



UNIVERSITE ECHAHID HAMMA LAKHDAR - EL OUED  
FACULTÉ DES SCIENCES EXACTES  
Département D'Informatique



Mémoire de Fin D'étude  
Présenté pour l'obtention du Diplôme de

# MASTER ACADEMIQUE

Domaine : **Mathématique et Informatique**

Filière : **Informatique**

Spécialité : **Systems Distribués et Intelligence Artificielle**

Présenté par :

- Hammadi Imad Eddine
- Mebarki Abdallah Yakoub

## Thème

**Analyse des IRM cérébrales basée réseaux de neurones convolutifs et Transformers en vue du diagnostic automatique du cancer du cerveau.**

Soutenu le 06-06- 2023 Devant le jury :

M. **Gharbi** Kadour MCA Président

M. **Ratima** Farida MAA Rapporteur

M. **Hamoud** Mariem MCB Encadreur

Année Universitaire : 2022/2023

# REMERCIEMENT

*Nous tenons remercier avant tout **DIEU** qui nous a donné la force, la volonté ,*

*le courage, et la patience de pouvoir réaliser ce modeste travail.*

*On tient aussi remercier **Professure Meriem Hamoud** , notre encadreure qui a su orienter notre travail, aussi pour sa disponibilité nous prodiguer des conseils, pour sa confiance et pour sa précieuse aide, on le remercie du fond du cœur.*

*Nous sinc res remerciements sont adress s tous les membres du jury qui ont accept de juger notre modeste travail, Nous, remercions infiniment tout le staff enseignant et administratif au département d'Informatiques, et surtout ceux et celles qui nous a enseignés durant la période d'études.*

*On remercie également tous ceux qui ont participé de près ou de loin à élaborer ce travail*

# *Dédicace*

*A mes très chers parents*

*pour tous les soins et le suivi dont ils font preuve depuis ma naissance et au long  
de mes études pour leurs soutien et surtout leurs conseils et amour*

*A mes très chères sœurs*

*A mes très chers frères*

*A ma grande famille*

*A tous mes amis*

*A tous ceux qui m'aiment et que j'aime*

*Imad et Yakoub*

## **Abstract**

Glioma has the highest mortality rate among brain tumors. Indeed, around 33% of diagnosed brain tumors are gliomas. In this sense, MRI is mostly used in finding the degree and position of the extended gliomas due to its noteworthy contrast. However, manually diagnosing is inefficient and requires the radiologist's both expertise and experience. Hence, computer-aided diagnosis (CAD) systems were developed to assist neuro-oncologists in the brain cancer screening. Indeed, for the glioma's segmentation process, our attention was diverted towards Transformer which has proved great potential, more recently, for the task of medical imaging. The obtained regions of interest are cropped and then relayed to an SVM for classification to discriminate low grade gliomas (LGG) and high grade gliomas (HGG) based texture quantification. The contributed approach gives results up to 90% accuracy.

## **Key words**

Brain cancer, Glioma, Segmentation, Transformer, Classification, Machine learning, Texture quantification, SVM.

## **Résumé**

Le gliome cause le taux de mortalité le plus élevé parmi les tumeurs cérébrales. En effet, environ 33 % des tumeurs cérébrales diagnostiquées consistent en des gliomes. Dans ce sens, l'IRM est principalement utilisée pour déterminer le degré et la position des gliomes étendus en raison de son contraste remarquable. Cependant, le diagnostic manuel est inefficace et nécessite à la fois l'expertise et l'expérience du radiologue. Par conséquent, des systèmes de diagnostic assisté par ordinateur (CAD) ont été développés pour aider les neuro-oncologues dans le dépistage du cancer du cerveau. En effet, durant le processus de segmentation du gliome, notre attention a été détournée vers le Transformer qui s'est avéré avoir un grand potentiel, récemment, pour la tâche de l'analyse de l'imagerie médicale. Les régions d'intérêt obtenues sont recadrées puis transmises à un SVM pour le processus de la classification afin de discriminer les gliomes de bas grade (LGG) et les gliomes de haut grade (HGG). L'approche contributive aboutie à des résultats jusqu'à 90% de précision.

## **Mots clés**

Cancer du cerveau, Gliome, Segmentation, Transformer, Classification, Apprentissage automatique, Quantification de texture, SVM.

## الملخص

الورم الدبقي لديه أعلى معدل وفيات بين أورام الدماغ. في الواقع، حوالي 33% من أورام المخ التي تم تشخيصها هي أورام دبقيّة. حيث يستخدم التصوير بالرنين المغناطيسي في الغالب في العثور على درجة وموقع الأورام الدبقيّة الممتدة بسبب تباينها الجدير بالملاحظة. ومع ذلك، فإن التشخيص اليدوي غير فعال ويتطلب خبرة وتجربة اختصاصي الأشعة. ومن ثم، تم تطوير أنظمة التشخيص بمساعدة الكمبيوتر (CAD) لمساعدة أطباء الأورام العصبية في فحص سرطان الدماغ. وبالنسبة لعملية تجزئة الورم الدبقي، تم تحويل انتباهنا نحو المحولات التي أثبتت إمكانات كبيرة، مؤخرًا، لمهمة التصوير الطبي. يتم اقتصاص مناطق الاهتمام التي تم الحصول عليها ثم نقلها إلى SVM لتصنيفها للتمييز بين الأورام الدبقيّة منخفضة الدرجة (LGG) والأورام الدبقيّة عالية الدرجة (HGG) على أساس القياس الكمي للنسيج. يعطي النهج المُساهم نتائج تصل إلى دقة 90%..

## الكلمات المفتاحية

سرطان الدماغ، الورم الدبقي، التجزئة، التحويل، التصنيف، التعلم الآلي، قياس الملمس، SVM.

---

# TABLE DES MATIÈRES

<b>Table des matières</b>	<b>i</b>
<b>Table des figures</b>	<b>iv</b>
<b>Liste des tableaux</b>	<b>vi</b>
<b>Introduction générale</b>	<b>1</b>
<b>I Les atouts de l'intelligence artificielle : l'apprentissage automatique, l'apprentissage profond et les Transformers</b>	<b>5</b>
I.1 Introduction . . . . .	6
I.2 définition de la vision par ordinateur . . . . .	6
I.3 Définition de l'analyse d'image et ses divers niveaux . . . . .	7
I.3.1 Analyse de bas niveau d'image . . . . .	7
I.3.2 Analyse de haut niveau d'image . . . . .	7
I.4 signification du concept : texture . . . . .	8
I.5 Les paradigmes de l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond . . . . .	8
I.5.1 L'apprentissage automatique . . . . .	8
I.5.2 L'apprentissage profond . . . . .	12
I.6 Description de quelques modèles des réseaux de neurone convolutifs . . . . .	17
I.6.1 U-Net . . . . .	17
I.6.2 AlexNet, ResNet et VggNet . . . . .	18
I.6.3 Mask-RCNN . . . . .	18
I.7 Transformer . . . . .	19

I.7.1	Transformer vs CNN . . . . .	20
I.7.2	Fusion des CNN et les transformers . . . . .	20
I.8	Conclusion . . . . .	22
<b>II</b>	<b>Ampleur du cancer du cerveau et état de l'art sur les paradigmes de l'intelligence artificielle pour le diagnostic automatique de cette maladie</b>	<b>23</b>
II.1	Introduction . . . . .	24
II.2	Le cancer du cerveau . . . . .	25
II.2.1	Définition . . . . .	25
II.2.2	Les types des tumeurs cérébrales . . . . .	26
II.3	L'imagerie par résonance magnétique (IRM) pour le dépistage du cancer du cerveau . . . . .	27
II.3.1	Limites de l'IRM durant le diagnostic du cancer du cerveau . . . . .	29
II.4	Diagnostic assisté par ordinateur du cancer du cerveau . . . . .	31
II.4.1	Détection des tumeurs assistée par ordinateur (CADe) . . . . .	32
II.4.2	Diagnostic des tumeurs assisté par ordinateur (CADx) . . . . .	33
II.5	L'aide au diagnostic médical du cancer du cerveau basé apprentissage automatique	33
II.6	Application de l'apprentissage profond pour l'aide au diagnostic médical du cancer du cerveau . . . . .	36
II.7	Conclusion . . . . .	38
<b>III</b>	<b>Problématique soulignée et l'approche proposée</b>	<b>39</b>
III.1	Introduction : . . . . .	40
III.2	Problématique et plan d'action . . . . .	41
III.3	Segmentation des tumeurs cérébrales dans les IRM basée Transformer . . . . .	45
III.3.1	Base de données utilisée . . . . .	45
III.3.2	Pipeline de la segmentation des tumeurs cérébrales basé Transformer . . . . .	46
III.4	Classification des gliomes à bas grade et à haut grade basée machines à vecteurs de support . . . . .	49
III.4.1	Pipeline de la classification des tumeurs cérébrales . . . . .	49
III.5	Architecture de l'approche proposée . . . . .	58
III.6	Conclusion . . . . .	59
<b>IV</b>	<b>Evaluation des performances</b>	<b>60</b>
IV.1	Introduction : . . . . .	61

IV.2 Environnement De Développement Et Outils Utilisés . . . . .	62
IV.2.1 Langage Python . . . . .	62
IV.2.2 Matériel de configuration . . . . .	64
IV.3 Mesures de performance utilisées . . . . .	65
IV.3.1 Matrice de Confusion . . . . .	65
IV.3.2 Précision de la classification (Accuracy) . . . . .	66
IV.4 Explication du code . . . . .	67
IV.5 Evaluation des performances de l'approche proposée basée Transformer . . . . .	68
IV.6 Evaluation des performances de l'approche proposée basée U-net . . . . .	73
IV.7 présentation de quelques vue de l'interface de notre approche . . . . .	76
IV.7.1 Upload Irm . . . . .	76
IV.7.2 Test and Crop . . . . .	76
IV.8 Conclusion . . . . .	77
<b>Bibliographie</b>	<b>80</b>

---

# TABLE DES FIGURES

I.1	Problème de classification à deux classes en haut avec une séparation linéaire et en bas avec une séparatrice non linéaire. . . . .	10
I.2	Architecture d'un CNN. Source [1]. . . . .	14
I.3	Principe de l'application de la convolution sur un image. Source [2]. . . . .	14
I.4	Exemples du max pooling et de l'Average pooling. . . . .	15
I.5	La fonction d'activation ReLU . . . . .	16
I.6	Architecture de U-Net. Source [3] . . . . .	18
I.7	Architecture des AlexNet, ResNet et VggNet. Source [4] . . . . .	18
I.8	Architecture de Mask -RCNN. Source [5] . . . . .	19
I.9	Architecture de Transformer. Source [6] . . . . .	20
I.10	Taxonomie des approches typiques pour fusionner CNN et Transformer. Source [7] . . . . .	21
II.1	Les composants de la structure tissulaire du cerveau humain. Source [4] . . . . .	25
II.2	Exemple d'une tumeur Méningiomes à droite, une tumeur gliome au centre et une tumeur d'adénomes hypophysaires à gauche. Source [8][9][10] . . . . .	27
II.3	Vue coronal, Vue axial et Vue sagittal de l'image cérébrale. Source [11] . . . . .	28
II.4	Exemples d'images IRM et leur ground truth avec les quatre modalités (vert pour l'œdème, rouge pour la nécrose et jaune pour l'amélioration de la tumeur. Source [12] . . . . .	29
II.5	Architecture typique d'un système CAD. Source [11]. . . . .	32
III.1	IRM cérébrales de la base de données BraTS 2021avec leurs masques respectifs. . . . .	46
III.2	Architecture de Swin. Source [13] . . . . .	47
III.3	Vue d'ensemble du mécanisme de fenêtrage décalé. Source [13]. . . . .	48

III.4 Pipeline adopté pour la classification des tumeurs cérébrales. Source [14]. . . . .	49
III.5 Courbes de Zipf et de Zipf d'un gliome à bas grade (lgg). . . . .	51
III.6 Courbe de Zipf et Zipf inverse d'un gliome à haut grade (hgg). . . . .	52
III.7 Application des filtres de Gabor dans le domaine fréquentiel. . . . .	55
III.8 Parties réelles des filtres de Gabor utilisés. . . . .	55
III.9 Parties réelles des tumeurs filtrées . . . . .	56
III.10 Exposition de la magnitude de la réponse relative au filtre de Gabor suite à la convolution de la tumeur maligne avec une banque de filtres de Gabor. . . . .	56
III.11 Architecture générale de l'approche proposée de segmentation et classification des gliomes . . . . .	58
IV.1 la partie du code de notre modèle Transformer (SwinUnetR). . . . .	67
IV.2 Evolution de la fonction d'Average Loss au long des époques. . . . .	68
IV.3 Evolution de la fonction de Val Mean Dice au long des époques. . . . .	68
IV.4 Evolution de la fonction de Val Mean Dice TC au long des époques. . . . .	69
IV.5 Evolution de la fonction de Val Mean Dice WT au long des époques. . . . .	69
IV.6 Evolution de la fonction de Val Mean Dice ET au long des époques. . . . .	70
IV.7 Exemples de la segmentation du gliome basée Transformer. . . . .	70
IV.8 Extraction des descripteurs. . . . .	71
IV.9 Matrice de confusion relative à la classification du gliome en HGG et LGG basée SVM et issue d'une segmentation basée Transformer (SwinUnetR) . . . . .	72
IV.10 Evolution de la précision de la segmentation par le modèle U-net. . . . .	73
IV.11 Minimisation de loss function par le modèle U-net. . . . .	73
IV.12 Exemple de la segmentation du gliome basée U-net. . . . .	74
IV.13 Matrice de confusion relative à la classification du gliome en HGG et LGG basée SVM et issue d'une segmentation basée Unet . . . . .	75
IV.14 Interface . . . . .	76

---

# LISTE DES TABLEAUX

II.1	Approches CAD basées apprentissage automatique (Machine Learning) de diagnostic du cancer du cerveau . . . . .	35
II.2	Approches CAD basées apprentissage profond de diagnostic du cancer du cerveau	37
IV.1	Caractéristiques du matériel local utilisées . . . . .	64
IV.2	Matrice de Confusion . . . . .	65
IV.3	Précision de classification du gliome en HGG et LGG basée SVM et issue d'une segmentation basée Transformer (SwinUnetR). . . . .	72
IV.4	Précision de classification du gliome en HGG et LGG basée SVM et issue d'une segmentation basée U-net. . . . .	74

---

# INTRODUCTION GÉNÉRALE

Le cancer du cerveau contribue avec une part de 0,44% de mortalité dans le monde entier dans tous les décès par toutes les maladies et une contribution de 03% de mortalité dans toutes les mortalités dues à tous les types de cancer dans le monde [15]. En effet, ce type de cancer est devenu la huitième cause de mortalité dans le monde en 2020. Une croissance anormale et irrégulière des cellules cérébrales peut entraîner une mutation de l'ADN des cellules cérébrales et engendrer le développement d'une masse ou d'une tumeur dans le cerveau humain [16]. Cette masse pourrait affecter les fonctions du système nerveux dans une certaine mesure, mais l'emplacement et le taux de croissance de la masse ne déterminent que sa gravité sur le système nerveux. Il existe différents types de tumeurs cérébrales et elles sont nommées en fonction de différents facteurs tels que l'emplacement, la texture, la forme et l'agressivité. Parmi toutes les tumeurs cérébrales, le gliome est la tumeur cérébrale la plus fréquente [17]. Les symptômes et la survie des patients atteints de gliome dépendent de l'emplacement et de leur sous-type. L'organisation mondiale de la santé (OMS) classe le gliome en quatre catégories (grades I-IV) en fonction de l'agressivité des cellules tumorales. Les grades I et II de l'OMS sont généralement appelés gliomes de bas grade (LGG), tandis que les grades III et IV de l'OMS sont appelés gliomes de haut grade (HGG). En effet, une estimation précise du stade de la tumeur est essentielle pour la planification du traitement où La biopsie est la méthode de référence à cet effet. Cependant, il s'agit d'une procédure invasive qui peut s'avérer fatale pour les patients si une tumeur est présente profondément à l'intérieur du cerveau, qui consiste à classer les tumeurs en fonction des similitudes microscopiques des cellules et de leurs niveaux de différenciation [18]. La biopsie est sujette à des erreurs d'échantillonnage et à des variations inter-observateurs. Les informations histologiques sont combinées à l'analyse génotypique pour dépister les mutations telles que le type IDH et le statut de codéletion 1p/19q. En revanche, de nombreuses techniques d'imagerie médicale sont développées pour obtenir des images permettant de diagnostiquer diverses maladies. Les rayons X, l'imagerie par ultrasons (US), la tomographie par émission de positrons (TEP), la tomodensitométrie (CT), la spectroscopie par résonance magnétique (MRS), la tomographie par émission monophotonique (SPECT) et l'IRM sont les technologies les plus souvent utilisées [19]. Ces images aident le médecin spécialiste à examiner et à obtenir des informations approfondies sur les différents composants du corps humain. Elles aident également au diagnostic de la maladie et à la planification du traitement. Néanmoins, l'IRM est la technique la plus pertinente en raison de sa capacité à produire des images haute résolution avec des informations précises sur la structure du corps humain. Pour toutes les classes de tumeurs, telles que le méningiome, le gliome et l'hypophyse, l'IRM offre une apparence robuste. De plus, l'IRM est également l'une des modalités d'imagerie

médicale les plus utilisées et les plus précises pour classer les tumeurs cérébrales. Il est difficile pour les médecins de marquer manuellement toutes les régions tumorales dans chaque IRM rapidement et avec précision. La difficulté augmente avec la charge de travail et la visualisation longue et continue de l'écran d'affichage numérique, car la vision humaine est mise à rude épreuve et devient sujette à des performances sous-optimales [17]. Au cours des dernières années, les praticiens ont consacré beaucoup de temps et d'efforts à faire des progrès substantiels dans la classification des tumeurs dans les images IRM cérébrales. De nombreuses stratégies pour obtenir des performances de classification robustes ont été introduites [19]. La plupart des approches de classification des tumeurs cérébrales en sont encore à leurs balbutiements dans leurs résultats expérimentaux. Parce que de nombreux facteurs, tels qu'une mauvaise qualité d'image, un manque de données d'apprentissage, des caractéristiques d'image de mauvaise qualité, une mauvaise localisation de la tumeur et d'autres, peuvent avoir un impact sur le processus de classification des tumeurs cérébrales. Par conséquent, développer un système capable d'atteindre des performances de classification de pointe tout en améliorant simultanément les facteurs mentionnés ci-dessus est un défi. Dans ce sens, une recherche méticuleuse pour établir un classifieur performant est toujours active et critique. Ainsi, nous présentons dans ce mémoire, l'étude du point de vue de la classification des tumeurs cérébrales pour fournir aux chercheurs, universitaires et praticiens des résultats informatifs. La méthode proposée peut augmenter de manière significative la qualité du diagnostic assisté par ordinateur (CAD), réduire la charge de travail des médecins spécialistes et contribuer à atténuer davantage le déséquilibre des ressources médicales et les contradictions entre médecins et patients. Il est essentiel d'étudier les défis techniques liés à la classification des tumeurs cérébrales en imagerie médicale. Nous évoquerons deux types de techniques basées sur l'apprentissage automatique [19] : l'apprentissage automatique traditionnel et l'apprentissage en profondeur. Les deux groupes subissent une série de processus pour classer les tumeurs dans les images IRM, y compris le prétraitement, c'est-à-dire l'amélioration visuelle de l'image IRM, la localisation, l'extraction de caractéristiques et la classification. La segmentation de la structure cérébrale est un processus très difficile en raison de la nature complexe du cerveau humain et du manque de frontières bien définies entre les différents tissus. En général, l'interprétation et l'examen manuels d'une IRM cérébrale par un radiologue et un expert en neurologie sont chronophages et fastidieux [20]. Comme solution à ce problème, une segmentation automatisée de l'IRM cérébrale qui peut aider les radiologues dans le diagnostic clinique est nécessaire. Nous contribuons un modèle avancé d'apprentissage en profondeur largement utilisés dans ces dernières années qui est le « Transformer ». Par rapport aux modèles classiques d'apprentissage en profondeur tels que CNN, FCN et GAN, ces

nouveaux modèles proposés permettent aux scientifiques de mieux performer dans les études sur les maladies du cerveau [21]. La structuration de ce mémoire est la suivante :

**Chapitre I :** Les atouts de l'intelligence artificielle : l'apprentissage automatique, l'apprentissage profond et les Transformers

Au long du premier chapitre, nous évoquerons les notions de base de l'analyse d'image et de la vision par ordinateur, voire plus, l'essor de l'apprentissage automatique ainsi que de de l'apprentissage profond.

**Chapitre 2 :** Ampleur du cancer du cerveau et état de l'art sur les paradigmes de l'intelligence artificielle pour le diagnostic automatique de cette maladie

Le chapitre II sera consacré à la définition du cancer du cerveau et de son ampleur sur l'être humain. Dans ce sens, les paradigmes de l'intelligence artificielle ont fait ravage pour le diagnostic automatique de cette maladie.

**Chapitre 3 :** Problématique soulignée et l'approche proposée Le chapitre III détaillera la problématique de ce mémoire avec l'ultime but du diagnostic automatique du cancer du cerveau, entre autres, l'approche proposée. développement.

**Chapitre 4 :** Evaluation des performances Quant au chapitre IV, il déroulera l'évaluation des résultats aboutis par l'approche proposée. Nous concluons ce mémoire par une conclusion générale et des perspectives.

---

---

# CHAPITRE I

---

LES ATOUTS DE L'INTELLIGENCE  
ARTIFICIELLE : L'APPRENTISSAGE  
AUTOMATIQUE, L'APPRENTISSAGE  
PROFOND ET LES TRANSFORMERS

## I.1 Introduction

Depuis plus d'une décennie, l'intelligence artificielle (IA) a vécu une accélération dans son développement ainsi que son adoption, spécialement pour résoudre les problèmes dans le domaine de diagnostic des images cérébrales (IRM) vu leur faible contraste, frontières floues entre les divers tissus ou bien entre les tissus et les lésions. En effet, ces lacunes ne se différencient pas à l'œil nu où l'intelligence artificielle a pu en extraire des caractéristiques discriminantes pour l'amélioration du diagnostic. Nous évoquons au long de ce chapitre, les paradigmes de d'intelligence artificielle proposés pour l'analyse d'images, l'extraction de descripteurs discriminants en vue de la classification du gliome, désignant le type le plus répandu de tumeur cérébrale primaire maligne avec une incidence et un taux de mortalité élevé.

## I.2 définition de la vision par ordinateur

La vision par ordinateur est un domaine appartenant à l'intelligence artificielle et qui vise l'analyse et l'interprétation d'images numériques. L'ultime objectif de la vision par ordinateur est de doter la machine avec la capacité de voir et d'interpréter le monde identiquement à un être humain. En effet, à la fin la machine pourra prendre des décisions et effectuer des tâches en se basant sur les informations visuelles qu'elle a reçu. La vision par ordinateur utilise des techniques de traitement d'image pour extraire des descripteurs des images numériques en vue de la réalisation de différentes tâches, telles que la segmentation d'image et la reconnaissance d'objets ou de visages. Une fois ces informations acquises, elles peuvent ensuite être utilisées pour élaborer des décisions ou interagir avec le l'environnement. Les applications de la vision par ordinateur sont nombreuses et diverses. Elle est utilisée dans des domaines tels que la reconnaissance faciale, la sécurité, la médecine, la surveillance, la robotique, la réalité augmentée, les jeux vidéo, la cartographie, la photographie et bien plus encore. De nombreuses techniques et algorithmes sont conçus pour la mise en œuvre de la vision par ordinateur, tels que l'apprentissage en profondeur, la reconnaissance de formes, l'analyse de texture et beaucoup d'autres. Citons aussi des bibliothèques logicielles comme OpenCV, TensorFlow, PyTorch et Scikit-image. La vision par ordinateur est un domaine en constante évolution ainsi qu'expansion devenant omniprésente dans notre monde moderne. En effet, la révolution dans l'apprentissage en profondeur et les réseaux de neurones convolutifs a considérablement amélioré les performances relatives aux systèmes de vision par ordinateur [22].

## I.3 Définition de l'analyse d'image et ses divers niveaux

L'analyse d'images désigne un processus d'extraction d'informations pertinentes et significatives des images numériques par l'application de techniques, citons la segmentation d'images, l'extraction de caractéristiques et la classification. En effet, ceci s'effectue suite à l'utilisation de méthodes mathématiques et statistiques dans le but d'identifier des modèles. L'analyse d'images est utilisée en médecine pour analyser des images médicales telles que X-Rays, l'IRM et les CT scans pour diagnostiquer des maladies ou bien des affections. L'analyse d'image se compose de plusieurs étapes, notamment : prétraitement des images pour l'amélioration de la qualité d'image, la segmentation des images, l'extraction de caractéristiques et la reconnaissance des formes. Ces étapes s'effectuent suite à l'utilisation de techniques : détection des bords, reconnaissance d'objets, analyse des textures, Apprentissage automatique ou apprentissage profond [23].

### I.3.1 Analyse de bas niveau d'image

L'analyse d'image de bas niveau fait référence aux étapes de traitement initiales impliquées dans l'analyse d'une image numérique où nous faisons appel aux techniques de traitement d'image de base comme le filtrage, la segmentation, l'extraction de caractéristiques qui sont utilisés pour l'extraction de caractéristiques et informations de base de l'image. En effet, l'analyse d'image de bas niveau est considérée en tant qu'étape de prétraitement en vue de la préparation de l'image pour une analyse et une interprétation de niveau plus élevé. L'analyse d'images de bas niveau est une phase incontournable dans de nombreuses applications de traitement d'images, notamment l'analyse assistée par ordinateur de l'imagerie médicale, la télédétection et la vision par ordinateur. En effet, elle fournit une base pour une analyse et une interprétation de haut niveau de l'image à travers l'application des algorithmes plus complexes sur les données. Il est utile de mentionner que la précision et la performance des techniques d'analyse de niveau supérieur dépendent fortement des progrès réalisés durant le traitement de bas niveau, ce qui engendre le fait que c'est une étape critique dans le pipeline global d'analyse d'image [22].

### I.3.2 Analyse de haut niveau d'image

L'analyse d'images de haut niveau utilise les algorithmes et les techniques avancés en vue de l'extraction de caractéristiques et d'informations complexes des images numériques. Cette

phase va au-delà du traitement et de l'analyse d'image de base en exigeant l'interprétation et la compréhension du contenu de l'image. Nous distinguons diverses techniques utilisées dans l'analyse d'images de haut niveau, citons : la reconnaissance d'objets, l'interprétation de scènes, l'apprentissage en profondeur [24].

## I.4 signification du concept : texture

L'analyse de texture d'image est le processus d'extraction d'informations significatives à partir des motifs de texture présents dans une image. L'analyse de texture est utilisée dans de nombreuses applications, telles que l'imagerie médicale, la télédétection et la vision par ordinateur. Il existe plusieurs techniques utilisées pour l'analyse de texture que nous pouvons les classer en : méthodes statistiques, méthodes fréquentielles et les méthodes structurales. Certaines des techniques couramment utilisées pour l'analyse de texture sont : la matrice de cooccurrence de niveau de gris (GLCM), les modèles binaires locaux (LBP), les filtres de Gabor, et beaucoup d'autres [25].

## I.5 Les paradigmes de l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond

L'apprentissage automatique (machine learning) et l'apprentissage profond (Deep learning) sont des domaines de l'intelligence artificielle permettant à des ordinateurs de créer des modèles à partir des données et de les appliquer par la suite pour prendre des décisions ou effectuer des tâches spécifiques. Nous allons citer des domaines où ces technologies ont été appliquées : reconnaissance de formes, traduction automatique, reconnaissance vocale, diagnostic médical, détection de fraude, reconnaissance de caractères et les prévisions météorologiques. Il est utile de mentionner que ces technologies sont devenues omniprésentes dans de nombreux domaines et continuent de se développer rapidement.

### I.5.1 L'apprentissage automatique

L'apprentissage automatique consiste en un sous-domaine de l'intelligence artificielle visant à créer des algorithmes et des modèles capables d'apprendre à partir de données et d'en générer des prédictions en se basant sur ces données. L'ultime objectif de l'apprentissage automatique est de permettre aux ordinateurs d'apprendre et de s'améliorer automatiquement à partir de

l'expérience acquise sans être explicitement programmées. En effet, les algorithmes d'apprentissage automatique utilisent des données pour apprendre à partir d'exemples et améliorer leurs performances. Nous distinguons divers types d'algorithmes d'apprentissage automatique, notamment l'apprentissage supervisé, l'apprentissage non supervisé et l'apprentissage par renforcement. Dans le premier type d'apprentissage supervisé, l'algorithme est formé sur un ensemble de données étiquetées où la sortie est connue, et l'objectif principal est d'apprendre à prédire une éventuelle sortie correcte pour de nouvelles entrées jamais traitées auparavant. En contrepartie, dans l'apprentissage non supervisé, l'algorithme fut formé sur un ensemble de données non étiquetées où l'objectif est d'en trouver des modèles. D'autre part, dans l'apprentissage par renforcement, l'algorithme apprend suite à des essais et des erreurs. En récapitulant, l'apprentissage automatique a de diverses applications dans plusieurs domaines, citons la santé, le marketing, l'agriculture etc. en effet, sa capacité à apprendre des données et à en générer des prédictions ou à prendre des décisions a le potentiel de transformer et d'améliorer nombreuses industries et influencer sur la vie en général. Nous allons citer quelques algorithmes d'apprentissage automatique comme suit :

- **Machines à Vecteurs de Support**

Les machines à vecteurs de support (SVM) sont un algorithme incontournable utilisé dans l'apprentissage automatique pour les tâches de classification et de régression. Les SVM présentent un objectif de trouver le meilleur hyperplan qui sépare les données en différentes classes en prédictant une variable de sortie basée sur les caractéristiques d'entrée. Dans la classification binaire, le but de SVM est de trouver l'hyperplan qui sépare les deux classes avec une marge maximale, qui est la distance entre l'hyperplan et les points de données les plus proches de chaque classe. Les SVM sont aussi particulièrement utiles pour les problèmes non linéaires, où les données ne peuvent pas être séparées par une ligne droite. En effet, face à cette situation les SVM utilisent les fonctions noyau (kernel) pour amener les données à un espace de dimension supérieure où un hyperplan pourra être trouvé qui sépare convenablement les données [26]. Nous présentons sur la figure I.1, un problème de classification à deux classes en haut avec une séparation linéaire et en bas avec une séparatrice non linéaire.

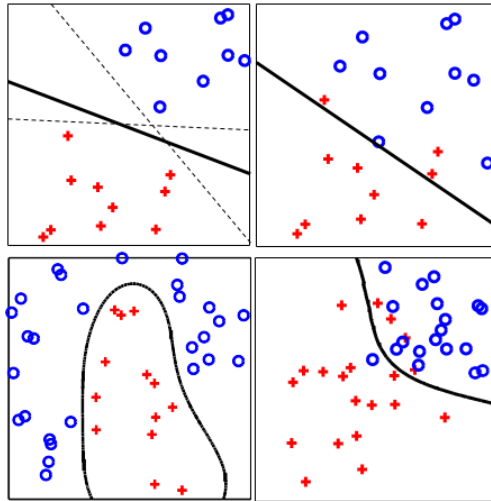


FIGURE I.1 – Problème de classification à deux classes en haut avec une séparation linéaire et en bas avec une séparatrice non linéaire.

Les SVM présentent divers avantages pour les problèmes de classification et de régression :

1. Les SVM sont efficaces dans les espaces de grande dimension, ce qui est particulièrement utile lorsqu'il s'agit de grands ensembles de données.
2. Les SVM peuvent gérer des données non linéaires à l'aide de fonctions du noyau, ce qui les rend adaptées à un large éventail de problèmes.
3. Les SVM sont moins sujets à l'overfitting que les autres algorithmes, ce qui signifie qu'ils sont plus susceptibles du processus de généralisation à de nouvelles données.

Ceci dit, les SVM présentent aussi certaines limitations :

1. Sensibilité au choix de la fonction noyau et de ses paramètres, ce qui peut affecter leurs performances.
2. Les SVM peuvent être coûteuses en calcul surtout pour les grands ensembles de données.

- **Les réseaux de neurones**

Les réseaux de neurones sont une classe d'algorithmes utilisés dans l'apprentissage automatique et l'intelligence artificielle, qui sont inspirés de la structure et de la fonction du cerveau humain. Les réseaux de neurones peuvent être impliqués des problèmes de classification, de régression, de reconnaissance de formes, de traitement du langage naturel...etc. Les réseaux de neurones sont constitués de couches de neurones interconnectés, chaque neurone étant capable de traiter une entrée et de produire une sortie en fonction de ses poids et biais. Les entrées et sorties sont généralement des vecteurs de nombres réels, et les poids et biais sont ajustés pendant l'apprentissage pour minimiser l'erreur entre les sorties prédites et les sorties réelles [26].

Nous distinguons plusieurs types de réseaux de neurones, notamment les réseaux de neurones à propagation, les réseaux de neurones récurrents et les réseaux de neurones convolutifs. En effet, les réseaux de neurones à propagation sont le plus souvent utilisés et furent constitués d'une couche d'entrée, une ou plusieurs couches cachées, et une couche de sortie. D'autre part, les réseaux de neurones récurrents furent utilisés pour traiter des séquences de données, où la sortie d'un neurone sera utilisée comme entrée pour le neurone suivant. Tandis que les réseaux de neurones convolutifs traitent les données avec une structure spatiale, citons l'exemple des images, où les neurones sont organisés sous forme de couches désignant des filtres de convolution. Les réseaux de neurones présentent de nombreux avantages [27] :

1. Une capacité à apprendre des modèles complexes et non linéaires.
2. Une capacité à gérer des données bruyantes et incomplètes.
3. Une capacité de généralisation à des données non traitées auparavant.

Ceci dit, ils présentent également des inconvénients :

1. Complexité de mise en œuvre.
2. La nécessité de grandes quantités de données durant le processus de l'apprentissage, et leur difficulté à interpréter les modèles appris.

- **Les K plus proches voisins (K-NN : K Nearest Neighbors)**

K plus proches voisins, K-NN ou K Nearest Neighbors, est un algorithme d'apprentissage automatique utilisé majoritairement pour les tâches de classification et de régression. C'est un algorithme simple et non paramétrique fonctionnant sous le principe de trouver les K points de données les plus proches à un nouveau point de données non étiqueté. Par la suite, ce nouveau point se fera attribuer l'étiquette de la majorité de ces K voisins. Donc durant la classification, l'algorithme attribue l'étiquette de la majorité des K voisins les plus proches au nouveau point. Cependant, en régression, l'algorithme attribue la valeur moyenne ou médiane des K voisins les plus proches au nouveau point de données [28]. L'algorithme K-NN présente certains avantages citons :

1. Sa simplicité.
2. Sa facilité de mise en œuvre. En effet, il ne nécessite pas d'apprentissage, ce qui le rend facile à appliquer avec de nouvelles données.

- **Les arbres de décision**

Les arbres de décision appartiennent aux algorithmes de l'apprentissage automatique qui s'appliquent pour la classification et la régression. Leur principe désigne la construction d'un arbre à partir des données d'apprentissage, où chaque nœud de l'arbre désigne une variable et chaque branche désigne une décision basée sur cette variable. Il est utile de mentionner que les feuilles de l'arbre représentent les classes ou les valeurs prédites relatives aux données d'entrée. Les arbres de décision sont particulièrement pertinents pour leur interprétabilité et leur facilité d'utilisation. En effet, ils peuvent être impliqués dans des tâches de classification et de régression où les données sont catégorielles et continues. Les arbres de décision ont plusieurs avantages, citons :

1. Leur simplicité.
2. Leur capacité à gérer des données manquantes ou bruyantes.

Cependant, quelques inconvénients s'imposent :

1. Ils peuvent être instables et sujet à l'overfitting, en particulier pour les arbres profonds [29].

## **I.5.2 L'apprentissage profond**

L'apprentissage en profondeur est considéré comme un sous-domaine de l'apprentissage automatique. Il est basé sur les réseaux de neurones artificiels avec plusieurs couches d'abstraction durant lesquelles il apprend des représentations de données. En effet, ces réseaux de neurones peuvent être composés de milliers ou aller jusqu'à des millions de nœuds de traitement interconnectés fonctionnant ensemble pour la reconnaissance de modèles, en générer des prédictions ainsi que de nouvelles informations à partir d'ensembles de données complexes. La caractéristique la plus surprenante de l'apprentissage en profondeur est sa capacité d'extraire automatiquement des descripteurs de haut niveau à partir de données brutes, telles que des images, des signaux vocaux ou encore du texte. Ceci, sans se diriger vers le besoin d'une ingénierie manuelle des descripteurs. Cela fait la particularité de l'apprentissage en profondeur où il s'est avéré très efficace dans des applications où les données sont complexes ou bien mal comprises, telles que la découverte de médicaments. L'apprentissage en profondeur a fait ravage dans un large éventail de domaines, citons : la vision par ordinateur, l'analyse de l'image médicale, la reconnaissance vocale, le traitement du langage naturel et la robotique. Il est utile de mentionner que les avènements récents de la puissance du matériel, tels que les unités de traitement graphique (GPU),

ont favorisé la formation de réseaux de neurones plus approfondis et complexes à la fois, engendrant des performances davantage plus impressionnantes dans diverses applications [30]. Les architectures d'apprentissage en profondeur les plus couramment appliquées comprennent les réseaux de neurones convolutifs (CNN), destinés au traitement d'images et de vidéos, les réseaux de neurones récurrents (RNN), destinés à l'analyse séquentielle de données et les réseaux antagonistes génératifs (GAN) pour la synthèse d'images et de vidéos. Nous allons détailler les réseaux de neurones convolutifs dans ce qui suit : Les réseaux de neurones convolutifs (CNN) sont une architecture de réseau de neurones artificiels majoritairement utilisée en traitement d'images et de vidéos. Ils ont été introduits par Yann LeCun et ses collègues durant les années 1990 en vue de la reconnaissance de caractères manuscrits où ils ont fait une révolution et leur utilisation s'est propagée vers de nombreuses applications de vision par ordinateur telles que la reconnaissance d'objets, la segmentation d'images, la détection de mouvements et la classification d'images. L'architecture relative à un CNN est constituée de couches de convolution, de pooling et de couche entièrement connectée. La couche de convolution est destinée à l'extraction des caractéristiques depuis les images en appliquant des filtres convolutifs à la matrice de pixels de l'image d'entrée. La couche de pooling réduit la taille de la sortie de la couche de convolution en prenant la valeur maximale ou moyenne d'une région d'intérêt. Vers la fin, la couche entièrement connectée récolte et combine les caractéristiques extraites pour générer la sortie finale [1]. Les avantages des CNN sont beaucoup :

1. La capacité d'apprendre des caractéristiques abstraites à partir de données brutes, ce qui restreint le recours aux techniques de pré-traitement manuelles.
2. Les réseaux de neurones convolutifs se généralisent à des images qu'ils n'ont pas analysé durant l'apprentissage, ce qui en fait une architecture très puissante pour la reconnaissance du contenu d'images.

Les CNN ont prouvé leur efficacité dans de nombreux domaines, citons la reconnaissance faciale, la reconnaissance de la parole, la surveillance en sécurité, la conduite autonome et la reconnaissance d'objets dans les images. Nous présentons sur la figure I.2, l'architecture générale d'un CNN :

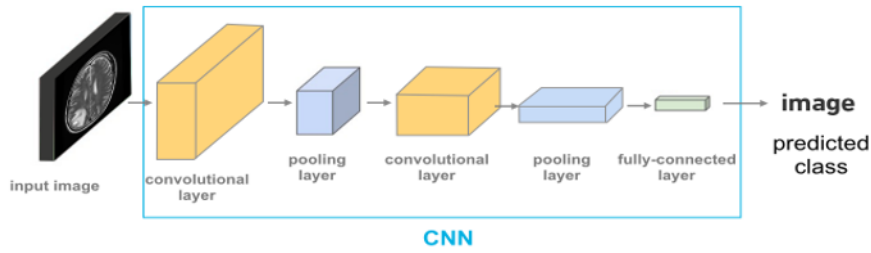


FIGURE I.2 – Architecture d'un CNN. Source [1].

Nous allons définir le rôle de chaque couche comme suit :

- **La couche convolutive**

Cette couche s'appuie sur une opération mathématique qui est la convolution pour l'extraction des caractéristiques à partir de l'image d'entrée comme mentionné sur la figure I.3. La convolution désigne la multiplication d'une matrice de poids, appelée noyau ou filtre, avec une partie de l'image d'entrée. En effet, cette opération s'effectue sur toute l'image par le processus de déplacement du noyau qui parcourt l'image en 2 dimensions. Le résultat obtenu à partir de chaque convolution désigne une carte de caractéristiques qui met en évidence les motifs spécifiques rencontrés dans l'image d'entrée. En formant plusieurs de ces couches convolutionnelles en cascade, le réseau de neurone apprend des représentations hiérarchiques des images. Ceci, en prenant en considération tout d'abord les motifs simples tels que les bords et les couleurs jusqu'à arriver à la reconnaissance des formes plus complexes telles que les visages et les objets [31]. En effet, la couche convolutive est une étape clé utilisée par les réseaux de neurones convolutifs dans le but d'extraire des caractéristiques à partir d'images d'entrée en vue d'améliorer leur précision dans la reconnaissance d'images.

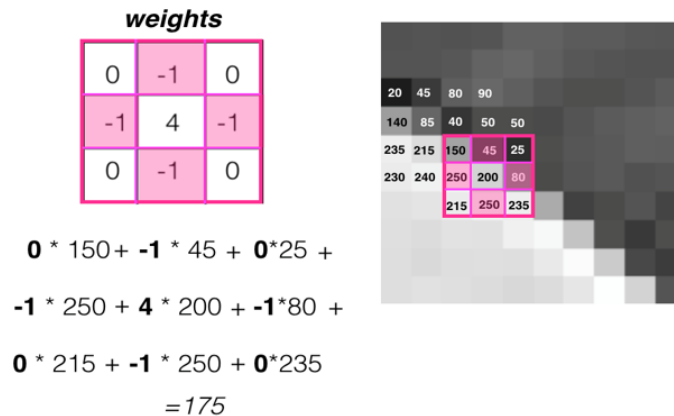


FIGURE I.3 – Principe de l'application de la convolution sur un image. Source [2].

## • La Couche de pooling

La couche de pooling, également appelée couche de sous-échantillonnage, est une couche incontournable dans un réseau de neurones convolutifs. En effet, son rôle est la réduction de la taille spatiale des représentations en sortie (les cartes de caractéristiques) des couches de convolution pour diminuer la quantité de paramètres et le temps de calculs dans le réseau. Cette couche permet, en outre, d'introduire une invariance aux translations au sein de l'image en forçant la représentation de ne dépendre que de motifs présents à des échelles divers. Nous allons citer les pooling existants en les schématisant sur la figure I.4 :

1. Max pooling : Cette approche consiste à sélectionner la valeur maximale dans une fenêtre de pooling (généralement de taille 2x2) qui se déplace sur la carte de caractéristiques en entrée. Les caractéristiques les plus importantes seront conservées tout en réduisant la taille relative à la carte de caractéristiques.
2. Average pooling : Cette approche consiste à considérer la moyenne des valeurs dans la fenêtre de pooling. Mentionnons qu'elle est moins courante que le max pooling.
3. Pooling en L2 : Cette méthode consiste à considérer la racine carrée de la somme des carrés des valeurs dans la fenêtre de pooling.

La couche de pooling est en général placée suite à chaque couche de convolution dans un CNN. De plus, nous pouvons également là rencontrer après des couches entièrement connectées dans le but de réduire le nombre de paramètres du modèle [32]. Notons que certaines architectures récentes de CNN utilisent moins de couches de pooling, voire ne les utilise même pas, faisant recours à des stratégies d'augmentation de données et de régularisation pour éviter le overfitting et améliorer la performance du modèle.

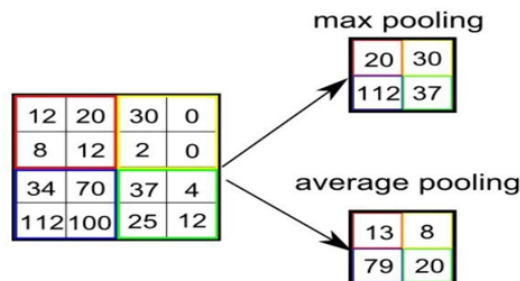


FIGURE I.4 – Exemples du max pooling et de l'Average pooling.

- **La Couche de correction ReLU**

La couche de correction ReLU (Rectified Linear Unit) présente une fonction d'activation souvent utilisée dans les réseaux de neurones profonds comme exposé sur la figure I.5. Elle intervient suite à une couche de convolution ou une couche entièrement connectée pour un ultime but d'introduire une non-linéarité au sein du modèle. Elle a plusieurs avantages en la comparant à d'autres fonctions d'activation :

1. Rapide à calculer, là rendant efficace pour l'apprentissage de modèles profonds.
2. Permet une propagation efficace du gradient, facilitant la rétropropagation de l'erreur et l'apprentissage du modèle.

Ceci dit, la fonction ReLU présente aussi quelques inconvénients. En effet, elle peut conduire à une disparition du gradient dans le cas des entrées négatives, rendant l'apprentissage plus difficile dans quelques situations. Pour faire recours à cet inconvénient, des variantes de la fonction ReLU ont été proposées comme la fonction LeakyReLU qui permet une faible activation relative aux entrées négatives. Concrètement, la couche de correction ReLU est généralement utilisée après une couche de convolution ou une couche entièrement connectée, et peut être suivie par une couche de pooling ou une autre couche de convolution. Cette couche est devenue une composante essentielle dans les réseaux de neurones profonds, du fait de ses performances élevées ainsi que son efficacité de calcul [33].

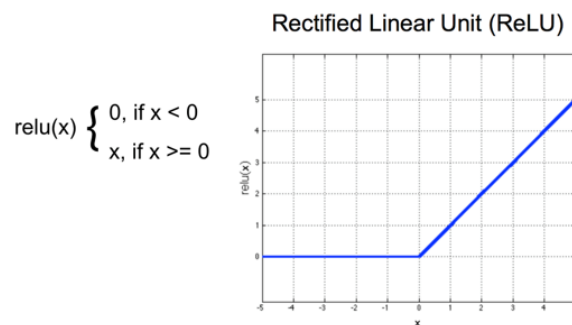


FIGURE I.5 – La fonction d'activation ReLU

- **La couche entièrement connectée**

La couche entièrement connectée ou couche de sortie, est une couche de neurones où chacun est connecté à tous les neurones de la couche précédente. Cette couche est souvent dédiée à la classification ou la régression. Son rôle consiste à prendre en entrée les caractéristiques extraites par les couches précédentes et d'en générer une sortie qui correspond à la classe de la cible. Il est

important de mentionner que dans un réseau de neurones convolutif, les couches entièrement connectées réagissent à la fin du réseau, après les couches de convolution et de pooling, dans le but de produire une sortie correspondant à la classification ou bien à la régression. Les couches entièrement connectées peuvent avoir un grand nombre de neurones, ce qui peut entraîner des problèmes de surapprentissage si le réseau n'est pas régularisé correctement [34].

## I.6 Description de quelques modèles des réseaux de neurone convolutifs

### I.6.1 U-Net

U-Net a été créé par Olaf Ronneberger, Philip Fischer et Thomas Brox en 2015 à travers le document « UNet : réseaux de convolution pour la segmentation d'images biomédicales » [35]. C'est une amélioration et un développement de la FCN : Evan Shelhamer, Jonathan Long et Trevor Darrell (2014) [36]. U-Net est un réseau de neurones à convolution développé pour la segmentation d'images biomédicales au département d'informatique de l'université de Fribourg en Allemagne. Le réseau est basé sur l'architecture dite entièrement convolutionnelle (fully convolutional networks), modifiée et étendue pour fonctionner avec moins d'images d'apprentissage et pour permettre une segmentation plus précise où la segmentation d'une image  $512 * 512$  prend moins d'une seconde sur un GPU récent. Une modification importante dans U-Net est qu'il existe un grand nombre de canaux de fonctions dans la partie de rééchantillonnage, ce qui permet au réseau de propager des informations de contexte vers des couches de résolution supérieure. En conséquence, le chemin d'expansion est plus ou moins symétrique à la partie contractante et donne une architecture en forme de « U ». Le réseau utilise uniquement la partie valide de chaque convolution sans aucune couche entièrement connectée. Pour prédire les pixels dans la zone de bordure de l'image, le contexte manquant est extrapolé en reflétant l'image d'entrée. Cette stratégie de mosaïque est importante pour appliquer le réseau aux images volumineuses, car sinon la résolution serait limitée par la mémoire du processeur graphique [37]. Il existe de nombreuses applications de U-Net dans la segmentation d'images biomédicales, telles que la segmentation d'images cérébrales ("BRATS") ou hépatiques ("siliver07"). Nous présentons sur la figure I.6 l'architecture de U-net.

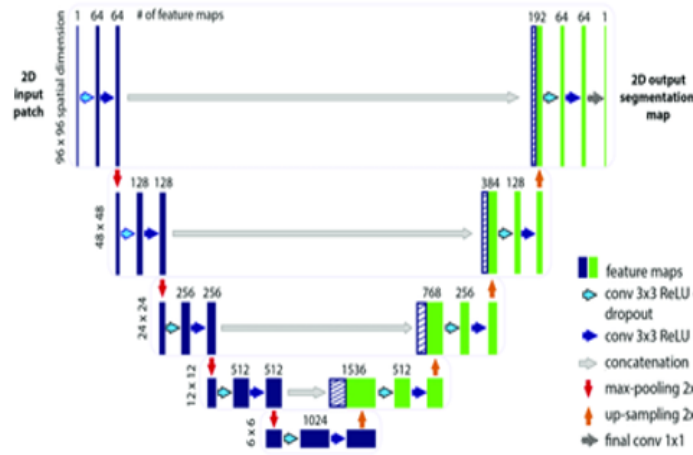


FIGURE I.6 – Architecture de U-Net. Source [3]

### I.6.2 AlexNet, ResNet et VggNet

L'apprentissage en profondeur (DL) est l'une des plus importantes et une partie plus large de la famille de l'apprentissage automatique. L'apprentissage en profondeur utilise les réseaux de neurones convolutifs (CNN) pour la classification des images, car il donne les résultats les plus précis pour résoudre les problèmes du monde réel. CNN a diverses architectures préformées comme AlexNet, ResNet, VggNet etc[38] où leurs principe est présenté sur la figure I.7.

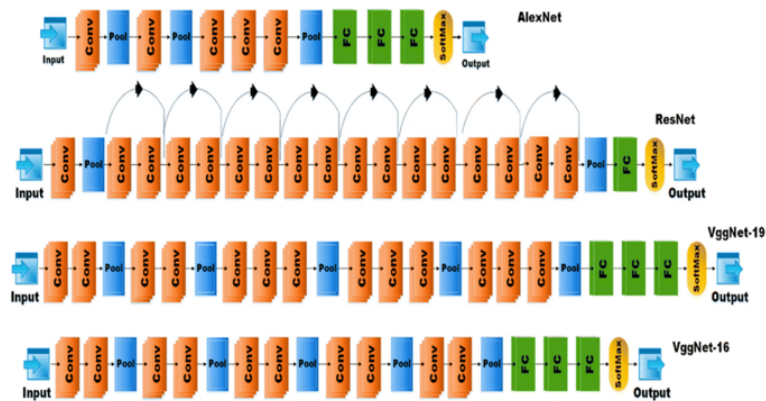


FIGURE I.7 – Architecture des AlexNet, ResNet et VggNet. Source [4]

### I.6.3 Mask-RCNN

Mask-RCNN est un modèle conceptuellement simple, flexible et général pour la segmentation d'instances d'objets. Il détecte efficacement les objets dans une image tout en générant simultanément un masque de segmentation de haute qualité pour chaque instance. La méthode,

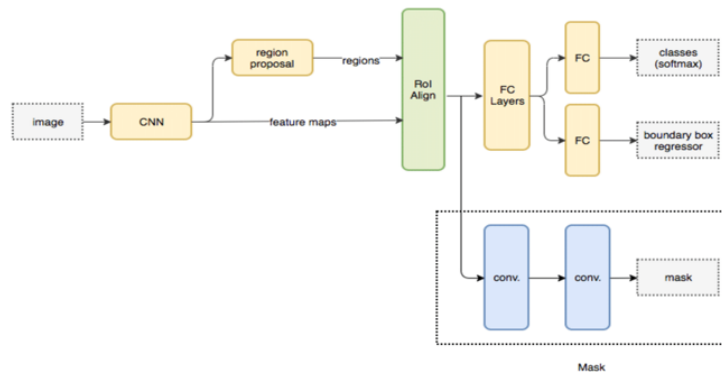


FIGURE I.8 – Architecture de Mask -RCNN. Source [5]

appelée Mask R-CNN, étend Faster R-CNN en ajoutant une branche pour prédire un masque d'objet en parallèle avec la branche existante pour la reconnaissance de la boîte englobante. Mask R-CNN est simple à former et n'ajoute qu'une petite surcharge à Faster R-CNN. De plus, Mask R-CNN est facile à généraliser à d'autres tâches, par exemple, nous permettant d'estimer des poses humaines dans le même cadre. Nous affichons les meilleurs résultats dans les trois pistes de la suite de défis COCO, y compris la segmentation d'instance, la détection d'objets englobants et la détection de points clés de personne [39]

## I.7 Transformer

Transformer est un modèle d'apprentissage profond qui a été introduit en 2017 par Vaswani et al. Il a révolutionné le traitement du langage naturel en surpassant les modèles de réseaux de neurones récurrents (RNNs) dans de nombreuses tâches [40]. Contrairement aux RNNs qui traitent les séquences une entrée à la fois, les Transformers sont capables de traiter l'ensemble de la séquence simultanément en utilisant l'attention. L'attention permet au modèle de donner une importance différente à chaque élément de la séquence en fonction de sa pertinence pour la tâche. Les Transformers utilisent des blocs d'attention empilés les uns sur les autres pour transformer l'entrée en une représentation vectorielle plus riche en informations. Les Transformers ont été initialement utilisés pour le traitement du langage naturel, mais ont depuis été appliqués à d'autres domaines, tels que la vision par ordinateur, la synthèse de la parole et la génération de musique. Un exemple de modèle basé sur les Transformers est GPT (Generative Pre-trained Transformer), qui est un modèle pré-entraîné pour la génération de texte. En résumé, les Transformers sont un modèle d'apprentissage profond qui utilisent l'attention pour traiter les séquences. Ils ont été révolutionnaires pour le traitement du langage naturel et ont

été appliqués avec succès à d'autres domaines [40]. Les lecteurs sont pointés vers des revues évoquant l'application des transformers dans le diagnostic médical [7][41].

Nous présentons sur la figure I.9, l'architecture générale d'un transformer.

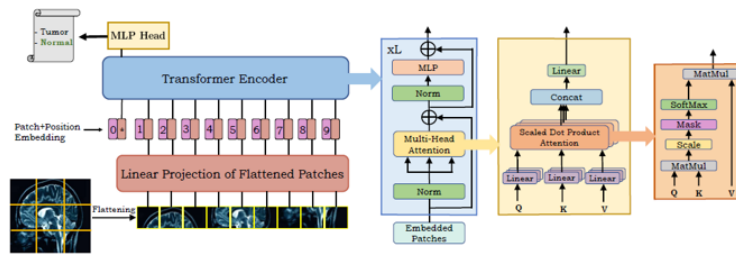


FIGURE I.9 – Architecture de Transformer. Source [6]

### I.7.1 Transformer vs CNN

Les CNN fournissent des résultats prometteurs pour l'analyse d'images, tandis que Transformer a montré des performances comparables voire supérieures lorsque des bases de données d'apprentissage sont disponibles [7]. Cela soulève une question concernant la différence sur la façon dont les transformers et les CNN interprètent les images. Le champ réceptif des CNN s'élargit progressivement lorsque les filets sont plus profonds, donc les caractéristiques extraites dans les étapes inférieures sont assez différentes de celles des stades supérieurs. Les descripteurs sont analysés et représentés couche par couche, avec des informations globales injectées. En outre, la réceptivité croissante de la taille du champ des neurones et les opérations de pooling apportent équivalence et invariance en traduction, qui permet aux CNN d'exploiter les échantillons et paramètres de manière plus efficace. Au-delà de ça, la localité et le partage du poids confèrent aux CNN des avantages dans la capture des structures locales. Ceci dit, les CNN sont limités dans la capture des relations longue distance parmi les régions d'image. Dans le modèle Transformer, le MSA fournit un champ réceptif global même avec la couche la plus basse de ViT, résultant en des représentations similaires dans un nombre différent de blocs. Le bloc MSA de chaque couche est capable d'agréger des descripteurs dans une perspective globale, atteignant une bonne compréhension des relations à distance.

### I.7.2 Fusion des CNN et les transformers

Pour profiter des avantages des CNN conventionnels comme ResNet et U-Net et les transformers conventionnels comme le ViT original et DETR, plusieurs des travaux ont été réalisés

pour combiner les forces des CNN et les Transformers. En outre, la figure I.10 expose une taxonomie des méthodes typiques qui combinent CNN et Transformer [7]. Conv-like Transformers est un type de modèle introduisant les propriétés convolutionnelles dans le vision transformer conventionnel où les blocs de construction sont toujours les MLP et les MSA, bien qu'arrangés dans un style convolutionnel. Les exemples les plus connus sont Swin Transformer, HaloNets et DAT, l'auto-attention est réalisée au sein d'une fenêtre locale hiérarchiquement et les fenêtres voisines sont fusionnées dans les couches suivantes.

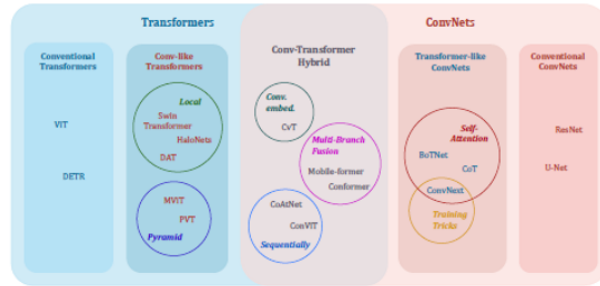


FIGURE I.10 – Taxonomie des approches typiques pour fusionner CNN et Transformer. Source [7]

## I.8 Conclusion

L'analyse d'images a de nombreuses applications dans divers domaines, notamment l'imagerie médicale, le contrôle qualité, la surveillance et la télédétection. Elle demeure un domaine d'action dans la recherche scientifique et le développement, avec de nouvelles techniques et algorithmes en cours de développement pour améliorer la précision et l'efficacité de l'analyse d'images. Dans ce chapitre nous avons défini les plus importants concepts en relation à l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond. Vu que nous nous intéressons aux réseaux de neurones convolutifs et Transformers en vue du diagnostic automatique du cancer du cerveau et spécialement les tumeurs de type gliome. Le chapitre suivant sera consacré aux nouveaux développements concernant le pronostic automatique du cancer du cerveau où la détection du gliome fait l'objet de ce travail.

---

---

## CHAPITRE II

---

AMPLEUR DU CANCER DU CERVEAU ET  
ÉTAT DE L'ART SUR LES PARADIGMES  
DE L'INTELLIGENCE ARTIFICIELLE  
POUR LE DIAGNOSTIC AUTOMATIQUE  
DE CETTE MALADIE

## II.1 Introduction

Le cancer du cerveau est très dangereux et répartis dans le monde entier. En effet, la tumeur cérébrale peut avoir une nature bénigne ou maligne où celle bénigne présente une structure uniforme sans les cellules actives ou cancéreuses, d'autre part, celle maligne présente une structure non uniforme avec des cellules actives. En effet, les tumeurs cérébrales sont plus fréquentes chez les hommes par rapport aux femmes. Ceci dit, les méningiomes, qui sont généralement bénins, sont plus fréquents chez les femmes. Les tumeurs cérébrales peuvent se développer à tout âge où le type de tumeur cérébrale le plus dangereux est le glioblastome qui est de plus en plus fréquent chez les personnes âgées au fur et à mesure que la population vieillit. Les tumeurs cérébrales, cancéreuses ou non, peuvent causer de graves problèmes en raison du fait que le crâne est rigide, ne laissant pas de place pour la croissance de la tumeur. En outre, si une tumeur se développe à proximité des parties du cerveau qui contrôlent les fonctions vitales, elle peut causer des problèmes, comme une faiblesse, des difficultés à marcher, une perte d'équilibre, une perte partielle ou complète de la vision, des troubles de la compréhension ou de l'utilisation du langage, ainsi que des problèmes de mémoire. Les radiologues sont actuellement submergés par trop de demandes d'interprétation des tests d'imagerie IRM cérébrales où des méthodes d'apprentissage automatique ou en profondeur peuvent désormais être utilisées pour acquérir des résultats plus précis. Depuis leur introduction, les ordinateurs et leurs applications ont aidé énormément les radiologues qui eux-mêmes examinent généralement les rapports, et ils peuvent désormais vérifier leurs découvertes à l'aide d'outils CAD d'aide au diagnostic médical assisté par ordinateur. En effet, durant ce chapitre nous allons évoquer l'état de l'art concernant le dépistage des tumeurs cérébrales.

## II.2 Le cancer du cerveau

### II.2.1 Définition

Le cerveau est l'un des organes les plus cruciaux et les plus complexes du corps humain, traitant des milliards de cellules. C'est le composant du système nerveux central qui régule le fonctionnement de tous les autres organes du corps humain. Cependant, une croissance cellulaire incontrôlée et aberrante entraîne la formation d'une tumeur et altère l'activité de la cellule [19]. Nous présentons sur la figure II.1 les composants de la structure tissulaire d'un cerveau humain.

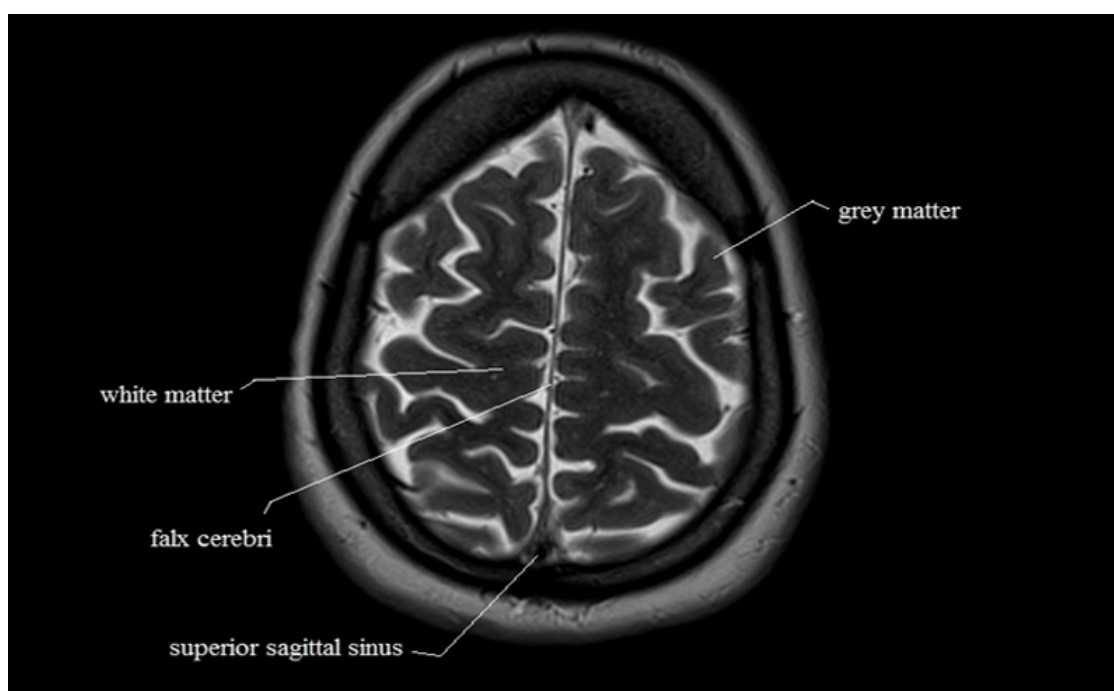


FIGURE II.1 – Les composants de la structure tissulaire du cerveau humain. Source [4]

Les tumeurs varient en taille, en forme et en type et peuvent se développer à différents endroits du cerveau. Ils peuvent être classés comme cancéreux ou non cancéreux, de haut grade ou de bas grade, malins, hypophysaires ou bénins. Le cancer du cerveau est une maladie qui affecte les cellules du cerveau ou de la moelle épinière. Il peut se développer à partir de cellules du cerveau normales ou de cellules qui se sont propagées à partir d'un autre endroit du corps. Les cancers qui commencent dans le cerveau sont appelés tumeurs cérébrales primaires, tandis que les tumeurs qui se propagent au cerveau à partir d'autres parties du corps sont appelées métastases cérébrales. Les symptômes du cancer du cerveau peuvent varier en fonction de la taille et de l'emplacement de la tumeur [41], mais peuvent inclure des maux de tête, des nausées

et des vomissements, des changements de personnalité, des convulsions et des troubles de la vision ou de l'audition.

## II.2.2 Les types des tumeurs cérébrales

- **Gliomes**

Les gliomes sont les tumeurs cérébrales les plus courantes, représentant environ 80% des tumeurs cérébrales malignes. Une croissance anormale des cellules gliales dans le cerveau pourrait provoquer des tumeurs de gliome perturbant le bon fonctionnement du cerveau et conduisant à des situations potentiellement mortelles [42]. Les gliomes sont un type agressif de tumeur cérébrale [18]. Dans leur forme la plus avancée, ils sont liés à un taux de mortalité élevé dans un court intervalle de survie. L'organisation mondiale de la santé (OMS) utilise des critères histopathologiques et génomiques pour identifier la malignité de la tumeur à travers 4 grades, allant du grade I au grade IV. Les grades I et II sont étiquetés comme gliomes de bas grade (LGGWHO) tandis que les grades III et IV sont étiquetés comme gliomes de haut grade (HGGWHO). En raison de leur développement lent ou asymptomatique, les LGGWHO sont souvent moins diagnostiqués que les HGGWHO. Le gliome est le type le plus répandu de tumeur cérébrale primaire maligne avec une incidence et un taux de mortalité élevés ces dernières années. Cliniquement, la résection maximale de la tumeur sans endommager les tissus sains adjacents, par principe, guide les chercheurs pour fournir des résultats précis de segmentation tumorale [18].

- **Méningiomes**

Les méningiomes se développent à partir des membranes qui recouvrent le cerveau et la moelle épinière. Ils sont généralement des tumeurs bénignes, mais ils peuvent devenir plus agressifs avec le temps. Les méningiomes sont plus courants chez les femmes que chez les hommes.

- **Schwannomes**

Les schwannomes se développent à partir des cellules de Schwann, qui sont les cellules qui entourent les nerfs crâniens. Ils sont généralement bénins, mais ils peuvent parfois devenir plus agressifs. Les schwannomes peuvent causer des symptômes tels que des acouphènes, une perte auditive et des vertiges.

- **Adénomes hypophysaires**

Les adénomes hypophysaires se développent à partir des cellules de l'hypophyse, qui est une petite glande située à la base du cerveau. Ils peuvent causer des symptômes tels que des maux de tête, des troubles visuels et une production excessive ou insuffisante d'hormones.

- **Tumeurs du tronc cérébral**

Les tumeurs du tronc cérébral se développent dans la partie la plus basse du cerveau, qui est responsable de fonctions vitales telles que la respiration et la régulation cardiaque. Les tumeurs du tronc cérébral sont généralement des gliomes de haut grade et sont très difficiles à traiter.

- **Tumeurs métastatiques**

Les tumeurs métastatiques sont des tumeurs qui se sont propagées à partir d'un autre site du corps, tel que les poumons ou le sein. Les tumeurs métastatiques sont plus courantes que les tumeurs cérébrales primaires, mais leur traitement dépend du type de cancer d'origine. Nous présentons sur la figure II.2 quelques exemples de tumeurs cérébrales.

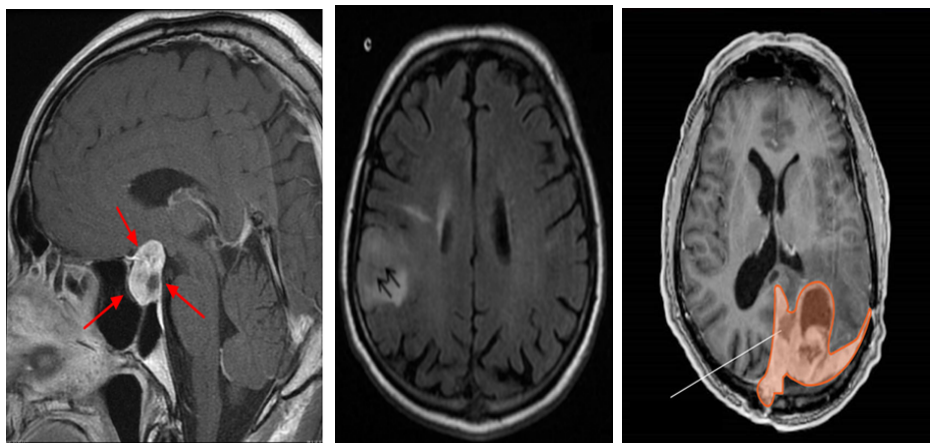


FIGURE II.2 – Exemple d'une tumeur Méningiomes à droit, une tumeur gliome au centre et une tumeur d'adénomes hypophysaires à gauche. Source [8][9][10]

## II.3 L'imagerie par résonance magnétique (IRM) pour le dépistage du cancer du cerveau

L'IRM est la modalité la plus populaire en neurologie pour visualiser l'analyse détaillée d'un cerveau [43]. Elle offre une visualisation de l'anatomie d'un cerveau selon trois plans différents :

- Le plan coronal qui divise le corps en 2 parties : l'une ventrale et l'autre dorsale
  - Le plan axial ou transversal qui divise aussi en deux parties : l'une supérieure et l'autre inférieure
  - Le plan sagittal qui divise en 2 parties : la droite et la gauche
1. Compte-rendu de bilan pathologie du langage orale ou écrit
  2. Compte-rendu de bilan initial
  3. Compte-rendu de bilan renouvellement
  4. Compte-rendu d'évolution
  5. Compte-rendu de bilan fonctionnel de la phonation
  6. Compte-rendu d'examen d'aptitude acquisition

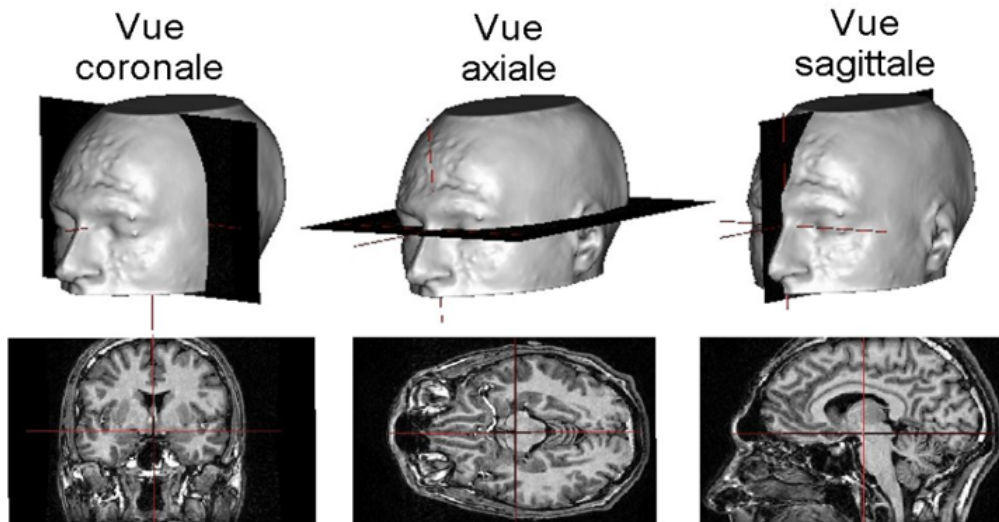


FIGURE II.3 – Vue coronal, Vue axial et Vue sagittal de l'image cérébrale. Source [11]

L'IRM est plus efficace que la tomographie par ordinateur (TDM) en raison de son faible rayonnement et de sa fonction de contraste élevé. Elle est réalisée sans aucun rayonnement ionisant et offre des résolutions spatiales et temporelles assez satisfaisantes. Elle peut détecter le sang qui coule et les dysfonctionnements vasculaires cryptiques. Elle est également efficace pour d'autres maladies nerveuses telles que la maladie d'Alzheimer, la maladie de Parkinson. Une séquence IRM est un réglage particulier de séquences d'impulsions et de gradients de champ pulsé qui se traduisent par une apparence d'image particulière. Comme la montre la Figure II.4, il existe quatre séquences d'IRM couramment utilisées : pondérée en T1 (T1), T1 avec contraste améliorant le gadolinium (T1c), pondérée en T2 (T2) et récupération d'inversion atténuée par les fluides (FLAIR) [17]. En effet, les images pondérées en T1 peuvent identifier avec plus de précision la

position et le contour du noyau tumoral, et les images pondérées en T2 ont la plus grande valeur pour localiser l'œdème. Les images T1ce peuvent détecter avec plus de précision s'il existe une tumeur renforcée au cœur de la tumeur, et les images FLAIR peuvent délimiter plus clairement le contour général de la tumeur.

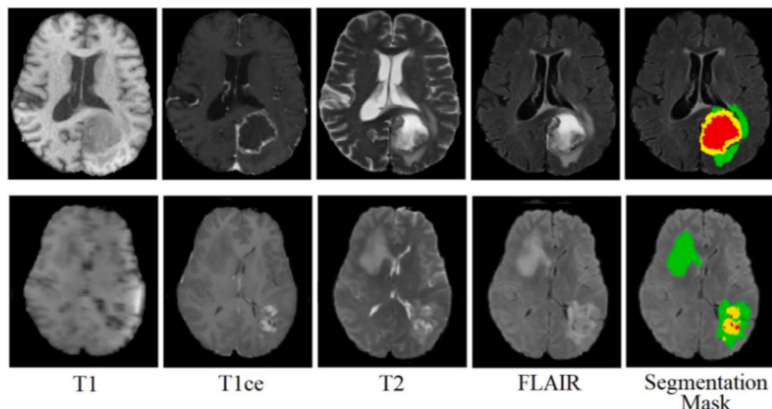


FIGURE II.4 – Exemples d'images IRM et leur ground truth avec les quatre modalités (vert pour l'œdème, rouge pour la nécrose et jaune pour l'amélioration de la tumeur. Source [12]

Récemment, dans de nombreuses études, les images par résonance magnétique (IRM) sont proposées comme deuxième alternative (non invasive) à l'identification de la mutation IDH (présente dans la majorité des gliomes de grade II et III) et classant les gliomes dans leur sous-type [17]. Cependant, cela est difficile car les informations sur la mutation IDH se situent au niveau moléculaire. Même les experts médicaux ne peuvent pas facilement obtenir de telles informations de l'IRM.

### II.3.1 Limites de l'IRM durant le diagnostic du cancer du cerveau

Nous allons citer les limites les plus courantes des IRM :

- **Sensibilité limitée :**

Les IRM peuvent avoir des difficultés à détecter de petits cancers du cerveau ou des tumeurs situées dans des zones difficiles d'accès. Les IRM peuvent également avoir des difficultés à différencier les tissus cancéreux des tissus sains environnants [11].

- **Coûts élevés :**

Les IRM sont coûteuses et peuvent ne pas être facilement accessibles dans certaines régions du monde, ce qui peut limiter l'accès des patients à un diagnostic précis [44].

- **Contre-indications :**

Les patients atteints d'implants métalliques, tels que des stimulateurs cardiaques ou des prothèses auditives, peuvent ne pas être en mesure de subir une IRM en toute sécurité en raison de la présence de champs magnétiques élevés [45].

- **Temps nécessaire pour effectuer l'IRM :**

Les IRM peuvent prendre du temps pour être effectuées, ce qui peut être difficile pour les patients atteints de cancer du cerveau qui sont déjà en état critique [46].

- **Risque d'effets secondaires :**

Bien que les IRM soient considérées comme une procédure non invasive, elles peuvent entraîner des effets secondaires tels que des nausées, des vomissements et des maux de tête chez certains patients [47].

L'IRM ne peut pas fournir un diagnostic précis de cancer du cerveau à elle seule. Le diagnostic doit être confirmé par une biopsie et une analyse histologique des tissus cérébraux. De plus, l'IRM peut parfois détecter des lésions bénignes qui ne nécessitent pas de traitement, ce qui peut entraîner des résultats faussement positifs et des interventions inutiles [23]. La classification des tumeurs à l'aide de l'IRM est difficile en raison des variations inter-observateurs [17]. Ce processus est également sujet aux erreurs car les tumeurs ont des formes et des tailles différentes et n'ont pas suffisamment de repères visibles. Par conséquent, il s'agit d'un processus de prise de décision chronophage. Ainsi, nous pouvons dire que le diagnostic humain est long, fastidieux, peu fiable et sujet aux erreurs en raison des variations inter-observateurs. Un diagnostic précoce et précis peut entraîner une survie plus longue chez les patients. D'un autre côté, des diagnostics invasifs, inexacts et chronophages raccourciront la durée de vie d'un patient atteint de cancer. Cependant, cette méthode est principalement utilisée dans le classement des tumeurs en l'absence d'alternative appropriée. Ainsi, un outil de diagnostic assisté par ordinateur (CAD) basé sur l'intelligence artificielle (IA) est hautement nécessaire, qui peut effectuer un diagnostic rapide, cohérent et précis.

## II.4 Diagnostic assisté par ordinateur du cancer du cerveau

De nos jours, les médecins spécialistes reçoivent une grande quantité de données variées. Leur capacité d'analyse, de collecte et de traitement d'une aussi grande quantité de données est limitée. Cela les rend sujets à la lassitude, ce qui nuit à leur capacité à aider les patients à contrôler leur santé. Dans le domaine de la santé, 90% des données sont constituées d'images, qui doivent être traitées pour créer des plans de traitement appropriés et d'autres utilisations [19]. En conséquence, la demande d'analyse d'images médicales augmente, créant d'énormes perspectives pour le développement de solutions de santé innovantes basées sur l'informatique. L'adoption de ces solutions informatiques améliore le processus de diagnostic pour les patients, c'est-à-dire augmente la précision du diagnostic, réduit le temps de diagnostic et aide les professionnels de la santé et les hôpitaux à optimiser leurs processus et leurs opérations. Les radiologues bénéficieront de cette étude de recherche appliquée pour obtenir un deuxième avis qui les aidera à déterminer l'intensité, le diamètre, l'emplacement et le type de tumeur. Cependant, la faible visibilité de l'image est un obstacle important au diagnostic efficace de la maladie. Les images créées sont complexes et disponibles pour les cliniciens dans diverses apparences visuelles, y compris des intensités élevées ou faibles, des régions non uniformes, sous-exposées, surexposées et bruyantes. Une mauvaise qualité d'image réduit considérablement les performances de la procédure de diagnostic de la maladie. Il est extrêmement difficile d'extraire des informations structurelles précieuses à partir d'images de mauvaise qualité visuelle. A cet effet, des technologies de diagnostic assisté par ordinateur (CAD) ont été créées et mises en service pour aider les neuro-oncologues dans le processus d'identification rapide et précise des tumeurs cérébrales [48]. La segmentation rapide et fiable de la région tumorale complète est la procédure la plus importante du système CAD [17]. Jusqu'à présent, la plupart des recherches se sont concentrées sur les méthodes d'apprentissage en profondeur pour le traitement des images médicales. Par rapport à la segmentation manuelle et aux algorithmes de segmentation semi-automatique, les méthodes d'apprentissage en profondeur peuvent segmenter automatiquement les tumeurs cérébrales avec une plus grande efficacité. Les principales étapes des outils CAD sont [17] : le prétraitement, la segmentation, l'extraction de caractéristiques et la classification. Sur la base des descripteurs utilisés, les méthodes d'IA sont divisées en deux catégories, apprentissage automatique (Machine Learning ML) et apprentissage profond (Deep Learning DL). Dans les modèles ML traditionnels, les descripteurs ou caractéristiques sont définies manuellement. En revanche, dans les techniques DL, les caractéristiques sont automatiquement

extraites des images lors de l'apprentissage. Dans le cas du cancer du cerveau, le CAD est utilisé pour aider les radiologues à interpréter les images d'IRM et à détecter les tumeurs cérébrales [49]. Cependant, il est important de noter que le CAD n'est pas une solution miracle et ne doit pas être utilisé comme un substitut à l'expertise humaine. Bien que le CAD puisse fournir une analyse quantitative des images médicales, il ne peut pas remplacer l'expertise humaine dans la prise de décisions médicales importantes. Les radiologues et les médecins doivent toujours examiner les résultats du CAD avec un œil critique et confirmer les résultats par des méthodes de diagnostic supplémentaires si nécessaire [50]. Nous présentons sur la figure II.5 l'architecture générale d'un CAD.

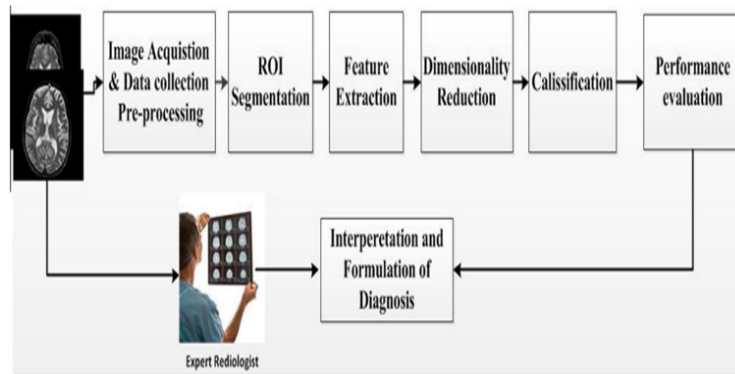


FIGURE II.5 – Architecture typique d'un système CAD. Source [11].

### II.4.1 Détection des tumeurs assistée par ordinateur (CADE)

La détection des tumeurs cérébrales assistée par ordinateur (CADE) est une méthode de diagnostic qui utilise des algorithmes informatiques pour analyser des images du cerveau et identifier les signes de la présence de tumeurs. Les techniques de CADE peuvent être utilisées sur différents types d'imagerie médicale, telles que l'imagerie par résonance magnétique (IRM) et la tomodensitométrie (TDM). Les algorithmes d'apprentissage automatique sont entraînés sur des images marquées et annotées par des experts pour reconnaître les caractéristiques des tumeurs et les différencier des tissus sains. La CADE peut détecter les tumeurs cérébrales de manière plus précoce et plus précise que les méthodes conventionnelles. Il peut également aider à différencier les tumeurs bénignes des tumeurs malignes, ainsi qu'à évaluer la taille, la forme, la position des tumeurs, la texture et les caractéristiques moléculaires des tumeurs. La CADE peut également être utilisée pour surveiller l'évolution des tumeurs cérébrales au fil du temps et pour aider les médecins à planifier et à guider les traitements, tels que la chirurgie

ou la radiothérapie. Une étude publiée dans la revue médicale Radiologie a évalué l'efficacité de CADe pour détecter les tumeurs cérébrales à partir d'images IRM. L'étude a révélé que la CADe avait une sensibilité de détection de 87,8% et une spécificité de 89.5% , ce qui signifie qu'il a pu identifier avec précision la présence de tumeurs cérébrales dans la plupart des cas et qu'il a également été en mesure de réduire le nombre de faux positifs [50].

## II.4.2 Diagnostic des tumeurs assisté par ordinateur (CADx)

Les systèmes de diagnostic assisté par ordinateur (CADx) effectuent l'extraction de descripteurs discriminants à partir des tumeurs segmentées. En effet, ces descripteurs seront par la suite utilisés comme variables prédictives d'entrée pour un classifieur. Un modèle prédictif est formé suite à l'ajustement des poids relatifs aux descripteurs se basant sur les propriétés statistiques d'un ensemble d'apprentissage dans le but de l'estimation de la probabilité qu'une tumeur appartienne à l'une des classes pathologiques. Une étude publiée dans la revue médicale Radiologie a montré que la CADx a une sensibilité de 90% et une spécificité de 82% pour la détection des tumeurs du sein à partir d'images de mammographie. Cette étude a également montré que l'utilisation de la CADx a permis de réduire le nombre de faux positifs et de faux négatifs, ce qui a amélioré la précision du diagnostic [51].

## II.5 L'aide au diagnostic médical du cancer du cerveau basé apprentissage automatique

Diverses approches d'apprentissage automatique, telles que les méthodes basées sur le seuillage, les méthodes basées sur le clustering et les approches de reconnaissance de formes ont été introduites dans la littérature pour la segmentation de l'IRM cérébrale [20]. Certaines des études traditionnelles basées sur l'apprentissage automatique pour la classification des tumeurs cérébrales sont résumées ci-dessous.

Référence	Base de données utilisée	Contribution	Evaluation des performances
[52]	Figshare	Une approche de classification des tumeurs cérébrales par l'utilisation de divers descripteurs : histogramme d'intensité et une matrice de cooccurrence de niveaux de gris (GLCM) en les donnant comme entré aux SVM durant le processus de classification.	Acc = 91.28%
[53]	Figshare	Un modèle basé sur un réseau de neurones pour la classification des tumeurs cérébrales par la fusion de deux descripteurs statiques :la transformée en ondelettes discrète bidimensionnelle (2D-DWT) et les caractéristiques du filtre de Gabor 2D.	Acc = 91.9%
[54]	Figshare	Un modèle de classification des tumeurs cérébrales par l'extraction de 2D-DWT en utilisant les caractéristiques de base des ondelettes de Daubechies pour améliorer l'efficacité de la classification. SVM est utilisé pour assurer l'exactitude de la classification.	Acc = 86 %
[55]	BRATS	Une approche de classification de la tumeur de type gliome en 2 classes : gliome à grade bas et gliome à grade haut basée réseau de neurone.	Acc = 88.3%
[56]	BRATS 2017	Une approche de classification de la tumeur de type gliome en 2 classes : gliome à grade bas et gliome à grade haut basée forêt d'arbres décisionnels.	Acc = 89.0 %
[57]	Base de donnée locale	Une approche de classification de la tumeur de type gliome en 2 classes : gliome à grade bas et gliome à grade haut basée SVM.	Acc = 93.0%

[58]	3T mp-MRI dataset	Une approche extrayant divers descripteurs texturaux pour la classification du gliome en 2 classes : gliome à grade bas et gliome à grade haut via les SVM.	Acc = 95.5%
[59]	BRATS 2012	Une approche extrayant des descripteurs texturaux GLCM pour la classification du gliome basée SVM.	Acc = 85%
[60]	BRATS2015 BRATS2016 BRATS2017	Une approche extrayant divers descripteurs issus de : VGG-19/GrabCut method/LBP/HOG/Features Fusion by Entropy pour la classification du gliome basée : DT/KNN/Ensemble/LDA/ SVM/LR.	Acc= 98.78% Acc= 99.63% Acc= 99.67%
[61]	BRATS2015 BRATS2017 BRATS2018	Une approche extrayant divers descripteurs issus de Pearson correlation/3D-CNN/VGG19/ReLU & Softmax pour la classification du gliome basée : FNN.	Acc= 98.32% Acc= 96.97% Acc= 92.67%
[62]	BRATS 2015	Une classification en : gliome à bas grade (LGG) versus gliome à haut grade (HGG) en utilisant les caractéristiques d'intensité, de volume et de modèles binaires locaux (LBP) où le classifieur des k plus proches voisins été appliqué.	Acc =87.59%

TABLE II.1 – Approches CAD basées apprentissage automatique (Machine Learning) de diagnostic du cancer du cerveau

## II.6 Application de l'apprentissage profond pour l'aide au diagnostic médical du cancer du cerveau

Avec les progrès des réseaux de neurones à convolution profonde (CNN), les méthodes d'apprentissage en profondeur sont apparues. Certaines des études basées sur l'apprentissage profond pour la classification des tumeurs cérébrales sont résumées ci-dessous. Nous allons présenter sur le tableau II.2 quelques approches CAD basées apprentissage profond de diagnostic de cancer du cerveau.

Référence	Base de données utilisée	Contribution	Evaluation des performances
[63]	Cancer Imaging Archive (TCIA)	Une approche proposant un modèle ConvNet pour la classification du gliome en : gliome haut grade et gliome bas grade.	Acc = 91.2%
[64]	BRATS 2015	Un modèle de réseau de neurone convolutif pour la classification du gliome.	Acc = 94.6%
[40]	BRATS	Classification des grades du gliome basée CNN.	Acc = 93.1 %
[65]	BRATS	Une approche basée CNN pour la classification des tumeurs cérébrales.	Acc = 99%
[66]	BRATS	Une approche basée CNN pour la classification des tumeurs cérébrales.	Acc = 96.4 %
[67]	Figshare	Une approche utilisant R-CNN pour la detection et classification des tumeurs cérébrales a été proposé. Region proposal network a été appliqué pour le marquage exacte de la région tumorale.	Acc = 77.60%
[68]	BRATS	Une approche basée le CNN modèle pour l classification des grades de gliome.	SEN = 0.93 SPC = 0.98
[69]	BRATS	Une approche basée (PG-GANS : Progressively Growing Generative Adversarial Networks) pour l'augmentation de la base de données BRATS-2016 en vue de la détection précise des tumeurs basée RESNET-50.	Acc = 91%

TABLE II.2 – Approches CAD basées apprentissage profond de diagnostic du cancer du cerveau

## **II.7 Conclusion**

Des études récentes ont montré des résultats prometteurs concernant l'application des paradigmes de l'IA pour détecter précisément la présence et le type de tumeur cérébrale à partir des images médicales, l'apprentissage automatique et en profondeur a engendré le développement d'approches puissantes pour le diagnostic assisté par ordinateur des tumeurs cérébrales, améliorant dans ce sens le diagnostic tardif, minimisant les erreurs médicales et réduisant l'intervention humaine. Nous nous intéressons à la détection du gliome, en effet, nous allons exposer dans le chapitre prochain la problématique tirée dans ce domaine d'actualité et le cadre méthodologique suivi pour l'implémentation de l'approche proposée.

---

---

## CHAPITRE III

---

PROBLÉMATIQUE SOULIGNÉE ET  
L'APPROCHE PROPOSÉE

### **III.1 Introduction :**

Durant ce chapitre, nous évoquerons la problématique de recherche qui consiste à l'implémentation d'une approche de diagnostic automatique du cancer du cerveau basée sur les paradigmes de l'intelligence artificielle, à savoir, l'apprentissage automatique ainsi que l'apprentissage profond.

## III.2 Problématique et plan d'action

L'imagerie par résonance magnétique (IRM) multi-séquences est largement utilisée pour évaluer l'aspect net des gliomes [18]. Malgré le grand contraste des tissus mous en IRM, la segmentation et la classification précises du gliome dans les images IRM présentent une tâche difficile en raison des bords flous et irréguliers de la tumeur. Nous allons présenter quelques points problématiques dans ce sens :

1. La technologie d'imagerie médicale joue un rôle essentiel dans le diagnostic des tumeurs (y compris leur segmentation) et l'évaluation de la réponse thérapeutique. L'IRM est la modalité la plus largement utilisée pour les procédures de diagnostic des tumeurs cérébrales en raison de sa netteté, sa résolution tissulaire, et de sa flexibilité pour définir différents paramètres afin d'obtenir des informations anatomiques distinctes [12]. Les images par résonance magnétique (IRM) sont proposées comme deuxième alternative (non invasive) à l'identification de la mutation IDH et classifient les gliomes dans leur sous-type. Cependant, cela est difficile car les informations sur la mutation IDH se situent au niveau moléculaire. Même les experts médicaux ne peuvent pas facilement obtenir de telles informations de l'IRM [17]. Nous pouvons affirmer que le diagnostic humain est long, fastidieux, peu fiable et sujet aux erreurs en raison des variations inter-observateurs.
2. L'IRM est la modalité d'imagerie non invasive sans rayonnement pour détecter toute anomalie dans les organes du corps humain dans des formats 2D ou 3D. Par conséquent, l'IRM est le premier choix des médecins pour le diagnostic des tumeurs primaires en raison de ses images haute résolution. Cependant, le classement des tumeurs à l'aide de l'IRM est difficile en raison des variations inter-observateurs [17]. Ce processus est également sujet aux erreurs car les tumeurs ont des formes et des tailles différentes et n'ont pas suffisamment de repères visibles. Par conséquent, il s'agit d'un processus de prise de décision chronophage. Ainsi, nous pouvons dire que le diagnostic humain est long, fastidieux, peu fiable et sujet aux erreurs en raison des variations inter-observateurs. Un diagnostic précoce et précis peut entraîner une survie plus longue chez les patients. D'un autre côté, des diagnostics invasifs, inexacts et chronophages raccourciront la durée de vie d'un patient atteint de cancer. Cependant, cette méthode est principalement utilisée dans le classement des tumeurs en l'absence d'alternative appropriée.
3. Un autre défi majeur est que l'annotation manuelle de l'ensemble de données dépend fortement de l'expérience personnelle des évaluateurs experts, ce qui introduit le biais

- d'annotation au cours du processus d'étiquetage de l'ensemble de données. Par exemple, certains évaluateurs experts délimitent chaque voxel individuellement, ce qui conduit à des annotations de vérité de terrain clairsemées, tandis que d'autres relient de petites sous-régions à des régions plus vastes. Cela affecte fortement les performances de segmentation des architectures CNN [42].
4. Un modèle CNN devient sur ajusté et fonctionne mal sur des données invisibles auparavant lorsqu'il est formé sur des données limitées [42]. Une telle modélisation est hautement indésirable car au lieu d'apprendre la distribution réelle des données, le modèle apprend les caractéristiques du district dans les données d'apprentissage. Entre autres, les modèles CNN les plus profonds contiennent un grand nombre de paramètres, et ces modèles peuvent être efficacement entraînés pour bien généraliser les données si l'ensemble de données d'apprentissage est très volumineux. Malheureusement, la plupart des problèmes d'analyse d'images médicales ont des quantités de données très limitées, ce qui représente un défi fondamental pour la plupart de la communauté de l'imagerie médicale.
  5. Outre les préoccupations des patients en matière de confidentialité, l'exigence d'évaluateurs experts pour annoter précisément l'ensemble de données avec des étiquettes est un défi majeur pour obtenir des ensembles de données à grande échelle. En effet, l'annotation manuelle de l'ensemble de données dépend fortement de l'expérience personnelle des évaluateurs experts, ce qui introduit le biais d'annotation au cours du processus d'étiquetage de l'ensemble de données. Par exemple, certains évaluateurs experts délimitent chaque voxel individuellement, ce qui conduit à des annotations de vérité de terrain clairsemées, tandis que d'autres relient de petites sous-régions à des régions plus vastes. Cela affecte fortement les performances de segmentation des architectures CNN [42].
  6. Selon un rapport publié par EMC (Encyclopédie médico-chirurgicale), environ 90% de toutes les données de santé sont des images médicales, ce qui devient une source essentielle de données probantes pour la décision clinique, comme le diagnostic et l'intervention. Malgré le succès généralisé de l'application des CNN en imagerie médicale au cours de la dernière décennie, il existe encore des limitations inhérentes dans l'architecture qui empêchent les CNN d'atteindre des performances encore plus grandes. La grande majorité des architectures actuelles des CNN déploient des noyaux de convolution plutôt petits (par exemple, 3 x 3 ou 5 x 5). Une telle localité d'opérations de convolution se traduit par le fait que les CNN étant biaisés vers les structures spatiales locales, qui les rend moins efficaces pour modéliser les dépendances à long terme, nécessaire pour mieux appréhender

les informations contextuelles présentées dans l'image [7].

7. Les mutations de l'isocitrate déshydrogénase (IDH) jouent un rôle important dans le pronostic, le diagnostic et l'orientation des décisions cliniques. En recherche, des mutations IDH ont été observées dans 12% des glioblastomes (HGG) et 70% à 80% des LGG. La mutation IDH décidera de la survie du patient, les gliomes IDH de type sauvage sont plus nocifs que les gliomes mutés IDH et ont moins de probabilité de survie [17]. Pour catégoriser la mutation IDH du sous-type de gliome, la structure tissulaire ou cellulaire de l'échantillon de tumeur doit être analysée par examen microscopique. Cette procédure est connue sous le nom de biopsie. Cependant, il s'agit d'une procédure invasive, qui s'est avérée potentiellement mortelle pour les patients atteints de tumeur cérébrale lorsqu'une tumeur existe profondément à l'intérieur du cerveau. Ainsi, d'autres alternatives non invasives doivent être recherchées

Suite aux points problématiques extraits, nous allons citer le plan d'action dans ce sens, comme suit :

1. L'IRM anatomique donne accès à certaines caractéristiques utilisées pour la classification des gliomes. Il est connu depuis longtemps que l'effet de masse, la formation de kystes et la nécrose sont des prédicteurs statistiquement significatifs de malignité élevée [18]. Les séquences de récupération d'inversion permettent d'annuler le signal d'un tissu spécifique, comme dans la séquence FLAIR (Fluid Attenuated Inversion Recovery), où le signal du liquide céphalo-rachidien est annulé. Cela fait de la séquence FLAIR la séquence principalement utilisée pour la détection des lésions et des œdèmes du fait qu'elle permet de les distinguer du liquide céphalo-rachidien (LCR). En effet, nous nous sommes basés sur cette séquence durant l'approche proposée dans ce mémoire.
2. La plupart des publications, notamment le travail actuel, se concentrent sur une discrimination de grade binaire entre les gliomes bas grades (LGG) et les gliomes haut grade (HGG). Cette discrimination spécifique a un impact clinique important pour le patient, car l'évolution de LGG à HGG est liée à une courte plage de survie [18].
3. Comme alternative non invasive pour le pronostic précoce du cancer du sein, le diagnostic assisté par ordinateur (CAD) basé sur l'imagerie médicale et l'intelligence artificielle a suscité une grande attention ces dernières années, ce qui aide les radiologues à améliorer la précision du diagnostic ainsi qu'une bonne cohérence et reproductibilité [70]. En effet, nous proposons une approche de pronostic automatique du cancer du cerveau où deux phases seront en ordre : la première de segmentation des gliomes basée Transformer et la

deuxième de classification du gliome en gliome à bas grade et gliome à haut grade.

4. C'est une tâche très cruciale et difficile d'extraire les caractéristiques locales et globales pour la segmentation des images médicales. Pour surmonter ce problème, une méthode basée sur Transformer pourrait être une solution qui capture les caractéristiques volumétriques locales en traitant les images IRM cérébrales tranche par tranche, puis les intègre dans le modèle pour la modélisation globale des caractéristiques. Ces caractéristiques intégrées sont ensuite utilisées pour prédire la tumeur et présentent une plus grande précision par rapport aux modèles 3D existants de segmentation des tumeurs cérébrales. Nous nous sommes basés sur Transformer vu qu'en général, les modèles basés sur Transformer surpassent les ConvNets pour résoudre des tâches de segmentation d'images médicales comme il a été affirmé dans [71]. Les principales raisons sont : la capacité de modéliser des dépendances à plus longue portée du contexte dans des images médicales de haute dimension et haute résolution, l'évolutivité et la robustesse de ViT et Swin Transformer renforcent la prédiction dense pour la segmentation par pixel, et le comportement de mise à l'échelle supérieur des Transformers par rapport aux ConvNets et l'absence de biais inductif convolutif dans les Transformers les rendent plus avantageux à grande échelle, spécialement durant l'apprentissage effectué sur l'image médicale.
5. Le CNN élimine le fardeau de la création de descripteurs extraits manuellement par des approches mathématiques. En effet, il comprend des tâches d'extraction et de sélection de caractéristiques. Cependant, dans certains problèmes et avec des types de données spécifiques tels que l'imagerie médicale, les descripteurs de l'apprentissage automatique sont essentiels pour améliorer les performances [72].
6. Les changements pathologiques compliqués provoquent des alternances complexes de luminosité et de texture dans certaines régions des images IRM correspondant au gliome [42]. A cet effet, nous réaliserons la caractérisation des tumeurs de type gliome par une fusion des descripteurs texturaux des lois de Zipf et Zipf inverse régissant dans le domaine spatial avec ceux des filtres de Gabor régissant à la fois dans le domaine spatial et fréquentiel pour bénéficier de leur apport complémentaire. Durant la phase de classification, nous choisissons les SVM appartenant à l'apprentissage automatique au lieu des réseaux de neurones convolutifs vu que ces derniers sont encore lourds en termes de calcul et manquent d'intelligibilité [18]. Cependant, le classifieur SVM produit des résultats plus intelligibles avec moins de besoins en puissance de calcul.

## III.3 Segmentation des tumeurs cérébrales dans les IRM basée Transformer

### III.3.1 Base de données utilisée

La base de données BraTS est l'ensemble de données le plus largement utilisé, fourni dans le cadre du défi de segmentation des tumeurs cérébrales multimodales organisé chaque année depuis 2012. Il consiste en des IRM multimodales visant le glioblastome (HGG et LGG). Chaque patient de la base de données BraTS contient 4 volumes (ou séquences) différents [8]. Chaque volume est un tableau 3D qui a une dimension de  $240 \times 240 \times 155$ . Ici, 155 est le nombre de tranches à travers le cerveau qui couvre toute l'anatomie du cerveau. Puisqu'il s'agit d'un tableau 3D, nous pouvons le découper sur n'importe quel axe. Généralement, nous utilisons une section transversale de  $240 \times 240$ , appelée plan axial. Les deux autres plans perpendiculaires sont le plan sagittal et coronal. Nous acquérons généralement 4 séquences de ce type relatives à chaque patient pour la segmentation des tumeurs cérébrales. Les quatre séquences sont nécessaires car certains types de tumeurs sont plus clairement visibles dans certaines séquences. Par exemple, l'œdème est mieux vu dans les séquences pondérées en flair et en T2. Alors que la nécrose est mieux vue en pondération T1. Selon le rapport de l'Organisation mondiale de la santé, les gliomes peuvent être classés de l'échelle I à IV en fonction de la malignité ou de l'agressivité d'une tumeur. Les grades I et II sont des gliomes de bas grade (LGG), qui sont malins et à progression lente. Les grades III et IV sont des gliomes de haut grade (HGG), qui sont cancéreux et invasifs. Les LGG ont tendance à être bénins et indiquent une meilleure perspective de guérison, alors que les HGG sont malins et plus agressifs. L'approche présentée dans ce travail a été implémenté sur l'ensemble de données BraTS 2021, dont 1251 et 219 cas dans les ensembles d'entraînement et de validation, respectivement. Nous présentons sur la figure III.1 quelques IRM cérébrales avec leurs masques respectifs.

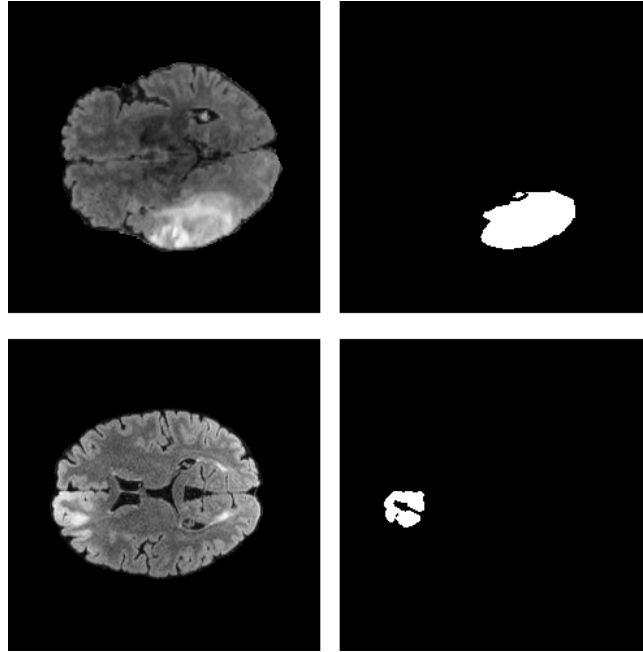


FIGURE III.1 – IRM cérébrales de la base de données BraTS 2021 avec leurs masques respectifs.

### III.3.2 Pipeline de la segmentation des tumeurs cérébrales basé Transformer

Le modèle Swin UnetR sera implémenté pour la segmentation des tumeurs cérébrales. En effet, nous distinguons deux phases :

- **L'encodeur**

Dans la figure III.2, nous présentons l'architecture Swin UNETR [13]. L'entrée du modèle, représentée par le jeton  $X \in \mathbb{R}^{H \times W \times D \times S}$  avec une résolution de patch de  $(H' \cdot W' \cdot D')$  et une dimension  $H' \cdot W' \cdot D' \cdot S$  est d'abord passée à travers une couche de partition de patch pour générer une séquence de jetons 3D avec une dimension de  $\frac{H_0}{W_0} \cdot D_0$  et projeté dans un espace d'intégration de dimension  $C$ . L'auto-attention est ensuite calculée pour les fenêtres non superposées créées lors de l'étape de partitionnement afin de permettre une modélisation efficace de l'interaction des jetons.

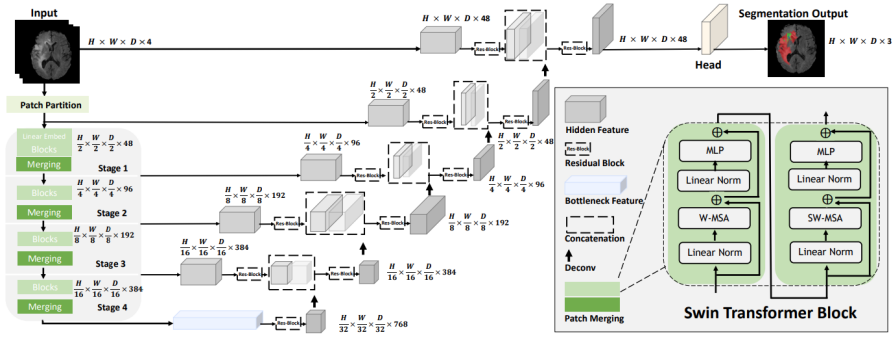


FIGURE III.2 – Architecture de Swin. Source [13]

La figure III.3 illustre le mécanisme de fenêtrage décalé utilisé dans les couches suivantes. Spécifiquement, des fenêtres de taille  $M \times M \times M$  sont utilisées pour partitionner un jeton 3D en régions  $\left[\frac{H'}{M}\right] \times \left[\frac{W'}{M}\right] \times \left[\frac{D'}{M}\right]$  au niveau d'une couche  $l$  donnée dans le codeur de transformateur. Ensuite, dans la couche  $l+1$ , les régions de fenêtres partitionnées sont décalées de  $\left(\frac{M}{2}, \frac{M}{2}, \frac{M}{2}\right)$  voxels. Les sorties des couches " $l$ " et " $l+1$ " dans l'encodeur sont calculées de la manière suivante :

$$\hat{z}^l = W - MSA(\ln(z^{l-1})) + z^{l-1} \quad (\text{III.1})$$

$$z^l = \text{MLP}(\ln(\hat{z}^l)) + \hat{z}^l \quad (\text{III.2})$$

$$\hat{z}^{(l+1)} = SW - MSA(\ln(\hat{z}^l)) + \hat{z}^l \quad (\text{III.3})$$

$$z^{(l+1)} = \text{MLP}(\ln(\hat{z}^{(l+1)})) + \hat{z}^{(l+1)} \quad (\text{III.4})$$

Ici, W-MSA et SW-MSA sont des modules d'auto-attention à têtes multiples réguliers et partitionnés par fenêtres respectivement;  $z^l$  et  $\hat{z}^{(l+1)}$  représentent les sorties de W-MSA et SW-MSA; MLP et LN désignent respectivement la normalisation de couche et le perceptron multicouche. Pour un calcul efficace du mécanisme de décalage de fenêtre, nous utilisons un décalage cyclique en 3D [73] et calculons l'auto-attention en :

$$\text{Attention}(Q, K, V) = \text{Softmax}\left(\frac{QK^T}{\sqrt{d}}\right)V \quad (\text{III.1})$$

Ceci dans lequel  $Q$ ,  $K$  et  $V$  représentent respectivement les requêtes, les clés et les valeurs;  $d$  représente la taille de la requête et de la clé. L'encodeur Swin UNETR a une taille de patch de  $2 \times 2 \times 2$  et une dimension de caractéristique de  $2 \times 2 \times 2 \times 4 = 32$ , en tenant compte des images IRM multimodales avec 4 canaux. La taille de l'espace d'encodage  $C$  est fixée à 48 dans notre encodeur. De plus, l'encodeur Swin UNETR a 4 étapes, chacune composée de 2 blocs transformateurs. Par conséquent, le nombre total de couches dans l'encodeur est de  $L = 8$ . À l'étape 1, une couche d'encodage linéaire est utilisée pour créer des jetons  $\frac{H}{2} \times \frac{W}{2} \times \frac{D}{2}$  3D. Pour

maintenir la structure hiérarchique de l'encodeur, une couche de fusion de patches est utilisée pour diminuer la résolution des représentations de caractéristiques d'un facteur de 2 à la fin de chaque étape. De plus, une couche de fusion de patches groupe des patches avec une résolution de  $2 \times 2 \times 2$  et les concatène, ce qui donne une représentation de caractéristique de dimension  $4C$ . La taille des représentations de caractéristiques est ensuite réduite à  $2C$  avec une couche linéaire. Les étapes 2, 3 et 4, avec des résolutions respectives de  $\frac{H}{4} \times \frac{W}{4} \times \frac{D}{4}$ ,  $\frac{H}{8} \times \frac{W}{8} \times \frac{D}{8}$  et  $\frac{H}{16} \times \frac{W}{16} \times \frac{D}{16}$  suivent la même conception de réseau.

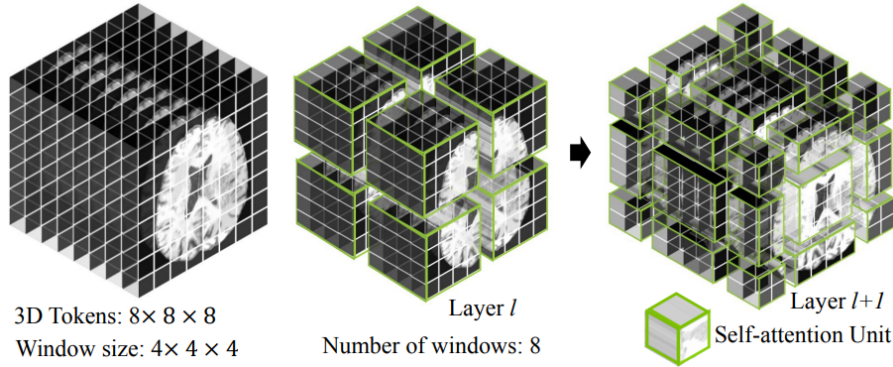


FIGURE III.3 – Vue d'ensemble du mécanisme de fenêtrage décalé. Source [13].

### • Le décodeur

Le Swin UNETR a une conception de réseau en forme de U dans laquelle les représentations de caractéristiques extraites de l'encodeur sont utilisées dans le décodeur via des connexions de saut à chaque résolution. À chaque étape  $i$  ( $i$  appartenant à l'ensemble  $\{0, 1, 2, 3, 4\}$ ) dans l'encodeur et dans la zone de rétrécissement ( $i = 5$ ), les représentations de caractéristiques de sortie sont remodelées en taille  $\frac{H}{2^i} \times \frac{W}{2^i} \times \frac{D}{2^i}$  et introduites dans un bloc résiduel composé de deux couches de convolution  $3 \times 3 \times 3$  normalisées par des couches de normalisation par instance [37]. Par la suite, la résolution des cartes de caractéristiques est augmentée d'un facteur de 2 à l'aide d'une couche de déconvolution, et les sorties sont concaténées avec les sorties de l'étape précédente. Les caractéristiques concaténées sont ensuite introduites dans un autre bloc résiduel comme décrit précédemment. Les sorties de segmentation finales sont calculées en utilisant une couche de convolution  $1 \times 1 \times 1$  et une fonction d'activation sigmoïde. Nous utilisons la fonction de perte Dice douce, qui est calculée de manière voxel par voxel comme suit :

$$\mathcal{L}L(G, Y) = 1 - \frac{2}{j} \sum_{j=1}^J \frac{\sum_{i=1}^I G_{i,j} Y_{i,j}}{\sum_{i=1}^I G_{i,j}^2 + Y_{i,j}^2} \quad (\text{III.5})$$

Où  $I$  désigne le nombre de voxels ;  $J$  est le nombre de classes ;  $G_{i,j}$  et  $Y_{i,j}$  désignent respectivement la probabilité de sortie et la vérité terrain encodée en one-hot pour la classe  $j$  au voxel

i.

### III.4 Classification des gliomes à bas grade et à haut grade basée machines à vecteurs de support

#### III.4.1 Pipeline de la classification des tumeurs cérébrales

La figure III.4 démontre le pipeline suivi pour la classification des tumeurs cérébrales en gliome à bas grade ou gliome à haut grade.

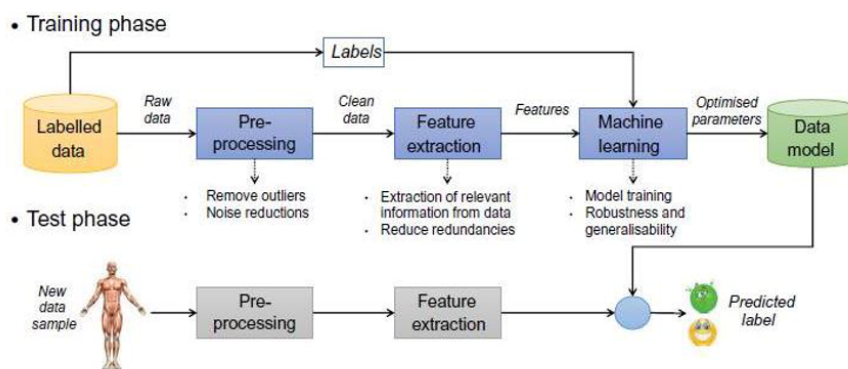


FIGURE III.4 – Pipeline adopté pour la classification des tumeurs cérébrales. Source [14].

#### • Pré-traitement

La phase de prétraitement de l'apprentissage automatique joue un rôle important dans le processus de diagnostic du cancer du cerveau, car l'élimination du bruit et des tissus non cérébraux est indispensable pour améliorer la précision. La qualité d'une image a un impact significatif sur le processus de segmentation ultérieur. La segmentation des tumeurs cérébrales est utilisée pour distinguer le tissu malin des autres caractéristiques du cerveau, telles que l'œdème et les collections de liquide céphalo-rachidien en plus du tissu cérébral normal [48]. Les IRM doivent d'abord être maintenues au bord de l'image. Des filtres et des techniques de prétraitement sont utilisés pour traiter le bruit et d'autres défauts d'IRM. Ils ont été conçus pour produire les IRM les plus claires et les plus représentatives possibles, permettant le processus de segmentation le plus précis. Le filtre médian est utilisé pour le dé-bruitage des images dégradées et la détermination des contours. Ce filtre fonctionne en remplaçant chaque valeur par la valeur médiane des pixels adjacents. Une série d'étapes sont nécessaires pour calculer le filtrage médian. Tout d'abord, les valeurs des pixels cibles et voisins sont lues. Les valeurs de pixel sont ensuite

classées par ordre croissant. Enfin, la valeur du milieu est choisie comme nouvelle valeur de pixel  $(x, y)$ . L'amélioration du contraste d'image a été utilisée dans ce modèle pour améliorer les performances du modèle en augmentant le contraste des IRM. Le contraste est défini comme la variation de la couleur et/ou de la luminosité des objets les uns par rapport aux autres. Les applications d'amélioration du contraste ont traditionnellement inclus le traitement d'images médicales, où son utilisation dans le prétraitement s'est avérée à la fois simple et efficace. CLAHE divise une IRM en petites portions de forme rectangulaire et applique sa fonction à chaque portion individuellement. CLAHE a été utilisé dans de nombreuses études antérieures pour améliorer le contraste local et la netteté des contours. Pour traiter le bruit au sein des IRM, nous avons utilisé plusieurs étapes de prétraitement dans ce travail. L'égalisation adaptative d'histogramme (CLAHE) sera appliquée en premier lieu pour augmenter le contraste au sein des IRM ensuite le filtre médian pour préserver les contours.

- **Extraction et sélection des descripteurs**

Le processus d'extraction et de sélection de descripteurs consiste en l'extraction des descripteurs les plus discriminantes hautement corrélées et ceci à partir des données sous leurs formes brutes. En effet, l'extraction et la sélection des descripteurs minimisent les erreurs de classification des classifieurs de l'apprentissage automatique. Une croissance anormale des cellules gliales dans le cerveau pourrait provoquer des tumeurs de gliome qui peuvent perturber le bon fonctionnement du cerveau et conduire à des situations potentiellement mortelles [42]. L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est largement utilisée dans le diagnostic clinique du gliome. La structure anatomique des tissus mous peut être reflétée dans les images IRM. De plus, l'emplacement et la taille des tumeurs peuvent être caractérisés en analysant cette modalité d'imagerie médicale. Les changements pathologiques compliqués provoquent des alternances complexes de luminosité et de texture dans certaines régions des images IRM correspondant au gliome. A cet effet, nous avons appliqué les lois de Zipf et de Zipf inverse désignant des approches perceptuelles caractérisant le contenu structurel des IRM cérébrales pour la quantification de la texture. De l'autre côté, les filtres de Gabor permettent la simulation des performances relatives aux cellules corticales visuelles du mammifère suite à l'extraction de différents traits selon différentes orientations et échelles [74] en agissant de façon identique à celle des neurones relatifs au cortex visuel humain.

1. **Analyse et caractérisation de la texture des tumeurs cérébrales par les lois de Zipf et de Zipf inverse** Les tumeurs générées suite à la segmentation seront analysées

par les lois de puissance dans le but d'en extraire les courbes de Zipf et de Zipf inverse comme mentionné sur les figures III.5 et III.6 respectivement où les courbes de Zipf et de Zipf inverse ont été générées des gliomes à bas grade et gliomes à haut grade.

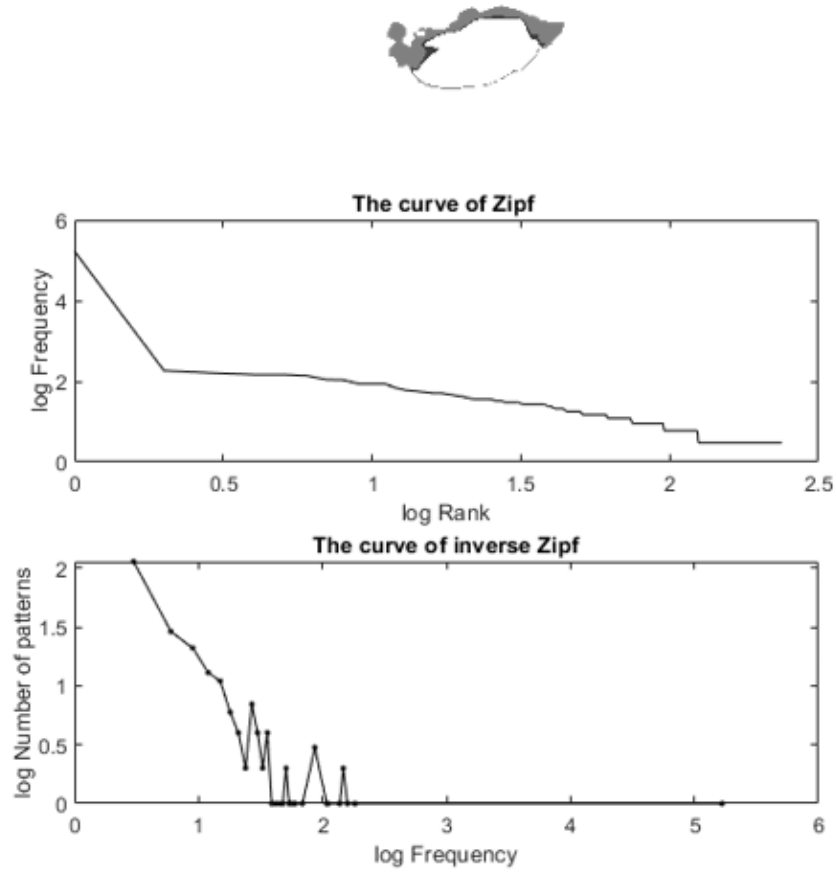


FIGURE III.5 – Courbes de Zipf et de Zipf d'un gliome à bas grade (lgg).

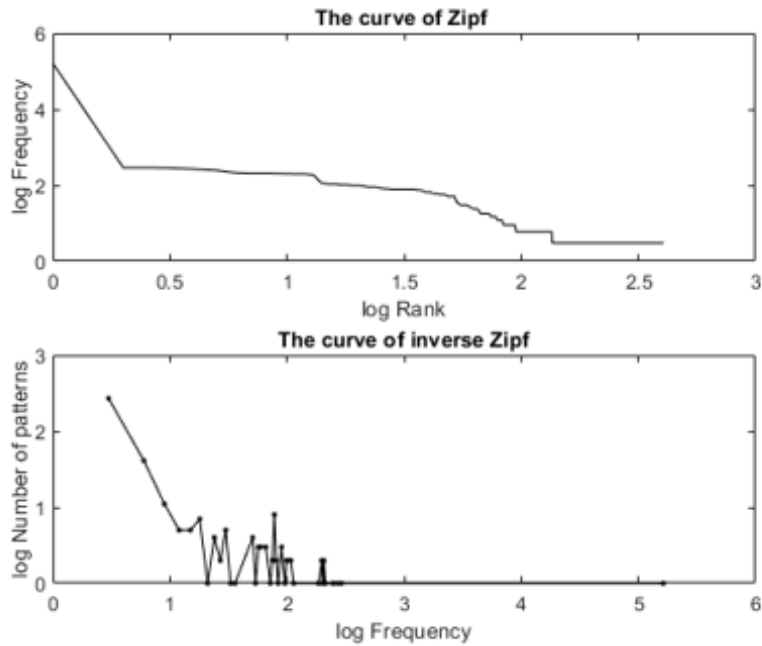


FIGURE III.6 – Courbe de Zipf et Zipf inverse d'un gliome à haut grade (hgg).

Nous extrayons les descripteurs suivant à partir des courbes de Zipf et de Zipf inverses [75] :

- Les pentes des courbes de Zipf et de Zipf inverse

La pente moyenne d'une courbe est le coefficient directeur de la droite des moindres carrés. Elle est donnée par la formule III.6 :

$$P = \frac{n \sum_{j=1}^n y_j x_j - \sum_{j=1}^n y_j \sum_{j=1}^n x_j}{n \sum_{j=1}^n x_j^2 - (\sum_{j=1}^n x_j)^2} \tag{III.6}$$

- **L'aire délimitée par la courbe de Zipf**

Nous calculons l'aire délimitée par la courbe de Zipf à partir des courbes de Zipf obtenues suite au codage de l'image par le codage des rangs généraux. Soit  $n$  le nombre de motifs de la courbe,  $f_i$  la fréquence et  $r_i$  le rang du motif  $i$ , l'aire de la courbe est donnée par la formule III.7 :

$$A = \sum_{i=1}^{n-1} \frac{(f_i + f_{i+1})(r_{i+1} - r_i)}{2} \quad (\text{III.7})$$

- **Entropie1 de la courbe de Zipf**

L'entropie relative aux motifs des images mammographiques est définie par la formule III.5 :

$$H_w = - \sum_{r=1}^R \frac{f(r)}{T} \log_R \left( \frac{f(r)}{T} \right) \quad (\text{III.8})$$

Dans cette formule,  $f(r)$  représente la fréquence du motif pour la ligne  $r$ ,  $T$  représente le nombre total de motifs différents, et nous utilisons un logarithme avec la base  $R$ .

- **Entropie2 de la courbe de Zipf**

L'entropie relative à la fréquence d'apparition des motifs est définie par la formule suivante :

$$H_f = - \sum_{f=1}^F \frac{f(r)}{T} \log_R \left( \frac{f(r)}{R} \right) \quad (\text{III.9})$$

Dans cette formule,  $I(f)$  représente le nombre de motifs distincts ayant une fréquence d'apparition égale à  $f$  et  $F$  représente le nombre entier d'occurrences des motifs dans l'image.

- **Les ordonnées à l'origine des courbes de Zipf et Zipf inverse**

- **La constante alpha de la courbe de Zipf**

La loi de Zipf est fortement exprimée de la façon suivante : Quel que soit un motif appartenant à une image, la fréquence d'apparition de ce motif \* son rang dans une liste ordonnée décroissante des fréquences d'apparition des motifs = constante.

2. **Analyse et quantification de la texture des gliomes à bas grade et à haut grade par les filtres de Gabor** Les filtres de Gabor agissent dans les deux domaines spatial et fréquentiel en réalisant une décomposition multi-résolution. Dans le cas des images 2D, le filtre de Gabor est généré suite à une gaussienne bidimensionnelle modulée par une fonction sinusoidale complexe [84]. La formule du filtre de Gabor 2D est la suivante [46] :

$$h(x, y) = \frac{1}{\sigma_x \sigma_y 2\pi} \exp\left(-\frac{x^2}{2\sigma_x^2} - \frac{y^2}{2\sigma_y^2}\right) \exp(j2\pi u_0(x \cos\theta + y \sin\theta)) \quad (\text{III.10})$$

L'enveloppe Gaussienne :

$$g(x, y) = \frac{1}{\sigma_x \sigma_y 2\pi} \exp\left(-\frac{x^2}{2\sigma_x^2} - \frac{y^2}{2\sigma_y^2}\right) \quad (\text{III.11})$$

Avec :  $X = x \cos\theta + y \sin\theta$

$Y = -x \sin\theta + y \cos\theta$

Où  $\sigma_x$  et  $\sigma_y$  sont les écarts-types respectivement le long des axes  $x$  et  $y$  (ou les constants spatiales du filtre), elles déterminent la largeur du filtre.

$U_0$  : la fréquence centrale.

$\theta$  : l'angle de rotation de  $[x, y]$  par rapport à  $(x, y)$ , il donne l'orientation de l'enveloppe Gaussienne  $g(x, y)$ . Les filtres de Gabor présentent un type de filtrage passe-bande concevant l'information considérée sur le spectre d'une image à travers la bande de fréquence sélectionnée. Ces filtres analysent des propriétés locales des tumeurs. Par conséquent, la configuration fréquemment utilisée d'extraction de données spatio-fréquentielles à partir des textures est générée suite à la convolution de la région d'intérêt avec une banque de filtres [68] où chacun se retrouvera centré sur une fréquence et une orientation pour couvrir l'intégralité du domaine fréquentiel avec succès. Dans ce sens, chaque pixel de la tumeur génèrera une réponse à chaque filtre. En ce qui concerne la classification, la relation existante entre les réponses aboutie par les filtres de Gabor de chaque tumeur sera analysée. Nous mentionnons sur la figure suivantes, l'analyse d'une tumeur par les filtres de Gabor où les sorties seront utilisées pour l'extraction des descripteurs. Les paramètres pertinents du filtre de Gabor sont la fréquence radiale ainsi que l'orientation. Ils définissent la localisation du canal dans le plan fréquentiel. En effet, chaque image de taille  $N \times N$  aura des fréquences significatives dans l'intervalle  $[0..N/4]$  et à la puissance 2. Nous avons appliqué une banque des filtres de Gabor avec une taille de  $39 \times 39$  selon 5 fréquences et 8 orientations comme mentionné sur la figure III.7 :

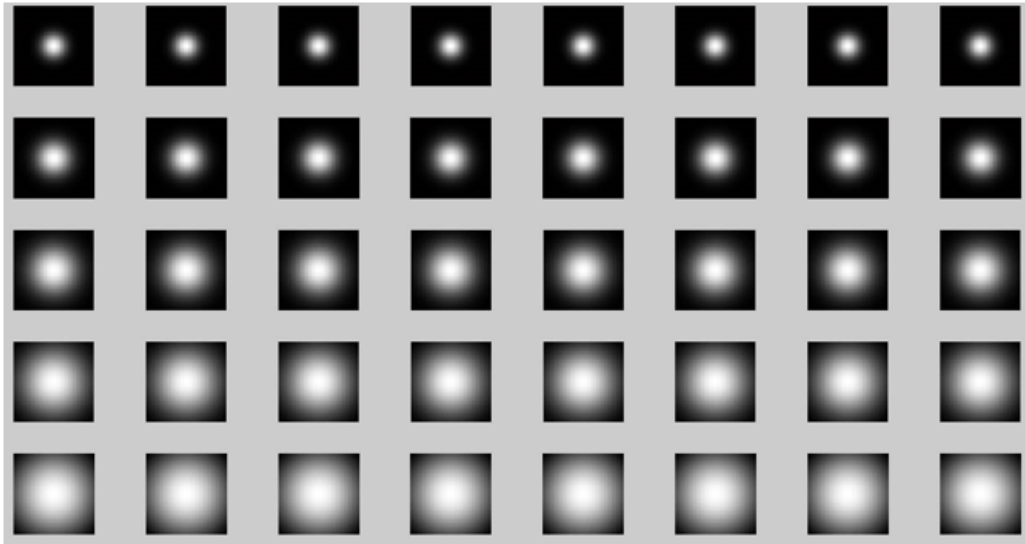


FIGURE III.7 – Application des filtres de Gabor dans le domaine fréquentiel.

Suite à l'utilisation d'un ensemble riche en variation de filtres de Gabor, ceci permettra une couverture plus étendue de l'espace fréquentiel en détectant davantage d'orientations, et aboutissons donc à l'extraction de tous les contours des régions d'intérêt. La figure III.8, démontre la partie réelle de ces filtres.

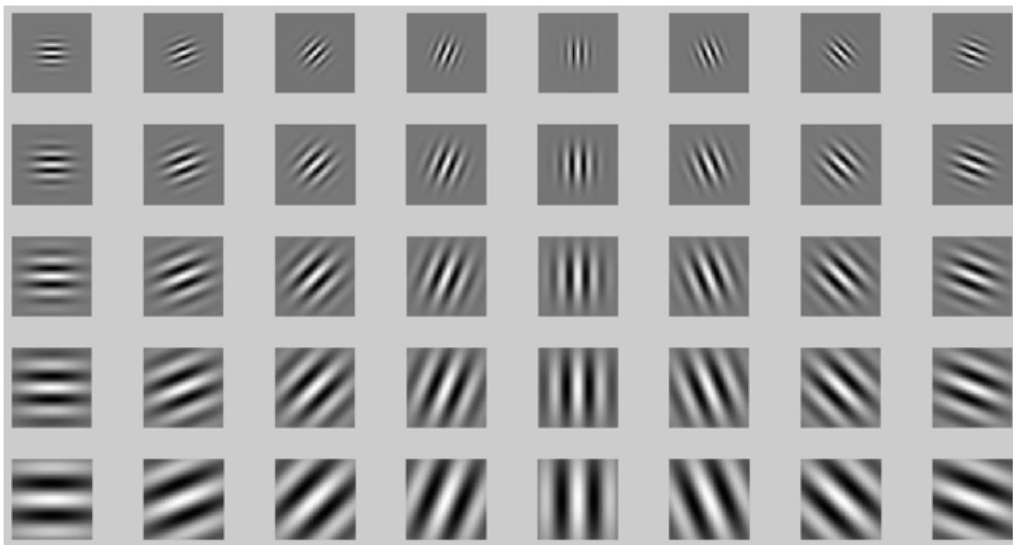


FIGURE III.8 – Parties réelles des filtres de Gabor utilisés.

Nous allons démontrer sur la figure III.9, la partie réelle des régions d'intérêt filtrées : La

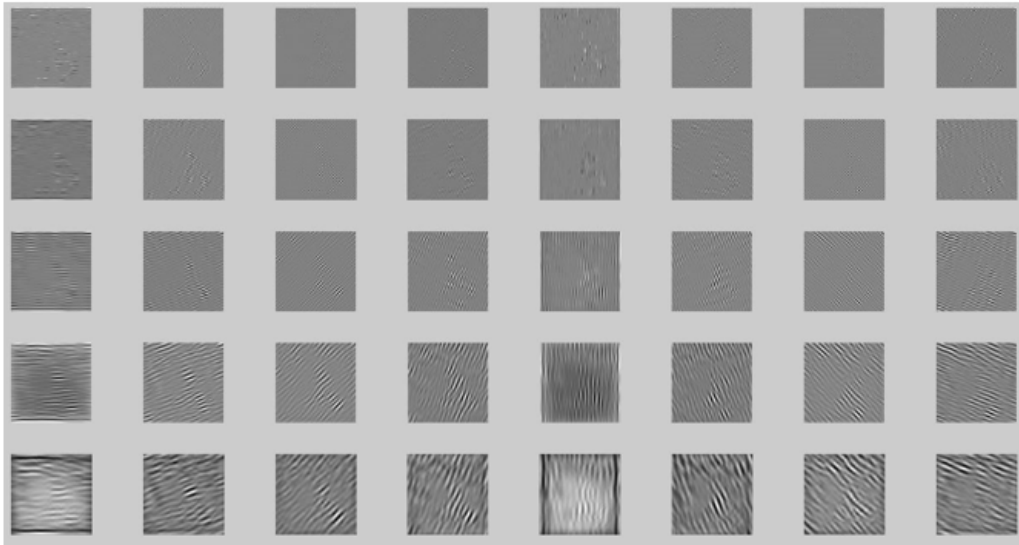


FIGURE III.9 – Parties réelles des tumeurs filtrées

figure III.10 démontre la magnitude de la réponse des tumeurs filtrées.

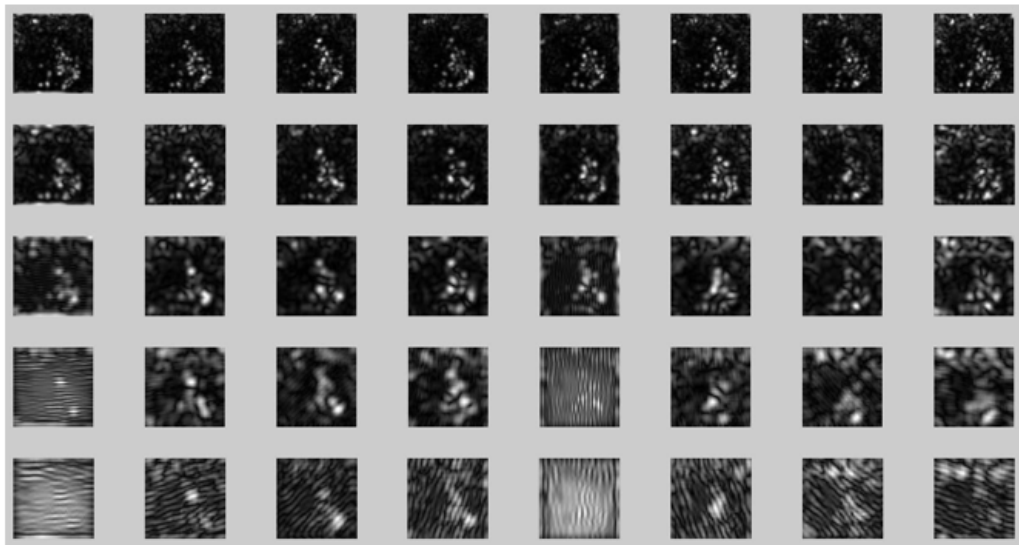


FIGURE III.10 – Exposition de la magnitude de la réponse relative au filtre de Gabor suite à la convolution de la tumeur maligne avec une banque de filtres de Gabor.

Une fois toutes les sorties du filtre sont disponibles, nous calculons des statistiques locales pour générer le vecteur des descripteurs texturaux comme indiqué dans [76]. L'analyse en composante principale (ACP) effectue la normalisation de la gamme de caractéristiques initiales, ensuite le calcul de la matrice de covariance aurait lieu pour déployer la corrélation entre les caractéristiques. L'étape suivante consiste à calculer et à organiser le vecteur propre et les valeurs propres respectives de la matrice de covariance dans l'ordre décroissant, où le vecteur propre et les valeurs propres respectives appréhendent respectivement la composante principale et la mesure de la variance. La dernière étape consiste à sélectionner des paires propres avec des valeurs propres maximales à partir du vecteur de caractéristiques généré lors de l'étape précédente, représentant le premier composant principal qui préserve le plus d'informations de l'ensemble de données initial. PCA améliore les performances des algorithmes d'apprentissage automatique en éliminant les descripteurs non contributifs de l'espace des caractéristiques.

- **Processus de classification par les machines à vecteurs de support**

Les méthodes supervisées utilisent les données étiquetées avec précision obtenues dans la phase d'apprentissage pour décider des classes pour les données de test non étiquetées. Il comprennent deux phases : l'apprentissage et le test. Dans la phase d'apprentissage, un modèle est construit qui cartographie les caractéristiques extraites des données pointe vers des étiquettes ou des classes. Le modèle est ensuite utilisé pour déterminer la classe des données non étiquetées dans la phase de test. La phase d'apprentissage demande une intervention humaine qui finit par démontrer la variabilité de résultats. La classification supervisée est plus performante que la classification non supervisée en termes de précision de la classification [77]. Les machines à vecteurs de support divisent l'image en deux classes en trouvant un hyperplan qui classifie le mieux les données. Par exemple, l'hyperplan qui a la distance maximale du point de données le plus proche de chaque côté est choisi. Nous avons formé un classifieur SVM et analysé ses performances à travers ses résultats de score de prédiction. Nous le testerons avec différents hyperparamètres : le noyau utilisé (fonction de base linéaire ou radiale) et la valeur du paramètre de régularisation C (entre 0,1 et 2) [18].

### III.5 Architecture de l'approche proposée

L'approche proposée comprend deux phases, à savoir une segmentation des tumeurs cérébrales basée Transformer ensuite une classification basée SVM des gliomes en : gliome à bas grade et gliome à haut grade. L'architecture de l'approche proposée est exposée sur la figure III.11.

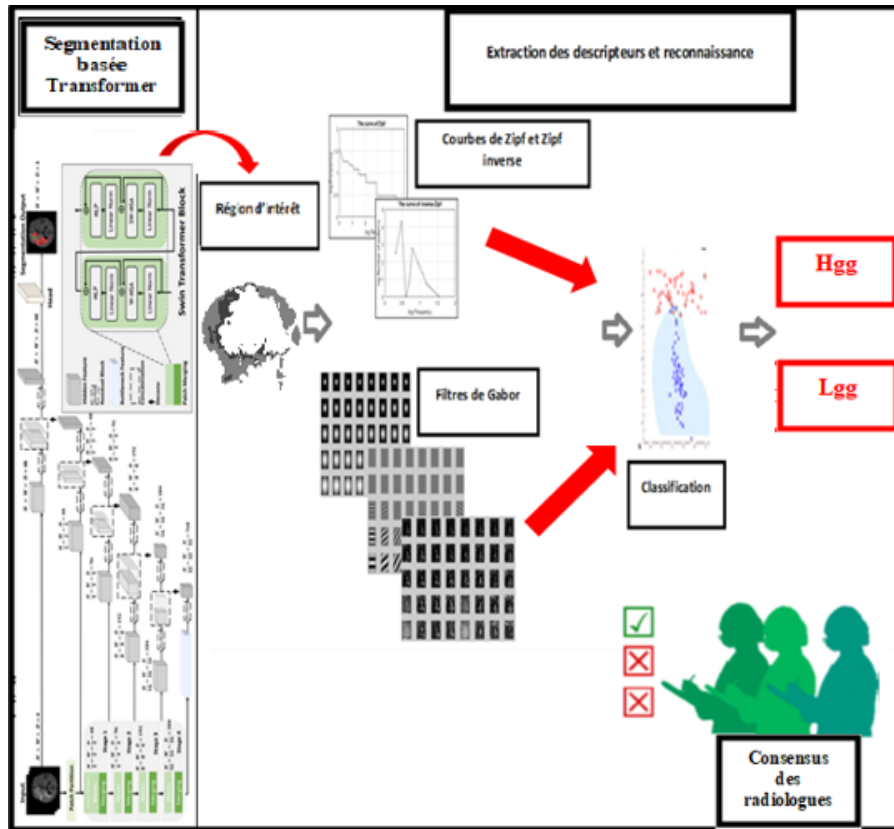


FIGURE III.11 – Architecture générale de l'approche proposée de segmentation et classification des gliomes

## **III.6 Conclusion**

Au long de ce chapitre, nous avons détaillé la conception de notre approche proposée pour le pronostic automatique des tumeurs cérébrales où nous considérons le gliome. Plus précisément, tous les pipelines et phases de segmentation et de classification ont été mentionnés. Quant au chapitre suivant, il sera consacré à l'implémentation et la validerons de l'approche proposée.

---

---

## CHAPITRE IV

---

### EVALUATION DES PERFORMANCES

## **IV.1 Introduction :**

Dans ce chapitre, nous allons présenter les résultats de développement de l'approche proposée, détailler les outils utilisés pour y parvenir en fournissant le code de programmation pour chaque étape. Nous achèverons ce chapitre par une discussion des résultats obtenus.

## IV.2 Environnement De Développement Et Outils Utilisés

### IV.2.1 Langage Python

Python est un langage de programmation de haut niveau, interprété, orienté objet et multiplateforme. Il est utilisé pour le développement d'applications web, l'analyse de données, l'intelligence artificielle, le calcul scientifique et bien d'autres applications.



Le langage Python a été créé par Guido van Rossum dans les années 1980 et publié pour la première fois en 1991. Depuis lors, Python est devenu l'un des langages de programmation les plus populaires dans le monde [15].

- **Justification du choix de Python**

Python est un langage de programmation populaire et largement utilisé pour de nombreuses raisons. Il est facile à apprendre, polyvalent dans différents domaines tels que l'analyse de données, l'intelligence artificielle et la programmation web, et dispose d'une grande communauté de développeurs qui travaillent constamment à son amélioration. Python dispose également de nombreuses bibliothèques et de Framework pour faciliter le développement, est multiplateforme, permet une productivité accrue grâce à sa syntaxe simple et concise, et est compatible avec d'autres langages de programmation tels que C, C++ et Java. En somme, Python est un langage de programmation efficace, flexible et facile à apprendre, qui convient à un large éventail de projets de développement.

- **Anaconda**

Anaconda est une distribution puissante et populaire du langage de programmation Python, conçue pour la science des données et le calcul scientifique. Elle offre un système complet de

gestion des paquets et inclut de nombreuses bibliothèques et outils préinstallés couramment utilisés dans l'analyse de données, l'apprentissage automatique et d'autres domaines connexes.



- **Kaggle**

Kaggle est une plate-forme en ligne qui héberge des compétitions de science des données, des ensembles de données et des cahiers pour aider les scientifiques des données à pratiquer et à améliorer leurs compétences. Fondé en 2010, Kaggle est devenu l'un des plus grands sites Web dédiés à la science des données et est utilisé par des milliers de data scientiste dans le monde entier.



La plate-forme Kaggle permet aux scientifiques des données de participer à des compétitions où ils peuvent résoudre des problèmes complexes en utilisant des ensembles de données fournis par des entreprises et des organisations du monde entier. Les concours sont souvent sponsorisés et peuvent offrir des prix en espèces, des stages ou des opportunités d'emploi aux gagnants. Kaggle héberge également des ensembles de données publics qui peuvent être utilisés pour pratiquer et améliorer les compétences en science des données. Ces ensembles de données incluent souvent des données du monde réel telles que des données financières, des données

de marché, des données sur la santé et bien d'autres. De plus, Kaggle propose des blocs-notes collaboratifs appelés "Kernels", qui permettent aux data scientist de partager leur travail, de collaborer avec d'autres data scientist et d'apprendre de nouveaux concepts et techniques. Les noyaux permettent également aux utilisateurs de Kaggle d'accéder au code open source pour des projets spécifiques. Kaggle a contribué de manière significative au développement et à la croissance de la communauté des sciences des données. Ses compétitions et ses ensembles de données ont aidé les scientifiques des données à développer et à affiner leurs compétences, tout en fournissant une plate-forme de collaboration et de partage des connaissances.

## IV.2.2 Matériel de configuration

- **Locale**

	Machine 1	Machine 2
Fabricant	Acer	ASUS
Type	Aspire 7	R510V
Processeur	Intel® Core™ i5-9300H CPU @ 2.40GHz	Intel® Core™ i7-6700H CPU @ 2.60GHz
GPU	NVIDIA GTX 1650	NVIDIA GTX 950M
Disque dure	512 SSD	256 SSD + 1TB HDD
RAM	8 GB	8 GB
Système d'exploitation	Windows 11 Famille	Windows 10 Pro

TABLE IV.1 – Caractéristiques du matériel local utilisées

- **Online**

**GPU** : 1xTesla P100, ayant 3584 CUDA cores, 16GB GDDR6 VRAM (Kaggle GPU)

## IV.3 Mesures de performance utilisées

Après avoir mis en œuvre le modèle et obtenu des résultats en classe ou probabilité, l'étape suivante consiste à détecter l'efficacité du modèle sur la base de diverses métriques à l'aide d'ensembles de données de test. Certaines mesures de performance sont utilisées pour spécifier divers algorithmes d'apprentissage automatique. Le choix de la bonne métrique est très important car il influe sur les performances de l'algorithme d'apprentissage automatique.

### IV.3.1 Matrice de Confusion

Une matrice de confusion est une matrice utilisée pour évaluer les performances d'un modèle de classification en comparant les prédictions du modèle avec les vraies valeurs. Elle est souvent utilisée en apprentissage automatique pour évaluer la qualité d'un modèle de classification binaire (prédiction de deux classes) ou multi-classes (prédiction de plus de deux classes). La matrice de confusion est composée de quatre éléments : les vrais positifs (TP), les faux positifs (FP), les vrais négatifs (TN) et les faux négatifs (FN) [99]. Nous allons présenter sur la figure VI.1 un exemple de matrice de confusion pour un modèle de classification binaire :

	Classe prédite positive	Classe prédite négative
Classe réelle positive	TN : True Negative	FN : False Negative
Classe réelle négative	FP : False Positive	TP : True Positive

TABLE IV.2 – Matrice de Confusion

Les éléments de la matrice de confusion sont utilisés pour calculer plusieurs métriques de performance, telles que la précision, le rappel, le score F1 et l'aire sous la courbe ROC.

- • Vrais positifs (True Positives - TP) : Le nombre de fois où le modèle a correctement prédit la classe positive (vraie valeur positive).
- • Faux positifs (False Positives - FP) : Le nombre de fois où le modèle a prédit à tort la classe positive (fausse valeur positive).
- • Vrais négatifs (True Negatives - TN) : Le nombre de fois où le modèle a correctement prédit la classe négative (vraie valeur négative).
- • Faux négatifs (False Negatives - FN) : Le nombre de fois où le modèle a prédit à tort la classe négative (fausse valeur négative).

En général, les vrais positifs et les vrais négatifs représentent les prédictions correctes, tandis que les faux positifs et les faux négatifs représentent les erreurs de prédiction.

### IV.3.2 Précision de la classification (Accuracy)

L'accuracy (précision globale) est une métrique couramment utilisée pour évaluer les performances d'un modèle de classification. Elle représente le taux de prédictions correctes par rapport au nombre total d'échantillons dans l'ensemble de données (nombre de vrais positifs + nombre de vrais négatifs / nombre total d'échantillons). En d'autres termes, l'accuracy mesure la proportion de toutes les prédictions correctes (vraies valeurs positives et vraies valeurs négatives) par rapport à l'ensemble de données. L'accuracy peut être utilisée pour des ensembles de données équilibrés (c'est-à-dire que le nombre de classes positives et négatives est similaire), mais peut ne pas être appropriée pour des ensembles de données déséquilibrés, où la classe minoritaire peut être ignorée par le modèle. Dans ce cas, il est souvent recommandé d'utiliser d'autres métriques, telles que la précision, le rappel ou le score F1, qui prennent en compte les performances par classe.

- **Précision et Rappel**

La précision et le rappel sont deux métriques importantes utilisées pour évaluer les performances d'un modèle de classification. La précision mesure la proportion de prédictions positives correctes par rapport à l'ensemble des prédictions positives ( $TP / (TP + FP)$ ). Elle indique donc la capacité du modèle à prédire correctement les vraies valeurs positives, et mesure la qualité des prédictions positives. [100] Le rappel, quant à lui, mesure la proportion de vraies valeurs positives correctement prédites par rapport à l'ensemble des vraies valeurs positives ( $TP / (TP + FN)$ ). Il indique la capacité du modèle à identifier correctement les vraies valeurs positives, et mesure la qualité de la détection des vraies valeurs positives.

## IV.4 Explication du code

Tout d'abord, nous avons commencé par la partie du code du modèle Transformer (SwinUnetR) pour la segmentation :

```

from itertools import islice as take
def trainer(
    model, train_loader, val_loader, optimizer, loss_func, acc_func, scheduler,
    model_inferer=None, start_epoch=0, post_sigmoid=None, post_pred=None,):
    val_acc_max = 0.0
    Dices_TC = [] , Dices_WT = [] , Dices_ET = []
    Dices_avg = [] , loss_epochs = [] , trains_epoch = []
    for epoch in range(start_epoch, max_epochs):
        print(time.ctime(), "Epoch:", epoch)
        epoch_time = time.time()
        train_loss = train_epoch( model, train_loader, optimizer, epoch-epoch, loss_func=loss_func, )
        print( "Final training {}/{}".format(epoch, max_epochs - 1),
              "loss: {:.4f}".format(train_loss), "time {:.2f}s".format(time.time() - epoch_time), )
        if (epoch + 1) % val_every == 0 or epoch == 0:
            loss_epochs.append(train_loss)
            trains_epoch.append(int(epoch))
            epoch_time = time.time()
            val_acc = val_epoch( model, val_loader, epoch-epoch, acc_func=acc_func,
                                model_inferer=model_inferer, post_sigmoid=post_sigmoid, post_pred=post_pred, )
            Dice_TC = val_acc[0] , Dice_WT = val_acc[1] , Dice_ET = val_acc[2]
            val_avg_acc = np.mean(val_acc)
            print( "Final validation stats {}/{}".format(epoch, max_epochs - 1), ", Dice_TC:",
                  Dice_TC, ", Dice_WT:", Dice_WT, ", Dice_ET:",
                  Dice_ET, ", Dice_Avg:", val_avg_acc, ", time {:.2f}s".format(time.time() - epoch_time), )
            Dices_TC.append(Dice_TC) , Dices_WT.append(Dice_WT)
            Dices_ET.append(Dice_ET) , Dices_avg.append(val_avg_acc)
            if val_avg_acc > val_acc_max:
                print("new best {:.6f} -> {:.6f}). ".format(val_acc_max, val_avg_acc)
                val_acc_max = val_avg_acc
                save_checkpoint( model, epoch, best_acc=val_acc_max, )
            scheduler.step()
    print("Training Finished !, Best Accuracy: ", val_acc_max)
    return ( val_acc_max, Dices_TC, Dices_WT, Dices_ET, Dices_avg, loss_epochs, trains_epoch, )

```

FIGURE IV.1 – la partie du code de notre modèle Transformer (SwinUnetR).

## IV.5 Evaluation des performances de l'approche proposée basée Transformer

En implémentant la segmentation par SwinUnet (Transformer), nous avons obtenu d'excellents résultats, avec un taux de précision (Accuracy) atteignant 99%.

La figure VI.2 illustre la minimisation de la fonction d'Average Loss d'entraînement au fil des époques :

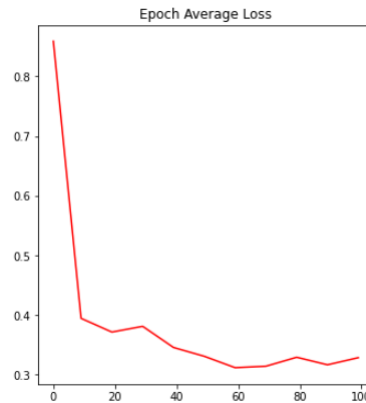


FIGURE IV.2 – Evolution de la fonction d'Average Loss au long des époques.

La figure VI.3 illustre l'évolution de la fonction de Val Mean Dice d'entraînement au fil des époques.

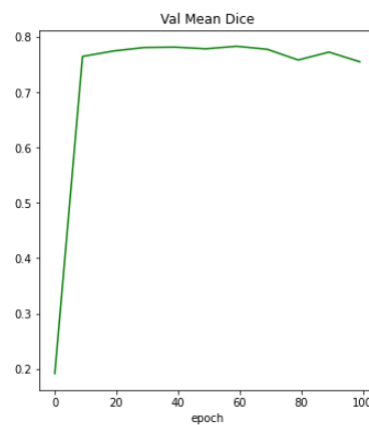


FIGURE IV.3 – Evolution de la fonction de Val Mean Dice au long des époques.

La figure VI.4 illustre l'évolution de la fonction de Val Mean Dice TC d'entraînement au fil des époques :

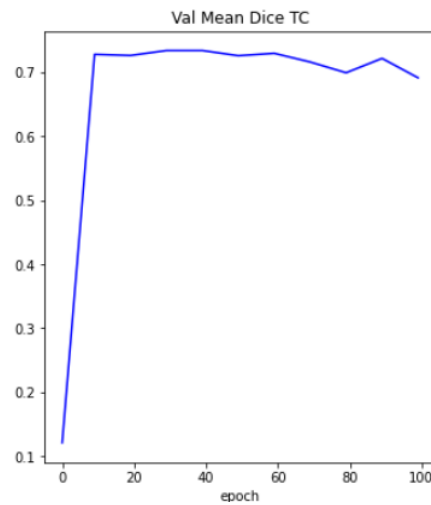


FIGURE IV.4 – Evolution de la fonction de Val Mean Dice TC au long des époques.

La figure VI.5 illustre l'évolution de la fonction de Val Mean Dice WT d'entraînement au fil des époques.

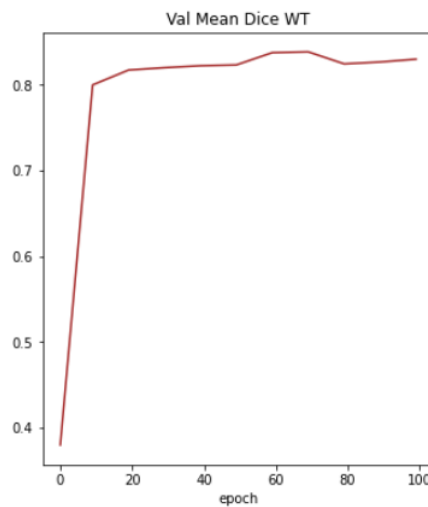


FIGURE IV.5 – Evolution de la fonction de Val Mean Dice WT au long des époques.

La figure VI.6 illustre l'évolution de la fonction de Val Mean Dice ET d'entraînement au fil des époques.

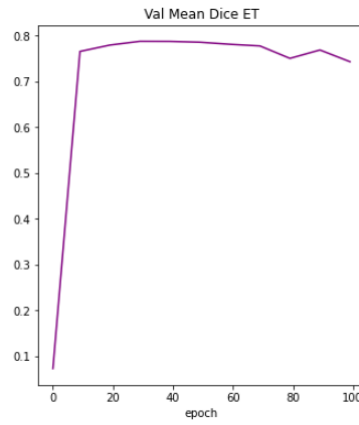


FIGURE IV.6 – Evolution de la fonction de Val Mean Dice ET au long des époques.

Nous présentons sur la figure VI.7 quelques exemples de la segmentation du gliome comme suit :

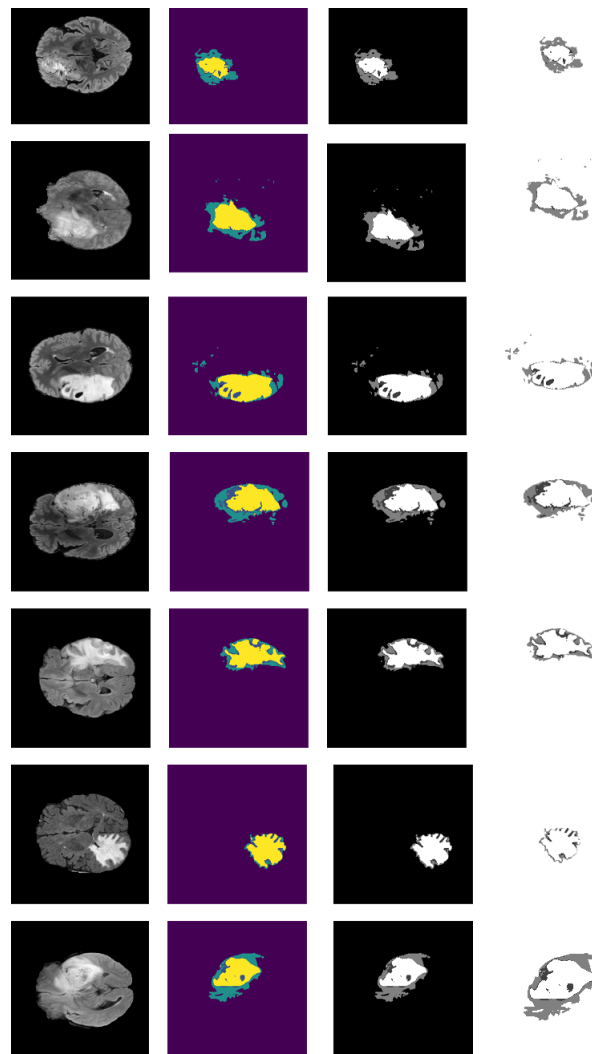


FIGURE IV.7 – Exemples de la segmentation du gliome basée Transformer.

Nous allons passer à l'étape de l'extraction des descripteurs sous forme de fichier .CSV où nous avons appliqué Normalisation aux fichier data puis appliqué PCA . nous présentons sur la figure IV.8 un aperçu sur le fichier .csv obtenu.

PC1	PC2	PC3	PC4	PC5	PC6	PC7	PC8	PC9	PC10	PC11	PC12
-16.3572718	20.1584378	-4.51904579	-10.1412727	-3.25353732	-2.3029674	1.17798391	-1.5833812	4.82218659	-2.50394121	3.64361564	-0.82984044
-12.0275048	16.0597781	-8.03603404	-4.74709003	10.9364827	-5.39990962	6.95705294	-3.6789656	6.98866133	-1.040329	-3.49303751	-8.52920908
-11.3167475	-8.90635065	6.63954421	6.67128075	-4.50377984	-4.70167785	0.8880748	1.97198999	1.50046581	1.25257659	1.81332335	-3.90169181
-17.5229407	-13.0913307	6.33570229	11.9114107	-7.57129502	-11.5372423	-0.26421039	7.05760058	3.63782472	0.77190921	-3.64060468	-5.11766538
-7.71938932	-9.04842592	-5.15373482	3.04300466	-9.61776146	-8.95259943	-5.33824744	7.59188553	-10.7183054	2.75134469	-4.5691432	14.2206835
-15.6436719	-11.3277411	0.45738516	-0.00903157	9.80111124	23.0131135	1.17550305	-4.70857305	-5.28817532	-0.04671342	0.24964096	1.18275336
-13.1704182	-11.8666552	1.73923553	9.02049195	-8.25075149	-6.12170569	1.84424765	2.14546427	-2.17676767	-2.96837976	1.11132785	1.99128474
-7.68342073	9.37271411	-3.6332679	-4.42741713	5.01699167	-1.08739009	1.15546434	-1.81312571	2.75231714	-0.42255495	-0.28787244	-1.23345227
-15.9407112	20.8833847	-5.60798499	-12.2302603	-8.23351375	-1.65846016	-1.04248874	1.47677521	-0.68933982	-2.59548506	4.66604524	1.893581
-10.4309854	-6.32383252	1.92803167	1.25508333	6.11380907	6.24722093	-0.81362329	-1.08515969	-0.99349973	3.62069889	-1.14028933	3.27625026
-14.662047	-10.9244453	8.11711723	7.81197049	-5.81068705	-7.22684708	-2.16398816	4.10881786	1.61401502	2.98654166	-0.03566199	-3.4759178
-12.6807403	-11.6220113	3.29226473	11.0250926	-8.66187671	2.94973979	9.80427152	-7.61386643	-1.17028462	-10.9067677	5.40533784	0.44238832
-14.7061056	-9.20360533	8.89908486	5.38838229	-3.4675446	-6.6274628	-5.95064358	4.1653058	1.91005896	6.55470395	-2.03090517	0.26520715
-13.5704717	20.207352	-5.25663037	-9.17450205	-1.42323787	-2.81754701	2.77404955	-1.53916623	5.33954034	-2.75995513	2.20644263	-2.64826023
-18.1431888	-13.4063748	7.46274546	7.13175057	-1.06192685	5.11733159	-0.19256311	-5.18652537	4.50460367	-3.45031899	7.36213606	-1.88129755
-12.2027259	19.108224	-3.04070036	-9.23809391	-6.57582526	-2.15927893	1.65269603	-0.31372614	3.24133521	-2.77735504	4.29445882	-0.05520537
-19.7588948	-14.5458104	4.0401777	12.4362216	-8.67359256	1.75562275	5.39853685	-6.60785841	1.46068848	-10.038704	4.27271269	1.11915013
-8.57725678	11.6100392	0.24276713	-6.90185733	-6.69032814	-2.13258314	-1.16085342	0.82314497	-3.28251274	-1.02812997	4.08519712	3.98129006
-12.0676923	-11.5966628	3.3653715	6.60811122	-3.78355674	7.68148753	4.44263002	-6.72614798	-1.32808037	-6.80620301	7.9271626	-0.44449321
-17.0565618	15.5477273	-7.46358396	-7.70879827	13.1020329	-5.42117513	3.8767848	-3.47078465	-3.69144326	-0.03802292	-6.52882402	-4.16015241

FIGURE IV.8 – Extraction des descripteurs.

Nous exposons les résultats de la classification basée SVM obtenus. En effet, l'étiquetage de la base de données BRATS 2021 n'était pas disponible juste nous avons l'accès aux IRM cérébrales avec leurs masques respectifs. Dans ce sens, nous avons entraîné le Transformer durant la phase de segmentation sur la base de données BRATS 2021 vu sa grande dimension ensuite l'étape de la classification était munie sur la base de données BRATS 2020 vu la disposition du labeling de ses classes.

Dans cette étude, nous avons testé plusieurs valeurs de C (0,1 ; 1 ; 10 ; 100 ; 1000) et différents noyaux de SVM (linear, poly, rbf, sigmoid) pour la distinction entre les 2 classes du gliome "LGG" et "HGG".

Nous avons mentionné auparavant que l'étiquetage de la base de données BRATS 2021 n'est pas disponible alors pour le processus de classification nous avons utilisé la base de données BRATS 2020 où nous avons effectué une augmentation des données (data augmentation) pour atteindre 809 tumeurs de gliomes variées entre les types LGG et HGG.

Nous présentons sur le tableau suivant les résultats de classification obtenus :

Nom modèle deClassification(SVM)	Kernel	C	Accuracy
Modèle1	Linear	1.0	91%
Modèle1	RBF	1.0	81%

TABLE IV.3 – Précision de classification du gliome en HGG et LGG basée SVM et issue d’une segmentation basée Transformer (SwinUnetR).

La matrice de confusion générée est présentée sur la figure suivante :

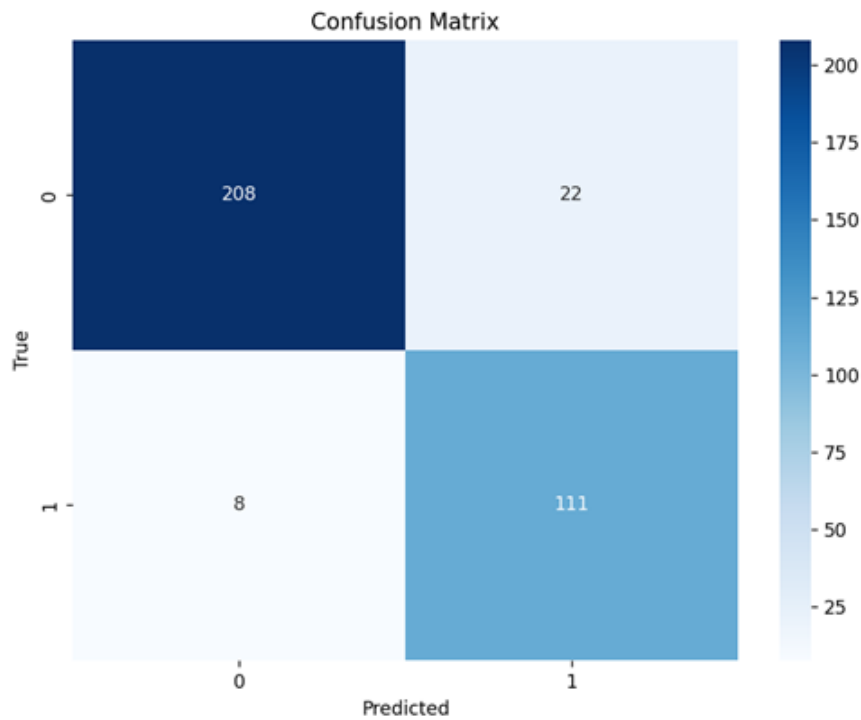


FIGURE IV.9 – Matrice de confusion relative à la classification du gliome en HGG et LGG basée SVM et issue d’une segmentation basée Transformer (SwinUnetR)

## IV.6 Evaluation des performances de l'approche proposée basée U-net

En implémentant la segmentation par le modèle U-net nous avons obtenu un taux de précision (Accuracy) atteignant 97%. La figure démontre l'évolution de la précision de la segmentation à travers les époques.

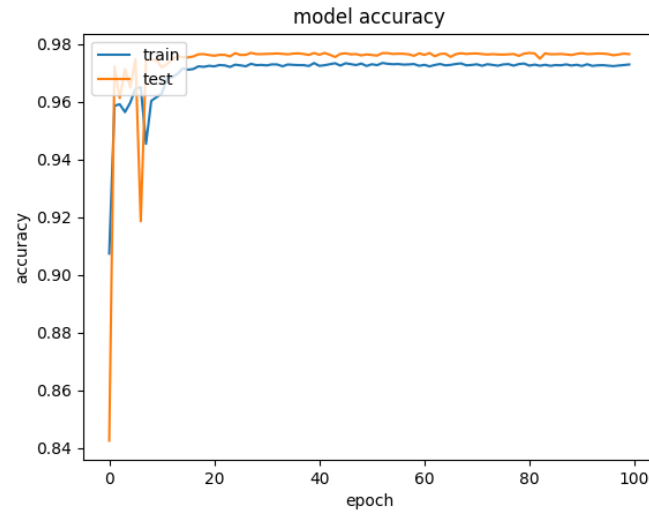


FIGURE IV.10 – Evolution de la précision de la segmentation par le modèle U-net.

La figure illustre la minimisation de loss function au fil des époques par le modèle U-net.

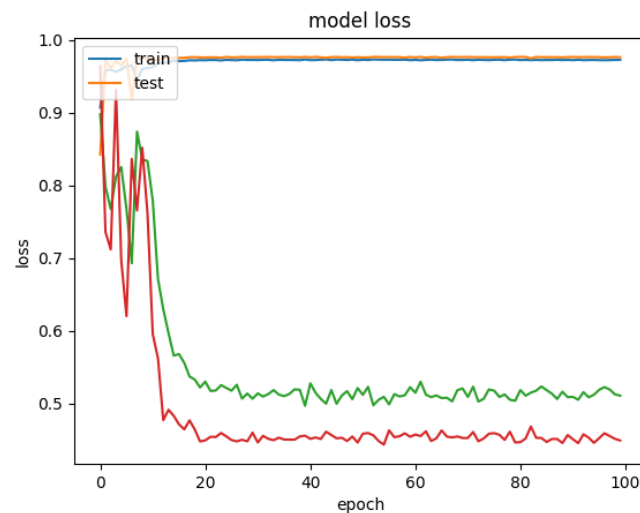


FIGURE IV.11 – Minimisation de loss function par le modèle U-net.

Nous présentons sur la figure quelque exemples de la segmentation du gliome basée U-net comme suit :

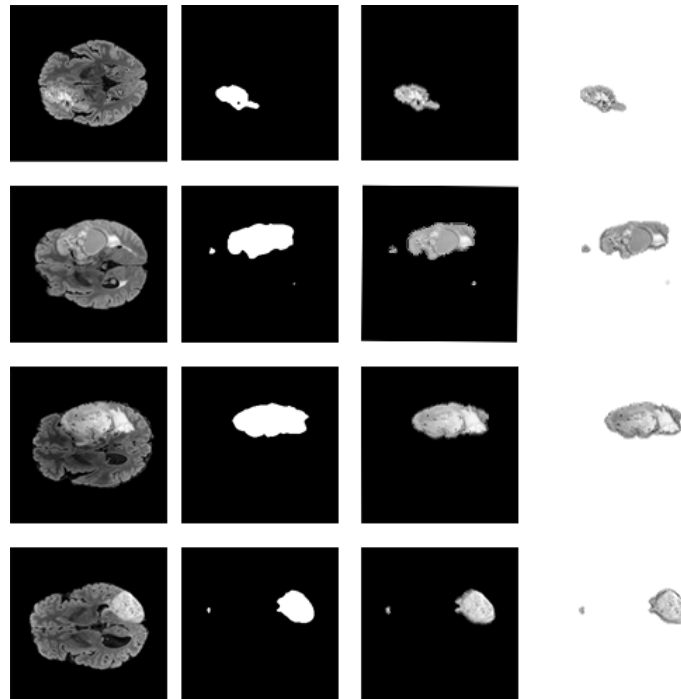


FIGURE IV.12 – Exemple de la segmentation du gliome basée U-net.

Nous présentons sur le tableau suivant les résultats de classification obtenus :

Nom modèle de Classification (SVM)	Kernel	C	Accuracy
Modèle1	Linear	1.0	80%
Modèle1	RBF	1.0	89%

TABLE IV.4 – Précision de classification du gliome en HGG et LGG basée SVM et issue d’une segmentation basée U-net.

La matrice de confusion générée est présentée sur la figure suivante :

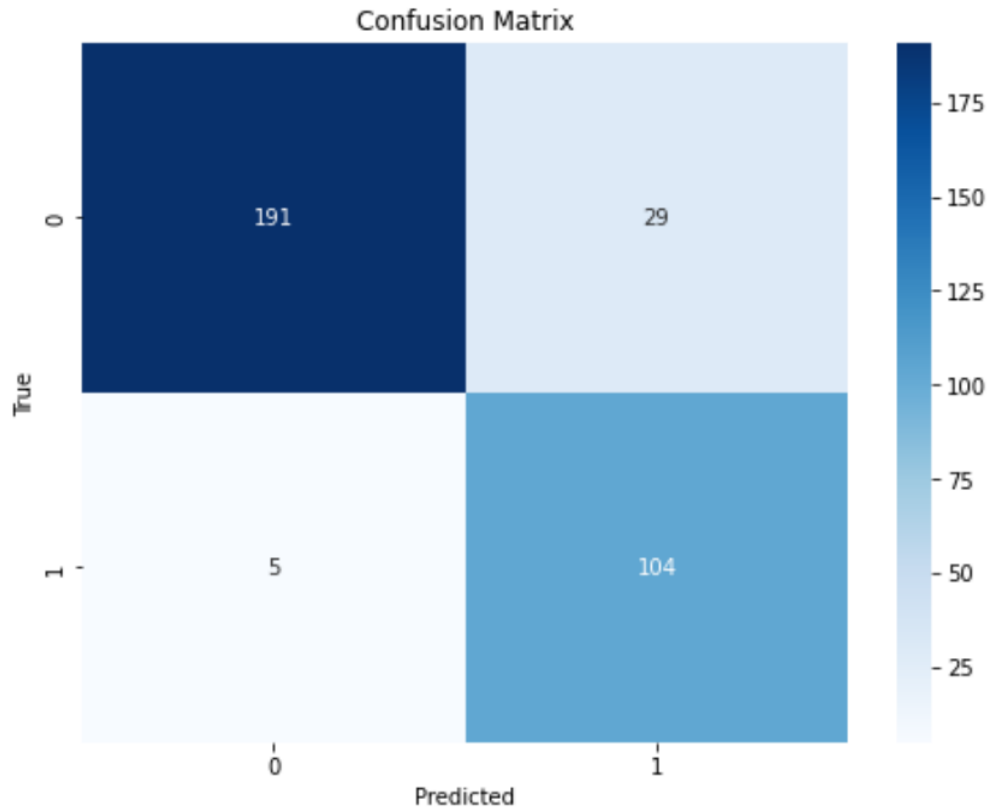


FIGURE IV.13 – Matrice de confusion relative à la classification du gliome en HGG et LGG basée SVM et issue d’une segmentation basée Unet

Nous pouvons constater que les performances du Transformer SwinUNETR surpassent ceux de U-net.

## IV.7 présentation de quelques vue de l'interface de notre approche

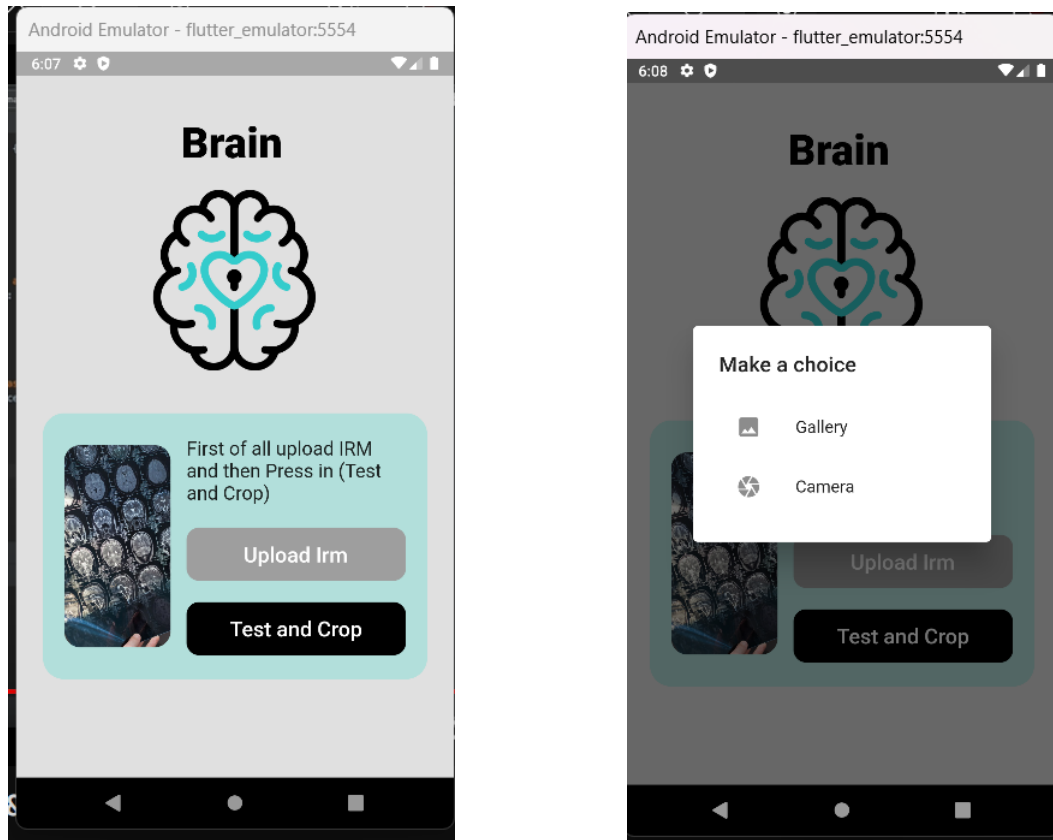


FIGURE IV.14 – Interface

### IV.7.1 Upload Irm

Ce bouton pour importer votre IRM et il ya deux types :

- • **Gallery** : choisi un IRM dans votre appareil.
- • **Camera** : Ouvrez le Camera de votre appareil.

### IV.7.2 Test and Crop

Ce bouton Button est pour testez et cropez votre IRM.

## IV.8 Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons présenté le langage de programmation et les outils que nous avons trouvés très utiles pour notre modèle. Nous avons également détaillé chaque étape de la mise en œuvre. Différents noyaux SVM ont été contribués où le choix optimal était le noyau rbf, qui nous a donné un taux de réussite de 91%. Enfin, nous avons discuté des résultats que nous avons obtenus et nous les avons comparés avec le modèle U-net.

---

## CONCLUSION GÉNÉRALE :

Les tumeurs cérébrales malignes représentent actuellement certains des cancers les plus graves et menacent de plus en plus la santé humaine. Cependant, plus une tumeur cérébrale est découverte tôt, plus la probabilité de guérison du patient est élevée. Ces cancers sont généralement divisés en gliomes de bas grade (LGG) et en gliomes de haut grade (HGG). Par conséquent, en raison de l'inhomogénéité d'intensité dans les images IRM cérébrales [42], davantage d'informations pathologiques sont nécessaires pour une délimitation précise de la tumeur. Diverses séquences IRM (dont pondération T1, pondération T1 avec l'amélioration du contraste (T1C), la pondération T2 et la pondération T2 avec récupération d'inversion atténuée par le fluide (T2Flair)) sont nécessaires pour de meilleurs résultats. Chacune de ces séquences fournit différents types d'informations pathologiques. T1 fournit des informations anatomiques. Étant donné que les informations sur le flux sanguin sont reflétées dans le T1C, les frontières tumorales apparaissent plus claires dans cette modalité. De plus, la nécrose et la zone tumorale active peuvent être facilement reconnues dans le T1C. Dans les séquences T2, la zone d'œdème entourant la tumeur semble claire. Afin de séparer l'œdème du liquide céphalo-rachidien (LCR), les séquences T2Flair sont le meilleur choix à analyser d'où notre travail a été réalisé en utilisant ces modalités. Un diagnostic précoce et précis peut entraîner une survie plus longue chez les patients. D'un autre côté, les diagnostics invasifs, inexacts et chronophages raccourciront la durée de vie d'un patient atteint de cancer [17]. Cependant, cette méthode est principalement utilisée dans la classification des tumeurs en l'absence d'alternative appropriée. Ainsi, un outil de diagnostic assisté par ordinateur (CAD) basé sur l'intelligence artificielle (IA) est hautement nécessaire, qui peut effectuer un diagnostic rapide, cohérent et précis. Par conséquent, un outil CAD basé sur l'IA est proposé dans ce mémoire pour la classification automatisée des gliomes en : les gliomes de bas grade (LGG) et les gliomes de haut grade (HGG). La méthode proposée dans ce travail peut être utilisée comme deuxième avis par les médecins ou comme alternative à une biopsie. En effet, nous avons appliqué le Transformer pour le processus de segmentation et une classification basée SVM pour la distinction entre LGG et HGG où une classification dépassant une précision de 90% a été obtenue. Comme perspective, Il reste incertain si les Transformers de vision sont meilleurs que les CNN pour analyser les images médicales, et si les Transformers peuvent remplacer les CNN.

---

# BIBLIOGRAPHIE

- [1] J. Schmidhuber, “Deep learning in neural networks : An overview,” *Neural networks*, vol. 61, pp. 85–117, 2015.
- [2] [Online]. Available : <https://medium.com/@bdhuma/6-basic-things-to-know-about-convolution-daef5e1bc411>
- [3] M. Livne, J. Rieger, O. U. Aydin, A. A. Taha, E. M. Akay, T. Kossen, J. Sobesky, J. D. Kelleher, K. Hildebrand, D. Frey *et al.*, “A u-net deep learning framework for high performance vessel segmentation in patients with cerebrovascular disease,” *Frontiers in neuroscience*, vol. 13, p. 97, 2019.
- [4] N. Ganatra and A. Patel, “A survey on diseases detection and classification of agriculture products using image processing and machine learning,” *International Journal of Computer Applications*, vol. 180, no. 13, pp. 1–13, 2018.
- [5] P. Manzoni, *Proceedings of the 4th ACM MobiHoc Workshop on Experiences with the Design and Implementation of Smart Objects*. Association for Computing Machinery, 2018.
- [6] F. Shamshad, S. Khan, S. W. Zamir, M. H. Khan, M. Hayat, F. S. Khan, and H. Fu, “Transformers in medical imaging : A survey,” *Medical Image Analysis*, p. 102802, 2023.
- [7] J. Li, J. Chen, Y. Tang, C. Wang, B. A. Landman, and S. K. Zhou, “Transforming medical imaging with transformers? a comparative review of key properties, current progresses, and future perspectives,” *Medical image analysis*, p. 102762, 2023.
- [8] C. F. Muccio, E. Tedeschi, L. Ugga, R. Cuocolo, G. Esposito, and F. Caranci, “Solitary cerebral metastases vs. high-grade gliomas : usefulness of two mri signs in the differential diagnosis,” *Anticancer Research*, vol. 39, no. 9, pp. 4905–4909, 2019.

- [9] [Online]. Available : <https://www.cancer.gov/rare-brain-spine-tumor/tumors/meningioma>
- [10] H. Kandil, A. Soliman, F. Taher, M. Ghazal, A. Khalil, G. Giridharan, R. Keynton, J. R. Jennings, and A. El-Baz, “A novel computer-aided diagnosis system for the early detection of hypertension based on cerebrovascular alterations,” *NeuroImage : Clinical*, vol. 25, p. 102107, 2020.
- [11] G. Blanchard, S. Pinson, C. Rousselle, S. Lorthois, P. Combemale, M. Bernard, and L. L. Francois, “La réalisation systématique de l’imagerie par résonance magnétique cérébrale a-t-elle un intérêt chez l’enfant atteint de neurofibromatose de type 1 ?” *Archives de pédiatrie*, vol. 16, no. 12, pp. 1527–1532, 2009.
- [12] R. Raza, U. I. Bajwa, Y. Mehmood, M. W. Anwar, and M. H. Jamal, “dresu-net : 3d deep residual u-net based brain tumor segmentation from multimodal mri,” *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 79, p. 103861, 2023.
- [13] I. Mecheter, M. Abbod, A. Amira, and H. Zaidi, “Deep learning with multiresolution handcrafted features for brain mri segmentation,” *Artificial intelligence in medicine*, vol. 131, p. 102365, 2022.
- [14] A. Wadhwa, A. Bhardwaj, and V. S. Verma, “A review on brain tumor segmentation of mri images,” *Magnetic resonance imaging*, vol. 61, pp. 247–259, 2019.
- [15] D. Painuli, S. Bhardwaj *et al.*, “Recent advancement in cancer diagnosis using machine learning and deep learning techniques : A comprehensive review,” *Computers in Biology and Medicine*, p. 105580, 2022.
- [16] [Online]. Available : <https://medium.datadriveninvestor.com/>
- [17] G. S. Tandel, A. Tiwari, and O. Kakde, “Performance enhancement of mri-based brain tumor classification using suitable segmentation method and deep learning-based ensemble algorithm,” *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 78, p. 104018, 2022.
- [18] A. A. T. Zade, M. J. Aziz, S. Masoudnia, A. Mirbagheri, and A. Ahmadian, “An improved capsule network for glioma segmentation on mri images : A curriculum learning approach,” *Computers in Biology and Medicine*, vol. 148, p. 105917, 2022.
- [19] M. Aamir, Z. Rahman, Z. A. Dayo, W. A. Abro, M. I. Uddin, I. Khan, A. S. Imran, Z. Ali, M. Ishfaq, Y. Guan *et al.*, “A deep learning approach for brain tumor classification using mri images,” *Computers and Electrical Engineering*, vol. 101, p. 108105, 2022.
- [20] N. Yamanakkanavar and B. Lee, “A novel m-segnet with global attention cnn architecture for automatic segmentation of brain mri,” *Computers in Biology and Medicine*, vol. 136, p. 104761, 2021.

- [21] C. Huang, J. Wang, S.-H. Wang, and Y.-D. Zhang, “Applicable artificial intelligence for brain disease : A survey,” *Neurocomputing*, vol. 504, pp. 223–239, 2022.
- [22] D. A. Forsyth and J. Ponce, *Computer vision : a modern approach*. prentice hall professional technical reference, 2002.
- [23] P. S. Duth and M. M. Deepa, “Color detection in rgb-modeled images using mat lab,” *International Journal of Engineering & Technology*, vol. 7, no. 2.31, pp. 29–33, 2018.
- [24] A. Krizhevsky, I. Sutskever, and G. E. Hinton, “Imagenet classification with deep convolutional neural networks,” *Communications of the ACM*, vol. 60, no. 6, pp. 84–90, 2017.
- [25] R. M. Haralick, K. Shanmugam, and I. H. Dinstein, “Textural features for image classification,” *IEEE Transactions on systems, man, and cybernetics*, no. 6, pp. 610–621, 1973.
- [26] J. Heaton, “Ian goodfellow, yoshua bengio, and aaron courville : Deep learning : The mit press, 2016, 800 pp, isbn : 0262035618,” *Genetic Programming and Evolvable Machines*, vol. 19, no. 1-2, pp. 305–307, 2018.
- [27] C. M. Bishop *et al.*, *Neural networks for pattern recognition*. Oxford university press, 1995.
- [28] M. H. Dezfoulian, Y. MiriNezhad, S. M. H. Mousavi, M. S. Mosleh, and M. M. Shalchi, “Optimization of the ho-kashyap classification algorithm using appropriate learning samples,” in *2016 Eighth International Conference on Information and Knowledge Technology (IKT)*. IEEE, 2016, pp. 167–169.
- [29] L. Breiman, J. Friedman, R. Olshen, and C. Stone, “Classification and regression trees—crc press,” *Boca Raton, Florida*, 1984.
- [30] Y. LeCun, Y. Bengio, and G. Hinton, “Deep learning,” *nature*, vol. 521, no. 7553, pp. 436–444, 2015.
- [31] A. M. ATTO, F. KARBOU, and S. GIFFARD-ROISIN, “Clustering fonctionnel de séries d’images par entropies relatives,” *Détection de changements et analyse des séries temporelles d’images 1 : Méthodes non supervisées*, p. 121, 2022.
- [32] P. Sermanet, D. Eigen, X. Zhang, M. Mathieu, R. Fergus, and Y. LeCun, “Overfeat : Integrated recognition, localization and detection using convolutional networks,” *arXiv preprint arXiv :1312.6229*, 2013.
- [33] V. Nair and G. E. Hinton, “Rectified linear units improve restricted boltzmann machines,” in *Proceedings of the 27th international conference on machine learning (ICML-10)*, 2010, pp. 807–814.

- [34] Y. Bengio, P. Simard, and P. Frasconi, "Learning long-term dependencies with gradient descent is difficult," *IEEE transactions on neural networks*, vol. 5, no. 2, pp. 157–166, 1994.
- [35] O. Ronneberger, P. Fischer, and T. Brox, "U-net : Convolutional networks for biomedical image segmentation," in *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention–MICCAI 2015 : 18th International Conference, Munich, Germany, October 5-9, 2015, Proceedings, Part III 18*. Springer, 2015, pp. 234–241.
- [36] H. Li, Y. Wu, H. Lu, and S. Chen, "Posterior probability-based single time-series model combination strategy for predicting multi-temporal crop classification," in *2021 IEEE Asia-Pacific Conference on Image Processing, Electronics and Computers (IPEC)*. IEEE, 2021, pp. 26–31.
- [37] T. J. Netherton, C. E. Cardenas, D. J. Rhee, B. M. Beadle *et al.*, "The emergence of artificial intelligence within radiation oncology treatment planning," *Oncology*, vol. 99, no. 2, pp. 124–134, 2021.
- [38] A. Patel and B. Joshi, "A survey on the plant leaf disease detection techniques," *International Journal of Advanced Research in Computer and Communication Engineering*, vol. 6, no. 1, 2017.
- [39] B. Ionescu, H. Müller, R. Péteri, J. Rückert, A. B. Abacha, A. G. S. de Herrera, C. M. Friedrich, L. Bloch, R. Brüngel, A. Idrissi-Yaghir *et al.*, "Overview of the imageclef 2022 : Multimedia retrieval in medical, social media and nature applications," in *Experimental IR Meets Multilinguality, Multimodality, and Interaction : 13th International Conference of the CLEF Association, CLEF 2022, Bologna, Italy, September 5–8, 2022, Proceedings*. Springer, 2022, pp. 541–564.
- [40] A. K. Anaraki, M. Ayati, and F. Kazemi, "Magnetic resonance imaging-based brain tumor grades classification and grading via convolutional neural networks and genetic algorithms," *biocybernetics and biomedical engineering*, vol. 39, no. 1, pp. 63–74, 2019.
- [41] K. He, C. Gan, Z. Li, I. Rekik, Z. Yin, W. Ji, Y. Gao, Q. Wang, J. Zhang, and D. Shen, "Transformers in medical image analysis : A review," *Intelligent Medicine*, 2022.
- [42] Z. Barzegar and M. Jamzad, "Wlfs : Weighted label fusion learning framework for glioma tumor segmentation in brain mri," *Biomedical Signal Processing and Control*, vol. 68, p. 102617, 2021.
- [43] M. Balwant, "A review on convolutional neural networks for brain tumor segmentation : Methods, datasets, libraries, and future directions," *IRBM*, 2022.

- [44] M. Ingrisch, M. J. Schneider, D. Nörenberg, G. N. de Figueiredo, K. Maier-Hein, B. Suchorska, U. Schüller, N. Albert, H. Brückmann, M. Reiser *et al.*, “Radiomic analysis reveals prognostic information in t1-weighted baseline magnetic resonance imaging in patients with glioblastoma,” *Investigative Radiology*, vol. 52, no. 6, pp. 360–366, 2017.
- [45] F. G. Shellock, “Biomedical implants and devices : assessment of magnetic field interactions with a 3.0-tesla mr system,” *Journal of Magnetic Resonance Imaging : An Official Journal of the International Society for Magnetic Resonance in Medicine*, vol. 16, no. 6, pp. 721–732, 2002.
- [46] T. D. Christensen, K.-L. G. Spindler, J. A. Palshof, and D. L. Nielsen, “Systematic review : brain metastases from colorectal cancer—incidence and patient characteristics,” *BMC cancer*, vol. 16, pp. 1–14, 2016.
- [47] J. A. Saint-Cyr, T. Hoque, L. C. Pereira, J. O. Dostrovsky, W. D. Hutchison, D. J. Mikulis, A. Abosch, E. Sime, A. E. Lang, and A. M. Lozano, “Localization of clinically effective stimulating electrodes in the human subthalamic nucleus on magnetic resonance imaging,” *Journal of neurosurgery*, vol. 97, no. 5, pp. 1152–1166, 2002.
- [48] A. M. G. Allah, A. M. Sarhan, and N. M. Elshennawy, “Edge u-net : Brain tumor segmentation using mri based on deep u-net model with boundary information,” *Expert Systems with Applications*, vol. 213, p. 118833, 2023.
- [49] G. Minniti, M. Niyazi, F. Alongi, P. Navarria, and C. Belka, “Current status and recent advances in reirradiation of glioblastoma,” *Radiation Oncology*, vol. 16, no. 1, pp. 1–14, 2021.
- [50] H. Arimura, T. Magome, Y. Yamashita, and D. Yamamoto, “Computer-aided diagnosis systems for brain diseases in magnetic resonance images,” *Algorithms*, vol. 2, no. 3, pp. 925–952, 2009.
- [51] K. Kamnitsas, C. Ledig, V. F. Newcombe, J. P. Simpson, A. D. Kane, D. K. Menon, D. Rueckert, and B. Glocker, “Efficient multi-scale 3d cnn with fully connected crf for accurate brain lesion segmentation,” *Medical image analysis*, vol. 36, pp. 61–78, 2017.
- [52] J. Cheng, W. Huang, S. Cao, R. Yang, W. Yang, Z. Yun, Z. Wang, and Q. Feng, “Enhanced performance of brain tumor classification via tumor region augmentation and partition,” *PloS one*, vol. 10, no. 10, p. e0140381, 2015.
- [53] M. R. Ismael and I. Abdel-Qader, “Brain tumor classification via statistical features and back-propagation neural network,” in *2018 IEEE international conference on electro/information technology (EIT)*. IEEE, 2018, pp. 0252–0257.

- [54] B. Tahir, S. Iqbal, M. Usman Ghani Khan, T. Saba, Z. Mehmood, A. Anjum, and T. Mahmood, "Feature enhancement framework for brain tumor segmentation and classification," *Microscopy research and technique*, vol. 82, no. 6, pp. 803–811, 2019.
- [55] D. Alis, O. Bagcilar, Y. Senli, C. Isler, M. Yergin, N. Kocer, C. Islak, and O. Kizilkilic, "The diagnostic value of quantitative texture analysis of conventional mri sequences using artificial neural networks in grading gliomas," *Clinical radiology*, vol. 75, no. 5, pp. 351–357, 2020.
- [56] H.-h. Cho, S.-h. Lee, J. Kim, and H. Park, "Classification of the glioma grading using radiomics analysis," *PeerJ*, vol. 6, p. e5982, 2018.
- [57] F. Citak-Er, Z. Firat, I. Kovanlikaya, U. Ture, and E. Ozturk-Isik, "Machine-learning in grading of gliomas based on multi-parametric magnetic resonance imaging at 3t," *Computers in biology and medicine*, vol. 99, pp. 154–160, 2018.
- [58] A. Vamvakas, S. Williams, K. Theodorou, E. Kapsalaki, K. Fountas, C. Kappas, K. Vassiou, and I. Tsougos, "Imaging biomarker analysis of advanced multiparametric mri for glioma grading," *Physica Medica*, vol. 60, pp. 188–198, 2019.
- [59] V. Wasule and P. Sonar, "Classification of brain mri using svm and knn classifier," in *2017 Third International Conference on Sensing, Signal Processing and Security (ICSSS)*. IEEE, 2017, pp. 218–223.
- [60] T. Saba, A. S. Mohamed, M. El-Affendi, J. Amin, and M. Sharif, "Brain tumor detection using fusion of hand crafted and deep learning features," *Cognitive Systems Research*, vol. 59, pp. 221–230, 2020.
- [61] A. Rehman, M. A. Khan, T. Saba, Z. Mehmood, U. Tariq, and N. Ayesha, "Microscopic brain tumor detection and classification using 3d cnn and feature selection architecture," *Microscopy Research and Technique*, vol. 84, no. 1, pp. 133–149, 2021.
- [62] T. Zhan, P. Feng, X. Hong, Z. Lu, L. Xiao, and Y. Zhang, "An automatic glioma grading method based on multi-feature extraction and fusion," *Technology and Health Care*, vol. 25, no. S1, pp. 377–385, 2017.
- [63] S. Khawaldeh, U. Pervaiz, A. Rafiq, and R. S. Alkhawaldeh, "Noninvasive grading of glioma tumor using magnetic resonance imaging with convolutional neural networks," *Applied Sciences*, vol. 8, no. 1, p. 27, 2017.
- [64] M. Sajjad, S. Khan, K. Muhammad, W. Wu, A. Ullah, and S. W. Baik, "Multi-grade brain tumor classification using deep cnn with extensive data augmentation," *Journal of computational science*, vol. 30, pp. 174–182, 2019.

- [65] S. A. A. Ismael, A. Mohammed, and H. Hefny, "An enhanced deep learning approach for brain cancer mri images classification using residual networks," *Artificial intelligence in medicine*, vol. 102, p. 101779, 2020.
- [66] D. J. Hemanth, J. Anitha, A. Naaji, O. Geman, D. E. Popescu *et al.*, "A modified deep convolutional neural network for abnormal brain image classification," *IEEE Access*, vol. 7, pp. 4275–4283, 2018.
- [67] Y. Bhanothu, A. Kamalakannan, and G. Rajamanickam, "Detection and classification of brain tumor in mri images using deep convolutional network," in *2020 6th international conference on advanced computing and communication systems (ICACCS)*. IEEE, 2020, pp. 248–252.
- [68] A. M. KV and V. Rajendran, "Glioma tumor grade identification using artificial intelligent techniques," *Journal of medical systems*, vol. 43, pp. 1–12, 2019.
- [69] C. Han, L. Rundo, R. Araki, Y. Furukawa, G. Mauri, H. Nakayama, and H. Hayashi, "Infinite brain mr images : Pggan-based data augmentation for tumor detection," in *Neural approaches to dynamics of signal exchanges*. Springer, 2019, pp. 291–303.
- [70] M. K. Abd-Ellah, A. I. Awad, A. A. Khalaf, and H. F. Hamed, "Design and implementation of a computer-aided diagnosis system for brain tumor classification," in *2016 28th International Conference on Microelectronics (ICM)*. IEEE, 2016, pp. 73–76.
- [71] S. Chen, J. Duan, H. Wang, R. Wang, J. Li, M. Qi, Y. Duan, and S. Qi, "Automatic detection of stroke lesion from diffusion-weighted imaging via the improved yolov5," *Computers in Biology and Medicine*, vol. 150, p. 106120, 2022.
- [72] S. Das, G. K. Nayak, L. Saba, M. Kalra, J. S. Suri, and S. Saxena, "An artificial intelligence framework and its bias for brain tumor segmentation : A narrative review," *Computers in Biology and Medicine*, p. 105273, 2022.
- [73] Z. Liu, Y. Lin, Y. Cao, H. Hu, Y. Wei, Z. Zhang, S. Lin, and B. Guo, "Swin transformer : Hierarchical vision transformer using shifted windows," in *Proceedings of the IEEE/CVF international conference on computer vision*, 2021, pp. 10 012–10 022.
- [74] O. S. Al-Kadi, "A gabor filter texture analysis approach for histopathological brain tumor subtype discrimination," *arXiv preprint arXiv :1704.05122*, 2017.
- [75] M. Hamoud, "Indexation et segmentation d'images basées loi de zipf et zipf inverse," Ph.D. dissertation, Université Badji Mokhtar, 2015.

- [76] M. Haghghat, S. Zonouz, and M. Abdel-Mottaleb, “Cloudid : Trustworthy cloud-based and cross-enterprise biometric identification,” *Expert Systems with Applications*, vol. 42, no. 21, pp. 7905–7916, 2015.
- [77] A. Hatamizadeh, V. Nath, Y. Tang, D. Yang, H. R. Roth, and D. Xu, “Swin unetr : Swin transformers for semantic segmentation of brain tumors in mri images,” in *Brainlesion : Glioma, Multiple Sclerosis, Stroke and Traumatic Brain Injuries : 7th International Workshop, BrainLes 2021, Held in Conjunction with MICCAI 2021, Virtual Event, September 27, 2021, Revised Selected Papers, Part I*. Springer, 2022, pp. 272–284.