

N° d'ordre :  
N° de série :

**RÉPUBLIQUE ALGÉRIENNE DÉMOCRATIQUE ET POPULAIRE**  
**Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique**



**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 : **Systemes Distribués et Intelligence Artificielle**

Présenté par :

- **Ouari Mohammed Chaker**
- **Ghrissi Ahmed Tedjani**

## **Thème**

# **Classification des tumeurs cérébrales en utilisant Deep Learning**

Soutenue le 22-09- 2021 Devant le jury:

|    |                 |     |            |
|----|-----------------|-----|------------|
| M. | Kaddour gharbi  | MCA | Président  |
| M. | Soultani Khaled | MAA | Rapporteur |
| M. | Hamoud Meriem   | MCB | Encadreur  |

**Année Universitaire: 2020/2021**

## **Dédicaces**

*A mes chers parents, pour tous leurs sacrifices, leur amour, leur tendresse, leur soutien et leurs prières tout au long de mes études,*

*A mes chers frères, ....., pour leur appui et leur encouragement,*

*A mes chères sœurs ..... pour leurs encouragements permanents, et leur soutien moral,*

*A toute ma famille pour leur soutien tout au long de mon parcours universitaire,*

*A mon Enseignant Enseignant **Hamoud Meriem***

*Que ce travail soit l'accomplissement de vos vœux tant allégués, et le fruit de votre soutien infailible,*

*Merci d'être toujours là pour moi.*

*Ouari Mohammed Chaker*

*Ghrissi Ahmed Tedjani*

## **Accuser reception**

*Merci à ALLAH le tout puissant qui nous a donné*

*les forces pour mener à bien ce travail.*

*Alors merci à notre encadreur*

*Dr « **Hamoud Meriem** »*

*pour ses précieux conseils*

*et de suivre nos travaux.*

*Merci aussi à tous les professeurs et amis*

*pour leur soutien et leur patience.*

## **Abstract**

The past few years have witnessed a significant increase in patients with brain tumors, making it the 10th most common form of tumor affecting peoples.

Even though magnetic resonance imaging is an effective technique in describing brain structure accurately, however, many drawbacks such as poor spatial resolution, inhomogeneity and low contrast can make MRI image segmentation harder specially in manual segmentation which is time consuming and error prone. In this sense, biomedical applications of artificial intelligence, machine learning and deep learning are recently gripping the researchers through the implementation of CAD systems.

In this work, we handle tasks of both tumor detection-based U-net model and classification simultaneously within a single framework based SVM algorithm and texture tumors characterization-based power laws models: Zipf and inverse Zipf and Gabor filters to distinguish glioma from meningioma.

Our method has not just identified the presence of cancer cells in the brain with high accuracy, our approach has also successfully identified the type of cancer present in the segmented region of interest whether it consists on glioma or meningioma.

**Key words:** Brain tumor, MRI, CAD systems, Segmentation, U-net, Classification, SVM, Power law: Zipf and inverse Zipf, Gabor filters.

## Résumé

Ces dernières années ont subi une augmentation significative du nombre de patients atteints de tumeurs cérébrales, ce qui en fait la 10<sup>ème</sup> forme de tumeur la plus courante chez les personnes.

Même si l'imagerie par résonance magnétique est une technique efficace pour décrire avec précision la structure du cerveau, cependant, de nombreux inconvénients tels qu'une mauvaise résolution spatiale, une inhomogénéité et un faible contraste peuvent rendre la segmentation des images IRM plus difficile, en particulier dans la segmentation manuelle qui prend du temps et est sujette aux erreurs. Dans ce sens, les applications biomédicales de l'intelligence artificielle, de l'apprentissage automatique et de l'apprentissage profond ont récemment attiré les chercheurs grâce à la mise en œuvre de systèmes CAD.

Dans ce travail, nous gérons les tâches de la détection des tumeurs basée le modèle U-net ainsi que leur classification simultanément basée l'algorithme des SVM en réalisant la caractérisation texturale des tumeurs par les lois de puissance : Zipf et Zipf inverse ainsi que les filtres de Gabor pour distinguer les tumeurs gliomes de celles méningiomes.

Notre méthode n'a pas seulement identifié la présence de cellules cancéreuses dans le cerveau avec une grande précision, voire plus, notre approche a également réussi à identifier le type de cancer présent dans la région d'intérêt segmentée qu'il s'agisse d'un gliome ou d'un méningiome.

**Mot clés:** Tumeur cérébrale, IRM, systèmes CAD, Segmentation, U-net, Classification, SVM, Lois puissance : Zipf et Zipf inverse, filtre de Gabor.

## ملخص

شهدت السنوات القليلة الماضية زيادة كبيرة في عدد المرضى الذين يعانون من أورام الدماغ، مما يجعلها عاشر أكثر أنواع الأورام شيوعًا التي تصيب الناس. وعلى الرغم من أن التصوير بالرنين المغناطيسي هو أسلوب فعال في وصف بنية الدماغ بدقة، إلا أن العديد من العيوب مثل الدقة المكانية الضعيفة وعدم التجانس والتباين المنخفض يمكن أن يجعل تجزئة صور التصوير بالرنين المغناطيسي أكثر صعوبة خاصة في التقسيم اليدوي الذي يستغرق وقتًا طويلاً وعرضة للخطأ. وبهذا المعنى، فإن التطبيقات الطبية الحيوية للذكاء الاصطناعي والتعلم الآلي والتعلم العميق تجتاح الباحثين مؤخرًا من خلال تنفيذ أنظمة CAD في هذا العمل، سوف نتعامل مع مهام كل من نموذج U-net القائم على اكتشاف الورم والتصنيف في وقت واحد ضمن إطار واحد قائم على خوارزمية SVM ونماذج قوانين الطاقة القائمة على توصيف أورام النسيج: Zipf و Zipf المعكوسة و مرشحات Gabor لتمييز الورم الدبقي عن الورم السحائي.

لم تحدد طريقتنا وجود الخلايا السرطانية في الدماغ بدقة عالية فحسب، بل نجح نهجنا أيضًا في تحديد نوع السرطان الموجود في المنطقة المجزأة محل الاهتمام سواء كان يتكون من ورم دبقي أو ورم سحائي.

**الكلمات المفتاحية:** أورام الدماغ، التصوير بالرنين المغناطيسي، التصميم بمساعدة الحاسوب، التصنيف، التجزئة الدلالية

# Table des matières

|   |     |
|---|-----|
| Table des matières.....   | I   |
| Liste Des Figures.....  | II  |
| Liste Des Tableaux.....   | III |
| Glossaire.....  | 1   |
| Introduction générale.....  | 2   |
| Chapitre I : Les enjeux majeurs de l'analyse d'image et la vision par ordinateur.....                       | 1   |
| 1.1 Introduction.....   | 4   |
| 1.2 La vision par ordinateur.....   | 5   |
| 1.3 L'analyse d'image.....  | 5   |
| 1.3.1 Analyse de bas niveau d'image.....  | 6   |
| 1.3.2 Analyse de haut niveau d'image.....   | 6   |
| 1.4 Analyse de la texture d'image.....  | 6   |
| 1.5 L'apprentissage automatique et l'apprentissage profond en action.....                                   | 7   |
| 1.5.1 L'apprentissage automatique.....  | 7   |
| 1.5.2 L'apprentissage profond.....  | 10  |
| 1.6 Les différents modèles des réseaux de neurone convolutifs.....  | 16  |
| 1.6.1 U-Net.....  | 16  |
| 1.6.2 Le VGG-16.....  | 17  |
| 1.6.3 Res Net.....  | 18  |
| 1.7 Le transfert Learning.....  | 19  |
| 1.8 Conclusion.....   | 20  |
| Chapitre II : Pronostic automatique du cancer du cerveau.....   | 21  |
| II.1 Introduction.....  | 21  |
| II.2 Le cancer du cerveau.....  | 22  |
| II.3 Les types des tumeurs cérébrales.....  | 23  |
| II.4 Dépistage du cancer du cerveau basé imagerie par résonance magnétique (IRM).....                       | 26  |
| II.5 Limites des IRM durant le diagnostic du cancer du cerveau.....   | 28  |
| II.6 Diagnostic assisté par ordinateur (CAD) du cancer du cerveau.....                                      | 29  |
| II.6.1 Détection des tumeurs assistée par ordinateur (CADE).....  | 30  |
| II.6.2 Diagnostic des tumeurs assisté par ordinateur (CADx).....  | 31  |
| II.7 Application de l'apprentissage automatique pour l'aide au diagnostic médical du cancer du cerveau..... | 31  |
| II.8 Application de l'apprentissage profond pour la détection de Brain tumor.....                           | 33  |
| II.9 Conclusion.....  | 35  |
| Chapitre III : Problématique soulignée et approche proposée.....  | 36  |
| III.1 Introduction.....   | 36  |
| III.2 Problématique et plan d'action.....   | 37  |
| III.3 Segmentation des régions d'intérêt dans les IRM cérébrales basée Deep Learning.....                   | 38  |

|   |    |
|---|----|
| III.3.1 Base de données utilisée .....  | 38 |
| III.3.2 Pipeline de segmentation des tumeurs cérébrales basé U-Net.....                       | 40 |
| III.4 Classification des tumeurs cérébrales basée SVM .....                                   | 44 |
| III.4.1 Régions d'intérêt obtenues.....   | 44 |
| III.4.2 Pipeline basé l'algorithme des SVM pour la classification des tumeurs cérébrales..... | 44 |
| III.5 Schéma résumant l'approche proposée .....   | 53 |
| III.6 Conclusion .....  | 54 |
| Chapitre IV : Evaluation des résultats obtenus par l'approche proposée .....                  | 55 |
| VI.1. Introduction .....  | 55 |
| VI.2. Outils Utilisés Et Environnement De Développement .....                                 | 56 |
| VI.2.1 Langage Python .....   | 56 |
| VI.2.2 Kaggle.....  | 56 |
| VI.2.3 Torche .....   | 57 |
| VI.2.4 Numpy.....   | 57 |
| VI.2.5 Scikit-learn .....   | 57 |
| VI.2.6 OpenCV .....   | 57 |
| VI.2.7 Environnement de développement .....   | 58 |
| VI.3 Les Mesures de Performances Utilisees .....  | 58 |
| VI.3.1 Matrice de Confusion.....  | 58 |
| VI.3.2 Métriques d'évaluation du Classificateur .....   | 59 |
| VI.4 Evaluation des résultats de la segmentation des tumeurs cérébrales .....                 | 62 |
| VI.5 Evaluation de l'approche proposée de classification des tumeurs cérébrale.....           | 64 |
| VI.5.1 Évaluer de classification avec SVM .....   | 64 |
| VI.5.2 L'interface Système.....   | 65 |
| VI.6 Conclusion.....  | 67 |
| Conclusion générale .....   | 68 |
| Bibliographie .....   | 69 |

# Liste Des Figures

## *Chapitre I : Les enjeux majeurs de l'analyse d'image et la vision par ordinateur*

|   |    |
|---|----|
| <b>Figure I.1</b> Problème de classification à deux classes en haut avec une séparation linéaire et en bas avec une séparatrice non linéaire..... | 9  |
| <b>Figure I.2</b> Exemple d'un réseau de neurone.....   | 9  |
| <b>Figure I.3</b> Architecture d'un réseau de neurone convolutif. ....  | 11 |
| Un réseau de neurone convolutif se compose de plusieurs couches [15] [16] :.....  | 12 |
| <b>Figure I.4</b> Schéma exposant le parcours de la fenêtre du filtre de convolution sur l'image.....   | 12 |
| <b>Figure I.5</b> Application de la convolution sur un image .....  | 13 |
| Notons que l'opération de convolution produit une image appelée "carte de caractéristiques". ....   | 13 |
| <b>Figure I.6</b> Illustration de la méthode maxpolling pour un pooling 2*2 et stride 2 .....   | 14 |
| <b>Figure I.7</b> illustration de la méthode averagepooling par un pooling de 2*2 et stride 2 .....   | 14 |
| <b>Figure I.8</b> Représentation graphique de la fonction ReLU.....   | 14 |
| <b>Figure I.9</b> Application de ReLU à une matrice ainsi qu'à une image.....   | 15 |
| <b>Figure I.10</b> Exemple des couches entièrement connectées.....  | 16 |
| <b>Figure I.11</b> Architecture de U-Net. ....  | 17 |
| <b>Figure I.12</b> Architecture de VGG-16. ....   | 18 |

## *Chapitre II : Pronostic automatique du cancer du cerveau*

|   |    |
|---|----|
| <b>Figure II.1</b> Les composants de la structure tissulaire du cerveau humain. Source [25] .....                       | 22 |
| <b>Figure II.2</b> Exemple d'une tumeur Gliomes à gauche et une tumeur Méningiomes à droite. ....                       | 26 |
| <b>Figure II.3</b> (a) Plan axial, (b) Plan coronal et (c) Plan sagittal de l'image cérébrale. Source [28]. ....        | 27 |
| <b>Figure II.4</b> (a) Plan axial, (b) Plan sagittal et (c) Plan coronal du cerveau observé par l'IRM. Source [28]. ... | 28 |
| <b>Figure II.5</b> Fonctionnalités d'un système d'aide au diagnostic médical assisté par ordinateur (CAD) .....         | 30 |

## *Chapitre IV : Evaluation des résultats obtenus par l'approche proposée*

|  |    |
|--|----|
| <b>Figure III.1</b> Exemples de quelques IRM cérébrales de la base de données utilisée. ....   | 39 |
| <b>Figure III.2</b> Exemple de l'application d'un prétraitement par l'égalisation d'histogramme adaptative limitée en contraste (CLAHE) : à gauche les IRM originales et à droite après le prétraitement. .... | 41 |
| <b>Figure III.3</b> Architecture du modèle U-Net appliqué pour la segmentation des tumeurs cérébrales.....   | 42 |
| <b>Figure III.4</b> Pipeline suivi pour la classification des tumeurs cérébrales. Source [52]. ....  | 44 |
| <b>Figure III.5</b> Courbes de Zipf et de Zipf d'une tumeur gliome .....   | 46 |
| <b>Figure III.6</b> Courbe de Zipf et Zipf inverse d'une tumeur méningiome .....   | 47 |
| <b>Figure III.7</b> Les divers filtres de Gabor appliqués dans le domaine fréquentiel. ....  | 50 |
| <b>Figure III.8</b> Parties réelles des filtres de Gabor utilisés. ....  | 51 |
| <b>Figure III.9</b> Parties réelles des régions d'intérêt filtrées.....  | 51 |
| <b>Figure III.10</b> Magnitude de la réponse du filtre de Gabor suite à la convolution de la tumeur maligne avec une banque de filtres de Gabor.....   | 52 |
| <b>Figure III.11</b> Schémas du pipeline de pronostic automatique des tumeurs cérébrales .....   | 53 |

## *Chapitre IV : Evaluation des résultats obtenus par l'approche proposée*

|  |    |
|--|----|
| <b>Figure VI.1</b> : Matrice de Confusion .....                    | 58 |
| <b>Figure VI.2</b> : Formule de Accuracy .....                     | 59 |
| <b>Figure VI.3</b> : Formule de précision .....                    | 60 |
| <b>Figure VI.4</b> : Formule de Rappel .....                       | 60 |
| <b>Figure VI.5</b> : Formule de Spécificité.....                   | 61 |
| <b>Figure VI.6</b> : Formule de dice .....                         | 61 |
| <b>Figure VI.7</b> : Formule de Score F1 .....                     | 62 |
| <b>Figure VI.8</b> : model accuracy .....                          | 62 |
| <b>Figure VI.9</b> : model loss .....                              | 63 |
| <b>Figure VI.10</b> exemple de Segmentation .....                  | 63 |
| <b>Figure VI.11</b> Diviser dataset dans train et validation ..... | 64 |
| <b>Figure VI.12</b> L'interface principale.....                    | 65 |
| <b>Figure VI.13</b> L'interface de la Segmentation .....           | 65 |
| <b>Figure VI.14</b> L'interface de la résultat .....               | 66 |

## Liste Des Tableaux

**Tableau II.1** Approches CAD basées apprentissage automatique de diagnostic du cancer du cerveau .....32

**Tableau II.2** Approches CAD basées apprentissage profond de diagnostic du cancer du cerveau.....33

## **Glossaire**

**CAD:** Computer Aided Diagnostic

**AI:** Artificial Intelligence.

**ML:** Machine Learning.

**DL:** Deep Learning.

**CNN:** Convolutional Neural Network.

**GLCM:** Gray Level Co-Occurrence Matrix.

**LR:** Logistic Regression.

**NN:** Neural Network.

**MRI:** Magnetic Resonance Imaging.

**CT:** Computerized Tomography.

**CV:** Computer Vision.

**NN:** Neural Network.

**SVM:** support vector machine.

**KNN:** K-Nearest Neighbor.

**CSV:** Comma-separated values

## Introduction générale

Ces dernières années ont vu une augmentation significative des cas médicaux liés aux tumeurs cérébrales, ce qui en fait la 10ème forme de tumeur la plus courante chez les enfants et les adultes.

La tumeur cérébrale est une masse cellulaire anormale qui se développe à un rythme incontrôlable à l'intérieur du cerveau humain. Contrairement à toutes les autres tumeurs de notre corps, les tumeurs cérébrales ont un espace limité pour la croissance due à la présence du crâne. Cela signifie à son tour qu'une tumeur cérébrale croissante peut comprimer des parties vitales du cerveau causant des blessures graves et des problèmes de santé en affectant le système endocrinien. Par conséquent, il est essentiel de détecter correctement les tumeurs cérébrales au stade naissant pour fournir le traitement nécessaire. Les patients atteints d'une tumeur cérébrale ont un taux de survie différent selon la taille et la gravité de la maladie.

Même si l'IRM est une technique efficace pour décrire avec précision la structure du cerveau, certains paramètres tels qu'une mauvaise résolution spatiale, un faible contraste, l'inhomogénéité et l'instabilité des formes des objets peuvent rendre la segmentation et la classification des images médicales plus difficile.

Un récent boom des techniques d'intelligence informatique a encouragé la recherche et le développement approfondis sur les approches d'apprentissage profond. Etant de plus en plus incorporé dans divers domaines y compris les pratiques d'imagerie médicale, où un degré élevé de précision de classification est souhaité. Étant donné que les modèles d'apprentissage profond ont intrinsèquement meilleures capacités pour surmonter les inconvénients des approches traditionnelles, ils sont radicalement efficaces par rapport aux modèles traditionnels. Les modèles d'apprentissage profond sont rapidement adaptés par professionnels dans les industries de la santé, créant une tendance dans la bio-informatique et analyse d'images médicales.

Dans ce sens, les systèmes CAD d'aide au diagnostic médical assisté par ordinateur ont été conçu et axés sur le cancer du cerveau reproduisent la procédure de diagnostic du spécialiste et ont été largement adopté dans les routines de soins de santé quotidiennes partout dans le monde.

Dans ce mémoire, nous suggérons une approche basée multi-cascade d'algorithmes de détection et de classification de tumeurs dans IRM cérébrales où des algorithmes d'apprentissage en profondeur seront combinés à des techniques d'apprentissage automatique. Effectivement, l'ultime but est de booster le diagnostic des tumeurs cérébrales.

En ce qui concerne le processus de segmentation de la tumeur, l'algorithme d'apprentissage profond U-net est utilisé pour la segmentation des tumeurs cérébrales. En effet, la segmentation des lésions est une étape préalable critique pour la classification où l'incorporation de la puissance de l'apprentissage profond était en ordre pour aboutir aux régions tumorales qui seront fournies aux SVM pour le processus de classification.

La structuration de ce mémoire est la suivante :

***Chapitre I : Les enjeux majeurs de l'analyse d'image et la vision par ordinateur :  
introduction à l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond***

Durant le chapitre I, nous allons exposer les concepts de base de l'analyse d'image et de la vision par ordinateur. Tout en introduisant les paradigmes de l'apprentissage automatique et profond.

***Chapitre II : Pronostic automatique du cancer du cerveau***

A travers le chapitre II, nous introduisons les paradigmes de l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond pour le pronostic automatique du cancer du cerveau.

***Chapitre III : Problématique soulignée et approche proposée***

Au-dedans du chapitre III, nous soulignons notre problématique pour le diagnostic automatique du cancer du cerveau ainsi que l'approche proposée dans ce sens.

***Chapitre IV : Evaluation des résultats obtenus par l'approche proposée***

Le chapitre IV sera consacré à l'évaluation des résultats aboutis par l'approche proposée de diagnostic automatique du cancer du cerveau.

Nous achèverons ce mémoire par une conclusion générale décrivant les pivots de la contribution, notamment, les perspectives tirées.

## **Chapitre I :**

Les enjeux majeurs de l'analyse d'image et  
la vision par ordinateur

## **I.1 Introduction**

Les scientifiques ont découvert de nombreux problèmes lors du diagnostic des images médicales, soit en raison des nombreuses demandes de diagnostic ou de la difficulté du diagnostic lui-même. Pour réaliser le bon diagnostic, nous devons effectuer un traitement sur l'image pour améliorer la qualité ou extraire plusieurs caractéristiques.

Par conséquent, dans ce chapitre, nous présenterons des techniques utiles pour l'analyse d'images et des méthodes d'extraction de caractéristiques pour la classification basées sur les méthodes utilisées dans les travaux connexes.

## **I.2 La vision par ordinateur**

La technologie de conception de vision par ordinateur pour l'intelligence artificielle permet l'analyse d'images capturées par un équipement tel qu'une caméra. Concrètement, la vision par ordinateur est présentée comme un outil basé sur l'intelligence artificielle pour permettre la reconnaissance d'images, la compréhension et le traitement des informations résultantes. Pour beaucoup, la vision par ordinateur est l'équivalent en intelligence artificielle des yeux humains et de la capacité de notre cerveau à traiter et analyser les images perçues. La reproduction de la vision humaine par un ordinateur est également l'un des principaux objectifs de la vision par ordinateur [1].

## **I.3 L'analyse d'image**

Une image peut être vue comme un ensemble de pixels, caractérisés par différentes intensités lumineuses, représentant une scène concrète ou abstraite. En effet, pixel est le terme le plus largement utilisé pour les éléments d'image numérique.

Le terme analyse d'images fait référence à l'analyse informatique d'images numérisées et permet des mesures à partir de ces images [2]. Actuellement, l'analyse d'images comprend de nombreux types d'outils, tels que le traitement du signal, l'intelligence artificielle et la stéréologie. En vision par ordinateur, les images sont généralement capturées par une caméra, puis numérisées par un ordinateur via une carte de capture. Le système d'analyse d'images par vision par ordinateur peut être considéré comme un pipeline de traitement de données composé d'une série d'algorithmes. De tels algorithmes sont divisés en étapes ou niveaux fonctionnels. Chaque niveau d'algorithme a certaines caractéristiques. Dippert et al. Identifiez les trois niveaux principaux dans [3], à savoir :

1. Acquisition et optimisation d'images.
2. Conversion des pixels en objets.
3. Analyse et reconnaissance de ces objets.

Nous distinguons divers niveaux d'analyse d'images.

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

Le traitement de bas niveau ou de pixels est un niveau fonctionnel qui améliore la qualité ou convertit l'image d'entrée en une image adaptée à d'autres niveaux de traitement d'objets. Des exemples d'algorithmes exécutés à ce niveau incluent le filtrage du bruit et l'amélioration du contraste pour booster la qualité, le recadrage ou la mise à l'échelle pour s'adapter à la taille de l'image et la suppression de l'arrière-plan pour éliminer les informations indésirables. D'autres types de filtres peuvent être nécessaires, tels que les filtres de gradient utilisés pour générer des images de contour, pour convertir l'image aux niveaux suivants. [4]

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

Le traitement de haut niveau ou la reconnaissance d'objets consiste à classifier les objets en tant que membres de classes. Prenons comme exemple un visage dans la détection de visage ou une instance spécifique d'un objet. Il s'appuie sur des connaissances liées au contenu de l'image. Les méthodes d'intelligence artificielle sont souvent utilisées dans le domaine de l'analyse et de l'interprétation d'images. En fait, le stade avancé de la vision par ordinateur repose sur la simulation de la cognition humaine basée sur les informations contenues dans l'image. [4]

### **I.4 Analyse de la texture d'image**

La texture est l'une des caractéristiques de base d'un objet, au même titre que la couleur et la forme. Dans de nombreuses applications d'analyse d'images, c'est généralement le descripteur le plus discriminant d'un objet [5].

Si nous réalisons une synthèse de ce qui désigne le concept d'analyse de la texture, nous dirons que ceci consiste généralement à explorer des éléments de texture puis à révéler les règles de composition ou la répétitivité de ces éléments de base au sein de l'image. En effet, l'analyse de la texture se résume en une classe de procédures et de modèles mathématiques qui caractérisent les changements spatiaux des images comme moyen d'extraire des informations.

Ce très intéressant élément a trouvé des applications les plus étendues, y compris la segmentation de différentes régions anatomiques, la distinction entre objets normaux et

pathologiques, et la classification d'un grand nombre de conditions pathologiques. En effet, la texture est d'une importance cruciale en aide au diagnostic médical assisté par ordinateur vu que les radiologues n'ont pas de moyen pour la quantifier, tandis qu'en vision par ordinateur ceci est possible grâce à de diverses approches d'aspect mathématique qui quantifient la texture et ont permis la distinction entre les différentes pathologies médicales.

## **I.5 L'apprentissage automatique et l'apprentissage profond en action**

Un exemple simple d'apprentissage automatique serait de demander à la machine de trier les images en deux catégories [5] : image médicale avec une tumeur et autres saines sans tumeur. Un algorithme d'apprentissage doit commencer par des données structurées. Dans ce cas, il y a des images qui ont été étiquetées comme « personne malade » ou « personne en bonne santé » afin qu'il puisse les distinguer. Après une formation sur l'utilisation de ces données structurées, vous pouvez continuer à trier les images restantes sans avoir à placer d'étiquettes. Il a "appris" à les distinguer.

Alors que si nous nous intéressons toujours à l'apprentissage en profondeur pour le même exemple de la différenciation entre les images tumorales et les images sans tumeur, nous serons devant l'incorporation d'un réseau de neurones prenant en compte différents aspects des images. En effet, diverses parties du réseau vont analyser chaque image, appliquer leurs propres critères pour distinguer le contenu, tirer leurs propres conclusions, comparer ces conclusions et éventuellement donner le verdict si la personne soit infectée ou en bonne santé.

Notons un aspect très important, vu qu'il s'agit d'une forme d'apprentissage automatique, le réseau de neurones mémorise les connaissances lors du processus de prise de décision comme prédiction pour les appliquer aux futures images non traitées préalablement.

### **I.5.1 L'apprentissage automatique**

L'apprentissage automatique est une technologie d'intelligence artificielle qui se concentre sur la conception de systèmes capables d'apprendre ou d'améliorer les performances en fonction des données qu'il consomme. De plus, c'est un programme qui permet à un ordinateur ou à une machine d'apprendre automatiquement, de sorte qu'un certain nombre d'opérations très complexes peuvent être effectuées [6].

Nous pouvons également le définir en deux étapes :

1. Collecte de données (ensemble de données).
2. Modélisation (construire un modèle statistique pour cet ensemble de données).

La fonction principale de l'apprentissage automatique est de créer un modèle prédictif basé sur les données apprises.

Le domaine de l'apprentissage automatique regorge de multiples algorithmes pour répondre à différents besoins. Nous allons citer quelques algorithmes comme suit [7] :

- **Machines à Vecteurs de Support SVM**

SVM (Support Vector Machine) est une série d'algorithmes d'apprentissage automatique qui peuvent résoudre les problèmes de classification, de régression et de détection d'anomalies.

Les SVM ont été développés dans les années 1990 et leur principe est très simple : l'objectif est de diviser les données en plusieurs catégories en utilisant des frontières aussi « simples » que possible afin que la distance entre les différents ensembles de données soit la même que la frontière entre eux est la plus grande. Cette distance est également appelée "marge", donc SVM est appelée "séparateur de marge large" et "vecteur de support" est la donnée la plus proche de la limite [7] [8].

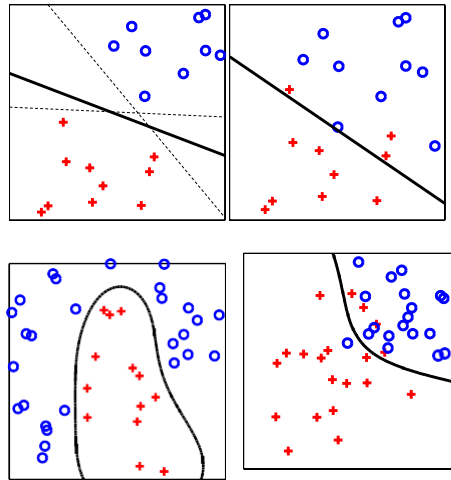
Plus généralement, le but des SVM est d'apprendre à bien placer les frontières entre les différentes classes.

Le principe de base de SVM est de simplifier le problème de discrimination en un problème linéaire de recherche de l'hyperplan optimal. Il existe deux idées ou techniques pour atteindre cet objectif :

- La première consiste à définir la solution hyperplane du problème d'optimisation sous contraintes dont la fonction objective n'est représentée que par le produit scalaire entre vecteurs, où la contrainte « active » ou le nombre de vecteurs supports contrôle la complexité du modèle.
- En introduisant une fonction noyau dans le produit scalaire, il induit implicitement les données à subir une transformation non linéaire vers un espace intermédiaire de plus grande dimension (espace de caractéristiques), réalisant ainsi la transition vers une recherche de surface de séparation non linéaire. Par conséquent, le nom commun de la machine noyau. Sur le plan théorique, la fonction noyau définit un espace de Hilbert, dit auto-répliquant et

équidistant par transformation non linéaire de l'espace initial, et résout le problème linéaire dans celui-ci.

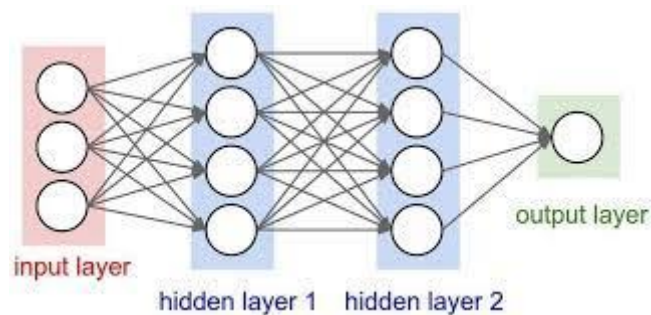
Nous présentons sur la figure I.1, un problème de classification à deux classes en haut avec une séparation linéaire et en bas avec une séparatrice non linéaire.



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

- **Les réseaux de neurones**

En tant que sous-ensemble de la technologie de l'intelligence artificielle, les réseaux de neurones sont des programmes informatiques dont l'architecture s'inspire des neurones biologiques. Ces neurones artificiels sont connectés entre eux et organisés en couches successives, apprenant à reconnaître des données à partir d'exemples, et peuvent généraliser cet apprentissage pour aider à la prise de décision. Nous présentons sur la figure I.2 un exemple d'un réseau de neurone.



**Figure I.2** Exemple d'un réseau de neurone

- **K-NN (K Nearest Neighbours)**

L'algorithme des K plus proches voisins est un algorithme d'apprentissage supervisé basé sur l'analogie suivante : « Dis-moi qui est ton ami et je te dirai qui tu es ».

La méthode du k-plus proche voisin est basée sur la comparaison directe entre le vecteur de caractéristiques de l'instance à classer et le vecteur de l'instance de la bibliothèque d'apprentissage. La comparaison comprend le calcul de la distance entre ces instances.

Ensuite, la classification consiste à attribuer la classe majoritaire parmi les classes des K instances les plus proches de cette instance [9].

- **Les arbres de décision**

Un arbre de décision est un algorithme qui utilise un modèle de graphe (arbre) pour définir la décision finale. Le but est de créer un modèle qui prédit la valeur de la variable cible en fonction de la valeur de plusieurs variables d'entrée.

Les arbres de décision partent généralement d'un nœud, à partir duquel plusieurs résultats possibles sont produits. Chacun de ces résultats conduit à d'autres nœuds, à partir desquels d'autres possibilités sont émises.

L'algorithme le plus célèbre et le plus couramment utilisé en apprentissage automatique est l'algorithme « Classification And Regression Tree (CART) » car il prend en charge la régression.

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

L'apprentissage profond est un ensemble de technologies de l'apprentissage automatique qui a la particularité de pouvoir apprendre par lui-même.

Selon les fondateurs Yann LeCun, Yoshua Bengio et Geoffrey Hinton dans [11] :

"L'apprentissage en profondeur permet aux modèles informatiques composés de plusieurs couches de traitement d'apprendre des représentations de données avec plusieurs niveaux d'abstraction."

Autre définition par les auteurs dans [12] :

" L'apprentissage en profondeur est un type de technologie d'apprentissage automatique dans lequel les informations sont traitées dans une structure hiérarchique pour comprendre

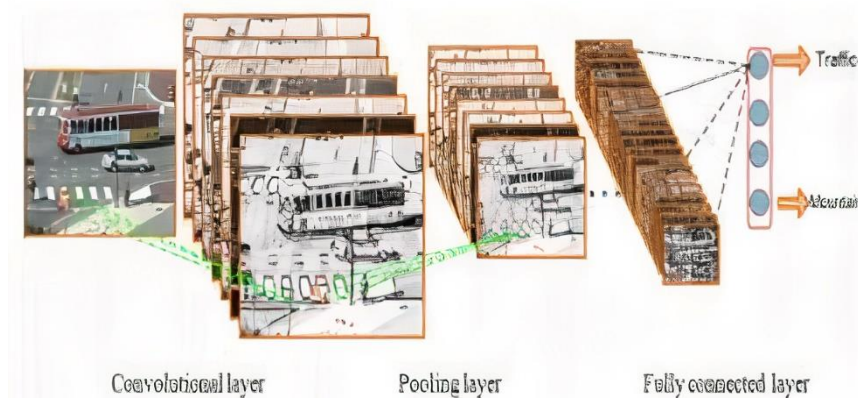
la représentation et les caractéristiques de données de plus en plus complexes."

L'apprentissage en profondeur est basé sur ce que l'on appelle le "réseau de neurones artificiels", qui se compose de milliers d'unités (neurones), dont chacune effectue de petites opérations simples. Les résultats de la première couche de "neurones" sont utilisés comme entrée dans la deuxième couche de calculs, et ainsi de suite. Notamment grâce à l'amélioration de la puissance informatique et au développement de grandes bases de données (« big data ») [13], l'apprentissage profond a fait sa révolution.

- **Réseaux de neurones convolutif (CNN)**

Le réseau de neurones convolutifs, également connu sous le nom de CNN, est un type d'apprentissage en profondeur pour la reconnaissance et le traitement d'images, conçu pour l'analyse de pixels [14].

Nous allons évoquer sur la figure I.3, l'architecture d'un réseau de neurone convolutif.



**Figure I.3** Architecture d'un réseau de neurone convolutif.

Un réseau de neurone convolutif se compose de plusieurs couches [15] [16] :

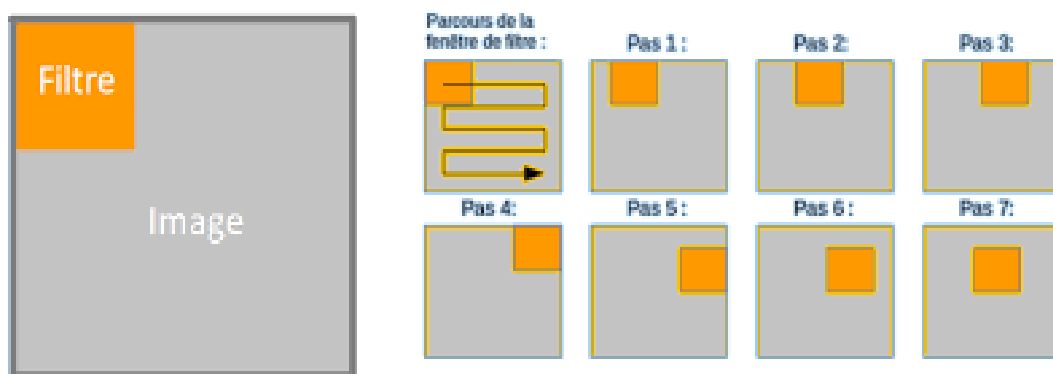
### 1- La couche de convolution (CONV)

Ces couches sont basées sur des opérations de convolution pour le traitement et la reconnaissance d'images [17], ce qui explique pourquoi les réseaux de neurones convolutifs sont particulièrement adaptés à la reconnaissance d'images. La couche convolutive se compose d'une grille rectangulaire de neurones, qui a un petit champ récepteur qui s'étend sur toute la profondeur du volume d'entrée [18].

Le terme « convolution » vient du fait que les réseaux CNN utilisent des opérations de convolution dans le traitement du signal ou de l'image.

Dans la couche convolutive, on applique un produit de convolution entre l'image originale ou l'image obtenue dans la couche précédente, dont les coefficients sont assimilés aux poids synaptiques.

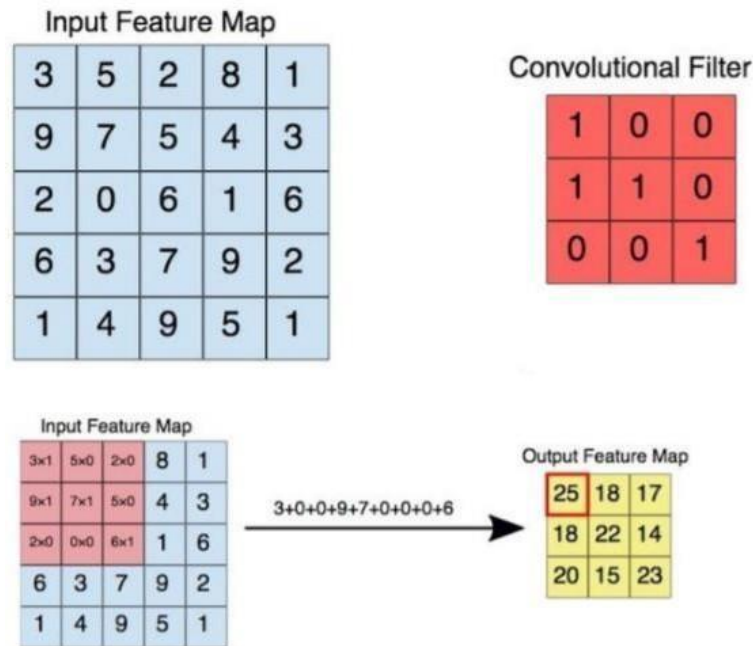
La convolution est comme le filtrage. Afin d'effectuer cette opération sur l'ensemble de l'image, nous définissons une fenêtre de voisinage de taille ( $s * s$ ), qui se déplacera dans toute l'image. Au début de la convolution, la fenêtre sera positionnée dans le coin supérieur gauche de l'image, puis déplacée vers la droite d'un certain nombre de cases (appelées marches), lorsqu'elle arrivera à la fin de l'image, elle se déplacera d'un cran, et ainsi de suite, jusqu'à ce que le noyau de convolution traverse toute l'image. Le principe de la convolution est mentionné sur la figure I.4.



**Figure I.4** Schéma exposant le parcours de la fenêtre du filtre de convolution sur l'image.

Le but est d'utiliser les valeurs présentes dans le filtre à chaque étape. Par exemple, si nous définissons une fenêtre 3 x 3, cela représentera 9 cases (soit 9 pixels) du tableau. La convolution utilisera ces 9 pixels pour effectuer des opérations. Nous présentons sur la

figure I.5, le principe de calcul du produit de convolution.



**Figure 1.5** Application de la convolution sur un image

Notons que l'opération de convolution produit une image appelée "carte de caractéristiques".

## 2- Couche de pooling (POOL)

Le pooling est une opération simple qui consiste à remplacer des carrés de pixels par une valeur unique. De cette façon, la taille de l'image est réduite et simplifiée.

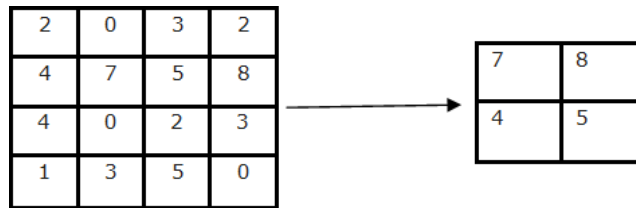
Cette opération est appliquée après la couche convolutive.

Afin d'appliquer le pooling, on sélectionne d'abord un pixel carré de taille  $t * t$  (pour  $t * t$  pooling), puis on calcule la valeur qui remplacera ce carré. Ensuite, nous déplaçons ce carré à droite de la case  $n$  (enjambée =  $n$ ). Une fois arrivé à droite, nous repartons de la gauche, descendons  $n$  fois, puis repartons vers la droite.

Il existe plusieurs manières de réaliser la mutualisation :

- ✓ "Maximum pooling" équivaut à prendre la valeur maximale sélectionnée. C'est le type le plus couramment utilisé car il peut être calculé rapidement (immédiatement) et peut simplifier efficacement l'image.

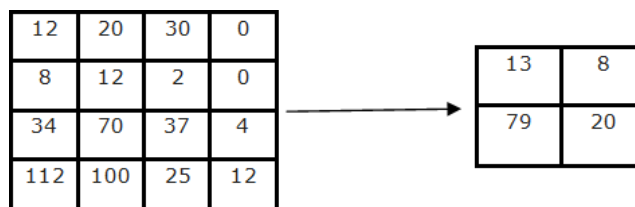
La figure I.6 illustre cette technique :



**Figure I.6** Illustration de la méthode maxpooling pour un pooling 2\*2 et stride 2

- ✓ « Average pooling » (ou pooling moyen), c'est-à-dire la valeur moyenne des pixels sélectionnés : on calcule la somme de toutes les valeurs, et on divise le nombre de valeurs. Nous avons donc obtenu une valeur intermédiaire pour représenter ce lot de pixels.

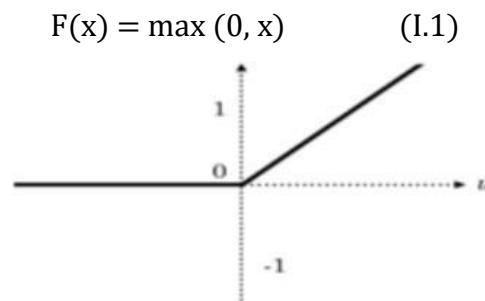
La figure I.7 illustre cette technique :



**Figure I.7** illustration de la méthode averagepooling par un pooling de 2\*2 et stride 2

### 3- Couche de correction Relu (Unités Rectifié Linéaire)

Après la couche de convolution et de pooling, nous appliquerons la fonction Relu pour forcer le neurone à revenir à une valeur positive. Cette fonction (figure I.8) est aussi appelée "fonction d'activation non saturée", c'est une véritable fonction non linéaire est défini comme :

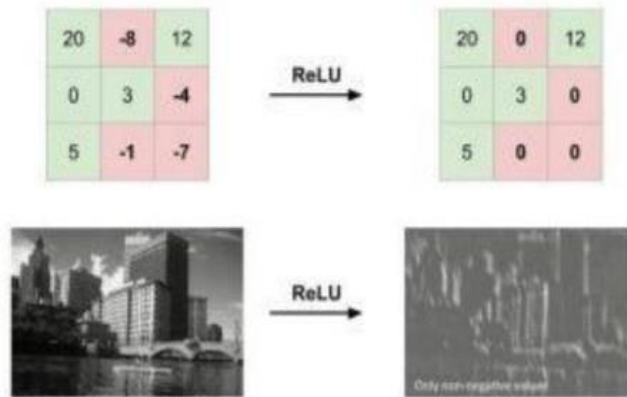


**Figure I.8** Représentation graphique de la fonction ReLU.

En termes simples, la couche ReLU remplace tous les nombres négatifs par 0, (noir, nombres négatifs), éliminant ainsi la différence entre le blanc et le gris, et il n'y a plus de

transition (dégradé linéaire d'une couleur à l'autre) [20].

La figure 1.9 illustre cette fonction.



**Figure 1.9** Application de ReLU à une matrice ainsi qu'à une image

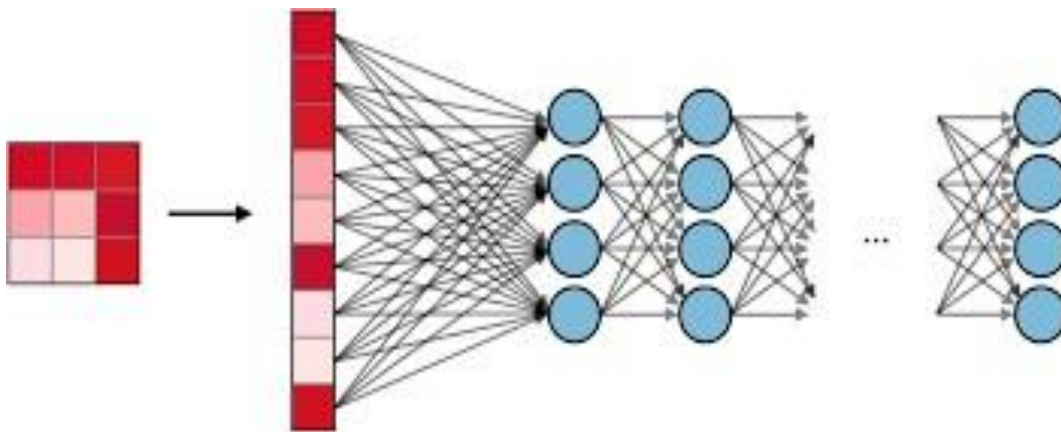
Notons que le résultat de la couche ReLU est le même que la taille qui lui est passée en entrée, uniquement les valeurs négatives sont supprimées.

#### 4- Couche entièrement connectée (FC)

Suite à plusieurs couches de convolution et de max pooling, nous arrivons à la couche entièrement connectée, qui est toujours la dernière couche.

Ce type de couche reçoit un vecteur en entrée et produit un nouveau vecteur en sortie. Pour ce faire, elle applique une combinaison linéaire aux valeurs reçues en entrée, puis éventuellement une fonction d'activation.

La couche entièrement connectée comme mentionné sur la figure I.10 peut classer les images à l'entrée du réseau : elle renvoie un vecteur de taille N, où N est le nombre de classes dans notre problème de classification d'images. Chaque élément du vecteur représente la probabilité que l'image d'entrée appartienne à une classe.



**Figure I.10** Exemple des couches entièrement connectées

## I.6 Les différents modèles des réseaux de neurone convolutifs

### I.6.1 U-Net

U-Net est un réseau de neurones convolutifs développé par le Département d'informatique de l'Université de Fribourg en Allemagne pour la segmentation d'images biomédicales. Le réseau est basé sur un réseau entièrement convolutif, et son architecture a été modifiée et étendue pour utiliser moins de trames d'apprentissage et permettre une segmentation plus précise. Il faut moins d'une seconde pour diviser une image  $512 * 512$  sur le GPU.

L'idée principale est de compléter un réseau qui se rétrécit par couches successives, et l'opération de mutualisation est remplacée par un opérateur de suréchantillonnage. Par conséquent, ces couches augmentent la résolution de la sortie. De plus, une couche convolutive continue peut apprendre à assembler une sortie précise à partir de ces informations. Nous présentons sur la figure I.11 l'architecture de U-net [21].

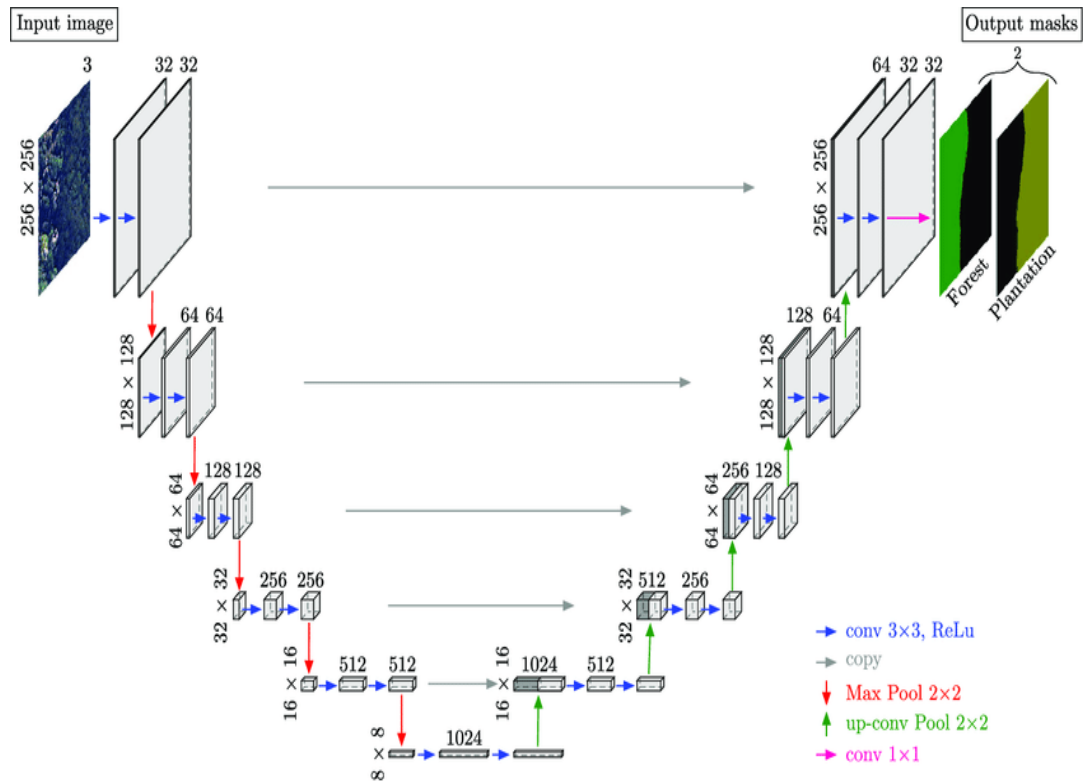


Figure I.11 Architecture de U-Net.

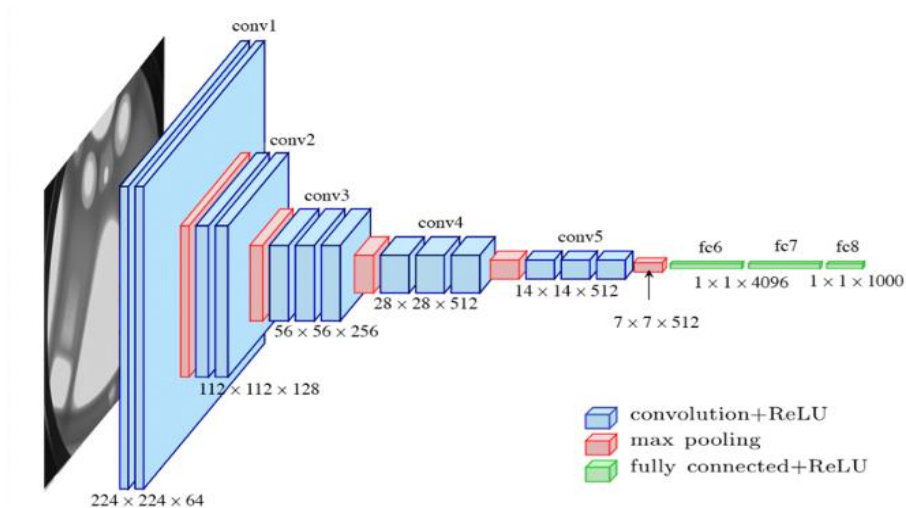
L'architecture de U-Net est constituée de deux "chemins" où le premier désigne le chemin de contraction, ou plus précisément l'encodeur. En effet, son ultime but est de capturer le contexte relatif à une image. Le second chemin est celui de l'expansion symétrique, ou plus précisément le décodeur. A son tour, il permet une localisation précise suite à l'application d'une convolution transposée.

U-Net consiste en un assemblage de couches de convolution ainsi que de couches de max pooling pour l'extraction d'une carte de caractéristiques de l'image en réduisant sa taille pour la diminution du nombre de paramètres du réseau.

### I.6.2 Le VGG-16

L'inconvénient majeur d'un trop grand nombre d'hyper-paramètres d'AlexNet a été résolu par VGG Net en remplaçant les grands filtres de la taille du noyau (11 et 5 dans la première et la deuxième couche de convolution, respectivement) par plusieurs filtres de la taille du noyau 3 x 3 les uns après les autres. L'architecture développée par Simonyan et Zisserman a été le 1er finaliste du Visual Recognition Challenge de 2014. L'architecture se compose de 3\*3 filtres convolutifs, 2\*2 couches Max Pooling avec une foulée de 1, en gardant le

même rembourrage pour préserver la dimension. Au total, il y a 16 couches dans le réseau où l'image d'entrée est au format RVB avec une dimension de  $224 \times 224 \times 3$ , suivie de 5 paires de Convolution (filtres : 64, 128, 256 512 512) et Max Pooling. La sortie de ces couches est introduite dans trois couches entièrement connectées et une fonction softmax dans la couche de sortie. Au total, il y a 138 millions de paramètres dans VGG Net [4]. Nous présentons sur la figure I.12, l'architecture de VGG-16.



**Figure I.12** Architecture de VGG-16.

### I.6.3 Res Net

ResNet, les gagnants de la compétition ILSVRC-2015, sont des réseaux profonds de plus de 100 couches. Les réseaux résiduels sont similaires aux réseaux VGG, mais avec une approche séquentielle, ils utilisent également des connexions ignorées et une normalisation par lots qui aident à former des couches profondes sans entraver les performances. Après les VGG Nets, alors que les CNN devenaient profonds, il devenait difficile de les former à cause du problème des gradients de disparition qui rend le dérivé infiniment petit. Par conséquent, les performances globales saturent voire se dégradent. L'idée de la connexion de sauts est venue du réseau routier où des connexions de raccourci fermées ont été utilisées [22].

## **I.7 Le transfert Learning**

L'apprentissage par transfert est de plus en plus évoqué en Data Science faisant référence à un ensemble de méthodes qui permettent le transfert de connaissances de la résolution d'un problème donné à la résolution d'un autre problème.

L'apprentissage par transfert a été un grand succès avec l'essor du Deep Learning. En effet, très souvent les modèles utilisés dans ce domaine nécessitent beaucoup de temps de calcul et des ressources considérables. Cependant, en utilisant des modèles pré-entraînés comme point de départ, l'apprentissage par transfert permet de développer des modèles hautes performances rapidement et efficacement pour résoudre des problèmes complexes de vision par ordinateur ou de traitement du langage naturel [22].

## **I.8 Conclusion**

Dans ce chapitre, nous avons évoqué des concepts importants (définitions, types, etc.) liés à l'apprentissage automatique ainsi qu'à l'apprentissage profond. Nous avons détaillé les réseaux de neurone convolutifs vu qu'ils feront l'objet d'une partie de nos travaux.

Nous allons présenter sur le chapitre suivant un état de l'art sur le pronostic automatique du cancer du cerveau où nous nous intéressons à tirer une contribution avec les outils de l'intelligence artificielle exposés au long du présent chapitre.

## **Chapitre II :**

Pronostic automatique du cancer du cerveau

## **II.1 Introduction**

Le cancer du cerveau est une maladie très dangereuse touchant une grande tranche de la population mondiale. En effet, une tumeur cérébrale peut être bénigne ou maligne. La tumeur cérébrale bénigne a une structure uniforme et ne contient pas de cellules actives (cancéreuses), tandis que les tumeurs cérébrales malignes ont une structure non uniforme et contiennent des cellules actives.

Les gliomes et méningiomes sont des exemples de tumeurs de bas grade, classées comme tumeurs bénignes, elles ressemblent à des cellules cérébrales normales et se développent lentement. D'autre part, le glioblastome et les astrocytomes sont une classe de tumeurs de haut grade, classées comme tumeurs malignes et ont tendance à croître rapidement

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 efficacement.

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 pour le dépistage des tumeurs cérébrales.

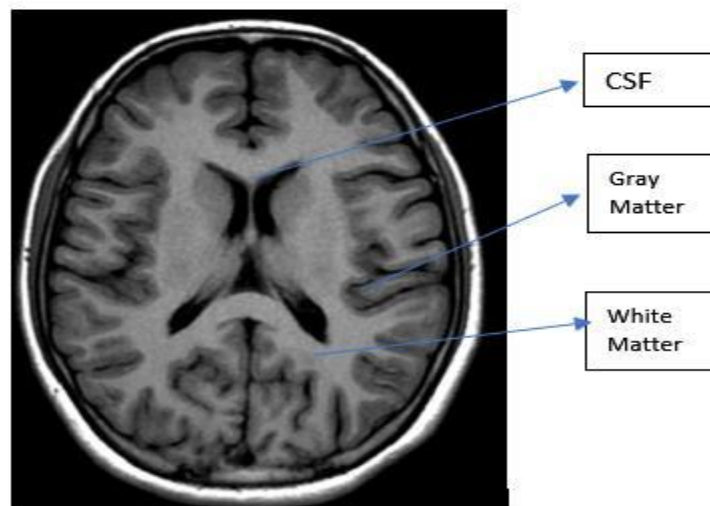
## II.2 Le cancer du cerveau

Dans n'importe quelle partie du corps humain, la tumeur est une croissance non confinée de cellules cancéreuses, en effet, considérons que la tumeur cérébrale est traitée comme une tumeur non confinée et de croissance indésirable des cellules cancéreuses dans le cerveau [23].

L'analyse des tumeurs cérébrales a été l'une des principales préoccupations vu la complexité de l'analyse et du diagnostic à partir des images IRM.

Selon le « Cancer.Net Editorial Board » [24], la tumeur cérébrale représente 58 % à 90 % de toutes les tumeurs du système nerveux central. Cependant, le diagnostic précoce du cancer à ses débuts génèrera une meilleure survie en répondant correctement au traitement. L'ablation chirurgicale, la radiothérapie et la chimiothérapie sont les seuls traitements qui peuvent être utilisés dans la pratique clinique pour les tumeurs cérébrales.

Le cerveau humain a trois parties importantes en termes de structure tissulaire [25], à savoir la matière grise, la matière blanche et le liquide céphalo-rachidien (CSF) comme on peut le voir sur la figure II.1 ci-dessous. Ces trois parties ainsi que la tumeur présentent un contraste différent lorsqu'elles sont imagées sous différentes caractéristiques physiques et jouent un rôle clé dans l'imagerie IRM pour la détection des tumeurs cérébrales car elles sont constituées de tissus mous.



**Figure II.1** Les composants de la structure tissulaire du cerveau humain. Source [25]

La croissance de la tumeur cérébrale a des symptômes externes tels que [26] :

- Maux de tête, qui pourraient s'aggraver le matin.
- Nausées et somnolence.
- Problèmes de vue.
- Problèmes d'élocution.
- Problèmes auditifs.
- Fatigue.
- Vertiges et trébuchements.
- Augmentation de la pression intracrânienne.
- Confusion et lenteur dans les activités quotidiennes.
- Dépression et changements de personnalité.

### II.3 Les types des tumeurs cérébrales

Le cerveau contrôle toutes les fonctions impératives et essentielles du corps humain. Il forme un des organes les plus cruciaux et complexes du corps humain et est une partie du système nerveux central [27]. Le crâne masque le cerveau humain, qui se compose de « matière grise (GM), matière blanche (WM) et liquide céphalo-rachidien (CSF) ».

Le liquide céphalorachidien (CSF) est un liquide translucide qui enveloppe également le cerveau humain comme la moelle épinière. Il fournit différentes fonctionnalités au système nerveux central et agit comme des chocs confinés comprenant des ions, de l'oxygène et du glucose, distribué dans les tissus nerveux sur toute sa longueur. Il aide également à éjecter les ordures de tissus nerveux.

Nous pouvons classifier les types des tumeurs cérébrales selon divers critères [26] :

- **Caractéristiques et comportement**

En fonction de leurs caractéristiques et de leur comportement, les tumeurs cérébrales peuvent être bénignes ou malignes.

– Tumeur cérébrale bénigne : elles ne sont pas évolutives et ont des limites bien définies.

Leur vitesse de progression est lente. Étant donné que les tumeurs cérébrales bénignes ne se propagent pas au-delà de la région de son origine, elle est considérée comme moins fougueuse que celles malignes.

La masse anormale de cellules peut exercer une pression sur une région du cerveau lorsqu'elle est entrain de croître. Après un diagnostic correct, cela peut être facilement éliminé à temps par chirurgie.

– Tumeur cérébrale maligne : les cellules tumorales cérébrales malignes, en revanche, ont des frontières floues et une vitesse de progression rapide. Étant donné que les tumeurs cérébrales malignes ont des limites indéfinies, ils peuvent envahir et se propager à d'autres cellules saines de la partie du corps.

- **Taux de croissance**

Pour classer les types de tumeurs bénignes et malignes, un système de classement est présenté comme une échelle du grade I au grade IV par World Health Organization and American Brain Tumor Association [23]

Les gliomes de bas grade I et II qui sont classés comme des tumeurs bénignes qui sont curables avec l'excursion chirurgicale et ont un taux de croissance lent. En effet, Les grades 1 et 2 relèvent de la catégorie des tumeurs de bas grade.

Les hauts grades III et IV sont classés comme tumeurs malignes et sont traités par radiothérapie, chimiothérapie.

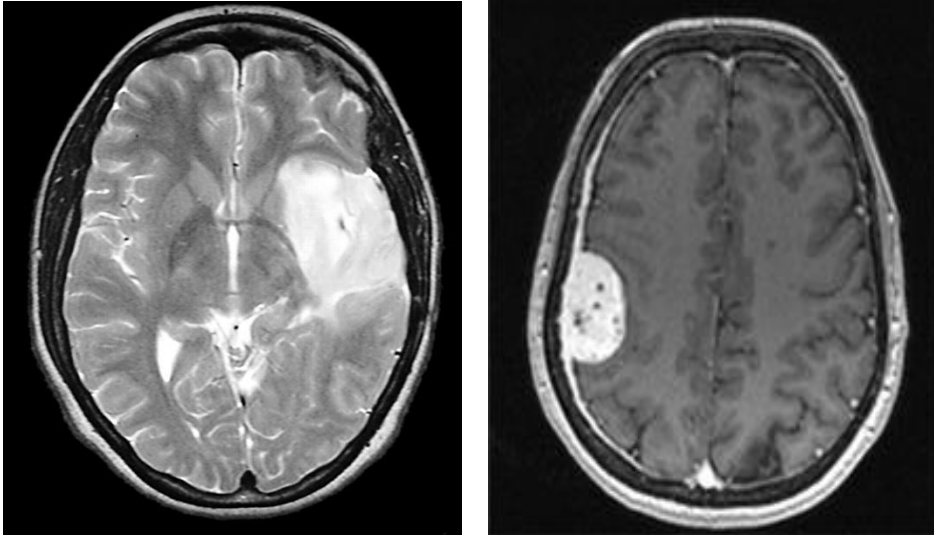
- **Région de création**

En fonction de la région de création, les tumeurs cérébrales peuvent être classées en deux types - tumeur cérébrale primaire et secondaire.

– Tumeur cérébrale primaire : Ces tumeurs proviennent des tissus du cerveau. Elles peuvent être bénignes ou malignes. Selon l'organisation mondiale de la santé, les tumeurs cérébrales primaires peuvent également être classées de plus de 100 façons en fonction de leurs types, les plus commun étant les gliomes et les méningiomes.

Différents types de tumeurs primaires sont discutés ci-dessous :

- **Gliomes** : gliomes de bas grade (LGG Grades I-II) ou de haut grade (HGG grades III-IV), sont des tumeurs malignes intrinsèques à la cavité cérébrale et peuvent affecter le système nerveux central provoquant un œdème infiltrant la tumeur comme mentionné sur la figure II.2. Sur la base de leurs grades et caractéristiques, les gliomes peuvent avoir des degrés variables de vascularisation, certains pouvant même perturber le système hémato-encéphalique. Ces caractéristiques peuvent potentiellement permettre leur différenciation.  
Le pronostic des sujets atteints de gliomes est faible ( $\leq 15$  mois). Astrocytomes, les oligodendrogliomes et les épendymomes sont des exemples de différents types de Gliomes.
- **Méningiomes** : les méningiomes sont pour la plupart des tumeurs cérébrales bénignes et extrinsèques dans les méninges (la membrane qui sépare le cerveau de la moelle épinière corde) comme mentionné sur la figure II.2. Les méningiomes peuvent perturber la barrière hémato-encéphalique et former un oedème dans le tissu péri-tumoral. Cependant, l'œdème n'est pas toujours présent, à la fois dans les gliomes et les méningiomes.
- **Tumeurs hypophysaires** : Ces tumeurs proviennent de la région de glande de l'hypophyse, située à la base du cerveau. La plupart sont bénins, mais certains peuvent se développer pour devenir malin. Ces tumeurs peuvent interférer avec le niveau d'hormone normale, affectant ainsi tout le corps. Certains types courants de tumeurs hypophysaires sont les craniopharyngiomes, les adénomes et les kystes de la fente de Rathke.
- **Schwannomes** : Ces tumeurs proviennent des cellules de Schwann, qui produisent la membrane protectrice appelée feuille de myéline, dans nos cellules nerveuses. Ce sont généralement bénignes et touchent principalement les femmes adultes.
- **Tumeurs de la région pinéale** : se développant dans et autour de la glande pinéale, ces tumeurs ne peuvent pas être enlevées car la glande pinéale est difficilement accessible.



**Figure II.2** Exemple d'une tumeur Gliomes à gauche et une tumeur Méningiomes à droite.

– Tumeur cérébrale secondaire ou métastatique : Ce sont des tumeurs qui proviennent d'autres parties du corps (Métastase) [27], ce type de tumeur est nommé en fonction des parties du corps d'où elles se sont propagées à l'origine. Si une tumeur cérébrale se développe à partir du poumon, alors on le sait comme une tumeur pulmonaire métastatique.

#### **II.4 Dépistage du cancer du cerveau basé imagerie par résonance magnétique (IRM)**

Les symptômes qui se manifestent sont typiques du type de tumeur cérébrale du patienta et aussi dépendent de la localisation de la tumeur. Si le médecin soupçonne un patient portant une tumeur cérébrale, il est généralement conseillé au patient de subir soit une imagerie médicale comme l'imagerie par résonance magnétique (IRM), la tomographie par ordinateur (CT), angiographie cérébrale, etc.) ou d'autres tests comme l'audiométrie, mesure de l'acuité du champ visuel ou évaluation endocrinienne.

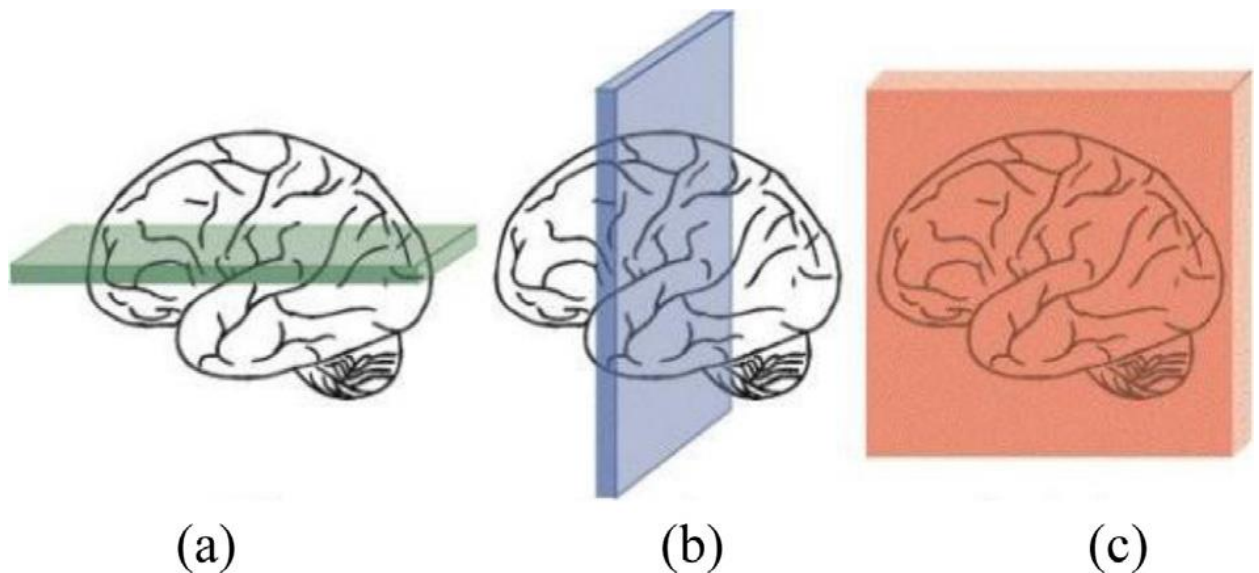
L'IRM est utilisée pour imager les tissus mous du cerveau à l'aide d'un champ magnétique et d'une radio ondes de fréquence [26].

L'IRM est plus efficace que la tomodensitométrie engendrant de cette imagerie, la plus demandée par les neurologues durant le processus de dépistage du cancer du cerveau [28]. En effet, l'IRM fournit un contraste notable pour différents tissus cérébraux par rapport à la tomodensitométrie [29]. De plus, l'IRM peut reconnaître le sang qui coule et les

dysfonctionnements vasculaires cryptiques, elle peut détecter les maladies nerveuses, et fut réalisée sans rayonnement ionisant [28].

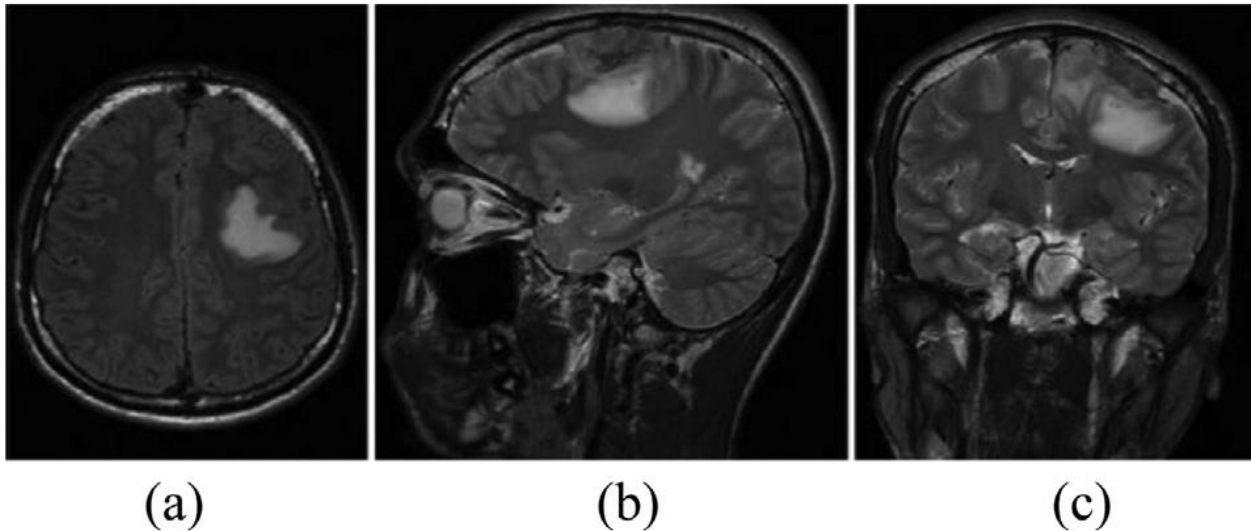
L'IRM offre le meilleur contraste en termes de structure tissulaire car elle a la capacité d'afficher des images jusqu'à 65535 niveaux de gris, ce qui est impossible à être visualisé à l'œil nu [25].

Pour visualiser les caractéristiques détaillées du cerveau et d'autres structures crâniennes, l'IRM bénéficie de la visualisation de l'anatomie dans trois plans différents ; axiale, coronale et sagittale. La Figure II.3 et la Figure II.4 montrent les trois anatomies différentes du cerveau humain ainsi que les vues axiales, sagittales et coronales du cerveau tiré de l'imagerie par résonance magnétique [28].



**Figure II.3** (a) Plan axial, (b) Plan coronal et (c) Plan sagittal de l'image cérébrale.

Source [28].



**Figure II.4** (a) Plan axial, (b) Plan sagittal et (c) Plan coronal du cerveau observé par l'IRM. Source [28].

## II.5 Limites des IRM durant le diagnostic du cancer du cerveau

Nous distinguons quelques facteurs dégradants la puissance des images IRM [25], en effet, les équipements impliqués dans la génération des IRM produisent un bruit qui perturbe le processus d'acquisition d'images.

En raison du son, les images IRM intègrent du bruit sous forme d'artefacts physiques. Des artefacts de mouvement sont également introduits si le sujet examiné bouge pendant l'acquisition de l'image. Ces bruits sont inévitables et nécessitent un moyen standard pour les supprimer.

En vue de détecter une tumeur cérébrale à son stade naissant, l'expérience du radiologue compte beaucoup [26]. Depuis, le diagnostic de la tumeur et l'évaluation de son type, désignent les tâches principales à portée de main avant de suggérer tout autre médicament. Voir plus, une biopsie doit être effectuée où une chirurgie cérébrale définitive est essentielle dans ce sens, contrairement à d'autres parties du corps.

En effet, la subjectivité potentielle de la biopsie est indésirable pour les patients.

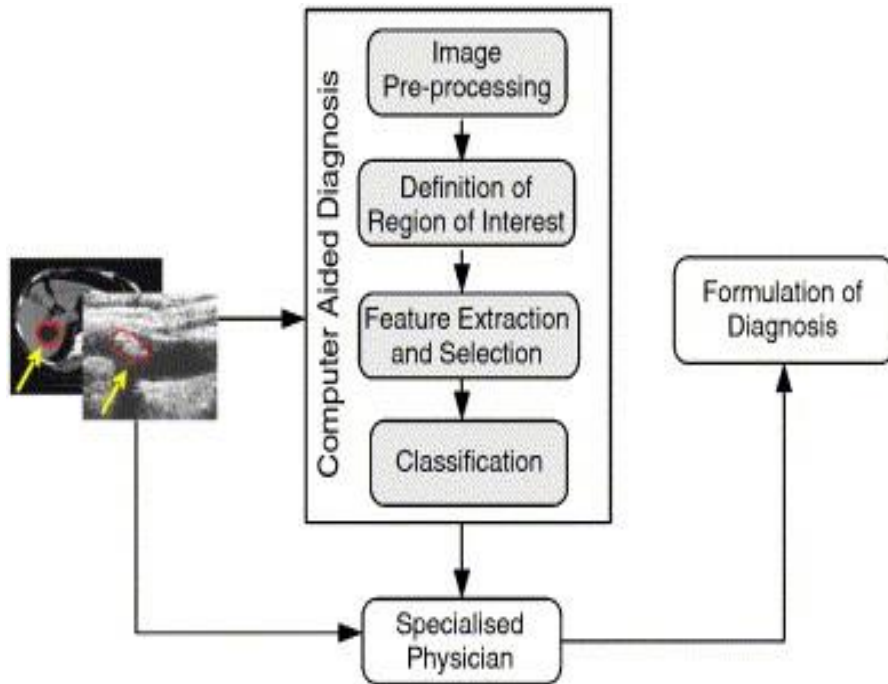
## **II.6 Diagnostic assisté par ordinateur (CAD) du cancer du cerveau**

Pour éviter la subjectivité potentielle de la biopsie, il est nécessaire de développer un outil efficace qui peut aider à un diagnostic précis en segmentant et en classifiant les tumeurs à partir d'images IRM [26]. La recherche et le développement des technologies d'apprentissage automatique robuste a ouvert une nouvelle frontière dans l'imagerie médicale et le diagnostic.

La détection et le diagnostic assistés par ordinateur (CAD) est un domaine de recherche multidisciplinaire dont le but est de créer et d'améliorer ce genre d'outils [30]. Le développement des systèmes CAD a été réalisés avec de multiples approches informatiques telles que les l'intelligence artificielle. Les systèmes CAD peuvent être utilisés de manière autonome ou intégrés dans d'autres applications de santé, y compris les logiciels de télémédecine et l'assistance médicale à distance, communément appelée E-Health Applications.

En raison de l'ère numérique dans laquelle nous vivons, les systèmes de CAD utilisent souvent des données provenant d'autres systèmes d'information sur la santé tels que les informations de laboratoire ou les systèmes d'archivage et de communication d'images.

En plus de ces systèmes, il existe aujourd'hui plusieurs capteurs de surveillance du corps sous la forme de dispositifs portables qui peuvent même collecter et analyser les fluides corporels pour vérifier la santé d'un patient, en envoyant des alertes aux médecins si nécessaire. Les informations générées au cours de ce type de surveillance peuvent également être stockées dans les systèmes fournissant des données contextuelles utilisables par les systèmes de CAD. Les fonctionnalités d'un système d'aide au diagnostic médical sont présentées sur la figure II.5.



**Figure II.5** Fonctionnalités d'un système d'aide au diagnostic médical assisté par ordinateur (CAD)

Le CAD se compose des deux phases suivantes :

### II.6.1 Détection des tumeurs assistée par ordinateur (CADe)

La segmentation des tumeurs cérébrales consiste à séparer les différents tissus tumoraux (tumeur active, œdème et nécrose) des tissus cérébraux normaux : la matière grise, la matière blanche et le liquide céphalo-rachidien (CSF) [29]. Notons que certaines approches segmentent la tumeur exacte tandis que d'autres segmentent la portion de l'image contenant la tumeur [25].

De nombreux chercheurs ont classé les schémas de segmentation d'images sous différentes rubriques : les techniques basées sur des seuils, des régions, des classifications de pixels et des modèles [29].

Dès lors, il y a eu un besoin pour une technique de segmentation rapide et précise des tumeurs cérébrales. Dans ce sens, les réseaux de neurones convolutifs (CNN) ont récemment montré des performances exceptionnelles en vision par ordinateur pour les tâches de segmentation et de classification d'images. U-Net, SegNet et ResNet18 sont les CNN les plus populaires pour la segmentation d'images. L'architecture de U-Net utilise une connexion par saut qui capture les informations fines et élevées, mais nécessite un temps

de calcul plus élevé pour la formation. D'autre part, SegNet est efficace du point de vue informatique. Le ResNet18 utilise également une connexion par saut et possède une couche qui ajoute des entrées de plusieurs couches de réseau neuronal pour obtenir des résultats plus précis [31].

### **II.6.2 Diagnostic des tumeurs assisté par ordinateur (CADx)**

Les systèmes typiques de diagnostic assisté par ordinateur (CADx) calculent ou extraient des descripteurs discriminants au niveau des régions d'intérêt segmentées. Par ailleurs, ces descripteurs sont fournis comme des prédictions d'entrée à un classifieur. Effectivement, un modèle prédictif est formulé en ajustant les poids des descripteurs se basant sur les propriétés statistiques d'un ensemble d'apprentissage avec l'ultime but de l'estimation de la probabilité qu'une région d'intérêt appartienne à l'une des classes.

## **II.7 Application de l'apprentissage automatique pour l'aide au diagnostic médical du cancer du cerveau**

Nous exposons sur le tableau II.1 diverses approches CAD basées apprentissage automatique, de détection de cancer du cerveau tout en évoquant les classifieurs et méthodes d'extraction de descripteurs utilisés, voire plus, les mesures de performance les plus fréquemment utilisées seront soulignées.

Dans [24], les auteurs sont orientés vers une étude approfondie comprenant les techniques de l'apprentissage automatique, utilisées lors du diagnostic du cancer du cerveau.

**Tableau II.1** Approches CAD basées apprentissage automatique de diagnostic du cancer du cerveau

| Référence | Base de données utilisée  | Contribution   | Evaluation des performances |
|-----------|---|--|-----------------------------|
| [32]      | Figshare by Cheng (Seulement 170 pour chaque classe)                    | Une approche de classification des tumeurs cérébrales en trois classes en extrayant les descripteurs de la transformée en Ondelette et en les donnant comme entré aux SVM durant le processus de classification.                           | <b>Acc = 98.5%</b>          |
| [33]      | Une base de données privée et publique (1000 Images utilisées au total) | Une approche de classification des tumeurs cérébrales par l'extraction des descripteurs de la transformée en Ondelettes et une classification basée réseau de neurone récurrent (RNN).   | <b>Acc = 96%</b>            |
| [34]      | Figshare Dataset (3064 images)  | Une approche de classification des tumeurs cérébrales selon 3 types en extrayant les descripteurs par le modèle pré entraîné Googlenet via une classification basée SVM.   | <b>Acc = 97%</b>            |
| [35]      | MICCAI 2013   | Une approche de classification nommée (LIPC : Local Independent Projection Based classification) utilisant des descripteurs texturaux et statistiques.   | <b>Acc = 89%</b>            |
| [36]      | BRATS 2013  | Une approche d'extraction de descripteurs texturaux en 3 dimensions dépendant sur la matrice de cooccurrence (GLCM) tout en appliquant différents algorithmes d'apprentissage automatique pour déterminer le grade de malignité de gliome. | <b>Acc = 93.3%.</b>         |
| [37]      | BRATS 2017 et BRATS 2015  | Une approche d'extraction de descripteurs de forme, texture, intensité utilisant les formules de Beta et Gamma. De plus, L'homogénéité, l'énergie et l'entropie ont été calculé pour une classification des tumeurs, basée les SVM.        | <b>Acc = 98%</b>            |
| [38]      | BRATS 2015  | Une approche extrayant 25 descripteurs texturaux et 7 descripteurs de forme pour la classification des tumeurs cérébrales via les SVM.   | <b>Acc = 94.33%</b>         |
| [39]      | DICOM et Brain Web dataset  | Une approche extrayant des descripteurs texturaux ainsi que des descripteurs statistiques dans un processus de classification des tumeur cérébrales basé les SVM.  | <b>Acc = 96.51 %</b>        |

## II.8 Application de l'apprentissage profond pour la détection de cancer du cerveau

Nous allons présenter sur le tableau II.2 quelques approches CAD basées apprentissage profond de diagnostic de cancer du cerveau.

Dans [25], les auteurs sont pointés vers une étude des différentes techniques d'apprentissage profond ainsi que les architectures spécifiques pour la détection et la classification de cancer du cerveau.

**Tableau II.2** Approches CAD basées apprentissage profond de diagnostic du cancer du cerveau

| Référence | Base de données utilisée   | Contribution  | Evaluation des performances |
|-----------|--|---|-----------------------------|
| [40]      | Base de données du site de Kaggle  | Une approche proposant un modèle amélioré de RESnet50 pour une classification binaire en tumeur ou non tumeur où 8 couches ont été ajoutées à l'architecture originale de RESnet 50.  | <b>Acc = 97%</b>            |
| [41]      | Base de données du site de Kaggle  | Un modèle de réseau de neurone convolutif a été proposé selon 3 étapes : la première consiste en Convolution Block Attention Module (CBAM) permettant le réseau de reconnaître l'information spatiale. La deuxième étape permet au réseau d'apprendre des fonctionnalités plus importantes et la dernière consiste en hyper Column technique implémentée avant la couche entièrement connectée. | <b>Acc = 96.05%</b>         |
| [42]      | Figshare (3064 images)   | Une approche basée sur l'augmentation des images IRM de la base de données utilisée, a été proposée pour les fournir comme entrées au modèle Resnet50 d'apprentissage profond pour le processus de classification des IRM cérébrales.   | <b>Acc = 98%</b>            |
| [43]      | Figshare (3064 images)   | Une approche basée le modèle d'apprentissage profond (GANs : Generative Adversarial Networks). L'idée principale était l'utilisation de CNN comme un discriminateur de GAN pour le pré-entraîner. La dernière couche du CNN discriminateur dans le GAN a été remplacée par SoftMax pour la classification.  | <b>Acc = 88%</b>            |
| [44]      | (TCGAGBM : Cancer Genome atlas glioblastoma multiforme) et une base de données | Une approche hybride SR-FCM-CNN a été proposée. Premièrement un pré-traitement est effectué basé SR CNN. Les images à basse résolution sont converties à haute résolution en utilisant cette approche ensuite une segmentation basée FCM est effectuée où   | <b>Acc = 98%</b>            |

|      |                                   |  |                     |
|------|-----------------------------------|--|---------------------|
|      | (TCIA : cancer imaging archive )  | Squeeze-net a été appliqué pour l'extraction des descripteurs basé ELM.  |                     |
| [45] | Figshare (3064 images)            | Une approche basée R-CNN pour la détection et classification des tumeurs cérébrales en 3 types a été proposée. Region proposal network a été utilisé pour le marquage précis de la région de la tumeur.        | <b>Acc = 77.60%</b> |
| [46] | Base de données du site de Kaggle | Une approche basée le CNN modèle qui prend comme entrée une IRM pour la segmenter et extraire les descripteurs par le CNN. Les sorties sont classifiées comme tumeur ou non tumeur.                            | <b>Acc = 90-99%</b> |
| [47] | BRATS 2016                        | Une approche utilisant (PG-GANS : Progressively Growing Generative Adversarial Networks) a été proposée pour augmenter la base de données de BRATS-2016 pour la détection précise des tumeurs basée RESNET-50. | <b>Acc = 91%</b>    |

## **II.9 Conclusion**

Ces jours-ci, l'adaptation croissante des techniques d'apprentissage en automatique et profondeur a entraîné un changement de paradigme dans le processus de classification des tumeurs cérébrales. En effet, des études récentes ont montré des résultats prometteurs par l'application des paradigmes de l'IA pour détecter directement la présence et le type de tumeur cérébrale à partir des images médicales, réduisant ainsi l'intervention humaine et le retard du diagnostic.

Nous allons exposer dans le chapitre prochain la problématique tirée dans ce domaine d'actualité ainsi que le cadre méthodologique suivi pour l'implémentation de l'approche proposée avec l'ultime but du diagnostic du cancer du cerveau.

## **Chapitre III :**

Problématique soulignée et approche proposée

### **III.1 Introduction**

Tout au long de ce chapitre, nous allons évoquer la problématique de recherche désignant en l'implémentation de modèles prédictifs fondés sur les paradigmes de l'apprentissage automatique et profond. Dans ce sens, nous allons exposer le pipeline de segmentation et classification automatiques des tumeurs cérébrales.

## III.2 Problématique et plan d'action

Dans un corps humain sain, de nouvelles cellules sont créées et les anciennes cellules meurent, lorsque ce processus est perturbé, c'est-à-dire lorsque les cellules plus anciennes restent tandis que les nouvelles cellules sont générées par le corps humain ; cela crée une croissance inutile de nouvelles cellules produisant une masse de tissus appelée tumeur [28]. Contrairement à toutes les autres tumeurs de notre corps, les tumeurs cérébrales ont un espace limité pour la croissance due à la présence du crâne [26].

Cela signifie à son tour qu'une tumeur cérébrale croissante peut comprimer des parties vitales du cerveau causant des blessures graves et des problèmes de santé en affectant le système endocrinien. [48]. Actuellement, le nombre de décès liés aux tumeurs cérébrales dans les pays développés a augmenté de 300 %.

Les tumeurs Gliomes et Méningiomes créent une alerte majeure dans l'industrie médicale, qui sont des catégories de tumeurs cérébrales puissantes et courantes. En effet, l'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une stratégie connue de traitement d'images pour évaluer ce type de tumeurs [49]. Cependant l'énorme mesure des informations fournies par l'IRM prévienne les problèmes de « segmentation manuelle » dans un délai raisonnable, limitant l'utilisation d'estimations quantitatives exactes dans le domaine médical. En effet, même si l'IRM est une technique efficace pour décrire avec précision la structure du cerveau, la segmentation d'images médicales demeure une tâche difficile en raison de la mauvaise résolution spatiale, du faible contraste, des limites mal définies, de l'inhomogénéité, de l'effet de volume partiel, du bruit, de la variabilité des formes des objets et de certains autres artefacts d'acquisition et dépend des connaissances et de l'expérience des médecins [29] [50].

Les contours de la tumeur sont souvent flous et les tumeurs peuvent se propager dans la région voisine du cerveau, ce qui rend difficile la différenciation du tissu affecté des autres tissus sains environnants. Par conséquent, l'identification manuelle de la limite des tumeurs dans les images IRM prend du temps et est sujette aux erreurs. La segmentation automatique des tumeurs cérébrales à l'aide d'images IRM résoudrait ces problèmes, ce qui permettra un diagnostic rapide et fiable, en identifiant le type et la localisation exacte des tumeurs [31]. Dans ce sens, Il a été démontré que les techniques et les algorithmes d'apprentissage profond (Deep Learning) ont une grande puissance et une grande capacité à gérer une immense quantité de données. Pourtant, leurs avantages ne sont pas

complètement exploités dans l'étude des tumeurs cérébrales [25]. En effet, face à une maladie aussi effrayante, l'implémentation des système CAD d'aide au diagnostic médical assistés par ordinateur semble une solution prometteuse.

Après avoir souligné les points problématiques de ce travail, nous allons indiquer les différentes étapes du plan d'action pour faire recours à la problématique de ce travail comme suit :

- 1- L'implémentation d'une approche complète de segmentation et classification automatique des tumeurs cérébrales.
- 2- L'approche clinique conventionnelle pour segmenter les anomalies cérébrales est manuelle, basée sur l'expérience antérieure de l'expertise du domaine. La segmentation manuelle prend du temps et est très sujette aux erreurs de classification [28]. Pour surmonter ces problèmes, nous avons réalisé une segmentation automatique basée l'algorithme U-Net. [31]. En effet, U-Net est devenu l'une des techniques les plus populaires pour la segmentation d'images médicales. Il est capable de capturer des informations fines et élevées de l'encodeur au décodeur à l'aide d'une connexion par saut. La connexion de saut transmet l'ensemble des caractéristiques capturées aux blocs de convolution de suréchantillonnage correspondants dans le décodeur
- 3- La puissance de l'utilisation de modèles hybrides en concaténant des modèles de machine et de Deep Learning pour construire des systèmes efficaces a été démontré [25]. En effet, bien qu'il n'y ait pas besoin d'extraction de caractéristiques dans les algorithmes d'apprentissage profond, mais les recherches dans ce domaine ont montré que l'extraction de caractéristiques par l'utilisation de l'apprentissage automatique ou des approches métaheuristiques est toujours utilisée avec l'apprentissage en profondeur en tant que modèles hybrides pour incorporer des caractéristiques robustes pour la classification [25]. Dans ce sens, nous allons réaliser une classification basée les SVM avec l'utilisation de l'analyse texturale pour la distinction entre les tumeurs cérébrales.

### **III.3 Segmentation des régions d'intérêt dans les IRM cérébrales basée Deep Learning**

#### **III.3.1 Base de données utilisée**

La base de données T1-weighted CE-IRM du cerveau a été acquise à l'hôpital de Nanfang, Guangzhou, en Chine, et à l'hôpital général de l'Université médicale de Tianjin, en Chine, de 2005 à 2010. 3064 IRM ont été collectées à partir de 233 patients, contenant 708 méningiomes, 1426 gliomes et 930 tumeurs hypophysaires. Les images ont une résolution dans le plan de 512\*512 avec une taille de pixel de 0,49\*0,49 mm<sup>2</sup>. L'épaisseur de la tranche est de 6 mm et l'écart entre les tranches est de 1 mm. La frontière tumorale a été

délimitée manuellement par trois radiologues expérimentés. Nous exposons sur la figure III.1 quelques IRM cérébrales de la base de données utilisée.

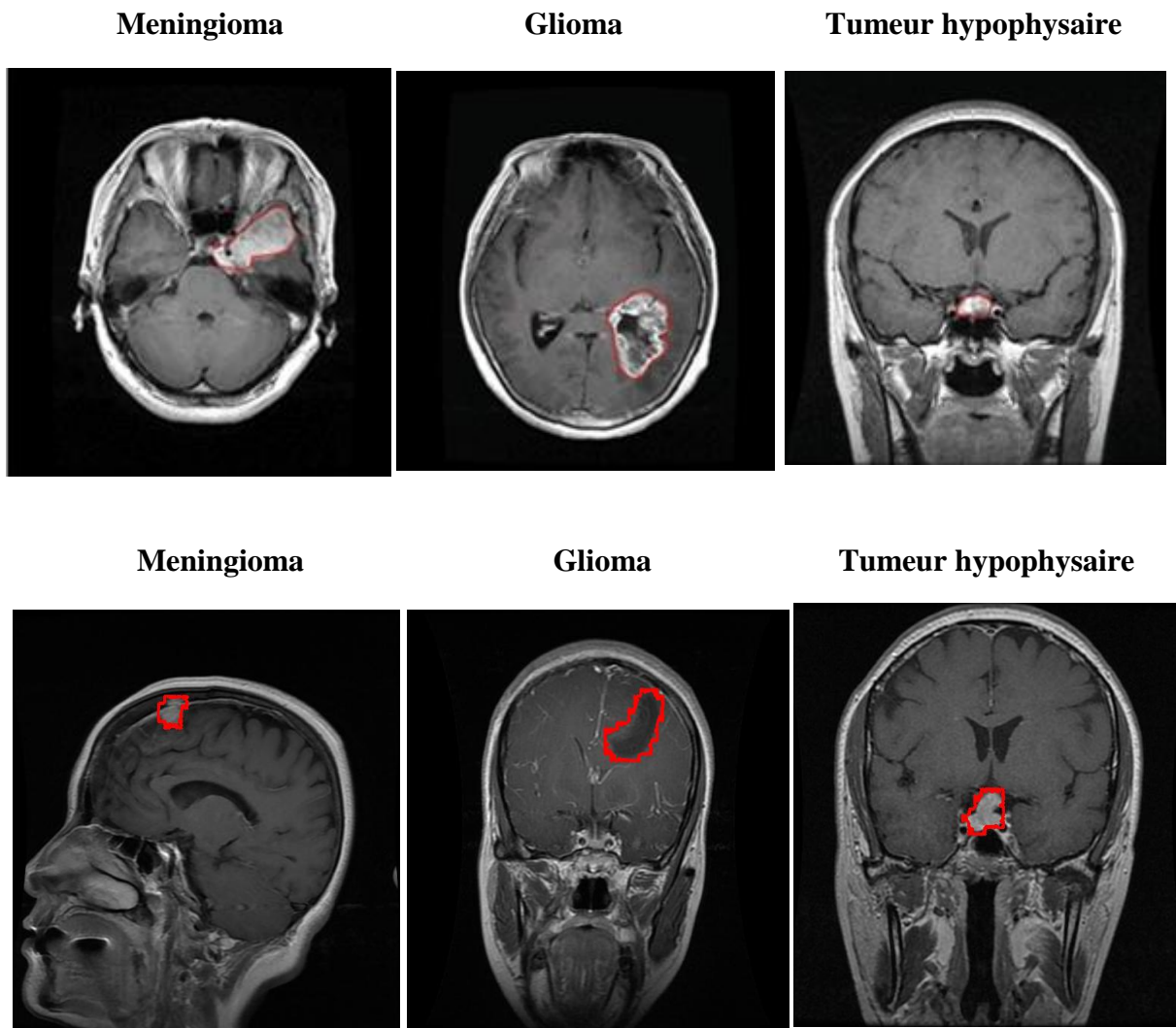


Figure III.1 Exemples de quelques IRM cérébrales de la base de données utilisée.

### III.3.2 Pipeline de segmentation des tumeurs cérébrales basé U-Net

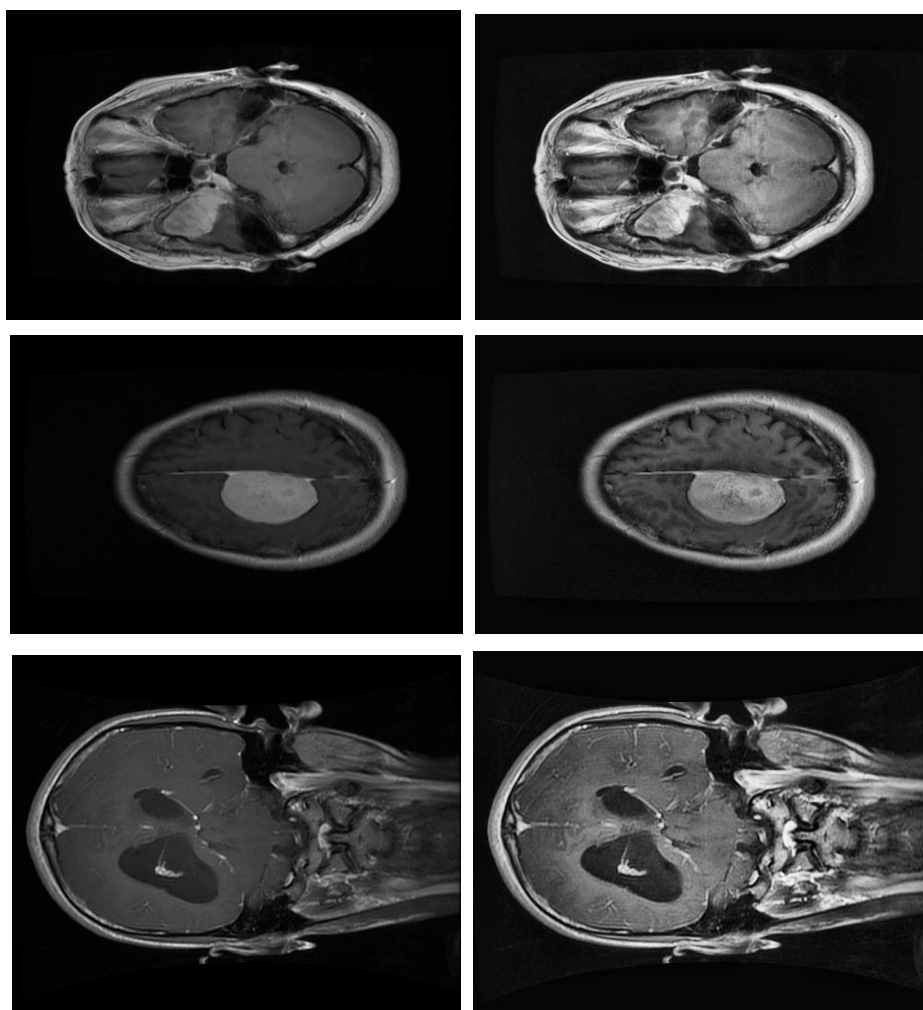
- **Prétraitement**

Le prétraitement est une étape essentielle pour les bases de données d'images cérébrales IRM. En effet, l'IRM cérébrale est améliorée dans cette phase pour la rendre appropriée en vue d'un traitement ultérieur. L'efficacité d'un algorithme d'apprentissage automatique ou profond peut être améliorée en effectuant un prétraitement d'image surtout dans le cas de l'image IRM du cerveau ayant un faible contraste et se composant de divers types de bruit. L'amélioration d'images et la réduction du bruit peuvent rendre l'image plus attrayante pour la visualisation.

Il existe diverses méthodologies d'amélioration d'images médicales comme : le filtre médian, le filtre gaussien, l'égalisation d'histogramme.

L'égalisation d'histogramme adaptative limitée en contraste (CLAHE) surmonte le problème de suramplification de l'égalisation d'histogramme (HE) en diminuant les artefacts de type bruit dans les régions homogènes. De nombreuses études ont été faites sur CLAHE pour l'amélioration du contraste de l'image [51]. CLAHE a utilisé un point d'écrêtage pour limiter le contraste de l'image généré par l'égalisation d'histogramme traditionnelle. En effet, il est utilisé pour contrôler le problème de bruit qui existait dans les égalisations d'histogrammes traditionnelles. Dans l'IRM, le CLAHE travaille sur les petites régions que l'on appelle tuiles et il calcule également différents histogrammes, puis compare chaque histogramme à une partie spécifique de l'image et en outre, il est utilisé pour réorganiser l'estimation du contraste ou la luminosité de l'image. CLAHE fournit plus de détails par rapport à la norme d'égalisation d'histogramme à mesure que CLAHE améliore le contraste de l'image.

Nous avons appliqué la méthode d'égalisation d'histogramme adaptative limitée en contraste (CLAHE) sur toutes les IRM cérébrales de la base de données comme mentionné sur la figure III.2.



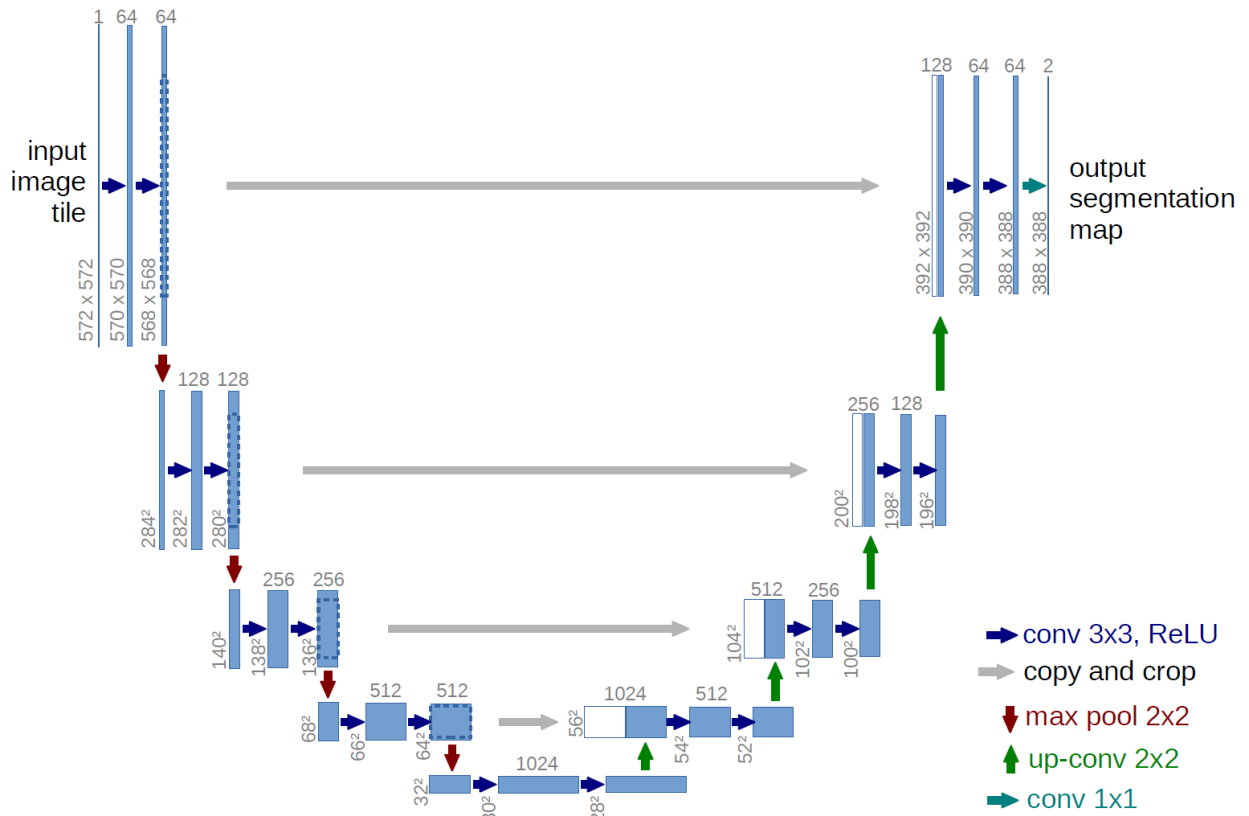
**Figure III.2** Exemple de l'application d'un prétraitement par l'égalisation d'histogramme adaptative limitée en contraste (CLAHE) : à gauche les IRM originales et à droite après le prétraitement.

- **Segmentation des tumeurs cérébrales basée U-Net**

Avant de procéder au diagnostic automatique des tumeurs cérébrales, il est essentiel d'isoler les tissus sains, donc réaliser la segmentation des tumeurs [24]. En effet, la segmentation des tumeurs cérébrales consiste à séparer les différents tissus tumoraux (tumeur active, œdème et nécrose) des tissus cérébraux normaux [29].

L'approche clinique conventionnelle pour segmenter les anomalies cérébrales est manuelle, basée sur l'expérience antérieure de l'expertise du domaine. En revanche, la segmentation manuelle prend du temps et est très sujette aux erreurs de classification. Pour surmonter ces problèmes, diverses techniques automatisées peuvent être réalisées [28].

En conséquence, U-Net est également une application CNN très courantes pour l'analyse d'images médicales. La structure de U-Net implique un encodeur-décodeur ; les caractéristiques de bas niveau sont apprises par la partie codeur tandis que les caractéristiques de haut niveau sont apprises par le décodeur avec les caractéristiques obtenues à partir d'un codeur. Cette architecture peut être décrite comme un réseau de bout en bout et être capable de générer des résultats significatifs en segmentation d'images médicales où nous allons l'appliquer pour la segmentation des IRM cérébrales de notre base de données [50]. Nous exposons sur la figure III.3 l'architecture de U-Net utilisé.



**Figure III.3** Architecture du modèle U-Net appliqué pour la segmentation des tumeurs cérébrales.

Nous distinguons les parties suivantes :

1- Contracting path (Downsampling)

Il consiste en l'application répétée de :

- Deux 3x3 convolutions (unpadded convolutions).
- Suivi d'une ReLU et d'une normalisation par lots.
- Une opération de 2x2 max pooling.

2- Expansive path (Upsampling)

Consistant en séquence de convolutions ascendantes et de concaténation :

- 2 x 2 convolution (convolution ascendante) qui réduit de moitié le nombre de canaux de caractéristiques.
- Une concaténation avec la carte des caractéristiques rognée en conséquence à partir du chemin contractuel.
- Deux convolutions 3x3
- Suivi d'un ReLU avec normalisation des lots.

3- Final Bottleneck Layer

Au niveau de la couche finale, une convolution 1x1 est utilisée pour mapper chaque vecteur d'entités à 64 composants au nombre de classes souhaité.

Un autre défi à surmonter est la fonction de perte (loss function) en imagerie médicale, en effet, l'anatomie d'intérêt n'occupe qu'une très petite région de l'analyse, ce qui fait que le processus d'apprentissage est piégé dans des minima locaux de la loss function produisant un réseau dont les prédictions sont fortement biaisées vers l'arrière-plan.

En conséquence, la région de premier plan est souvent manquante ou seulement partiellement détectée.

L'utilisation d'une fonction de perte, qui évalue dans quelle mesure le CNN modélise les données d'entraînement, est nécessaire pour optimiser les poids du CNN.

La fonction de perte utilisée par notre modèle U-Net est : **Dice loss** du fait qu'elle prend en compte les informations de perte à la fois localement et globalement, ce qui est essentiel pour une grande précision. En effet, sa formule est la suivante :

$$D = \frac{2 \sum_i^N p_i g_i}{\sum_i^N p_i^2 + \sum_i^N g_i^2}$$

Où  $p$  et  $q$  représentent des paires de valeurs de pixels correspondantes de prédiction et de ground truth, respectivement. Sa quantité varie entre 0 et 1 que nous visons à maximiser.

### III.4 Classification des tumeurs cérébrales basée SVM

#### III.4.1 Régions d'intérêt obtenues

Nous allons travailler avec les tumeurs détectées par le modèle U-Net.

#### III.4.2 Pipeline basé l'algorithme des SVM pour la classification des tumeurs cérébrales

Nous exposons sur la figure III.4 le pipeline suivi pour la classification des tumeurs cérébrales où le prétraitement a été déjà établi durant le processus de segmentation.

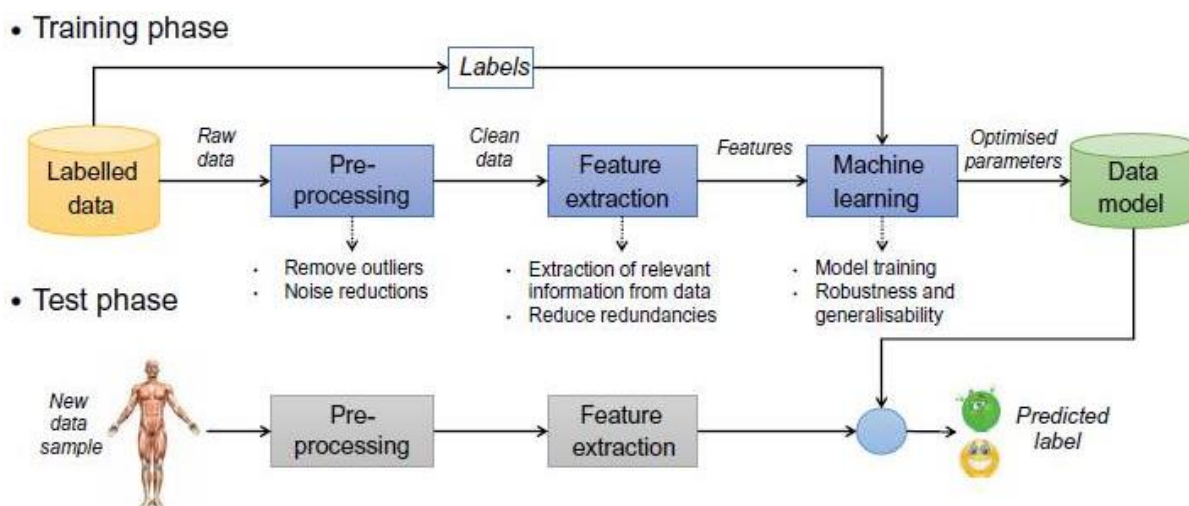


Figure III.4 Pipeline suivi pour la classification des tumeurs cérébrales. Source [52].

- **Extraction des descripteurs**

Les tumeurs cérébrales présentent une hétérogénéité évidente avec d'autres tissus cérébraux sains en IRM, de sorte que les caractéristiques de texture des images sont extraites pour le modèle d'entraînement [48].

Les lois de Zipf et de Zipf inverse désignent des approches perceptuelles analysant le contenu structurel des images en vue de la quantification de la texture. De l'autre côté, les filtres de Gabor se sont basés durant leur conception pour qu'ils simulent les performances des cellules corticales visuelles du mammifère. Effectivement, ils extraient divers traits selon différentes orientations ainsi qu'échelles [53] et évidemment fonctionnent de la même manière que celle des neurones relatifs au cortex visuel humain.

Notre ultime but est la fusion de ces deux techniques de caractérisation de la texture qui modélisent la vision humaine pour la distinction entre les tumeurs cérébrales segmentées à partir des IRM.

### **1- Analyse et caractérisation de la texture des tumeurs cérébrales par les lois de Zipf et de Zipf inverse**

Les lois de Zipf et de Zipf inverse analysent statistiquement la complexité structurelle de la texture d'une image en caractérisant la structure sous-jacente des lésions cérébrales. En effet, les régions d'intérêt segmentées seront encodées par le codage des rangs généraux vu qu'il fut le plus adéquat en vue de l'étude de la texturation fine de l'image.

Nous traçons 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 obtenues à partir de deux tumeurs cérébrales : gliome et méningiome.

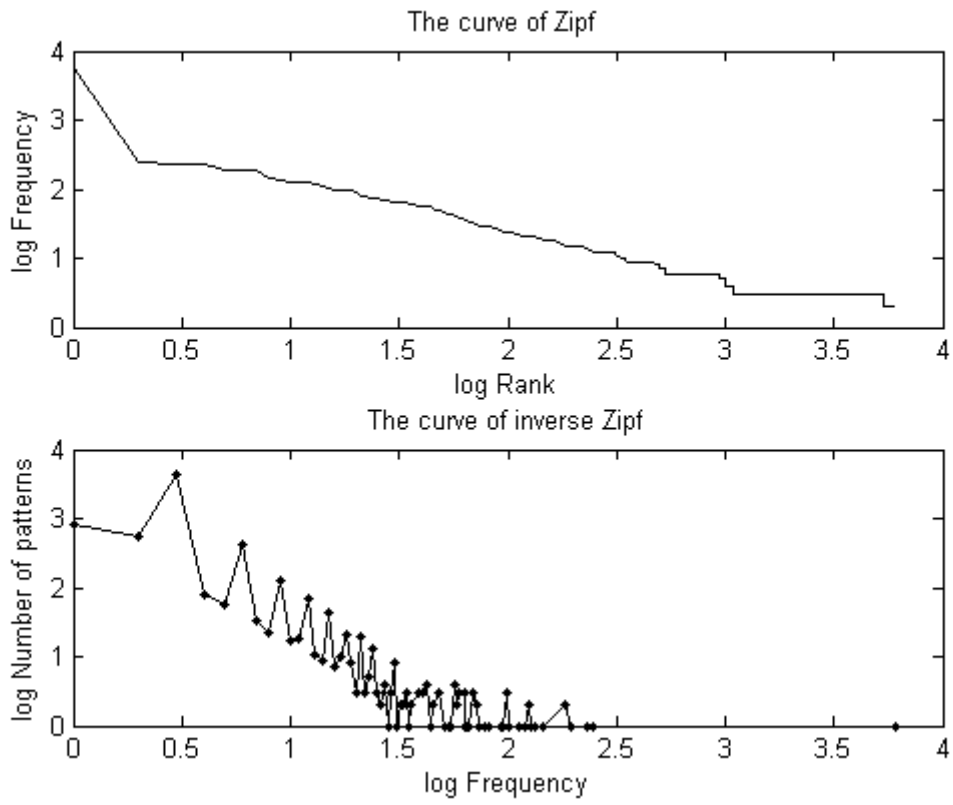
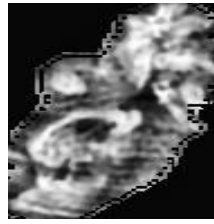
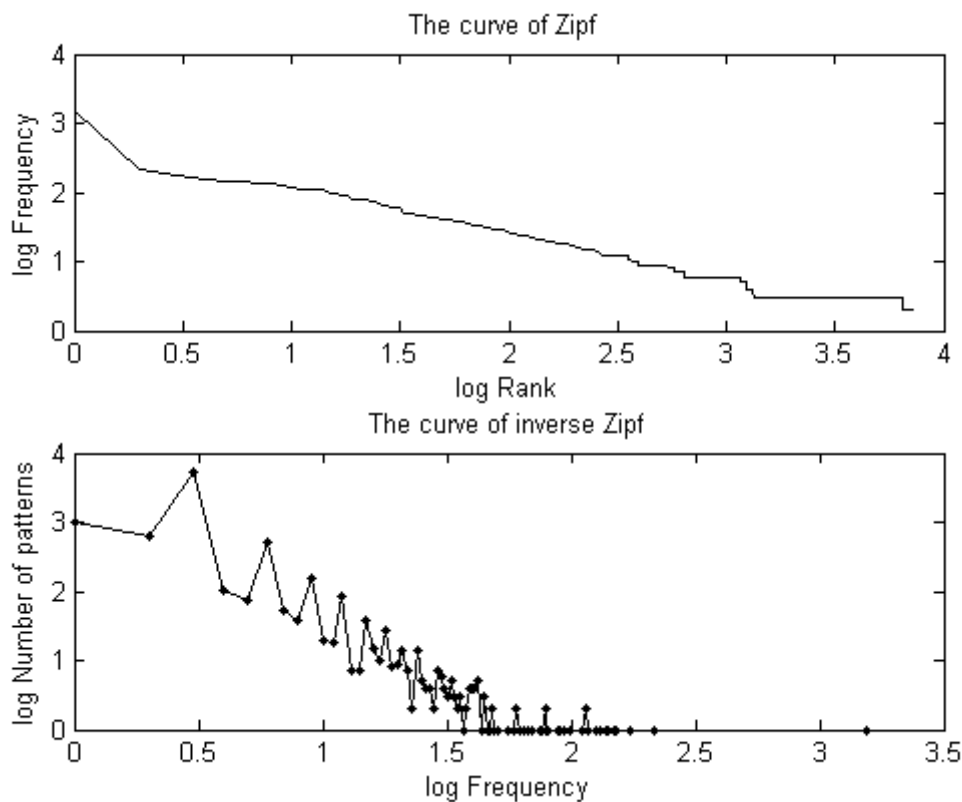
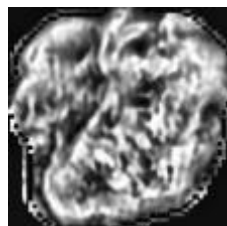


Figure III.5 Courbes de Zipf et de Zipf d'une tumeur gliome



**Figure III.6** Courbe de Zipf et Zipf inverse d’une tumeur méningiome

Les descripteurs dérivés des courbes de Zipf et de Zipf inverses sont les suivants [54] :

- **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.1 :

$$p = \frac{n \sum_{i=1}^n y_i x_i - \sum_{i=1}^n y_i \sum_{i=1}^n x_i}{n \sum_{i=1}^n x_i^2 - (\sum_{i=1}^n x_i)^2} \quad (III.1)$$

- **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.2 :

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

- **Entropie1 de la courbe de Zipf**

L'entropie relative aux motifs des images mammographies est définie par la formule III.3 :

$$H_w = - \sum_{r=1}^R \frac{f(r)}{T} \log_R \frac{f(r)}{T} \quad (\text{III.3})$$

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 :

$$H_f = - \sum_{f=1}^F \frac{I(f)}{R} \log_F \frac{I(f)}{R} \quad (\text{III.4})$$

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 [54].

## 2- Analyse et quantification de la texture des tumeurs cérébrales basée filtres de Gabor

Mentionnons que les filtres de Gabor se localisent au sein des deux domaines spatial et fréquentiel. En effet, ils effectuent 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 sinusoïdale complexe [55]. La formule du filtre de Gabor 2D est donnée par [55] :

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

(III.5)

L'enveloppe Gaussienne :

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

(III.6)

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  $g(x, y)$ .

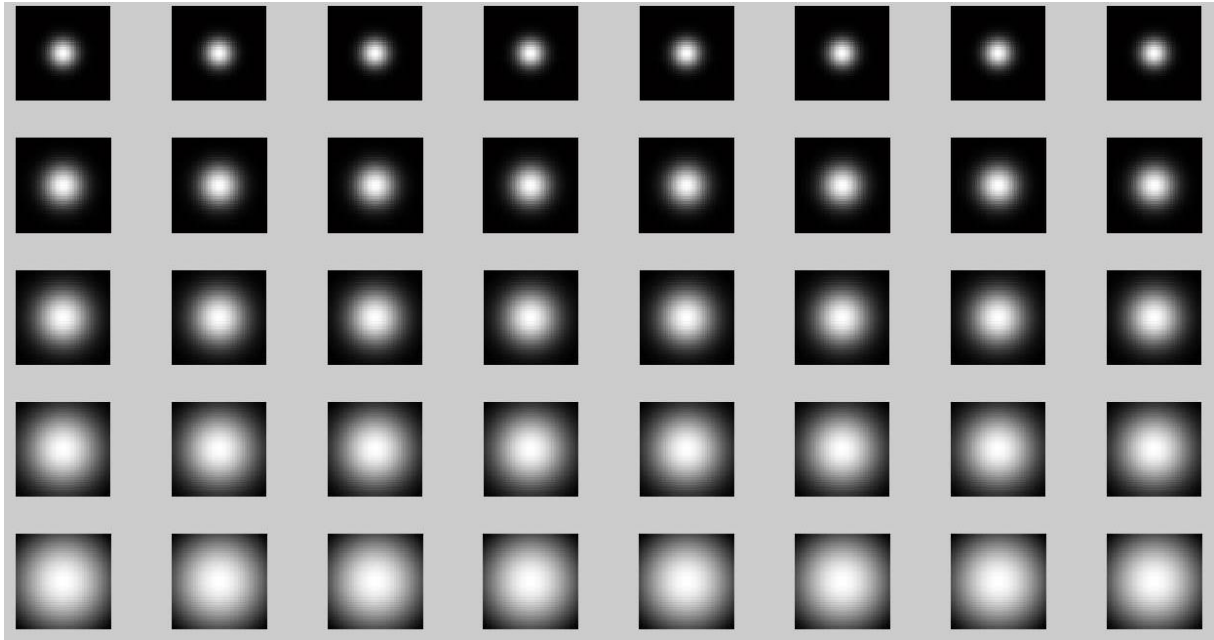
La puissance des filtres de Gabor pour la caractérisation de la texture revient au fait qu'ils isolent dans une image ; des constituantes très variées allant d'objets nettement définis jusqu'à de fins détails d'orientation particulière. Ceci, suite au changement de deux paramètres : la fréquence ainsi que l'orientation.

Les filtres de Gabor sont un type de filtrage passe-bande et conservent l'information prise sur le spectre d'une image via la bande de fréquence sélectionnée. En effet, ces filtres analysent des propriétés locales au sein d'une région d'intérêt extraite à partir de l'image. 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 [55] où chacun se retrouvera centré sur une fréquence et une orientation avec l'ultime but de couvrir parfaitement l'intégralité du domaine fréquentiel. En effet, tout pixel de l'image générera une réponse pour chaque filtre.

En ce qui concerne le processus de la classification, nous cherchons la relation existante entre les réponses données par les filtres de Gabor relatives à chacune des régions d'intérêt. Nous exposons sur la figure l'application des filtres de Gabor sur une tumeur 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.

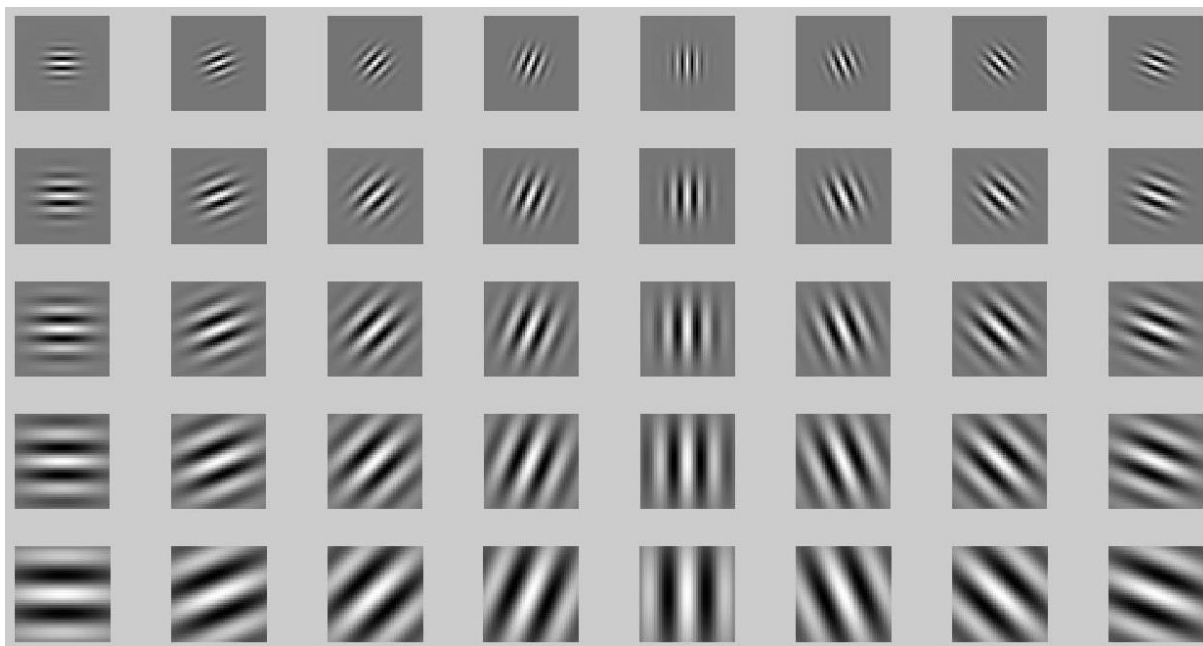
Nous avons appliqué une banque des filtres de Gabor avec une taille de 39 x 39 selon 5 fréquences et 8 orientations comme mentionné sur la figure III.7 :



**Figure III.7** Les divers filtres de Gabor appliqués dans le domaine fréquentiel.

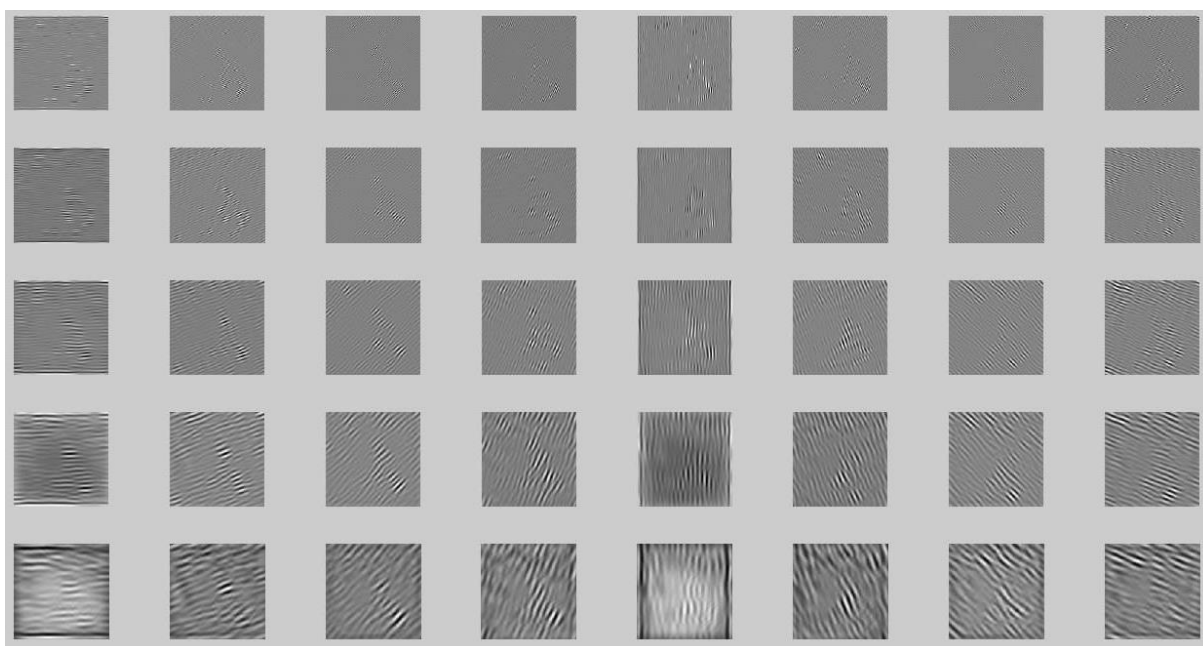
Suite à l'utilisation d'un ensemble riche en variation de filtres de Gabor, ceci permettra une couverture plus étendue de l'espace fréquentiel en détectant davantage d'orientations, et aboutir donc à l'extraction de tous les contours des régions d'intérêt.

La figure III.8, démontre la partie réelle de ces filtres.



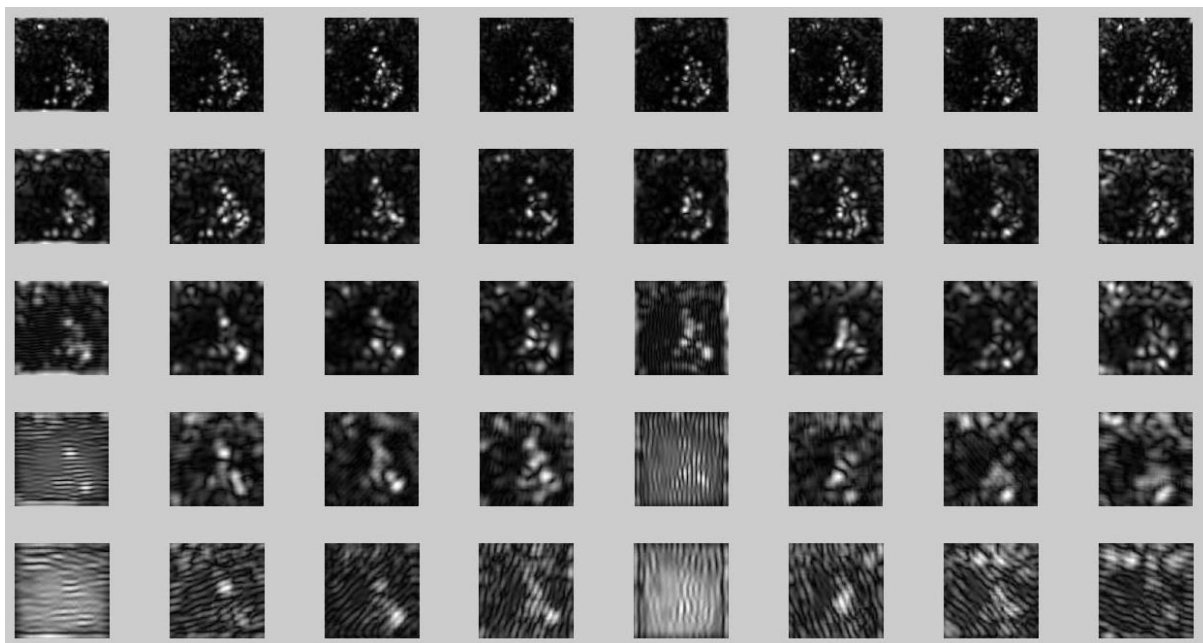
**Figure III.8** Parties réelles des filtres de Gabor utilisés.

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



**Figure III.9** Parties réelles des régions d'intérêt filtrées

A ce stade, nous allons exposer sur la figure III.10, la magnitude de la réponse des régions d'intérêt filtrées.



**Figure III.10** Magnitude de la réponse du filtre de Gabor suite à la convolution de la tumeur maligne avec une banque de filtres de Gabor.

Pour toutes les sorties du filtre, un calcul de statistiques locales est effectué et le vecteur de descripteurs texturaux est obtenu par combinaison de ces statistiques comme mentionné dans [56].

- **Processus d'apprentissage automatique basé SVM**

Les SVM sont un algorithme de reconnaissance statistique basé sur le principe de la maximisation des intervalles, qui ont de bonnes performances de généralisation, en particulier, pour les tâches de reconnaissance de formes avec de petits échantillons [48].

En effet, cet algorithme mappe des vecteurs de descripteurs linéairement inséparables dans des dimensions élevées, de sorte que les vecteurs de caractéristiques soient linéairement séparables dans des espaces de grande dimension. Une bonne capacité de généralisation pourrait assurer une plus grande précision de classification lorsqu'il y a moins d'échantillons d'apprentissage [48]. La généralisation a un rôle crucial celui de faire recours à l'overfitting : lorsque les paramètres  $q$  produisent une fonction  $f$  qui est très précise pour les données d'apprentissage mais qui ne se généralise pas bien aux données de test.

Le processus de classification consiste en 2 phases : l'entraînement et les tests. Dans la phase d'entraînement, un modèle est construit qui mappe les caractéristiques extraites des données pointes vers des étiquettes ou des classes. Le modèle est ensuite utilisé pour déterminer la classe des données non étiquetées dans la phase de test [48].

### III.5 Schéma résumant l'approche proposée

Les modèles d'apprentissage profond conçus jusqu'à présent ne sont toujours pas en mesure de traiter le problème de classification multi classe. Les modèles fonctionnent généralement mieux pour la classification binaire mais réduisent leur précision lorsqu'il s'agit de problèmes de multi-classification. En effet, nous allons nous baser sur une classification binaire des tumeurs cérébrales en : gliome ou méningiome [25]. Nous présentons sur la figure III.11 un schéma du pipeline de pronostic automatique des tumeurs cérébrales.

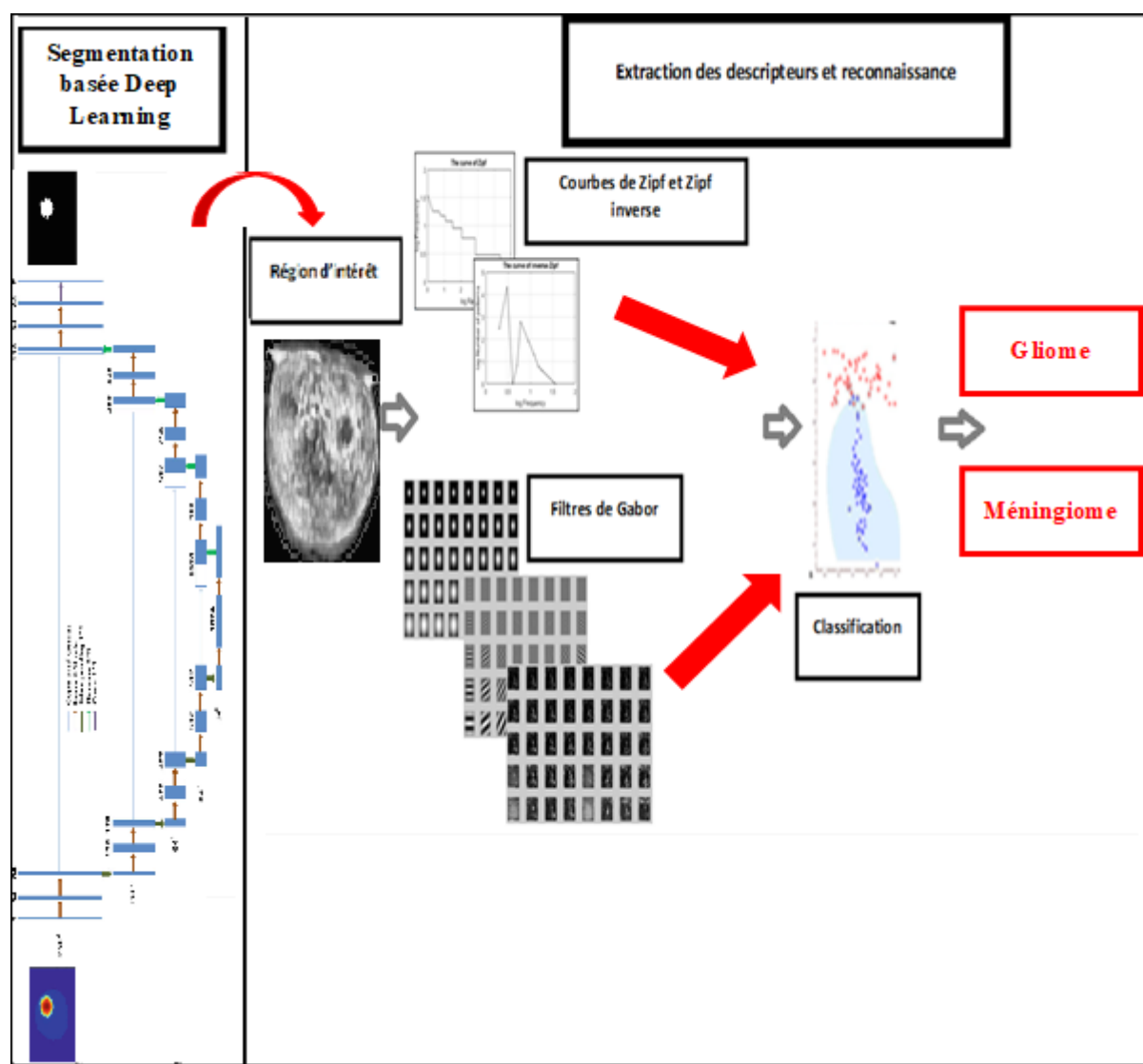


Figure III.11 Schémas du pipeline de pronostic automatique des tumeurs cérébrales.

### **III.6 Conclusion**

Nous avons détaillé l'approche proposée de pronostic automatique des tumeurs cérébrales. En effet, nous avons établi les pipelines de segmentation ainsi que de classification de ces tumeurs.

Dans le chapitre suivant, une validation de notre approche ainsi que la comparaison de ses performances avec les performances de l'état de l'art aura lieu malgré les difficultés du processus de comparaison vu que les chercheurs utilisent diverses bases de données d'IRM cérébrales ainsi que la différence du nombre d'RM utilisées durant l'apprentissage et le test.

## **Chapitre IV :**

Evaluation des résultats obtenus par l'approche  
proposée

## **VI.1. Introduction**

Comme expliqué dans le chapitre précédent, notre modèle comporte cinq étapes. Ainsi, dans ce chapitre, nous allons expliquer le dernier, expliquer les outils utilisés et le code de programmation pour chaque étape. Enfin, nous discuterons des résultats obtenus.

## **VI.2. Outils Utilisés Et Environnement De Développement**

### **VI.2.1 Langage Python**

Python est un langage de programmation interprété de haut niveau et une programmation orientée objet, développé par Python Software Foundation. Sa mise en œuvre a commencé en décembre 1989. Python a été créé par Guido van Rossum. C'est un langage facilement lisible. Python a plusieurs versions de Python 2.x ou Python 3.x. Nous avons utilisé la dernière version de Python 3.8 [57]

#### **VI.2.1.1 Pourquoi Python**

Il est facile de travailler avec et d'avoir accès à des bibliothèques de haute qualité. Il est le plus utilisé dans le domaine de l'intelligence artificielle et de l'apprentissage automatique. Pandas, image-Net, pascal et mlxtend prennent tous en charge Python. Ses interprètes sont disponibles pour de nombreux systèmes d'exploitation. C'est-à-dire que les bibliothèques les plus célèbres dans le domaine de l'intelligence artificielle sont créées par Python comme cv2 et Scikit-learn. Scikit-learn guides pour utiliser le langage Python ; bien qu'il existe d'autres langages de programmation utilisent ces bibliothèques, mais ce n'est pas aussi efficace que Python. [57]

### **VI.2.2 Kaggle**

Kaggle, une filiale de Google LLC, est une communauté en ligne de data scientists et de praticiens de l'apprentissage automatique. Kaggle permet aux utilisateurs de rechercher et de publier des ensembles de données, d'explorer et de créer des modèles dans un environnement de science des données basé sur le Web, de travailler avec d'autres scientifiques des données et ingénieurs en apprentissage automatique et de participer à des concours pour résoudre les défis de la science des données.

Faites-nous une faveur Kaggle Kernels et c'est un atelier basé sur le cloud pour la science des données et l'apprentissage automatique. Permet aux data scientists de partager du code et des analyses en Python

### **VI.2.3 Torche**

Le package torche contient des structures de données pour les tenseurs multidimensionnels et définit des opérations mathématiques sur ces tenseurs. De plus, il fournit de nombreux utilitaires pour une sérialisation efficace des Tensors et des types arbitraires, ainsi que d'autres utilitaires utiles.

### **VI.2.4 Numpy**

NumPy est une bibliothèque pour le langage de programmation Python qui permet plus de stockage de données avec moins de mémoire. Avec un tableau multidimensionnel et d'autres ressources, NumPy permet aux programmeurs Python de stocker des nombres efficacement.

### **VI.2.5 Scikit-learn**

Scikit-learn est une bibliothèque en Python qui fournit de nombreux algorithmes d'apprentissage non supervisés et supervisés. Il s'appuie sur certaines des technologies que vous connaissez peut-être déjà, comme NumPy, les pandas et Matplotlib, y compris également la fonctionnalité SVM pour la classification. [59]

### **VI.2.6 OpenCV**

OpenCV (Open Source Computer Vision Library) est une bibliothèque de logiciels open source de vision par ordinateur et d'apprentissage automatique. OpenCV a été conçu pour fournir une infrastructure commune pour les applications de vision par ordinateur et pour accélérer l'utilisation de la perception machine dans les produits commerciaux. Étant un produit sous licence BSD, OpenCV permet aux entreprises d'utiliser et de modifier facilement le code [60]

## VI.2.7 Environnement de développement

- GPU: 1xTesla P100 , ayant 3584 CUDA cores, 16GB GDDR6 VRAM (Kaggle GPU)
- CPU: Intel Core i7-5600U CPU @ 2.60GHz, 16GO RAM (Laptop Dell Latitude E7450)

## VI.3 Les Mesures de Performances Utilisees

Après avoir implémenté le modèle et obtenu des résultats sous forme de classe ou de probabilité, la prochaine étape consiste à détecter l'efficacité du modèle basé sur diverses métriques à l'aide des ensembles de données de test. Certaines mesures de performance sont utilisées pour préciser divers algorithmes d'apprentissage automatique. Le choix de la bonne métrique est très important car cela affecte les performances de l'algorithme d'apprentissage automatique.

### VI.3.1 Matrice de Confusion

La matrice de confusion est la métrique la plus simple et intuitive utilisée pour trouver la précision du modèle. Le principal utilisé est pour le problème de classification où la sortie peut être de deux ou plusieurs types de classes.

CM est un tableau à deux dimensions (« Prédit » et « Réel ») et des groupes de « classes » dans les deux dimensions. Nos catégories Prédites sont des lignes et les classifications réelles sont des colonnes. CM en soi n'est pas une mesure de performance en tant que telle, mais presque toutes les mesures de performance sont basées sur la matrice de confusion et les chiffres qu'elle contient.

|           |              | Actual       |              |
|-----------|--------------|--------------|--------------|
|           |              | Positives(1) | Negatives(0) |
| Predicted | Positives(1) | TP           | FP           |
|           | Negatives(0) | FN           | TN           |

**Figure VI.1** : Matrice de Confusion

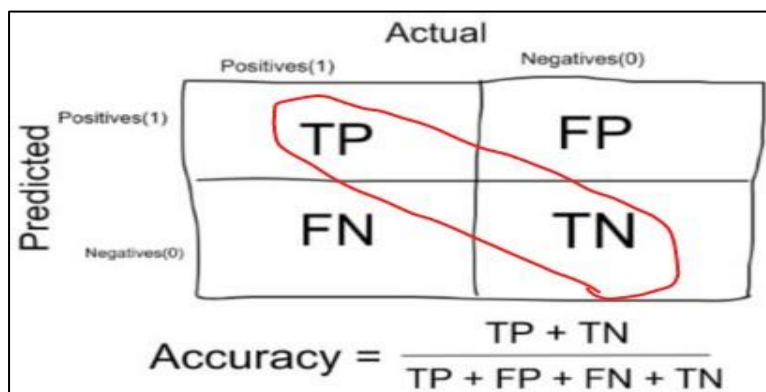
### VI.3.1.1 Matrice de Confusion Termes

- **Faux Négatifs (FN)** : les faux négatifs sont les cas où la classe réelle du point de données était 1 (Vrai) et la prédite est 0 (Faux). Faux est parce que le modèle a prédit de manière incorrecte et négative parce que la classe prédite était négative (0).
- **Vrais Positifs (TP)** : les vrais positifs sont les cas où la classe réelle du point de données était 1 (Vrai) et la prédite est également 1 (Vrai)
- **Faux Positifs (FP)** : les faux positifs sont les cas où la classe réelle du point de données était 0 (False) et la valeur prédite est 1 (True). Faux est parce que le modèle a prédit de manière incorrecte et positive parce que la classe prédite était positive (1)
- **Vrais Négatifs (TN)** : les vrais négatifs sont les cas où la classe réelle du point de données était 0 (Faux) et la valeur prédite est également 0 (Faux). [62]

### VI.3.2 Métriques d'évaluation du Classificateur

#### VI.3.2.1 Accuracy

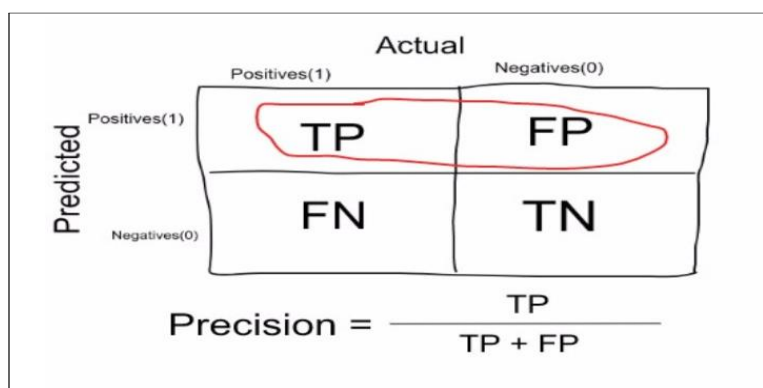
Accuracy dans les problèmes de classification est le nombre de prédictions correctes faites par le modèle sur toutes sortes de prédictions faites.[62]



**Figure VI.2:** Formule de Accuracy

### VI.3.2.2 Précision

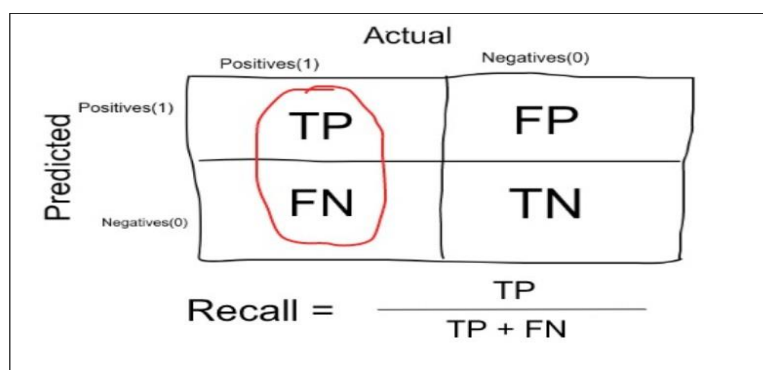
La précision est une mesure basée sur la CM qui nous indique quelle proportion de patients que nous avons diagnostiqués comme ayant un cancer et qui ont effectivement eu un cancer. Les positifs prédits (les personnes prédites comme cancéreuses sont TP et FP) et les personnes ayant réellement un cancer sont TP. [62]



**Figure VI.3 :** Formule de précision

### VI.3.2.3 Rappeler

Le rappel est une mesure qui nous indique quelle proportion de patients qui ont réellement eu un cancer a été diagnostiquée par l'algorithme comme ayant un cancer. Les vrais positifs (les personnes atteintes d'un cancer sont TP et FN) et les personnes diagnostiquées par le modèle ayant un cancer sont TP. (Remarque : FN est inclus parce que la personne avait en fait un cancer même si le modèle avait prédit le contraire). [62]



**Figure VI.4 :** Formule de Rappel

### VI.3.2.4 Spécificité

La spécificité est une mesure qui nous dit quelle proportion de patients qui n'avaient PAS de cancer, ont été prédits par le modèle comme non cancéreux. Les négatifs réels (les personnes qui n'ont pas de cancer en fait sont FP et TN) et les personnes diagnostiquées par nous n'ayant pas de cancer sont TN. (Remarque : la PF est incluse parce que la personne n'avait PAS réellement de cancer, même si le modèle prédit que la spécificité est l'exact opposé du rappel. [62])

|           |              | Actual       |              |
|-----------|--------------|--------------|--------------|
|           |              | Positives(1) | Negatives(0) |
| Predicted | Positives(1) | TP           | FP           |
|           | Negatives(0) | FN           | TN           |

$$\text{Specificity} = \frac{\text{TN}}{\text{TN} + \text{FP}}$$

Figure VI.5 : Formule de Spécificité

### VI.3.2.5 Score de dice

Le coefficient de similarité Dice, également connu sous le nom d'indice Sorensen-Dice ou simplement coefficient Dice, est un outil statistique qui mesure la similarité entre deux ensembles de données. Cet index est sans doute devenu l'outil le plus largement utilisé dans la validation des algorithmes de segmentation d'images créés avec l'IA

$$Dice = \frac{2 \times TP}{(TP + FP) + (TP + FN)}$$

Figure VI.6 : Formule de dice

### VI.3.2.6 Le score F1

Le score F1 est un nombre compris entre 0 et 1 et est la moyenne harmonique de précision et de rappel. [66]

$$F_1 = 2 * \frac{\text{precision} * \text{recall}}{\text{precision} + \text{recall}}$$

Figure VI.7 : Formule de Score F1

### VI.4 Evaluation des résultats de la segmentation des tumeurs cérébrales

En appliquant la segmentation à l'aide de U-net, nous avons obtenu de très bons résultats, représentés par Accuracy = 99%

La figure représente la fonction de la Accuracy d'entraînement sur l'époque :

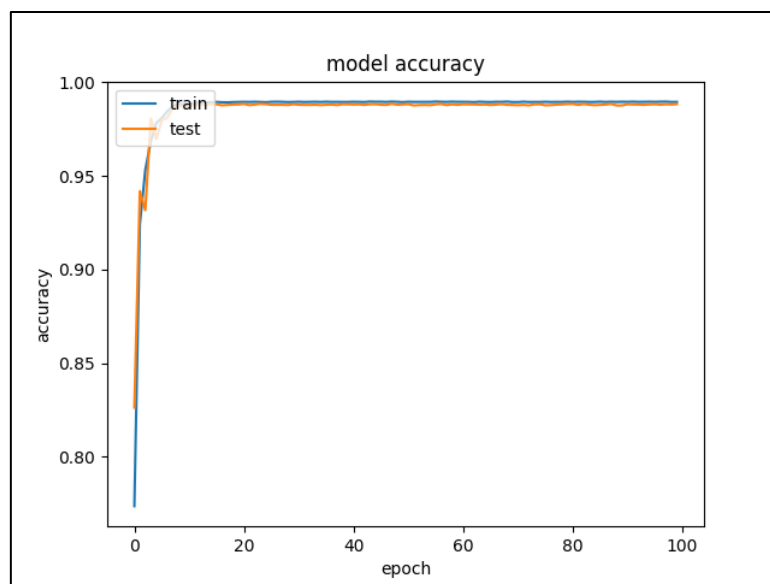


Figure VI.8 : model accuracy

La figure représente la fonction de loss d'entraînement sur l'époque

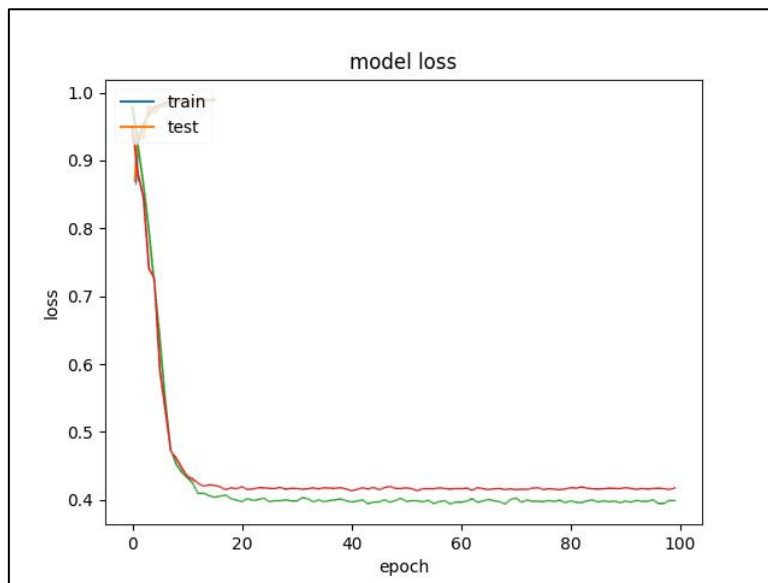


Figure VI.9 : model loss

Voici un exemple du résultat du segmentation d'une image :

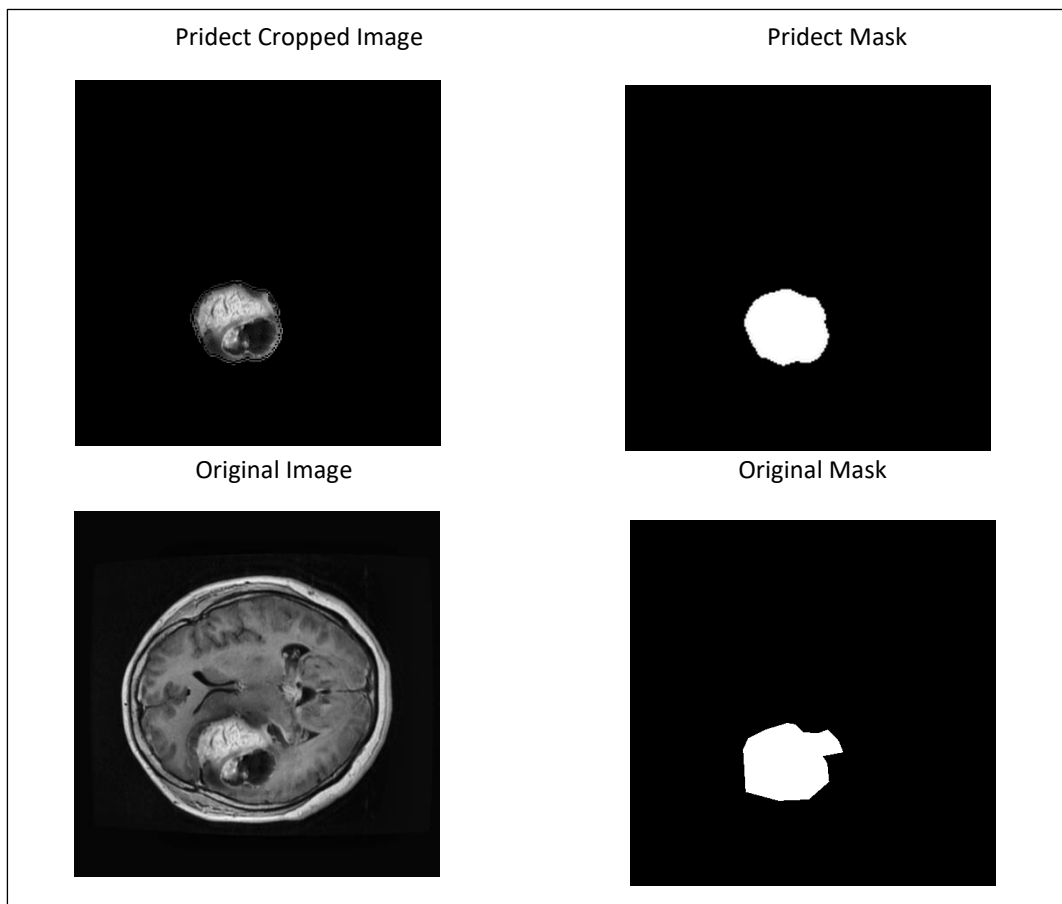


Figure VI.10 exemple de Segmentation

## VI.5 Evaluation de l'approche proposée de classification des tumeurs cérébrale

Tout d'abord, nous avons divisé le dataset en deux parties. La première partie pour entraîner le modèle et la deuxième partie pour valider la précision du modèle, où 90% des échantillons du train pour formation et 10% pour la validation,

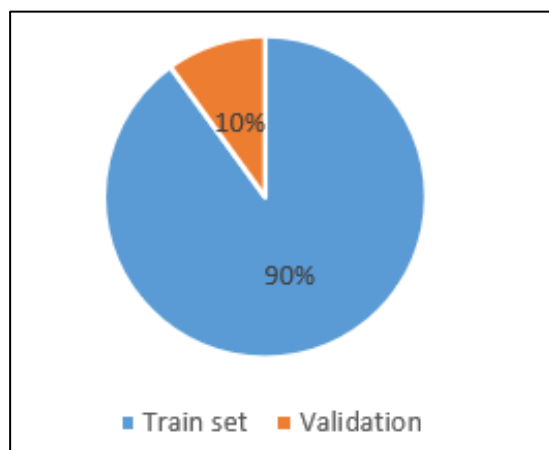


Figure VI.11 Diviser dataset dans train et validation

### VI.5.1 Évaluer de classification avec SVM

L'évaluation des classificateurs binaires compare deux méthodes d'attribution d'un attribut binaire, dont l'une est généralement une méthode standard et l'autre est à l'étude. Il existe de nombreuses métriques qui peuvent être utilisées pour mesurer les performances d'un classificateur ou d'un prédicteur ; différents champs ont des préférences différentes pour des métriques spécifiques en raison d'objectifs différents. Par exemple, en médecine, la sensibilité et la spécificité sont souvent utilisées, tandis qu'en informatique, la précision et le rappel sont préférés. Il existe une distinction importante entre les métriques indépendantes de la prévalence et les métriques qui dépendent de la prévalence - les deux types sont utiles, mais ils ont des propriétés très différentes.

Nous avons fait de la formation sur un large éventail de variables

Nous avons essayé à partir des valeurs  $C = [0.1, 1, 10, 100, 1000]$  et des valeurs de  $\gamma = [10, 1, 0.1, 0.01, 0.001, 0.0001]$  et de tous les kernel de SVM (linear, poly, rbf, sigmoid)

Nous avons obtenu une précision de classification de 87% avec les valeurs suivantes {'C': 10, 'gamma': 0.1, 'kernel': 'rbf'}, ce qui est le meilleur.

### VI.5.2 L'interface Système

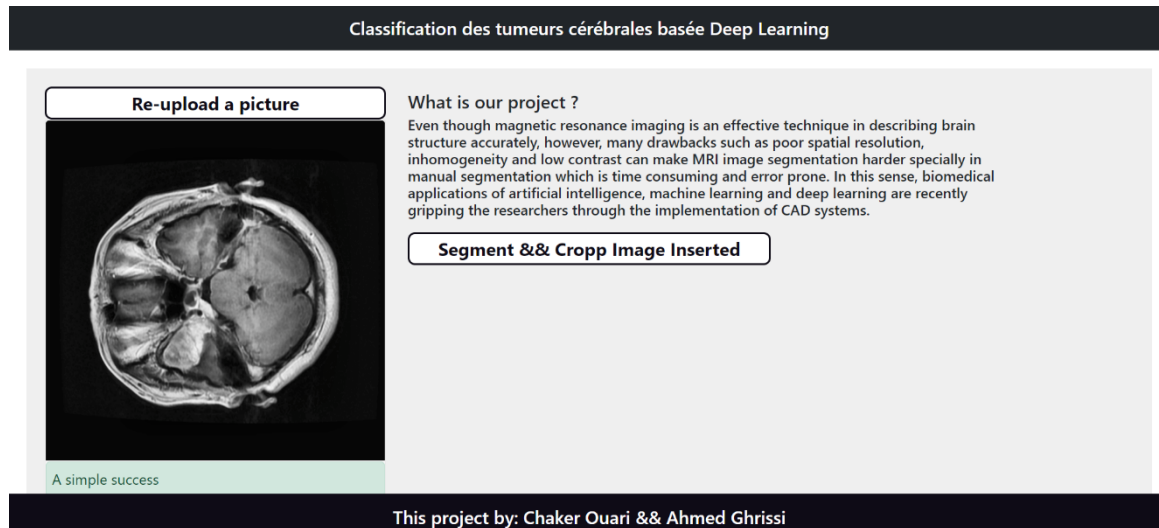


Figure VI.12 L'interface principale

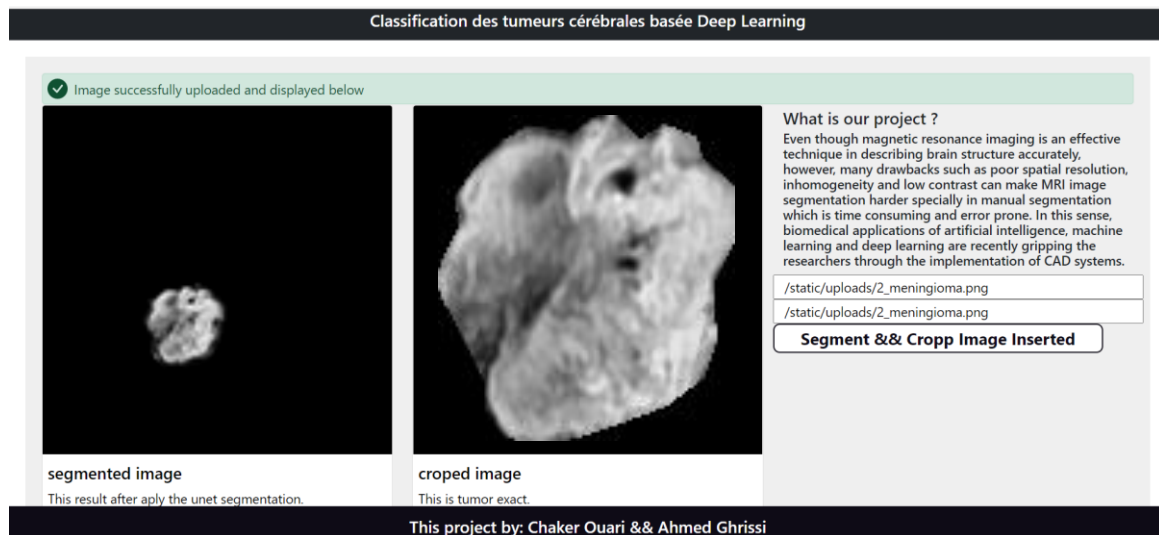


Figure VI.13 L'interface de la Segmentation

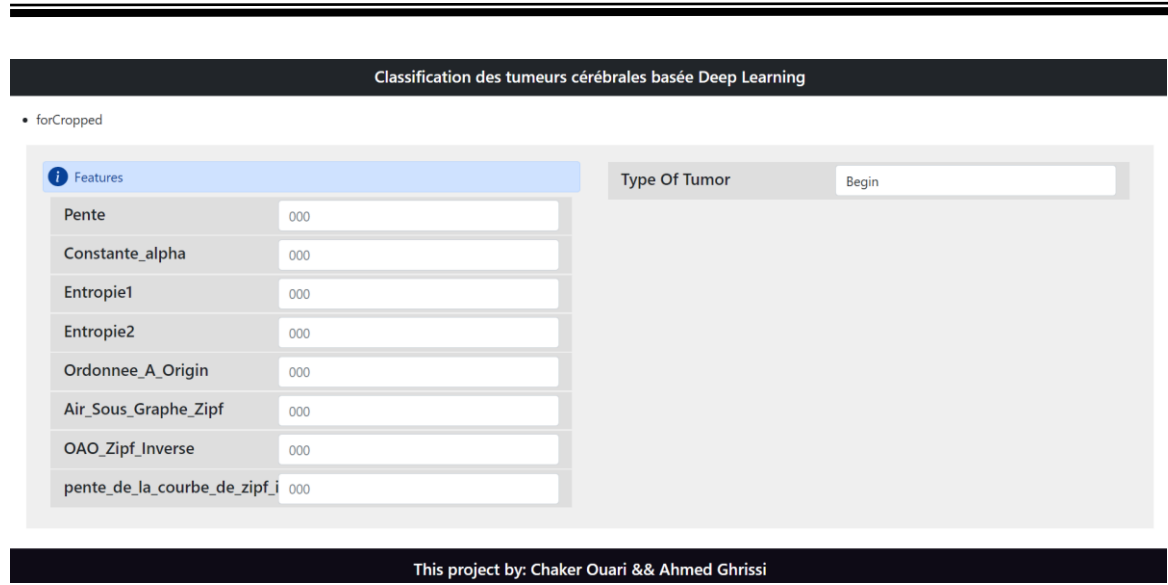


Figure VI.14 L'interface de la résultat

## **VI.6 Conclusion**

Dans ce chapitre, nous avons expliqué le langage de programmation et ses outils qui ont été très utiles pour notre modèle. De plus, la mise en œuvre de chaque étape a été bien expliquée. De plus, nous essayons tous les noyaux SVM qui nous donnent un résultat différent et le meilleur choix a été le noyau linéaire (87%). En fin de compte, nous avons discuté des résultats obtenus.

## **Conclusion générale**

Le diagnostic des tumeurs cérébrales, s'il est effectué par erreur, peut entraîner des erreurs d'intervention médicale et peut donc réduire les chances de survie du patient [26]. En effet, c'est une tâche fastidieuse et chronophage de segmenter manuellement les tumeurs cérébrales à partir d'un grand nombre d'images IRM. Par conséquent, la classification de la tumeur cérébrale demeure trop compliquée pour les radiologues et les cliniciens.

Dans ce sens, des techniques assistées par ordinateur ont été utilisées pour soutenir les décisions et le diagnostic précis, spécialement, les modèles d'apprentissage en profondeur qui sont de plus en plus adoptés à la place des modèles traditionnels d'apprentissage supervisé en raison de leurs avantages inhérents.

En effet, des études récentes ont montré des résultats prometteurs par l'application de l'IA pour détecter directement la présence et le type de tumeur cérébrale à partir des images médicales, réduisant ainsi les interventions humaines et les délais. Donc, l'expertise manuelle, sujette aux erreurs et à la consommation de temps, peut être évitée [26].

Avec les progrès rapides de la technologie d'imagerie électronique, il y avait un intérêt croissant pour le développement de systèmes CAD de diagnostic assisté par ordinateur pour améliorer le service médical.

Bien que ces systèmes ne puissent pas complètement remplacer les médecins humains pour la détection/le diagnostic en pratique clinique, les résultats analytiques aideront les médecins à fournir des fonctionnalités pour le diagnostic, le traitement ainsi qu'un suivi adéquat.

## Bibliographie

- [1] <https://www.journaldunet.fr/web-tech/dictionnaire-de-l-iot/1489513-computer-vision-definition-et-applications-de-la-vision-par-ordinateur/>
- [2] Boucher, A. (2013). Recalage Et Analyse D'un Couple D'images: Application Aux
- [3] Dipert, B. Shoham, A.(2012). Eye, Robot: Embedded Vision, The Next Big Thing
- [4] I.T. Young, J.J. Gerbrands Et L.J. Van Vliet « Fundamentals Of Image Processing»
- [5] <https://www.elementai.com/fr/news/2019/apprentissage-profond-et-apprentissage-machine>
- [6] Maikel Mardjan , Machine Learning Version Gratuite Et Ouverte 1.0.1
- [7] Vladimir Nasteski , An Overview Of The Supervised Machine Learning Methods ,Article, University "St. Kliment Ohridski" – Bitola
- [8] <https://dataanalyticspost.com/lexique/svm/>  
Mammographies. Hèse De Doctorat. Université Paris Descartes
- [9] Ghennam Bochra , Les Reseaux De Neurone Convolutionnel (Cnn) Pour La Classification Des Images Associees Aux Places De Stationnement D'un Parc De Vehicule ,Memoire , Universite Djilali Bounaama Khemis Miliana
- [10] Di Cataldo, S. Ficarra, E. (2017). Mining Textural Knowledge In Biological Images: Applications, Méthodes Et Tendances. Journal De Biotechnologie Computationnelle Et Structurale. P. 56-67
- [11] Deep Learning Yann Lecun, Yoshua Bengio Geoffrey Hinton.2015
- [12] 40 Apprentissage Profond De Python. Ivan Vasilev, Daniel Slater, Gianmario Spacagna, Pierre Roelants, Valentino Zocca. 2019
- [13] Remy Sun , Apprentissage Profond Et Acquisition De Representations Latentes De Sequences Peptidiques, Departement Informatique, Ens Rennes, Campus De Ker Lann, Bruz, France Sous La Direction De François Coste ,
- [14] Keiron O'shea And Ryan Nash , An Introduction To Convolutional Neural Networks,Article , Department Of Computer Science, Aberystwyth University, Ceredigion, SY23 3DB ,School Of Computing And Communications, Lancaster University, Lancashire, LA1
- [15] Saad Albawi , Tareq Abed Mohammed , Saad Alzawi, Understanding Of Aconvolutional Neural Network , Conference: The International Conference Onengineering And Technology 2017, At Antalya, Turkey

- [16] Tianyi Liu, Shuangfang Fang, Yuehui Zhao, Peng Wang, Jun Zhang ,  
Implementation Of training Convolutional Neural Networks ,Article , University Of  
Chinese Academy Of sciences, Beijing, China
- [17] <https://www.natural-solutions.eu/blog/la-reconnaissance-dimage-avec-les-reseaux-de-neurones-convolutifs>
- [18] Corentin Hardy , Contribution Au Developpement De L'apprentissage Profond Dans  
Les systemes Distribues , Thèse De Doctorat De , L'universite De Rennes 1  
Comue universite Bretagne Loire , E 8 Avril 2019
- [19] Dipert, B. Shoham, A.(2012). Eye, Robot: Embedded Vision, The Next Big Thing In  
Digital Signal Processing. Ieee Solid-State Circuits Magazine, Pp. 26–29.
- [20] Vincent Lorrain , Etude Et Conception De Circuits Innovants Exploitant Les  
Caracteristiques Des Nouvelles Technologies Memoires Resistives , These De Doctorat  
Del'universite Paris-Saclay Preparee A L'universite Paris-Sud
- [21] Joel Akeret, Generic U-Net Tensorflow Implementation For Image Segmentation:  
Jakeret/Tf\_Unet, 24 Décembre 2018
- [22] <https://datascientest.com/transfer-learning>
- [23] V. Sabitha, J. Nayak and P. Ramana Reddy, MRI brain tumor detection and  
classification using KPCA and KSVM, Materials Today: Proceedings,  
<https://doi.org/10.1016/j.matpr.2021.01.714>.
- [24] R. Yousef, G. Gupta, C.H. Vanipriya et al., A comparative study of different machine  
learning techniques for brain tumor analysis, Materials Today: Proceedings,  
<https://doi.org/10.1016/j.matpr.2021.03.303>
- [25] Nazir M, Shakil S, Khurshid K, Role of Deep Learning in Brain Tumor Detection and  
Classification (2015 to 2020): A Review, *Computerized Medical Imaging and Graphics*  
(2021), doi: <https://doi.org/10.1016/j.compmedimag.2021.101940>
- [26] Jyotishka Das, Suvadeep Ghosh, Rivu Chakraborty, and Ankita Pramanik. Chapter 16  
Deep Learning Based Classification of Brain Tumor Types from MRI Scans. *Advanced  
Machine Learning Approaches in Cancer Prognosis*, Intelligent Systems Reference  
Library 204, 2021
- [27] Minakshi Sharma and Neha Miglani. Automated Brain Tumor Segmentation  
in MRI Images Using Deep Learning: Overview, Challenges and Future. *Deep Learning  
Techniques for Biomedical and Health Informatics*, Studies in Big Data 68,  
[https://doi.org/10.1007/978-3-030-33966-1\\_16](https://doi.org/10.1007/978-3-030-33966-1_16). 2020

- [28] Arti Tiwari a , \*, Shilpa Srivastava b , Millie Pant. Brain tumor segmentation and classification from magnetic resonance images: Review of selected methods from 2014 to 2019. *Pattern Recognition Letters* 131 (2020) 244–260.
- [29] Anjali Wadhwa, Anuj Bhardwaj, Vivek Singh Verma. A review on brain tumor segmentation of MRI images. *Magnetic Resonance Imaging* 61 (2019) 247–259
- [30] Alan Baronio Menegotto and Silvio Cesar Cazella. Multimodal Deep Learning for Computer-Aided Detection and Diagnosis of Cancer: Theory and Applications. *Enhanced Telemedicine and e-Health, Studies in Fuzziness and Soft Computing* 410, [https://doi.org/10.1007/978-3-030-70111-6\\_13](https://doi.org/10.1007/978-3-030-70111-6_13) 2021
- [31] Dinthisrang Daimary, Mayur Bhargab Bora, Khwairakpam Amitab\_, Debdatta Kandar. Brain tumor segmentation from MRI images using Hybrid Convolutional Neural Networks. *Procedia Computer Science* 167 (2020) 2419–2428
- [32] A. M. Sarhan, ‘Brain Tumor Classification in Magnetic Resonance Images Using Deep Learning and Wavelet Transform’, *J. Biomed. Sci. Eng.*, vol. 13, no. 06, pp. 102–112, 2020, doi: 10.4236/jbise.2020.136010.
- [33] S. S. Begum and D. R. Lakshmi, ‘Combining optimal wavelet statistical texture and recurrent neural network for tumour detection and classification over MRI’, *Multimed. Tools Appl.*, vol. 79, no. 19–20, pp. 14009–14030, 2020, doi:10.1007/s11042-020-08643-w.
- [34] N.A. Ali, A.R. Syafeeza, L. J. Geok, Y. C. Wong, N. A. Hamid, and A. S. Jaafar, ‘Design of Automated Computer-Aided Classification of Brain Tumor Using Deep Learning’, Springer, Singapore, 2019, pp. 285–291.
- [35] K. Abbas, P.W. Khan, K.T. Ahmed, W.C. Song, ‘‘Automatic Brain Tumor Detection in Medical Imaging using Machine Learning,’’ *ICTC 2019 - 10th Int. Conf. ICT Converg. ICT Converg. Lead. Auton. Futur.*, pp. 531–536, 2019, doi: 10.1109/ICTC46691.2019.8939748.
- [36] A.N. Al-Zurfi, F. Meziane, R. Aspin, ‘‘A computer-aided diagnosis system for glioma grading using three-dimensional texture analysis and machine learning in mri brain tumour,’’ *BioSMART 2019 - Proc. 3rd Int. Conf. Bio-Engineering Smart Technol.*, pp. 1–5, 2019, doi: 10.1109/BIOSMART.2019.8734207.
- [37] B. El-Sherbiny et al., ‘‘BLB (Brain/Lung cancer detection and segmentation and Breast Dense calculation),’’ *Proc. IWDRL 2018 2018 1st Int. Work. Deep Represent. Learn.*, pp. 41–47, 2018, doi: 10.1109/IWDRL.2018.8358213.

- [38] R. Pugalenth, M.P. Rajakumar, J. Ramya, V. Rajinikanth, Evaluation and classification of the brain tumor MRI using machine learning technique, *Control Eng. Appl. Informatics* 21 (4) (2019) 12–21.
- [39] Nilesh Bhaskarrao Bahadure, Arun Kumar Ray, Har Pal Thethi, Image Analysis for MRI Based Brain Tumor Detection and Feature Extraction Using Biologically Inspired BWT and SVM, *Int. J. Biomed. Imaging* 2017 (2017) 1–12, <https://doi.org/10.1155/2017/9749108>.
- [40] A. Çınar and M. Yildirim, ‘Detection of tumors on brain MRI images using the hybrid convolutional neural network architecture’, *Med. Hypotheses*, vol. 139, no. March, p. 109684, 2020, doi: 10.1016/j.mehy.2020.109684
- [41] M. Toğaçar, B. Ergen, and Z. Cömert, ‘BrainMRNet: Brain tumor detection using magnetic resonance images with a novel convolutional neural network model’, *Med. Hypotheses*, vol. 134, p. 109531, Jan. 2020, doi: 10.1016/j.mehy.2019.109531.
- [42] S. A. Abdelaziz Ismael, A. Mohammed, and H. Hefny, ‘An enhanced deep learning approach for brain cancer MRI images classification using residual networks’, *Artif. Intell. Med.*, vol. 102, p. 101779, Jan. 2020, doi : 10.1016/j.artmed.2019.101779.
- [43] N. Ghassemi, A. Shoeibi, and M. Rouhani, ‘Biomedical Signal Processing and Control Deep neural network with generative adversarial networks pre-training for brain tumor classification based on MR images’, *Biomed. Signal Process. Control*, vol. 57, p. 101678, 2020, doi: 10.1016/j.bspc.2019.101678.
- [44] F. Özyurt, E. Sert, and D. Avcı, ‘An expert system for brain tumor detection: Fuzzy C-means with super resolution and convolutional neural network with extreme learning machine’, *Med. Hypotheses*, vol. 134, no. September 2019, p. 109433, Jan. 2020, doi: 10.1016/j.mehy.2019.109433.
- [45] Y. Bhanothu, A. Kamalakannan, and G. Rajamanickam, ‘Detection and Classification of Brain Tumor in MRI Images using Deep Convolutional Network’, *2020 6th Int. Conf. Adv. Comput. Commun. Syst. ICACCS 2020*, pp. 248–252, 2020, doi: 10.1109/ICACCS48705.2020.9074375.
- [46] M. H C, ‘Evaluation of Brain Tumor MRI Imaging Test Detection and Classification’, *Int. J. Res. Appl. Sci. Eng. Technol.*, vol. 8, no. 6, pp. 124–131, 2020, doi: 10.22214/ijraset.2020.6019.
- [47] C. Han *et al.*, ‘Infinite Brain MR Images: PGGAN-Based Data Augmentation for Tumor Detection’, Springer, Singapore, 2020, pp. 291–303.

- [48] Baoshi Chen , Lingling Zhang , Hongyan Chen , Kewei Liang , Xuzhu Chen. A novel extended Kalman filter with support vector machine based method for the automatic diagnosis and segmentation of brain tumors. *Computer Methods and Programs in Biomedicine* 200 (2021) 105797.
- [49] G. Ramkumar, R. Thandaiah Prabu, N. Phalguni Singh et al., Experimental analysis of brain tumor detection system using Machine learning approach, *Materials Today: Proceedings*, <https://doi.org/10.1016/j.matpr.2021.01.246>
- [50] Gökay Karayegen, Mehmet Feyzi Aksahin. Brain tumor prediction on MR images with semantic segmentation by using deep learning network and 3D imaging of tumor region. *Biomedical Signal Processing and Control* 66 (2021) 102458
- [51] Zahid Ullah, Muhammad Umar Farooq, Su-Hyun Lee, Donghyeok An. A hybrid image enhancement-based brain MRI images classification. *Technique. Medical Hypotheses* 143 (2020) 109922
- [52] Nicholas Cummins, Zhao Ren, Adria Mallol-Ragolta, Björn Schuller. Machine learning in digital health, recent trends, and ongoing challenges. CHAPTER. *Artificial Intelligence in Precision Health*. <https://doi.org/10.1016/B978-0-12-817133-2.00005-7.2020>.
- [53] Omar Sultan Al-Kadi. A GABOR FILTER TEXTURE ANALYSIS APPROACH FOR HISTOPATHOLOGICAL BRAIN TUMOUR SUBTYPE DISCRIMINATION. Preprint submitted to *ISESCO JST journal*, vol.12(22), 2017.
- [54] Meriem HAMOUD, Indexation et segmentation d'images basées loi de Zipf et Zipf inverse, mémoire de doctorat UNIVERSITY BADJI MOKHTAR-ANNABA 2015.
- [55] Belkacem ALLEL, Lyes MIHOUBI. Analyse de texture par les filtres de Gabor et Laws. *Mémoire de Master en Electronique*. 2014.
- [56] M. Haghghat, S. Zonouz, M. Abdel-Mottaleb, "CloudID: Trustworthy cloud-based and cross-enterprise biometric identification". *Expert Systems with Applications*, vol. 42, no. 21, pp. 7905-7916, 2015.
- [57] Python.org. "Welcome to Python.Org." Accessed September 18, 2020. <https://www.python.org/about/>.
- [59] "About Us — Scikit-Learn 0.23.2 Documentation." Accessed September 20, 2020. <https://scikit-learn.org/stable/about.html>.
- [60] "About." Accessed September 27, 2020. <https://opencv.org/about/>.
- [61] Aryal, Chudamani. "QUERY FOCUSED ABSTRACTIVE SUMMARIZATION

USING

NEURAL NETWORKS,” n.d., 119.

[62] “Performance Metrics for Classification Problems in Machine Learning | by Mohammed Sunasra | Medium.” Accessed September 27, 2020.

<https://medium.com/@MohammedS/performance-metrics-for-classification-problems-in-machine-learning-part-i-b085d432082b>.

[63] “The Classification Evaluation Metrics Every Data Scientist Must Know | by Rahul Agarwal | Towards Data Science.” Accessed September 5, 2020.

<https://towardsdatascience.com/the-5-classification-evaluation-metrics-you-must-know-aa97784ff226>