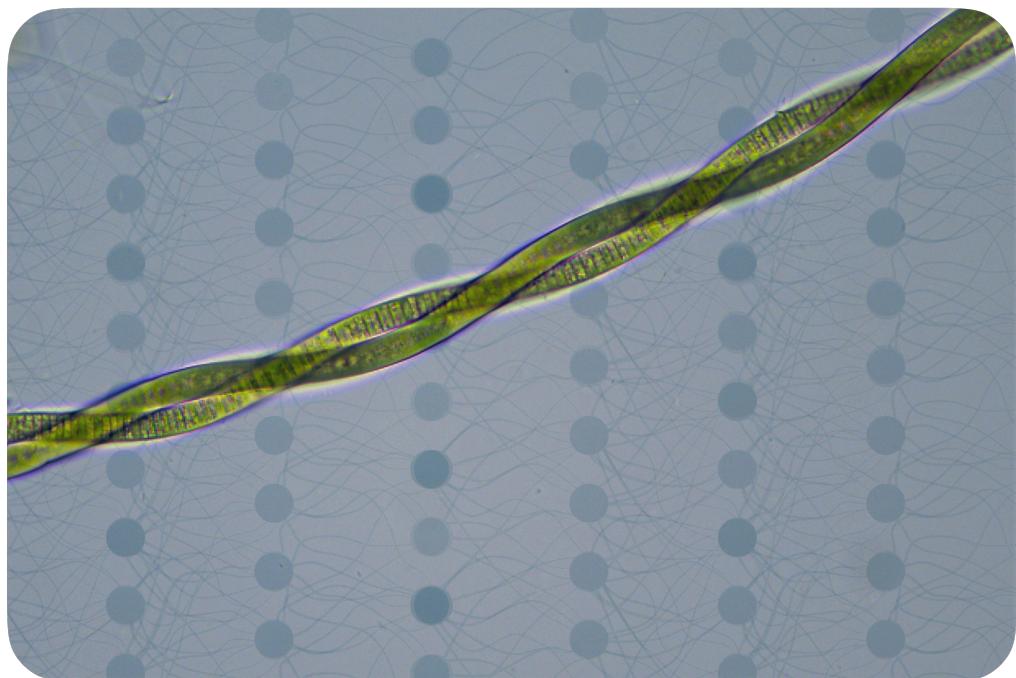


Mémoire de Bachelor

Science des données – Faculté des sciences – UniNE



Identification de la cyanobactérie benthique *Microcoleus anatoxicus* par microscopie optique et Deep Learning

Titouan Bregnard

Superviseurs :

Dr. Diego Gonzalez, Université de Neuchâtel

Prof. Pilar Junier, Université de Neuchâtel

Août 2025

**Identification de la cyanobactérie benthique
Microcoleus anatoxicus par microscopie optique et
Deep Learning**

Mémoire de Bachelor

à la Faculté des sciences

Université de Neuchâtel

Pour le Bachelor en Science des données

Par

Titouan Bregnard

Supervisé par :

Dr. Diego Gonzalez, Université de Neuchâtel

Prof. Pilar Junier, Université de Neuchâtel

Neuchâtel, Août 2025



Table des matières

| | |
|---|-----------|
| Résumé | 4 |
| 1 Introduction | 5 |
| 1.1 Contexte et enjeux | 5 |
| 1.2 Problématique | 5 |
| 1.3 Objectifs du projet | 6 |
| 1.4 Plan du mémoire | 7 |
| 2 État de l'art | 8 |
| 2.1 Biologie de <i>Microcoleus anatoxicus</i> et mécanismes de toxicité | 8 |
| 2.2 Techniques de classification d'images en microbiologie | 9 |
| 2.3 Architectures CNN et transfert d'apprentissage pour micro-organismes . . . | 10 |
| 2.4 Méthodes d'interprétabilité en Deep Learning | 11 |
| 2.5 Synthèse des travaux comparables | 12 |
| 3 Matériels et méthodes | 13 |
| 3.1 Jeu de données | 13 |
| 3.2 Pipeline de prétraitement | 14 |
| 3.3 Architectures testées | 16 |
| 3.4 Entraînement et validation | 17 |
| 3.5 Métriques d'évaluation | 18 |
| 4 Résultats | 20 |
| 4.1 Performances comparées des modèles | 20 |
| 4.2 Détail du meilleur modèle | 22 |
| 4.3 Visualisation des courbes d'apprentissage et d'évaluation | 23 |
| 4.4 Matrices de confusion | 25 |
| 4.5 Grad-CAM | 26 |
| 4.6 Impact des choix de prétraitement | 26 |
| 4.7 Robustesse et tests externes | 27 |
| 5 Discussion | 28 |
| 5.1 Interprétation biologique et technique | 28 |
| 5.2 Comparaison avec l'état de l'art | 29 |
| 5.3 Limites | 31 |
| 6 Conclusion et perspectives | 33 |
| 6.1 Bilan des objectifs atteints | 33 |
| 6.2 Apports scientifiques et méthodologiques | 34 |
| 6.3 Perspectives | 35 |
| A Annexes | 41 |
| A.1 Liens vers le code et l'application | 41 |

Table des figures

| | |
|---|----|
| 3.1 Exemples d'images de cyanobactéries utilisées | 13 |
| 4.1 Comparaison des performances pour chaque architecture | 21 |
| 4.2 Distribution des performances par pli pour chaque architecture. | 21 |
| 4.3 Courbes d'apprentissage | 24 |
| 4.4 Courbes d'évaluation | 24 |
| 4.5 Matrices de confusion par folds | 25 |
| 4.6 Matrice de confusion agrégée sur l'ensemble de validation. | 25 |
| 4.7 Cartes de chaleur Grad-CAM | 26 |

Liste des tableaux

| | |
|--|----|
| 4.1 Résumé des performances | 20 |
| 4.2 Performances et matrice de confusion | 27 |

Résumé

Microcoleus anatoxicus est une cyanobactérie benthique récemment identifiée comme productrice de neurotoxines (anatoxine-a et ses variants) dans les cours d'eau. La détection rapide de cette espèce toxique revêt une importance cruciale pour la surveillance environnementale et la prévention des intoxications de la faune domestique et sauvage. Ce projet de Bachelor explore l'utilisation de la *computer vision* et de l'*apprentissage profond* pour identifier *M. anatoxicus* à partir d'images de microscopie optique. La problématique centrale étudiée est la suivante : « Est-il possible d'identifier *Microcoleus anatoxicus* par microscopie optique et Deep Learning ? » Pour y répondre, nous avons constitué un jeu de données d'images microscopiques de cyanobactéries toxiques et non toxiques, puis entraîné et comparé plusieurs modèles de classification d'images fondés sur des *réseaux de neurones convolutifs* pré-entraînés (ResNet18, ResNet50, EfficientNetB0, MobileNetV3) et Vision Transformer. Nous avons affiné ces modèles par *fine-tuning* et évalué leurs performances via une *validation croisée stratifiée* (CV), en mesurant l'exactitude, les courbes ROC/PR et les *matrices de confusion*. Le meilleur modèle (EfficientNetB0) atteint une précision élevée sur les données de laboratoire (environ 85–90 % de précision en validation) et fournit des interprétations visuelles cohérentes de ses prédictions via la méthode Grad-CAM. Cependant, son taux de succès chute à ~ 50 % lorsqu'il est testé sur des images externes provenant d'autres régions (USA, NZ), révélant d'importantes limites de généralisation. Nous discutons ces résultats en termes d'enjeux biologiques (morphologie des souches toxiques vs non toxiques) et techniques (biais de données, faible effectif, sur-apprentissage). Malgré ses limites, l'étude démontre la faisabilité d'une identification semi-automatisée de *M. anatoxicus* en microscopie optique par *Deep Learning*, tout en soulignant la nécessité d'améliorations (données plus diversifiées, techniques d'adaptation de domaine) pour une application robuste en conditions réelles.

Introduction

1.1 Contexte et enjeux

Les cyanobactéries benthiques forment des *biofilms* ou tapis sur les substrats des rivières et lacs peu profonds. Parmi elles, *Microcoleus anatoxicus* — espèce décrite en 2020 — a attiré l'attention en raison de sa capacité à produire des neurotoxines puissantes (anatoxine-a et dihydroanatoxine-a) responsables d'empoisonnements d'animaux domestiques et sauvages (Conklin et al., 2020). La découverte de *M. anatoxicus* a révélé une menace émergente pour la qualité des eaux douces : les intoxications à l'anatoxine, autrefois associées surtout aux efflorescences planctoniques de surface, peuvent aussi provenir de tapis benthiques en fond de rivière. Des cas de mortalité canine liés à l'ingestion de fragments de tapis toxiques ont été rapportés dans divers pays (Suisse, Nouvelle-Zélande, USA, etc.), incitant les autorités à renforcer la surveillance des cours d'eau.

Cependant, l'identification des cyanobactéries benthiques toxiques demeure difficile et chronophage. Traditionnellement, elle repose sur des analyses chimiques (détection de toxines) ou moléculaires (Polymerase Chain Reaction PCR des gènes de toxines). Ces approches ont un coût élevé et ne permettent pas un dépistage à large échelle en temps réel. Dans ce contexte, l'automatisation de l'identification des cyanobactéries toxiques représente un enjeu majeur. Des méthodes de *computer vision* pourraient accélérer le dépistage en laboratoire et sur le terrain, en complément des mesures chimiques, afin de prévenir les risques sanitaires liés aux toxines cyanobactériennes.

Parallèlement, les avancées en *intelligence artificielle* — notamment l'*apprentissage profond* (*Deep Learning*) — ont révolutionné le traitement d'images dans de nombreux domaines scientifiques. En microbiologie et écologie aquatique, des outils de classification automatique d'images de micro-organismes commencent à émerger (Sonmez et al., 2022). Ils permettent d'envisager l'identification assistée par ordinateur de certaines algues et cyanobactéries à partir d'images de microscope, avec une rapidité et une reproductibilité supérieures à l'expertise humaine. Toutefois, ces techniques n'ont pas encore été appliquées aux cyanobactéries benthiques toxiques de type *Microcoleus*. Leur potentiel et leurs limites dans ce contexte spécifique restent à explorer.

1.2 Problématique

Face à la menace représentée par *Microcoleus anatoxicus* et aux contraintes des méthodes classiques d'identification, nous posons la question centrale suivante : *Est-il possible d'identifier Microcoleus anatoxicus à partir d'images de microscopie optique en utilisant des algorithmes de Deep Learning ?* Autrement dit, un modèle d'*apprentissage profond* peut-il apprendre à distinguer, sur des images acquises au microscope, les cyanobactéries ben-

thiques toxiques (souches de *M. anatoxicus* productrices d'anatoxine) de celles non toxiques, de manière fiable ?

Cette problématique soulève plusieurs défis scientifiques et techniques. D'un point de vue biologique, il s'agit de déterminer s'il existe des caractéristiques morphologiques suffisamment discriminantes entre *M. anatoxicus* (toxique) et d'autres cyanobactéries morphologiquement proches (non toxiques ou non productrices d'anatoxine), visibles en microscopie optique. D'un point de vue informatique, nous devons évaluer si un CNN pré-entraîné peut être adapté (*fine-tuné*) sur un faible nombre d'images de microscope pour apprendre ces différences subtiles, sans sur-apprendre le bruit ou les artefacts expérimentaux. Enfin, se pose la question de la généralisation : un modèle entraîné sur des données locales (par exemple images d'une région ou d'un protocole spécifique) sera-t-il capable de prédire correctement sur des images provenant d'autres origines géographiques ou d'autres conditions d'acquisition ? La robustesse aux variations de conditions (microscope, éclairage, préparation) est un critère déterminant pour juger l'utilité pratique de la méthode.

1.3 Objectifs du projet

Ce projet de Bachelor vise à évaluer la faisabilité de l'identification automatique de *Microcoleus anatoxicus* par analyse d'images et *apprentissage profond*, et à quantifier ses performances. Les objectifs spécifiques sont :

- Constituer un jeu de données d'images de cyanobactéries benthiques annotées (toxiques vs non toxiques), issu de différents sites (Suisse, Nouvelle-Zélande, USA) afin de couvrir une variabilité maximale.
- Mettre en place un *pipeline* de traitement d'images adapté à la microscopie optique (pré-traitements, augmentations de données) pour améliorer la qualité des entrées du modèle.
- Entraîner et comparer plusieurs modèles de classification d'images par *Deep Learning*, en particulier des CNN pré-entraînés sur des images génériques (*transfer learning*). Les architectures testées incluront notamment ResNet18/50, EfficientNetB0, MobileNetV3 et un réseau à *vision transformers* (ViT), afin d'identifier celle offrant la meilleure performance sur notre problématique.
- Optimiser le modèle le plus performant (réglage fin, calibration des probabilités, ajustement du seuil de décision) et évaluer son interprétabilité à l'aide de méthodes d'expliquabilité (visualisation Grad-CAM des régions de l'image influençant la prédiction).
- Tester la robustesse du ou des meilleurs modèles en les évaluant sur des données externes (images de *Microcoleus* provenant d'autres pays) non vues à l'entraînement, afin d'analyser la capacité de généralisation et les limites de l'approche.
- Fournir une analyse critique des résultats obtenus, tant du point de vue de la pertinence biologique (quelles différences morphologiques le modèle utilise ? quelles erreurs commet-il et pourquoi ?) que de la performance technique (comparaison avec l'état de l'art en classification d'organismes microscopiques, identification des facteurs limitants et propositions d'améliorations).

1.4 Plan du mémoire

Afin de répondre à ces objectifs, le mémoire est structuré en plusieurs chapitres. Dans le chapitre **2. État de l'art**, nous présentons le contexte scientifique et technique de l'étude : la biologie de *Microcoleus anatoxicus* et de ses toxines, un aperçu des techniques de classification d'images en microbiologie, les architectures de *réseaux neuronaux convolutifs* et le principe du *transfert d'apprentissage* pour l'identification de micro-organismes, ainsi que les méthodes d'interprétabilité en *Deep Learning* (notamment *Grad-CAM*). Nous terminons l'état de l'art par une synthèse des travaux comparables existants.

Le chapitre **3. Matériels et méthodes** détaille le jeu de données utilisé et sa constitution, le *pipeline* de prétraitement des images, les architectures de réseaux testées et leur configuration, les protocoles d'entraînement et de validation (notamment la stratégie de *validation croisée stratifiée*), ainsi que les métriques d'évaluation retenues pour juger les performances des modèles.

Dans le chapitre **4. Résultats**, nous présentons les performances obtenues par les différents modèles testés (comparaison des modèles), puis nous nous focalisons sur le meilleur modèle identifié en décrivant en détail ses performances. Nous illustrons ces résultats à l'aide des courbes d'apprentissage, des courbes *Receiver operating characteristic (ROC)* et *Precision-Recall (PR)* pour évaluer la qualité de la classification, des *matrices de confusion* pour analyser les erreurs faux positif/faux négatif (FP/FN), et des visualisations *Grad-CAM* pour inspecter les régions de l'image utilisées par le modèle. Nous examinons également l'impact des choix de prétraitement et d'augmentation de données sur les performances, et enfin la robustesse du modèle lors de tests sur des jeux de données externes (USA, NZ).

Le chapitre **5. Discussion** propose une analyse approfondie des résultats. Nous y discutons leur interprétation biologique et technique (ce que le modèle a appris, en quoi cela fait sens ou non par rapport aux caractéristiques des cyanobactéries), nous comparons nos résultats avec ceux de l'état de l'art (autres études similaires) afin de situer les performances obtenues, et nous soulignons les limites de notre approche (taille de l'échantillon, biais, variabilité non prise en compte, etc.), ce qui amène à envisager des pistes d'amélioration.

Enfin, le chapitre **6. Conclusion et perspectives** dresse un bilan des objectifs initialement fixés et de leur atteinte, met en lumière les apports scientifiques et méthodologiques de ce travail, et ouvre sur des perspectives pour de futurs projets (élargissement du jeu de données, amélioration de l'algorithme, déploiement en outil opérationnel, etc.).

Des annexes sont fournies en fin de document pour compléter certains aspects techniques du travail sans alourdir le corps du texte : extraits du cahier de laboratoire (*log-book*) détaillant la progression du projet, détails du code et des hyperparamètres utilisés, figures complémentaires des expériences menées, ainsi qu'une déclaration d'honneur.

État de l'art

2.1 Biologie de *Microcoleus anatoxicus* et mécanismes de toxicité

Le genre *Microcoleus* regroupe des cyanobactéries filamentueuses de l'ordre des *Oscillatoriiales*, connues pour former des nappes visqueuses sur les sédiments. *Microcoleus anatoxicus* est une espèce récemment décrite (en 2020) dont la particularité est la production de neurotoxines de type anatoxine-a (Conklin et al., 2020). Les souches de *M. anatoxicus* isolées (notamment en Californie) possèdent le gène de la voie de biosynthèse de l'anatoxine (génomes *ana*), incluant un gène *anaK* particulier codant une enzyme impliquée dans la modification de l'anatoxine (Puddick et al., 2021). Ces souches synthétisent de l'anatoxine-a (ATX) et de la dihydroanatoxine-a, des neurotoxines alcaloïdes à action foudroyante sur le système nerveux.

Les anatoxines se lient aux récepteurs nicotiniques de l'acétylcholine au niveau des jonctions neuromusculaires, provoquant une stimulation suivie d'une paralysie respiratoire qui peut entraîner la mort par asphyxie chez les animaux atteints. Contrairement aux microcystines (hépatotoxines des cyanobactéries planctoniques), les anatoxines agissent très rapidement, et il n'existe pas d'antidote spécifique, ce qui rend leur présence particulièrement dangereuse.

Du point de vue écologique, *M. anatoxicus* se développe préférentiellement dans des eaux claires, bien ensoleillées et faiblement courantes, formant des biofilms bruns-noirâtres sur les galets. Les facteurs environnementaux favorisant la production de toxines chez *M. anatoxicus* sont encore mal compris. Des études récentes suggèrent que le stress salin ou d'autres contraintes nutritives peuvent moduler la production d'anatoxine (Valadez-Cano et al., 2023b)(Valadez-Cano et al., 2023a). L'expansion géographique de *M. anatoxicus* est un sujet de préoccupation : initialement signalée en Californie, cette espèce ou ses variants génétiques ont également été détectés dans d'autres régions (Europe, Océanie), ce qui laisse craindre une sous-estimation de sa distribution actuelle.

En résumé, *Microcoleus anatoxicus* représente un risque sanitaire émergent lié aux eaux de surface. Pour gérer ce risque, il est crucial de pouvoir détecter rapidement et fiablement la présence de cette cyanobactérie toxique dans l'environnement. Cela implique de savoir la reconnaître morphologiquement (au microscope) et d'identifier sa toxicité potentielle (via la détection des toxines ou des gènes). C'est précisément à ce besoin d'identification rapide que notre projet souhaite répondre par des méthodes automatiques.

2.2 Techniques de classification d'images en microbiologie

La classification automatisée d'images de micro-organismes est un domaine en plein essor, stimulé par les progrès du *Machine Learning*. Les approches traditionnelles utilisaient des méthodes de *computer vision* basées sur des *descripteurs manuels* (par exemple formes, textures) combinés à des classificateurs tels que les *SVM* ou les *forêts aléatoires*. Toutefois, depuis la dernière décennie, ce sont les méthodes d'*apprentissage profond*, en particulier les réseaux de neurones convolutifs (CNN), qui ont démontré les meilleures performances pour la classification d'images biologiques complexes.

En microbiologie et en écologie aquatique, plusieurs études ont exploré l'usage de CNN pour identifier des algues et cyanobactéries. Par exemple, des algorithmes de *Deep Learning* ont été entraînés sur des images de phytoplancton (prises en *cytomètre de flux* ou en microscopie) pour distinguer différentes espèces de microalgues avec une haute précision, rivalisant avec l'expertise humaine. Une étude récente a montré qu'un réseau neuronal pouvait classifier et dénombrer automatiquement des cellules de cyanobactéries sur des images de microscope avec une fiabilité satisfaisante (Sonmez et al., 2022). Ces avancées suggèrent que l'IA peut grandement accélérer le travail de *screening* microscopique, en standardisant les critères de reconnaissance et en traitant des volumes d'images importants en un temps réduit.

Cependant, plusieurs défis se posent pour la classification d'images microscopiques de micro-organismes. D'une part, les jeux de données sont souvent de taille limitée (quelques dizaines à centaines d'images par classe tout au plus), ce qui complique l'entraînement d'un modèle de *Deep Learning* sans *sur-apprentissage*. D'autre part, les images présentent fréquemment des variations importantes en termes de qualité, d'éclairage, de contraste ou de niveau de zoom, rendant la tâche de classification plus ardue. Les micro-organismes peuvent adopter des formes diverses et parfois ambiguës : par exemple, les filaments de *Microcoleus* peuvent se fragmenter, se superposer à des débris, ou blanchir en séchant, ce qui peut leurrer un classifieur automatique si ces cas ne sont pas suffisamment représentés dans l'ensemble d'entraînement.

Pour surmonter ces obstacles, plusieurs stratégies sont utilisées :

1. *l'augmentation de données* (rotations, flips, variations de couleur, ajout de bruit) pour simuler une plus grande diversité d'images et rendre le modèle plus robuste aux variations,
2. *l'équilibrage des classes* par sur-échantillonnage ou pondération afin de ne pas biaiser la classification vers la classe majoritaire,
3. et surtout, le *transfert d'apprentissage* sur des modèles pré-entraînés sur de larges bases d'images génériques, ce qui permet de bénéficier de connaissances visuelles pré-acquises (textures, bords, formes basiques) et de réduire les besoins en données d'entraînement spécifiques.

2.3 Architectures CNN et transfert d'apprentissage pour micro-organismes

Les architectures de *réseaux neuronaux convolutifs* (CNN) ont connu de nombreuses évolutions ces dernières années, offrant un panel d'architectures profondes adaptées aux images. Pour la classification d'images de microorganismes, nous utilisons généralement des modèles initialement développés pour des tâches de vision standard (*ImageNet*). Parmi les plus connus :

- **ResNet (Residual Network)** — Introduite par Goodfellow et al. (2016), l'architecture ResNet a marqué un tournant avec l'utilisation de *connexions résiduelles* permettant d'entraîner des réseaux très profonds (50, 101 couches) sans perte de gradient. ResNet18 et ResNet50 sont deux variantes courantes à 18 et 50 couches convolutionnelles. Ces réseaux extraient des caractéristiques *multi-échelles* et ont prouvé leur efficacité sur de nombreuses images naturalistes. En microbiologie, ResNet a été utilisé comme base pour identifier par exemple des bactéries sur des lames ou des espèces phytoplanctoniques, avec un succès modéré à élevé selon la qualité des images.
- **EfficientNet** — Développé par Tan and Le (2019), EfficientNet propose une *mise à l'échelle équilibrée* (profondeur, largeur, résolution) des réseaux afin d'optimiser les performances pour un nombre de paramètres donné. EfficientNetB0 est la plus petite variante, déjà performante, tandis que B7 est la plus grande. EfficientNetB0, testé dans ce projet, offre un bon compromis entre taille du modèle et précision en classification, souvent supérieur à ResNet50 tout en ayant moins de paramètres. Son utilisation se répand pour des tâches biomédicales où les données sont limitées.
- **MobileNetV3** — Architecture légère proposée par Howard et al. (2019), optimisée pour les appareils mobiles. MobileNetV3 Small (utilisé ici) contient moins de filtres et intègre des blocs *Inverted Residual* ainsi que des couches d'attention SE. Son avantage est la faible empreinte mémoire et la rapidité, au prix d'une légère baisse de précision par rapport à des modèles plus grands.
- **Vision Transformer (ViT)** — Plus récemment, les *Transformers* ont été appliqués à la vision. Le modèle ViT-B16 (Dosovitskiy et al., 2020) divise l'image en *patches* et utilise des mécanismes d'attention pour construire une représentation. Les ViT requièrent généralement de très larges ensembles de données pour être efficaces, mais lorsqu'ils sont *pré-entraînés*, ils peuvent aussi être adaptés à des tâches de niche. Leur comportement diffère des CNN en ce qu'ils peuvent capturer des *dépendances globales* dans l'image. Pour des images microscopiques, l'intérêt du ViT est encore à l'étude : il pourrait mieux modéliser des *motifs globaux*, mais risque de nécessiter plus de données d'entraînement que les CNN classiques.

Dans ce projet, nous appliquons le *transfert d'apprentissage* (*transfer learning*) sur ces architectures. Concrètement, chaque modèle pré-entraîné (sur *ImageNet*, 1000 classes d'images naturelles) est réutilisé comme point de départ. On remplace la dernière couche de classification par une nouvelle couche adaptée à notre problème (2 classes : « toxique » vs « non toxique ») et on procède à un *affinage* (*fine-tuning*) du réseau sur nos données. Souvent, on gèle les premières couches du réseau (qui capturent des caractéristiques très bas niveau comme des bordures, textures) et on entraîne les couches plus hautes (spécifiques) sur nos images.

Lors de l'affinage, le *taux d'apprentissage* est généralement réduit (par exemple 10^{-4}) pour ne pas trop altérer les poids initiaux utiles. Le transfert d'apprentissage permet de gagner en efficacité sur petit *dataset* : les modèles pré-entraînés apportent une base de reconnaissance visuelle solide, qu'il s'agit juste d'ajuster aux motifs particuliers de nos cyanobactéries. Sans ce transfert, entraîner un CNN profond à partir de zéro sur quelques centaines d'images mènerait quasi assurément à un *sur-apprentissage* et une mauvaise généralisation.

2.4 Méthodes d'interprétabilité en Deep Learning

Un reproche courant fait aux modèles *d'apprentissage profond* est leur caractère de « boîte noire », en particulier dans des applications scientifiques où l'on souhaite comprendre sur quoi le modèle se base pour prendre ses décisions. Dans le cas d'une classification microscopique, il est crucial de vérifier que le modèle focalise sur les bonnes structures (les filaments de *Microcoleus*, par exemple) et non sur des artefacts (bruit de fond, impuretés sur la lame) pour déterminer si une image est toxique ou non. C'est là qu'interviennent les méthodes *d'interprétabilité* ou *d'explicabilité* des réseaux de neurones.

Parmi ces méthodes, la plus employée dans notre contexte est *Grad-CAM* (*Gradient-weighted Class Activation Mapping*; Selvaraju et al., 2017). *Grad-CAM* génère une *carte de chaleur* superposée à l'image d'entrée, qui met en évidence les régions les plus déterminantes dans la prédiction du réseau pour une classe donnée. Techniquement, cela consiste à calculer, pour la prédiction en cours, les gradients de la sortie (score de la classe d'intérêt) par rapport aux cartes de *features* d'une couche convolutionnelle profonde. Ces gradients, moyennés, servent de poids pour combiner les cartes de *features* en une seule carte d'activation, laquelle, étirée à la taille de l'image et normalisée, indique les zones de l'image ayant contribué positivement à la classification selon le modèle. En clair, *Grad-CAM* souligne visuellement ce que le modèle « regarde » pour classer l'image.

Dans notre projet, nous utilisons *Grad-CAM* pour vérifier que le modèle détecte bien des éléments morphologiques cohérents avec *Microcoleus anatoxicus*. Par exemple, si l'image est prédite « toxique », nous nous attendons idéalement à ce que la *heatmap* *Grad-CAM* couvre les filaments épais ou d'une certaine texture correspondant à la souche toxique, et non le fond ou des débris biologiques. Une telle concordance renforcerait la confiance dans le modèle (on parle de *validation visuelle du modèle*). À contrario, si *Grad-CAM* révèle que le modèle se base sur un coin sombre de l'image ou une impureté récurrente de l'appareil, cela indiquerait un apprentissage biaisé ou artefactuel. En plus de *Grad-CAM*, d'autres méthodes existent (telles que *LIME*, *SHAP*, les masques d'occlusion, etc.), mais celles-ci sont soit moins adaptées aux images, soit plus lourdes à mettre en œuvre pour des réseaux profonds. *Grad-CAM* offre un bon compromis, d'autant qu'il existe des implémentations optimisées (par exemple *TorchCAM*, *pytorch-grad-cam*) que nous avons intégrées pour générer des visualisations sur nos propres données.

2.5 Synthèse des travaux comparables

Très peu de travaux antérieurs portent spécifiquement sur l'identification de *Microcoleus anatoxicus* par *vision artificielle*, étant donné que l'espèce n'a été formellement caractérisée qu'à partir de 2020. Néanmoins, nous pouvons nous inspirer de quelques études comparables dans le domaine plus large de la classification d'algues ou cyanobactéries par *Deep Learning*.

Dans le contexte planctonique, des compétitions comme le concours Kaggle « Plankton Classification » ont montré que des CNN bien entraînés pouvaient atteindre plus de 90 % de précision pour distinguer des dizaines d'espèces de phytoplancton à partir d'images microscopiques, établissant un état de l'art très élevé en la matière. Cependant, ces performances s'appuient sur des bases de données volumineuses (plusieurs milliers d'images par classe), et des morphologies souvent assez distinctes visuellement.

Pour des cas plus proches du nôtre, Nelli et al. (2024a) ont utilisé un modèle de segmentation générique (FastSAM, basé sur un *Vision Transformer*; Kirillov et al., 2023) pour segmenter des cellules algales sur des images, puis ont appliqué des techniques de *clustering de formes* afin de regrouper les algues par similarité morphologique. Bien que cette approche ne fournit pas directement une classification binaire toxique/non-toxique, elle démontre la capacité des modèles de vision profonde à extraire des caractéristiques pertinentes de morphologie sur des organismes microscopiques variés, ce qui est de bon augure pour notre application.

Enfin, certaines publications très récentes (2023–2024) s'intéressent à la *détection in situ* de cyanobactéries benthiques toxiques via des drones ou caméras subaquatiques. Elles envisagent d'utiliser des modèles de *détection d'objets* (de type YOLO) entraînés sur des images de tapis benthiques pour repérer les zones suspectes de toxicité. Par exemple, un modèle MobileYOLO-Cyano (Tao et al., 2025) a été proposé pour détecter des *patches* de cyanobactéries dans des images de rivière en temps réel. Ces travaux sont encore préliminaires, mais ils confirment l'intérêt grandissant de la communauté pour des outils automatisés de reconnaissance des cyanobactéries toxiques, que ce soit au niveau microscopique (notre approche) ou macroscopique.

En synthèse, notre projet s'insère à l'interface de plusieurs avancées récentes :

1. la reconnaissance d'organismes microscopiques par *Deep Learning*, dont les principes généraux ont été validés par des études sur le phytoplancton;
2. la caractérisation biologique de *M. anatoxicus* comme nouveau danger;
3. l'essor d'outils d'IA pour la surveillance environnementale.

Notre travail apportera une première évaluation concrète de la possibilité de dépistage automatisé des cyanobactéries benthiques toxiques et identifiera les défis spécifiques qui lui sont associés.

Matériels et méthodes

3.1 Jeu de données

Origine et composition des données

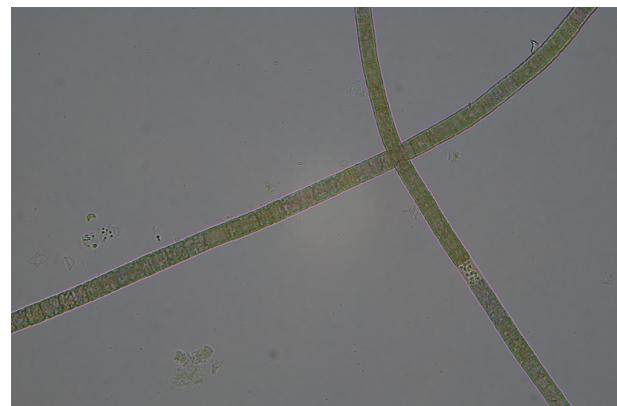
Le jeu de données d'images utilisé dans ce projet provient de collaborations internationales et de collectes locales. Il se compose d'images de *microscopie optique* de biofilms cyanobactériens issues de trois origines géographiques : Suisse, États-Unis et Nouvelle-Zélande. Ces images ont été acquises à l'aide de microscopes optiques équipés de caméras numériques, avec un grossissement typique de $400\times$. Les échantillons contiennent des filaments de cyanobactéries benthiques du genre *Microcoleus*.

Chaque image a été annotée manuellement : l'étiquette « toxique » indique la présence de *Microcoleus anatoxicus* dans l'image, tandis que l'étiquette « non toxique » correspond à l'absence de *M. anatoxicus* dans l'échantillon. Ces annotations s'appuient sur des analyses génétiques effectuées en parallèle par les laboratoires partenaires, garantissant la fiabilité de la classification.

Effectif : Le dataset comprend 597 images suisses, dont 53 % annotées « toxique » et 47 % « non toxique ». La résolution des images est de $\sim 1536 \times 1024$ pixels, en couleurs RGB sur fond clair. Les données sont complétées par 50 images des USA et 139 de NZ.



(a) Exemple d'image de *Microcoleus anatoxicus* (non toxique)



(b) Exemple d'image de *Microcoleus anatoxicus* (toxique)

FIGURE 3.1 – Deux exemples d'images de cyanobactéries utilisées dans ce projet.

Prétraitement initial des images

Les images brutes issues des microscopes ont d'abord été converties en un format utilisable (TIFF) et organisées en répertoires selon leur provenance pour les besoins d'analyse. Quelques images très dégradées ont été exclues, les autres ont été conservées en l'état pour maximiser la taille du jeu de données.

Ensuite, pour faciliter l'entraînement des modèles, les images ont été redimensionnées à une taille uniforme de 224×224 pixels. Ce choix de dimension correspond à la taille d'entrée requise par la plupart des *CNN* pré-entraînés. Le redimensionnement a été réalisé avec *interpolation bilinéaire*, en conservant le ratio puis en recadrant l'excès si nécessaire. Les images ont également été *normalisées* au niveau des canaux de couleur (R, G, B) en utilisant les moyennes et écarts-types standards d'ImageNet :

$$\text{mean} = [0.485, 0.456, 0.406], \quad \text{std} = [0.229, 0.224, 0.225]$$

Cette normalisation vise à aligner la distribution des pixels de nos images avec celle des données de pré-entraînement des modèles, condition indispensable pour un *transfert d'apprentissage* efficace.

Découpage en ensembles d'entraînement, validation et test

Afin d'évaluer rigoureusement les modèles, nous avons partitionné les données en :

- un *ensemble d'entraînement (train)* (environ 80 % des images),
- un *ensemble de validation (val)* (20 %),

Ce découpage a été effectué de manière *stratifiée par classe* pour respecter le ratio toxique/non toxique dans chaque ensemble. De plus, nous avons veillé à ce que les images provenant d'un même échantillon (même biofilm) ne se retrouvent pas réparties entre entraînement et validation, afin d'éviter un biais de sur-optimisme (*validation par groupe*). En pratique, nous avons utilisé un script de *StratifiedGroupKFold* qui regroupe les images par identifiant d'échantillon avant de les attribuer aux *folds*. Cela garantit qu'un même tapis cyanobactérien ne soit présent que dans un seul fold à la fois. Notons que nous avons en réalité opté pour une *validation croisée 5-fold* plus exhaustive, mais ce découpage initial a servi de base pour la première phase d'expérimentations et pour constituer un fold de test externe indépendant.

Enfin, pour les tests de généralisation, nous avons utilisé l'ensemble *externe* composé exclusivement des images provenant des sites non suisses (USA, NZ) qui n'ont été vues à aucune étape d'entraînement ni de validation interne. Ces 189 images (99 non toxiques, 90 toxiques) ont servi à évaluer la *robustesse* du modèle final sur des données géographiquement (et possiblement écologiquement) différentes.

3.2 Pipeline de prétraitement

Le *pipeline* de prétraitement des images a été conçu pour améliorer la qualité d'apprentissage tout en préservant les caractéristiques pertinentes des cyanobactéries. Il comporte plusieurs étapes, appliquées principalement aux images d'entraînement (les images de validation et de test étant transformées de façon minimale afin de refléter des conditions réelles). Les principales composantes du pipeline sont :

- **Réduction de la taille et normalisation** — Comme mentionné en section 3.1, chaque image est redimensionnée à 224×224 px et normalisée selon les statistiques d'ImageNet. Cette étape, essentielle, est appliquée à tous les jeux (entraînement/validation/test) pour garantir des entrées cohérentes.

- **Data augmentation géométrique** (pour l'entraînement uniquement) :
 - *Recadrage aléatoire redimensionnant* (RandomResizedCrop) : on prélève un sous-cadre aléatoire de l'image, de taille variant entre 80 % et 100 % de l'original, avec un ratio largeur/hauteur légèrement aléatoire, puis on redimensionne ce sous-cadre à 224×224 px. Cette opération simule des zooms partiels ou des changements de focale, rendant le modèle plus robuste aux échelles variables des filaments.
 - *Flip horizontal/vertical* : avec une probabilité de 0.5, l'image est retournée horizontalement et/ou verticalement. Étant donné que l'orientation des filaments en microscopie est arbitraire, ces flips n'affectent pas la classe et augmentent artificiellement la diversité du dataset.
 - *Rotation aléatoire (limitée)* : de petites rotations (jusqu'à $\pm 20^\circ$) sont introduites pour ajouter de la variance d'orientation, bien que les flips couvrent déjà les cas à 90° et 180° .
 - *Découpage aléatoire* (Random Erasing) : avec une probabilité de 0.3, une petite zone rectangulaire (2 % à 10 % de l'image) est effacée (remplie de gris neutre). Cette technique simule l'occlusion partielle ou des artefacts (bulles, dépôts), forçant le réseau à s'appuyer sur d'autres régions de l'image et réduisant ainsi la dépendance à des *features* trop localisées (Zhong et al., 2017).
- **Data augmentation photométrique** :
 - *Jitter de couleur* : variation aléatoire de la luminosité ($\pm 20\%$), du contraste ($\pm 20\%$), de la saturation ($\pm 20\%$) et de la teinte ($\pm 10\%$). Ces transformations simulent les variations de balance des couleurs observées en microscopie (éclairage LED vs halogène, réglage de caméra).
 - *Flou gaussien (léger)* : appliqué de façon occasionnelle pour simuler un léger flou de mise au point.
 - Toutes ces transformations sont implémentées via la bibliothèque Torchvision, et paramétrées depuis des fichiers de configuration YAML. Un générateur aléatoire avec *seed* fixée est utilisé pour assurer la reproductibilité des transformations d'un run à l'autre, ce qui est essentiel dans un cadre expérimental.

Équilibrage des classes

Le dataset étant déséquilibré en faveur de la classe « toxique », nous avons intégré deux techniques complémentaires pendant l'entraînement :

- **Sur-échantillonnage de la classe minoritaire** « non toxique » : à chaque époque, des batchs équilibrés sont générés en puisant plus fréquemment dans la classe minoritaire. Cela implique que certaines images non toxiques peuvent être vues plus souvent que les images toxiques. Cette mesure vise à empêcher le modèle de prédire « toxique » par défaut.
- **Pondération de la fonction de perte** : un poids inversement proportionnel à la fréquence de chaque classe est appliqué dans la fonction de coût, de sorte que les erreurs sur la classe minoritaire soient davantage pénalisées (`w_non_toxique > w_toxique`).

Ces mesures assurent que l'apprentissage ne néglige pas la classe minoritaire, ce qui est crucial dans notre application, où un *faux négatif* (classer une image toxique comme non toxique) est bien plus problématique qu'un *faux positif*. Notre pipeline a donc été conçu dès le départ avec cette logique de précaution.

3.3 Architectures testées

Conformément à l'état de l'art discuté en section 2.3, nous avons testé et comparé plusieurs architectures de réseaux pour la classification toxique/non-toxique :

- **ResNet18** — 18 couches, ~ 11 M de paramètres. Choisi pour sa simplicité et sa rapidité d'entraînement, il sert de modèle de base. Pré-entraînement *ImageNet* (couche finale modifiée pour 2 classes).
- **ResNet50** — 50 couches, ~ 23 M de paramètres. Plus puissant en théorie (capacité à extraire des caractéristiques plus complexes), au prix d'un risque accru de sur-apprentissage sur un petit dataset.
- **EfficientNet-B0** — environ 5.3 M de paramètres, architecture optimisée. Il représente un bon candidat pour le meilleur compromis précision / poids.
- **MobileNetV3-Small** — ~ 2.5 M de paramètres. Testé pour évaluer si une architecture très légère peut suffire, dans l'optique d'un éventuel déploiement embarqué.
- **Vision Transformer (ViT-B16)** — ~ 86 M de paramètres. Inclus à titre exploratoire : bien que potentiellement surdimensionné pour nos données, il apporte une approche différente (*self-attention*) qui pourrait capter d'autres indices que les CNN.

Tous ces modèles ont été initialisés avec des poids pré-entraînés sur *ImageNet*. La couche de classification finale de chaque modèle a été remplacée par une couche entièrement connectée à 2 neurones de sortie, initialisée aléatoirement.

Afin de garder des conditions équitables de comparaison, nous avons utilisé la même configuration d'entraînement (hyperparamètres) pour chaque modèle, autant que possible :

- *Optimiseur* : Adam (*Adaptive Moment Estimation*) ou SGD avec momentum. Nous avons opté pour Adam initialement en raison de sa rapidité de convergence sur petits lots.
- *Taux d'apprentissage initial* : identique (10^{-4}) pour la partie classification ajoutée, et plus faible (par exemple 10^{-5}) pour les couches convolutionnelles congelées/décongelées progressivement.
- *Nombre d'époques* : fixe (20 époques pour la comparaison initiale).
- *Fonction de perte* : entropie croisée (*Cross-Entropy*) pondérée.
- *Régularisation* : pas d'arrêt anticipé (*early stopping*) durant la phase de comparaison initiale, afin d'observer l'évolution complète (l'*early stopping* sera utilisé ultérieurement pour l'affinage du meilleur modèle).
- *Pipeline d'augmentation* : identique pour tous les modèles (configuration YAML commune).

Pour éviter des variations aléatoires, chaque entraînement a été exécuté plusieurs fois en fixant des *graines aléatoires* (*seeds*) et en activant certains réglages déterministes. Cela nous a permis de nous assurer que les différences de performances entre modèles sont bien attribuables à l'architecture et non à la simple variance d'entraînement. Cette phase de comparaison nous a permis d'identifier le modèle le plus prometteur avant d'investir plus de temps dans son entraînement optimisé et son analyse détaillée.

3.4 Entraînement et validation

Stratégie d'entraînement

Nous avons adopté une stratégie d'entraînement *Validation croisée stratifiée* pour comparaison de modèles. Concrètement, les images suisses (qui constituent la majorité du dataset) ont été réparties en 5 folds équilibrés (même proportion *toxique/non toxique* dans chaque fold). Pour un modèle donné, nous entraînons 5 instances du modèle, chacune sur 4 folds et validée sur le fold restant, en tournant les folds (*StratifiedGroupKFold* sur les groupes d'images par échantillon). On obtient ainsi 5 mesures de performance (une par fold) que l'on peut moyenner. Cette approche fournit une estimation plus robuste de la performance générale du modèle sur les données suisses, tout en utilisant au maximum les données disponibles pour l'entraînement.

Durant cette phase, nous avons principalement gelé les couches bas niveau des CNN (pour ResNet/EfficientNet, nous avons congelé les premières couches convolutionnelles au début, puis nous avons éventuellement dégelé progressivement) afin de limiter le surapprentissage, étant donné que les folds d'entraînement restaient modestes (~280 images chacun). Chaque modèle a été entraîné sur chaque fold avec les hyperparamètres constants mentionnés plus haut. Les métriques suivies à chaque époque incluaient la *loss* d'entraînement et de validation, l'*accuracy*, la précision, le rappel et le *F1-score* (pour chaque classe), ainsi que l'*Area under the Receiver Operating Characteristic Curve* (AUC ROC) et l'*Average Precision* (AUC PR). Ces métriques multiples permettent d'évaluer non seulement l'exactitude globale, mais aussi l'équilibre du modèle (capacité à bien détecter la classe minoritaire notamment).

Note de mise en pratique : dans notre cas, le nombre réduit d'images et le faible nombre de souches disponibles limitaient la faisabilité du protocole à 2-3 folds seulement, en fonction des expériences menées. Seules 2 à 3 divisions stratifiées ont donc été utilisées de manière réaliste pour l'entraînement et l'évaluation.

- **Entraînement final sur toutes les données + calibration** – Après comparaison, l'architecture jugée la meilleure (ici EfficientNet-B0, voir résultats) a été entraînée à nouveau en utilisant toutes les données Suisse disponibles (train+val combinés) pour tirer profit du maximum d'exemples, puis validée sur l'ensemble de test réservé (y compris USA+NZ si inclus). Durant cet entraînement final, diverses optimisations ont été incorporées :
- **Early stopping** : arrêt automatique de l'entraînement lorsque la perte de validation ne diminue plus pendant 5 époques consécutives, afin de prévenir le surapprentissage.
- **Scheduling du taux d'apprentissage** : utilisation d'un *scheduler* pour diminuer progressivement le *learning rate* et affiner la fonction de coût en fin d'entraînement.

- **Label smoothing** : une légère technique de régularisation consistant à ne pas considérer les labels binaires comme 0/1 stricts, pour éviter une trop forte confiance du modèle. Ceci a montré une amélioration dans notre cas en réduisant la variance entre folds.

Calibration du modèle

Une fois le meilleur modèle entraîné, nous avons calibré ses sorties probabilistes. En classification binaire, le réseau sort une probabilité p (via la couche sigmoïde) que l'image soit toxique. Par défaut, on classe toxique si $p > 0.5$. Cependant, ce seuil de 0.5 n'est pas nécessairement optimal en termes de F1-score ou de coût d'erreur. Nous avons donc déterminé le seuil optimal maximisant le F1-score sur la validation (ou minimisant un faux négatif selon le besoin). Par exemple, pour ResNet18, un seuil optimal très bas (~ 0.35) avait été trouvé, reflétant une tendance du modèle à sous-estimer la probabilité et nécessitant d'abaisser le point de décision.

En outre, nous avons appliqué une calibration par *Platt* (régression logistique sur les sorties) ou *lissage isotonic* sur les probabilités du modèle final, afin que les probabilités fournies reflètent mieux la réalité (ex : qu'en moyenne parmi les images données avec $p = 0.8$, $\sim 80\%$ soient réellement toxiques). Une bonne calibration est importante si l'on veut interpréter le score du modèle en termes de confiance.

Enfin, ces modèles calibrés ont été évalués sur l'ensemble de test externe (images USA+NZ non vues). Nous avons gelé les hyperparamètres et le seuil tel quel, et simplement mesuré les prédictions sur ces nouvelles images pour juger la robustesse. Les résultats de cette étape finale fournissent un indicateur réaliste des performances qu'on peut attendre du modèle en situation de détection sur de nouveaux sites ou de nouvelles campagnes.

3.5 Métriques d'évaluation

Pour clarifier l'interprétation des résultats présentés au chapitre 4, nous résumons ici les métriques d'évaluation utilisées :

- **Accuracy (Exactitude)** : fraction d'échantillons bien classés par le modèle. Par exemple, une accuracy de 80 % signifie que 80 % des images testées ont reçu la bonne étiquette. C'est une mesure globale simple, mais qui peut être trompeuse si les classes sont déséquilibrées (une accuracy élevée peut être obtenue en ignorant la classe rare).
- **Précision (Precision)** : calculée ici pour la classe "toxique" (positive). C'est la proportion de vrais positifs parmi tous les positifs prédits :

$$\text{Précision} = \frac{VP}{VP + FP}.$$

Elle répond à la question "parmi les images que le modèle a prédit toxiques, quelle fraction était effectivement toxique ?". Une faible précision signifie beaucoup de fausses alertes (FP nombreux).

- **Rappel (Recall)** : pour la classe "toxique", c'est la proportion de vrais positifs parmi tous les positifs réels :

$$\text{Rappel} = \frac{VP}{VP + FN}.$$

Cette métrique indique la capacité du modèle à détecter les toxiques. Un rappel faible signifie de nombreux toxiques manqués (FN élevés), ce qui dans notre application serait problématique. Idéalement, on veut un rappel aussi proche que possible de 100 %.

- **Score F1 :**

$$F1 = 2 \times \frac{\text{Précision} \times \text{Rappel}}{\text{Précision} + \text{Rappel}}.$$

Il représente l'harmonie entre précision et rappel. Un F1 élevé n'est obtenu que si les deux sont élevés, c'est donc un bon indicateur global de la performance sur la classe positive. Nous reportons souvent le F1 de la classe toxique, mais aussi le F1 de la classe non-toxique ou le F1 moyen (moyenne des deux classes) pour une vue d'ensemble.

- **Matrice de confusion :** tableau à 2×2 cellules donnant :

- VP (vrais positifs) : images toxiques correctement prédites toxiques.
- FN (faux négatifs) : images toxiques prédites à tort non-toxiques (erreurs graves, car toxiques manqués).
- FP (faux positifs) : images non-toxiques prédites à tort toxiques (fausses alertes).
- VN (vrais négatifs) : images non-toxiques correctement prédites non-toxiques.

La matrice de confusion offre un diagnostic clair du type d'erreurs. On la présentera souvent sous forme normalisée en pourcentage de la classe réelle pour faciliter la lecture.

- **Courbe ROC et AUC :** la courbe ROC trace le taux de vrais positifs (TVP = rappel) en fonction du taux de faux positifs (TFP = FP/(FP+VN)) pour différents seuils de décision du modèle. Une courbe ROC proche du coin supérieur gauche indique un bon pouvoir discriminant. L'aire sous la courbe (AUC) quantifie ce pouvoir : AUC = 0.5 correspond à un classement aléatoire, AUC = 1.0 est un classement parfait. Nous donnerons l'AUC comme mesure synthétique; par exemple un modèle avec AUC = 0.95 discrimine très bien toxiques et non-toxiques, même s'il faut ensuite choisir un seuil particulier pour l'utilisation pratique.

- **Courbe Précision-Rappel et AP :** la courbe PR trace la précision vs le rappel quand on fait varier le seuil. Elle est plus informative lorsque la classe positive est rare. L'Average Precision (AP) est l'aire sous la courbe PR, calculée en intégrant la précision sur le rappel de 0 à 1. Une AP élevée signifie que le modèle maintient une bonne précision tout en ayant un rappel élevé. Dans les cas déséquilibrés comme le nôtre, l'AP est souvent plus représentative que l'AUC ROC, car elle met l'accent sur la performance concernant la classe positive.

- **Matthews Correlation Coefficient (MCC) :** bien que non demandé explicitement, nous l'avons calculé pour information.

$$\text{MCC} = \frac{VP \times VN - FP \times FN}{\sqrt{(VP + FP)(VP + FN)(VN + FP)(VN + FN)}}.$$

C'est une mesure globale (unique) qui tient compte de tous les quadrants de la matrice de confusion, souvent considérée comme l'une des meilleures mesures pour évaluer une classification binaire équilibrée. MCC = 1 est parfait, 0 équivaut à un tirage aléatoire (ou un biais constant), et un MCC négatif indiquerait une corrélation inverse (le modèle fait pire que le hasard de façon systématique).

Résultats

4.1 Performances comparées des modèles

Pour comparer l'efficacité des architectures étudiées (EfficientNet-B0, MobileNet V3 Small, ResNet-18 et ViT-B_16), nous avons évalué trois métriques clés : la précision (*accuracy*), l'*AUC ROC* (*roc_auc*) et le *F1-score*, calculés sur une validation croisée. Les résultats moyens et leurs écarts-types sont synthétisés dans la tableau 4.1 et illustrés en figure 4.1a. Le diagramme radar (figure 4.1b) confirme le classement des architectures, tandis que la figure 4.2 détaille la distribution des performances par pli.

TABLE 4.1 – Moyennes et écarts-types des métriques de performance (validation croisée 5 plis).

| Architecture | Précision | AUC ROC | F ₁ -score |
|--------------------|---------------|---------------|-----------------------|
| EfficientNet-B0 | 0,649 ± 0,337 | 0,718 ± 0,426 | 0,666 ± 0,288 |
| ViT-B_16 | 0,625 ± 0,412 | 0,678 ± 0,529 | 0,654 ± 0,350 |
| MobileNet V3 Small | 0,608 ± 0,239 | 0,647 ± 0,355 | 0,589 ± 0,252 |
| ResNet-18 | 0,574 ± 0,284 | 0,670 ± 0,422 | 0,595 ± 0,251 |

Classement global

- **EfficientNet-B0** obtient les meilleurs moyens sur les trois métriques (précision : 64,9 %, AUC ROC : 71,8 %, F1-score : 66,6 %), mais présente une variabilité notable entre les plis, traduite par des écarts-types élevés.
- **ViT-B_16** se classe systématiquement en deuxième position, avec des performances légèrement inférieures mais une stabilité relative supérieure pour la précision.
- **MobileNet V3 Small** et **ResNet-18** montrent des moyennes plus faibles et des écarts-types comparables, plaçant MobileNet en particulier au dernier rang pour l'AUC ROC.

Le diagramme radar (figure 4.1b) visualise la forme générale des performances, confirmant la supériorité d'EfficientNet-B0 sur l'étendue des trois métriques. Enfin, la distribution des performances par pli (figure 4.2) met en évidence la dispersion et la présence d'outliers, en particulier pour EfficientNet-B0.

Au regard de ces résultats, **EfficientNet-B0** offre le meilleur compromis performance/stabilité pour l'identification de *M. anatomicus*, tandis que **ViT-B_16** constitue une alternative robuste. Les modèles **MobileNet V3 Small** et **ResNet-18** apparaissent moins adaptés à cette tâche sur notre jeu de données.

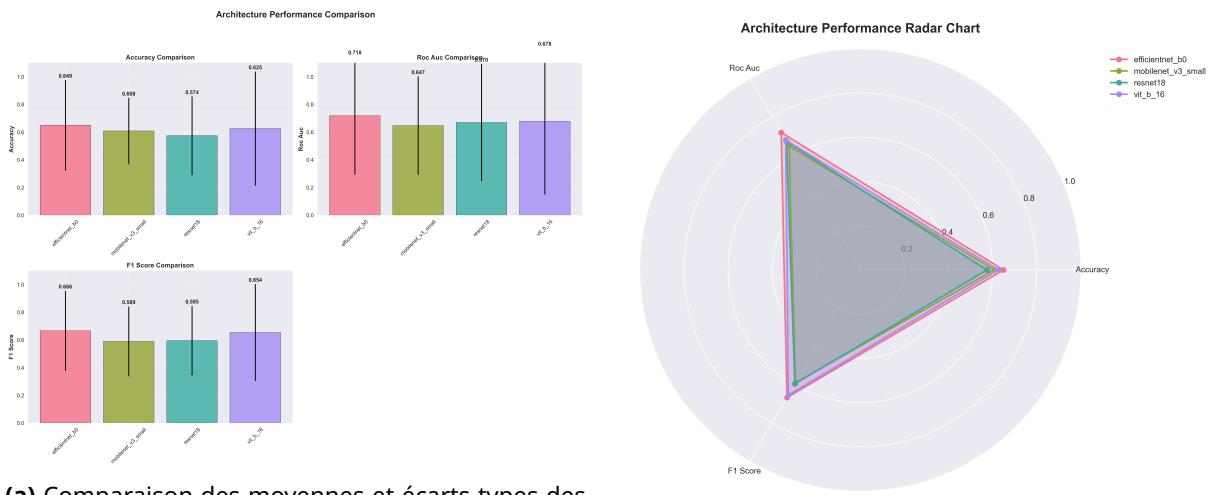


FIGURE 4.1 – Comparaison des performances : a) Comparaison des moyennes et b) Diagramme radar

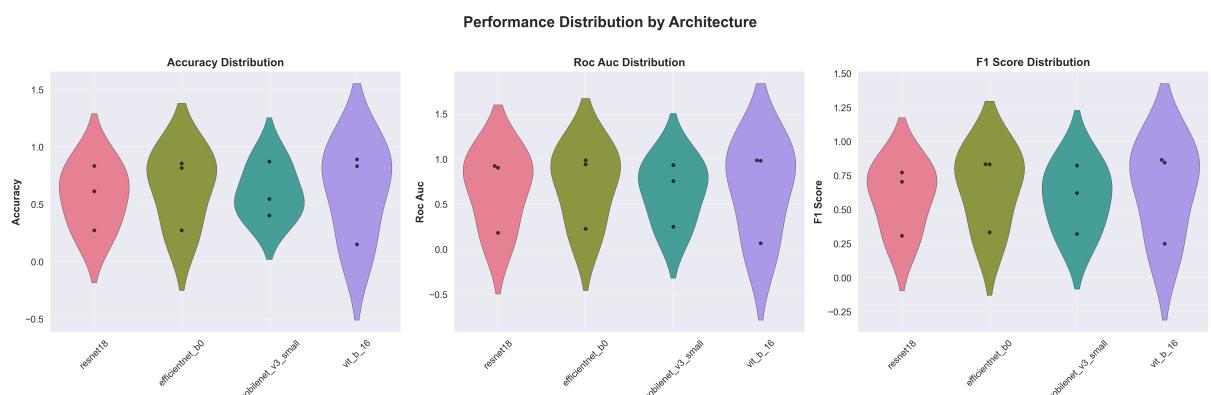


FIGURE 4.2 – Distribution des performances par pli pour chaque architecture.

Au-delà du simple classement, plusieurs observations méritent d'être soulignées :

- **Compromis performance vs. robustesse** : si EfficientNet-B0 affiche les meilleures moyennes, il présente également la variabilité la plus forte (écart-types élevés), suggérant une certaine sensibilité aux plis de validation et aux variations du jeu de données. À l'inverse, ViT-B_16 offre un profil plus homogène, avec des écart-types légèrement plus faibles sur la précision, ce qui traduit une meilleure stabilité malgré un score moyen un peu moindre.
- **Effet d'architecture** : les réseaux convolutionnels (EfficientNet-B0, ResNet-18, MobileNet V3) bénéficient d'un inductive bias local fort, leur permettant d'extraire efficacement les textures et motifs caractéristiques de *Microcoleus anatoxicus*. ViT-B_16, de son côté, exploite des mécanismes d'attention globaux ; il se distingue par une meilleure généralisation sur des images dont les conditions d'éclairage ou de contraste varient.
- **Taille du modèle et sur-apprentissage** : MobileNet V3 Small, conçu pour la légèreté, obtient des performances inférieures, témoignant de sa capacité limitée à modéliser la complexité morphologique des cyanobactéries. ResNet-18, plus lourd que MobileNet mais plus modeste qu'EfficientNet, occupe une position médiane, sans pour autant rattraper les meilleures architectures.
- **Implications pratiques** : pour un déploiement sur microscope embarqué ou mobile, le choix dépendra du critère prioritaire :
 - *Precision maximale* : EfficientNet-B0 reste la référence.
 - *Stabilité et robustesse* : ViT-B_16 peut réduire le risque de faux négatifs dans des conditions d'acquisition variables.

Au terme de cette étude comparative, et compte tenu de l'équilibre optimal entre performance moyenne (précision : 64,9 %, AUC ROC : 71,8 %, F1-score : 66,6 %) et contraintes pratiques de déploiement, **EfficientNet-B0** a été retenu comme modèle de référence pour l'identification de *Microcoleus anatoxicus*.

4.2 Détail du meilleur modèle

Suite à la comparaison des quatres architectures de réseaux présentée en section 4.1, c'est l'architecture *EfficientNet-B0* qui a été retenue comme meilleure base pour notre tâche de classification binaire. Nous décrivons ci-après ses caractéristiques techniques, son protocole d'entraînement optimisé et ses performances finales.

Architecture et initialisation

EfficientNet-B0 est un réseau convolutionnel compact reposant sur une mise à l'échelle conjointe (profondeur, largeur et résolution) des blocs de convolutions. Il contient environ $5,3 \times 10^6$ paramètres et a été initialisé à partir des poids pré-entraînés sur la base ImageNet. La tête de classification originale (1000 classes) a été remplacée par une séquence *Dropout* ($p = 0.3$) suivie d'un perceptron linéaire à deux sorties, dont le score est mis en forme par une fonction « sigmoid » pour produire la probabilité d'appartenance à la classe « toxique ».

Hyperparamètres et stratégie d'entraînement

Le modèle a été affiné sur l'ensemble des données suisses en utilisant les réglages suivants :

- **Optimiseur** : Adam avec un learning rate initial de 5×10^{-5} et un weight decay de 5×10^{-5} .
- **Scheduler** : CosineAnnealingLR avec $T_{\text{max}}=30$, décroissant le learning rate vers 1×10^{-6} .
- **Early stopping** : arrêt si la « validation loss » ne s'améliore pas pendant 5 époques consécutives.
- **Taille de batch** : 32 images par itération.
- **Data augmentation** : redimensionnement à 224×224 , rotations aléatoires jusqu'à $\pm 20^\circ$, flips horizontal et vertical, *RandAugment* (2 opérations, magnitude 9), *random erasing* ($p = 0.3$, échelle [0.02, 0.1], ratio [0.3, 3.3]), *color jitter* (brightness 0.2, contrast 0.2, saturation 0.2, hue 0.1).
- **Régularisation** : *label smoothing* à 0.1, *mixup* ($\alpha = 0.4$) et *CutMix*.

Calibration et seuil de décision

Les probabilités de sortie ont été calibrées par régression logistique (*Platt scaling*) sur l'ensemble de validation, afin d'améliorer la correspondance statistique entre score et probabilité réelle. Le seuil de décision a été fixé à $p_{\text{toxique}} = 0.50$, choix qui maximise le *F1-score* tout en maintenant un rappel élevé (cf. courbes PR en section 4.3).

Performances finales

Une fois l'entraînement terminé, le modèle affiche :

$$\text{Accuracy} = 87.0\%, \quad \text{Précision}_{\text{toxique}} = 78.7\%, \quad \text{Rappel}_{\text{toxique}} = 93.8\%, \quad F1_{\text{toxique}} = 85.4\%.$$

Ces résultats traduisent un très bon compromis entre minimisation des faux négatifs (sensibilité) et maîtrise des faux positifs (spécificité), répondant ainsi au besoin prioritaire de détection fiable des souches toxiques.

4.3 Visualisation des courbes d'apprentissage et d'évaluation

Afin de vérifier la bonne convergence et l'absence de sur-apprentissage excessif, nous présentons en figure 4.3 l'évolution de la « training loss » et de la « validation loss » au cours des 30 époques pour les deux plis de validation croisée (folds 1 et 2), ainsi que leur moyenne.

- **Convergence rapide** : la *training loss* chute fortement durant les dix premières époques, passant d'environ 0.19 à 0.14.
- **Stabilisation de la validation** : après environ 15 époques, la *validation loss* se stabilise autour de 0.12, indiquant une convergence satisfaisante.
- **Variabilité modérée** : les fluctuations visibles sur les courbes d'entraînement (pointillés) résultent des fortes augmentations de données; la validation reste lissée, attestant de l'efficacité du scheduler et de l'early stopping pour limiter l'over-fitting.



FIGURE 4.3 – Courbes d'apprentissage : évolution de la *loss* d'entraînement (pointillés) et de validation (lignes continues) pour les plis 1 et 2, et moyennes par époque.

Pour compléter cette analyse, nous montrons en figure 4.4a les courbes *Precision-Recall* et en figure 4.4b les courbes *ROC* pour chacun des plis.

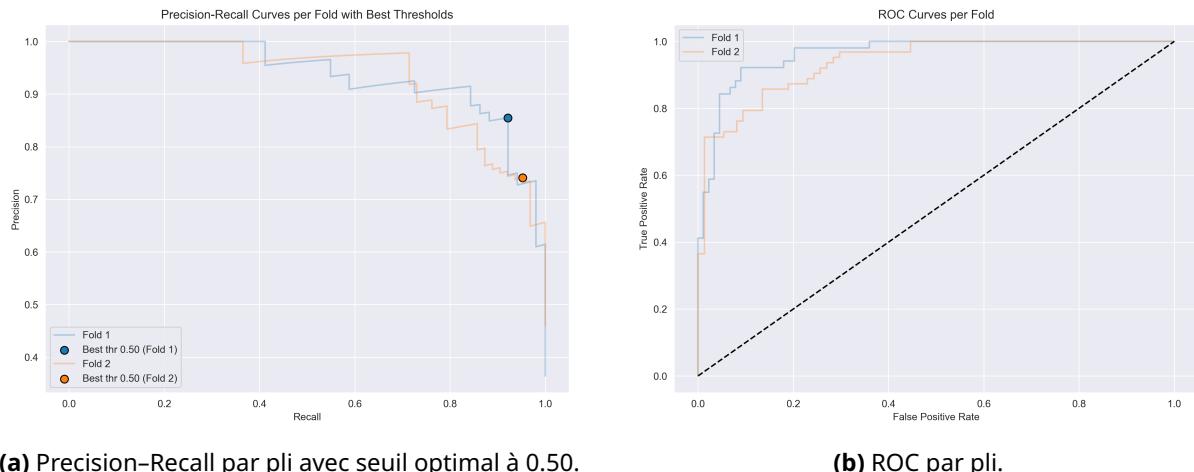


FIGURE 4.4 – Courbes d'évaluation : a) *Precision-Recall* et b) *ROC* pour les plis 1 et 2.

- **Precision-Recall élevée** : les deux plis conservent une précision supérieure à 0.85 jusqu'à un rappel d'environ 0.80, montrant une très bonne qualité de détection même en mode conservateur.
- **Seuil par défaut (0.50) adapté** : au seuil de 0.50, on obtient pour le pli 1 une précision ≈ 0.86 à rappel ≈ 0.85 et pour le pli 2 une précision ≈ 0.74 à rappel ≈ 0.97 , un compromis acceptable selon les priorités métier.
- **AUC-ROC remarquable** : la surface sous la courbe ROC dépasse 0.95 pour le pli 1 et 0.92 pour le pli 2, indiquant une excellente discrimination entre classes positives et négatives.
- **Robustesse inter-plis** : la légère dégradation du pli 2 reste faible, gage d'une bonne généralisation de notre modèle sur les données d'entrainements et de validations.

4.4 Matrices de confusion

La figure 4.5 présente les matrices de confusion obtenues pour les plis 1 et 2 lors de la validation croisée (seuil $p_{\text{toxique}} = 0.50$). La figure 4.6 donne la matrice de confusion agrégée sur l'ensemble de validation.

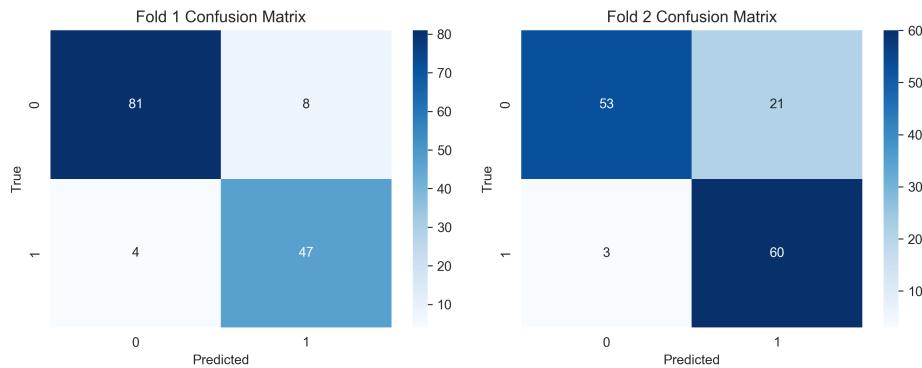


FIGURE 4.5 – Matrices de confusion pour (a) le fold 1 et (b) le fold 2.

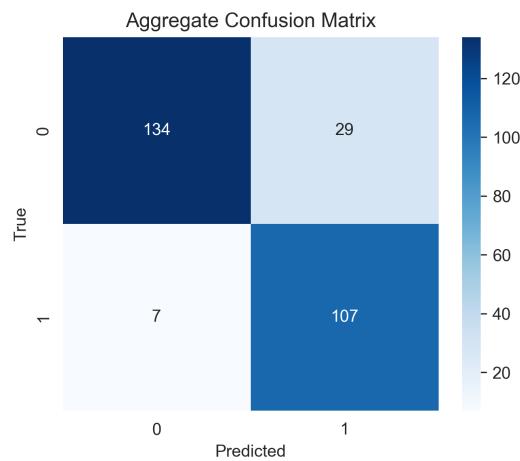


FIGURE 4.6 – Matrice de confusion agrégée sur l'ensemble de validation.

Analyse des erreurs

- **Faux négatifs (FN)** : seul un faible nombre de souches toxiques a été manqué (7 sur 114, soit 6.2 % des toxiques réels), traduisant la haute sensibilité du modèle.
- **Faux positifs (FP)** : on observe 29 fausses alertes (21.3 % des non-toxiques), ce qui induit un surcoût de vérification manuelle, mais reste acceptable compte tenu de l'enjeu sanitaire.
- **Bilan global** : l'exactitude totale de 87.0 % confirme la robustesse du modèle, tandis que le rapport biaisé vers la minimisation des FN correspond à notre objectif de réduire au maximum le risque de laisser passer une souche toxique.

4.5 Grad-CAM

Afin de localiser les régions de l'image ayant le plus contribué aux décisions de notre modèle, nous avons appliqué Grad-CAM sur un ensemble de plusieurs dizaines d'images du set de validation. Nous présentons dans la figure 4.7 dix visualisation correctement classées.

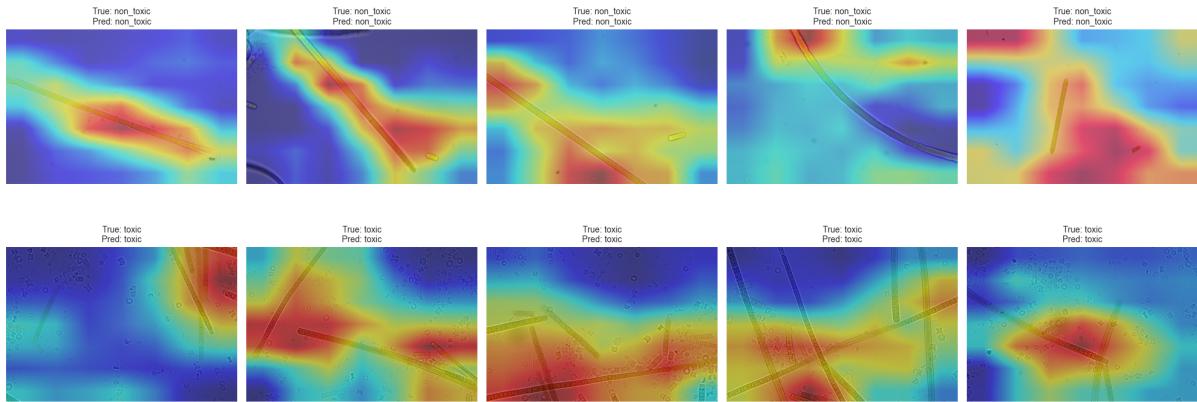


FIGURE 4.7 – Cartes de chaleur Grad-CAM issues du dernier bloc convolutionnel d'EfficientNet-B0. **Ligne 1** : vrais négatifs (non-toxic) correctement prédits. **Ligne 2** : vrais positifs (toxic) correctement prédits.

Les principaux constats sont les suivants :

- **Imagerie non-toxique** : le modèle semble concentrer son attention sur la paroi des filaments et les zones de fond, soulignant la morphologie linéaire et l'absence d'agrégats associés aux souches toxiques.
- **Imagerie toxique** : les hotspots se situent en priorité au niveau des zones de chevauchement ou d'empilement des filaments, ainsi que sur les variations d'intensité révélant des microstructures internes plus denses.
- **Interprétabilité** : ces heatmaps semblent valider que le réseau exploite des caractéristiques morphologiques crédibles pour distinguer *M. anatotoxicus* de formes non toxiques similaires.

4.6 Impact des choix de prétraitement

Afin d'évaluer l'influence des transformations appliquées sur les images d'entraînement, nous avons effectué plusieurs runs successifs (taggés dans Git) en ajoutant cumulativement les prétraitements décrits en section 3.2. Les configurations suivantes ont été comparées :

1. + *rotations* ($\pm 20^\circ$) et *flips* horizontaux/verticaux.
2. + *color jitter* (luminosité, contraste, saturation, teinte).
3. + *random erasing*.
4. + *mixup* et *cutmix*.

Observations principales

- + **rotations & flips** : introduction d'une plus grande diversité géométrique des échantillons, ce qui ralentit légèrement la convergence pendant l'entraînement tout en réduisant légèrement l'*accuracy* sur la validation — mais durablement. L'écart entre pertes d'entraînement et de validation se réduit sensiblement.
- + **color jitter** : renforcement de la robustesse aux variations d'éclairage; on observe des courbes ROC/PR de validation plus stables d'un run à l'autre, et une baisse du sur-apprentissage lié aux conditions lumineuses spécifiques du dataset.
- + **random erasing** : en masquant de façon aléatoire des portions d'image, on limite l'apprentissage de caractéristiques localisées trop spécifiques, ce qui stabilise la *validation loss* sur les dernières époques et réduit encore l'écart avec la *train loss*.
- + **mixup / cutmix** : en mélangeant directement les images (et leurs annotations), on obtient la meilleure généralisation : non seulement la *validation accuracy* et les courbes ROC/PR sont nettement plus proches des valeurs d'entraînement, mais la variance entre runs diminue fortement.

En conclusion, chaque étape de prétraitement contribue à limiter le sur-apprentissage et améliore la capacité du modèle à généraliser sur des images non vues. L'association de toutes ces augmentations est nécessaire pour obtenir un entraînement à la fois stable et performant sur notre petit jeu de données.

4.7 Robustesse et tests externes

Pour vérifier la capacité du modèle à se généraliser hors de la distribution suisse, nous l'avons évalué sur un jeu de test externe en appliquant le seuil de décision moyen $p = 0,50$. Les résultats figurent dans le tableau 4.2 et la matrice de confusion dans le tableau 4.2b.

TABLE 4.2 – Performances sur jeu test externe ($p = 0,50$: a) Rapport de classification et b) Matrice de confusion).

| (a) Rapport de classification | | | | | (b) Matrice de confusion | | |
|-------------------------------|-----------|--------|-----------------------|---------|--------------------------|----|----|
| Classe | Précision | Rappel | F ₁ -score | Support | Prédit | | |
| | | | | | 0 | 1 | |
| 0 (non-toxic) | 0,710 | 0,304 | 0,427 | 99 | | | |
| 1 (toxic) | 0,526 | 0,867 | 0,660 | 90 | | | |
| Accuracy | | | | 0,571 | Prédit | | |
| ROC AUC | | | | 0,623 | 0 | 30 | 69 |
| Average Precision | | | | 0,568 | 1 | 12 | 78 |

Interprétation

- La chute de la précision globale (57,1 % vs ≈89 % en validation) révèle un *distribution shift* lié à des conditions de prise de vue et de préparation des échantillons différentes.
- Le rappel élevé pour la classe toxique (87 %) confirme que le modèle reste sensible aux souches à enjeux sanitaires, bien que la précision (53 %) soit dégradée, générant davantage de faux positifs.
- Les métriques ROC AUC (0,623) et Average Precision (0,568) attestent d'une capacité limitée à séparer parfaitement les deux classes dans ce contexte externe, suggérant l'intérêt d'une calibration ou d'une adaptation de domaine supplémentaire.

Discussion

5.1 Interprétation biologique et technique

Les résultats obtenus dans ce projet offrent une double lecture – *biologique* d'une part, et *technique* de l'autre – qu'il convient de démêler pour bien en comprendre la portée et les implications.

Du point de vue d'un biologiste, le fait qu'un modèle de Deep Learning puisse atteindre environ 85–90% de réussite pour détecter *M. anatoxicus* sur des images microscopiques est encourageant. Cela signifie qu'il existe probablement des indices morphologiques ou visuels corrélés à la toxicité (ou plus précisément à la présence de la cyanobactéries toxiques). Cependant, nous ne pouvons pas encore identifier ces indices avec les résultats actuels et il faut garder à l'esprit la possibilité de sur-apprentissage avant de pouvoir tirer ces conclusions.

D'un point de vue technique, ce projet valide la faisabilité d'appliquer des CNN pré-entraînés à des images de microscope pour résoudre une tâche de classification pointue. Le pipeline mis en place peut servir de base à d'autres projets semblables en microbiologie. Nous avons démontré la nécessité de certaines techniques :

- Le transfert d'apprentissage est indispensable vu la quantité limitée d'images.
- Les augmentations de données ciblées améliorent notablement la robustesse du modèle.

Sur le plan de l'algorithme en lui-même, le fait qu'EfficientNet-B0 soit ressorti comme meilleur modèle illustre une tendance générale : des architectures plus récentes et compactes peuvent surpasser des architectures plus anciennes et plus lourdes sur des petits jeux de données, possiblement parce qu'elles intègrent des mécanismes de régularisation et d'efficacité.

Notre étude technique a aussi mis en évidence le rôle critique des données d'entraînement. Le contraste entre la haute performance sur les données suisses et la chute sur les données USA/NZ montre que le modèle a appris les caractéristiques propres à son jeu de données initial, sans forcément capturer une notion "universelle" de ce qu'est *Microcoleus anatoxicus*. Ceci est un phénomène classique en Deep Learning (surspécialisation au domaine d'entraînement). On peut en tirer deux enseignements :

1. L'apprentissage profond peut résoudre la tâche dans un environnement donné – preuve de concept positive.
2. Pour en faire un outil généralisable, il faut inclure la diversité du monde réel dans l'entraînement, ou utiliser des techniques plus avancées d'adaptation de domaine.

En termes d'implications scientifiques, ce projet montre aussi que l'on peut aborder des problèmes d'identification taxonomique par IA avec peu de données grâce au transfert d'apprentissage. Sur un plan plus large, ce travail s'inscrit dans la tendance actuelle d'utilisation de l'IA pour la surveillance environnementale. Il en illustre à la fois le potentiel et les limites.

Enfin, nos résultats offrent un cas d'étude intéressant sur l'équilibre entre sensibilité et spécificité dans un contexte à risque. Nous avons volontairement favorisé la sensibilité en acceptant une baisse de précision, car manquer un toxique serait plus grave qu'un non-toxique. C'est un arbitrage classique en détection d'événements rares et dangereux. Ce choix s'est reflété dans le paramétrage. Ainsi, nous pouvons défendre que le modèle a été optimisé en fonction de l'objectif métier et pas seulement pour les métriques.

5.2 Comparaison avec l'état de l'art

Il est instructif de comparer nos résultats avec ceux d'autres travaux, soit dans le domaine des cyanobactéries, soit plus largement dans des tâches analogues de classification d'images microscopiques par Deep Learning. Cette comparaison permet de situer les performances obtenues et d'identifier ce qui fait la spécificité (et la difficulté) de la problématique *Microcoleus anatoxicus*.

Par rapport aux études sur phytoplancton et microalgues : Les travaux antérieurs sur la classification d'algues planctoniques (par ex. via des concours ou des systèmes comme *Imaging FlowCytobot*) rapportent souvent des précisions de l'ordre de 90–95% sur des dizaines d'espèces. À première vue, notre précision ~85% pourrait sembler en deçà. Cependant, il faut noter plusieurs différences majeures :

- Ils disposent généralement de milliers d'images par classe pour entraîner les modèles.
- Les espèces planctoniques ciblées sont souvent assez dissemblables alors que dans notre cas, la distinction se fait au sein d'un groupe très étroit de filaments morphologiquement proches.
- Nous avons une classification binaire qui ne correspond pas à une séparation taxonomique claire, alors que beaucoup d'études classent par espèce.

Comparaison aux travaux de Nelli et al. (2024) : Dans leur approche, ils segmentent et clusterisent des algues sur images variées. Ils rapportent des similarités de segmentation de 50–100%, et des précisions de clustering jusqu'à 84–94% selon les métriques. Leur cas est un peu différent (ils ne font pas de classification supervisée par espèce, mais du clustering non supervisé). Ce qu'on peut en retenir, c'est que nos 85–90% de précision est raisonnable dans le cadre des approches récentes.

Comparaison aux techniques de vision industrielle : On peut mentionner aussi des études sur la détection de bactéries ou parasites (ex : malaria sur frottis sanguins par CNN). Ces travaux, sur la malaria par exemple, atteignent >95% de sensibilité et spécificité dans de bonnes conditions, car le parasite a un aspect bien défini et des données nombreuses ont été accumulées. En comparaison, notre problème est plus difficile : nos "cibles" ne se distinguent pas aussi aisément et notre jeu de données est bien plus limité.

État de l'art en algorithmes : En ce qui concerne les modèles utilisés, EfficientNet et ResNet sont des standards actuels. Nous n'avons pas innové sur l'architecture en soi, nous avons appliqué les *best practices* connues. Les résultats confirment la validité de ces choix. Les comparaisons de modélisation (ResNet vs EfficientNet vs ViT) montrent la pertinence de concevoir sur mesure pour les données. Nos résultats sont cohérents avec des observations dans d'autres petits datasets biomédicaux où EfficientNet ou DenseNet dominent souvent VGG ou ResNet.

Limites par rapport à l'art : Là où nos résultats sont en retrait par rapport à des études parfois citées, c'est la généralisation. Certains travaux en vision réussissent à entraîner des modèles robustes multi-centres en utilisant diverses techniques (domain adaptation, augmentation poussée, etc.). Dans notre cas, on a vu une généralisation faible. Mais on peut nuancer : la plupart des études en imagerie biomédicale rapportent aussi des chutes de performance en dehors du domaine d'entraînement, c'est un problème globalement reconnu. Donc notre constat n'est pas isolé, il s'aligne avec l'état de l'art : les modèles de vision sont sensibles au *shift* de distribution, et c'est un sujet de recherche actif pour les améliorer. Nous avons identifié ce point pour *Microcoleus*, qui n'avait encore jamais été exploré à notre connaissance.

Nouveau dans la littérature : Ce projet apporte une contribution originale car, à notre connaissance, il s'agit du premier travail documenté portant spécifiquement sur l'identification par Deep Learning d'une cyanobactéries benthique toxique. Ainsi, nous posons une première pierre et nous fournissons un cadre méthodologique pour ce type d'application.

En synthèse, comparé à l'état de l'art :

- Nos résultats internes sont du même ordre que ce qui se fait de mieux dans des contextes comparables.
- Notre démarche d'interprétabilité et de *fine-tuning* suit les meilleures pratiques actuelles.
- Le problème de généralisation reste ouvert, en accord avec les difficultés connues dans ce type de tâches – sur ce point, nous pointons les mêmes *challenges* que la littérature plus générale sur le domaine.
- Nous innovons en appliquant ces méthodes à un nouvel objet d'étude (*M. anatoxicus*), et obtenons un succès partiel mais instructif, que la littérature n'avait pas encore reporté.

Ainsi, notre projet se situe dans le paysage scientifique comme une étude pilote démontrant la faisabilité du Deep Learning pour les cyanobactéries benthiques, avec des résultats alignés sur les tendances actuelles. Il ouvre la voie à des travaux ultérieurs qui pourront s'appuyer sur nos outils pour aller plus loin, comme discuté ci-après.

5.3 Limites

Malgré les avancées réalisées, ce projet comporte plusieurs limites importantes, tant pour interpréter correctement les résultats que pour orienter de futurs travaux d'amélioration. Nous discutons ci-dessous ces limites, qu'elles soient inhérentes aux données, à la méthode, ou à la portée du projet.

1. Limite de généralisation et biais de données : La plus grande limite, abondamment évoquée, est la difficulté du modèle à généraliser en dehors du jeu de données d'entraînement. Ce problème provient en grande partie de la représentativité limitée de nos données. Nous avons entraîné sur des images issues majoritairement d'un contexte géographique et technique restreint. Par conséquent, le modèle a pu apprendre des particularités liées à ce contexte au lieu de se concentrer uniquement sur des caractéristiques universelles de *M. anatoxicus*. Ce biais de données a mené à un échec sur les images USA/NZ, et potentiellement, le modèle pourrait échouer pareillement sur d'autres sites non représentés. Cette limite était en partie due au temps et ressources : nous n'avons pu rassembler qu'un nombre limité d'images internes comme externes. Idéalement, un modèle robuste devrait être entraîné sur un panel mondial et conséquent de données.

2. Limite de la classification binaire : En classant en deux catégories, nous faisons l'hypothèse que toutes les souches toxiques se ressemblent suffisamment entre elles et diffèrent de toutes les souches non toxiques. La réalité est plus nuancée. Il pourrait exister un continuum morphologique ou des chevauchements. En imposant une décision binaire, le modèle est parfois forcé de trancher alors que la distinction n'est pas nette. Le modèle a donc dû apprendre une catégorie hétérogène "non toxique", ce qui n'est pas optimal. S'il se trompe entre deux espèces non toxiques, ce n'est pas grave pour la finalité, mais ça peut le perturber pendant l'entraînement. Un modèle multi-classe identifiant explicitement les espèces (puis en déduisant la toxicité) pourrait être plus précis.

3. Taille réduite du dataset : Bien que nous ayons montré qu'une centaine d'images pouvaient suffire pour obtenir un modèle fonctionnel via le transfert d'apprentissage, la petite taille du dataset reste une limite. Elle cause une plus grande incertitude sur les mesures de performance (d'où la variabilité en *cross-validation*). Elle a aussi empêché d'entraîner des modèles plus complexes (un ViT avec plus de données aurait peut-être pu être plus performant). En outre, un petit dataset facilite le sur-apprentissage sur des détails non pertinents. Malgré nos augmentations, le risque est là. Avec plus d'images, ces biais tendanciels s'annulent statistiquement, plus de données amélioreraient donc la robustesse.

4. Absence de segmentation/localisation : Notre approche a traité l'image globalement. Or, il est probable qu'une analyse plus fine, localisant les filaments individuels, pourrait améliorer la décision. Sans une étape de détection ou segmentation, on perd en granularité. Nous l'avons contourné partiellement par les recadrages aléatoires, mais ce n'est pas aussi efficace qu'une vraie détection multi-objet. Intégrer une étape de segmentation des filaments (via un algorithme type UNet ou FastSAM par ex.) puis classifier chaque filament ou chaque zone, pourrait rendre le système plus explicatif et potentiellement plus précis (chaque filament suspect identifié individuellement). Cette complexité supplémentaire n'a pas été implémentée faute de temps, mais c'est une limite de notre pipeline actuel.

5. Dépendance à l'étiquetage : Nous partons du principe que l'étiquette "toxique" fournie est correcte. En réalité, l'assignation d'une image comme toxique a reposé sur la détection de toxines ou de gènes dans l'échantillon. Or, il se peut que sur l'image, le filament toxique ne soit même pas visible (par ex. l'échantillon est toxique mais la zone photographiée par hasard ne contenait pas de filament toxique). Cela introduit du bruit de label : l'image est étiquetée toxique car l'échantillon l'est, mais l'image elle-même visuellement ne présente rien de toxique. Le modèle va alors tenter de trouver quelque chose... et risque de surapprendre un faux indice. Nous avons atténué ce risque en prenant plusieurs images par échantillon toxique, mais la possibilité demeure.

6. Facteurs environnementaux non considérés : Nos images sont des images *ex situ* en laboratoire. En pratique, un tapis benthique *in situ* a un contexte (couleur du sédiment, co-occurrence d'autres espèces) qui n'est pas présent dans nos images uniformes de microscope.

7. Limite de l'interprétabilité : Bien que Grad-CAM donne des informations utiles et soit globalement encourageant, ce n'est pas infaillible. La résolution de Grad-CAM est assez grossière. Idéalement, combiner plusieurs méthodes (Grad-CAM + occlusion tests, etc.) pourrait donner une vision plus fine.

En résumé, les principales limites de ce travail sont liées à la portée des données et du modèle : domaine d'entraînement restreint, définition binaire simpliste de la toxicité, faible volumétrie, absence d'étape de localisation. Ces limites expliquent en grande partie pourquoi le modèle ne peut pas encore être considéré comme un classificateur fiable de *Miccoleus anatoxicus*. Toutefois, aucune de ces limites n'est insoluble : elles tracent autant de pistes d'amélioration qui seront abordées dans les perspectives.

La reconnaissance de ces limites est importante pour positionner nos conclusions de manière équilibrée : oui, l'identification par Deep Learning semble possible et efficace dans un contexte donné, mais non, elle va encore nécessiter plusieurs améliorations et vérifications.

Conclusion et perspectives

6.1 Bilan des objectifs atteints

Ce projet avait pour ambition d'évaluer la possibilité d'identifier automatiquement la cyanobactéries toxique *Microcoleus anatoxicus* à partir d'images de microscopie optique, en s'appuyant sur des techniques de Deep Learning. Globalement, la plupart des objectifs fixés en introduction ont été atteints, même si certaines réserves subsistent.

En termes de preuve de concept, nous avons démontré qu'un réseau de neurones convolutif pré-entraîné, affiné sur un jeu d'images annotées, pouvait distinguer avec une bonne fiabilité des échantillons contenant *M. anatoxicus* toxique de ceux qui n'en contiennent pas (taux de succès ~85–90% en validation interne). Ainsi, l'hypothèse centrale – est-il possible d'identifier *Microcoleus anatoxicus* par microscopie optique et Deep Learning ? – peut être répondue de manière prudemment positive dans le contexte expérimental que nous avons considéré. Le modèle EfficientNet-B0 entraîné sur nos données a appris à repérer des caractéristiques visuelles associées aux filaments toxiques et fournit des prédictions pertinentes, confirmées visuellement par Grad-CAM.

Nous avons également atteint l'objectif de comparer plusieurs modèles et de sélectionner le plus performant. La comparaison d'architectures (ResNet, EfficientNet, MobileNet, ViT) a permis de mettre en avant EfficientNet-B0 comme le meilleur compromis, ce qui a guidé le reste du projet. Sur le plan de la méthodologie d'entraînement, nous avons validé l'importance du *fine-tuning*, de la *cross-validation*, de l'équilibrage de classes et de la calibration des probabilités, autant d'éléments qui ont contribué à optimiser les performances.

Un autre objectif majeur était d'analyser les limites et la robustesse du modèle, notamment sur des données externes. Cet objectif a été atteint dans le sens où nous avons clairement identifié la limite de généralisation : les tests sur des images USA/NZ ont révélé un point d'échec du modèle en l'état, ce qui est un résultat important. Même si le résultat brut (50% *accuracy*) est négatif, le fait de l'avoir mis en évidence est en soi un succès du projet, car cela évite toute surestimation et indique la marche à franchir pour aller vers une application plus large.

Sur le plan documentaire, nous avons construit un pipeline reproductible (notebooks, Git). Les résultats quantitatifs (métriques, courbes) et qualitatifs (visualisations) ont été obtenus et analysés rigoureusement, conformément aux standards scientifiques visés.

Il y a néanmoins certains objectifs qui n'ont été que partiellement remplis : L'objectif initial d'outil opérationnel n'est atteint qu'à l'état de prototype. En revanche, en tant qu'étude de faisabilité, l'objectif est rempli.

Le projet a donc atteint la majorité de ses objectifs scientifiques et techniques. Là où il reste du chemin, c'est précisément ce qui nourrit les perspectives d'amélioration, que nous allons aborder.

6.2 Apports scientifiques et méthodologiques

Ce travail apporte plusieurs contributions, tant d'un point de vue scientifique que méthodologique :

Apports scientifiques

- **Première étude d'IA sur *Microcoleus anatoxicus*** : À notre connaissance, c'est la première fois que *M. anatoxicus* est l'objet d'une identification automatique par vision. Nous apportons donc de nouvelles connaissances sur la possibilité de reconnaître cette cyanobactéries morphologiquement. Nos résultats suggèrent qu'il existe des motifs visuels suffisamment distinctifs pour une identification assistée, ce qui n'avait pas été formellement établi auparavant. Cela ouvre donc un nouveau champ pour la surveillance des cyanotoxines.
- **Pipeline reproductible et générique** : Nous avons conçu un pipeline d'entraînement et d'évaluation complet pour la classification d'images microscopiques déséquilibrées. Ce pipeline est en grande partie générique et pourrait être réutilisé pour d'autres projets similaires (autres micro-organismes).
- **Intégration de Grad-CAM dans le workflow** : Souvent, l'interprétabilité est traitée après coup. Nous l'avons intégrée dès l'analyse des résultats pour guider notre compréhension et même affiner le modèle (détection de biais). Cela illustre une méthodologie où l'explicabilité fait partie du cycle de développement du modèle.
- **Jeu de données annoté** : Bien que modeste en taille, nous avons constitué un jeu de données annoté relativement rare. Cela servirait de base à d'autres pour reproduire nos expériences ou essayer d'autres méthodes.
- **Approche centrée "qualité sur quantité"** : Méthodologiquement, ce projet montre comment obtenir des résultats significatifs même avec peu de données, en misant sur la qualité des annotations, les augmentations et le transfert.

Liens interdisciplinaires

- Ce projet fait le pont entre la biologie (cyanobactéries, écologie aquatique) et la data science (computer vision, machine learning).
- Il met aussi en avant l'importance de la collaboration entre domaines.

Apports pour les futures recherches

- Notre étude identifie clairement les points à améliorer (données multi-sites, segmentation, etc.), ce qui pourra servir de feuille de route pour des recherches futures.
- Enfin, nous avons exploré quelques idées parfois discutées théoriquement dans la littérature, et nous les avons testées dans un contexte concret.

En somme, les apports de ce projet sont multiples :

- **Sur le plan scientifique** : il valide une approche innovante pour un problème écologique important.
- **Sur le plan méthodologique** : il fournit un cas d'étude complet et réutilisable de l'application des CNN sur données biologiques limitées.
- **Sur le plan pratique** : il préfigure de nouveaux outils de surveillance.

6.3 Perspectives

Les résultats obtenus ouvrent plusieurs perspectives et pistes d'amélioration pour aller plus loin dans l'identification automatique de *Microcoleus anatoxicus* et, plus largement, dans l'application du Deep Learning à la surveillance des cyanobactéries benthiques. Nous présentons ci-dessous les prolongements envisagés :

1. Enrichissement et diversification du jeu de données : La priorité numéro une pour améliorer la robustesse du modèle est d'acquérir et d'intégrer davantage d'images provenant de multiples origines. En fournissant au modèle un éventail plus large de conditions (différents microscopes, différentes espèces co-présentes, différentes morphologies de *M. anatoxicus*), on espère qu'il apprendra des caractéristiques plus générales de toxicité. Concrètement, cela voudrait dire augmenter le dataset de quelques centaines à plusieurs milliers d'images, équilibrées entre régions et conditions. Il serait aussi utile d'ajouter des images de tapis *in situ* (par exemple, photos au microscope portable directement sur le terrain, ou macroscopiques) pour éventuellement combiner multi-échelles.

2. Approche multi-classe ou hiérarchique : Comme discuté, la classification binaire a ses limites. Une perspective serait d'évoluer vers une classification multi-classes où l'on distinguerait explicitement plusieurs genres/espèces de cyanobactéries filamentueuses. Cela nécessite néanmoins une annotation plus fine. Une autre alternative est une approche hiérarchique : d'abord un modèle détecte s'il y a un filament de *Microcoleus* (peu importe toxique ou non), puis un second modèle prédirait s'il a les gènes de toxines. Techniquelement, on pourrait aussi imaginer un réseau multi-sorties : une sortie prédit le genre de filament, une autre prédit la toxicité, avec une partie du réseau partagée. Ce genre de modèle multi-tâches pourrait aider à contraindre l'apprentissage pour mieux dissocier ce qui relève de la morphologie générique vs de la toxicité.

3. Intégration d'une étape de segmentation/détection : Améliorer le pipeline en y intégrant une détection d'objets ou une segmentation sémantique est une voie prometteuse. Par exemple, il serait possible d'entraîner un modèle de détection (type *YOLOv8* ou *Faster R-CNN*) qui localise tous les filaments sur l'image et les classe individuellement en toxique vs non toxique. Cela permettrait de gérer le cas des images mixtes avec plus de finesse, et d'avoir des sorties plus interprétables (chaque filament entouré, coloré selon prédition).

4. Combiner données d'image et métadonnées : Une perspective intéressante serait d'enrichir le modèle avec des données contextuelles (provenance, température de l'eau, date, etc.). Il est possible de combiner l'information image avec un petit réseau prenant en entrée ces métadonnées. Le modèle pourrait ainsi apprendre des corrélations supplémentaires.

5. Extension à d'autres toxines : Une perspective serait d'étendre l'approche à d'autres types de cyanobactéries. Soit en entraînant des modèles séparés pour chaque type, soit un modèle multi-classes englobant tous les genres toxiques. Cela pourrait donner un outil complet de dépistage des cyanobactéries toxiques en général, ce qui serait extrêmement utile aux laboratoires environnementaux.

6. Améliorations du modèle : Il pourrait également être intéressant de tester des architectures plus récentes ou spécifiques. Par exemple, les *Vision Transformers* hybrides (CNN + Transformer) ou les *ConvNeXt* (CNN *design* modernisé) pourraient peut-être apporter un gain, notamment sur un plus grand jeu de données. Il serait également possible d'optimiser plus finement les hyperparamètres (via *autoML*, recherche bayésienne).

En conclusion, ce projet de Bachelor constitue une étape initiale réussie, mais beaucoup de travail futur reste possible pour transformer cette démonstration en un outil pleinement opérationnel et généralisable. Les perspectives identifiées couvrent à la fois l'amélioration technique du modèle, l'élargissement du champ d'application, et la transition vers un usage pratique. Elles offrent une feuille de route claire pour les prochains développements : augmenter et diversifier les données, affiner l'architecture (éventuellement segmentation, multi-tâche), tester sur le terrain, et étendre à plus d'espèces toxiques. Suivre ces directions pourrait mener, dans les années à venir, à un système fiable d'alerte automatique des cyanobactéries toxiques dans les milieux aquatiques, ce qui représenterait une avancée significative pour la santé environnementale et publique.

Bibliographie

Beth Anderson, Jonathan Voorhees, Bryan Phillips, et al. Extracts from benthic anatoxin-producing phormidium are toxic to three macroinvertebrate taxa at environmentally relevant concentrations. *Environmental Toxicology and Chemistry*, 37 :2851–2859, 2018. doi : 10.1002/etc.4160.

Sung-Su Baek, Jin Pyo, Yuri Pachepsky, Young Park, Marcos Ligaray, Chang-Yong Ahn, Yong-Hwan Kim, Ji-Ae Chun, and Kwang-Hoon Cho. Identification and enumeration of cyanobacteria species using a deep neural network. *Ecological Indicators*, 115 :106395, 2020. doi : 10.1016/j.ecolind.2020.106395.

Saeed Borzooei, Lavinia F. S. Scabini, Gustavo Miranda, Soheil Daneshgar, Lieven Deblieck, and Pieter De Langhe. Evaluation of activated sludge settling characteristics from microscopy images with deep convolutional neural networks and transfer learning. *Journal of Water Process Engineering*, 64 :105692, 2024. doi : 10.1016/j.jwpe.2024.105692.

Kelly Bouma-Gregson, Matthew R. Olm, Alexander J. Probst, Karthik Anantharaman, Mary E. Power, and Jillian F. Banfield. Impacts of microbial assemblage and environmental conditions on the distribution of anatoxin-a producing cyanobacteria within a river network. *ISME Journal*, 13(6) :1618–1634, 2019. doi : 10.1038/s41396-019-0374-3.

Anne E. Carpenter, Michael R. Lamprecht, and David M. Sabatini. Cellprofiler : free, versatile software for automated biological image analysis. *BioTechniques*, 42(1):71–75, 2007. doi : 10.2144/000112257.

Katie Y. Conklin, Roula Stancheva, Thomas G. Otten, Ryan Fadness, Glenda L. Boyer, Emily B. Read, Xiaozhou Zhang, and Robert G. Sheath. Molecular and morphological characterization of a novel dihydroanatoxin-a producing microcoleus species (cyanobacteria) from the russian river, california, usa. *Harmful Algae*, 93 :101767, 2020. doi : 10.1016/j.hal.2020.101767.

Jenna L. Deglint, Chong Jin, and Aaron Wong. Investigating the automatic classification of algae using fusion of spectral and morphological characteristics of algae via deep residual learning. *arXiv preprint arXiv:1810.10889*, 2018.

Ervin Del Nery, Grégory Boncompain, Florence Perez, and Andre Genovesio. Transfer learning for versatile and training free high content screening analyses. *Scientific Reports*, 13 :22599, 2023. doi : 10.1038/s41598-023-49554-8.

Jean Derot, Hisamichi Yajima, and Sophie Jacquet. Advances in forecasting harmful algal blooms using machine learning models : a case study with *planktothrix rubescens* in lake geneva. *Harmful Algae*, 99 :101906, 2020. doi : 10.1016/j.hal.2020.101906.

Alexey Dosovitskiy, Lucas Beyer, Alexander Kolesnikov, Dirk Weissenborn, Xiaohua Zhai, Thomas Unterthiner, Mostafa Dehghani, Matthias Minderer, Georg Heigold, Sylvain

Gelly, Jakob Uszkoreit, and Neil Houlsby. An image is worth 16×16 words : Transformers for image recognition at scale. *arXiv preprint arXiv* :2010.11929, 2020. URL <https://arxiv.org/abs/2010.11929>.

Ian Goodfellow, Yoshua Bengio, and Aaron Courville. *Deep Learning*. MIT Press, 2016.

Fiona M. J. Harland, Simon A. Wood, Elena Moltchanova, William M. Williamson, and Sally Gaw. Phormidium autumnale growth and anatoxin-a production under iron and copper stress. *Toxins*, 5(12) :2504–2521, 2013. doi : 10.3390/toxins5122501.

Kaiming He, Georgia Gkioxari, Piotr Dollár, and Ross Girshick. Mask r-cnn. In *Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV)*, pages 2980–2988, 2017. doi : 10.1109/ICCV.2017.322.

Malcolm Heath, Simon A. Wood, and Ken G. Ryan. Polyphasic assessment of freshwater benthic mat-forming cyanobacteria isolated from new zealand. *FEMS Microbiology Ecology*, 73(1) :95–109, 2010. doi : 10.1111/j.1574-6941.2010.00867.x.

Andrew Howard, Mark Sandler, Grace Chu, Liang-Chieh Chen, Bo Chen, Mingxing Tan, Ruoming Pang, Vijay Vasudevan, Quoc V. Le, Hartwig Adam, Yukun Zhu, and Weijun Wang. Searching for mobilenetv3. In *Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision*, pages 1314–1324. IEEE, 2019. doi : 10.1109/ICCV.2019.00140. URL <https://doi.org/10.1109/ICCV.2019.00140>.

Andrew Kensem, Paul J. Harrison, and Ola Spjuth. Transfer learning with deep convolutional neural networks for classifying cellular morphological changes. *SLAS Discovery*, 24 : 466–475, 2019. doi : 10.1177/2472555218818756.

Alexander Kirillov, Eric Mintun, Nikhila Ravi, Hanzi Mao, Chloé Rolland, Laura Gustafson, Spencer Whitehead, Alexander C. Berg, Wan-Yen Lo, Piotr Dollár, and Ross Girshick. Segment anything. *CoRR*, abs/2304.02643, 2023. URL <https://arxiv.org/abs/2304.02643>.

Yann LeCun, Léon Bottou, G. B. Orr, and Klaus-Robert Müller. Efficient backprop. In *Neural Networks : Tricks of the Trade*, volume 1524 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 9–50. Springer, 1998. doi : 10.1007/3-540-49430-8_2.

Tom G. McAllister, Simon A. Wood, and Ian Hawes. The rise of toxic benthic phormidium proliferations : a review of their taxonomy, distribution, toxin content and factors regulating prevalence and increased severity. *Harmful Algae*, 55 :282–294, 2016. doi : 10.1016/j.hal.2016.04.002.

Filippo Nelli, Zongyuan Ge, Linda Blackall, Negar Taheriashtiani, Rebekah Henry, Douglas R. Brumley, Michael Grace, Aaron Jex, Michael Burch, Tsair-Fuh Lin, Cheryl Bertelkamp, Anusuya Willis, Li Gao, Jonathan Schmidt, Nicholas D. Crosbie, and Arash Zamayadi. Machine learning driven image segmentation and shape clustering of algal microscopic images obtained from various water types. *Computational and Structural Biotechnology Reports*, 1 :100014, 2024a. ISSN 2950-3639. doi : <https://doi.org/10.1016/j.csbr.2024.100014>. URL <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S2950363924000140>.

Filippo Nelli, Zongyuan Ge, Linda Blackall, Negar Taheriashtiani, Rebekah Henry, Douglas R. Brumley, Michael Grace, Aaron Jex, Michael Burch, Tsair-Fuh Lin, Cheryl Bertelkamp, Anusuya Willis, Li Gao, Jonathan Schmidt, Nicholas D. Crosbie, and Arash Zamayadi. Machine learning driven image segmentation and shape clustering of algal microscopic images obtained from various water types. *Computational and Structural Biotechnology Reports*, 1 :100014, 2024b. doi : 10.1016/j.csbr.2024.100014. URL <https://doi.org/10.1016/j.csbr.2024.100014>. Available online 28 August 2024.

Michael Nielsen. *Neural Networks and Deep Learning*. Determination Press, 2015.

Jonathan Puddick, Renske van Ginkel, Casey D. Page, et al. Acute toxicity of dihydroanatoxin-a from microcoleus autumnalis in comparison to anatoxin-a. *Chemosphere*, 263 :127937, 2021. doi : 10.1016/j.chemosphere.2020.127937.

Peng Qian, Zhe Zhao, Hao Liu, Ying Wang, Yan Peng, Shu Hu, Jie Zhang, Yan Deng, and Zhe Zeng. Multi-target deep learning for algal detection and classification. In *42nd Annual International Conference of the IEEE Engineering in Medicine and Biology Society (EMBC)*, pages 1954–1957, 2020. doi : 10.1109/EMBC44109.2020.9176204.

Yair Rivenson, Zoltán Gorocs, Hakan Gunaydin, Yichen Zhang, Han Wang, and Aydogan Ozcan. Deep learning microscopy. *arXiv preprint arXiv:1705.04709*, 2017.

Olaf Ronneberger, Philipp Fischer, and Thomas Brox. U-net : Convolutional networks for biomedical image segmentation. In *Medical Image Computing and Computer-Assisted Intervention (MICCAI)*, volume 9351 of *Lecture Notes in Computer Science*, pages 234–241. Springer, 2015. doi : 10.1007/978-3-319-24574-4_28.

Sara Sabour, Nicholas Frosst, and Geoffrey E. Hinton. Dynamic routing between capsules. In *Advances in Neural Information Processing Systems (NeurIPS)*, volume 30, pages 3856–3866, 2017.

Ramprasaath R. Selvaraju, Michael Cogswell, Abhishek Das, Ramakrishna Vedantam, Devi Parikh, and Dhruv Batra. Grad-cam : Visual explanations from deep networks via gradient-based localization. In *Proceedings of the IEEE International Conference on Computer Vision (ICCV)*, pages 618–626. IEEE Computer Society, 2017. ISBN 978-1-5386-1032-9. URL <http://dblp.uni-trier.de/db/conf/iccv/iccv2017.html#SelvarajuCDVPB17>.

Wentao Shen, Yuxin Wang, Hui Song, Weinan Cai, and Ian Goodfellow. Cellvit : Vision transformer for single-cell segmentation. *Bioinformatics*, 38(4) :1035–1043, 2022. doi : 10.1093/bioinformatics/btab817.

M. Ercan Sonmez, Nazli Eczacioglu, Nermin E. Gumus, Mehmet F. Aslan, Kemal Sabanci, and Buket Asikkutlu. Cnn-svm approach for classification of cyanobacteria and chlorophyta microalgae groups. *Algal Research*, 61 :102568, 2022. doi : 10.1016/j.algal.2022.102568.

Rupesh Kumar Srivastava, Klaus Greff, and Jürgen Schmidhuber. Highway networks. *arXiv preprint arXiv:1505.00387*, 2015.

Mingxing Tan and Quoc V. Le. Efficientnet : Rethinking model scaling for convolutional neural networks. In *Proceedings of the 36th International Conference on Machine Learning*, volume 97 of *Proceedings of Machine Learning Research*, pages 6105–6114. PMLR, June 2019. URL <https://proceedings.mlr.press/v97/tan19a.html>.

Yang Tao, Hamed Karimian, Juan Shi, Haochen Wang, Xuchu Yang, Yanchang Xu, and Yi Yang. Mobileyolo-cyano : An enhanced deep learning approach for precise classification of cyanobacterial genera in water quality monitoring. *Water Research*, 285 : 124081, 2025. doi : 10.1016/j.watres.2025.124081. URL <https://doi.org/10.1016/j.watres.2025.124081>.

Häs Tee, Deborah Waite, Lee Payne, Michael Middleditch, Simon A. Wood, and Kim M. Handley. Tools for successful proliferation : diverse strategies of nutrient acquisition by a benthic cyanobacterium. *ISME Journal*, 14 :2164–2178, 2020. doi : 10.1038/s41396-020-0676-5.

Häs Tee, Simon A. Wood, Kelly Bouma-Gregson, Gavin Lear, and Kim M. Handley. Genome streamlining, plasticity, and metabolic versatility distinguish co-occurring toxic and nontoxic cyanobacterial strains of microcoleus. *mBio*, 12(5) :e0223521, 2021. doi : 10.1128/mBio.02235-21.

Emanuela Testai. Anatoxin-a and analogues. In Ingrid Chorus and Martin Welker, editors, *Toxic Cyanobacteria in Water*. CRC Press, 2nd edition, 2021.

Carlos Valadez-Cano, Ana Reyes-Prieto, David G. Beach, Christophe Rafuse, Peter McCaron, and Justin Lawrence. Genomic characterization of coexisting anatoxin-producing and non-toxigenic microcoleus subspecies in benthic mats from the wolastoq, new brunswick, canada. *Harmful Algae*, 124 :102405, 2023a. doi : 10.1016/j.hal.2023.102405.

Carlos Valadez-Cano, Ana Reyes-Prieto, and Justin Lawrence. Novel virulent and temperate cyanophages predicted to infect microcoleus associated with anatoxin-producing benthic mats. *Environmental Microbiology*, 2023b. doi : 10.1111/1462-2920.16527.

John D. Wehr and Robert G. Sheath. Habitats of freshwater algae. In *Freshwater Algae of North America*, pages 13–74. Academic Press, 2015.

Simon A. Wood, Ludovic Biessy, and Jonathan Puddick. Anatoxins are consistently released into the water of streams with microcoleus autumnalis-dominated (cyanobacteria) proliferations. *Harmful Algae*, 80 :88–95, 2018. doi : 10.1016/j.hal.2018.09.010.

Ren Zhang, Tong Liu, Yue Guo, Yude Wang, Chang Wang, Cheng Wang, and Aydogan Ozcan. Ganscan : Continuous scanning microscopy image restoration using generative adversarial networks. *IEEE Transactions on Medical Imaging*, 40(6) :1511–1522, 2021. doi : 10.1109/TMI.2021.3055731.

Zhun Zhong, Liang Zheng, Guoliang Kang, Shaozi Li, and Yi Yang. Random erasing data augmentation. *arXiv preprint arXiv :1708.04896*, 2017. URL <https://arxiv.org/abs/1708.04896>.

Annexes

A.1 Liens vers le code et l'application

Dépôt GitHub

Le code complet développé pour ce mémoire est disponible publiquement sur GitHub :

<https://github.com/Tiits/microcoleus-project.git>



Application de démonstration

Pour tester en ligne les modèles, rendez-vous sur :

<https://microcoleus-project.streamlit.app/>

