

# THÈSE

en vue de l'obtention du : **DOCTORAT**

Structure de Recherche : *Intelligent Processing & Security of Systems (IPSS)*

Discipline : *Informatique*

Spécialité : *Science des Données et Intelligence Artificielle*

Présentée et Soutenue le : 05/10/2024

par :

**Wafae ABBAOUI**

## *Impact de l'Intelligence Artificielle sur la Santé Digitale : Cas de la Médecine de Précision et des Accidents Vasculaires Cérébraux*

### JURY

Ahmed ZELLOU	PES	École Nationale Supérieure d'Informatique et d'Analyse des Systèmes, Université Mohammed V, Rabat	Président
Ali OUACHA	MCH	Faculté des Sciences, Université Mohammed V, Rabat	Rapporteur/ Examineur
Aouatif AMINE	PES	École Nationale des Sciences Appliquées, Université Ibn Tofail, Kénitra	Rapporteur/ Examineur
Abderrahim AIT WAKRIME	MCH	Faculté des Sciences, Université Mohammed V, Rabat	Rapporteur/ Examineur
Yassine ZAOUI SEGHRUCHENI	MCH	Faculté des Sciences, Université Mohammed V, Rabat	Examineur
Brahim EL BHIRI	PES	École Marocaine des Sciences de l'Ingénieur, Rabat	Invité
Sara RETAL	MC	École Normale Supérieure de l'Enseignement Technique, Université Hassan II, Mohammedia	Co-Encadrant de thèse
Soumia ZITI	PES	Faculté des Sciences, Université Mohammed V, Rabat	Directeur de thèse

Année Universitaire : 2023 - 2024

*” Je tiens à exprimer ma profonde gratitude à mes chers parents Abderrahim et Naima, pour leur immense soutien moral et matériel, leur présence et leurs encouragements tout au long de mes études. Beaucoup de mérite leur revient, et cette réalisation n’aurait pas été possible sans eux. Je remercie également Mohammed-Amine, Khaoula, Fatima-Ezzahrae et tous les membres de ma famille pour leur encouragement continu. ”*

Wafae Abbaoui

# *Remerciements*

Cette thèse a été réalisée dans le département d'informatique de la Faculté des Sciences de Rabat, au sein de la structure de recherche *Intelligent Processing & Security of Systems* (IPSS). Je tiens à remercier Mme **Fouzia OMARY**, Professeure d'Enseignement Supérieur à la Faculté des Sciences de Rabat et directrice de l'IPSS, pour m'avoir accueillie durant ces années de recherche.

Je souhaite exprimer ma profonde reconnaissance à ma directrice de thèse, Mme **Soumia ZITI**, Professeure d'Enseignement Supérieur à la Faculté des Sciences de Rabat. Sa bienveillance, sa disponibilité sans faille et sa patience inépuisable ont été des piliers tout au long de ce parcours. Son soutien constant, son sens de l'écoute et ses encouragements m'ont été une source inestimable de motivation.

Ma reconnaissance s'étend également à ma co-encadrante, Mme **Sara RETAL**, Maître de Conférences à l'École Normale Supérieure de l'Enseignement Technique de Mohammedia, pour son soutien indéfectible et ses conseils avisés. Sa rigueur scientifique et son sens de l'analyse m'ont aidée à surmonter les défis rencontrés.

Je remercie chaleureusement M. **Ahmed ZELLOU**, Professeur d'Enseignement Supérieur à l'École Nationale Supérieure d'Informatique et d'Analyse des Systèmes de Rabat, pour avoir accepté de présider mon comité de thèse et pour son temps précieux et dévoué.

Je tiens à exprimer toute ma gratitude à M. **Ali OUACHA**, Maître de Conférences Habilité à la Faculté des Sciences de Rabat, rapporteur de cette thèse, pour son évaluation attentive et ses commentaires pertinents, qui ont grandement contribué à améliorer la qualité de cette recherche.

Je remercie également Mme **Aouatif AMINE**, Professeure d'Enseignement Supérieur à l'École Nationale des Sciences Appliquées de Kénitra, rapporteur de cette thèse, pour son évaluation rigoureuse et ses retours éclairés, qui ont renforcé la portée de ce travail.

Mes remerciements vont aussi à M. **Abderrahim AIT WAKRIME**, Maître de Conférences Habilité à la Faculté des Sciences de Rabat, rapporteur de cette thèse, pour le temps qu'il a consacré à l'examen de ce manuscrit et pour ses observations constructives.

Je tiens également à remercier M. **Yassine ZAOUI SEGHROUCHENI**, Maître de Conférences Habilité à la Faculté des Sciences de Rabat, pour avoir accepté d'examiner ma thèse et pour le temps précieux consacré à l'évaluation de ce travail.

Enfin, je remercie M. **Brahim EL BHIRI**, Professeur d'Enseignement Supérieur à l'École Marocaine des Sciences de l'Ingénieur de Rabat, pour l'honneur de sa présence et l'intérêt sincère qu'il porte à mes travaux de recherche. Son soutien constant et ses conseils ont été une source précieuse d'encouragement.

# *Résumé*

Cette thèse explore deux volets interdépendants mais distincts de la santé digitale : l'utilisation de l'intelligence artificielle (IA) dans la médecine de précision, ainsi que la classification des accidents vasculaires cérébraux (AVC) à l'aide de techniques d'apprentissage profond. Le premier volet analyse l'impact de l'IA sur la médecine de précision. Nous mettons en lumière les avancées significatives que l'IA apporte à ces domaines, en facilitant des diagnostics plus précis et des traitements personnalisés. Une attention particulière est accordée aux méthodes d'IA qui révolutionnent les soins de santé en permettant une approche plus individualisée et efficace. De plus, l'intégration de l'IA dans la prise en charge des AVC est examinée pour démontrer comment la santé digitale peut transformer les pratiques médicales actuelles. Le second volet aborde la classification des AVC en utilisant des techniques d'apprentissage profond. Nous nous concentrons sur les AVC ischémiques dans le contexte africain, en examinant les facteurs de risque spécifiques à cette région. Nous présentons également une analyse sur l'utilisation des réseaux de neurones convolutifs (CNN), en particulier le modèle VGG-16, pour classifier les AVC ischémiques à partir des scans IRM marocains. Par ailleurs, nous explorons l'application des transformers de vision (ViT) dans la classification des AVC, en soulignant l'utilisation du modèle ViT-b16 appliqué aux scans IRM marocains et aux images de tomodensitométrie (CT). Les résultats de notre recherche démontrent que les techniques d'apprentissage profond peuvent améliorer significativement la précision du diagnostic des AVC, offrant ainsi un potentiel considérable pour des applications cliniques futures. Enfin, cette thèse ouvre la voie à de nouvelles perspectives de recherche en combinant les forces de l'IA et de l'apprentissage profond pour transformer les pratiques médicales et diagnostiquer efficacement les maladies critiques.

*Mots-clefs* : Intelligence artificielle, Médecine de précision, Accidents vasculaires cérébraux, Apprentissage profond, Imagerie médicale.

# *Abstract*

This thesis explores two interconnected yet distinct aspects of digital health : the use of artificial intelligence (AI) in precision medicine and the classification of strokes using deep learning techniques. The first aspect analyzes the impact of AI on precision medicine. We highlight the significant advancements that AI brings to this field, facilitating more accurate diagnoses and personalized treatments. Special attention is given to AI methods that revolutionize healthcare by enabling a more individualized and effective approach. Additionally, the integration of AI in stroke management is examined to demonstrate how digital health can transform current medical practices. The second aspect addresses the classification of strokes using deep learning techniques. We focus on ischemic strokes in the African context, examining the specific risk factors in this region. We also present an analysis on the use of convolutional neural networks (CNN), particularly the VGG-16 model, to classify ischemic strokes from Moroccan MRI scans. Furthermore, we explore the application of vision transformers (ViT) in stroke classification, highlighting the use of the ViT-b16 model applied to Moroccan MRI scans and CT images. Our research findings demonstrate that deep learning techniques can significantly improve the accuracy of stroke diagnosis, thus offering considerable potential for future clinical applications. Finally, this thesis paves the way for new research perspectives by combining the strengths of AI and deep learning to transform medical practices and effectively diagnose critical diseases.

*Keywords* : Artificial intelligence, Precision medicine, Stroke, Deep learning, Medical imaging.

# Acronymes

<b>AD</b>	Maladie d'Alzheimer
<b>ADHD</b>	Trouble Déficitaire de l'Attention avec Hyperactivité
<b>ANN</b>	Réseaux de Neurones Artificiels
<b>AR</b>	Réalité Augmentée
<b>AUC</b>	Aire Sous la Courbe
<b>AVC</b>	Accidents Vasculaires Cérébraux
<b>BD</b>	Trouble Bipolaire
<b>BERT</b>	Bidirectional Encoder Representations from Transformers
<b>BMI</b>	Indice de Masse Corporelle
<b>BP-ANN</b>	Réseaux de Neurones à Rétropropagation
<b>BRATS</b>	Défis de Segmentation des Tumeurs Cérébrales
<b>CADe</b>	Détection Assistée par Ordinateur
<b>CADx</b>	Diagnostic Assisté par Ordinateur
<b>CDR</b>	Ratio de Démence Clinique
<b>CDSS</b>	Système d'Aide à la Décision Clinique
<b>CMS</b>	Centers for Medicare and Medicaid Services
<b>CNN</b>	Réseaux de Neurones Convolutifs
<b>CRC</b>	Cellule Reprogrammée Conditionnellement
<b>CRISP-DM</b>	Processus Standard pour l'Exploration de Données
<b>CT</b>	Tomodensitométrie
<b>CTA-SI</b>	Images Source de l'Angiographie par Tomodensitométrie
<b>CTP</b>	Perfusion par Tomodensitométrie
<b>DCNN</b>	Réseaux Neuraux Convolutifs Profonds
<b>DL</b>	Apprentissage Profond
<b>DMC</b>	Prise en Charge des Données Manquantes
<b>DNN</b>	Réseaux Neuraux Profonds
<b>DPA-HNN</b>	Réseaux Neuraux Récurrents Hiérarchiques avec Attention
<b>DWI</b>	Imagerie par Diffusion
<b>ECC</b>	Clustering Consensuel basé sur l'Entropie
<b>EEG</b>	Électroencéphalogramme
<b>EHR</b>	Dossier de Santé Électronique

<b>GBTM</b>	Modélisation de Trajectoire basée sur des Groupes
<b>GPT</b>	Generative Pre-trained Transformer
<b>GPU</b>	Unité de Traitement Graphique
<b>GRD</b>	Maladie Résiduelle Macroscopique
<b>HF</b>	Insuffisance Cardiaque
<b>IA</b>	Intelligence Artificielle
<b>IAg</b>	Intelligence Artificielle Générative
<b>ICH</b>	Hémorragie Intracérébrale Spontanée
<b>ILSVRC</b>	ImageNet Large Scale Visual Recognition Challenge
<b>IRM</b>	Imagerie par Résonance Magnétique
<b>ITE</b>	Effets Individualisés de Traitement
<b>ITR</b>	Règle de Traitement Individuelle
<b>KNN</b>	K-Nearest Neighbors
<b>LR</b>	Régression Logistique
<b>LSTM</b>	Mémoire à Long Terme
<b>MCI</b>	Déficience Cognitive Légère
<b>ML</b>	Apprentissage Automatique
<b>MLP</b>	Perceptron Multicouche
<b>MMSE</b>	Mini-Examen de l'État Mental
<b>MRF</b>	Forêt Aléatoire Multivariée
<b>MV</b>	Ventilation Mécanique
<b>NCCT</b>	Tomodensitométrie Sans Contraste
<b>NLP</b>	Traitement du Langage Naturel
<b>NMSC</b>	Cancer de la Peau Sans Mélanome
<b>OASIS</b>	Série d'Études d'Imagerie en Accès Libre
<b>OFSSVM</b>	SVM à Sélection de Caractéristiques Orientée
<b>OSEMN</b>	Obtenir, Nettoyer, Explorer, Modéliser, Interpréter
<b>PAD</b>	Maladie Artérielle Périphérique
<b>pCR</b>	Réponse Pathologique Complète
<b>PET</b>	Tomographie par Émission de Positions
<b>PMID</b>	Identifiant PubMed
<b>RBF</b>	Fonction de Base Radiale
<b>RFE</b>	Élimination Réursive des Caractéristiques
<b>RFIT</b>	Forêt d'Arbres d'Interaction

<b>RNN</b>	Réseaux de Neurones Récurrents
<b>SCNN</b>	Réseaux de Neurones Convolutionnels de Survie
<b>SDAE</b>	Autoencodeur de Débruitage Empilé
<b>SHIMR</b>	Modèle d'Interaction de Haut Ordre Sparse avec Option de Rejet
<b>SLR</b>	Revue Systématique de la Littérature
<b>SPECT</b>	Tomographie par Émission Monophotonique
<b>SVM</b>	Machine à Vecteurs de Support
<b>TCM</b>	Médecine Traditionnelle Chinoise
<b>TOFR</b>	Ratio de Train-of-four
<b>T2W</b>	Imagerie Pondérée en T2
<b>US</b>	Échographie
<b>ViT</b>	Vision Transformers
<b>VR</b>	Réalité Virtuelle
<b>WHO</b>	Organisation Mondiale de la Santé

# Liste des Figures

1.1	Objectifs vitaux de la médecine de précision. . . . .	5
1.2	IA pour la médecine de précision. . . . .	6
1.3	Intégration transformative de l'IA dans la médecine de précision. . . . .	6
1.4	AVC ischémique et hémorragique. . . . .	8
1.5	Anatomie des artères cérébrales. . . . .	10
2.1	Nombre de documents par type (Scopus). . . . .	19
2.2	Nombre de citations par année (Scopus). . . . .	21
2.3	Nombre de documents par année dans la base de données (Scopus). . . . .	21
2.4	Tendances des termes de recherche et des critères d'exclusion. . . . .	29
2.5	Répartition des documents par type. . . . .	30
2.6	Suivi du nombre de documents par année dans la base de données (Scopus). . .	31
2.7	Nombre de citations par année. . . . .	32
2.8	Nuage de mots généré à partir des mots-clés des articles sélectionnés. . . . .	33
2.9	Le NLP est un sous-domaine de l'IA utilisant l'apprentissage automatique et profond. . . . .	34
2.10	Principales considérations éthiques et pratiques dans l'application de l'IA à la médecine de précision. . . . .	51
2.11	Répartition des études pertinentes selon les bases de données. . . . .	60
3.1	Processus de sélection des études. . . . .	72
3.2	Distribution des genres et des âges dans les études incluses. . . . .	74
3.3	Process OSEMN. . . . .	82
3.4	Distribution des genres dans le jeu de données. . . . .	84
3.5	Répartition des classes dans le jeu de données. . . . .	84
3.6	Échantillons d'IRM. . . . .	86
3.7	Processus de recadrage. . . . .	86
3.8	Illustration du transfer learning avec VGG-16. . . . .	87
3.9	Matrice de confusion du modèle . . . . .	90
3.10	Évolution de l'accuracy et de la perte du modèle. . . . .	92
3.11	Performance du modèle ResNet50. . . . .	92
3.12	Performance du modèle InceptionV3. . . . .	93
3.13	Performance du modèle VGG-19. . . . .	93
4.1	Exemples de Scans IRM. . . . .	96

4.2	Exemple d'image augmentée. . . . .	97
4.3	Architecture ViT. . . . .	100
4.4	Architecture ViT-b16. . . . .	100
4.5	Matrice de confusion pour le modèle ViT-b16. . . . .	101
4.6	Processus du modèle CRISP-DM. . . . .	107
4.7	Échantillons aléatoires d'images de scans CT. . . . .	108
4.8	Exemple d'image augmentée. . . . .	109
4.9	Matrice de Confusion pour le Modèle ViT b16. . . . .	113

# Liste des Tableaux

2.1	Top 10 des articles les plus cités. . . . .	20
2.2	Top 10 des articles les plus cités. . . . .	31
2.3	Compilation des jeux de données publiquement disponibles pour la médecine de précision. . . . .	50
2.4	Avantages et inconvénients des différents algorithmes d'apprentissage automatique. 52	
2.5	Avantages et inconvénients des différents algorithmes d'apprentissage automatique (Suite). . . . .	53
2.6	Caractéristiques saillantes des recherches basées sur l'IA. . . . .	54
2.7	Caractéristiques saillantes des recherches basées sur l'IA (Suite). . . . .	55
2.8	Études et domaines d'application. . . . .	56
3.1	Critères d'inclusion et d'exclusion. . . . .	70
3.2	Résumé des études incluses. . . . .	71
3.3	Caractéristiques de chaque étude incluse. . . . .	76
3.4	Caractéristiques de chaque étude incluse (Suite). . . . .	77
3.5	Bibliothèques Python et dépendances utilisées dans le modèle implémenté. . . .	83
3.6	Résumé de l'architecture du modèle. . . . .	87
3.7	Évaluation des architectures d'apprentissage profond pour la classification des AVC ischémiques. . . . .	90
4.1	Les composants du pipeline de données d'entrée. . . . .	98
4.2	Résumé de l'architecture du modèle. . . . .	99
4.3	Rapport de classification. . . . .	102
4.4	Comparison de l'accuracy de différents modèles dans la classification des AVC ischémiques à partir des scans IRM marocains. . . . .	103
4.5	Composants de l'architecture ViT-b16. . . . .	111
4.6	Rapport de classification. . . . .	114

# Table des Matières

<b>Dédicace</b>	<b>i</b>
<b>Remerciements</b>	<b>ii</b>
<b>Résumé</b>	<b>iii</b>
<b>Abstract</b>	<b>iv</b>
<b>Acronymes</b>	<b>v</b>
<b>Liste des Figures</b>	<b>viii</b>
<b>Liste des Tableaux</b>	<b>x</b>
<b>Introduction</b>	<b>1</b>
<b>Chapitre 1 Concepts Fondamentaux en Médecine de Précision, AVC et Intelligence Artificielle</b>	<b>4</b>
1.1 Médecine de précision . . . . .	4
1.1.1 Introduction . . . . .	4
1.1.2 Contexte . . . . .	4
1.1.3 Rôle de l'intelligence artificielle dans la médecine de précision . . . . .	5
1.1.4 Conclusion . . . . .	7
1.2 Accident Vasculaire Cérébral (AVC) . . . . .	8
1.2.1 Introduction . . . . .	8
1.2.2 Contexte . . . . .	8
1.2.3 Exploration des facteurs de risque pour les AVC ischémiques dans le contexte africain . . . . .	9
1.2.4 Conclusion . . . . .	11
1.3 Concepts fondamentaux de l'intelligence artificielle (IA) . . . . .	12
1.3.1 Bases de l'intelligence artificielle et de l'apprentissage automatique . . . . .	12
1.3.2 Réseaux de neurones artificiels et apprentissage profond . . . . .	13
1.3.3 Réseaux de neurones convolutifs pour le traitement d'images . . . . .	14
1.3.4 Transformateurs dans l'intelligence artificielle générative . . . . .	16

<b>Chapitre 2</b>	<b>État de l'Art des Avancées de l'IA en Médecine de Précision et Prise en Charge des AVC</b>	<b>18</b>
2.1	IA au Service de la Médecine de Précision . . . . .	18
2.1.1	Introduction . . . . .	18
2.1.2	Méthodologie de Recherche . . . . .	18
2.1.3	Résultats de l'analyse de la littérature . . . . .	22
2.1.4	Conclusion . . . . .	26
2.2	Analyse Systématique des Méthodes d'IA pour la Médecine de Précision . . . . .	27
2.2.1	Introduction . . . . .	27
2.2.2	Méthodologie de recherche . . . . .	27
2.2.3	Résultats de l'analyse de la littérature . . . . .	33
2.2.4	Jeux de données publics pour la médecine de précision . . . . .	49
2.2.5	Discussion . . . . .	50
2.2.6	Conclusion . . . . .	57
2.3	Intégration de l'IA en Médecine de Précision pour une Prise en Charge Innovante des AVC . . . . .	59
2.3.1	Introduction . . . . .	59
2.3.2	Méthodologie de Recherche . . . . .	59
2.3.3	Résultats de l'analyse de la littérature . . . . .	60
2.3.4	Directions de Recherche Future . . . . .	66
2.3.5	Conclusion . . . . .	68
<b>Chapitre 3</b>	<b>Classification des AVC Ischémiques dans le Contexte Africain avec les Réseaux de Neurones Convolutifs</b>	<b>69</b>
3.1	Exploration des Facteurs de Risque des AVC Ischémiques Aigus dans le Contexte Africain . . . . .	69
3.1.1	Introduction . . . . .	69
3.1.2	Méthodologie . . . . .	69
3.1.3	Résultats . . . . .	70
3.1.4	Discussion . . . . .	78
3.1.5	Conclusion . . . . .	80
3.2	Classification des AVC Ischémiques à partir d'IRM Marocaines avec les Réseaux Neuronaux Convolutifs VGG-16 . . . . .	81
3.2.1	Introduction . . . . .	81
3.2.2	Méthodologie . . . . .	81
3.2.3	Résultats et Discussion . . . . .	91
3.2.4	Conclusion . . . . .	93
<b>Chapitre 4</b>	<b>Classification des AVC avec des Modèles de Vision Transformers</b>	<b>94</b>
4.1	Approche Vision Transformer pour la Classification des AVC Ischémiques à partir d'IRM . . . . .	94
4.1.1	Introduction . . . . .	94

4.1.2	Méthodologie . . . . .	95
4.1.3	Résultats . . . . .	101
4.1.4	Discussion . . . . .	103
4.1.5	Conclusion . . . . .	105
4.2	Approche Vision Transformer pour la Classification des AVC à partir d'Images	
	CT Cérébrales . . . . .	106
4.2.1	Introduction . . . . .	106
4.2.2	Méthodologie . . . . .	106
4.2.3	Résultats . . . . .	113
4.2.4	Discussion . . . . .	114
4.2.5	Conclusion . . . . .	115
	<b>Conclusion et Perspectives</b>	<b>117</b>
	<b>Annexes</b>	<b>122</b>
	<b>A Publications Scientifiques</b>	<b>122</b>
A.1	Revue internationale . . . . .	122
A.2	Conférences internationales . . . . .	123
	<b>Bibliographie</b>	<b>124</b>

# Introduction

L'intelligence artificielle (IA) se positionne aujourd'hui comme un moteur de transformation dans le domaine de la santé digitale, offrant des opportunités sans précédent pour améliorer la précision des diagnostics, personnaliser les traitements, et optimiser la gestion des soins de santé. La médecine de précision, en particulier, bénéficie largement des capacités avancées de l'IA à analyser et interpréter de vastes quantités de données cliniques et génomiques, permettant des soins sur mesure basés sur les caractéristiques individuelles des patients. L'intégration de l'IA dans la médecine de précision ne se limite pas à l'analyse des données ; elle redéfinit les paradigmes de la prise en charge médicale en facilitant des décisions thérapeutiques plus informées et en permettant un suivi continu et personnalisé des patients. Ce potentiel de l'IA à transformer les soins est encore plus évident lorsqu'il s'agit de gérer des conditions critiques telles que les accidents vasculaires cérébraux (AVC), où le temps et la précision des diagnostics sont des facteurs déterminants de survie et de récupération.

L'AVC représente une urgence médicale majeure où chaque seconde est vitale. La rapidité du diagnostic et de la prise en charge initiale influence directement les résultats cliniques des patients, soulignant le besoin urgent de solutions innovantes pour améliorer la précision et l'efficacité des interventions. Dans ce contexte, les techniques d'IA, notamment l'apprentissage profond (Deep Learning), apportent des outils puissants pour la classification des images médicales, facilitant ainsi la détection rapide des anomalies associées aux AVC. Par exemple, l'utilisation des réseaux de neurones convolutifs (CNN) et des modèles de transformers de vision (Vision Transformers, ViT) pour l'analyse des images de résonance magnétique (IRM) et de tomodensitométrie (CT) cérébrale a montré des résultats prometteurs, augmentant la précision des diagnostics tout en réduisant les délais. Ces techniques d'apprentissage profond permettent une analyse fine des images, aidant à distinguer entre des cas d'AVC et des images normales, ce qui est crucial pour les décisions thérapeutiques rapides. L'optimisation des outils de diagnostic via l'IA a un potentiel immense pour transformer la gestion des AVC, notamment dans les régions sous-équipées ou avec un accès limité à des soins spécialisés.

En Afrique, où les AVC représentent une part importante des maladies neurologiques, l'étude des facteurs de risque régionaux et l'adaptation des modèles d'IA aux spécificités locales sont essentielles pour améliorer les stratégies de prévention et de traitement. Les conditions socio-économiques et l'accès limité aux soins de santé spécialisés compliquent davantage la gestion des AVC, rendant l'application de l'IA encore plus pertinente pour diagnostiquer rapidement et efficacement ces maladies. Les techniques d'IA permettent d'explorer les données épidémiologiques et cliniques de manière approfondie, révélant des insights précieux pour une prise en charge plus ciblée et efficace des AVC ischémiques dans cette région. En analysant des données régionales spécifiques, cette recherche vise à fournir des stratégies basées sur des preuves pour une gestion optimale des AVC, en tirant parti des capacités de l'IA à analyser de grandes quantités de données médicales complexes.

Les contributions de cette thèse se concentrent sur deux axes principaux : l'application de l'IA dans la médecine de précision et la classification des AVC à partir d'images médicales en utilisant des techniques d'apprentissage profond. D'une part, elle examine l'impact de l'IA sur la médecine de précision en mettant en évidence comment ces technologies peuvent révolutionner les diagnostics et traitements personnalisés en s'appuyant sur des données variées et complexes. D'autre part, elle explore en détail la classification des AVC en utilisant des modèles CNN et ViT. Les contributions réalisées dans le cadre de cette recherche incluent l'utilisation du modèle VGG-16 pour la classification des AVC ischémiques à partir des scans IRM marocains, ainsi que l'application du modèle ViT-b16 aux mêmes types d'images IRM et aux images de CT cérébrale. Ces approches montrent une amélioration notable dans la précision et la rapidité des diagnostics, démontrant le potentiel des modèles d'apprentissage profond pour transformer les pratiques cliniques actuelles.

Cette thèse est structurée en plusieurs chapitres, chacun abordant des aspects spécifiques de la recherche. Voici un aperçu détaillé de son organisation :

**Chapitre 1 - Concepts Fondamentaux en Médecine de Précision, AVC et Intelligence Artificielle.** Ce chapitre établit le contexte de la recherche, en introduisant les concepts clés nécessaires à la compréhension de cette recherche. Il commence par une discussion sur la médecine de précision, abordant son importance et les défis récents dans ce domaine. Ensuite, il explore le rôle de l'intelligence artificielle dans l'amélioration des diagnostics et des traitements personnalisés, mettant en lumière comment l'IA peut transformer la médecine de précision. Une attention particulière est portée aux AVC, avec une analyse des facteurs de risque spécifiques dans le contexte africain.

**Chapitre 2 - État de l'Art des Avancées de l'IA en Médecine de Précision et Prise en Charge des AVC.** Ce chapitre passe en revue la littérature existante et les travaux connexes dans le domaine de l'intelligence artificielle appliquée à la médecine de précision, ainsi qu'à la gestion des accidents vasculaires cérébraux. Il est structuré en trois sections principales : les deux premières sections se concentrent sur les méthodes d'IA pour la médecine de précision, explorant les avancées récentes et les applications potentielles de l'IA dans le diagnostic et le traitement personnalisés, basées sur une revue systématique de la littérature (SLR) et un article de review. La troisième section est dédiée à l'application des méthodes d'IA à la médecine de précision dans le contexte des AVC, en s'appuyant sur une revue narrative qui met en lumière les méthodes spécifiques utilisées pour améliorer la prise en charge et le diagnostic des AVC à l'aide de l'IA. Chaque section présente les contributions issues de ces articles de revue et conclut par une synthèse des principaux points abordés, fournissant un cadre solide pour les recherches présentées dans les chapitres suivants.

**Chapitre 3 - Classification des AVC Ischémiques dans le Contexte Africain avec les Réseaux de Neurones Convolutifs.** Ce chapitre explore les facteurs de risque spécifiques aux AVC ischémiques dans le contexte africain et utilise des réseaux de neurones convolutifs

pour la classification. La première section examine en détail les facteurs de risque pour les AVC ischémiques en Afrique, mettant en évidence les particularités et les défis de cette région. La deuxième section présente une étude sur la classification des AVC ischémiques en utilisant les réseaux neuronaux convolutifs VGG-16, basée sur des scans IRM marocains. Les résultats obtenus démontrent l'efficacité des CNN dans ce contexte spécifique, avec des conclusions détaillées sur les performances et les implications de ces méthodes.

#### **Chapitre 4 - Classification des AVC avec des Modèles de Vision Transformers.**

Ce chapitre analyse l'utilisation des modèles de vision transformers pour la classification automatisée des AVC. Il présente deux contributions majeures : une étude utilisant les transformers pour la classification des AVC à partir de scans IRM et une autre utilisant les scans CT. Les résultats montrent que les modèles de vision transformers offrent des performances prometteuses pour la classification des AVC, avec des discussions détaillées sur les avantages et les limitations de ces approches. Le chapitre conclut avec une synthèse des principaux résultats obtenus avec ces modèles.

En résumé, cette thèse met en évidence l'importance de l'IA dans la médecine de précision et la gestion des AVC, en soulignant ses contributions potentielles à la personnalisation des soins et à l'amélioration des diagnostics. En combinant les forces de l'IA et de l'apprentissage profond, elle ouvre la voie à une nouvelle ère de soins de santé plus efficaces et accessibles, où des décisions cliniques plus précises et plus rapides peuvent être prises, améliorant ainsi les résultats pour les patients.

# Chapitre 1

## Concepts Fondamentaux en Médecine de Précision, AVC et Intelligence Artificielle

### 1.1 Médecine de précision

#### 1.1.1 Introduction

Au sein du paysage captivant de la médecine contemporaine, le concept de la médecine de précision a pris racine en 2011, inaugurant une ère remarquable où les traitements médicaux sont méticuleusement adaptés pour correspondre aux caractéristiques individuelles de chaque patient (Klonoff et al., 2020). Cette approche novatrice, qui se distingue par son individualisation des soins, repose sur une compréhension approfondie des variations génétiques, environnementales et comportementales de chaque personne. En s'écartant des paradigmes médicaux traditionnels, qui privilégient des traitements standardisés pour des populations homogènes, la médecine de précision vise à optimiser les interventions médicales en fonction des spécificités uniques de chaque patient.

#### 1.1.2 Contexte

Dans le domaine de la médecine de précision, caractérisé par une évolution et une croissance constantes, les individus bénéficient de traitements médicaux personnalisés et d'interventions pour la prévention des maladies avec une précision inégalée (Abbaoui et al., 2022). Cette approche est alimentée par des avancées significatives dans les technologies génomiques, les bio-informatiques et les bases de données médicales. L'objectif principal de la médecine de précision est de personnaliser les thérapies proactives et préventives afin d'améliorer l'efficacité globale des soins médicaux (Ho et al., 2019). En outre, la médecine de précision offre une multitude de promesses, notamment la capacité de détecter ou de prédire des maladies à un stade précoce, de fournir des diagnostics précis et d'optimiser les traitements, tout en accordant une importance primordiale à l'exactitude, à la rentabilité et à la rapidité des interventions (figure 1.1).

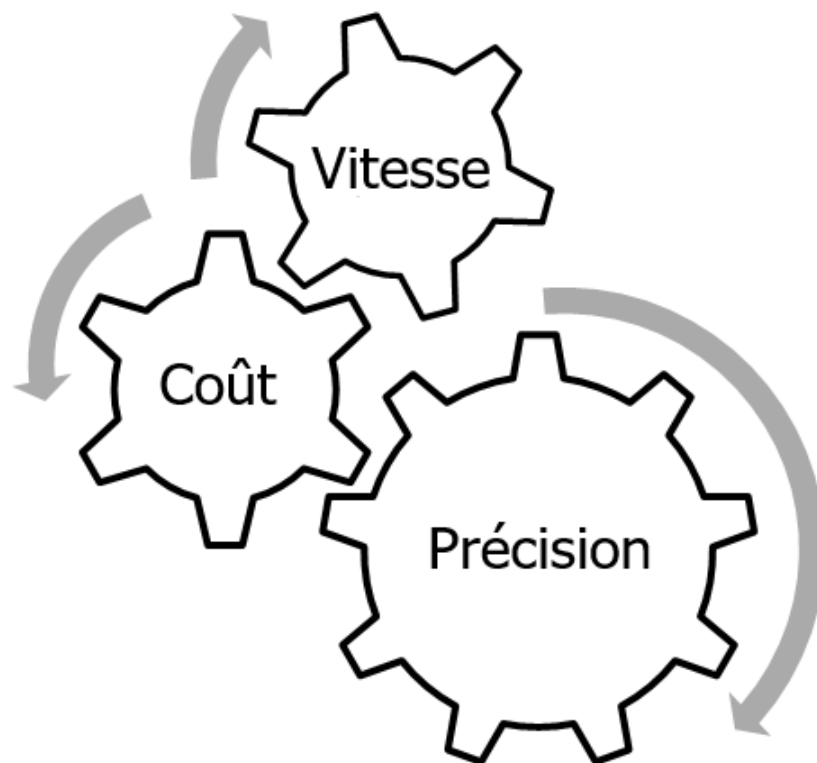


FIGURE 1.1 – Objectifs vitaux de la médecine de précision.

### 1.1.3 Rôle de l'intelligence artificielle dans la médecine de précision

À une époque marquée par des progrès rapides en intelligence artificielle (IA), en apprentissage automatique (ML) et en technologies associées, la médecine de précision se distingue comme une force transformatrice. Ces technologies révolutionnaires permettent d'exploiter une quantité massive de données biologiques et cliniques, ouvrant la voie à des décisions de gestion clinique en temps réel adaptées au parcours unique de chaque patient. Contrairement aux approches cliniques conventionnelles, la médecine de précision accorde une importance primordiale à l'exploration des profils complets des patients, englobant leur constitution génétique, leurs caractéristiques physiques et leurs modèles métaboliques (Klonoff et al., 2020; Abbaoui, 2024). Dans ce contexte, l'intelligence artificielle émerge comme le catalyseur central propulsant l'évolution de la médecine de précision.

L'intelligence artificielle, une branche de l'informatique, opère dans un domaine où les machines accomplissent des tâches nécessitant traditionnellement l'intelligence humaine (Adir et al., 2020). En construisant des algorithmes robustes, les systèmes d'IA sont initialement entraînés avec des données organisées, où chaque point de données est généralement associé à une étiquette ou annotation définie par des experts ou des systèmes préexistants (Subramanian et al., 2020). Ces algorithmes apprennent et s'améliorent à partir de ces données, ce qui leur permet de faire des prédictions et de prendre des décisions de plus en plus précises au fil du temps.

Significativement, l'IA comprend le ML et le deep learning (DL), qui sont des éléments clés de cette vaste discipline. L'IA, en particulier, transforme la médecine en améliorant l'analyse des images biomédicales, les soins aux patients, les pronostics et le soutien à la décision clinique (Hamamoto et al., 2020). À une vitesse époustouflante, l'IA atteint des sommets extraordinaires, amplifiant son influence dans le mouvement mondial vers la médecine de précision (Boniolo et al., 2021). La figure 1.2 illustre l'intégration de l'IA dans la médecine de précision pour améliorer les résultats de santé. Simultanément, la figure 1.3 capture visuellement cette intégration profonde, montrant comment le rôle transformateur de l'IA améliore le diagnostic des maladies, les soins aux patients et contribue aux objectifs globaux de la médecine de précision.

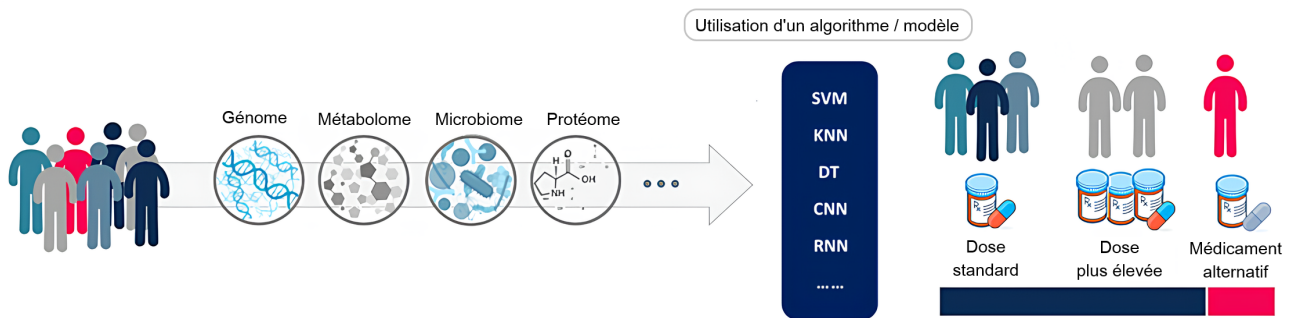


FIGURE 1.2 – IA pour la médecine de précision.

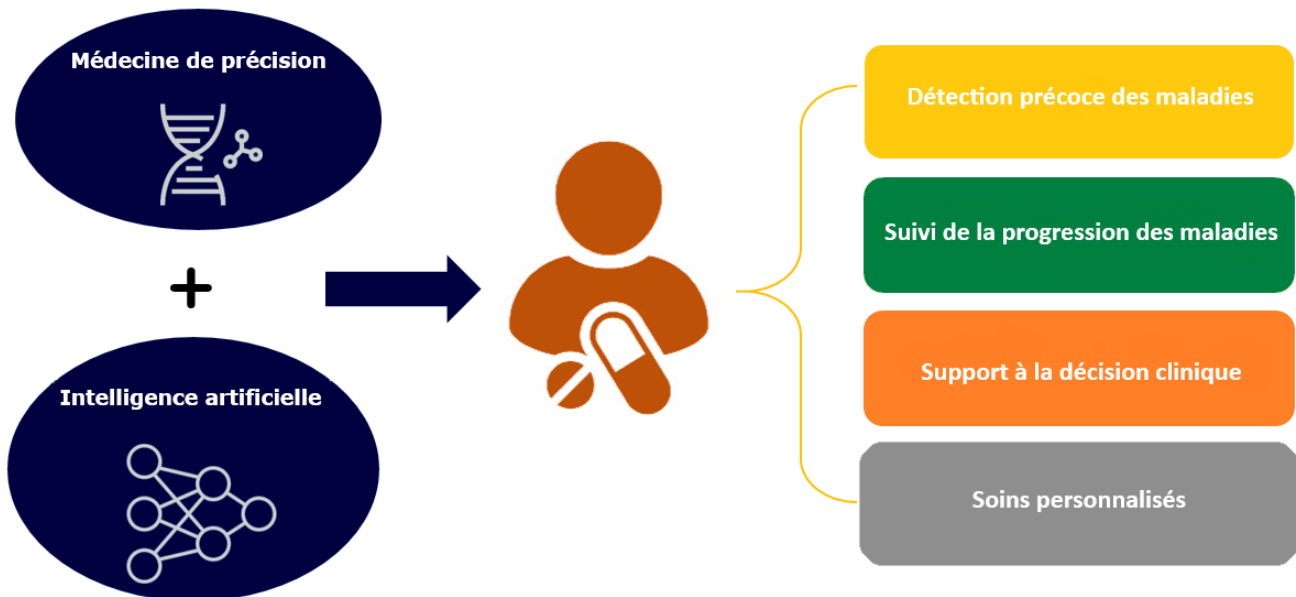


FIGURE 1.3 – Intégration transformative de l'IA dans la médecine de précision.

#### 1.1.4 Conclusion

L'intégration de l'IA dans la médecine de précision représente un bond en avant significatif, offrant des opportunités sans précédent pour améliorer les soins aux patients et les résultats cliniques. À mesure que l'IA continue d'évoluer, son rôle dans le domaine de la médecine de précision s'étendra indubitablement, entraînant de nouvelles innovations et améliorations dans la prestation des soins de santé. Le parcours de la médecine de précision, renforcé par l'IA, illustre le potentiel transformateur de la combinaison de technologies avancées et d'approches médicales personnalisées, promettant un avenir où les soins de santé sont plus précis, efficaces et adaptés aux besoins individuels de chaque patient. En conclusion, cette synergie entre la médecine de précision et l'intelligence artificielle représente non seulement une avancée technique mais aussi une révolution dans la manière dont les soins de santé sont conceptualisés et délivrés, ouvrant la voie à une médecine véritablement personnalisée et optimale pour chaque individu.

## 1.2 Accident Vasculaire Cérébral (AVC)

### 1.2.1 Introduction

L'AVC se classe parmi les principales causes de décès dans le monde, touchant plus de 100 millions de personnes chaque année (Herpich and Rincon, 2020; Katan and Luft, 2018; Sailaja and Pattani, 2023; Inamdar et al., 2021). Chaque année, environ 6.2 millions de décès sont attribués aux AVC, ce qui en fait la deuxième cause de mortalité globale et la troisième cause de décès prématuré à l'échelle mondiale (Ayoub et al., 2023). Cette tendance alarmante s'étend au continent africain, y compris la région nord-africaine, où l'AVC représente un fardeau de santé significatif.

### 1.2.2 Contexte

L'AVC est une condition médicale caractérisée par la perte de fonction neurologique due à diverses causes sous-jacentes. La cause prédominante de l'AVC est l'ischémie, souvent résultant de l'athérosclérose. Les facteurs de risque contributifs incluent l'hypertension, le diabète sucré et l'hyperlipidémie. D'autres étiologies englobent l'embolie cardiaque et les vasculopathies (Wallace, 2016). L'AVC est généralement classé en deux types principaux : l'AVC ischémique et l'AVC hémorragique. L'AVC ischémique se produit lorsqu'il y a un blocage ou une altération de l'apport sanguin à une partie du cerveau, entraînant une privation d'oxygène et de nutriments, provoquant ainsi des dommages au tissu cérébral (Wallace, 2016; Schaller, 2016; Tursynova et al., 2022). En revanche, l'AVC hémorragique est causé par la rupture d'un vaisseau sanguin dans le cerveau, entraînant des saignements et des dommages subséquents au tissu cérébral environnant (Ilkhomovna et al., 2020). La figure 1.4 illustre la différence entre ces deux types d'AVC.

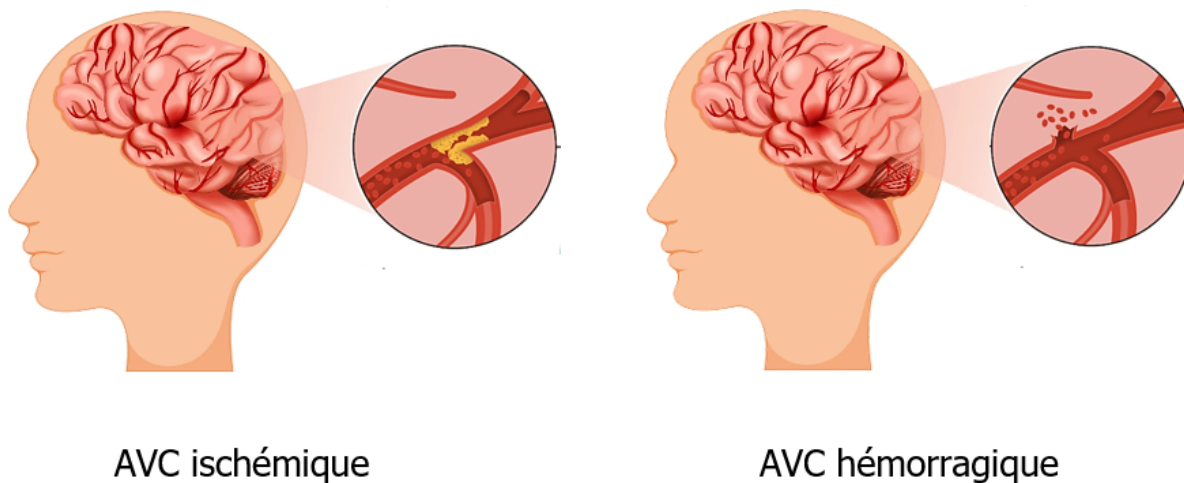


FIGURE 1.4 – AVC ischémique et hémorragique.

### 1.2.3 Exploration des facteurs de risque pour les AVC ischémiques dans le contexte africain

L'AVC cérébral survient lorsque le flux sanguin vers le cerveau est obstrué ou réduit en raison de facteurs tels que les caillots ou les saignements, entraînant une privation d'oxygène et de nutriments, ce qui peut entraîner la mort des cellules cérébrales, causant des dommages cérébraux permanents et des incapacités. L'AVC figure parmi les principales causes de mortalité au niveau mondial et est également une cause majeure de handicap. En effet, cette condition médicale peut entraîner une variété de déficits neurologiques graves, notamment des déficits sensoriels, des difficultés motrices, une atrophie musculaire, des problèmes cognitifs et des troubles psychosociaux, en plus de provoquer la paralysie, la perte de vision et des problèmes de parole (Schimmel et al., 2017). En raison de la gravité de l'AVC, il est crucial d'obtenir un diagnostic et un traitement précis et rapide, domaine où la médecine de précision peut jouer un rôle vital. En adaptant les traitements aux besoins spécifiques de chaque patient, la médecine de précision peut aider à améliorer les résultats et à réduire l'impact de l'AVC sur les individus et la société dans son ensemble.

Selon l'Organisation mondiale de la santé (WHO, 2020), l'AVC est un problème de santé publique global qui nécessite une attention particulière en raison de ses impacts dévastateurs à long terme. En plus de son effet immédiat sur la santé des individus, la WHO met en avant l'importance d'adopter des approches préventives et des soins adaptés pour réduire l'incidence de l'AVC et améliorer la qualité de vie des survivants. Les données suivantes illustrent la gravité de cette affection.

- Environ 15 millions de personnes subissent un AVC chaque année, entraînant 5 millions de décès et laissant 5 millions de personnes avec des incapacités permanentes (Banerjee et al., 2011; Chen et al., 2020).
- L'AVC est responsable d'environ 11% de tous les décès dans le monde (WHO, 2020).
- L'AVC touche principalement les personnes âgées, mais peut survenir à tous les âges, y compris chez les enfants et les jeunes adultes (Singhal et al., 2013).
- La prévalence de l'AVC est plus élevée dans les pays à revenu faible et intermédiaire que dans les pays à revenu élevé (Johnson et al., 2016).
- Les facteurs de risque d'AVC comprennent l'hypertension, le tabagisme, le diabète, le cholestérol élevé, l'obésité et les modes de vie sédentaires (Johnson et al., 2016).
- L'hypertension artérielle est le principal facteur de risque d'AVC, responsable de 35% à 50% des cas d'AVC dans le monde (Portegies et al., 2016).
- L'AVC peut être prévenu en s'attaquant aux facteurs de risque modifiables tels que l'hypertension, le diabète, le cholestérol élevé et le tabagisme.
- L'AVC peut être traité avec des médicaments thrombolytiques, des anticoagulants et la chirurgie (Saadi, 2018).

Ces statistiques soulignent l'importance de la prévention et du traitement de l'AVC. Grâce à la médecine de précision, il est possible d'améliorer les résultats et de réduire le fardeau de l'AVC sur les individus et la société.

L'épidémiologie de l'AVC ischémique aigu est influencée par une interaction complexe de facteurs de risque individuels, de déterminants sociétaux et de variations géographiques Towfighi et al. (2023). Bien que certains facteurs de risque, tels que l'hypertension, le diabète et le tabagisme, soient largement reconnus, leur prévalence et leur impact peuvent différer selon les populations (Ovbiagele and Nguyen-Huynh, 2011). De plus, les prédispositions génétiques, les pratiques culturelles et l'accès aux services de santé contribuent aux disparités observées dans l'incidence et les résultats de l'AVC.

Dans le contexte africain, l'AVC ischémique aigu pose un défi croissant de santé publique. La diversité des paysages, des cultures et des infrastructures de santé en Afrique contribue à la variabilité interrégionale et intrarégionale complexe des modèles d'AVC. Par conséquent, comprendre les caractéristiques démographiques, les facteurs de risque et les implications cliniques de l'AVC ischémique aigu en Afrique est crucial pour le développement d'initiatives ciblées de prévention, de gestion et de politiques.

Pour fournir une description complète du système vasculaire complexe dans le cerveau, en se concentrant sur les principales artères et leur pertinence pour l'AVC ischémique aigu, la figure 1.5 illustre l'anatomie des artères cérébrales, y compris l'artère carotide externe, l'artère carotide interne et l'artère carotide commune, tout en illustrant l'afflux de sang en provenance du cœur. Notamment, la présence de caillots sanguins et de dépôts graisseux dans ces vaisseaux souligne leur contribution potentielle aux événements ischémiques. La vue inférieure met en évidence le cercle de Willis, un réseau spécial d'artères dans le cerveau qui aide à maintenir le flux sanguin. Il comprend l'artère carotide interne, l'artère basilaire et l'artère vertébrale. Ce réseau agit comme un système de secours offrant des voies alternatives en cas de blocages artériels.

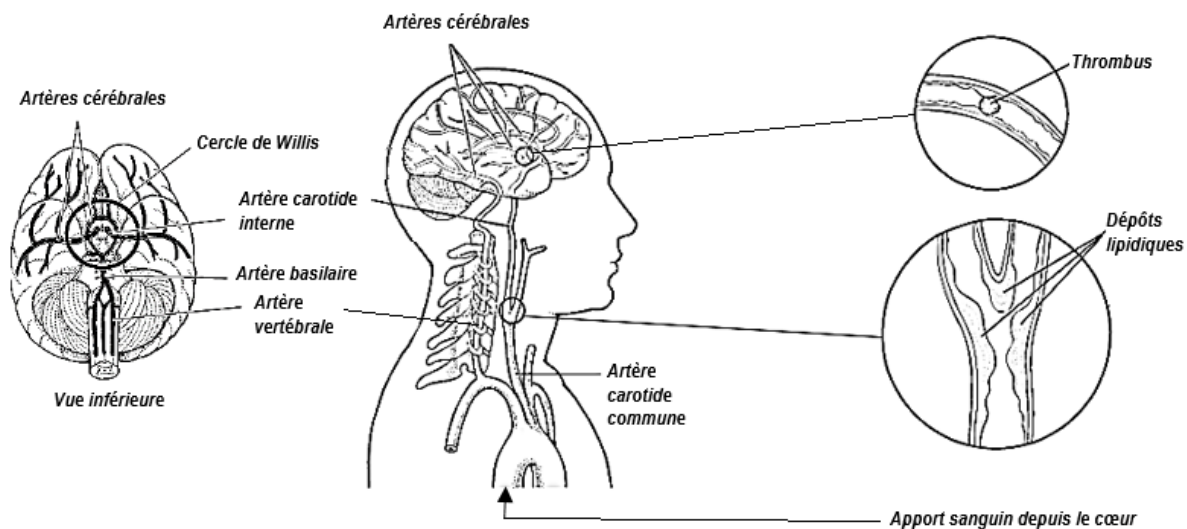


FIGURE 1.5 – Anatomie des artères cérébrales.

### 1.2.4 Conclusion

L'intégration de l'intelligence artificielle et de la médecine de précision représente un bond en avant significatif, offrant des opportunités sans précédent pour améliorer les soins aux patients victimes d'AVC et les résultats cliniques. À mesure que l'IA et la médecine de précision continuent d'évoluer, leur rôle dans la gestion des AVC s'étendra indubitablement, entraînant de nouvelles innovations et améliorations dans la prestation des soins de santé. En comprenant mieux les caractéristiques épidémiologiques et les facteurs de risque de l'AVC ischémique dans différents contextes, y compris l'Afrique, nous pouvons développer des stratégies plus efficaces pour la prévention et le traitement de cette maladie dévastatrice.

## 1.3 Concepts fondamentaux de l'intelligence artificielle (IA)

### 1.3.1 Bases de l'intelligence artificielle et de l'apprentissage automatique

L'intelligence artificielle est une branche de l'informatique dédiée à la création de systèmes capables de réaliser des tâches nécessitant normalement l'intelligence humaine (Adir et al., 2020). Les algorithmes d'IA sont conçus pour traiter des données organisées, où chaque point de données est souvent étiqueté ou annoté (Subramanian et al., 2020). De manière significative, dans le contexte actuel, l'IA englobe l'apprentissage automatique (ML) et l'apprentissage profond (DL), qui sont des éléments cruciaux de cette discipline en pleine expansion.

Dans le cadre de l'apprentissage automatique, divers algorithmes se distinguent par leur capacité à résoudre des problèmes de classification, de régression et de clustering dans différents contextes d'application. Les méthodes telles que Random Forest, SVM, arbres de décision, et K-means sont particulièrement reconnues pour leur robustesse et leur adaptabilité. Nous examinerons ces algorithmes en détail ci-dessous.

#### Random Forest

L'algorithme Random Forest utilise une technique où plusieurs arbres de décision sont générés en utilisant une sélection aléatoire de variables indépendantes. Son objectif est de prédire des étiquettes de résultats pour un ensemble particulier d'échantillons (Ross et al., 2016). Dans le domaine de l'apprentissage automatique, trouver un équilibre entre précision et interprétabilité a toujours été un défi. Les méthodes d'apprentissage par ensemble, telles que les forêts aléatoires, abordent ce problème en combinant plusieurs classificateurs pour créer un modèle très précis, bien que l'interprétabilité en soit compromise (Valdes et al., 2016).

#### Machine à vecteurs de support (SVM)

La machine à vecteurs de support est un modèle d'apprentissage supervisé couramment utilisé pour classer des données en plusieurs catégories. Le terme 'vecteur de support' désigne la marge utilisée par l'algorithme pour déterminer si les données appartiennent ou non à une catégorie spécifique. L'un des principaux avantages du SVM est sa capacité à gérer de grands ensembles de données avec de nombreuses variables ou dimensions. La polyvalence du SVM est évidente dans son application à divers ensembles de données, allant de l'identification des types de tissus et de cellules à partir de données d'expression de microréseaux génétiques à la catégorisation des mammographies pour détecter la présence ou l'absence de microcalcifications (Handelman et al., 2018). Grâce à ses avantages en matière de régularisation et d'optimisation convexe, le SVM est devenu un algorithme de classification très prisé, démontrant systématiquement des performances exceptionnelles dans une large gamme de problèmes de classification (Lee et al., 2017).

## Arbre de décision

Les algorithmes basés sur les arbres de décision sont particulièrement adaptés aux ensembles de données de taille modérée. Ces algorithmes utilisent des arbres de décision pour classifier les données en les partitionnant de manière répétée en fonction du biomarqueur le plus informatif. Le biomarqueur avec le plus grand 'gain d'information' statistique est considéré comme le plus informatif. La combinaison des arbres de décision en ensembles, comme dans une forêt aléatoire, améliore considérablement leur efficacité. Le boosting, une technique qui attribue des poids plus élevés aux échantillons difficiles pendant l'entraînement, peut être appliqué pour entraîner ces ensembles. Les modèles basés sur des arbres sont très appréciés pour leur polyvalence, leur facilité d'entraînement et leur capacité à gérer des caractéristiques corrélées ou inutiles sans surapprentissage. Par conséquent, ils ont gagné en popularité (Ko et al., 2018).

## K-means

Le K-means est l'un des algorithmes de clustering les plus couramment utilisés, offrant une solution efficace de partitionnement des données pour les ensembles de données de haute dimension. Cet algorithme est connu pour sa simplicité et sa rapidité de calcul par rapport au clustering hiérarchique. Malgré le fait qu'il s'agisse d'une technique d'apprentissage non supervisé en reconnaissance de formes et en apprentissage automatique, l'algorithme K-means et ses extensions sont constamment affectés par les initialisations, en particulier le nombre prédéfini de clusters. Une initialisation correcte des centroïdes est cruciale dans l'algorithme K-means, car une initialisation inadéquate peut conduire à des solutions sous-optimales et produire des résultats insatisfaisants (Santos et al., 2015; Dhanachandra et al., 2015; Sinaga and Yang, 2020).

### 1.3.2 Réseaux de neurones artificiels et apprentissage profond

Les modèles de réseaux de neurones artificiels (ANN) sont d'une importance capitale, avec une capacité robuste d'auto-apprentissage et des capacités complexes de traitement de l'information biologique. Ces modèles sont largement appliqués dans le domaine du diagnostic, du pronostic, de l'analyse d'images médicales et du traitement des maladies graves.

L'apprentissage profond est une sous-catégorie de l'apprentissage automatique qui utilise des réseaux de neurones artificiels et s'inspire de la complexité du système cognitif humain. En incorporant plusieurs couches cachées, les architectures d'apprentissage profond peuvent capturer des relations non linéaires complexes et exprimer des hypothèses complexes (Yu et al., 2019). Cette caractéristique permet à l'apprentissage profond de réussir dans diverses applications, telles que la détection automatique de lésions, la proposition de diagnostics différentiels, la génération de rapports radiologiques préliminaires et même la suggestion de systèmes de traitement personnalisés. De plus, l'apprentissage profond offre un cadre précieux pour faire progresser la recherche médicale dans différents domaines.

### 1.3.3 Réseaux de neurones convolutifs pour le traitement d'images

Les réseaux de neurones convolutifs (CNN), une sous-catégorie des réseaux de neurones artificiels, ont démontré des performances remarquables dans de nombreuses tâches de vision par ordinateur et sont de plus en plus reconnus et utilisés dans divers domaines, y compris le domaine médical. En incorporant des composants essentiels tels que des couches de convolution, des couches de pooling et des couches entièrement connectées, les CNN sont conçus pour apprendre de manière efficace et autonome des caractéristiques spatiales hiérarchiques grâce au processus itératif de rétropropagation (Yamashita et al., 2018).

#### Fonctionnement des CNN

Les CNN s'inspirent du système visuel humain, en utilisant des couches de neurones artificiels pour extraire des informations à différents niveaux de granularité. Voici les principales composantes des CNN :

##### *Couches de convolution*

Appliquent des filtres à l'image d'entrée pour détecter des caractéristiques locales comme les bords, les textures et les formes.

##### *Couches de pooling*

Réduisent la dimensionnalité de l'image tout en préservant les informations les plus importantes, ce qui diminue la complexité computationnelle.

##### *Couches entièrement connectées*

Combinent les informations extraites des couches précédentes pour effectuer des classifications ou des régressions.

#### Avantages des CNN pour le traitement d'images médicales

Les CNN présentent plusieurs avantages significatifs pour le traitement des images médicales :

##### *Apprentissage automatique*

Les CNN apprennent automatiquement à partir de données d'entraînement sans avoir besoin de programmation manuelle pour identifier des caractéristiques spécifiques, ce qui les rend adaptables à une grande variété de tâches.

##### *Robustesse au bruit*

Les CNN sont robustes au bruit et aux variations d'éclairage dans les images médicales, les rendant plus fiables que les méthodes traditionnelles d'analyse d'images.

### *Précision accrue*

Les CNN ont démontré une précision supérieure dans diverses tâches de traitement d'images médicales, telles que la détection de cancer, la segmentation d'organes et l'analyse vasculaire.

### **Applications des CNN en médecine**

Les CNN ont de nombreuses applications en médecine, notamment :

#### *Détection du cancer*

Les CNN peuvent détecter des anomalies dans les images médicales, telles que les mammographies et les tomographies par émission de positons (PET), aidant au diagnostic précoce du cancer.

#### *Segmentation d'organes*

Les CNN peuvent identifier et segmenter automatiquement des organes dans les images médicales, crucial pour la planification chirurgicale et le suivi thérapeutique.

#### *Analyse vasculaire*

Les CNN peuvent analyser des images d'artères et de veines pour détecter des maladies vasculaires telles que l'athérosclérose, les anévrismes et les accidents vasculaires cérébraux (AVC).

#### *Imagerie médicale générative*

Les CNN peuvent générer des images médicales réalistes à partir de données limitées, utiles pour la formation de modèles d'IA et la visualisation de données médicales complexes.

### **Défis et perspectives**

Malgré leurs nombreux avantages, les CNN en médecine présentent certains défis :

#### *Données d'entraînement biaisées*

Les modèles de CNN peuvent être biaisés si les données d'entraînement ne sont pas représentatives de la population cible, ce qui peut conduire à des erreurs de diagnostic et à des inégalités dans les soins de santé.

#### *Interprétabilité des modèles*

Il peut être difficile de comprendre comment les CNN prennent leurs décisions, limitant leur adoption dans certains contextes médicaux.

### *Confidentialité des données*

L'utilisation de données médicales sensibles soulève des questions de confidentialité et de sécurité.

Malgré ces défis, les perspectives d'avenir pour l'utilisation des CNN en médecine sont extrêmement prometteuses. L'amélioration des modèles, l'accès à des données plus importantes et diversifiées, et le développement de méthodes d'interprétation des modèles devraient contribuer à une adoption plus large des CNN dans le domaine médical, améliorant ainsi la qualité des soins et l'accès au diagnostic pour tous.

#### **1.3.4 Transformateurs dans l'intelligence artificielle générative**

Les transformateurs sont une architecture de réseaux de neurones introduite pour la première fois dans le domaine du traitement automatique du langage naturel (NLP). Ils ont révolutionné l'IA générative en permettant de traiter des séquences de données de manière plus efficace et avec une meilleure performance par rapport aux modèles précédents.

Les transformateurs utilisent des mécanismes d'attention pour pondérer l'importance de différentes parties des données d'entrée, ce qui permet de capturer des relations à long terme dans les séquences. Cette approche est particulièrement puissante pour des tâches telles que la traduction automatique, la génération de texte et la synthèse de langage.

Le modèle Transformer se compose d'une série de couches d'encodage et de décodage, chaque couche comprenant des sous-couches d'attention et des couches de feedforward. Les modèles pré-entraînés tels que BERT (Bidirectional Encoder Representations from Transformers) et GPT (Generative Pre-trained Transformer) ont démontré des performances exceptionnelles dans diverses tâches de NLP.

Les transformateurs ont également été adaptés pour d'autres domaines, y compris le traitement d'images, la modélisation de séquences audio et la génération de contenu créatif, renforçant ainsi leur rôle central dans l'IA générative moderne.

L'intelligence artificielle générative (IAg) basée sur les transformateurs offre un potentiel révolutionnaire pour la création de contenu médical. En exploitant la puissance des modèles de langage comme les transformateurs, l'IAg peut générer des contenus médicaux réalistes, personnalisés et pertinents, contribuant ainsi à améliorer la communication, l'éducation et la recherche dans le domaine médical.

#### **Amélioration de la communication médicale**

L'IAg peut générer des résumés clairs et concis de dossiers médicaux complexes, facilitant la compréhension des informations par les patients et les professionnels de santé non spécialisés. Cela peut améliorer la communication entre les médecins et les patients, favorisant une prise de décision médicale plus éclairée et une meilleure implication des patients dans leurs soins.

### **Création de contenus pédagogiques personnalisés**

L'IAg peut générer des supports pédagogiques personnalisés pour les étudiants en médecine et les professionnels de santé, en s'adaptant à leurs besoins et à leur niveau de connaissance. Cela peut inclure des simulations de cas cliniques, des tutoriels interactifs et des explications détaillées de concepts médicaux complexes.

### **Génération de rapports de recherche médicale**

L'IAg peut automatiser la génération de rapports de recherche médicale, en analysant des données complexes et en rédigeant des rapports clairs et concis. Cela peut libérer le temps des chercheurs pour qu'ils se concentrent sur des tâches plus importantes et accélérer la diffusion des résultats de recherche.

### **Développement d'outils d'aide à la décision clinique**

L'IAg peut générer des outils d'aide à la décision clinique qui assistent les médecins dans le diagnostic et le traitement des patients. Cela peut inclure des systèmes d'alerte précoce pour les risques potentiels, des suggestions de traitements personnalisés et des outils de pronostic.

### **Défis et considérations éthiques**

L'utilisation de l'IAg dans le domaine médical soulève des défis et des considérations éthiques importants. Il est crucial de garantir que les contenus générés par l'IA soient précis, fiables et exempts de biais. De plus, il est important de protéger la confidentialité des données médicales et de garantir que les systèmes d'IAg soient utilisés de manière transparente et responsable.

L'IAg basée sur les transformateurs offre un potentiel immense pour révolutionner la création de contenu médical, en améliorant la communication, l'éducation, la recherche et la prise de décision clinique. En relevant les défis et en considérant les implications éthiques, l'IAg peut devenir un outil précieux pour améliorer la qualité des soins de santé et l'accès à l'information médicale pour tous.

## Chapitre 2

# État de l'Art des Avancées de l'IA en Médecine de Précision et Prise en Charge des AVC

## 2.1 IA au Service de la Médecine de Précision

### 2.1.1 Introduction

Récemment, l'intelligence artificielle a démontré un potentiel significatif à transformer les données en informations pertinentes, ce qui a profondément influencé le secteur médical. L'IA est ainsi mise en œuvre dans diverses applications médicales, allant du diagnostic et de la prévision des maladies à l'optimisation des traitements, en passant par le développement de médicaments et la gestion de la santé publique. Ces progrès, particulièrement en médecine, découlent de la capacité des algorithmes d'apprentissage automatique à traiter des données multidimensionnelles. Dans ce contexte, notre étude (Abbaoui et al., 2022) a exploré la littérature récente portant sur l'application des algorithmes d'apprentissage automatique et d'apprentissage profond dans la médecine de précision, en mettant en évidence leur rôle dans la personnalisation des soins médicaux. Cette section vise à fournir un aperçu de ces approches et de leurs contributions potentielles à la médecine de précision.

### 2.1.2 Méthodologie de Recherche

#### Protocole de Planification

Cette étude prend en considération le protocole de planification suivant :

#### *Questions de Recherche*

- Comment les méthodes d'IA sont-elles utilisées dans les applications de médecine de précision ?
- Quels algorithmes d'apprentissage automatique sont les plus couramment utilisés pour traiter les données médicales et fournir des informations importantes aux professionnels de santé ?
- Quelles sont les disciplines médicales les plus impliquées et qui bénéficient le plus des progrès en médecine de précision ?
- Quels types de données sont utilisés pour appliquer les méthodes d'IA ?

### *Bases de données pour la recherche bibliographique*

Cette étude a été réalisée à l'aide de *Scopus*, une base de données de référence en matière de littérature scientifique.

### *Critères d'inclusion*

Les documents suivants ont été pris en compte : articles de revues, papiers de conférences et chapitres de livres ;

- Indexés dans la base de données Scopus ;
- Rédigés en anglais ;
- Décrivant la méthodologie ;
- Études transversales analysant les évolutions au fil des années.

### *Critères d'exclusion*

- Travaux ne se concentrant pas sur le rôle de l'intelligence artificielle dans l'évolution et le progrès de la médecine de précision.
- Travaux ne présentant aucun type d'expérimentation ou de résultats comparatifs, et se contentant uniquement de propositions.
- Travaux datant d'avant l'année 2015.

### *Critère de qualité*

Articles se concentrant sur la synergie entre l'IA et la médecine de précision et son impact sur le système de santé.

## Extraction de la littérature pertinente

### *Répartition des publications entre revues et conférences*

Parmi les 33 documents sélectionnés, 16 sont des articles de review, 15 sont des articles de recherche, 1 est un article de conférence et 1 est une note (figure 2.1).

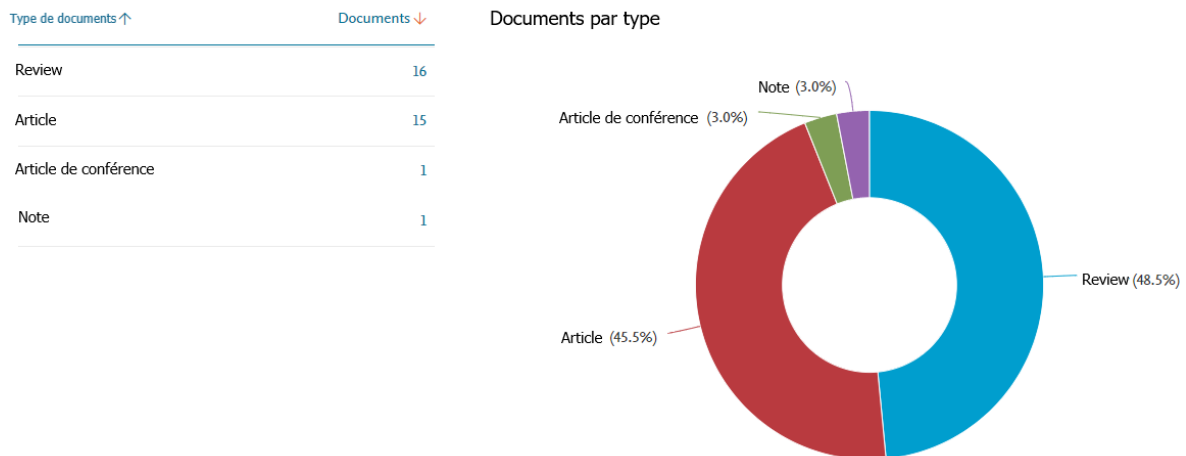


FIGURE 2.1 – Nombre de documents par type (Scopus).

### *Analyse des citations*

Une des mesures de qualité d'un article publié est le nombre de fois où celui-ci a été cité par d'autres chercheurs. Pour réaliser une analyse des citations et garantir la qualité des articles sélectionnés, la plateforme Scopus a été choisie pour déterminer le nombre de citations des articles retenus dans cette étude.

Le tableau 2.1 présente les dix articles les plus cités parmi tous les articles sélectionnés, classés par ordre décroissant. L'article de conférence intitulé '*Deep visual-semantic alignments for generating image descriptions*' (Karpathy and Fei-Fei, 2015) se distingue avec le nombre le plus élevé de citations enregistrées (2313). Le deuxième article le plus cité, avec 686 citations, est l'article '*Novel subgroups of adult-onset diabetes and their association with outcomes : a data-driven cluster analysis of six variables*' (Ahlqvist et al., 2018). Le troisième article le plus cité est '*Deep Learning for Health Informatics*' (Ravi et al., 2017), avec 682 citations.

Selon les résultats de l'analyse des citations, le h-index de tous les articles sélectionnés est de 25.

TABLE 2.1 – Top 10 des articles les plus cités.

<b>Article</b>	<b>Année de publication</b>	<b>Citations</b>
(Karpathy and Fei-Fei, 2015)	2015	2313
(Ahlqvist et al., 2018)	2018	686
(Ravi et al., 2017)	2017	682
(Lee et al., 2017)	2017	433
(Krittanawong et al., 2017)	2017	310
(Choi et al., 2017)	2017	314
(Mobadersany et al., 2018)	2018	283
(Huynh et al., 2016)	2016	268
(Katzman et al., 2018)	2018	250
(Vallières et al., 2017)	2017	193

La figure 2.2 présente un aperçu des citations des articles sélectionnés de 2015 à 2021.

### *Répartition des publications au fil des années*

La figure 2.3 montre le nombre d'articles publiés de 2014 à 2021. Ces statistiques illustrent clairement l'intérêt croissant pour les applications de l'intelligence artificielle et divers algorithmes pouvant ouvrir de nouvelles perspectives pour des soins de santé efficaces et personnalisés dans le monde entier. Les articles ont été publiés dans la base de données bien établie et hautement indexée 'Scopus', à commencer par quatre articles publiés en 2014, puis 512 articles entre 2015 et 2018, et enfin 1646 articles entre 2019 et 2021.

Les résultats de l'analyse révèlent que la tendance à publier dans ce domaine de recherche a augmenté à partir de 2016. Cette tendance peut être soutenue par le fait que l'apprentissage automatique, les modèles d'apprentissage profond et les applications de l'IA inaugurent une nouvelle ère de découverte axée sur les données dans le secteur de la santé. Cela révèle un domaine de recherche prometteur déjà établi, ce qui explique l'investissement massif de nombreuses entreprises technologiques, telles qu'IBM, Apple et Google, dans l'analyse des données de santé pour faire progresser la médecine personnalisée et accroître la précision et la prédiction des résultats pour les patients.

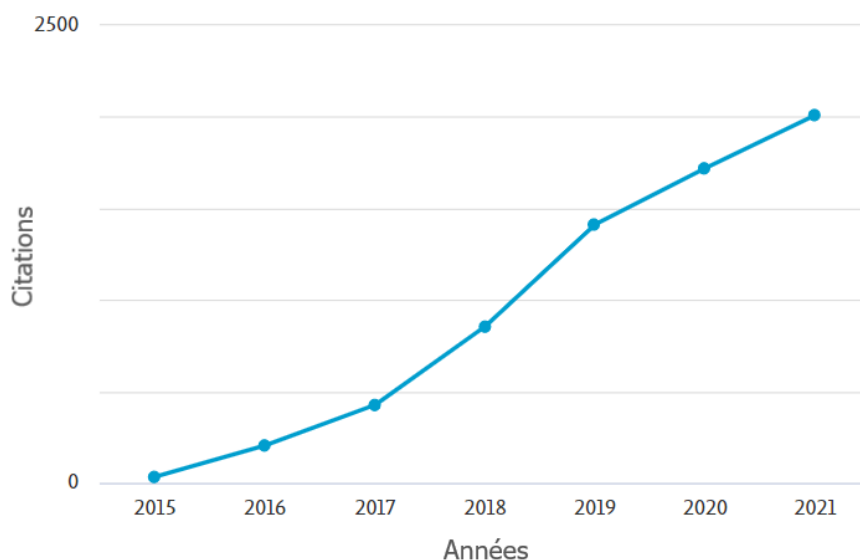


FIGURE 2.2 – Nombre de citations par année (Scopus).

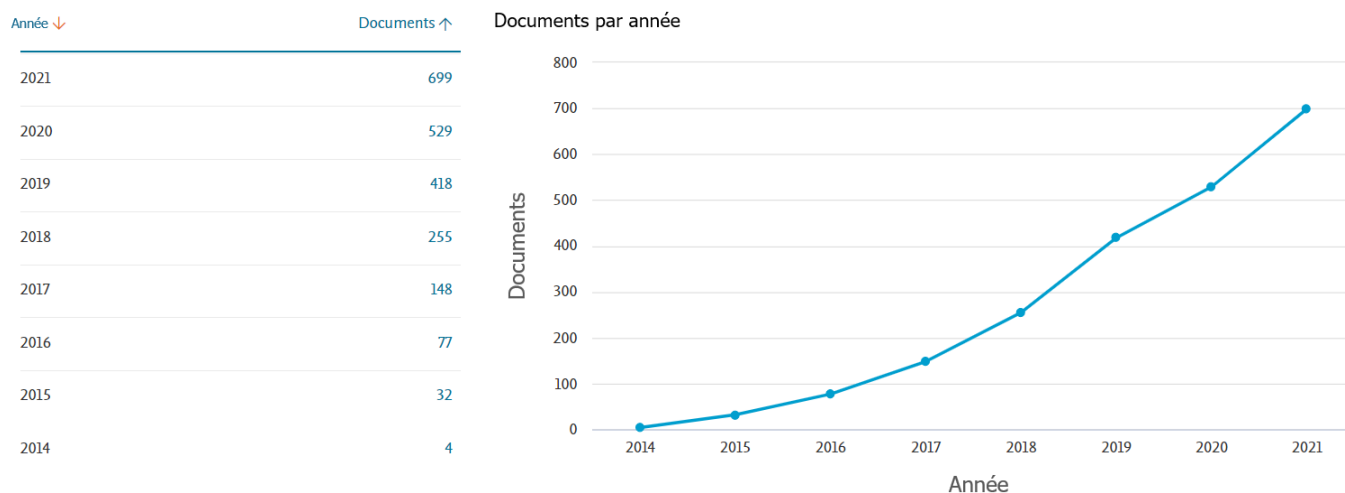


FIGURE 2.3 – Nombre de documents par année dans la base de données (Scopus).

### 2.1.3 Résultats de l'analyse de la littérature

#### Analyse des méthodes d'apprentissage automatique

Les méthodes d'apprentissage automatique, combinées à de vastes bases de données électroniques sur la santé, pourraient offrir une approche personnalisée de la médecine en améliorant le diagnostic et la prédiction des réactions individuelles aux thérapies (Wilkinson et al., 2020).

Étant donné que l'apprentissage automatique est capable de traiter d'énormes volumes de données avec des interactions complexes entre les variables, il est plus susceptible de promouvoir la médecine de précision que les approches statistiques conventionnelles (Shah, 2017).

La majorité des approches d'apprentissage automatique peuvent être divisées en deux types : supervisées et non supervisées. L'apprentissage automatique supervisé est basé sur un résultat défini (Shah, 2017). Les méthodes supervisées sont excellentes pour la classification et la régression. Des exemples récents incluent la détection d'un nodule pulmonaire à partir d'une radiographie pulmonaire ; des modèles d'estimation du risque de thérapie anticoagulante (Noorbakhsh-Sabet et al., 2019). En revanche, les algorithmes d'apprentissage non supervisé sont utilisés pour trouver des patterns cachés dans les données d'entraînement qui ne sont pas étiquetées. Les techniques les plus répandues pour regrouper les données en ensembles auparavant confus sont les approches de clustering en apprentissage non supervisé, telles que le clustering K-means (Peng et al., 2021). D'autres algorithmes, tels que l'apprentissage par renforcement, peuvent être considérés comme une combinaison d'apprentissage supervisé et non supervisé visant à améliorer la précision par essais et erreurs (Noorbakhsh-Sabet et al., 2019).

#### Forêts aléatoires

Le compromis entre précision et interprétabilité a toujours été un problème pour les applications d'apprentissage automatique. Les approches d'apprentissage par ensemble, telles que les forêts aléatoires, qui combinent de nombreux classificateurs dans un modèle très précis mais moins interprétable, surpassent fréquemment les arbres de décision (Valdes et al., 2016).

Les algorithmes de forêt aléatoire ont été utilisés dans l'angiographie par tomographie computerisée coronarienne, les réadmissions pour insuffisance cardiaque (IC), et les modèles de prédiction de risque et de survie pour l'insuffisance cardiaque en médecine cardiovasculaire de précision (Krittanawong et al., 2017).

Dans une étude d'oncologie de précision, les chercheurs ont cherché à augmenter la capacité prédictive de leurs modèles de prédiction en combinant des variables radiomiques avec des données cliniques. La première étape de leur méthode consiste à utiliser la régression logistique sur l'extraction rapide de variables radiomiques. Les forêts aléatoires sont ensuite utilisées pour combiner les informations radiomiques (entrées continues) et cliniques (entrées catégorielles) en un seul classificateur. Les résultats obtenus ont montré que la combinaison de variables cliniques avec les variables radiomiques optimales via les forêts aléatoires avait un impact positif sur la prédiction et l'évaluation pronostique des récurrences locorégionales et des métastases à distance (Vallières et al., 2017).

### Machines à vecteurs de support (SVM)

En neuroradiologie, distinguer les altérations post-traitement telles que la nécrose par irradiation et la pseudo-progression de la véritable progression/récurrence tumorale est une difficulté typique. À cet égard, il existe seulement quelques études qui utilisent l'IA pour distinguer les altérations post-traitement du développement de tumeurs du système nerveux central.

Dans une étude portant sur 31 patients atteints de gliome traités par chirurgie et chimiothérapie, le classificateur SVM a été entraîné à diagnostiquer la pseudo-progression par rapport à la récurrence. Le classificateur pour la pseudo-progression a une sensibilité et une spécificité de 89.91 et 93.72%, respectivement, avec une AUC de 0.94 (Sotoudeh et al., 2019).

Dans le domaine de la recherche pronostique sur la démence, les SVM se sont révélées être une présence significative, étant impliquées dans 30 des 37 études sélectionnées et dans la construction de 38 modèles proposés, selon les conclusions tirées d'une revue systématique de la littérature (SLR). Ces données incluent à la fois les SVM traditionnelles et leurs variantes. Les SVM ont été largement adoptées comme la méthode d'apprentissage automatique privilégiée, étant utilisées dans chacune des 30 études pour évaluer si les patients présentant une déficience cognitive légère (MCI) étaient susceptibles de développer la maladie d'Alzheimer (AD) (Dallora et al., 2017).

### Arbre de décision

Les algorithmes basés sur les arbres de décision sont particulièrement utiles pour les ensembles de données de petite à moyenne taille. En effet, les arbres de décision classifient les données en les divisant de manière itérative en fonction du biomarqueur le plus informatif, défini comme celui offrant le plus grand 'gain d'information' en termes statistiques. Lorsque ces arbres de décision sont regroupés en ensembles, comme une forêt aléatoire, leur utilité s'accroît considérablement. Le boosting, une technique qui permet d'attribuer un poids supplémentaire aux échantillons difficiles à catégoriser lors de l'entraînement, peut être utilisé pour renforcer ces ensembles. En raison de leur polyvalence, de leur facilité d'entraînement et de leur capacité à gérer les caractéristiques corrélées ou inutiles sans surajustement, les modèles basés sur les arbres de décision jouissent d'une grande popularité (Ko et al., 2018).

L'intelligence artificielle a également été utilisée pour prédire rapidement les patients présentant le plus grand risque, ce qui permet de les prioriser et potentiellement de réduire le taux de mortalité. Dans le cadre d'une étude menée à Wuhan, en Chine, des chercheurs de l'hôpital de Tongji ont analysé les dossiers de santé électroniques (EHR) de 375 patients hospitalisés afin d'utiliser des mesures cliniques comme caractéristiques et ont entraîné un modèle d'arbre de décision à gradient amélioré. L'accuracy du système s'est avérée être de 93%. L'utilisation de ce modèle permettrait aux médecins d'identifier rapidement les situations critiques et de prendre les mesures appropriées.

Par ailleurs, le modèle a également identifié trois caractéristiques cliniques cruciales : la déshydrogénase lactique, le compte lymphocytaire et la protéine C-réactive à haute sensibilité (Santus et al., 2021).

### **K-means**

Une analyse de cluster, basée sur les données, a été réalisée en utilisant l'algorithme des k-means ainsi que le clustering hiérarchique pour étudier les patients nouvellement diagnostiqués avec le diabète (n=8980) dans la cohorte suédoise de tous les nouveaux diabétiques en Scanie. Les clusters ont été créés en se basant sur 6 variables : les anticorps anti-glutamate décarboxylase, l'âge au moment du diagnostic, l'indice de masse corporelle (BMI), l'hémoglobine glyquée, ainsi que les estimations du modèle homéostatique 2 de la fonction des cellules  $\beta$  et de la résistance à l'insuline. Ces clusters ont ensuite été reliés à des données prospectives issues des dossiers des patients, concernant l'incidence des problèmes et les prescriptions de médicaments. Les registres du diabète de Scanie (n = 1466), de tous les nouveaux diabétiques à Uppsala (n = 844), et de Vaasa (n = 3485) ont été utilisés pour reproduire les résultats.

Cette étude représente la première étape vers une classification plus précise et cliniquement significative en combinant les informations issues du diagnostic avec celles du système de santé. Elle marque ainsi une avancée essentielle vers la médecine de précision dans le domaine du diabète (Ahlqvist et al., 2018).

Dans une autre étude, les chercheurs ont utilisé le clustering des k-means pour proposer une nouvelle classification basée sur les niveaux de sévérité du trouble bipolaire (BD), visant ainsi à assister les cliniciens dans les processus de médecine personnalisée et de prise de décision partagée. Notons que les résultats obtenus ont abouti à la formation de 12 profils issus de 5 domaines de vie différents, lesquels ont permis de classer les patients en cinq clusters distincts. Ces profils incluent des indicateurs tels que le nombre d'hospitalisations et de tentatives de suicide, la présence de troubles de la personnalité comorbides, l'indice de masse corporelle, le syndrome métabolique, le nombre de maladies physiques comorbides, la fonction cognitive, l'invalidité permanente liée au BD, le fonctionnement global et le fonctionnement pendant les loisirs, ainsi que la perception du fonctionnement et de la santé mentale du patient. Les chercheurs ont également recueilli des preuves préliminaires de la validité de cette classification : tout d'abord, tous les profils ont présenté un fonctionnement adéquat, avec une amélioration significative en corrélation avec la gravité des clusters. De plus, les clusters les plus sévères ont nécessité un traitement pharmacologique plus complexe (Fuente-Tomas et al., 2019).

### **Réseaux de neurones artificiels (ANN)**

En raison de leurs puissantes capacités d'auto-apprentissage et de traitement d'informations biologiques complexes, les modèles d'ANN ont été largement utilisés dans le diagnostic de maladies, l'analyse d'imagerie et la prédiction de pronostics. L'objectif d'une étude rétrospective menée par (Que et al., 2019) est d'établir un modèle de réseau neuronal capable de prédire la survie à long terme des patients atteints de cancer de l'estomac avant la chirurgie, afin d'évaluer l'état de la tumeur avant l'intervention chirurgicale.

Dans le domaine de la chirurgie plastique, les chirurgiens plasticiens pourraient utiliser des ANN pour prédire les complications postopératoires après une chirurgie craniofaciale de la même manière que les ANN ont été utilisés pour prédire la récurrence des maladies cardiovasculaires (Kim et al., 2019).

Dans l'ensemble, les applications d'apprentissage profond sont un ensemble d'approches qui utilisent des architectures de réseaux neuronaux avancées. Ces approches sont capables de modéliser et d'apprendre les corrélations prédites dans une grande variété de types de données, et elles ont le potentiel de révolutionner l'avenir de la recherche omique et des applications de médecine de précision (Grapov et al., 2018).

### **Apprentissage profond (DL)**

L'apprentissage profond représente une technologie d'IA prometteuse, capable de détecter automatiquement des lésions, de proposer des diagnostics différentiels, et de générer des rapports radiologiques préliminaires. Il peut également servir de système de recommandation pour des traitements personnalisés et constituer un cadre utile pour la recherche médicale future.

Dans une étude dirigée par (Katzman et al., 2018), l'introduction du DeepSurv, un réseau neuronal profond de risques proportionnels de Cox, a marqué une avancée majeure en modélisant les interactions entre les covariables des patients et l'efficacité du traitement, afin de proposer des recommandations thérapeutiques personnalisées.

Dans une autre étude menée par (Futoma et al., 2015), différents modèles ont été comparés pour leur capacité à prédire les réadmissions hospitalières à partir de vastes bases de données d'enregistrements médicaux électroniques. De plus, ces chercheurs ont appliqué des méthodes d'apprentissage profond aux cinq conditions utilisées par les Centers for Medicare and Medicaid Services (CMS) pour évaluer et pénaliser les hôpitaux.

Par ailleurs, le DL a ouvert la voie à une personnalisation accrue des soins de santé en extrayant efficacement des informations multimodales non structurées, stockées dans les hôpitaux, les fournisseurs de services cloud et les organisations de recherche. Avec l'accès croissant aux données, les systèmes d'apprentissage profond peuvent évoluer pour fournir des résultats là où l'interprétation humaine est complexe. Cette évolution accélère les diagnostics et réduit l'incertitude dans le processus décisionnel. Toutefois, l'intégration des données dans les domaines de l'informatique médicale peut constituer un défi pour l'avenir de la médecine de précision (Ravi et al., 2017).

### ***Réseaux de neurones convolutifs (CNN)***

Dans une étude préliminaire, (Huynh et al., 2016) ont démontré que les CNN ont le potentiel pour le diagnostic assisté par ordinateur (CADx) en apprenant directement des caractéristiques à partir de données d'images au lieu d'utiliser des caractéristiques extraites analytiquement. Étant donné qu'il est difficile de former des CNN à partir de zéro pour les images médicales en raison de tailles d'échantillon réduites et de variations dans les présentations tumorales, l'apprentissage par transfert peut être utilisé pour extraire des informations sur les tumeurs à partir d'images médicales via des CNN initialement pré-entraînés pour des tâches non médicales, minimisant ainsi le besoin de vastes ensembles de données.

Dans une autre étude portant sur l'histologie, (Mobadersany et al., 2018) ont présenté une approche informatique pour apprendre les résultats des patients à partir d'images de pathologie numérique. Ils ont illustré comment les réseaux de neurones convolutionnels de survie (SCNN) peuvent intégrer des informations à la fois à partir d'images histologiques et de biomarqueurs génomiques dans un cadre unifié pour prédire les résultats dans le temps. Les résultats de ce travail mettent en évidence le rôle émergent de l'apprentissage profond dans la médecine de précision.

Dans le domaine de la radiologie de précision, (Oakden-Rayner et al., 2017) ont présenté des expériences de preuve de concept pour démontrer comment des images tomographiques informatisées en coupe (CT) peuvent être utilisées pour prédire la longévité des patients. Ils ont également montré que le DL avec les CNN peut être utilement appliqué à la recherche en radiomique. Pour ce faire, un CNN a été spécifiquement conçu pour prédire la mortalité toutes causes confondues. Ces résultats soulignent l'importance de l'analyse d'images informatiques appliquée aux images médicales recueillies de manière routinière, offrant ainsi un potentiel considérable pour améliorer les initiatives de médecine de précision.

### *Réseaux de neurones récurrents (RNN)*

L'objectif de l'étude de (Choi et al., 2017) est de proposer un nouveau cadre de modèle prédictif pour le diagnostic de l'insuffisance cardiaque (HF). En utilisant une fenêtre d'observation de 12 mois, l'aire sous la courbe (AUC) du modèle RNN était de 0.777, ce qui est significativement plus élevé que les AUC des algorithmes d'apprentissage supervisé, à savoir : régression logistique, K-nearest neighbors (KNN), SVM et perceptron multicouche (MLP). Selon les résultats de l'étude, le RNN est la meilleure approche pour prédire le diagnostic de l'HF.

Dans une autre étude, (Karpathy and Fei-Fei, 2015) ont présenté une architecture RNN multimodale qui prend une image en entrée et fournit une description textuelle de celle-ci. Leurs expériences ont révélé que les phrases générées dépassent les références basées sur la récupération et produisent des prédictions qualitatives significatives.

#### **2.1.4 Conclusion**

En conclusion, la transition vers un système de santé axé sur les données aura des répercussions profondes pour les patients, les cliniciens et la société civile. En effet, la médecine de précision ne peut se concrétiser en pratique clinique sans le soutien des méthodes avancées d'intelligence artificielle. Cependant, l'IA ne pourra véritablement accomplir sa mission que si elle demeure un outil sûr, efficace et éprouvé pour le traitement des patients et l'amélioration des soins de santé. Néanmoins, de nombreux défis techniques et réglementaires doivent encore être surmontés pour que l'approche de la médecine de précision basée sur l'IA devienne une réalité.

## 2.2 Analyse Systématique des Méthodes d'IA pour la Médecine de Précision

### 2.2.1 Introduction

Les revues systématiques occupent un rôle unique et significatif dans le domaine de la santé. Elles jouent un rôle crucial dans l'élaboration des directives de pratique et constituent des sources d'information précieuses pour la prise de décision clinique, tout en orientant les futures recherches (Shamseer et al., 2015). Reconnues pour leur rigueur méthodologique, les revues systématiques représentent l'apogée de la synthèse des preuves en santé. Idéalement, ces revues devraient respecter des critères d'éligibilité préétablis et être réalisées selon un framework méthodologique prédéfini (Moher et al., 2015). Notre étude (Abbaoui et al., 2024a) a mené une analyse systématique des méthodes d'intelligence artificielle appliquées à la médecine de précision, en fournissant un cadre exhaustif pour évaluer l'efficacité et les applications de ces approches dans différents contextes cliniques.

### 2.2.2 Méthodologie de recherche

#### Protocole de Planification

Ce document adopte le protocole de planification suivant pour la réalisation de la revue :

#### *Questions de recherche*

- Comment les méthodes d'IA redéfinissent-elles le paysage des applications en médecine de précision ?
- Quels algorithmes d'apprentissage automatique dominent le traitement des données médicales, fournissant des informations essentielles aux professionnels de la santé ?
- Quelles disciplines médicales bénéficient le plus des avancées en médecine de précision ?
- Quels types de données alimentent l'application des méthodes d'IA dans les percées médicales ?

#### *Bases de données pour la recherche bibliographique*

Cette étude repose sur l'utilisation de *Scopus*, la base de données scientifique reconnue, comme pierre angulaire pour la recherche documentaire.

### *Critères d'inclusion*

Les critères de sélection de la littérature pertinente dans cette étude incluent les éléments suivants :

- Inclusion d'articles de revues, de papiers de conférences et de chapitres de livres.
- Indexation dans la base de données Scopus.
- Rédaction en langue anglaise.
- Contenant une explication complète de la méthodologie employée.
- Englobant des études transversales examinant les changements au fil des années.

### *Critères d'exclusion*

Les critères suivants ont été utilisés pour filtrer la littérature pour cette étude :

- Exclusion des études qui n'examinent pas spécifiquement l'impact de l'IA sur l'avancement et le développement de la médecine de précision.
- Exclusion des études qui ne présentent que des propositions sans résultats expérimentaux ou comparatifs.
- Exclusion des études publiées avant l'année 2015.

### *Critère de qualité*

Les articles qui examinent spécifiquement la collaboration entre l'intelligence artificielle et la médecine de précision et explorent les implications résultantes pour le système de santé.

### *Sélection des sources*

Les titres et résumés de toutes les publications ont été évalués individuellement. Les publications ne présentant pas de résumés, de textes complets, ou rédigées dans une langue autre que l'anglais ont été exclues. De plus, les publications non liées à l'intelligence artificielle et à la médecine de précision ont été écartées. Ensuite, les textes ont été examinés de manière indépendante et minutieuse pour vérifier s'ils répondaient à l'un des critères de recherche suivants : (1) l'intelligence artificielle en médecine de précision, (2) l'apprentissage automatique en médecine de précision, ou (3) l'apprentissage profond en médecine de précision. Les articles qui ne mettaient pas en avant la synergie entre l'IA et la médecine de précision ont également été exclus (figure 2.4).

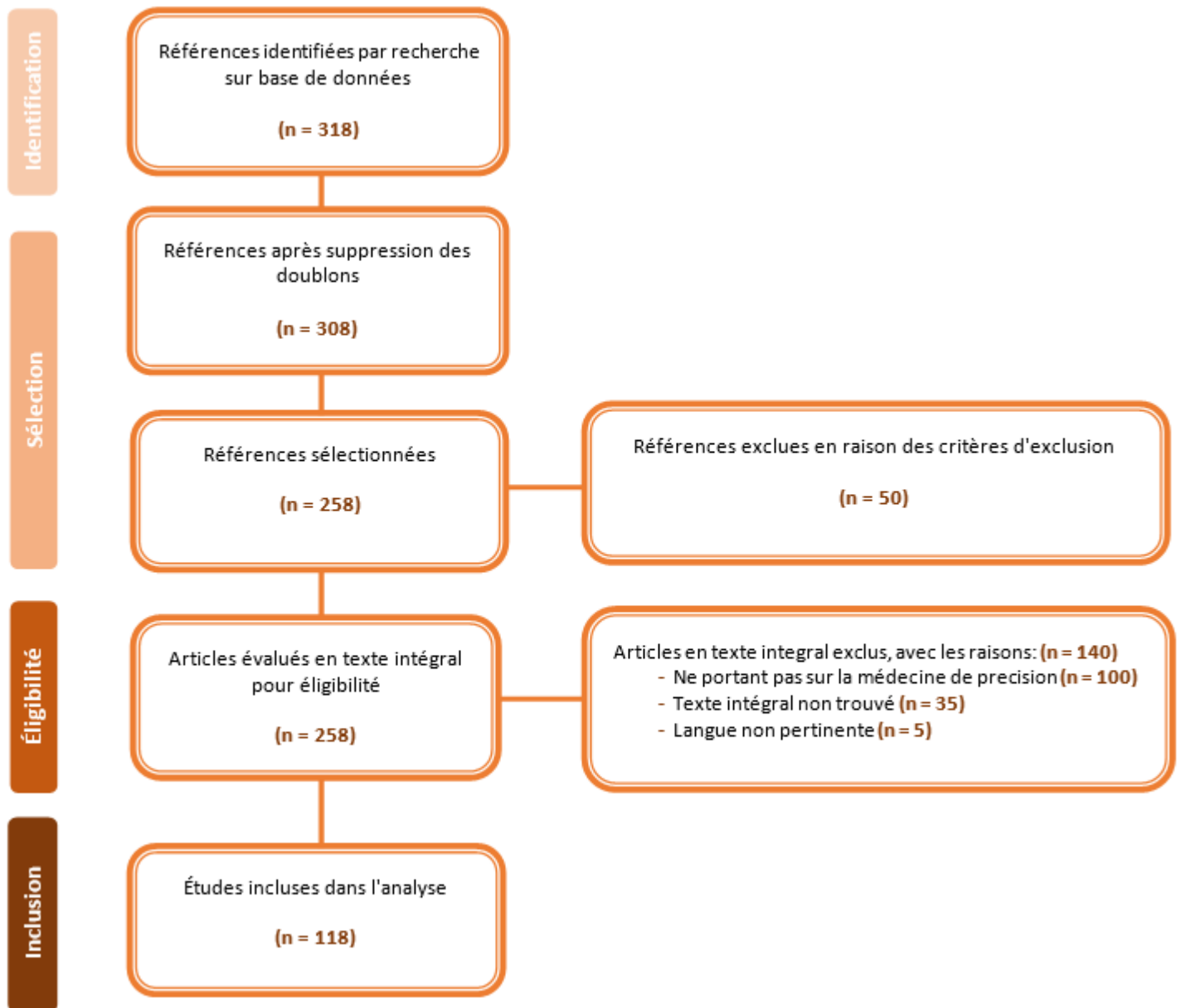


FIGURE 2.4 – Tendances des termes de recherche et des critères d'exclusion.

## Extraction de la littérature pertinente

### *Répartition des publications entre revues et conférences*

Parmi les 133 documents sélectionnés, 102 sont des articles de recherche, 23 sont des articles de review, 6 sont des articles de conférence, 1 est une note et 1 est une lettre (figure 2.5).

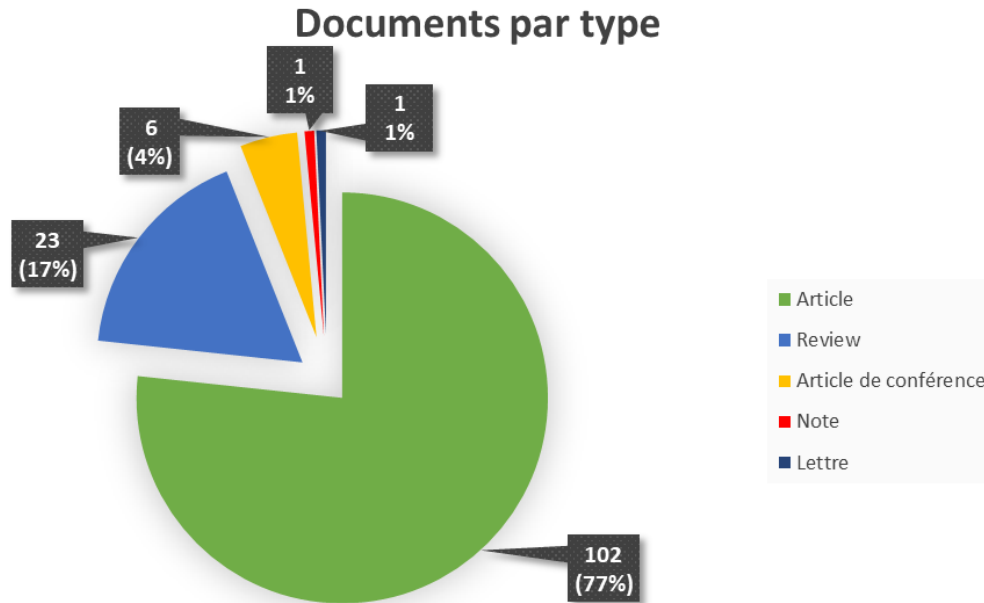


FIGURE 2.5 – Répartition des documents par type.

### *Analyse des citations*

La qualité des articles sélectionnés dans la revue de littérature est cruciale pour la robustesse de notre recherche. Afin d'évaluer l'impact et de maintenir la qualité des articles sélectionnés, nous avons utilisé la plateforme Scopus, qui nous a permis de déterminer le nombre de citations grâce à une analyse des citations.

Dans le tableau 2.2, nous présentons les dix principaux articles sélectionnés en fonction du nombre de citations, classés par ordre décroissant. Parmi ces articles, l'article intitulé '*Preferred reporting items for systematic review and meta-analysis protocols (PRISMA-P) 2015 statement*' (Moher et al., 2015) a reçu le plus grand nombre de citations (15 067), surpassant tous les autres. Le deuxième article le plus cité, avec 8035 citations, est l'article '*Preferred reporting items for systematic review and meta-analysis protocols (PRISMA-P) 2015 : Elaboration and explanation*' (Shamseer et al., 2015). Le troisième nombre le plus élevé de citations (7 833) a été attribué à l'article intitulé '*A survey on deep learning in medical image analysis*' (Litjens et al., 2017). En tenant compte des résultats de l'analyse des citations, le h-index de tous les articles sélectionnés est de 68.

TABLE 2.2 – Top 10 des articles les plus cités.

Article	Année de publication	Citations
(Moher et al., 2015)	2015	15067
(Shamseer et al., 2015)	2015	8035
(Litjens et al., 2017)	2017	7833
(Shin et al., 2016)	2016	4039
(Gu et al., 2018)	2018	3348
(Karpathy and Fei-Fei, 2015)	2015	3310
(Shen et al., 2017)	2017	2860
(Yamashita et al., 2018)	2018	2316
(Ahlqvist et al., 2018)	2018	1282
(Ravi et al., 2017)	2017	1258

La figure 2.6 fournit un résumé de l'activité de citation des articles sélectionnés de 2015 à 2023.

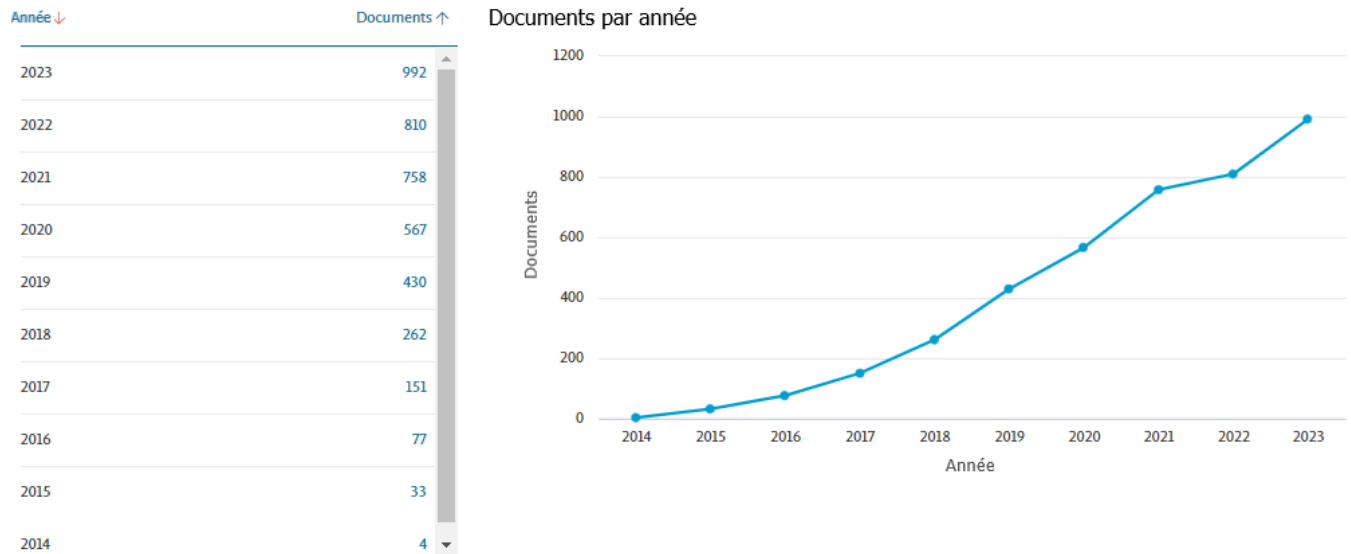


FIGURE 2.6 – Suivi du nombre de documents par année dans la base de données (Scopus).

### *Répartition des publications au fil des années*

La figure 2.7 illustre le nombre de publications entre 2014 et 2023. Ces statistiques montrent une augmentation notable de l'intérêt pour les applications de l'intelligence artificielle et les divers algorithmes, qui ont le potentiel de révolutionner les soins de santé à l'échelle mondiale, en les rendant plus efficaces et personnalisés. Les publications incluses dans cette analyse proviennent de la base de données réputée et largement indexée 'Scopus'. En 2014, seulement quatre articles ont été publiés, tandis que les années suivantes ont connu une augmentation

significative. En effet, 523 articles ont été publiés entre 2015 et 2018, suivis d'une montée en flèche avec 3557 articles publiés de 2019 à 2023. Les résultats de cette analyse indiquent une tendance croissante à publier dans ce domaine, particulièrement à partir de 2017. Cette tendance peut être attribuée à l'impact transformateur de l'apprentissage automatique, des modèles d'apprentissage profond et des applications de l'intelligence artificielle, qui propulsent une révolution centrée sur les données dans le domaine de la santé.

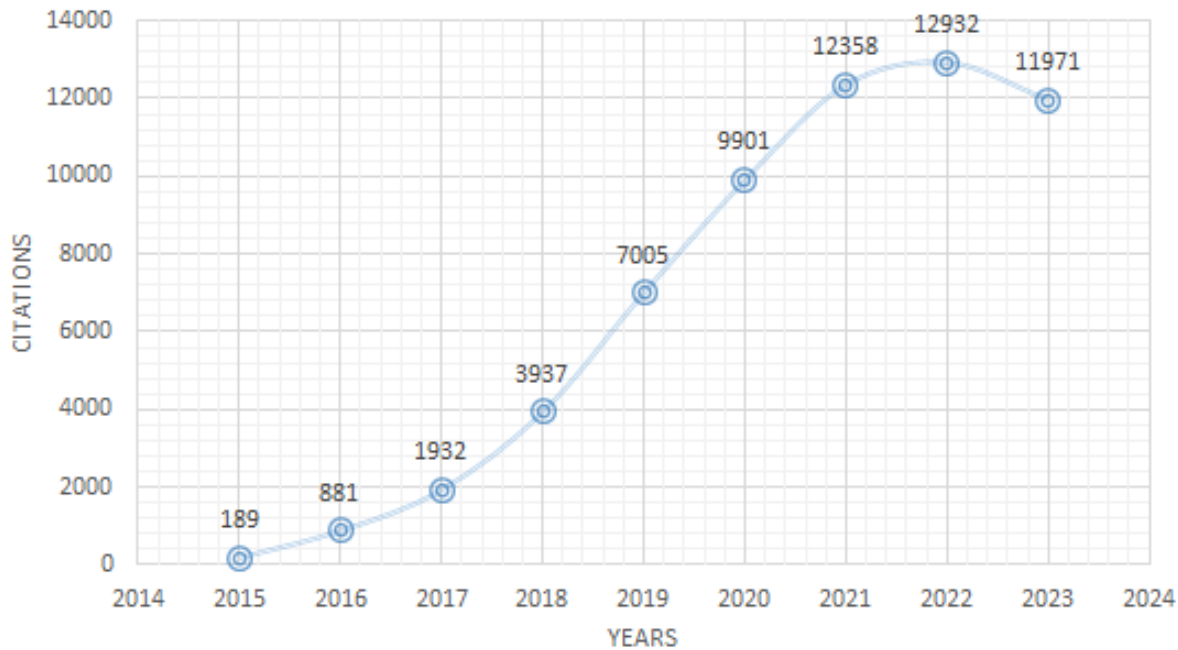


FIGURE 2.7 – Nombre de citations par année.

### *Nuage de mots des mots-clés dans les articles sélectionnés*

Le nuage de mots est une représentation sémantique et visuelle du contenu textuel où un regroupement de mots, qui synthétisent les idées et définissent un concept ou un raisonnement présenté dans un article, est affiché avec des tailles variables. Le nuage de mots est construit à partir de l'occurrence des termes utilisés : un mot apparaît plus grand et plus gras et devient plus pertinent à mesure qu'il est utilisé plus fréquemment. Cette méthode permet de visualiser les mots-clés de l'étude, offrant une compréhension intuitive des mots-clés et des concepts présents dans les articles.

La génération de l'image du nuage de mots se compose de trois étapes. Dans un premier temps, nous avons automatiquement extrait les mots-clés des articles choisis. Ensuite, nous avons procédé au nettoyage des données, ce qui a impliqué la combinaison des formes singulières et plurielles (par exemple, CNN et CNNs), la fusion des termes complets et abrégés, ainsi que la prise en compte des synonymes. Enfin, nous avons utilisé *Wordclouds.com*, un générateur de nuages de mots en ligne gratuit, pour créer le nuage de mots à partir du texte fourni. La figure 2.8 montre que la taille de la police correspond à la fréquence des mots-clés. Le nuage de



L'application du NLP dans les systèmes d'aide à la décision clinique (CDSS) dans le domaine de la médecine personnalisée a montré des résultats prometteurs en améliorant l'accuracy et l'efficacité des thérapies individualisées. Dans leur publication (Hiremath and Patil, 2022), les auteurs présentent un cadre qui intègre le NLP avec les CDSS, en mettant l'accent sur les aspects cruciaux de l'acquisition de données, du prétraitement, de l'extraction de caractéristiques et du développement de modèles.

Les auteurs soutiennent que l'intégration du NLP dans les CDSS offre un potentiel considérable pour faire progresser la médecine personnalisée en améliorant les résultats des patients, en réduisant les erreurs médicales et en optimisant la prestation des soins de santé en termes d'efficacité et de rentabilité. Néanmoins, des recherches et des développements supplémentaires sont indispensables pour exploiter pleinement les capacités des CDSS basés sur le NLP dans le contexte de la médecine personnalisée.

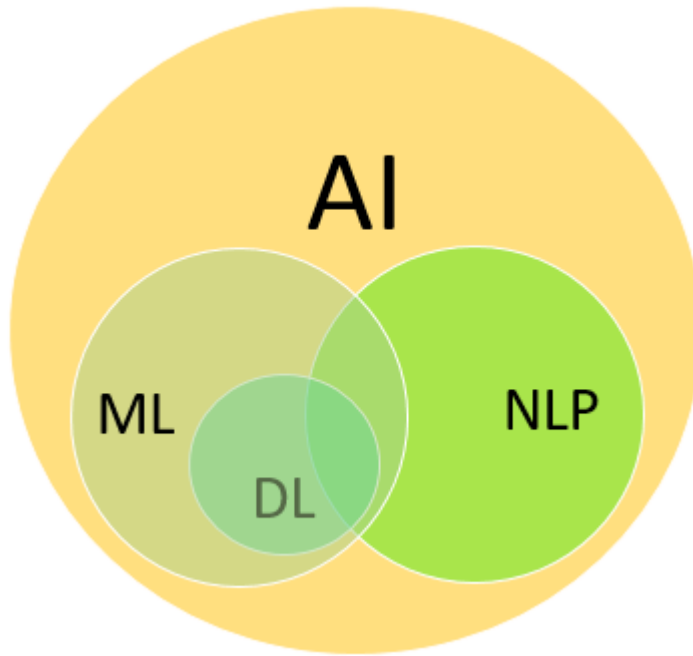


FIGURE 2.9 – Le NLP est un sous-domaine de l'IA utilisant l'apprentissage automatique et profond.

## Analyse des méthodes d'apprentissage automatique

### *Forêts aléatoires*

L'algorithme de forêt aléatoires utilise une technique où plusieurs arbres de décision sont générés à partir d'une sélection aléatoire de variables indépendantes. Son but est de prédire les étiquettes des résultats pour un ensemble spécifique d'échantillons (Ross et al., 2016).

Une approche suggère l'utilisation de modèles de classification reposant sur des ensembles de caractéristiques distincts en utilisant la méthode des forêts aléatoires. Cette recherche a mené une analyse radiomique sur 85 tumeurs primaires et 178 ganglions lymphatiques pour distinguer entre la réponse pathologique complète (pCR) et la maladie résiduelle macroscopique (GRD). Pour évaluer la performance de classification de chaque ensemble de caractéristiques, les forêts aléatoires et les méthodologies de validation croisée imbriquée ont été utilisées (Coroller et al., 2017).

Dans une étude d'imagerie par résonance magnétique (IRM) avec un échantillon relativement important de patients n'ayant jamais reçu de traitement médicamenteux, les modèles de forêts aléatoires basés sur les caractéristiques radiomiques cérébrales ont pu distinguer les patients atteints de trouble déficitaire de l'attention avec hyperactivité (ADHD) des témoins sains avec une précision moyenne de 73.7% et distinguer les sous-types ADHD inattention et inattention-hyperactivité combinée avec une précision moyenne de 80.1% (Sun et al., 2018).

Dans une étude d'analyse de texture, les forêts aléatoires ont été utilisées comme algorithme d'apprentissage automatique, accompagnées de validation croisée interne et de la sélection aléatoire d'ensembles de formation et de test indépendants. Cette étude visait à prédire les métastases ganglionnaires en utilisant des caractéristiques de texture ou radiomiques de la tumeur primaire. De même, une autre étude impliquait l'évaluation de 40 patients pour différencier et classer histologiquement les deux néoplasmes parotidiens bénins les plus courants - l'adénome pléomorphe et la tumeur de Warthin. Dans ce travail, des modèles de prédiction ont également été construits en utilisant les forêts aléatoires (Forghani et al., 2019).

En plus des études mentionnées précédemment, plusieurs articles sélectionnés dans cette revue ont comparé leurs approches proposées au modèle de forêt aléatoire. En particulier, une étude portant sur la maladie artérielle périphérique (PAD) visait à développer des modèles capables d'identifier les patients atteints de PAD et de prédire la mortalité future. Les données des patients utilisées dans la recherche ont été obtenues à partir d'une étude prospective et observationnelle impliquant 1755 patients ayant subi une angiographie coronaire élective. Parmi les divers modèles de classification évalués, le modèle de forêt aléatoire s'est révélé être le meilleur pour identifier les PAD non diagnostiqués, atteignant une AUC de 0.84. Le modèle de forêt aléatoire a montré une performance de calibration satisfaisante selon les tests de Hosmer-Lemeshow goodness-of-fit, tandis que le modèle de régression linéaire a donné des résultats médiocres. Ce modèle a une valeur clinique significative en termes de prédiction de la mortalité, car il aide les professionnels de la santé à identifier les patients qui pourraient bénéficier d'un dépistage ou d'une intervention supplémentaire pour potentiellement améliorer leurs résultats de santé. Par conséquent, le modèle de forêt aléatoire s'est avéré être le prédicteur le plus efficace de la mortalité dans cette étude spécifique (Ross et al., 2016).

L'objectif de l'étude menée par (Saeed et al., 2017) est d'évaluer les propriétés biologiques des cellules reprogrammées conditionnellement (CRC) obtenues à partir de patients, dans l'intention de les utiliser pour évaluer l'efficacité de divers médicaments. Les chercheurs ont employé l'immunomarquage et l'analyse d'images ultérieure avec Advanced Cell Classifier, un algorithme d'apprentissage automatique supervisé basé sur les forêts aléatoires, pour évaluer quantitativement les caractéristiques phénotypiques des CRC dans cette recherche.

Dans (Rahman et al., 2017), la forêt aléatoire est utilisée dans une implémentation open-source appelée IntegratedMRF, qui est utilisée pour intégrer les prédictions de réponse aux médicaments à partir de diverses caractérisations génomiques. Il convient de mentionner qu'IntegratedMRF utilise des forêts aléatoires univariées ou multivariées incluant diverses options pour les techniques d'estimation d'erreur. Dans cette étude, il a été montré que les forêts aléatoires multivariées (MRF) performant mieux que les approches existantes lorsque les réponses aux médicaments sont corrélées. Le package IntegratedMRF offre des options pour estimer une forêt aléatoire régulière ou une MRF comme approche de modélisation prédictive. Un modèle de forêt aléatoire est généré pour une seule réponse de sortie et MRF par défaut s'il y a plus d'une réponse de sortie.

Une autre étude se concentre sur la technique d'apprentissage par ensemble multivarié ; MRF pour augmenter la précision de la prédiction et améliorer le classement d'importance des variables en incorporant les interdépendances entre diverses réponses de sortie. Alors que le modèle de forêt aléatoire démontre une compétence à générer des modèles prédictifs déterministes pour des médicaments individuels basés sur le profilage génétique des lignées cellulaires, il néglige les connexions entre les différentes sensibilités aux médicaments lors du développement du modèle. Par conséquent, il est nécessaire d'explorer l'extension du modèle de forêt aléatoire en utilisant MRF, qui incorpore les relations entre les sensibilités de sortie, comme décrit par (Haider et al., 2015).

La recherche développée par (Su et al., 2018) propose une méthode appelée forêts d'arbres d'interaction (RFIT), pour estimer les effets de traitement individualisés (ITE) basés sur les arbres d'interaction. Il convient de noter que les ITE jouent un rôle vital dans l'avancement de la médecine de précision. Cette étude a démontré que la méthode RFIT surpasse l'approche de 'régression séparée' pour estimer les ITE. Et puisque la forêt aléatoire est une méthode prête à l'emploi avec une haute performance en modélisation prédictive, (Su et al., 2018) ont implémenté la forêt aléatoire basée sur les ITE, ce qui est différent de la forêt aléatoire ordinaire des arbres de classification ou de régression.

Deux études ont exploré l'application des modèles de forêt d'arbres décisionnels dans la compréhension et la prédiction des différents aspects du cancer de la prostate. La première étude se concentrait sur la prévision des tendances agressives dans le cancer de la prostate en utilisant un modèle de classification. Les altérations de la méthylation de l'ADN ont été utilisées comme données d'entrée, et une cohorte de découverte de 70 échantillons a été divisée en un ensemble d'entraînement (80% des échantillons) et un ensemble de test (20% des échantillons) par partitionnement aléatoire. Le modèle a été entraîné avec 10 000 arbres dérivés de l'ensemble d'entraînement, résultant en une performance remarquable avec une AUC (Area Under the Curve) de 95% dans la cohorte de découverte (Toth et al., 2019).

Dans une autre étude, la prédiction de la mortalité due au cancer de la prostate a été réalisée en utilisant des techniques de forêt aléatoire. Les auteurs ont souligné la nécessité de considérer plusieurs variables et leurs interconnexions pour identifier les facteurs les plus cruciaux pour la prédiction. L'apprentissage automatique supervisé avec la régression des forêts aléatoires a été utilisé pour examiner les associations complexes entre diverses variables, y compris les caractéristiques des tumeurs, la race, les facteurs sociaux et les facteurs de soins de

santé. L'étude a examiné 15 variables et leurs interactions, visant à déterminer la signification relative de ces facteurs dans la prédiction de la mortalité spécifique au cancer de la prostate (Hanson et al., 2019).

Des détails sur l'application de l'algorithme de forêt aléatoire en médecine de précision peuvent être trouvés dans les travaux (Lind and Anderson, 2019; Seibold et al., 2018; Chiang et al., 2021; Sengupta et al., 2016; Dercle et al., 2020). De plus, (Dai and LeBlanc, 2019) investiguent les interactions gène-traitement et les effets spécifiques au traitement des gènes sur l'échelle du risque relatif en utilisant une approche cas uniquement des arbres et des forêts aléatoires.

### *Machines à vecteurs de support (SVM)*

Les SVM sont largement utilisées dans la médecine de précision en raison de leur capacité à classer efficacement des données complexes et multidimensionnelles.

Un exemple marquant de l'application des SVM dans ce domaine est présenté dans une étude qui teste une approche de médecine de précision pour le traitement de la maladie d'Alzheimer en utilisant des analyses SVM (O'Bryant et al., 2018). L'objectif de cette étude est d'évaluer la capacité prédictive d'un diagnostic compagnon protéomique sanguin de base pour déterminer la réponse à un traitement par anti-inflammatoires non stéroïdiens (NSAID). L'ensemble de données original a été divisé en cinq sous-échantillons de taille égale, un sous-échantillon étant alloué aux tests et les quatre autres à l'entraînement. Pour prédire la réponse au traitement, un modèle SVM a été créé en utilisant un noyau à fonction de base radiale (radial basis function kernel) et en mettant en œuvre une validation croisée à cinq plis. Le modèle SVM a utilisé une valeur de coût de 100 et une valeur de gamma de 0,001. Les résultats de l'étude révèlent que le diagnostic compagnon global des NSAID a correctement classé 89% des sujets assignés aléatoirement au groupe de traitement par NSAID.

Dans (Battineni et al., 2019), le but est d'examiner comment les SVM peuvent être utilisés pour prédire la démence et confirmer leur efficacité à l'aide d'une analyse statistique. La méthode computationnelle proposée est basée sur une nouvelle approche utilisant un ensemble de SVM pour la classification de la démence, en utilisant des données IRM et des paramètres d'un mini-examen de l'état mental (MMSE). Les données proviennent de la collection longitudinale de la série d'études d'imagerie en accès libre (OASIS-2) de 150 sujets avec 373 données IRM. Dans la présente étude, en considérant la valeur totale du cerveau avec le MMSE et le ratio de démence clinique (CDR), l'approche SVM a produit une accuracy d'environ 70%.

Dans le contexte de la prédiction du cancer, l'utilisation des algorithmes de machine learning avec les données d'expression génique aide à identifier la corrélation entre les informations génétiques et le cancer, favorisant ainsi l'avancement et la mise en œuvre de la médecine de précision. En tenant compte de la séquence génétique inhérente, une technique appelée oriented feature selection SVM (OFSSVM) a été proposée par (Shen et al., 2018). Cette nouvelle approche de classification combine fused lasso et elastic net comme régularisation pour les SVM linéaires, en utilisant huberized hinge loss comme fonction de perte. Les résultats expérimentaux montrent que OFSSVM trouve un équilibre favorable entre l'interprétabilité

et l'accuracy de classification, surpassant les méthodes traditionnelles en termes d'évaluation globale.

La recherche développée par (Huang et al., 2017) présente une plateforme logicielle, disponible en open-source, permettant de prédire la réponse aux médicaments contre le cancer. Cette plateforme utilise un algorithme SVM très flexible en conjonction avec une approche d'élimination récursive des caractéristiques (RFE) standard. Dans cette étude, des modèles SVM ont été construits en utilisant des profils d'expression génétique et de sensibilité aux médicaments, ciblant spécifiquement sept médicaments chimiothérapeutiques couramment prescrits pour le traitement du cancer de l'ovaire. Les résultats de cette recherche sont prometteurs, car les modèles ont atteint une accuracy prédictive globale dépassant 80% dans l'ensemble de données utilisé.

Dans une recherche menée par (Nanmaran et al., 2022), les auteurs ont examiné l'impact de la fusion d'images sur un modèle amélioré de classification des tumeurs cérébrales. Il est important de noter que la fusion d'images combine les images d'entrée, produisant des images fusionnées contenant plus d'informations précieuses, les rendant ainsi plus adaptées aux tâches de classification. L'utilisation d'images fusionnées de haute qualité conduit à de meilleurs résultats de classification par rapport à l'utilisation d'images d'entrée individuelles. Le classificateur SVM a obtenu des performances remarquables avec une accuracy maximale de 96.8%, une précision de 97.5%, un recall de 95.12%, une sensibilité de 97.43% et un F1-score de 96.29%. Ces résultats surpassent les performances des classificateurs SVM, k-nearest neighbors (KNN) et arbres de décision lorsque seules les caractéristiques d'IRM ou de tomographie par émission monophotonique (SPECT) sont fournies comme entrées. La méthode proposée est comparée aux approches existantes et donne des résultats satisfaisants. Ce nouveau modèle de classification du cancer basé sur la fusion a un grand potentiel pour une application plus efficace dans la médecine personnalisée.

Pour plus d'informations sur l'utilisation de l'algorithme SVM dans la recherche en médecine de précision, les articles (Ibrahim et al., 2017; Nie et al., 2019; Yu et al., 2016; Deist et al., 2017) sont recommandés. D'autre part, un prédicteur basé sur l'algorithme SVM peut être trouvé dans (Dong et al., 2015).

### *Arbre de décision*

Dans le domaine de la médecine de précision, identifier avec précision les mutations lors du séquençage, cruciales pour le diagnostic et le traitement des maladies, représente un défi majeur. Pour y remédier, la présente étude propose une approche novatrice, introduite par (do Nascimento et al., 2020), qui se concentre sur le développement d'un algorithme d'arbre de décision facilement implémentable par des non-experts en informatique dans des contextes cliniques. Cette méthode vise à améliorer l'accuracy moyenne des prédicteurs de pathogénicité actuels en modélisant un arbre de décision et en discrétisant les attributs obtenus à partir de bases de données intégrées. Pour valider la méthode proposée, son accuracy est évaluée et comparé à 17 algorithmes d'apprentissage supervisé et 4 prédicteurs classiques de pathogénicité. Les résultats montrent que l'algorithme d'arbre de décision surpasse toutes les autres variables

évaluées, atteignant une accuracy de 91% pour les vrais neutres, 8% pour les faux neutres, 9% pour les faux pathogènes et 92% pour les vrais pathogènes.

Généralement, la médecine de précision vise à déterminer les traitements les plus adaptés aux patients en fonction de leurs caractéristiques spécifiques. En accord avec cet objectif, (Sysoev et al., 2019) ont introduit une approche novatrice pour identifier des sous-groupes au sein de scénarios de traitement catégoriels. Cette méthode implique la construction d'un arbre de décision qui affiche les probabilités associées à chaque traitement étant le choix optimal pour un groupe particulier de patients. De plus, l'arbre de décision fournit des étiquettes indiquant les traitements recommandés. Ainsi, un décideur peut voir les caractéristiques des patients sur lesquelles la recommandation de traitement est basée.

L'objectif d'une étude développée par (Hendriks et al., 2019) consiste à créer des arbres de décision clinique (CDT) cliniquement interprétables et basés sur les données pour modéliser les recommandations de lignes directrices. Pour évaluer l'approche proposée, les chercheurs ont employé la ligne directrice nationale néerlandaise sur le cancer du sein. Les résultats de cette recherche montrent qu'une application interactive de soutien à la décision a intégré avec succès 60 CDTs, couvrant l'ensemble de la ligne directrice. De plus, il a été possible de classer 89% des éléments de données totaux en utilisant les systèmes de classification et de codage existants. Il convient de noter que ces éléments de données ont été dérivés des rapports de pathologie (49%), des rapports cliniques (12%), de la radiologie (27%) et des équipes multidisciplinaires (12%).

Récemment, des approches innovantes ont été développées dans le but de maximiser le bénéfice clinique prédit en utilisant des arbres de décision pour estimer directement les règles de traitement individuelles (ITR). Dans le but de maximiser ces bénéfices, une nouvelle fonction de bénéfice et un algorithme d'arbre de décision ont été proposés par (Doubleday et al., 2018), reconnaissant l'utilisation répandue des arbres de décision en pratique clinique en raison de leur interprétabilité directe. Dans ce travail, les chercheurs ont amélioré l'efficacité d'une règle de décision à arbre unique en utilisant un algorithme d'ensemble d'arbres de décision connu sous le nom de forêts aléatoires ITR.

Pour explorer la possibilité de différencier les syndromes chez les patients atteints de néphropathie à IgA en fonction des paramètres clinicopathologiques, (Gu et al., 2017) ont proposé une méthode pour inférer les syndromes de médecine traditionnelle chinoise (TCM) des patients en utilisant un arbre de décision. Dans la présente étude, des données ont été collectées sur les types de syndromes TCM, les caractéristiques clinicopathologiques et les informations démographiques. Des modèles d'arbre de décision basés sur des arbres de classification et de régression ont ensuite été construits pour distinguer entre différents types de syndromes. Ces modèles ont été utilisés pour classer les syndromes TCM en utilisant des variables objectives, spécifiquement les paramètres clinicopathologiques de 370 patients atteints d'IgA. Les modèles ont ensuite été validés en utilisant un ensemble séparé de 94 patients. Pour étudier l'impact des paramètres pathologiques sur l'accuracy du modèle, les scores MEST<sup>1</sup> ont été inclus dans

---

1. Le score MEST, une mesure composite dans la classification d'Oxford de la néphropathie à IgA (IgAN), comprend quatre composants histologiques : l'hypercellularité mésangiale (M) et endocapillaire (E), la sclérose segmentaire (S) et la fibrose interstitielle/atrophie tubulaire (T). Ces éléments individuels se combinent pour

le modèle. Bien que les modèles avec et sans caractéristiques pathologiques aient atteint une accuracy comparable dans les données d'entraînement, le modèle incorporant les scores MEST a montré une performance supérieure et un avantage notable lors de la validation.

L'objectif d'une étude de (Pei et al., 2019) est d'utiliser une méthode d'arbre de décision comme système de soutien pour identifier rapidement et automatiquement les individus susceptibles de souffrir de diabète. Dans cette enquête particulière, les chercheurs ont introduit un classificateur basé sur un arbre de décision utilisant 9 caractéristiques de patient facilement accessibles et non invasives comme variables prédictives pour détecter les cas potentiels de diabète à partir d'une base de données contenant des rapports de bilans de santé annuels d'un grand hôpital chinois. La construction de l'arbre de décision a impliqué l'utilisation d'un ensemble de données d'entraînement ( $N = 7305$ ), tandis que l'évaluation du modèle a été effectuée à l'aide d'un ensemble de test séparé ( $N = 3131$ ). Les résultats ont montré une haute accuracy, précision, recall et une valeur de l'aire sous la courbe ROC (AUC) de 94.2%, 94.0%, 94.2% et 94.8% respectivement, pour l'identification des cas potentiels de diabète. De plus, la structure de l'arbre de décision a indiqué que l'âge était la caractéristique la plus significative.

Des documents supplémentaires explorant la mise en œuvre des arbres de décision dans le domaine de la santé peuvent être trouvés dans (Panje et al., 2017; Wei et al., 2018; Mudumuru and Skrzypek, 2020). Dans une étude connexe, (Kasbekar et al., 2017) ont utilisé un arbre de décision pour développer un outil basé sur des preuves permettant de prédire le risque d'amputation chez les patients atteints de pied diabétique. D'autre part, (Das et al., 2019) ont introduit un modèle d'interaction de haut ordre sparse avec une option de rejet (SHIMR) comme modèle ML interprétable pour le diagnostic médical. Les auteurs de cette étude ont utilisé un arbre de décision avec une règle étendue pour expliquer le diagnostic au patient, tandis que SHIMR utilise une somme pondérée de règles concises.

### *K-means*

K-means est l'un des algorithmes de regroupement les plus couramment utilisés, offrant une solution efficace de partitionnement de données pour des ensembles de données de haute dimension. Cet algorithme est réputé pour sa simplicité et sa rapidité de calcul par rapport au regroupement hiérarchique. Bien qu'il s'agisse d'une technique d'apprentissage non supervisé en reconnaissance de formes et en apprentissage automatique, l'algorithme K-means et ses extensions sont constamment affectés par les initialisations, en particulier le nombre prédéfini de clusters. Une initialisation appropriée des centroïdes est cruciale dans l'algorithme K-means, car une initialisation inadéquate peut entraîner des solutions sous-optimales et produire des résultats insatisfaisants (Santos et al., 2015; Dhanachandra et al., 2015; Sinaga and Yang, 2020).

Dans leur étude, (Horvat et al., 2019) ont investigué les associations entre les altérations génétiques et les caractéristiques IRM, y compris les aspects qualitatifs et quantitatifs, dans l'adénocarcinome rectal primaire. Ils ont réalisé cela en employant le clustering consensuel de

---

former le score MEST, et chaque composant est indépendamment corrélé avec le résultat rénal (Dong et al., 2015)

34 caractéristiques de texture calculées, en utilisant l'algorithme K-means, et en considérant la distance euclidienne comme une métrique de similarité pour les caractéristiques de texture. Les clusters résultants ont ensuite été examinés pour déterminer la prévalence des mutations génétiques au sein de chaque cluster.

Une étude menée par (Li et al., 2017) introduit une méthode novatrice dans le cadre du N-of-1-path-ways en utilisant le clustering k-Means du changement de pli des transcrits (FC) suivi d'une analyse d'enrichissement des ensembles de gènes (kMEn). Dans ce travail, les auteurs ont démontré que kMEn est résilient face à la variabilité globale du transcriptome et prend en charge à la fois la détection de la réponse bidirectionnelle et les réponses unidirectionnelles (bruit de fond). Dans deux simulations, kMEn surpasse les autres approches N-of-1-pathways. Ensuite, ils ont appliqué kMEn pour identifier la réponse transcriptionnelle au niveau du patient à la thérapie antirétrovirale chez 20 patients infectés par le VIH en utilisant une étude de cas clinique sur des données disponibles publiquement.

K-means, comme plusieurs méthodes de clustering, est couramment utilisé pour la stratification des patients, un aspect important de la personnalisation des traitements pour les maladies complexes. Une méthode appelée clustering consensuel basé sur l'entropie (ECC), introduite par (Liu et al., 2017), aborde efficacement les défis liés aux données moléculaires à haut débit, tels que le bruit, l'hétérogénéité, la dimensionnalité et l'interprétabilité. ECC utilise une fonction d'utilité basée sur l'entropie pour combiner les partitions de base en une partition consensuelle qui s'aligne étroitement avec elles. Les auteurs ont également découvert une équivalence intéressante entre la fonction d'utilité basée sur l'entropie et la fonction de distance utilisée dans le K-means classique, permettant une solution efficace au problème complexe de maximisation de l'utilité. Pour valider l'efficacité de l'ECC, l'étude a mené des expériences sur 110 ensembles de données synthétiques et 48 ensembles de données réelles, y compris 35 ensembles de données de référence sur l'expression génique du cancer et des données de 13 types de cancer, couvrant quatre types de données moléculaires provenant de The Cancer Genome Atlas.

En 2017, une étude menée par (Niedzielski et al., 2017) visait à déterminer la radiosensibilité inhérente des patients. Les chercheurs ont utilisé le clustering K-means sur la réponse d'expansion œsophagienne pour atteindre cet objectif. Grâce au processus de clustering, trois sous-groupes distincts de radiosensibilité des patients ont été identifiés : radiosensible, radio-normal et radiorésistant. L'analyse a été réalisée autour de la 30ème fraction du traitement de radiothérapie en utilisant les données de réponse d'expansion. Par la suite, cette information a été transformée en une variable dichotomique pour identifier les patients à haute radiosensibilité. Les informations obtenues sur la radiosensibilité ont ensuite été intégrées dans une méthode de modélisation de prédiction de la toxicité. La méthode a utilisé la régression logistique pénalisée par lasso dans le cadre d'une procédure de validation croisée répétée pour améliorer l'accuracy des modèles de prédiction de l'œsophage.

La survie et la réponse aux médicaments sont des facteurs cruciaux dans la recherche sur le cancer qui influencent significativement le pronostic des patients. Afin de répondre à cette problématique, (Malik et al., 2021) ont introduit un framework novateur pour intégrer des données multi-omics dans les stades avancés du cancer du sein. Ce framework a utilisé des

techniques de régression et de clustering non supervisées, spécifiquement le clustering K-means, pour catégoriser efficacement les patients en répondeurs et non-répondeurs en se basant sur leurs valeurs prédictives de concentration inhibitrice médiane (IC50), représentées sous forme de Z-score. La valeur seuil de l'IC50, qui distinguait les deux groupes, a été enregistrée pour chaque médicament et utilisée par la suite pour évaluer et valider la capacité prédictive du modèle de réponse aux médicaments.

(Meng et al., 2022) ont mené une analyse comparative de la méthode GuidedSparseKmeans, de la méthode sparse K-means sans guidage par résultat, et de la méthode de clustering en deux étapes. L'évaluation a été réalisée sur des ensembles de données de simulation ainsi que sur des profils d'expression génique du cancer du sein et de la maladie d'Alzheimer. Pour les profils d'expression génique, les chercheurs ont utilisé le K-means régulier avec des gènes pré-sélectionnés en utilisant le score de Cox. La performance du clustering a été évaluée en utilisant l'indice de Rand ajusté (ARI), qui mesure la similarité entre le résultat du clustering et le clustering réel sous-jacent (allant de 0 pour un accord aléatoire à 1 pour un accord parfait). De plus, les chercheurs ont utilisé l'indice de Jaccard pour évaluer la similarité des gènes sélectionnés avec les gènes intrinsèques. L'indice de Jaccard calcule le ratio du nombre de gènes présents dans les deux ensembles de gènes par rapport au nombre de gènes présents dans l'un ou l'autre ensemble de gènes (allant de 0 pour aucune intersection entre les ensembles de gènes à 1 pour des ensembles de gènes identiques).

D'autres travaux utilisant les algorithmes K-means sont (Zhu et al., 2020; Li et al., 2020; Oldham et al., 2018; Elmer et al., 2020). Par exemple, (Zhu et al., 2020) appliquent l'algorithme K-means dans un cadre génomique pour prédire la rechute de la maladie et évaluer la réponse à des chimiothérapies spécifiques. Ils utilisent l'algorithme de classification K-means pour identifier des groupes avec une faible ou une forte expression génique liée à la récurrence de la maladie. De même, (Li et al., 2020) implémentent l'algorithme K-means pour examiner la faisabilité du schéma suédois pour catégoriser les adultes chinois nouvellement diagnostiqués avec le diabète. En utilisant 6 paramètres cliniques, les patients sont classés en 5 sous-groupes en utilisant à la fois les méthodes K-means et Two-Step. Dans une autre investigation, (Oldham et al., 2018) utilisent K-means pour analyser les variables indiquant le risque clinique chez les patients présentant une intolérance à l'exercice. Enfin, (Elmer et al., 2020) comparent les résultats prédictifs de K-means et de la modélisation de trajectoire basée sur des groupes (GBTM) en utilisant des données longitudinales après un arrêt cardiaque.

## Réseaux de neurones artificiels (ANN)

En 2019, une étude a été menée par (Vogiatzi et al., 2019) pour développer et valider un réseau neuronal artificiel efficace pour prédire les naissances vivantes en se basant sur des paramètres présentant une corrélation statistique. Le jeu de données utilisé dans cette étude comprenait 257 couples infertiles ayant subi un total de 426 cycles de IVF<sup>2</sup>/ICSI<sup>3</sup> entre 2010 et 2017. Pour chaque cycle, un ensemble complet de 118 paramètres a été collecté. Afin d'assurer la

---

2. in vitro fertilization

3. intracytoplasmic sperm injection

robustesse, les données ont été soumises à une validation croisée en les divisant aléatoirement et en répétant la procédure d'entraînement et de test 10 fois. Les résultats de l'étude ont démontré une performance stable du réseau neuronal construit, comme en témoigne la déviation standard relativement faible des indices de performance observés entre les ensembles d'entraînement et de test tout au long du processus de validation. Cette constance souligne la fiabilité de l'ANN en tant qu'outil de support décisionnel médical. De plus, la validation du système a fourni des informations précieuses sur sa valeur clinique, le positionnant comme une approche fiable pour une utilisation de routine dans les unités d'IVF. Son environnement convivial renforce encore son applicabilité pratique dans des scénarios réels.

Dans le but de prédire avec précision le cancer du sein en utilisant des ANN, les chercheurs se sont concentrés sur le processus de calibration en mettant en œuvre le test d'adéquation de Hosmer–Lemeshow. L'architecture résultante du réseau comprenait trois couches : une couche initiale incorporant 36 nœuds d'entrée, une couche cachée contenant 1000 nœuds, et une couche de sortie composée d'un nœud. En procédant à une validation croisée sur un jeu de données comprenant 62 219 enregistrements, le réseau a été entraîné et sa performance a été comparée à la capacité prédictive de huit radiologues. La comparaison a révélé que les radiologues ont atteint une valeur AUC de 0.939, tandis que l'ANN a atteint une valeur AUC de 0,965, démontrant les capacités prédictives supérieures de l'ANN. Ainsi, l'ANN sert de moyen fiable pour faciliter les décisions diagnostiques (Banegas-Luna et al., 2021).

Selon l'American Cancer Society, environ 3.3 millions d'individus sont diagnostiqués chaque année avec un cancer de la peau. Pour évaluer le risque de développer un cancer de la peau sans mélanome (NMSC), 13 attributs spécifiques des patients ont été utilisés, notamment le sexe, l'âge, l'indice de masse corporelle (BMI), le statut diabétique, le statut tabagique, l'emphysème, l'asthme, la race, l'origine hispanique, l'hypertension, les maladies cardiaques, les habitudes d'exercice vigoureux et les antécédents d'AVC. Ces paramètres d'entrée ont été ajustés à des valeurs allant de 0 à 1 et utilisés pour construire un modèle ANN. Le modèle consistait en une couche d'entrée avec 13 nœuds, deux couches cachées avec 13 nœuds chacune et un nœud de sortie. L'étude a utilisé un jeu de données comprenant 462 630 exemples, dont 70% ont été alloués à des fins d'entraînement et les 30% restants pour la validation. L'évaluation du modèle a donné une valeur AUC de 0.81. L'étude a conclu que les estimations de risque fournies par le modèle pourraient potentiellement être améliorées en incorporant deux facteurs critiques : l'exposition aux radiations et les antécédents médicaux personnels, qui sont des considérations clés dans la recherche sur le cancer de la peau (Roffman et al., 2018).

Un groupe de recherche a publié un article sur les ANN, dans lequel ils ont comparé les résultats des ANN à ceux de l'évaluation subjective, des modèles de régression logistique (LR) et de l'indice de risque de malignité. Ils ont constaté que les ANN avaient une spécificité de 93.5% et une sensibilité de 95.9%. Ils ont ensuite proposé et testé des règles simples basées sur des caractéristiques échographiques et ont constaté que l'utilisation des règles simples comme test de triage produisait de meilleurs résultats. Lorsque les règles simples produisaient un résultat non concluant, ils ont ensuite réalisé un deuxième test basé sur l'évaluation subjective de l'examineur échographique, ce qui s'est avéré être le meilleur test de deuxième niveau, atteignant une sensibilité de 91% et une spécificité de 93% (Martínez-Más et al., 2019).

L'un des agents immunosuppresseurs les plus populaires pour prévenir le rejet aigu après une transplantation d'organe solide est le tacrolimus. Plus de 70% des patients ayant reçu une greffe de rein ont reçu ce puissant médicament en 2004. Cependant, le tacrolimus doit être utilisé avec précaution en raison de son faible indice thérapeutique et de la variabilité inter- et intra-individuelle substantielle de sa biodisponibilité. Il est crucial de noter que, bien que les toxicités liées aux médicaments telles que la néphrotoxicité, la neurotoxicité et le diabète de novo soient plus susceptibles de se produire en cas de surdosage de tacrolimus, le rejet aigu est plus probable en cas de sous-dosage de tacrolimus. En conséquence, il devient de plus en plus nécessaire de développer de meilleures techniques pour déterminer la dose correcte dans un environnement clinique. L'application d'un ANN dans cette étude a conduit à des prédictions très précises de la dose d'entretien de la warfarine, plus de 70% des patients dans les sous-groupes à faible dose ( $\leq 21\text{mg/}$ ) et à dose moyenne (21–49 mg) ayant été correctement identifiés (Tang et al., 2017).

### Apprentissage profond (DL)

L'apprentissage profond est une sous-catégorie du machine learning qui utilise des réseaux neuronaux artificiels et s'inspire de la complexité du système cognitif humain. En incorporant plusieurs couches cachées, les architectures de DL peuvent capturer des relations non linéaires complexes et exprimer des hypothèses sophistiquées (Yu et al., 2019).

Dans plusieurs interventions médicales, de nombreux patients sont sauvés par des interventions guidées par l'image. Pour cela, la registration d'images doit être considérée comme le problème le plus difficile à résoudre. En effet, celle-ci est primordiale pour les interventions guidées par l'image où, par exemple, la médecine de précision ne peut être réalisée sans l'utilisation correcte des techniques de registration d'images. Cependant, la capacité à utiliser des réseaux neuronaux profonds avec des GPU (Graphics Processing Unit) multicœurs contemporains a récemment conduit à des avancées significatives dans le domaine du machine learning. Avec la registration ne faisant pas exception, cela a créé une opportunité potentielle de tester de nombreuses applications médicales de manière plus efficace en termes de temps et de coût (Boveiri et al., 2020).

Une étude intéressante a été réalisée par (Roth et al., 2015), où des réseaux de convolution profonds ont été utilisés pour classifier des images médicales selon des organes ou des parties du corps spécifiques. Ils ont spécifiquement utilisé 4298 scans CT axiaux 2D pour entraîner leur réseau profond sur ces cinq parties du corps : le cou, les poumons, le foie, le bassin et les jambes. Leur recherche a produit une valeur AUC (area under the receiver-operating characteristic curve) moyenne de 0.998 et une erreur de classification spécifique à l'anatomie de 5.9%.

Les réseaux neuronaux profonds (DNN) ont révolutionné divers aspects de l'analyse d'images cérébrales. Dans plusieurs défis de segmentation d'images cérébrales, les CNN ont joué un rôle significatif et ont atteint des performances exceptionnelles. Lors des défis de segmentation des tumeurs cérébrales de 2014 et 2015 (BRATS), ainsi que du défi de segmentation des lésions de la sclérose en plaques de 2015 et du défi de segmentation des lésions d'AVC ischémique (ISLES) de la même année, les équipes leaders ont obtenu des résultats remarquables

en exploitant la puissance des CNN. De plus, les CNN ont été utilisés avec succès dans les défis de segmentation des images cérébrales MR de 2013 (MRBrains). Il est important de noter que bien que ces techniques se soient principalement concentrées sur l'imagerie MR cérébrale, l'analyse basée sur le DL peut également être étendue à d'autres modalités d'imagerie cérébrale comme la tomodensitométrie (CT) et l'échographie (US). Cela démontre la polyvalence et le potentiel des approches de DL à travers diverses techniques d'imagerie cérébrale, facilitant les avancées dans la segmentation et l'analyse précises des différentes modalités (Litjens et al., 2017).

Dans (Fajar et al., 2022), un modèle de DL est proposé pour l'imagerie médicale. Cependant, la reconstruction d'images 3D à partir de fichiers DICOM nécessite généralement une supervision stricte pour garantir une cohérence des métadonnées, telles que l'épaisseur de coupe et la résolution de l'image. Pour surmonter ce défi, un nouvel algorithme a été proposé pour reconstruire des images 3D à partir d'images médicales au format DICOM avec des métadonnées variables et les redimensionner pour faciliter le traitement. Cet algorithme préserve les annotations en les projetant sur les images redimensionnées, ce qui permet d'utiliser les annotations originales comme valeurs de référence pour les méthodes de machine learning. Les résultats expérimentaux démontrent que cette méthode peut gérer divers fichiers DICOM et projeter avec précision les annotations sur les images redimensionnées. Une telle approche devrait avoir un impact significatif sur le DL en médecine personnalisée, car elle peut permettre un traitement plus efficace et précis des grandes tailles de données d'images 3D.

Globalement, lorsque de nombreux échantillons sont disponibles lors de la phase d'entraînement, les méthodes de DL sont très réussies. Par exemple, le défi ImageNet Large Scale Visual Recognition Challenge (ILSVRC) offrait l'accès à plus d'un million d'images annotées. Cependant, les applications médicales souffrent généralement d'une rareté des images, typiquement moins de 1000. Cette disponibilité limitée des échantillons d'entraînement pose un défi significatif dans l'application du DL à l'imagerie médicale, car elle entrave la création de modèles profonds sans rencontrer des problèmes de surapprentissage (Shen et al., 2017).

La recherche développée par (Mohammedqasim et al., 2023) introduit un framework innovant encourageant pour les jeux de données médicaux caractérisés par une forte proportion de valeurs manquantes, en exploitant des modèles d'optimisation de DL. En combinant le framework Data Missing Care (DMC) avec l'optimisation Grid-Search, l'étude a atteint une robustesse du modèle et amélioré l'entraînement prédictif profond spécifiquement adapté aux patients atteints de COVID-19. Ce framework proposé a été testé sur trois jeux de données médicaux, y compris COVID-19 et le cancer du col de l'utérus, et a démontré une amélioration remarquable en termes d'accuracy et d'efficacité. Les métriques d'évaluation se rapprochaient des valeurs idéales pour tous les classificateurs de DL utilisés. La formule proposée dans cette étude a le potentiel de remplacer les formats traditionnels en optimisation, améliorant ainsi les performances globales d'évaluation des jeux de données médicaux avec des valeurs manquantes substantielles. En conséquence, elle émerge comme un outil précieux pour la médecine personnalisée.

En passant au domaine de la détection du cancer, (Danaee et al., 2017) ont développé une méthodologie de DL avec un accent particulier sur l'identification des gènes critiques pour

le diagnostic du cancer du sein. Les étapes procédurales de leur approche comprenaient : (i) Utiliser un autoencodeur de débruitage empilé (SDAE) pour convertir les profils d'expression génique à haute dimension en données plus interprétables à basse dimension. (ii) Évaluer la représentation extraite en utilisant des algorithmes d'apprentissage supervisé de référence, y compris ANN, SVM avec noyau linéaire et fonction de base radiale (RBF) ; (iii) Découvrir des gènes interactifs qui pourraient fonctionner comme biomarqueurs cliniques potentiels pour le diagnostic du cancer. Grâce à un modèle de DL basé sur un autoencodeur, cette approche proposée extrait les caractéristiques fonctionnelles des gènes et identifie les gènes hautement pertinents qui peuvent jouer des rôles cruciaux et servir de biomarqueurs cliniques pour le diagnostic du cancer du sein. L'extension potentielle de ce travail pour identifier des biomarqueurs inter-cancers à partir des profils d'expression génique d'entrée présenterait une avenue prometteuse pour une exploration plus approfondie dans ce domaine (Thirunavukarasu et al., 2022).

L'apprentissage profond revêt une immense importance pour l'avancement de la médecine de précision, signifiant son potentiel à révolutionner les soins de santé. Pour une exploration plus approfondie de l'intersection entre le DL et la médecine de précision, nous suggérons de se référer aux articles suivants : (Johnson et al., 2018; Kiral-Kornek et al., 2018; Parekh and Jacobs, 2019; Chang et al., 2018; Hussein et al., 2019; Porumb et al., 2020; Kotei and Thirunavukarasu, 2024).

### *Réseaux de neurones convolutifs (CNN)*

Les CNN, qui sont une sous-catégorie des réseaux de neurones artificiels, ont démontré des performances remarquables dans de nombreuses tâches de vision par ordinateur et sont de plus en plus reconnus et utilisés dans divers domaines, y compris le domaine médical. En intégrant des composants essentiels tels que les couches de convolution, les couches de pooling et les couches entièrement connectées, les CNN sont conçus pour apprendre efficacement et de manière autonome des caractéristiques spatiales hiérarchiques grâce au processus itératif de rétropropagation (Yamashita et al., 2018).

Les CNN s'inspirent du système visuel naturel des êtres vivants. Les CNN profonds ont atteint des performances de pointe dans le traitement de textes, de la parole, des vidéos et des images (Gu et al., 2018). Récemment, il a été prouvé que l'adaptation des méthodes d'apprentissage profond CNN a un impact significatif sur l'imagerie médicale, améliorant ainsi la détection des maladies et le traitement des images. Plus précisément, les méthodes d'apprentissage profond CNN ont été appliquées avec succès à la segmentation d'images médicales dans plusieurs applications récentes (Liu et al., 2018). Dans une étude récente de (Grøvik et al., 2020), l'objectif principal était de concevoir et d'évaluer un CNN complet pour réaliser une détection et une segmentation automatiques des métastases cérébrales, en utilisant des données d'IRM multiséquence comme entrée du réseau.

Pour identifier les calculs urétéraux dans les volumes de coupes CT, (Långkvist et al., 2018) ont développé un système de détection assistée par ordinateur (CADe). La méthode a été évaluée sur un ensemble de données substantiel comprenant 465 patients. Un CNN a été

utilisé directement sur les volumes CT haute résolution, et des annotations par un radiologue expert ont été utilisées pour l'évaluation. Le système a atteint une sensibilité de 100% avec une moyenne de 2.68 faux positifs par patient, démontrant son efficacité à identifier les calculs urétéraux.

Compte tenu des progrès rapides des techniques basées sur les CNN, une étude menée en 2019 a présenté un système de détection/diagnostic assisté par ordinateur (CAD) basé sur un CNN 3D rapide et efficace, conçu pour le cancer du sein. En utilisant un ensemble de test de 171 tumeurs, le système a atteint des sensibilités de 95%, 90%, 85% et 80% avec des valeurs de faux positifs par patient correspondantes de 14.03, 6.92, 4.91 et 3.62 (avec six passes). Bien que les méthodes aient montré leur utilité, réduire les faux positifs tout en maintenant une sensibilité de 100% nécessite encore du travail (Gao et al., 2019).

En 2018, un système automatisé pour la segmentation des tumeurs cérébrales a été développé par (Hussain et al., 2018) en utilisant un réseau neuronal convolutif profond (DCNN). Les chercheurs ont intégré des techniques avancées d'optimisation des réseaux neuronaux telles que la normalisation par lots (batch normalization) et le dropout. De plus, ils ont introduit une nouvelle architecture ILinear nexus en intégrant une activation non linéaire et un module inception. Cette approche innovante a montré des avancées significatives dans la segmentation précise des tumeurs cérébrales, démontrant le potentiel de l'apprentissage profond dans l'analyse des images médicales.

Dans une autre étude concernant le cancer de la prostate, menée par (Rampun et al., 2016), un système CAD a été proposé, accompagné d'une collection de descripteurs de texture informatifs extraits d'images IRM T2 Weighted (T2W). Les auteurs ont rassemblé 418 échantillons de 45 patients et ont employé une approche de validation croisée à 9 plis pour examiner et évaluer minutieusement l'approche proposée. Les résultats expérimentaux ont montré que la méthode rivalise favorablement avec les systèmes CAD actuels utilisant l'IRM multimodale, soulignant son efficacité dans la détection et le diagnostic du cancer de la prostate.

Pour explorer l'impact de divers facteurs sur la performance des CNN, tels que les architectures CNN, les propriétés des ensembles de données et l'apprentissage par transfert, une étude menée par (Shin et al., 2016) s'est concentrée sur la détection des ganglions lymphatiques thoraco-abdominaux. Dans leur recherche, ils ont mené des expériences en utilisant cinq architectures CNN distinctes qui avaient déjà démontré des performances de pointe dans diverses tâches de vision par ordinateur.

Pour plus d'informations sur l'utilisation des CNN dans la médecine de précision pour la segmentation d'images, les articles (Zeng et al., 2019; Raza et al., 2019; Cai et al., 2020; Pei et al., 2020; Apiparakoon et al., 2020) sont recommandés. De plus, un classificateur hiérarchique de tumeurs cérébrales basé sur l'apprentissage profond utilisant les CNN peut être consulté dans (Khan et al., 2022a).

### ***Réseaux de neurones récurrents (RNN)***

Les RNN sont un type spécifique de réseaux neuronaux artificiels conçus pour traiter les données temporelles. Ces réseaux peuvent considérablement améliorer les tâches impliquant

le traitement du langage naturel, la reconnaissance vocale et la reconnaissance de l'écriture manuscrite.

Dans une étude de recherche visant à examiner et prédire les réadmissions non planifiées en unité de soins intensifs (ICU), des techniques de DL de pointe ont été employées pour tirer parti de la nature séquentielle des données. Les chercheurs ont introduit une architecture RNN avec des couches de mémoire à long court terme (LSTM) pour améliorer le modèle prédictif en intégrant les aspects temporels des données. De plus, le modèle intégrait des représentations de faible dimension des concepts médicaux comme entrées. Pour évaluer, tester et expliquer les méthodes proposées, un ensemble de données comprenant plus de 40 000 dossiers de patients et 60 000 dossiers d'admission en ICU sur une période de 10 ans a été utilisé. Les résultats de cette étude indiquent que la solution basée sur LSTM proposée peut efficacement capturer la grande volatilité et l'état instable des patients en ICU, qui sont des facteurs cruciaux contribuant à la réadmission en ICU. En utilisant cette approche basée sur les données, les coûts et les pénalités associés peuvent être minimisés en empêchant le transfert ou la sortie inappropriés des patients à haut risque de réadmission en ICU (Lin et al., 2019).

Les RNN sont conçus pour tirer parti de l'information séquentielle, leur permettant de traiter des données d'entrée de longueur variable, telles que le discours et le texte. Cependant, il existe des situations où la sortie actuelle est influencée à la fois par les entrées passées et futures. Pour répondre à cela, des réseaux neuronaux récurrents bidirectionnels (BRNN) ont été développés et sont couramment utilisés. Un exemple notable est le travail mené par (Fergadis et al., 2018), où ils ont présenté un système de DL pour la tâche de triage de documents. Cette tâche implique des systèmes automatisés qui reçoivent une liste d'identifiants PubMed (PMID), qui sont des résumés biomédicaux, et fournissent des jugements classés par pertinence pour le triage. Dans leur étude, les auteurs ont décrit un RNN bidirectionnel hiérarchique basé sur l'attention comme une architecture d'encodeur de séquence réutilisable pour la classification des documents. L'encodeur de séquence comprend deux RNN bidirectionnels avec un mécanisme d'attention qui identifie et capture des phrases, des mots ou des phrases essentiels dans un document. Ce mécanisme est suivi d'une couche dense responsable de la classification. Les résultats ont démontré que le modèle RNN capture efficacement l'information contextuelle du texte sans besoin d'annotations et indépendamment des options de tokenisation du jeu de données.

La ventilation mécanique (MV) est un processus de traitement sophistiqué et essentiel utilisé pour traiter des patients gravement malades. En générant des forces et en libérant des espèces réactives de l'oxygène, elle affecte l'équilibre acido-basique et peut potentiellement conduire à un biotrauma significatif pour le pronostic, influençant négativement les résultats. Dans cette étude, le modèle RNN a été évalué par (Mamandipoor et al., 2021) pour son utilisation dans la prédiction des résultats des patients sous ventilation mécanique en utilisant des paramètres de ventilation mécanique conventionnels. Les résultats de cette analyse ont révélé que, parmi les patients recevant une ventilation mécanique, y compris ceux admis pour des maladies respiratoires, le modèle basé sur les RNN a surpassé les modèles de forêt aléatoire et de régression logistique.

La surveillance du ratio de Train-of-Four (TOFR) est largement utilisée comme moyen

d'évaluer le niveau de relaxation musculaire. Cependant, il est essentiel de reconnaître que cette méthode standard ne fournit que des données statiques. Dans une recherche menée par (Wang et al., 2022), ils ont utilisé des méthodes de DL basées sur RNN pour prédire le TOFR en temps réel pour le cisatracurium. Cela a été accompli en incorporant des données de séquence temporelle et des facteurs statiques. Pour obtenir des prédictions précises et fiables spécifiques aux patients, l'apprentissage par transfert a été effectué par similitude des patients, ce qui a une pertinence théorique pour la recherche clinique en médecine de précision.

Dans une étude radiologique, (Banerjee et al., 2019) ont introduit un modèle innovant connu sous le nom de réseau neuronal récurrent hiérarchique basé sur l'attention des phrases de domaine (DPA-HNN). Ce modèle combine efficacement les informations relatives aux embolies pulmonaires en utilisant un ensemble de données complet comprenant plus de 7370 rapports de radiologie thoracique textuels libres provenant de quatre centres de santé importants. Les résultats de l'étude soulignent le potentiel des réseaux neuronaux récurrents dans l'automatisation de la classification des rapports textuels d'imagerie, offrant diverses applications telles que la priorisation des patients en radiologie, la création de cohortes pour la recherche clinique, le dépistage de l'éligibilité aux essais cliniques et l'évaluation de l'utilisation de l'imagerie.

Pour plus de détails sur l'utilisation des RNN et de leurs algorithmes dans la conception de médicaments et la prédiction de la sensibilité, consultez (Manica et al., 2019). De plus, (Ma et al., 2018; Zhang et al., 2019) discutent des modèles profonds et des architectures basées sur les algorithmes RNN pour la prédiction des risques.

#### 2.2.4 Jeux de données publics pour la médecine de précision

Le tableau 2.3 présente une compilation de jeux de données publiquement disponibles qui peuvent être utilisés pour tester et évaluer les techniques d'intelligence artificielle dans le domaine de la médecine de précision. Ces jeux de données servent de ressources précieuses pour les nouveaux chercheurs afin de développer, tester et comparer différentes méthodologies d'apprentissage automatique dans les applications médicales. Le premier jeu de données, introduit par (Tang et al., 2021), comprend des images chimiques de spectroscopie infrarouge moyenne d'un microarray de tissus de cancer du sein. Le deuxième jeu de données, proposé par (Schätz et al., 2022), se compose de tomodensitogrammes (CT) de patients diagnostiqués avec la COVID-19. Ensuite, (Koga, 2021) a présenté le troisième jeu de données, visant à développer un modèle d'apprentissage profond pour le diagnostic de la maladie d'Alzheimer et des tauopathies. Le quatrième jeu de données, proposé par (Sin et al., 2020), cherche à analyser le risque de cancer du poumon en fonction de la présence du syndrome métabolique, de ses composants et du nombre de composants du syndrome métabolique. Enfin, le cinquième jeu de données, proposé par (Akbulut and Kuss, 2022), contient cinq variables : 'OutcomeType' (avec les valeurs 'AllcauseMortality' ou 'PrimaryOutcome'), 'Study' (désignant l'essai clinique cardiovasculaire respectif), 'Treatment' (désignant le traitement ou le placebo de l'étude), 'Event' (indiquant si l'événement respectif a été observé (Event=1) ou non (Event=0)), et 'SurvivalTimeMonths' (indiquant le temps jusqu'à l'événement ou la censure en mois). Pour

plus d'informations sur ces jeux de données, veuillez consulter leurs références.

TABLE 2.3 – Compilation des jeux de données publiquement disponibles pour la médecine de précision.

Référence	Description du jeu de données
(Tang et al., 2021)	Image chimique infrarouge d'un microarray de tissus de cancer du sein
(Schätz et al., 2022)	Tomodensitogrammes (CT) de patients atteints de COVID-19
(Koga, 2021)	Données pour 'Deep learning-based model for diagnosing Alzheimer's disease and tauopathies'
(Sin et al., 2020)	Syndrome métabolique et risque de cancer du poumon : Analyse de la base de données de la Korean National Health Insurance Corporation
(Akbulut and Kuss, 2022)	Jeu de données provenant de 'Absolute Treatment Effects for the Primary Outcome and All-cause Mortality in the Cardiovascular & Outcome Trials of New Antidiabetic Drugs -- A Meta-Analysis of Digitalized Individual Patient Data'

### 2.2.5 Discussion

L'objectif principal de cette étude était d'évaluer l'efficacité de divers algorithmes d'apprentissage automatique dans le domaine de la médecine de précision. En raison de la variabilité considérable des données cliniques et des paramètres de recherche entre les études, une comparaison significative n'a pu être effectuée qu'en établissant un jeu de données et un cadre de référence communs. Le domaine de la médecine de précision doit progresser avec prudence, éviter les exagérations et veiller à ce que les affirmations soient soutenues par des preuves substantielles. Par conséquent, nous avons choisi de présenter uniquement certains des défis liés à la conception des méthodes basées sur l'IA et à leur application à la médecine de précision.

#### *Protection des données et confidentialité*

La médecine de précision accorde une grande importance aux données de santé de chaque patient dans le cadre du big data et de l'IA. L'adoption de capteurs décentralisés et de dispositifs de mesure a indéniablement amélioré la collecte régulière des données personnelles de santé et environnementales. Cependant, le défi de protéger les données des patients contre les violations a conduit à une accessibilité limitée de ces données. Cette limitation entrave l'entraînement des modèles et freine la réalisation de leur plein potentiel.

#### *Standardisation de la saisie et du stockage des données*

Récemment, il y a eu une augmentation spectaculaire du volume, de la vitesse et de la variété des données dans le domaine de la recherche biomédicale. Il est certain qu'en gérant efficacement la collecte, le stockage et la standardisation des données, la qualité globale des données médicales peut être uniformément améliorée. Cependant, le non-respect de ces pratiques peut entraîner des erreurs imprévues, difficiles à détecter ou à expliquer par le jugement humain.

***Nécessité de nouveaux outils et algorithmes analytiques***

Le défi plus profond réside dans la nécessité de créer des approches systématiques pour comprendre les données de manière efficace. Cela implique la construction de modèles et d'algorithmes permettant aux scientifiques biomédicaux et aux cliniciens d'optimiser l'utilisation des différents types de données pour le diagnostic et la prédiction des résultats. Ainsi, pour adopter la médecine de précision, les cliniciens doivent disposer d'outils avancés leur permettant de proposer et d'examiner des traitements potentiels basés sur l'analyse en temps réel des données des patients. Ces outils doivent couvrir des éléments complexes, y compris le profil génétique du patient, les conditions environnementales et les états de santé existants, conformément à la littérature établie et aux directives de soins.

***Formation et éducation des différents acteurs***

Les médecins sont soumis à une pression sans précédent en raison de l'évolution rapide de l'IA face à l'expansion exponentielle des connaissances médicales et à l'acquisition de nouvelles compétences. Par conséquent, les avantages de la médecine de précision peuvent être limités si les parties prenantes s'adaptent à ces changements, si les prestataires de soins de santé simplifient l'accès aux spécialistes et aux soins appropriés, et si les organisations et les payeurs soutiennent un domaine rentable.

Les défis décrits soulignent l'importance cruciale de prendre en compte les considérations éthiques et pratiques dans l'intégration de l'IA en médecine de précision, comme illustré dans la figure 2.10 Les avantages et les inconvénients des différents algorithmes ML sont détaillés dans les tableaux 2.4 et 2.5. De plus, les tentatives de recherche, les dépôts de référence et les mesures de performance associées à chaque modèle d'IA sont présentés dans les tableaux 2.6 et 2.7, respectivement. Ces tableaux fournissent un aperçu complet des diverses applications et évaluations de performance des modèles ML.



FIGURE 2.10 – Principales considérations éthiques et pratiques dans l'application de l'IA à la médecine de précision.

TABLE 2.4 – Avantages et inconvénients des différents algorithmes d'apprentissage automatique.

Algorithme	Avantages	Inconvénients
<b>Forêt aléatoire</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Améliore les arbres de décision en atténuant le surapprentissage et en réduisant la variance, ce qui conduit à une meilleure précision.</li> <li>- Adapté aux problèmes de classification et de régression.</li> <li>- Efficace avec les variables catégorielles et continues.</li> <li>- Gère automatiquement les valeurs manquantes sans intervention manuelle.</li> <li>- Plus résilient au bruit par rapport à d'autres approches.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Plus complexe et coûteux en termes de calcul par rapport à d'autres algorithmes.</li> <li>- Privilégie les variables avec une large gamme de valeurs lors de l'estimation de l'importance des variables.</li> <li>- Susceptible au surapprentissage, qui peut se produire plus facilement avec cette approche.</li> <li>- Compromis difficile entre le temps d'entraînement et le nombre accru d'arbres.</li> <li>- Fonctionne comme une boîte noire, avec peu de contrôle sur ce que fait le modèle.</li> </ul>
<b>SVM</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Plus efficace dans les espaces de haute dimension.</li> <li>- Moins de risque de surapprentissage.</li> <li>- Applicable aux problèmes de régression et de classification.</li> <li>- Performance remarquable dans la classification de données semi-structurées ou non structurées, comme les textes, les images, etc.</li> <li>- Relativement économe en mémoire.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- La sélection d'une fonction noyau appropriée peut poser des défis.</li> <li>- Le temps d'entraînement peut être prolongé pour les grands ensembles de données.</li> <li>- La performance peut se détériorer en présence de données bruyantes.</li> <li>- Comprendre et interpréter le modèle, les poids et les impacts des variables peut être difficile.</li> <li>- L'approche SVM générique est limitée à la classification binaire sauf si elle est étendue pour gérer plusieurs classes.</li> </ul>
<b>Arbre de décision</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Très intuitif et facile à comprendre et à interpréter.</li> <li>- La préparation des données est plus simple.</li> <li>- Supporte plusieurs types de données, y compris numériques, nominaux et catégoriques.</li> <li>- La construction d'un arbre de décision n'est pas affectée par les valeurs manquantes dans les données.</li> <li>- Applicable aux tâches de classification et de régression.</li> <li>- Capable de produire des classificateurs robustes qui peuvent être validés à l'aide de tests statistiques.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Surapprentissage, c'est un algorithme à haute variance. Il peut facilement surapprendre et produire des règles complexes de décision car il n'a pas de mécanisme inhérent pour arrêter.</li> <li>- Affecté par le bruit, une petite quantité de bruit peut rendre le modèle instable, ce qui conduit à des prédictions incorrectes.</li> <li>- Susceptible à l'instabilité, un petit changement dans les données peut entraîner des modifications significatives de la structure de l'arbre.</li> <li>- Dépend de l'ordre des attributs ou des variables, influençant l'arbre résultant.</li> <li>- L'entraînement du modèle prend souvent plus de temps par rapport à d'autres méthodes.</li> <li>- Performance limitée en régression.</li> </ul>
<b>K-Means</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Relativement efficace et facile à mettre en œuvre.</li> <li>- Possède une grande flexibilité, permettant une adaptation facile aux changements. En cas de problème, modifier le segment de cluster permet d'ajuster l'algorithme sans effort.</li> <li>- Complexité temporelle linéaire et peut être utilisé avec de grands ensembles de données de manière pratique.</li> <li>- Avec un plus grand nombre de variables, k-means peut être plus rapide que le clustering hiérarchique.</li> <li>- Les résultats sont facilement interprétés.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- La sélection des centroïdes initiaux est aléatoire.</li> <li>- Incapable de gérer les données bruyantes ou les valeurs aberrantes.</li> <li>- Génère des clusters de tailles homogènes, même lorsque les données d'entrée varient en taille.</li> <li>- Performances médiocres lorsqu'il est appliqué à un cluster global.</li> <li>- Différentes partitions initiales peuvent conduire à des clusters finaux divergents.</li> </ul>

TABLE 2.5 – Avantages et inconvénients des différents algorithmes d'apprentissage automatique (Suite).

Algorithme	Avantages	Inconvénients
<b>ANN</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Pertinent pour les scénarios de classification et de régression.</li> <li>- Capacité de traitement parallèle.</li> <li>- Capable d'identifier des relations non linéaires complexes entre les variables dépendantes et indépendantes.</li> <li>- Tolérance aux pannes, la corruption d'une ou plusieurs cellules de l'ANN ne l'empêche pas de générer des résultats.</li> <li>- Peut être exécuté dans toute application.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Il n'existe pas de règle précise pour déterminer la structure.</li> <li>- L'entraînement du réseau pour un problème de classification complexe peut être coûteux en ressources.</li> <li>- Prétraitement des variables prédictives ou indépendantes nécessaire.</li> <li>- Temps de traitement élevé pour les grands réseaux de neurones.</li> </ul>
<b>CNN</b>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Identifie automatiquement les caractéristiques importantes sans supervision humaine.</li> <li>- Montre une précision exceptionnelle dans les tâches de reconnaissance et de classification d'images.</li> <li>- Le partage des poids est un avantage notable des CNN.</li> <li>- Meilleur exemple de Long Short Term Memory.</li> <li>- Sa capacité à conserver la mémoire des entrées précédentes le rend particulièrement utile pour les prévisions de séries temporelles.</li> <li>- Peut être combiné avec des couches convolutives pour capturer efficacement les informations de voisinage des pixels.</li> </ul>	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Les CNN nécessitent une quantité suffisante de données d'entraînement pour être efficaces.</li> <li>- La vitesse de calcul des CNN est souvent plus lente en raison d'opérations comme le max pooling.</li> <li>- Absence de capacité d'invariance spatiale envers les données d'entrée.</li> </ul>
<b>RNN</b>		<ul style="list-style-type: none"> <li>- Le processus de calcul de ce réseau neuronal est long.</li> <li>- L'entraînement d'un RNN pose des défis importants et est souvent difficile.</li> <li>- Le traitement de très longues séquences avec une fonction d'activation peut devenir encombrant et fastidieux.</li> </ul>

TABLE 2.6 – Caractéristiques saillantes des recherches basées sur l'IA.

Référence	Modèle IA	Utilisation du référentiel de benchmarking	Mesure de performance
(Nanmaran et al., 2022)	SVM	Kaggle	Précision : 96.80%
	KNN		Sensibilité : 97.43%
	DT		Précision : 97.50%
(Gowthami et al., 2024)	LR	Hôpital Syl-het Diabetes au Bangladesh	Précision : 89%
			Score F1 : 91%
	SVM Linéaire		Rappel : 91%
			Précision : 92%
			Précision : 90%
			Score F1 : 92%
			Rappel : 91%
			Précision : 94%
			Précision : 98%
			Score F1 : 98%
SVM Radial	Rappel : 98%		
	Précision : 98%		
KNN	Précision : 98%		
	Rappel : 98%		
NB	Précision : 98%		
	Score F1 : 88%		
DT	Rappel : 88%		
	Précision : 89%		
RF	Précision : 97%		
	Score F1 : 97%		
DT	Rappel : 97%		
	Précision : 97%		
RF	Précision : 98%		
	Score F1 : 98%		
RF	Rappel : 98%		
	Précision : 98%		

TABLE 2.7 – Caractéristiques saillantes des recherches basées sur l'IA (Suite).

Référence	Modèle IA	Utilisation du référentiel de benchmarking	Mesure de performance
(Malik et al., 2021)	NN	The Cancer Genome Atlas	Précision : 94% AUC : 98%
(Dillshad et al., 2023)	Apprentissage Profond	HAM10000	Précision : 94.4%
(Barnawi et al., 2023)	CNN	Ensemble de données PCG Physionet	Précision : 97% Précision : 94.4% Sensibilité : 94.6% Spécificité : 94.6%
(Shi et al., 2023)	GAN / AE	Contrôles Normaux (NCs) Cohorte Xuanwu	SSIM : $0.929 \pm 0.003$ PSNR : $31.04 \pm 0.09$ MSE : $0.0014 \pm 0.0001$
(Barbiero et al., 2021)	GAN / GNN	Projet Genotype-Tissue Expression (GTEx) (v8)	
(Lentzen et al., 2023)	Transformers	Ensemble de données IBM Exploys Therapeutic	Précision MLM : 67% Score F1 PLOS : 66%

LR - Régression Logistique

NB - Naïve Bayes

NN - Réseau de Neurones

GAN - Réseau Génératif Antagoniste

AE - Autoencodeur

GNN - Réseau de Neurones Graphiques

SSIM - Mesure d'Indice de Similarité Structurale

PSNR - Rapport Signal-Bruit de Pic

MSE - Erreur Quadratique Moyenne

TABLE 2.8 – Études et domaines d'application.

Étude	Domaine d'application
(Nanmaram et al., 2022)	Investigation du rôle de la fusion d'images dans les modèles de classification des tumeurs cérébrales basés sur des algorithmes d'IA
(Gowthami et al., 2024)	Détection précoce du diabète de type 2
(Malik et al., 2021)	Modèle de prédiction de survie pour les patientes atteintes de cancer du sein
(Dillshad et al., 2023)	Classification des lésions cutanées
(Barnawi et al., 2023)	Classification des signaux phonocardiographiques (PCG) normaux et anormaux
(Shi et al., 2023)	Identification de l'atrophie cérébrale individuelle dans la maladie d'Alzheimer et le trouble cognitif léger (MCI)
(Barbiero et al., 2021)	Test du modèle de jumeau numérique dans des scénarios cliniques, suivi des conditions des patients, et détection des cytokines inflammatoires liées à la voie du rénine-angiotensine, notamment dans le contexte de l'infection par le SARS-CoV-2
(Lentzen et al., 2023)	Prédiction de la progression sévère de la maladie COVID-19

### 2.2.6 Conclusion

En conclusion, la transition vers un système de santé axé sur les données représente un tournant crucial, passant d'un modèle de médecine curative de masse à des soins personnalisés dans toutes les spécialités médicales. Cette transformation repose sur l'agrégation de vastes ensembles de données provenant de sources diverses et l'expertise nécessaire pour les exploiter, dans le but ultime d'atteindre la médecine de précision en pratique clinique via l'intégration de méthodes avancées d'IA.

Bien qu'il existe une perspective selon laquelle les applications médicales de l'IA pourraient remplacer les médecins, nous insistons sur le fait que cela ne doit pas conduire à la suppression des médecins. Au contraire, les médecins qui adoptent l'IA, y compris les technologies de pointe telles que la réalité augmentée (AR) et la réalité virtuelle (VR), surpasseront ceux qui ne le font pas. L'intégration de l'AR et de la VR peut améliorer la formation médicale, perfectionner les procédures chirurgicales et offrir des expériences immersives tant aux cliniciens qu'aux patients. Pour répondre aux préoccupations concernant l'autonomie, les médecins doivent appliquer une approche diagnostique impliquant une interaction avec les patients pour formuler des hypothèses et avoir la capacité de comprendre les raisons sous-jacentes aux décisions proposées, en s'en écartant si nécessaire. L'IA, lorsqu'elle est adoptée par les médecins, peut remplir sa mission en tant qu'aide sécurisée, efficace et éprouvée au traitement des patients et à l'amélioration des soins de santé, malgré la nécessité de surmonter de nombreux obstacles techniques et réglementaires pour transformer l'approche basée sur l'IA en médecine de précision, passant d'une vision à une réalité tangible.

Selon l'analyse menée, il est clair que la recherche dans les domaines de l'IA et de la médecine de précision est active, pointant vers un avenir où la convergence de ces deux pôles conduira à la conception et à l'optimisation des voies diagnostiques, des interventions thérapeutiques et des pronostics. Cette convergence promet de réduire le fardeau de certains cancers, des maladies cardiovasculaires et d'autres affections, réduisant ainsi les coûts de santé. L'étendue infinie du travail en médecine de précision basée sur l'IA, y compris l'intégration de l'AR et de la VR, va bien au-delà de nos conclusions actuelles, avec le paysage technologique et médical en constante évolution suggérant des horizons inexplorés pour l'application de l'IA dans les soins personnalisés.

Bien que ce chapitre fournisse des informations précieuses sur le paysage actuel de la médecine de précision basée sur l'IA, il est essentiel de reconnaître certaines limitations. La nature dynamique des technologies de l'IA et de la médecine de précision peut entraîner des avancées ou des changements rapides non entièrement capturés dans notre analyse. De plus, la diversité des méthodologies et des normes de rapport entre les études examinées pose des défis pour effectuer des comparaisons directes. Ces limitations soulignent la nécessité de mises à jour continues et de vigilance dans le suivi de l'évolution de l'intersection de l'IA et de la médecine de précision.

En reconnaissant que notre analyse actuelle est une étape dans un parcours dynamique, nous encourageons les chercheurs à poursuivre ces investigations pour façonner l'avenir de la médecine de précision. Embrasser l'évolution rapide de la technologie, y compris l'intégration de

l'AR et de la VR, offre un potentiel notable pour des avancées significatives dans la conception de traitements personnalisés, la prévention des maladies et l'optimisation des coûts de santé. En résumé, cette recherche établit une base solide, mais il reste encore beaucoup à découvrir et à accomplir dans le domaine passionnant de la médecine de précision basée sur l'IA.

## 2.3 Intégration de l'IA en Médecine de Précision pour une Prise en Charge Innovante des AVC

### 2.3.1 Introduction

L'intégration de l'IA dans la médecine de précision marque une avancée majeure dans la prise en charge des AVC. Ces derniers, résultant de l'interruption de l'apport sanguin au cerveau, engendrent des dommages irréversibles aux cellules cérébrales. Cette section se penche sur le potentiel transformateur de la médecine de précision dans la révolution des soins aux AVC, en mettant particulièrement l'accent sur l'incorporation de l'intelligence artificielle, de l'apprentissage automatique et des algorithmes d'apprentissage profond.

La médecine de précision, en tant qu'approche novatrice, prend en compte les variations génétiques, les facteurs environnementaux et les choix de mode de vie, permettant ainsi une personnalisation des stratégies préventives et des traitements. L'intelligence artificielle et l'apprentissage automatique jouent un rôle clé dans l'exploitation des données génétiques pour identifier les individus à haut risque. De plus, les outils avancés d'imagerie et de diagnostic, alimentés par des algorithmes d'apprentissage profond, permettent d'adapter les traitements en fonction des profils individuels des patients.

En s'appuyant sur ces technologies, cette contribution (Abbaoui et al., 2024a) examine les applications, les défis et les perspectives futures de l'IA dans la médecine de précision pour les AVC, tout en illustrant comment ces innovations redéfinissent notre compréhension et notre gestion de cette pathologie critique.

### 2.3.2 Méthodologie de Recherche

Dans le cadre de cette étude, nous avons adopté une approche plus flexible pour explorer l'ensemble des travaux existants concernant l'adoption de l'intelligence artificielle dans la médecine de précision pour les AVC. Contrairement aux revues systématiques qui suivent des critères d'inclusion et d'exclusion stricts, notre objectif était de fournir une synthèse nuancée et interprétative de la littérature disponible. Nous avons réalisé des recherches dans des bases de données réputées telles que Scopus, Web of Science et Google Scholar pour identifier les études pertinentes. Les pourcentages d'articles récupérés dans chaque base de données sont présentés dans la figure 2.11. Les termes clés recherchés comprenaient 'brain stroke', 'precision medicine', 'artificial intelligence', 'machine learning', et 'deep learning'. En raison de la nature des revues narratives, nous avons évité des critères d'inclusion rigides, permettant à notre perspective discernante de nous guider vers les références les plus éclairantes dans la littérature. Notre champ temporel couvrait les années de 2011 à 2022, principalement en langue anglaise. Cette approche nous a permis d'offrir une vue d'ensemble complète du sujet, mettant en évidence les thèmes clés, les tendances et les résultats remarquables dans le domaine d'intérêt.

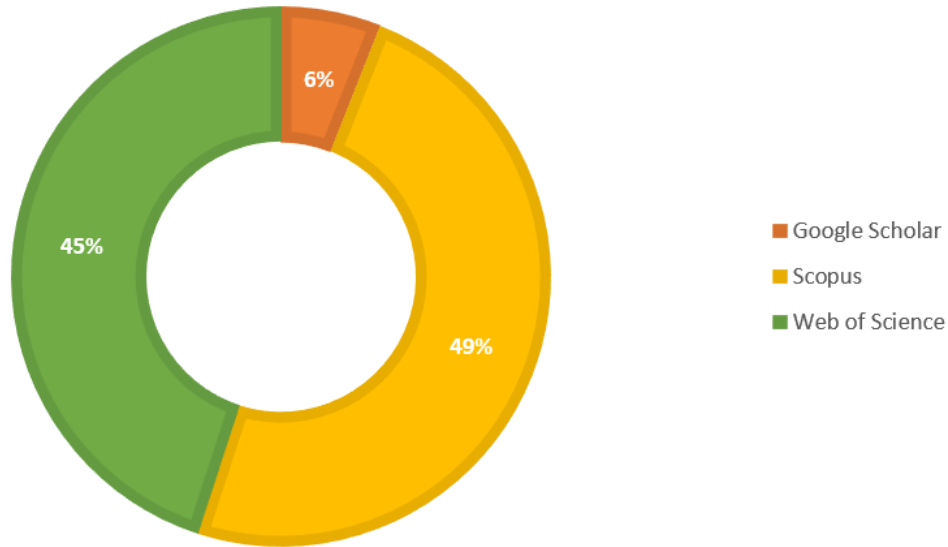


FIGURE 2.11 – Répartition des études pertinentes selon les bases de données.

### 2.3.3 Résultats de l'analyse de la littérature

#### L'intelligence artificielle dans la médecine de précision des AVC

Un AVC survient lorsque l'irrigation sanguine du cerveau est altérée, résultant soit d'un blocage d'un vaisseau sanguin (AVC ischémique), soit de sa rupture (AVC hémorragique). Les symptômes incluent une faiblesse soudaine du corps, des difficultés d'élocution et des problèmes de vision (Yang et al., 2014).

L'AVC constitue une urgence médicale critique exigeant une intervention rapide (Dalal and Bhattacharjee, 2014). Les options thérapeutiques comprennent l'utilisation de médicaments tels que des agents thrombolytiques ou des interventions chirurgicales visant à retirer les caillots ou à réparer les vaisseaux sanguins endommagés (Chen et al., 2021). La rééducation contribue également à la récupération des effets de l'AVC.

L'IA offre un potentiel considérable dans le domaine de la médecine de précision pour les AVC. Une utilisation prometteuse de l'IA est l'analyse des images médicales, notamment les IRM, pour localiser et classifier spécifiquement les AVC, fournissant ainsi des données utiles pour guider les décisions thérapeutiques (Bridge et al., 2022). Les algorithmes d'IA peuvent également exploiter les données des patients, comme leur profil génétique et leurs antécédents médicaux, pour identifier les individus à risque élevé et prédire les réponses au traitement.

Une autre application de l'IA dans la médecine de précision pour les AVC consiste à élaborer des plans de traitement individualisés (Bonkhoff and Grefkes, 2022). Par exemple, l'IA peut analyser les données des patients afin de recommander le traitement optimal en fonction de divers facteurs, notamment le patrimoine génétique et le mode de vie.

En outre, l'IA peut être utilisée pour soutenir le diagnostic et le traitement de l'AVC en analysant et en interprétant les vastes ensembles de données collectées lors d'un AVC, telles que les signes vitaux, les données d'imagerie, les analyses de laboratoire et les notes cliniques.

Dans l'ensemble, l'intégration de l'IA dans la médecine de précision pour les AVC offre la perspective d'améliorer la précision diagnostique, l'efficacité thérapeutique et les résultats globaux pour les patients.

### **L'apprentissage automatique pour l'AVC**

De nombreuses études exploitent l'apprentissage automatique pour améliorer le diagnostic et le traitement de l'AVC. Une approche implique l'analyse de données d'imagerie telles que les scanners par résonance magnétique (IRM) ou tomodensitométrie (CT) pour détecter les schémas d'AVC et prévoir les niveaux de dommages. Une autre approche utilise les données cliniques - les données démographiques des patients et les antécédents médicaux - pour prédire le risque d'AVC et identifier les candidats potentiels aux traitements préventifs. Les modèles ML aident également à adapter des stratégies de traitement personnalisées en fonction des caractéristiques individuelles. Bien que les études soient en cours, elles présentent des résultats prometteurs, améliorant la précision du diagnostic et l'efficacité du traitement des AVC.

#### *Machine à vecteurs de support*

Les SVM sont un type d'algorithme ML pouvant être utilisé pour classer et prédire les résultats en imagerie médicale et dans d'autres domaines de la médecine. Dans le contexte de la médecine de précision pour l'AVC, les SVM peuvent être utilisés pour analyser de grandes quantités de données, telles que les informations génétiques, les données d'imagerie et les données cliniques, afin d'identifier les schémas et les caractéristiques associés à l'accident vasculaire cérébral. Cela peut aider à la détection et au diagnostic précoces de l'AVC, ainsi qu'à l'identification des individus à haut risque d'AVC. De plus, les SVM peuvent également être utilisées pour prédire la réponse d'un individu à différents traitements et pour surveiller la progression de la maladie dans le temps.

Les SVM sont particulièrement adaptées aux données multidimensionnelles (Porcello, 2019), telles que les données d'imagerie, et peuvent être utilisées pour analyser de grands ensembles de données, ce qui en fait une option attrayante pour la médecine de précision. Cependant, comme d'autres modèles ML, les SVM nécessitent également de grandes quantités de données étiquetées et un fine-tuning pour atteindre une grande accuracy. De plus, l'interprétabilité de ces modèles peut être une préoccupation, et les résultats doivent être validés avec d'autres méthodes.

Une étude menée par (Moulton et al., 2019) a utilisé une analyse multivariée pour examiner la relation entre la topographie des lésions, caractérisée par l'imagerie tensorielle de diffusion (DTI) aiguë, et les résultats fonctionnels chez les patients présentant des lésions cérébrales. L'étude visait à présenter une méthode basée sur l'apprentissage automatique solide (SVM) qui a amélioré la précision médiane (82,8%) en utilisant 297 images d'AVC et a également fourni une compréhension significative des zones cérébrales vitales pour les résultats fonctionnels à long terme.

Dans une autre étude, (Chaudhry et al., 2013) a développé une méthode pour la segmentation et la classification d'images d'artères carotides en utilisant l'échographie. L'approche, qui combine un modèle de contour actif pour la segmentation d'images et un classificateur SVM pour la classification d'images, a atteint un taux d'accuracy de classification de 98,8%.

Selon une étude de (Liu et al., 2019), une technique d'analyse multivariée incorporant les SVM a été appliquée pour prédire l'expansion de l'hématome chez les patients souffrant d'hémorragie intracérébrale spontanée (ICH) en utilisant des informations disponibles de manière routinière. La recherche a révélé que le modèle SVM avait une grande accuracy dans la prédiction de l'expansion de l'hématome, avec 83,3%. Ce modèle pourrait potentiellement être utilisé dans des contextes cliniques pour aider à la prise en charge des patients atteints d'ICH.

Dans (Forkert et al., 2015), les auteurs suggèrent que la cartographie des lésions basée sur les SVM multiclasse peut prédire les résultats fonctionnels des patients atteints d'AVC ischémique avec une grande accuracy et mieux que les modèles statistiques traditionnels. Il a également été constaté que les SVM peuvent identifier des régions cérébrales spécifiques associées à différents résultats tels que la mort et l'incapacité.

D'autres travaux utilisant des algorithmes SVM sont (Bentley et al., 2014; Bagasta et al., 2019; Hussain and Park, 2020), et (Qiu et al., 2019). Par exemple, (Bagasta et al., 2019) compare les performances de deux types différents de SVM, le SVM cubique et le SVM gaussien, dans la classification de l'infarctus pour la détection de l'AVC ischémique. (Bagasta et al., 2019) ont constaté que le SVM cubique avait de meilleures performances que le SVM gaussien en termes d'accuracy, de sensibilité et de spécificité.

### *Réseaux de neurones artificiels*

Les ANN ont également émergé en tant qu'outil puissant dans le domaine de la médecine de précision pour l'AVC. La médecine de précision vise à prédire la susceptibilité individuelle à la maladie, à personnaliser les traitements et à surveiller l'évolution de la maladie. Grâce à leurs structures de réseau complexes, les ANN excellent dans la manipulation de jeux de données complexes et interconnectés, comprenant des profils génétiques, des imageries médicales et des dossiers cliniques. Leur potentiel s'étend à la détection précoce de l'AVC, au diagnostic précis et à l'identification des individus à risque élevé d'AVC. De plus, les ANN permettent aux prestataires de soins de santé de prédire la réponse d'un individu à diverses modalités de traitement et de suivre l'évolution de la maladie, en exploitant leur capacité à capturer des schémas nuancés et interconnectés dans les données des patients.

Bien que le potentiel des ANN pour la médecine de précision dans l'AVC soit indéniablement prometteur, cette voie de recherche en est à ses débuts, semblable à l'aube d'une ère transformative. Les ANN exigent des volumes substantiels de données minutieusement étiquetées et un fine-tuning complexe pour atteindre une grande accuracy, soulignant l'importance vitale des ressources en données et de l'optimisation des modèles. Parallèlement, l'interprétabilité de ces modèles, bien qu'un sujet de préoccupation, présente un défi captivant pour les chercheurs, suscitant des développements innovants dans l'intelligence artificielle explicative pour dévoiler

la "boîte noire".

Dans une étude menée par (Krebs et al., 2014), un ANN a été utilisé pour analyser les données collectées à partir d'un système de mesure robotique conçu pour évaluer les mouvements de bras chez les patients victimes d'un AVC. L'ANN a été employé pour analyser les données et établir des biomarqueurs de récupération motrice, pouvant être utilisés pour suivre les progrès et orienter les efforts de rééducation des patients victimes d'un AVC.

Dans cette étude, l'un des articles sélectionnés qui utilise un ANN est celui de (Liang et al., 2019). Dans ce travail, la performance des réseaux de neurones artificiels à rétropropagation (BP-ANN) a été comparée à celle des modèles de régression logistique (LR) pour prédire un mauvais pronostic après un AVC ischémique aigu. L'étude a utilisé des données collectées auprès de patients victimes d'un AVC et visait à déterminer quel modèle est le plus précis. Les résultats ont montré que les modèles BP-ANN et LR étaient prometteurs pour la prédiction de résultats défavorables en combinant l'âge, les acides gras libres, l'homocystéine et la phosphatase alcaline. Cependant, le modèle BP-ANN s'est avéré plus précis que le modèle LR pour prédire le pronostic.

De plus, (Du et al., 2016) ont constaté qu'une acupuncture du cuir chevelu avec une manipulation de renforcement par rotation avait un effet positif sur l'amélioration de la fonction motrice chez les patients présentant une hémiplégié après un AVC ischémique aigu, en utilisant un ANN et une conception d'association cachée. La complexité des données a également nécessité l'utilisation d'un algorithme BP-ANN, soulignant l'importance de l'ANN dans la compréhension de la relation entre le traitement et le résultat.

La recherche menée par (Kasasbeh et al., 2019) a utilisé les ANN pour prédire de manière optimale le noyau ischémique chez les patients victimes d'un AVC aigu, en utilisant la diffusion-weighted imaging (DWI) en tant que référence. Tout d'abord, un ANN a été conçu sur la base de données de la computed tomography perfusion (CTP) seule, puis un autre ANN a été conçu sur la base de données cliniques et de CTP. L'étude visait à améliorer la capacité à identifier et à diagnostiquer le noyau ischémique chez les patients victimes d'un AVC avec les ANN et la CTP, ce qui pourrait potentiellement conduire à de meilleurs résultats de traitement.

Des détails sur les ANN et leurs applications dans l'AVC peuvent être trouvés dans les travaux de (Chung et al., 2020; Suberi et al., 2018) et (Lin et al., 2020). Dans l'ensemble, ces études suggèrent que les ANN ont le potentiel d'être des outils précieux dans le domaine de la recherche sur l'AVC et qu'ils peuvent être particulièrement utiles pour prédire les résultats, identifier les facteurs de risque et développer des outils de diagnostic.

### ***Apprentissage Profond***

L'apprentissage profond, qui est une sous-catégorie de l'apprentissage automatique, a été appliqué à une variété de modalités d'imagerie médicale pour la détection et le diagnostic des AVC (Yousaf et al., 2023). Les techniques de DL, telles que les CNN et les RNN, peuvent être utilisées pour analyser des images médicales, telles que des IRM ou des scanners CT, et identifier les schémas et les caractéristiques associés aux AVC. De plus, ces techniques peuvent également être utilisées pour la segmentation d'images, ce qui peut être utile pour la

segmentation des lésions ou des infarctus dans les images d'AVC (Yu et al., 2020).

Les modèles de DL offrent une approche polyvalente pour l'analyse de différents types de données, allant au-delà de l'imagerie médicale. Ils peuvent exploiter des paramètres cliniques tels que la variabilité de la fréquence cardiaque (HRV) et les données d'électroencéphalogramme (EEG) non seulement pour renforcer la détection et le diagnostic précoces des AVC, mais aussi pour explorer de nouvelles voies de recherche sur les AVC, telles que la prédiction des sous-types d'AVC et les résultats à long terme (Alkhachroum et al., 2020).

Bien que les modèles de DL aient démontré leur efficacité dans l'analyse d'images médicales, leur application peut être limitée par la demande de données étiquetées substantielles et la nécessité d'un fine-tuning complexe pour atteindre une accuracy optimale, ce qui peut potentiellement limiter leur utilité dans des environnements pauvres en ressources. Pour relever ces défis, il est nécessaire de développer des stratégies innovantes pour l'augmentation des données et la généralisation des modèles, favorisant ainsi une accessibilité plus large.

De plus, l'interprétabilité des modèles de DL continue d'être une préoccupation critique. L'opacité de ces modèles peut entraver leur adoption dans la pratique clinique et la recherche. Pour résoudre ce problème, des efforts sont en cours pour développer des techniques d'IA explicables qui fournissent des insights sur les décisions du modèle, améliorant ainsi leur utilité clinique. De plus, il reste essentiel de valider les résultats de DL par des études collaboratives, une validation croisée avec des méthodes alternatives et des essais cliniques dans le monde réel, garantissant ainsi leur robustesse et leur fiabilité dans le contexte des soins aux AVC (Maleki et al., 2020; Weissler et al., 2021).

### ***Réseaux de neurones convolutifs***

Dans la quête de la médecine de précision pour l'AVC, l'intégration de technologies de pointe s'est imposée comme une frontière essentielle. Parmi ces avancées transformatrices, les CNN se présentent comme des outils puissants avec le potentiel de redéfinir les soins aux patients atteints d'AVC. Dans cette partie dédiée, nous entamons une exploration complète des CNN et de leur impact profond sur le paysage de la médecine de précision pour les AVC. Avec leurs capacités inégalées en analyse d'images, les CNN sont devenus des atouts inestimables, facilitant la détection précoce, le diagnostic précis et les stratégies de traitement personnalisées. En plongeant dans les subtilités de leurs applications, nous découvrons comment ces réseaux neuronaux révolutionnent la compréhension et la gestion des AVC, inaugurant une ère d'accuracy sans précédent et de soins centrés sur le patient.

L'étude menée par (Chen et al., 2017) a examiné l'utilisation des CNNs pour la segmentation automatique des lésions ischémiques aiguës en DWI. Les résultats ont montré l'efficacité de la méthode entièrement automatique basée sur les CNN pour segmenter précisément les lésions. Cette étude démontre le potentiel des CNN dans l'analyse d'images médicales.

La recherche développée par (Clèrigues et al., 2019) présente un outil DL automatisé pour la segmentation du noyau de lésion aiguë d'AVC à partir d'images CT et CTP. Les auteurs utilisent un réseau neuronal entièrement convolutionnel et comparent ses performances à la segmentation manuelle. Les résultats montrent que l'approche du réseau neuronal est efficace

et efficace pour segmenter précisément les noyaux de lésion d'AVC sur les images CTP.

Dans (Öman et al., 2019), des CNNs tridimensionnels sont utilisés pour étudier la faisabilité de la détection des AVC ischémiques à partir de computed tomography angiography source images (CTA-SI). Les résultats ont montré une latéralisation précise de toutes les lésions ischémiques et une correspondance élevée avec les segmentations manuelles. L'algorithme a identifié les régions cliniquement pertinentes comme infarctées avec une sensibilité de 0.93 et une spécificité de 0.82 pour les patients atteints d'AVC. Les performances de l'algorithme se sont améliorées avec l'utilisation de la comparaison hémisphérique cérébrale en tant qu'entrée et ont montré une légère amélioration avec l'inclusion de la non-contrast computed tomography (NCCT).

Pour plus d'informations sur les CNN pour les AVC en médecine de précision, l'article (Winder et al., 2022) est recommandé. L'objectif de l'étude est de démontrer la faisabilité et le potentiel d'utilisation de l'imagerie 4D CTP et des techniques d'apprentissage profond pour prédire les résultats tissulaires chez les patients atteints d'AVC ischémique aigu. L'objectif est d'améliorer la précision des prédictions de résultat d'AVC pour guider les décisions de traitement.

### *Réseaux de neurones récurrents*

Les RNN ont également été explorés dans le domaine de l'imagerie médicale pour la détection et le diagnostic des AVC. Les RNNs sont un type de réseau neuronal capable de traiter des données séquentielles, telles que des données en série temporelle. Cela les rend bien adaptés pour analyser des images médicales qui capturent les changements au fil du temps, comme les scans par IRM fonctionnelle (IRMf). Les RNNs peuvent être utilisés pour identifier des schémas et des caractéristiques associés à l'AVC, tels que les changements de flux sanguin ou d'activité cérébrale.

Les RNN peuvent également être utilisés pour analyser les données séquentielles des paramètres cliniques tels que les données de HRV et EEG, contribuant ainsi à une détection précoce et un diagnostic précis de l'AVC, et permettant l'identification des individus à haut risque d'AVC. De plus, tout comme les CNN, les RNN sont également employés pour la segmentation d'images, utile pour identifier les lésions ou infarctus dans les images d'AVC.

Des détails sur les RNN dans l'analyse de l'imagerie de l'AVC ischémique peuvent être trouvés dans (Cui et al., 2022). Ce travail couvre divers aspects des RNN tels que les types de RNN utilisés, les modalités d'imagerie employées, les mesures de performance utilisées pour évaluer les modèles, et les limitations des méthodes actuelles. L'étude discute également du potentiel des RNN dans l'analyse de l'imagerie de l'AVC ischémique et propose une perspective pour la recherche future.

### 2.3.4 Directions de Recherche Future

En projetant le futur panorama des soins contre les AVC, métamorphosés par la médecine de précision propulsée par l'IA, cette section explore dix axes majeurs nécessitant une investigation et une recherche approfondie. De l'amélioration des modèles et des architectures d'IA à l'intégration d'approches axées sur le patient, nous plongeons dans des aspects cruciaux tels que l'augmentation des données, l'IA explicative et son intégration à la pratique clinique. De plus, les considérations éthiques et juridiques, les initiatives de recherche collaborative et les approches interdisciplinaires sont soulignées, soulignant l'impératif d'un cadre global garantissant à la fois l'efficacité et l'intégrité éthique. De plus, la discussion s'étend pour inclure les résultats à long terme, l'économie de la santé, l'éducation et la formation, positionnant ces aspects comme des éléments intégraux dans la voie vers un avenir optimisé et centré sur le patient pour les soins contre les AVC.

#### Avancées dans les Modèles et Architectures d'IA

- Explorer le développement de modèles d'apprentissage en profondeur plus sophistiqués spécifiquement adaptés aux soins contre les AVC.
- Investiguer l'intégration de la fusion de données multimodales, combinant imagerie, données génétiques et cliniques pour une évaluation complète du risque d'AVC.
- Évaluer le potentiel du transfert d'apprentissage et de l'apprentissage fédéré pour optimiser les modèles d'IA avec un accès limité aux données.

#### Augmentation et Généralisation des Données

- Innover dans des stratégies d'augmentation de données efficaces pour surmonter les défis liés au manque de données étiquetées.
- Rechercher des méthodes d'adaptation de domaine pour garantir la robustesse des modèles dans des populations de patients variées.
- Examiner le rôle de la génération de données synthétiques et son impact sur l'entraînement et la généralisation des modèles.

#### IA Explicative et Interprétabilité

- Développer et mettre en œuvre des techniques d'IA explicatives pour améliorer la transparence des décisions basées sur l'IA dans les contextes cliniques.
- Enquêter sur des méthodes de visualisation des résultats des modèles d'IA et sur l'importance des caractéristiques pour aider les cliniciens dans leur prise de décision.
- Explorer l'intégration de l'IA interprétable dans les cadres réglementaires et les directives cliniques.

#### Intégration à la Pratique Clinique

- Étudier l'intégration des modèles d'IA dans les flux de travail cliniques habituels, en tenant compte de la scalabilité, des besoins en ressources et de la rentabilité.

- Investiguer le développement de systèmes d'aide à la décision alimentés par l'IA pour le diagnostic et la planification du traitement des AVC.
- Examiner le potentiel de la télémédecine et de la surveillance à distance à l'aide d'outils basés sur l'IA pour les soins contre les AVC dans les régions mal desservies.

### **Considérations Éthiques et Légales**

- Aborder les préoccupations éthiques liées à la confidentialité des données des patients, au consentement et au partage des données dans la recherche sur les AVC basée sur l'IA.
- Explorer les cadres juridiques et réglementaires régissant l'utilisation de l'IA dans les soins de santé, en mettant l'accent sur les soins contre les AVC.
- Promouvoir la collaboration interdisciplinaire entre les experts en éthique médicale, les chercheurs en IA et les décideurs en santé.

### **Initiatives de Recherche Collaboratives**

- Encourager la collaboration entre les institutions de recherche, les fournisseurs de soins de santé et les développeurs d'IA pour accélérer les progrès dans la médecine de précision contre les AVC.
- Favoriser les partenariats internationaux pour partager des ensembles de données diversifiés et promouvoir la recherche interculturelle dans les soins contre les AVC.
- Établir une plateforme de recherche et de partage de données en libre accès pour faciliter les avancées mondiales dans ce domaine.

### **Approches Centrées sur le Patient**

- Accorder la priorité aux perspectives et à l'engagement des patients dans le développement et l'évaluation des applications d'IA dans les soins contre les AVC. Examiner l'intégration des résultats et des préférences rapportés par les patients dans les recommandations de traitement guidées par l'IA. Explorer les solutions de télé-réadaptation et de surveillance à distance pour améliorer les résultats et la qualité de vie des patients victimes d'AVC.

### **Résultats à Long Terme et Économie de la Santé**

- Mener des études longitudinales pour évaluer l'impact à long terme de la médecine de précision contre les AVC basée sur l'IA sur les résultats des patients et les coûts des soins de santé.
- Évaluer la rentabilité des interventions d'IA dans les soins contre les AVC, en tenant compte de facteurs tels que la réduction de l'hospitalisation et l'amélioration des résultats du traitement.

### **Éducation et Formation**

- Développer des programmes éducatifs et des modules de formation pour les professionnels de la santé afin d'améliorer leur compréhension de l'IA et l'intégration des outils d'IA

dans la pratique clinique.

- Favoriser la collaboration entre les chercheurs en IA et les institutions de santé pour faciliter le transfert de connaissances et le développement des compétences.

### **Recherche Interdisciplinaire**

- Promouvoir la collaboration entre la neurologie, la radiologie, l'informatique et d'autres disciplines pour stimuler des solutions innovantes dans la médecine de précision contre les AVC.
- Encourager les initiatives de recherche qui comblent le fossé entre la recherche en IA et la pratique clinique pour une intégration harmonieuse.

### **2.3.5 Conclusion**

En conclusion, la médecine de précision dans le traitement de l'accident vasculaire cérébral vise à optimiser les résultats du traitement en tenant compte des caractéristiques individuelles et de la composition génétique du patient. Cette approche permet des traitements plus ciblés et efficaces, pouvant entraîner de meilleurs résultats et des effets secondaires réduits.

Les progrès réalisés dans l'imagerie et les tests génétiques ont permis une meilleure compréhension des mécanismes sous-jacents de l'AVC et ont conduit au développement de nouveaux traitements. Cependant, davantage de recherche est nécessaire pour comprendre pleinement le potentiel de la médecine de précision dans le traitement de l'AVC. De plus, la médecine de précision nécessite une approche multidisciplinaire pour garantir que tous les aspects des soins du patient sont pris en compte.

## Chapitre 3

# Classification des AVC Ischémiques dans le Contexte Africain avec les Réseaux de Neurones Convolutifs

### 3.1 Exploration des Facteurs de Risque des AVC Ischémiques Aigus dans le Contexte Africain

#### 3.1.1 Introduction

L'AVC ischémique aigu constitue un défi majeur de santé publique dans les populations africaines diversifiées, nécessitant une compréhension approfondie de sa variabilité démographique, de ses facteurs de risque et de ses implications cliniques. Cette scoping review synthétise les résultats de six études menées dans différentes régions d'Afrique, afin d'examiner les disparités entre les sexes, les facteurs de risque liés à l'âge, ainsi que les contributions des modes de vie.

Cette section repose sur une analyse approfondie (Abbaoui et al., 2024c), où les schémas communs et les caractéristiques uniques en relation avec l'âge, le sexe et les facteurs de risque dans l'occurrence des AVC ischémiques aigus ont été mis en lumière. La méthodologie suivie dans cette revue s'appuie sur les recommandations du JBI pour les scoping reviews (Peters et al., 2015).

#### 3.1.2 Méthodologie

##### Critères d'éligibilité

Cette scoping review a inclus des études primaires rapportant les facteurs de risque associés à l'AVC ischémique à partir de l'année 2018, à l'exception des informations provenant des journaux, magazines littéraires, webzines et résumés de conférences. La sélection de cette période temporelle a été motivée par la nécessité de capturer les développements les plus récents et les tendances émergentes dans la littérature, tout en assurant une couverture exhaustive des preuves disponibles dans le domaine. Les études portant sur des populations ou des données provenant de régions en dehors du continent africain et les articles n'évaluant pas les facteurs de risque de l'AVC ischémique aigu ou utilisant des mesures de résultats non liées à la question de recherche ont été exclus de cette scoping review. Les critères d'éligibilité des études sont résumés dans le tableau 3.1.

TABLE 3.1 – Critères d’inclusion et d’exclusion.

Critères	Critères spécifiés
Inclusion	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Études rapportant les facteurs de risque associés à l’AVC ischémique aigu dans les populations africaines</li> <li>- Études publiées à partir de 2018</li> <li>- Études primaires</li> </ul>
Exclusion	<ul style="list-style-type: none"> <li>- Études rapportées dans une langue autre que l’anglais</li> <li>- Informations provenant de magazines, journaux, résumés de conférences</li> <li>- Études non menées dans les populations africaines</li> <li>- Études utilisant des mesures de résultats non liées à la question de recherche</li> </ul>

### Stratégie de recherche

Les plateformes de publication de travaux de recherche, y compris Scopus, Web of Science (WoS) et PubMed, ont été systématiquement explorées en tant que sources principales pour cette scoping review. Les bases de données bibliographiques ont été interrogées en utilisant une combinaison soigneusement construite de termes de recherche, ciblant spécifiquement les facteurs de risque de l’AVC ischémique aigu dans la population africaine (par exemple, acute ischemic stroke\* AND risk factors\* AND Africa). Cette stratégie de recherche rigoureuse visait à recueillir de manière exhaustive les preuves les plus pertinentes et les plus récentes sur le sujet.

### Processus de sélection des études

Un processus de filtrage systématique a été employé, impliquant trois phases distinctes : identification, sélection et évaluation de l’éligibilité.

- *Phase d’identification* : Application des requêtes de recherche aux bases de données et suppression des doublons parmi les études récupérées.
- *Phase de sélection* : Examen des titres et des résumés des articles pour exclure ceux non pertinents.
- *Phase d’évaluation de l’éligibilité* : Lecture des textes intégraux des articles pour évaluer leur pertinence par rapport à cette étude.

### 3.1.3 Résultats

#### Résultats de la sélection

Le processus de sélection des études est illustré dans la figure 3.1, en utilisant le diagramme de flux PRISMA pour représenter les trois étapes de filtrage (Processus de sélection des études). Initialement, un total de 27 études ont été récupérées à partir des trois bases de données incluses dans cette étude. Après l’élimination de 2 articles en double, 25 articles uniques ont été sélectionnés. Par la suite, 5 articles ont été exclus sur la base de leurs titres et résumés, ce qui a abouti à 20 articles pour un examen plus approfondi. Une évaluation plus poussée des

articles en texte intégral a conduit à l'exclusion de 14 articles qui portaient sur des populations en dehors de l'Afrique ou qui ne contenaient pas de données suffisantes sur les facteurs de risque de l'accident vasculaire cérébral ischémique aigu. En conséquence, 6 études ont été incluses dans cette revue, car elles répondaient aux critères d'éligibilité et fournissaient des informations pertinentes sur les facteurs de risque associés à l'accident vasculaire cérébral ischémique aigu dans le contexte africain.

### Caractéristiques des études incluses

Le tableau 3.2 présente un résumé des études incluses dans cette revue exploratoire. Les études sélectionnées couvrent une période de publication allant de 2018 à 2023. Les populations étudiées dans ces articles proviennent de diverses régions d'Afrique. Plus précisément, l'étude de Mapoure et al. (2018) se concentre sur les Africains noirs, tandis que Al-Rukn et al. (2020) examine une population de la région MENA. De plus, Arslan and Cetinkaya (2022), Damon et al. (2022) et Neshuku et al. (2023) se concentrent respectivement sur la Somalie, le Sénégal et la Namibie. Enfin, Imam et al. (2023) présente des résultats provenant d'une cohorte multinationale, incluant des régions de la MENA, de l'Asie du Sud et de l'Asie du Sud-Est. La diversité des populations étudiées et des zones géographiques souligne la pertinence de cette revue exploratoire pour comprendre les facteurs de risque de l'AVC ischémique aigu dans le contexte africain.

TABLE 3.2 – Résumé des études incluses.

Référence	Année de publication	Région de l'étude
Mapoure et al. (2018)	2018	Africains subsahariens
Al-Rukn et al. (2020)	2020	MENA <sup>1</sup>
Arslan and Cetinkaya (2022)	2022	Somalie
Damon et al. (2022)	2022	Sénégal
Neshuku et al. (2023)	2023	Namibie
Imam et al. (2023)	2023	MENA/ Asie du Sud/ Asie du Sud-Est

1. Région du Moyen-Orient et de l'Afrique du Nord.

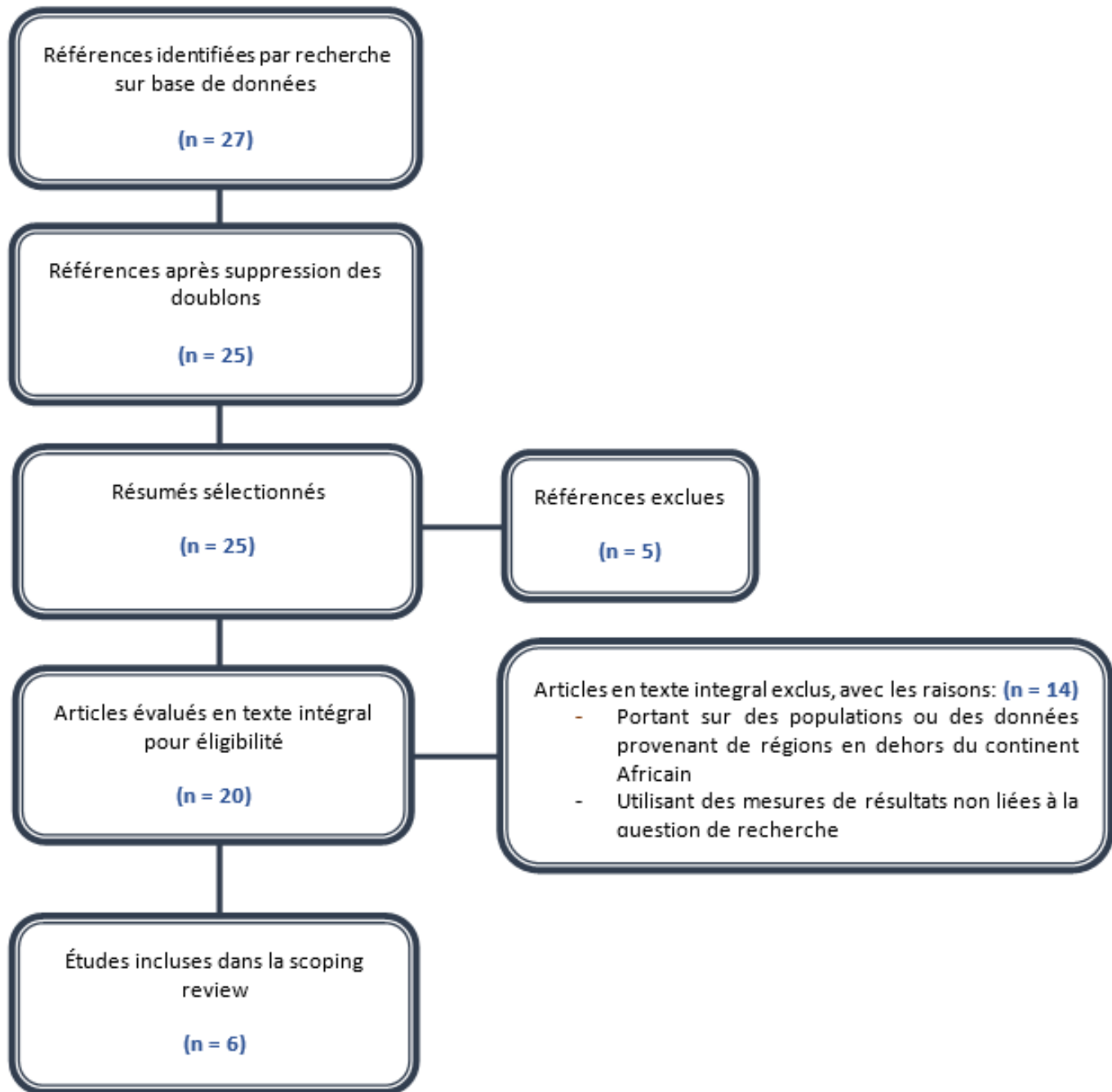


FIGURE 3.1 – Processus de sélection des études.

## Résultats des études incluses

### *Répartition selon l'âge et le genre des patients victimes d'AVC ischémique aigu*

La répartition selon l'âge et le genre parmi les patients victimes d'AVC ischémique aigu dans divers contextes africains a été explorée à travers six études distinctes :

- Dans la première étude analysant 480 patients, une prédominance masculine était évidente, avec 53.1% des patients étant de sexe masculin. L'âge moyen était de 62.8 ans, et une proportion notable (54.6%) avait plus de 60 ans Mapoure et al. (2018).
- La deuxième étude, examinant 5 897 patients dans la région MENA, a présenté un âge médian de 65 ans pour l'ensemble du groupe Al-Rukn et al. (2020).
- À l'hôpital de formation et de recherche Mogadiscio Somali Recep Tayyip Erdoğan, la troisième étude a mis en évidence une prévalence des AVC ischémiques dans la tranche d'âge de 50 à 69 ans, en particulier chez les hommes (62.7%) Arslan and Cetinkaya (2022).
- La quatrième étude, impliquant 56 patients, a renforcé la variation de la composition selon l'âge et le genre parmi les patients victimes d'accident vasculaire cérébral ischémique aigu. L'âge moyen était de 48.2 ans, avec une prédominance masculine Damon et al. (2022).
- Ajoutant une dimension supplémentaire à la répartition selon l'âge, la cinquième étude a exploré 220 patients victimes d'AVC en Namibie, révélant un âge moyen de 53 ans Neshuku et al. (2023).
- La sixième étude, englobant 55 patients, a souligné le profil selon l'âge et le genre avec un âge moyen de 51.3 ans et une prédominance des hommes (87%) Imam et al. (2023).

Dans l'ensemble, ces études mettent en lumière les caractéristiques démographiques diverses des patients victimes d'accident vasculaire cérébral ischémique aigu dans différentes régions africaines. La figure 3.2 présente la répartition selon le genre et l'âge dans les études incluses dans cette revue. Les valeurs d'âge moyen sont indiquées pour la plupart des études, avec une étude indiquant l'âge médian. Les barres bleues représentent les participants masculins et les barres orange représentent les participantes féminines.

En résumé, les divers patterns de répartition selon l'âge et le genre mis en évidence dans ces études soulignent la nature complexe de l'AVC ischémique aigu au sein de la population africaine. Cette compréhension constitue la base d'une exploration approfondie de l'histoire médicale et des facteurs liés au mode de vie qui contribuent au risque d'AVC, comme nous l'examinerons dans la section suivante dédiée à 'l'histoire médicale et les facteurs liés au mode de vie'.

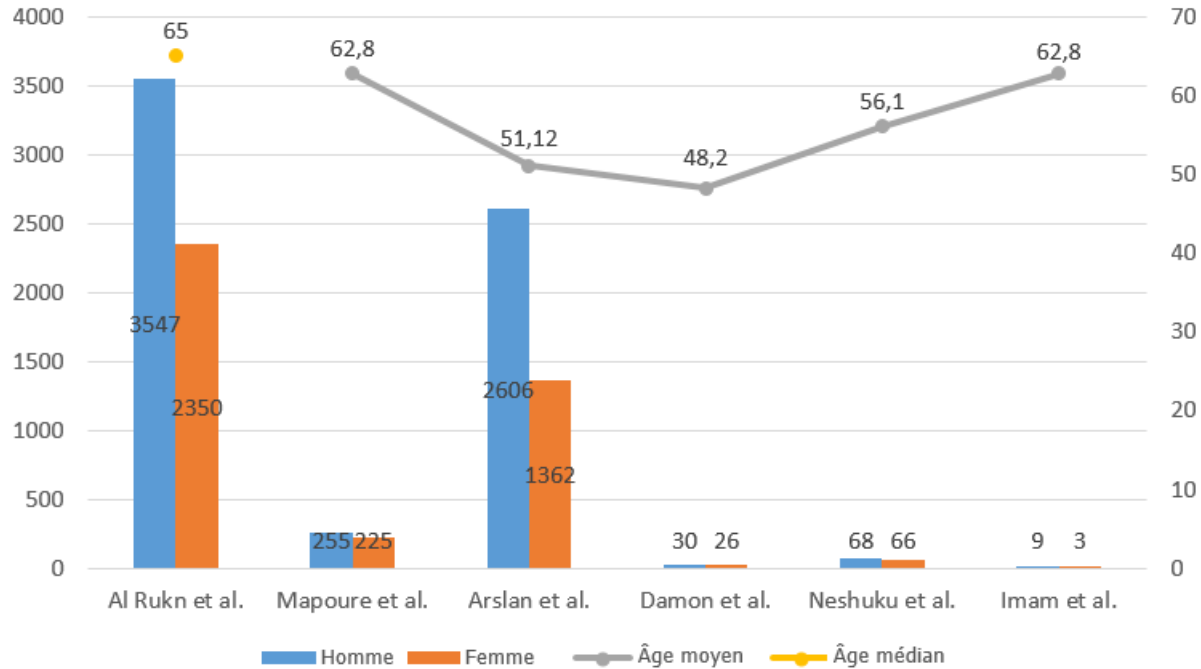


FIGURE 3.2 – Distribution des genres et des âges dans les études incluses.

### *Antécédents médicaux et facteurs liés au mode de vie*

L'interaction complexe des antécédents médicaux et des facteurs liés au mode de vie constitue un cadre crucial pour comprendre le risque d'AVC ischémique aigu. Grâce à une analyse exhaustive de diverses études, une compréhension plus claire émerge, révélant des éléments divers et interconnectés :

#### *— Perspectives cardiovasculaires et métaboliques*

Comme le montre le tableau récapitulatif, la première étude Mapoure et al. (2018) a mis en évidence l'hypertension (93.8%), le diabète mellitus (39.0%) et l'hyperlipidémie (79.0%) comme principaux facteurs de risque. Parallèlement, la deuxième étude Al-Rukn et al. (2020) a réaffirmé l'importance de l'hypertension (66%) et du diabète (38%) dans le risque d'AVC. La troisième étude Arslan and Cetinkaya (2022) a exploré l'hypertension (71.7%), le diabète (35.6%) et l'hyperlipidémie (56.6%), renforçant leurs rôles. Ces tendances ont été enrichies par la quatrième étude Damon et al. (2022), qui a examiné l'hypertension artérielle (42.1%) et les antécédents d'AVC (7.9%).

#### *— Dynamiques liées au mode de vie*

Les facteurs liés au mode de vie, tout aussi intégrants, ont également montré des variations intéressantes selon les études. L'historique de tabagisme variait de 15.4% dans la

première étude Mapoure et al. (2018) à 39.5% dans la cinquième étude Neshuku et al. (2023), illuminant un spectre de contributions. De même, l'historique de consommation d'alcool variait de 35.8% dans la première étude Mapoure et al. (2018) à 58.5% dans la cinquième étude Neshuku et al. (2023).

— *Profils complexes et approches thérapeutiques*

D'autres nuances ont émergé sous la forme de profils complexes et de dynamiques de traitement. La sixième étude Imam et al. (2023) a mis en lumière le diabète mellitus (42%), l'hypertension (58%), la dyslipidémie (42%), la fibrillation auriculaire (25%) et la coronaropathie (33%) comme éléments intégrants.

Avec l'aide des tableaux récapitulatifs des études incluses (tableau 3.3, tableau 3.4), une vue panoramique des antécédents médicaux et des facteurs liés au mode de vie dans le risque d'AVC ischémique aigu émerge. Cette approche synthétisée nous permet de saisir rapidement les éléments clés des différentes études et souligne l'importance de stratégies personnalisées pour la prévention et la gestion de l'AVC.

TABLE 3.3 – Caractéristiques de chaque étude incluse.

Auteur	Type de publication	Nombre de patients	Âge moyen des patients	Facteurs de risque	Résultats	
					%	
(Anslan and Cetinkaya, 2022)	Article	3068	51.12	Hypertension Diabète sucré Hyperlipidémie Antécédents d'AVC/attaque ischémique transitoire Fibrillation auriculaire Maladie coronarienne Thrombose auriculaire Antécédents de tabagisme Antécédents de consommation d'alcool Erythrocytose Occlusion critique de l'artère carotide	71.7 35.6 56.6 20.8 18.6 25.4 1.6 2.1 0.8 8.0 19.6	- L'incidence des AVC, notamment des AVC ischémiques jeunes associés au VIH, augmente rapidement en Somalie et dans d'autres pays en développement
(Dannon et al., 2022)	Article	56	48.2	Hypertension artérielle Diabète Antécédents d'AVC	42.1 N/A 7.9	- Fournit des insights sur les habitudes préhospitalières des patients victimes d'AVC ischémique - Soutient fortement la création d'unités neuro-vasculaires spécialisées dans les pays d'Afrique subsaharienne
(Al-Rukn et al., 2020)	Article	500 (MENA)	-	Hypertension Diabète Tabagisme Hyperlipidémie Hypertension Diabète mellitus Dyslipidémie Autres maladies cardiovasculaires Antécédents de tabagisme Antécédents de consommation d'alcool VIH positif Traitement médical et de réadaptation Thrombolyse Labetalol/hydrochlorazone intraveineux ASA/Clop ASA/Clop + statine DAPT + statine Anticoagulation 1 agent antihypertenseur 2 agents antihypertenseurs 3 agents antihypertenseurs ou plus Physiothérapie Ergothérapie Orthophonie	51.7 28.5 20.8 17.6 58.1 72.5 73.79 87.5 70.59 55.7 67.86 85.71 N/A 2.2 14.9 3.2 66.1 23.4 7.3 61.5 80.0 45.5 68.2 57.9 60.0	- Dans la région MENA, les patients recevant une thrombolyse intraveineuse se caractérisent par un âge plus jeune, une sévérité d'AVC plus prononcée et une prévalence plus élevée du diabète
(Nesluku et al., 2023)	Article	134	56.1	Antécédents de tabagisme Antécédents de consommation d'alcool VIH positif Traitement médical et de réadaptation Thrombolyse Labetalol/hydrochlorazone intraveineux ASA/Clop ASA/Clop + statine DAPT + statine Anticoagulation 1 agent antihypertenseur 2 agents antihypertenseurs 3 agents antihypertenseurs ou plus Physiothérapie Ergothérapie Orthophonie	55.7 67.86 85.71 N/A 2.2 14.9 3.2 66.1 23.4 7.3 61.5 80.0 45.5 68.2 57.9 60.0	- L'incidence des AVC ischémiques en Namibie est similaire à celle des autres pays à revenu faible ou intermédiaire - L'hypertension et la consommation d'alcool se distinguent comme les principaux facteurs de risque parmi la cohorte étudiée - Faible taux de thrombolyse intraveineuse et accès limité aux services de réadaptation essentiels

TABLE 3.4 – Caractéristiques de chaque étude incluse (Suite).

Auteur	Type de publication	Nombre de patients	Âge moyen des patients	Facteurs de risque	Résultats	
					%	
(Mapoure et al., 2018)	Article	480	62.8	Hypertension	93.8	
				Diabète mellitus	39.0	
				Antécédents de tabagisme	15.4	
				Consommation d'alcool >40 g	35.8	
				Dyslipidémie	79.0	
				Obésité/Surpoids	32.3	- Parmi les patients africains noirs atteints d'AVC
				Syndrome métabolique	26.2	ischémique, il est significatif de constater qu'en-
				Maladie coronarienne	7.1	viron
				Fibrillation auriculaire	17.9	la moitié présente une hyperuricémie, identifiée
				Cardiomyopathie	16.5	comme un facteur prédictif de mauvais résultats
				Valvulopathie	7.1	fonctionnels et d'augmentation des taux de mor-
				AVC antérieur	25.0	talité
				Antécédents familiaux	2.9	
				Séropositif VIH	4.0	
				Maladie rénale chronique	7.7	
				Goutte	4.0	
				Hyperuricémie	52.3	
Hypertension	58.0					
Diabète mellitus	42.0	- Résultats positifs et risque minimal de saigne-				
Dyslipidémie	42.0	ment cliniquement significatif associé à la pose				
Fibrillation auriculaire	25.0	de stent de sauvetage dans une cohorte diversifiée				
Maladie coronarienne	33.0	de patients provenant de MENA,				
AVC/TIA antérieur	25.0	d'Asie du Sud et d'Asie du Sud-Est				
Tabagisme	42.0					

### 3.1.4 Discussion

#### Synthèse des Résultats

La discussion de nos résultats s'articule autour de plusieurs thèmes clés, soulignant la variabilité démographique complexe et les implications cliniques de l'AVC ischémique aigu dans divers contextes africains. Notamment, la prévalence de l'hyperuricémie s'est avérée substantielle chez les patients atteints d'AVC ischémique aigu, atteignant 52.3% dans l'étude Mapoure et al. (2018). Ce phénomène incite à une enquête plus approfondie sur l'association entre l'hyperuricémie et les résultats des AVC. Bien que la région MENA et les pays non-MENA affichent des différences dans les caractéristiques démographiques des AVC, telles que l'âge et la gravité, la prévalence commune des facteurs de risque tels que l'hypertension et le diabète dans ces régions souligne l'universalité du profil de risque sous-jacent de l'AVC, comme observé dans les études Al-Rukn et al. (2020) et Imam et al. (2023).

De plus, les disparités de genre évidentes dans l'étude Mapoure et al. (2018) et d'autres études mettent en lumière la nécessité d'interventions sensibles au genre pour les AVC. La distribution d'âge observée souligne le rôle de l'âge comme facteur de risque significatif, une proportion considérable de patients ayant plus de 55 ans dans plusieurs études. Ces patterns démographiques plaident pour des stratégies adaptées ciblant différents groupes d'âge, tandis que les variations régionales appellent des approches de soins spécifiques au contexte pour les AVC.

Les facteurs liés au mode de vie, allant du tabagisme et de la consommation d'alcool à d'autres maladies cardiovasculaires, contribuent également à la complexité de l'étiologie et du risque d'AVC dans la population africaine. À la lumière de ces perspectives multiples, des approches holistiques de la prévention et de la gestion des AVC émergent comme essentielles, en se concentrant sur les facteurs de risque modifiables et les interventions personnalisées.

Malgré les limitations inhérentes à ces études, y compris la contrainte des petites bases de données, leurs implications pour la santé publique sont indéniables. Ces résultats jettent les bases de campagnes de santé publique ciblées et d'un meilleur accès aux soins pour les AVC, afin de lutter efficacement contre le fardeau croissant des AVC en Afrique.

En résumé, cet examen des caractéristiques démographiques et des facteurs de risque des AVC souligne l'importance de stratégies adaptées aux AVC, de la sensibilisation et de la promotion d'efforts collaboratifs pour atténuer l'impact de l'AVC ischémique aigu dans les populations africaines. De plus, bien que ces résultats apportent des informations précieuses, ils soulignent également la nécessité de poursuivre les recherches et d'améliorer les méthodologies pour mieux comprendre les AVC dans le contexte africain.

#### Le rôle transformateur de l'IA dans la gestion des risques

Ces dernières années, l'intégration de l'IA a ouvert des opportunités sans précédent pour révolutionner l'évaluation et la gestion des risques dans diverses disciplines médicales, y compris les AVC. En réfléchissant aux résultats de notre scoping review concernant les facteurs de risque d'AVC ischémique aigu dans les populations africaines, il devient évident que l'IA a le

potentiel d'améliorer considérablement notre compréhension et nos capacités prédictives dans ce domaine.

### **Analyses de données pilotées par l'IA**

Les analyses de données pilotées par l'IA ont montré un immense potentiel pour identifier des modèles et des relations complexes au sein de grandes bases de données Khan (2023). Notre scoping review a mis en lumière une myriade de facteurs de risque associés à l'AVC ischémique aigu dans les populations africaines. Cependant, le volume et l'interaction de ces facteurs posent des défis aux approches analytiques traditionnelles. Les algorithmes d'IA, tels que l'apprentissage automatique et l'apprentissage profond, excellent à déchiffrer des relations complexes qui pourraient autrement passer inaperçues Youvan (2023). En tirant parti de l'IA, nous pouvons identifier des corrélations cachées, des interactions non linéaires et des combinaisons de facteurs de risque nouveaux qui pourraient contribuer à la susceptibilité aux AVC.

### **Profilage personnalisé des risques**

L'hétérogénéité observée dans les facteurs de risque des AVC parmi les populations africaines nécessite une transition vers le profilage personnalisé des risques. Les modèles d'évaluation des risques conventionnels reposent souvent sur des paramètres généralisés qui pourraient ne pas saisir pleinement les nuances individuelles du risque. Les modèles d'IA peuvent intégrer diverses caractéristiques des patients, des marqueurs génétiques, des facteurs liés au mode de vie et des variables régionales pour construire des profils de risque personnalisés. Cela permet non seulement aux prestataires de soins de santé de fournir des interventions ciblées, mais aussi aux individus de prendre des décisions éclairées concernant leur santé sur la base d'une évaluation des risques plus précise.

### **Détection précoce et intervention**

L'un des avantages les plus significatifs offerts par l'IA est la possibilité de détection précoce et d'intervention. Notre scoping review souligne le rôle critique de divers facteurs de risque, allant des attributs démographiques aux choix de mode de vie. Les modèles prédictifs alimentés par l'IA peuvent identifier les individus à haut risque à un stade précoce, permettant aux systèmes de santé de mettre en œuvre des mesures préventives avant l'apparition de l'AVC ischémique aigu. Les interventions en temps opportun peuvent inclure des modifications du mode de vie, des traitements pharmacologiques et une surveillance ciblée, contribuant toutes à réduire l'incidence des AVC et à améliorer la santé globale de la population.

### **Considérations éthiques et défis**

Bien que l'IA présente un immense potentiel, elle introduit également des considérations éthiques et des défis. L'intégration de l'IA nécessite des mesures robustes de confidentialité des données, des algorithmes transparents et un accès équitable aux solutions de soins de

santé pilotées par l'IA. De plus, l'inclusion de l'IA dans l'évaluation des risques d'AVC devrait compléter l'expertise clinique plutôt que la remplacer. Des efforts collaboratifs entre les professionnels de la santé et les technologies d'IA sont essentiels pour garantir une utilisation optimale du potentiel de l'IA tout en maintenant des soins centrés sur le patient.

### **3.1.5 Conclusion**

En conclusion, cette scoping review présente une synthèse de six études se concentrant sur l'AVC ischémique aigu dans les populations africaines. Les résultats soulignent l'importance d'approches adaptées à la gestion des AVC qui tiennent compte de la variabilité démographique, des disparités de genre, des risques liés à l'âge et des différences régionales. Les implications cliniques de l'hyperuricémie mettent en évidence la nécessité d'interventions nuancées, tandis que l'accent mis sur les stratégies holistiques et les impératifs de santé publique souligne l'importance de la prévention complète des AVC. Bien que la scoping review offre des informations précieuses, elle souligne également la nécessité de recherches supplémentaires. Des études prospectives avec des échantillons plus importants, une collecte de données standardisée et une représentation géographique diversifiée sont essentielles pour renforcer la base de preuves. De plus, l'exploration de nouveaux facteurs de risque, l'exploration des prédispositions génétiques et l'évaluation de l'efficacité des interventions adaptées dans les populations africaines demeurent des domaines de recherche futurs essentiels. Malgré les limitations, ces informations fournissent une feuille de route pour les futures recherches et les efforts politiques visant à réduire le fardeau des AVC dans les communautés africaines, soulignant l'importance des approches culturellement sensibles et fondées sur des preuves pour améliorer les résultats des AVC et la santé publique.

## 3.2 Classification des AVC Ischémiques à partir d'IRM Marocaines avec les Réseaux Neuronaux Convolutifs VGG-16

### 3.2.1 Introduction

L'avancée rapide de la technologie médicale, particulièrement dans le domaine de l'imagerie par résonance magnétique (IRM), a ouvert des perspectives nouvelles pour la compréhension et le diagnostic des maladies neurologiques, mettant en lumière les accidents vasculaires cérébraux. Au Maroc, un pays au paysage médical en évolution, les AVC représentent un défi croissant pour la santé publique, constituant une part significative, soit 70.9%, de l'ensemble des cas d'AVC dans les zones urbaines de Casablanca et Rabat (Kharbach et al., 2019).

Dans ce cadre, cette section s'appuie sur notre contribution, qui explore l'utilisation des réseaux neuronaux convolutifs, en particulier l'architecture VGG-16, pour la classification des AVC ischémiques à partir d'IRM marocaines (Abbaoui et al., 2024e). En répondant à la nécessité pressante d'améliorer la rapidité et la précision des diagnostics, cette étude propose une approche novatrice permettant une distinction claire entre les tissus cérébraux sains et affectés sur les images IRM.

L'intégration de l'intelligence artificielle et des réseaux neuronaux convolutionnels, notamment le modèle VGG-16, ouvre la voie à des diagnostics accélérés et des interventions opportunes, comblant ainsi les lacunes persistantes dans la classification traditionnelle des AVC ischémiques au Maroc.

Cette section sert de lien essentiel entre les découvertes spécifiques de l'étude et les objectifs plus vastes de notre recherche doctorale, soulignant l'importance cruciale de cette exploration pour une compréhension approfondie des AVC dans le contexte marocain.

### 3.2.2 Méthodologie

Dans le cadre de cette recherche, nous avons suivi le processus OSEMN (Obtain, Scrub, Explore, Model, and iNterpret) en tant que méthodologie. Reconnu et normalisé, le processus OSEMN constitue un modèle essentiel pour structurer la recherche en sciences des données, visant à surmonter les défis et à accroître l'efficacité de l'analyse de données (Byrne, 2017) à grande échelle.

Pour assurer une récupération et une manipulation organisées des données de nos images IRM, nous avons adopté une approche structurée basée sur le processus OSEMN. Ce dernier offre une séquence logique d'activités, illustrée dans la figure 3.3 : obtenir les données, les nettoyer, explorer les données, modéliser les données, et enfin interpréter les résultats. Cette méthodologie offre un cadre clair et cohérent pour conduire notre recherche.

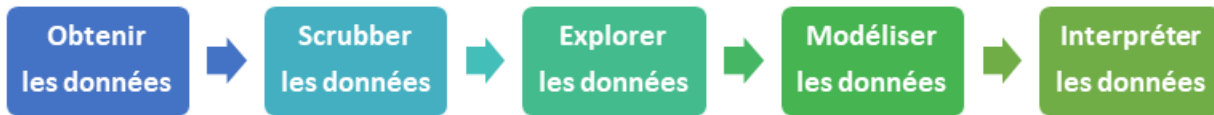


FIGURE 3.3 – Process OSEMN.

Notre étude s’appuie sur un ensemble de données composé d’images IRM du cerveau de patients marocains, totalisant 342 images collectées auprès de 22 patients. Ces images présentent des dimensions variées, principalement en  $512 \times 512$  pixels ou  $256 \times 256$  pixels.

Afin de garantir une évaluation et une validation rigoureuses de notre modèle, nous avons segmenté l’ensemble de données en trois sous-groupes distincts. Plus précisément, 77 % des images ont été consacrées à l’entraînement des modèles, 3 % pour tester leurs performances, et 20 % pour valider les résultats. Ces pourcentages de partitionnement ont été déterminés en suivant les meilleures pratiques, assurant un entraînement équilibré, une évaluation robuste, et une généralisation optimale de notre modèle.

### Analyse du contexte de l’étude

Dans le contexte des accidents vasculaires cérébraux ischémiques, la prévalence de cette condition et la complexité de son traitement soulignent la nécessité de ressources diagnostiques et thérapeutiques appropriées offrant des solutions optimales pour les patients.

L’objectif principal de ce projet est de développer un modèle basé sur l’apprentissage profond, conçu spécifiquement pour classer avec précision la présence d’un AVC ischémique à partir d’IRM. La performance du modèle a été évaluée en utilisant l’accuracy comme métrique, fournissant ainsi une mesure de son efficacité pour différencier avec précision les sujets avec et sans AVC. Des efforts continus ont été déployés pour affiner et optimiser les capacités du modèle, garantissant une précision élevée et une fiabilité constante dans la détection des accidents vasculaires cérébraux ischémiques à l’aide de la technologie IRM.

Notre critère de réussite est de construire un modèle dont les performances dépassent les 80%.

### Environnement et Outils de Développement

#### *Configuration Matérielle et Logicielle*

Le modèle d’apprentissage profond a été élaboré et entraîné sur un processeur Intel(R) Core(TM) i5-6300U CPU @ 2.40GHz avec une fréquence d’horloge de 2.50 GHz. Le processus d’entraînement a eu lieu au sein d’un environnement Jupyter Notebook, fournissant une plateforme interactive et efficace pour le développement et l’expérimentation du modèle.

### *Bibliothèques et Dépendances*

L'implémentation du modèle d'apprentissage profond a été facilitée par l'utilisation de plusieurs bibliothèques Python essentielles et de dépendances (résumées dans le tableau 3.5).

TABLE 3.5 – Bibliothèques Python et dépendances utilisées dans le modèle implémenté.

<b>Bibliothèque</b>	<b>Objectif</b>
imutils	Traitement et manipulation d'images pour l'augmentation de données
numpy	Opérations efficaces sur les tableaux et calculs mathématiques
cv2 (OpenCV)	Tâches de vision par ordinateur : chargement d'images, redimensionnement, etc
scikit-learn	Prétraitement des données, découpage et évaluation des performances
matplotlib.pyplot	Génération de visualisations pour l'analyse des résultats expérimentaux
keras	Framework de deep learning pour la construction et l'entraînement du modèle
ImageDataGenerator	Augmentation et prétraitement des données pour la généralisation du modèle
VGG-16	Architecture CNN pré-entraînée pour l'extraction de caractéristiques
Autres composants keras	Comprend des couches, des modèles, des optimiseurs et des rappels

Bien que les bibliothèques susmentionnées soient essentielles à l'étude, il est important de noter que des bibliothèques et des dépendances supplémentaires ont été utilisées au besoin tout au long du processus de recherche. Ces choix ont joué un rôle significatif dans la préparation des données, le développement du modèle et l'évaluation des performances.

### **Collecte et Prétraitement des Données**

En suivant l'approche OSEMN, nous détaillons méticuleusement le processus complet de collecte de données et les étapes de prétraitement appliquées aux images de l'IRM. Cette procédure est essentielle au développement de notre modèle basé sur l'apprentissage en profondeur, conçu spécifiquement pour la classification de l'AVC ischémique. En suivant cette méthodologie structurée, nous nous assurons de l'acquisition efficace des données, de leur nettoyage approfondi, de l'exploration des informations et de la préparation appropriée pour les injecter dans le modèle. L'analyse et l'interprétation qui en résultent permettent la construction d'un système de classification robuste, permettant l'identification précise de l'AVC ischémique à partir des images de l'IRM.

#### *Collecte de Données*

Notre source d'images par IRM provient du jeu de données de l'Université Mohammed VI des Sciences de la Santé (UM6SS), comprenant des échantillons liés aux cas d'accident vasculaire cérébral ischémique. Ce jeu de données est systématiquement organisé en ensembles distincts, à savoir l'ensemble d'entraînement, l'ensemble de validation et l'ensemble de test. Chaque ensemble est ensuite catégorisé en fonction de la présence ou de l'absence d'un AVC, représenté respectivement par les classes 'OUI' et 'NON'. Il est important de noter que le jeu de données

présente une distribution équilibrée entre les sexes, avec 55% de patients féminins et 45% de patients masculins, assurant une représentation complète des profils de patients (figure 3.4).

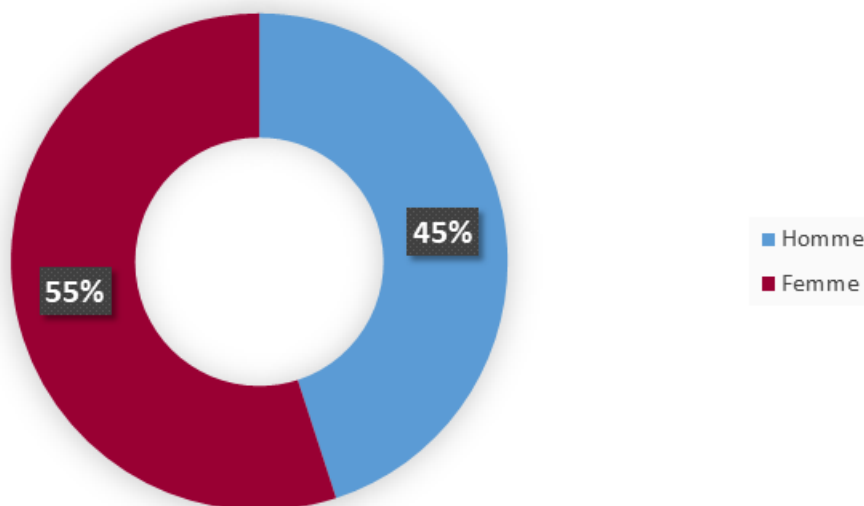


FIGURE 3.4 – Distribution des genres dans le jeu de données.

Nous avons également étudié la répartition des classes au sein de chaque ensemble pour évaluer l'équilibre du jeu de données. La figure 3.5 offre une représentation visuelle du nombre d'échantillons pour chaque classe (présence et absence d'un AVC) dans les ensembles d'entraînement, de validation et de test. Cette visualisation précieuse nous permet d'identifier d'éventuels déséquilibres entre les classes et de garantir la représentativité du jeu de données pour l'entraînement de notre modèle de classification des AVC ischémiques.

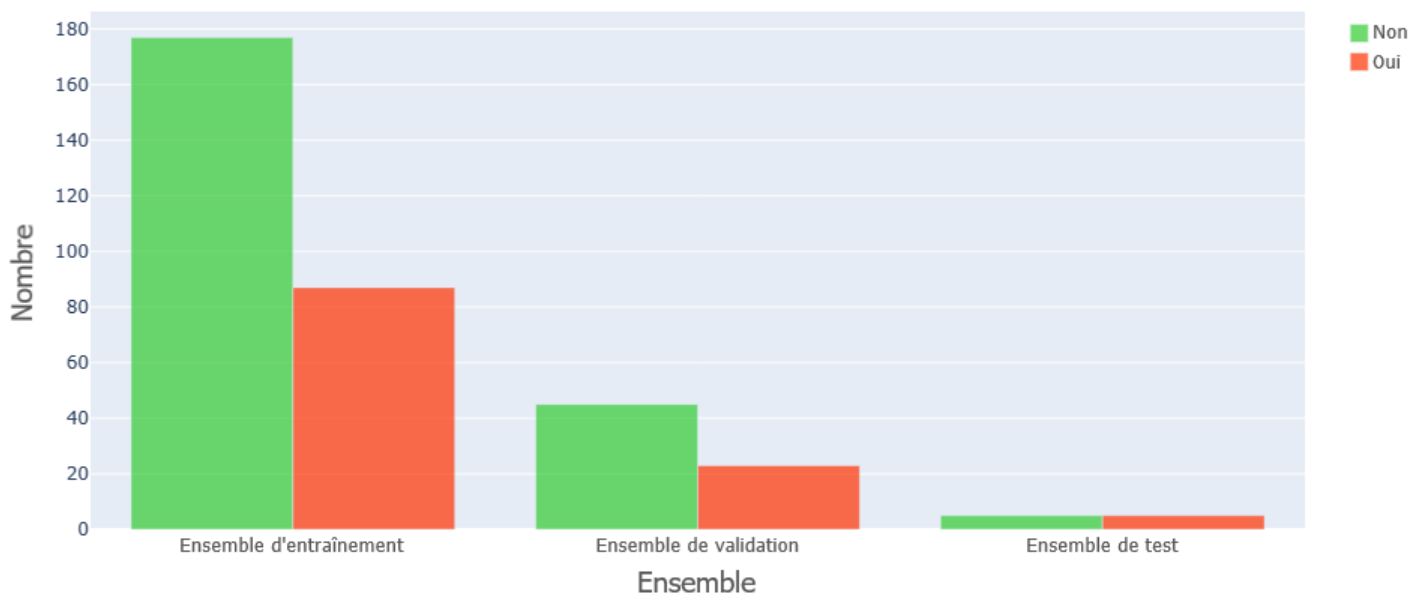


FIGURE 3.5 – Répartition des classes dans le jeu de données.

*Prétraitement des données*

— *Chargement et Redimensionnement des Images*

Les données d'image ont été habilement chargées et traitées avec une fonction dédiée appelée 'load\_data'. Cette fonction personnalisée démontre une expertise à la fois dans le chargement des images et dans leur redimensionnement astucieux à une dimension standardisée de (100,100). Grâce à ce processus méticuleux, les dimensions des images sont normalisées, favorisant l'uniformité à travers le jeu de données et ouvrant la voie à une préparation et une analyse des données sans accroc. Les images standardisées résultantes sont maintenant optimales pour les étapes ultérieures du traitement des données et de la modélisation (figure 3.6).

— *Exploration du déséquilibre des données*

Lors de l'exploration initiale du jeu de données des images d'IRM, nous avons observé des variations dans la largeur et la hauteur des images, ainsi que différentes tailles de « coins noirs » présents dans certaines images. Étant donné que la taille de la couche d'entrée pour le modèle VGG-16 est fixée à (224,224), le redimensionnement des images larges pourrait entraîner des distorsions et une représentation sous-optimale.

$$\frac{width}{height} \tag{3.1}$$

L'analyse du rapport d'aspect (3.1) nous a permis d'identifier des problèmes potentiels liés aux dimensions des images et au redimensionnement. En tenant compte attentivement de ces observations, nous visons à optimiser les étapes de prétraitement et à garantir la représentation précise des modèles d'AVC ischémique dans le modèle de classification. L'objectif est de trouver un équilibre entre la normalisation et la préservation des détails de l'image, contribuant ainsi à l'efficacité du modèle de classification.

— *Recadrage et normalisation*

En utilisant la technique de recadrage du cerveau (figure 3.7), telle que décrite dans le célèbre blog pyimagesearch, nous isolons avec précision la région cérébrale dans chaque image, éliminant ainsi le bruit de fond et nous concentrant uniquement sur la zone centrale du cerveau. La fonction appliquée a extrait la région cérébrale des images IRM en identifiant les points extrêmes et en recadrant les images en conséquence. Ce processus améliore la qualité du jeu de données et garantit un alignement cohérent des régions cérébrales, essentiel pour la normalisation ultérieure.

— *Redimensionnement et prétraitement pour le modèle VGG-16*

Pour garantir la compatibilité avec les exigences d'entrée du modèle VGG-16, les images de scan IRM ont été redimensionnées en (224, 224). Cette taille standardisée facilite l'intégration transparente avec l'architecture VGG-16 et permet un entraînement et une évaluation efficaces du modèle.

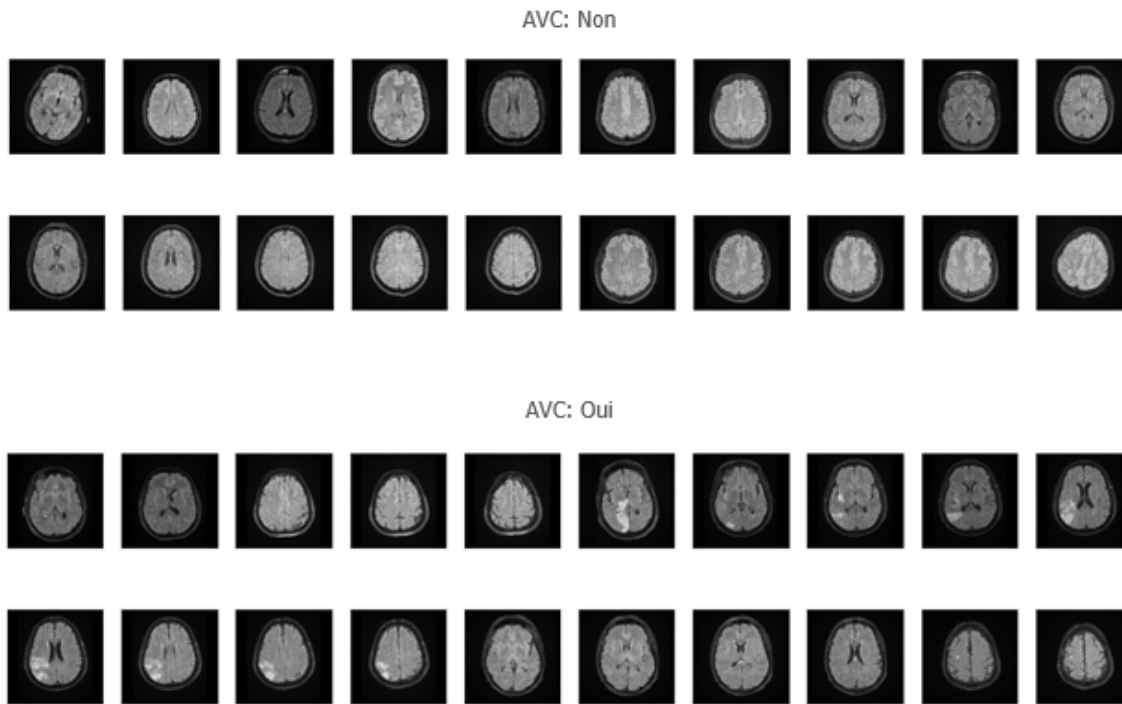


FIGURE 3.6 – Échantillons d'IRM.

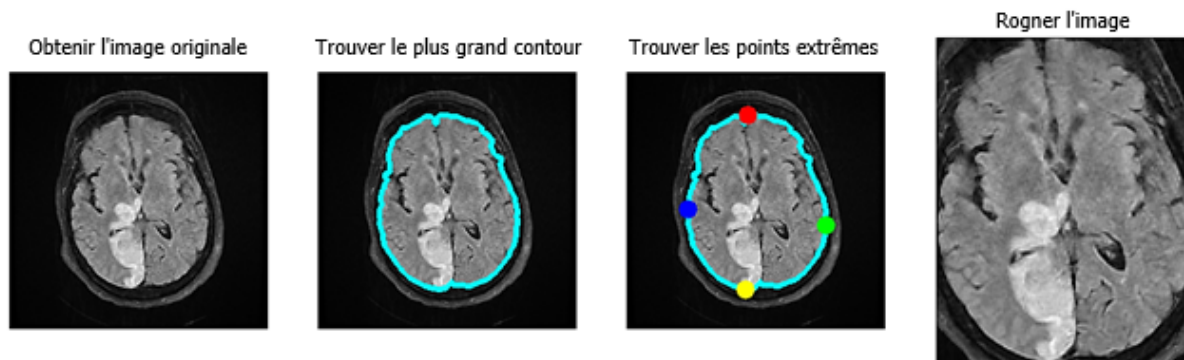


FIGURE 3.7 – Processus de recadrage.

### Choix de l'architecture du modèle : Apprentissage par transfert avec VGG-16

Pour notre tâche de classification des AVC ischémiques cérébraux, nous utilisons l'apprentissage par transfert avec l'architecture VGG-16 pour accélérer le développement du modèle et améliorer la précision. En exploitant le modèle VGG-16 pré-entraîné, initialement conçu pour des tâches de classification d'images, nous l'adaptions à notre ensemble de données d'imagerie médicale spécifique pour une identification précise des AVC ischémiques cérébraux.

Le modèle VGG-16 est d'abord chargé avec des poids pré-entraînés à partir de l'ensemble de données ImageNet, et nous excluons ses couches entièrement connectées en définissant "include\_top" sur Faux, le rendant adapté à notre tâche de classification binaire.

Ensuite, nous concevons un modèle personnalisé au-dessus de la base VGG-16, composé d'une couche Flatten, d'une couche Dropout pour atténuer le surajustement, et d'une couche Dense avec une fonction d'activation sigmoïde pour la classification binaire.

Pour affiner le modèle VGG-16 pour notre tâche, nous figeons les poids pré-entraînés en définissant le paramètre entraînable du modèle de base sur Faux, préservant les connaissances apprises à partir d'ImageNet tout en l'adaptant à notre ensemble de données d'imagerie médicale.

Le modèle est compilé avec une perte d'entropie croisée binaire et un optimiseur RMSprop, en utilisant un taux d'apprentissage de  $1e-4$ , et évalué en fonction de l'accuracy.

**Illustration de l'apprentissage par transfert avec VGG-16**

Le tableau 3.6 présente un résumé des couches et des paramètres de notre modèle personnalisé basé sur VGG-16, mettant en évidence son architecture. De plus, la figure 3.8 illustre visuellement le processus d'apprentissage par transfert, montrant comment le modèle VGG-16 pré-entraîné, initialement formé sur ImageNet, est affiné pour la classification des AVC ischémiques cérébraux à l'aide de notre ensemble de données d'imagerie médicale. Cette combinaison puissante permet une classification efficace des AVC ischémiques cérébraux dans les images d'IRM.

TABLE 3.6 – Résumé de l'architecture du modèle.

Layer (Type)	Output Shape	Param #
VGG-16 (Functional)	(None, 7, 7, 512)	14,714,688
flatten (Flatten)	(None, 25088)	0
dropout (Dropout)	(None, 25088)	0
dense (Dense)	(None, 1)	25,089

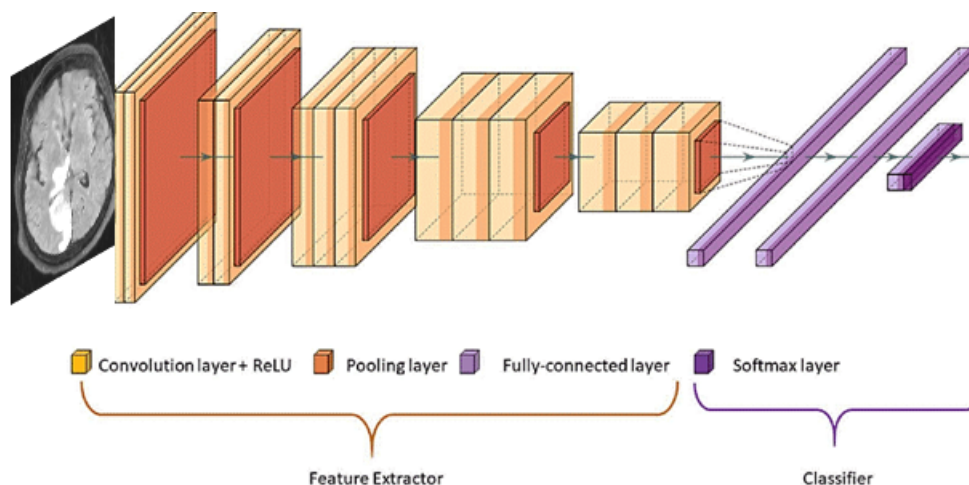


FIGURE 3.8 – Illustration du transfer learning avec VGG-16.

## Procédure d'entraînement

### *Data Augmentation Techniques (Techniques d'augmentation des données)*

Pour améliorer la capacité du modèle à généraliser et à améliorer ses performances, nous avons appliqué diverses techniques d'augmentation des données lors de l'entraînement. Celles-ci comprenaient la rotation aléatoire, les décalages en largeur et en hauteur, le redimensionnement, la transformation de cisaillement, l'ajustement de la luminosité, et les retournements horizontaux et verticaux. L'augmentation des données a enrichi l'ensemble d'entraînement avec des variations diverses des images, rendant le modèle plus robuste et moins sujet au surapprentissage.

### *Data Generator Setup (Configuration du générateur de données)*

Pour charger et prétraiter efficacement les données lors de l'entraînement, nous avons utilisé des générateurs de données pour les ensembles d'entraînement et de validation. Les générateurs de données ont géré efficacement les ressources mémoire et facilité l'augmentation des données, garantissant que le modèle était exposé à des images augmentées lors de l'entraînement.

### *Early Stopping (Arrêt précoce)*

Pour optimiser les performances du modèle et prévenir le surapprentissage, nous avons mis en œuvre un arrêt précoce lors de l'entraînement. La progression de l'entraînement du modèle a été surveillée en utilisant la métrique de précision de validation. Si aucune amélioration n'était observée après six époques, le processus d'entraînement était arrêté, préservant ainsi le modèle le plus performant.

### *Fine-Tuning VGG-16 (Ajustement fin de VGG-16)*

Nous avons utilisé le modèle VGG-16 pré-entraîné, initialement formé sur l'ensemble de données ImageNet, comme modèle de base. Pour l'adapter à la classification des AVC ischémiques, nous avons ajouté des couches personnalisées et affiné les poids du modèle en utilisant notre ensemble de données d'imagerie médicale spécifique. L'architecture du modèle final était composée du modèle de base VGG-16, d'une couche d'aplatissement, d'une couche de suppression, et d'une couche dense avec une fonction d'activation sigmoïde pour la classification binaire.

### *Hyperparameter Tuning (Ajustement des hyperparamètres)*

Pendant l'entraînement, nous avons affiné de manière itérative les hyperparamètres, y compris le taux d'apprentissage, le taux de suppression et la taille du lot. Le taux d'apprentissage, fixé à 0.001, régit la taille du pas dans le processus d'optimisation, influençant la convergence du modèle. Le taux de suppression, une technique de régularisation, a été affiné à 0.3 pour trouver un équilibre entre la prévention du surapprentissage et la préservation des caractéristiques précieuses. La taille du lot, définie à 32, a déterminé le nombre d'échantillons traités à chaque itération, impactant à la fois l'efficacité computationnelle et la stabilité du processus d'entraînement. Ce processus itératif a optimisé les performances du modèle et assuré les meilleurs

résultats possibles pour la classification des AVC ischémiques.

La performance et l'évaluation du modèle seront présentées dans la sous-section dédiée, fournissant une évaluation approfondie de ses capacités de classification.

### Evaluation

Pour évaluer davantage les performances du modèle, nous l'avons appliqué à l'ensemble de validation et calculé l'accuracy (3.2). Le modèle a obtenu une impressionnante accuracy de validation de 90%. Cette haute accuracy souligne le potentiel du modèle basé sur l'apprentissage profond pour aider à la détection précoce et précise de l'accident vasculaire cérébral ischémique à partir des images IRM.

$$Accuracy = \frac{Number\ of\ correctly\ predicted\ images}{Total\ number\ of\ tested\ images} \times 100 \quad (3.2)$$

La matrice de confusion présentée dans la figure 3.9 révèle les performances détaillées du modèle, fournissant un décompte précis des prédictions du modèle. Il a réalisé 19 vrais positifs (VP) et 42 vrais négatifs (VN), démontrant sa capacité à identifier avec précision les cas d'accident vasculaire cérébral et les cas sans accident vasculaire cérébral. Le modèle a présenté une sensibilité et une spécificité élevées, avec seulement 3 faux positifs (FP) et 4 faux négatifs (FN). Cela indique sa robustesse et son utilité clinique potentielle pour le diagnostic précis des AVC.

En plus d'évaluer les performances de notre modèle, nous avons procédé à une évaluation comparative avec d'autres architectures d'apprentissage profond établies, à savoir VGG-19, ResNet50 et InceptionV3, en utilisant le même jeu de données. L'objectif était de déterminer le modèle le plus efficace pour classer avec précision les accidents vasculaires cérébraux ischémiques à partir d'images médicales.

Les résultats de notre évaluation ont révélé des différences distinctes dans les performances de ces architectures (tableau 3.7). Notamment, VGG-16 a démontré une accuracy supérieure par rapport aux trois autres modèles. Plus précisément, l'accuracy atteinte par VGG-16 était de 90%, tandis que ResNet50 atteignait 87%, InceptionV3 atteignait 82% et VGG-19 atteignait 81%. Ce résultat souligne l'efficacité de VGG-16 dans notre application spécifique de classification des AVC ischémiques.

La comparaison met en évidence l'importance de choisir une architecture d'apprentissage profond appropriée, et nos résultats indiquent que VGG-16 est un choix prometteur pour un diagnostic précis des accidents vasculaires cérébraux ischémiques.

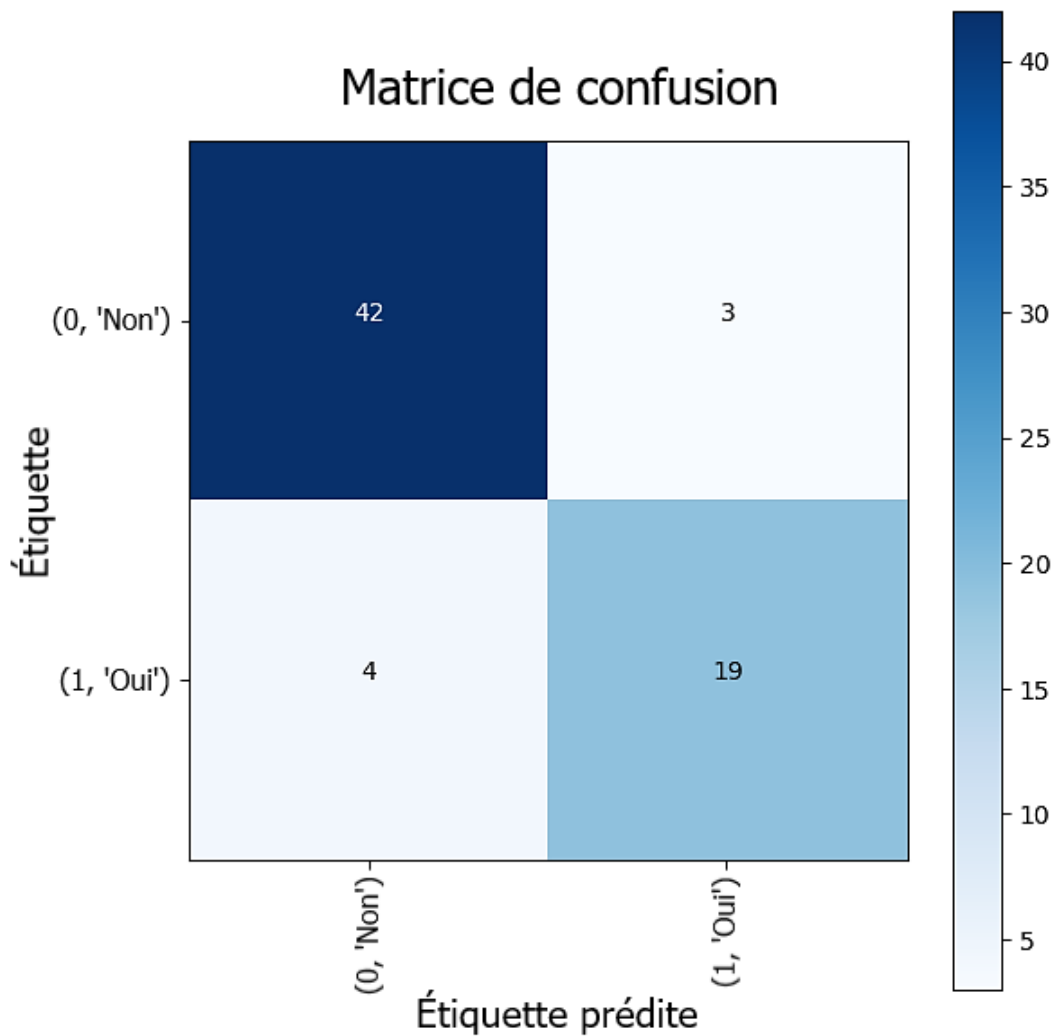


FIGURE 3.9 – Matrice de confusion du modèle

TABLE 3.7 – Évaluation des architectures d’apprentissage profond pour la classification des AVC ischémiques.

Modèle	Accuracy
VGG-16	90.0%
ResNet50	87.0%
InceptionV3	82.0%
VGG-19	81.0%

### 3.2.3 Résultats et Discussion

#### Performance du modèle

Tout d'abord, analysons la performance du modèle au cours du processus d'entraînement. Comme le montre la figure 3.10, l'accuracy du modèle sur les ensembles d'entraînement et de validation a augmenté de manière constante avec chaque époque, atteignant une accuracy de validation d'environ 90%. Cela signifie que le modèle a réussi à apprendre à classer les cas d'AVC ischémique à partir des images IRM et s'est bien généralisé à des données non vues. La perte du modèle, comme le montre la figure 3.10, présente une tendance à la baisse au fil des époques. Cela indique que les prédictions du modèle se sont progressivement améliorées, minimisant la différence entre les résultats prédits et réels.

#### Comparaison avec d'autres algorithmes

Dans cette sous-section, nous proposons une comparaison exhaustive de notre modèle développé pour la classification des AVC ischémiques cérébraux en utilisant l'architecture VGG-16 avec trois autres algorithmes de deep learning renommés : ResNet50, InceptionV3 et VGG-19. La comparaison est basée sur le même jeu de données et la même configuration expérimentale, garantissant une évaluation significative de leurs performances. Les figures 3.11 à 3.13 présentent l'évolution de l'accuracy du modèle et de la perte du modèle pour chaque algorithme. Plus précisément, la figure 3.10 illustre les tendances de l'accuracy et de la perte pour notre modèle VGG-16, tandis que les figures 3.11 à 3.13 affichent les tendances correspondantes pour ResNet50, InceptionV3 et VGG-19, respectivement. Ces graphiques offrent une représentation visuelle de l'amélioration de l'accuracy de chaque algorithme et de la diminution de la perte au fil des époques pendant l'entraînement. La comparaison des performances souligne l'influence significative de l'architecture de deep learning choisie sur l'accuracy et la vitesse de convergence du modèle. Notamment, notre modèle basé sur VGG-16 présente la plus haute accuracy parmi tous les algorithmes, distinguant efficacement les cas d'accident vasculaire cérébral ischémique des cas sans accident vasculaire cérébral. Ce résultat met en évidence l'aptitude de l'architecture VGG-16 à capturer des caractéristiques complexes dans les images médicales, contribuant à des résultats de classification supérieurs. Bien que ResNet50 présente un taux d'accuracy compétitif, InceptionV3 et VGG-19 montrent des performances relativement inférieures en termes d'accuracy. Ces résultats mettent en lumière le rôle crucial du choix de l'architecture dans l'analyse d'images médicales, soulignant davantage l'importance de tirer parti d'une conception de réseau neuronal avancée pour des diagnostics améliorés. En conclusion, l'analyse comparative démontre l'accuracy supérieure de notre modèle basé sur VGG-16 dans la classification de l'AVC ischémique à partir d'images IRM. La hiérarchie des performances, avec VGG-16 en tête, suivi de ResNet50, InceptionV3 et VGG-19, valide l'efficacité des approches de deep learning dans les diagnostics médicaux. Ces résultats promettent de transformer le paysage du diagnostic des AVC et de contribuer à l'avancement des soins de santé grâce à des solutions technologiques innovantes.

### Limitations

Bien que le modèle présente des résultats prometteurs, il est essentiel de reconnaître ses limites. Une limitation potentielle est la taille et la diversité de l'ensemble de données, qui peuvent affecter la capacité du modèle à se généraliser à une population de patients plus large. De plus, la dépendance du modèle à une seule modalité (images IRM) peut limiter sa performance dans les cas où des données d'imagerie supplémentaires sont nécessaires pour un diagnostic précis.

### Discussion

La mise en œuvre réussie de l'approche de transfert d'apprentissage avec l'architecture VGG-16 a démontré la capacité du modèle à classifier les accidents vasculaires cérébraux ischémiques. La haute accuracy et la forte performance dans la détection des cas d'accident vasculaire cérébral soulignent sa pertinence clinique potentielle. Néanmoins, des recherches supplémentaires et des tests avec des ensembles de données plus vastes et plus diversifiés sont nécessaires pour valider et améliorer la robustesse et les capacités de généralisation du modèle.

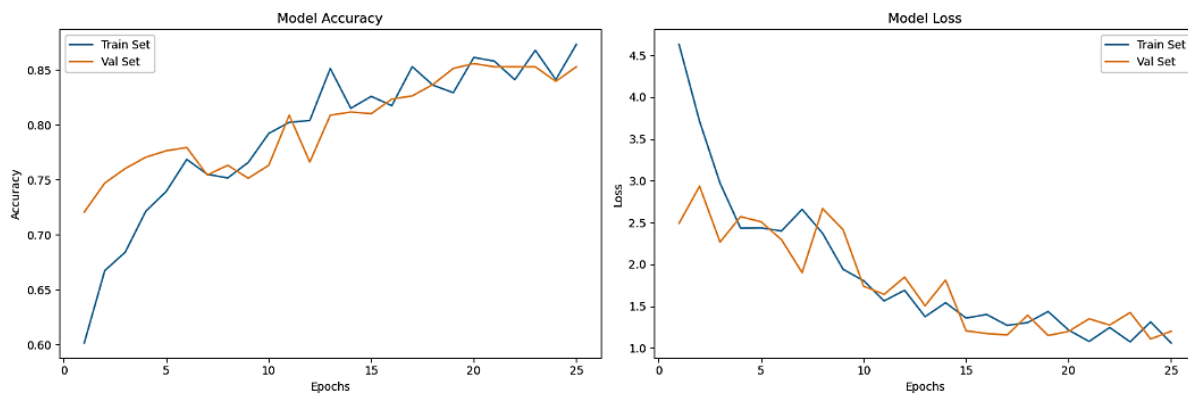


FIGURE 3.10 – Évolution de l'accuracy et de la perte du modèle.

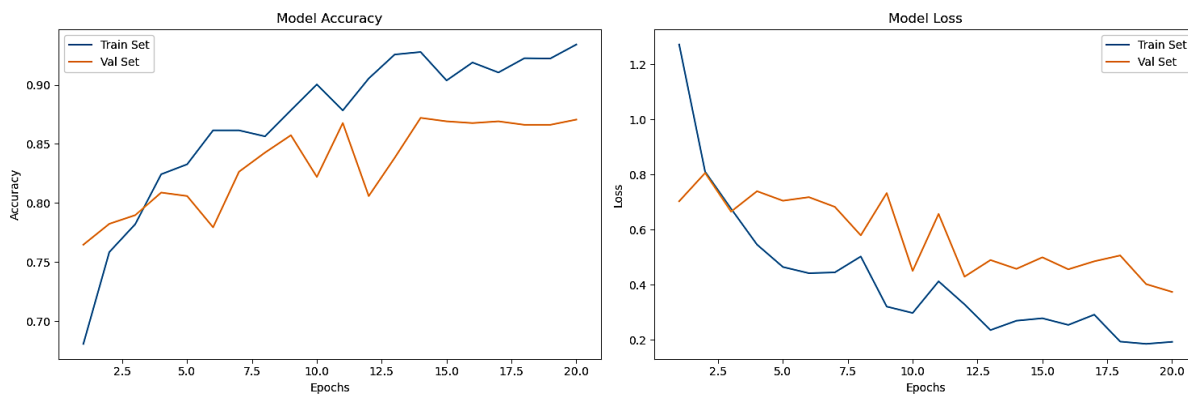


FIGURE 3.11 – Performance du modèle ResNet50.

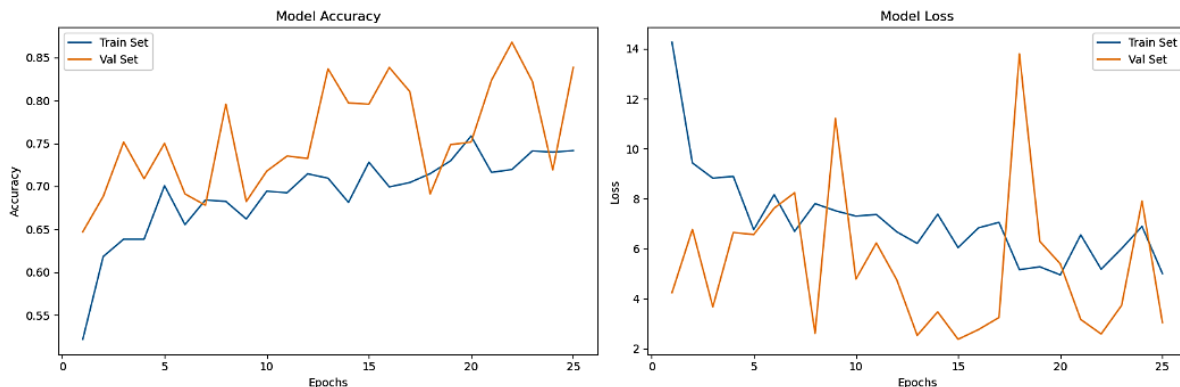


FIGURE 3.12 – Performance du modèle InceptionV3.

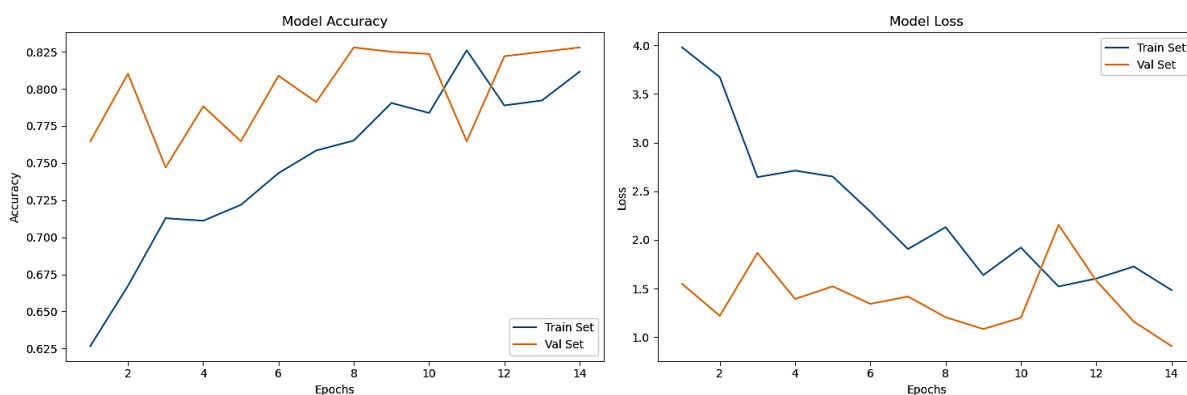


FIGURE 3.13 – Performance du modèle VGG-19.

### 3.2.4 Conclusion

En résumé, cette étude a appliqué avec succès l'approche OSEMN pour développer un modèle d'apprentissage en profondeur permettant de classer les accidents vasculaires cérébraux ischémiques à partir de données médicales du Maroc. L'utilisation du transfert d'apprentissage avec l'architecture VGG-16 et de l'augmentation des données a donné lieu à un modèle efficace avec une accuracy de validation de 90%, capable de distinguer avec précision les cas d'accident vasculaire cérébral. La matrice de confusion détaillée confirme l'efficacité du modèle. De plus, à travers une étude comparative avec des algorithmes alternatifs tels que ResNet50, InceptionV3 et VGG-19, nos résultats mettent en évidence les performances supérieures du modèle VGG-16. La recherche souligne l'importance de l'utilisation de techniques avancées dans les données d'imagerie médicale pour un diagnostic amélioré des AVC, tout en mettant en évidence le vaste potentiel de l'apprentissage en profondeur dans les applications de santé. Le modèle développé présente des perspectives prometteuses pour aider les professionnels de la santé à détecter précocement et avec précision les AVC, contribuant ainsi à de meilleurs résultats pour les patients et à une meilleure gestion des soins de santé.

## Chapitre 4

# Classification des AVC avec des Modèles de Vision Transformers

### 4.1 Approche Vision Transformer pour la Classification des AVC Ischémiques à partir d'IRM

#### 4.1.1 Introduction

L'analyse d'images médicales est devenue une pierre angulaire de la pratique clinique moderne, fournissant des informations précieuses pour le diagnostic, la planification du traitement et le suivi des patients. Dans le domaine critique de la classification des AVC, les scans IRM et les tomodensitogrammes jouent un rôle central en permettant une analyse précise des cas. Cette section se concentre spécifiquement sur l'application de l'architecture ViT pour la classification des AVC ischémiques à partir de scans IRM marocains.

L'intégration de techniques d'intelligence artificielle, notamment le deep learning, a révolutionné la manière dont ces images sont interprétées et utilisées dans la prise de décision clinique. Dans ce contexte, les vision transformers (ViT) émergent comme une approche innovante pour l'analyse d'images médicales, offrant une alternative aux modèles classiques de DL tels que les réseaux neuronaux convolutifs (CNN). Les ViT transforment les données d'image en séquences de tokens, permettant une représentation plus complète et flexible des caractéristiques de l'image. Cette approche présente un potentiel considérable pour améliorer la précision et l'efficacité du diagnostic médical, en particulier dans des domaines complexes tels que la classification des accidents vasculaires cérébraux ischémiques à partir de scans IRM.

Notre contribution (Abbaoui et al., 2024b) s'appuie sur l'évaluation de l'efficacité du modèle ViT-b16 dans cette classification, le comparant à des architectures classiques comme le VGG-16. Cette étude démontre non seulement la supériorité de ViT-b16 en termes de précision de classification, mais aussi son applicabilité dans un contexte clinique réel. L'utilisation du ViT-b16 permet des diagnostics plus rapides et plus précis, contribuant ainsi à l'amélioration des soins prodigués aux patients.

Cette section examinera les méthodes et les résultats de notre étude, en soulignant les avantages des Vision Transformers dans l'analyse des images médicales et en discutant des implications de nos conclusions pour la pratique clinique et la recherche future.

### 4.1.2 Méthodologie

#### Configuration Matérielle et Logicielle

Le modèle de deep learning a été conçu et entraîné sur un système informatique équipé d'un processeur Intel(R) Core(TM) i5-6300U, fonctionnant à une fréquence de base de 2.40 GHz et capable d'atteindre une vitesse d'horloge de 2.50 GHz. Cette configuration informatique a fourni les ressources computationnelles nécessaires pour l'entraînement et l'évaluation du modèle d'apprentissage automatique.

Le développement et l'entraînement du modèle ont été réalisés dans un environnement Jupyter Notebook. Le Jupyter Notebook offre une plateforme interactive et polyvalente pour le développement de modèles, permettant une expérimentation transparente et une itération du code. Pour soutenir la mise en œuvre du modèle de deep learning, toute une gamme de bibliothèques et de dépendances Python ont joué un rôle central. Ces bibliothèques, comprenant notamment TensorFlow, NumPy, Pandas, Matplotlib et Scikit-Learn, ont été essentielles pour la prétraitement des données, la construction du modèle, l'évaluation des performances et la visualisation.

#### Collecte des Données

Le jeu de données utilisé dans cette étude, obtenu de l'Université Mohammed VI des Sciences de la Santé (UM6SS), comprend un total de 342 scans IRM marocains spécifiquement liés aux cas d'accidents vasculaires cérébraux ischémiques. Ces scans sont catégorisés en deux classes : 'Normal' et 'Stroke'. Le jeu de données présente une répartition équilibrée selon le genre, avec 189 (55%) patientes et 153 (45%) patients masculins.

Chaque scan IRM de notre ensemble de données se compose d'images 2D obtenues à partir de patients individuels, avec une moyenne d'environ 15 coupes IRM par patient pour l'analyse. Les séquences IRM utilisées dans cette étude comprenaient principalement des séquences axiales T2 FLAIR, connues pour leur efficacité dans la détection des lésions liées aux AVC en raison du fort contraste qu'elles offrent entre le liquide céphalorachidien et les tissus cérébraux. Ce contraste améliore la visibilité des anomalies telles que l'œdème et les lésions ischémiques.

Pour organiser et structurer le jeu de données pour l'analyse, nous avons créé des DataFrames Pandas. Ces DataFrames contiennent deux colonnes clés : 'image\_path', qui fournit les chemins d'accès aux images de scan IRM, et 'label', qui indique les étiquettes de classe correspondantes. Pour faciliter le processus d'apprentissage automatique, nous avons effectué un encodage d'étiquettes, transformant les étiquettes de classe en valeurs numériques 'label\_encoded'.

Comme illustré dans la figure 4.1, un exemple de scan IRM montre la diversité des cas présents dans le jeu de données, englobant à la fois des cas normaux et des cas d'AVC.

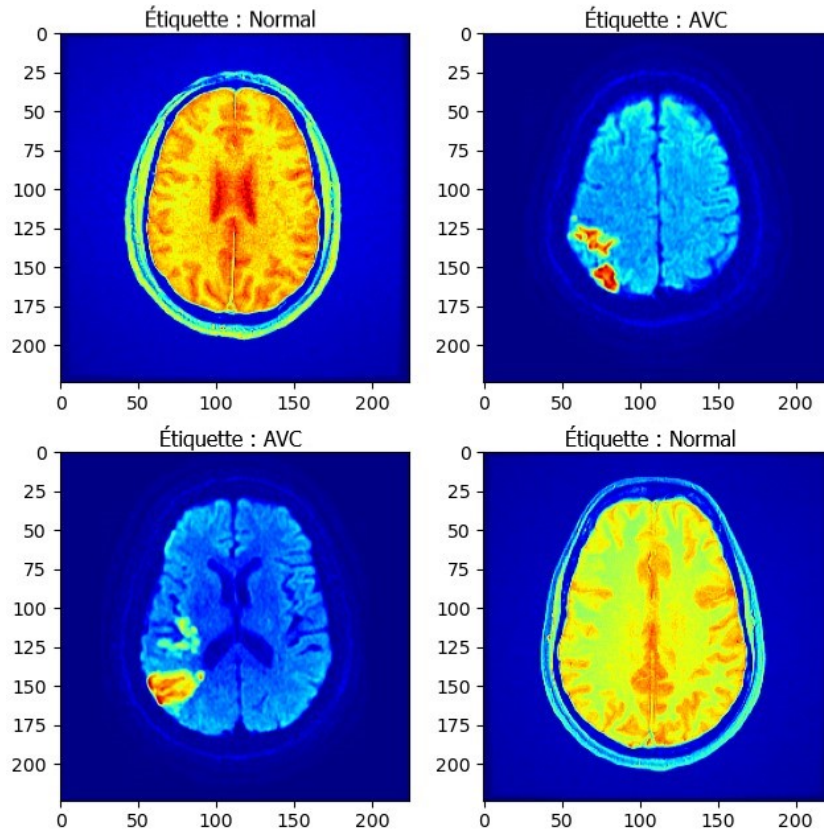


FIGURE 4.1 – Exemples de Scans IRM.

### Prétraitement des données

En préparation pour l'entraînement et l'évaluation du modèle, nous avons minutieusement prétraité les images de scans IRM et établi un pipeline de données d'entrée structuré. La taille originale des images de scans IRM variait, la grande majorité ayant des tailles de  $512 \times 512$  pixels ou de  $256 \times 256$  pixels. Pour assurer la compatibilité avec le modèle ViT, les images ont été redimensionnées à  $224 \times 224$  pixels avant d'être alimentées dans le modèle pour l'entraînement et l'évaluation. Ce redimensionnement a assuré une uniformité dans les dimensions d'entrée et facilité l'intégration des images dans l'architecture ViT, permettant un traitement cohérent à travers le jeu de données.

Les étapes de prétraitement des données étaient les suivantes :

#### *Partitionnement des données*

Pour assurer une séparation claire pour l'entraînement et l'évaluation, le jeu de données a été initialement partitionné en trois sous-ensembles principaux : un ensemble d'entraînement, un ensemble de validation et un ensemble de test. L'ensemble d'entraînement comprenait 205 échantillons, tandis que les ensembles de validation et de test étaient amalgamés, totalisant 137 échantillons. Cette stratégie de partitionnement a efficacement alloué des données pour l'entraînement du modèle, la validation et la phase de test ultime. De plus, la phase de prétraitement impliquait la ségrégation supplémentaire de l'ensemble de validation et de test

combiné en deux sous-ensembles distincts : un ensemble de validation dédié et un ensemble de test. Cette séparation stratégique garantissait la disponibilité de données exclusives pour l'évaluation du modèle et le test final, renforçant ainsi la fiabilité de nos résultats de recherche. L'ensemble de validation contenait 60% des données, facilitant l'évaluation de la performance du modèle et son fine-tuning pendant l'entraînement, tandis que les 40% restants constituaient l'ensemble de test, fournissant un jeu de données indépendant pour l'évaluation conclusive de la performance de classification du modèle.

### *Augmentation des données d'image*

Pour améliorer la robustesse du modèle et sa capacité à généraliser efficacement, nous avons introduit une couche d'augmentation des données d'image. Cette couche appliquait des retournements horizontaux et verticaux aléatoires ainsi que des zooms aux images. Le processus d'augmentation simulait des variations du monde réel dans les scans IRM et introduisait de la variabilité dans le jeu de données. Comme le montre la figure 4.2, ce processus d'augmentation des données transformait efficacement les images originales, renforçant la diversité du jeu de données et introduisant la variabilité nécessaire pour un entraînement robuste du modèle.

### *Pipeline de données d'entrée avec l'API `tf.data`*

Pour créer un pipeline de données d'entrée rationalisé et efficace, nous avons exploité l'API TensorFlow `'tf.data'`. Le tableau 4.1 donne un aperçu des principaux composants du pipeline de données d'entrée, en mettant en évidence leur rôle dans l'optimisation du traitement des données pour l'entraînement et l'évaluation du modèle.

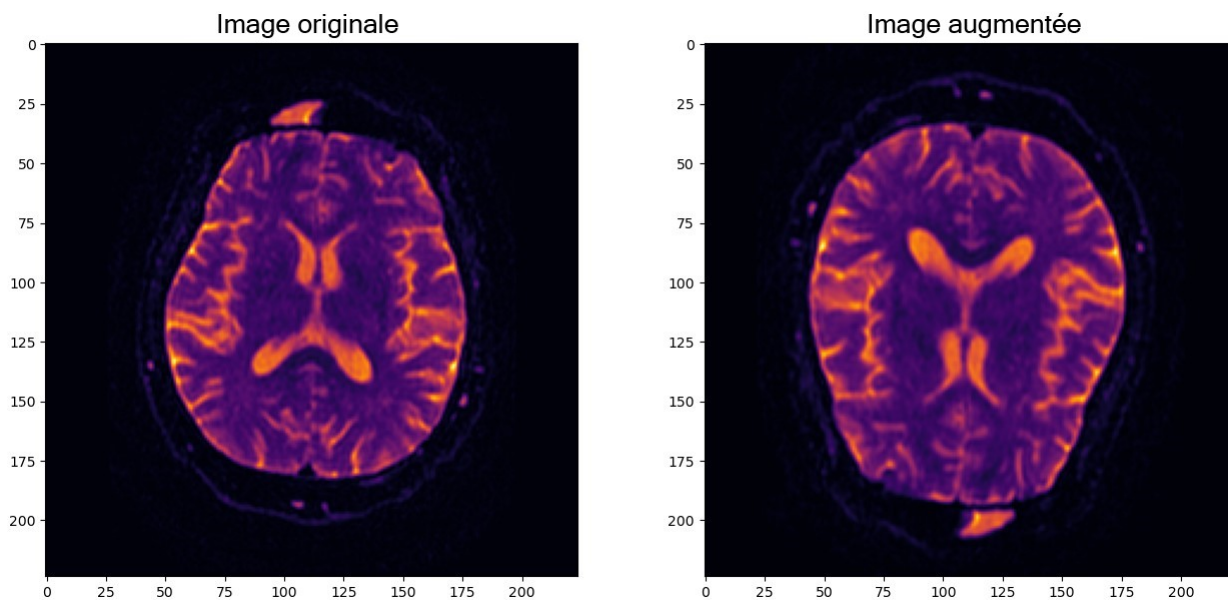


FIGURE 4.2 – Exemple d'image augmentée.

TABLE 4.1 – Les composants du pipeline de données d'entrée.

<b>Composant du Pipeline</b>	<b>Description</b>
Load Images	Chargement des images à partir de leurs chemins d'accès respectifs
Data Augmentation	Application d'une augmentation de données si spécifié, renforçant la robustesse du modèle
Shuffle Data	Mélange des données pour un processus d'entraînement plus robuste
Batch Data	Regroupement des données pour un traitement simultané, optimisant l'entraînement
Cache Data (Optional)	Mise en cache éventuelle des données pour améliorer la vitesse d'accès aux données
Prefetch Data	Prétraitement des données pour un entraînement accéléré (compromis mémoire)

### Entraînement et Évaluation du Modèle

Le modèle de vision transformer utilisé dans cette étude, qui comprend des blocs d’encodeur de transformateur englobant Layer Normalization, Multi-head Attention et Multi-Layer Perceptrons (MLP), capture efficacement les dépendances au sein des images. Dans cette recherche, le modèle ViT-b16 pré-entraîné a constitué la pierre angulaire de notre vision transformer. L’architecture du modèle de vision transformer, identifiée sous le nom de ‘vit\_b16\_sequential\_model’, a été précisément définie, comme détaillé dans le tableau 4.2. La colonne ‘Param #’ dans le tableau 4.2 représente le nombre de paramètres entraînaibles dans chaque couche du modèle. Ces paramètres comprennent les poids et les biais, qui sont ajustés pendant le processus d’entraînement pour minimiser la fonction de perte. Après la définition du modèle, nous avons initié le processus d’entraînement. Cela a impliqué la compilation du modèle en utilisant une fonction de perte d’entropie croisée catégorique, avec l’optimiseur Adam réglé à un taux d’apprentissage de 0.001 tout en surveillant la métrique d’accuracy. L’entraînement a duré 50 epochs, aboutissant à une impressionnante accuracy d’entraînement de 97.56%.

TABLE 4.2 – Résumé de l’architecture du modèle.

Layer (Type)	Output Shape	Param #
vit-b16 (Functional)	(None, 768)	85798656
dropout (Dropout)	(None, 768)	0
dense (Dense)	(None, 512)	393728
dense_1 (Dense)	(None, 256)	131328
dense_2 (Dense)	(None, 24)	6168

Pour optimiser les performances du modèle ViT, nous avons soigneusement réglé plusieurs hyperparamètres clés. Plus précisément, nous avons fixé le taux d’apprentissage à 0.001 et utilisé une taille de lot de 32 lors de l’entraînement. Notre régime d’entraînement a couvert 50 époques, garantissant un apprentissage complet. Pour atténuer le surajustement, nous avons appliqué un taux d’abandon de 0.2. La fonction d’activation utilisée était softmax, tandis que la fonction de perte employée était l’entropie croisée catégorique. Ce processus de réglage visait à améliorer l’accuracy et la fiabilité du modèle dans la classification des accidents vasculaires cérébraux ischémiques.

Par la suite, nous avons évalué les performances du modèle sur l’ensemble de données de test, ce qui a donné une accuracy d’évaluation de 97.59%. De plus, nous avons généré des prédictions du modèle et calculé un rapport de classification, révélant une accuracy de 98%. Ces résultats soulignent collectivement l’efficacité du modèle dans la classification précise des cas d’AVC ischémique à partir de scans IRM marocains.

Pour approfondir notre compréhension du fonctionnement interne du modèle, nous nous sommes penchés sur l’architecture de ViT, une approche d’apprentissage profond de pointe adaptée aux tâches de vision par ordinateur. Les modèles ViT se distinguent des CNN conventionnels et exploitent plutôt l’architecture Transformer, initialement conçue pour le

traitement du langage naturel.

Les modèles ViT, y compris ViT-b16, incorporent différents composants, tels qu'une couche d'incorporation (Embedding Layer), une pile de couches d'encodeur (12), une tête linéaire de MLP (MLP Head Linear), et la couche de classification finale qui distingue entre les cas de 'Stroke' et 'Normal' (final classification layer). Notamment, ViT-b16, la variante que nous avons utilisée, dispose de 16 "attention heads", établissant un solide bilan dans diverses applications de vision par ordinateur. Pour une représentation visuelle de ces éléments architecturaux, veuillez vous référer à la figure 4.3 (ViT) et à la figure 4.4 (ViT-b16).

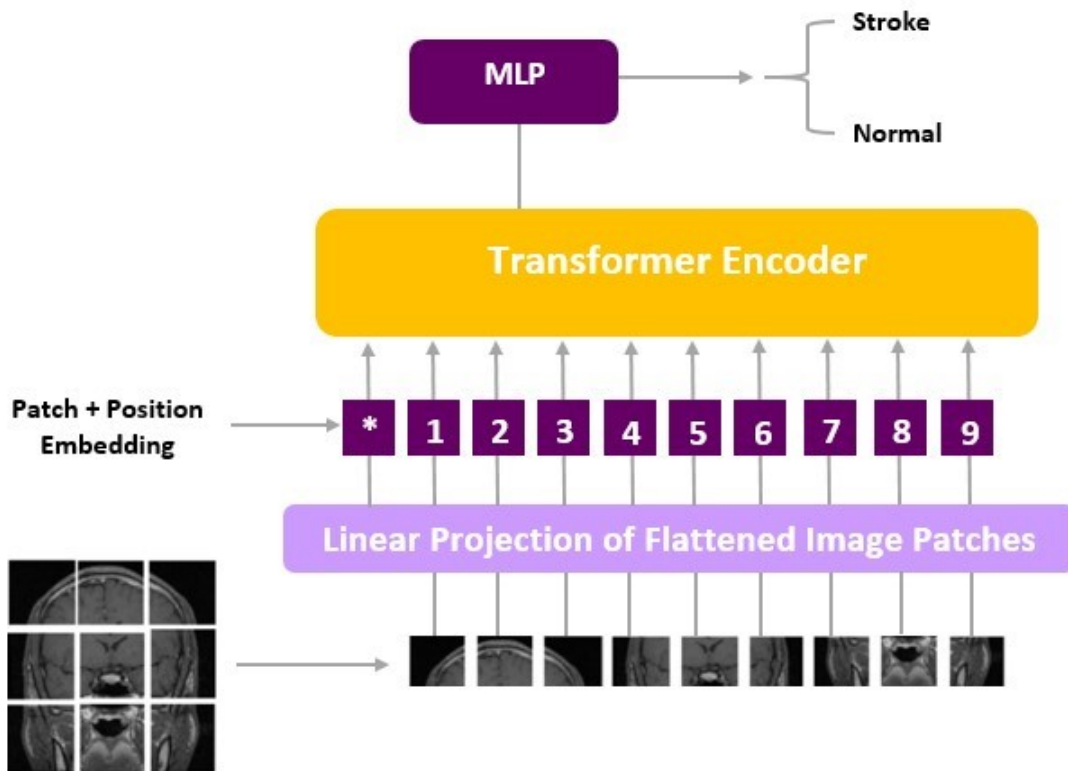


FIGURE 4.3 – Architecture ViT.

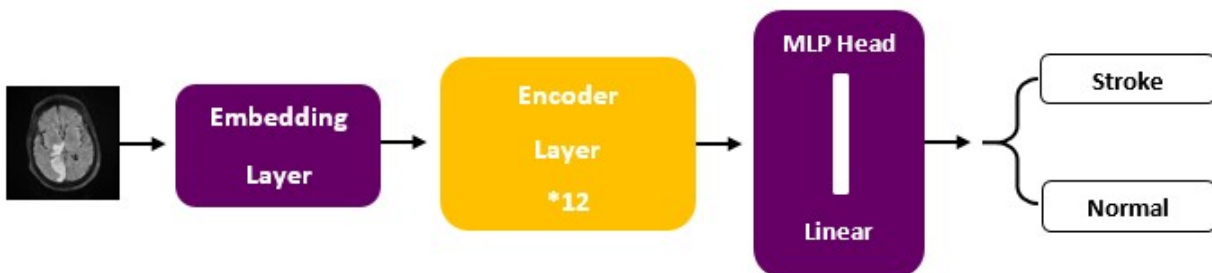


FIGURE 4.4 – Architecture ViT-b16.

### 4.1.3 Résultats

Dans cette sous-section, nous examinons les résultats expérimentaux obtenus à partir du modèle ViT-b16 appliqué à la tâche de classification des AVC ischémiques à partir des scans IRM marocains. Pour évaluer les performances du modèle, nous avons utilisé la matrice de confusion et le rapport de classification, fournissant une évaluation complète de ses capacités de classification.

#### Matrice de Confusion

La figure 4.5 illustre la matrice de confusion générée par notre modèle ViT-b16, un outil essentiel pour évaluer l'accuracy de la classification dans les applications de santé. Chaque cellule de la matrice représente une combinaison d'étiquettes de classe prédites et réelles, comprenant les Vrais Positifs (VP), les Vrais Négatifs (VN), les Faux Positifs (FP) et les Faux Négatifs (FN), fournissant des informations précieuses sur les performances du modèle.

La matrice de confusion a révélé que le modèle ViT-b16 a obtenu 25 VP et 56 VN, indiquant des classifications précises des cas de 'Stroke' et 'Normal', respectivement, avec seulement 1 FP et 1 FN, représentant des erreurs de classification minimales. Ces résultats soulignent la haute accuracy du modèle dans la distinction entre les classes 'Stroke' et 'Normal', ce qui est crucial pour la prise de décision clinique dans le diagnostic des AVC. En résumé, la matrice de confusion offre un aperçu complet des performances du modèle, mettant en évidence sa pertinence pour les applications réelles.

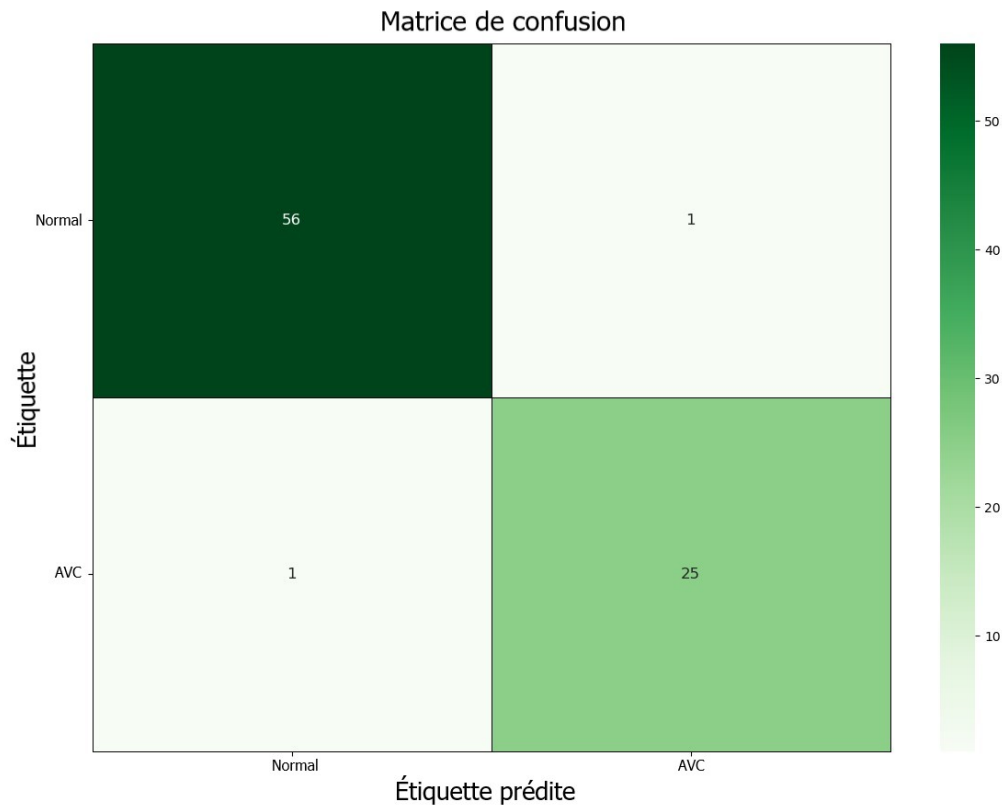


FIGURE 4.5 – Matrice de confusion pour le modèle ViT-b16.

### Rapport de classification : Métriques de performance du modèle

Pour évaluer de manière exhaustive la performance de notre modèle, nous avons utilisé un rapport de classification présentant différentes métriques de performance. Ces métriques offrent des insights sur la précision, le recall, le F1-score et le support du modèle pour chaque classe.

— *Precision (P)*

La précision mesure la capacité du modèle à identifier correctement les cas positifs parmi tous les cas prédits comme positifs. Elle est calculée comme suit :

$$P = \frac{VP}{VP + FP} \quad (4.1)$$

— *Recall (R)*

Le rappel, également appelé sensibilité ou taux de vrais positifs, représente la capacité du modèle à identifier toutes les instances pertinentes dans l'ensemble de données. Il est calculé comme suit :

$$R = \frac{VP}{VP + FN} \quad (4.2)$$

— *F1-Score (F1)*

Le F1-score est la moyenne harmonique de la précision et du rappel, fournissant une mesure équilibrée de la performance du modèle. Il est calculé comme suit :

$$F1 = \frac{2 \times P \times R}{P + R} \quad (4.3)$$

— *Support*

Le support fait référence au nombre d'échantillons dans l'ensemble de données appartenant à une classe spécifique.

Ces métriques sont calculées individuellement pour chaque classe dans l'ensemble de données, nous permettant d'évaluer la performance du modèle pour chaque classe. Le rapport de classification (tableau 4.3) fournit un résumé complet de ces métriques pour les classes 'Normal' et 'Stroke', ainsi que des moyennes macro et pondérées calculées pour l'ensemble des classes.

TABLE 4.3 – Rapport de classification.

	Precision	Recall	F1-Score	Support
Normal	0.98	0.98	0.98	57
Stroke	0.96	0.96	0.96	26
Accuracy			0.98	83
Macro Avg	0.97	0.97	0.97	83
Weighted Avg	0.98	0.98	0.98	83

La ‘Macro Avg’ représente la moyenne non pondérée de la précision, du recall et du F1-Score pour toutes les classes, calculée comme suit :

$$\text{Macro Avg} = \frac{\text{Somme de la métrique pour toutes les classes}}{\text{Nombre de classes}}$$

La ‘Weighted Avg’ prend en compte les déséquilibres de classe en fournissant une moyenne pondérée en fonction du nombre d’échantillons dans chaque classe, selon la formule suivante :

$$\text{Weighted Avg} = \frac{\sum_{i=1}^N (\text{Métrique pour la classe } i \times \text{Nombre d'échantillons pour la classe } i)}{\text{Nombre total d'échantillons}}$$

où :

- N est le nombre de classes
- ‘Métrique pour la classe i’ est la métrique (precision, recall ou F1-Score) pour la i-ème classe
- ‘Nombre total d’échantillons’ est le nombre d’échantillons dans toutes les classes

Ces métriques offrent une évaluation complète de la performance du modèle ViT et permettent une comparaison directe avec l’accuracy obtenue par notre modèle précédent VGG-16, comme rapporté dans notre étude précédente.

#### 4.1.4 Discussion

Le modèle ViT-b16 a démontré une performance exceptionnelle dans la classification des cas d’AVC ischémiques à partir des scans IRM marocains, atteignant une accuracy impressionnante de 97.59% sur l’ensemble de données d’évaluation. Ce résultat dépasse l’accuracy obtenue dans une étude précédente qui a utilisé le modèle VGG-16 sur le même ensemble de données (Abbaoui et al., 2024e). Pour une comparaison complète, nous présentons les métriques d’accuracy de tous les modèles, y compris ViT-b16 et les modèles de référence (VGG-16, ResNet50, InceptionV3 et VGG-19), dans le tableau 4.4 ci-dessous.

TABLE 4.4 – Comparison de l’accuracy de différents modèles dans la classification des AVC ischémiques à partir des scans IRM marocains.

Modèle	Accuracy
ViT-b16	97.59%
VGG-16	90%
ResNet50	87%
InceptionV3	82%
VGG-19	81%

Il convient de noter que les modèles ResNet50, InceptionV3 et VGG-19 ont été utilisés dans l'étude précédente, qui a employé le modèle VGG-16 comme référence (Abbaoui et al., 2024e). Cette comparaison met en évidence les performances supérieures du modèle ViT-b16 non seulement par rapport au VGG-16, mais également par rapport à d'autres modèles établis couramment utilisés dans l'analyse d'images médicales.

L'utilisation du ViT-b16 dans cette étude représente une approche novatrice et innovante pour améliorer la classification des AVC ischémiques dans les scans IRM. En exploitant les architectures avancées de l'apprentissage profond, nous avons démontré le potentiel des ViTs dans la résolution de problèmes de santé critiques. De plus, nos recherches contribuent au corpus croissant de littérature sur l'application des ViTs dans l'imagerie médicale, étendant leur impact aux contextes cliniques réels.

Ces résultats soulignent l'importance d'intégrer des technologies de pointe telles que les ViTs dans les flux de travail d'analyse d'images médicales. Les performances exceptionnelles du modèle ViT-b16 mettent en évidence son efficacité dans l'amélioration de la précision diagnostique et la rationalisation des flux de travail cliniques. À l'avenir, des recherches et des explorations supplémentaires dans ce domaine continueront à faire progresser le domaine de l'analyse d'images médicales, bénéficiant finalement aux soins et aux résultats des patients.

### **Limitations de l'étude**

Notre étude a mis en évidence le potentiel des modèles ViT pour classer les cas d'AVC ischémiques à partir de scans IRM. Cependant, plusieurs pistes de recherche future existent. Premièrement, malgré l'obtention d'une accuracy impressionnante, la dépendance de l'étude à l'égard d'un ensemble de données relativement restreint limite sa généralisabilité. Les travaux futurs se concentreront sur l'expansion de l'ensemble de données pour inclure un ensemble plus large et plus diversifié de scans IRM. Deuxièmement, des défis uniques dans la classification des AVC ischémiques, tels que les variations de qualité d'image et les caractéristiques des lésions, nécessitent des adaptations spécialisées du modèle ViT. Les recherches futures examineront des approches spécifiques au domaine pour améliorer l'accuracy de la classification. Troisièmement, la validation du modèle dans des paramètres cliniques et l'évaluation de son impact sur les soins aux patients sont essentielles. Les futures études se concentreront sur l'intégration du modèle ViT-b16 dans les flux de travail cliniques existants et la réalisation d'études prospectives pour évaluer sa précision diagnostique. Enfin, au-delà de la classification des AVC ischémiques, il existe un potentiel pour explorer l'application des modèles ViT dans d'autres domaines de l'imagerie médicale et des soins de santé. Cela inclut l'étude de leur utilisation dans la détection d'autres troubles neurologiques, la détection de pathologies et la médecine personnalisée. En résumé, notre étude ouvre la voie à de nouveaux progrès dans l'analyse d'images médicales, dans le but de contribuer au développement de solutions basées sur l'IA plus précises et cliniquement pertinentes pour améliorer les résultats de santé.

### 4.1.5 Conclusion

Dans cette section, nous avons démontré l'efficacité du modèle ViT, en particulier la variante ViT-b16, dans le diagnostic des cas d'AVC ischémiques à partir de scans IRM marocains. Avec une accuracy impressionnante de 97.59% sur l'ensemble de données d'évaluation, le modèle ViT-b16 a surpassé les performances de notre modèle précédent VGG-16, qui a atteint une accuracy de 90% sur le même ensemble de données. Ce résultat souligne la supériorité du modèle ViT dans le traitement des tâches complexes de classification d'images. L'application de l'apprentissage profond et de l'IA, comme le montre notre recherche, offre des opportunités prometteuses pour améliorer l'analyse d'images médicales. En capturant des dépendances et des motifs complexes au sein des images médicales, le modèle ViT présente un potentiel significatif pour les applications cliniques réelles. En exploitant cette technologie avancée, nous pouvons améliorer la précision du diagnostic, rationaliser les processus de soins de santé et, finalement, améliorer les résultats des patients. Notre recherche sert de tremplin, mettant en évidence les points forts du modèle ViT-b16 dans l'imagerie médicale et inspirant des investigations futures pour exploiter le pouvoir de l'IA dans l'amélioration des soins de santé et du diagnostic médical.

## 4.2 Approche Vision Transformer pour la Classification des AVC à partir d'Images CT Cérébrales

### 4.2.1 Introduction

Dans l'analyse des AVC, les scans IRM et les tomodensitogrammes (CT) fournissent des informations complémentaires, chacune apportant des insights spécifiques sur les caractéristiques des accidents vasculaires. Cette section explore l'application de ViT-b16 dans le domaine crucial de la classification des AVC à partir de tomodensitogrammes. Le potentiel de ViT pour améliorer la précision de la classification tout en minimisant la complexité computationnelle constitue le cœur de notre investigation. En nous appuyant sur notre contribution (Abbaoui et al., 2024d), nous présentons une étude approfondie centrée sur l'architecture ViT-b16, le prétraitement des données, l'entraînement du modèle et les métriques d'évaluation, visant à établir ViT comme un outil prometteur pour la classification automatisée des AVC. Grâce à des expérimentations rigoureuses et des améliorations stratégiques, nous nous efforçons de réaliser le plein potentiel de ViT dans l'avancement de l'imagerie médicale et l'amélioration des soins aux patients.

### 4.2.2 Méthodologie

Dans cette recherche, nous adoptons le modèle CRISP-DM (Cross Industry Standard Process for Data Mining), un modèle de processus de data mining bien défini et largement accepté. Le CRISP-DM ne se contente pas de caractériser l'approche que les experts de ce domaine adoptent pour résoudre des problèmes, il sert également de cadre flexible et itératif pour le développement de projets de data mining adaptables, reconnu tant dans l'industrie que dans le milieu académique (Schröer et al., 2021; Abbasi et al., 2016). Cette méthodologie est structurée en six phases distinctes, et le principal avantage du CRISP-DM réside dans sa flexibilité : les phases peuvent être revisitées et itérées, permettant une approche pragmatique et adaptative sans adhérer strictement à une séquence linéaire. Le processus est visualisé dans la figure 4.6. Un ensemble de données provenant de la plateforme communautaire de science des données Kaggle (<https://www.kaggle.com/datasets/afridirahman/brain-stroke-ct-image-dataset>) a été utilisé comme données d'entrée. Cet ensemble de données comprend un total de 2551 scans CT du cerveau, dont la majorité des images ont des dimensions de  $650 \times 650$  pixels. Les données seront réparties de manière à ce que 60% des images soient allouées à l'entraînement, 16% à la validation et 24% aux tests. Ces pourcentages sont largement acceptés et optimisés pour un développement et une évaluation fiables des modèles en apprentissage profond.

### Compréhension du contexte opérationnel

Le paysage des soins de santé évolue de manière dynamique, principalement sous l'impulsion des avancées technologiques qui révolutionnent les soins aux patients et les résultats globaux. Les AVC représentent une préoccupation majeure dans le domaine de la santé, nécessitant des diagnostics rapides et précis pour faciliter un traitement et une gestion efficaces. L'identification

rapide des AVC est primordiale, influençant directement la possibilité d'intervention en temps opportun et la récupération ultérieure des patients.

Les scanners CT sont des outils fondamentaux dans le domaine médical, offrant une imagerie détaillée de la structure du cerveau et de ses anomalies (Padma Nanthagopal and Sukanesh Rajamony, 2013; Broderick et al., 1999). Dans le diagnostic des AVC, l'imagerie par scanner CT fournit des informations essentielles aux professionnels de la santé, les aidant à identifier et à caractériser les conditions liées aux AVC. Cependant, l'analyse manuelle d'un grand volume d'images CT s'avère gourmande en ressources et chronophage pour les praticiens médicaux. L'automatisation et l'augmentation par l'IA et le machine learning offrent une voie prometteuse pour accélérer les diagnostics et améliorer la qualité des soins aux patients.

L'intégration des transformers visuels, une architecture IA de pointe, propose une approche prometteuse pour automatiser l'analyse des images CT des AVC. Les transformers visuels ont démontré des capacités exceptionnelles dans les tâches de reconnaissance d'images, offrant un potentiel immense dans le domaine de l'imagerie médicale (Lai, 2024). Cette recherche s'efforce de tirer parti de la puissance des transformers visuels pour permettre une classification plus efficace et précise des images CT des AVC, permettant ainsi aux professionnels de la santé de prendre des décisions rapides et éclairées concernant les diagnostics et les traitements des AVC. L'objectif est de combler le fossé entre les soins de santé et la technologie IA, en contribuant aux efforts continus pour améliorer le diagnostic des AVC et, en fin de compte, élever la qualité des soins et les résultats pour les patients. L'établissement d'un modèle avec des performances dépassant 70% constitue un critère de succès significatif dans cette quête.

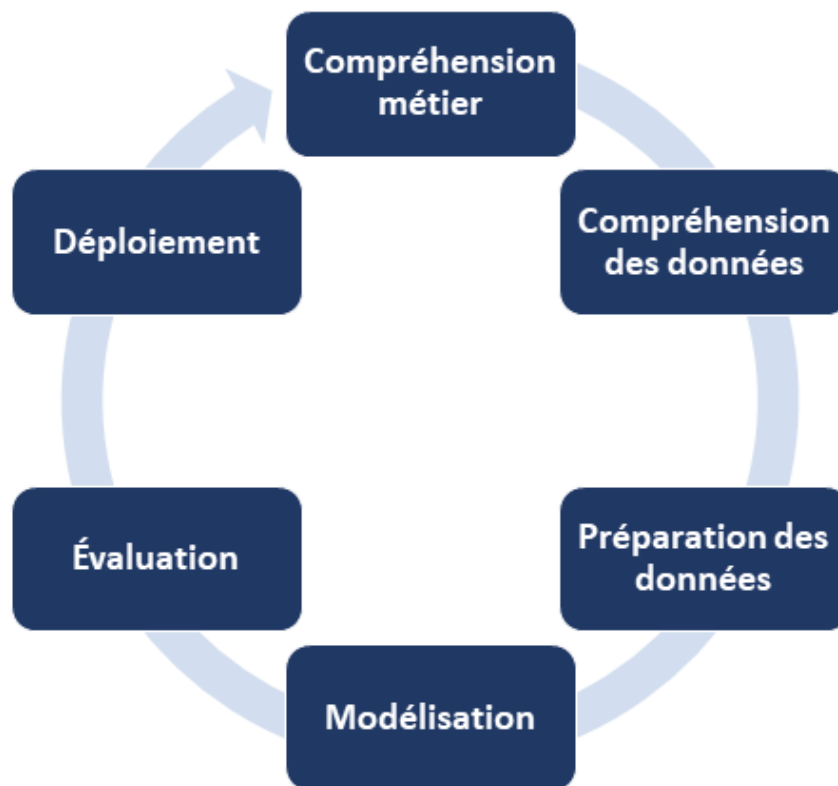


FIGURE 4.6 – Processus du modèle CRISP-DM.

### Compréhension des données

Dans la deuxième phase de l'approche CRISP-DM, la collecte de données visait à établir une compréhension initiale du problème et de l'ensemble de données. Les données d'entrée, provenant de la plateforme communautaire de science des données Kaggle, comprenaient 2501 images de scans CT, fondamentales pour cette recherche. La compréhension des dimensions de ces images (principalement  $650 \times 650$  pixels) était cruciale pour évaluer la taille et la nature de l'ensemble de données. Les images étaient classées en deux catégories : 'Normal' représentant les cas sans AVC et 'Stroke' indiquant les cas d'accidents vasculaires cérébraux. Des informations supplémentaires ont été obtenues grâce à une sélection aléatoire d'échantillons, offrant une compréhension préliminaire des variations et des modèles dans l'ensemble de données. La figure 4.7 fournit une représentation visuelle, présentant une sélection de ces images CT choisies aléatoirement, offrant un aperçu de la diversité de l'ensemble de données. Cette exploration a guidé les étapes suivantes de la préparation des données et du développement du modèle, contribuant à la création d'un modèle de classification robuste.

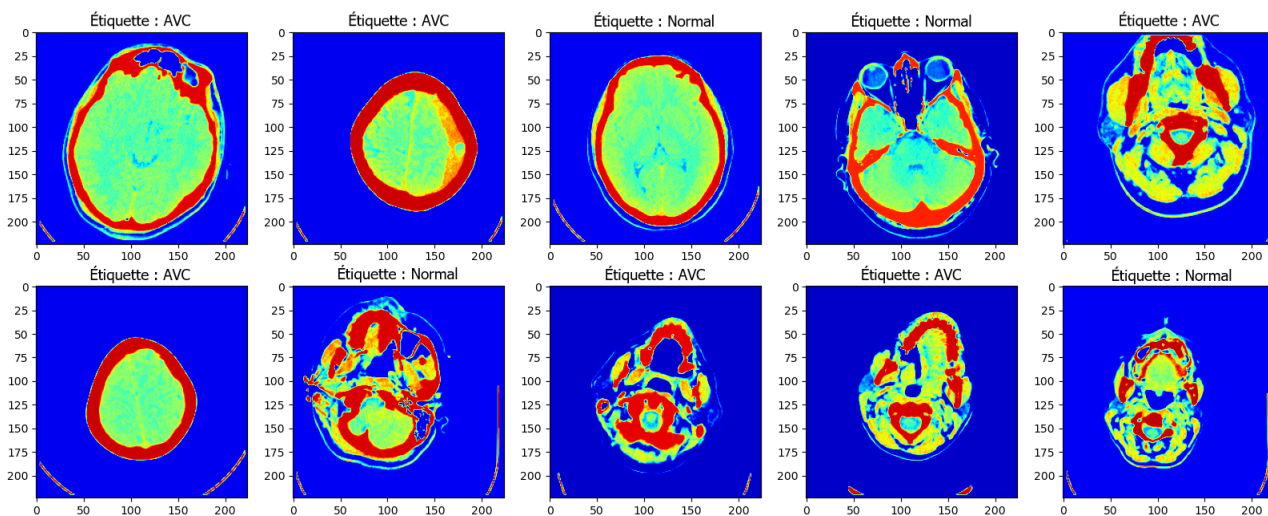


FIGURE 4.7 – Échantillons aléatoires d'images de scans CT.

### Prétraitement des données

En préparation à l'entraînement et à la validation du modèle, une série d'étapes de prétraitement cruciales ont été appliquées à l'ensemble de données. Initialement, l'ensemble de données a été soumis à un processus de renommage, garantissant une représentation claire en mappant les étiquettes encodées aux noms de classes significatifs — 'Normal' et 'Stroke'. Cela a non seulement facilité une meilleure compréhension de l'ensemble de données, mais a également permis une évaluation précise de la distribution des classes.

L'ensemble de données a été méticuleusement divisé en trois sous-ensembles distincts : l'ensemble d'entraînement, contenant 1500 échantillons ; l'ensemble de validation, avec 400 échantillons ; et l'ensemble de test, comprenant 601 échantillons. Cette division stratifiée a permis une évaluation robuste des modèles.

Pour améliorer la diversité de l'ensemble de données et prévenir le surapprentissage (overfitting) pendant l'entraînement, une couche d'augmentation des données d'image a été créée. Ce processus d'augmentation a généré des images légèrement variées tout en préservant les caractéristiques essentielles, garantissant un ensemble de données plus riche et plus généralisé. De plus, un pipeline de données d'entrée a été structuré en utilisant l'API `tf.data` de TensorFlow pour rationaliser le chargement et le traitement des données d'image pour l'entrée ultérieure du modèle. Ces étapes de prétraitement ont collectivement posé les bases pour un entraînement et une validation efficaces du modèle, ouvrant la voie à des modèles de classification robustes et fiables.

La figure 4.8 présente un exemple d'image augmentée générée pendant le processus d'augmentation.

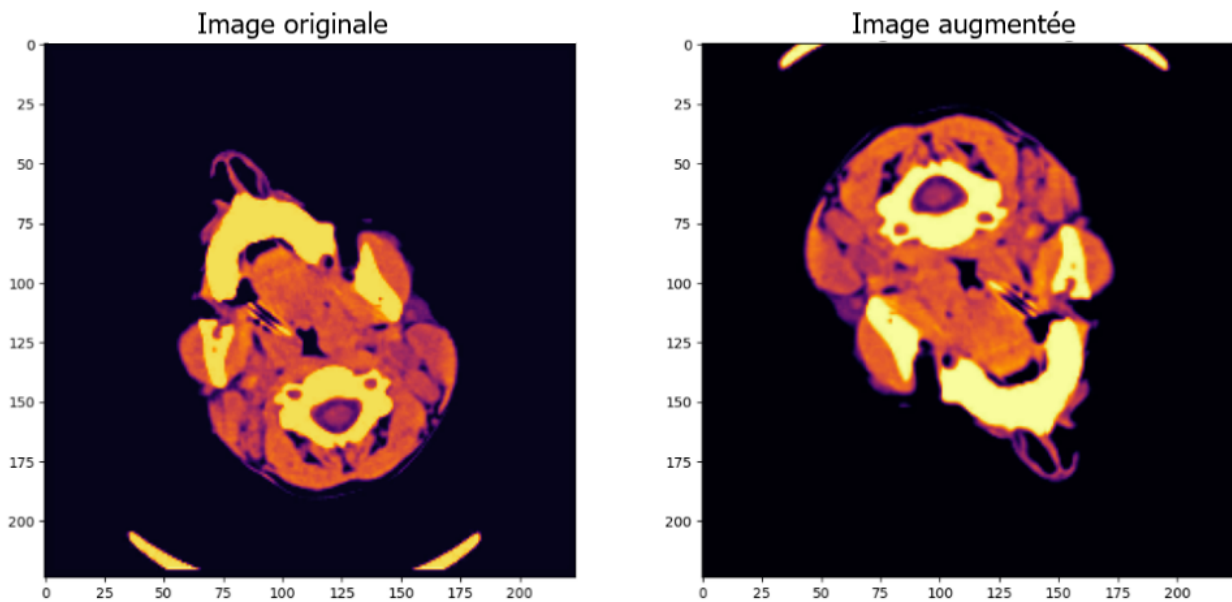


FIGURE 4.8 – Exemple d'image augmentée.

Les images augmentées présentent des variations par rapport aux images originales, obtenues grâce à des techniques comme les flips et les zooms aléatoires. Les images augmentées contribuent à un ensemble de données plus diversifié et complet, jouant un rôle essentiel dans l'entraînement efficace des modèles.

## Modélisation

Dans cette partie, nous examinons en détail les spécificités de la modélisation du ViT-b16, l'architecture sélectionnée pour la classification des AVC dans les images CT.

### *Environnement technologique*

La modélisation et l'analyse présentées dans cette partie ont été réalisées dans un environnement Jupyter Notebook. Jupyter Notebook offre une plateforme interactive propice à l'expérimentation, à l'exécution de code et à la visualisation, permettant une exploration dynamique du modèle ViT-b16 et de ses résultats.

### *Architecture du modèle ViT-b16*

Le modèle ViT-b16 représente une architecture pionnière qui a significativement influencé le domaine de la vision par ordinateur. Il est basé sur l'architecture Transformer, initialement conçue pour les tâches de traitement du langage naturel. Cependant, ViT a adapté cette architecture au traitement des images en divisant l'image en patches de taille fixe et en les traitant comme des tokens de texte. Chaque patch est linéairement intégré, et les couches de transformateur subséquentes analysent les relations entre ces patches, agréant finalement les informations pour la classification. Le ViT-b16 se compose de couches de transformateur et utilise des mécanismes d'auto-attention, offrant un équilibre entre efficacité computationnelle et précision. Le tableau 4.5 fournit une répartition détaillée des composants du modèle ViT-b16. Le modèle ViT-b16 est entraîné en utilisant l'apprentissage supervisé, employant des fonctions de perte et des techniques d'optimisation appropriées. Les hyperparamètres jouent un rôle crucial dans la performance et la dynamique d'entraînement du modèle.

TABLE 4.5 – Composants de l’architecture ViT-b16.

<b>Composant</b>	<b>Description</b>	<b>Rôle</b>
Embedding Layer	Convertit les patches d’images en embeddings pour une entrée tokenisée	Représentation fondamentale des patches d’entrée
Encoder Layers	12 couches d’encodeur transformer qui traitent les embeddings	Capturent les relations et les dépendances entre les patches
MLP Head Linear	Traite linéairement les sorties des couches de l’encodeur	Prépare les données pour la classification finale
Classification	Prédit ‘AVC’ ou ‘Normal’ en fonction des données traitées	Étape finale de classification fournissant la classe prédite

### *Processus de traitement et hyperparamètres*

Dans cette sous-partie, nous explorons les traitements et hyperparamètres cruciaux qui définissent le modèle ViT-b16, influençant sa performance et sa dynamique d'entraînement.

— *Configuration du modèle Vision Transformer*

Pour initier le modèle ViT-b16, nous suivons un processus en deux étapes : l'acquisition du modèle pré-entraîné et la définition de notre modèle en utilisant cette base.

- Obtenir le modèle Vision Transformer : Obtenir le modèle ViT-b16 pré-entraîné.
- Définir le modèle Vision Transformer : Configurer l'architecture du modèle pour une personnalisation ultérieure.

— *Configuration des hyperparamètres*

La configuration des bons hyperparamètres influence grandement la performance du modèle ViT-b16. Les hyperparamètres clés incluent les fonctions d'activation, les taux de dropout et les initialisations des couches.

- Initialiseur : Nous utilisons GlorotNormal comme initialiseur pour notre modèle.
- Taux de dropout : Un taux de dropout de 0,2 est utilisé pour prévenir le surapprentissage.
- Tailles des couches denses : Nous utilisons des couches denses avec 512, 256 et 24 unités pour le traitement des caractéristiques et la classification.

— *Processus d'entraînement du modèle*

Pour entraîner efficacement le modèle ViT-b16, nous mettons en œuvre les stratégies suivantes :

- Arrêt précoce : Surveillance de la perte de validation pour prévenir le surapprentissage.
- Réduction du taux d'apprentissage sur plateau : Ajustement du taux d'apprentissage basé sur la perte de validation.

Nous définissons une fonction d'entraînement pour encapsuler le processus d'entraînement, permettant un entraînement pour un nombre spécifié d'époques avec des callbacks et des ensembles de données définis.

En configurant efficacement les hyperparamètres et en employant des stratégies d'entraînement appropriées, nous visons à optimiser la performance du modèle ViT-b16 pour la classification des AVC dans les images CT.

Dans la sous-section 'Résultats' suivante, nous présentons les résultats du processus d'évaluation, en adhérant à la méthodologie CRISP-DM. Cette présentation complète inclut les principaux indicateurs de performance et analyses, contribuant à une compréhension approfondie de l'efficacité du Vision Transformer dans la classification des AVC cérébraux.

### 4.2.3 Résultats

#### Matrice de Confusion

La matrice de confusion offre une compréhension complète des performances de classification du modèle, montrant les VP, VN, FP et FN. Elle fournit des informations précieuses sur l'efficacité du modèle à distinguer les cas 'Normal' et 'Stroke'. Nous présentons la matrice de confusion (figure 4.9), illustrant que sur les 600 images prédites, 35 sont des FP et 94 sont des FN. De plus, il y a 140 VP et 332 VN.

#### Métriques de Performance et Rapport de Classification

L'évaluation des performances de notre modèle implique des métriques essentielles : accuracy, precision, recall, et F1-score, chacune calculée pour les classes 'Normal' et 'Stroke'. Ces métriques sont vitales pour comprendre la capacité du modèle à classifier correctement les instances de chaque classe.

Ces métriques, ainsi que le support, sont résumées dans le rapport de classification (tableau 4.6) pour les classes 'Normal' et 'Stroke', offrant une vue complète de la capacité du modèle à distinguer les deux.

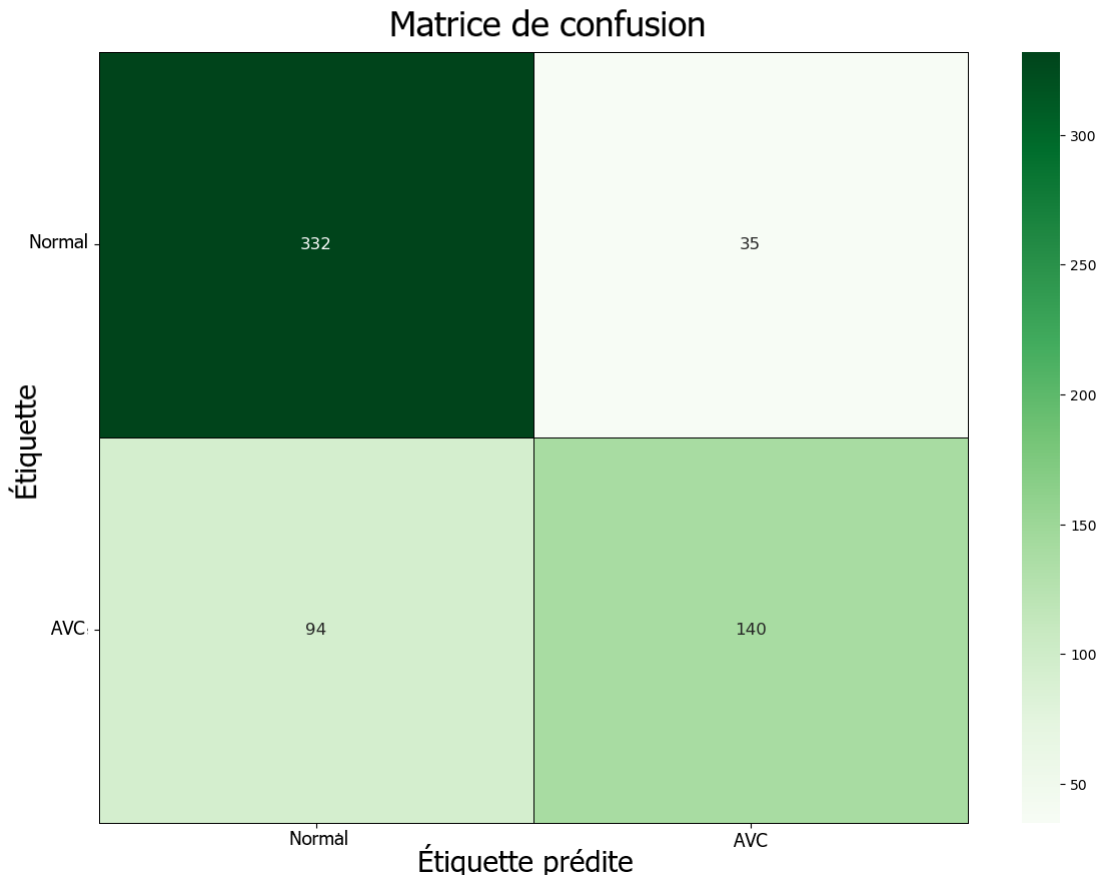


FIGURE 4.9 – Matrice de Confusion pour le Modèle ViT b16.

TABLE 4.6 – Rapport de classification.

	<b>Precision</b>	<b>Recall</b>	<b>F1-Score</b>	<b>Support</b>
Normal	0.78	0.90	0.84	367
Stroke	0.80	0.60	0.68	234
Accuracy			0.79	601
Macro Avg	0.79	0.75	0.76	601
Weighted Avg	0.79	0.79	0.78	601

#### 4.2.4 Discussion

Notre évaluation du modèle ViT-b16 a donné des résultats prometteurs, atteignant une accuracy de 79% dans la classification des images CT cérébrales en catégories 'Normal' et 'Stroke'. Malgré ce résultat louable, il reste une marge pour améliorer les capacités du modèle.

#### Stratégies d'Amélioration des Performances

Une voie d'amélioration consiste à augmenter la tête de classification en augmentant sa largeur et sa profondeur (Khan et al., 2022b). L'incorporation de couches denses supplémentaires avec un plus grand nombre d'unités promet des performances accrues, bien que cela puisse entraîner une légère diminution du taux d'inférence.

#### Techniques de Fine-Tuning

L'application de techniques de fine-tuning apparaît comme une autre stratégie viable pour l'amélioration (Ha et al., 2024). Le fine-tuning facilite l'adaptation du modèle aux caractéristiques spécifiques de notre ensemble de données, potentiellement conduisant à une performance améliorée tout en maintenant des taux d'inférence raisonnables. Il est crucial de reconnaître que le fine-tuning pourrait exiger des ressources informatiques supplémentaires et une quantité substantielle de données, particulièrement pour les modèles Vision Transformer.

#### Méthodes d'Ensembles

L'exploration de diverses méthodes d'ensembles, telles que le blending, le stacking ou le voting, se démarque comme une approche prometteuse (Shah et al., 2021). Nos expériences, notamment avec l'averaging, ont démontré l'efficacité de la mise en commun des connaissances de plusieurs modèles entraînés pour le même problème. Bien que l'ensemblage offre un potentiel d'amélioration des résultats, il vient avec la contrepartie d'un taux d'inférence plus élevé.

### Traitement des Limitations de Données

L'importance de traiter les limitations de données ne peut être sous-estimée. La collecte d'un ensemble de données plus vaste et diversifié apparaît comme un facteur crucial pour l'amélioration du modèle (Althnian et al., 2021). Un afflux de données aide non seulement à construire un modèle qui généralise mieux aux données non vues, mais enrichit également le modèle avec des informations structurelles apprenables, contribuant à un modèle plus robuste et moins sujet aux erreurs de classification. Cette approche ouvre également la possibilité d'appliquer des techniques de fine-tuning pour affiner encore plus les performances des modèles basés sur Vision Transformer.

En résumé, notre étude a exploré l'application du modèle ViT-b16 pour la classification des images CT cérébrales, atteignant une accuracy louable de 79%. L'évaluation a inclus des métriques essentielles telles que la précision, le recall et le F1-score, offrant une vue complète des performances du modèle pour chaque classe. De plus, les métriques macro avg et weighted avg ont été utilisées, fournissant des informations sur la performance globale du modèle.

Notre investigation ne s'arrête pas ici. Pour améliorer encore les performances du modèle, nous avons discuté de stratégies potentielles, y compris l'extension de la largeur et de la profondeur de la tête de classification, l'exploitation des techniques de fine-tuning, l'exploration des méthodes d'ensembles et la défense d'un ensemble de données plus vaste et diversifié. Ces avenues présentent des perspectives passionnantes pour les recherches et améliorations futures.

Notre étude met en lumière l'immense potentiel des modèles ViT en imagerie médicale, en particulier dans la classification des AVC à l'aide de scanners CT cérébraux. Alors que nous approfondissons l'apprentissage automatique et explorons les avancées en architectures de modèles et méthodologies d'entraînement, nous envisageons le développement de modèles encore plus raffinés capables de révolutionner le diagnostic médical et d'améliorer les soins aux patients.

#### 4.2.5 Conclusion

Cette section a exploré le potentiel transformateur de l'architecture Vision Transformer dans la classification des AVC en utilisant des tomodensitogrammes. Les avancées récentes en apprentissage profond, notamment avec l'émergence de l'architecture ViT, ont révolutionné l'analyse des images médicales. En suivant la méthodologie CRISP-DM pour le data mining et en partitionnant les données avec 60% pour l'entraînement, 16% pour la validation et 24% pour les tests, nous avons mené une étude approfondie sur l'architecture ViT, le prétraitement des données, l'entraînement du modèle et les métriques d'évaluation. Nos résultats montrent que ViT présente des capacités remarquables en analyse d'images, défiant le paradigme conventionnel des réseaux de neurones convolutifs. Le modèle a atteint une accuracy notable de 79% dans la classification des AVC, contribuant ainsi au domaine de l'imagerie médicale. De plus, nous avons discuté de stratégies potentielles pour améliorer davantage les performances du modèle, telles que l'augmentation de la largeur et de la profondeur de la tête de classification, les techniques de fine-tuning, l'utilisation d'autres méthodes d'ensemble et la collecte de davantage de données. Cette recherche contribue à l'originalité de l'utilisation de ViT dans la classification

des AVC, montrant son potentiel comme outil prometteur pour le diagnostic automatisé et ouvrant de nouvelles perspectives pour améliorer les applications d'imagerie médicale.

# Conclusion et Perspectives

## Conclusion

Cette thèse a permis d'explorer deux domaines complémentaires de la santé digitale, à savoir l'application de l'intelligence artificielle (IA) dans la médecine de précision et l'utilisation de techniques d'apprentissage profond pour la classification des accidents vasculaires cérébraux (AVC). À travers des analyses approfondies et une série d'expérimentations, nous avons mis en évidence le potentiel de ces technologies pour transformer la pratique médicale et améliorer les résultats pour les patients.

Le premier volet de cette thèse explore en profondeur l'impact de l'intelligence artificielle sur la médecine de précision. Nous avons démontré comment l'IA peut offrir des diagnostics plus précis et des traitements personnalisés en utilisant diverses méthodes avancées. Ces technologies permettent une compréhension plus fine des maladies et des patients, menant à des soins médicaux mieux adaptés aux caractéristiques individuelles de chaque patient. Des analyses approfondies des méthodes d'IA employées dans différents domaines de la médecine de précision ont mis en lumière l'adaptation des approches d'IA, de machine learning (ML) et de deep learning (DL) à travers diverses spécialités. Les résultats montrent que l'IA a le potentiel de transformer les soins de santé en passant d'un modèle de médecine curative de masse à des soins personnalisés. L'IA permet de traiter et d'analyser de vastes ensembles de données cliniques et génétiques, facilitant ainsi une approche plus individualisée et efficace. En outre, l'application de l'IA dans la prise en charge des accidents vasculaires cérébraux (AVC) illustre comment la santé digitale peut transformer les pratiques médicales actuelles. L'intégration de l'IA dans ce contexte permet des diagnostics plus précis, des traitements mieux ciblés et une réduction des effets secondaires, améliorant ainsi les résultats pour les patients victimes d'AVC.

En somme, ce volet de notre thèse démontre que l'IA a le potentiel de révolutionner la médecine de précision et la santé digitale. Bien que des défis techniques et réglementaires subsistent, les bénéfices potentiels justifient pleinement ces efforts. L'IA, lorsqu'elle est bien intégrée, peut agir comme un outil puissant pour optimiser les soins aux patients, offrant des diagnostics plus précis, des traitements mieux ciblés et une réduction des effets secondaires. Ces résultats soulignent l'importance de poursuivre les recherches et les développements dans ce domaine pour exploiter pleinement les technologies innovantes de l'IA, ouvrant la voie à des soins de santé plus personnalisés et efficaces. Les avancées technologiques, combinées à une approche multidisciplinaire et collaborative, promettent de transformer le paysage des soins de santé, rendant possible une médecine plus précise, plus efficace et plus humaine. Il reste cependant crucial de surmonter les obstacles existants et d'assurer une adoption harmonieuse de ces technologies pour réaliser pleinement leur potentiel dans la pratique clinique.

Le second volet de cette thèse se concentre sur la classification des AVC en utilisant des techniques d'apprentissage profond. En se focalisant sur les AVC ischémiques dans le contexte

africain, nous avons examiné les facteurs de risque spécifiques à cette région. La scoping review intégrée dans cette étude offre une synthèse des six études centrées sur les populations africaines, révélant l'importance cruciale de stratégies adaptées à la gestion des AVC qui tiennent compte de la variabilité démographique, des disparités de genre, des risques liés à l'âge et des différences régionales. Les résultats obtenus soulignent la nécessité d'interventions nuancées et spécifiques, telles que celles adressant l'hyperuricémie, ainsi que l'importance de stratégies holistiques de santé publique pour une prévention globale des AVC.

Nous avons également développé et mis en œuvre un modèle basé sur le transfert d'apprentissage avec l'architecture VGG-16 pour la classification des AVC ischémiques à partir de données d'imagerie médicale du Maroc. L'utilisation de l'approche OSEMN, combinée à des techniques d'augmentation des données, a permis d'obtenir un modèle robuste avec une précision de validation atteignant 90%. Une comparaison approfondie avec d'autres algorithmes de pointe tels que ResNet50, InceptionV3 et VGG-19 a montré que le modèle VGG-16 surpassait ces alternatives en termes de précision et d'efficacité.

Enfin, nous avons exploré l'application des vision transformers (ViT) dans la classification des AVC, en mettant particulièrement l'accent sur l'application du modèle ViT-b16 à différents types d'imagerie médicale, notamment les scans IRM et les images de tomodensitométrie (CT).

Notre étude a démontré l'efficacité du modèle ViT, en particulier la variante ViT-b16, dans le diagnostic des cas d'AVC ischémiques à partir de scans IRM marocains. Avec une précision impressionnante de 97.59% sur l'ensemble de données d'évaluation, le modèle ViT-b16 a surpassé les performances de notre modèle précédent VGG-16, qui avait atteint une précision de 90% sur le même ensemble de données. Ce résultat souligne la supériorité du modèle ViT dans le traitement des tâches complexes de classification d'images.

L'application de l'apprentissage profond et de l'intelligence artificielle, comme le montre notre recherche, offre des opportunités prometteuses pour améliorer l'analyse d'images médicales. En capturant des dépendances et des motifs complexes au sein des images médicales, le modèle ViT présente un potentiel significatif pour les applications cliniques réelles. En exploitant cette technologie avancée, nous pouvons améliorer la précision du diagnostic, rationaliser les processus de soins de santé et, finalement, améliorer les résultats pour les patients.

En suivant la méthodologie CRISP-DM pour le data mining et en partitionnant les données avec 60% pour l'entraînement, 16% pour la validation et 24% pour les tests, nous avons mené une étude détaillée sur l'architecture ViT, incluant le prétraitement des données, l'entraînement du modèle et l'évaluation des performances. Nos résultats ont démontré que ViT possède des capacités exceptionnelles en analyse d'images, surpassant les réseaux de neurones convolutifs traditionnels. Le modèle ViT a atteint une précision notable de 79% dans la classification des AVC à partir d'images CT, ce qui représente une contribution significative au domaine de l'imagerie médicale.

Nous avons identifié des stratégies potentielles pour améliorer encore les performances du modèle. Parmi celles-ci, l'augmentation de la largeur et de la profondeur de la tête de classification, l'application de techniques de fine-tuning, l'utilisation de méthodes d'ensemble, et la collecte de davantage de données ont été suggérées. Ces approches pourraient renforcer encore davantage l'efficacité de ViT dans les applications d'imagerie médicale.

Notre recherche sert de tremplin, mettant en évidence les points forts du modèle ViT-b16 dans l'imagerie médicale et inspirant des investigations futures pour exploiter le pouvoir de l'IA dans l'amélioration des soins de santé et du diagnostic médical. Les avancées réalisées dans cette étude ouvrent la voie à des recherches supplémentaires sur l'intégration des modèles ViT dans les workflows cliniques et l'application de ces modèles à d'autres domaines de l'imagerie médicale et de la santé personnalisée.

En résumé, cette partie de notre thèse confirme que les modèles ViT, en particulier le ViT-b16, représentent une avancée significative dans la classification des AVC ischémiques, offrant des perspectives prometteuses pour l'amélioration des diagnostics et des soins de santé. Nous espérons que ces travaux serviront de base à de futures recherches et collaborations, renforçant ainsi l'impact de l'IA dans le domaine médical.

## Perspectives

Les perspectives ouvertes par cette thèse sont nombreuses et prometteuses, couvrant divers domaines de la recherche et de l'application clinique. Ces perspectives touchent les domaines de l'intelligence artificielle, de la médecine, de l'enseignement médical, des dispositifs médicaux, ainsi que des technologies de réalité augmentée (AR) et de réalité virtuelle (VR). Chaque domaine offre des opportunités d'innovation et d'amélioration des pratiques actuelles.

### Perspectives dans le domaine de l'intelligence artificielle

Dans le domaine de l'IA, plusieurs axes d'amélioration des algorithmes et des modèles peuvent être explorés. Il est essentiel de perfectionner les modèles existants, tels que les vision transformers, en intégrant des techniques avancées de fine-tuning, des méthodes d'ensemble, ainsi que l'augmentation de la largeur et de la profondeur des architectures de réseau. En parallèle, le développement de nouvelles architectures d'apprentissage profond, notamment des modèles hybrides qui combinent les avantages des réseaux de neurones convolutifs et des vision transformers, peut améliorer considérablement les performances en imagerie médicale. L'intégration multi-modale représente également un axe clé pour l'avenir. Il sera crucial de combiner des données issues de diverses modalités, telles que les images IRM, les tomodensitogrammes, les données cliniques et génétiques, afin de fournir des analyses plus complètes et précises des conditions médicales. La fusion de ces données hétérogènes permettra d'améliorer la robustesse et l'exactitude des diagnostics et des prédictions. De plus, l'automatisation et la personnalisation des systèmes de santé, à travers le développement de systèmes de diagnostic automatisés et de plans de traitement individualisés, devraient permettre une meilleure détection des maladies et une gestion optimisée des soins.

### Perspectives dans le domaine médical

Dans le domaine médical, les recherches cliniques et les applications pratiques bénéficieront de la mise en œuvre de ces avancées technologiques. La réalisation d'études cliniques à grande échelle est nécessaire pour valider et affiner les modèles d'IA dans des contextes cliniques réels,

tout en tenant compte des variations géographiques et démographiques. En parallèle, intégrer ces systèmes d'IA dans les pratiques cliniques quotidiennes pourrait transformer les flux de travail, améliorer la prise de décision médicale, réduire les erreurs de diagnostic et rationaliser les processus de soins. En ce qui concerne la prévention et la gestion des maladies, il est essentiel de développer des programmes de prévention basés sur les données et adaptés aux risques individuels des patients, afin de prévenir les maladies avant qu'elles ne se manifestent. De plus, l'utilisation de l'IA pour surveiller et gérer les patients atteints de maladies chroniques pourrait optimiser la gestion des soins et améliorer la qualité de vie des patients. Dans le cadre de l'éducation et de la formation médicale, les modèles d'IA peuvent être utilisés pour créer des environnements de simulation réalistes, facilitant l'acquisition de compétences diagnostiques et thérapeutiques par les étudiants en médecine et en soins infirmiers. En outre, des outils éducatifs personnalisés basés sur l'IA peuvent aider les étudiants à mieux comprendre des concepts médicaux complexes et à se préparer à des situations cliniques réelles.

### **Perspectives dans le domaine des dispositifs médicaux**

Les perspectives dans le domaine des dispositifs médicaux sont marquées par l'innovation et le développement de nouveaux outils. Il est essentiel de développer des dispositifs médicaux équipés de technologies d'IA, permettant des diagnostics plus rapides et précis, tels que des scanners portables et des appareils de surveillance continue. De plus, la conception de dispositifs portables intelligents pour le suivi en temps réel des signes vitaux et des paramètres de santé pourrait jouer un rôle crucial dans la gestion proactive des conditions médicales. L'interopérabilité et l'intégration des systèmes de santé connectés demeurent également une priorité. L'objectif est d'améliorer la collecte et l'analyse des données grâce à une connectivité accrue et à l'utilisation de technologies de communication avancées, telles que l'Internet des objets (IoT).

### **Perspectives dans les technologies de réalité augmentée et réalité virtuelle**

Les technologies de réalité augmentée et de réalité virtuelle présentent également des perspectives prometteuses, notamment dans le domaine de l'éducation et de la formation médicale. La VR peut être utilisée pour créer des simulations immersives de situations cliniques complexes, permettant aux étudiants en médecine de pratiquer leurs compétences dans un environnement sûr et contrôlé. De même, l'AR peut être exploitée pour visualiser des structures anatomiques et pathologiques en 3D, facilitant ainsi l'apprentissage et la compréhension. En outre, l'application de la VR dans les thérapies de réadaptation, notamment pour les patients victimes d'AVC, et l'utilisation de systèmes AR pour assister les chirurgiens avec des visualisations augmentées et des informations en temps réel, pourraient considérablement améliorer les résultats des interventions chirurgicales et des soins aux patients.

### **Perspectives sociétales et éthiques**

Les perspectives sociétales et éthiques de ces avancées sont également cruciales. L'IA pourrait être un outil essentiel pour identifier et réduire les disparités en santé, en particulier dans les régions sous-desservies, améliorant ainsi l'accès aux soins de santé de qualité. Pour garantir une adoption responsable de ces technologies, il est impératif de développer des cadres éthiques robustes assurant la confidentialité, la sécurité et la transparence des données. Enfin, une collaboration étroite avec les organismes de réglementation est essentielle pour établir des normes appropriées qui garantissent la sécurité et l'efficacité des applications de l'IA dans le domaine médical.

En conclusion, cette thèse démontre que l'intégration de l'IA dans la médecine de précision et le traitement des AVC peut transformer de manière significative les pratiques médicales actuelles, ouvrant la voie à des soins de santé plus personnalisés, précis et efficaces. Les résultats obtenus posent les bases pour des recherches futures visant à améliorer encore ces techniques et à faciliter leur adoption plus large dans les systèmes de santé du monde entier. L'exploitation des technologies avancées telles que les modèles ViT promet de révolutionner le diagnostic médical et de renforcer les capacités des cliniciens, tout en offrant des opportunités pour l'éducation et l'innovation dans les dispositifs médicaux. Nous espérons que ces travaux serviront de fondement solide pour des avancées continues dans le domaine médical, soutenant l'évolution vers une ère de soins de santé plus intelligents et connectés.

# Annexe A

## Publications Scientifiques

Les publications issues de cette thèse comprennent des articles parus dans des revues internationales et un article présenté lors d'une conférence internationale. Les articles publiés dans des revues académiques internationales détaillent les résultats de la recherche menée dans le cadre de cette thèse, contribuant à l'avancement des connaissances dans le domaine de l'intelligence artificielle appliquée à la médecine de précision et à la classification des AVC. De plus, un article a été présenté lors d'une conférence internationale, mettant en lumière l'impact et la pertinence des travaux dans un forum académique international. Ces publications illustrent l'importance de l'intégration des technologies avancées en santé et leur potentiel pour améliorer les pratiques cliniques et les résultats pour les patients.

### A.1 Revues internationales

- Abbaoui, W., Retal, S., El Bhiri, B., Kharmoum, N., Ziti, S., 2024. Towards revolutionizing precision healthcare : A systematic literature review of artificial intelligence methods in precision medicine. *Informatics in Medicine Unlocked*, 101475.  
<https://doi.org/10.1016/j.imu.2024.101475>
- Abbaoui, W., 2024. Revolutionizing stroke care with ai-powered precision medicine : A narrative review. *Journal of Innovation and Digital Health* 1, 12–22.  
<https://doi.org/10.34874/PRSM.jidh-vol1iss1.499>
- Abbaoui, W., Retal, S., Ziti, S., El Bhiri, B., 2024. In the Scope : Exploring Risk Factors for Acute Ischemic Stroke in African Context. *Ethics, Medicine and Public Health*. Article Soumis.
- Abbaoui, W., Retal, S., Ziti, S., El Bhiri, B., Moussif, H., 2024. Ischemic stroke classification using vgg-16 convolutional neural networks : A study on moroccan mri scans. *International Journal of Online & Biomedical Engineering* 20, 61—77.  
<https://doi.org/10.3991/ijoe.v20i02.44845>
- Abbaoui, W., Retal, S., Ziti, S., El Bhiri, B., 2024. Automated Ischemic Stroke Classification from MRI Scans : Using a Vision Transformer Approach. *Journal of Clinical Medicine*, 13(8), 2323.  
<https://doi.org/10.3390/jcm13082323>

- 
- Abbaoui, W., Retal, S., Ziti, S., El Bhiri, B., 2024. Transforming Stroke Diagnosis : Vision Transformer-Based Classification of Brain Stroke CT Images. Healthcare Informatics Research. Article Soumis.

## **A.2 Conférences internationales**

- Abbaoui, W., Retal, S., Kharmoum, N., Ziti, S., 2022. Artificial intelligence at the service of precision medicine, in : International Conference on Advanced Intelligent Systems for Sustainable Development, Springer. pp. 91–103.  
[https://doi.org/10.1007/978-3-031-35248-5\\_9](https://doi.org/10.1007/978-3-031-35248-5_9)

# Bibliographie

- Abbaoui, W., 2024. Revolutionizing stroke care with ai-powered precision medicine : A narrative review. *Journal of Innovation and Digital Health* 1, 12–22.
- Abbaoui, W., Retal, S., El Bhiri, B., Kharmoum, N., Ziti, S., 2024a. Towards revolutionizing precision healthcare : A systematic literature review of artificial intelligence methods in precision medicine. *Informatics in Medicine Unlocked* , 101475.
- Abbaoui, W., Retal, S., Kharmoum, N., Ziti, S., 2022. Artificial intelligence at the service of precision medicine, in : *International Conference on Advanced Intelligent Systems for Sustainable Development*, Springer. pp. 91–103.
- Abbaoui, W., Retal, S., Ziti, S., El Bhiri, B., 2024b. Automated ischemic stroke classification from mri scans : Using a vision transformer approach. *Journal of Clinical Medicine* 13, 2323.
- Abbaoui, W., Retal, S., Ziti, S., El Bhiri, B., 2024c. In the scope : Exploring risk factors for acute ischemic stroke in african context. *Ethics, Medicine and Public Health*. Article soumis.
- Abbaoui, W., Retal, S., Ziti, S., El Bhiri, B., 2024d. Transforming stroke diagnosis : Vision transformer-based classification of brain stroke ct images. *Healthcare Informatics Research*. Article soumis.
- Abbaoui, W., Retal, S., Ziti, S., El Bhiri, B., Moussif, H., 2024e. Ischemic stroke classification using vgg-16 convolutional neural networks : A study on moroccan mri scans. *International Journal of Online & Biomedical Engineering* 20, 61—77.
- Abbasi, A., Sarker, S., Chiang, R.H., 2016. Big data research in information systems : Toward an inclusive research agenda. *Journal of the association for information systems* 17, 3.
- Adir, O., Poley, M., Chen, G., Froim, S., Krinsky, N., Shklover, J., Shainsky-Roitman, J., Lammers, T., Schroeder, A., 2020. Integrating artificial intelligence and nanotechnology for precision cancer medicine. *Advanced Materials* 32, 1901989.
- Ahlqvist, E., Storm, P., Käräjämäki, A., Martinell, M., Dorkhan, M., Carlsson, A., Vikman, P., Prasad, R.B., Aly, D.M., Almgren, P., et al., 2018. Novel subgroups of adult-onset diabetes and their association with outcomes : a data-driven cluster analysis of six variables. *The lancet Diabetes & endocrinology* 6, 361–369.
- Akbulut, C., Kuss, O., 2022. Data set from "Absolute Treatment Effects for the Primary Outcome and All-cause Mortality in the Cardiovascular Outcome Trials of New Antidiabetic Drugs – A Meta-Analysis of Digitalized Individual Patient Data". URL : <https://doi.org/10.5281/zenodo.6630421>, doi :10.5281/zenodo.6630421.

- Al-Rukn, S., Mazya, M., Akhtar, N., Hashim, H., Mansouri, B., Faouzi, B., Aref, H., Abdulrahman, H., Kesraoui, S., Hentati, F., et al., 2020. Stroke in the middle-east and north africa : a 2-year prospective observational study of intravenous thrombolysis treatment in the region. results from the sits-mena registry. *International Journal of Stroke* 15, 980–987.
- Alkhachroum, A., Terilli, K., Megjhani, M., Park, S., 2020. Harnessing big data in neurocritical care in the era of precision medicine. *Current Treatment Options in Neurology* 22, 1–24.
- Althnian, A., AlSaeed, D., Al-Baity, H., Samha, A., Dris, A.B., Alzakari, N., Abou Elwafa, A., Kurdi, H., 2021. Impact of dataset size on classification performance : an empirical evaluation in the medical domain. *Applied Sciences* 11, 796.
- Apiparakoon, T., Rakratchatakul, N., Chantadisai, M., Vutrapongwatana, U., Kingpetch, K., Sirisalipoch, S., Rakvongthai, Y., Chaiwatanarat, T., Chuangsuwanich, E., 2020. Malignet : semisupervised learning for bone lesion instance segmentation using bone scintigraphy. *Ieee Access* 8, 27047–27066.
- Arslan, E., Cetinkaya, O., 2022. Analysis of the demographic characteristics and clinical profile of acute ischemic strokes admitted to the emergency centre in the somalia population. *African Journal of Emergency Medicine* 12, 216–224.
- Ayoub, M., Liao, Z., Hussain, S., Li, L., Zhang, C.W., Wong, K.K., 2023. End to end vision transformer architecture for brain stroke assessment based on multi-slice classification and localization using computed tomography. *Computerized Medical Imaging and Graphics* 109, 102294.
- Bagasta, A.R., Rustam, Z., Pandelaki, J., Nugroho, W.A., 2019. Comparison of cubic svm with gaussian svm : classification of infarction for detecting ischemic stroke, in : *IOP conference series : materials science and engineering*, IOP Publishing. p. 052016.
- Banegas-Luna, A.J., Peña-García, J., Iftene, A., Guadagni, F., Ferroni, P., Scarpato, N., Zanzotto, F.M., Bueno-Crespo, A., Pérez-Sánchez, H., 2021. Towards the interpretability of machine learning predictions for medical applications targeting personalised therapies : A cancer case survey. *International Journal of Molecular Sciences* 22, 4394.
- Banerjee, I., Ling, Y., Chen, M.C., Hasan, S.A., Langlotz, C.P., Moradzadeh, N., Chapman, B., Amrhein, T., Mong, D., Rubin, D.L., et al., 2019. Comparative effectiveness of convolutional neural network (cnn) and recurrent neural network (rnn) architectures for radiology text report classification. *Artificial intelligence in medicine* 97, 79–88.
- Banerjee, S., Williamson, D., Habib, N., Gordon, M., Chataway, J., 2011. Human stem cell therapy in ischaemic stroke : a review. *Age and ageing* 40, 7–13.
- Barbiero, P., Vinas Torne, R., Lió, P., 2021. Graph representation forecasting of patient’s medical conditions : Toward a digital twin. *Frontiers in genetics* 12, 652907.

- Barnawi, A., Boulares, M., Somai, R., 2023. Simple and powerful pcg classification method based on selection and transfer learning for precision medicine application. *Bioengineering* 10, 294.
- Battineni, G., Chintalapudi, N., Amenta, F., 2019. Machine learning in medicine : Performance calculation of dementia prediction by support vector machines (svm). *Informatics in Medicine Unlocked* 16, 100200.
- Bentley, P., Ganesalingam, J., Jones, A.L.C., Mahady, K., Epton, S., Rinne, P., Sharma, P., Halse, O., Mehta, A., Rueckert, D., 2014. Prediction of stroke thrombolysis outcome using ct brain machine learning. *NeuroImage : Clinical* 4, 635–640.
- Boniolo, F., Dorigatti, E., Ohnmacht, A.J., Saur, D., Schubert, B., Menden, M.P., 2021. Artificial intelligence in early drug discovery enabling precision medicine. *Expert Opinion on Drug Discovery* 16, 991–1007.
- Bonkhoff, A.K., Grefkes, C., 2022. Precision medicine in stroke : towards personalized outcome predictions using artificial intelligence. *Brain* 145, 457–475.
- Boveiri, H.R., Khayami, R., Javidan, R., Mehdizadeh, A., 2020. Medical image registration using deep neural networks : a comprehensive review. *Computers & Electrical Engineering* 87, 106767.
- Bridge, C.P., Bizzo, B.C., Hillis, J.M., Chin, J.K., Comeau, D.S., Gauriau, R., Macruz, F., Pawar, J., Noro, F.T., Sharaf, E., et al., 2022. Development and clinical application of a deep learning model to identify acute infarct on magnetic resonance imaging. *Scientific reports* 12, 2154.
- Broderick, J.P., Adams Jr, H.P., Barsan, W., Feinberg, W., Feldmann, E., Grotta, J., Kase, C., Krieger, D., Mayberg, M., Tilley, B., et al., 1999. Guidelines for the management of spontaneous intracerebral hemorrhage : a statement for healthcare professionals from a special writing group of the stroke council, american heart association. *Stroke* 30, 905–915.
- Byrne, C., 2017. *Development workflows for data scientists*. O'Reilly Media.
- Cai, S., Tian, Y., Lui, H., Zeng, H., Wu, Y., Chen, G., 2020. Dense-unet : a novel multiphoton in vivo cellular image segmentation model based on a convolutional neural network. *Quantitative imaging in medicine and surgery* 10, 1275.
- Chang, Y., Park, H., Yang, H.J., Lee, S., Lee, K.Y., Kim, T.S., Jung, J., Shin, J.M., 2018. Cancer drug response profile scan (cdrscan) : a deep learning model that predicts drug effectiveness from cancer genomic signature. *Scientific reports* 8, 8857.
- Chaudhry, A., Hassan, M., Khan, A., Kim, J.Y., 2013. Automatic active contour-based segmentation and classification of carotid artery ultrasound images. *Journal of digital imaging* 26, 1071–1081.

- Chen, L., Bentley, P., Rueckert, D., 2017. Fully automatic acute ischemic lesion segmentation in dwi using convolutional neural networks. *NeuroImage : Clinical* 15, 633–643.
- Chen, W., Jiang, L., Hu, Y., Fang, G., Yang, B., Li, J., Liang, N., Wu, L., Hussain, Z., 2021. Nanomedicines, an emerging therapeutic regimen for treatment of ischemic cerebral stroke : A review. *Journal of Controlled Release* 340, 342–360.
- Chen, Y., Wright, N., Guo, Y., Turnbull, I., Kartsonaki, C., Yang, L., Bian, Z., Pei, P., Pan, D., Zhang, Y., et al., 2020. Mortality and recurrent vascular events after first incident stroke : a 9-year community-based study of 0· 5 million chinese adults. *The Lancet Global Health* 8, e580–e590.
- Chiang, P.H., Wong, M., Dey, S., 2021. Using wearables and machine learning to enable personalized lifestyle recommendations to improve blood pressure. *IEEE Journal of Translational Engineering in Health and Medicine* 9, 1–13.
- Choi, E., Schuetz, A., Stewart, W.F., Sun, J., 2017. Using recurrent neural network models for early detection of heart failure onset. *Journal of the American Medical Informatics Association* 24, 361–370.
- Chung, C.C., Chan, L., Bamodu, O.A., Hong, C.T., Chiu, H.W., 2020. Artificial neural network based prediction of postthrombolysis intracerebral hemorrhage and death. *Scientific Reports* 10.
- Clèrigues, A., Valverde, S., Bernal, J., Freixenet, J., Oliver, A., Lladó, X., 2019. Acute ischemic stroke lesion core segmentation in ct perfusion images using fully convolutional neural networks. *Computers in biology and medicine* 115, 103487.
- Coroller, T.P., Agrawal, V., Huynh, E., Narayan, V., Lee, S.W., Mak, R.H., Aerts, H.J., 2017. Radiomic-based pathological response prediction from primary tumors and lymph nodes in nscl. *Journal of Thoracic Oncology* 12, 467–476.
- Cui, L., Fan, Z., Yang, Y., Liu, R., Wang, D., Feng, Y., Lu, J., Fan, Y., et al., 2022. Deep learning in ischemic stroke imaging analysis : A comprehensive review. *BioMed Research International* 2022.
- Dai, J.Y., LeBlanc, M., 2019. Case-only trees and random forests for exploring genotype-specific treatment effects in randomized clinical trials with dichotomous end points. *Journal of the Royal Statistical Society Series C : Applied Statistics* 68, 1371–1391.
- Dalal, P., Bhattacharjee, M., 2014. Stroke-transient cerebral ischaemic attacks (tias) a medical emergency-preventable and treatable. *The Journal of the Association of Physicians of India* 62, 12–17.
- Dallora, A.L., Eivazzadeh, S., Mendes, E., Berglund, J., Anderberg, P., 2017. Machine learning and microsimulation techniques on the prognosis of dementia : A systematic literature review. *PloS one* 12, e0179804.

- Damon, M.A.S., Basse, A.M., Sow, A.D., Bassole, P.R., Diop-Sene, M.S., Banzouzi, F.L., Santos, M.M.D., Toure, K., 2022. Pre-hospital delay in patients with ischemic stroke in the fann teaching hospital, dakar, senegal in 2020. *Pan African Medical Journal* 41.
- Danaee, P., Ghaeini, R., Hendrix, D.A., 2017. A deep learning approach for cancer detection and relevant gene identification, in : *Pacific symposium on biocomputing 2017*, World Scientific. pp. 219–229.
- Das, D., Ito, J., Kadowaki, T., Tsuda, K., 2019. An interpretable machine learning model for diagnosis of alzheimer’s disease. *PeerJ* 7, e6543.
- Deist, T.M., Jochems, A., van Soest, J., Nalbantov, G., Oberije, C., Walsh, S., Eble, M., Bulens, P., Coucke, P., Dries, W., et al., 2017. Infrastructure and distributed learning methodology for privacy-preserving multi-centric rapid learning health care : eurocat. *Clinical and translational radiation oncology* 4, 24–31.
- Dercle, L., Ma, J., Xie, C., Chen, A.p., Wang, D., Luk, L., Revel-Mouroz, P., Otal, P., Peron, J.M., Rousseau, H., et al., 2020. Using a single abdominal computed tomography image to differentiate five contrast-enhancement phases : A machine-learning algorithm for radiomics-based precision medicine. *European journal of radiology* 125, 108850.
- Dhanachandra, N., Manglem, K., Chanu, Y.J., 2015. Image segmentation using k-means clustering algorithm and subtractive clustering algorithm. *Procedia Computer Science* 54, 764–771.
- Dillshad, V., Khan, M.A., Nazir, M., Saidani, O., Alturki, N., Kadry, S., 2023. D2lfs2net : Multi-class skin lesion diagnosis using deep learning and variance-controlled marine predator optimisation : An application for precision medicine. *CAAI Transactions on Intelligence Technology* .
- Dong, Z., Zhang, N., Li, C., Wang, H., Fang, Y., Wang, J., Zheng, X., 2015. Anticancer drug sensitivity prediction in cell lines from baseline gene expression through recursive feature selection. *BMC cancer* 15, 1–12.
- Doubleday, K., Zhou, H., Fu, H., Zhou, J., 2018. An algorithm for generating individualized treatment decision trees and random forests. *Journal of computational and graphical statistics* 27, 849–860.
- Du, X.z., Bao, C.l., Dong, G.r., Yang, X.m., 2016. Immediate effects of scalp acupuncture with twirling reinforcing manipulation on hemiplegia following acute ischemic stroke : a hidden association study. *Neural Regeneration Research* 11, 758–764.
- Elmer, J., Jones, B.L., Nagin, D.S., 2020. Comparison of parametric and nonparametric methods for outcome prediction using longitudinal data after cardiac arrest. *Resuscitation* 148, 152–160.

- Fajar, A., Sarno, R., Faticah, C., Fahmi, A., 2022. Reconstructing and resizing 3d images from dicom files. *Journal of King Saud University-Computer and Information Sciences* 34, 3517–3526.
- Fergadis, A., Baziotis, C., Pappas, D., Papageorgiou, H., Potamianos, A., 2018. Hierarchical bi-directional attention-based rnns for supporting document classification on protein–protein interactions affected by genetic mutations. *Database* 2018, bay076.
- Forghani, R., Savadjiev, P., Chatterjee, A., Muthukrishnan, N., Reinhold, C., Forghani, B., 2019. Radiomics and artificial intelligence for biomarker and prediction model development in oncology. *Computational and structural biotechnology journal* 17, 995–1008.
- Forkert, N.D., Verleger, T., Cheng, B., Thomalla, G., Hilgetag, C.C., Fiehler, J., 2015. Multiclass support vector machine-based lesion mapping predicts functional outcome in ischemic stroke patients. *PloS one* 10, e0129569.
- Fuente-Tomas, L.d.l., Arranz, B., Safont, G., Sierra, P., Sanchez-Autet, M., Garcia-Blanco, A., Garcia-Portilla, M.P., 2019. Classification of patients with bipolar disorder using k-means clustering. *PloS one* 14, e0210314.
- Futoma, J., Morris, J., Lucas, J., 2015. A comparison of models for predicting early hospital readmissions. *Journal of biomedical informatics* 56, 229–238.
- Gao, J., Jiang, Q., Zhou, B., Chen, D., 2019. Convolutional neural networks for computer-aided detection or diagnosis in medical image analysis : An overview. *Mathematical Biosciences and Engineering* 16, 6536–6561.
- Gowthami, S., Reddy, R.V.S., Ahmed, M.R., 2024. Exploring the effectiveness of machine learning algorithms for early detection of type-2 diabetes mellitus. *Measurement : Sensors* 31, 100983.
- Grapov, D., Fahrman, J., Wanichthanarak, K., Khoomrung, S., 2018. Rise of deep learning for genomic, proteomic, and metabolomic data integration in precision medicine. *Omics : a journal of integrative biology* 22, 630–636.
- Grøvik, E., Yi, D., Iv, M., Tong, E., Rubin, D., Zaharchuk, G., 2020. Deep learning enables automatic detection and segmentation of brain metastases on multisequence mri. *Journal of Magnetic Resonance Imaging* 51, 175–182.
- Gu, J., Wang, Z., Kuen, J., Ma, L., Shahroudy, A., Shuai, B., Liu, T., Wang, X., Wang, G., Cai, J., et al., 2018. Recent advances in convolutional neural networks. *Pattern recognition* 77, 354–377.
- Gu, Y., Wang, Y., Ji, C., Fan, P., He, Z., Wang, T., Liu, X., Zou, C., 2017. Syndrome differentiation of iga nephropathy based on clinicopathological parameters : a decision tree model. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine* 2017, 2697560.

- Ha, S., Jeong, S., Lee, J., 2024. Domain-aware fine-tuning : Enhancing neural network adaptability, in : Proceedings of the AAAI Conference on Artificial Intelligence, pp. 12261–12269.
- Haider, S., Rahman, R., Ghosh, S., Pal, R., 2015. A copula based approach for design of multivariate random forests for drug sensitivity prediction. *PloS one* 10, e0144490.
- Hamamoto, R., Suvarna, K., Yamada, M., Kobayashi, K., Shinkai, N., Miyake, M., Takahashi, M., Jinnai, S., Shimoyama, R., Sakai, A., Takasawa, K., Bolatkan, A., Shozu, K., Dozen, A., Machino, H., Takahashi, S., Asada, K., Komatsu, M., Sese, J., Kaneko, S., 2020. Application of artificial intelligence technology in oncology : Towards the establishment of precision medicine. *Cancers* 12, 1–32.
- Handelman, G., Kok, H., Chandra, R., Razavi, A., Lee, M., Asadi, H., 2018. ed octo : machine learning and the future of medicine. *Journal of internal medicine* 284, 603–619.
- Hanson, H.A., Martin, C., O’Neil, B., Leiser, C.L., Mayer, E.N., Smith, K.R., Lowrance, W.T., 2019. The relative importance of race compared to health care and social factors in predicting prostate cancer mortality : a random forest approach. *The Journal of urology* 202, 1209–1216.
- Hendriks, M.P., Verbeek, X.A., van Vegchel, T., van der Sangen, M.J., Strobbe, L.J., Merkus, J.W., Zonderland, H.M., Smorenburg, C.H., Jager, A., Siesling, S., 2019. Transformation of the national breast cancer guideline into data-driven clinical decision trees. *JCO clinical cancer informatics* 3, 1–14.
- Herpich, F., Rincon, F., 2020. Management of acute ischemic stroke. *Critical care medicine* 48, 1654–1663.
- Hiremath, B.N., Patil, M.M., 2022. Enhancing optimized personalized therapy in clinical decision support system using natural language processing. *Journal of King Saud University-Computer and Information Sciences* 34, 2840–2848.
- Ho, D.S.W., Schierding, W., Wake, M., Saffery, R., O’Sullivan, J., 2019. Machine learning snp based prediction for precision medicine. *Frontiers in genetics* 10, 431037.
- Horvat, N., Veeraraghavan, H., Pelossof, R.A., Fernandes, M.C., Arora, A., Khan, M., Marco, M., Cheng, C.T., Gonen, M., Pernicka, J.S.G., et al., 2019. Radiogenomics of rectal adenocarcinoma in the era of precision medicine : A pilot study of associations between qualitative and quantitative mri imaging features and genetic mutations. *European journal of radiology* 113, 174–181.
- Huang, C., Mezencev, R., McDonald, J.F., Vannberg, F., 2017. Open source machine-learning algorithms for the prediction of optimal cancer drug therapies. *PLoS One* 12, e0186906.
- Hussain, I., Park, S.J., 2020. Healthsos : Real-time health monitoring system for stroke prognostics. *IEEE Access* 8, 213574–213586.
- Hussain, S., Anwar, S.M., Majid, M., 2018. Segmentation of glioma tumors in brain using deep convolutional neural network. *Neurocomputing* 282, 248–261.

- Hussein, S., Kandel, P., Bolan, C.W., Wallace, M.B., Bagci, U., 2019. Lung and pancreatic tumor characterization in the deep learning era : novel supervised and unsupervised learning approaches. *IEEE transactions on medical imaging* 38, 1777–1787.
- Huynh, B.Q., Li, H., Giger, M.L., 2016. Digital mammographic tumor classification using transfer learning from deep convolutional neural networks. *Journal of Medical Imaging* 3, 034501–034501.
- Ibrahim, G.M., Sharma, P., Hyslop, A., Guillen, M.R., Morgan, B.R., Wong, S., Abel, T.J., Elkaim, L., Cajigas, I., Shah, A.H., et al., 2017. Presurgical thalamocortical connectivity is associated with response to vagus nerve stimulation in children with intractable epilepsy. *Neuroimage : Clinical* 16, 634–642.
- Ilkhomovna, K.M., Eriyigitovich, I.S., Kadyrovich, K.N., 2020. Morphological features of microvascular tissue of the brain at hemorrhagic stroke. *The American Journal of Medical Sciences and Pharmaceutical Research* 2, 53–59.
- Imam, Y.Z., Akhtar, N., Kamran, S., Garcia-Bermejo, P., Al Jerdi, S., Zakaria, A., Own, A., Patro, S., 2023. Rescue stent placement for acute ischemic stroke with large vessel occlusion refractory to mechanical thrombectomy : A multiethnic middle eastern/african/asian cohort. *Journal of Vascular and Interventional Radiology* .
- Inamdar, M.A., Raghavendra, U., Gudigar, A., Chakole, Y., Hegde, A., Menon, G.R., Barua, P., Palmer, E.E., Cheong, K.H., Chan, W.Y., et al., 2021. A review on computer aided diagnosis of acute brain stroke. *Sensors* 21, 8507.
- Johnson, K.W., Torres Soto, J., Glicksberg, B.S., Shameer, K., Miotto, R., Ali, M., Ashley, E., Dudley, J.T., 2018. Artificial intelligence in cardiology. *Journal of the American College of Cardiology* 71, 2668–2679.
- Johnson, W., Onuma, O., Owolabi, M., Sachdev, S., 2016. Stroke : a global response is needed. *Bulletin of the World Health Organization* 94, 634.
- Karpathy, A., Fei-Fei, L., 2015. Deep visual-semantic alignments for generating image descriptions, in : *Proceedings of the IEEE conference on computer vision and pattern recognition*, pp. 3128–3137.
- Kasasbeh, A.S., Christensen, S., Parsons, M.W., Campbell, B., Albers, G.W., Lansberg, M.G., 2019. Artificial neural network computer tomography perfusion prediction of ischemic core. *Stroke* 50, 1578–1581.
- Kasbekar, P.U., Goel, P., Jadhav, S.P., 2017. A decision tree analysis of diabetic foot amputation risk in indian patients. *Frontiers in endocrinology* 8, 25.
- Katan, M., Luft, A., 2018. Global burden of stroke, in : *Seminars in neurology*, Thieme Medical Publishers. pp. 208–211.

- Katzman, J.L., Shaham, U., Cloninger, A., Bates, J., Jiang, T., Kluger, Y., 2018. DeepSurv : personalized treatment recommender system using a cox proportional hazards deep neural network. *BMC medical research methodology* 18, 1–12.
- Khan, A.H., Abbas, S., Khan, M.A., Farooq, U., Khan, W.A., Siddiqui, S.Y., Ahmad, A., 2022a. Intelligent model for brain tumor identification using deep learning. *Applied Computational Intelligence and Soft Computing* 2022, 8104054.
- Khan, E., Rehman, M.Z.U., Ahmed, F., Alfouzan, F.A., Alzahrani, N.M., Ahmad, J., 2022b. Chest x-ray classification for the detection of covid-19 using deep learning techniques. *Sensors* 22, 1211.
- Khan, M., 2023. *Artificial intelligence in bioinformatics : Advancements and applications* .
- Kharbach, A., Obtel, M., Lahlou, L., Aasfara, J., Mekaoui, N., Razine, R., 2019. Ischemic stroke in morocco : a systematic review. *BMC neurology* 19, 1–15.
- Kim, Y.J., Kelley, B.P., Nasser, J.S., Chung, K.C., 2019. Implementing precision medicine and artificial intelligence in plastic surgery : concepts and future prospects. *Plastic and Reconstructive Surgery–Global Open* 7, e2113.
- Kiral-Kornek, I., Roy, S., Nurse, E., Mashford, B., Karoly, P., Carroll, T., Payne, D., Saha, S., Baldassano, S., O'Brien, T., et al., 2018. Epileptic seizure prediction using big data and deep learning : toward a mobile system. *EBioMedicine* 27, 103–111.
- Klonoff, D.C., Florez, J.C., German, M., Fleming, A., 2020. The need for precision medicine to be applied to diabetes. *Journal of Diabetes Science and Technology* 14, 1122–1128.
- Ko, J., Baldassano, S.N., Loh, P.L., Kording, K., Litt, B., Issadore, D., 2018. Machine learning to detect signatures of disease in liquid biopsies—a user’s guide. *Lab on a Chip* 18, 395–405.
- Koga, S., 2021. Data for "Deep learning-based model for diagnosing Alzheimer’s disease and tauopathies". URL : <https://doi.org/10.5281/zenodo.5083997>, doi :10.5281/zenodo.5083997.
- Kotei, E., Thirunavukarasu, R., 2024. A comprehensive review on advancement in deep learning techniques for automatic detection of tuberculosis from chest x-ray images. *Archives of Computational Methods in Engineering* 31, 455–474.
- Krebs, H.I., Krams, M., Agrafiotis, D.K., DiBernardo, A., Chavez, J.C., Littman, G.S., Yang, E., Byttebier, G., Dipietro, L., Rykman, A., et al., 2014. Robotic measurement of arm movements after stroke establishes biomarkers of motor recovery. *Stroke* 45, 200–204.
- Krittawong, C., Zhang, H., Wang, Z., Aydar, M., Kitai, T., 2017. Artificial intelligence in precision cardiovascular medicine. *Journal of the American College of Cardiology* 69, 2657–2664.

- Lai, T., 2024. Interpretable medical imagery diagnosis with self-attentive transformers : A review of explainable ai for health care. *BioMedInformatics* 4, 113–126.
- Långkvist, M., Jendeborg, J., Thunberg, P., Loutfi, A., Lidén, M., 2018. Computer aided detection of ureteral stones in thin slice computed tomography volumes using convolutional neural networks. *Computers in biology and medicine* 97, 153–160.
- Lee, J.G., Jun, S., Cho, Y.W., Lee, H., Kim, G.B., Seo, J.B., Kim, N., 2017. Deep learning in medical imaging : general overview. *Korean journal of radiology* 18, 570.
- Lentzen, M., Linden, T., Veeranki, S., Madan, S., Kramer, D., Leodolter, W., Fröhlich, H., 2023. A transformer-based model trained on large scale claims data for prediction of severe covid-19 disease progression. *IEEE Journal of Biomedical and Health Informatics* .
- Li, Q., Schissler, A.G., Gardeux, V., Berghout, J., Achour, I., Kenost, C., Li, H., Zhang, H.H., Lussier, Y.A., 2017. kmen : Analyzing noisy and bidirectional transcriptional pathway responses in single subjects. *Journal of biomedical informatics* 66, 32–41.
- Li, X., Yang, S., Cao, C., Yan, X., Zheng, L., Zheng, L., Da, J., Tang, X., Ji, L., Yang, X., et al., 2020. Validation of the swedish diabetes re-grouping scheme in adult-onset diabetes in china. *The Journal of Clinical Endocrinology & Metabolism* 105, e3519–e3528.
- Liang, Y., Li, Q., Chen, P., Xu, L., Li, J., 2019. Comparative study of back propagation artificial neural networks and logistic regression model in predicting poor prognosis after acute ischemic stroke. *Open Medicine* 14, 324 – 330.
- Lin, C.H., Hsu, K.C., Johnson, K.R., Fann, Y.C., Tsai, C.H., Sun, Y., Lien, L.M., Chang, W.L., Chen, P.L., Lin, C.L., et al., 2020. Evaluation of machine learning methods to stroke outcome prediction using a nationwide disease registry. *Computer methods and programs in biomedicine* 190, 105381.
- Lin, Y.W., Zhou, Y., Faghri, F., Shaw, M.J., Campbell, R.H., 2019. Analysis and prediction of unplanned intensive care unit readmission using recurrent neural networks with long short-term memory. *PloS one* 14, e0218942.
- Lind, A.P., Anderson, P.C., 2019. Predicting drug activity against cancer cells by random forest models based on minimal genomic information and chemical properties. *PloS one* 14, e0219774.
- Litjens, G., Kooi, T., Bejnordi, B.E., Setio, A.A.A., Ciampi, F., Ghafoorian, M., Van Der Laak, J.A., Van Ginneken, B., Sánchez, C.I., 2017. A survey on deep learning in medical image analysis. *Medical image analysis* 42, 60–88.
- Liu, F., Zhou, Z., Jang, H., Samsonov, A., Zhao, G., Kijowski, R., 2018. Deep convolutional neural network and 3d deformable approach for tissue segmentation in musculoskeletal magnetic resonance imaging. *Magnetic resonance in medicine* 79, 2379–2391.

- Liu, H., Zhao, R., Fang, H., Cheng, F., Fu, Y., Liu, Y.Y., 2017. Entropy-based consensus clustering for patient stratification. *Bioinformatics* 33, 2691–2698.
- Liu, J., Xu, H., Chen, Q., Zhang, T., Sheng, W., Huang, Q., Song, J., Huang, D., Lan, L., Li, Y., et al., 2019. Prediction of hematoma expansion in spontaneous intracerebral hemorrhage using support vector machine. *EBioMedicine* 43, 454–459.
- Ma, T., Xiao, C., Wang, F., 2018. Health-atm : A deep architecture for multifaceted patient health record representation and risk prediction, in : *Proceedings of the 2018 SIAM International Conference on Data Mining*, SIAM. pp. 261–269.
- Maleki, F., Muthukrishnan, N., Ovens, K., Reinhold, C., Forghani, R., 2020. Machine learning algorithm validation : from essentials to advanced applications and implications for regulatory certification and deployment. *Neuroimaging Clinics* 30, 433–445.
- Malik, V., Kalakoti, Y., Sundar, D., 2021. Deep learning assisted multi-omics integration for survival and drug-response prediction in breast cancer. *BMC genomics* 22, 1–11.
- Mamandipoor, B., Frutos-Vivar, F., Peñuelas, O., Rezar, R., Raymondos, K., Muriel, A., Du, B., Thille, A.W., Ríos, F., González, M., et al., 2021. Machine learning predicts mortality based on analysis of ventilation parameters of critically ill patients : multi-centre validation. *BMC Medical Informatics and Decision Making* 21, 152.
- Manica, M., Oskooei, A., Born, J., Subramanian, V., Sáez-Rodríguez, J., Rodriguez Martinez, M., 2019. Toward explainable anticancer compound sensitivity prediction via multimodal attention-based convolutional encoders. *Molecular pharmaceutics* 16, 4797–4806.
- Mapoure, Y.N., Ayeah, C.M., Ba, H., Hentchoya, R., Luma, H.N., 2018. The prognostic value of serum uric acid in the acute phase of ischemic stroke in black africans. *Journal of Stroke and Cerebrovascular Diseases* 27, 783–792.
- Martínez-Más, J., Bueno-Crespo, A., Khazendar, S., Remezal-Solano, M., Martínez-Cendán, J.P., Jassim, S., Du, H., Al Assam, H., Bourne, T., Timmerman, D., 2019. Evaluation of machine learning methods with fourier transform features for classifying ovarian tumors based on ultrasound images. *PLoS One* 14, e0219388.
- Meng, L., Avram, D., Tseng, G., Huo, Z., 2022. Outcome-guided sparse k-means for disease subtype discovery via integrating phenotypic data with high-dimensional transcriptomic data. *Journal of the Royal Statistical Society Series C : Applied Statistics* 71, 352–375.
- Mobadersany, P., Yousefi, S., Amgad, M., Gutman, D.A., Barnholtz-Sloan, J.S., Velázquez Vega, J.E., Brat, D.J., Cooper, L.A., 2018. Predicting cancer outcomes from histology and genomics using convolutional networks. *Proceedings of the National Academy of Sciences* 115, E2970–E2979.

- Mohammedqasim, H., Biabani, S.A.A., Ata, O., Alomary, M.N., Almeahmadi, M., Alsairi, A.A., Ansari, M.A., et al., 2023. Multi-objective deep learning framework for covid-19 dataset problems. *Journal of King Saud University-Science* 35, 102527.
- Moher, D., Shamseer, L., Clarke, M., Ghersi, D., Liberati, A., Petticrew, M., Shekelle, P., Stewart, L.A., Group, P.P., 2015. Preferred reporting items for systematic review and meta-analysis protocols (prisma-p) 2015 statement. *Systematic reviews* 4, 1–9.
- Moulton, E., Valabregue, R., Lehericy, S., Samson, Y., Rosso, C., 2019. Multivariate prediction of functional outcome using lesion topography characterized by acute diffusion tensor imaging. *NeuroImage : Clinical* 23, 101821.
- Mudunuru, V.R., Skrzypek, L.A., 2020. A comparison of artificial neural network and decision trees with logistic regression as classification models for breast cancer survival. *International Journal of Mathematical, Engineering and Management Sciences* 5, 1170.
- Nanmaran, R., Srimathi, S., Yamuna, G., Thanigaivel, S., Vickram, A., Priya, A., Karthick, A., Karpagam, J., Mohanavel, V., Muhibbullah, M., 2022. Investigating the role of image fusion in brain tumor classification models based on machine learning algorithm for personalized medicine. *Computational and mathematical methods in medicine* 2022, 7137524.
- do Nascimento, P.M., Medeiros, I.G., Falcão, R.M., Stransky, B., de Souza, J.E.S., 2020. A decision tree to improve identification of pathogenic mutations in clinical practice. *BMC medical informatics and decision making* 20, 1–11.
- Neshuku, S.N., Kirchner-Frankle, J., Nangolo, M., Moses, M., Einbeck, C.O., Kumire, P., Zatjirua, V., Banda, J., et al., 2023. The burden and in-hospital mortality of stroke admissions at a tertiary level hospital in namibia : A retrospective cohort study. *Stroke Research and Treatment* 2023.
- Nie, D., Lu, J., Zhang, H., Adeli, E., Wang, J., Yu, Z., Liu, L., Wang, Q., Wu, J., Shen, D., 2019. Multi-channel 3d deep feature learning for survival time prediction of brain tumor patients using multi-modal neuroimages. *Scientific reports* 9, 1103.
- Niedzielski, J.S., Yang, J., Stingo, F., Liao, Z., Gomez, D., Mohan, R., Martel, M., Briere, T., Court, L., 2017. A novel methodology using ct imaging biomarkers to quantify radiation sensitivity in the esophagus with application to clinical trials. *Scientific reports* 7, 6034.
- Noorbakhsh-Sabet, N., Zand, R., Zhang, Y., Abedi, V., 2019. Artificial intelligence transforms the future of health care. *The American journal of medicine* 132, 795–801.
- Oakden-Rayner, L., Carneiro, G., Bessen, T., Nascimento, J.C., Bradley, A.P., Palmer, L.J., 2017. Precision radiology : predicting longevity using feature engineering and deep learning methods in a radiomics framework. *Scientific reports* 7, 1648.

- Oldham, W.M., Oliveira, R.K., Wang, R.S., Opotowsky, A.R., Rubins, D.M., Hainer, J., Wertheim, B.M., Alba, G.A., Choudhary, G., Torniyos, A., et al., 2018. Network analysis to risk stratify patients with exercise intolerance. *Circulation research* 122, 864–876.
- Öman, O., Mäkelä, T., Salli, E., Savolainen, S., Kangasniemi, M., 2019. 3d convolutional neural networks applied to ct angiography in the detection of acute ischemic stroke. *European Radiology Experimental* 3.
- Ovbiagele, B., Nguyen-Huynh, M.N., 2011. Stroke epidemiology : advancing our understanding of disease mechanism and therapy. *Neurotherapeutics* 8, 319–329.
- O’Bryant, S.E., Zhang, F., Johnson, L.A., Hall, J., Edwards, M., Grammas, P., Oh, E., Lyketsos, C.G., Rissman, R.A., 2018. A precision medicine model for targeted nsaid therapy in alzheimer’s disease. *Journal of Alzheimer’s Disease* 66, 97–104.
- Padma Nanthagopal, A., Sukanesh Rajamony, R., 2013. Classification of benign and malignant brain tumor ct images using wavelet texture parameters and neural network classifier. *Journal of visualization* 16, 19–28.
- Panje, C.M., Glatzer, M., von Rappard, J., Rothermundt, C., Hundsberger, T., Zumstein, V., Plasswilm, L., Putora, P.M., 2017. Applied swarm-based medicine : collecting decision trees for patterns of algorithms analysis. *BMC medical research methodology* 17, 1–9.
- Parekh, V.S., Jacobs, M.A., 2019. Deep learning and radiomics in precision medicine. *Expert review of precision medicine and drug development* 4, 59–72.
- Pei, D., Zhang, C., Quan, Y., Guo, Q., 2019. Identification of potential type ii diabetes in a chinese population with a sensitive decision tree approach. *Journal of diabetes research* 2019, 4248218.
- Pei, L., Vidyaratne, L., Rahman, M.M., Iftekharuddin, K.M., 2020. Context aware deep learning for brain tumor segmentation, subtype classification, and survival prediction using radiology images. *Scientific Reports* 10, 19726.
- Peng, J., Jury, E.C., Dönnies, P., Ciurtin, C., 2021. Machine learning techniques for personalised medicine approaches in immune-mediated chronic inflammatory diseases : applications and challenges. *Frontiers in pharmacology* 12, 720694.
- Peters, M.D., Godfrey, C.M., Khalil, H., McInerney, P., Parker, D., Soares, C.B., 2015. Guidance for conducting systematic scoping reviews. *JBI Evidence Implementation* 13, 141–146.
- Porcello, J.C., 2019. Designing and implementing svms for high-dimensional knowledge discovery using fpgas, in : 2019 IEEE Aerospace Conference, IEEE. pp. 1–8.
- Portegies, M.L., Mirza, S.S., Verlinden, V.J., Hofman, A., Koudstaal, P.J., Swanson, S.A., Ikram, M.A., 2016. Mid-to late-life trajectories of blood pressure and the risk of stroke : the rotterdam study. *Hypertension* 67, 1126–1132.

- Porumb, M., Stranges, S., Pescapè, A., Pecchia, L., 2020. Precision medicine and artificial intelligence : a pilot study on deep learning for hypoglycemic events detection based on ecg. *Scientific reports* 10, 170.
- Qiu, W., Kuang, H., Nair, J., Assis, Z., Najm, M., McDougall, C., McDougall, B., Chung, K., Wilson, A., Goyal, M., et al., 2019. Radiomics-based intracranial thrombus features on ct and cta predict recanalization with intravenous alteplase in patients with acute ischemic stroke. *American Journal of Neuroradiology* 40, 39–44.
- Que, S.J., Chen, Q.Y., Liu, Z.Y., Wang, J.B., Lin, J.X., Lu, J., Cao, L.L., Lin, M., Tu, R.H., Huang, Z.N., et al., 2019. Application of preoperative artificial neural network based on blood biomarkers and clinicopathological parameters for predicting long-term survival of patients with gastric cancer. *World Journal of Gastroenterology* 25, 6451.
- Rahman, R., Otridge, J., Pal, R., 2017. Integratedmrf : random forest-based framework for integrating prediction from different data types. *Bioinformatics* 33, 1407–1410.
- Rampun, A., Zheng, L., Malcolm, P., Tiddeman, B., Zwigelaar, R., 2016. Computer-aided detection of prostate cancer in t2-weighted mri within the peripheral zone. *Physics in Medicine & Biology* 61, 4796.
- Ravi, D., Wong, C., Deligianni, F., Berthelot, M., Andreu-Perez, J., Lo, B., Yang, G.Z., 2017. Deep learning for health informatics. *IEEE journal of biomedical and health informatics* 21, 4–21.
- Raza, S.E.A., Cheung, L., Shaban, M., Graham, S., Epstein, D., Pelengaris, S., Khan, M., Rajpoot, N.M., 2019. Micro-net : A unified model for segmentation of various objects in microscopy images. *Medical image analysis* 52, 160–173.
- Roffman, D., Hart, G., Girardi, M., Ko, C.J., Deng, J., 2018. Predicting non-melanoma skin cancer via a multi-parameterized artificial neural network. *Scientific reports* 8, 1701.
- Ross, E.G., Shah, N.H., Dalman, R.L., Nead, K.T., Cooke, J.P., Leeper, N.J., 2016. The use of machine learning for the identification of peripheral artery disease and future mortality risk. *Journal of vascular surgery* 64, 1515–1522.
- Roth, H.R., Lee, C.T., Shin, H.C., Seff, A., Kim, L., Yao, J., Lu, L., Summers, R.M., 2015. Anatomy-specific classification of medical images using deep convolutional nets, in : 2015 IEEE 12th international symposium on biomedical imaging (ISBI), IEEE. pp. 101–104.
- Saadi, A., 2018. Black patients missing out on stroke treatment. *Neurology* 90, e444–e446.
- Saeed, K., Rahkama, V., Eldfors, S., Bychkov, D., Mpindi, J.P., Yadav, B., Paavolainen, L., Aittokallio, T., Heckman, C., Wennerberg, K., et al., 2017. Comprehensive drug testing of patient-derived conditionally reprogrammed cells from castration-resistant prostate cancer. *European urology* 71, 319–327.

- Sailaja, Y., Pattani, V., 2023. Effective brain stroke prediction with deep learning model by incorporating yolo\_5 and ssd. *International Journal of Online & Biomedical Engineering* 19.
- Santos, M.S., Abreu, P.H., García-Laencina, P.J., Simão, A., Carvalho, A., 2015. A new cluster-based oversampling method for improving survival prediction of hepatocellular carcinoma patients. *Journal of biomedical informatics* 58, 49–59.
- Santus, E., Marino, N., Cirillo, D., Chersoni, E., Montagud, A., Santucciono Chadha, A., Valencia, A., Hughes, K., Lindvall, C., 2021. Artificial intelligence-aided precision medicine for covid-19 : strategic areas of research and development. *Journal of Medical Internet Research* 23, e22453.
- Schaller, B., 2016. *Ischemic Stroke : Updates*. BoD-Books on Demand.
- Schätz, M., Rubešová, O., Girsá, D., Nađová, K., 2022. Ct scans of covid-19 patients. URL : <https://doi.org/10.5281/zenodo.5805939>, doi :10.5281/zenodo.5805939. Additional CT scans will be uploaded when available.
- Schimmel, M., Ono, T., Lam, O., Müller, F., 2017. Oro-facial impairment in stroke patients. *Journal of oral rehabilitation* 44, 313–326.
- Schröer, C., Kruse, F., Gómez, J.M., 2021. A systematic literature review on applying crisp-dm process model. *Procedia Computer Science* 181, 526–534.
- Scopus, . Scopus web site. <https://www.scopus.com/home.uri>, Accessed : 2022-03-16.
- Seibold, H., Zeileis, A., Hothorn, T., 2018. Individual treatment effect prediction for amyotrophic lateral sclerosis patients. *Statistical Methods in Medical Research* 27, 3104–3125.
- Sengupta, P.P., Huang, Y.M., Bansal, M., Ashrafi, A., Fisher, M., Shameer, K., Gall, W., Dudley, J.T., 2016. Cognitive machine-learning algorithm for cardiac imaging : a pilot study for differentiating constrictive pericarditis from restrictive cardiomyopathy. *Circulation : Cardiovascular Imaging* 9, e004330.
- Shah, D.A., De Wolf, E.D., Paul, P.A., Madden, L.V., 2021. Accuracy in the prediction of disease epidemics when ensembling simple but highly correlated models. *PLoS computational biology* 17, e1008831.
- Shah, S.J., 2017. Precision medicine for heart failure with preserved ejection fraction : an overview. *Journal of cardiovascular translational research* 10, 233–244.
- Shamseer, L., Moher, D., Clarke, M., Ghersi, D., Liberati, A., Petticrew, M., Shekelle, P., Stewart, L.A., 2015. Preferred reporting items for systematic review and meta-analysis protocols (prisma-p) 2015 : elaboration and explanation. *Bmj* 349.
- Shen, D., Wu, G., Suk, H.I., 2017. Deep learning in medical image analysis. *Annual review of biomedical engineering* 19, 221–248.

- Shen, Y., Wu, C., Liu, C., Wu, Y., Xiong, N., 2018. Oriented feature selection svm applied to cancer prediction in precision medicine. *IEEE Access* 6, 48510–48521.
- Shi, R., Sheng, C., Jin, S., Zhang, Q., Zhang, S., Zhang, L., Ding, C., Wang, L., Wang, L., Han, Y., et al., 2023. Generative adversarial network constrained multiple loss autoencoder : A deep learning-based individual atrophy detection for alzheimer’s disease and mild cognitive impairment. *Human brain mapping* 44, 1129–1146.
- Shin, H.C., Roth, H.R., Gao, M., Lu, L., Xu, Z., Nogues, I., Yao, J., Mollura, D., Summers, R.M., 2016. Deep convolutional neural networks for computer-aided detection : Cnn architectures, dataset characteristics and transfer learning. *IEEE transactions on medical imaging* 35, 1285–1298.
- Sin, S., Lee, C.H., Choi, S.M., Han, K.D., Lee, J., 2020. Metabolic syndrome and risk of lung cancer : An analysis of Korean National Health Insurance Corporation database. URL : <https://doi.org/10.5061/dryad.2rbnzs7jc>, doi :10.5061/dryad.2rbnzs7jc.
- Sinaga, K.P., Yang, M.S., 2020. Unsupervised k-means clustering algorithm. *IEEE access* 8, 80716–80727.
- Singhal, A.B., Biller, J., Elkind, M.S., Fullerton, H.J., Jauch, E.C., Kittner, S.J., Levine, D.A., Levine, S.R., 2013. Recognition and management of stroke in young adults and adolescents. *Neurology* 81, 1089–1097.
- Sotoudeh, H., Shafaat, O., Bernstock, J.D., Brooks, M.D., Elsayed, G.A., Chen, J.A., Szerip, P., Chagoya, G., Gessler, F., Sotoudeh, E., et al., 2019. Artificial intelligence in the management of glioma : era of personalized medicine. *Frontiers in oncology* 9, 768.
- Su, X., Peña, A.T., Liu, L., Levine, R.A., 2018. Random forests of interaction trees for estimating individualized treatment effects in randomized trials. *Statistics in medicine* 37, 2547–2560.
- Suberi, A.A.M., Zakaria, W.N.W., Tomari, R., Fuad, N.F.N., 2018. Classification of posterior fossa ct brain slices using artificial neural network. *Procedia Computer Science* 135, 170–177.
- Subramanian, M., Wojtusciszyn, A., Favre, L., Boughorbel, S., Shan, J., Letaief, K.B., Pitteloud, N., Chouchane, L., 2020. Precision medicine in the era of artificial intelligence : implications in chronic disease management. *Journal of translational medicine* 18, 1–12.
- Sun, H., Chen, Y., Huang, Q., Lui, S., Huang, X., Shi, Y., Xu, X., Sweeney, J.A., Gong, Q., 2018. Psychoradiologic utility of mr imaging for diagnosis of attention deficit hyperactivity disorder : a radiomics analysis. *Radiology* 287, 620–630.
- Sysoev, O., Bartoszek, K., Ekström, E.C., Ekholm Selling, K., 2019. Psica : Decision trees for probabilistic subgroup identification with categorical treatments. *Statistics in Medicine* 38, 4436–4452.

- Tang, J., Henderson, A., Gardner, P., 2021. Infrared Chemical Image of a Breast Cancer Tissue Microarray. URL : <https://doi.org/10.5281/zenodo.4986399>, doi :10.5281/zenodo.4986399. These data support the journal article "Exploring AdaBoost and Random Forests machine learning approaches for infrared pathology on unbalanced data sets" <https://doi.org/10.1039/D0AN02155E>. The processed data for the article is available on Zenodo at <https://doi.org/10.5281/zenodo.4730312>.
- Tang, J., Liu, R., Zhang, Y.L., Liu, M.Z., Hu, Y.F., Shao, M.J., Zhu, L.J., Xin, H.W., Feng, G.W., Shang, W.J., et al., 2017. Application of machine-learning models to predict tacrolimus stable dose in renal transplant recipients. *Scientific reports* 7, 42192.
- Thirunavukarasu, R., Gnanasambandan, R., Gopikrishnan, M., Palanisamy, V., et al., 2022. Towards computational solutions for precision medicine based big data healthcare system using deep learning models : A review. *Computers in Biology and Medicine* 149, 106020.
- Toth, R., Schiffmann, H., Hube-Magg, C., Büscheck, F., Höflmayer, D., Weidemann, S., Lebok, P., Fraune, C., Minner, S., Schlomm, T., et al., 2019. Random forest-based modelling to detect biomarkers for prostate cancer progression. *Clinical epigenetics* 11, 1–15.
- Towfighi, A., Berger, R.P., Corley, A.M., Glymour, M.M., Manly, J.J., Skolarus, L.E., 2023. Recommendations on social determinants of health in neurologic disease. *Neurology* 101, S17–S26.
- Tursynova, A., Omarov, B., Sakhipov, A., Tukenova, N., 2022. Brain stroke lesion segmentation using computed tomography images based on modified u-net model with resnet blocks. *International Journal of Online & Biomedical Engineering* 18.
- Valdes, G., Luna, J.M., Eaton, E., Simone, C.B., Ungar, L.H., Solberg, T.D., 2016. Mediboost : a patient stratification tool for interpretable decision making in the era of precision medicine. *Scientific reports* 6, 37854.
- Vallières, M., Kay-Rivest, E., Perrin, L.J., Liem, X., Furstoss, C., Aerts, H.J., Khaouam, N., Nguyen-Tan, P.F., Wang, C.S., Sultanem, K., et al., 2017. Radiomics strategies for risk assessment of tumour failure in head-and-neck cancer. *Scientific reports* 7, 10117.
- Vogiatzi, P., Pouliakis, A., Siristatidis, C., 2019. An artificial neural network for the prediction of assisted reproduction outcome. *Journal of assisted reproduction and genetics* 36, 1441–1448.
- Wallace, J., 2016. Researchers document troubling rise in strokes in young adults, starting at age 25. *The Washington Post* 11.
- Wang, K., Gao, B., Liu, H., Chen, H., Liu, H., 2022. The real-time and patient-specific prediction for duration and recovery profile of cisatracurium based on deep learning models. *Frontiers in Pharmacology* 12, 831149.

- Wei, J.X., Wang, J., Zhu, Y.X., Sun, J., Xu, H.M., Li, M., 2018. Traditional chinese medicine pharmacovigilance in signal detection : decision tree-based data classification. *BMC medical informatics and decision making* 18, 1–9.
- Weissler, E.H., Naumann, T., Andersson, T., Ranganath, R., Elemento, O., Luo, Y., Freitag, D.F., Benoit, J., Hughes, M.C., Khan, F., et al., 2021. The role of machine learning in clinical research : transforming the future of evidence generation. *Trials* 22, 1–15.
- WHO, 2020. The top 10 causes of death. <https://www.who.int/news-room/fact-sheets/detail/the-top-10-causes-of-death>. Accessed 2023-01-30.
- Wilkinson, J., Arnold, K.F., Murray, E.J., van Smeden, M., Carr, K., Sippy, R., de Kamps, M., Beam, A., Konigorski, S., Lippert, C., et al., 2020. Time to reality check the promises of machine learning-powered precision medicine. *The Lancet Digital Health* 2, e677–e680.
- Winder, A.J., Wilms, M., Amador, K., Flottmann, F., Fiehler, J., Forkert, N.D., 2022. Predicting the tissue outcome of acute ischemic stroke from acute 4d computed tomography perfusion imaging using temporal features and deep learning. *Frontiers in Neuroscience* 16, 1009654.
- Yamashita, R., Nishio, M., Do, R.K.G., Togashi, K., 2018. Convolutional neural networks : an overview and application in radiology. *Insights into imaging* 9, 611–629.
- Yang, J., Zheng, M., Cheng, S., Ou, S., Zhang, J., Wang, N., Cao, Y., Wang, J., 2014. Knowledge of stroke symptoms and treatment among community residents in western urban china. *Journal of Stroke and Cerebrovascular Diseases* 23, 1216–1224.
- Yousaf, F., Iqbal, S., Fatima, N., Kousar, T., Rahim, M.S.M., 2023. Multi-class disease detection using deep learning and human brain medical imaging. *Biomedical Signal Processing and Control* 85, 104875.
- Youvan, D.C., 2023. Artificial intelligence : Unveiling hidden patterns in human behaviour .
- Yu, J., Xue, A., Redei, E., Bagheri, N., 2016. A support vector machine model provides an accurate transcript-level-based diagnostic for major depressive disorder. *Translational psychiatry* 6, e931–e931.
- Yu, Y., Li, M., Liu, L., Li, Y., Wang, J., 2019. Clinical big data and deep learning : Applications, challenges, and future outlooks. *Big Data Mining and Analytics* 2, 288–305.
- Yu, Y., Xie, Y., Thamm, T., Gong, E., Ouyang, J., Huang, C., Christensen, S., Marks, M.P., Lansberg, M.G., Albers, G.W., et al., 2020. Use of deep learning to predict final ischemic stroke lesions from initial magnetic resonance imaging. *JAMA network open* 3, e200772–e200772.
- Zeng, Z., Xie, W., Zhang, Y., Lu, Y., 2019. Ric-unet : An improved neural network based on unet for nuclei segmentation in histology images. *Ieee Access* 7, 21420–21428.

- Zhang, X.S., Tang, F., Dodge, H.H., Zhou, J., Wang, F., 2019. Metapred : Meta-learning for clinical risk prediction with limited patient electronic health records, in : Proceedings of the 25th ACM SIGKDD international conference on knowledge discovery & data mining, pp. 2487–2495.
- Zhu, J., Muskhelishvili, L., Tong, W., Borlak, J., Chen, M., 2020. Cancer genomics predicts disease relapse and therapeutic response to neoadjuvant chemotherapy of hormone sensitive breast cancers. *Scientific Reports* 10, 8188.

## Résumé

Cette thèse explore deux volets interdépendants mais distincts de la santé digitale : l'utilisation de l'intelligence artificielle (IA) dans la médecine de précision, ainsi que la classification des accidents vasculaires cérébraux (AVC) à l'aide de techniques d'apprentissage profond. Le premier volet analyse l'impact de l'IA sur la médecine de précision. Nous mettons en lumière les avancées significatives que l'IA apporte à ces domaines, en facilitant des diagnostics plus précis et des traitements personnalisés. Une attention particulière est accordée aux méthodes d'IA qui révolutionnent les soins de santé en permettant une approche plus individualisée et efficace. De plus, l'intégration de l'IA dans la prise en charge des AVC est examinée pour démontrer comment la santé digitale peut transformer les pratiques médicales actuelles. Le second volet aborde la classification des AVC en utilisant des techniques d'apprentissage profond. Nous nous concentrons sur les AVC ischémiques dans le contexte africain, en examinant les facteurs de risque spécifiques à cette région. Nous présentons également une analyse sur l'utilisation des réseaux de neurones convolutifs (CNN), en particulier le modèle VGG-16, pour classer les AVC ischémiques à partir des scans IRM marocains. Par ailleurs, nous explorons l'application des transformateurs de vision (ViT) dans la classification des AVC, en soulignant l'utilisation du modèle ViT-b16 appliqué aux scans IRM marocains et aux images de tomodensitométrie (CT). Les résultats de notre recherche démontrent que les techniques d'apprentissage profond peuvent améliorer significativement la précision du diagnostic des AVC, offrant ainsi un potentiel considérable pour des applications cliniques futures. Enfin, cette thèse ouvre la voie à de nouvelles perspectives de recherche en combinant les forces de l'IA et de l'apprentissage profond pour transformer les pratiques médicales et diagnostiquer efficacement les maladies critiques.

**Mots-clefs :** Intelligence artificielle, Médecine de précision, Accidents vasculaires cérébraux, Apprentissage profond, Imagerie médicale.

## Abstract

This thesis explores two interconnected yet distinct aspects of digital health: the use of artificial intelligence (AI) in precision medicine and the classification of strokes using deep learning techniques. The first aspect analyzes the impact of AI on precision medicine. We highlight the significant advancements that AI brings to this field, facilitating more accurate diagnoses and personalized treatments. Special attention is given to AI methods that revolutionize healthcare by enabling a more individualized and effective approach. Additionally, the integration of AI in stroke management is examined to demonstrate how digital health can transform current medical practices. The second aspect addresses the classification of strokes using deep learning techniques. We focus on ischemic strokes in the African context, examining the specific risk factors in this region. We also present an analysis on the use of convolutional neural networks (CNN), particularly the VGG-16 model, to classify ischemic strokes from Moroccan MRI scans. Furthermore, we explore the application of vision transformers (ViT) in stroke classification, highlighting the use of the ViT-b16 model applied to Moroccan MRI scans and CT images. Our research findings demonstrate that deep learning techniques can significantly improve the accuracy of stroke diagnosis, thus offering considerable potential for future clinical applications. Finally, this thesis paves the way for new research perspectives by combining the strengths of AI and deep learning to transform medical practices and effectively diagnose critical diseases.

**Keywords :** Artificial intelligence, Precision medicine, Stroke, Deep learning, Medical imaging.