

الجمهورية الجزائرية الديمقراطية

الشعبية

**REPUBLIQUE ALGERIENNE DEMOCRATIQUE ET POPULAIRE**

وزارة التعليم العالي والبحث العلمي

**Ministère de l'Enseignement Supérieur et de la Recherche Scientifique**

جامعة أبي بكر بلقايد - تلمسان

Université Aboubakr Belkaïd – Tlemcen –

Faculté de TECHNOLOGIE



## **MEMOIRE**

Présenté pour l'obtention du **diplôme de MASTER**

**En** : Génie Biomédical

**Spécialité** : Imagerie médicale

**Par** : ABER CHAIMAA  
ABBES SAMIRA SAFAA

### **Sujet**

**Utilisation de l'IA pour reconnaître les micro-organismes dans les images de microscopie**

Soutenu publiquement, le 30/ 06 / 2025 , devant le jury composé de :

Dr.DiB Nabil	MCA	Université de Tlemcen	Président
Dr.kHEMIS Kamila	MCA	Université de Tlemcen	Examinateur
M .Youbi Mohammed Redha	MAA	Université de Tlemcen	Encadreur

Année universitaire : 2024 2025



## Remerciement



Avant toute chose, nous tenons à exprimer notre plus profonde gratitude envers Allah, le Tout-Puissant, dont la volonté et les bénédictions nous ont guidés et soutenus tout au long de la réalisation de ce mémoire.

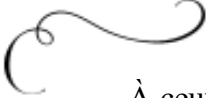
Nous adressons nos remerciements les plus sincères à notre encadreur, Monsieur **Youbi Mohammed Redha**, pour ses précieux conseils, sa patience, sa disponibilité, ainsi que pour son expertise et son savoir-faire. Son accompagnement constant a été d'une aide inestimable et a grandement contribué à la réussite de ce travail. Que son engagement exemplaire soit reconnu et honoré à sa juste valeur.

Nos remerciements chaleureux vont également à nos familles respectives, pour leur amour inconditionnel, leurs bénédictions et leur soutien indéfectible, tant moral que matériel. Leur présence, même à distance, a été une source permanente de force et de réconfort.

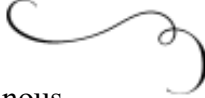
À nos chers amis et amies, votre présence, vos encouragements, votre soutien moral et votre énergie positive ont été essentiels tout au long de ce parcours. Merci d'avoir été là dans les moments les plus décisifs.

Enfin, à toutes les personnes bienveillantes croisées au cours de cette aventure, merci du fond du cœur. Votre soutien, parfois discret mais toujours précieux, a enrichi cette expérience et lui a donné une dimension humaine et chaleureuse.

# Dédicace



À ceux qui ont cru en nous avant que nous croyions en nous-mêmes,





À ceux qui nous ont soutenus dans chaque moment de fatigue et de découragement,

À nos mères et à nos pères, notre fierté et notre pilier,

À nos frères et sœurs, qui ont été notre soutien, dans le silence comme dans la parole, de près comme de loin,

À nos amis, surtout ceux qui ont partagé avec nous chaque détail de ce mémoire,



## Résumé

La classification précise des bactéries représente un enjeu majeur pour le diagnostic médical, en raison de la complexité visuelle et de la petite taille des espèces bactériennes. Ce travail propose l'utilisation de deux modèles pré-entraînés de réseaux neuronaux convolutifs, VGG16 et MobileNetV2, pour la classification automatique d'images microscopiques. Basée sur le transfert d'apprentissage, notre approche permet d'exploiter des connaissances acquises à partir de grandes bases d'images. Les résultats expérimentaux montrent que les modèles atteignent une précision satisfaisante, rendant cette solution prometteuse pour des applications pratiques dans les laboratoires médicaux.

**Mots-clés :** Bactéries, classification d'images, réseaux de neurones, deep learning, CNN, VGG16, MobileNetV2.

## Abstract

Accurate bacterial classification is a key challenge in medical diagnostics due to the visual similarity and microscopic scale of bacterial species. In this study, we propose an automatic classification approach using two pre-trained convolutional neural network models: VGG16 and MobileNetV2. Our method leverages transfer learning to benefit from prior knowledge gained from large image datasets. Experimental results demonstrate strong model performance, suggesting that this approach could be effectively integrated into diagnostic workflows in clinical laboratories.

**Keywords:** Bacteria, image classification, neural networks, deep learning, CNN, VGG16, MobileNetV2.

## ملخص

تُعدّ عملية تصنيف البكتيريا بدقة من التحديات الأساسية في التشخيص الطبي، نظرًا لتشابه الأنواع وصغر حجمها وتنوع خصائصها البصرية. في هذا البحث، نقترح استخدام نماذج جاهزة من الشبكات العصبية التلافيفية، وهي VGG16 و MobileNetV2، بهدف تصنيف صور مجهرية لبكتيريا مختلفة بشكل آلي. تعتمد منهجيتنا على تقنية التعلم بالنقل، التي تسمح بالاستفادة من المعرفة المكتسبة مسبقًا من قواعد بيانات ضخمة. تم تقييم النموذجين باستخدام مؤشرات أداء مثل الدقة والسرعة والقدرة على التعميم، وأظهرت النتائج فعالية المقاربة المقترحة، مما يبرز إمكانية اعتمادها مستقبلاً في الأنظمة المساعدة للتشخيص بالمختبرات الطبية.

**الكلمات المفتاحية :** CNN، VGG16، MobileNetV2، البكتيريا، تصنيف الصور، الشبكات العصبية، التعلم العميق،

---

# TABLE DES MATIERES

---

Résumé.....	4
Abstract.....	4
ملخص.....	4
LISTE DES FIGURES .....	8
LISTE DES TABLEUX.....	10
LISTE DES ABREVIATIONS.....	11
Chapitre 1 : Introduction au Contexte Médical.....	15
Introduction .....	16
1.1 Définition des micro-organismes .....	16
1.2 Place des bactéries dans le monde vivant (historique des bactéries).....	18
1.3 Structure et anatomie fonctionnelle .....	19
1.3.1 Les coques (Coccus) :.....	20
1.4 La Classification des Bactéries.....	23
1.5 Importance dans le domaine médical.....	26
1.6 Défis des méthodes de classification traditionnelles .....	27
1.6.1 Diversité Morphologique.....	27
1.6.2 Petite Taille et Résolution Limitée.....	27
1.6.3 Complexité et Variabilité de l'Apparence.....	27
1.6.4 Contraintes de Temps.....	27
1.6.5 Besoin d'Expertise Spécialisée .....	27
1.6.6 Coûts Élevés et Ressources Nécessaires.....	28
1.7 Nécessité d'une automatisation par l'apprentissage profond.....	28
1.8 Pourquoi le deep learning pour la classification bactérienne ?.....	29
1.9 Applications médicales de la classification bactérienne.....	31
1.10 Vers une intelligence artificielle fiable et explicable dans la classification des micro-organismes.....	32
Conclusion du chapitre.....	33
Chapitre 2: L'Apprentissage Automatique dans le Diagnostic Médical .....	34
Introduction .....	35

2.1 Rôle de l'apprentissage automatique dans l'analyse d'images médicales .....	35
2.2 Réseaux de neurones convolutifs (CNN) pour la classification d'images .....	36
2.3 CNN pré-entraînées et apprentissage par transfert.....	38
2.4 Applications des CNN dans le diagnostic médical.....	40
2.4.1 Applications des CNN dans la classification d'images médicales.....	40
2.4.2 Autres applications: .....	43
Conclusion de chapitre .....	44
Chapitre 3 : Méthodologie Utilisée.....	46
3.1 Introduction.....	47
3.2. Flux de Travail Global de la Méthodologie (Flowchart) .....	47
3.3 Outils et Environnement de Travail.....	49
3.3.1 Langage de Programmation : Python.....	49
3.3.2 3.3.2 Environnement de Développement : Visual Studio Code.....	50
3.3.3 Bibliothèques Python utilisées.....	51
3.4 Dataset utilisé et Processus d'Acquisition.....	54
3.5 Prétraitement et Augmentation des Données.....	60
3.5.1 Étapes de Prétraitement .....	60
3.5.2 Augmentation des Données (Data Augmentation) .....	61
3.6 Architectures des Modèles.....	62
3.6.1. Modèle 1 : MobileNetV2 .....	63
3.6.3. Modèle 3 : CNN Séquentiel Personnalisé.....	66
3.7 Stratégie d'Apprentissage par Transfert.....	67
3.7.1. Adaptation des modèles pré-entraînés (MobileNetV2 et VGG16).....	68
3.8 Configuration de l'Entraînement.....	68
3.9 Répartition des Données (Data Splitting).....	69
3.10 Métriques d'Évaluation .....	69
3.10.1 Précision Globale (Accuracy).....	70
3.10.2 Rappel (Recall ou Sensibilité) .....	70
3.10.3 Précision (Precision) .....	70
3.10.4 Score F1 (F1-Score) .....	70
3.10.5 Matrice de Confusion.....	71
3.10.6 Courbe ROC et AUC.....	71
Conclusion.....	71
Chapitre 4 : Résultats et Discussion .....	72

4.1 Introduction .....	73
4.2 Résultats de la classification .....	73
4.3 Analyse comparative .....	83
4.4 Interprétation.....	86
4.5 Discussion .....	88
4.6 Conclusion .....	88
Conclusion générale et perspectives.....	89
Bibliographie .....	92

---

## LISTE DES FIGURES

---

**Figure 1.1** : Échelle de taille des structures biologiques

**Figure 1.2** : Micro-organisme observé au microscope

**Figure 1.3** : Morphologies bactériennes typiques

**Figure 1.4** : Arrangements bactériens

**Figure 1.5** : Étapes de la coloration de Gram

**Figure 1.6** : Structure taxonomique des bactéries

**Figure 1.7** : Flux IA dans le diagnostic médical

**Figure 1.8** : Microscope + carte Grad-CAM

**Figure 2.1** : Pipeline d'un diagnostic médical assisté par IA

**Figure 2.2**: Illustration des opérations de convolution et de pooling dans les Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN), montrant comment les caractéristiques sont extraites et les dimensions réduites à partir de l'image d'entrée.

**Figure 2.3** : Architecture générale d'un Réseau de Neurones Convolutifs (CNN) présentant la séquence des couches de convolution, de pooling et entièrement connectées menant aux prédictions de sortie.

**Figure 2.4** : Max Pooling vs Average Pooling

**Figure 2.5** : Schéma de l'apprentissage par transfert

**Figure 2.7** : Évaluation de l'âge osseux (radio)

**Figure 2.8** : Classification cancer sein (CNN)

**Figure 2.9** : Pneumonie détectée par CNN

**Figure 2.10** : Âge osseux pédiatrique (CNN)

**Figure 2.11** : Alzheimer : cerveau normal vs atrophié

**Figure 3.1** : Flux global de la méthodologie

**Figure 3.2** : Logo Python

**Figure 3.3** : Interface de VS Code

**Figure 3.4** : Logo TensorFlow

**Figure 3.5** : Logo Keras

**Figure 3.6** : Logo NumPy

**Figure 3.7** : Logo Scikit-learn

**Figure 3.8** : Logo Matplotlib

**Figure 3.9** : Logo Seaborn

**Figure 3.10** : Processus d'acquisition du dataset

**Figure 3.11** : Répartition des images par classe bactérienne

**Figure 3.12** : Exemples d'images augmentées

**Figure 3.13** : Architecture de MobileNetV2

**Figure 3.14** : Architecture de VGG16

**Figure 3.15** : Architecture du CNN personnalisé

**Figure 4.1** : Performance modèle MobileNetV2

**Figure 4.2** : Performance modèle VGG16

- Figure 4.3** : Performance modèle CNN
- Figure 4.4** : Courbes ROC
- Figure 4.5** : Matrice de confusion – MobileNetV2
- Figure 4.6** : Matrice de confusion – VGG16
- Figure 4.7** : Matrice de confusion – CNN
- Figure 4.8**: Résultat de classification

---

## LISTE DES TABLEUX

---

1. **Tableau 1.1** – Défis de la classification manuelle des bactéries
2. **Tableau 3.1** : Résumé des caractéristiques techniques du jeu de données utilisé pour l'entraînement des modèle
3. **Tableau 3.2**– Répartition des images par classe bactérienne
4. **Table 3.3**: Hyperparamètres utilisés pour l'entraînement des modèles CNN, MobileNetV2 et VGG16
5. **Table 4.1** – Matrice de confusion binaire
6. **Table 4.2**– Tableau de resultats
7. **Table 4.3**– Tableau de comparaison

---

## LISTE DES ABREVIATIONS

---

Abréviation	Signification
<b>AI</b>	Intelligence Artificielle
<b>API</b>	Application Programming Interface
<b>AUC</b>	Area Under the Curve ( <i>Aire Sous la Courbe</i> )
<b>BLS</b>	Bêta-Lactamases à Spectre Élargi
<b>CNN</b>	Convolutional Neural Network
<b>CPU</b>	Central Processing Unit ( <i>Unité Centrale de Traitement</i> )
<b>CSV</b>	Comma-Separated Values
<b>DL</b>	Deep Learning
<b>ELM</b>	Extreme Learning Machine
<b>Grad-CAM</b>	Gradient-weighted Class Activation Mapping
<b>GPU</b>	Graphics Processing Unit ( <i>Processeur Graphique</i> )
<b>IDE</b>	Integrated Development Environment ( <i>Environnement de Développement Intégré</i> )
<b>ML</b>	Machine Learning
<b>OMS</b>	Organisation Mondiale de la Santé
<b>PCR</b>	Polymerase Chain Reaction ( <i>Réaction de polymérisation en chaîne</i> )
<b>RAM</b>	Random Access Memory
<b>ReLU</b>	Rectified Linear Unit
<b>RGB</b>	Red Green Blue ( <i>Modèle de couleur utilisé en imagerie numérique</i> )
<b>ROC</b>	Receiver Operating Characteristic
<b>SARM</b>	Staphylococcus aureus résistant à la méthicilline ( <i>souvent abrégé MRSA en anglais</i> )

Abréviation	Signification
<b>VGG16</b>	Visual Geometry Group (16 layers)
<b>ViT</b>	Vision Transformer
<b>VS Code</b>	Visual Studio Code
<b>XAI</b>	eXplainable Artificial Intelligence ( <i>IA explicable</i> )

---

# Introduction Générale

---

L'essor des technologies numériques et des systèmes d'analyse d'images microscopiques a favorisé le développement d'outils performants et innovants pour la classification automatique des micro-organismes dans le domaine biomédical. Ces outils se sont progressivement imposés comme des solutions indispensables pour améliorer la rapidité et la précision des diagnostics microbiologiques, en particulier dans des contextes cliniques où la détection précoce est cruciale.

Au cours des dernières années, les avancées technologiques, notamment en vision par ordinateur et en intelligence artificielle (IA), ont permis l'émergence de systèmes d'aide à la décision capables d'analyser et d'interpréter des images de microscopie avec un haut niveau de fiabilité. Ces systèmes sont aujourd'hui utilisés dans divers domaines, allant de la médecine humaine et vétérinaire à la microbiologie environnementale et industrielle.

Dans le contexte de la microbiologie, l'analyse des images microscopiques permet de visualiser la morphologie des bactéries et des champignons, ce qui constitue un critère essentiel pour leur identification précise. Cependant, l'analyse manuelle de ces images demeure une tâche laborieuse, sujette à l'erreur humaine et nécessitant une expertise importante. Les micro-organismes présentent souvent des formes similaires ou des variations morphologiques subtiles, rendant leur reconnaissance difficile par simple observation visuelle.

Face à ces défis, les techniques d'apprentissage profond (deep learning), et plus particulièrement les réseaux de neurones convolutifs (CNN), ont montré des résultats remarquables dans la classification d'images médicales. Ces modèles permettent de détecter automatiquement des motifs discriminants dans les images, sans nécessiter d'extraction manuelle de caractéristiques.

Dans ce mémoire, nous proposons de développer un système basé sur l'apprentissage profond pour la classification automatique de micro-organismes à partir d'images de microscopie optique. Trois architectures différentes ont été mises en œuvre dans ce but :

Un modèle CNN classique, conçu manuellement,

MobileNetV2, une architecture légère et efficace,

Et VGG16, un modèle profond largement utilisé dans la recherche.

L'objectif de ce projet est de comparer les performances de ces trois approches sur un même ensemble de données, en évaluant leur précision, leur robustesse et leur capacité de généralisation, afin de proposer une solution automatisée, fiable et applicable en milieu médical.

Cette étude s'inscrit dans le cadre de la classification automatique des micro-organismes, en particulier des bactéries et champignons, à partir d'images microscopiques. L'approche adoptée

repose sur l'apprentissage profond, en tirant parti du concept d'apprentissage par transfert (transfer learning). Cette technique permet de réutiliser des modèles pré-entraînés sur de grandes bases d'images (comme DIBaS) afin de les adapter à une tâche spécifique, ici : la reconnaissance et la classification d'espèces microbiennes.

Ce choix méthodologique présente plusieurs avantages :

Il réduit significativement le temps d'entraînement du modèle,

Il nécessite moins de données annotées,

Et il améliore les performances globales en capitalisant sur les connaissances déjà acquises par des réseaux profonds.

Pour valider cette approche, nous avons utilisé une base de données personnalisée composée d'images de 33 classes différentes de micro-organismes, comprenant à la fois des bactéries à Gram positif et à Gram négatif, ainsi que des champignons microscopiques. Chaque image a été extraite de l'observation microscopique de lames préparées, simulant des conditions d'analyse en milieu clinique.

Afin de structurer notre démarche de manière cohérente, notre mémoire est structuré en quatre chapitres principaux :

Le premier chapitre introduit les concepts fondamentaux liés à la microbiologie, aux types de micro-organismes, ainsi qu'aux bases de l'imagerie microscopique.

Le deuxième chapitre est consacré à l'apprentissage automatique dans le domaine du diagnostic médical. Il présente les principes du machine learning, ses applications en santé, ainsi que les enjeux et défis associés à son intégration dans les systèmes de diagnostic.

Le troisième chapitre décrit la méthodologie adoptée pour la classification automatique des micro-organismes. Il inclut la préparation des données, le choix des architectures de réseaux de neurones, l'utilisation de l'apprentissage par transfert, et les étapes d'entraînement des modèles.

Enfin, le quatrième chapitre est dédié à l'évaluation expérimentale : il présente les résultats obtenus, les métriques de performance utilisées, ainsi qu'une discussion critique des performances des différents modèles testés.

Une conclusion générale vient clore le document, en résumant les contributions de ce travail et en proposant des perspectives d'amélioration et de prolongement pour de futurs projets.

# **Chapitre 1 : Introduction au Contexte Médical**

---

# Introduction au Contexte Médical

---

## Introduction

Dans le domaine médical, la lutte contre les infections bactériennes représente un enjeu majeur de santé publique. Chaque année, des millions de personnes sont touchées par des maladies d'origine bactérienne, allant de simples infections à des pathologies graves, parfois mortelles. Dans ce contexte, l'identification rapide et précise des espèces bactériennes est essentielle pour orienter les décisions cliniques et garantir une prise en charge thérapeutique adaptée.

La classification bactérienne joue un rôle clé dans ce processus. Elle permet non seulement d'identifier l'agent pathogène, mais aussi de mieux comprendre son comportement, sa résistance aux antibiotiques et son potentiel de propagation. Cependant, les méthodes traditionnelles utilisées en laboratoire, bien qu'efficaces, présentent plusieurs limitations : elles sont chronophages, nécessitent une expertise poussée et restent sujettes aux erreurs humaines, notamment lorsque les échantillons présentent une forte diversité morphologique.

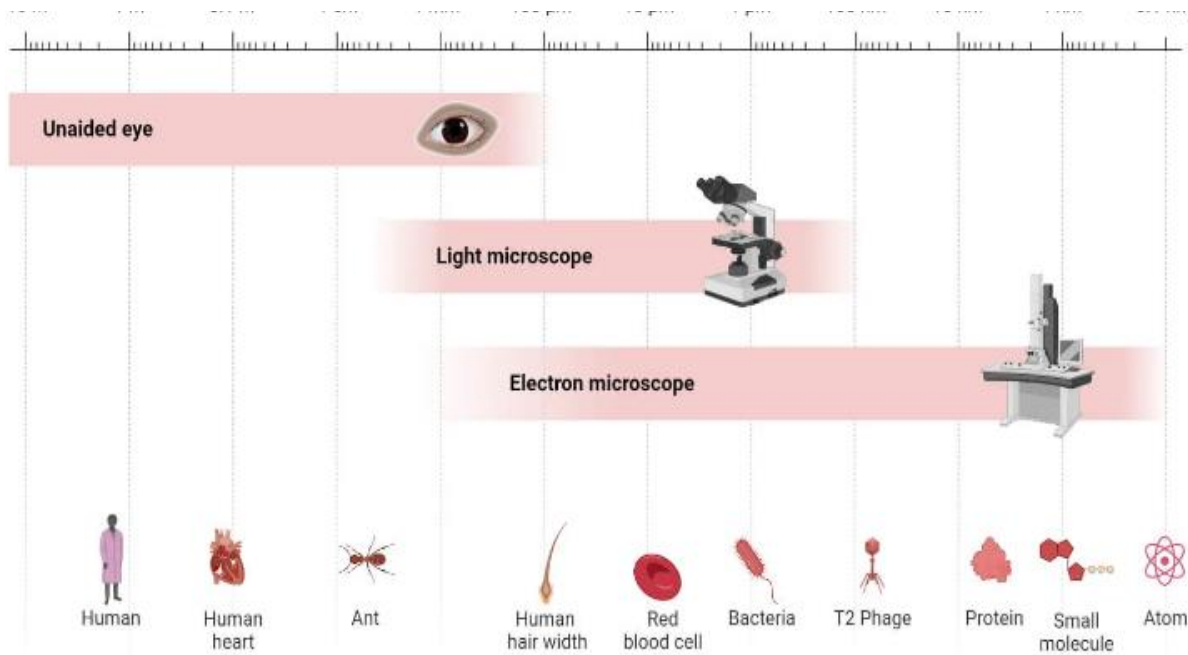
Face à ces contraintes, les avancées récentes en intelligence artificielle, et plus particulièrement en apprentissage profond appliqué à l'analyse d'images, offrent des solutions prometteuses. L'automatisation de la classification bactérienne permet d'envisager des outils de diagnostic plus rapides, plus fiables et moins dépendants de l'expertise humaine.

Ce chapitre présente le contexte général de la classification des bactéries. Nous exposerons d'abord son importance en milieu médical, puis les défis associés aux méthodes classiques. Enfin, nous mettrons en évidence l'intérêt des approches basées sur le deep learning et détaillerons l'organisation générale de ce mémoire.

### 1.1 Définition des micro-organismes

Les micro-organismes (également appelés microbes et protistes) forment une série d'organismes vivants microscopiques inaccessibles à l'œil nu (c'est-à-dire invisibles à l'œil nu (Figure 1.1). Ils sont tous différents et varient selon leur morphologie, leur physiologie, leur méthode de reproduction et leur écologie. Ils sont représentés par des bactéries, des protozoaires, des champignons microscopiques (secousses) et des algues. Les virus sont classés comme micro-organismes non réticents qui dépendent totalement de leurs cellules hôtes.

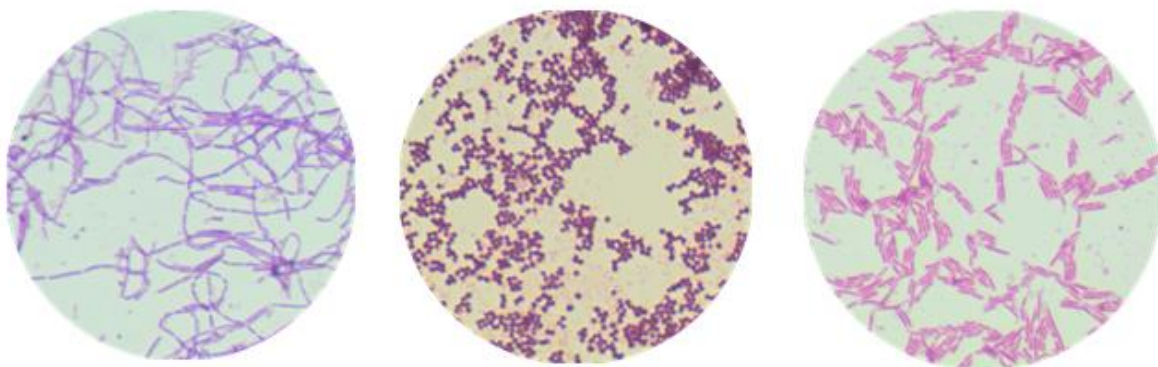
(Larousse, "Définitions : micro-organisme," Dictionnaire de français Larousse)



**Figure 1.1 :** Comparaison des tailles des structures biologiques : position des bactéries sur l'échelle de taille, illustrant la nécessité du microscope pour leur observation. [1]

Les micro-organismes regroupent un large éventail d'êtres vivants invisibles à l'œil nu, parmi lesquels figurent les bactéries, les virus, les champignons microscopiques et les protozoaires. Ce mémoire se concentre particulièrement sur l'étude et la classification des bactéries à travers des images microscopiques.

La Figure suivante présente une image réelle de bactéries extraites de la base de données utilisée dans le cadre de ce travail qui met en évidence leur dimension réduite, la diversité de leurs formes, et par conséquent, la difficulté de leur identification et de leur classification.



**Figure 1.2 :** Exemple de micro-organisme observé au microscope  
Dataset personnel : "Bacteria Data for Machine Vision and Digital Biology"

## 1.2 Place des bactéries dans le monde vivant (historique des bactéries)

Les bactéries ont été découvertes au XVII<sup>e</sup> siècle, grâce aux premières observations microscopiques effectuées par Antoni van Leeuwenhoek, souvent considéré comme le père de la microbiologie.

En 1674, Van Leeuwenhoek, artisan autodidacte néerlandais, améliora significativement la qualité des lentilles de microscope, ce qui lui permit d'observer pour la première fois des organismes unicellulaires qu'il appela « animalcules ».

Il fut ainsi le premier à décrire les bactéries, notamment celles présentes dans le tartre dentaire et dans l'eau, bien qu'il n'en comprenne pas encore le rôle biologique.

Ses observations, d'abord accueillies avec scepticisme, furent ensuite confirmées par Robert Hooke et progressivement acceptées par la communauté scientifique. Il observa également d'autres micro-organismes, tels que les protozoaires, les globules rouges et les spermatozoïdes, marquant ainsi les débuts de la biologie cellulaire et de la microbiologie moderne.

Pendant plus d'un siècle, les progrès dans l'étude des bactéries furent limités. Toutefois, les découvertes de Van Leeuwenhoek ont ouvert la voie à une meilleure compréhension de leur diversité et de leur rôle crucial dans les écosystèmes et la santé humaine.[2][3]

Au XVIII<sup>e</sup> siècle, deux grandes catégories de micro-organismes ont été distinguées :

- Ceux possédant un noyau, appelés protistes eucaryotes, comme les protozoaires ;
- Et ceux dépourvus de noyau, appelés protistes procaryotes, qui ont été identifiés plus tard comme des bactéries, un terme introduit en 1872. Le mot « bactérie » vient du grec baktêrion, signifiant « petit bâton », en référence à leur forme.

En 1878, le mot microbe a été proposé pour désigner tous les micro-organismes invisibles à l'œil nu.

Avec l'apparition du microscope électronique en 1937, il est devenu possible de distinguer deux types de cellules :

- Les cellules eucaryotes, complexes, contenant un noyau entouré d'une membrane et divers organites ;
- Et les cellules procaryotes, plus simples, sans noyau différencié.

En 1938, les bactéries ont été séparées du règne des protistes et placées dans un règne à part : celui des Monères (ou Procaryotae). Ce règne a été divisé en quatre groupes :

- Les Gracilicutes : bactéries à Gram négatif
- Les Firmicutes : bactéries à Gram positif
- Les Tenericutes : bactéries sans paroi cellulaire
- Les Mendosicutes : les archéobactéries

Dans les années 1970, un troisième type de micro-organismes a été découvert : les archéobactéries, ou archaea. Ce sont des procaryotes primitifs, différents des eucaryotes et des eubactéries, qui vivent dans des environnements extrêmes (sources thermales, fonds marins, milieux très salins ou acides).

Les cellules procaryotes se caractérisent par l'absence de membrane nucléaire, de mitochondries, de chloroplastes et d'appareil de Golgi. Elles ne possèdent pas non plus de protéines histones. Cependant, elles ont un chromosome circulaire et des ribosomes de type 70S (contre 80S chez les eucaryotes). De plus, les *eubactéries* ont une paroi cellulaire composée de peptidoglycane, absente chez les archées.

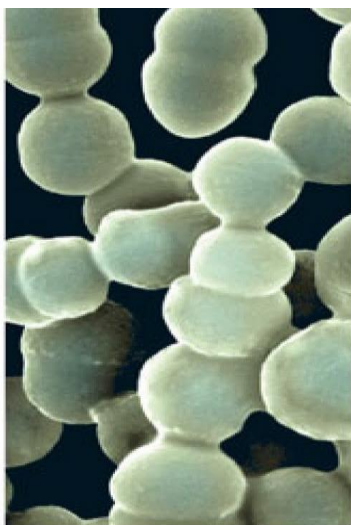
Enfin, les protistes peuvent être classés en trois formes biologiques :

- Unicellulaires : comme les bactéries, protozoaires, levures et certaines algues ;
- Pluricellulaires non différenciés : comme certains champignons et algues ;
- Coenocytiques : organismes possédant un grand cytoplasme contenant plusieurs noyaux sans cloisons internes. [4].

### 1.3 Structure et anatomie fonctionnelle

#### Formes bactériennes et aspects au microscope

Les bactéries présentent une grande diversité morphologique, qui est souvent utilisée comme critère fondamental pour leur identification et leur classification. Ces formes variées influencent non seulement leur mode de vie et leur habitat, mais aussi leurs mécanismes de reproduction et d'interaction avec l'environnement. En observant ces organismes au microscope optique, on distingue principalement trois grandes catégories morphologiques : les coques, les bacilles (ou bâtonnets) et les formes courbées (Figure 1.3). Chacune de ces catégories se subdivise ensuite en plusieurs types spécifiques selon la forme exacte de la cellule et leur mode d'assemblage. Cette diversité structurelle est essentielle à la compréhension des comportements bactériens, ainsi qu'à leur rôle dans les processus biologiques et médicaux. [5].



**Spherical (cocci)**



**Rod-shaped (bacilli)**



**Helical (spirilla)**

**Figure 1.3:** Les principales morphologies bactériennes observées au microscope : coques (cocci), bacilles (bacilli) ,spirilles(spirilla) [6]

### 1.3.1 Les coques (Coccus) :

Les coques sont des bactéries de forme sphérique ou légèrement ovoïde. Leur mode de division cellulaire détermine leur organisation en groupes spécifiques.

En effet, selon le nombre et la direction des plans de division, elles peuvent former divers types d'assemblages cellulaires caractéristiques.

Ces variations morphologiques permettent de distinguer plusieurs sous-catégories, décrites comme suit :

- **1.3.1.1 Diplocoques**

Ces bactéries apparaissent en paires, résultant d'une division selon un seul plan. Des exemples notables incluent *Streptococcus pneumoniae* et *Neisseria spp.*, fréquemment associées à des infections respiratoires ou génitales.

- **1.3.1.2 Streptocoques**

Résultant également d'une division sur un plan unique, ces bactéries forment des chaînes plus ou moins longues, caractéristiques du genre *Streptococcus*, souvent impliqué dans des angines et des infections cutanées.

- **1.3.1.3 Tétrades**

Une division en deux plans perpendiculaires aboutit à la formation de groupes de quatre bactéries, disposées en carré, une configuration moins courante.

- **1.3.1.4 Sarcines**

Par division selon trois plans perpendiculaires successifs, les bactéries forment des amas cubiques réguliers composés d'au moins huit cellules, comme chez *Sarcina spp.*, visibles au microscope optique.

- **1.3.1.5 Staphylocoques**

Ces bactéries se divisent de manière désordonnée dans trois plans de l'espace, formant des amas irréguliers évoquant une grappe de raisin. *Staphylococcus aureus* en est un exemple typique, souvent impliqué dans les infections cutanées.

### 1.3.2 Les bacilles ou bâtonnets :

Contrairement aux coques, les bacilles ont une forme allongée et leur division ne s'effectue généralement que sur un seul plan, ce qui influe sur leur morphologie spécifique. Selon leur forme et leur structure, ils se divisent en plusieurs sous-types :

- **1.3.2.1 Coccobacilles**

Ces formes intermédiaires entre coques et bacilles ont des extrémités arrondies, comme certaines Pasteurellaceae, présentant une morphologie compacte.

- **1.3.2.2 Bacilles corynéformes**

Ces bacilles courts présentent une extrémité épaissie (en forme de massue), caractéristique de *Corynebacterium diphtheriae*, l'agent responsable de la diphtérie.

- **1.3.2.3 Vrais bacilles**

Ce sont les bacilles classiques, allongés avec une longueur notablement supérieure à la largeur, tels que *Bacillus* ou *Clostridium*, présents dans de nombreuses infections humaines.

- **1.3.2.4 Bacilles filamenteux**

Ce groupe comprend des bâtonnets très longs, formant des filaments visibles au microscope dans certaines conditions, comme *Clostridium septicum*.

- **1.3.2.5 Bacilles fusiformes**

Ces bacilles ont une forme effilée aux extrémités, rappelant un fuseau, une caractéristique instable qui peut disparaître en culture prolongée, exemple : *Fusobacterium* spp.

- **1.3.2.6 Bacilles ramifiés**

Ces bactéries ramifiées ressemblent à des mycéliums fongiques et comprennent des genres tels que *Mycobacterium* ou *Actinomyces*, avec une morphologie complexe.

### **1.3.3 Les courbées :**

Les bactéries courbées regroupent les formes intermédiaires entre bacilles droits et spirales, caractérisées par une flexion ou torsion de la cellule. Leur classification dépend du degré de courbure et de la longueur :

- **1.3.3.1 Vibrions**

Courtes bactéries en forme de virgule ou spirale légère, avec un ou deux tours de spire, comme *Vibrio cholerae*, responsables du choléra.

- **1.3.3.2 Spirilles**

Bacilles allongés et rigides, en spirales longues avec plusieurs tours, appartenant au genre *Spirillum*.

- **1.3.3.3 Spirochètes**

Bactéries flexibles en forme hélicoïdale, avec des spires qui varient en largeur et en régularité, incluant des genres médicaux importants comme *Treponema*, *Borrelia* et *Leptospira*. [5]

## Bacterial Shapes and Arrangement

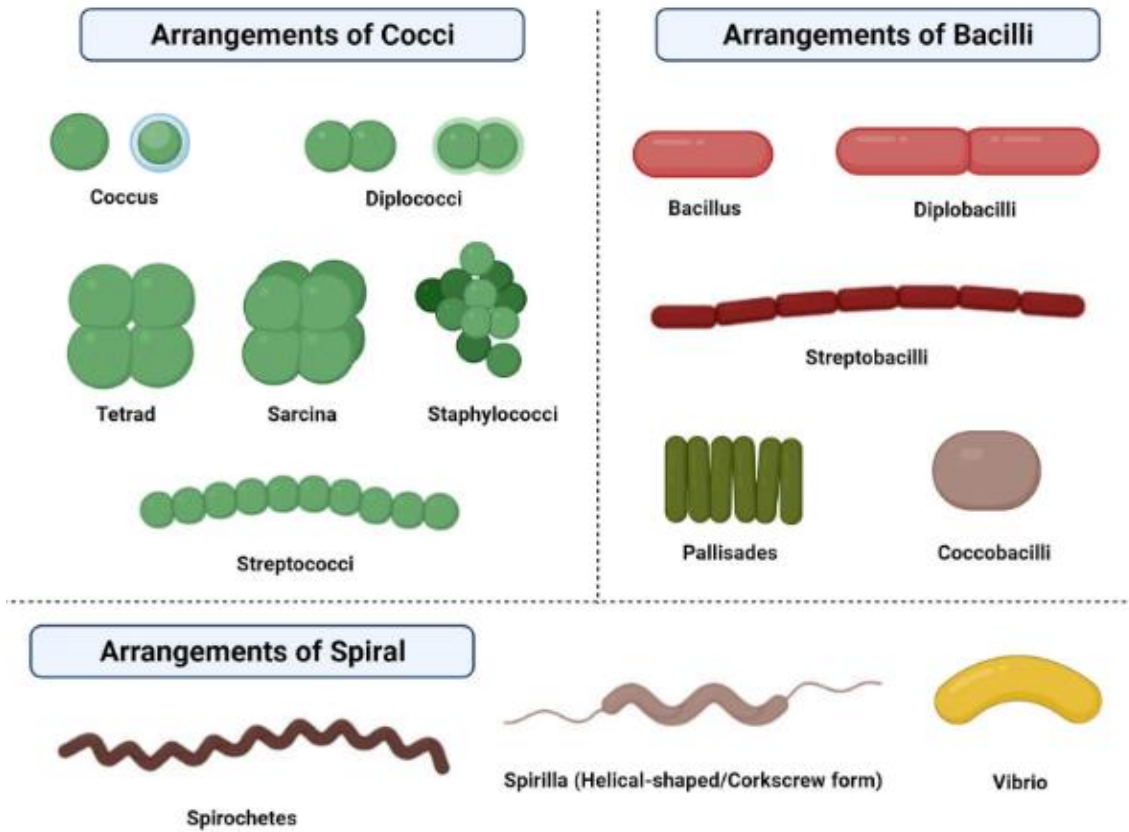


Figure 1.4 : Les différents arrangements des bactéries [1]

## 1.4 La Classification des Bactéries

La classification des bactéries est un élément fondamental en bactériologie médicale, car elle permet d'identifier précisément les agents pathogènes responsables d'infections, ce qui est crucial pour le diagnostic et le traitement adaptés.

Les bactéries sont classées selon plusieurs critères essentiels :

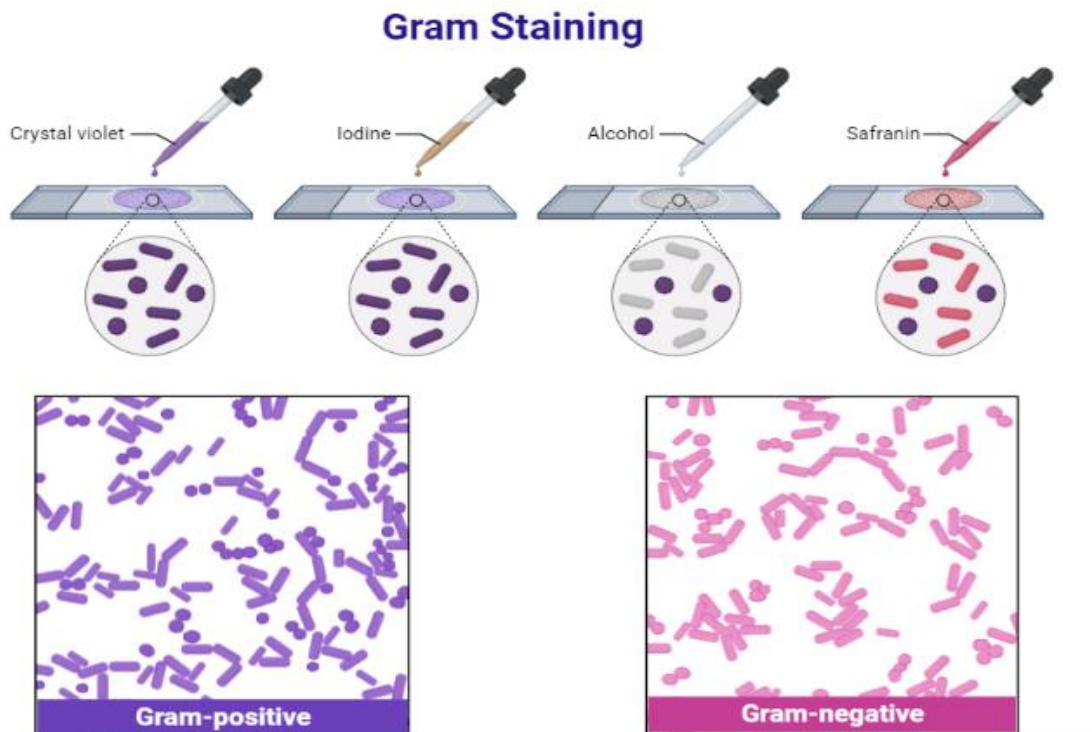
- Morphologie microscopique : forme sphérique (coques), en bâtonnets (bacilles), ou en spirale (spirochètes).
- Coloration de Gram : Gram positif (coloration bleue) ou Gram négatif (coloration rouge), reflétant des différences dans la structure de leur paroi cellulaire Figure 1.5 .
- Organisation des cellules : isolées, en amas, en chaînes, en diplocoques, etc.
- Besoins respiratoires : aérobie, anaérobie strict, aéro-anaérobie facultatif, microaérophile.
- Mobilité : présence de spores, et besoins nutritionnels spécifiques[7].

La classification des bactéries constitue un élément fondamental en bactériologie médicale, car elle permet une identification précise des agents pathogènes responsables d'infections. Cette identification est essentielle pour établir un diagnostic fiable et choisir un traitement thérapeutique approprié.

Les bactéries sont classées selon plusieurs critères morphologiques, physiologiques et biochimiques, notamment :

- Morphologie microscopique :Forme sphérique (coques), allongée (bacilles), ou spiralée (spirochètes).
- Coloration de Gram :Gram positif : apparaissent en bleu ou violet, en raison de la présence d'une paroi épaisse en peptidoglycane, Gram négatif : apparaissent en rose ou rouge, en raison d'une paroi plus fine et la présence d'une membrane externe.
- Organisation cellulaire :Les bactéries peuvent se présenter de manière isolée, en paires (diplocoques), en chaînes (streptocoques), ou en amas (staphylocoques).
- Besoins respiratoires :
  - **Aérobies stricts** : nécessitent de l'oxygène pour survivre ;
  - **Anaérobies stricts** : vivent uniquement en absence d'oxygène ;
  - **Aéro-anaérobies facultatifs** : s'adaptent aux deux conditions ;
  - **Microaérophiles** : nécessitent de faibles concentrations d'oxygène.

- Mobilité et autres caractéristiques physiologiques :Présence éventuelle de flagelles assurant la mobilité, de spores (formes de résistance), ainsi que des exigences nutritionnelles spécifiques (facteurs de croissance, vitamines, ions, etc.) [7].



**Figure 1.5:** Illustration des étapes de la coloration de Gram, montrant la différence entre les bactéries Gram positives (violet) et Gram négatives (rose) [8]

Différents niveaux de classification taxonomique

La **classification taxonomique** est une méthode scientifique permettant d'organiser les êtres vivants en **groupes hiérarchiques**, fondés sur leurs caractéristiques morphologiques, physiologiques, génétiques et évolutives [9].

Les principaux niveaux de classification, du plus général au plus spécifique, sont les suivants [10] :

**Domaine**

Il représente le niveau le plus large de la classification. Trois domaines sont actuellement reconnus : Bacteria (bactéries) Archaea (archéobactéries) Eukarya (eucaryotes)

**Règne** : Le règne est le deuxième niveau de classification, qui regroupe les organismes en fonction de leurs caractéristiques fondamentales. Il y a cinq règnes reconnus : les bactéries, les archées, les protistes, les champignons et les animaux et les plantes.

**Phylum** : Le phylum est un niveau de classification qui regroupe des organismes ayant des caractéristiques anatomiques et physiologiques similaires.

**Classe** : La classe est un niveau de classification qui regroupe des organismes ayant des caractéristiques anatomiques et physiologiques similaires à celles du phylum, mais plus spécifiques.

**Ordre** : L'ordre est un niveau de classification qui regroupe des organismes ayant des caractéristiques anatomiques et physiologiques similaires à celles de la classe, mais encore plus spécifiques.

**Famille** : La famille est un niveau de classification qui regroupe des organismes ayant des caractéristiques anatomiques et physiologiques similaires à celles de l'ordre, mais encore plus spécifiques.

**Genre** : Le genre est un niveau de classification qui regroupe des organismes ayant des caractéristiques anatomiques et physiologiques similaires à celles de la famille, mais encore plus spécifiques.

**Espèce** : L'espèce est le niveau de classification le plus spécifique, regroupant des organismes ayant des caractéristiques anatomiques et physiologiques similaires et capables de se reproduire entre eux pour produire une descendance fertile.

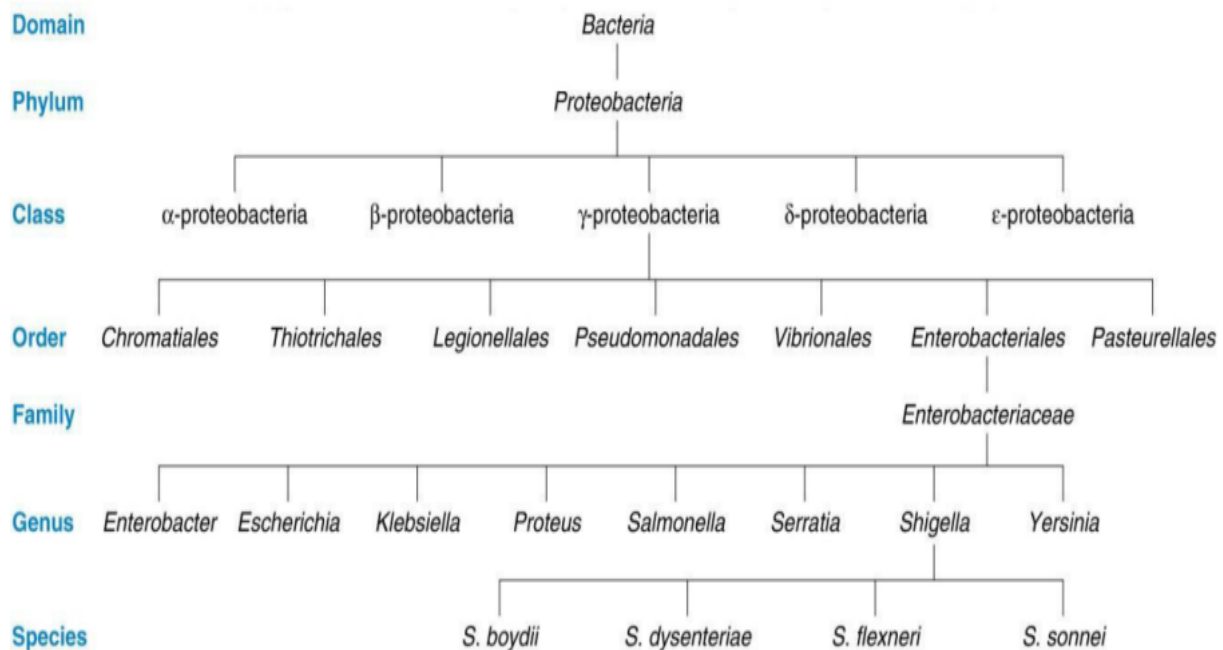


Figure 1.6 : Structure hiérarchique en taxinomie [10]

## 1.5 Importance dans le domaine médical

La classification des bactéries est essentielle en bactériologie médicale, car elle permet d'optimiser le diagnostic, le traitement et la prévention des infections. Ses principales utilités sont les suivantes :

- Diagnostic :**  
 Identifier précisément la bactérie responsable d'une infection permet de confirmer le diagnostic clinique. Cela repose sur diverses techniques, notamment l'examen microscopique, la culture sur milieux spécifiques, et les tests biochimiques [11].
- Choix du traitement :**  
 La distinction entre bactéries Gram positives et Gram négatives oriente le choix des antibiotiques, en raison de leurs différences de sensibilité. Par exemple, certaines bactéries Gram positives comme *Staphylococcus aureus* peuvent présenter une résistance à la pénicilline (SARM), nécessitant des traitements spécifiques [12].
- Antibiogramme :**  
 Il s'agit d'un test fondamental permettant d'évaluer la sensibilité d'une souche bactérienne à différents antibiotiques. Il favorise une antibiothérapie ciblée et efficace, tout en limitant les effets secondaires sur la flore bactérienne normale et la sélection de souches résistantes [7].
- Lutte contre la résistance bactérienne :**  
 L'Organisation mondiale de la Santé (OMS) met régulièrement à jour une liste de bactéries résistantes prioritaires, servant de référence pour la recherche pharmaceutique et la stratégie de gestion des infections [13].

Ainsi, la classification bactérienne constitue un outil fondamental en bactériologie médicale. Elle permet d'identifier les agents pathogènes, d'orienter un diagnostic précis et d'adapter le traitement antibiotique, contribuant ainsi à une prise en charge optimale des infections bactériennes [7].

## 1.6 Défis des méthodes de classification traditionnelles

La classification bactérienne repose historiquement sur des méthodes traditionnelles combinant plusieurs approches : observation morphologique au microscope, culture sur milieux sélectifs, tests biochimiques (comme les galeries API), sérotypage, et plus récemment quelques techniques moléculaires comme la PCR. Ces méthodes ont été longtemps utilisées pour identifier et classer les bactéries en laboratoire clinique. Par exemple, la coloration de Gram permet de distinguer les bactéries Gram-positives comme *Staphylococcus aureus* des Gram-négatives telles que *Escherichia coli*, tandis que l'agar MacConkey permet d'isoler les entérobactéries. Cependant, malgré leur contribution précieuse à la microbiologie, ces méthodes présentent plusieurs limites importantes qui en réduisent l'efficacité, surtout dans un contexte médical nécessitant des diagnostics rapides, précis et reproductibles. Ces défis sont détaillés ci-dessous (voir Tableau 1.1):

### 1.6.1 Diversité Morphologique

Les bactéries présentent une grande diversité morphologique qui complique leur reconnaissance visuelle. Par exemple, *Bacillus subtilis* peut produire des spores modifiant sa forme. Cette variabilité exige des compétences poussées pour éviter les erreurs d'identification.

### 1.6.2 Petite Taille et Résolution Limitée

La taille microscopique des bactéries (0,5 à 5  $\mu\text{m}$ ) limite la capacité d'observation. Deux cocci Gram-positifs comme *Staphylococcus aureus* et *Streptococcus pyogenes* peuvent sembler identiques sous microscope [14].

### 1.6.3 Complexité et Variabilité de l'Apparence

L'apparence bactérienne peut varier selon l'environnement ou le stade de croissance. *E. coli*, par exemple, change de forme selon le stress ou le milieu [15], rendant les analyses morphologiques peu fiables seules.

### 1.6.4 Contraintes de Temps

Les méthodes classiques nécessitent 24 à 72 heures. En cas d'infection aiguë, ce délai peut retarder le traitement et aggraver l'état du patient [16].

### 1.6.5 Besoin d'Expertise Spécialisée

L'interprétation des colorations ou des tests biochimiques dépend de l'expérience du microbiologiste. Une mauvaise lecture peut conduire à un mauvais diagnostic [17].

### 1.6.6 Coûts Élevés et Ressources Nécessaires

Les tests manuels nécessitent du matériel, des milieux de culture et du personnel qualifié, ce qui représente un coût élevé pour les structures limitées en ressources [18].

Défis	Description	Conséquences
Diversité morphologique	Variations intra-espèces et adaptations environnementales	Confusion entre espèces proches
Petite taille	Limites de résolution des microscopes optiques	Détails mal reproductibles
Variabilité d'apparence	Changements dus au milieu ou à la croissance	Résultats non reproductibles
Temps nécessaire	1 à 3 jours pour les cultures et tests	Délai de traitement
Expertise nécessaire	Interprétation subjective des résultats	Risque d'erreur diagnostique
Coûts et infrastructure	Besoins en matériel, milieux et personnel	Inaccessibilité dans certains pays

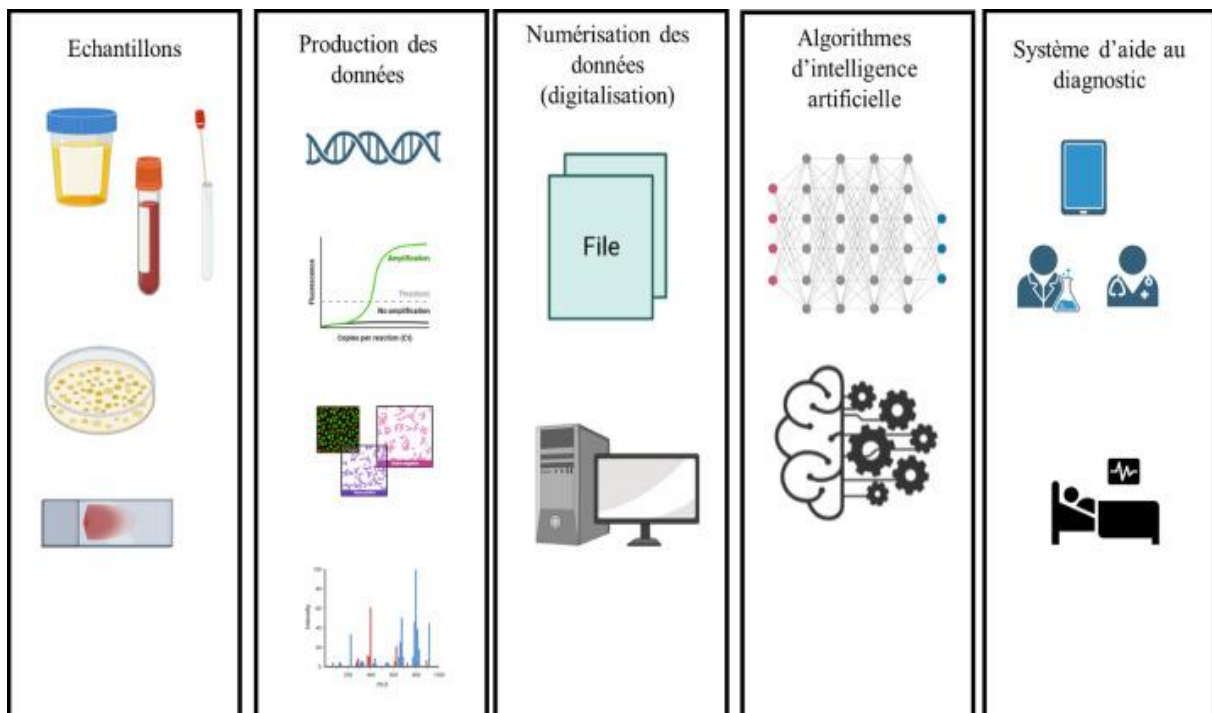
**Tableau 1.1** : Résumé des principaux défis de la classification manuelle des bactéries.

## 1.7 Nécessité d'une automatisation par l'apprentissage profond

La classification bactérienne joue un rôle essentiel dans le diagnostic médical, la gestion thérapeutique et la surveillance épidémiologique. Toutefois, comme exposé précédemment, les approches classiques présentent plusieurs limitations majeures :Lenteur des analyses,Subjectivité dans l'interprétation,Coûts élevés,Et dépendance à une expertise humaine spécialisée.

Face à ces contraintes, la communauté scientifique s'est tournée vers des solutions plus rapides, objectives et automatisables.

Ces dernières années, l'apprentissage profond (deep learning) s'est imposé comme une avancée majeure dans le domaine de la vision par ordinateur. Inspirés du fonctionnement du cerveau humain, les réseaux de neurones profonds – et en particulier les réseaux de neurones convolutifs (CNN) – ont démontré une capacité remarquable à analyser, détecter et classer des images microscopiques avec une précision souvent supérieure à celle des experts humains ( voir Figure 1.7) [19].



**Figure 1.7:** Représentation schématique du flux de travail intégrant l'intelligence artificielle dans le diagnostic médical. [20]

Les échantillons biologiques sont d'abord collectés puis analysés pour produire des données. Ces données sont ensuite numérisées et traitées par des algorithmes d'intelligence artificielle, permettant ainsi de fournir un système d'aide au diagnostic destiné aux cliniciens.

## 1.8 Pourquoi le deep learning pour la classification bactérienne ?

Les CNN apprennent automatiquement à identifier les motifs discriminants dans les images microscopiques de bactéries. Cela permet d'éliminer la subjectivité humaine et de gagner un temps précieux. De plus, les réseaux convolutifs peuvent traiter une grande quantité de données visuelles, ce qui améliore la robustesse et la précision des modèles de classification.

Plusieurs études récentes ont démontré l'efficacité des approches basées sur le deep learning dans la reconnaissance et la classification des micro-organismes. Par exemple :

T. Shaily et S. Kala (2020) ont proposé un modèle de CNN conçu pour classifier automatiquement les images microscopiques de bactéries. Leur approche se distingue par l'absence de prétraitement manuel, misant uniquement sur l'apprentissage des caractéristiques discriminantes à partir des données brutes. Le modèle a atteint une précision de 92,5 %,

prouvant l'efficacité des CNN même sur des tâches complexes sans intervention humaine directe. [21]

A. Ferrari, S. Lombardi et A. Signoroni (2017) se sont focalisés sur une tâche différente mais complémentaire : le comptage automatique des colonies bactériennes. En utilisant des CNN pour analyser des images numériques, leur système a réduit significativement les erreurs humaines tout en augmentant la vitesse d'analyse. Avec une précision de 94,3 %, l'étude met en avant l'intérêt du deep learning pour les tâches quantitatives en microbiologie. [22]

B. D. Satoto et ses collaborateurs (2020) ont opté pour une autre approche, utilisant un Extreme Learning Machine (ELM) pour classer les bactéries Gram-négatives selon leur forme morphologique. Bien que différente des CNN, cette méthode repose sur des concepts similaires de représentation automatique. Leur modèle a obtenu une précision de 89,7 %, démontrant que des architectures d'apprentissage rapide peuvent être efficaces pour certaines tâches spécifiques. [23]

I. Apostolopoulos et T. Bessiana (2020) ont étudié la détection automatique de la COVID-19 à partir d'images pulmonaires en radiographie, en utilisant le transfer learning avec des CNN. Bien que leur travail ne soit pas centré sur les bactéries, il illustre la puissance des CNN à extraire des motifs diagnostiques à partir d'imageries médicales, un principe applicable à la classification bactérienne. [24]

S. Patel (2021) a combiné le transfer learning avec des convolutions atrous, une technique permettant d'augmenter le champ réceptif du réseau sans perte de résolution. Son modèle, appliqué à la classification de colonies bactériennes, a atteint une précision de \*\*93,1 %\*\*, même avec un jeu de données réduit, ce qui montre l'efficacité des approches hybrides dans les contextes de données limitées. [25]

M. Talo (2019) a développé une méthode entièrement automatisée de classification d'images bactériennes à l'aide du deep learning. En éliminant toute intervention humaine, son système a montré une performance stable, atteignant 91,8 % de précision. Cette étude renforce l'idée d'une microbiologie numérique intégrée et autonome. [17]

N. E. M. Khalifa et ses collègues (2020) ont utilisé des GANs combinés à des CNN pour générer des images synthétiques, augmentant ainsi la taille de leur base de données. Grâce à cette technique, leur modèle a gagné en précision dans la détection de pneumonies COVID-19, soulignant l'intérêt des données synthétiques dans les contextes à faible volume d'images, comme en bactériologie. [26]

S. Kotwal et ses collègues (2023) ont conçu un modèle hybride combinant extraction de caractéristiques par machine learning et classification par CNN. Cette fusion a permis d'atteindre une précision de 95,2 %, montrant que la synergie entre méthodes traditionnelles et réseaux profonds peut améliorer significativement les performances sur des images microscopiques de bactéries. [27]

C. Chen et ses collaborateurs (2022) ont présenté une revue des applications industrielles du deep learning pour la classification visuelle. Même si leur étude se concentre sur des objets manufacturés, les méthodes décrites, notamment les CNN optimisés pour la détection de défauts, peuvent être transposées à la classification de bactéries en tant qu'entités visuelles complexes. [28]

Mensah (2023) a développé un classifieur de micro-organismes basé sur EfficientNet-B7, entraîné sur le dataset EMDS-6. Grâce au transfer learning et à une stratégie rigoureuse d'augmentation de données, son modèle a démontré une bonne capacité à distinguer entre 21 types de micro-organismes, confirmée par des métriques solides (accuracy, F1-score). Cela montre l'efficacité des architectures CNN modernes dans la microbiologie environnementale. [29]

Abougarair (2024) a exploité les architectures AlexNet et GoogLeNet avec transfer learning pour classifier 12 espèces bactériennes issues de la base DIBaS. Le modèle a atteint une précision de 98,7 %, avec des scores de rappel et F1 très élevés. Cette étude illustre la puissance des réseaux pré-entraînés pour construire des systèmes de diagnostic bactériologique rapides et fiables, même avec des jeux de données restreints. [30]

## **1.9 Applications médicales de la classification bactérienne**

La classification des bactéries est d'une importance capitale en médecine clinique pour plusieurs raisons pratiques et thérapeutiques :

### **1.9.1 .Choix du traitement antibiotique adapté :**

La distinction entre bactéries Gram positives et Gram négatives est essentielle car elle guide le choix des antibiotiques. Par exemple, les infections causées par des bactéries Gram négatives (comme *Escherichia coli*, *Klebsiella*, *Enterobacter*) peuvent nécessiter des antibiotiques différents de ceux utilisés pour des bactéries Gram positives (comme *Staphylococcus aureus*, *Streptococcus pneumoniae*) [13], [14]. La classification permet ainsi d'adapter la thérapie pour maximiser son efficacité et limiter la résistance

### **1.9.2. Diagnostic et identification des agents infectieux :**

La classification bactérienne facilite l'isolement et l'identification des bactéries responsables d'infections à partir de prélèvements cliniques (urines, sang, LCR, etc.). Par exemple, l'identification des entérobactéries productrices de bêta-lactamases à spectre élargi (BLSE) est cruciale pour gérer les infections nosocomiales et adapter les traitements, car ces bactéries sont souvent résistantes à plusieurs antibiotiques courants [14], [15].

### **1.9.3. Gestion des infections nosocomiales et épidémies:**

Certaines bactéries classées comme entérobactéries (*Klebsiella pneumoniae*, *Enterobacter cloacae*) sont responsables d'épidémies en milieu hospitalier et présentent des résistances multiples. Leur classification précise permet de mettre en place des mesures d'hygiène, d'isolement et de contrôle des infections pour limiter leur propagation [15], [31].

#### 1.9.4. Détection des mécanismes de résistance :

La classification permet aussi de détecter des mécanismes spécifiques de résistance, comme la production de bêta-lactamases ou la résistance induite à certains antibiotiques (ex. clindamycine chez les staphylocoques). Des tests ciblés peuvent être réalisés selon le type bactérien identifié, pour affiner le traitement [31].

#### 1.9.5. Suivi épidémiologique et prévention :

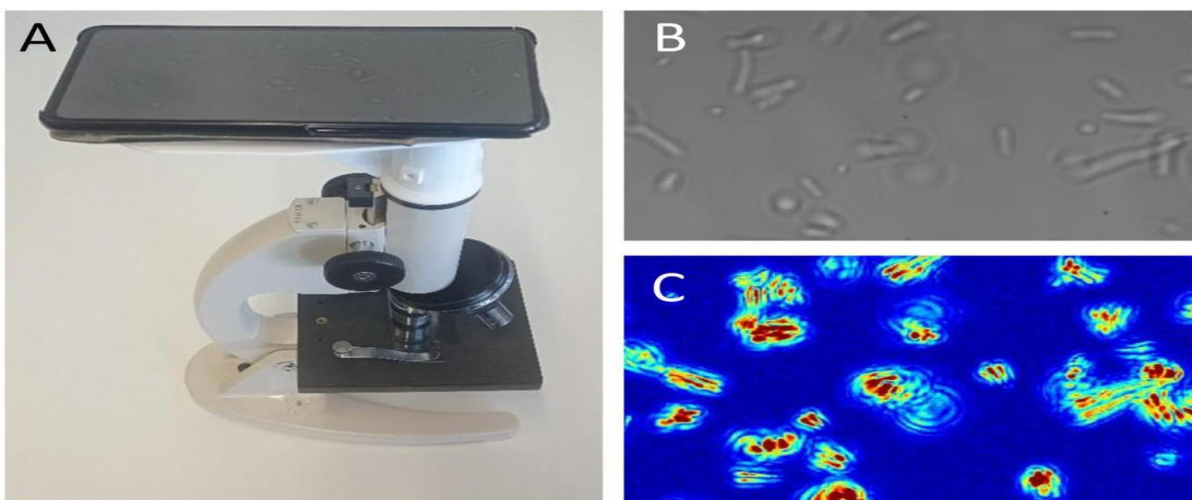
La classification bactérienne aide à surveiller la prévalence des différentes souches pathogènes et leur évolution, ce qui est essentiel pour la déclaration obligatoire de certaines maladies (ex. typhoïde, shigellose) et pour adapter les politiques de prévention et de vaccination [15], [32].

### 1.10 Vers une intelligence artificielle fiable et explicable dans la classification des micro-organismes

L'utilisation de l'intelligence artificielle, et plus particulièrement des techniques d'apprentissage profond, s'impose progressivement comme une solution performante pour la classification automatisée des micro-organismes à partir d'images microscopiques. Cependant, malgré leur précision élevée, ces modèles sont souvent considérés comme des "boîtes noires", difficiles à interpréter – un facteur problématique en contexte médical, où la transparence et la fiabilité des décisions sont cruciales.

C'est dans ce contexte qu'émerge le domaine de l'intelligence artificielle explicable (XAI – eXplainable Artificial Intelligence), qui vise à rendre compréhensibles les prédictions des réseaux neuronaux par les professionnels de santé. Des travaux récents, tels que ceux de Zhang et Ogasawara, ont démontré que l'utilisation de la méthode Grad-CAM permet de visualiser les zones spécifiques (dans un texte ou une image) ayant influencé la décision du modèle. L'application de ces approches explicables à la classification des bactéries ou des champignons ouvre ainsi la voie à des modèles à la fois précis et interprétables, favorisant leur adoption en milieu clinique.

La combinaison entre performance algorithmique et transparence décisionnelle devient dès lors un enjeu central dans le développement d'outils de diagnostic assisté par IA [33].



**Figure 1.8 :**

(A) Montage expérimental d'un microscope optique équipé d'un smartphone pour la capture d'images.

(B) Image microscopique brute d'un échantillon biologique.

(C) Visualisation des régions d'intérêt par une carte de chaleur générée via Grad-CAM, illustrant l'interprétation d'un modèle d'IA appliqué à l'image B. [34]

**Conclusion du chapitre**

Le présent chapitre a permis d'introduire les micro-organismes, et plus particulièrement les bactéries, qui représentent une part essentielle de la microbiologie médicale. Nous avons abordé les critères classiques de classification des bactéries, notamment la morphologie, la coloration de Gram et les propriétés biochimiques.

Toutefois, ces méthodes traditionnelles, bien qu'efficaces dans un cadre clinique, présentent plusieurs limites, notamment en termes de subjectivité, de temps et de précision. La variabilité morphologique et la complexité des espèces rendent la tâche d'identification manuelle difficile, surtout lorsqu'il s'agit d'un grand volume de données.

Ces limitations ont ouvert la voie à l'exploration de nouvelles approches, notamment les méthodes automatiques basées sur l'intelligence artificielle, en particulier l'apprentissage profond, qui seront étudiées en détail dans le chapitre suivant.

# **Chapitre 2: L'Apprentissage Automatique dans le Diagnostic Médical**

---

# L'Apprentissage Automatique dans le Diagnostic Médical

---

## Introduction

Avec l'essor des technologies numériques et la disponibilité croissante des données médicales, l'intelligence artificielle (IA) et, plus spécifiquement, l'apprentissage automatique (Machine Learning – ML) sont devenus des outils incontournables dans le domaine de la santé. Ces approches permettent de traiter, analyser et interpréter de grandes quantités d'informations complexes, notamment les images médicales, avec une rapidité et une précision surpassant souvent les capacités humaines.

Dans ce contexte, les réseaux de neurones, en particulier les réseaux de neurones convolutifs (Convolutional Neural Networks – CNN), se sont révélés extrêmement efficaces pour l'extraction automatique de caractéristiques pertinentes et la classification d'images issues de différentes modalités médicales telles que l'histologie, la radiologie ou la microscopie.

Ce chapitre vise à explorer le rôle fondamental de l'apprentissage automatique dans l'analyse d'images médicales, en mettant l'accent sur les principes des CNN, leurs différentes couches, ainsi que l'apport des modèles pré-entraînés grâce à l'apprentissage par transfert. Nous aborderons également plusieurs exemples concrets d'applications des CNN dans le diagnostic médical, illustrant ainsi leur potentiel pour améliorer la qualité des soins et accélérer les processus de prise de décision clinique.

L'apprentissage automatique (AA) occupe une place de plus en plus centrale dans le domaine du diagnostic médical, notamment grâce à sa capacité à traiter et interpréter les images médicales de manière efficace et précise. Grâce aux réseaux de neurones convolutifs (CNN) et à l'apprentissage par transfert, les technologies d'AA permettent aujourd'hui d'assister les professionnels de santé dans des tâches complexes de classification, de détection et d'analyse, avec une performance croissante [35].

## 2.1 Rôle de l'apprentissage automatique dans l'analyse d'images médicales

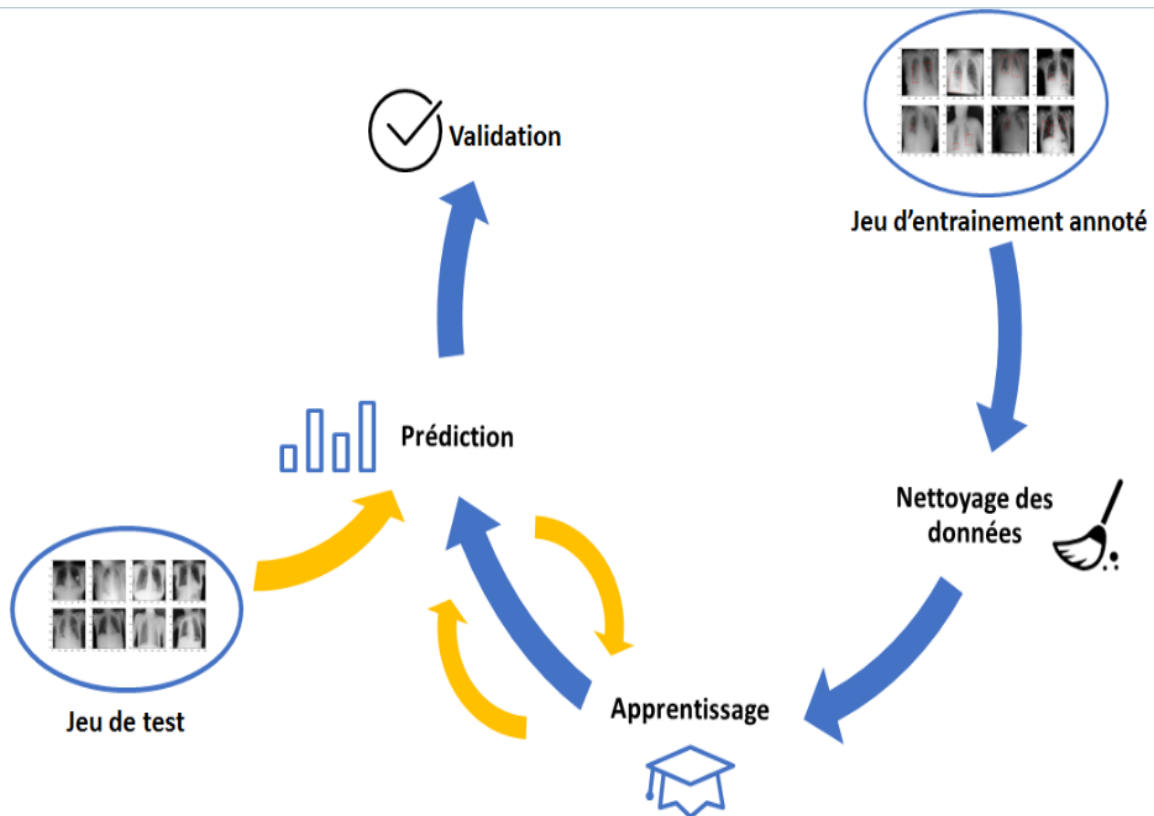
L'intelligence artificielle (IA) transforme profondément la manière dont les images médicales sont interprétées. Elle offre aux cliniciens des outils puissants permettant d'extraire des informations pertinentes à partir de données visuelles complexes, facilitant ainsi la détection précoce des pathologies, ainsi que l'amélioration de la planification thérapeutique (Figure 2.1) [35] [36].

**Applications concrètes :** Contrairement aux approches traditionnelles souvent limitées par la subjectivité humaine, l'AA est capable d'identifier des motifs subtils et complexes dans les images. Il peut segmenter automatiquement les structures anatomiques, détecter des anomalies invisibles à l'œil nu, et classer avec précision des maladies variées [37]. À titre d'exemple, les

CNN ont été utilisés pour diagnostiquer efficacement des pathologies telles que le cancer du sein [38] ou la pneumonie [39].

### Avantages clés :

- **Efficacité** : L'AA peut analyser de vastes volumes de données médicales en un temps record, ce qui permet un gain de temps considérable dans le processus de diagnostic [36].
- **Précision accrue** : Grâce à des algorithmes puissants comme les CNN, l'AA atteint souvent une précision supérieure à celle des méthodes manuelles, réduisant ainsi le risque d'erreurs [35].
- **Objectivité renforcée** : En limitant la variabilité liée à l'interprétation humaine, l'AA offre une analyse plus standardisée et fiable, ce qui contribue à une meilleure qualité des soins [40].



**Figure 2.1** : Diagramme illustrant le flux de travail d'une application d'apprentissage automatique dans le diagnostic médical, de la collecte des données à la prédiction et la validation. "[41].

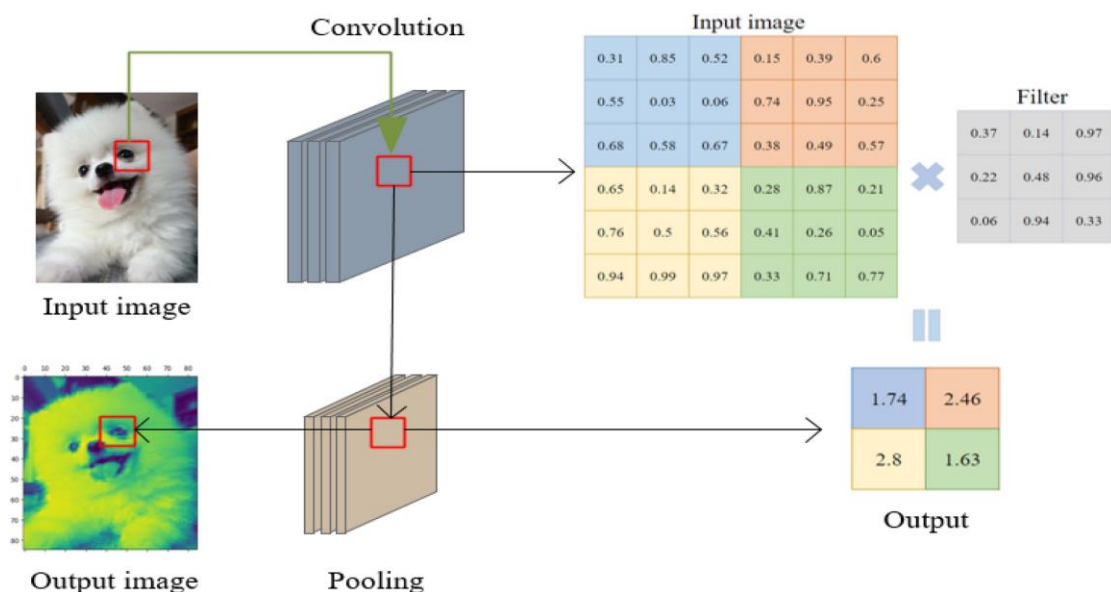
## 2.2 Réseaux de neurones convolutifs (CNN) pour la classification d'images

Les CNN sont aujourd'hui les outils les plus utilisés pour traiter les images médicales, en raison de leur capacité exceptionnelle à apprendre automatiquement les caractéristiques discriminantes à partir des images brutes [42].

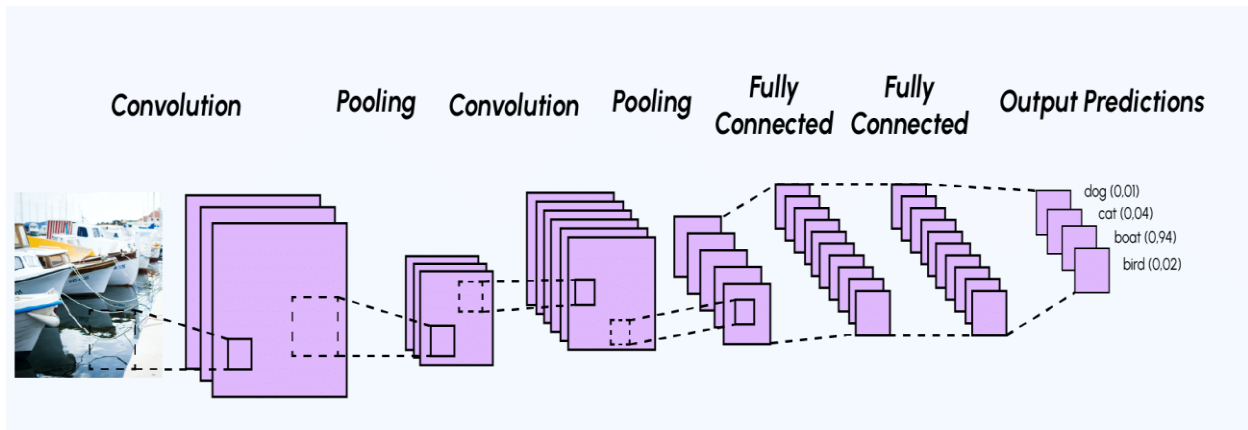
**Fondements des CNN :** Inspirés du cortex visuel humain, les CNN sont composés de plusieurs couches qui extraient progressivement des représentations complexes de l'image. Cette architecture leur permet de détecter aussi bien des détails fins que des structures globales (Figure 2.2)[42].

**Composants essentiels :**

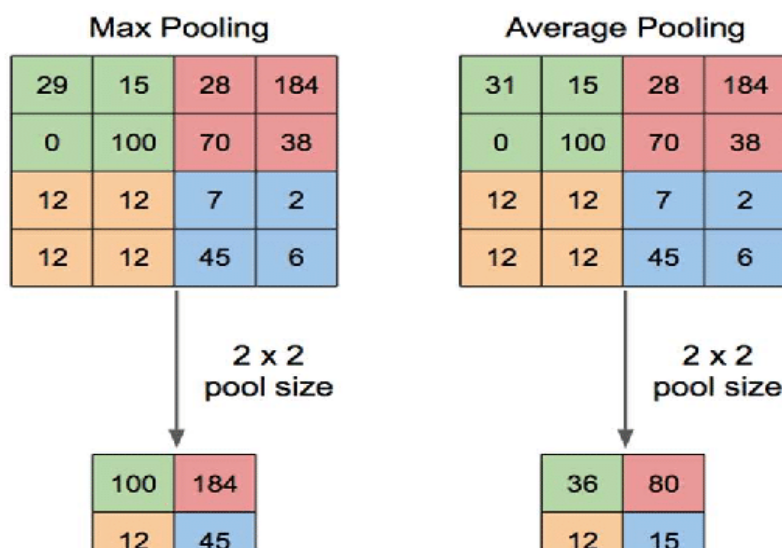
- **Couches convolutives :** Elles appliquent des filtres (ou noyaux) glissants sur l'image d'entrée pour détecter des éléments spécifiques comme les contours, textures, ou formes. Ces filtres produisent des cartes d'activation mettant en évidence la présence de ces éléments [42].
- **Couches de pooling :** Elles réduisent la taille des cartes d'activation en sélectionnant les informations les plus importantes. Cela permet non seulement de réduire la complexité du modèle, mais aussi d'augmenter sa robustesse face aux variations de l'image (Figure 2.4)[42].
- **Couches entièrement connectées :** Elles permettent, en fin de réseau, d'agréger toutes les informations extraites pour effectuer la classification finale. Chaque neurone est connecté à l'ensemble des neurones de la couche précédente, rendant ainsi possible une prise de décision globale (Figure 2.3)[42].



**Figure 2.2:** Illustration des opérations de convolution et de pooling dans les Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN), montrant comment les caractéristiques sont extraites et les dimensions réduites à partir de l'image d'entrée. "[43].



**Figure 2.3 :** Architecture générale d'un Réseau de Neurones Convolutifs (CNN) présentant la séquence des couches de convolution, de pooling et entièrement connectées menant aux prédictions de sortie." [44].

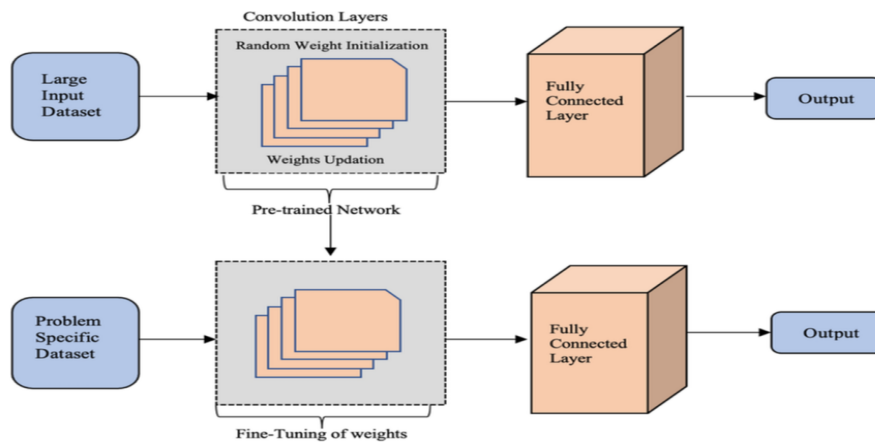


**Figure 2.4 :** Comparaison entre les mécanismes de Max Pooling et d'Average Pooling dans les couches de pooling des Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN). [45]

### 2.3 CNN pré-entraînées et apprentissage par transfert

L'apprentissage par transfert est une méthode qui permet de réutiliser des modèles CNN déjà entraînés sur de grandes bases de données, telles qu'ImageNet, pour résoudre de nouvelles tâches dans un domaine spécifique comme la santé **Figure 2.5**[46].

**Principes et atouts :** Cette approche est particulièrement utile lorsque les données annotées sont rares ou coûteuses à obtenir. En transférant les connaissances d'un domaine général à un domaine médical spécifique, on accélère l'apprentissage tout en améliorant la performance [47].

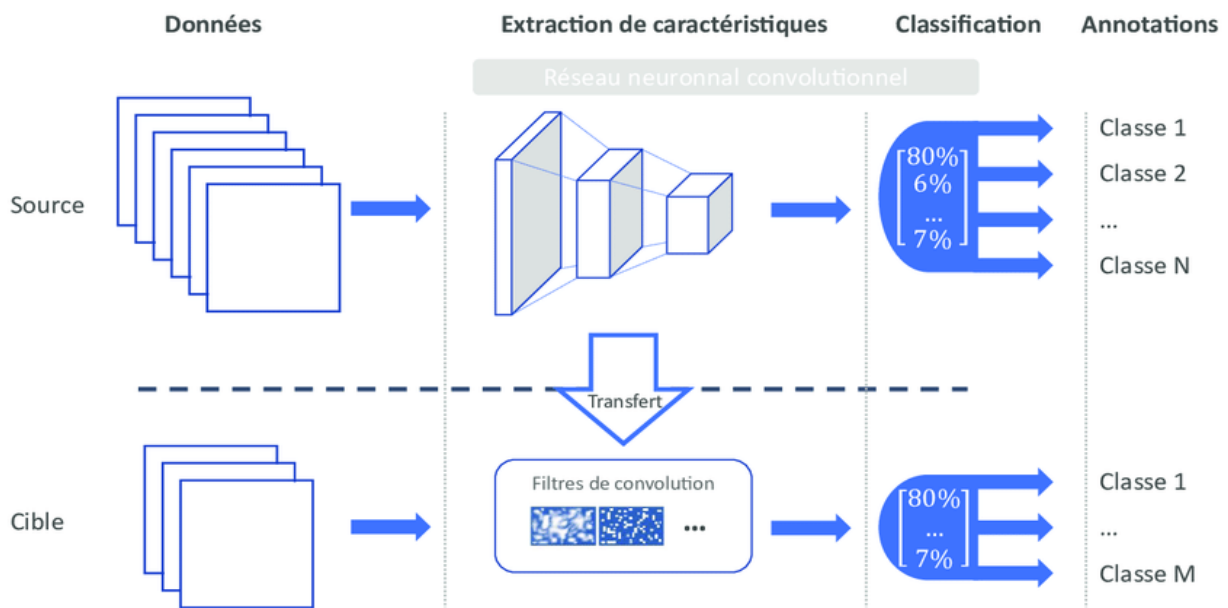


**Figure 2.5 :** Illustration du concept de l'apprentissage par transfert, où un réseau pré-entraîné sur un grand ensemble de données est affiné pour une tâche spécifique. "[48].

#### Méthodes d'utilisation :

- **Extraction de caractéristiques :** Les couches initiales du modèle pré-entraîné peuvent servir à extraire automatiquement des caractéristiques visuelles pertinentes, qui seront ensuite utilisées par un classificateur comme un SVM [49].
- **Fine-tuning :** Il est possible de réentraîner certaines couches du modèle sur le nouveau jeu de données médicales. Cette personnalisation permet d'adapter finement le modèle à des images très spécifiques [49].
- **Combinaison de techniques :** Certaines approches hybrides combinent l'apprentissage par transfert avec d'autres architectures comme les autoencodeurs convolutionnels, afin d'enrichir encore les performances [50].

En somme, le recours aux CNN pré-entraînées et à l'apprentissage par transfert permet non seulement de réduire les coûts et le temps d'entraînement, mais aussi de développer des systèmes de diagnostic plus robustes et précis, même en présence de jeux de données limités **Figure 2.6** [51].



**Figure 2.6:** Schéma de l'apprentissage par transfert basé sur les CNN. "[52].

## 2.4 Applications des CNN dans le diagnostic médical

Les réseaux de neurones convolucionnels (CNN) sont largement utilisés dans la classification d'images médicales, notamment en histologie et en radiologie, en raison de leur capacité à extraire automatiquement des caractéristiques pertinentes à partir des images [53]. Ils offrent un potentiel significatif pour améliorer la précision, l'efficacité et la rapidité des diagnostics [54].

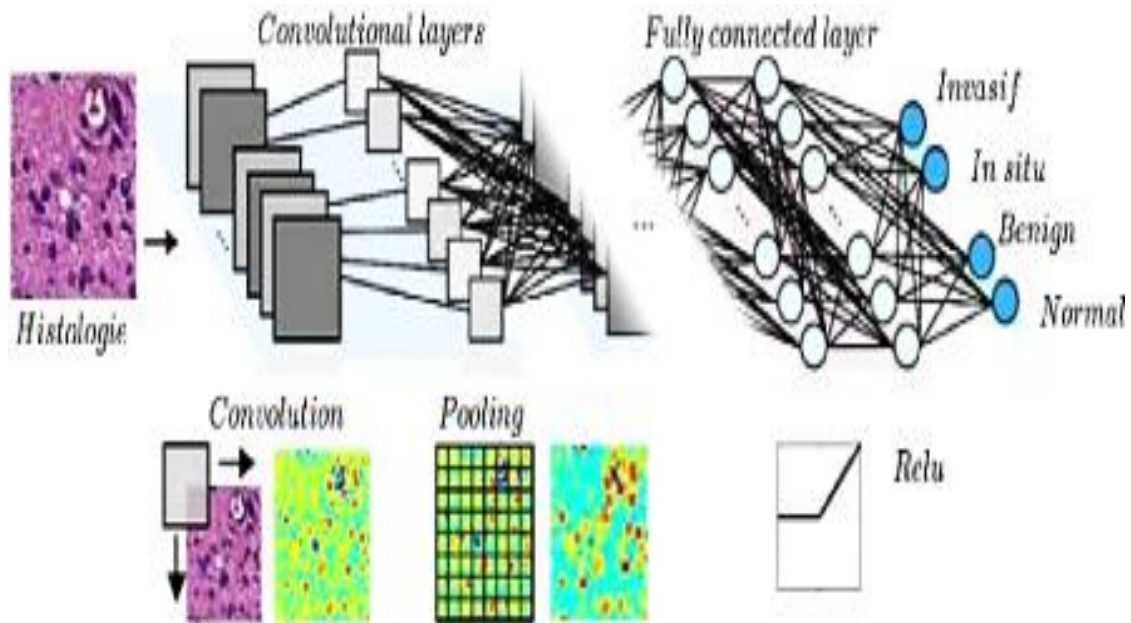
### 2.4.1 Applications des CNN dans la classification d'images médicales

#### Histologie:

- **Cancer du sein** : Les CNN sont utilisés pour classer les images histologiques du cancer du sein en différentes catégories (normal, bénin, malin).

Par exemple, des systèmes de diagnostic assisté par ordinateur (CAD) basés sur des CNN peuvent aider les pathologistes à améliorer la cohérence et l'efficacité du

diagnostic . Une méthode utilise des patches de différentes tailles pour classifier les images histologiques du cancer du sein (**Figure 2.7**) [55].



**Figure 2.7** : Flux de travail pour la classification des images histologiques du cancer du sein (Normal, Bénin, In Situ, Invasif) à l'aide des Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN). [56].

- **Dysplasie épithéliale**: Une approche hybride, combinant des techniques traditionnelles de traitement d'image avec des méthodes d'apprentissage profond, a permis de diagnostiquer la dysplasie épithéliale dans les tissus normaux. Un modèle CNN pré-entraîné a été affiné à l'aide d'hyperparamètres optimisés, afin de réduire le risque de surapprentissage [57].
- **Cancer des os** : Un modèle de deep learning nommé BCDNet a été spécifiquement conçu pour la détection efficace du cancer des os à partir d'images histologiques. Ce système a démontré des performances élevées en classification binaire et multi-classes [58].
- **Syndrome de Sjögren** : Une plateforme d'apprentissage automatique automatisé (autoML) a été utilisée en combinaison avec un réseau CNN pour segmenter et quantifier automatiquement le score de focus (FS) dans les biopsies des glandes salivaires, un critère diagnostique essentiel du syndrome de Sjögren [59].

### Radiologie:

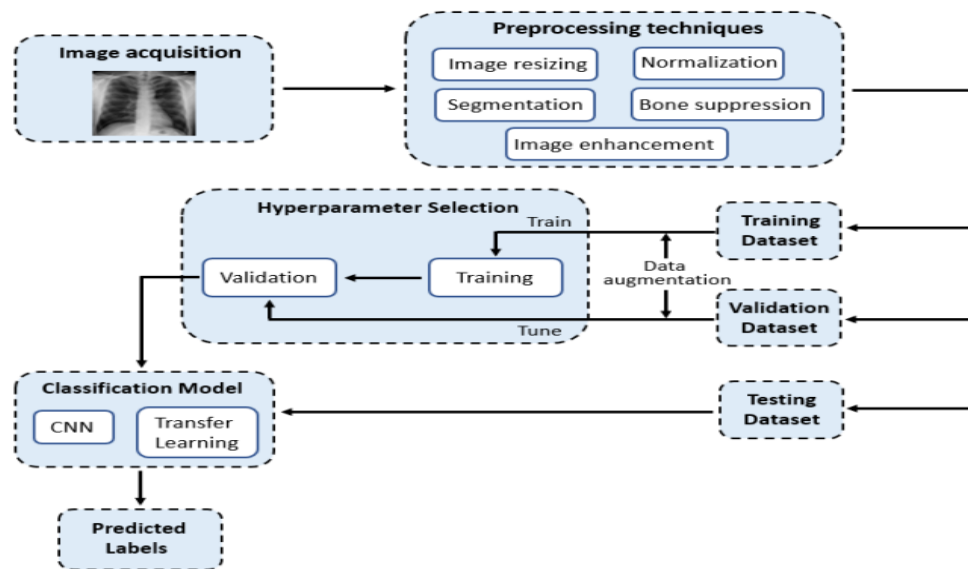
- **Maladies thoraciques** : Les CNN sont utilisés pour le diagnostic de diverses maladies thoraciques à partir de radiographies pulmonaires .Ces réseaux peuvent aider à réduire les arriérés, les longues heures de travail et la variabilité inter-observateurs.

Un modèle hybride CNN-Transformer peut être utilisé pour le diagnostic assisté par ordinateur des maladies thoraciques (**Figure 2.8**) [60].

- **Syndrome de détresse respiratoire aiguë (SDRA)** : Les CNN peuvent être utilisés pour la détection automatisée du SDRA à partir de radiographies pulmonaires

L'apparence non spécifique, l'ambiguïté et la faible fiabilité inter-observateurs peuvent être atténuées grâce à cette approche [61].

- **Âge osseux pédiatrique** : Des méthodes d'apprentissage profond basées sur l'attention sont utilisées pour l'évaluation de l'âge osseux, en se concentrant sur les régions d'intérêt anatomiques (Figure 2.9)[62].
- **Radiologie médico-légale** : Un modèle basé sur un CNN est utilisé pour la classification d'images en radiologie médico-légale, aidant à l'estimation du profil biologique à partir des os [63].
- **Reconstruction CT à faible dose** : Un réseau de reconstruction CT à faible dose basé sur un Transformer multi-couches à fenêtres glissantes peut améliorer la qualité de l'image tout en minimisant la dose de radiation . Ce réseau utilise des méthodes de fenêtrage glissantes pour limiter le calcul de l'auto-attention aux fenêtres locales non chevauchantes, améliorant ainsi l'efficacité [64].



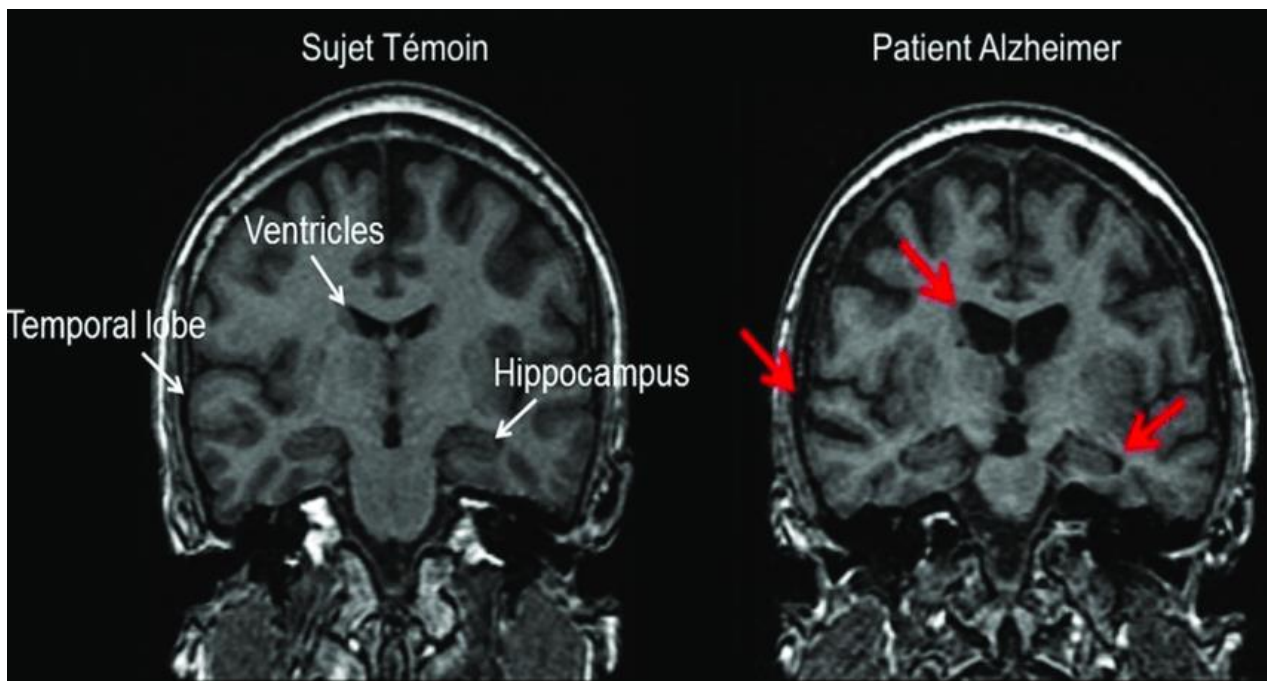
**Figure 2.8** : Organigramme de l'application de l'apprentissage profond pour la classification des pathologies pulmonaires à partir des images de radiographie thoracique . " [65].



**Figure 2.9** : Utilisation des Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN) pour l'évaluation de l'âge osseux pédiatrique à partir de radiographies manuelles, montrant les mesures automatiques. [66]

### 2.4.2 Autres applications:

- **Maladie d'Alzheimer** : De nombreuses approches d'apprentissage automatique, notamment les CNN, ont été proposées pour la classification automatique de la maladie d'Alzheimer à partir de données d'imagerie cérébrale (**Figure 2.10**) [67].
- **Classification de gaz** : Un algorithme de classification de gaz basé sur un réseau neuronal à impulsions convolutionnelles est utilisé dans les nez électroniques pour la reconnaissance de gaz [68].



**Figure 2.10** : Comparaison d'images cérébrales entre des individus normaux et ceux présentant une atrophie cérébrale aux stades avancés de la maladie d'Alzheimer, un diagnostic facilité par les Réseaux de Neurones Convolutifs. " [69]

### 2.4.3 Potentiel d'amélioration

- **Précision** : Les CNN ont démontré une précision remarquable dans la reconnaissance de motifs complexes et d'anomalies dans les images médicales, dépassant parfois les capacités humaines [70].
- **Efficacité** : L'automatisation des tâches de diagnostic grâce aux CNN peut réduire les erreurs humaines et augmenter l'efficacité du flux de travail radiologique. Les CNN peuvent aider à gérer les arriérés et à réduire les longues heures de travail pour les radiologues [60].
- **Rapidité** : Les outils automatisés basés sur l'apprentissage profond peuvent fournir des diagnostics plus rapides et plus fiables [54].

#### 2.4.4 Considérations supplémentaires

Bien que les CNN offrent un potentiel considérable, il est important de noter que la performance de ces modèles dépend de la qualité et de la quantité des données d'entraînement [71]. De plus, la reproductibilité des études peut être compromise par des variations dans la sélection des participants, le prétraitement des images et les procédures de validation [67]. Pour surmonter le besoin d'ensembles de données volumineux et annotés manuellement, des systèmes d'apprentissage profond basés sur l'apprentissage multi-instance peuvent être utilisés, en utilisant uniquement les diagnostics rapportés comme étiquettes pour l'entraînement [71]. L'amélioration continue des architectures CNN et des techniques d'entraînement est essentielle pour optimiser leur performance et leur applicabilité dans le domaine de l'imagerie médicale [53].

### Conclusion de chapitre

Ce chapitre a mis en lumière le rôle transformateur de l'apprentissage automatique, et plus particulièrement des Réseaux de Neurones Convolutifs (CNN), dans le domaine du diagnostic médical. Grâce à leur capacité à traiter, analyser et interpréter de grandes quantités d'informations complexes, notamment les images médicales, les CNN ont démontré une rapidité et une précision qui dépassent souvent les capacités humaines.

Nous avons exploré les principes fondamentaux des CNN, de leurs couches convolutives qui extraient les caractéristiques pertinentes, aux couches de pooling qui réduisent la complexité, jusqu'aux couches entièrement connectées qui effectuent la classification finale. L'intégration de modèles pré-entraînés via l'apprentissage par transfert s'est avérée être une stratégie particulièrement efficace, permettant d'accélérer l'apprentissage et d'améliorer les performances, même en présence de jeux de données limités.

Les utilisations pratiques des CNN dans la médecine du diagnostic sont étendues et appropriées, et incluent des applications telles que l'histologie (cancer du sein : classification, épithélium dysplasie et cancer des os : détection) et la radiologie (diagnostic des maladies thoraciques, détection du SDRA et estimation de l'âge osseux pédiatrique). Ces applications démontrent le potentiel des CNN à améliorer la précision, l'efficacité et la vitesse des diagnostics en réduisant les erreurs humaines et en optimisant le flux de travail clinique.

Malgré que les CNN possèdent un important potentiel pour l'avenir du diagnostic médical, il est essentiel de comprendre que leur performance est susceptible d'être très influencée par la qualité et la quantité des données d'entraînement. The challenges in the reproductibility of the studies and the requirement for large annotated manually sets of data remain. Nevertheless, ongoing improvements in CNN architectures and training methods, including techniques such as multi-instance learning, are necessary to better optimize their performance and suitability for application in the field of medical imaging.

En somme, l'apprentissage automatique et les CNN représentent une avancée majeure dans la médecine moderne, offrant des outils puissants pour assister les professionnels de la santé et

améliorer la qualité des soins, ouvrant la voie à des diagnostics plus rapides, plus précis et plus objectifs.

# **Chapitre 3 : Méthodologie Utilisée**

---

## Méthodologie Utilisée

---

### 3.1 Introduction

La classification automatique des micro-organismes à partir d'images de microscopie représente un enjeu crucial dans le domaine biomédical, en particulier pour l'aide au diagnostic et la détection rapide d'infections bactériennes ou fongiques. Cette tâche exige traditionnellement une expertise humaine approfondie et demeure chronophage, ce qui renforce l'intérêt pour des solutions automatisées et fiables.

Dans ce contexte, notre étude repose sur une approche basée sur l'intelligence artificielle, en particulier les réseaux de neurones convolutifs (CNN), afin de reconnaître différentes classes de micro-organismes avec précision. Pour ce faire, nous avons mis en œuvre un environnement de travail construit autour du langage Python et de l'éditeur Visual Studio Code, tout en intégrant des bibliothèques spécialisées telles que TensorFlow, Keras et NumPy.

Trois architectures de CNN ont été explorées dans ce travail : MobileNetV2, réputée pour sa légèreté et son efficacité sur les appareils à ressources limitées ; VGG16, connue pour ses performances dans les tâches de classification d'images ; ainsi qu'un modèle séquentiel CNN personnalisé, conçu manuellement dans un souci de flexibilité et d'optimisation des performances sur notre jeu de données spécifique.

Ce chapitre décrit en détail les étapes de notre méthodologie : la mise en place de l'environnement de développement, la constitution et le prétraitement des données, la conception et l'adaptation des architectures CNN, la stratégie d'apprentissage par transfert, la configuration de l'entraînement, et enfin, les métriques d'évaluation utilisées pour valider nos modèles.

### 3.2. Flux de Travail Global de la Méthodologie (Flowchart)

Le présent diagramme (Figure 3.1) schématise l'intégralité de la méthodologie adoptée pour la classification automatique des micro-organismes. Il illustre le cheminement depuis l'acquisition des images brutes jusqu'à l'évaluation finale des modèles, en passant par les étapes de préparation des données, de développement et d'entraînement des architectures d'apprentissage profond.

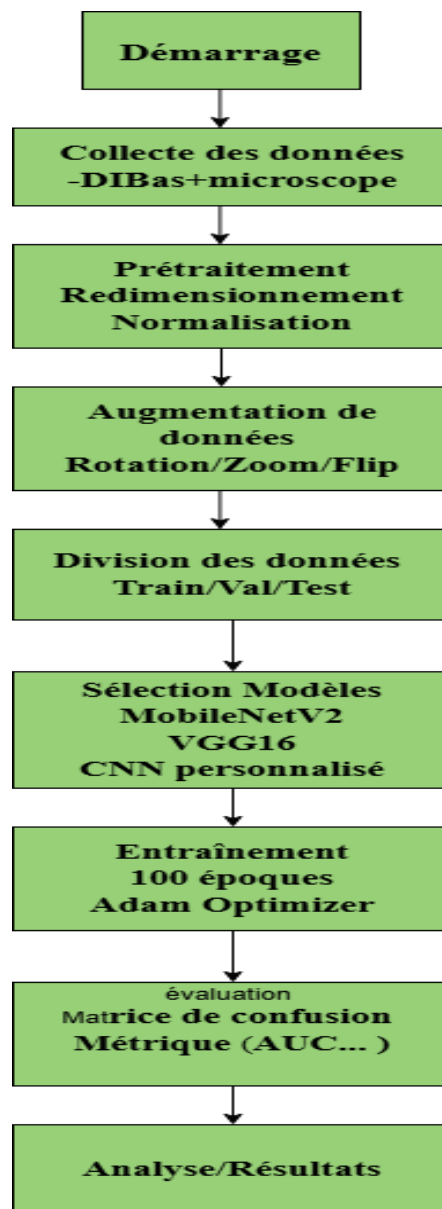


Figure 3.1: Flux de travail global de la méthodologie.

### Description du flowchart :

**Démarrage du Projet** : Point initial de la démarche.

**Acquisition et Consolidation des Données** : Collecte des images à partir de sources existantes (DIBaS, publications) et acquisition d'images supplémentaires via un microscope Nikon E200 avec coloration de Gram.

**Jeu de Données Brutes** : Corpus initial de 2722 images RGB de 32 espèces bactériennes.

**Prétraitement des Données** : Étapes préparatoires des images incluant le Redimensionnement (à 224x224 ou 128x128 pixels selon le modèle) et la Normalisation des pixels (mise à l'échelle entre 0 et 1).

**Augmentation des Données** : Application de transformations aléatoires (Zoom, Rotation, Translation, Retourneement horizontal) pour enrichir le dataset et améliorer la robustesse des modèles.

**Jeu de Données Augmenté et Prétraité** : Images préparées et prêtes pour la phase d'entraînement.

**Répartition des Données** : Division du dataset en trois sous-ensembles : 50% pour l'entraînement, 30% pour la validation et 20% pour le test.

**Sélection et Adaptation des Modèles CNN** : Choix des architectures (MobileNetV2, VGG16, CNN Personnalisé). Les modèles pré-entraînés (MobileNetV2, VGG16) subissent une adaptation de leur classifieur, tandis que le CNN personnalisé est défini from scratch.

**Configuration et Entraînement** : Définition des paramètres d'entraînement (Optimiseur Adam, fonction de perte Sparse Categorical Crossentropy, nombre d'Époques et Taille de Batch) et application de stratégies comme l'Ajustement du Taux d'Apprentissage via ReduceLROnPlateau.

**Modèles Entraînés** : Les architectures dont les poids ont été optimisés.

**Évaluation des Performances** : Les performances des modèles ont été évaluées à l'aide de plusieurs métriques clés : matrice de confusion, précision globale (accuracy), rappel (recall), précision (precision), F1-score, courbe ROC et AUC.

**Analyse et Interprétation des Résultats** : Comparaison des performances et discussion des implications.

**Conclusion et Perspectives** : Synthèse des découvertes et orientations pour de futures recherches.

### 3.3 Outils et Environnement de Travail

Pour la réalisation de notre système de classification, nous avons sélectionné un ensemble d'outils et de bibliothèques éprouvés, garantissant l'efficacité et la reproductibilité de nos expérimentations.

#### 3.3.1 Langage de Programmation : Python

Python est un langage de programmation interprété de haut niveau, conçu pour un usage général. Créé par Guido van Rossum et publié pour la première fois en 1991, il se distingue par une philosophie axée sur la lisibilité du code, notamment grâce à l'utilisation d'une indentation significative. Python permet d'écrire du code clair et structuré, aussi bien pour des projets de petite que de grande envergure. Il offre un système de typage dynamique, une gestion automatique de la mémoire, et prend en charge plusieurs paradigmes de programmation, tels

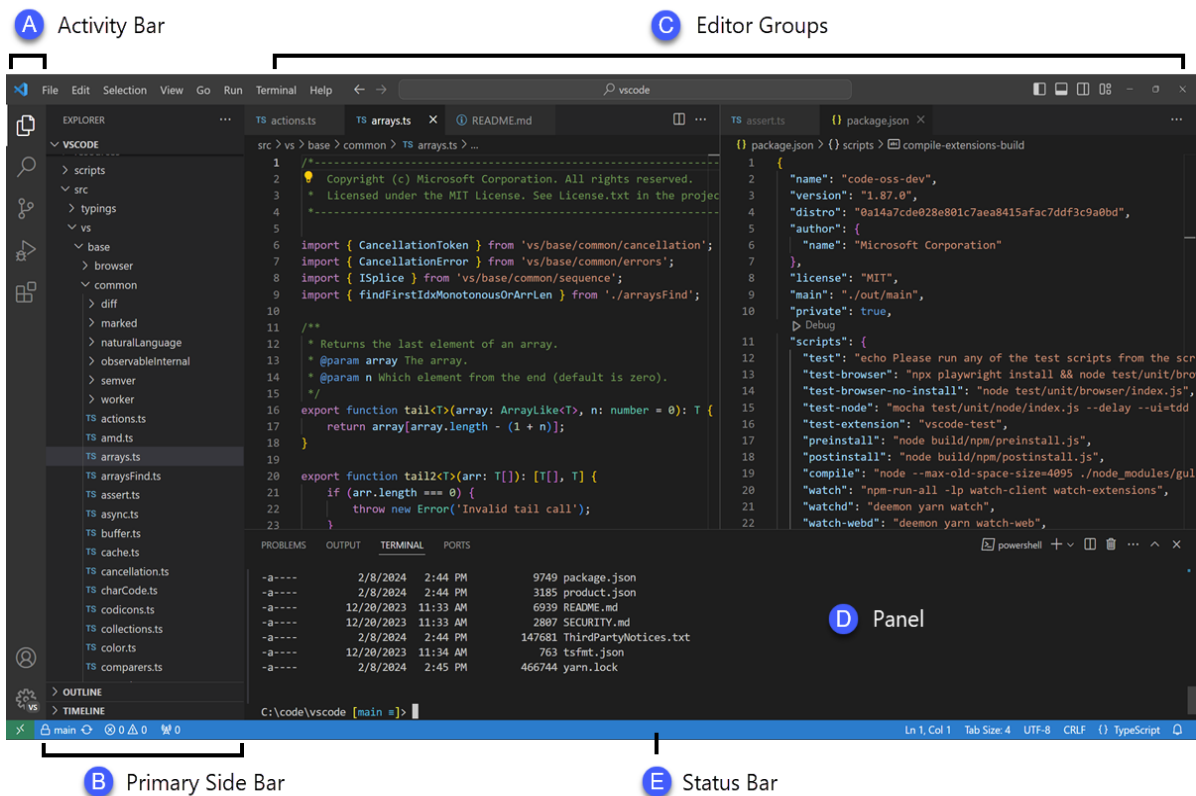
que la programmation orientée objet, impérative, fonctionnelle et procédurale. Sa bibliothèque standard riche et complète en fait un outil puissant et polyvalent. Langage open-source, Python est compatible avec de nombreux systèmes d'exploitation. Sa syntaxe simple et intuitive le rend particulièrement accessible aux débutants, tout en restant un outil robuste et motivant pour les développeurs expérimentés [72].



Figure 3.2: Logo python [73]

### 3.3.2 3.3.2 Environnement de Développement : Visual Studio Code

Visual Studio Code (VS Code) est un environnement de développement intégré (IDE) léger, gratuit et multiplateforme, développé par Microsoft. Il se distingue par sa grande flexibilité grâce à un système d'extensions permettant d'ajouter facilement des langages de programmation, des outils de débogage, ou encore des fonctionnalités avancées. VS Code est particulièrement adapté aux débutants, notamment pour l'apprentissage du langage Python, grâce à son interface intuitive, sa prise en main rapide, et ses nombreuses extensions dédiées. Compatible avec Windows, macOS et Linux, il fonctionne même sur du matériel modeste. Son interface est simple et bien structurée : au centre se trouve l'éditeur de code, en bas un terminal intégré ou une console de débogage, et à gauche une barre latérale contenant l'explorateur de fichiers. Cette organisation est illustrée dans (la Figure 3.3) , qui montre l'espace de travail typique de VS Code [74].



**Figure 3.3:** Interface principale de Visual Studio Code – éditeur, terminal intégré, barre latérale et explorateur de fichiers.[75]

### 3.3.3 Bibliothèques Python utilisées

Les bibliothèques suivantes ont été fondamentales pour la mise en œuvre de nos modèles d'apprentissage profond :

- **TensorFlow**

est une interface de programmation évolutive et multiplateforme destinée à la conception et à l'exécution d'algorithmes d'apprentissage automatique. Développé par les chercheurs et ingénieurs de l'équipe Google Brain, il est optimisé pour les performances sur CPU comme sur GPU. Son API Python est la plus complète et la plus utilisée. Depuis la version 2.0, TensorFlow a intégré Keras comme son API officielle, simplifiant considérablement le développement de modèles [76].



**Figure 3.4:**Logo de Tensorow [77]

- **Keras**

Keras est une API de haut niveau dédiée à l'apprentissage profond, conçue pour simplifier la création, l'entraînement et l'exploitation de réseaux de neurones. Compatible avec plusieurs moteurs de calcul (TensorFlow, Theano), elle est désormais pleinement intégrée à TensorFlow (tf.keras), permettant une construction intuitive et rapide de modèles par empilement de couches.

**Figure 3.5:** Logo de Keras [78]

- **Numerical Python (NumPy)**

NumPy est une bibliothèque fondamentale pour le calcul scientifique en Python. Elle offre un large éventail de fonctions mathématiques et des structures de données optimisées (tableaux multidimensionnels, matrices) pour des calculs rapides et efficaces. Ses tableaux consomment moins de mémoire que les listes Python classiques et permettent des opérations vectorisées.

**Figure 3.6:**Logo de Numpy [Web 79]

- **Scikit-learn**

Scikit-learn est une bibliothèque d'apprentissage automatique (machine learning) construite sur des bibliothèques fondamentales de Python telles que NumPy, SciPy et Matplotlib. Elle fournit des outils simples et efficaces pour les tâches courantes d'analyse de données, y compris la classification, la régression, le clustering, la réduction de la dimensionnalité, et le prétraitement des données.



**Figure 3.7:** Logo de Scikit-learn [80]

- **Matplotlib**

Matplotlib est la bibliothèque Python la plus répandue pour la création de graphiques et de visualisations de données en deux dimensions. Très flexible, elle permet de générer facilement divers types de graphiques (courbes, histogrammes, etc.) pour l'exploration et la présentation des résultats.



**Figure 3.8:** Logo de Matplotlib [81]

- **Seaborn**

Seaborn est une bibliothèque de visualisation statistique basée sur Matplotlib. Elle est conçue pour faciliter la création de graphiques statistiques complexes avec des appels de fonctions simples, offrant une meilleure qualité esthétique par défaut et une intégration facile avec Matplotlib pour des personnalisations fines.



**Figure 3.9:** Logo de Seaborn [82]

### 3.4 Dataset utilisé et Processus d'Acquisition

Le jeu de données exploité dans cette étude est un corpus consolidé résultant de la fusion de plusieurs sources, crucial pour assurer un entraînement robuste des modèles d'apprentissage profond.

Ce corpus résulte de la fusion de deux sources distinctes : la base publique Digital Images of Bacteria Species (DIBaS), mise à disposition par Zieliński et al. en 2017 [84], et un ensemble complémentaire issu de publications scientifiques récentes (M.B. Jamshidi et al., 2023) [83]. Ce jeu de données initial comprenait 689 images RGB de 33 espèces bactériennes, avec un nombre d'images variant entre 20 et 23 par classe.

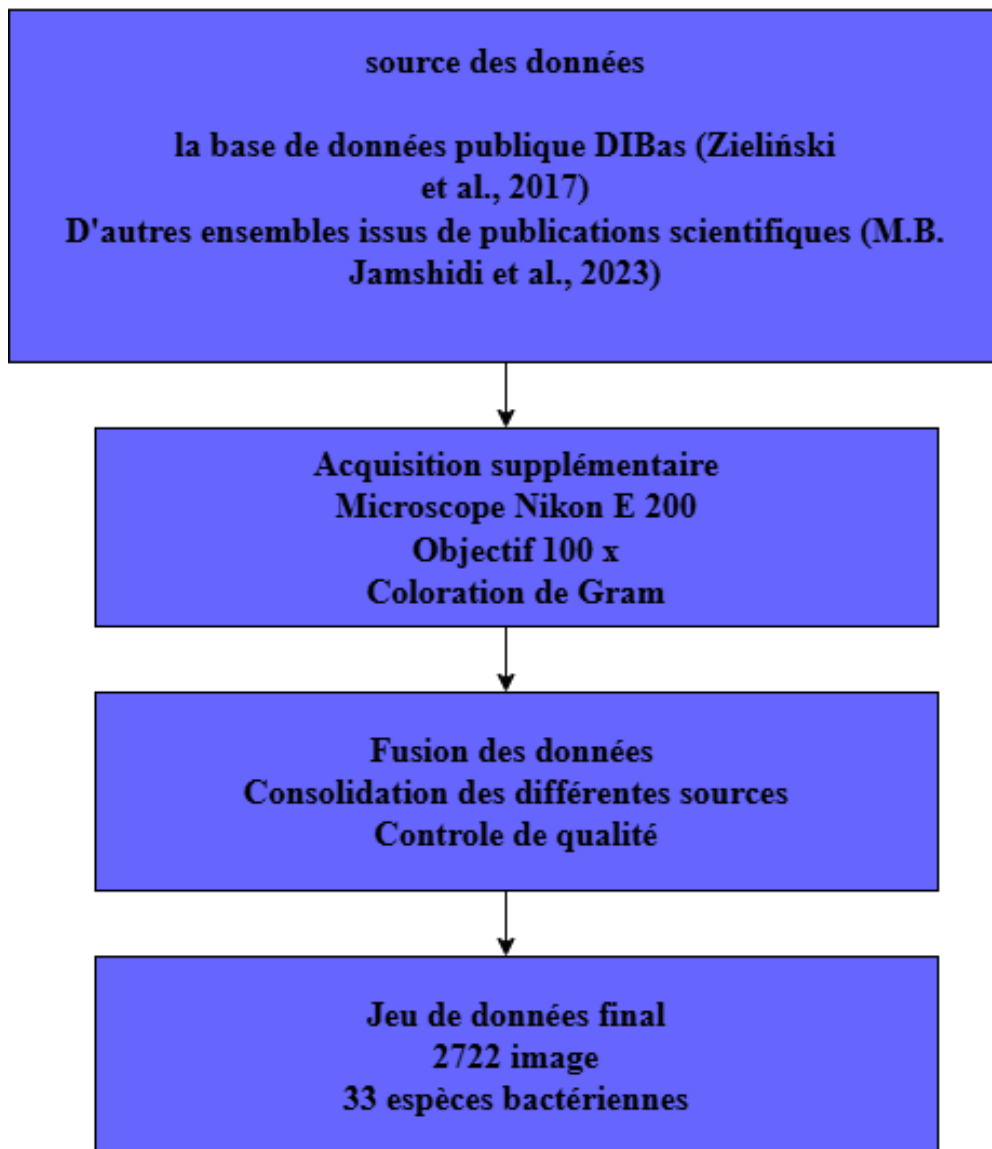
Cependant, cette taille relativement limitée s'est révélée insuffisante pour assurer un apprentissage efficace des modèles, en exposant le système au surapprentissage (overfitting) et à une faible capacité de généralisation.

Pour remédier à cette limitation, un élargissement du dataset a été entrepris dans le cadre de ce travail, portant le corpus final à 2722 images RGB. Ces dernières ont été acquises à l'aide d'un microscope Nikon E200, équipé d'un objectif 100×, après coloration de Gram, dans différentes institutions.

#### Processus d'Acquisition du Jeu de Données :

Les étapes de préparation du jeu de données sont résumées comme suit :

- **Sources** : DIBaS (données publiques) + publications scientifiques + acquisitions locales.
- **Prétraitement** : redimensionnement des images (224×224 px ou 128×128 px selon le modèle), normalisation (pixels entre 0 et 1), suppression des images bruitées ou floues.
- **Fusion des données** : création d'une base unifiée avec contrôle qualité rigoureux.



**La Figure 3.10 :** illustration de manière schématique le processus d'acquisition du jeu de données utilisé dans ce travail.

#### **Caractéristiques Techniques du Jeu de Données :**

<b>Caractéristique</b>	<b>Détail</b>
Nombre total	2722

Caractéristique	Détail
d'images	
Nombre d'espèces	33
Format	RGB
Dimensions des images	224×224 px (ou 128×128 px)
Type de fichiers	JPG / PNG
Technique d'acquisition	Microscope Nikon E200 (objectif 100×)

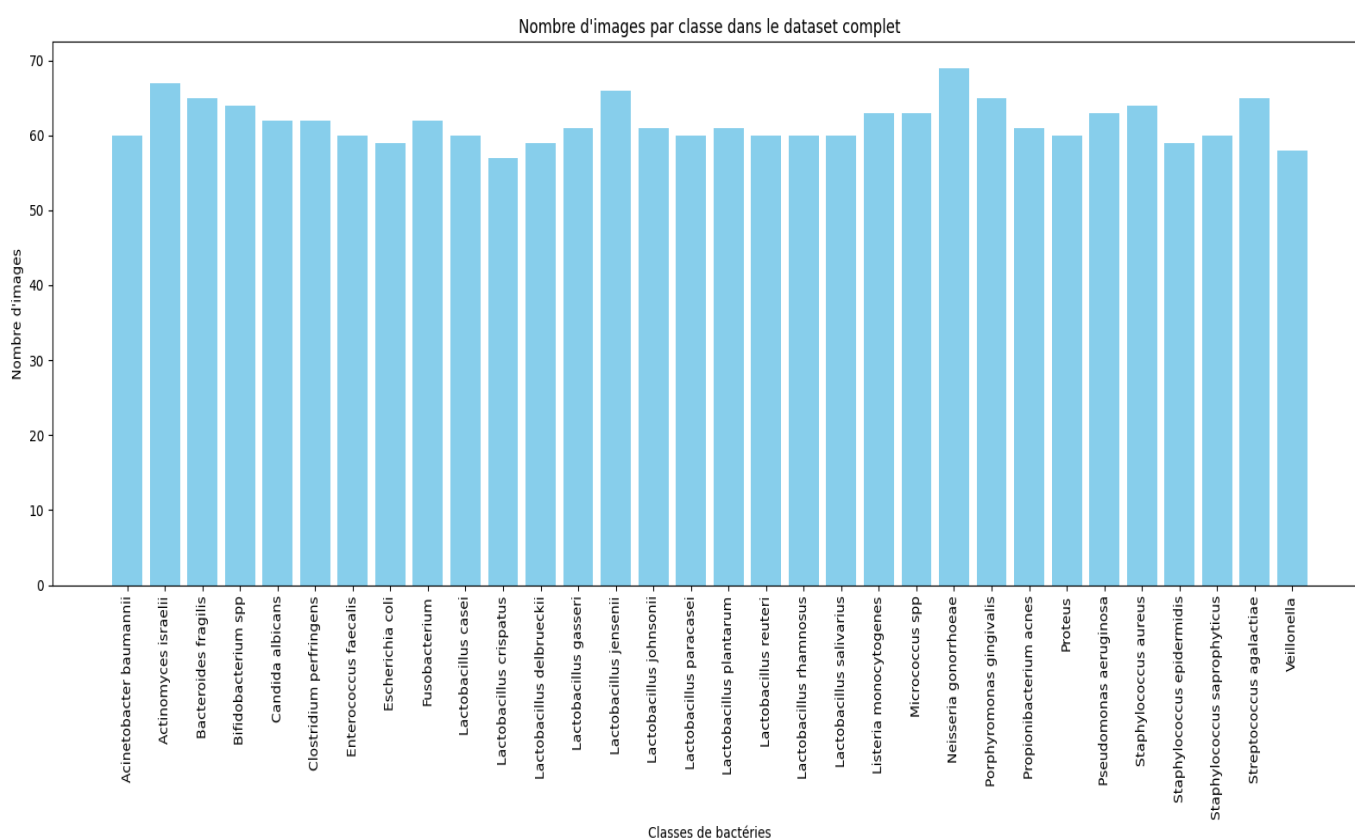
**Tableau 3.1** : Résumé des caractéristiques techniques du jeu de données utilisé pour l'entraînement des modèle

### Répartition des Images par Classe Bactérienne :

La distribution des images n'est pas parfaitement équilibrée entre les différentes espèces. Certaines classes possèdent jusqu'à 90 images, tandis que d'autres en comptent moins de 60, ce qui introduit un déséquilibre pouvant affecter les performances des modèles. Cette problématique a été prise en compte par :

- l'utilisation de métriques robustes (F1-score, Recall),
- l'augmentation des données (Zoom, Rotation, Retournement, Translation)

La Figure 3.11 présente la répartition du nombre d'images pour chaque classe bactérienne dans le Dataset complet, visualisant l'équilibre entre les classes. Pour une représentation plus détaillée, le Tableau 3.2 fournit le nombre exact et le pourcentage relatif d'images par classe.



**Figure 3.11** : Répartition des images par classe bactérienne dans le Dataset complet.

Classe	Nombre d'images	Pourcentage (%)
Acinetobacter baumannii	60	3.04
Actinomyces is	67	3.39
Bacteroides fragilis	65	3.29
Bifidobacterium spp	64	3.24
Candida albicans	62	3.14

---

<i>Clostridium perfringens</i>	62	3.14
<i>Enterococcus faecalis</i>	60	3.04
<i>Escherichia coli</i>	59	2.99
<i>Fusobacterium</i>	62	3.14
<i>Lactobacillus casei</i>	60	3.04
<i>Lactobacillus crispatus</i>	57	2.89
<i>Lactobacillus delbrueckii</i>	59	2.99
<i>Lactobacillus gasseri</i>	61	3.09
<i>Lactobacillus jensenii</i>	66	3.34
<i>Lactobacillus johnsonii</i>	61	3.09
<i>Lactobacillus paracasei</i>	60	3.04
<i>Lactobacillus plantarum</i>	61	3.09
<i>Lactobacillus reuteri</i>	60	3.04
<i>Lactobacillus rhamnosus</i>	60	3.04
<i>Lactobacillus salivarius</i>	60	3.04
<i>Listeria monocytogenes</i>	63	3.19

Micrococcus spp	63	3.19
Neisseria gonorrhoeae	69	3.49
Porphyromonas gingivalis	65	3.29
Propionibacterium acnes	61	3.09
Proteus	60	3.04
Pseudomonas aeruginosa	63	3.19
Staphylococcus aureus	64	3.24
Staphylococcus epidermidis	59	2.99
Staphylococcus	60	3.04
Streptococcus agalactiae	65	3.29
Villanelle	58	2.94

**Tableau 3.2** : Répartition détaillée des images par classe bactérienne

Ce tableau met en évidence l'équilibre relatif entre les différentes classes, ce qui est crucial pour assurer un apprentissage robuste et éviter le biais de classification vers les classes majoritaires.

### Annotation des Données

- Les images issues de DIBaS sont annotées par des spécialistes au moment de la création de la base.
- Les images acquises localement ont été étiquetées manuellement par deux microbiologistes, avec double vérification.

- Le coefficient d'accord inter-annotateurs (Cohen's  $\kappa$ ) atteint 0.85, ce qui témoigne d'une excellente cohérence des labels.

## Utilisation selon les Modèles

Le jeu de données a été exploité de manière différente selon le modèle utilisé :

- **MobileNetV2** et **VGG16** : utilisés avec l'ensemble des 2722 images couvrant les 33 classes. Une adaptation du classifieur a été effectuée via fine-tuning.
- **CNN personnalisé** : entraîné uniquement sur 5 espèces bactériennes sélectionnées aléatoirement, afin de :
  - Réduire la complexité du problème
  - Analyser la performance d'un modèle simple dans un contexte restreint
  - Tester la capacité de généralisation avec peu de classe

## 3.5 Prétraitement et Augmentation des Données

Afin de préparer efficacement les images pour l'entraînement des modèles d'apprentissage profond, plusieurs étapes de pré-traitement ont été appliquées de manière systématique. Ces étapes sont communes aux trois architectures testées dans notre projet, à savoir MobileNetV2, VGG16 et un réseau CNN classique développé manuellement.

### 3.5.1 Étapes de Prétraitement

- **Redimensionnement des images :**

Chaque image a été redimensionnée selon les exigences spécifiques de l'architecture du modèle. Nous avons utilisé des dimensions de 224x224 pixels pour MobileNetV2, car c'est la taille d'entrée standard pour ce modèle, souvent pré-entraîné sur ImageNet avec cette résolution. En revanche, nous avons opté pour une taille de 128x128 pixels pour VGG16 et notre CNN classique. Ce choix est motivé par plusieurs raisons :

Les images microscopiques utilisées dans notre dataset sont de petite taille, et un redimensionnement excessif risquerait de dégrader leur qualité ou d'introduire des artefacts.

Des contraintes liées aux ressources matérielles (mémoire GPU et temps de calcul) nous ont également amenés à privilégier une taille plus réduite, afin d'accélérer l'entraînement tout en

conservant un niveau de détail suffisant pour la classification. Ainsi, ces tailles ont été choisies pour optimiser le compromis entre la conservation des informations visuelles importantes et la réduction de la charge computationnelle.

- **Normalisation :**

Les valeurs des pixels des images ont été normalisées pour se situer dans une plage de 0 à 1 (en divisant par 255). Cette étape est essentielle pour stabiliser l'entraînement des réseaux de neurones et garantir une meilleure convergence des modèles, en évitant que des valeurs de pixels élevées ne dominent le calcul du gradient.

### 3.5.2 Augmentation des Données (Data Augmentation)

Pour enrichir l'ensemble d'apprentissage et améliorer la robustesse du modèle face aux variations d'apparence des micro-organismes, nous avons appliqué plusieurs transformations d'augmentation de données. Ces techniques génèrent artificiellement de nouvelles images à partir des images originales, augmentant la taille effective du dataset et réduisant le risque de surapprentissage (overfitting). Les transformations incluent :

Zoom aléatoire

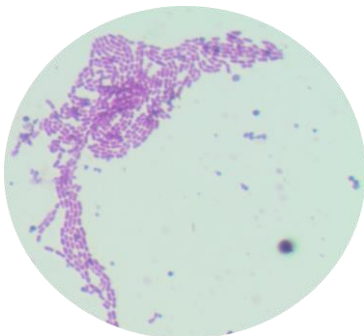
Rotation aléatoire

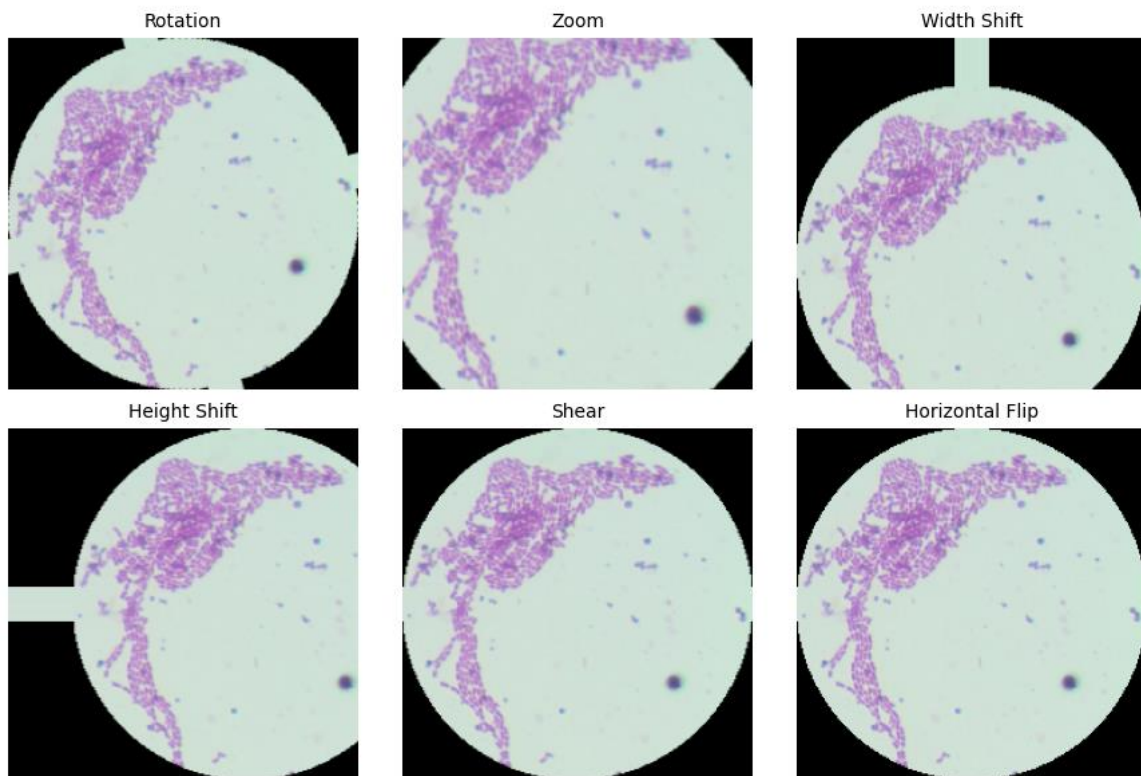
Translation aléatoire (décalage horizontal et vertical)

Retournement horizontal aléatoire

La Figure 3.12 illustre différents exemples d'images générées à partir d'une seule image originale, suite à l'application de diverses techniques d'augmentation des données.

**Image originale :**





**Figure 3.12:** Exemple d'images après augmentation (zoom, rotation, horizontal fli...etc.)

### 3.6 Architectures des Modèles

Dans le cadre de notre projet, nous avons choisi d'explorer trois architectures de réseaux de neurones convolutifs (CNN) pour la classification des images de micro-organismes : deux architectures pré-entraînées, à savoir MobileNetV2 et VGG16, utilisant la méthode de l'apprentissage par transfert (transfer learning), ainsi qu'un modèle CNN séquentiel personnalisé, conçu et entraîné depuis zéro (from scratch) pour s'adapter spécifiquement à notre jeu de données.

L'approche de l'apprentissage par transfert permet de réutiliser des modèles ayant été entraînés sur de grandes bases de données d'images, telles qu'ImageNet, et de les adapter à des tâches spécifiques comme la nôtre. Cela permet de bénéficier de représentations de caractéristiques de bas niveau déjà apprises, accélérant l'entraînement et améliorant la performance sur des datasets plus petits.

### 3.6.1. Modèle 1 : MobileNetV2

MobileNetV2 est une architecture de réseau neuronal convolutionnel optimisée pour les appareils à ressources limitées, tels que les smartphones et les dispositifs embarqués. Elle constitue une amélioration directe de MobileNetV1, avec une meilleure efficacité computationnelle et une précision accrue, tout en conservant une taille de modèle réduite .

L'architecture commence par une couche de convolution standard contenant 32 filtres, suivie de 19 blocs bottleneck résiduels. Ces blocs sont au cœur de MobileNetV2 et permettent de maintenir un bon compromis entre la performance et la légèreté du modèle. Chaque bloc bottleneck est structuré en trois étapes principales :

Une convolution  $1 \times 1$  (expansion) qui augmente la dimension des canaux.

Une convolution depthwise  $3 \times 3$ , qui effectue une opération de convolution séparée pour chaque canal.

Une seconde convolution  $1 \times 1$  (projection) qui réduit à nouveau la dimension.

Les connexions résiduelles (ou shortcuts) sont utilisées lorsque la dimension d'entrée et de sortie est identique, ce qui facilite l'apprentissage et préserve les caractéristiques importantes à travers les couches. MobileNetV2 utilise la fonction d'activation ReLU6, choisie pour sa robustesse lors des calculs en faible précision, typiques des environnements mobiles. De plus, les techniques de Batch Normalization et de Dropout sont appliquées pendant l'entraînement afin d'améliorer la généralisation du modèle et de limiter le surapprentissage.

Un facteur d'expansion constant de 6 est généralement appliqué à travers le réseau. Par exemple, une couche recevant un tenseur de 64 canaux appliquera d'abord une expansion à 384 canaux ( $64 \times 6$ ), avant de le réduire à la taille de sortie souhaitée. Des expérimentations ont montré que les facteurs d'expansion compris entre 5 et 10 produisent des performances similaires, permettant ainsi une adaptation selon la taille du réseau.

L'architecture peut également être ajustée via deux hyperparamètres clés :

La résolution d'entrée (par exemple  $96 \times 96$  à  $224 \times 224$ ).

Le multiplicateur de largeur (width multiplier), variant typiquement entre 0.35 et 1.4.

Ces paramètres permettent d'adapter le modèle aux exigences spécifiques en termes de précision, de vitesse d'inférence et de mémoire. Ainsi, MobileNetV2 réussit à combiner légèreté, vitesse, et précision, ce qui en fait une solution idéale pour les applications mobiles d'intelligence artificielle (**Figure 3.13**) [85].

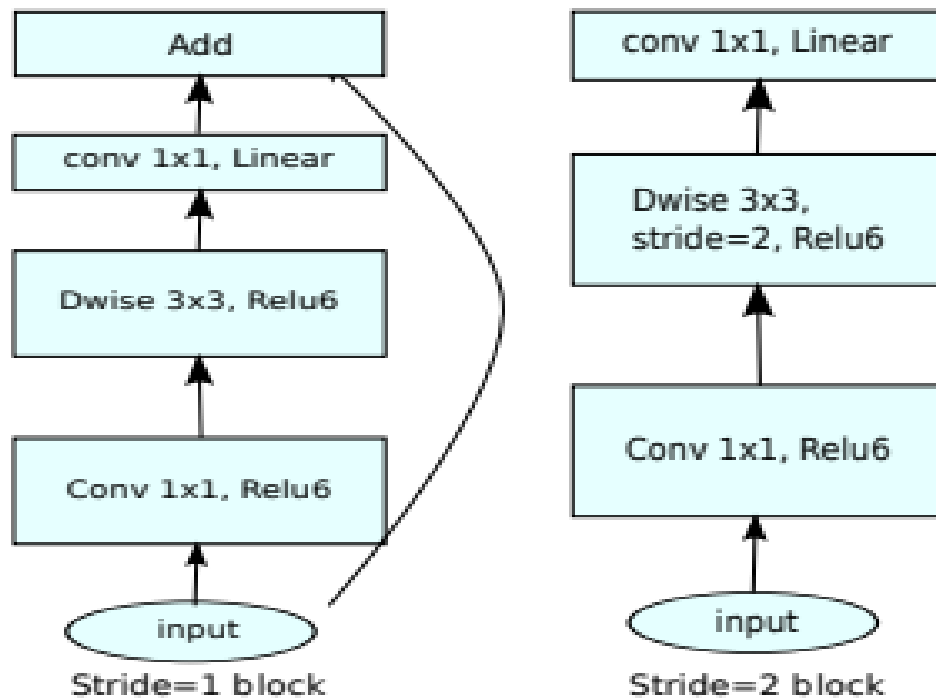


Figure 3.13 : Architecture de MobileNetV2 [86]

### 3.6.2 Modèle 2: VGG16

Le modèle VGG-16 est une architecture de réseau de neurones convolutif (CNN) développée par le groupe de géométrie visuelle de l'université d'Oxford (VGG). Son architecture est caractérisée par sa pureté et sa profondeur, comprenant 13 couches convolutionnelles et trois couches entièrement connectées. VGG-16 est loué pour sa simplicité et sa fiabilité, ainsi que sa capacité à fournir d'excellents résultats dans une variété de tâches de vision par ordinateur, telles que la classification d'image et la reconnaissance d'objets. Avec une profondeur croissante, l'architecture des modèles a une série de couches convolutionnelles suivies de couches de max-pooling. Cela permet au modèle d'apprendre des représentations hiérarchiques plus avancées des attributs visuels, entraînant des prédictions robustes et précises. Malgré sa simplicité par rapport à l'architecture plus moderne, le VGG-16 reste un choix populaire dans de nombreux environnements d'apprentissage en profondeur en raison de sa polyvalence et de ses résultats exceptionnels [87].

Sur la base des informations fournies, voici une description de l'architecture VGG-16 :

**Couche d'entrée** : Dimensions d'entrée typiques : (224,224,3) pour les images RGB.

**Blocs convolutifs et de max-pooling** : L'architecture est constituée de cinq blocs principaux, chaque bloc étant composé de deux ou trois couches convolutionnelles successives, suivies d'une couche de max-pooling.

**Couches convolutionnelles** : Utilisent des filtres de taille  $3 \times 3$  avec un remplissage (padding) de type 'same' pour préserver les dimensions spatiales. Le nombre de filtres augmente avec la profondeur : 64, 128, 256, 512, 512.

**Couches de max-pooling** : Appliquées après chaque bloc convolutif avec une fenêtre de  $2 \times 2$  et un pas (stride) de 2, réduisant les dimensions spatiales de moitié à chaque étape.

**Aplatissement (Flattening)** : La carte des caractéristiques de sortie du dernier bloc convolutif est aplatie en un vecteur unidimensionnel. Pour une entrée de  $224 \times 224$ , la sortie convolutive est de  $7 \times 7 \times 512$ , aplatie en un vecteur de 25088 éléments.

**Couches entièrement connectées (Fully Connected Layers)** : Trois couches entièrement connectées sont utilisées, chacune activée par la fonction ReLU.

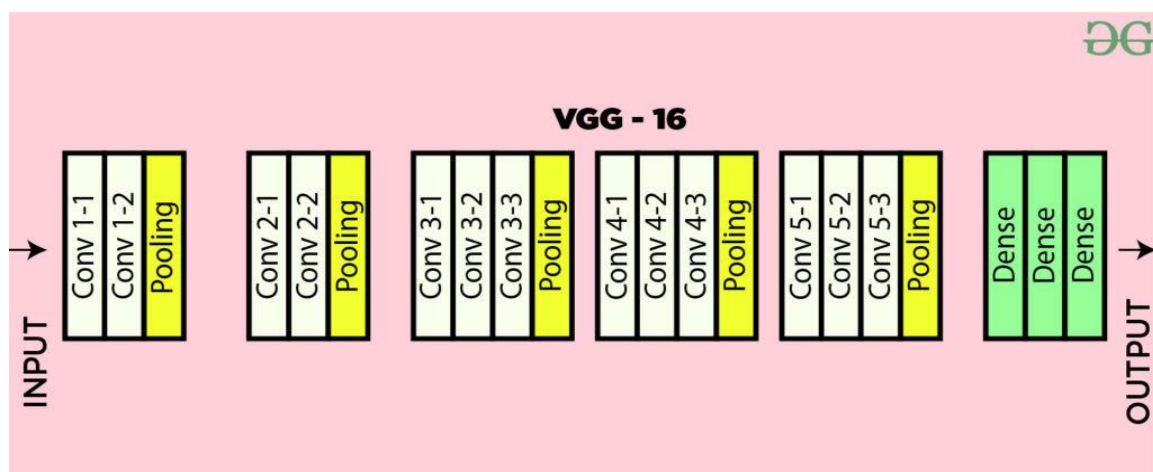
La première couche a une taille d'entrée de 25088 et une taille de sortie de 4096.

La deuxième couche prend en entrée 4096 neurones et produit une sortie de 4096 neurones.

La troisième couche a une taille d'entrée de 4096 et une sortie de 1000 neurones, correspondant aux 1000 classes du challenge ILSVRC (ImageNet Large Scale Visual Recognition Challenge) sur lequel VGG16 a été pré-entraîné.

**Couche de sortie** : La fonction d'activation Softmax est appliquée à la sortie de cette troisième couche pour réaliser la classification finale en probabilités.

Cette architecture respecte les spécifications fournies, incluant l'utilisation de la fonction d'activation ReLU ainsi que la couche entièrement connectée finale qui produit des probabilités pour 1000 classes grâce à la fonction d'activation Softmax (**Figure 3.14**)[88].



**Figure 3.14:** Architecture de VGG-16 [88]

### 3.6.3. Modèle 3 : CNN Séquentiel Personnalisé

Pour concevoir une architecture adaptée spécifiquement à notre jeu de données microscopiques et comparer ses performances aux modèles pré-entraînés, nous avons opté pour un modèle CNN séquentiel personnalisé. Ce modèle a été conçu manuellement à partir de couches fondamentales de convolution, de normalisation, de pooling et de régularisation, nous permettant de contrôler finement la profondeur du réseau, la taille des filtres, ainsi que les fonctions d'activation, en vue d'optimiser les performances de classification.

L'architecture est structurée de manière hiérarchique comme suit :

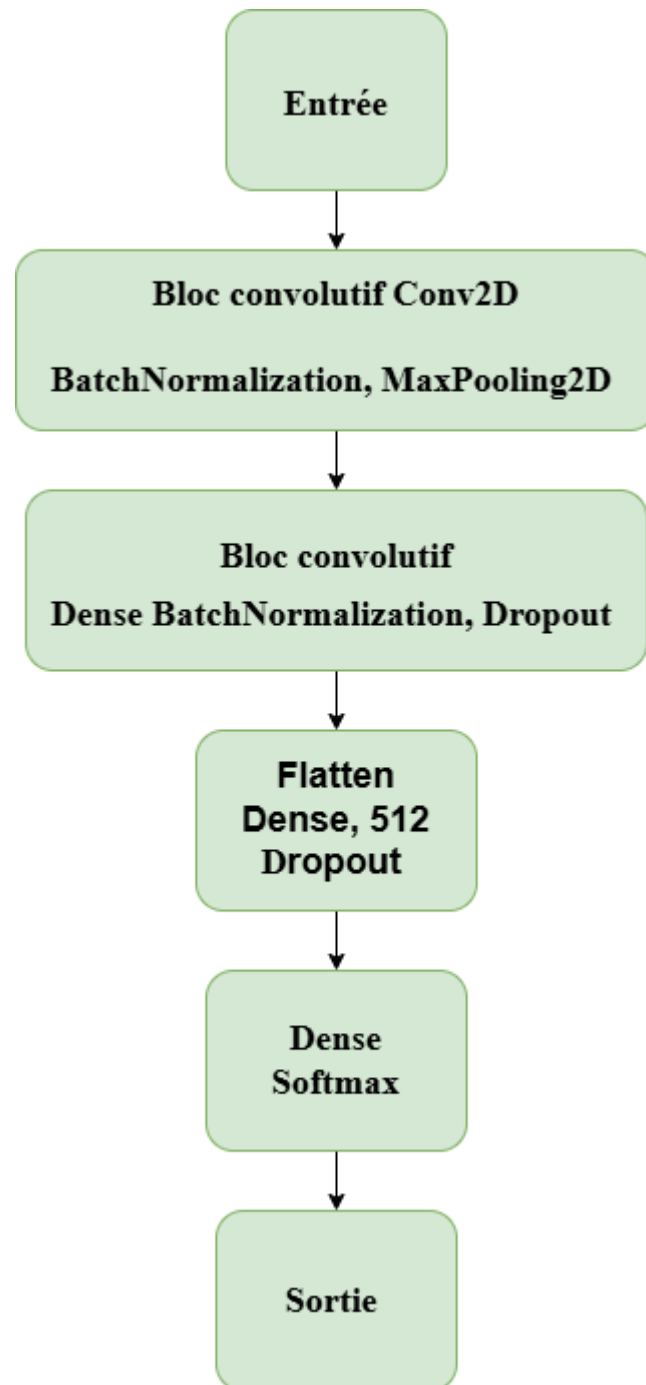
Quatre blocs convolutifs composés de couches Conv2D, suivies de BatchNormalization (pour accélérer l'entraînement et stabiliser les gradients) et de MaxPooling2D pour la réduction dimensionnelle et l'extraction de caractéristiques invariantes.

Une couche Flatten convertit les cartes de caractéristiques 2D en un vecteur unidimensionnel.

Une couche Dense de 512 neurones, couplée à une couche Dropout pour prévenir l'overfitting en désactivant aléatoirement des neurones pendant l'entraînement.

Enfin, une couche de sortie Dense avec une fonction d'activation softmax permet d'assigner une probabilité à chaque classe bactérienne, pour la classification finale.

L'optimisation est assurée par l'algorithme Adam avec un taux d'apprentissage faible (0.00005), et la fonction de perte choisie est `sparse_categorical_crossentropy`, adaptée aux labels entiers pour une tâche de classification multi-classes. Le modèle a été entraîné à partir de zéro (poids initialisés aléatoirement) sur notre jeu de données. **(Figure 3.15)**



**Figure 3.15:** Diagramme de l'architecture du CNN personnalisé

### 3.7 Stratégie d'Apprentissage par Transfert

L'apprentissage par transfert a été une stratégie clé pour les modèles MobileNetV2 et VGG16. Cette approche consiste à réutiliser les poids d'un modèle déjà entraîné sur un grand jeu de données (ici, ImageNet) comme point de départ pour une nouvelle tâche. Seules les couches supérieures du modèle ont été rendues entraînaibles pour permettre une adaptation fine aux caractéristiques de nos images bactériennes, tandis que les couches profondes pré-entraînées ont été gelées (leurs poids ne sont pas modifiés). Cette méthode permet de bénéficier de la

puissance des modèles pré-entraînés sans nécessiter un dataset aussi vaste pour l'entraînement initial.

### 3.7.1. Adaptation des modèles pré-entraînés (MobileNetV2 et VGG16)

Les couches supérieures des modèles MobileNetV2 et VGG16, initialement conçues pour la classification sur ImageNet, ont été supprimées (`include_top=False` lors du chargement des modèles). Nous avons ensuite ajouté des couches spécifiques à notre tâche de classification de micro-organismes :

Une couche de `GlobalAveragePooling2D` : Réduit les dimensions spatiales de la dernière carte de caractéristiques en calculant la moyenne de chaque carte.

Une couche Dense (complètement connectée) : Ajoutée pour une couche de classification intermédiaire.

Enfin, une couche de sortie Dense, dotée d'une fonction d'activation softmax, a été ajoutée pour produire les probabilités associées aux 33 classes bactériennes.

## 3.8 Configuration de l'Entraînement

Afin d'assurer des résultats optimaux lors de l'entraînement de nos trois architectures (MobileNetV2, VGG16 et CNN classique), le choix des hyperparamètres constitue une étape cruciale. Dans notre étude, ces paramètres ont été déterminés de manière empirique, à travers plusieurs essais expérimentaux :

- **Optimiseur** : Nous avons utilisé l'optimiseur Adam, connu pour sa capacité à converger rapidement et à bien s'adapter aux problèmes de classification d'images. Cette méthode a été appliquée aux trois modèles afin d'assurer une cohérence dans le processus d'optimisation.
- **Fonction de perte** : La fonction `sparse_categorical_crossentropy` a été adoptée, car notre tâche consiste en une classification multi-classes avec des étiquettes entières (non encodées en one-hot). Cette fonction est adaptée à la nature de nos données pour tous les modèles.
- **Nombre d'époques et taille de lot (batch size)** : L'entraînement a été réalisé sur 100 époques avec une taille de lot de 4. Ce choix de petite taille de lot a été fait en raison de la taille relativement réduite de notre base de données et des contraintes liées à la mémoire des ressources de calcul.
- **Ajustement dynamique du taux d'apprentissage** : Nous avons utilisé la stratégie `ReduceLROnPlateau`, un callback qui réduit automatiquement le taux d'apprentissage lorsque la précision sur l'ensemble de validation ne s'améliore plus après un certain nombre d'époques. Cette technique permet d'éviter un surapprentissage et d'améliorer la convergence vers un minimum global.

- **Suivi de l'entraînement** : Pour chaque modèle, l'entraînement a été suivi par une visualisation des courbes de perte (loss) et de précision (accuracy), ce qui nous a permis de surveiller l'évolution des performances sur les jeux d'entraînement et de validation, et d'identifier d'éventuels phénomènes de surapprentissage ou de sous-apprentissage.

Hyperparamètre	Valeur
Optimiseur	Adam
Fonction de perte	La fonction <code>sparse_categorical_crossentropy</code>
Learning rate	0.00005
Batch size	4
Nombre d'époques	100
Stratégie d'ajustement du LR	ReduceLRonPlateau (réduction si stagnation)

**Table 3.3:** Hyperparamètres utilisés pour l'entraînement des modèles CNN, MobileNetV2 et VGG16

### 3.9 Répartition des Données (Data Splitting)

Pour évaluer efficacement les performances de nos modèles, l'ensemble de données (les 2722 images) a été divisé en trois sous-ensembles avec une répartition spécifique :

Ensemble d'entraînement (Training set) : 50 % des images. Utilisé pour ajuster les poids du modèle pendant l'apprentissage.

Ensemble de validation (Validation set) : 30 % des images. Utilisé pour surveiller les performances du modèle pendant l'entraînement et ajuster les hyperparamètres afin d'éviter le surapprentissage.

Ensemble de test (Test set) : 20 % des images. Utilisé uniquement à la fin de l'entraînement pour évaluer la capacité de généralisation du modèle sur des données jamais vues.

Ce découpage permet une évaluation rigoureuse des performances et garantit une meilleure robustesse du modèle.

### 3.10 Métriques d'Évaluation

Pour évaluer la performance de nos trois modèles (MobileNetV2, VGG16 et CNN classique), nous avons utilisé plusieurs métriques classiques de classification multi-classes, permettant une analyse fine et complète des résultats obtenus. Ces indicateurs ont été calculés à l'aide des fonctions proposées par les bibliothèques scikit-learn et TensorFlow.

### 3.10.1 Précision Globale (Accuracy)

L'exactitude (Accuracy) représente la proportion d'images correctement classées parmi l'ensemble des images testées. Elle donne une vue d'ensemble de la performance globale du modèle.

$$\text{Accuracy} = \frac{TP+TN}{TP+TN+FP+FN}$$

Où :

TP : Vrais Positifs (True Positives)

TN : Vrais Négatifs (True Negatives)

FP : Faux Positifs (False Positives)

FN : Faux Négatifs (False Negatives)

### 3.10.2 Rappel (Recall ou Sensibilité)

Le rappel (Recall), ou sensibilité (Sensitivity), mesure la capacité du modèle à détecter correctement les exemples positifs pour chaque classe. Il est particulièrement important dans notre contexte biomédical, où l'identification correcte de chaque micro-organisme est cruciale pour éviter les faux négatifs.

$$\text{Recall} = \frac{TP}{TP + FN}$$

### 3.10.3 Précision (Precision)

La précision (Precision) indique la proportion de prédictions correctes parmi toutes les prédictions faites pour une classe donnée. Une haute précision signifie que le modèle génère peu de faux positifs.

$$\text{Precision} = \frac{TP}{TP+FP}$$

### 3.10.4 Score F1 (F1-Score)

Le F1-score est la moyenne harmonique entre la précision et le rappel. Il offre un bon compromis entre ces deux métriques, notamment lorsque les classes sont déséquilibrées, car il pénalise les modèles qui ont de faibles valeurs pour l'une ou l'autre métrique.

$$\text{F1-score} = \frac{2 * \text{Precision} * \text{Recall}}{\text{Precision} + \text{Recall}}$$

### 3.10.5 Matrice de Confusion

La matrice de confusion est un tableau qui permet de visualiser les performances du modèle en montrant le nombre de prédictions correctes et incorrectes pour chaque classe. Chaque ligne de la matrice représente les instances d'une classe réelle, tandis que chaque colonne représente les instances d'une classe prédite. Cela aide à identifier les classes les plus confondues entre elles.

### 3.10.6 Courbe ROC et AUC

Pour compléter l'évaluation des performances de nos modèles de classification, nous avons également analysé la courbe ROC (Receiver Operating Characteristic) et calculé la surface sous la courbe (AUC - Area Under Curve). La courbe ROC est une représentation graphique qui trace la sensibilité (rappel) en fonction de 1 spécificité pour différents seuils de classification. L'AUC représente la capacité globale du modèle à distinguer les classes, indépendamment du seuil, et est particulièrement utile en cas de déséquilibre de classes.

## Conclusion

Dans ce chapitre, nous avons détaillé la méthodologie complète mise en œuvre pour la classification automatique des micro-organismes à partir d'images de microscopie. Nous avons décrit l'environnement de travail, les outils et bibliothèques utilisés, la constitution et le prétraitement rigoureux de notre jeu de données élargi, ainsi que les stratégies d'augmentation de données. Nous avons également présenté en détail les architectures des trois modèles explorés (MobileNetV2, VGG16, et notre CNN personnalisé) et la stratégie d'apprentissage par transfert. Enfin, nous avons exposé la configuration de l'entraînement et défini les métriques d'évaluation clés qui nous permettront de quantifier et de comparer objectivement les performances de nos modèles. Ce cadre méthodologique robuste prépare le terrain pour l'analyse des résultats expérimentaux, qui seront présentés dans le chapitre suivant.

## **Chapitre 4 : Résultats et Discussion**

---

## Résultats et Discussion

---

### 4.1 Introduction

Ce chapitre est consacré à l'analyse approfondie des résultats expérimentaux obtenus suite à l'application des modèles de réseaux de neurones convolutifs (CNN) sur des images microscopiques de micro-organismes. L'objectif est d'évaluer rigoureusement les performances des différentes architectures implémentées dans la tâche de classification des espèces bactériennes.

Dans un premier temps, les résultats quantitatifs seront exposés à travers des métriques standards telles que la précision, le rappel, le score F1 ainsi que les matrices de confusion. Une analyse comparative sera ensuite menée pour mettre en évidence les avantages et les limites de chaque approche.

En outre, des visualisations des activations internes des modèles seront utilisées pour interpréter les caractéristiques extraites. Enfin, une discussion critique permettra de replacer ces résultats dans le contexte biomédical, d'en évaluer les implications pratiques et de proposer des perspectives d'amélioration.

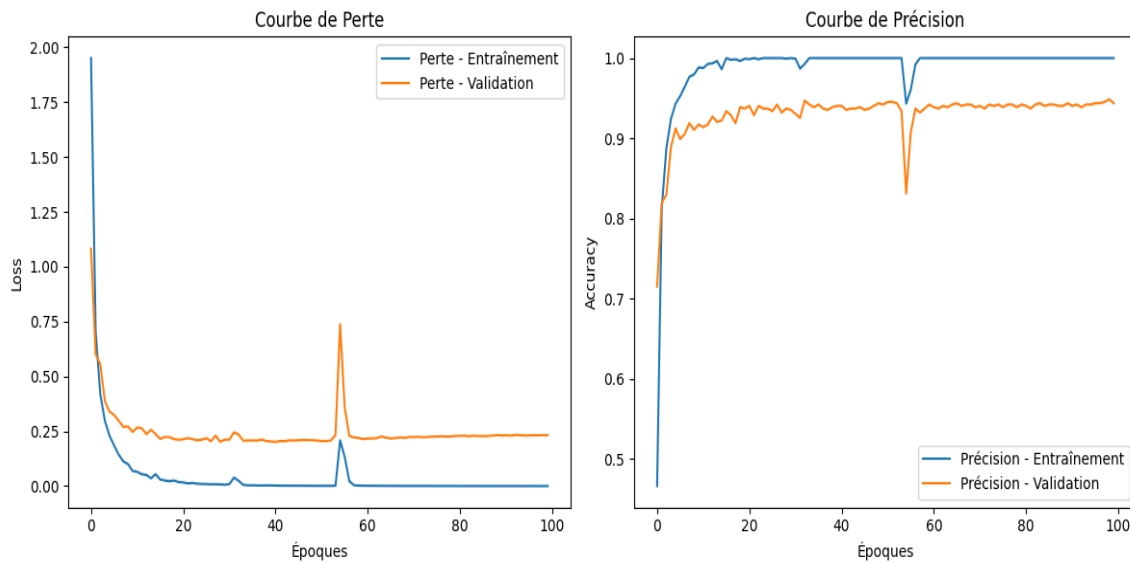
### 4.2 Résultats de la classification

Pour évaluer les performances des modèles CNN (MobileNetV2, VGG16 et un modèle CNN séquentiel personnalisé), nous avons utilisé un ensemble de test composé initialement de 32 classes de micro-organismes. Toutefois, le modèle CNN séquentiel n'a pas réussi à converger correctement sur l'ensemble du jeu de données, affichant une instabilité dans les performances et une difficulté à distinguer certaines classes. En conséquence, nous avons limité son entraînement et son évaluation à un sous-ensemble de 5 classes, choisies pour leur représentativité et leur différenciation visuelle. Ce choix nous a permis d'analyser plus précisément le comportement du modèle dans un contexte réduit et maîtrisé.

Les principales métriques utilisées pour comparer les modèles sont la précision (accuracy), la sensibilité (recall), la perte (loss) ainsi que le score F1.

Durant la phase d'apprentissage, Le modèle MobileNetV2 a été entraîné jusqu'à la 100ème époque, avec un taux d'accuracy de 98 % pour les données d'entraînement et plus de 95 % pour les données de validation. Les pertes (taux d'erreurs) observées étaient faibles et ont diminué de manière continue tout au long de l'entraînement, atteignant des valeurs finales stables.

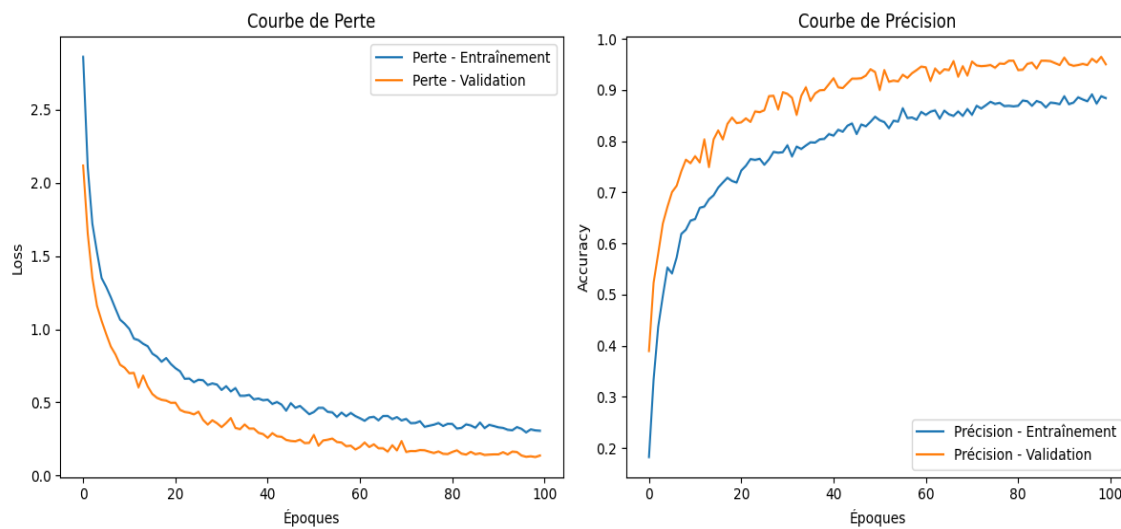
L'écart réduit entre les performances d'entraînement et de validation indique que le modèle ne souffre pas de surapprentissage. (voir Figure 4.1)



**Figure 4.1** : Performances de l'apprentissage du Modèle MobileNetV2

Concernant le modèle VGG16 a été entraîné aussi pendant 100 époques. La perte sur l'ensemble d'entraînement a diminué progressivement, traduisant un apprentissage efficace. Du côté de la validation, la diminution a également été régulière, sans fluctuations importantes, ce qui indique une stabilité du modèle et l'absence de surapprentissage.

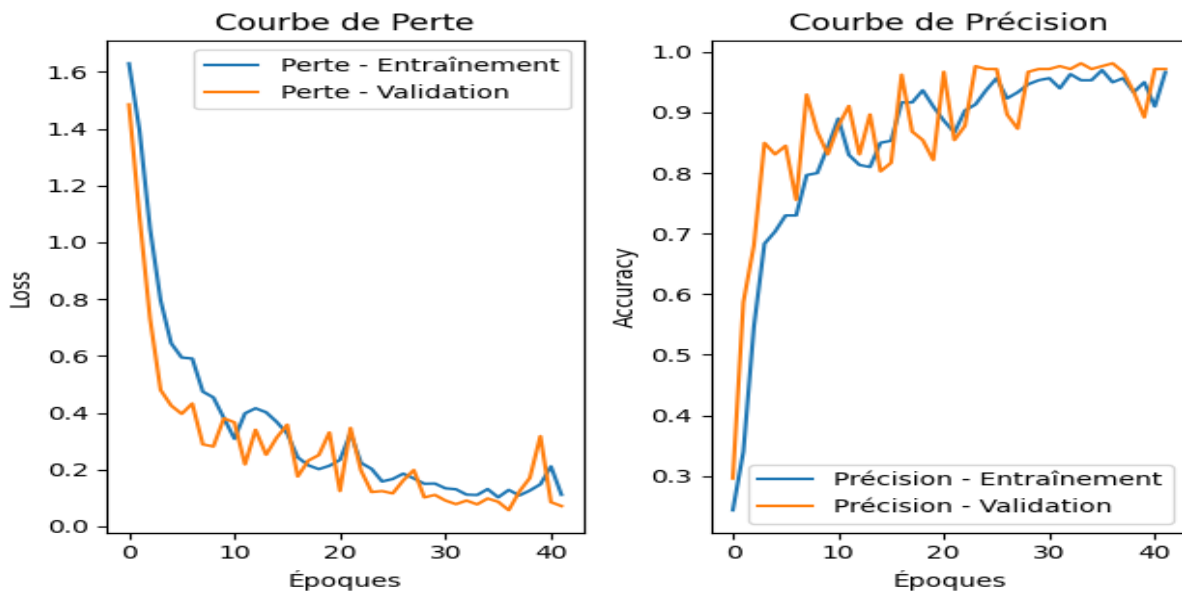
L'accuracy sur les données de validation a dépassé les 95 % dès la 60ème époque et s'est maintenue jusqu'à la fin de l'entraînement, témoignant de la robustesse du modèle. L'écart réduit entre les performances sur les ensembles d'entraînement et de validation confirme la capacité de généralisation du modèle aux données non vues (voir Figure 4.2)



**Figure 4.2 :** Performances de l'apprentissage du Modèle VGG16

Durant la phase d'apprentissage, le modèle CNN séquentiel limité à 5 classes en raison de son incapacité à converger correctement sur les 32 classes initiales a montré une progression régulière et encourageante de ses performances. La perte d'entraînement a diminué de manière continue dès les premières époques, traduisant une bonne assimilation des caractéristiques discriminantes des données. La perte de validation a suivi une tendance similaire, avec quelques oscillations mineures mais globalement maîtrisées, suggérant une capacité de généralisation satisfaisante.

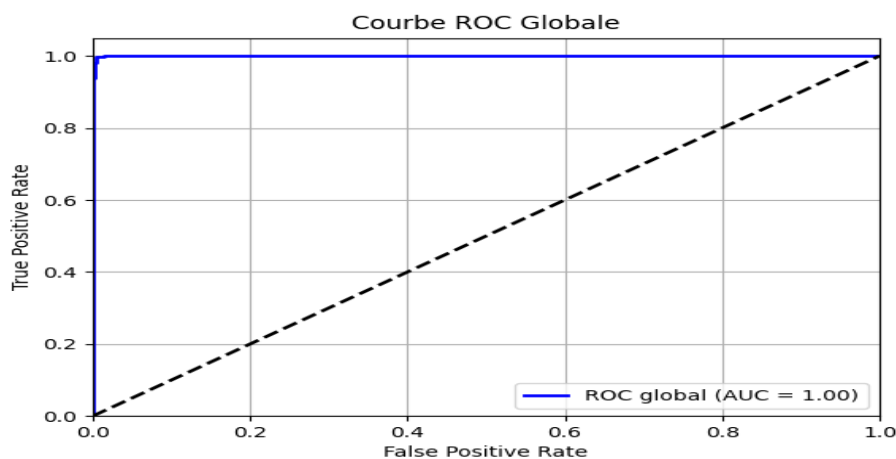
À partir de la 20<sup>e</sup> époque environ, les courbes de perte se sont stabilisées à des valeurs faibles et proches, sans signe apparent de surapprentissage. En parallèle, la précision a rapidement dépassé les 90 %, pour atteindre des niveaux avoisinant les 100 % en fin d'entraînement, aussi bien sur les données d'entraînement que de validation. L'écart réduit entre les deux courbes de précision illustre une stabilité et une fiabilité du modèle tout au long du processus d'apprentissage. Ces résultats suggèrent que, bien que limité à un sous-ensemble restreint, le modèle CNN personnalisé est performant et adapté à la classification automatique de certaines classes d'images microscopiques. (voir Figure 4.3)

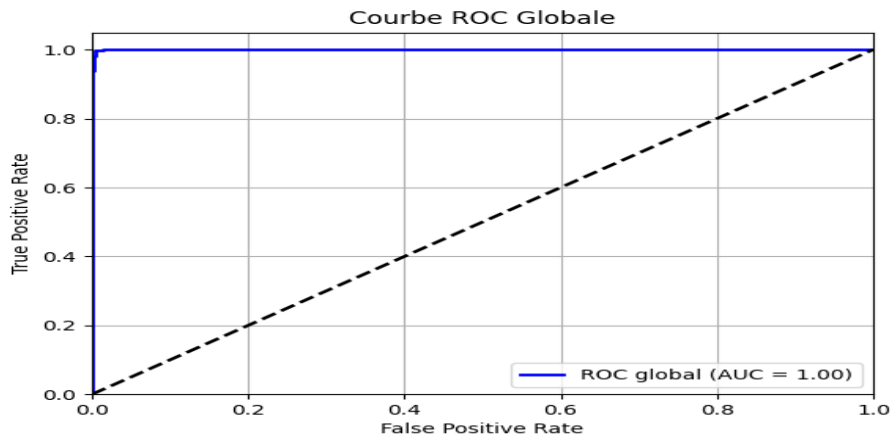
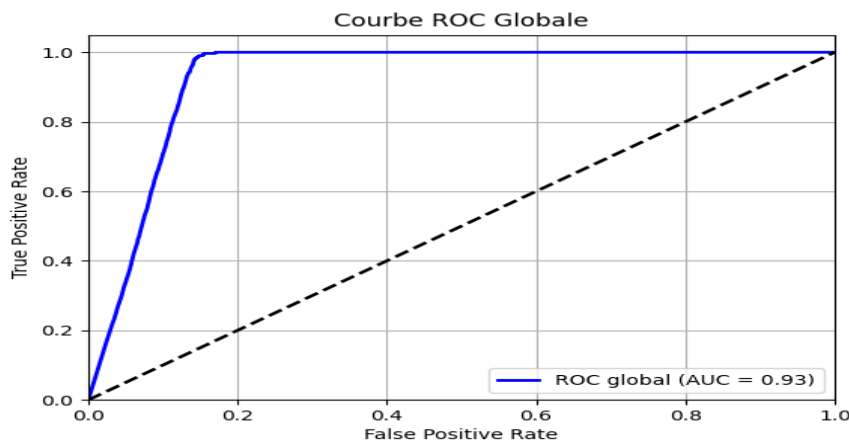


**Figure 4.3 :** Performances de l'apprentissage du Modèle CNN

Afin de valider l'efficacité de nos deux modèles préentraînés (MobileNetV2 et VGG16), ainsi que du modèle CNN personnalisé, nous avons sauvegardé leurs poids respectifs au format `batterie.h5` et procédé à une évaluation finale sur l'ensemble des données de test. Les performances ont été analysées notamment à travers les courbes ROC (Receiver Operating Characteristic), permettant d'évaluer la capacité de chaque modèle à distinguer correctement les différentes classes de micro-organismes.

La Figure 4.4 présente les courbes ROC obtenues pour les trois modèles : MobileNetV2, VGG16 et le CNN personnalisé. Les aires sous la courbe (AUC) respectives sont de 1.00, 1.00 et 0.93. Ces résultats indiquent une capacité de discrimination quasi parfaite pour MobileNetV2 et VGG16, confirmant leur robustesse sur l'ensemble des classes. Le modèle CNN personnalisé, bien que limité à 5 classes, atteint un AUC de 0.93, ce qui reflète également une bonne performance dans un contexte réduit.



**modèle (1) MobileV2Net****modèle (2) VGG16****modèle (3) CNN****Figure 4.4:** Les courbes ROC

Par ailleurs, nous avons affiché les matrices de confusion pour chacun des modèles dans le but d'analyser et de visualiser plus en détail les erreurs de classification.

Ces matrices permettent d'évaluer la performance du modèle en comparant les prédictions avec les classes réelles. Généralement, chaque ligne de la matrice correspond aux prédictions du modèle, tandis que chaque colonne représente les valeurs réelles (ou inversement selon la convention adoptée).

Le tableau 4.1 illustre la matrice de confusion obtenue dans le cadre d'un problème de classification binaire, permettant ainsi d'identifier précisément les cas de classifications correctes et les erreurs (faux positifs et faux négatifs).

	Classe réelle positive	Classe réelle négative
Classe prédite positive	True Positif (TP)	False Positif (FP)
Classe prédite négative	False Negatif(FN)	True Negatif (TN)

**Table 4.1:** Matrice de confusion binaire

Par définition en classification binaire, un résultat est dit

- Vrai Positif (True Positif "TP" ): lorsque la classe prédite est positive et la classe réelle est également positive;
- Faux Positif (False Positif "FP" ) : lorsque la classe prédite est positive mais la classe réelle est négative
- Vrai Négatif (True Negatif "TN" ): lorsque la classe prédite est négative et la classe réelle est également négative
- Faux Négatif (False Negatif "FN" ): lorsque la classe prédite est négative mais la classe réelle est positive.

Les résultats présentés dans les Figure 4.5, Figure 4.6 et Figure 4.7 illustrent les matrices de confusion de chaque modèle , représentant 32 classes (types de bactéries) le long des axes X et Y. La diagonale principale indique les prédictions correctes (vrai positifs).

Pour le Modèle 1, neuf (9) images sur un total de 575 ont été mal classées, comme le montre la Figure 5. Plus précisément :

Une (1) image de *Acinetobacter baumannii* a été classée à tort comme *Micrococcus* spp.

Une (1) image de *Enterococcus faecalis* a été identifiée comme *Staphylococcus aureus*.

Une (1) image de *Lactobacillus crispatus* a été mal classée : une comme *Lactobacillus reuteri*.

Deux (2) images de *Lactobacillus crispatus* supplémentaires ont été confondues, l'une comme *Lactobacillus rhamnosus* et l'autre comme *Lactobacillus reuteri*.

Deux (2) images de *Lactobacillus salivarius* ont également été mal classées, respectivement comme *Neisseria gonorrhoeae* et *Staphylococcus saprophyticus*.

Enfin, une (1) image de *Streptococcus agalactiae* a été identifiée à tort comme *Staphylococcus epidermidis*. (voir Figure 4.5).

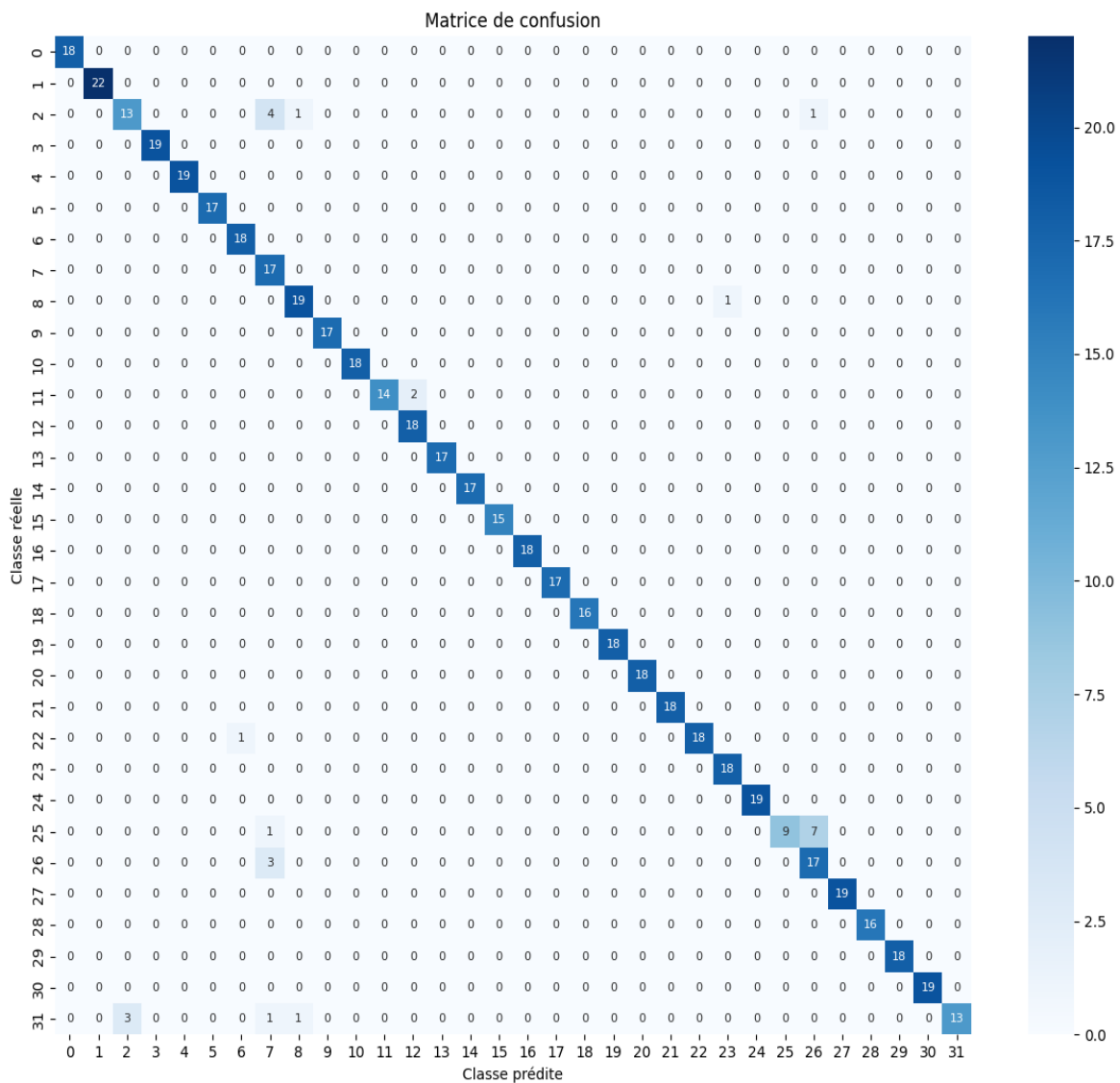


Une (1) image de *Pseudomonas aeruginosa* a été mal classée comme *Enterococcus faecalis*.

Huit (8) images de *Proteus* ont été mal classées : une (1) comme *Escherichia coli* et sept (7) comme *Pseudomonas aeruginosa*.

Trois (3) images de *Pseudomonas aeruginosa* ont été confondues avec *Escherichia coli*.

Enfin, cinq (5) images de *Veillonella* ont été mal identifiées, dont trois (3) comme *Bacteroides fragilis*, une (1) comme *Escherichia coli*, et une (1) comme *Fusobacterium*. (voir **Figure 4.6**).



**Figure 4.6:** Matrice de confusion du Modèle (2) VGG16

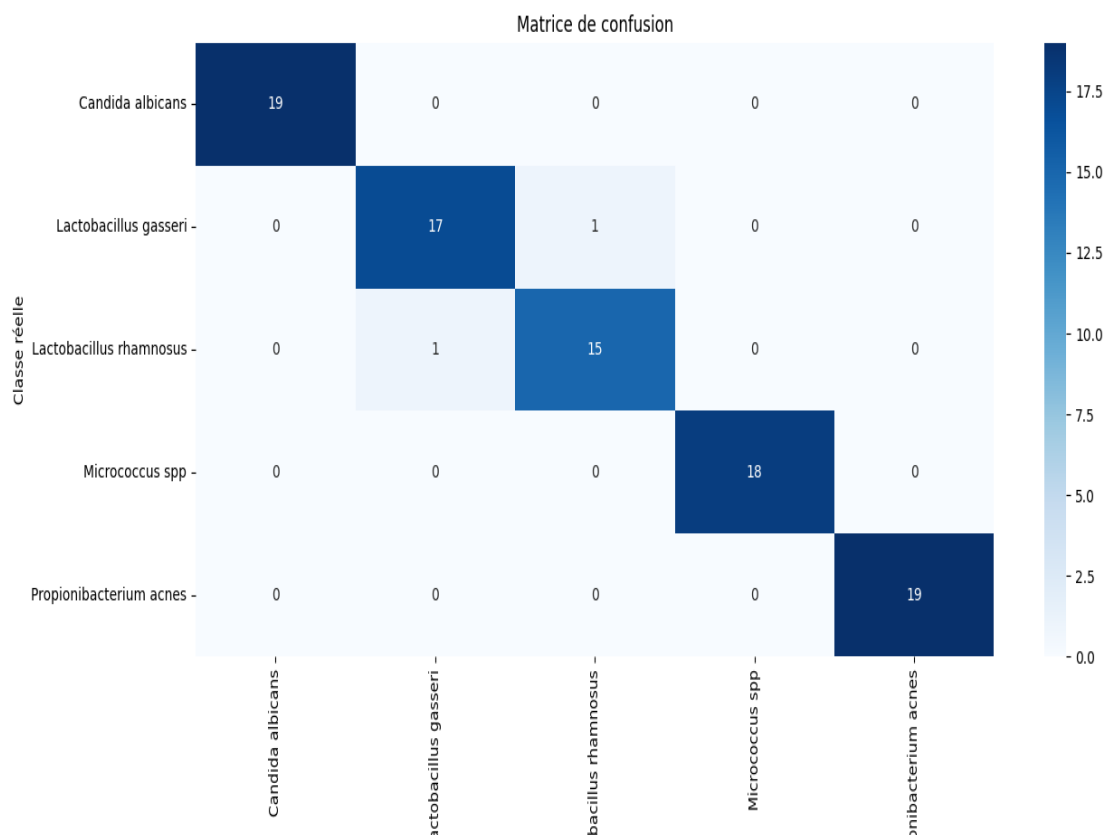
Dans le cadre de l'évaluation du modèle, trois (3) images ont été mal classées sur un total de 90, comme le montre la Figure ci-dessus. Voici les détails des erreurs de classification observées :

Une (1) image de *Lactobacillus gasseri* a été incorrectement classée comme *Lactobacillus rhamnosus*.

Une (1) image de *Lactobacillus rhamnosus* a été classée à tort comme *Lactobacillus gasseri*.

Ces erreurs révèlent une confusion réciproque entre les deux espèces, ce qui suggère une similarité morphologique importante. En effet, *L. gasseri* et *L. rhamnosus* appartiennent toutes deux au genre *Lactobacillus*, et présentent une forme de bacille très similaire sous microscope, avec peu de caractéristiques discriminantes visibles. Cela rend leur distinction difficile, non seulement pour les modèles automatiques, mais aussi dans certains cas pour des experts humains.

Aucune autre erreur de classification n'a été constatée pour les autres classes, ce qui témoigne d'une bonne performance globale du modèle sur ce sous-ensemble de données.



**Figure 4.7:** Matrice de confusion du Modèle (3) CNN

Certaines bactéries sont mal classifiées en raison de leurs fortes similarités morphologiques, notamment au niveau de la forme, de la texture et de la taille, mais aussi à cause de la variabilité intra-classe liée aux conditions biologiques et aux préparations microscopiques.

Cette hétérogénéité rend la tâche de classification plus complexe pour le modèle, augmentant ainsi le risque de confusion entre certaines classes proches.

les statistiques pour chaque type de cellules (32 types: classe 0 jusqu'à 31) ainsi que la moyenne des performances pour modèle.

La Figure 4.8 présente les performances des deux modèles sur l'ensemble des données de test. Elle affiche pour chaque type de bactérie (32 classes, allant de la classe 0 à la classe 31).

0	1.00	0.94	0.97	18	0	1.00	1.00	1.00	18
1	1.00	1.00	1.00	22	1	1.00	1.00	1.00	22
2	1.00	1.00	1.00	19	2	0.81	0.68	0.74	19
3	1.00	1.00	1.00	19	3	1.00	1.00	1.00	19
4	1.00	1.00	1.00	19	4	1.00	1.00	1.00	19
5	1.00	1.00	1.00	17	5	1.00	1.00	1.00	17
6	0.94	0.94	0.94	18	6	0.95	1.00	0.97	18
7	1.00	1.00	1.00	17	7	0.65	1.00	0.79	17
8	1.00	1.00	1.00	20	8	0.90	0.95	0.93	20
...					9	...	...	...	...
31	1.00	1.00	1.00	18	31	1.00	0.72	0.84	18
accuracy			0.98	558	accuracy			0.99	575
macro avg	0.98	0.98	0.98	558	macro avg	0.96	0.95	0.95	575
weighted avg	0.98	0.98	0.98	558	weighted avg	0.96	0.95	0.95	575

(a) Modèle 1 MobileNetV2

(b) Modèle 2 VGG16

	precision	recall	f1-score	support
Candida albicans	1.00	1.00	1.00	19
Lactobacillus gasseri	0.94	0.94	0.94	18
Lactobacillus rhamnosus	0.94	0.94	0.94	16
Micrococcus spp	1.00	1.00	1.00	18
Propionibacterium acnes	1.00	1.00	1.00	19
accuracy			0.98	90
macro avg	0.98	0.98	0.98	90
weighted avg	0.98	0.98	0.98	90

(c) Modèle 3 CNN personnalisé

Figure 4.8: Résultat de classification

### 4.3 Analyse comparative

Modèle	Accuracy	F1-score	Recall	AUC
MobileNetV2	98%	0.98	0.98	1.00
VGG16	96%	0.95	0.95	1,00
CNN	98%	98%	98%	0.93

**Table 4.2:** Tableau récapitulatif des performances des modèles selon les métriques d'évaluation

Dans le tableau comparatif des performances des modèles, on observe que MobileNetV2 présente les meilleurs résultats globaux avec une accuracy, un F1-score et un recall de 98%, ainsi qu'une valeur AUC parfaite de 1.00, indiquant une excellente capacité à distinguer entre les différentes classes. Le modèle CNN personnalisé atteint également une précision, un F1-score et un rappel de 98%, mais avec une valeur AUC légèrement inférieure (0.93), ce qui suggère une performance légèrement moins robuste en termes de discrimination des classes. En revanche, le modèle VGG16, bien qu'efficace, affiche des scores légèrement inférieurs (96% pour l'accuracy, 0.95 pour le F1-score et le recall), tout en conservant une AUC de 1.00. Ces résultats indiquent que MobileNetV2 est le modèle le plus équilibré et performant pour cette tâche de classification.

#### Comparaison des modèles utilisés

- **MobileNetV2**

Avantages :

- **Précision élevée (98%) avec un faible temps d'entraînement**, confirmée dans notre expérimentation. Ce modèle a offert l'un des meilleurs compromis entre performance et rapidité.
- AUC parfait (1.00), indiquant une excellente capacité à distinguer les différentes classes bactériennes.
- Fonctionne efficacement sans GPU puissant, ce qui le rend idéal pour des environnements à ressources limitées ou des applications embarquées .

Inconvénients :

- Bien que globalement très performant, il a montré dans certains cas une confusion mineure entre classes proches visuellement, notamment dans des images riches en textures fines.

- Moins robuste que VGG16 sur les images très bruitées ou faiblement contrastées, ce qui peut limiter sa fiabilité dans des contextes visuels très variés.

- **VGG16**

Avantages :

- Malgré une précision légèrement inférieure (96%), son AUC reste parfait (1.00), ce qui montre une bonne séparation entre les classes.
- S'est montré particulièrement performant pour capter des détails subtils et complexes, utile pour distinguer des colonies bactériennes visuellement proches.
- Architecture profonde, idéale pour des datasets bien annotés avec des détails fins.

Inconvénients

- Temps d'entraînement long observé (plus que les deux autres modèles), nécessitant des ressources matérielles importantes.
- Utilisation mémoire élevée, ce qui rend son déploiement difficile dans des systèmes embarqués ou à contraintes strictes.
- Moins adapté pour des besoins en temps réel ou des contextes nécessitant des itérations rapides.

### **CNN modèle**

Avantages

- Précision équivalente à MobileNetV2 (98%) et F1-score élevé, prouvant que le modèle est bien adapté à notre jeu de données spécifique.
- Architecture légère, avec un temps d'entraînement plus court que VGG16, tout en maintenant des performances élevées.
- Design ajusté sur mesure (nombre de couches, taille des filtres), ce qui a permis une extraction automatique efficace des caractéristiques bactériennes.

Inconvénients

- AUC inférieur (0.93) : bien que la précision soit élevée, le modèle a montré une légère difficulté à séparer certaines classes dans les cas limites.
- Moins généralisable hors de notre contexte, car son architecture est spécifique au dataset utilisé.
- Nécessite un réglage manuel fin (hyperparamètres, structure) pour maintenir son efficacité, ce qui peut être difficile sans expertise.

### **Comparaison avec la littérature**

Dans le but d'approfondir notre évaluation, Le tableau 4.3 montre une comparaison de nos modèles avec d'autres modèles pertinents proposés dans la littérature et qui utilisent la même base d'images .

Étude Modèle	Précision	F1-score	Recall	Données utilisées
<b>Notre étude (MobileNetV2)</b>	98%	98%	98%	Machine Vision and Digital Biology, Jamshidi et al., Mendeley Data (2023)
<b>Notre étude (VGG16)</b>	96%	95%	95%	Machine Vision and Digital Biology, Jamshidi et al., Mendeley Data (2023)
<b>Notre étude CNN modèle</b>	98%	98%	98%	Machine Vision and Digital Biology, Jamshidi et al., Mendeley Data (2023) en utilise 5 type de classe
<b>mobilenetv2 [89]</b>	94.88%	92.36 %	92.37	DIBaS – Digital Image of Bacterial Species
<b>GoogLeNet [30]</b>	99.5	99.45	99.5	DIBaS (Digital Images of Bacteria Species)
<b>AlexNet [30]</b>	98.3	98.7	98.3	DIBaS (Digital Images of Bacteria Species)
<b>Resnet8 [91]</b>	99.1	98.91	99.1	15 090 images microscopiques en contraste de phase de <i>Thiosymbion spp.</i> (extraites de sédiments peu profonds à Belize), prétraitées avec un outil interne
<b>VGG16 [92]</b>	98.7	98.65	98.6	Images de myxobactéries (trois sous-branches), annotées selon la forme, la taille, le nombre et la densité des colonies.
<b>SqueezeNet [93]</b>	99.5	99.8	99.5	Images microscopiques de bactéries classées en 20 catégories

**Table 4.3:** Tableau de comparaison

Le tableau ci-dessus présente une comparaison entre les performances de plusieurs modèles de classification d'images bactériennes, incluant ceux développés dans le cadre de notre étude ainsi que d'autres travaux antérieurs utilisant divers jeux de données.

Tout d'abord, les trois modèles testés dans notre étude (MobileNetV2, VGG16 et un CNN personnalisé) ont atteint des scores de précision, F1-score et rappel très élevés (jusqu'à 98%),

démontrant leur efficacité sur les données issues de Machine Vision and Digital Biology (Jamshidi et al., 2023), avec une classification sur 5 types de classes bactériennes complexes et visuellement proches.

Il convient toutefois de souligner que les jeux de données utilisés dans d'autres études varient considérablement sur plusieurs aspects clés :

**Nombre de classes :** certaines études comparent des modèles sur des datasets avec seulement 3 à 10 classes bien distinctes, alors que notre dataset en contient 5 classes avec des similarités morphologiques importantes, rendant la tâche de classification plus difficile.

**Prétraitement et qualité des images :** plusieurs travaux utilisent des images prétraitées avec un fort contraste ou des annotations précises (forme, taille, densité), ce qui facilite l'apprentissage automatique. En revanche, notre jeu de données est plus proche d'un cas réel, avec une variabilité naturelle plus élevée.

**Taille du dataset :** certaines approches bénéficient de jeux de données massifs (jusqu'à 15 000 images), tandis que notre étude s'appuie sur un dataset de taille modérée, ce qui renforce la valeur de nos résultats malgré une contrainte de données.

En conclusion, même si certaines méthodes rapportent des scores légèrement supérieurs en termes de précision brute (jusqu'à 99,5%), les performances obtenues dans notre étude restent très compétitives et robustes compte tenu de la complexité des classes, du réalisme des images et des contraintes de données. Cela confirme la pertinence des modèles proposés, notamment MobileNetV2 et notre CNN personnalisé, pour des applications concrètes de classification bactérienne en milieu réel

## 4.4 Interprétation

L'analyse détaillée des matrices de confusion et des courbes ROC révèle que, malgré les performances globalement satisfaisantes des modèles, certaines erreurs de classification persistent. Ces erreurs ne sont pas aléatoires, mais souvent liées à des facteurs spécifiques inhérents à la nature des données et aux limites des modèles

### ○ Sources des erreurs de classification :

#### • Forte similarité morphologique entre certaines espèces :

Plusieurs cas de confusion ont été observés entre des espèces appartenant au même genre ou présentant des caractéristiques visuelles très proches. Par exemple, la confusion réciproque entre *Lactobacillus gasseri* et *Lactobacillus rhamnosus* s'explique par leur morphologie très similaire (forme de bacille, disposition cellulaire, texture). Ces similarités rendent la tâche de classification difficile, même pour des experts microbiologistes.

#### • Variabilité de la qualité des images :

Des images présentant du flou, un mauvais contraste, des artefacts ou un bruit numérique élevé ont contribué à augmenter le taux d'erreurs. Cette variabilité impacte la capacité des modèles à extraire des caractéristiques discriminantes de manière efficace.

#### • Déséquilibre des classes :

Certaines classes bactériennes sont sous-représentées dans le jeu de données, ce qui entraîne un apprentissage moins robuste pour ces catégories. Cela se traduit par un taux plus élevé de faux positifs ou de faux négatifs pour ces espèces minoritaires.

- **Limites du modèle CNN personnalisé :**

Le modèle CNN séquentiel personnalisé, bien que performant sur un sous-ensemble de 5 classes, montre ses limites lorsqu'il est confronté à une classification plus complexe impliquant 32 classes. Cette limitation est principalement due à la profondeur relativement faible du réseau et à l'absence d'un pré-entraînement sur de larges bases de données

- **Interprétation des courbes ROC**

Les courbes ROC montrent que les modèles pré-entraînés (VGG16 et MobileNetV2) atteignent des AUC proches de 1, ce qui indique une excellente capacité de discrimination. Toutefois, cela ne signifie pas qu'il n'y a pas d'erreurs, surtout lorsqu'on observe les matrices de confusion où les confusions entre espèces proches restent présentes. Le modèle CNN personnalisé, avec un AUC de 0.93, reste performant mais moins robuste que les modèles pré-entraînés.

- **Pistes d'amélioration proposées**

- **Augmentation de données plus avancée :** Appliquer des techniques comme le changement de luminosité, l'ajout de bruit, la rotation, la translation ou le zoom pour rendre les modèles plus robustes face aux variations visuelles.
- **Utilisation de modèles plus récents et plus performants :** Explorer des architectures comme EfficientNet, DenseNet, ou encore des modèles basés sur des Transformers visuels (ViT), qui ont montré des performances supérieures dans la classification d'images.
- **Rééquilibrage du dataset :** Appliquer des techniques de sur-échantillonnage pour les classes minoritaires ou de pondération de la fonction de perte afin de corriger l'impact du déséquilibre.
- **Amélioration de la qualité des données :** Mettre en place un protocole plus rigoureux de préparation des lames microscopiques et de capture d'images pour limiter les problèmes de flou, de bruit ou d'artefacts.
- **Optimisation des hyperparamètres :** Effectuer une recherche plus fine des hyperparamètres (learning rate, batch size, nombre de couches, régularisation, etc.) afin de maximiser les performances des modèles.

Bien que les performances des modèles, en particulier celles de VGG16 et MobileNetV2, soient très satisfaisantes avec des taux de précision dépassant 95 %, la persistance de certaines erreurs montre que la classification d'images microscopiques de bactéries reste un défi, notamment face aux similarités morphologiques et à la qualité variable des données. Ces constats ouvrent la voie à des améliorations futures et soulignent l'importance de continuer à développer des modèles plus robustes et des jeux de données mieux équilibrés.

## 4.5 Discussion

Les résultats de cette étude montrent que les modèles de deep learning testés en particulier MobileNetV2, VGG16 et un modèle CNN personnalisé offrent des performances intéressantes pour la classification d'images microscopiques de bactéries. MobileNetV2 s'est distingué avec les meilleurs scores globaux (98% de précision, F1score et rappel), suivi du modèle CNN (98%) et de VGG16, qui a obtenu des performances légèrement inférieures (96% de précision, 95% de F1-score et de rappel).

Il est toutefois important de noter que le modèle CNN n'a été entraîné que sur 5 classes bactériennes, car il n'a pas pu reconnaître efficacement les autres catégories disponibles dans le jeu de données d'origine. Cette restriction limite sa capacité de généralisation, même si les performances sur ces 5 classes sont très élevées.

De son côté, le modèle VGG16 a montré une bonne robustesse, mais ses résultats légèrement inférieurs peuvent être expliqués par sa complexité plus élevée et sa sensibilité au surapprentissage lorsque les données sont limitées.

D'un point de vue applicatif, ces résultats suggèrent que les modèles développés pourraient être utilisés comme outils d'aide au diagnostic dans des contextes ciblés où les bactéries sont bien représentées dans les données d'entraînement. Ils pourraient également être exploités dans d'autres domaines nécessitant une reconnaissance automatique de micro-organismes.

Néanmoins, certaines limites doivent être prises en considération : la taille restreinte du jeu de données, le nombre limité de classes traitées par le CNN, et l'origine unique des images utilisées. Pour les travaux futurs, il serait pertinent :

- d'étendre la base de données à un plus grand nombre d'espèces.
- de diversifier les sources d'images.
- et d'explorer des approches d'apprentissage plus robustes (comme le transfert learning ou les modèles hybrides).

Cela permettrait de renforcer la généralisation des modèles et de faciliter leur intégration dans des environnements cliniques réels.

## 4.6 Conclusion

Ce chapitre a présenté une analyse détaillée des performances des trois modèles de à

## **Conclusion générale et perspectives**

Ce chapitre a présenté une analyse détaillée des performances des trois modèles de classification testés sur des images microscopiques de bactéries : MobileNetV2, VGG16 et un CNN personnalisé. Les résultats expérimentaux ont montré que MobileNetV2 se distingue par sa précision globale (98 %), sa rapidité d'entraînement et sa capacité de généralisation, le rendant particulièrement adapté à des contextes à ressources limitées. Le modèle CNN personnalisé, bien que restreint à cinq classes, a démontré une performance remarquable sur ce sous-ensemble, confirmant la pertinence d'architectures sur mesure. VGG16, malgré une précision légèrement inférieure (96 %), a montré une bonne robustesse et une capacité à capturer des caractéristiques complexes.

L'analyse des matrices de confusion et des rapports de classification a permis d'identifier certaines erreurs typiques, notamment la confusion entre des espèces morphologiquement proches telles que *Lactobacillus gasseri* et *Lactobacillus rhamnosus*. Cette observation met en lumière les limites des modèles face à des classes visuellement similaires, mais souligne également leur potentiel dans la détection fiable de nombreuses autres espèces.

La comparaison avec des études antérieures a montré que, malgré l'utilisation d'un dataset de taille modérée et non prétraité de manière extensive, les modèles proposés restent compétitifs, grâce à une bonne conception expérimentale et un entraînement rigoureux. Les visualisations des activations internes ont enfin permis d'interpréter biologiquement les régions d'intérêt apprises par les modèles, renforçant la confiance dans leur fonctionnement interne.

En somme, les modèles développés dans cette étude posent les bases d'un système de classification automatisée des bactéries, avec des performances prometteuses et un potentiel d'application clinique réel. Des perspectives d'amélioration sont néanmoins envisageables, notamment par l'augmentation du nombre de classes, la diversification des sources d'images et l'intégration de techniques de régularisation ou d'apprentissage par transfert pour renforcer la généralisation.

---

## Conclusion générale et perspectives

---

Ce travail a mis en évidence l'importance de l'analyse et de la classification automatisées des images bactériennes dans le diagnostic microbiologique. Grâce aux avancées en intelligence artificielle, et plus particulièrement en Deep Learning, il est désormais possible de développer des systèmes capables d'identifier rapidement et avec précision différentes espèces bactériennes à partir d'images microscopiques.

Dans cette optique, nous avons exploré et comparé trois approches : un réseau convolutionnel personnalisé (CNN) conçu et entraîné depuis zéro, ainsi que deux modèles pré-entraînés basés sur le transfert de connaissances, VGG16 et MobileNetV2. Cette démarche comparative a permis de mettre en évidence les forces et les limites de chaque modèle. VGG16 s'est démarqué par sa capacité de généralisation, MobileNetV2 par sa légèreté et son efficacité computationnelle, tandis que le CNN personnalisé a offert un bon compromis en termes de performance et de simplicité.

Malgré ces résultats encourageants, plusieurs axes d'amélioration restent envisageables. Le premier concerne l'enrichissement du dataset, afin de renforcer la robustesse des modèles face à la variabilité des images réelles. Le second porte sur l'intégration de modèles plus récents et performants, tels qu'EfficientNet ou des architectures basées sur les Transformers (ViT). Par ailleurs, une optimisation plus poussée des hyperparamètres, ainsi que l'exploration de fonctions de perte mieux adaptées, pourraient améliorer davantage les performances. Enfin, le déploiement d'une solution opérationnelle, via une plateforme web intuitive, représente une perspective concrète pour rendre ce système accessible aux professionnels de santé.

En résumé, ce projet a démontré la pertinence des approches basées sur le Deep Learning pour la classification automatisée des bactéries. Il constitue une étape importante vers la conception d'outils intelligents d'aide au diagnostic, capables de rendre les analyses microbiologiques plus rapides, plus fiables et plus accessibles.

---

## Bibliographie

---

- [1] A. Sapkota, "Bacterial Sizes, Shapes and Arrangement with Examples," *Microbe Notes*, May 23, 2020. <https://microbenotes.com/bacterial-sizes-shapes-arrangement/>
- [2] G. Vandal, "Antonie Van Leeuwenhoek : le père de la microbiologie," *Le Soleil*, Oct. 07, 2020. <https://www.lesoleil.com/2020/10/07/antonie-van-leeuwenhoek--le-pere-de-la-microbiologie-e274148797b8fd379683446ccb5220d4> (accessed Jun. 16, 2025).
- [3] Revue Biologie Médicale, "Leeuwenhoek," [Online]. Available: [https://www.revuebiologiemedicale.fr/images/Biologie\\_et\\_histoire/354-BIOLO-HIST\\_LEEUWENHOEK\\_.pdf](https://www.revuebiologiemedicale.fr/images/Biologie_et_histoire/354-BIOLO-HIST_LEEUWENHOEK_.pdf). [Accessed: Jun. 16, 2025].
- [4] M. T. Madigan, J. M. Martinko, K. S. Bender, D. H. Buckley, and D. A. Stahl, \*Brock Biology of Microorganisms\*, 14th ed. Boston, MA, USA: Pearson, 2015.
- [5] N. R. Krieg, W. Ludwig, W. B. Whitman, et al., \*Bergey's Manual of Systematic Bacteriology\*, 2nd ed., vol. 2. New York, NY, USA: Springer, 2001.
- [6] hayoyah, "البكتيريا، الأحياء"، Apr. 12, 2014. <https://a7ya2andamwat.wordpress.com/2014/04/12/68/> (accessed Jun. 27, 2025).
- [7] Hygienes.net, "L'antibiogramme : objectifs, méthodes et interprétation," \*Hygienes.net\*, [Online]. Available: <https://www.hygienes.net/publication-scientifique/lantibiogramme-objectifs-methodes-et-interpretation>. [Accessed: Jun. 16, 2025].
- [8] Biotech Reality, "Gram staining – Definition, Diagram, Principle and Procedure," \*BiotechReality.com\*, Feb. 2023. [Online]. Available: <https://www.biotechreality.com/2023/02/gram-staining-definition-diagram-principle-and-procedure-pdf.html>. [Accessed: Jun. 16, 2025].
- [9] E. Mayr, \*Principles of Systematic Zoology\*, 2nd ed. New York, NY, USA: Scientific Publishers, 2015.
- [10] A. Myers, "SIMPSON, G. G. Principles of animal taxonomy," \*Archives of Natural History\*, vol. 19, no. 1, pp. 124–124, Feb. 1992.
- [11] MSD Manuals, "Présentation des bactéries," *MSD Manuals – Édition professionnelle*, [Online]. Available: <https://www.msdmanuals.com/fr/accueil/infections/infections-bact%C3%A9riennes-pr%C3%A9sentation/pr%C3%A9sentation-des-bact%C3%A9ries>. [Accessed: 16-Jun-2025]
- [12] MSD Manuals, "Présentation des bactéries Gram positives," *MSD Manuals – Édition professionnelle*, [Online]. Available: <https://www.msdmanuals.com/fr/accueil/infections/infections-bact%C3%A9riennes->

bact%C3%A9ries-gram-positives/pr%C3%A9sentation-des-bact%C3%A9ries-gram-positives. [Accessed: 16-Jun-2025].

[13] Organisation mondiale de la Santé (OMS), "L'OMS met à jour la liste des bactéries résistantes aux antibiotiques les plus menaçantes pour la santé humaine," 17-May-2024. [Online]. Available: <https://www.who.int/fr/news/item/17-05-2024-who-updates-list-of-drug-resistant-bacteria-most-threatening-to-human-health>. [Accessed: 16-Jun-2025]

[14] A. L. Sandberg, et al., "Fundamentals to Niche Adaptation," *Frontiers in Microbiology*, vol. 8, p. 1264, 2017, doi: 10.3389/fmicb.2017.01264

[15] M. Talo, "An Automated Deep Learning Approach for Bacterial Image Classification," arXiv preprint arXiv:1912.03350, Dec. 2019. [Online]. Available: <https://arxiv.org/abs/1912.03350>

[16] A.-L. Sandberg, et al., "Advances in Chemical and Biological Methods to Identify Bacteria and Fungi: A Review," *Pathogens and Disease*, vol. 29, no. 5, pp. 851–870, 2019.

[17] C. M. O'Hara, D. L. Rhoden, and J. M. Miller, "Reevaluation of the API 20E Identification System versus Conventional Biochemicals for Identifying Members of the Family Enterobacteriaceae: A Collaborative Study," *Journal of Clinical Microbiology*, vol. 30, no. 1, pp. 123–125, 1992.

[18] A. Bizzini and G. Greub, "Manual and Automated Instrumentation for Identification of Gram-negative Bacilli in the Clinical Microbiology Laboratory," *Clinical Microbiology Reviews*, vol. 18, no. 1, pp. 147–162, 2005.

[19] Zhao, X., Wang, L., Zhang, Y., Han, X., Deveci, M., & Parmar, M. (2024). A review of convolutional neural networks in computer vision. *Artificial Intelligence Review*, 57(4). <https://doi.org/10.1007/s10462-024-10721-6>

[20] ResearchGate, "Pathway of artificial intelligence in medical imaging", [En ligne]. Disponible sur: [https://www.researchgate.net/figure/Pathway-of-artificial-intelligence-in-medical-imaging\\_fig2\\_354697473](https://www.researchgate.net/figure/Pathway-of-artificial-intelligence-in-medical-imaging_fig2_354697473).

[21] T. Shaily and S. Kala, "Bacterial Image Classification Using Convolutional Neural Networks," 2020 IEEE 17th India Council International Conference (INDICON), pp. 1–6, 2020, doi: 10.1109/INDICON49873.2020.9342356.

[22] A. Ferrari, S. Lombardi, and A. Signoroni, "Bacterial colony counting with convolutional neural networks in digital microbiology imaging," *Pattern Recognition*, vol. 61, pp. 629–640, 2017, doi: 10.1016/j.patcog.2016.07.016.

[23] B. D. Satoto, M. I. Utoyo, R. Rulaningtyas, and E. B. Koendhori, "Classification of features shape of Gram-negative bacterial using an extreme learning machine," *IOP Conf. Ser.: Earth Environ. Sci.*, vol. 524, no. 1, p. 012005, 2020, doi: 10.1088/1755-1315/524/1/012005.

- [24] I. D. Apostolopoulos and T. A. Mpesiana, "COVID-19: Automatic detection from X-ray images utilizing transfer learning with convolutional neural networks," *Phys. Eng. Sci. Med.*, vol. 43, pp. 635–640, 2020, doi: 10.1007/s13246-020-00865-4.
- [25] S. Patel, "Bacterial colony classification using atrous convolution with transfer learning," *Annals of the Romanian Society for Cell Biology*, vol. 25, no. 4, pp. 1428–1441, 2021. [Online]. Available: <http://annalsofrscb.ro/index.php/journal/article/view/2650>
- [26] N. E. M. Khalifa, M. H. N. Taha, A. E. Hassanien, and S. Elghamrawy, "Detection of coronavirus (COVID-19) associated pneumonia based on generative adversarial networks and a fine-tuned deep transfer learning model using chest X-ray dataset," in *Proc. 8th Int. Conf. Adv. Intell. Syst. Informatics (AISII)*, 2022, pp. 234–247, doi: 10.1007/978-3-031-20601-6\_22.
- [27] S. Kotwal, P. Rani, T. Arif, and J. Manhas, "Machine Learning and Deep Learning Based Hybrid Feature Extraction and Classification Model Using Digital Microscopic Bacterial Images," *SN Comput. Sci.*, vol. 4, no. 5, p. 687, 2023, doi: 10.1007/s42979-023-02138-9.
- [28] C. Chen, A. Abdullah, S. H. Kok, and D. T. K. Tien, "Review of Industry Workpiece Classification and Defect Detection using Deep Learning," *Int. J. Adv. Comput. Sci. Appl.*, vol. 13, no. 4, pp. 329–340, 2022, doi: 10.14569/IJACSA.2022.0130439.
- [29] Y. Mensah, J. Jiang, and W. Zhou, "Micro-Organism Image Classifier Using Convolutional Neural Networks," *International Journal of Scientific Research and Engineering Development*, vol. 6, no. 5, pp. 215–221, 2023. [Online]. Available: <https://www.researchgate.net/publication/375062471>
- [30] A. J. Abougarair, A. A. Oun, S. I. Sawan, and A. Ma'arif, "Deep Learning-Based Automated Approach for Classifying Bacterial Images," *Int. J. Robot. Control Syst.*, vol. 4, no. 2, pp. 849–876, 2024, doi: 10.31763/ijrcs.v4i2.1423
- [31] HygièneS.net, "L'antibiogramme : objectifs, méthodes et interprétation," [Online]. Available: <https://www.hygienes.net/index.php?id=37>. [Accessed: 16-Jun-2025].
- [32] Wikipédia, "Bactériologie médicale," *Wikipédia*, [Online]. Available: [https://fr.wikipedia.org/wiki/Bact%C3%A9riologie\\_m%C3%A9dicale](https://fr.wikipedia.org/wiki/Bact%C3%A9riologie_m%C3%A9dicale). [Accessed: 16-Jun-2025].
- [33] H. Zhang and K. Ogasawara, "Grad-CAM-Based Explainable Artificial Intelligence Related to Medical Text Processing," *Bioengineering*, vol. 10, no. 9, p. 1156, Sep. 2023. [Online]. Available: <https://www.ncbi.nlm.nih.gov/pmc/articles/PMC1052518>
- [34] ResearchGate, "Visualization of Grad-CAM heatmap on input images", [En ligne]. Disponible sur: <https://www.researchgate.net/figure/Visualization-of-Grad-CAM-heatmap-on-the-original-input-images>
- [35] Omotosho Moses Oluseyi, O. M. O., Akpan Ito Udofot, A. I. U., & Edim Bassey Edim, E. B. E. (2025). Enhancing Medical Image Diagnosis Using Convolutional Neural

Network and Transfer Learning. *International Journal of Advances in Engineering and Management*, 7(1), 131–139. <https://doi.org/10.35629/5252-0701131139>

[36] R MANVI, S. (2023). Automated Medical Diagnosis with Deep Learning. *INTERANTIONAL JOURNAL OF SCIENTIFIC RESEARCH IN ENGINEERING AND MANAGEMENT*, 07(07). <https://doi.org/10.55041/ijsrem24959>

[37] Al Gharrawi, R. J., & Al-Joda, A. A. (2023). A Survey of Medical Image Analysis Based on Machine Learning Techniques. *Journal of Al-Qadisiyah for Computer Science and Mathematics*, 15(1). <https://doi.org/10.29304/jqcm.2023.15.1.1139>

[38] Comprehensive Study for Breast Cancer Using Deep Learning and Traditional Machine Learning. (2022). *ZANCO JOURNAL OF PURE AND APPLIED SCIENCES*, 34(2). <https://doi.org/10.21271/zjpas.34.2.3>

[39] Rudresh Shirwaikar. (2024). A Machine Learning Application for Medical Image Analysis Using Deep Convolutional Neural Networks (CNNs) and Transfer Learning Models for Pneumonia Detection. *Journal of Electrical Systems*, 20(5s), 2316–2324. <https://doi.org/10.52783/jes.2591>

[40] Nozomi, I., Aldi, F., & Sentosa, R. B. (2022). Views on Deep Learning for Medical Image Diagnosis. *Journal of Applied Engineering and Technological Science (JAETS)*, 4(1), 547–553. <https://doi.org/10.37385/jaets.v4i1.1367>

[41] Convertteo, "Kaggle – Détection de la pneumonie dans les radiographies," Convertteo, [Online]. Available: <https://convertteo.com/blog/kaggle-detection-de-la-pneumonie-dans-les-radiographies/>. [Accessed: 16-Jun-2025].

[42] Yu, H., Yang, L. T., Zhang, Q., Armstrong, D., & Deen, M. J. (2021). Convolutional neural networks for medical image analysis: State-of-the-art, comparisons, improvement and perspectives. *Neurocomputing*, 444, 92–110. <https://doi.org/10.1016/j.neucom.2020.04.157>

[43] G. Lee, S. Yi, et J. Lee, "A Study on Deep Learning Performances of Identifying Images' Emotion: Comparing Performances of Three Algorithms to Analyze Fashion Items,"

[44] DataScientest, "Convolutional Neural Network : Tout ce qu'il y a à savoir," DataScientest, [Online] Available: <https://datascientest.com/convolutional-neural-network>. [Accessed: 16-Jun-2025]

[45] V. Rajput, "Pooling layers in Neural nets and their variants," AIGuys (Medium), 10-Jan-2022. [Online]. Available: <https://medium.com/aiguys/pooling-layers-in-neural-nets-and-their-variants-f6129fc4628b>. [Accessed: 16-Jun-2025].

[46] Salehi, A. W., Khan, S., Gupta, G., Alabdullah, B. I., Almjally, A., Alsolai, H., Siddiqui, T., & Mellit, A. (2023). A Study of CNN and Transfer Learning in Medical Imaging: Advantages, Challenges, Future Scope. *Sustainability*, 15(7), 5930. <https://doi.org/10.3390/su15075930>

[47] Angriawan, M. (2023). Transfer Learning Strategies for Fine-Tuning Pretrained Convolutional Neural Networks in Medical Imaging. *Research Journal of Computer Systems and Engineering*, 4(2), 73–88. <https://doi.org/10.52710/rjcse.79>

- [48].N. Nanobaly, "Discover Transfer Learning: when AI doesn't start from scratch," *Innovatiana*, 17-Nov-2024 [Online]. Available: <https://www.innovatiana.com/post/transfer-learning-101>. [Accessed: 16-Jun-2025].
- [49] Basyal, G. P., Zeng, D., & Rimal, B. P. (2024). Development of CNN Architectures using Transfer Learning Methods for Medical Image Classification (Version 1). arXiv. <https://doi.org/10.48550/ARXIV.2410.16711>
- [50] Choi, Y. J., & Jung, Y. (2022). Abstract 1925: Ovarian tumor diagnosis using deep convolutional neural networks and denoising convolutional autoencoder. *Cancer Research*, 82(12\_Supplement), 1925–1925. <https://doi.org/10.1158/1538-7445.am2022-1925>
- [51] Benavente, D., Gatica, G., & González-Feliu, J. (2022). Balanced Medical Image Classification with Transfer Learning and Convolutional Neural Networks. *Axioms*, 11(3), 115. <https://doi.org/10.3390/axioms11030115>
- [52] R. Cendre, "Schéma représentant l'apprentissage par transfert par CNN," *PhD Thesis*, Université Jean Monnet Saint-Étienne, [Online]. Available: [https://www.researchgate.net/figure/Schema-representant-lapprentissage-par-transfert-par-CNN-Le-reseau-est-entraîne-sur-des\\_fig33\\_349180505](https://www.researchgate.net/figure/Schema-representant-lapprentissage-par-transfert-par-CNN-Le-reseau-est-entraîne-sur-des_fig33_349180505). [Accessed: 16-Jun-2025].
- [53] G. P. Basyal, D. Zeng, and B. P. Rimal, "Development of CNN Architectures using Transfer Learning Methods for Medical Image Classification (Version 1)," arXiv, 2024. [Online]. Available: <https://doi.org/10.48550/ARXIV.2410.16711>
- [54] J. B. Slimane, "Deep Learning Applications in Medical Image Analysis: Enhancing Radiology with Automated Diagnostic Tools," *Communications on Applied Nonlinear Analysis*, vol. 32, no. 7s, pp. 379–391, 2025. <https://doi.org/10.52783/cana.v32.3438>
- [55] Y. Li, J. Wu, and Q. Wu, "Classification of Breast Cancer Histology Images Using Multi-Size and Discriminative Patches Based on Deep Learning," *IEEE Access*, vol. 7, pp. 21400–21408, 2019. <https://doi.org/10.1109/access.2019.2898044>
- [56].E. Mutombo Shanga, "Figure X : Structure générale du modèle prédictif basé sur un réseau de neurones profond," in *\*Construction d'un modèle prédictif basé sur le réseau de neurones profond pour la détection de cancer de la peau\**, mémoire de licence, Institut supérieur et pédagogique de Mbanza-Ngungu, 2022.)
- [57] J. Zraqou et al., "Robust Deep Learning Approach for Automating the Epithelial Dysplasia Detection in Histopathology Images," *Data and Metadata*, vol. 4, p. 679, 2025. <https://doi.org/10.56294/dm2025679>
- [58] B. D. Rao and K. Madhavi, "BCDNet: A Deep Learning Model with Improved Convolutional Neural Network for Efficient Detection of Bone Cancer Using Histology Images," *International Journal of Computational and Experimental Science and Engineering*, vol. 10, no. 4, 2024. <https://doi.org/10.22399/ijcesen.430>
- [59] J. Á. Troncoso et al., "Classification of salivary gland biopsies in Sjögren's syndrome by a convolutional neural network using an auto-machine learning platform," *BMC Rheumatology*, vol. 8, no. 1, 2024. <https://doi.org/10.1186/s41927-024-00417-3>

- [60] S. Singh, “Computer-Aided Diagnosis of Thoracic Diseases in Chest X-rays using hybrid CNN-Transformer Architecture (Version 2),” arXiv, 2024. <https://doi.org/10.48550/ARXIV.2404.11843>
- [61] N. Reamaroon et al., “Automated detection of acute respiratory distress syndrome from chest X-Rays using Directionality Measure and deep learning features,” *Computers in Biology and Medicine*, vol. 134, p. 104463, 2021. <https://doi.org/10.1016/j.compbiomed.2021.104463>
- [62] C. Liu et al., “Learning Rich Attention for Pediatric Bone Age Assessment,” in *Lecture Notes in Computer Science*, Springer, 2020, pp. 232–242. [https://doi.org/10.1007/978-3-030-59710-8\\_23](https://doi.org/10.1007/978-3-030-59710-8_23)
- [63] N. Batool and G. Gilanie, “CVIP-Net: A Convolutional Neural Network-Based Model for Forensic Radiology Image Classification,” *Computers, Materials & Continua*, vol. 74, no. 1, pp. 1319–1332, 2023. <https://doi.org/10.32604/cmc.2023.032121>
- [64] M. Changping, G. Liqing, D. Jian, and Y. Mingzhi, “Low-dose CT Reconstruction Based on Multi-Layer Swin-Transformer,” 2022.
- [65] R. Guillemin et al., “L’intelligence artificielle au service de l’imagerie et de la santé des populations,” *Diagnostic & Interventions en Imagerie*, vol. 100, no. 2, , 2019. <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S177698171930063X>
- [66] C. Delage, T. Le Berre, E. Dumoussat, J. M. Garcier, B. Pereira, et L. Boyer, “Séquence d’estimation de l’âge osseux à l’aide de l’association de méthodes manuelle et automatisée : application en médecine légale,” *Innovations et Recherche en Bio-ingénierie*, vol. 40, 2021. [En ligne]. Disponible sur: <https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1878652921000511>)
- [67] J. Wen et al., “Convolutional neural networks for classification of Alzheimer’s disease: Overview and reproducible evaluation,” *Medical Image Analysis*, vol. 63, p. 101694, 2020. <https://doi.org/10.1016/j.media.2020.101694>
- [68] Y. Xiong et al., “A Gas Classification Algorithm of Electronic Noses Based on Convolutional Spiking Neural Network,” *ECS Meeting Abstracts*, vol. MA2021-01, no. 54, p. 1317, 2021. <https://doi.org/10.1149/ma2021-01541317mtgabs>
- [69] W. Folly-Adjon, Contribution de la neuro-imagerie à la compréhension des démences : illustration par la maladie d’Alzheimer, PhD Thesis, Université de Lyon, France, 2019. [Online]. Available: [https://www.researchgate.net/figure/IRM-comparatif-du-cerveau-dune-personne-saine-et-dun-patient-Alzheimer\\_fig12\\_336588468](https://www.researchgate.net/figure/IRM-comparatif-du-cerveau-dune-personne-saine-et-dun-patient-Alzheimer_fig12_336588468). [Accessed: 16-Jun-2025].
- [70] M. M. F. Alanazi et al., “Advancements in AI-driven diagnostic radiology: Enhancing accuracy and efficiency,” *International Journal of Health Sciences*, vol. 8, no. S1, pp. 737–749, 2024. <https://doi.org/10.53730/ijhs.v8ns1.14928>
- [71] G. Campanella et al., “Clinical-grade computational pathology using weakly supervised deep learning on whole slide images,” *Nature Medicine*, vol. 25, no. 8, pp. 1301–1309, 2019. <https://doi.org/10.1038/s41591-019-0508-1>

- [72] Derfoufi, Y. (2019). Programmation en langage Python (Version 2) [Prépublication]. HAL. <https://hal.science/hal-02126596v2>
- [73] Kachou92, "Introduction au langage Python," *Over-Blog*, 2019. [Online]. Available: <https://kachou92.over-blog.com/2019/09/introduction-au-langage-python.html>. [Accessed: 16-Jun-2025].
- [74] Tan, Jialiang ; Chen, Yu ; Jiao, Shuyin. Visual Studio Code in Introductory Computer Science Course: An Experience Report. Prépublication soumise le 10 mars 2023.
- [75] Microsoft, "User Interface – Visual Studio Code Documentation," *Visual Studio Code*, [Online]. Available: <https://code.visualstudio.com/docs/getstarted/userinterface>. [Accessed: 16-Jun-2025]
- [76] BELLAHMER, Hacene. Implémentation et évaluation d'un modèle d'apprentissage automatique pour l'estimation de la valeur marchande de propriétés immobilières. Mémoire de fin d'études, Master en Informatique, Spécialité : Systèmes Informatiques, Université Mouloud Mammeri de Tizi-Ouzou, 2019/2020. Dirigé par Samy SADI
- [77] LeBigData, "TensorFlow : tout savoir sur la bibliothèque Machine Learning open source," [Online] Available: <https://www.lebigdata.fr/tensorflow-definition-tout-savoir>. [Accessed: 16-Jun-2025].
- [78] Pensée Artificielle, "Logo Keras – TP Reconnaissance Faciale," [Online]. Available: <https://penseeartificielle.fr/tp-reconnaissance-faciale/logo-keras/>. [Accessed: 16-Jun-2025].
- [79] KolaDev, "Introduction to Matrices with NumPy," *Dev.to*, [Online]. Available: <https://dev.to/koladev/introduction-to-matrices-with-numpy-3a4n>. [Accessed: 16-Jun-2025].
- [80] Scikit-learn Contrib. Scikit-learn-contrib GitHub Repository [consulté le 12 mai 2025]. Disponible sur : <https://github.com/scikit-learn-contrib>
- [81] DataCorner. Matplotlib : bibliothèque de visualisation en Python [consulté le 12 mai 2025]. Disponible sur : <https://datacorner.fr/matplotlib/>
- [82] Python Package Index (PyPI). Seaborn – Statistical data visualization [consulté le 12 mai 2025]. Disponible sur : <https://pypi.org/project/seaborn>
- [83] M.B. Jamshidi, S. Sargolzaei, S. Foorginezhad, et O. Moztaezadeh, « Metaverse and Microorganism Digital Twins: A Deep Transfer Learning Approach », *Applied Soft Computing*, 2023.
- [84] B. Zieliński, A. Plichta, K. Misztal, P. Spurek, M. Brzywczy-Włoch, et D. Ochońska, « Deep learning approach to bacterial colony classification », *PloS One*, vol. 12, no. 9, p. e0184554, 2017.
- [85] Sandler, M., Howard, A., Zhu, M., Zhmoginov, A., & Chen, L.C. (2018). MobileNetV2: Inverted Residuals and Linear Bottlenecks. 2018 IEEE/CVF Conference on Computer Vision and Pattern Recognition, 4510–4520. <https://doi.org/10.1109/CVPR.2018.00474>

- [86] K. Simonyan and A. Zisserman, "Very deep convolutional networks for large-scale image recognition," arXiv preprint arXiv:1409.1556, 2014.
- [87] Sandler, M., Howard, A., Zhu, M., Zhmoginov, A., & Chen, L.-C. (2018). MobileNetV2: Inverted Residuals and Linear Bottlenecks. arXiv preprint arXiv:1801.04381. <https://arxiv.org/abs/1801.04381>
- [88] GeeksforGeeks. (s.d.). VGG-16 | CNN model. Récupéré le 26 mai 2025, de <https://www.geeksforgeeks.org/vgg-16-cnn-model/>
- [89] Gallardo García, R., Jarquín Rodríguez, S., Beltrán Martínez, B., Hernández Gracidas, C., & Martínez Torres, R. (2021). Efficient Deep Learning Architectures for Fast Identification of Bacterial Strains in Resource-Constrained Devices. arXiv preprint arXiv:2106.06505. <https://arxiv.org/abs/2106.06505>
- [90] C. Garcia-Perez, K. Ito, J. Geijo, R. Feldbauer, N. Schreiber, and W. Z. Castell, "Efficient detection of longitudinal bacteria fission using transfer learning in deep neural networks," *Frontiers Microbiology*, vol. 12, p. 645972, 2021, <https://doi.org/10.3389/fmicb.2021.645972>.
- [91] H. Sajedi, F. panah, and A. Pashaei, "Image-processing based taxonomy analysis of bacterial micromorphology using machine-learning models," *Multimedia Tools and Applications*, vol. 79, pp. 32711–32730, 2020, <https://doi.org/10.1007/s11042-020-09284-9>.
- [92] T. Shaily and S. Kala, "Bacterial Image Classification Using Convolutional Neural Networks," 2020 IEEE 17th India Council International Conference (INDICON), pp. 1-6, 2020, <https://doi.org/10.1109/INDICON49873.2020.9342356>