les différents types de microscopes*. [Online; accessed 07 june 2023]. 2015. URL : [%5Curl%7Bhttps://biofaculte.blogspot.com/2015/03/microscopes-optique-photonique-electronique.html%7D](https://biofaculte.blogspot.com/2015/03/microscopes-optique-photonique-electronique.html).
- [17] INREA. *Tutoriel sur le traitement d'images*. [Online; accessed 11 june 2023]. 2019. URL : [%5Curl%7Bhttps://www6.inrae.fr/pfl-cepia/Axe-images/Tutoriel%7D](https://www6.inrae.fr/pfl-cepia/Axe-images/Tutoriel).
- [21] G. JOCHER. *YOLOv5 by Ultralytics*. <https://github.com/ultralytics/yolov5>. consulté le 01 juin 2023.
- [22] G. JOCHER, A. CHAURASIA et J. QIU. *YOLO by Ultralytics*. <https://github.com/ultralytics/ultralytics>. consulté le 01 juin 2023.
- [24] Ritesh KANJEE. *DeepSORT Deep Learning applied to Object Tracking*. https://miro.medium.com/v2/resize:fit:720/0*-S2EkuGhkP9tp9It.JPG. consulté le 11 juin 2023.
- [37] OLYMPUS. *FAQ sur les composants de microscope et leurs fonctions*. [Online; accessed 07 june 2023]. URL : [%5Curl%7Bhttps://www.olympus-lifescience.com/fr/oem-components/%7D](https://www.olympus-lifescience.com/fr/oem-components/).
- [44] Zaira SALVADOR. "Quels types de malformations spermatiques existe-t-il?". <https://www.invitra.fr/types-de-malformations-des-spermatozoides/>. consulté le 27 mai 2023.
- [47] *Site officiel de Digital company*. <https://www.ditect.co.jp/en/analysis/>. consulté le 06 juin 2023.
- [48] Alan SOUSA. "Spermatozoïdes : fabrication, taille, durée de vie". https://www.doctissimo.fr/html/sexualite/education/se_1344_genese1.htm. consulté le 09 mai 2023.
- [56] WIKIPEDIA. *Microscope*. [Online; accessed 07 june 2023]. 2023. URL : [%5Curl%7Bhttps://fr.wikipedia.org/wiki/Microscope%7D](https://fr.wikipedia.org/wiki/Microscope).
- [57] WIKIPEDIA. *Microscope Optique*. [Online; accessed 07 june 2023]. 2023. URL : [%5Curl%7Bhttps://fr.wikipedia.org/wiki/Microscope_optique%7D](https://fr.wikipedia.org/wiki/Microscope_optique).

Abstract

Microscopic image processing techniques have been used to assess semen quality by analyzing its morphology, concentration, motility and kinetic parameters. This analysis has been introduced under the concept of computer-assisted semen analysis (CASA), which replaces manual semen analysis, known to be slow, subjective and less accurate. However, CASA systems still require manual intervention, which has motivated the search for improvements and automation of these systems. This motivation has paved the way for the application of artificial intelligence in this field.

Today, numerous analysis methods based on branches of artificial intelligence such as machine learning (ML), deep learning (DL) and computer vision (CV) have been proposed. Our project aims to contribute to the improvement and automation of sperm motility analysis using AI techniques. In our approach, we propose an automatic CASA system for sperm motility based on deep learning. Our method consists of four steps : species classification, cell detection and tracking, and finally sample quality analysis. The learning was performed on a dataset we created from pre-processed microscopic images of sperm from four different species (ram, donkey, rooster, human). After a comparative study of several DL-based models, we opted for the following : MobileNet for classification, YOLOv5s for detection and DeepSort for tracking. The results obtained were remarkable in terms of accuracy compared with the other methods. Firstly, for classification, we obtained an accuracy rate of 99.2 %. Then, for detection, we trained the models on data from the four species separately, and obtained results ranging from 96 % to 99.5 % mAP@50 (Mean Average Precision). Finally, for tracking, we obtained a MOTP (Multiple Object Tracking Accuracy) of 99 %.

The system we designed was tested on several microscopic videos of sperm samples from different species, and the visual results were consistent with the scores obtained. The system provides us with all the parameters we need to assess sperm motility at the end of the process.

Keywords : Sperm Analysis, Artificial Intelligence, Deep Learning, Classification, Object Detection, Tracking.

Résumé

Les techniques de traitement d'image microscopique ont été utilisées pour évaluer la qualité du sperme en analysant sa morphologie, sa concentration, sa motilité et ses paramètres cinétiques. Cette analyse a été introduite sous le concept d'analyse de sperme assistée par ordinateur (CASA), qui remplace l'analyse manuelle du sperme, connue pour sa lenteur, sa subjectivité et sa moindre précision. Toutefois, les systèmes CASA requièrent encore une intervention manuelle, ce qui a motivé la recherche d'améliorations et d'automatisation de ces systèmes. Cette motivation a ouvert la voie à l'application de l'intelligence artificielle dans ce domaine.

Aujourd'hui, de nombreuses méthodes d'analyse basées sur les branches de l'intelligence artificielle telles que l'apprentissage automatique (ML), le deep learning (DL) et la vision par ordinateur (VO) ont été proposées. Notre projet vise à contribuer à l'amélioration et à l'automatisation de l'analyse de la motilité des spermatozoïdes en utilisant des techniques d'IA. Dans notre approche, nous proposons un système CASA automatique pour la motilité des spermatozoïdes basé sur l'apprentissage profond. Notre méthode se déroule en quatre étapes : la classification par espèce, la détection et le suivi des cellules, et enfin l'analyse de la qualité de l'échantillon. L'apprentissage a été réalisé sur un ensemble de données que nous avons créé à partir d'images microscopiques de sperme prétraitées provenant de quatre espèces différentes (bélier, âne, coq, humain). Après une étude comparative de plusieurs modèles basés sur le DL, nous avons opté pour les modèles suivants : MobileNet pour la classification, YOLOv5s pour la détection et DeepSort pour le suivi. Les résultats obtenus étaient remarquables en termes de précision par rapport aux autres méthodes. Tout d'abord, lors de la classification, nous avons obtenu un taux de précision de 99,2 %. Ensuite, pour la détection, nous avons entraîné les modèles sur les données des quatre espèces séparément, et nous avons obtenu des résultats variés entre 96 % et 99,5 % de mAP@50 (Mean Average Precision). Enfin, pour le suivi, nous avons obtenu un taux de précision de MOTP (Multiple Object Tracking Accuracy) de 99 %.

Le système que nous avons conçu a été testé sur plusieurs vidéos microscopiques d'échantillons de sperme provenant des différentes espèces, et les résultats visuels étaient cohérents avec les scores obtenus. Le système nous fournit tous les paramètres nécessaires pour l'évaluation de la motilité des spermatozoïdes à la fin du processus.

Mots clés : Système CASA, Analyse des spermatozoïdes, intelligence artificielle , apprentissage profond, classification, détection d'objet, Suivi d'Objets.
