

الكلية متعددة التخصصات - ورزازات
+٥٢٤٦٠١٤ +٣٩٤٦٠٢٥٠٣
FACULTÉ POLYDISCIPLINAIRE DE OUARZAZATE



Master de recherche

Mathématique appliquer pour la science des données

Mémoire de Fin d'Etudes

Réalisé par :

FATIMA-ZOHRA JELLALI

Sous le Thème :

**Classification des tumeurs cérébrales à partir d'images
par résonance magnétique (IRM) en utilisant des
machines à vecteurs de support (SVM)**

Soutenu le 26 Juin 2024 devant le jury :

| | | |
|---------------------------|---|--------------|
| Prof.AKHLIL khalid | Faculté Polydisciplinaire de Ouarzazate | Encadrant |
| Prof.GAOU Salma | Faculté Polydisciplinaire de Ouarzazate | Examinateuse |
| Prof.TRIBAK Hicham | Faculté Polydisciplinaire de Ouarzazate | Examinateur |

Année Universitaire : 2023-2024

DEDICACES

Je dédie humblement ce travail et exprime ma profonde gratitude :

À mes chers parents

Vous êtes mes héros. Votre dévouement, vos sacrifices et votre persévérance ont été les moteurs qui m'ont poussé à aller de l'avant. Votre confiance en moi m'a donné la force de surmonter les obstacles et d'atteindre mes objectifs. Votre amour incommensurable a illuminé chaque pas de ma vie.

À mes chers frère et ma chère sœur

Vous êtes mes compagnons de vie et mes meilleurs amis. Votre présence joyeuse, votre encouragement constant et votre soutien inconditionnel m'ont donné la force de me dépasser. Nos liens indéfectibles sont une source infinie de bonheur et de réconfort.

À tous mes amis

Pour leur support moral et leur encouragement tout au long de mes études, bonne continuation et bon courage pour la suite.

À toute ma famille

Pour leur soutien tout au long de mon parcours universitaire.

Que ce travail soit l'accomplissement de vos voeux tant allégués, et le fruit de votre soutien infaillible.

Merci d'être toujours là pour moi

Remerciements

Avant d'entamer ce rapport, je tiens tout d'abord à exprimer ma profonde gratitude envers Allah, le Tout-Puissant et Miséricordieux, pour m'avoir accordé la force, le courage et la patience nécessaires à la réalisation de ce modeste travail.

Je souhaite également exprimer ma sincère reconnaissance envers mon encadrant, M.AKHLIL Khalid , pour ses précieux conseils, son assistance inestimable tout au long de cette période de travail, ainsi que pour son soutien constant et ses orientations.

Mes remerciements vont également à l'ensemble des membres honorables du jury, Mme.GAOU Salma, M.TRIBAK Hicham qui ont accepté d'évaluer ce travail avec bienveillance.

Je tiens à exprimer ma profonde gratitude à toute l'équipe pédagogique de la Faculté Polydisciplinaire de Ouarzazate (FPO). Votre engagement envers notre formation, votre dévouement sans faille, et votre capacité à nous inspirer tout au long de ce parcours académique ont été inestimables. Vous avez su créer un environnement d'apprentissage enrichissant et stimulant, et votre soutien constant a été essentiel à notre réussite. Merci pour votre temps, votre patience, et vos précieux enseignements.

Je tiens à remercier chaleureusement mes parents, mes frères et mes proches pour leur amour, leur soutien constant et leur encouragement indéfectible tout au long de mon parcours académique.

Enfin, je souhaite exprimer ma gratitude à mes amis pour leur présence et leur soutien précieux.

Résumé :

Les tumeurs cérébrales représentent une pathologie fréquente en neurologie, engendrant des lésions cérébrales qui peuvent être irréversibles voire même mortelles. Dans ce sens, l'IRM est principalement utilisée pour déterminer le degré et la position des tumeurs étendues en raison de son contraste remarquable. Cependant, le diagnostic manuel est inefficace et nécessite à la fois l'expertise et l'expérience du radiologue. Le but de ce projet est d'implémenter un système d'aide au diagnostic des tumeurs cérébrales en utilisant Flask et les deux architectures du machine à vecteur de support SVM : One-vs-One et One-vs-Rest. On a ensuite appliqué la méthode de grid search pour trouver le meilleur hyperparamètre pour la classification. Les modèles ont été entraînés et évalués sur un jeu de données composé de 7023 images d'examens IRM, réparties de manière équitable entre quatre catégories distinctes : sain, tumeur gliome, tumeur méningiome et adénome hypophysaire. Pour l'entraînement, 80% des données ont été utilisées, tandis que 20% ont été réservées pour les tests. Les résultats obtenus mettent en évidence que les deux architectures fournissent des performances quasi-similaires en termes d'accuracy, atteignant un taux de réussite de 94%.

Les mots clés : Les tumeurs cérébrale, IRM, Flask, SVM, One-vs-One, One-vs-Rest, grid search.

Abstract :

Brain tumors are a common pathology in neurology, causing brain lesions that can be irreversible or even fatal. In this regard, MRI is primarily used to determine the extent and position of extended tumors due to its remarkable contrast. However, manual diagnosis is ineffective and requires both expertise and experience from the radiologist. The aim of this project is to implement a brain tumor diagnostic aid system using Flask and the two architectures of the support vector machine (SVM) : One-vs-One and One-vs-Rest. The grid search method was then applied to find the best hyperparameter for classification. The models were trained and evaluated on a dataset consisting of 7023 MRI examination images, evenly distributed among four distinct categories : healthy, glioma tumor, meningioma tumor, and pituitary adenoma. For training, 80% of the data were used, while 20% were reserved for testing. The results indicate that both architectures provide nearly similar performances in terms of accuracy, achieving a success rate of 94%.

Keywords : Brain tumors, MRI, Flask, SVM, One-vs-One, One-vs-Rest, grid search.

Table des matières

| | |
|--|----------|
| Table des matières | 4 |
| Table des figures | 7 |
| Introduction générale | 9 |
| Chapitre 1 : Généralités sur la classification des tumeurs cérébrales : contexte clinique et état de l'art | 11 |
| 1. Introduction : | 11 |
| 2. Le cerveau : | 11 |
| 2.1 Anatomie du cerveau : | 11 |
| 2.1.1 Le cerveau antérieur : | 12 |
| 2.1.2 Le tronc cérébral : | 13 |
| 2.1.3 Cervelet : | 14 |
| 2.1.4 Diencéphale : | 15 |
| 2.2 Les couches du cerveau : | 15 |
| 3. Tumeurs cérébrales : | 16 |
| 3.1 Les tumeurs primaires : | 17 |
| 3.2 Les tumeurs métastatiques : | 17 |
| 3.3 Tumeurs cérébrales bénignes et tumeurs cérébrales malignes : | 18 |
| 3.3.1 Tumeurs cérébrales bénignes : | 18 |
| 3.3.2 Tumeurs cérébrales malignes : | 19 |
| 3.4 Classification des Tumeurs Cérébrales | 19 |
| 4. Imagerie par résonance magnétique (IRM) : | 21 |
| 4.1 Définition des IRM : | 21 |
| 4.2 Principales composantes d'IRM : | 22 |
| 4.3 Le phénomène de résonance magnétique nucléaire : | 23 |
| 4.4 Principe de Fonctionnement : | 23 |
| 4.5 Les avantages de l'IRM : | 24 |
| 4.6 Les inconvénients de l'IRM : | 24 |
| 5. Intelligence Artificielle (AI) : | 24 |
| 5.1 Historique : | 25 |
| 5.2 Définition : | 25 |
| 5.3 Les domaines de l'intelligence artificielle : | 26 |

| | | |
|-------|---|----|
| 5.4 | L'intelligence artificielle dans le secteur de santé : | 27 |
| 6. | Machine Learning (apprentissage automatique) : | 27 |
| 6.1 | Types d'apprentissage automatique : | 28 |
| 6.1.1 | Apprentissage Supervisé (Supervised Learning) : | 28 |
| 6.1.2 | Apprentissage Non supervisé (unsupervised Learning) : | 29 |
| 6.1.3 | L'apprentissage renforcé (Reinforcement learning) : | 29 |
| 6.2 | Les avantage de Machine Learning dans le domaine du sante : | 29 |
| 7. | Le Deep Learning (apprentissage profond) : | 30 |
| 7.1 | Le fonctionnement de Deep Learning : | 31 |
| 7.2 | Caractéristiques de Le Deep Learning : | 31 |
| 8. | Travaux antérieurs : | 32 |
| 9. | Conclusion : | 36 |
| | Chapitre 2 : Support Vector Machine | 37 |
| 1. | Introduction : | 37 |
| 2. | Notions de base : | 37 |
| 2.1 | Hyperplan : | 37 |
| 2.2 | Support vecteur (vecteurs de support) : | 37 |
| 2.3 | Marge : | 38 |
| 3. | Types de Frontières : | 38 |
| 4. | Le principe des SVMs : | 39 |
| 4.1 | Le SVM Linéaire : | 39 |
| 4.1.1 | Le cas linéairement séparable : | 39 |
| 4.2 | Le SVM non Linéaire : | 41 |
| 4.2.1 | Le cas non linéairement séparable : | 41 |
| 4.2.2 | Fonction noyau (kern) : | 42 |
| 4.3 | Les SVM multi classes : | 43 |
| 4.3.1 | Un contre tous (one vs. the other) : | 43 |
| 4.3.2 | Un contre un (one vs. one) : | 44 |
| 5. | Avantages et inconvénients du SVM : | 45 |
| 5.1 | Les avantages : | 45 |
| 5.2 | Les inconvénients : | 45 |
| 6. | Les domaines d'applications : | 46 |
| 7. | Conclusion : | 46 |
| | Chapitre 3 : Méthodologie,implémentation et résultats : | 47 |
| 1. | Introduction : | 47 |
| 2. | Environnement de travail : | 47 |
| 2.1 | Ressource matériel : | 47 |
| 2.2 | Outils de programmation : | 47 |
| 2.3 | Bibliothéques utilisées : | 49 |

| | | |
|-------|--|-----------|
| 3. | Intérêt du notre travail : | 50 |
| 4. | La base de données utilisée : | 50 |
| 5. | Mesures de performance utilisées : | 51 |
| 5.1 | Matrice de Confusion : | 51 |
| 5.2 | Précision de la classification (Accuracy) : | 51 |
| 5.3 | Précision (Precision) : | 52 |
| 5.4 | Rappel (Recall) : | 52 |
| 5.5 | F-mesure (F1-score) : | 52 |
| 6. | Les étapes d'implémentation de SVM : | 53 |
| 7. | Présentation du système : | 55 |
| 8. | Résultats et discussion : | 57 |
| 8.1 | Résultats du modèle trouvés : | 57 |
| 8.1.1 | Classification avec l'architecture un-contre-tous (One-vs-all) : | 57 |
| 8.1.2 | Classification avec l'architecture Un contre un (one vs. one) : | 60 |
| 9. | Les résultats du système : | 62 |
| 10. | Conclusion : | 63 |
| | Bibliographie | 66 |

Table des figures

| | | |
|----|--|----|
| 1 | Principale région du cerveau | 12 |
| 2 | Hémisphère cérébral | 12 |
| 3 | Les lobes externes du cerveau | 13 |
| 4 | Composants du tronc cérébral | 14 |
| 5 | Le cervelet | 15 |
| 6 | Diencéphale | 15 |
| 7 | Les couches du cerveau | 16 |
| 8 | Tumeur cérébrale | 17 |
| 9 | Tumeurs cérébrales - Gliomes | 20 |
| 10 | Tumeurs cérébrales -Méningiome | 20 |
| 11 | Tumeurs cérébrales -hypophysaire | 21 |
| 12 | Local informatique | 22 |
| 13 | Appareil IRM GE | 22 |
| 14 | L'intelligence artificielle et ses sous-domaines | 26 |
| 15 | Application de l'intelligence artificielle en medecine | 27 |
| 16 | Types de ML | 28 |
| 17 | Hyperplan séparant deux classes | 37 |
| 18 | Les vecteurs de support | 38 |
| 19 | Représentation de la marge | 38 |
| 20 | (A) linéairement séparable (B) non linéairement séparables | 39 |
| 21 | Principe du kernel | 42 |
| 22 | Principe Un contre tous | 44 |
| 23 | Principe Un contre un | 44 |
| 24 | Logo python | 47 |
| 25 | Logo Colab | 48 |
| 26 | Logo HTML | 48 |
| 27 | Logo Css | 48 |
| 28 | Logo flask | 49 |
| 29 | Logo NumPy | 49 |
| 30 | Logo Matplotlib | 49 |
| 31 | Logo OpenCv | 50 |
| 32 | Logo Scikit-learn | 50 |

| | | |
|----|--|----|
| 33 | Visualisation des données | 51 |
| 34 | La matrice de confusion. | 52 |
| 35 | Etapes d'implementation des SVMs | 53 |
| 36 | Les types de la technique d'augmentation des images. | 54 |
| 37 | Interface principale de système. | 56 |
| 38 | Interface présentant les fonctionnalités du système. | 57 |
| 39 | Courbe d'apprentissage du SVM un-contre-tous. | 58 |
| 40 | Matrice de confusion et rapport de classification du SVM un-contre-tous. | 58 |
| 41 | Courbe ROC et Precision-Recall multi-classes SVM un-contre-tous. | 59 |
| 42 | Résultat du test pour SVM one vs.all | 60 |
| 43 | Courbe d'apprentissage du SVM Un contre un. | 60 |
| 44 | Matrice de confusion et rapport de classification du SVM un-contre-un. | 61 |
| 45 | Courbe ROC et Precision-Recall multi-classes SVM un-contre-un. | 61 |
| 46 | Courbe ROC multi-classes SVM un-contre-un. | 62 |
| 47 | Détection en temps réel des Tumeurs Cérébrale. | 62 |
| 48 | Détection en temps réel des Tumeurs Cérébrale. | 63 |

Introduction Générale

Parmi les pathologies du siècle les plus dangereuses et qui se développent d'une façon rapide et agressive, il existe le cancer. Ce dernier est dû aux transformations des cellules saines en cellules anormales. Cette transformation se déroule dans une brève période et peut attaquer n'importe quel organe et notamment le cerveau.

Le cancer cérébral ou la tumeur cérébrale se situe à l'intérieur du cerveau et peut se propager d'une façon incontrôlable. De plus, elle peut prendre différentes formes : les plus connues sont les gliomes, les méningiomes et les hypophysaires. Qu'elle soit bénigne ou maligne, la pathologie peut attaquer les deux sexes, les enfants ainsi que les adultes. C'est une maladie qui est moins fréquente, mais elle demeure la plus mortelle.

De nombreux outils d'imagerie médicale permettent de traiter cette maladie. Néanmoins, l'imagerie par résonance magnétique (IRM) est la plus prometteuse et la plus conseillée dans le domaine médical, car elle permet de bien visualiser la tumeur, sa taille ainsi que son type.

En outre, le domaine médical est un domaine très sensible et complexe et la moindre erreur ou la moindre seconde perdue peut entraîner la perte du patient, c'est pourquoi ce domaine a besoin de ce qu'on appelle l'intelligence artificielle (IA). Cette dernière a révolutionné tous les secteurs.

L'IA a ouvert ses portes à de nombreux chercheurs pour développer des systèmes robustes qui vont permettre aux médecins de faciliter et accélérer la découverte de tumeurs en se basant sur le machine learning, en particulier les machines à vecteurs de support (SVM).

Ainsi, cette technologie ne va pas complètement remplacer l'humain, mais va plutôt aider les médecins ainsi que les radiologues à faire le diagnostic nécessaire selon le taux de progression tumorale.

À travers ce mémoire, nous allons proposer une solution qui permet la classification des tumeurs cérébrales en quatre classes (sain, tumeur méningiomme, tumeur gliome et adénome hypophysaire) en exploitant les images IRM fournies par les spécialistes.

Notre objectif est d'exploiter les avancées de l'intelligence artificielle et de l'apprentissage automatique afin d'améliorer la détection et la classification des tumeurs cérébrales à partir d'images médicales. Nous cherchons à développer un modèle automatisé et précis

qui peut aider les professionnels de la santé à diagnostiquer les tumeurs cérébrales de manière plus rapide et plus fiable. Les résultats de cette recherche auront un impact significatif sur le domaine médical en facilitant la détection précoce des tumeurs cérébrales, ce qui conduira à des traitements plus efficaces et à de meilleurs résultats cliniques pour les patients.

Le travail que nous avons mené s'articule autour de quatre chapitres :

- **Le premier chapitre** : Dans ce chapitre, nous nous penchons sur le contexte médical en abordant d'abord la nature des tumeurs cérébrales, puis en explorant l'imagerie par résonance magnétique (IRM) en tant qu'outil essentiel pour leur détection et leur suivi. Ensuite, nous examinons en détail les concepts clés du Machine Learning et leur pertinence dans le domaine de la santé, en mettant en évidence les applications potentielles de ces techniques pour améliorer les diagnostics et les soins aux patients. Enfin, nous passons en revue les travaux de recherche antérieurs dans ce domaine, afin de fournir un aperçu des avancées et des défis actuels dans la détection et la classification des tumeurs cérébrales.
- **Le deuxième chapitre** : consacré aux Machines à Vecteurs de Support (SVM) nous a initiés à une méthode d'apprentissage supervisé utilisée pour résoudre des problèmes de classification et de régression. Nous avons exploré les principes de base des SVM, y compris leur objectif de trouver un hyperplan séparateur optimal entre différentes classes de données. En outre, nous avons survolé les différents types de frontières de décision générées par les SVM en fonction de la dimensionnalité des données. Enfin, nous avons examiné brièvement les avantages, les inconvénients et les domaines d'application des SVM, offrant ainsi un aperçu général de cette méthode d'apprentissage.
- **Le troisième chapitre** : Ce chapitre se penchera sur la méthodologie de recherche et la mise en œuvre pratique de modèles de classification. On décrira l'environnement de travail, notamment la base de données utilisée, le matériel, les outils de programmation et les bibliothèques. On expliquera comment on a conçu et implémenté des modèles de classification en utilisant les principes de machine learning . On présentera également le système développé pour appliquer les modèles utilisés. Enfin, on présentera les performances des modèles de classification en utilisant des mesures appropriées, telles que la matrice de confusion, l'accuracy, la précision, le rappel et la F-mesure.

Nous clôturerons ce mémoire par une conclusion générale qui résume le travail effectué.

Chapitre 1 : Généralités sur la classification des tumeurs cérébrales : contexte clinique et état de l'art

1 Introduction :

Les tumeurs cérébrales peuvent avoir des conséquences graves sur la santé des patients, qui nécessitant une détection précoce permet une intervention rapide et efficace. L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est une méthode couramment utilisée pour diagnostiquer ces tumeurs, l'analyse des images IRM peut être difficile pour les médecins en raison de la similarité des tumeurs avec les tissus normaux.

Dans ce chapitre préliminaire, nous d'écrivons le cadre biomédical de notre travail, Nous Commençons par la définition et l'anatomie du cerveau, nous présentons, ensuite, les tumeurs cérébrales, nous allons avoir une présentation du principe de base du système d'acquisition permettant d'obtenir d'excellentes images cérébrales : il s'agit de l'imagerie par résonance magnétique nucléaire (IRM). Nous terminons ce chapitre par l'intelligence artificielle et son sous-ensemble machine learning.À la fin, le chapitre présente un résumé de l'état de l'art de la classification automatique des tumeurs cérébrales.

2 Le cerveau :

Le cerveau est une structure complexe à plusieurs échelles temporelles et spatiales qui donne naissance à des phénomènes moléculaires, cellulaires et neuronaux élaborés, formant ensemble la base physique et biologique de la cognition. De plus, la structure à l'intérieur de chaque échelle donnée est organisée en modules - par exemple des régions corticales définies anatomiquement ou fonctionnellement - qui constituent la base des fonctions cognitives qui s'adaptent de manière optimale aux perturbations de l'environnement externe.

Le cerveau fait partie d'un système d'organes qu'on appelle le système nerveux. Ce système est composé de deux sous-systèmes.

Le système nerveux central (SNC) : comprend le cerveau et la moelle épinière

Le système nerveux périphérique (SNP) : est représenté par l'ensemble des nerfs et des cellules nerveuses situées hors du cerveau et de la moelle épinière.

2.1 Anatomie du cerveau :

Le cerveau humain est subdivisé en trois parties principales représentées par les hémisphères cérébraux, le cervelet et le tronc cérébral. Comme illustrer la figure suivante.

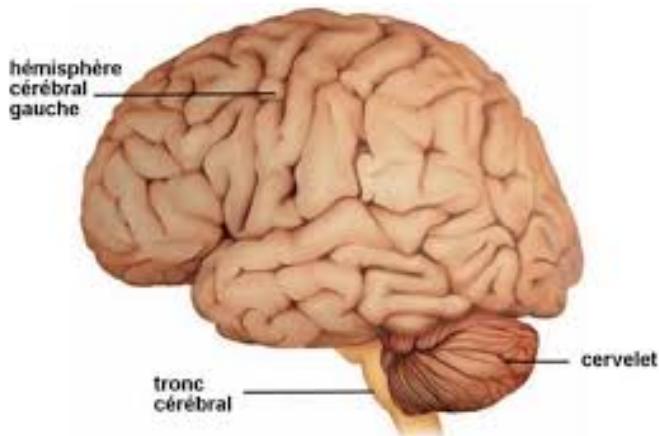


FIGURE 1 – Principale région du cerveau

2.1.1 Le cerveau antérieur :

Le cerveau antérieur, la plus grande partie de notre cerveau, est à l'origine de la plupart de nos comportements conscients, comme la mémoire et la personnalité. Il possède deux parties quasiment symétriques, les hémisphères cérébraux, l'un à gauche et l'autre à droite. Chacun d'eux est constitué du cortex cérébral et de régions de matière grise et blanche.

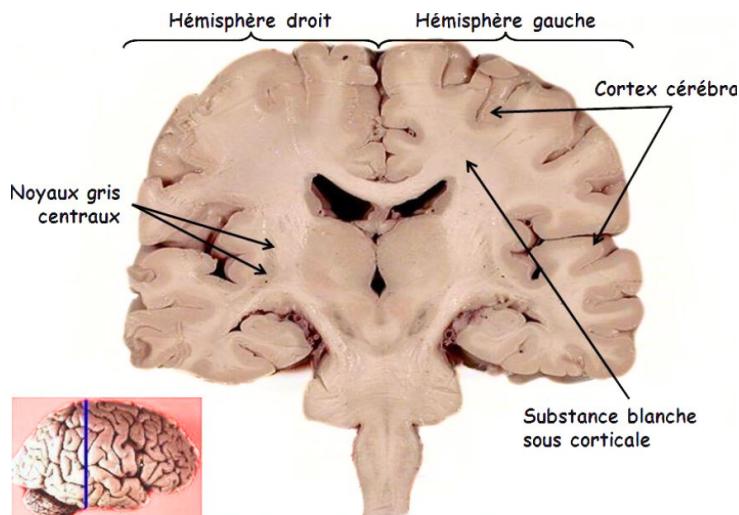


FIGURE 2 – Hémisphère cérébral

Le cortex cérébral : s'étend juste en dessous de l'os du crâne. Il s'agit d'une région qui joue un rôle critique pour la perception consciente et le contrôle du mouvement volontaire. Il représente la majeure partie du cerveau antérieur, occupant environ 80% du volume total de l'encéphale. Avec une surface de 2500 centimètres carrés et une épaisseur variant de 1,5 à 3,0 millimètres.

Le cortex cérébral est divisé en trois zones :

- **Les zones sensorielles**, qui traitent de la perception de l'information sensorielle.

- **Les zones motrices**, qui contrôlent l'exécution volontaire du mouvement.
- **Les zones d'association**, qui intègrent des fonctions complexes.

L'hémisphère gauche est responsable des processus verbaux et cognitifs.

L'hémisphère droit joue un rôle pertinent dans la perception du monde qui nous entoure et nous aide à bien construire des images.

Chaque hémisphère est subdivisé en quatre lobes le lobe frontal est antérieur, le lobe temporal est situé en arrière du lobe frontal et au-dessus du lobe pariétal, le lobe pariétal est situé en arrière de la scissure de Rolando et le lobe occipital est postérieur.

Chacun de ces lobes est associé à des processus différents.

- **Le lobe temporal** :est lié à la reconnaissance d'images et de sons variés ainsi qu'au stockage de la mémoire à long terme.
- **Le lobe pariétal** : est responsable de la reconnaissance des sensations tactiles et du contrôle des postures corporelles.
- **Le lobe occipital** :intègre et donne un sens à de nombreuses stimulations visuelles.
- **Le lobe frontal** : Il est principalement impliqué dans le contrôle des mouvements volontaires, la prise de décision, le raisonnement, le comportement social, et le langage.

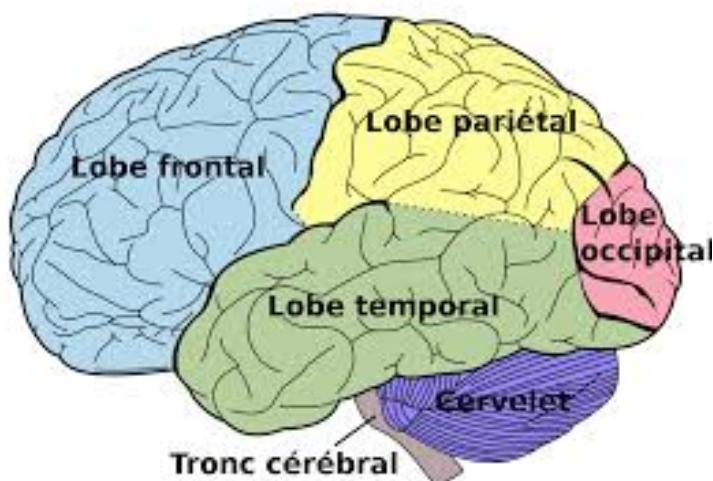


FIGURE 3 – Les lobes externes du cerveau

2.1.2 Le tronc cérébral :

Le tronc cérébral, est un ensemble de structures qui régit la plupart de nos comportements inconscients. Il est composé de trois parties : la moelle allongée (bulbe rachidien), pont de varole et du mésencéphale.

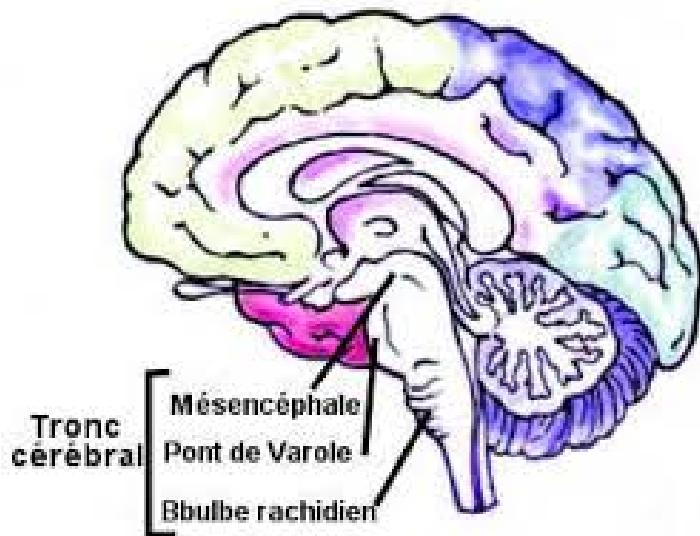


FIGURE 4 – Composants du tronc cérébral

- **Le mésencéphale :** également appelé cerveau moyen situé entre le diencéphale et le pont, est un court segment du tronc cérébral. Il est composé des colliculi supérieurs, qui participent aux reflexes visuels, et des colliculi inférieurs, qui sont un relais sur les voies auditives, ainsi que des pédoncules cérébraux contenant des fibres sensorielles et motrices.
- **Le pont de varole :** est composé de fibres nerveuses (neurofibres) qui transmettent les influx nerveux d'une région à une autre de l'encéphale. Plusieurs nerfs crâniens prennent naissance à ce niveau. Les centres apneustique et pneumotaxique, impliqués dans la régulation de la fréquence respiratoire, se trouvent dans le pont.
- **La moelle allongée :** également connue sous le nom de bulbe rachidien est rattachée à la moelle épinière et constitue la partie la plus volumineuse du tronc cérébral. Ce dernier est principalement composé de faisceaux de substance blanche qui relient la moelle épinière à l'encéphale. Les trois régions responsables des fonctions autonomes sont : le centre cardiaque ; le centre vasomoteur, et les centres respiratoires.

2.1.3 Cervelet :

Il est également connu comme le petit cerveau. Il est spécialisé dans l'apprentissage et la coordination des mouvements. Son évolution conjointe avec le cerveau antérieur laisse penser qu'elle participe avec lui à la production de nombreux comportements.

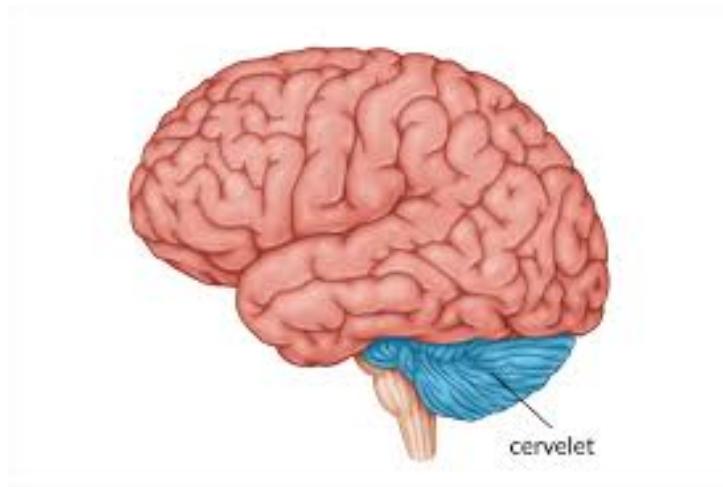


FIGURE 5 – Le cervelet

2.1.4 Diencéphale :

Le diencéphale est une région autonome importante du cerveau antérieur, presque entièrement recouverte par les hémisphères cérébraux. Ils contiennent des structures qui s'associent au cerveau et au cervelet.

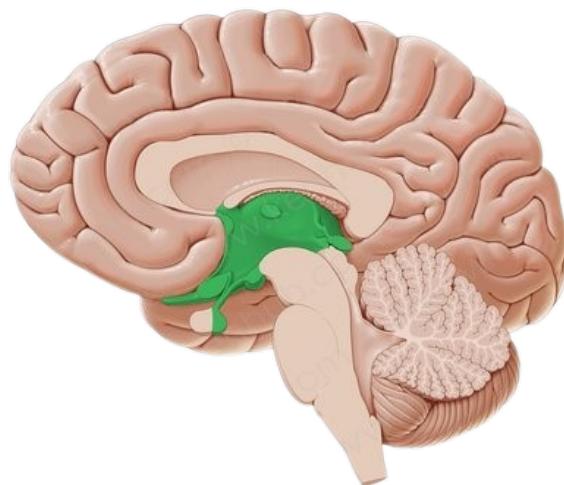


FIGURE 6 – Diencéphale

2.2 Les couches du cerveau :

Après avoir examiné les principales parties du cerveau, maintenant on va s'intéresser aux couches du cerveau. Le cerveau est entouré de trois couches de membrane, de tissu conjonctif, appelées « méninges ». Une externe que l'on appelle Dure-mère et une moyenne que l'on nomme Arachnoïde, une interne qui est connue sous le nom Pie-mère. Ces couches couvrent et protègent le cerveau et les vaisseaux sanguins.

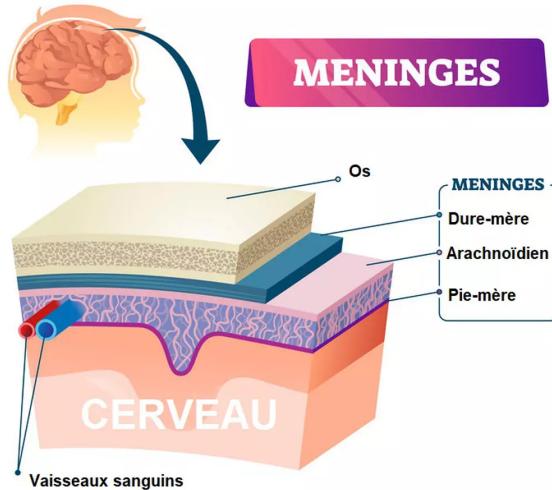


FIGURE 7 – Les couches du cerveau

- **Dure-mère :** La couche la plus externe de la méninge, la dure-mère forme une couche fibreuse double, épaisse et résistante, de couleur blanc nacré. Elle est adhérente à la table interne de l'os, le tissu péri-méningé encéphalique ayant totalement disparu chez les Mammifères. Ainsi, l'espace épidural apparaît comme un espace virtuel. La dure-mère crânienne est peu vascularisée. À travers son épaisseur, cheminent les vaisseaux méningés, artériels et veineux, et les sinus veineux.
- **Arachnoïde :** La couche centrale du méninge, cette couche apparaît sous la forme d'une fine membrane, incolore et transparente, surtout chez le sujet jeune. Chez les personnes âgées, elle est plus opalescente et peut être calcifiée. Elle est composée de deux couches cellulaires bien distinctes qui délimitent les espaces subarachnoïdiens, remplis de liquide cérébro-spinal. La couche interne est intimement liée à la pie-mère.
- **Pie-mère :** Pie-mère est la couche la plus intime du méninge, il est composée de deux à trois couches cellulaires accolées à la membrane basale gliale. Pour certains elle ne présente aucun critère cytologique distinctif par rapport à l'arachnoïde.

3 Tumeurs cérébrales :

Les tumeurs intracrâniennes englobent toutes les tumeurs, qu'elles soient bénignes ou malignes, qui se trouvent dans la boîte crânienne, et qui se développent à partir du cerveau ou des structures anatomiques voisines.

Connue sous le nom de tumeur intracrânienne, la tumeur cérébrale est une masse anormale de tissu où les cellules se développent et se multiplient de façon incontrôlable, apparemment incontrôlée par les mécanismes qui contrôlent les cellules normales. Plus de 150 types de tumeurs cérébrales différents ont été documentées, mais elles sont généralement classées en deux principaux groupes : les tumeurs primaires et les tumeurs métastatiques.

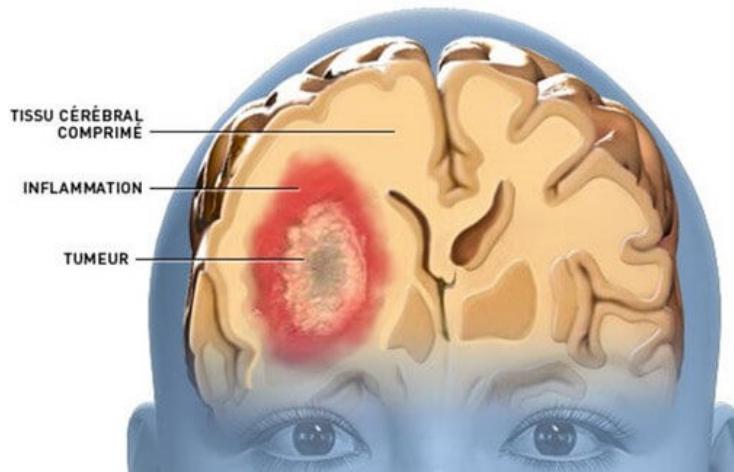


FIGURE 8 – Tumeur cérébrale

3.1 Les tumeurs primaires :

Les tumeurs cérébrales primaires sont des masses anormales de tissu qui se développent dans les cellules spécialisées qui constituent le cerveau et son enveloppe. Ce groupe hétérogène de tumeurs, qui peut être bénin ou malin, comprend principalement les gliomes, représentent 75% des tumeurs cérébrales primitives malignes chez les adultes. Les gliomes sont des tumeurs d'origine neuroectodermique issues de cellules gliales ou précurseurs, et comprennent les astrocytomes, les oligodendrogiomes et les épendymomes.

3.2 Les tumeurs métastatiques :

Les métastases cérébrales se définissent comme des tumeurs se développant dans le cerveau mais qui proviennent de tissus ou d'organes situés en dehors du système nerveux central, tels que les poumons, les seins, les reins ou la peau. Elles surviennent généralement à un stade avancé de la maladie, lors de la dissémination multi systémique. Cependant, dans certains cas, elles peuvent être révélatrices du cancer, ce qui peut poser des défis diagnostiques.

Les métastases cérébrales surviennent principalement par dissémination hématogène, dans deux tiers des cas à partir d'une tumeur pulmonaire, qu'elle soit primitive ou elle-même métastatique. La répartition des métastases cérébrales dans le cerveau dépend donc du débit sanguin dans chacun des compartiments : 80% sont supratentorielles, 15% sont cérébelleuses et 5% sont situées dans le tronc cérébral. Il faut cependant remarquer que les tumeurs rétropéritonéales et pelviennes donnent plus souvent des métastases dans la fosse postérieure.[13]

3.3 Tumeurs cérébrales bénignes et tumeurs cérébrales malignes :

3.3.1 Tumeurs cérébrales bénignes :

Les tumeurs cérébrales bénignes sont des tumeurs qui ne se propagent pas à d'autres parties du corps. Elles peuvent être traitées avec succès par chirurgie, et comprennent des types tels que les méningiomes, les schwannomes vestibulaires, les adénomes hypophysaires, les craniopharyngiomes et les paragangliomes, les hémangioblastomes, les pinalomes, etc. Ces tumeurs se caractérisent par une croissance lente et peuvent bénéficier d'une simple surveillance clinique et radiologique, en particulier si elles sont de découverte fortuite. Cependant, En présence de symptômes, ou en cas d'évolution avérée, le traitement de référence est chirurgical, compte tenu de leur bénignité. Dans certains cas, on peut proposer la radiothérapie comme une alternative à la chirurgie en cas de localisation en zone fonctionnelle, de contre-indication d'ordre général, ou en complément de celle-ci s'il existe un résidu évolutif ou une récidive.

Les méningiomes sont les tumeurs intracrâniennes bénignes les plus fréquentes représentant 20% des tumeurs primitives cérébrales. D'autres types de tumeurs bénignes intracrâniennes incluent les schwannomes vestibulaires, les adénomes hypophysaires, ainsi que, plus rarement, les craniopharyngiomes et les paragangliomes.

Certaines de ces tumeurs ont une évolution très lente, sur plusieurs années, ce qui peut être justifier, dans certains cas, en l'absence de symptômes, une simple surveillance. En cas de progression ou de symptômes, le traitement de référence en raison de leur bénignité est l'exérèse chirurgicale.

Voici quelques types de tumeurs cérébrales bénignes. Elles sont nommées en fonction de type de cellule, ou du tissu d'où ils proviennent :

- **Méningiomes** : Sont des tumeurs habituellement bénignes des méninges qui peuvent comprimer le tissu cérébral adjacent. Sont parmi les tumeurs intracrâniennes les plus fréquentes. Ils sont asymptomatiques et de découverte fortuite. En l'absence de menace fonctionnelle, ils peuvent bénéficier d'une surveillance active. La chirurgie est le standard de prise en charge quand un traitement est indiqué, si elle peut être réalisée sans risque fonctionnel majeur, permettant le plus souvent une guérison définitive après exérèse macroscopiquement complète
- **Schwannomes** : représentent les tumeurs bénignes les plus fréquentes des nerfs crâniens (environ 8% des tumeurs intracrâniennes) et peuvent se développer sur tous les nerfs, exceptés les nerfs I et II, qui sont dépourvus de cellules de Schwann. Les schwannomes vestibulaires (8e paire crânienne) sont les tumeurs les plus fréquentes, avec une incidence d'environ 2 cas pour 100 000 habitants par an, en augmentation depuis l'avènement de l'IRM diagnostique.
- **Adénomes hypophysaires** : Les adénomes hypophysaires sont les tumeurs cérébrales bénignes les plus fréquentes après les méningiomes et qui s'est développée

dans l'hypophyse. Ils ont souvent une longue histoire naturelle et peuvent être ainsi de découverte fortuite et ne pas justifier de prise en charge immédiate.

- **Les paragangliomes cervicaux** : sont des tumeurs le plus souvent rattachées au système parasympathique. À la différence des paragangliomes abdominaux ou thoraciques, ils sont le plus souvent non sécrétants. Dans 70% des cas, les paragangliomes surviennent de fac, on sporadique dans la population, sans qu'une prédisposition génétique n'ait été identifiée. Les 30% restants sont génétiquement déterminés.

3.3.2 Tumeurs cérébrales malignes :

Une tumeur maligne du cerveau se développe souvent rapidement en taille et se développe aussi de manière destructrice dans les tissus environnants, ce qu'on appelle une croissance infiltrante. Les types des tumeurs cérébrales malignes les plus courantes sont :

- **Les gliomes** : également appelés tumeurs gliales, sont la forme la plus fréquente de tumeur cérébrale primitive (c'est-à-dire non métastatique) chez l'adulte. Il existe de nombreux types de gliomes qui sont individualisés en fonction des similitudes morphologiques entre les cellules gliales normales et les cellules gliales tumorales y compris les astrocytomes, les oligodendrogiomes et les oligoastrocytomes (ou gliomes mixtes). L'astrocytome est le type de gliome le plus fréquent, Les gliomes représentent environ 60% de toutes les tumeurs cérébrales primaires et sont souvent malignes.
- **Méタstases** : sont parfois appelées tumeurs cérébrales métastatiques. Le cancer qui se développe dans le cerveau porte le nom de cancer primitif du cerveau. Les métastases cérébrales sont bien plus courantes que le cancer primitif du cerveau. Ce sont des tumeurs secondaires qui se propagent à partir d'une tumeur primaire située ailleurs dans le corps.

3.4 Classification des Tumeurs Cérébrales

Qu'elle soit la tumeur primitive, secondaire, bénigne ou maligne, il existe des dizaines de TC différentes, par ailleurs les médecins classent la tumeur en fonction de trois facteurs

- **Sa localisation dans le cerveau.**
- **Son degré d'agressivité.**
- **Son type.**

Parmi les TC primitives les plus fréquents on trouve :

- **Les gliomes** : Le terme de gliome regroupe l'ensemble des tumeurs issues des cellules gliales et représente le taux de tumeur cérébrale le plus élevé (50 %). Selon la classification de l'Organisation Mondiale de Santé, il existe trois types de gliomes dont certains peuvent être bénins et d'autres maligne, selon son grade,

on trouve :L'astrocytome, L'oligodendrogliome et L'oligoastrocytome ou gliome mixte.

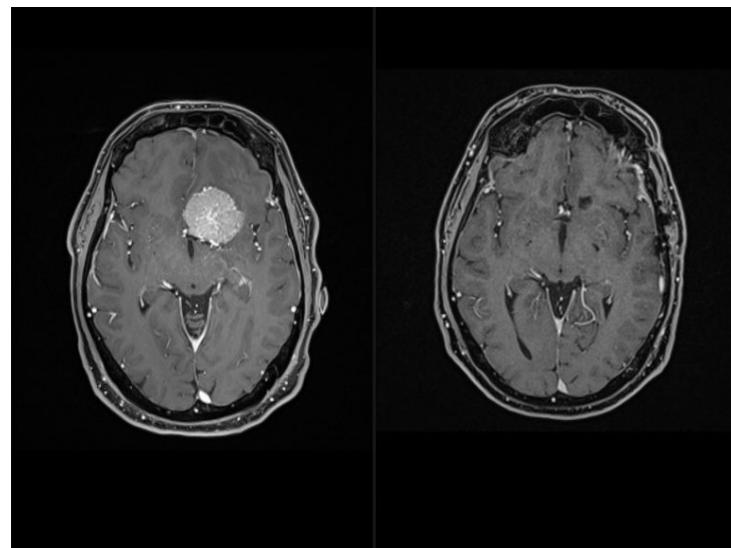


FIGURE 9 – Tumeurs cérébrales - Gliomes

- **Les méningiomes :** Le cerveau est recouvert d'une fine toile Protectrice, c'est la méninge. Les méningiomes sont des tumeurs bénignes, d'évolution lente et qui sont issues des cellules méningées, ce type représente de 15 à 20% des tumeurs cérébrales. Sous l'analyse microscopique, les méningiomes ont les caractéristiques suivantes : Grossièrement sphérique ,Homogéne , Volume variable, Rarement kystique.

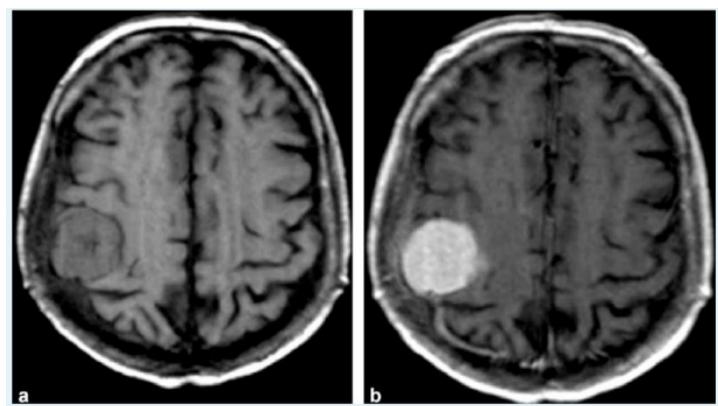


FIGURE 10 – Tumeurs cérébrales -Méningiome

- **L'adénomes hypophysaire :** L'hypophyse appartient au diencéphale, elle est située dans la selle turcique et reliée par la tige pituitaire à l'hypothalamus. Elle est constituée de deux parties, l'antéhypophyse et la posthypophyse. L'adénome hypophysaire est une tumeur bénigne d'éveloppée aux dépens de l'antéhypophyse. Cette tumeur représente un taux de 8 à 10 % des tumeurs intra Crâniens. En fonction de sa taille, on décrit quatre types : les picoadénomes, les microadénomes, les macroadénomes et les adénomes géants.

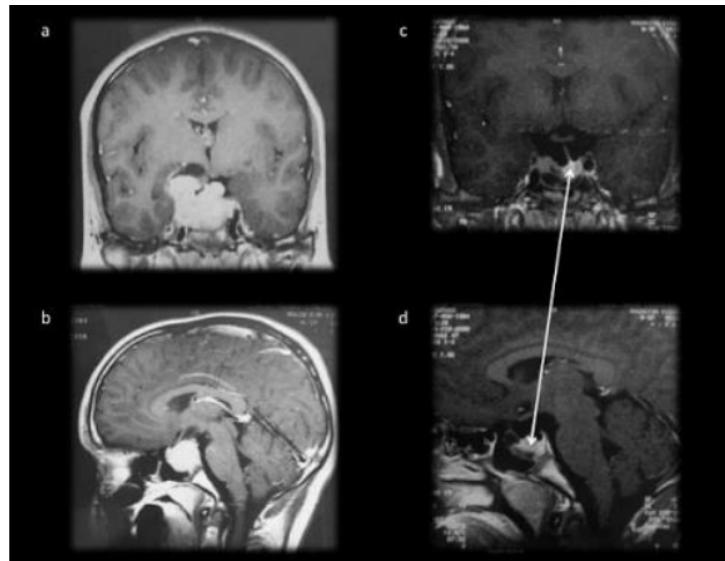


FIGURE 11 – Tumeurs cérébrales -hypophysaire

4 Imagerie par résonance magnétique (IRM) :

De nos jours, l'IRM est devenue un outil majeur de l'imagerie médicale moderne, permettant la réalisation d'études importantes à l'échelle d'une population ou aidant les médecins à établir un diagnostic.

4.1 Définition des IRM :

L'IRM est une méthode non invasive de cartographie de la structure interne et de certains aspects de la fonction du corps, notamment du cerveau. Elle utilise un rayonnement électromagnétique non ionisant et semble ne présenter aucun risque lié à l'exposition. Elle utilise un rayonnement radiofréquence (RF) en présence de champs magnétiques soigneusement contrôlés afin de produire des images de coupe transversale de haute qualité du corps dans n'importe quel plan.

L'image IRM est construite en plaçant le patient à l'intérieur d'un grand aimant, qui induit un champ magnétique externe relativement fort. Cela provoque l'alignement des noyaux de nombreux atomes dans le corps, y compris l'hydrogène, avec le champ magnétique, et après l'application ultérieure du signal RF, l'énergie est libérée du corps, détectée et utilisée pour construire l'image IRM par ordinateur.



FIGURE 12 – Local informatique



FIGURE 13 – Appareil IRM GE

4.2 Principales composantes d'IRM :

Un système IRM est composé de quatre composants principaux : l'aimant principal, les bobines de gradient, les bobines de radiofréquence (RF) et les systèmes informatiques qui contrôlent et interfacent les différents composants.

- **L'aimant principal** est le cœur du système IRM. Produisant le champ magnétique Bo dans lequel le patient est placé. L'unité de mesure de la puissance du champ magnétique de l'IRM est le Tesla Trois technologies d'aimants existent :
 - **Les électro-aimants supraconducteurs** : Un aimant supraconducteur se compose d'une série de bobines enroulées sur une forme cylindrique à l'intérieur d'un bain d'hélium liquide enfermé dans un cryostat. Leur principal inconvénient est le coût du cryogène (hélium liquide).
 - **Les aimants permanents** : constitués de matériaux magnétisés de manière permanente, ces aimants n'ont pas besoin d'électricité, ni de cryogène ou de système de refroidissement pour produire un champ magnétique ; leurs principaux inconvénients sont leur poids et leur limite en intensité (0.3T).
 - **Les électro-aimants résistifs** : constitués de bobines de fil électrique, ils produisent un champ magnétique lorsque lorsque les bobines sont alimentées par un courant électrique, Leurs principaux inconvénients sont leur forte consommation en électricité, leur nécessité de refroidissement et parfois leur poids, surtout lorsqu'un noyau de fer est ajouté pour augmenter le champ magnétique.
- **les bobines de radiofréquence (RF)** : La fonction principale des bobines de gradient, également simplement appelées "gradients", est de permettre le codage spatial du signal RM. Les gradients produisent un champ magnétique supplémentaire qui varie en intensité le long de sa direction et est superposé au champ magnétique principal, permettant ainsi de coder chaque unité de volume élémentaire dans les trois directions de l'espace.

- **les bobines de gradient :** Les bobines radiofréquence sont utilisées pour envoyer des impulsions RF et recevoir le signal renvoyé par le corps du patient, ce qui en fait l'un des déterminants les plus importants du rapport signal sur bruit (SNR) et de l'uniformité du signal.
- **les systèmes informatiques :** Les différents systèmes informatiques intégrés dans un scanner IRM ont plusieurs fonctions. Ils contrôlent les impulsions RF et de gradient, collectent les données et traitent et affichent l'image générée. Ces systèmes travaillent ensemble pour contrôler les RF et les gradients, échantillonner le signal entrant à des intervalles de temps discrets, et produire des images reconnaissables. Un logiciel d'analyse automatisé peut distinguer entre les domaines de fréquence pour traiter les données, et l'analyse peut être effectuée dans le domaine fréquentiel ou temporel. Les données sont ensuite converties en images affichées.

4.3 Le phénomène de résonance magnétique nucléaire :

Placés dans un champ magnétique externe \vec{B}_0 , les moments magnétiques des protons (appelés communément spins) s'orientent de façon parallèle ou antiparallèle par rapport à celui-ci, de façon inégale conduisant à une aimantation résultante parallèle à \vec{B}_0 notée M .

Les spins présentent un mouvement de précession autour de \vec{B}_0 (ils tournent comme une toupie selon un axe vertical) et ont une vitesse angulaire ω_0 .

Celle-ci est définie par l'équation de Larmor : $\omega_0 = yB_0$

(Avec ω_0 : vitesse angulaire, y : rapport gyromagnétique, \vec{B}_0 : champ magnétique externe).

Cet état d'équilibre est perturbé par l'application d'une onde radiofréquence ν respectant l'équation $\omega_0 = yB_0 = 2\pi\nu$. Il y a alors un transfert d'énergie induisant une bascule de l'aimantation initiale dans un plan perpendiculaire. Lors de l'arrêt de l'onde radiofréquence, le système retourne à l'équilibre en restituant l'énergie absorbée, c'est la phase de relaxation.[10]

4.4 Principe de Fonctionnement :

Lors d'un examen IRM, le patient est introduit dans un anneau capable de générer des champs magnétiques. D'abord, un champ est généré, pour aligner tous les moments magnétiques des atomes d'hydrogène dans la même direction, l'axe z autour duquel ils tournent. Ensuite, plusieurs impulsions les radiofréquences sont générées. Les moments des atomes d'hydrogène vont donc être déplacés par ces impulsions avant de revenir, tout en continuant de tourner, dans leur direction initiale, l'axe z. Ce phénomène est appelée relaxation. L'appareil d'IRM mesure le retour des moments magnétiques dans deux directions. La première suit l'axe longitudinal ou axe z, donnant une image appelée

T1. La composante transversale, soit perpendiculaire à l'axe z est mesurée pour former l'image T2. Chaque tissu a une concentration et organisation en hydrogène caractéristique, les images IRM T1 et T2 permettent donc de différencier les tissus.

4.5 Les avantages de l'IRM :

- **Pas de radiation ionisante** : Les impulsions RF utilisées en IRM ne causent pas d'ionisation et n'ont aucun effet nocif de la radiation ionisante. Par conséquent, elles peuvent être utilisées chez les femmes enceintes et les enfants.
- **Non invasif** : L'IRM est non invasive.
- **Résolution de contraste** : C'est l'avantage principal de l'IRM, c'est-à-dire la capacité d'un processus d'imagerie à distinguer les tissus mous adjacents les uns des autres. Il peut manipuler le contraste entre différents tissus en modifiant le motif des impulsions RF.
- **Image multiplanaire** : Avec l'IRM, nous pouvons obtenir des images directes, sagittales, coronales et obliques, ce qui est impossible avec la radiographie et la tomodensitométrie (CT).
- Jusqu'à présent, aucun effet indésirable n'a été constaté

4.6 Les inconvénients de l'IRM :

- **Claustrophobie** : c'est-à-dire une peur morbide des espaces clos, car le patient se trouve à l'intérieur du grand aimant pendant jusqu'à une heure.
- **L'équipement d'IRM est coûteux** : à acheter, à entretenir et à exploiter. Le matériel et les logiciels sont encore en développement.
- **En raison du fort champ magnétique utilisé** : les implants activés électriquement, magnétiquement ou mécaniquement tels que les stimulateurs cardiaques, les défibrillateurs implantables et certains valves cardiaques artificielles peuvent ne pas pouvoir subir une IRM en toute sécurité.
- L'image par IRM est déformée par le métal, donc l'image est déformée chez les patients avec des clips chirurgicaux ou des stents, par exemple.
- Le patient pourrait développer une réaction allergique au produit de contraste, ou une infection cutanée pourrait se développer au site d'injection.

5 Intelligence Artificielle (AI) :

L'intelligence artificielle (IA) est devenue un sujet de débat houleux pour de nombreuses professions. Les avantages de la technologie sont substantiels car elle a la capacité de parvenir à des conclusions raisonnées, qui peuvent dépasser les capacités de l'esprit

humain, le tout à un coût nettement inférieur et avec une vitesse, une précision et une cohérence accrues.

5.1 Historique :

En 1950, Alan Turing a publié l'article marquant "Computing machinery and intelligence" (Turing 1950), considérant la question fondamentale "Les machines peuvent-elles penser ?" Turing a proposé un jeu d'imitation, connu sous le nom de Test de Turing ensuite, où si une machine pouvait mener une conversation indiscernable d'une conversation avec un être humain, alors il est raisonnable de dire que la machine est intelligente. Le test de Turing a été la première expérience proposée pour mesurer l'intelligence artificielle. La première "période de l'IA" a commencé avec la conférence de Dartmouth en 1956, où l'IA a obtenu son nom et sa mission. McCarthy a inventé le terme "intelligence artificielle", qui est devenu le nom du domaine scientifique. L'affirmation principale de la conférence était : "Every aspect of any other feature of learning or intelligence should be accurately described so that the machine can simulate it» (Russell et Norvig 2016). Parmi les participants à la conférence figuraient Ray Solomonoff, Oliver Selfridge, Trenchard More, Arthur Samuel, Herbert A. Simon et Allen Newell, qui sont tous devenus des personnalités clés dans le domaine de l'IA

Les gens étaient excités parce que pour la première fois, les ordinateurs résolvaient des problèmes comme les humains et semblaient intelligents. La communauté de la recherche en IA au sens large partageait un optimisme initial en faisant des affirmations audacieuses et en stimulant la popularité. Des exemples, où l'IA a résolu des problèmes comprenaient des problèmes d'application algébrique, de traduction linguistique, de démonstration de théorèmes géométriques, etc.[16]

5.2 Définition :

L'intelligence artificielle est un domaine scientifique dans lequel différentes disciplines (y compris l'informatique, le génie informatique, la philosophie, la psychologie, les mathématiques, les neurosciences, la linguistique, la biologie, et d'autres) convergent dans le but de créer des agents capables d'apprendre, de créer des modèles à partir de leur apprentissage, de faire des prédictions basées sur ces modèles et de nouvelles données, puis de prendre des décisions autonomes (ou d'aider à la prise de décision humaine) en se basant sur ces prédictions et sur toute donnée environnementale. Toutes ces caractéristiques sont basées sur, mais ne sont pas copiées de, notre compréhension actuelle de l'intelligence humaine

5.3 Les domaines de l'intelligence artificielle :

L'intelligence artificielle est un domaine très vaste et complexe qui englobe de nombreux sous-domaines. Les principaux domaines de l'intelligence artificielle comprennent :

- **L'apprentissage automatique (Machine Learning)** : consiste à créer des programmes qui traitent des données brutes, construisent des modèles à partir de ces données et font des prédictions sur la base de nouvelles données. Pour mettre en œuvre ce système d'apprentissage, les scientifiques conçoivent différentes technologies qui ressemblent d'une certaine manière à notre compréhension de l'apprentissage humain.
- **Le traitement automatique du langage naturel (Natural language processing)** : permet aux ordinateurs de reconnaître le langage humain. Les applications bien connues de cette technologie incluent Cortana, Siri et Alexa. Le but principal de ce sous-domaine est de créer des logiciels et des matériels capables de comprendre la parole humaine et de répondre aux utilisateurs.
- **Les systèmes experts (Expert systems)** : représentent des domaines spécifiques de connaissance. Ces systèmes sont limités à des disciplines particulières et sont construits en utilisant les connaissances d'experts humains dans ce domaine. Ces connaissances sont ensuite programmées dans un système pour être utilisées par des non-experts. Ces systèmes sont parfois considérés comme de l'intelligence artificielle classique cependant, ils n'apprennent pas en construisant des modèles de plus en plus détaillés, mais puisent plutôt dans une base de données « codée en dur » par des humains.
- **La vision par ordinateur (Computer vision)** : concerne le traitement des images par l'ordinateur. Elle implique la représentation mathématique des images, l'apprentissage automatique pour la reconnaissance d'images, ainsi que plusieurs autres domaines comme l'optique et la statistique. Ce sous-domaine est surtout connu pour ses avancées dans la reconnaissance faciale et des empreintes digitales.

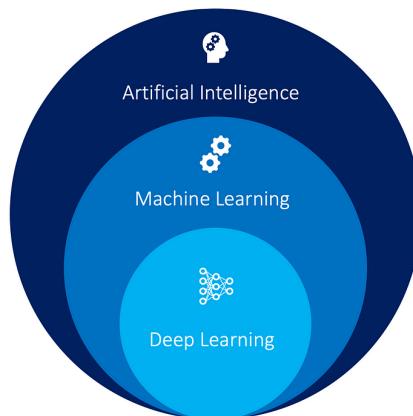


FIGURE 14 – L'intelligence artificielle et ses sous-domaines

5.4 L'intelligence artificielle dans le secteur de santé :

L'intelligence artificielle (IA) vise à imiter les fonctions cognitives humaines. Elle apporte un changement de paradigme dans le domaine de la santé, grâce à la disponibilité croissante des données de santé et aux progrès rapides des techniques d'analyse.

L'IA peut être appliquée à différents types de données de santé (structurées et non structurées). Les techniques d'IA populaires incluent les méthodes d'apprentissage automatique pour les données structurées, telles que la machine à vecteurs de support classique et les réseaux neuronaux, ainsi que l'apprentissage profond moderne, ainsi que le traitement du langage naturel pour les données non structurées. Les principales maladies qui utilisent des outils d'IA comprennent le cancer, la neurologie et la cardiologie.

L'IA peut utiliser des algorithmes sophistiqués pour "apprendre" à partir d'un grand volume de données médicales, puis utiliser les informations obtenues pour aider la pratique clinique. Il peut également être équipé de capacités d'apprentissage et d'auto-correction pour améliorer sa précision en fonction des retours d'information. Un système d'IA peut aider les médecins en fournissant des informations médicales à jour provenant de revues, de manuels et de pratiques cliniques pour informer les soins appropriés aux patients. De plus, un système d'IA peut aider à réduire les erreurs diagnostiques et thérapeutiques inévitables dans la pratique clinique humaine. Un système d'IA extrait des informations utiles d'une grande population de patients pour aider à faire des inférences en temps réel pour l'alerte des risques de santé et la prédiction des résultats de santé.



FIGURE 15 – Application de l'intelligence artificielle en médecine

6 Machine Learning (apprentissage automatique) :

Le Machine Learning est un sous-ensemble de l'IA (intelligence artificielle), qui comprend toutes les approches qui permettent aux machines d'apprendre à partir de données sans être explicitement programmées. L'objectif du Machine Learning est de former des

machines sur la base des données et des algorithmes fournis. En utilisant les données et informations traitées, les machines apprennent à prendre des décisions. Machine Learning est dynamique, ce qui signifie qu'il a la capacité de se modifier lorsqu'il est exposé à plus de données. L'aspect "apprentissage" du ML signifie que les algorithmes de ML tentent de minimiser les erreurs et de maximiser la probabilité que leurs prédictions soient vraies. En bref, le Machine Learning est simplement une technique pour réaliser l'IA.

Les algorithmes de machine learning construisent un modèle mathématique basé sur des échantillons de données, appelées données d'entraînement, afin de faire des prédictions ou des décisions sans être explicitement programmés pour effectuer la tâche et ils sont largement utilisés dans de nombreux domaines, tels que la finance, la santé, la défense et le divertissement. Ils peuvent être regroupés en trois principales catégories : l'apprentissage supervisé, l'apprentissage non supervisé et l'apprentissage renforcé

6.1 Types d'apprentissage automatique :

On distingue trois types de problèmes en machine learning :

- Apprentissage Supervisé (Supervised Learning)
- Apprentissage Non supervisé (unsupervised Learning)
- L'apprentissage renforcé (Reinforcement learning)

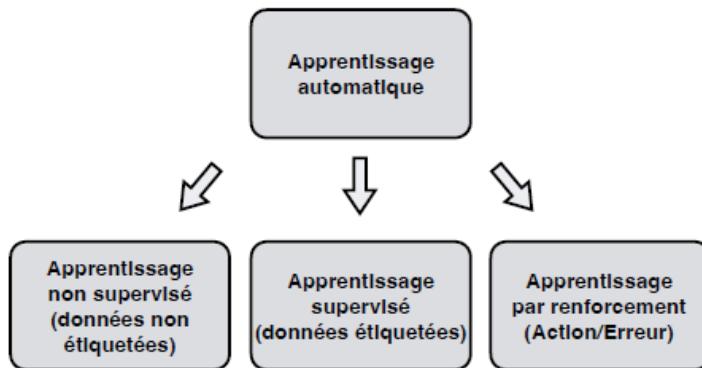


FIGURE 16 – Types de ML

6.1.1 Apprentissage Supervisé (Supervised Learning) :

Dans la méthode la plus simple, l'apprentissage supervisé. Les ordinateurs reçoivent des exemples d'entrées et de sorties souhaitées, et l'ordinateur doit déterminer la relation ou la règle générale entre les deux. Des méthodes telles que la classification, la régression, la prédiction et le renforcement de gradient, et l'apprentissage supervisé sont utilisées pour prédire les valeurs, à la fois des données étiquetées et non étiquetées. Les applications de l'apprentissage supervisé se divisent en deux grandes catégories : la classification et la

régession. Il est le plus couramment utilisé dans les scénarios où les données historiques prédisent des événements futurs probables, par exemple lorsque les transactions par carte de crédit pourraient être frauduleuses ou quels clients d'assurance pourraient être plus susceptibles de déposer une réclamation que d'autres. Les applications pratiques comprennent la détection de la fraude, l'évaluation des risques, la segmentation des clients, la reconnaissance d'images, de la parole et de texte.

6.1.2 Apprentissage Non supervisé (unsupervised Learning) :

Dans l'apprentissage non structuré, aucune directive n'est donnée à l'algorithme, et l'ordinateur doit déchiffrer les entrées pour y trouver une structure ou des motifs. Aucune étiquette historique n'est fournie pour indiquer quelles données sont "correctes" ou "incorrectes". Certaines méthodes utilisées pour explorer la structure des données sont : self-organising maps, nearest-neighbourhood mapping, k-means clustering, et singular value decomposition. K-means clustering est un algorithme d'apprentissage non supervisé courant. Les applications pratiques incluent l'analyse du panier de consommation, la détection d'anomalies et d'intrusions et l'identification d'objets similaires.

6.1.3 L'apprentissage renforcé (Reinforcement learning) :

Dans l'apprentissage par renforcement, des retours ne sont fournis au programme que dans un environnement dynamique, sous forme de récompenses, comme dans un environnement de conduite de véhicule ou de jeu contre un adversaire. L'algorithme découvre par essais et erreurs quelles actions rapportent les plus grandes récompenses. Les applications pratiques se trouvent dans les jeux, la robotique et la navigation.

6.2 Les avantages de Machine Learning dans le domaine de la santé :

L'utilisation de l'apprentissage automatique peut aider à améliorer la manière dont les médecins préparent et dispensent les traitements, et entraîner une réduction des coûts de soins et une augmentation de la satisfaction des patients. Voici quelques-uns des avantages de l'apprentissage automatique dans les soins de santé :

- **Améliorer les soins aux patients** : L'utilisation d'algorithmes modernes avec des ensembles de données et des sources de données patient peut aider les médecins et autres professionnels de la santé à dépister les maladies avec un haut degré de précision. La technologie de l'IA peut traiter les informations plus rapidement que n'importe qui, ce qui en fait un complément parfait à la profession médicale de tout clinicien et un moyen très puissant d'acquérir des données significatives. L'objectif n'est pas de remplacer les médecins, mais d'utiliser l'IA comme aide à la décision clinique.

- **Prévenir et Traiter Rapidement les Infections :** De nombreuses maladies et maladies qui peuvent prendre des heures ou des jours à identifier avec précision à l'aide d'approches traditionnelles pourraient être reconnues en quelques minutes à l'aide de machines entraînées. Si nous pouvons diagnostiquer ces maladies dangereuses tôt, nous pouvons réduire les taux de mortalité et de morbidité qui leur sont associés.
- **Radiothérapie improvisée :** Pour améliorer et avoir des traitements de radiothérapie plus ciblés, un système d'apprentissage automatique capable de détecter les changements dans les cellules saines et malignes est en cours de développement. Certains sites focaux du cancer et certaines tumeurs ne peuvent pas être représentés à l'aide d'équations complexes. Dans le traitement d'images médicales, il existe diverses variables discrètes qui peuvent survenir à tout moment. Étant donné que les algorithmes d'apprentissage automatique apprennent fréquemment à partir d'une myriade d'échantillons divers, il est souvent beaucoup plus facile de poser certains diagnostics et de découvrir les principaux paramètres.
- **Diminuer les réadmissions :** L'apprentissage automatique peut diminuer les réadmissions de manière ciblée, efficace et totalement concentrée. Les cliniciens peuvent obtenir des indications périodiques sur les patients les plus susceptibles d'être réadmis et sur la façon dont ils pourraient surmonter ce risque.
- **Données médicales haut de gamme :** La croissance sans précédent des dossiers de santé électroniques a augmenté la quantité de données médicales disponibles sur les patients, qui peuvent être utilisées pour améliorer le traitement. L'apprentissage automatique peut passer par les nombreuses informations médicales offertes volontairement par les gens peut être utile pour lutter contre les maladies graves et offrir l'occasion d'enquêter sur les circonstances.

7 Le Deep Learning (apprentissage profond) :

Le Deep Learning est une méthode d'IA issue du concept de machine learning. Cette méthode d'apprentissage dit profond se base plus spécifiquement sur la notion de réseau de neurones artificiel.

De structure non linéaire, un réseau de neurones artificiel se présente sous la forme d'un réseau d'ensembles d'unités d'exécution d'information (représentant les neurones) superposées en couches et liés entre eux via des connecteurs (les synapses). Partant de-là, il traite l'information à travers des modèles de propagation d'activations de ces unités, s'actionnant au-delà d'un certain seuil.

7.1 Le fonctionnement de Deep Learning :

Le Deep Learning fonctionne en utilisant des réseaux de neurones artificiels pour modéliser les relations complexes dans les données. Les réseaux de neurones sont formés sur des données d'entraînement en utilisant des algorithmes d'optimisation pour ajuster les poids des connexions entre les neurones.

Le processus de formation d'un modèle de Deep Learning commence par l'acquisition de données d'entraînement qui représentent les relations complexes que le modèle doit apprendre. Les données d'entraînement sont alors utilisées pour ajuster les poids des connexions entre les neurones dans le réseau de neurones. Cet ajustement est effectué en utilisant des algorithmes d'optimisation tels que la descente de gradient. Les algorithmes d'optimisation comparent les résultats prédictifs par le modèle aux valeurs réelles pour les données d'entraînement et ajustent les poids des connexions en conséquence.

Une fois le modèle formé, il peut être utilisé pour effectuer des prédictions sur de nouvelles données en utilisant les poids ajustés. Pour ce faire, les nouvelles données sont entrées dans le réseau de neurones, et les activations des neurones sont calculées en utilisant les poids ajustés. Les activations finales peuvent être utilisées pour effectuer une tâche spécifique, telle que la classification ou la régression.

En résumé, le Deep Learning fonctionne en utilisant des réseaux de neurones pour modéliser les relations complexes dans les données, en les formant sur des données d'entraînement en utilisant des algorithmes d'optimisation pour ajuster les poids des connexions, et en utilisant les poids ajustés pour effectuer des prédictions sur de nouvelles données.

7.2 Caractéristiques de Le Deep Learning :

- **Utilisation de réseaux de neurones profonds** : Le Deep Learning utilise des réseaux de neurones profonds pour modéliser les relations complexes dans les données.
- **Capacité à traiter des quantités énormes de données** : Le Deep Learning est capable de traiter de grandes quantités de données, ce qui en fait un choix populaire pour les applications impliquant de grandes quantités de données.
- **Modélisation de relations complexes** : Le Deep Learning est conçu pour modéliser des relations complexes dans les données en utilisant des réseaux de neurones profonds.
- **Performances supérieures pour certaines tâches d'apprentissage automatique** : Le Deep Learning a montré de bonnes performances pour certaines tâches d'apprentissage automatique, notamment la reconnaissance d'images et la reconnaissance de la parole.
- **Capacité à capturer des caractéristiques complexes** : Le Deep Learning est capable de capturer des caractéristiques complexes dans les données, ce qui en

fait un choix populaire pour les applications impliquant des images, des signaux et d'autres formes de données complexes.

8 Travaux antérieurs :

De nombreux chercheurs ont discuté des techniques utilisées et appliquées pour la détection et la classification des tumeurs cérébrales. Nous allons dans ce qui suit, passer en revue un certain nombre d'articles.

Vijay Wasule, Poonam Sonar : [33] Dans cet article, un système a été développé pour classifier les images IRM cérébrales en types malins et bénins à l'aide de classificateurs supervisés SVM et KNN. Le système proposé a été appliqué à un ensemble de données cliniques composé de 251 images (85 malignes et 166 bénignes) ainsi qu'à un ensemble de données d'entraînement BRATS 2012 composé de 80 images (50 gliomes de bas grade et 30 gliomes de haut grade). Les résultats obtenus ont montré une précision de 96% et 86% pour le SVM et le KNN respectivement pour la base de données clinique, et de 85% et 72,50% pour le SVM et le KNN respectivement pour la base de données BRATS. Il a été conclu que le classificateur SVM affiche une précision supérieure à celui du KNN. De plus, il a été observé que l'augmentation du nombre d'images d'entraînement améliore les performances du classificateur SVM. Ces résultats démontrent l'efficacité du système proposé dans la classification automatique des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM, ce qui pourrait avoir un impact significatif sur la planification du traitement et les soins aux patients. **Arun Kumar, Alaknanda Ashok, M.A. Ansari** :[28] Cet article présente une méthode hybride combinant l'optimisation par essaim de particules (PSO) pour la sélection des caractéristiques et une machine à vecteurs de support (SVM) pour la classification des tumeurs cérébrales. L'objectif est de développer un modèle capable de classifier les tumeurs à partir d'images IRM en améliorant la précision et en réduisant le temps de calcul. Les étapes du traitement d'image médicale comprennent le prétraitement de l'image, la segmentation de la région tumorale, l'extraction et la sélection des caractéristiques pertinentes, puis la classification des images. Le modèle hybride PSO-SVM atteint une précision de 95,23%, supérieure à celle du SVM seul (86,82%), avec une spécificité de 94,8% et une sensibilité de 100%. Cette amélioration souligne l'importance de la sélection des caractéristiques pour optimiser les performances des classificateurs d'images.

Dr. Sudipta Roy, Dr. Samarjit Kar, Dr. Debpriyo Roy, et Dr. Nishikanta Bouri : [32] Dans cet article, une nouvelle approche de diagnostic automatisé pour la classification des images IRM cérébrales est présentée. Le processus de classification utilise une combinaison de Transformée en Ondelettes 2D et de la Matrice de Dépendance des Niveaux de Gris Spatiaux (DWT-SGLDM) pour l'extraction des caractéristiques. Pour réduire la taille des caractéristiques, un Algorithme de Recuit Simulé (SA) est appliqué. Une Validation Croisée Stratifiée en K-plis est utilisée pour éviter le surapprentissage.

Les paramètres de la machine à vecteurs de support (SVM) sont optimisés à l'aide d'un modèle basé sur l'Algorithm Génétique (GA-SVM). La méthode proposée est évaluée sur un ensemble de données composé de 83 images IRM du cerveau, et elle obtient un taux de classification de 95,65%. Les résultats montrent que cette approche est efficace pour la détection des tumeurs cérébrales, offrant une performance de classification élevée avec une réduction significative du nombre de caractéristiques nécessaires.

Ashfaq Hussain et Ajay Khunteta : [29] Cet article présente une méthodologie pour la segmentation sémantique des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM, suivie d'une classification SVM en utilisant les caractéristiques GLCM. L'objectif est de détecter précocement les tumeurs cérébrales pour sauver la vie des patients. Les techniques de segmentation sont utilisées pour détecter et segmenter la région des tumeurs cérébrales à partir des images IRM du cerveau. Les étapes comprennent le filtrage médian pour éliminer le bruit, le stripping du crâne pour isoler la région du cerveau, et la segmentation par watershed pour détecter les régions de tumeur. Les caractéristiques GLCM sont ensuite extraites pour chaque image à l'aide de MATLAB, suivies de la classification SVM. L'exactitude moyenne obtenue est de 93,05 %, ce qui est supérieur aux modèles conventionnels. Cette approche offre un moyen efficace de détecter les tumeurs cérébrales à partir d'images IRM, ce qui pourrait avoir un impact significatif sur le diagnostic précoce et le traitement des patients.

Marco Alfonse,Abdel-Badeeh M. Salem : [27] Dans cet article, un système de diagnostic automatique des tumeurs cérébrales est présenté, basé sur l'imagerie par résonance magnétique (IRM) et utilisant des techniques telles que la transformation de Fourier rapide (FFT), la segmentation et la machine à vecteurs de support (SVM). Ce système vise à différencier les types de tumeurs cérébrales en tumeurs bénignes ou malignes, en se basant sur des images IRM au format DICOM. L'importance de la détection précoce des tumeurs cérébrales est soulignée, compte tenu de la gravité de cette maladie, et l'efficacité de cette approche est démontrée avec une précision de classification de 98,9%.

Jun Cheng, Wei Huang, Shuangliang Cao, Ru Yang, Wei Yang, Zhaoqiang Yun, Zhijian Wang et Qianjin Feng : [31] Dans cet article, Ces chercheurs ont développé une méthode novatrice pour améliorer la classification des tumeurs cérébrales en utilisant une approche de région augmentée et de partitionnement. Cette méthode consiste à augmenter la région tumorale par dilatation d'image, puis à la diviser en sous-régions pour une analyse plus fine. Trois approches ont été utilisées pour extraire les caractéristiques des images IRM, à savoir l'histogramme d'intensité, la matrice de cooccurrence de niveau de gris (GLCM) et le sac de mots (BoW). Pour la classification, la machine à vecteur de support (SVM) a été employée, démontrant des performances améliorées dans la classification des tumeurs cérébrales, avec des taux de précision atteignant jusqu'à 91,28%. Ces résultats mettent en lumière l'efficacité de l'approche proposée, offrant des perspectives prometteuses pour une classification automatique plus précise des tu-

meurs cérébrales à partir d'images IRM, ce qui pourrait avoir un impact significatif sur la planification des traitements et les soins aux patients.

M.Z.Zafar , S.M.Adnan , W.Ahmad , J.Ikram , J.Rashid : [30] Dans cet article, une méthode de détection et de classification des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM a été mise en place en trois étapes clés. La première étape consiste en un prétraitement où le crâne est éliminé de l'image du cerveau en utilisant le masquage d'image. Ensuite, les caractéristiques sont extraites à l'aide de descripteurs géométriques tels que l'éclipse, la parabole et l'hyperbole. Ces caractéristiques sont ensuite classées à l'aide d'un SVM (Support Vector Machine) pour identifier et classifier les tumeurs cérébrales. Cette approche offre une méthode efficace pour la détection automatique des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM, avec des résultats prometteurs en termes de précision et d'exactitude dans la classification des tumeurs cérébrales, atteignant une précision de 97.5%.

| Auteurs | Méthodes | Données | Précision |
|---|--|--|------------------------------|
| Vijay Wasule, Poonam Sonar KNN : 86%, 72.5% (BRATS) | SVM, KNN | 251 images cliniques, 80 images BRATS 2012 | SVM : 96%, 85% (BRATS) |
| Arun Kumar, Alaknanda Ashok, M.A. Ansari SVM seul : 86.82% | PSO-SVM | N/A | PSO- SVM : 95.23% |
| Dr. Sudipta Roy et al. | DWT-SGLDM, SA, GA-SVM | 83 images IRM | 95.65% |
| Ashfaq Hussain, Ajay Khunteta | Segmentation sémantique, SVM (GLCM) | N/A | 93.05% |
| Marco Alfonse, Abdel-Badeeh M. Salem | FFT, segmentation, SVM | Images IRM DICOM | 98.9% |
| Jun Cheng et al. | Région augmentée et partitionnement, SVM (histogramme d'intensité, GLCM, BoW) | N/A | 91.28% |
| M.Z. Zafar et al. | Prétraitement (masquage d'image), descripteurs géométriques, SVM | N/A | 97.5% |

TABLE 1 – Résultats de l'état de l'art pour la classification des tumeurs cérébrales.

Discussion :

Les travaux antérieurs examinés présentent une tendance prometteuse dans l'utilisation de l'intelligence artificielle, en particulier l'apprentissage automatique, pour la détection et la classification des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM. Ces approches se sont diversifiées, explorant diverses techniques telles que les machines à vecteurs de support (SVM), les réseaux de neurones artificiels, les méthodes d'optimisation par essaim de particules (PSO), et les transformées en ondelettes. Une constatation commune est la performance élevée de ces méthodes, atteignant régulièrement des taux de précision supérieurs à 90%. L'optimisation des algorithmes et la sélection des caractéristiques ont également été explorées avec succès pour améliorer la précision des modèles. En outre, ces recherches ont ouvert la voie à des applications pratiques, notamment des systèmes de diagnostic automatique pour la planification du traitement et les soins aux patients. Cependant, il est crucial de continuer à valider ces méthodes dans des contextes cliniques pour assurer leur fiabilité et leur utilité réelle dans le diagnostic précoce et la prise en charge des tumeurs cérébrales.

9 Conclusion :

En conclusion, les tumeurs cérébrales représentent des affections grave qui peuvent avoir des conséquences dévastatrices sur la santé humaine. L'imagerie par résonance magnétique (IRM) est largement utilisée pour diagnostiquer ces tumeurs, mais l'analyse des images peut être difficile pour les médecins. L'utilisation de techniques d'intelligence artificielle, telles que la classification SVM, peut aider à identifier les tumeurs cérébrales à partir d'images IRM. Cette approche offre des avantages significatifs pour la détection précoce et la surveillance des tumeurs cérébrales. Dans le chapitre suivant, nous aborderons les fondements mathématiques des SVMs.

Chapitre 2 : Support Vector Machines

1 Introduction :

Les Machines à Vecteurs de Support, également appelées Séparateurs à Vaste Marge (SVMs), sont un ensemble de techniques d'apprentissage supervisé destinées à résoudre des problèmes de discrimination et de régression. Développées dans les années 1990 par Vladimir Vapnik comme méthode de classification binaire qui a pour but de chercher le meilleur hyperplan qui sépare deux classes de telle façon que la marge entre ces deux classes soit maximale. Elle est basée sur l'utilisation de fonctions dites noyau (kernel) qui permettent une séparation optimale des données.

2 Notions de base :

2.1 Hyperplan :

Pour deux ensembles d'exemples donnés, l'objectif des SVM est de trouver un séparateur qui sépare ces données en maximisant la distance entre les deux ensembles. Avec SVM, ce séparateur prend la forme d'un classificateur linéaire appelé hyperplan

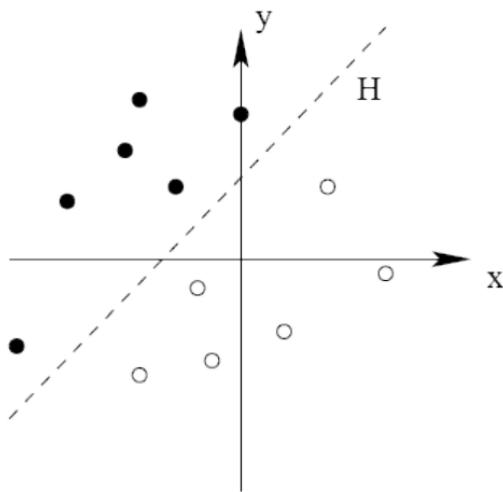


FIGURE 17 – Hyperplan séparant deux classes

2.2 Support vecteur (vecteurs de support) :

Ce sont les points les plus proches de l'hyperplan optimale et qui détermine la marge.

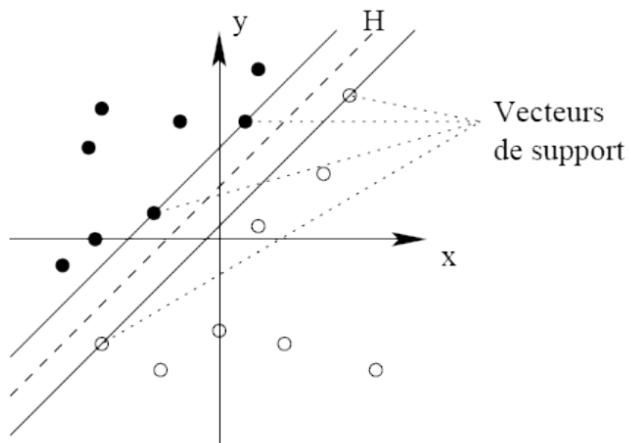


FIGURE 18 – Les vecteurs de support

2.3 Marge :

La distance entre l’hyperplan de séparation et les vecteurs de supports.

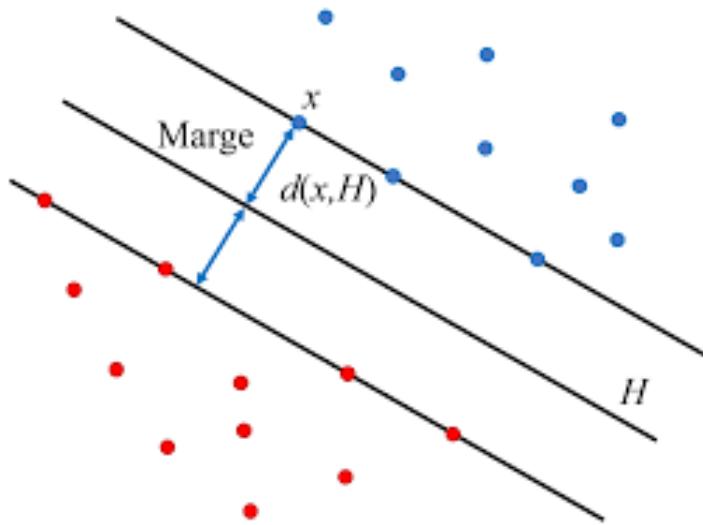


FIGURE 19 – Représentation de la marge

3 Types de Frontières :

Les SVM s’adaptent de manière flexible à la dimensionnalité des données, ce qui signifie qu’elles peuvent fonctionner efficacement avec des données de différentes dimensions. Le type de frontière de décision que les SVM génèrent dépend du nombre de dimensions de l’espace dans lequel évoluent les données.

- **Données à deux dimensions :** La frontière de décision est une ligne droite.

- **Données à trois dimensions :** La frontière de décision est un plan.
- **Données à plus de trois dimensions :** La frontière de décision est un hyperplan.

4 Le principe des SVMs :

Cette technique est une méthode de classification binaire c'est-à-dire à deux classes. Son objectif est non seulement de séparer les exemples positifs des exemples négatifs mais aussi de maximiser la distance entre eux (la marge). La méthode cherche alors l'hyperplan qui sépare les deux classes d'exemples positifs et négatifs , en garantissant que la marge entre les deux classes les plus proches de l'hyperplan soit maximale. Cela permet une meilleure généralisation du modèle, car de nouveaux exemples pourraient ne pas être trop similaires à ceux utilisés pour l'apprentissage. L'avantage de cette méthode réside dans la sélection des vecteurs de support, grâce auxquels est déterminé l'hyperplan. Seuls ses vecteurs interviennent dans la solution, ce qui rend le problème moins complexe. Il existe plusieurs formes de SVM, telles que les SVM linéaires et les SVM multi-classes.

4.1 Le SVM Linéaire :

Parmi les modèles des SVM, on distingue les cas linéairement séparables et les cas non linéairement séparables. Les premiers sont les plus simples car ils permettent de trouver facilement le classifieur linéaire. Dans la plupart des problèmes réels il n'y a pas de séparation linéaire entre les données, Le classificateur de marge maximale ne peut pas être utilisé car il ne fonctionne que lorsque la classe de données d'entraînement est linéairement séparable.

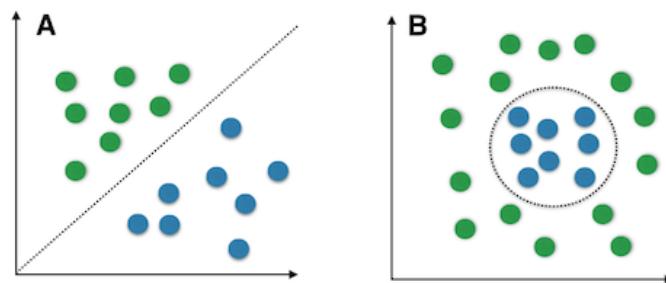


FIGURE 20 – (A) linéairement séparables (B) non linéairement séparables

4.1.1 Le cas linéairement séparable :

Soit un ensemble d'apprentissage **A** formé de N couples (x_i, y_i) de données et d'étiquettes où x_i appartient à \mathbb{R}^d et $y_i \in \mathbb{C} = \{-1, 1\}$, l'ensemble des deux classes. L'ensemble **A** s'écrit comme suit : $\mathbf{A} = \{(x_i, y_i) | i = 1..N\}$.

Pour toutes les formes x_i de classe y_i de la base d'apprentissage, on a :

$$\begin{cases} w^t x_i + b \geq 1 & \text{si } y_i = 1 \\ w^t x_i + b \leq -1 & \text{si } y_i = -1 \end{cases} \quad (1.1)$$

ce qui est équivalent à :

$$y_i((w^t \cdot x_i) + b) \geq 1$$

L'objectif des SVM dans le cas linéaire est de calculer un hyperplan qui sépare au mieux les échantillons des deux classes. Cet hyperplan optimal $f(x)$ est défini par :

$$f(x) = w^t \cdot x + b = 0$$

Avec $(w, x) \in \mathbb{R}^d \times \mathbb{R}^d$ et $b \in \mathbb{R}$,

Les SVM cherchent un hyperplan maximal qui maximise la distance entre lui et les classes.

Pour déterminer ce plan, il faut simultanément maximiser la marge de séparation $\frac{2}{\|w\|}$ ou bien minimiser son inverse $\frac{\|w\|^2}{2}$ sous des contraintes.

Le problème primal :

La recherche de l'hyperplan optimal se ramène à résoudre le problème d'optimisation suivants :

$$\begin{cases} \min \frac{\|\omega\|^2}{2} \\ \text{Sc} \quad y_i(\mathbf{w}^T \mathbf{x}_i + b) \geq 1 \quad \forall i = 1, \dots, n \end{cases} \quad (1.2)$$

Avec :

n : la taille de l'ensemble des données d'apprentissage

y : les labels, observations ou cibles

x : les variables explicatives

\mathbf{w} : vecteur poids

b : scalaire appelé biais

Le problème dual :

On passe du problème primal au problème dual en introduisant des multiplicateurs de Lagrange pour chaque contrainte.

Les conditions d'optimalité formulées à l'égard du Lagrangien est :

$$L(\omega, \alpha, b) = \frac{1}{2} \|\omega\|^2 - \sum_{i=1}^n \alpha_i (y_i (\omega^T x_i + b) - 1)$$

α : le multiplicateur de Lagrange associé aux contraintes

En annulant les dérivées partielles du Lagrangien par rapport à ω et b , on obtient les

relations :

$$\begin{aligned} \frac{\partial L(\omega, \alpha, b)}{\partial \omega} &= \omega - \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i x_i = 0 \\ \Rightarrow \omega^* &= \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i x_i \\ \frac{\partial L(\omega, \alpha, b)}{\partial b} &= \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i = 0 \end{aligned}$$

Par substitution de ω par $\sum_{i=1}^n \alpha_i y_i$ dans l'équation du Lagrangien, on obtient le problème dual :

$$\begin{cases} \max \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j y_i y_j x_i x_j \\ \text{Sc } \alpha_i \geq 0, \quad \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i = 0 \end{cases} \quad (1.3)$$

On remplace \mathbf{w} par sa valeur optimale ω^* dans l'équation de l'hyperplan $f(\mathbf{x})$, ce qui donne :

$$f(\mathbf{x}) = \sum_{i=1}^n \alpha_i^* y_i \mathbf{x}_i^\top \mathbf{x} + b$$

Nb : si $\alpha_i > 0$ alors \mathbf{x}_i est un vecteur de support, et lorsque $\alpha_i = 0$ alors \mathbf{x}_i n'est pas un vecteur de support.

4.2 Le SVM non Linéaire :

4.2.1 Le cas non linéairement séparable :

Nous partons du problème primal linéaire et introduisons des variables « ressort » pour assouplir les contraintes.

$$\begin{cases} \min \frac{\|\omega\|^2}{2} + C \sum_{i=1}^n \varepsilon_i \\ \text{Sc } y_i (\mathbf{w}^T \mathbf{x}_i + b) \geq 1 - \varepsilon_i \end{cases} \quad (1.4)$$

Le paramètre C établit un compromis entre la largeur de la marge, qui a un rôle régulaisant, et le nombre d'échantillons mal classés.

- **C grand** : petite marge, moins d'erreurs de classification.
- **C petit** : grande marge, plus d'erreurs de classification.

Le terme $C \sum_{i=1}^n \varepsilon_i$ a pour effet de pénaliser les échantillons mal classés. On en déduit le problème dual qui a la même forme que dans le cas séparable, sauf que α_i est inférieure ou égale à C :

$$\begin{cases} \max \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j y_i y_j \mathbf{x}_i \mathbf{x}_j \\ \text{Sc } 0 \leq \alpha_i \leq C, \quad \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i = 0 \end{cases} \quad (1.5)$$

4.2.2 Fonction noyau (kern) :

Le principe du noyau en SVM permet traiter des données non linéaires en les transformant dans un espace de dimension supérieure. Cette technique facilite la séparation des données par des hyperplans et offrant ainsi une flexibilité cruciale dans la classification des données complexes.

$$\begin{aligned}\phi : \mathbb{R}^d &\rightarrow F \\ x &\mapsto \phi(x)\end{aligned}\tag{1.6}$$

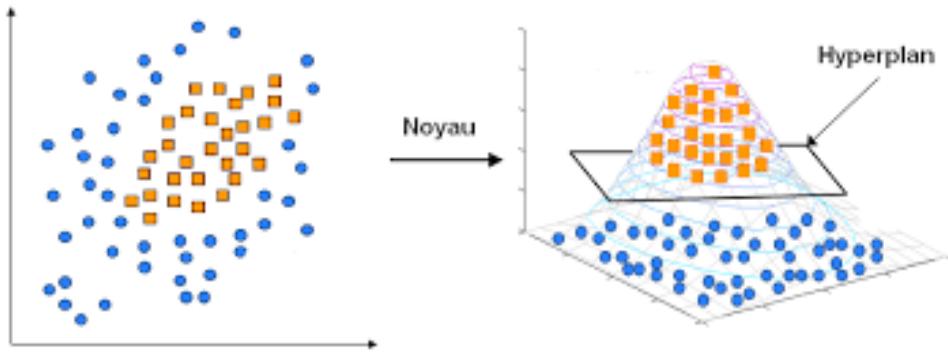


FIGURE 21 – Principe du kernel

On doit donc résoudre le problème suivant :

$$\begin{cases} \max \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j y_i y_j \phi(\mathbf{x}_i) \phi(\mathbf{x}_j) \\ \text{Sc : } 0 \leq \alpha_i \leq C, \quad \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i = 0 \end{cases}\tag{1.7}$$

Donc la solution est exprimée sous la forme suivants :

$$f(x) = \sum_{i=1}^n \alpha_i^* y_i \phi(\mathbf{x}_i) \phi(\mathbf{x}) + b$$

La difficulté ici vient des calculs des produits scalaires $\phi(\mathbf{x}_i) \cdot \phi(\mathbf{x})$ qui deviennent très longs. Pour surmonter cette difficulté, il existe des fonctions bilinéaires symétriques positives $k(\mathbf{x}, \mathbf{x}')$ appelées fonctions à noyau, faciles à calculer et qui correspondent à des produits scalaires dans un espace à grande dimension. Cette propriété correspond à la **condition de Mercer**.

$$k(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) = \phi(\mathbf{x}_i) \cdot \phi(\mathbf{x}_j)$$

Malheureusement, cette condition est très difficile à vérifier, car elle ne fournit aucune indication sur la construction de noyaux. De plus, elle ne permet pas de déterminer la nature de la fonction de transformation ϕ .

Le problème d'optimisation dans ce cas devient :

$$\begin{cases} \max \sum_{i=1}^n \alpha_i - \frac{1}{2} \sum_{i,j} \alpha_i \alpha_j y_i y_j k(\mathbf{x}_i, \mathbf{x}_j) \\ \text{Sc : } 0 \leq \alpha_i \leq C, \quad \sum_{i=1}^n \alpha_i y_i = 0 \end{cases} \quad (1.8)$$

La solution est l'hyperplan séparateur d'équation :

$$f(x) = \sum_{i=1}^n \alpha_i^* y_i k(x_i, \mathbf{x}) + b$$

Exemples de noyaux :

1. Linéaire : $k(x, x') = x \cdot x'$
2. Polynomial : $k(x, x') = (x \cdot x')^d$ ou $(c + x \cdot x')^d$
3. Gaussien : $k(x, x') = e^{-\frac{\|x-x'\|^2}{(2\sigma)^2}}$
4. Fonction sigmoïde : $k(x, x') = \tanh(a(x \cdot x') - b)$

4.3 Les SVM multi classes :

Les machines à vecteurs de support (SVM) sont une méthode de classification puissante initialement conçue pour résoudre des problèmes de classification binaire. Cependant, dans les tâches de classification réelles, il est souvent nécessaire de traiter des problèmes impliquant plus de deux classes, ce qui entraîne une classification multiple. Pour ce faire, les SVM utilisent des combinaisons de problèmes de classification binaire. Deux approches courantes sont utilisées : "un contre un" (one vs. one) et "un contre tous" (one vs. the other).

4.3.1 Un contre tous (one vs. the other) :

La méthode "One-Against-All" est la technique de décomposition la plus ancienne et la plus simple pour résoudre les problèmes de classification multi-classes avec les machines à vecteurs de support (SVM). Cette méthode, introduite par Vapnik en 1995 et améliorée en 1998, consiste à diviser le problème de classification en un ensemble de sous-problèmes binaires. Pour chaque classe, un SVM est construit pour distinguer cette classe de toutes les autres. Ainsi, chaque SVM est spécialisé dans la classification d'une seule classe par rapport aux autres, ce qui permet de résoudre efficacement des problèmes de classification avec plusieurs classes. La règle de décision est donc généralement utilisée pour attribuer les données inconnues à la classe correspondant au SVM avec la plus grande valeur de sortie.

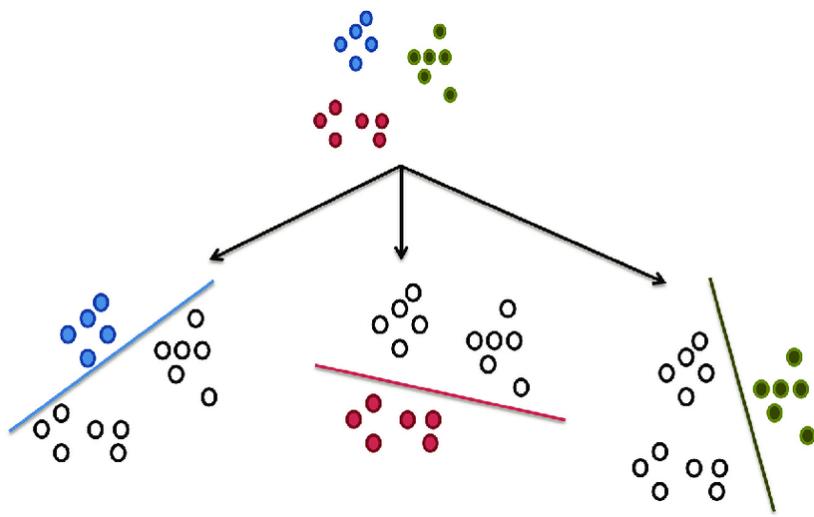


FIGURE 22 – Principe Un contre tous

4.3.2 Un contre un (one vs. one) :

La méthode One-Against-One, également connue sous le nom de couplage par paires (pairwise coupling), tous contre tous (all pairs) ou round robin, consiste à construire un SVM pour chaque paire de classes, soit $C \cdot (\frac{C-1}{2})$ SVM pour un problème avec c classes. Chaque classifieur est entraîné à séparer les données d'une classe de celles d'une autre classe. La règle de décision utilisée est généralement le vote majoritaire appelé "vote max-gagnant" (max-wins voting). Chaque SVM vote pour une classe et les données inconnues sont finalement associées à la classe recevant le plus de votes.

One vs One (OVO)

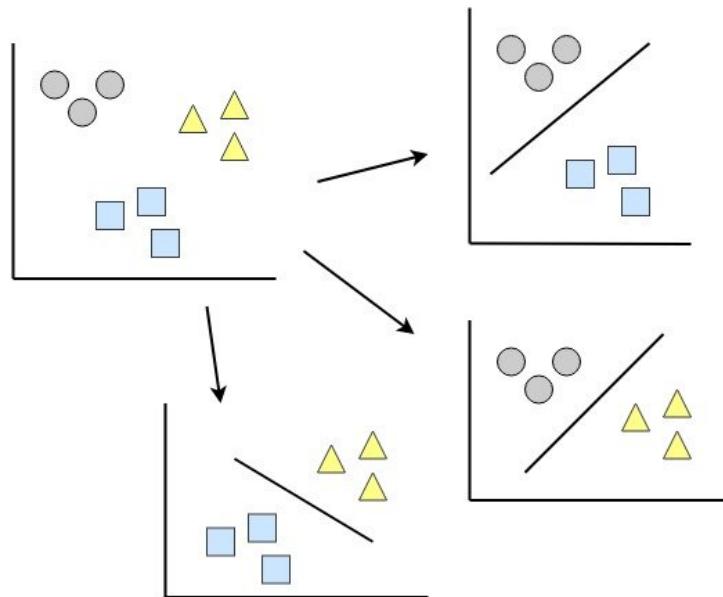


FIGURE 23 – Principe Un contre un

Il peut sembler logique que le temps total d’entraînement avec la stratégie «un contre-un» est plus large qu’avec la stratégie «un contre-tous», car il faut entraîner davantage de classificateurs binaires, mais ce n’est pas forcément vrai pour des classificateurs SVM. En effet, le temps d’apprentissage d’un SVM augmente considérablement avec le nombre d’échantillons d’entraînement. Ainsi, pour des problèmes impliquant un petit nombre d’échantillons d’apprentissage, il est généralement plus rapide de former les $M \times \frac{M-1}{2}$ classificateurs SVM de la stratégie «un contre-un» que les M SVM du «un contre-tous». Pareil pour la complexité du processus décisionnel, il peut sembler logique que la prise de décision avec la stratégie «un contre-un» est plus complexe qu’avec la «un contre-tous», car il faut évaluer plus de fonctions de décision, mais, comme précédemment, ce n’est pas nécessairement vrai avec les SVM. En effet, la complexité de la prise de décision d’un SVM est directement liée aux nombres de vecteurs de support, et bien que la prise de décision soit plus compliquée dans le cas de multi-classes, il est raisonnable de considérer que la complexité est proportionnelle au nombre total de vecteurs de support.

5 Avantages et inconvénients du SVM :

5.1 Les avantages :

Les SVMs présentent plusieurs avantages parmi lesquels :

- Les SVM sont robustes aux observations qui sont éloignées de l’hyperplan et sont efficaces car ils sont basés uniquement sur les vecteurs de support à l’intérieur de l’hyperplan.
- Les SVM peuvent générer avec succès des classifications en présence d’un grand nombre de prédicteurs même avec un petit nombre de cas dans l’ensemble de données.
- Les SVM peuvent s’adapter à des frontières de décision/classification non linéaires en utilisant diverses fonctions de noyau et fournissent des solutions même lorsque les données ne sont pas séparables linéairement.
- Les SVM fournissent une solution unique contrairement à d’autres méthodes d’apprentissage automatique qui dépendent de minima locaux comme les réseaux neuronaux.
- Étant donné que les SVM sont construits en utilisant uniquement les vecteurs de support, ils peuvent avoir de meilleures performances de classification lorsqu’ils sont appliqués à des données déséquilibrées par rapport au résultat binaire.

5.2 Les inconvénients :

Les SVMs n’ont pas que des avantages ils ont aussi des inconvénients tels que :

- Les SVM peuvent être intensives en calcul et nécessiter une grande quantité de mémoire pour effectuer l'estimation, surtout si les ensembles de données sont volumineux.
- Pour les applications non linéaires, l'utilisateur doit sélectionner un noyau à utiliser par le SVM. Le choix du noyau et de tout hyperparamètre associé requis par le noyau doit être fait avec soin, et un choix incorrect de noyau, en particulier, peut affecter négativement les performances du SVM.
- Les SVM peuvent sembler être des boîtes noires dans la mesure où une forme fonctionnelle finale ou un tableau de coefficients pour différents prédicteurs n'est pas fourni en tant que partie de l'estimation.

6 Les domaines d'applications :

Les SVM se distinguent comme une méthode de classification qui montre de bonnes performances dans la résolution d'une variété de problèmes. Leur efficacité s'est avérée remarquable dans de multiples domaines d'application tels que le traitement d'image, la catégorisation de textes ou le diagnostics médicales et ce même sur des ensembles de données de très grandes dimensions.

7 Conclusion :

Dans ce chapitre, nous avons présenté de manière simple et complète le concept de système d'apprentissage introduit par Vladimir Vapnik, les « Support Vector Machine ». Ensuite, nous avons donné une vision générale et une vision purement mathématiques des SVM. Cette méthode de classification est basée sur la recherche d'un hyperplan qui permet de séparer au mieux des ensembles de données. Nous avons exposé les cas linéairement séparable et les cas non linéairement séparables qui nécessitent l'utilisation de fonction noyau (kernel) pour changer d'espace et le cas des SVM multiple.

Chapitre 3 : Méthodologie,implémentation et résultats :

1 Introduction :

Dans ce chapitre, nous allons aborder de manière plus claire l'environnement de programmation, le langage ainsi que les bibliothèques utilisées qui nous ont aidés à implémenter notre solution. Par ailleurs, nous allons discuter en détail des résultats que nous avons obtenus. Enfin, nous conclurons en présentant les résultats du système.

2 Environnement de travail :

2.1 Ressource matériel :

Ce travail a été effectué sur un ordinateur personnel doté des caractéristiques suivantes :

- **Processeur** : Intel Core i5 de 3e génération
- **Mémoire RAM** : 12 Go
- **Stockage** : Un disque dur SSD de 256 Go
- **Système d'exploitation** : Système d'exploitation 64 bits, processeur x64

2.2 Outils de programmation :

- **Python** : Python est un langage de programmation interprété, de haut niveau et multiplateforme. Il a été créé en 1989 par Guido van Rossum et est maintenant maintenu par une communauté mondiale de développeurs. Python est largement utilisé pour la programmation web, l'analyse de données, l'intelligence artificielle, l'automatisation des tâches et bien d'autres domaines. Il est connu pour sa syntaxe simple et facile à apprendre, ainsi que pour sa grande bibliothèque standard qui offre un large éventail de fonctionnalités pour les développeurs. Les bibliothèques les plus utilisées dans l'intelligence artificielle sont implémentées par Python , citons opencv et Scikit-learn , Pandas et bien beaucoup d'autres.



FIGURE 24 – Logo python

- **Colab** : Colab est un environnement de développement collaboratif basé sur le cloud, offert gratuitement par Google. Il permet d'exécuter du code Python di-

rectement dans le navigateur, sans nécessiter de configuration ou d'installation complexe. Colab offre un accès aux ressources de calcul, y compris les GPU et les TPU, et facilite le partage et la collaboration grâce à la création de cahiers interactifs.



FIGURE 25 – Logo Colab

- **Htm** : (pour HyperText Markup Language, qu'on peut traduire en « langage de balisage hypertexte ») est le langage utilisé pour structurer une page web et son contenu. On peut par exemple organiser le contenu en un ensemble de paragraphes, une liste d'éléments, utiliser des images ou des tableaux de données.



FIGURE 26 – Logo HTML

- **Css** : est l'acronyme de « Cascading Style Sheets » ce qui signifie « feuille de style en cascade ». Le CSS correspond à un langage informatique permettant de mettre en forme des pages web (HTML ou XML). Ce langage est donc composé des fameuses « feuilles de style en cascade » également appelées fichiers CSS



FIGURE 27 – Logo Css

- **Flask** : est un micro framework open-source de développement web en Python. Il est classé comme microframework car il est très léger. Flask a pour objectif de garder un noyau simple mais extensible.



FIGURE 28 – Logo flask

2.3 Bibliothèques utilisées :

- **NumPy** : est une bibliothèque pour langage de programmation Python, destinée à manipuler des matrices ou tableaux multidimensionnels ainsi que des fonctions mathématiques opérant sur ces tableaux.



FIGURE 29 – Logo NumPy

- **Matplotlib** : Matplotlib est une bibliothèque du langage de programmation Python destinée à tracer et visualiser des données sous forme de graphiques, c'est-à-dire donner une représentation visuelle des résultats. Elle peut être combinée avec les bibliothèques python de calcul scientifique NumPy et SciPy.



FIGURE 30 – Logo Matplotlib

- **OpenCV** : OpenCV est une bibliothèque libre, initialement développée par Intel, spécialisée dans le traitement d'images en temps réel utilisée pour faire des tonnes de choses sur des images et des vidéos.



FIGURE 31 – Logo OpenCv

- **Scikit-learn :** est une bibliothèque Python open source qui propose de nombreuses classifications, des algorithmes de régression et de regroupement comme les support vector machines (SVM), le random forests, le gradient boosting, les k-means. Elle est utilisée lorsque la création et la formons des modèles de Machine Learning.



FIGURE 32 – Logo Scikit-learn

3 Intérêt du notre travail :

L'intérêt de notre travail est de réaliser un système d'aide au diagnostic des tumeurs cérébrales basé sur l'une des méthodes de l'apprentissage automatique, à savoir les machines à vecteurs de support SVM.

4 La base de données utilisée :

Dans ce projet, nous avons utilisé une base de données à classes multiples téléchargée à partir du site Kaggle, composée de 7023 images d'examens IRM, d'une taille de 156 Mo, réparties en 4 classes : tumeur hypophysaire (1757 images), pas de tumeur (2000 images), gliome (1621 images) et méningiome (1645 images).

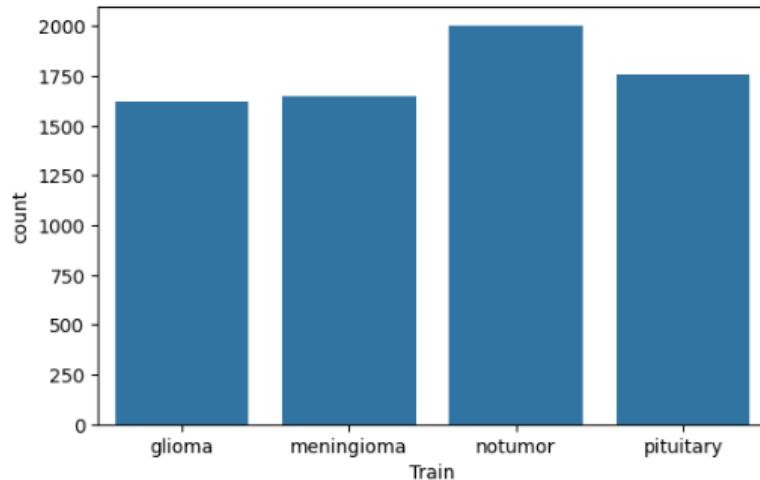


FIGURE 33 – Visualisation des données

5 Mesures de performance utilisées :

Après avoir implémenté le modèle et obtenu des résultats en classe ou probabilité, l'étape suivante consiste à évaluer son efficacité à l'aide de diverses métriques sur des ensembles de données de test. Certaines mesures de performance sont utilisées pour spécifier divers algorithmes d'apprentissage automatique. Le choix de la bonne métrique est crucial car il influence directement les performances de l'algorithme.

5.1 Matrice de Confusion :

Une matrice de confusion est une matrice utilisée pour évaluer les performances d'un modèle de classification en comparant les prédictions du modèle avec les vraies valeurs. Elle est souvent utilisée en apprentissage automatique pour évaluer la qualité d'un modèle de classification, qu'ils soient binaires (prédiction de deux classes) ou multi-classes (prédiction de plusieurs classes). La matrice de confusion se compose de quatre éléments : les vrais positifs (TP), les faux positifs (FP), les vrais négatifs (TN) et les faux négatifs (FN).

5.2 Précision de la classification (Accuracy) :

L'accuracy (précision globale) est une métrique d'évaluation couramment utilisée pour mesurer la performance globale d'un modèle de classification. Elle représente le taux de prédictions correctes (vrais positifs et vrais négatifs) par rapport au nombre total d'échantillons dans l'ensemble de données. En d'autres termes, l'exactitude évalue la proportion de prédictions correctes parmi toutes les prédictions effectuées par le modèle.

| | | Actual Values | |
|------------------|--------------|---------------|--------------|
| | | Positive (1) | Negative (0) |
| Predicted Values | Positive (1) | TP | FP |
| | Negative (0) | FN | TN |

FIGURE 34 – La matrice de confusion.

La formule de l'accuracy est la suivante :

$$\text{Accuracy} = \frac{TP + TN}{TP + TN + FP + FN} \quad (2.9)$$

5.3 Précision (Precision) :

La précision mesure la proportion des prédictions positives effectuées par un modèle qui sont réellement correctes. En d'autres termes, elle indique combien de prédictions positives sont pertinentes parmi toutes les prédictions positives.

La formule de la précision est la suivante :

$$\text{Précision} = \frac{TP}{TP + FP} \quad (2.10)$$

5.4 Rappel (Recall) :

Le rappel, également appelé sensibilité ou taux de vrais positifs, mesure la proportion des instances positives réellement correctement prédites par le modèle parmi toutes les instances positives réelles. Le rappel indique donc combien de prédictions positives pertinentes ont été capturées.

La formule du rappel est la suivante :

$$\text{Recall} = \frac{TP}{TP + FN} \quad (2.11)$$

5.5 F-mesure (F1-score) :

La F-mesure est une métrique qui combine à la fois la précision et le rappel en une seule valeur pour donner une vue globale des performances d'un modèle. Elle est particulièrement utile lorsque les classes ne sont pas équilibrées. La F-mesure prend en compte

à la fois les faux positifs et les faux négatifs, ce qui la rend utile pour évaluer les performances globales d'un modèle de classification.

La formule du F-mesure est la suivante :

$$F\text{-mesure} = \frac{2 \times (\text{Précision} \times \text{Recall})}{\text{Précision} + \text{Recall}} \quad (2.12)$$

6 Les étapes d'implémentation de SVM :

Afin d'implémenter notre modèle SVM pour pouvoir classer les images IRM de notre base de données, nous allons suivre les étapes présentées dans l'organigramme suivant :

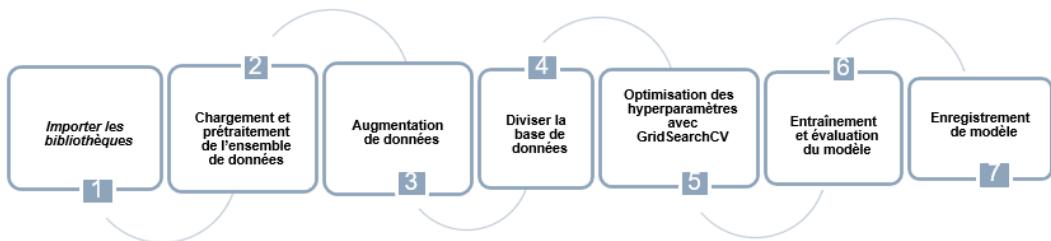


FIGURE 35 – Etapes d'implementation des SVMs

- **Importer les bibliothèques :**

Au début, on a besoin d'importer les bibliothèques NumPy, OpenCV, et Scikit-learn , tandis que les autres bibliothèques sont importées au milieu du code

- **Chargement et prétraitement de l'ensemble de données :**

Pour commencer, on va importer notre base de données. Les données sont ensuite préparées en les redimensionnant et en les aplatisant, les rendant ainsi prêtes pour l'entraînement des modèles d'apprentissage automatique. Il est recommandé de les normaliser en les mettant à l'échelle entre 0 et 1. Cela peut être fait en divisant chaque valeur de pixel par 255.

- **Augmentation de données :**

L'augmentation des données est une technique visant à créer de nouvelles données d'entraînement à partir des données existantes. Cela se fait en créant des versions transformées des images appartenant à la même classe que l'image d'origine dans l'ensemble de données d'apprentissage. Les techniques d'augmentation peuvent créer des variations des images , ce qui peut renforcer la capacité des modèles à généraliser leurs apprentissages à de nouvelles images.

Les types d'augmentation des images : Il existe plusieurs types d'augmentation des données, on a proposé quelques-unes, ils sont résumés dans la figure suivante :

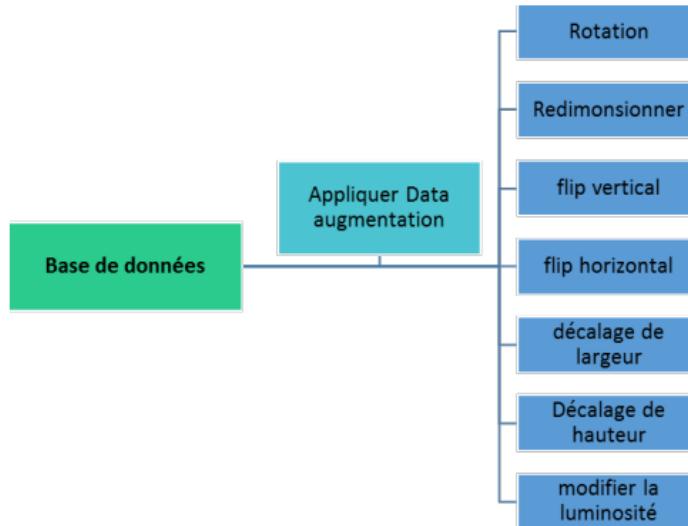


FIGURE 36 – Les types de la technique d’augmentation des images.

- On a également tenté d’appliquer l’augmentation des données, car le modèle d’apprentissage automatique SVM nécessite une vaste quantité de données pour garantir des résultats précis.

- **Diviser la base de données :**

Les données sont divisées en deux ensembles distincts :

- Ensemble d’entraînement, composé de 80% des données disponibles
- Ensemble de test, composé de 20%

- **Optimisation des hyperparamètres avec GridSearchCV :**

nous avons utilisé une approche systématique pour rechercher les meilleurs paramètres pour notre modèle SVM. En ajustant les hyperparamètres tels que C, gamma et le noyau, GridSearchCV a exploré différentes combinaisons pour maximiser les performances du modèle. Nous avons également utilisé la réduction de la dimensionnalité avec PCA pour améliorer l’efficacité du processus d’optimisation. Après avoir entraîné plusieurs modèles SVM avec différentes combinaisons d’hyperparamètres, nous avons sélectionné celui qui a donné les meilleures performances sur les données de validation croisée. Cette approche nous a permis d’obtenir un modèle SVM optimisé, prêt à être évalué sur les données de test pour une classification précise des tumeurs cérébrales.

- **Entraînement et évaluation du modèle :**

Après avoir trouvé les meilleurs hyperparamètres à l’aide de GridSearchCV, nous avons entraîné le modèle SVM sur les données d’entraînement prétraitées en utilisant ces paramètres optimaux. Ensuite, nous avons évalué la performance du modèle entraîné sur les données de test pour mesurer sa capacité à généraliser à de nouvelles données. En parallèle, nous avons exploré deux approches pour résoudre

les problèmes de classification multi-classes : OneVsRestClassifier et OneVsOneClassifier. Cette comparaison nous a permis de déterminer la méthode la plus adaptée à notre ensemble de données, en prenant en compte les spécificités de chaque approche pour obtenir des performances optimales dans différentes situations de classification.

- **Enregistrement de modèle :**

Une fois que le modèle SVM a été entraîné et évalué avec succès, nous l'avons enregistré pour une utilisation future. Pour ce faire, nous avons utilisé la fonction `joblib.dump()` pour sauvegarder le modèle dans un fichier. Si besoin, le modèle peut être chargé ultérieurement en utilisant la fonction `joblib.load()` avec le chemin du fichier de sauvegarde en tant qu'argument. Cela assure la préservation du modèle entraîné et permet son utilisation dans d'autres projets ou pour des prédictions ultérieures.

7 Présentation du système :

Le système "Classification des Tumeurs Cérébrales" est une application visant à détecter les tumeurs cérébrales à partir d'images médicales en temps réel. En utilisant un modèle de machine learning SVM (Support Vector Machine) entraîné sur un ensemble de données d'images médicales, l'application classe les images téléchargées en différentes catégories de tumeurs cérébrales. L'interface utilisateur conviviale permet aux utilisateurs de soumettre facilement des images médicales pour analyse. Une fois l'image téléchargée, l'application affiche instantanément le résultat de la classification, indiquant le type de tumeur cérébrale détectée. Basé sur Flask pour la création de l'interface web et des bibliothèques Python pour le traitement d'images et le machine learning, ce système offre une solution rapide et précise pour aider les professionnels de la santé à diagnostiquer les tumeurs cérébrales, améliorant ainsi les résultats cliniques et la qualité des soins pour les patients.



FIGURE 37 – Interface principale de système.

Il contient deux boutons dans la barre d'outils, chacun dédié à une fonctionnalité distincte. Le bouton "Télécharger" permet aux utilisateurs d'importer des images à analyser, tandis que le bouton "Classifier" lance le processus de classification sur les images chargées. Voici une description détaillée de leur fonctionnement :

- **Bouton "télécharger une image"** : Ce bouton permet à l'utilisateur de sélectionner une image médicale à partir de son appareil local. Lorsque l'utilisateur clique sur ce bouton, une boîte de dialogue s'ouvre lui permettant de naviguer à travers les fichiers de son appareil et de choisir l'image à télécharger.
- **Zone d'affichage de l'image** : Une fois que l'utilisateur a sélectionné une image à télécharger, cette zone affiche l'image choisie. L'image peut être affichée sous forme de miniature ou d'aperçu, permettant à l'utilisateur de vérifier l'image avant de procéder à l'analyse.
- **Bouton "Classifier l'image"** : Ce bouton déclenche le processus de classification de l'image téléchargée. Lorsque l'utilisateur clique sur ce bouton, l'algorithme SVM entraîné est utilisé pour analyser l'image et déterminer le type de tumeur cérébrale présente, le cas échéant. Le résultat de la classification est ensuite affiché à l'utilisateur.
- **Zone d'affichage du résultat** : Après que l'image a été classifiée, cette zone affiche le résultat de la classification. Il peut s'agir du type de tumeur cérébrale détectée (comme "gliome", "méningiome", "absence de tumeur", "tumeur hypophysaire", etc.), ainsi que toute autre information pertinente associée à la classification.

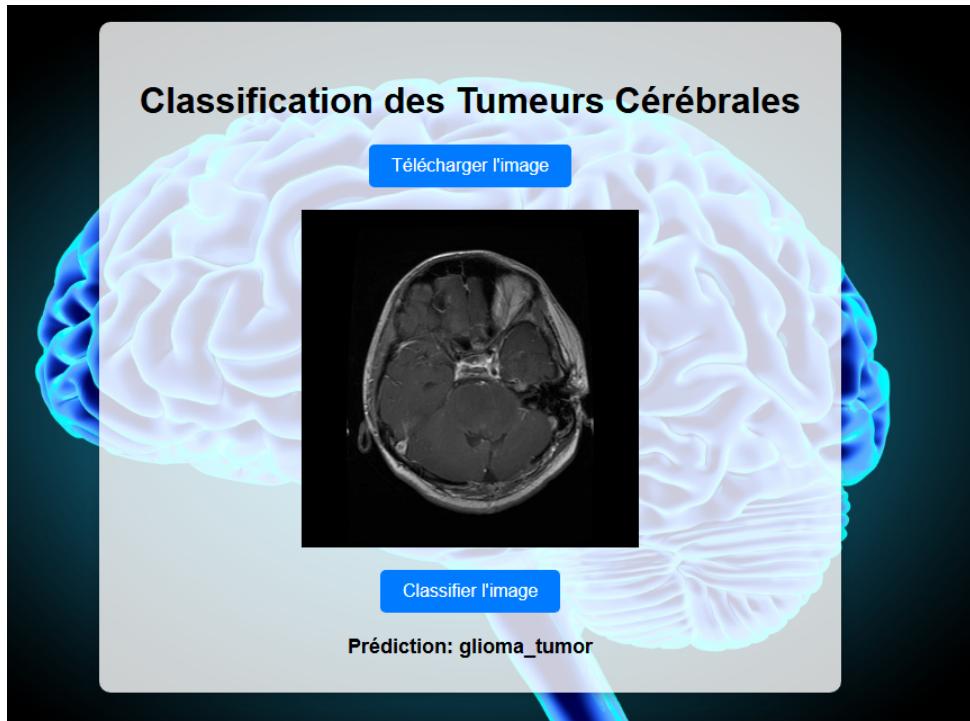


FIGURE 38 – Interface présentant les fonctionnalités du système.

8 Résultats et discussion :

Pour évaluer les performances du projet de classification des tumeurs cérébrales, le classifieur SVM doit être formé en essayant trois fonctions noyau (linéaires, polynomiales et RBF) et en faisant varier ses paramètres, à savoir le paramètre de régularisation C et le paramètre de mise à l'échelle gamma. Le couple de paramètres et le noyau donnant la meilleure précision d'entraînement sont ensuite sélectionnés. Nous avons utilisé la recherche par grille pour sélectionner les valeurs optimales de C et gamma parmi une grille de valeurs $C = [0.1, 1, 10]$ et $\text{gamma} = [1, 0.1, 0.01]$. Ainsi, la grille de recherche a construit des dizaines de modèles SVM avec différents paramètres.

Les sections suivantes présentent les résultats de la classification en termes de sensibilité, de F1-score, de précision et de taux de bonne classification pour les données Kaggle. Plusieurs noyaux ont été testés, mais les résultats suivants concernent le noyau polynomial car il a donné les meilleures performances.

8.1 Résultats du modèle trouvés :

Dans cette sections nous allons présentés nos différents résultats obtenus durant l'entraînement ainsi que le test.

8.1.1 Classification avec l'architecture un-contre-tous (One-vs-all) :

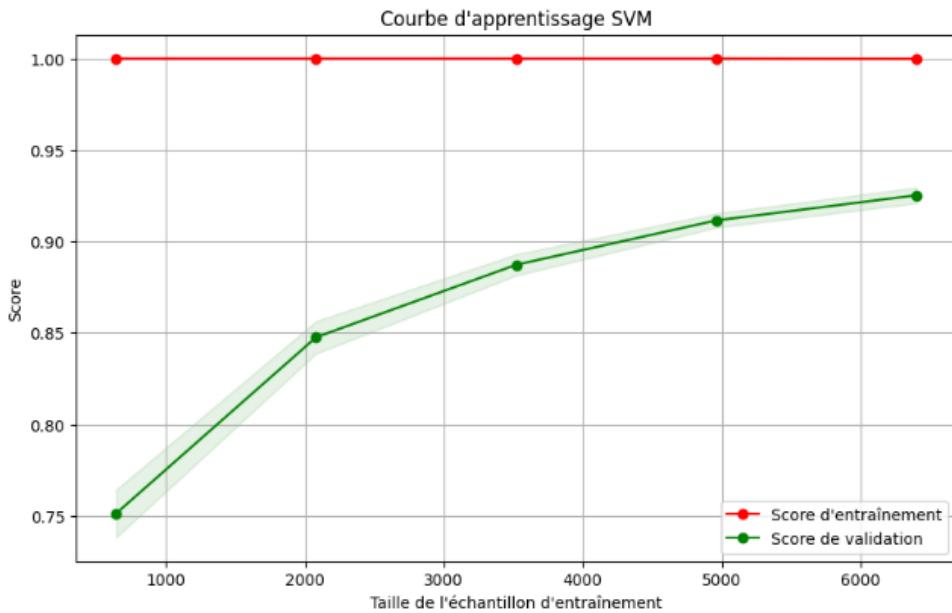


FIGURE 39 – Courbe d'apprentissage du SVM un-contre-tous.

Interprétation des résultats : D'après le graphique, il semble que le modèle ait atteint un bon équilibre entre le score d'entraînement et le score de validation. Le score d'entraînement est suffisamment élevé pour indiquer que le modèle a appris les caractéristiques générales des données, et le score de validation est suffisamment élevé pour indiquer que le modèle est capable de généraliser à de nouvelles données.

Résultats du model :

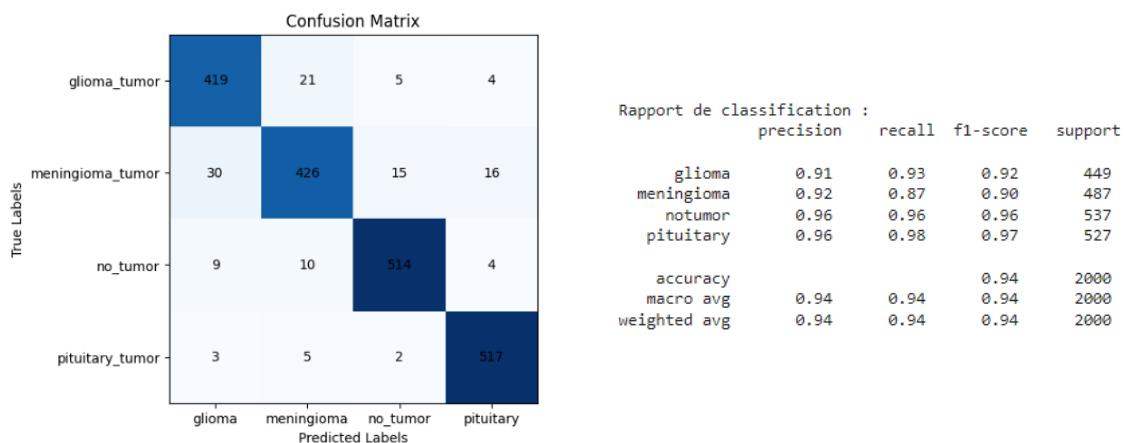


FIGURE 40 – Matrice de confusion et rapport de classification du SVM un-contre-tous.

Les graphiques ci-dessus présentent les matrices de confusion et le rapport de classification du modèle SVM avec l'architecture un-contre-tous. Les performances du modèle sont résumées comme suit : pour la classe Gliome, le modèle affiche une précision de 91%, un rappel de 93%, et un score F1 de 92% sur 449 échantillons, indiquant une bonne capacité d'identification de cette classe. Pour la classe Méningiome, la précision est de 92%, le

rappel est de 87%, et le score F1 est de 90% sur 487 échantillons, montrant une précision élevée mais un rappel légèrement plus bas. Pour la classe Pas de tumeur, le modèle atteint une précision, un rappel et un score F1 de 96% sur 537 échantillons, démontrant une excellente performance de détection des cas sans tumeur. Enfin, pour la classe Adénome hypophysaire, les résultats sont également excellents avec une précision de 96%, un rappel de 98%, et un score F1 de 97% sur 527 échantillons. En moyenne, le modèle affiche une précision globale de 94% pour toutes les classes, ce qui est très encourageant.

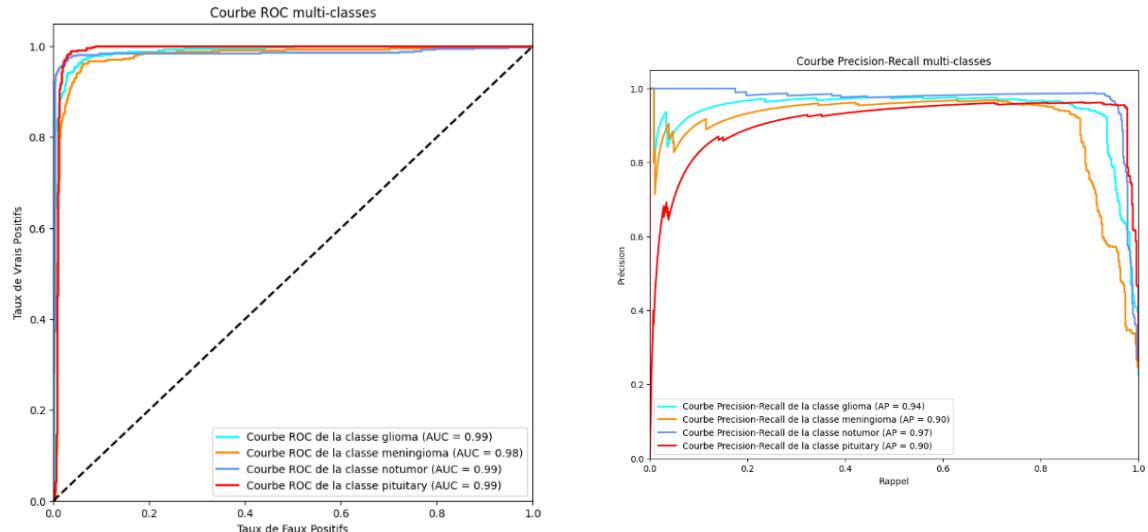


FIGURE 41 – Courbe ROC et Precision-Recall multi-classes SVM un-contre-tous.

Les graphiques ci-dessus présentent les courbes ROC et les courbes Precision-Recall (PR) pour trois classes différentes : gliome, méningiome et absence de tumeur. Les courbes ROC montrent une aire sous la courbe (AUC) de 0,99 pour le gliome, 0,98 pour le méningiome et 0,99 pour l'absence de tumeur, indiquant une excellente performance de classification pour chaque classe, avec des courbes proches du coin supérieur gauche. Les courbes PR montrent une aire sous la courbe de précision-rappel (AP) de 0,94 pour le gliome, 0,90 pour le méningiome et 0,97 pour la tumeur hypophysaire, démontrant que le modèle fonctionne bien pour distinguer ces trois types de tumeurs dans un scénario One-vs-All. Ces résultats globaux montrent que notre modèle de classification a une excellente capacité à distinguer entre gliome, méningiome, tumeur hypophysaire et absence de tumeur.



FIGURE 42 – Résultat du test pour SVM one vs.all .

Les images présentées représentent un échantillon des scans IRM cérébraux correctement classifiés par le modèle. Chaque image est accompagnée de son étiquette de diagnostic "Vrai" et de son diagnostic "Prédit". Ces résultats mettent en avant l'efficacité du modèle dans la classification précise des différentes conditions cérébrales, telles que les adénomes hypophysaires, les méningiomes et l'absence de tumeur.

8.1.2 Classification avec l'architecture Un contre un (one vs. one) :

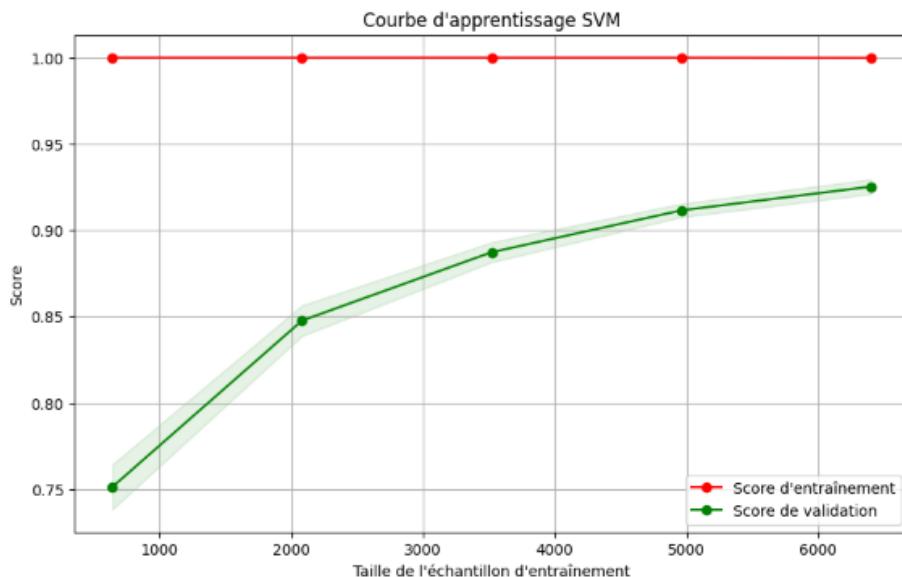


FIGURE 43 – Courbe d'apprentissage du SVM Un contre un.

Interprétation des résultats : D'après le graphe, il semble que le modèle ait atteint un bon équilibre entre le score d'entraînement et le score de validation. Le score d'entraînement est suffisamment élevé pour indiquer que le modèle a appris les caractéristiques générales des données, et le score de validation est suffisamment élevé pour indiquer que le modèle est capable de généraliser à de nouvelles données.

Résultats du modèle :

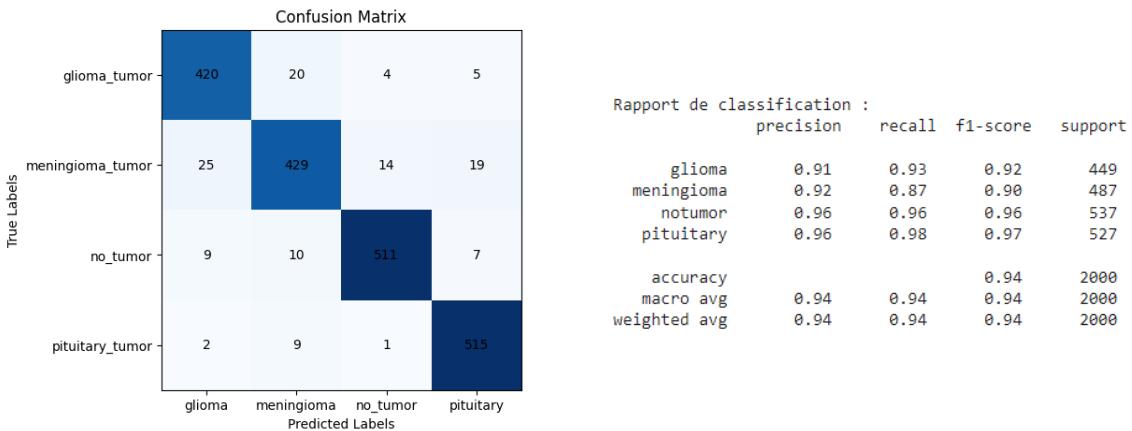


FIGURE 44 – Matrice de confusion et rapport de classification du SVM un-contre-un.

Le rapport de classification fournit des informations essentielles sur la performance du modèle dans la classification des types de tumeurs cérébrales et des cas sans tumeur. Pour les gliomes, la précision est de 91%, le rappel est de 93%, et le score F1 est de 92 % sur 449 échantillons, indiquant une bonne capacité d'identification de cette classe. Pour les méningiomes, la précision est de 92 %, le rappel est de 87%, et le score F1 est de 90 % sur 487 échantillons, montrant une précision élevée mais un rappel légèrement plus bas. Pour les cas sans tumeur, le modèle atteint une précision, un rappel et un score F1 de 96 % sur 537 échantillons, démontrant une excellente performance de détection des cas sans tumeur. Enfin, pour les adénomes hypophysaires, les résultats sont également excellents avec une précision de 96 %, un rappel de 98 %, et un score F1 de 97 % sur 527 échantillons. En moyenne, le modèle affiche une précision globale de 94 % pour toutes les classes, ce qui est très encourageant.

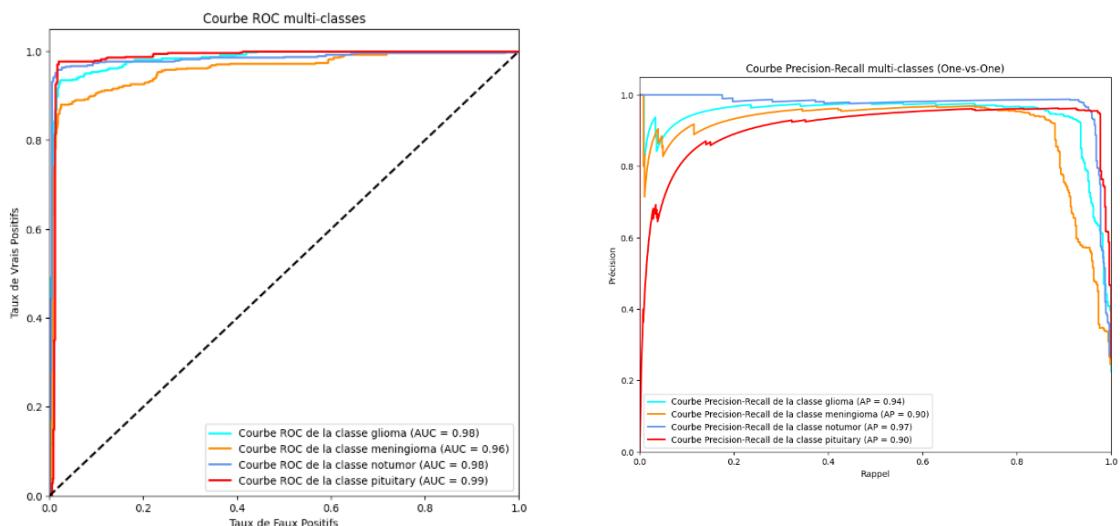


FIGURE 45 – Courbe ROC et Precision-Recall multi-classes SVM un-contre-un.

Les graphiques ci-dessus présentent les courbes ROC et les courbes Precision-Recall (PR)

pour trois classes différentes : gliome, méningiome et absence de tumeur. Les courbes ROC montrent une aire sous la courbe (AUC) de 0,99 pour le gliome, 0,98 pour le méningiome et 0,99 pour l'absence de tumeur, indiquant une excellente performance de classification pour chaque classe, avec des courbes proches du coin supérieur gauche. Les courbes PR montrent une aire sous la courbe de précision-rappel (AP) de 0,94 pour le gliome, 0,90 pour le méningiome et 0,97 pour la tumeur hypophysaire, démontrant que le modèle fonctionne bien pour distinguer ces trois types de tumeurs dans un scénario One-vs-All. Ces résultats globaux montrent que notre modèle de classification a une excellente capacité à distinguer entre gliome, méningiome, tumeur hypophysaire et absence de tumeur.



FIGURE 46 – Courbe ROC multi-classes SVM un-contre-un.

Les images présentées représentent un échantillon des scans IRM cérébraux correctement classifiés par le modèle. Chaque image est accompagnée de son étiquette de diagnostic "Vrai" et de son diagnostic "Prédit". Ces résultats mettent en avant l'efficacité du modèle dans la classification précise des différentes conditions cérébrales, telles que les adénomes hypophysaires, les méningiomes et l'absence de tumeur.

9 Les résultats du système :

Les figures ci-dessous montrent quelques tests et leurs résultats en utilisant le modèle SVM :

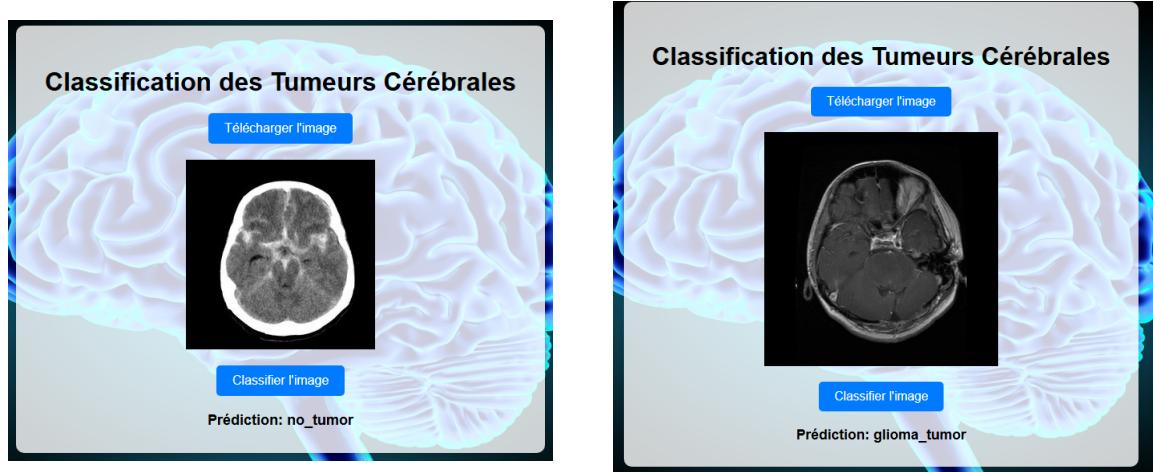


FIGURE 47 – Détection en temps réel des Tumeurs Cérébrales.

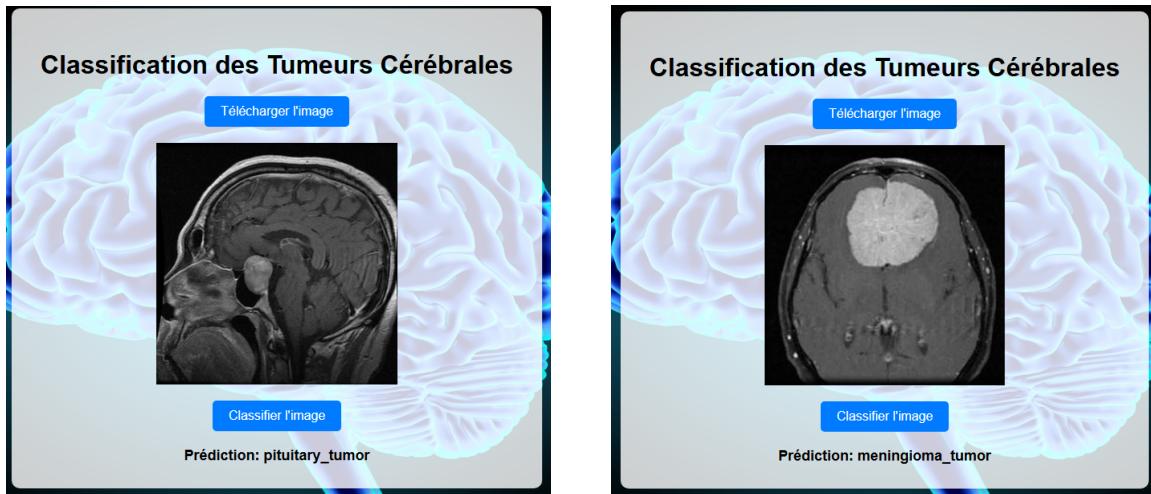


FIGURE 48 – Détection en temps réel des Tumeurs Cérébrale.

10 Conclusion :

Dans ce chapitre, nous avons présenté le langage de programmation et les outils que nous avons trouvés très utiles pour notre modèle. Nous avons également détaillé chaque étape de la mise en œuvre. Différents noyaux SVM ont été contribué où le choix optimal était le noyau poly, qui nous a donné un taux de réussite de 94%.

Conclusion Générale

Dans ce projet, nous avons exploré la classification des tumeurs cérébrales à partir d'images IRM en utilisant les machines à vecteurs de support (SVM). Nous avons mis en lumière plusieurs notions et aspects essentiels du domaine de l'apprentissage automatique, en mettant particulièrement l'accent sur l'utilisation des SVM avec différents noyaux pour résoudre ce problème crucial.

Nous avons utilisé une base de données disponible sur la plateforme Kaggle, comprenant des images IRM annotées pour quatre classes : gliome, méningiome, adénome hypophysaire et absence de tumeur. Pour optimiser l'apprentissage de notre modèle, nous avons normalisé les images et extrait les caractéristiques pertinentes.

Ensuite, nous avons testé trois noyaux SVM : linéaire, RBF et polynomial. Après une recherche par grille pour déterminer les valeurs optimales des paramètres de régularisation (C) et de mise à l'échelle (gamma), nous avons constaté que le noyau polynomial offrait les meilleures performances, atteignant un taux de réussite global de 94 %. Nous avons exploré deux architectures de classification multi-classes : One-vs-All et One-vs-One, et avons observé des résultats similaires, confirmant la robustesse du modèle.

Les courbes ROC pour l'architecture One-vs-All ont montré une AUC de 0,99 pour le gliome, 0,98 pour le méningiome, et 0,99 pour l'absence de tumeur. Les courbes Precision-Recall (PR) ont affiché une AP de 0,94 pour le gliome, 0,90 pour le méningiome et 0,97 pour l'adénome hypophysaire. Ces résultats indiquent que notre modèle SVM avec noyau polynomial est extrêmement efficace pour la classification des tumeurs cérébrales.

Les matrices de confusion et les rapports de classification ont été utilisés pour évaluer les performances du modèle. Pour la classe Gliome, une précision de 91 %, un rappel de 93 %, et un score F1 de 92 % ont été obtenus. Pour la classe Méningiome, une précision de 92 %, un rappel de 87 %, et un score F1 de 90 % ont été atteints. Pour l'absence de tumeur, les résultats ont montré une précision, un rappel et un score F1 de 96 %. Pour l'adénome hypophysaire, les résultats ont été également excellents avec une précision de 96 %, un rappel de 98 %, et un score F1 de 97 %.

En ce qui concerne les perspectives de ce travail, il serait intéressant d'améliorer cette application en y ajoutant des fonctionnalités plus avancées, telles que l'intégration de techniques de méthodes ensemblistes comme le bagging, le boosting ou les forêts aléatoires pour comparer les modèles précédents de manière plus approfondie et améliorer la robustesse et la précision des prédictions. L'ajout de fonctionnalités de prétraitement et

de segmentation des images pourrait également augmenter la précision des classifications, tout comme l'utilisation de réseaux de neurones convolutifs (CNN) pour l'extraction automatique des caractéristiques en combinaison avec les SVM. De plus, l'utilisation d'une base de données plus vaste pourrait conduire à des résultats encore meilleurs. Enfin, l'application de ce modèle dans un système de diagnostic assisté par ordinateur en milieu clinique pourrait être explorée pour une validation plus large et une utilisation pratique.

En conclusion, ce projet m'a offert l'opportunité d'approfondir mes connaissances en matière de machines à vecteurs de support et de développer des compétences dans l'implémentation de différents modèles d'apprentissage automatique. Les implémentations réalisées dans ce projet ne sont que des exemples d'application, mais les modèles et les concepts présentés ici peuvent être étendus à d'autres domaines de la vision par ordinateur et du traitement d'image.

Bibliographie

- [1] Bassett, D. S. & Gazzaniga, M. S. (2011). Understanding complexity in the human brain. *Trends in Cognitive Sciences*.
- [2] Bear, M. F., Connors, B. W. & Paradiso, M. A. (2016). *Neurosciences : à la découverte du cerveau*. John Libbey Eurotext.
- [3] Kolb, B., Whishaw, I. Q. & Teskey, G. C. (2019). *Cerveau et comportement*. De Boeck Supérieur.
- [4] Barlow, D. H., Durand, V. M. & Gottschalk, M. (2016). *Psychopathologie : une approche intégrative*. De Boeck supérieur.
- [5] Nevid, J. S., Rathus, S. & Greene, B. (2009). *Psychopathologie*. Pearson Education France.
- [6] Crossman, A. R. & Neary, D. (2018). *Neuroanatomy E-book : an illustrated colour text*. Elsevier Health Sciences.
- [7] Tortora, G. J. & Derrickson, B. (2017). *Manuel d'anatomie et de physiologie humaines*. De Boeck supérieur.
- [8] Sakka, L. & Chazal, J. (2005). Les méninges vues par l'anatomiste. *Morphologie*.
- [9] Katti, G., Ara, S. A. & Shireen, A. (2011). Magnetic resonance imaging (mri)—a review. *International journal of dental clinics*.
- [10] Grand, S. et al. (2012). Principes fondamentaux de l'imagerie par résonance magnétique. *Pratique Neurologique-FMC*.
- [11] Serai, S. D., Ho, M.-L., Artunduaga, M., Chan, S. S. & Chavhan, G. B. (2021). Components of a magnetic resonance imaging system and their relationship to safety and image quality. *Pediatric radiology*, 716–723.
- [12] Lapointe, S., Perry, A. & Butowski, N. A. (2018). Primary brain tumours in adults. *The Lancet*.
- [13] Guillamo, J.-S. et al. (2008). Traitement actuel des métastases cérébrales. *Revue neurologique*.
- [14] Delannes, M. et al. (2016). Radiothérapie des tumeurs intracrâniennes bénignes. *Cancer/Radiothérapie*.

- [15] Verreault, M., Delattre, J. Y. & Idbaih, A. (2012). Les tumeurs gliales diffuses de l'adulte-hétérogénéité génétique et implications thérapeutiques. *médecine/sciences*.
- [16] Delipetrev, B., Tsinaraki, C. & Kostic, U. (2020). Historical evolution of artificial intelligence.
- [17] Flasiński, M. (2016). *Introduction to artificial intelligence*. Springer.
- [18] Jiang, F. et al. (2017). Artificial intelligence in healthcare : past, present and future. *Stroke and vascular neurology*.
- [19] Jakhar, D. & Kaur, I. (2020). Artificial intelligence, machine learning and deep learning : definitions and differences. *Clinical and Experimental Dermatology*.
- [20] Attaran, M. & Deb, P. (2018). Machine learning : the new 'big thing' for competitive advantage. *International Journal of Knowledge Engineering and Data Mining*.
- [21] Tassew, T. & Nie, X. (2023). A comprehensive review of the application of machine learning in medicine and health care. *Authorea Preprints*.
- [22] Hasan, M. & Boris, F. (2006). Svm : Machines à vecteurs de support ou séparateurs à vastes marges. *Tech. Rep.*, Versailles St Quentin, France.
- [23] Zidelmal, Z. (2012). Reconnaissance d'arythmies cardiaques par Support Vector Machines. *Ph.D. thesis*.
- [24] Chapron, M. & Assemat, L. (2005). Classification de végétaux par svm. In *GRETISI*.
- [25] Do, T. N. & Poulet, F. (2005). Svm et visualisation pour la fouille de grands ensembles de données. In *EGC*.
- [26] Kallas, M. et al. (2012). Multi-class svm classification combined with kernel pca feature extraction of ecg signals. In *2012 19th International Conference on Telecommunications (ICT)*. IEEE.
- [27] Alfonse, M. & Salem, A. M. (2012). An Automatic Classification of Brain Tumors through MRI Using Support Vector Machine. Computer Science Department, Faculty of Computers and Information Sciences, Ain Shams University, Cairo, Egypt.
- [28] Kumar, A., Ashok, A., & Ansari, M. A. (2024). Brain Tumor Classification Using Hybrid Model Of PSO And SVM Classifier. Département de génie informatique et de génie électrique, Université technique d'Uttarakhand, Dehradun, Inde ; Institut de technologie pour femmes, Dehradun, Inde ; Département de génie électrique, Université Gautam Buddha, Greater Noida, Inde.
- [29] Hussain, A., & Khunteta, A. (2024). Semantic Segmentation of Brain Tumor from MRI Images and SVM Classification using GLCM Features. Département de génie électronique, Université technique du Rajasthan, Kota, Inde.
- [30] Zafar, M. Z., Adnan, S. M., Ahmad, W., Ikram, J., & Rashid, J. (2024). Brain Tumor Detection and Classification Using Geometrical Shapes as Texture Descriptors.

Département d'informatique, Université d'ingénierie et de technologie de Taxila, Pakistan ; École des sciences informatiques, Institut de communication graphique de Beijing, Chine.

- [31] Cheng, J., Huang, W., Cao, S., Yang, R., Yang, W., Yun, Z., Wang, Z., & Feng, Q. (2024). Enhanced Performance of Brain Tumor Classification via Tumor Region Augmentation and Partition. School of Biomedical Engineering, Southern Medical University, Guangzhou, China ; Department of Obstetrics and Gynecology, Nanfang Hospital of Southern Medical University, Guangzhou, China.
- [32] Kharrat, A., & Ben Halimal, M. (2024). MRI Brain Tumor Classification using Support Vector Machines and Meta-Heuristic Method. IREGIM-Lab. : "REsearch Groups in Intelligent Machines, University of Sfax, ENIS, BP 1173, Sfax, 3038, Tunisia ; Higher Institute of Computer Science and Multimedia of Sfax, University of Sfax, Tunisia.
- [33] Wasule, V., & Sonar, P. (2024). Classification of Brain MRI Using SVM and KNN Classifier. Department of Electronics and Telecommunication Engineering, Rajiv Gandhi Institute of Technology, Andheri, Mumbai.